



วิทยานิพนธ์

ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนใน
ประเทศไทย

TRANSMISSION MODEL OF AVIAN INFLUENZA FOR
OUTBREAK PREDICTION IN HUMAN IN THAILAND

นางสาวประภาพรณ ประวิง

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พ.ศ. 2551



ใบรับรองวิทยานิพนธ์

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)

ปริญญา

วิทยาการคอมพิวเตอร์

วิทยาการคอมพิวเตอร์

สาขา

ภาควิชา

เรื่อง ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนในประเทศไทย

Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human in Thailand

นามผู้วิจัย นางสาวประภาพรณ ประวิง

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

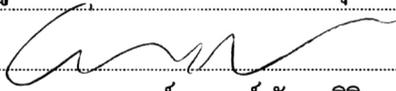
ประธานกรรมการ

( รองศาสตราจารย์อนงค์นาฏ ศรีวิหค, Ph.D.)

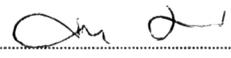
กรรมการ

( ผู้ช่วยศาสตราจารย์นवलวรรณ สุนทรภิชัย, วศ.ค.)

กรรมการ

( อาจารย์อรุพจน์ กัลยาสิริ, วศ.ค.)

หัวหน้าภาควิชา

( ผู้ช่วยศาสตราจารย์ศิริกร จันทน์นวล, M.S.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

( รองศาสตราจารย์วินัย อางคงหาญ, M.A.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ 20 เดือน มีนาคม พ.ศ. ๒๕๕1

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนในประเทศไทย

Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human in Thailand

โดย

นางสาวประภาพรณ ประวิง

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)

พ.ศ. 2551

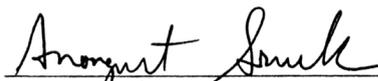
ประภาพรณ ประวิง 2551: ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนในประเทศไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์) สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ปรชานกรรการที่ปรึกษา: รองศาสตราจารย์อนงค์นาฏ ศรีวิหค, Ph.D. 77 หน้า

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอตัวแบบทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้หวัดนกในคนกรณีเกิดเหตุการณ์ระบาดใหญ่ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) ที่เป็นการติดต่อจากคนสู่คน และประมาณการค่าความร้ายแรงของโรค (R_0) โดยอ้างอิงโรคที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันและมีการระบาดเกิดขึ้นในคนได้แก่เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ (H1N1) โดยข้อมูลที่ใช้ทดสอบมี 2 ประเภท คือ (1) ข้อมูลรายงานการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน และ (2) ข้อมูลผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ (Influenza) สำหรับการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้หวัดนกในคนนั้น การศึกษานี้เสนอตัวแบบ SLIVE (Susceptible-Lifetime of virus-Resistibility-Control Measure) ประกอบด้วยตัวแปร ประชากรกลุ่มเสี่ยง วงจรชีวิตของไวรัส ภูมิคุ้มกันต่อไวรัส 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 เมื่อเปรียบเทียบกับค่าประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธีการอื่น พบว่าการทำนายด้วยวิธีนี้ ให้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับงานวิจัยอื่น ผลที่ได้จากงานวิจัยนี้สามารถนำวิธีการที่ได้นำเสนอไปใช้ทำนายจำนวนผู้ป่วยที่คาดว่าจะเกิดขึ้น เพื่อช่วยในการตัดสินใจสร้างมาตรการควบคุมล่วงหน้า ก่อนที่การระบาดใหญ่จะเกิดขึ้น

ประภาพรณ ประวิง

ลายมือชื่อนิติ



ลายมือชื่อประธานกรรมการ

๕๐ / ๓ / ๒๕๕๑

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.

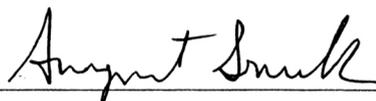
The objectives of this research are to propose the transmission model to predict the outbreak of H5N1 virus (Avian Influenza) from human to human and estimate the *Basic Reproductive number* (R_0) of influenza. Two data types were collected in Thailand including (1) reported case of the disease under 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 / 2557

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.อนงค์นาฏ ศรีวิหค ประธาน
กรรมการที่ปรึกษา ที่ได้ช่วยเหลือในการวางแผนงานวิจัยในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ตลอดจนให้
คำปรึกษาแนะนำและแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆ เป็นอย่างดี

ขอกราบขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.นवलวรรณ สุนทรภิชัย กรรมการที่
ปรึกษาวิชาเอก ที่กรุณาให้คำแนะนำในการทำงานวิจัย ขอกราบขอบพระคุณ ดร.อรุพจน์ กัลยาสิริ
กรรมการที่ปรึกษาวิชารอง ที่ได้ช่วยตรวจแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆของงานวิจัยและช่วยเหลือในการ
ทำวิทยานิพนธ์ให้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอระลึกถึงพระคุณแม่ผู้ล่วงลับไปแล้วที่คอยอบรมสั่งสอนให้เป็นคนอดทน ตั้งใจ
และเพียรพยายามในการทำทุกสิ่งทุกอย่างให้ประสบความสำเร็จ ขอขอบคุณเพื่อนๆ พี่ๆ น้องๆ ใน
ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ทุกคนที่คอยให้ความช่วยเหลือ และสนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์จน
สำเร็จลุล่วงได้

ประภาพรณ ประวิง

มีนาคม 2551

สารบัญ

	หน้า
สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	5
อุปกรณ์และวิธีการ	15
อุปกรณ์	15
วิธีการ	15
ผลและวิจารณ์	37
ผล	37
วิจารณ์	63
สรุปและข้อเสนอแนะ	66
สรุป	66
ข้อเสนอแนะ	67
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	69
ภาคผนวก	71
ภาคผนวก ก ตัวอย่างข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยรายเดือนของประเทศไทย	72
ภาคผนวก ข โปรแกรมทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคน	74
ประวัติการศึกษา และการทำงาน	77

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ตัวแปรที่ใช้ในในตัวแบบ TMAI	6
2	ข้อมูลจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน (AIS) ใน 4 จังหวัดติดกัน	19
3	ชื่อตัวแปรที่ใช้อ้างอิงในการแบ่งช่วงเดือนของแต่ละฤดูกาล	19
4	ข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด – ต่ำสุดรายเดือนของแต่ละฤดูกาล	21
5	เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ A	23
6	เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ B	23
7	เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ C	24
8	เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ H	24
9	จำนวนครั้งการพบการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีกเทียบกับช่วงความชื้นสัมพัทธ์อากาศสูงสุดรายวัน (RH %) อุณหภูมิอากาศต่ำสุดรายวัน (Tmin) ที่มีความยาวนานของแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน (ศิริชัย และคณะ, 2549)	26
10	ชื่อตัวแปรที่ใช้อ้างอิงในรูปภาพที่ 6	27
11	ค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมในการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ SLIVE (TMAI)	31
12	ค่าของตัวแปรที่ประมาณการได้	35
13	เปรียบเทียบจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของข้อมูลทดสอบ (AIS data) กับผลลัพธ์ที่ทำนายได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ TMAI	37
14	สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบTMAI และตัวแบบ SLIVE	46
15	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Accuracy Rate ในแต่ละฤดูกาล	47
16	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัด RMSE ในแต่ละฤดูกาล	48
17	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัด RMSE ในแต่ละฤดูกาล	48

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
18	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล	49
19	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล	51
20	เปรียบเทียบจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของข้อมูลทดสอบ (AIS data) กับผลลัพธ์ที่ทำนายได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G (เพิ่มค่าสิ่งแวดล้อม)	52
21	สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ SLIVE with G โดยเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของตัวแปรสภาพภูมิอากาศ เทียบกับผลลัพธ์จากตัวแบบ SLIVE	53
22	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า ACCURACY RATE ในแต่ละฤดูกาล	54
23	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล	55
24	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล	56
25	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล	58
26	สรุปเปรียบเทียบการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ TMAI SLIVE และ SLIVE with G	59
27	จำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ที่จะติดเชื้อ จากการประมาณการค่า	60
28	จำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ที่ทำนายได้ จากค่า ตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0	61

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	แบบจำลององค์สามทางระบาดวิทยา (Epidemiology Triad)	5
2	ปัจจัยที่มีผลต่อ โมเดลการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน (SLIVE Model)	17
3	ขั้นตอนการศึกษาและพัฒนาตัวแบบโรคไข้หวัดนกในคน	18
4	เส้นวงจรชีวิตของไวรัสตามอุณหภูมิเฉลี่ยต่ำสุด-สูงสุดรายวัน ตามระยะเวลาที่มากขึ้นค่าที่เหมาะสมของพารามิเตอร์ของตัวแบบ TMAI	21
5	เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ A ของตัวแบบ TMAI ด้วยค่า S.D.	22
6	เปรียบเทียบวงจรชีวิตของไวรัสเมื่ออุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่ามากกว่า 25 °C และอุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่า 21 ถึง 24 °C โดยมีสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยเข้ามาเกี่ยวข้อง	27
7	อัลกอริธึมของตัวแบบ SLIVE	29
8	ขั้นตอนการทำงานของอัลกอริธึมของตัวแบบ SLIVE	30
9	จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ จำแนกรายเดือน ประเทศไทย พ.ศ.2549 เปรียบเทียบกับ พ.ศ.2548 และค่ามัธยฐาน 5 ปีย้อนหลัง (พ.ศ.2543 ถึงพ.ศ. 2547) (ข้อมูล ณ วันที่ 27 พฤศจิกายน 2549) (สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข)	34
10	จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนาย ด้วยตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE	38
11	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน พ.ย. 2548	39
12	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ธ.ค. 2548	39
13	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ม.ค 2549	40
14	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.พ 2549	40

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
15	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน มี.ค 2549	41
16	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน เม.ย 2549	42
17	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน พ.ค 2549	42
18	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน มิ.ย 2549	43
19	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.ค 2549	44
20	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ส.ค 2549	44
21	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.ย 2549	45
22	ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ต.ค 2549	45
23	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Accuracy Rate ในแต่ละฤดูกาล	47
24	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล	49
25	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล	50
26	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล	51

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
27	จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G	53
28	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า ACCURACY RATE ในแต่ละฤดูกาล	55
29	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล	56
30	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล	57
31	เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล	58
32	จำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อเมื่อมีการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ เมื่อค่า มีค่า ตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0	62

ตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนในประเทศไทย

Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human in Thailand

คำนำ

โรคไข้หวัดนก (Bird flu) เป็นโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) ชนิดหนึ่งที่เกิดกับสัตว์ปีก มีชื่อทางวิชาการว่าไข้หวัดใหญ่สัตว์ปีก (Avian Influenza) ซึ่งเกิดจากไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดหนึ่ง เรียกว่าชนิดหรือสายพันธุ์เอ (Type A) ไวรัสไข้หวัดใหญ่ในคนประมาณ 80% มีสาเหตุมาจากไวรัสกลุ่มนี้ ไวรัสสายพันธุ์บีและซี ส่วนใหญ่จะติดต่อกันในคนเท่านั้น ยกเว้นไวรัสซีอาจติดต่อกันในสุกรด้วย ไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์เอ แบ่งเป็นสายพันธุ์ย่อยต่างๆ โดยอาศัยโปรตีน 2 ชนิดคือ Hemagglutinin แทนด้วยอักษรย่อ HA หรือ H และ Neuraminidase แทนด้วยอักษรย่อ NA หรือ N กลุ่มโปรตีนทั้ง 2 ชนิดที่พบทั่วไปในมนุษย์มีดังนี้ กลุ่มโปรตีน H มีเพียง 3 สายพันธุ์ย่อย คือ H1, H2, H3 ส่วนกลุ่มโปรตีน N มีเพียง 2 สายพันธุ์ย่อย คือ N1, N2 ส่วนกลุ่มโปรตีน H5, H7, H9 จะระบาดในสัตว์ปีก ไวรัสไข้หวัดนกที่ระบาดทั่วโลกและในประเทศไทยเป็นสายพันธุ์ย่อย H5N1 เหตุที่เชื้อไวรัสนี้สามารถติดต่อกันได้ มีผู้ตั้งสมมุติฐานว่าสุกรน่าจะเป็นตัวกลางและเป็นแหล่งไวรัสที่แลกเปลี่ยนหรือเรียงสลับส่วนของสายพันธุ์กรรม จึงเป็นไวรัสสายพันธุ์ใหม่ที่สามารถติดต่อกันข้ามสายพันธุ์จากสัตว์ปีกมายังคนได้ (นำชัย 2549) แต่เดิมมาเชื่อกันว่าไข้หวัดนกจะแพร่กระจายติดเชื่ออยู่ในบรรดาสัตว์ปีกในความรุนแรงต่างๆกันเท่านั้น ไม่ติดต่อกันไปยังคน ในบัดนี้มีหลักฐานแน่ชัดว่ามีการติดต่อกันไปยังคนและมีอาการรุนแรงจนถึงตายแล้ว จึงมีคำถามขึ้นมาว่าจะติดต่อกันไปคนได้หรือไม่ ในการแบ่งตัวของไข้หวัดใหญ่มักจะมีการผ่าเหล่า (mutation) เกิดขึ้น ทำให้พันธุกรรมของไข้หวัดใหญ่มีการเปลี่ยนแปลงไปที่ละเล็กทีละน้อยอยู่เสมอ เรียกว่า genetic drift หากในร่างกายหรือใน host หรือในสิ่งแวดล้อมหนึ่ง ๆ มีเชื้อไข้หวัดใหญ่มากกว่าหนึ่งชนิด อาจจะมีการแลกเปลี่ยนสารพันธุกรรม (reassortment) ระหว่างเชื้อไข้หวัดใหญ่ด้วยกัน ทำให้เกิดเป็นเชื้อไข้หวัดใหญ่ตัวใหม่ที่ร่างกายไม่เคยรู้จักมาก่อนและไม่มีภูมิคุ้มกัน เรียกว่า genetic shift ซึ่งอาจจะทำให้เกิดการระบาดใหญ่ (pandemic) ได้ เชื้อไวรัสไข้หวัดนก กำลังมีการวิวัฒนาการก่อตัวระบาดทั่วโลกทำให้เราไม่สามารถทราบถึงแผนที่ทางยีนส์ (Genetic Map) ที่แน่นอนของพันธุกรรมที่สามารถกระจายจากคนไปสู่คนและก่อให้เกิดโรคระบาดอย่างใหญ่หลวงได้

ดังนั้นจึงทำให้ผู้ผลิตวัคซีนประสบความสำเร็จที่จะผลิตวัคซีนที่ได้ผลในการป้องกันอย่างเพียงพอ และรวดเร็วในเวลาที่ย่ำกัด

ปัจจุบันมีการพบผู้ป่วยไข้หวัดนก H5N1 ในหลายประเทศ ทั้งในเอเชียและยุโรป ส่วนใหญ่อยู่ในเอเชีย ได้แก่ เวียดนาม อินโดนีเซีย ไทย จีน ตุรกี กัมพูชา และอิรัก ผู้ป่วยรายแรกของการระบาดที่มีการรายงาน คือประเทศเวียดนาม ผู้ป่วยมีอาการในเดือนธันวาคม พ.ศ. 2546 แต่ได้รับการยืนยันการพบเชื้อ (H5N1) ในวันที่ 11 มกราคม พ.ศ. 2547 ประเทศไทยมีรายงานผู้ป่วยรายแรกเมื่อวันที่ 23 มกราคม พ.ศ. 2547 ไวรัสไข้หวัดนก H5N1 ในนกมีความน่ากลัวสำหรับสุขภาพของคน 2 ประเด็น ได้แก่ ประเด็นแรก ทำให้มีผู้ป่วยจำนวนมาก และเสียชีวิตได้มากที่สุด สำหรับประเด็นที่สองคือเชื้อไวรัสไข้หวัดนก H5N1 มีโอกาสทำให้เกิดการระบาดครั้งใหญ่ทั่วโลกได้ อย่างไรก็ตาม ในช่วงที่ทุกคนเฝ้าระวังการระบาดของเชื้อ H5N1 อาจทำให้มองข้ามสายพันธุ์อื่นที่สามารถติดเชื้อในคน และทำให้เกิดการระบาดใหญ่ได้ด้วย สถานการณ์โรคไข้หวัดนก ที่ได้รับการยืนยันผลการตรวจทางห้องปฏิบัติการจากรายงาน องค์การอนามัยโลก (WHO) ไปประเทศและต่างประเทศ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2546 – 2 เมษายน 2550 มีผู้ป่วยยืนยันไข้หวัดนก (H5N1) รวม 288 ราย เสียชีวิต 170 ราย ใน 12 ประเทศ (http://epi.dpc7.net/AI/daily_situation)

จากการศึกษาการติดต่อเชื้อไวรัสจากคนสู่คนในบรรดาบุคลากรทางแพทย์ประเทศฮ่องกง ที่ปฏิบัติหน้าที่ในโรงพยาบาลที่รับผู้ป่วยไว้รักษาและได้สัมผัสกับผู้ป่วยที่ได้รับเชื้อ H5N1 โดยแบ่งออกเป็นสองกลุ่ม ในแต่ละกลุ่มมีทั้งผู้ที่ได้สัมผัสกับผู้ป่วยและผู้ที่ไม่ได้เข้าไปสัมผัสเลย ได้ทำการเจาะเลือดเพื่อนำไปทดสอบหาแอนติบอดีต่อไวรัสดังกล่าว ปรากฏว่าในผู้ที่สัมผัสโรค 217 คน ให้ผลบวก ร้อยละ 3.7 (8 ราย) ส่วนในกลุ่มที่ไม่ได้สัมผัสทำให้ผลบวกร้อยละ 0.7 (2 ราย) แสดงว่า การติดต่อระหว่างคนกับคนนั้นพบได้แม้ว่าจะอยู่ในอัตราที่ต่ำและไม่มีอาการรุนแรง หากมีการเปลี่ยนแปลงภายในไวรัสในอนาคต การระบาดในมนุษย์ ย่อมมีโอกาสสูง (Bridges et al. 2002) ทำให้มีความเป็นไปได้สูงที่จะเกิดการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก และการระบาดใหญ่ของโรคไข้หวัดใหญ่โดยถ่ายทอดเชื้อทางคนสู่คน ดังนั้นระบบเฝ้าระวังโรคที่เข้มแข็ง ความรู้และความตระหนักต่อโรคไข้หวัดนก จึงเป็นสิ่งจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องช่วยกันคงไว้ต่อไป เพื่อให้ประเทศไทยปลอดภัยจากโรคไข้หวัดนกและรอดพ้นจากการระบาดใหญ่ของโรคไข้หวัดใหญ่ในที่สุด

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาปัจจัยและโมเดลการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก
2. เพื่อนำเสนอตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คน

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ช่วยให้หน่วยงานของกระทรวงสาธารณสุขสามารถนำผลการวิจัยนี้ ไปสร้างมาตรการควบคุมการเกิดโรคระบาดของโรคไข้หวัดนกจากคนสู่คนได้
2. ช่วยให้หน่วยงานที่เกี่ยวข้องสามารถจัดเตรียมวัคซีนให้เพียงพอกับจำนวนผู้ป่วยที่คาดว่าจะเกิดขึ้น หากมีการระบาดใหญ่เกิดขึ้น

ขอบเขตและข้อจำกัดของงานวิจัย

1. ใช้โปรแกรมตัวแบบ SLIVE (Susceptible-Lifetime of virus-Resistibility-Control Measure) ในการทำนายจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดนกในคน
2. ใช้ข้อมูลทดสอบจากรายงานการเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวัง 1,131 ราย จาก 4 จังหวัดที่มีพื้นที่ติดต่อกัน ได้แก่จังหวัดสุพรรณบุรี กาญจนบุรี นครปฐม และราชบุรี ตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 2548 ถึง 31 ต.ค. 2549
3. ใช้ข้อมูลทดสอบจากรายงานผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ จำนวนผู้ป่วย 2,228 ราย จาก 4 จังหวัดที่มีพื้นที่ติดต่อกัน ได้แก่จังหวัดสุพรรณบุรี กาญจนบุรี นครปฐม และราชบุรี ตั้งแต่วันที่ 1 ม.ค. 2549 ถึง 31 ธ.ค. 2549
4. เนื่องจากตัวเลขที่แทนค่าพารามิเตอร์บางตัวได้มาจากการปรับเปลี่ยนค่า ขณะที่ทำการทดลองด้วย โปรแกรมตัวแบบ ทำให้ค่าของพารามิเตอร์ที่ได้เป็นค่าที่ไม่แน่นอน

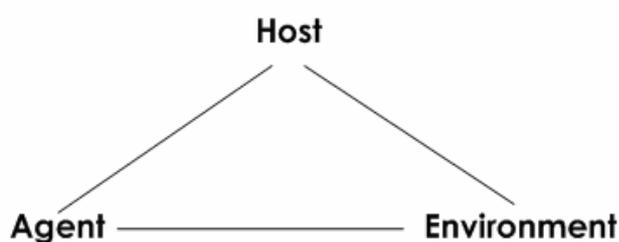
5. สถานการณ์การเกิดโรคระบาดไข้หวัดนก (Avian Influenza) ที่เป็นการติดต่อจากคนสู่คนยังไม่เกิดขึ้น ทำให้ปัจจัยบางอย่างที่อาจจะมีเกี่ยวข้องกับการเกิดโรคระบาดจากคนสู่คนไม่ได้นำมาพิจารณาในงานวิจัยฉบับนี้

การตรวจเอกสาร

1. ระบาดวิทยา (Epidemiology)

นิยามของระบาดวิทยา คือ การศึกษาการกระจายและสิ่งกำหนดของโรคภัย ซึ่งเกิดในชุมชน รวมทั้งการนำองค์ความรู้ที่ได้ ไปประยุกต์ใช้ในการควบคุมปัญหาสาธารณสุข (สมาคมนักระบาดวิทยานานาชาติ) การเกิดโรคในชุมชนไม่ใช่การสุ่มตัวอย่าง แต่จะเกิดมากหรือน้อย หรือไม่เกิดขึ้นเลยในคนบางกลุ่ม จะต้องใช้ความรู้ทางระบาดวิทยาเพื่ออธิบายปัจจัยอันตรายที่ทำให้คนบางกลุ่มมีโอกาสป่วยมากกว่าคนอื่น ธรรมชาติของการเกิดโรค (Natural History of Disease) แบ่งออกเป็น 4 ระยะดังนี้ 1) ระยะมีความไวต่อการเกิดโรค 2) ระยะก่อนมีอาการของโรค 3) ระยะมีอาการของโรค 4) ระยะสูญเสียความสามารถ ส่วนพิสัยของการเกิดโรคแบ่งออกเป็นดังนี้ กลุ่มที่ไม่มีการติดเชื้อ กลุ่มติดเชื้อที่ไม่ปรากฏอาการ กลุ่มที่มีอาการน้อย กลุ่มที่มีอาการรุนแรงปานกลาง กลุ่มที่มีอาการรุนแรงมาก และกลุ่มที่เสียชีวิต

สาเหตุของโรค (Cause of Disease) สามารถอธิบายได้ด้วยแบบจำลององค์สามทางระบาดวิทยา (Epidemiology Triad) (Graham, 2000) ซึ่งเป็นแบบจำลองที่ง่ายที่สุดและใช้กันอย่างแพร่หลาย เพื่ออธิบายความสัมพันธ์ระหว่าง Host Agent และ Environment ดังรูปภาพที่ 1



ภาพที่ 1 แบบจำลององค์สามทางระบาดวิทยา (Epidemiology Triad)

ที่มา: Graham (2000)

