ประภาพรรณ ประวิง 2551: ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนในประเทศไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์) สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ประธานกรรมการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์อนงค์นาฏ ศรีวิหค, Ph.D. 77 หน้า

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอตัวแบบทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนกรณีเกิดเหตุการณ์ระบาดใหญ่ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) ที่เป็นการติดต่อจากคนสู่คน และประมาณการค่าความร้ายแรงของโรค (R_0) โดยอ้างอิงโรคที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันและมีการระบาดเกิดขึ้นในคนได้แก่เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ (H1N1) โดยข้อมูลที่ใช้ทดสอบมี 2 ประเภท คือ (1) ข้อมูลรายงานการเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน และ (2) ข้อมูลผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ (Influenza) สำหรับการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนนั้น การศึกษานี้นำเสนอตัวแบบ SLIVE (Susceptible-Lifetime of virus-Resistibility-Control Measure) ประกอบด้วยตัวแปร ประชากรกลุ่มเสี่ยง วงจรชีวิตของไวรัส ภูมิต้านทานต่อไวรัส มาตรการควบคุมโรค และอุณหภูมิ ตัวแบบนี้พัฒนามาจากอัลกอริธึมและตัวแบบ TMAI (Transmission Model of Avian Influenza) และทำการเปรียบเทียบผลการทำนาย โดยการวัดประสิทธิภาพด้วยตัวชี้วัด RMSE, MAE, Type I Error และ Accuracy rate ส่วนการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ หรือค่า R_0 ใช้รูปแบบการแพร่ระบาดด้วยวิธีการแบ่งส่วน (Compartmental Epidemic model)

ผลการวิจัยพบว่า การทำนายโดยใช้ตัวแบบ SLIVE มีประสิทธิภาพของการทำนายที่ดีกว่าตัวแบบ TMAI จากการวัดประสิทธิภาพการทำนายถึง 3 ใน 4 ตัวชี้วัด ต่อมามีการปรับปรุงตัวแบบโดยเพิ่มตัวแปร (G)ที่คำนวณจากสภาพภูมิอากาศที่อาจมีผลต่อการฟักตัวของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก เรียกว่าตัวแบบ SLIVE with G ผลการวิจัยพบว่าประสิทธิภาพของการทำนายแม่นยำขึ้น แต่อย่างไรก็ตามการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ยังคงให้เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงกว่าตัวแบบ TMAI และ SLIVE with G สำหรับขั้นตอนในการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ (R_0) โดยใช้วิธี Compartmental Epidemic Model ผลลัพธ์พบว่าค่า R_0 มีค่าอยู่ระหว่าง 1.3-1.4 เมื่อเปรียบเทียบกับการคำนวณประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธีการอื่น พบว่าการทำนายด้วยวิธีนี้ ให้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับงานวิจัยอื่น ผลที่ได้จากงานวิจัยนี้สามารถนำวิธีการที่ได้นำเสนอนำไปใช้ทำนายจำนวนผู้ป่วยที่คาดว่าจะเกิดขึ้น เพื่อช่วยในการตัดสินใจสร้างมาตรการควบคุมล่วงหน้า ก่อนที่การระบาดใหญ่จะเกิดขึ้น

ประภาพรรณ ประวิง
ลายมือชื่อนิสิต

Anongnat Srivihok
ลายมือชื่อประธานกรรมการ

20 / 3 / 2551

Prapaphan Prawing 2008: Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human in Thailand. Master of Science (Computer Science), Major Field: Computer Science, Department of Computer Science. Thesis Advisor: Associate Professor Anongnart Srivihok, Ph.D. 77 pages.

The objectives of this research are to propose the transmission model to predict the outbreak of H5N1 virus (Avian Influenza) from human to human and estimate the *Basic Reproductive number* (R_0) of influenza. Two data types were collected in Thailand including (1) reported case of the disease under Avian Influenza Surveillance (AIS) data by the date of onset in 3 specific seasons, namely winter, summer and rainy and (2) infected influenza cases. Furthermore, by using AIS data, algorithm of transmission model of avian influenza (TMAI) was modified for prediction outbreak of human-to-human transmission namely SLIVE (Susceptible-Lifetime of virus-Resistibility-Control Measure) model. The factors of this model included host susceptible, temperature, infectious, time and control measure. The efficiency of TMAI and SLIVE models were measured by using RMSE, MAE, Type I Error and Accuracy rate. After that the basic reproductive number was estimated by using compartmental epidemic model.

Results from the outbreak prediction by SLIVE model were good since they are supported by 3 of 4 measures. In this study, environmental factors related to probability of climatic conditions which tend to affect the incubation of H5N1 virus period regarding SLIVE with G model were added to the model. As a result, efficiency of precision was increased. The rainy period data showed that SLIVE model prediction had the maximum accuracy rate at this time of the year.

Results can be used for forecasting risk of Avian Influenza *pandemic* in humans in Thailand. R_0 for Influenza is estimated as 1.3 – 1.4. R_0, computed by using the Compartmental Epidemic Model. Moreover, the value of R_0 provided by this model is closed to other influenza models. More broadly, it is suggested, results of this model might be used to forecast risk, control and or inform of an epidemic.

PRAPAPHAN PRAWING — Student's signature

Thesis Advisor's signature — 20 / 3 / 2551