

โรคไข้ปวดข้อยุงลาย เป็นโรคติดเชื้อไวรัสชิคุนกุนยาที่มีอาการคล้ายไข้เดงกี โดยที่มียุงลายเป็นพาหะนำโรค ต่างกับโรคไข้เลือดออกตรงที่มีการรั่วของพลาสมาออกนอกเส้นเลือด โรคนี้เกิดจากเชื้อไวรัสชิคุนกุนยา (Chikungunya virus) ซึ่งเป็น RNA Virus จัดอยู่ใน genus alphavirus และ family Togaviridae มียุงลาย *Aedes aegypti* และ *Aedes albopictus* เป็นพาหะนำโรค เมื่อยุงตัวเมียกัดและดูดเลือดผู้ป่วยที่อยู่ในระยะไข้สูงซึ่งเป็นระยะที่มีไวรัสอยู่ในกระแสเลือด เชื้อไวรัสจะเข้าสู่กระเพาะและเพิ่มจำนวนมากขึ้นแล้วเดินทางเข้าสู่ต่อมน้ำลาย เมื่อยุงที่มีเชื้อไวรัสชิคุนกุนยาไปกัดคนอื่นก็จะปล่อยเชื้อไปยังคนที่ถูกกัด ทำให้คนนั้นเกิดอาการของโรคได้ ระยะไข้สูงประมาณวันที่ 2-4 เป็นระยะที่มีไวรัสอยู่ในกระแสเลือดมาก การระบาดของไวรัสชิคุนกุนยาถูกนำมาศึกษาโดยการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ ซึ่งพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ขึ้นมาใหม่จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ไวรัสชิคุนกุนยาของ E.Massad, S.Ma และคณะ (2008) ซึ่งไม่มีอิทธิพลของอิทธิพลของอายุและฤดูกาล โดยการเพิ่มอิทธิพลของอายุและฤดูกาล เราประยุกต์วิธีการของแบบจำลองพลวัตเชิงมาตรฐานมาวิเคราะห์ที่ลักษณะของคำตอบในแบบจำลองทาง

Chikungunya Fever is the disease occurred by Chikungunya virus. The symptoms are similarly to the Dengue patients. The vector is the *Aedes* mosquito. Dengue disease differs to Chikungunya fever such as there is a leak out of blood plasma. The disease caused by Chikungunya virus which is RNA Virus genus alphavirus family Togaviridae. The *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* are the primary epidemic vectors. When the female mosquitoes bite and suck blood from the patients with a high fever and virus in the bloodstream. The viruses enter the stomach and increase the number and then enter into the salivary glands. When the infected mosquitoes bite the other people, they will leave the viruses to the people. The people have a high fever about 2-4 days and viruses circulate in the bloodstream. The outbreak of the Chikungunya virus is studied by using mathematical model. The mathematical model is developed from the mathematical model of E. Massad, S. Ma et al (2008) which contains no age structure and season. We add the age structure and season which would make the model more appropriated. We apply the standard dynamical modeling method to analyze the behaviors of our solutions. We obtain the conditions required of the parameters for the disease free and endemic equilibrium points to be local asymptotically stable. Numerical solutions are obtained to support the theoretical predictions.