Host คือ คนหรือสัตว์ที่มีชีวิต ซึ่งยอมให้เชื้อโรค อาศัยอยู่ในร่างกายตามธรรมชาติ ปัจจัยด้าน Host ได้แก่ เพศ อายุ พฤติกรรมที่ปฏิบัติอย่างสม่ำเสมอ พันธุกรรม ภาวะโภชนาการ ภาวะทางภูมิคุ้มกันลักษณะทางกายวิภาค และสรีระวิทยา การได้รับยาบางอย่าง และภาวะทางด้านสุขภาพจิต

Agent คือตัวก่อโรค สิ่งซึ่งเมื่อเข้าสู่ร่างกาย อาจจะเป็นไวรัส แบคทีเรีย สารเคมี หรือพลังงานทางกายภาพ และบางโรคอาจไม่ได้เกิดจากตัวก่อโรคนั้นเดียว

Environment คือสิ่งแวดล้อมทางด้านระบาดวิทยา หมายถึงสรรพสิ่งที่อยู่นอกร่างกายของ Host และมีอิทธิพลต่อสุขภาพซึ่งมีทั้งด้านมากเกินไปและการขาดแคลน ปัจจัยเกี่ยวกับสิ่งแวดล้อมด้านกายภาพ เช่น ภูมิศาสตร์ ภูมิอากาศ ด้านสังคม เช่น ชุมชนแออัด การสุขาภิบาล

2. โมเดลการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในสัตว์ปีก (Transmission Model of Avian Influenza: TMAI) Li และ คณะ (2004)

นำเสนอตัวแบบการแพร่ระบาดของไข้หวัดนกในสัตว์ปีก โดยศึกษาข้อมูลการระบาดในประเทศจีนแผ่นดินใหญ่ ตัวแปรที่ใช้ในโมเดลดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 ตัวแปรที่ใช้ในแบบ TMAI

ตัวแปร	ความหมาย
P	ค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดของโรคครั้งใหม่
$N(n)$	จำนวนการเกิดโรคระบาด
$D(n)$	วงจรชีวิตของไวรัส
$I(n)$	ค่าภูมิคุ้มกันของ Host ต่อเชื้อโรค
a	ระยะทางที่มีการเกิดโรคระบาด
R	ค่าตัวเลขสุ่ม

สมมุติฐานที่จำเป็นสำหรับโมเดลการแพร่ระบาดของ TMAI (Li et al. 2004) มีดังนี้

1. $P \propto N(n)$ คือค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดของโรคครั้งใหม่ แปรผันตรงกับจำนวนการเกิดโรคระบาด

2. $P \propto D(n)$ คือค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดของโรคครั้งใหม่ แปรผันตรงกับวงจรชีวิตของไวรัส

3. $P \propto \frac{1}{I(n)}$ คือค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดของโรคครั้งใหม่

แปรผกผันกับค่าภูมิคุ้มกันของ Host ต่อเชื้อโรค

4. $P \propto a$ คือค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดของโรคครั้งใหม่ แปรผันตรง

กับระยะทางที่มีการเกิดโรคระบาด

สมการที่ 1 เป็นการคำนวณหาความน่าจะเป็นสำหรับการเกิดโรคระบาดครั้งใหม่ของแต่ละพื้นที่

$$P = aRD(n)N(n)\frac{1}{I(n)} \quad (1)$$

โดยที่

$R \in [0,1]$ คือค่าสุ่มที่เป็นตัวเลขทศนิยม

เหตุผลที่ต้องใช้ค่า R ในสมการนี้คือ จำนวนการระบาดของโรคไข้หวัดคนนั้นเป็นตัวอย่งค่าความน่าจะเป็น ดังนั้นเมื่อไรก็ตามที่ค่าของ $a, D(n), N(n)$ ส่งผลต่อค่า P เราไม่สามารถสรุปได้แน่นอนว่ามีการระบาดย่อยของโรคไข้หวัดคนในพื้นที่ที่จะเกิดขึ้น แต่เราจะสามารถบอกได้ว่าอาจจะมีอันตรายอย่างใหญ่โตเกิดขึ้น หรือมีความน่าจะเป็นของการระบาดเกิดขึ้นในพื้นที่เท่านั้น ดังนั้นเราจึงต้องเพิ่มพารามิเตอร์ตัวเลขสุ่มขึ้นมา เพื่อที่จะแสดงถึงความไม่แน่นอนที่อาจจะเกิดขึ้น สมการที่ 2 แสดงการคำนวณจำนวนฟาร์มสัตว์ปีกที่จะเกิดการระบาดในแต่ละวัน

$$K(n) = AN(n)^b \quad (2)$$

โดยที่

$K(n)$ แทนจำนวนการระบาดที่เป็นไปได้ที่จะเกิดขึ้นในทุกๆวันของช่วงเวลา

การระบาด

$A \geq 1$ และ $0 < b < 1$

ค่า $K(n)$ จะเป็นสัดส่วนโดยตรงกับค่า $N(n)$ ดังนั้นความสัมพันธ์ของ $K(n)$ จะขึ้นอยู่กับตัวแปร $N(n)$ ดังสมการที่ (2) ค่า $K(n)$ จะเพิ่มขึ้นอย่างช้าๆตามการเพิ่มขึ้นของ $N(n)$ สมการที่ 3

แสดงการคำนวณหาระยะเวลาของการมีชีวิตอยู่ของไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) ที่ขึ้นอยู่กับอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง

$$D(t) = e^{3.4-0.0915t^{1.1}} \quad (3)$$

โดยที่

t คือค่าเฉลี่ยของอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง

โดยลักษณะเฉพาะของไวรัสจะมีชีวิตอยู่ในอุณหภูมิที่เย็นได้นาน ซึ่งสามารถอยู่ในน้ำได้นานถึง 3 เดือน และที่อุณหภูมิ 0 องศาเซลเซียส ไวรัสอยู่ได้นานถึง 30 วัน ที่อุณหภูมิ 37 องศาอยู่ได้ประมาณ 4 วัน และที่อุณหภูมิ 60 องศาอยู่ได้เพียง 30 นาที สำหรับค่า t ใช้วิธีการประมาณ เพื่อหาค่าที่เหมาะสมของอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง โดยใช้วิธีการประมาณค่าจากสมการเส้นตรง (Linear) โดยจะพิจารณาถึงระยะเวลาของการระบาดด้วย สมการที่ 4 การคำนวณหาค่าเฉลี่ยที่เหมาะสมของอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง

$$t(n) = t_1 + t_2 n \quad (4)$$

โดยที่

n เป็นจำนวนวันของระยะเวลาของการระบาดที่มีค่าสูงสุด ($0 < n < 25$)

t_1 และ t_2 เป็นค่าคงที่ซึ่งสามารถกำหนดได้โดยค่าที่เหมาะสมของข้อมูลอุณหภูมิของประเทศจีนในโมเดลนี้ $t_1=6.45$, $t_2=0.5654$

ดังนั้นความสัมพันธ์ของวงจรชีวิตของไวรัสและระยะเวลาของการแพร่ระบาด จึงนำสมการที่(3) และ (4) มารวมเข้าด้วยกัน จะได้ความสัมพันธ์ดัง สมการที่ 5 สำหรับการคำนวณหาการมีชีวิตอยู่ของไวรัสตามลำดับวัน และการเปลี่ยนแปลงของอุณหภูมิ

$$D(n) = e^{3.4-0.0915(t_1+t_2n)^{1.1}} \quad (5)$$

โดยที่

$D(n)$ ใช้แทนวงจรชีวิตของไวรัสโรคไข้หวัดนก (H5N1) ตามลำดับเวลาของการระบาด t คือค่าอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงในแต่ละวัน

สมการที่ 6 การคำนวณหาค่าภูมิต้านทานต่อเชื้อไวรัสของสัตว์ปีก

$$I(n) = \frac{B}{1 + (B - 1)e^{-\frac{n}{c}}} \quad (6)$$

โดยที่

$I(n)$ แทนค่าภูมิต้านทานต่อเชื้อโรคตามลำดับวัน

B คือค่าภูมิต้านทานสูงสุด ที่สะท้อนให้เห็นถึงระดับความเข้มงวดของการใช้มาตรการควบคุมป้องกันการแพร่ระบาดของโรค เช่น การกักกันสัตว์หรือการห้ามเคลื่อนย้ายสัตว์ปีกออกนอกพื้นที่ที่มีการระบาด และการฉีดวัคซีนให้สัตว์ปีก เป็นต้น

C คือค่าเฉลี่ยของระดับความเข้มงวดของการใช้มาตรการควบคุมป้องกันการแพร่ระบาด

โดยจะสังเกตเห็นว่าค่าภูมิต้านทานต่อเชื้อโรคของสัตว์จะเพิ่มขึ้นตามมาตรการควบคุมที่มีเราจึงสมมุติว่าการเพิ่มขึ้นของภูมิต้านทานต่อเชื้อโรคจะอาศัยกฎความคล้ายคลึงกันของซิกมอยด์

(Sigmoid function) $\frac{1}{1 + e^{-x}}$ สมการแสดงค่าภูมิต้านทานต่อเชื้อโรคที่ตัดแปลงมาจากกฎของซิก

มอยด์ ตามสมการที่ (6) สมการนี้มีข้อคือคือ เมื่อ $n = 0$, $I(0) = 1$; $n = \infty$, $I(n) = B$ ซึ่ง

ชี้ให้เห็นว่าภูมิต้านทานต่อเชื้อโรค ไม่สามารถที่จะนำมาแก้ปัญหาเกี่ยวกับตัวเลขที่เป็นจำนวนมากๆ ได้ การควบคุมป้องกันการแพร่ระบาด ตัวอย่างเช่น การทำลายสัตว์ปีกที่อยู่ในฟาร์มที่มีการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก หรือการห้ามเคลื่อนย้ายสัตว์ปีกออกนอกพื้นที่ที่มีการระบาดของโรค ซึ่งจุดด้อยของโมเดลนี้ไม่ได้รวมกรณีของการฉีดวัคซีน เพื่อป้องกันหรือรักษาโรค

3. สภาพภูมิอากาศกับการเกิดโรคไข้หวัดนก

ศิริชัย และคณะ 2549 ได้ศึกษาคุณลักษณะของสิ่งแวดล้อม ได้แก่ อุณหภูมิอากาศ ความชื้นสัมพัทธ์ และ ความยาวนานของแสงแดด ที่มีต่อการเจริญเติบโตของเชื้อไข้หวัดนกในประเทศไทยดังนี้

3.1 อุณหภูมิอากาศสูงสุด-ต่ำสุดกับการเกิดโรคไข้หวัดนก ถ้าอุณหภูมิสูงสุดของอากาศอยู่ในช่วง $32-34^{\circ}\text{C}$ จะพบว่าการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีจำนวนครั้งที่เกิดสูงสุด โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีค่าเป็น 0.21 และถ้าอุณหภูมิต่ำสุดของอากาศอยู่ในช่วง $21-24^{\circ}\text{C}$ จะพบว่าการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีจำนวนครั้งที่เกิดสูงสุด โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการเกิด

โรคไข้หวัดนกจะมีค่าเป็น 0.21 จะสังเกตเห็นว่า ถ้าอุณหภูมิสูงสุดของอากาศอยู่ในช่วง 32-34 °C และ 21-24 °C จะมีค่าความน่าจะเป็นของการพบโรคเท่ากัน

3.2 ความชื้นสัมพัทธ์อากาศสูงสุด-ต่ำสุดกับการเกิดโรคไข้หวัดนก ถ้าความชื้นสัมพัทธ์สูงสุดของอากาศอยู่ในช่วง 85-95% จะพบว่าการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีจำนวนครั้งที่เกิดสูงสุด โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีค่าเป็น 0.32 และถ้าความชื้นสัมพัทธ์ต่ำสุดของอากาศอยู่ในช่วง 35-50% จะพบว่าการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีจำนวนครั้งที่เกิดสูงสุด โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีค่าเป็น 0.31 จะเห็นได้ว่าความชื้นสัมพัทธ์ของอากาศมีผลต่อการเจริญเติบโตของเชื้อไข้หวัดนก

3.3 ความยาวนานของแสงแดดกับการเกิดโรคไข้หวัดนก ถ้ายาวนานของแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน จะพบว่าการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีจำนวนครั้งที่เกิดสูงสุด โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคไข้หวัดนกจะมีค่าเป็น 0.27

ค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคโดยใช้สภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัย ได้แก่ อุณหภูมิอากาศรายวันต่ำสุด ความชื้นอากาศรายวันสูงสุด และความยาวนานแสงแดดต่อวัน ต่อการพบการเกิดโรคไข้หวัดนก มีค่าความน่าจะเป็นสูงสุด และอยู่ในช่วง 0.110 – 0.157 (ศิริชัย และคณะ 2549)

4. Compartmental Epidemic Model

เป็นตัวแบบที่ใช้คำนวณเพื่อประเมินค่าความสามารถการแพร่เชื้อของเชื้อโรค ซึ่งชื่อทั่วไปเรียกว่าค่า Basic Reproductive number หรือ R_0 หมายถึงค่าความสามารถการแพร่ระบาดของเชื้อโรค ซึ่งจะแสดงให้เห็นถึงจำนวนผู้ป่วยติดเชื้อรายต่อไป (Secondary case) จากผู้ป่วยรายแรก หรือผู้ที่ได้รับเชื้อแล้วก่อนหน้านี้ (Primary case) ค่า R_0 เป็นตัวชี้วัดความสามารถของเชื้อโรคที่สามารถจะติดต่อไปยังกลุ่มคนที่มีความเสี่ยงสูงที่จะได้รับเชื้อโรค (Anderson and May, 1991) การหาค่า R_0 สามารถคำนวณตามสมการที่ 7 (Diekmann and Hesterbeek 2000)

$$R_0 = S_0 \beta \left[\frac{p}{\alpha} + \frac{\delta(1-p)}{\eta} \right] \quad (7)$$

โดยที่

S_0 คือจำนวนผู้ป่วยเข้าข่ายเฝ้าระวังโรค

β คืออัตราส่วนของคนที่มีการสัมผัสกันหรือติดต่อกันในหนึ่งหน่วยเวลา

α คือค่ากลางของช่วงระยะเวลาการติดเชื้อ

p คือสัดส่วนของประชากรในระยะแฝงตัวของเชื้อโรคก่อนที่แสดงอาการป่วย

δ คืออัตราการลดลงของกลุ่มคนที่ไม่แสดงอาการป่วย

η คือช่วงระยะเวลาที่ผู้ได้รับเชื้อแต่ไม่แสดงอาการป่วย

จากสมการที่ 7 Arino และคณะ (2006) ได้จัดกลุ่มพารามิเตอร์ที่อยู่ในช่วงระยะเวลาเดียวกันให้มีเพียงตัวแปรเดียวดังสมการที่ 8 เพื่อความสะดวกในการนิยามความหมาย ซึ่งนิพจน์ของ ρ จะแสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ของปัจจัยตัวอื่นๆที่อยู่ในค่า R_0

$$\rho = \alpha \left[\frac{p}{\alpha} + \frac{\delta(1-p)}{\eta} \right] \quad (8)$$

โดยที่

ρ คือสัดส่วนคนที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการป่วย

α คือค่ากลางของช่วงระยะเวลาการติดเชื้อ

p คือสัดส่วนของประชากรในระยะแฝงตัวของเชื้อโรคก่อนที่แสดงอาการป่วย

δ คืออัตราการลดลงของกลุ่มคนที่ไม่แสดงอาการป่วย

η คือช่วงระยะเวลาที่ผู้ได้รับเชื้อแต่ไม่แสดงอาการป่วย

จากสมการที่ 8 สามารถนำมาสร้างสมการคำนวณค่า R_0 ใหม่ได้ดังสมการที่ 9

$$R_0 = \frac{S_0 \beta \rho}{\alpha} \quad (9)$$

โดยที่

R_0 คือค่าความสามารถแพร่ระบาดของเชื้อโรค

S_0 คือจำนวนผู้ป่วยเข้าข่ายเฝ้าระวังโรค

β คืออัตราส่วนของคนที่มีการสัมผัสกันหรือติดต่อกันในหนึ่งหน่วยเวลา

ρ คือคนที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการป่วย

α คือค่ากลางของช่วงระยะเวลาการติดเชื้อ

จากสมการที่ 9 เราสามารถคำนวณหาจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อจากคนก่อนหน้าได้ตามสมการที่ 10 โดยมีความเกี่ยวเนื่องกันในเรื่องของตัวแปร

$$S_0[\ln S_0 - \ln S_\infty] = R_0(S_0 - S_\infty) + \frac{R_0 I_0}{\rho} \quad (10)$$

โดยที่

S_0 คือจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคเริ่มต้น

S_∞ คือจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคสุดท้าย

R_0 คือค่าความสามารถการแพร่ระบาดของเชื้อโรค

I_0 คืออัตราส่วนของคนที่มีการสัมผัสกันหรือติดต่อกันในหนึ่งหน่วยเวลา

ρ คือคนที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการป่วย

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

จากการศึกษางานวิจัยของ Li และคณะ (Li et al. 2004) ได้ทำการศึกษาการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในสัตว์ปีก โดยใช้ข้อมูลที่มีการแพร่ระบาดในภูมิภาคแผ่นดินใหญ่ (Mainland) ของประเทศจีน ซึ่งเป็นการแพร่ระบาดย่อยตามพื้นที่ต่างๆของฟาร์มเลี้ยงสัตว์ปีก โดยพิจารณาถึงระยะทางกับการระบาดของโรคเป็นหลัก พบว่าการแพร่ระบาดส่วนมากจะพบตามเส้นทางรถไฟและแม่น้ำสายหลัก การแพร่กระจายของเชื้อโรคจะเริ่มจากจุดเริ่มต้นที่มีการระบาด แพร่กระจายไปยังระยะทางใกล้ๆ (คือระยะทางน้อยกว่า 500 กม.) จะส่งผลให้มีจำนวนการเกิดโรคระบาดมากกว่าพื้นที่ที่อยู่ห่างไกลออกไป ความน่าจะเป็นของการแพร่ระบาดจะขึ้นอยู่กับระยะทางกับพื้นที่ที่มีการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนก โดยใช้ Statistical transmission model ของไข้หวัดนกในสัตว์ปีก ในการทำนายสถานการณ์การแพร่ระบาดที่จะเกิดขึ้นในอนาคต เพื่อเป็นประโยชน์สำหรับรัฐบาลจีนที่จะสามารถนำไปสร้างมาตรการที่เข้มแข็งในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกได้

จากการศึกษางานวิจัยของ Longini และคณะ (Longini et al. 2004) ได้ศึกษารูปแบบของเครือข่ายขนาดใหญ่ เพื่อใช้ทำนายจำนวนผู้ป่วยที่ขึ้นอยู่กับพื้นที่ของการเริ่มต้นการระบาดและทดสอบโมเดลเพื่อที่จะพยายามควบคุมการระบาดใหญ่ของไข้หวัดใหญ่ที่แหล่งระบาด โดยใช้ตัวแบบสโตคาสติก (Stochastic model) ของโมเดลเครือข่าย เพื่อทำนายจำนวนคนที่ป่วย โดยศึกษาประชากรตัวอย่าง 500,000 คน แบบจำลองใช้ข้อมูลตั้งอยู่บนฐานของประชากรของประเทศไทย

เช่นความหนาแน่นของประชากร ขนาดของครัวเรือน การกระจายของอายุของประชากร และระยะทางไปสู่ที่ทำงาน แบบจำลองยังรวมข้อมูลของเชื้อไข้หวัดนกเข้าไปด้วย เช่นความเป็นไปได้ที่การระบาดจะสามารถติดเชื้อเข้าสู่คน เพอร์กูสัน และลองจิจี ได้ให้ข้อสังเกตว่า การระบาดที่แท้จริง 'ไม่อาจรู้' ได้ก่อนที่มันจะเกิดการระบาดขึ้น อย่างไรก็ตามบางโมเดลการพิจารณาพารามิเตอร์ ยังไม่มีความแน่นอนโดยผลลัพธ์ที่ได้จากการทำนาย สามารถนำไปใช้เพื่อวางแผนเตรียมมาตรการควบคุมโดยเฉพาะอย่างยิ่งสำหรับการแพร่กระจาย ผลการทดลองหาค่า R_0 พบว่าค่าจะอยู่ในช่วง 1.4 ถึง 2.0

จากการศึกษางานวิจัยของ Ferguson และคณะ (Ferguson et al. 2005) ได้ทำการศึกษาการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ที่แพร่ระบาดในพื้นที่เอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เพื่อนำมาเป็นแนวทางในการทำนายการแพร่ระบาดของไวรัสไข้หวัดนกในคน ก่อนที่จะเกิดสถานการณ์การส่งผ่านเชื้อไวรัสจากคนสู่คน โดยจำลองประชาชน 81 ล้านคน รวมทั้งประชากรที่อาศัยในประเทศไทย และภูมิภาคชายแดนกับประเทศเพื่อนบ้าน การคำนวณหาค่าความสามารถในการแพร่กระจายของเชื้อไวรัส เรียกว่าค่า Basic Reproductive number หรือค่า R_0 ผลของงานวิจัยพบว่าค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ต่ำกว่า 1.8 ผลการทดลองให้ข้อเสนอแนะยา 3 ล้านหน่วยที่จัดเตรียมไว้สำหรับหลายประเทศรวมเข้ากับกระบวนการอื่นๆ ในการแก้ปัญหา อาจจะควบคุมการระบาดได้ โดยให้การรักษากับทุกคนที่ติดเชื้อ และทุกคนที่เกี่ยวข้อง ทั้งที่โรงเรียนหรือที่ทำงาน ที่มีโอกาสมากกว่า 90 เปอร์เซ็นต์ ที่จะหยุดการแพร่กระจายการระบาดของเชื้อไวรัสได้ และการเตรียมวัคซีนไข้หวัดใหญ่จะต้องจัดเตรียมถึง 3 ล้านโดส จึงจะเพียงพอต่อจำนวนคนที่จะได้รับเชื้อไวรัส ซึ่งอาศัยข้อมูลจำนวนประชากรของประเทศไทยจากสำนักงานสถิติแห่งชาติ เพื่อหาการกระจายของประชากรกับระยะทางที่จะเกิดการแพร่ระบาดของโรค โดยสร้าง Transmission model เพื่อหาความน่าจะเป็นของผู้ป่วยที่จะติดเชื้อ โดยแบ่งแหล่งของการติดเชื้อ โรคออกเป็น 3 แหล่งคือ 1. การติดเชื้อในครอบครัว 2. ติดเชื้อจากพื้นที่ที่อาศัย เช่น บ้าน สถานที่ทำงาน และโรงเรียน 3. การติดเชื้อในสังคม เช่น การสัมผัสกับคนอื่น โดยทั้ง 3 แหล่งนี้จะขึ้นอยู่กับระยะทางจากพื้นที่ที่มีเกิดการระบาดก่อนหน้า ได้ทดสอบประสิทธิภาพในการที่จะให้ทุกคนได้รับยาต้าน สร้างเป้าหมายทางภูมิศาสตร์และสังคมว่าใครจะเป็นผู้ได้รับ และผสมยาเข้าไปที่ละน้อย เพื่อที่จะเข้าถึงการแก้ไขปัญหาแบบอื่นๆ เช่นการเดินทางอย่างจำเพาะเจาะจง

จากการศึกษาวิจัยของ Chowell และคณะ (Chowell et al. 2005) ได้ทำการเปรียบเทียบการประมาณค่าความสามารถของการแพร่ระบาดหรือค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่สเปน (Spanish Flu) ในปี ค.ศ. 1918 ถึง 1919 ที่รัฐซานฟรานซิสโก และรัฐแคลิฟอร์เนีย จากข้อมูลผู้ป่วยรายวันในฤดูใบไม้ร่วง โดยใช้เทคนิคการคำนวณหาค่า R_0 ที่แตกต่างกัน 4 วิธีดังนี้ วิธีที่ 1 เทคนิคของ exponential-growth rate วิธีที่ 2 โมเดล simple susceptible-exposed-infectious-removed (SEIR) วิธีที่ 3 โมเดล complex SEIR วิธีที่ 4 stochastic susceptible-infectious-removed (SIR) กับอัลกอริทึม Bayesian ซึ่งสรุปผลการวิจัยเป็นดังนี้ วิธีการที่ 1 เหมาะสมกับการคำนวณค่า R_0 ในระยะเริ่มต้นของการแพร่ระบาด ซึ่งในการทดสอบจะต้องถูกกำหนดค่าโดยใช้ค่าเหมาะสมที่สุด (goodness-of-fit) โดยการประเมินค่าตัวแปรผ่าน least-squares (LS) ส่วนวิธีการที่ 3 เหมาะสมกับการประมาณค่า R_0 ตลอดช่วงระยะเวลาการแพร่ระบาด โดยค่า R_0 ที่ได้จาก 3 วิธีการแรกเป็นดังนี้ 2.98, 2.38 และ 2.20 ตามลำดับ ส่วนวิธีการที่ 4 การแพร่ระบาดในระยะเวลา 17 วันประมาณค่า R_0 ได้ 2.10 และในฤดูใบไม้ร่วงประมาณค่า R_0 ได้ 2.36 งานวิจัยนี้ได้สรุปการประมาณการค่า R_0 จากข้อมูลที่แตกต่างกันโดยค่า R_0 ที่ได้จะอยู่ในช่วง 2.0 ถึง 3.0

จากงานวิจัยของ Chowell และคณะ (Chowell et al. 2007) ประเมินค่า R_0 ของโรคไข้หวัดสเปน (Spanish Flu (H1N1)) ที่แพร่ระบาดในปี ค.ศ. 1918 ในประเทศสวีเดน โดยแบ่งการระบาดออกเป็น 2 ฤดู คือฤดูใบไม้ผลิช่วงเดือนก.ค. - ก.ย. และฤดูใบไม้ร่วงช่วงเดือนต.ค. - ธ.ค. ปี ค.ศ. 1918 โดยใช้วิธี Compartmental Epidemic Model ผลการทดลองได้ค่า R_0 ในฤดูใบไม้ผลิเท่ากับ 1.4 ถึง 1.5 และฤดูใบไม้ร่วงมีค่าเท่ากับ 2.8 ถึง 3.3 จากจำนวนประชากรกลุ่มตัวอย่าง 174,673 คน ซึ่งในเหตุการณ์นั้นมีคนได้รับเชื้อถึง 50% จากประชากรทั้งหมด โดยกลุ่มที่มีอัตราการเสียชีวิตสูงที่สุดคือช่วงอายุ 21 -40 ปี การวิจัยนี้ชี้ให้เห็นถึงการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคที่ช่วยเป็นบรรทัดฐานในกระบวนการตัดสินใจในการแทรกแซงให้การรักษาในช่วงที่มีการแพร่ระบาด ตามประเภทและความจำเป็นเพื่อควบคุมการแพร่ระบาด อย่างไรก็ตามการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคขึ้นอยู่กับวิธีการที่ใช้คำนวณ และมาตราส่วนของข้อมูลตามสถานการณ์ที่เกิดขึ้น และระบาดวิทยาของโรค เช่น ช่วงเวลาระยะฟักตัวของเชื้อ และระยะเวลาการติดเชื้อ และมาตรการควบคุมสามารถสร้างได้ตามสัดส่วนของอัตราส่วนของผู้ป่วยที่คาดว่าจะติดเชื้อ กับการแพร่ระบาดในเมือง ซึ่งจะนำไปสู่การลดค่าความร้ายแรงของโรคได้ การประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคจากระยะเริ่มต้นที่มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นมีความสำคัญมาก เนื่องจากจะสามารถสร้างมาตรการควบคุมการแพร่ระบาดอย่างรวดเร็วก่อนที่จะมีการระบาดเกิดขึ้น เพื่อที่จะสกัดกั้นการแพร่ระบาดที่เพิ่มขึ้น

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

1. Software

- 1.1. AppServ เป็นโปรแกรมซึ่งทำหน้าที่ในการจำลองเครื่องคอมพิวเตอร์ส่วนบุคคล เป็นเครื่องเซิร์ฟเวอร์
- 1.2. PHP เป็นภาษาที่ใช้สำหรับการพัฒนาโปรแกรมเพื่อทำนายจำนวนการแพร่ระบาดของ โดยภาษา PHP นี้เป็นโปรแกรมภาษาซึ่งทำงานในลักษณะของเว็บ และมี โครงสร้างภาษาที่คล้ายกับภาษา C ซึ่งมีความสามารถในการตั้งงานในการ กำหนดผลลัพธ์ต่างๆ และสามารถเชื่อมต่อกับฐานข้อมูลได้
- 1.3. Microsoft Access เป็นฐานข้อมูลที่ใช้เก็บข้อมูลรายงานจำนวนผู้ป่วยไข้ระว่างโรค ไข้หวัดนกในคน

2. Hardware

- 2.1. เครื่องคอมพิวเตอร์ Intel Pentium Processor 1.6 GHz
- 2.2. หน่วยความจำหลัก 768 MB
- 2.3. ฮาร์ดดิสก์ขนาด 40 GB

วิธีการ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อสร้างตัวแบบพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยไข้ระว่างโรค ไข้หวัดนกในคน ภายใต้สมมุติฐานการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสจากคนสู่คน โดยเราได้นำเอา โมเดลการแพร่ระบาดของเชื้อไข้หวัดนกในสัตว์ปีก (Transmission Model of Avian Influenza) (Li et al. 2004) ใช้เป็นต้นแบบ เพื่อนำมาประยุกต์ใช้ในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยไข้ระว่างโรค ไข้หวัดนก ในคน และหาจำนวนคนที่มีโอกาสจะได้รับเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) จากคนสู่คน ในการศึกษา ครั้งนี้นำเสนอปัจจัยที่มีผลต่อการสร้างตัวแบบทำนายการการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกจากคน สู่คนมีดังนี้

Susceptible (S) คือกลุ่มประชากรที่อยู่ในข่ายเฝ้าระวังโรคที่อาจจะติดเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) โดยได้นิยามถึงกลุ่มประชากรที่อยู่ในข่ายเฝ้าระวังโรคดังนี้ ประชากรกลุ่มเสี่ยงที่มีโอกาสติดเชื้อไวรัสได้ง่าย ได้แก่ กลุ่มประชากรวัยเด็ก (อายุต่ำกว่า 6 ปี และวัยรุ่น (อายุ 65 ปีขึ้นไป) ผู้ป่วยต้องสงสัยและอยู่ในข่ายเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนก คือผู้ป่วยที่ป่วยเป็นโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) หรือโรคปอดบวม (Pneumonia) และมีประวัติสัมผัสกับสัตว์เป็นโรค หรือสัมผัสคนป่วยภายใน 10 วันก่อนเกิดอาการป่วย หรือมีประวัติการไปแหล่งระบาดของไข้หวัดนก 10 วันนับตั้งแต่เกิดอาการ

Lifetime of virus (L) คือวงจรชีวิตของไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) ซึ่งขึ้นอยู่กับอุณหภูมิของอากาศและระยะเวลาที่มีการระบาดของโรค

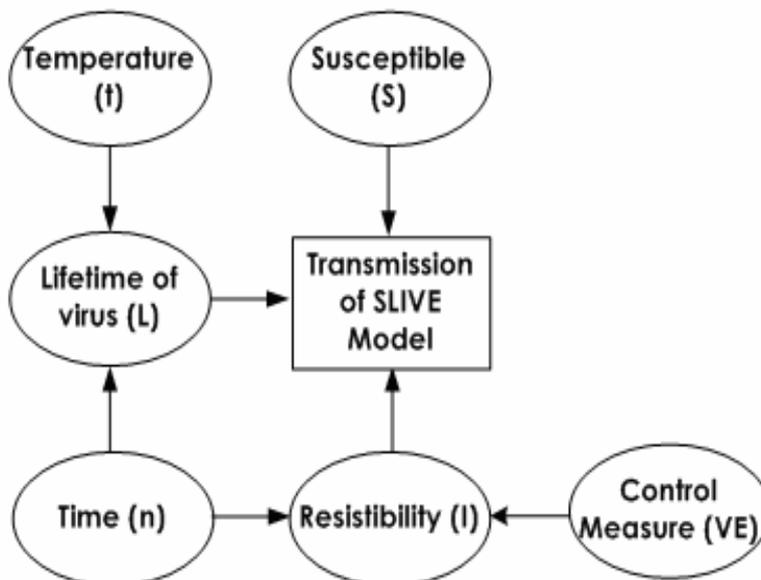
Resistibility (I) คือค่าภูมิต้านทานหรือภูมิคุ้มกันของคนต่อเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ซึ่งขึ้นอยู่กับระยะเวลาที่มีการระบาดของโรค และมาตรการควบคุมป้องกันโรคระบาด

Control measure (VE) คือมาตรการควบคุมการติดต่อของโรค เช่นการให้วัคซีนป้องกันโรค โดย Vaccine Efficacy (VE) (Longini et al. 2005) หมายถึงเปอร์เซ็นต์การลดลงของโรคที่จะเกิดขึ้นเมื่อมีการให้วัคซีนกับกลุ่มประชากร

Temperature (t) คือสภาพภูมิอากาศของอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงโดยเฉลี่ยในหนึ่งหน่วยเวลา ซึ่งมีผลต่อการมีชีวิตอยู่เชื้อไวรัส นอกจากนี้ไวรัสยังขึ้นอยู่กับสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยที่อาจมีผลต่อการระบาดของโรคไข้หวัดนก เช่น ความชื้นของอากาศ และความยาวนานของแสงแดด เป็นต้น

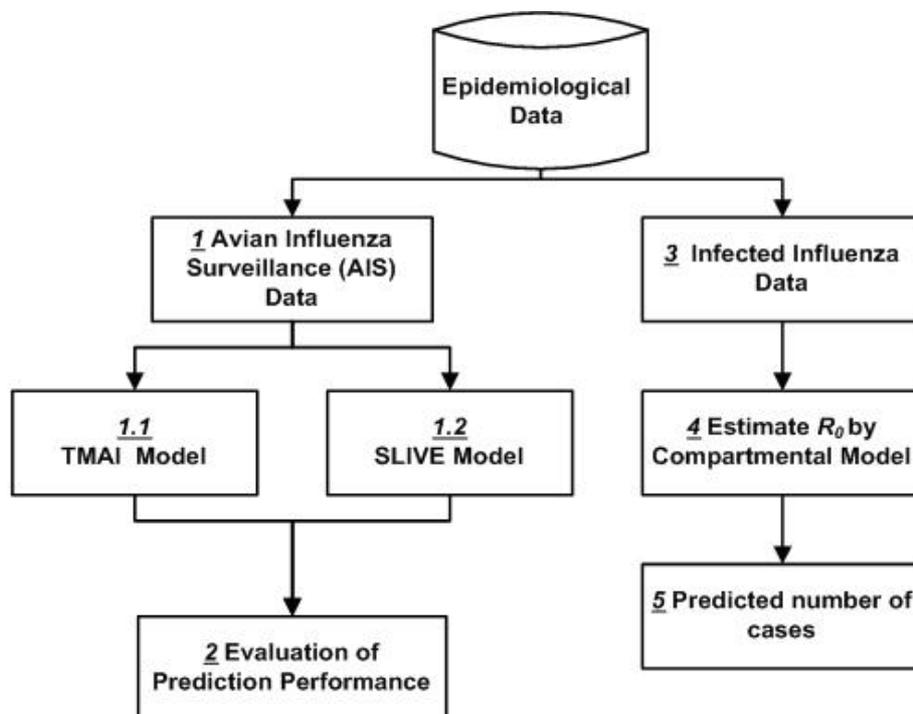
Temperature (t) Time (n) คือช่วงระยะเวลาที่ทำการศึกษาและเฝ้าระวัง การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) สำหรับการทดลองงานวิจัยนี้คือตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 2548 ถึง 31 ต.ค. 2549 รวมระยะเวลาทั้งหมด 365 วัน

ในการศึกษาครั้งนี้จึงได้นำเสนอโมเดลของการแพร่ระบาดของไข้หวัดนกซึ่งมีชื่อเรียกว่า SLIVE โมเดลดังกล่าวที่ 2



ภาพที่ 2 ปัจจัยที่มีผลต่อ โมเดลการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน (SLIVE Model)

โมเดลการแพร่ระบาดที่ต้องการสร้างขึ้น ได้แนวคิดมาจากความรู้ที่ว่า โรคไข้หวัดนกที่มีการระบาดอยู่ในปัจจุบันนี้ มีงานวิจัยที่ได้ทำการศึกษาเกี่ยวกับการติดต่อของโรคที่เกิดขึ้นระหว่างคนกับคนนั้นพบว่ามีโอกาสเกิดขึ้นได้ แต่ยังอยู่ในอัตราที่ต่ำและไม่มีอาการรุนแรง แต่หากในอนาคตมีการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ของไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) การระบาดในคนก็ย่อมมีโอกาสสูง (Bridges et al. 2002) เราจึงสร้างตัวแบบ SLIVE เพื่อศึกษาการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกจากคนสู่คน สำหรับการพยากรณ์การเกิดโรคระบาดที่อาจจะเกิดขึ้นในอนาคต ซึ่งสามารถนำไปใช้ในการหาวิธีการป้องกันและสร้างมาตรการควบคุมการแพร่ระบาดได้ทันทั่วทั้งที่ ขั้นตอนการทำวิจัยดังกล่าวนี้สามารถดูได้จากภาพที่ 3 โดยสามารถสรุปเป็น 5 ขั้นตอนใหญ่ๆ ดังนี้



ภาพที่ 3 ขั้นตอนการศึกษาและพัฒนาตัวแบบโรคไข้หวัดนกในคน

1. ข้อมูลการศึกษา

1.1 ข้อมูลรายงานจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน (Avian Influenza Surveillance data: AIS)

งานวิจัยนี้เราจะใช้ข้อมูลผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน (AIS) จากฐานข้อมูลรายงานเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา จากสำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข ประเทศไทย เนื่องจากข้อมูลผู้ป่วยยืนยันโรคไข้หวัดนก มีจำนวนน้อยรายซึ่งไม่เพียงพอต่อการทำนายจำนวนผู้ป่วยติดเชื้อได้ ลักษณะของข้อมูลรายงานผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน ได้แก่ ผู้ป่วยที่ป่วยเป็นโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) หรือโรคปอดบวม (Pneumonia) และมีประวัติสัมผัสกับสัตว์เป็นโรค หรือสัมผัสคนป่วยภายใน 10 วันก่อนเกิดอาการป่วย หรือมีประวัติการไปแหล่งระบาดของไข้หวัดนก 10 วันนับตั้งแต่เกิดอาการ ในงานวิจัยนี้เราจะใช้ข้อมูลรายงานผู้ป่วยในข่ายเฝ้าระวังโรคสะสมตั้งแต่วันที่ 1 เดือนพ.ย. 2548 – ต.ค. 2549 จำนวน 1,132 ราย โดยเลือกพื้นที่ที่มีการระบาดของโรคไข้หวัดนก (H5N1) ในสัตว์ปีกสูงสุด และรายงานจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัด

นกสูงสุด ได้แก่ จังหวัดสุพรรณบุรี ซึ่งจังหวัดที่อยู่ในโซนเดียวกับจังหวัดสุพรรณบุรี ได้แก่ กาญจนบุรี นครปฐม และราชบุรี ซึ่งเป็นจังหวัดที่อยู่ในเขตภาคกลางและมีพื้นที่จังหวัดติดกัน (สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข) โดยแบ่งข้อมูลของทั้ง 4 จังหวัด ออกเป็น 3 ช่วงระยะเวลา แสดงได้ดังตารางที่

ตารางที่ 2 ข้อมูลจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน (AIS) ใน 4 จังหวัดติดกัน

จังหวัด	จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน		
	พ.ย. - ก.พ. 49	มี.ค. - มิ.ย. 49	ก.ค. - ต.ค. 49
สุพรรณบุรี	295	211	391
กาญจนบุรี	29	4	108
นครปฐม	10	6	56
ราชบุรี	7	3	11
รวม	341	224	566

จากการแบ่งข้อมูลของทั้ง 4 จังหวัดออกเป็น 3 ช่วงระยะเวลาตามตารางที่ 1 จะใช้ชื่อตัวแปร Season 1 Season 2 และ Season 3 แทนข้อมูลที่ใช้การทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนในแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 ชื่อตัวแปรที่ใช้อ้างอิงในการแบ่งช่วงเดือนของแต่ละฤดูกาล

ตัวแปร	ฤดูกาล	ช่วงเดือน
Season 1	ฤดูหนาว	พ.ย. - ก.พ. 2549
Season 2	ฤดูร้อน	มี.ค. - มิ.ย. 49
Season 3	ฤดูฝน	ก.ค. - ต.ค. 49

1.2 ขั้นตอนทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคน ประกอบด้วยขั้นตอนย่อย 2 ขั้นตอน ดังนี้

ขั้นตอนทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ TMAI ในโมเดลนี้พารามิเตอร์บางตัวเราจะไม่นำมาพิจารณา เช่น เส้นทางของการแพร่ระบาด (Route of transmission) และระยะของการแพร่ระบาด (Distance of transmission) เนื่องจากพารามิเตอร์ดังกล่าวไม่สามารถที่จะยืนยันได้ว่ามีผลต่อการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คน จากสมการที่ 1 เราจึงไม่นำพารามิเตอร์ระยะทางเข้ามาคำนวณหาค่าความน่าจะเป็นของการแพร่ระบาด ซึ่งจะได้สมการใหม่ดังสมการที่ 11 สำหรับคำนวณความน่าจะเป็นของการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในคน

$$P = RL(n)S(n)\frac{1}{I(n)} \quad (11)$$

โดยที่

$R \in [0,1]$ คือค่าสุ่มที่เป็นตัวเลขทศนิยม

$L(n)$ คือวงจรชีวิตของไวรัส

$S(n)$ คือจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนก (AIS)

$I(n)$ คือค่าความต้านของคนต่อเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1)

การคำนวณวงจรชีวิตของไวรัสตามสมการที่ 3 ถึงสมการที่ 5 จะอาศัยอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด – ต่ำสุดรายเดือน เพื่อคำนวณหาค่าที่เหมาะสมสำหรับอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงในแต่ละวัน โดยใช้ข้อมูลสถิติอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด-ต่ำสุด ตัวอย่างข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด-ต่ำสุด ประจำปี พ.ศ. 2549 ตามตารางที่ 1 (ภาคผนวก) ค่าอุณหภูมิของอากาศที่เปลี่ยนแปลงที่เหมาะสมจะใช้ข้อมูลย้อนหลังจากกรมอุตุนิยมวิทยาของประเทศไทย ซึ่งค่าอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงนี้ใช้การประมาณการค่าจากสมการเส้นตรง (Linear) ตามช่วงเวลาที่เกิดโรคระบาด

จากข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด – ต่ำสุดรายเดือน เราจะแบ่งช่วงระยะเวลาการแพร่ระบาดออกเป็นฤดูกาล เพื่อศึกษาถึงปัจจัยที่มีผลต่อการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนก โดยนำค่าอุณหภูมิเฉลี่ยรายเดือนมาหาค่าเฉลี่ย จะได้ค่าอุณหภูมิเฉลี่ยของแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 4 ข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด – ต่ำสุดรายเดือนของแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	อุณหภูมิเฉลี่ยต่ำสุด	อุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด
ฤดูหนาว	21.05	32.33
ฤดูร้อน	24.50	32.33
ฤดูฝน	24.73	32.30

ตัวอย่างการคำนวณหาค่าประมาณการของอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงในช่วงระยะเวลาการระบาดของโรคไข้หวัดนก โดยแบ่งเป็นฤดูกาลนำไปคำนวณในสมการที่ (14) โดยอาศัยทฤษฎีสมการเส้นตรง

$$t = t_1 + t_2 n$$

$$t_2 = (\text{ค่าเฉลี่ยของอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด} - \text{อุณหภูมิเฉลี่ยต่ำสุด}) / \text{ระยะเวลาการระบาด}$$

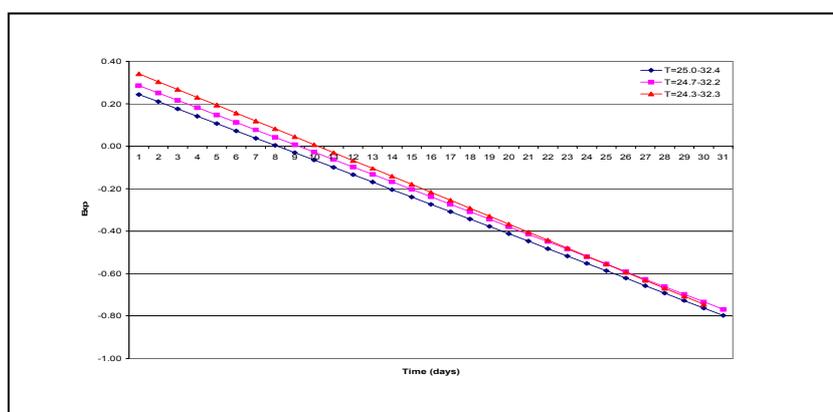
$$t_2 = 0.0795$$

$$t_1 = \text{อุณหภูมิเฉลี่ยต่ำสุด} - t_2$$

$$t_1 = 25.35$$

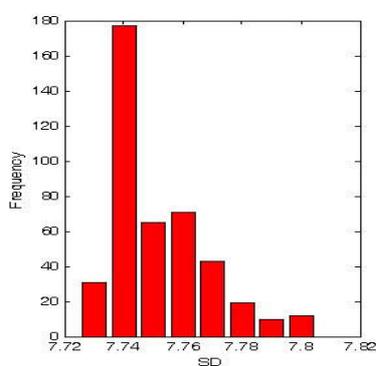
$$n = \text{ช่วงระยะเวลาการระบาดของโรคไข้หวัดนก หน่วยเป็น วัน}$$

ผลลัพธ์จากการคำนวณตามสมการที่ 5 แสดงค่าของวงจรชีวิตของไวรัสตามระยะเวลาที่นานขึ้นแสดงได้ดังภาพที่ 4

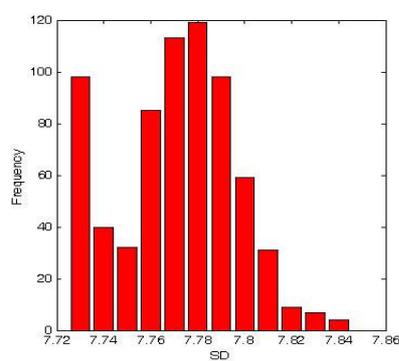


ภาพที่ 4 เส้นวงจรชีวิตของไวรัสตามอุณหภูมิเฉลี่ยต่ำสุด-สูงสุดรายวัน ตามระยะเวลาที่มากขึ้นค่าที่เหมาะสมของพารามิเตอร์ของตัวแบบ TMAI

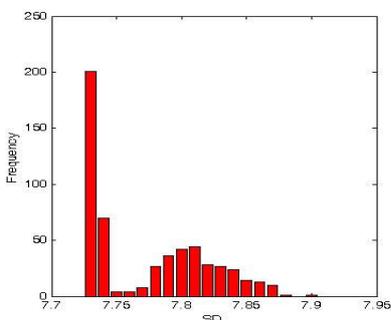
การประมาณการค่าพารามิเตอร์ของตัวแบบ TMAI จะได้มาจากการทดสอบโปรแกรมแบบจำลอง TMAI โดยการปรับเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์แต่ละตัวในขณะที่ทำการทดลอง ซึ่งจะนำผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับข้อมูลทดสอบ ถ้าผลลัพธ์มีค่าใกล้เคียงกับข้อมูลจริงก็จะเลือกค่า A ในขณะนั้น เป็นค่าจำนวนคนที่ติดเชื่อเริ่มต้นตามสมการที่ 2 โดยจะพิจารณาเลือกค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ จากค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard Deviation S.D.) ที่มีค่าน้อยที่สุด และมีค่าความถี่มากที่สุด จากการคำนวณ 1,000 รอบ ดังภาพที่ 5.1 - 5.6 แสดงถึงการกระจายตัวของค่า S.D. และค่าความถี่ของพารามิเตอร์ A



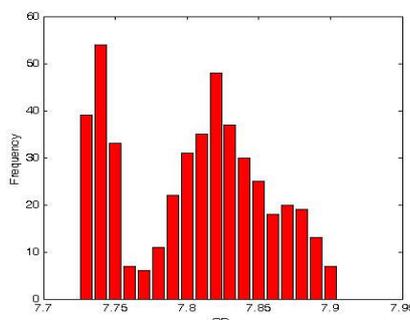
ภาพที่ 5.1 R_0 A=5 S.D.=7.74



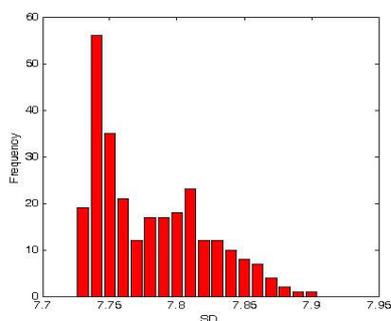
ภาพที่ 5.2 R_0 A=6 S.D.=7.78



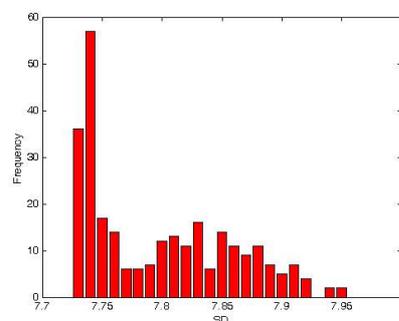
ภาพที่ 5.3 A=7 S.D.=7.73



ภาพที่ 5.4 A=8 S.D.=7.74



ภาพที่ 5.5 A=9 S.D.=7.74



ภาพที่ 5.6 A=10 S.D.=7.74

ภาพที่ 5 เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ A ของตัวแบบ TMAI ด้วยค่า S.D.

การประมาณการค่าพารามิเตอร์ของตัวแบบ TMAI จะได้มาจากการทดสอบโปรแกรมแบบจำลอง TMAI โดยการปรับเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์แต่ละตัวในขณะที่ทำการทดลอง ซึ่งจะนำผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับข้อมูลทดสอบ ถ้าผลลัพธ์มีค่าใกล้เคียงกับข้อมูลจริงก็จะเลือกค่า A ในขณะนั้น เป็นค่าจำนวนคนที่ติดเชื่อเริ่มต้นตามสมการที่ 2 โดยจะพิจารณาเลือกค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ จากค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard Deviation S.D.) ที่มีค่าน้อยที่สุด และมีค่าความถี่มากที่สุด จากการคำนวณ 1,000 รอบ ดังภาพที่ 5.1 - 5.6 แสดงถึงการกระจายตัวของค่า S.D. และค่าความถี่ของพารามิเตอร์ A

เปรียบเทียบค่า S.D. ของพารามิเตอร์ A จะได้ค่า S.D. น้อยที่สุดเท่ากับ 7.73 และมีความถี่สูงสุดเท่ากับ 201 ดังตารางที่ 5 ค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ A เท่ากับ 7

ตารางที่ 5 เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ A

Measure	$A=5$	$A=6$	$A=7$	$A=8$	$A=9$	$A=10$
S.D.	7.74	7.78	7.73	7.74	7.74	7.74
Frequency	177	119	201	54	56	57

เปรียบเทียบค่า S.D. ของพารามิเตอร์ B จะได้ค่า S.D. น้อยที่สุดเท่ากับ 7.72 และมีความถี่สูงสุดเท่ากับ 228 ดังตารางที่ 6 ค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ B เท่ากับ 10

ตารางที่ 6 เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ B

Measure	$B=5$	$B=10$	$B=15$	$B=20$
S.D.	7.74	7.72	7.73	7.74
Frequency	156	228	98	50

เปรียบเทียบค่า S.D. ของพารามิเตอร์ C จะได้ค่า S.D. น้อยที่สุดเท่ากับ 7.73 และมีความถี่สูงสุดเท่ากับ 179 ดังตารางที่ 7 ค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ C เท่ากับ 3.0

ตารางที่ 7 เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ C

Measure	$C=1.0$	$C=1.5$	$C=2.0$	$C=2.5$	$C=3.0$
S.D.	7.74	7.76	7.77	7.74	7.73
Frequency	48	96	102	98	179

การประมาณการค่าพารามิเตอร์ H เพื่อนำไปใช้ในอัลกอริทึมการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวัง จะพิจารณาเลือกค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ จากค่า S.D. (Standard Deviation) ที่มีค่าน้อยที่สุด และมีความถี่มากที่สุด เปรียบเทียบค่า S.D. ของพารามิเตอร์ H จะได้ค่า S.D. น้อยที่สุดเท่ากับ 7.73 และมีความถี่สูงสุดเท่ากับ 156 ดังตารางที่ 8 ค่าที่เหมาะสมให้กับพารามิเตอร์ H เท่ากับ 1.5

ตารางที่ 8 เปรียบเทียบค่า S.D.ของพารามิเตอร์ H

Measure	$H=0.5$	$H=1.0$	$H=1.5$	$H=2.0$
S.D.	7.74	7.75	7.73	7.74
Frequency	97	112	156	75

1.3 ขั้นตอนทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ SLIVE

ในขั้นตอนนี้จะนำเสนอสมการที่ 12 สำหรับคำนวณจำนวนผู้ป่วยที่เป็นไปได้ในแต่ละวัน ตลอดช่วงระยะเวลาของการระบาด โดยไม่ต้องกำหนดค่าเริ่มต้นของการระบาด ซึ่งการกำหนดค่าเริ่มต้นของการระบาดหากเกิดเหตุการณ์จริงจะเป็นเรื่องยากที่จะคาดเดาค่าเริ่มต้น

$$K(n) = S(n) * 1.1 \quad (12)$$

โดยที่

$K(n)$ เป็นจำนวนผู้ป่วยที่เป็นไปได้ในแต่ละวันตลอดช่วงระยะเวลาของการระบาด โดยค่าของ $K(n)$ จะเพิ่มขึ้นตามสัดส่วนของ $S(n)$

$S(n)$ เป็นจำนวนผู้ป่วยโรคไข้วัดใหญ่ และปอดบวมที่ได้รับรายงานแต่ละวัน

สมการที่ 15 การคำนวณวงจรชีวิตของไวรัส

$$L(n) = e^{(3.4 - (0.0915(t_1 + t_2 n))^{1.1})} \quad (13)$$

โดยที่

$L(n)$ คือค่าที่แสดงถึงวงจรชีวิตของไวรัสที่ขึ้นอยู่กับระยะเวลา และอุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลงตั้งแต่เกิดการระบาดขึ้น

t คือค่าอุณหภูมิของอากาศที่เปลี่ยนแปลงในแต่ละวัน

เนื่องจากตัวแบบทำนาย SLIVE ในรอบแรกจะใช้ปัจจัยสภาพภูมิอากาศเพียงตัวเดียวคืออุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง เพื่อหาความน่าจะเป็นของการเกิดการแพร่ระบาดจะพบว่าการใช้ปัจจัยเพียงตัวเดียวจะให้ค่าความน่าจะเป็นในการเกิดโรคสูง แต่ในความเป็นจริงแล้วการฟักตัวและแสดงอาการของโรคไข้วัดใหญ่ในคนที่อ่อนแอจะเกิดจากปัจจัยสภาพภูมิอากาศที่มากกว่า 1 ปัจจัย (อรุณี, 2546) ดังนั้นผลที่เกิดจากการวิเคราะห์เพียงปัจจัยเดียวอาจให้ผลความแม่นยำไม่สูง ดังนั้นจึงควรวิเคราะห์หลายปัจจัยของสภาพภูมิอากาศกับการเกิดโรคไข้วัดใหญ่ในคน ในงานวิจัยฉบับนี้จึงใช้ค่าความน่าจะเป็นโดยใช้สภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัย ได้แก่อุณหภูมิรายวันต่ำสุด ความชื้นอากาศรายวันสูงสุด และความยาวนานแสงแดดต่อวัน ต่อการพบโรคไข้วัดใหญ่ พบว่า ถ้าความยาวนานของแสงแดดต่อวันมีค่ามากกว่า 7 ชั่วโมง ความชื้นสัมพัทธ์สูงสุดอากาศรายวันมีค่ามากกว่า 85% และอุณหภูมิต่ำสุดของอากาศมีค่าระหว่าง 21 ถึง 24°C จะมีความน่าจะเป็นมากที่สุดและมีค่าเป็น 0.157 (ศิริชัย และคณะ, 2549) จะพบการที่เชื้อที่มีอยู่ในท้องถิ่นฟักตัวและชักนำให้คนที่อ่อนแอมีโอกาสแสดงออกถึงการเกิดโรคไข้วัดใหญ่ได้ สมการที่ 14 สำหรับคำนวณวงจรชีวิตของไวรัส โดยเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของสภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัย

$$L(n) = e^{G(3.4 - (0.0915 - t_1 + t_2 n)^{1.1})} \quad (14)$$

โดยที่

$L(n)$ คือค่าที่แสดงถึงวงจรชีวิตของไวรัสที่ขึ้นอยู่กับระยะเวลา อุณหภูมิที่เปลี่ยนแปลง และสภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัยตั้งแต่เกิดการระบาดขึ้น

G คือค่าความน่าจะเป็นของสภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัยที่มีผลต่อการระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ได้แก่ อุณหภูมิต่ำสุด ความชื้นอากาศมากกว่า 85% และ ความยาวนานของแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน

จำนวนครั้งการพบการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีก และค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคตามสภาพภูมิอากาศ 3 ปัจจัย ได้แก่ อุณหภูมิรายวันต่ำสุด ความชื้นอากาศรายวันสูงสุด และความยาวนานแสงแดดต่อวัน แสดงดังตารางที่ 9

ตารางที่ 9 จำนวนครั้งการพบการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีกเทียบกับช่วงความชื้นสัมพัทธ์อากาศสูงสุดรายวัน (RH %) อุณหภูมิอากาศต่ำสุดรายวัน (T_{min}) ที่มีความยาวนานของแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน (ศิริชัย และคณะ, 2549)

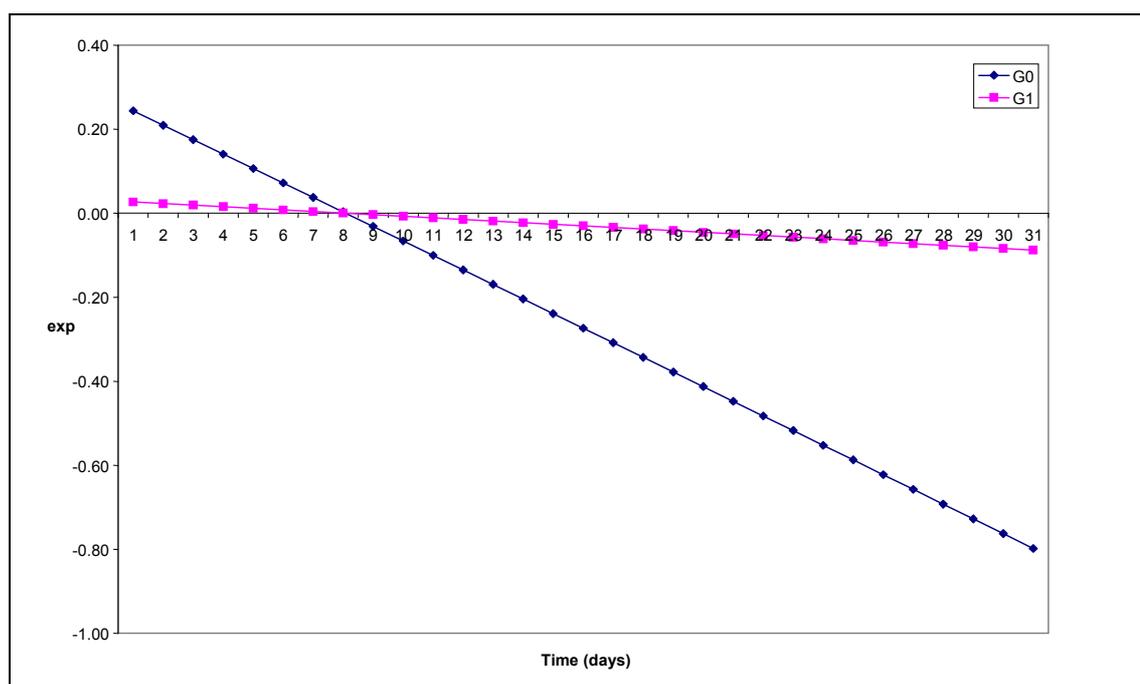
T_{min} , RH %	จำนวนครั้งที่พบการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีก		ความน่าจะเป็น
	น้อยกว่า 85	มากกว่า 85	
น้อยกว่า 21	10	93 - 106	0.110 - 0.125
21-24	0	93 - 133	0.110 - 0.157
มากกว่า 24	0	1 - 12	0.001 - 0.014

จากตารางที่ 9 แสดงให้เห็นว่าถ้าความยาวนานของแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน และอุณหภูมิของอากาศต่ำสุดรายวันมีค่า 21 ถึง 24 °C และความชื้นสัมพัทธ์อากาศมากกว่า 85% จะพบโอกาสที่เชื้อฟักตัวและสัตว์ปีกแสดงอาการของโรคมี่ค่าความน่าจะเป็นสูงสุด จำนวนครั้งของการพบการเกิดโรคทั้งหมดมีจำนวน 849 ครั้ง จะหาค่าความน่าจะเป็นของการพบโรคได้จากจำนวนของการพบการเกิดโรคไข้หวัดใหญ่สูงสุดซึ่งมีค่าความน่าจะเป็นอยู่ในช่วง 0.110 ถึง 0.157 แต่ถ้าอุณหภูมิของอากาศต่ำกว่า 21 °C ความน่าจะเป็นของการพบโรคจะลดลง

ตารางที่ 10 ชื่อตัวแปรที่ใช้อ้างอิงในรูปภาพที่ 6

ตัวแปร	ความหมาย
<i>G0</i>	สภาพภูมิอากาศที่มีอุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่ามากกว่า 25 °C
<i>G1</i>	สภาพภูมิอากาศที่มีอุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่า 21 ถึง 24 °C ความชื้นอากาศมากกว่า 85% และความยาวนานแสงแดดมากกว่า 7 ชั่วโมงต่อวัน จะมีความน่าจะเป็นของการพบโรคใช้หัวคใหญ่ในสัตว์ปีกมากที่สุดและมีค่าเป็น 0.157

ผลลัพธ์จากการคำนวณตามสมการที่ 15 และ 16 แสดงค่าของวงจรชีวิตของไวรัสตามระยะเวลาที่นานขึ้นแสดงได้ดังภาพที่ 6



ภาพที่ 6 เปรียบเทียบวงจรชีวิตของไวรัสเมื่ออุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่ามากกว่า 25 °C และอุณหภูมิต่ำสุดรายวันมีค่า 21 ถึง 24 °C โดยมีสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยเข้ามาเกี่ยวข้อง

สมการที่ 15 สำหรับการคำนวณค่าภูมิคุ้มกันทานของคนต่อเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1)

$$I(n) = \frac{M}{1 + (M - 1)e^{-\frac{n}{C}}} \quad (15)$$

โดยที่

$I(n)$ คือตัวกำหนดค่าภูมิคุ้มกันทานของคนต่อเชื้อไวรัสซึ่งขึ้นอยู่กับระยะเวลาของการแพร่ระบาด และมาตรการควบคุมป้องกันโรคระบาด

M คือระดับความเข้มแข็งของการใช้มาตรการควบคุมป้องกันการแพร่ระบาดของโรค เช่น การกักกันผู้ป่วยหรือแยกผู้ป่วยที่ติดเชื้อ ผู้ป่วยเฝ้าระวังโรค และการฉีดวัคซีน เป็นต้น

C คือค่าเฉลี่ยของระดับความเข้มแข็งของการใช้มาตรการควบคุมป้องกันการแพร่ระบาด

n คือช่วงระยะเวลาการระบาดของโรคไข้หวัดนก

หลังจากนั้นเราจะนำสมการที่ (14) (15) (16) และ (17) ไปสร้างอัลกอริทึม ดังภาพที่ 7 เพื่อนำไปสร้างโปรแกรมตัวแบบสำหรับพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน

1.4 การทำงานของอัลกอริทึม SLIVE มีขั้นตอนดังนี้

1.4.1 เริ่มต้นจะกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับตัวแปรคือ ตัวแปรระยะเวลาของการแพร่ระบาด(n) ตัวแปรค่า Count ตัวแปรค่า Threshold (H) ตัวแปรค่าเฉลี่ยของมาตรการควบคุมโรคระบาด(C) และตัวแปรค่าสูงสุดของมาตรการควบคุมโรคระบาด(M)

1.4.2 คำนวณค่า $K(n)$ โดยนำค่าจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคในแต่ละวัน เป็นข้อมูลนำเข้า

1.4.3 คำนวณค่า $L(n)$

1.4.4 คำนวณค่า $I(n)$

1.4.5 เปรียบเทียบค่า การเริ่มต้นการคำนวณ Count กับค่า $K(n)$ ถ้าค่า $Count < K(n)$ จะทำการคำนวณค่าความน่าจะเป็นของการแพร่ระบาด ถ้า $Count \geq K(n)$ จะไปคำนวณค่า $K(n)$ ของวันต่อไป

1.4.6 สุ่มค่า R

1.4.7 คำนวณค่า P

1.4.8 เปรียบเทียบค่า H กับค่า P ถ้า $P > H$ จะนับจำนวนผู้ป่วยเป็น 1 ถ้า $P < H$ จะไม่เพิ่มค่าจำนวนผู้ป่วยในรอบการทำงานนี้ และกลับไปสุ่มค่า R ใหม่ ทำแบบนี้ไปเรื่อยๆ จนกว่าค่า

$$Count \geq K(n)$$

1.5 อัลกอริทึมของตัวแบบ SLIVE

Algorithm SLIVE Model ($S(n)$, n)

Input: Initialize parameters: $S(n)=0, n=0, Count=0, H=0.15, C=3.0, M=10, G=0.157$

Output: The outbreak numbers of each day of onset

For each n day do

$Count = 0;$

$K(n) = S(n) * 1.1;$ // Input AIS data here

$$L(n) = e^{G(3.4 - 0.0915(t_1 + t_2 n)^{1.1})};$$

$$I(n) = \frac{M}{1 + (M - 1)e^{-\frac{n}{c}}};$$

While ($Count \leq K(n)$)

Generate $R \in [0,1]$ (R =Random float number)

$$P = RL(n)S(n) \frac{1}{I(n)};$$

If $P > H$ Then $S(n)++;$ //Count Number of case here

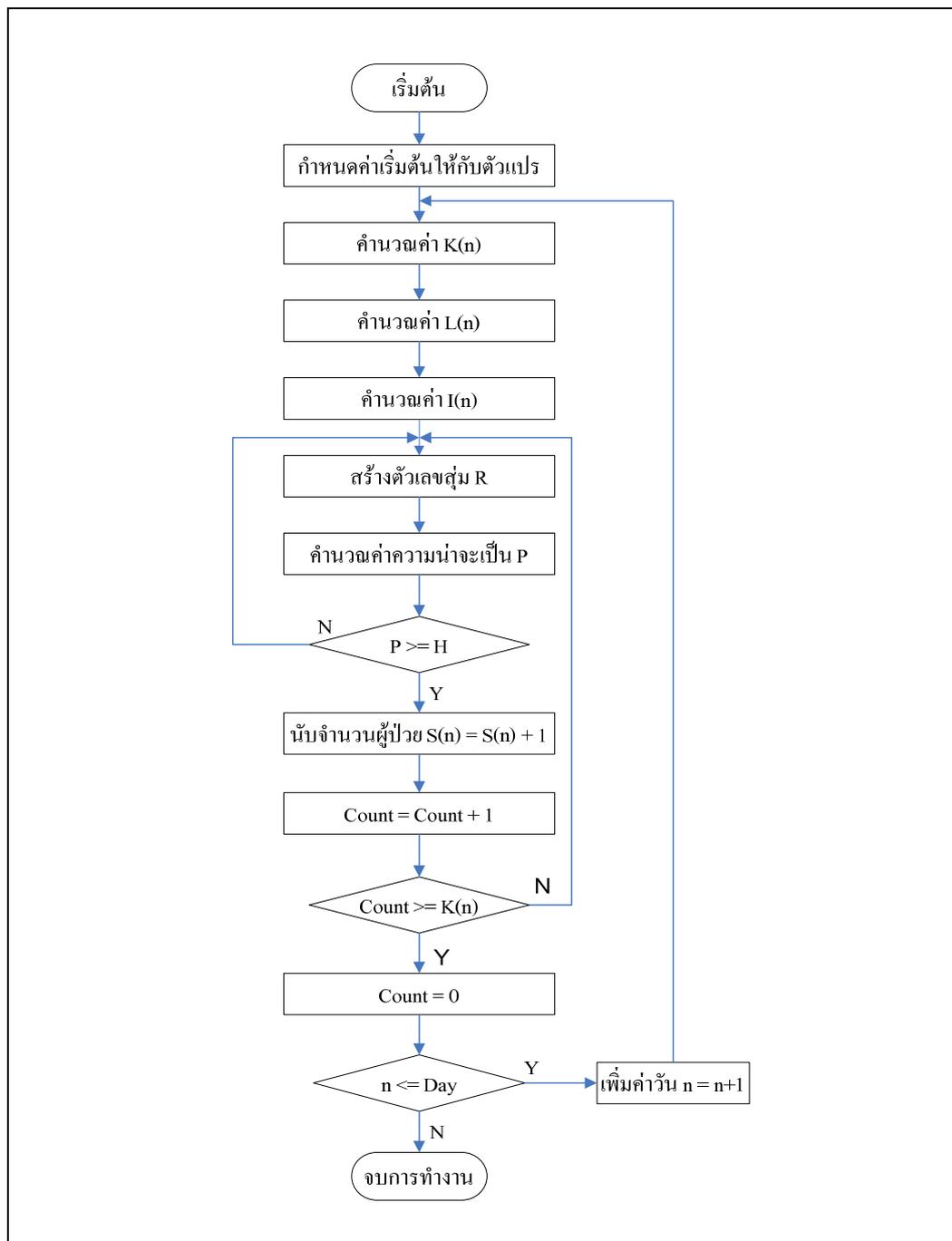
$Count++;$

Loop

$n++;$

Loop

ภาพที่ 7 อัลกอริทึมของตัวแบบ SLIVE



ภาพที่ 8 ขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมของตัวแบบ SLIVE

การประมาณการค่าพารามิเตอร์ค่าที่เหมาะสม เพื่อนำไปใช้ในอัลกอริธึมการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวัง จะนำค่าที่ได้จากการประมาณการของตัวแบบ TMAI มาใช้ในการคำนวณด้วยตัวแบบ SLIVE ค่าพารามิเตอร์ค่าที่เหมาะสมของพารามิเตอร์ C M และ H ดังตารางที่ 11

ตารางที่ 11 ค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมในการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังไขหวัดนกในคนด้วยตัวแบบ SLIVE (TMAI)

พารามิเตอร์	ค่าที่เหมาะสม
C	3.0
M	10
H	0.15

1.6 เปรียบเทียบประสิทธิภาพของการพยากรณ์ด้วยตัวแบบ TMAI และ SLIVE

การวัดประสิทธิภาพการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไขหวัดนกในคน ด้วยตัวแบบการทำนาย TMAI และ SLIVE จะใช้ตัวชี้วัด 4 ตัวดังนี้

1.6.1 Root Mean Square Error (RMSE)

คือค่าความแปรปรวนของข้อมูลที่ได้จากการพยากรณ์ ซึ่งเป็นตัวที่ใช้วัดค่าความแตกต่างระหว่างค่าของข้อมูลจริงกับข้อมูลพยากรณ์ที่ได้ ค่าความแตกต่างของข้อมูลระหว่างข้อมูลทดสอบกับข้อมูลพยากรณ์แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพการทำนายว่ามีมากน้อยเพียงใด ซึ่งหากค่าความแตกต่างของข้อมูลน้อยนั้นย่อมหมายถึงการพยากรณ์ที่แม่นยำมากดังสมการที่ 16

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2}{n}} \quad (16)$$

โดยที่

- x_i คือ ข้อมูลทดสอบ
- y_i คือ ข้อมูลที่ได้จากการพยากรณ์
- i คือ วันที่พยากรณ์
- n คือ จำนวนวันที่พยากรณ์

1.6.2 Mean Absolute Error (MAE)

คือค่าถ่วงน้ำหนักเฉลี่ยของค่าผิดพลาดแบบสัมบูรณ์ของค่าความแตกต่างระหว่างการทำนายกับข้อมูลจริง เป็นตัววัดความถูกต้องสำหรับความต่อเนื่องของตัวแปร มีความสัมพันธ์กับค่า RMSE คือถ้าค่า RMSE และ MAE ต่างกันน้อยแสดงว่ามีความผันผวนในค่าผิดพลาดมีน้อย

$$MAE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |x_i - \hat{x}_i| \quad (17)$$

โดยที่

x_i	คือ ข้อมูลที่ได้จากการพยากรณ์
\hat{x}_i	คือ ข้อมูลทดสอบ
i	คือ วันที่พยากรณ์
N	คือ จำนวนวันที่พยากรณ์

1.6.3 Type I Error

คือค่าความคลาดเคลื่อนในลักษณะที่ปฏิเสธสมมติฐานที่เป็นกลางหรือสมมติฐานไร้นัย (Null hypothesis) ทั้ง ๆ ที่ Null hypothesis นั้นถูกต้อง ในทางสถิติถือว่าความคลาดเคลื่อนชนิดที่หนึ่งเป็นความคลาดเคลื่อนที่อันตรายมากกว่าความคลาดเคลื่อนชนิดที่สอง โดยทั่วไปมักจะกำหนดความคลาดเคลื่อนชนิดที่หนึ่งขึ้นมาก่อน แล้วพยายามกำจัดความคลาดเคลื่อนชนิดที่สองให้มีน้อยที่สุด (นรา บุรณรัช, 2543) โดยจะกำหนดระดับค่านัยสำคัญ Type I Error ให้มีค่าเป็น 0.10 ถ้าค่า Type I Error มีค่าไม่เกิน 0.10 แสดงว่า การทำนายมีค่าความคลาดเคลื่อนน้อย เนื่องจากถ้าผลการทำนายมีค่าน้อยกว่าข้อมูลจริง จะแสดงถึงผลการทำนายที่ไม่เหมาะสมกับสถานการณ์

$$Type\ I\ Error = \frac{\sum f}{n} \quad (18)$$

โดยที่

$$\begin{aligned} f &= \text{ความถี่หรือจำนวนครั้งที่ข้อมูลทำนายมากกว่าข้อมูลทดสอบ} \\ n &= \text{จำนวนวันที่เกิดการระบาด} \end{aligned}$$

1.6.4 Accuracy Rate

คือค่าเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของข้อมูลที่ได้จากการพยากรณ์เทียบกับข้อมูลทดสอบ ดังสมการที่ 18

$$\text{Accuracy rate} = \frac{\sum_{i=1}^j x}{\sum_{i=1}^j y} \quad (19)$$

โดยที่

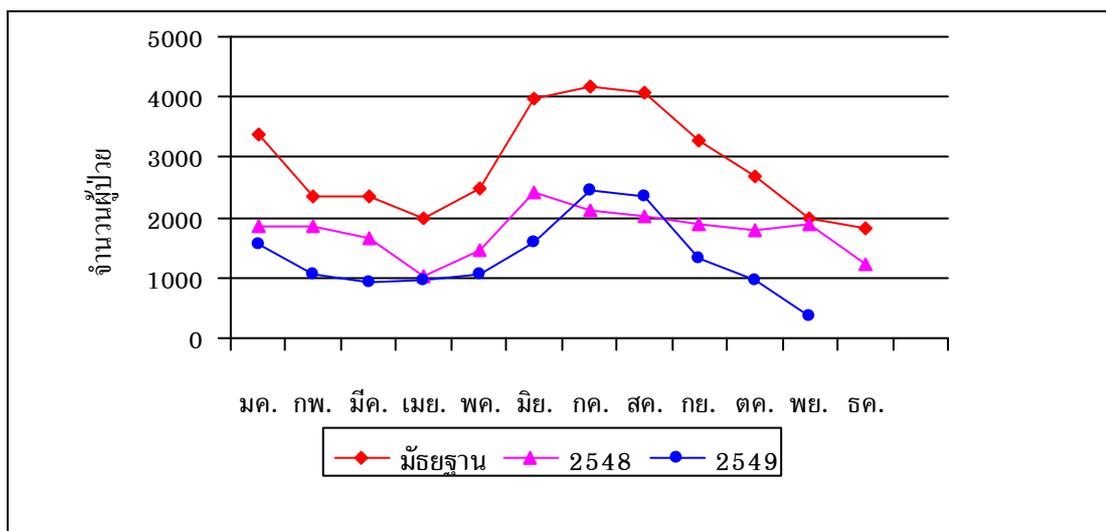
$$\begin{aligned} x &= \text{จำนวนผู้ป่วยที่ได้จากข้อมูลทดสอบในแต่ละวัน} \\ y &= \text{จำนวนผู้ป่วยที่ได้จากการทำนายในแต่ละวัน} \\ j &= \text{จำนวนวันที่ทำนาย} \end{aligned}$$

1.7 ข้อมูลรายงานจำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ (Infected Influenza data)

ปัญหาที่สำคัญของเรื่องการระบาดของไข้หวัดนกคือหากมีการกลายพันธุ์หรือการผสมข้ามสายพันธุ์ของเชื้อไวรัส จะมีโอกาสทำให้การระบาดของโรครุนแรงมากขึ้น โดยหากผู้ติดเชื้อไข้หวัดใหญ่ได้รับเชื้อไข้หวัดนกจากคนหรือจากสัตว์ในเวลาเดียวกัน ก็อาจเกิดการผสมข้ามสายพันธุ์ของเชื้อไข้หวัดใหญ่กับเชื้อไข้หวัดนก ซึ่งอาจจะทำให้เกิดไข้หวัดนกสายพันธุ์ใหม่ที่มีโอกาสระบาดจากคนสู่คนผ่านการสัมผัสใกล้ชิดและผ่านทางอากาศได้ (สำนักระบาดวิทยา, 2550)

เนื่องจากข้อมูลของโรคไข้นกในคนมีข้อมูลไม่เพียงพอที่จะนำมาคำนวณเพื่อประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคได้ จึงต้องอาศัยข้อมูลของโรคไข้หวัดใหญ่ จากข้อมูลผู้ป่วยยืนยันที่ติดเชื้อโรคไข้หวัดนก (H5N1) จำนวน 8 ราย (ข้อมูล ณ เดือนสิงหาคม 2550) จะมีลักษณะอาการเริ่มต้นของโรคคล้ายคลึงกับโรคไข้หวัดใหญ่และโรคปอดบวม ดังนั้นการประมาณค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่เป็นการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคเบื้องต้น ก่อนที่จะมีการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในคน ซึ่งสามารถนำวิธีการนี้ไปวิเคราะห์ค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดนกในคนได้ หากมีเหตุการณ์ระบาดใหญ่เกิดขึ้น ดังนั้นจึงใช้ข้อมูลรายงานจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัด

ใหญ่ของประเทศไทย เพื่อนำมาเป็นข้อมูลในการคำนวณค่าความสามารถของโรคในการแพร่ระบาดจากผู้ป่วยรายแรกไปยังรายต่อไป หรือเรียกว่าค่า Basic Reproductive number (R_0) สถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ของประเทศไทย พ.ศ. 2549 (ข้อมูล ณ วันที่ 27 พฤศจิกายน 2549) อัตราป่วย 23.32/ประชากรแสนคน การเกิดโรคจนถึงสิ้นปีมีแนวโน้มลดลง ดังภาพที่ 9 ส่วนใหญ่เป็นผู้ป่วยนอก จำนวนผู้ป่วยที่ต้องรักษาเป็นผู้ป่วยใน 2,533 ราย (ร้อยละ 17.41) จังหวัดที่มีอัตราป่วยมากกว่าอัตราป่วยทั้งประเทศมี 28 จังหวัด โดย 10 อันดับแรกได้แก่ จันทบุรี ตรัง สุราษฎร์ธานี ราชบุรี สมุทรสงคราม กาญจนบุรี ภูเก็ต สมุทรสาคร เพชรบุรี นครพนม จังหวัดจันทบุรีมีอัตราป่วยสูงสุด 123.45 /ประชากรแสนคน จังหวัดร้อยเอ็ดมีอัตราป่วยต่ำสุด 1.45 /ประชากรแสนคน ตัวอย่างข้อมูลรายงานสถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) แบบรายเดือน ดังภาพที่ 9 ซึ่งจำนวนผู้ป่วยปี พ.ศ. 2548 และ 2549 จะมีค่าต่ำกว่าค่ามัธยฐาน 5 ปีที่ผ่านมา



ภาพที่ 9 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ จำแนกรายเดือน ประเทศไทย พ.ศ.2549 เปรียบเทียบกับ พ.ศ.2548 และค่ามัธยฐาน 5 ปีย้อนหลัง (พ.ศ.2543 ถึงพ.ศ. 2547) (ข้อมูล ณ วันที่ 27 พฤศจิกายน 2549) (สำนักโรคระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข)

ข้อมูลรายงานจำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ในโซน 9 จำนวน 4 จังหวัดติดกันของประเทศไทย ได้แก่ จังหวัดสุพรรณบุรี กาญจนบุรี นครปฐม และราชบุรี จากฐานข้อมูลเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา ของสำนักควบคุมโรคระบาด ตั้งแต่วันที่ 1 มกราคม ถึงเดือน ธันวาคม 2549 มีจำนวนผู้ป่วยที่ไข้หวัดใหญ่จำนวน 2,238 ราย ดังตารางที่ 12

ตารางที่ 12 ข้อมูลสถานการณั้โรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) แบบรายเดือน ประจำปี พ.ศ. 2549

พื้นที่	จำนวนผู้ป่วย												
	รวม	ม.ค	ก.พ	มี.ค	เม.ย	พ.ค	มิ.ย	ก.ค	ส.ค	ก.ย	ต.ค	พ.ย	ธ.ค
กาญจนบุรี	880	77	60	65	77	65	89	125	129	65	63	55	10
นครปฐม	471	34	40	23	20	26	63	93	58	27	35	28	24
ราชบุรี	774	58	36	30	13	50	85	157	105	67	68	58	47
สุพรรณบุรี	103	3	5	1	0	4	8	37	22	15	6	1	1
รวมโชน: 9	2228	172	141	119	110	145	245	412	314	174	172	142	82

1.8 การคำนวณหาค่าประมาณการของค่า R_0 ด้วย Compartment Epidemic Model

ในขั้นตอนนี้เราจะประมาณค่า R_0 เพื่อหาค่าความสามารถแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ด้วย Compartmental Epidemic model ตามสมการที่ 9 กำหนดให้ S_0 มีค่าเท่ากับ 3,327,055 และ I_0 มีค่าเป็น 2,228 ค่าของตัวแปรที่ประมาณการได้ ดังตารางที่ 13

ตารางที่ 13 ค่าของตัวแปรที่ประมาณการได้

ตัวแปร	ค่าประมาณการ (Estimate)
β	0.004
ρ	0.02445
α	26.45

จากนั้นนำค่าของตัวแปร β , ρ และ α ที่ได้จากค่าประมาณการ นำไปคำนวณค่าประมาณการของค่า R_0 โดยจะเลือกค่าของ R_0 ที่ให้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับจำนวนผู้ป่วยเริ่มต้น

1.9 การทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่จากค่า R_0

จากค่าประมาณการ R_0 ด้วยสมการที่ 9 จะนำมาใช้คำนวณหาจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อหากเกิดการระบาดใหญ่ ด้วยสมการที่ 10

ผลและวิจารณ์

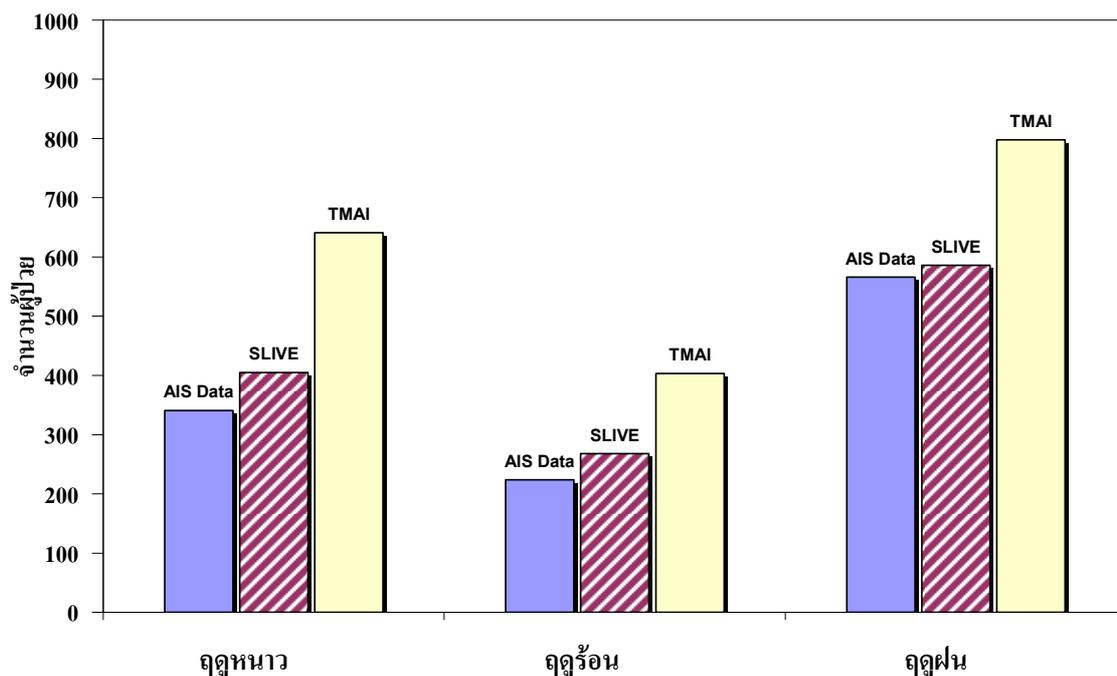
ผล

ตัวแบบทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน ภายใต้สมมติฐานของสถานการณ์การแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คนที่พัฒนาขึ้นในงานวิจัยนี้ คือ ตัวแบบ SLIVE โดยเปรียบเทียบกับผลลัพธ์ของการทำนายจากตัวแบบ TMAI พบว่าตัวแบบ SLIVE สามารถทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของฤดูหนาวมีจำนวน 405 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 84% ฤดูร้อนมีจำนวน 268 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 86% และฤดูฝนมีจำนวน 586 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 96% ส่วนการทำนายด้วยตัวแบบ TMAI สามารถทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนในฤดูหนาวจำนวน 641 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 55% ฤดูร้อนมีจำนวน 403 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 56% และฤดูฝนมีจำนวน 798 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 71% โดยจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังที่ได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ TMAI แสดงให้เห็นดังตารางที่ 14

ตารางที่ 14 เปรียบเทียบจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของข้อมูลทดสอบ (AIS data) กับผลลัพธ์ที่ทำนายได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ TMAI

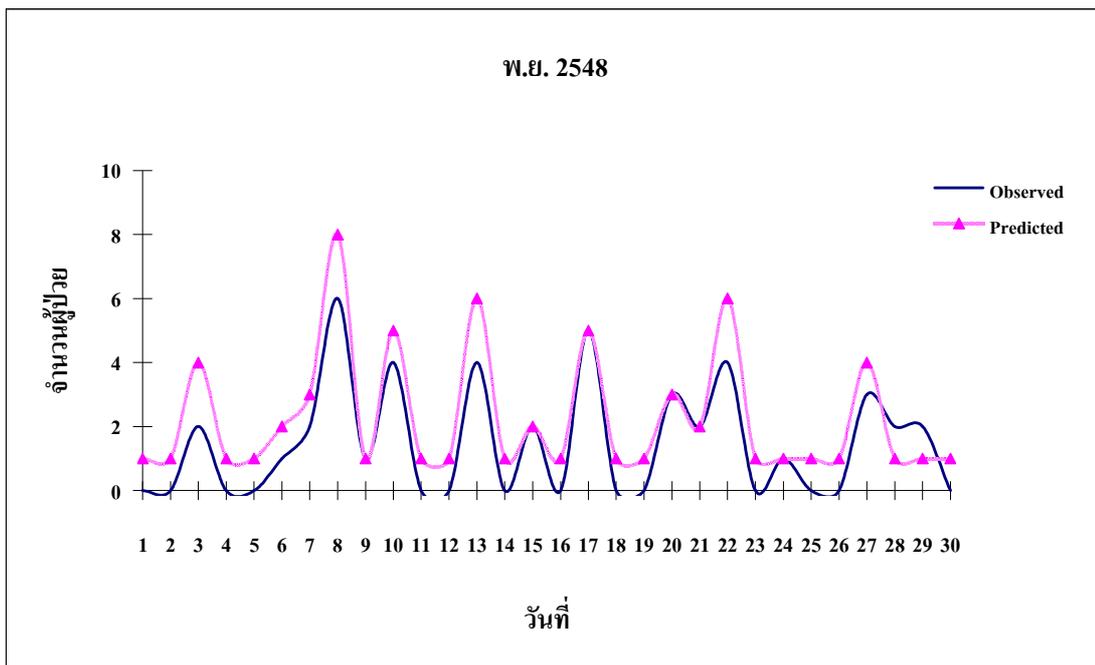
ฤดูกาล	จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน		
	AIS data	SLIVE	TMAI
ฤดูหนาว	341	405	641
ฤดูร้อน	224	268	403
ฤดูฝน	566	586	798

จากตารางที่ 14 จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนายด้วยตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE จะเห็นว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE จะให้ผลลัพธ์ได้ใกล้เคียงกับข้อมูลทดสอบของทุกฤดูกาล โดยที่ฤดูฝนจะมีจำนวนผู้ป่วยใกล้เคียงกับข้อมูลทดสอบมากที่สุด ดังภาพที่ 10

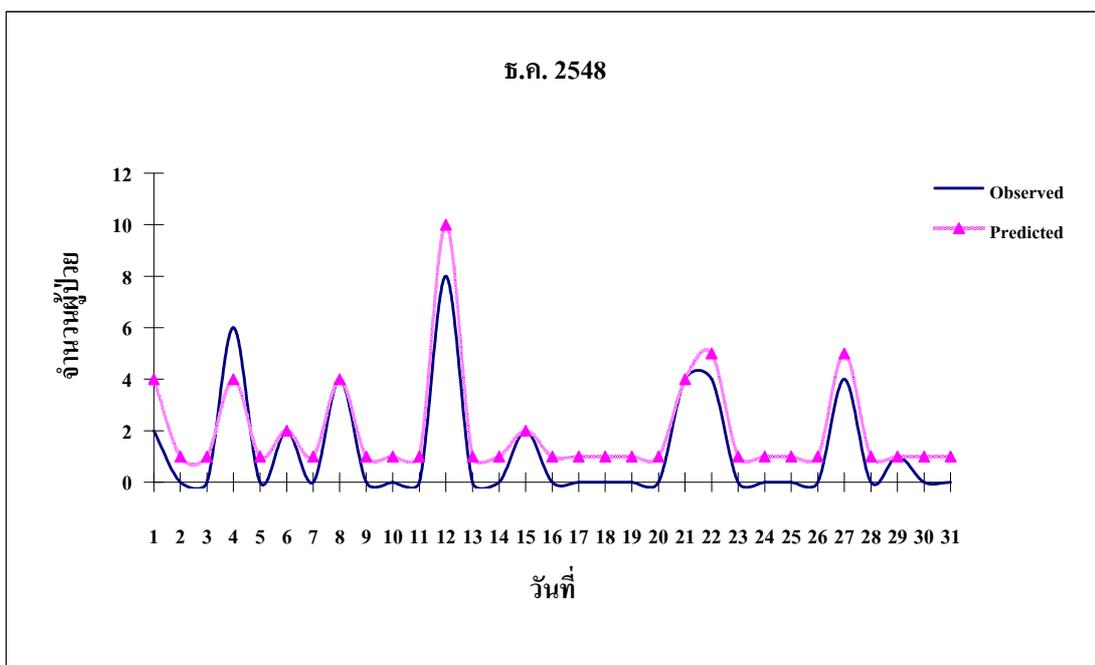


ภาพที่ 10 จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนาย ด้วยตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE

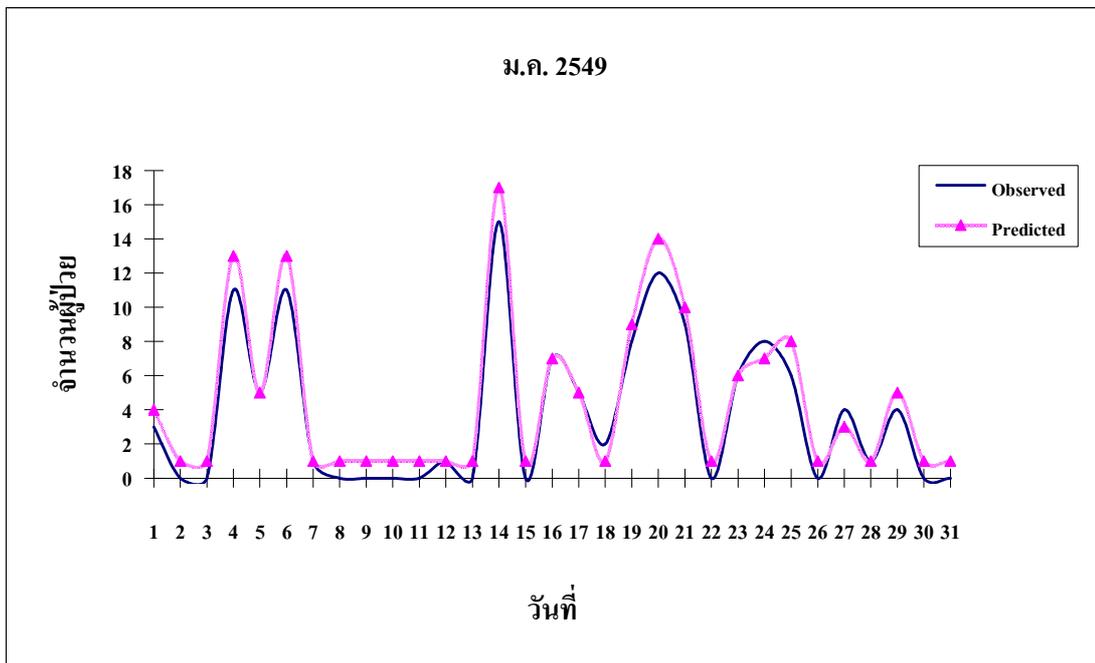
ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงจากฐานข้อมูลการเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันของแต่ละฤดูกาล แสดงได้ดังภาพที่ 10 ถึงภาพที่ 22



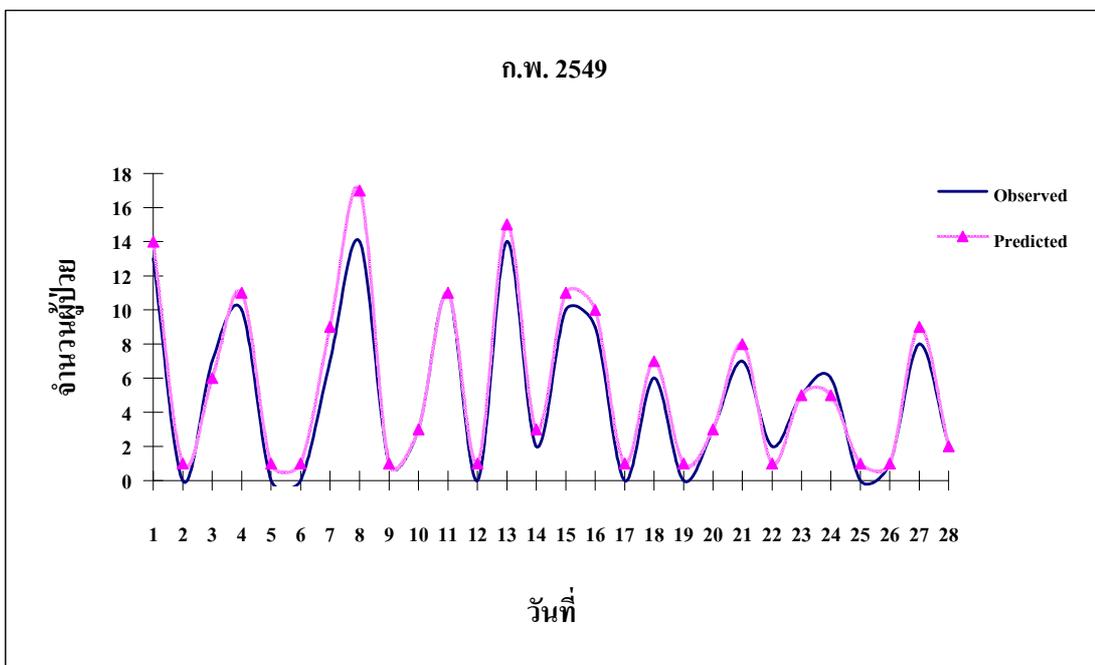
ภาพที่ 11 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน พ.ย. 2548



ภาพที่ 12 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ธ.ค. 2548

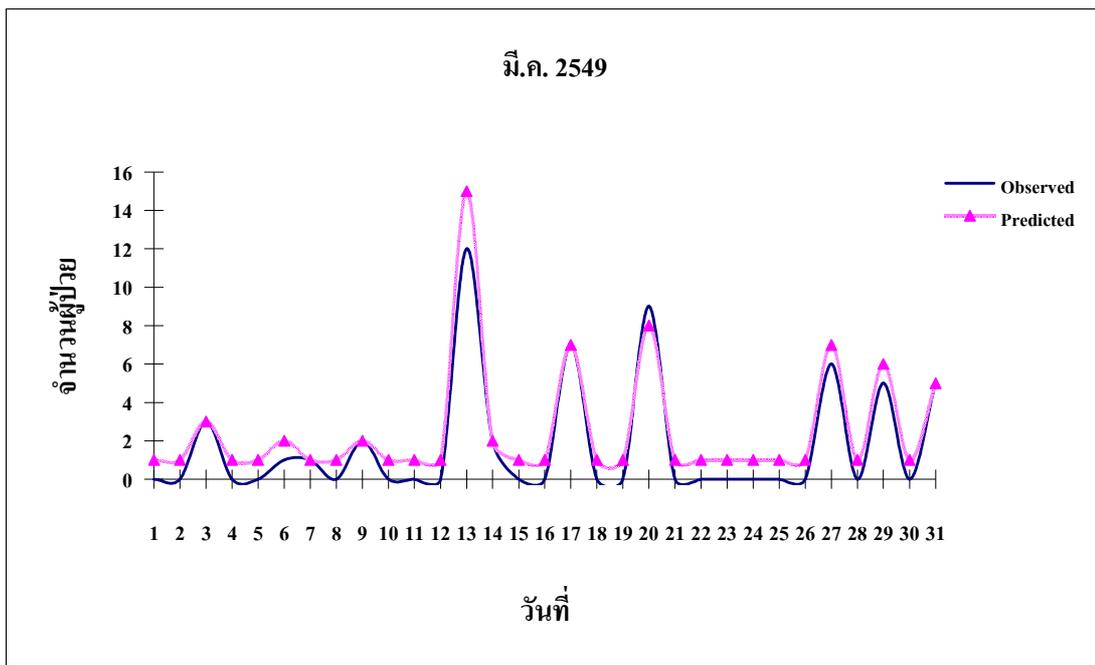


ภาพที่ 13 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ม.ค 2549

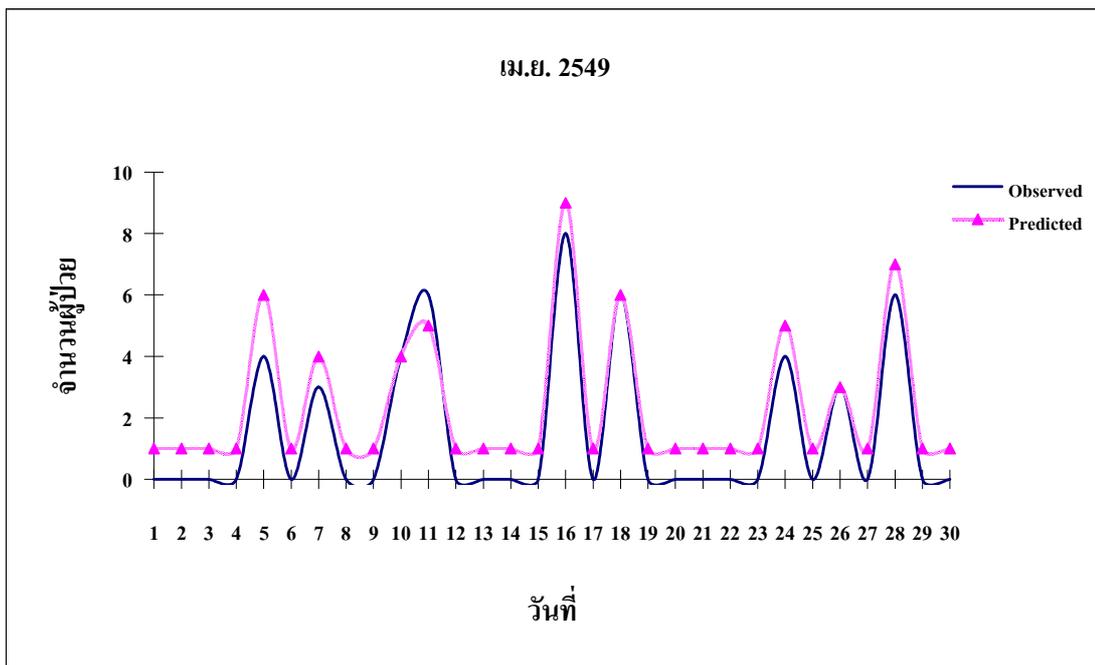


ภาพที่ 14 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.พ 2549

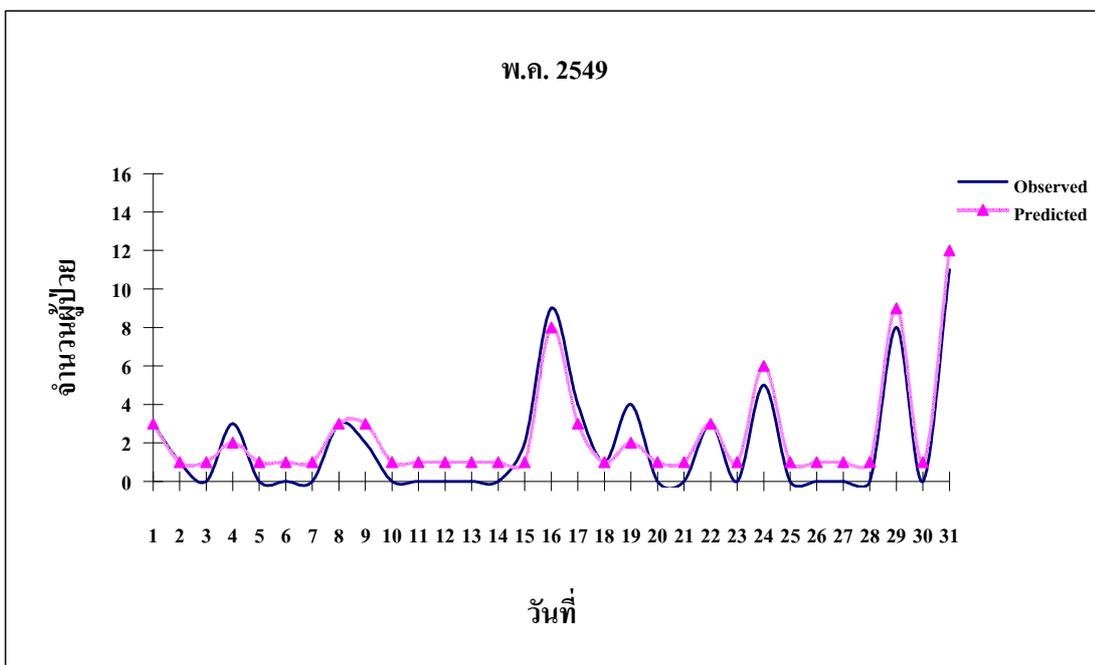
จากรูปภาพที่ 11 ถึงภาพที่ 14 แสดงผลลัพธ์จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังในแต่ละวันจากโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงจากรายงานผู้ป่วยในแต่ละวันของของฤดูหนาวตั้งแต่เดือน พ.ย. - ธ.ค. 2548 ถึงเดือน ม.ค.- ก.พ. 2549



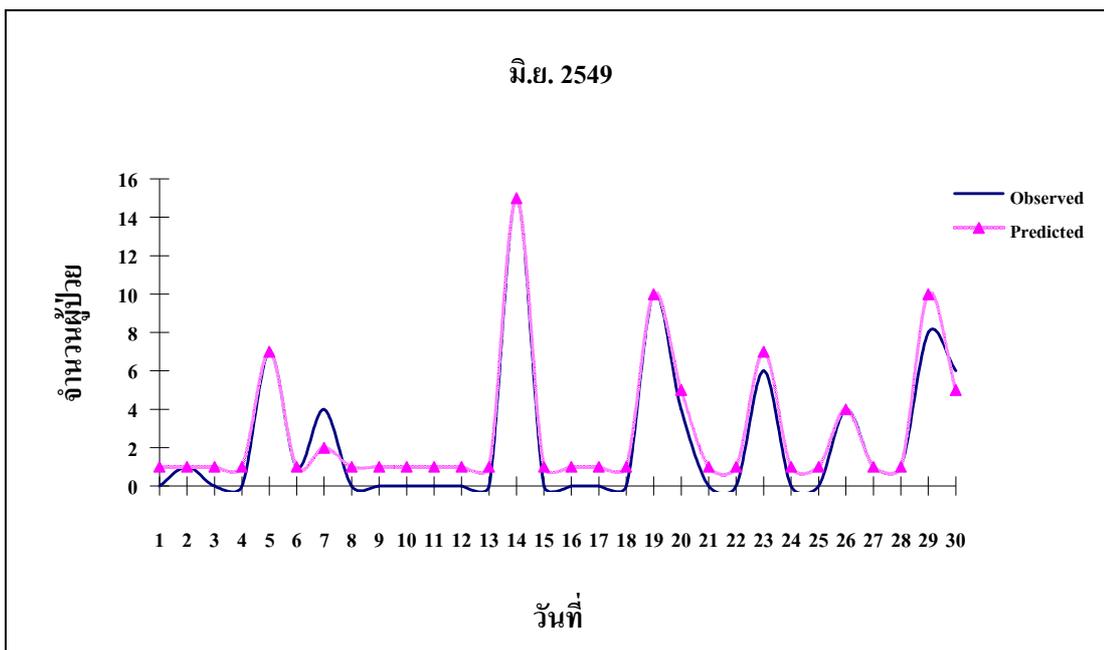
ภาพที่ 15 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน มี.ค 2549



ภาพที่ 16 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน เม.ย 2549

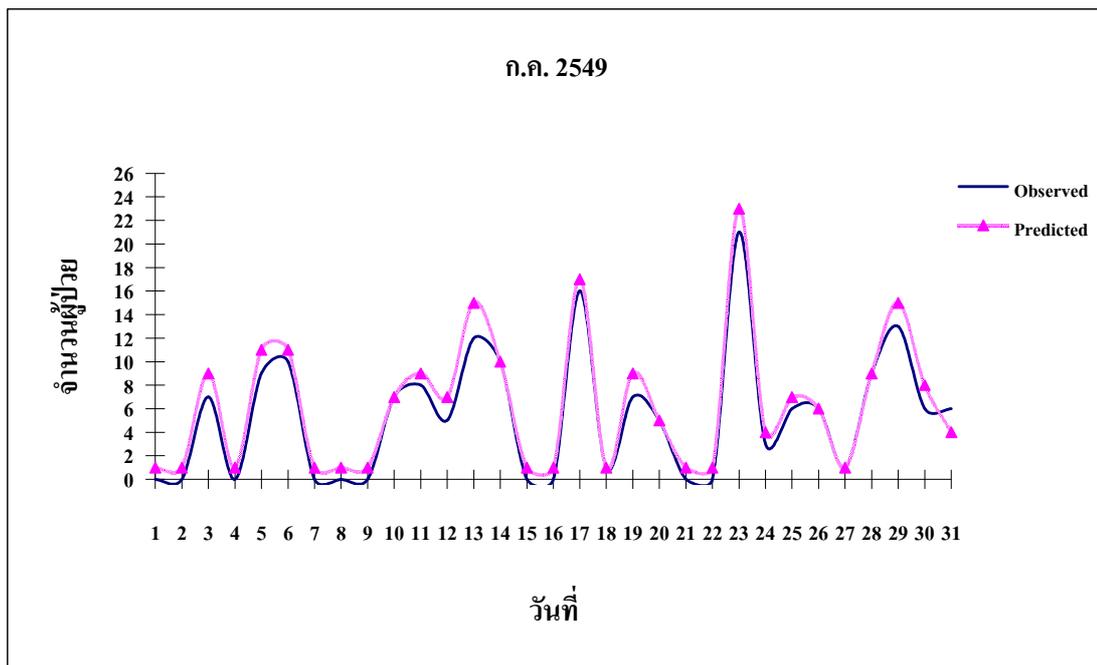


ภาพที่ 17 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน พ.ค 2549

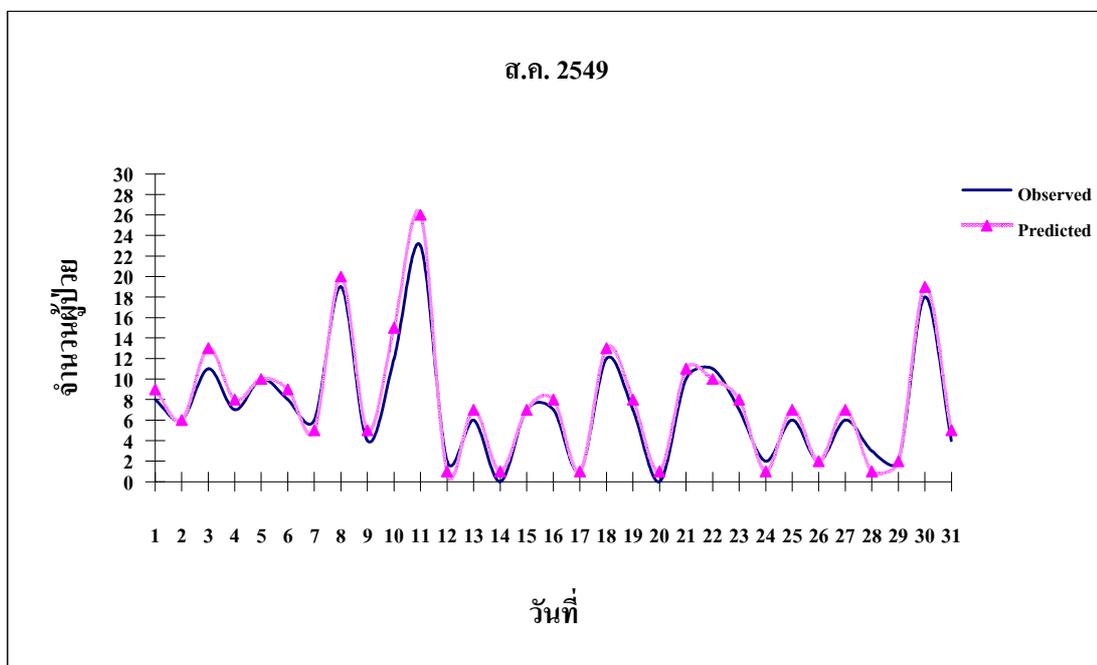


ภาพที่ 18 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน มิ.ย 2549

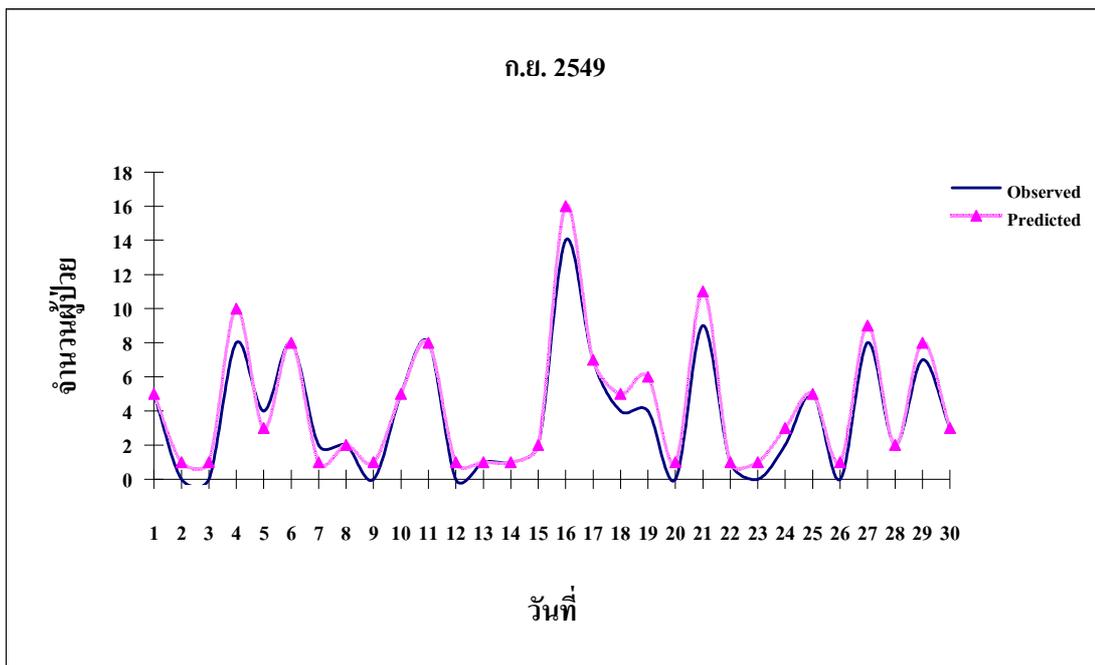
จากรูปภาพที่ 15 ถึงรูปที่ 18 แสดงผลลัพธ์จำนวนผู้ป่วยไข้ระวังในแต่ละวันจากโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงจากรายงานผู้ป่วยในแต่ละวันของของงอตุรื้อนตั้งแต่ เดือน
มี.ค. ถึงเดือน มิ.ย. 2549



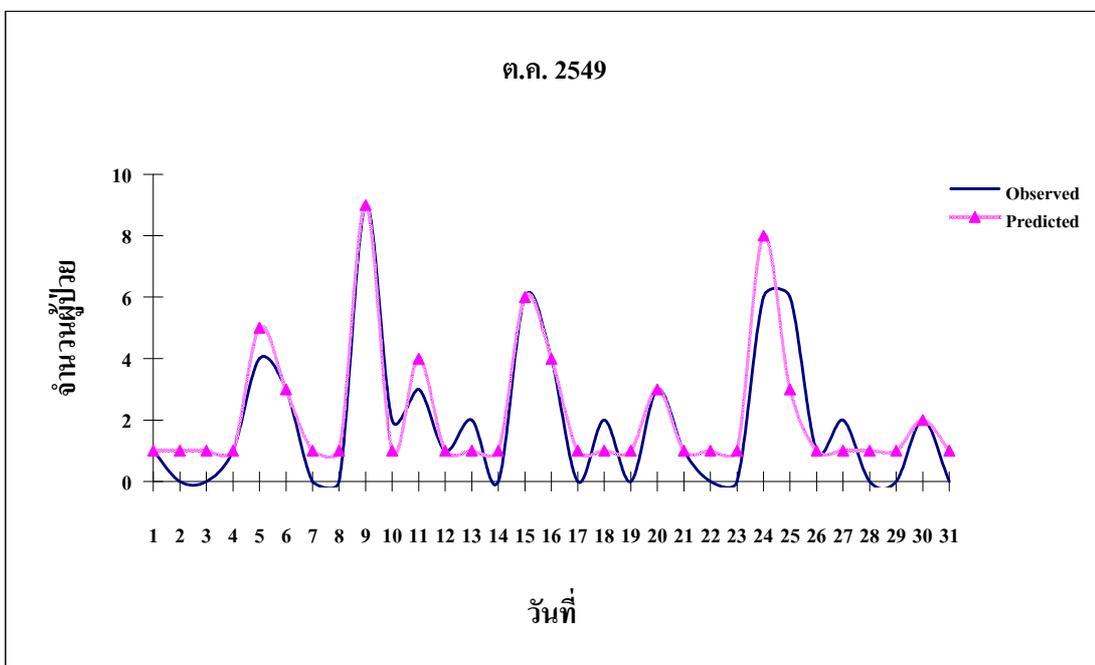
ภาพที่ 19 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.ค 2549



ภาพที่ 20 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ส.ค 2549



ภาพที่ 21 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ก.ย 2549



ภาพที่ 22 ผลลัพธ์จากการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนรายวันด้วยโปรแกรม
ตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงในเดือน ต.ค 2549

จากรูปภาพที่ 19 ถึงรูปที่ 22 แสดงผลลัพธ์จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังในแต่ละวันจากโปรแกรมตัวแบบ SLIVE เปรียบเทียบกับข้อมูลจริงจากรายงานผู้ป่วยในแต่ละวันของของฤดูฝนตั้งแต่ เดือน มี.ค. ถึงเดือน มิ.ย. 2549

การวัดประสิทธิภาพการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน ด้วยตัวแบบการทำนาย TMAI และ SLIVE ใช้ตัวชี้วัด 4 แบบดังนี้ (1) RMSE (2) MAE (3) Type I Error (4) Accuracy rate ได้ผลลัพธ์ดังตารางที่ 15 โดยทั่วไปค่า MAE จะมีค่าต่ำกว่าค่า RMSE และถ้าค่า RMSE และ MAE ต่างกันน้อยแสดงว่ามีความผันผวนในความผิดพลาดมีน้อย

ตารางที่ 15 สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE

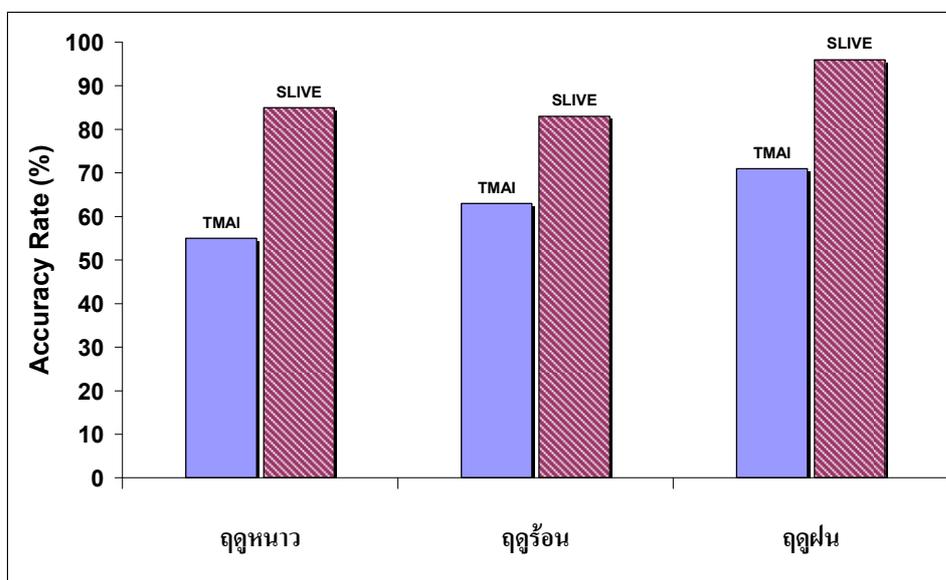
MEASURES	ฤดูหนาว		ฤดูร้อน		ฤดูฝน	
	TMAI	SLIVE	TMAI	SLIVE	TMAI	SLIVE
RMSE	2.15	1.13	2.40	1.25	3.16	1.33
MAE	1.57	0.61	1.65	0.47	2.36	0.30
Type I Error	0.28	0.19	0.08	0.12	0.15	0.23
Accuracy Rate (%)	55	84	60	86	71	96

จากตารางที่ 15 ผลการวัดประสิทธิภาพการทำนายระหว่างตัวแบบ TMAI และ SLIVE จะเห็นว่าตัวชี้วัด RMSE ในฤดูหนาวของตัวแบบทำนาย SLIVE ให้ค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 1.13 ตัวชี้วัดค่า MAE ในฤดูฝนของตัวแบบ SLIVE ให้ค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 0.30 ตัวชี้วัดค่า Type I Error ในฤดูร้อนของตัวแบบ TMAI ให้ค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 0.08 และตัวชี้วัดค่า Accuracy Rate ในฤดูฝนของตัวแบบ SLIVE ให้ค่าสูงสุดเท่ากับ 96%

ตารางที่ 16 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Accuracy Rate ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	Accuracy Rate	
	TMAI	SLIVE
ฤดูหนาว	55 %	84 %
ฤดูร้อน	60%	86 %
ฤดูฝน	71%	96 %

จากตารางที่ 16 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด Accuracy Rate จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าที่ดีที่สุดเป็น 96% มีค่าสูงกว่าตัวแบบ TMAI ที่มีค่า Accuracy Rate เท่ากับ 71% ซึ่งตัวแบบ SLIVE ให้ค่าที่สูงกว่าตัวแบบ TMAI ในฤดูหนาว และฤดูร้อนที่มี Accuracy Rate เท่ากับ 86% และ 84% ตามลำดับ สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 23 และหากพิจารณาจากตัวชี้วัดค่า Accuracy Rate จะพบว่าการทำงานด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนมีประสิทธิภาพของการทำงานแม่นยำมากที่สุด



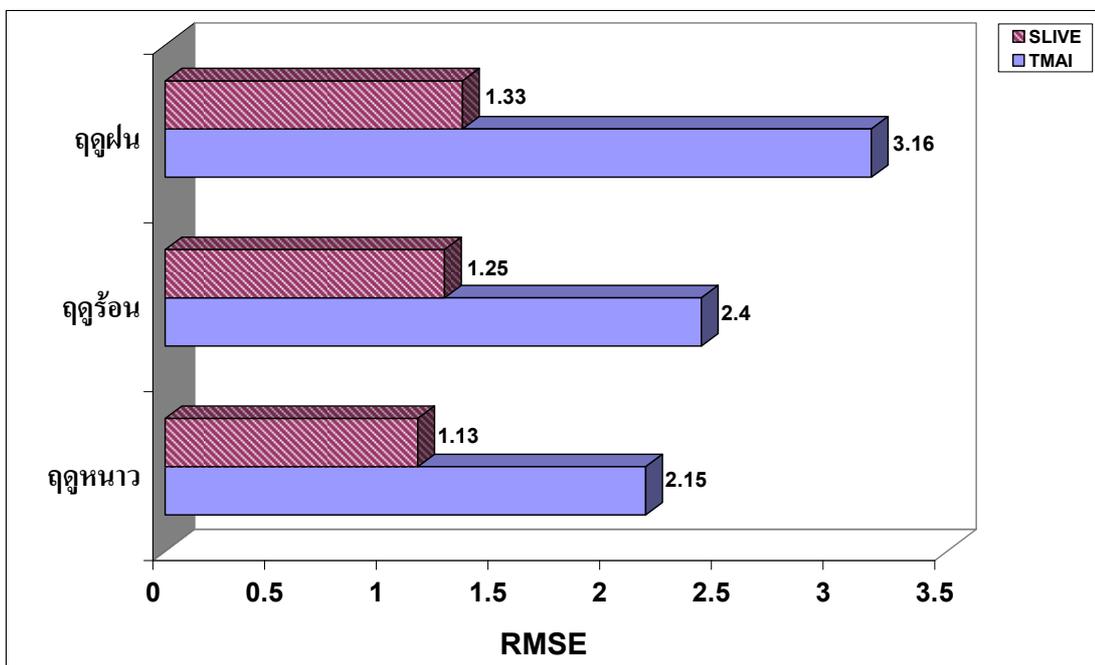
ภาพที่ 23 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Accuracy Rate ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัด RMSE ดังตารางที่ 17

ตารางที่ 17 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัด RMSE ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	RMSE	
	TMAI	SLIVE
ฤดูหนาว	2.15	1.13
ฤดูร้อน	2.40	1.25
ฤดูฝน	3.16	1.33

จากตารางที่ 17 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด RMSE จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูหนาวให้ค่าที่ดีที่สุดเป็น 1.13 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าตัวแบบ TMAI ที่มีค่า RMSE เท่ากับ 2.15 ซึ่งตัวแบบ SLIVE ให้ค่า RMSE ต่ำกว่าตัวแบบ TMAI ในฤดูร้อนและฤดูฝน มีค่า RMSE เท่ากับ 1.25 และ 1.33 ตามลำดับ แสดงให้เห็นถึงการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE มีความแม่นยำกว่าตัวแบบ TMAI ดังภาพที่ 14 และหากพิจารณาจากตัวชี้วัดค่า RMSE จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูหนาวมีประสิทธิภาพของการทำนายแม่นยำมากที่สุด



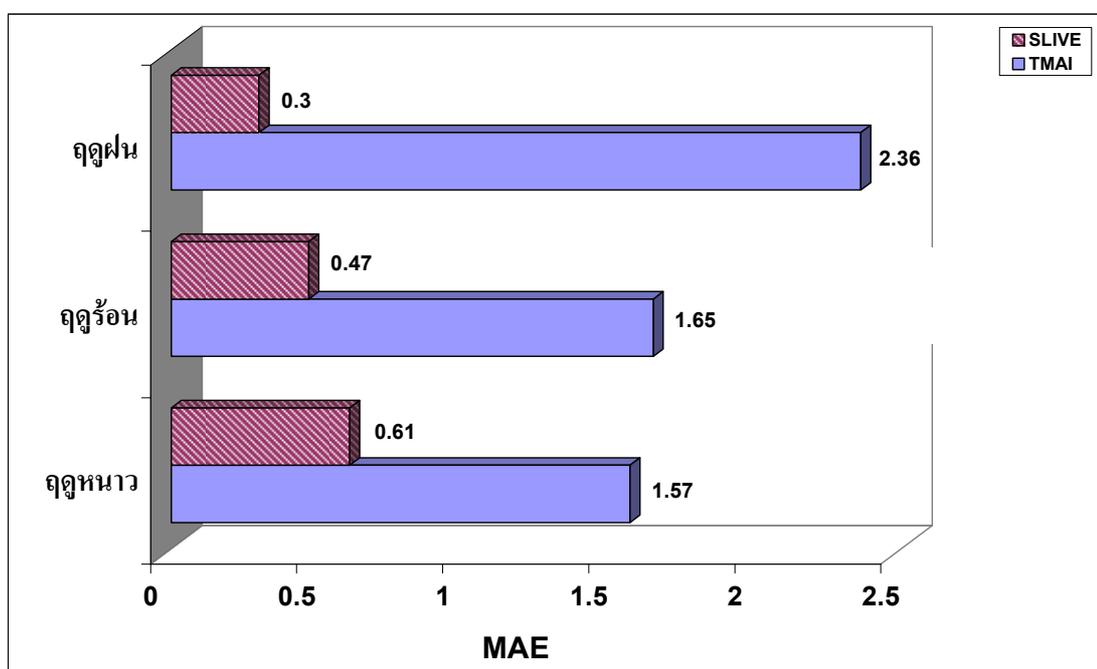
ภาพที่ 24 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 18

ตารางที่ 18 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	MAE	
	TMAI	SLIVE
ฤดูหนาว	1.57	0.61
ฤดูร้อน	1.65	0.47
ฤดูฝน	2.36	0.30

จากตารางที่ 18 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด MAE จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าที่ดีที่สุดมีค่าเป็น 0.30 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าตัวแบบ TMAI ที่มีค่า MAE เท่ากับ 1.57 การทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ให้ค่า MAE ต่ำกว่าตัวแบบ TMAI ในฤดูหนาวและฤดูฝน มีค่า MAE เท่ากับ 0.47 และ 0.61 ตามลำดับ แสดงให้เห็นถึงการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE มีค่าเฉลี่ยความแตกต่างระหว่างข้อมูลที่ได้จากการทำนายกับข้อมูลจริงน้อยกว่าตัวแบบ TMAI ดังภาพที่ 25 และหากพิจารณาจากตัวชี้วัดค่า MAE จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนมีค่าเฉลี่ยความแตกต่างระหว่างข้อมูลที่ได้จากการทำนายกับข้อมูลจริงน้อยที่สุด



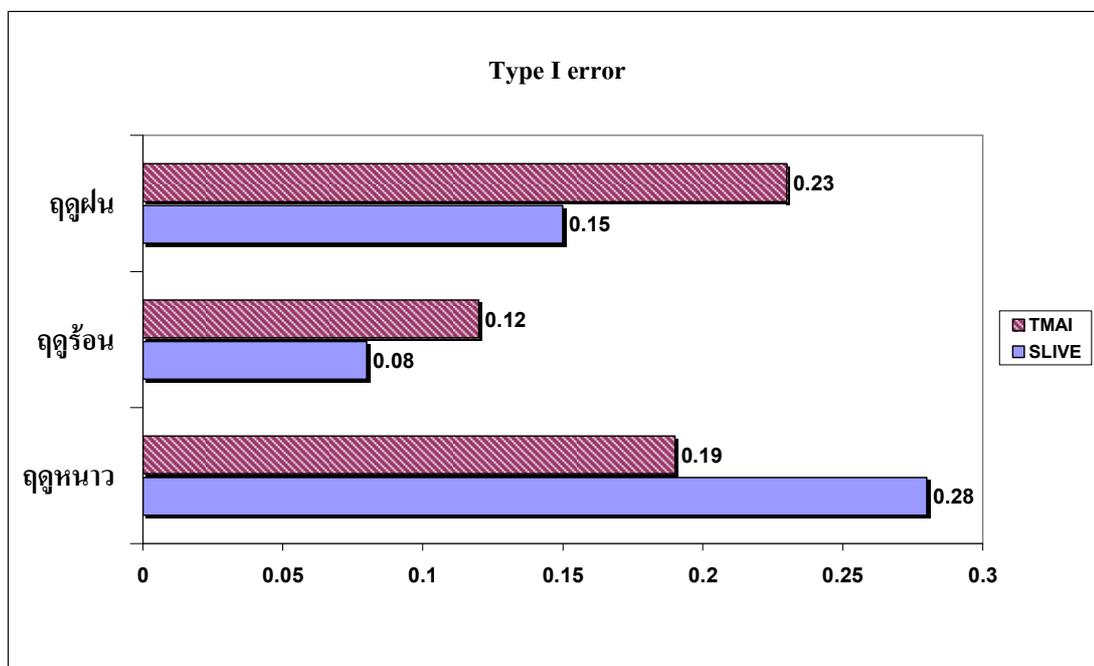
ภาพที่ 25 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 19

ตารางที่ 19 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยตัวชี้วัดค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	Type I Error	
	TMAI	SLIVE
ฤดูหนาว	0.28	0.19
ฤดูร้อน	0.08	0.12
ฤดูฝน	0.15	0.23

จากตารางที่ 19 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด Type I Error จะเห็นว่าตัวแบบ TMAI ในฤดูร้อนให้ค่าที่ดีที่สุดที่สุดเป็น 0.08 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE ที่มีค่า Type I Error เท่ากับ 0.12 การทำนายด้วยตัวแบบ TMAI ให้ค่า Type I Error ต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝน แต่ในฤดูหนาว ตัวแบบ SLIVE ให้ค่า Type I Error ต่ำกว่าจากตัวชี้วัดค่า Type I Error จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ TMAI ในฤดูร้อนมีค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยที่สุด แสดงได้ดังภาพที่ 26



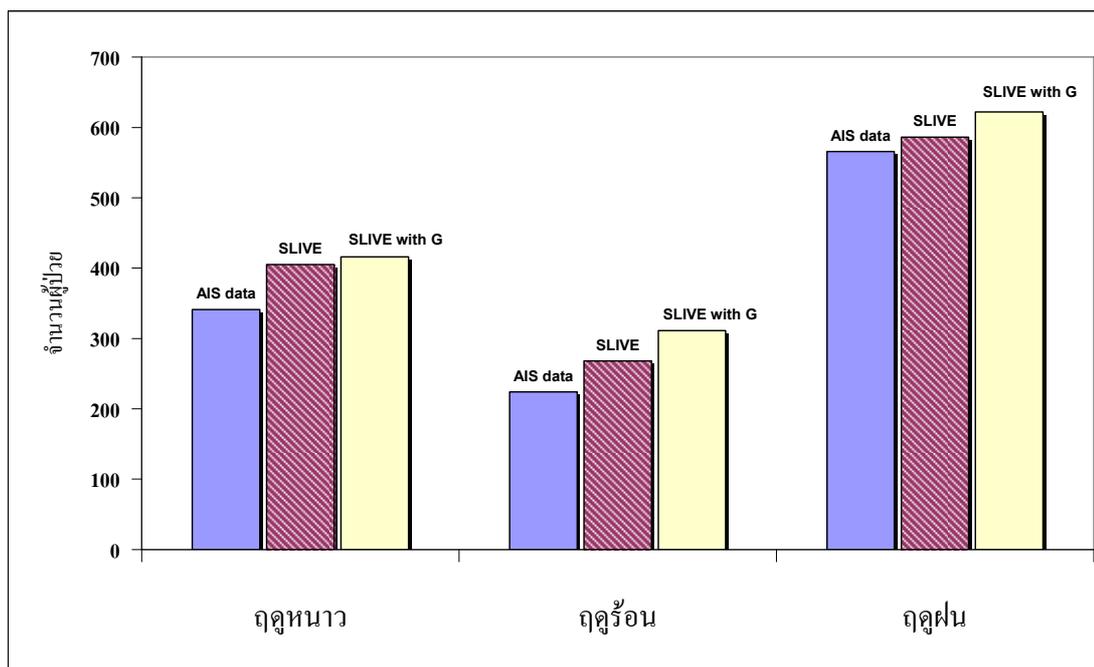
ภาพที่ 26 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ TMAI และตัวแบบ SLIVE ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบกับผลลัพธ์ของการทำนายของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G (เพิ่มค่าสิ่งแวดล้อม) โดยตัวแบบ SLIVE สามารถทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของฤดูหนาวมีจำนวน 405 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 84% ฤดูร้อนมีจำนวน 268 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 86% และฤดูฝนมีจำนวน 586 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 96% ส่วนการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE with G สามารถทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนในฤดูหนาวจำนวน 416 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 79% ฤดูร้อนมีจำนวน 311 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 73% และฤดูฝนมีจำนวน 622 คน หรือมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุดเป็น 88% โดยจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังที่ได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G แสดงให้เห็นดังตารางที่ 20

ตารางที่ 20 เปรียบเทียบจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของข้อมูลทดสอบ (AIS data) กับผลลัพธ์ที่ทำนายได้จากตัวแบบทำนาย SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G (เพิ่มค่าสิ่งแวดล้อม)

ฤดูกาล	จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน		
	AIS data	SLIVE	SLIVE with G
ฤดูหนาว	341	405	416
ฤดูร้อน	224	268	311
ฤดูฝน	566	586	622

จากตารางที่ 20 จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G จะเห็นว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE จะให้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับข้อมูลทดสอบของทุกฤดูกาล โดยที่ฤดูฝนจะมีจำนวนผู้ป่วยใกล้เคียงกับข้อมูลทดสอบมากที่สุด ดังภาพที่ 17



ภาพที่ 27 จำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคนของผลลัพธ์การทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G

การสรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ SLIVE with G โดยเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของตัวแปรสภาพภูมิอากาศ เทียบกับผลลัพธ์จากตัวแบบ SLIVE ดังตารางที่ 21

ตารางที่ 21 สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ SLIVE with G โดยเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของตัวแปรสภาพภูมิอากาศ เทียบกับผลลัพธ์จากตัวแบบ SLIVE

MEASURES	ฤดูหนาว		ฤดูร้อน		ฤดูฝน	
	SLIVE	SLIVE with G	SLIVE	SLIVE with G	SLIVE	SLIVE with G
RMSE	1.13	1.12	1.25	1.10	1.33	1.09
MAE	0.61	0.69	0.47	0.59	0.30	0.43
Type I Error	0.19	0.09	0.12	0.06	0.23	0.13
Accuracy Rate (%)	84	79	86	73	96	88

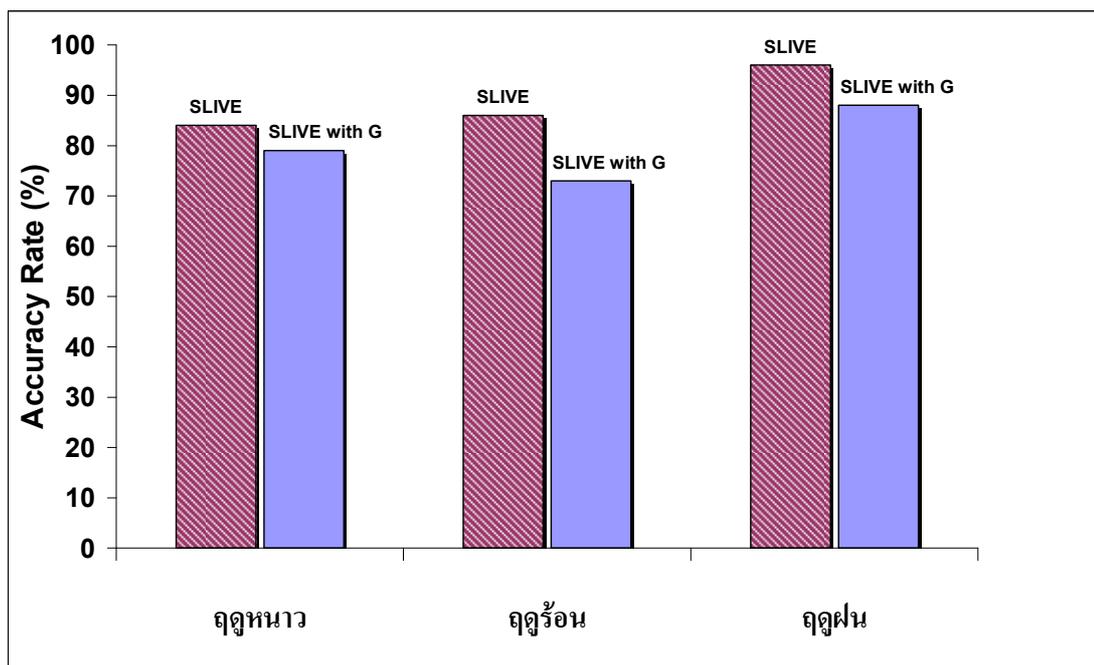
จากตารางที่ 21 ผลการวัดประสิทธิภาพผลการทำนายระหว่างตัวแบบ SLIVE และ SLIVE with G จะเห็นว่าตัวชี้วัด RMSE ในฤดูฝนของตัวแบบทำนาย SLIVE with G ให้ค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 1.09 ตัวชี้วัด MAE ในฤดูฝนของตัวแบบ SLIVE ให้ค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 0.30 ตัวชี้วัด Type I Error ในฤดูร้อนของตัวแบบ SLIVE with G มีค่าที่ดีที่สุดเท่ากับ 0.06 และตัวชี้วัด Accuracy Rate ในฤดูฝนของตัวแบบ SLIVE ให้ค่าสูงสุดเท่ากับ 96%

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Accuracy Rate ในแต่ละฤดูกาล แสดงให้เห็นดังตารางที่ 22

ตารางที่ 22 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า ACCURACY RATE ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	ACCURACY RATE	
	SLIVE	SLIVE with G
ฤดูหนาว	83%	79%
ฤดูร้อน	85%	73%
ฤดูฝน	96%	88%

จากตารางที่ 22 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด Accuracy Rate จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าที่ดีที่สุดเป็น 96% มีค่าสูงกว่าตัวแบบ SLIVE with G ที่มีค่า 88% ซึ่งตัวแบบ SLIVE ให้ค่าที่สูงกว่าตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูหนาว และฤดูร้อนที่มีค่า Accuracy Rate เท่ากับ 85% และ 83% ตามลำดับ สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 28 และหากพิจารณาจากตัวชี้วัดค่า Accuracy Rate จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนมีประสิทธิภาพของการทำนายแม่นยำมากที่สุด นอกจากนี้ยังแสดงให้เห็นว่าการเปลี่ยนแปลงของสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยมีผลกับค่า Accuracy Rate ของการทำนายด้วย



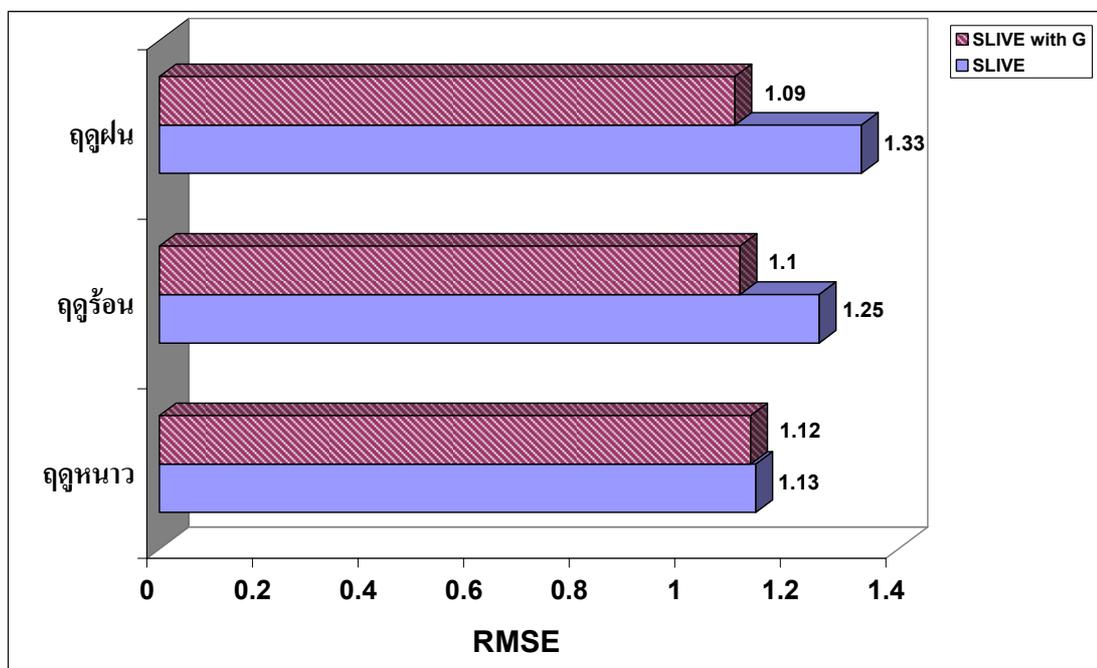
ภาพที่ 28 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า ACCURACY RATE ในแต่ละฤดูกาล

ตารางที่ 23 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	RMSE	
	SLIVE	SLIVE with G
ฤดูหนาว	1.13	1.12
ฤดูร้อน	1.25	1.10
ฤดูฝน	1.33	1.09

จากตารางที่ 23 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด RMSE จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูฝนให้ค่าที่ดีที่สุดเป็น 1.09 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE ที่มีค่า 1.33 ซึ่งตัวแบบ SLIVE ให้ค่า RMSE ต่ำกว่าตัวแบบ TMAI ในฤดูร้อนและฤดูหนาว มีค่า 1.10 และ 1.12 ตามลำดับ แสดงให้เห็นถึงการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE with G มีความแม่นยำมากขึ้น ดังภาพที่ 29 และหากพิจารณา

จากตัวชี้วัดค่า RMSE จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนมีประสิทธิภาพของการทำนายแม่นยำมากที่สุด



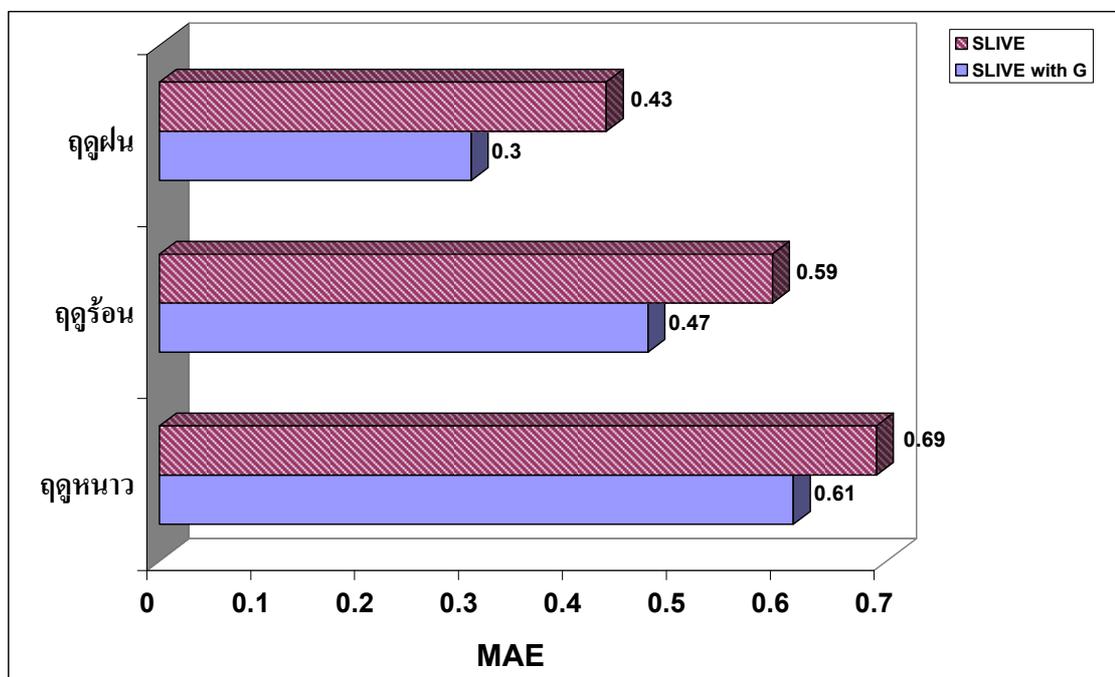
ภาพที่ 29 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า RMSE ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 24

ตารางที่ 24 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	MAE	
	SLIVE	SLIVE with G
ฤดูหนาว	0.61	0.69
ฤดูร้อน	0.47	0.59
ฤดูฝน	0.30	0.43

จากตารางที่ 24 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด MAE จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าที่ดีที่สุดมีค่าเป็น 0.30 ซึ่งมีค่าต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE with G ที่มีค่า 0.43 การทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ให้ค่า MAE ต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูร้อนและฤดูหนาว มีค่า 0.47 และ 0.61 ตามลำดับ แสดงให้เห็นถึงการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE มีค่าเฉลี่ยความแตกต่างระหว่างข้อมูลที่ได้จากการทำนายกับข้อมูลจริงน้อยกว่าตัวแบบ SLIVE with G ดังภาพที่ 30 และหากพิจารณาจากตัวชี้วัดค่า MAE จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนมีค่าเฉลี่ยความแตกต่างระหว่างข้อมูลที่ได้จากการทำนายกับข้อมูลจริงน้อยที่สุด การวัดผลด้วย MAE พบว่า SLIVE ให้ผลดีกว่า SLIVE with G ทุกกรณี



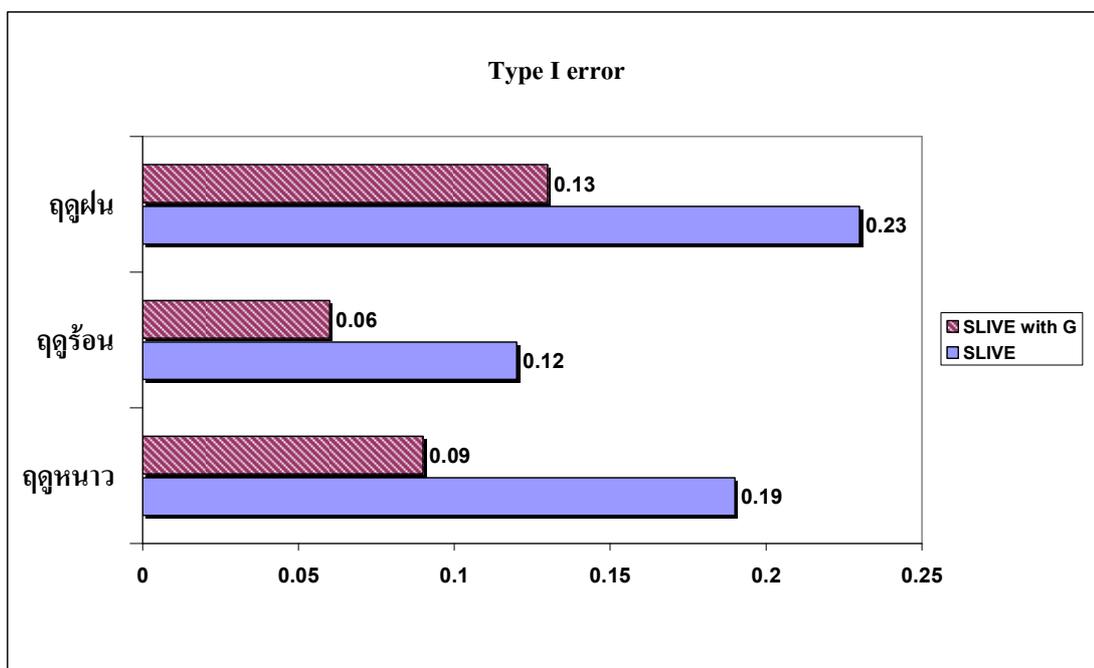
ภาพที่ 30 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า MAE ในแต่ละฤดูกาล

การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล ดังตารางที่ 25

ตารางที่ 25 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล

ฤดูกาล	Type I Error	
	SLIVE	SLIVE with G
ฤดูหนาว	0.19	0.09
ฤดูร้อน	0.12	0.06
ฤดูฝน	0.23	0.13

จากตารางที่ 25 ผลการวัดประสิทธิภาพของตัวชี้วัด Type I Error จะเห็นว่าตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูร้อนให้ค่าที่ดีที่สุดเป็น 0.06 แสดงให้เห็นถึงค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายมีน้อยที่สุด และการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE with G ให้ค่า Type I Error ต่ำกว่าตัวแบบ SLIVE ในฤดูหนาว และฤดูฝน ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.09 และ 0.13 ตามลำดับ แสดงได้ดังภาพที่ 31



ภาพที่ 31 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของตัวแบบ SLIVE และตัวแบบ SLIVE with G ด้วยค่า Type I Error ในแต่ละฤดูกาล

ตารางที่ 26 สรุปเปรียบเทียบการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบ TMAI SLIVE และ SLIVE with G

Measure	ฤดูหนาว			ฤดูร้อน			ฤดูฝน		
	TMAI	SLIVE	SLIVE with G	TMAI	SLIVE	SLIVE with G	TMAI	SLIVE	SLIVE with G
RMSE	2.15	1.13	1.12	2.4	1.25	1.1	3.16	1.33	1.09
MAE	1.57	0.61	0.69	1.65	0.47	0.59	2.36	0.3	0.43
Type I Error	0.28	0.19	0.09	0.08	0.12	0.06	0.15	0.23	0.13
Accuracy Rate (%)	55	84	79	60	86	73	71	96	88

จากตารางที่ 26 สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบทั้ง 4 ตัวแบบ พบว่าเมื่อพิจารณาค่าผลต่างระหว่างตัวชี้วัดค่า RMSE และ MAE ของตัวแบบ SLIVE with G จะมีค่าความแตกต่างน้อยที่สุด แสดงให้เห็นว่าการเพิ่มปัจจัยสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยทำให้ค่าความแตกต่างของข้อมูลระหว่างข้อมูลทดสอบกับข้อมูลที่ได้จากการทำนายมีค่าน้อยกว่าตัวแบบ TMAI และ SLIVE ในทุกฤดูกาล ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยมีผลต่อประสิทธิภาพการทำนาย ซึ่งทำให้การพยากรณ์มีความแม่นยำขึ้น โดยฤดูหนาวให้ผลการทำนายที่แม่นยำมากที่สุด แสดงให้เห็นว่าตัวแบบ SLIVE with G เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลการที่มีค่าความแตกต่างของข้อมูลระหว่างข้อมูลทดสอบกับข้อมูลที่ได้จากการทำนายมากที่สุด และมีสภาพภูมิอากาศหนาว

ตัวชี้วัด Type I Error ของตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูร้อนให้ค่าน้อยที่สุด ค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายมีค่าน้อยที่สุด เนื่องจากฤดูร้อนจะมีการเปลี่ยนแปลงของอุณหภูมิในแต่ละวันน้อย จึงทำให้มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยลงด้วย แสดงให้เห็นว่าตัวแบบ SLIVE with G เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลการที่มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยที่สุด และสภาพภูมิอากาศมีการเปลี่ยนแปลงน้อย หรือฤดูร้อน

ตัวชี้วัดค่า Accuracy Rate ของตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุด โดยให้ผลลัพธ์การทำนายจำนวนผู้ป่วยรวมทั้งหมดในฤดูฝนมีจำนวนใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากที่สุด แสดงให้เห็นว่าตัวแบบ SLIVE เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลการทำนายที่ให้เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายมากที่สุด และสภาพภูมิอากาศร้อนชื้น หรือฤดูฝน

การคำนวณค่า R_0

จากสมการที่ 12 การคำนวณค่า R_0 จะกำหนดค่าเริ่มต้นตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0 ผลลัพธ์ของการคำนวณจะได้ค่าจำนวนผู้ป่วยเริ่มต้น หรือค่า S_0 ดังตารางที่ 27 และจะประมาณการค่า R_0 โดยพิจารณาจากผลลัพธ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่เริ่มต้น หรือค่า S_0 ที่มีค่าใกล้เคียงกับจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่จริง

ตารางที่ 27 จำนวนผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ที่จะติดเชื้อ จากการประมาณการค่า R_0

R_0	S_0	R_0	S_0
1.1	1778.711	2.1	3395.72
1.2	1940.412	2.2	3557.421
1.3	2102.112	2.3	3719.122
1.4	2263.813	2.4	3880.823
1.5	2425.514	2.5	4042.524
1.6	2587.215	2.6	4204.225
1.7	2748.916	2.7	4365.926
1.8	2910.617	2.8	4527.627
1.9	3072.318	2.9	4689.328
2.0	3234.019	3.0	4851.029

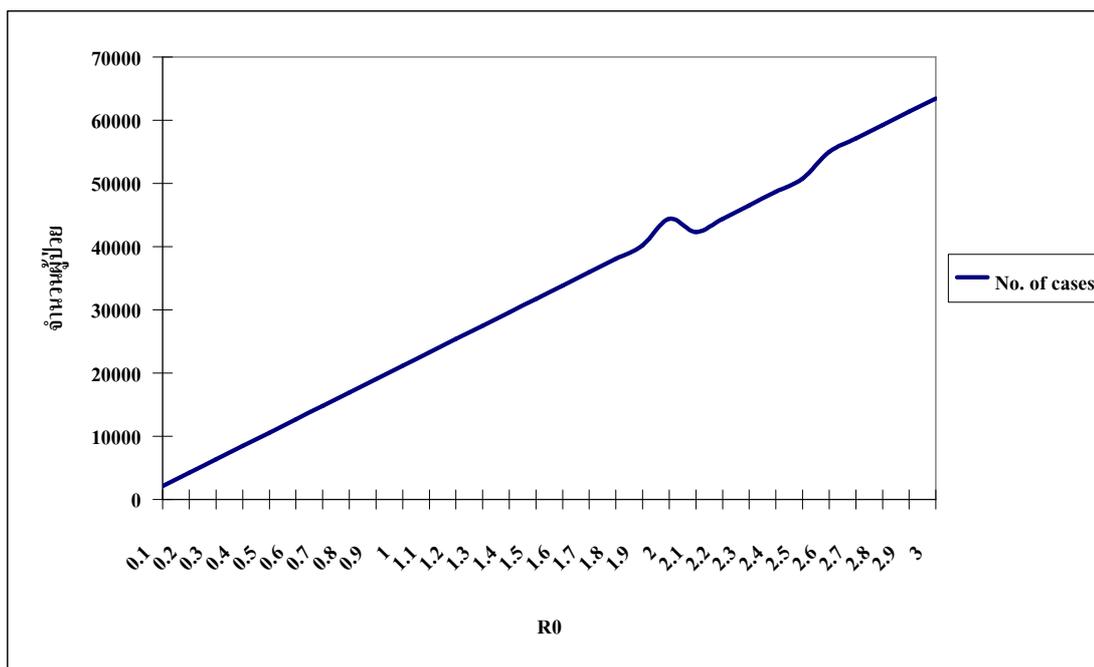
จากตารางที่ 27 การคำนวณประเมินค่า R_0 จะมีค่าเท่ากับ 1.3 ถึง 1.4 เมื่อค่า S_0 มีค่าอยู่ระหว่าง 2,102.112 ถึง 2,263.813 ซึ่งเป็นค่าที่ใกล้เคียงกับข้อมูลจริงของจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่มากที่สุด จากนั้นจะนำค่า R_0 ที่ประเมินได้ ไปคำนวณตามสมการที่ 13 เพื่อทำนายจำนวน

ผู้ป่วยที่จะติดเชื้อโรคไขหวัดใหญ่ โดยการคำนวณจะกำหนดค่าเริ่มต้นค่า R_0 ตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0 ผลลัพธ์ของการคำนวณจะได้ค่า S_0 แสดงได้ดังตารางที่ 28 จากจำนวนประชากรทั้งหมด 3,327,055 คน เมื่อค่า R_0 มีค่าเท่ากับ 1.3 ถึง 1.4 จะมีจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อทั้งหมดเท่ากับ 27,499 ถึง 29,614 ราย คิดเป็นอัตราส่วนร้อยละ 0.83 ถึง 0.89 ต่อประชากรทั้งหมด

ตารางที่ 28 จำนวนผู้ป่วยไขหวัดใหญ่ที่ทำนายได้ จากค่า R_0 ตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0

R_0	No. of cases	R_0	No. of cases	R_0	No. of cases
0.1	2115	1.1	23268	2.1	42305
0.2	4230	1.2	25383	2.2	44421
0.3	6345	1.3	27499	2.3	46536
0.4	8461	1.4	29614	2.4	48651
0.5	10576	1.5	31729	2.5	50766
0.6	12692	1.6	33844	2.6	54997
0.7	14807	1.7	35960	2.7	57112
0.8	16922	1.8	38075	2.8	59228
0.9	19037	1.9	40190	2.9	61343
1	21152	2	44420	3	63458

จากตารางที่ 28 จะเห็นว่าจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อเมื่อมีการแพร่ระบาดของโรคไขหวัดใหญ่ ตามค่าความร้ายแรงของโรค หรือค่า R_0 พบว่าจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อจะเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วตามค่า R_0 ที่เพิ่มมากขึ้น แสดงได้ดังภาพที่ 32



ภาพที่ 32 จำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อเมื่อมีการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ เมื่อค่า R_0 มีค่าตั้งแต่ 0.1 ถึง 3.0

การคำนวณประเมินค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model นี้มีค่าเท่ากับ 1.3 ถึง 1.4 จากจำนวนประชากร 3,327,055 คน และมีจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อเมื่อมีการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่โดยคิดเป็นอัตราส่วนร้อยละ 0.83 ถึง 0.89 ต่อประชากรทั้งหมด เมื่อเปรียบเทียบกับผลการทดลองของ Longini และคณะ จากการประเมินค่า R_0 จะได้ว่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่เท่ากับ 1.4 ถึง 1.7 จากจำนวนประชากรกลุ่มตัวอย่าง 500,000 คน ในจังหวัดปราจีนบุรี และเปรียบเทียบกับผลการทดลองของ Chowell และคณะ ประเมินค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดสเปนที่แพร่ระบาดในปีค.ศ. 1918 ในประเทศสวิตเซอร์แลนด์ ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model ได้ค่า R_0 ในฤดูใบไม้ผลิเท่ากับ 1.4 ถึง 1.5 และฤดูใบไม้ร่วงมีค่าเท่ากับ 2.8 ถึง 3.3 ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการคำนวณประเมินค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model (Longini et al. 2004) และ Stochastic Model (Chowell et al. 2007) จะได้ว่า R_0 ใกล้เคียงกัน

วิจารณ์

งานวิจัยที่นำเสนอนี้เป็นการศึกษาปัจจัยและตัวแบบทำนายการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในคน ที่อาจจะนำไปสู่รูปแบบการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจากคนสู่คน เพื่อช่วยให้ทราบถึงปัจจัยต่างๆที่มีผลต่อการแพร่ระบาดของโรค และสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการวางแผนเตรียมรับมือ หากเกิดการระบาดใหญ่ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในคนเกิดขึ้น

สำหรับงานวิจัยนี้ขั้นตอนแรกนั้น ข้อมูลสำหรับทำการทดลอง (Data set) การเตรียมข้อมูล เริ่มจากการนำข้อมูลจากฐานข้อมูลการเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกในคน (AIS) มาวิเคราะห์เลือกพื้นที่ที่มีการรายงานจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดนกสูงที่สุด พบว่า จังหวัดสุพรรณบุรี มีรายงานจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังไข้หวัดนกในคนสูงที่สุด จึงเลือกข้อมูลของจังหวัดสุพรรณบุรี และจังหวัดพื้นที่ใกล้เคียงกัน ซึ่งเป็นจังหวัดที่ถูกจัดให้อยู่ในโซนเดียวกัน เพื่อให้ง่ายต่อการติดตาม ป้องกัน และควบคุมการแพร่ระบาด

จากขั้นตอนการทำนายจำนวนผู้ป่วยที่อาจจะเกิดขึ้น หากเกิดเหตุการณ์การแพร่ระบาดใหญ่ของโรคไข้หวัดนกในคน โดยอาศัยทฤษฎีพื้นฐานของตัวแบบ TMAI นำมาทดลองหาผลลัพธ์ และได้ปรับปรุงตัวแบบนี้ให้เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมและสถานการณ์ของประเทศไทย จึงได้เสนอตัวแบบ SLIVE ในการทำนายจำนวนการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน และนำผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบประสิทธิภาพผลการทำนาย เพื่อหาอัลกอริทึมและตัวแบบทำนายที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดและเหมาะสมกับข้อมูล

การทดลองในขั้นตอนการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE มีประสิทธิภาพการทำนายดีกว่าตัวแบบ TMAI เราจึงพัฒนาตัวแบบทำนายจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดนกในคนของตัวแบบ SLIVE โดยการเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยที่อาจมีผลต่อการเกิดแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนก และมีผลต่อการฟักตัวของเชื้อไวรัสเรียกว่า ตัวแบบ SLIVE with G เพื่อทำนายจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดนกในคนให้มีผลลัพธ์ใกล้เคียงกับสภาพความเป็นจริงตามธรรมชาติมากที่สุด

ผลการวัดประสิทธิภาพการทำนายระหว่างตัวแบบ TMAI และ SLIVE จะพบว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE ในฤดูหนาวให้ค่า RMSE ดีที่สุดในฤดูฝนให้ค่า MAE และค่า Accuracy Rate ดีที่สุด แสดงให้เห็นว่าในฤดูหนาวมีประสิทธิภาพการทำนายแม่นยำมากที่สุด และในฤดูฝนมี

ค่าเฉลี่ยความแตกต่างระหว่างข้อมูลที่ได้จากการทำนายกับข้อมูลจริงน้อยที่สุด และมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องมากที่สุด ส่วนการทำนายด้วยตัวแบบ TMAI ในฤดูร้อนให้ค่า Type I Error ดีที่สุด แสดงให้เห็นว่าผลลัพธ์ในฤดูร้อนมีค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยที่สุด

จากขั้นตอนการเปรียบเทียบการวัดประสิทธิภาพตัวแบบทำนายระหว่างตัวแบบ SLIVE และ SLIVE with G ด้วยตัวชี้วัด 4 ตัว พบว่าตัวชี้วัดค่า MAE และ ACCURACY RATE ของตัวแบบทำนาย SLIVE ให้ผลดีกว่าการทำนายด้วยตัวแบบ SLIVE with G แต่ตัวชี้วัดค่า RMSE และ Type I Error ของตัวแบบ SLIVE with G จะมีประสิทธิภาพดีกว่าตัวแบบ SLIVE

สรุปผลการวัดประสิทธิภาพของตัวแบบทั้ง 3 ตัวแบบ พบว่าเมื่อพิจารณาค่าผลต่างระหว่างตัวชี้วัดค่า RMSE และ MAE ของตัวแบบ SLIVE with G จะมีค่าความแตกต่างน้อยที่สุด แสดงให้เห็นว่าการเพิ่มค่าความน่าจะเป็นของสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยทำให้ค่าความแตกต่างของข้อมูลระหว่างข้อมูลทดสอบกับข้อมูลที่ได้จากการทำนายมีค่าน้อยกว่าตัวแบบ TMAI และ SLIVE ในทุกฤดูกาล ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยมีผลต่อประสิทธิภาพการทำนาย ซึ่งทำให้การพยากรณ์มีความแม่นยำขึ้น โดยฤดูหนาวให้ผลการทำนายที่แม่นยำมากที่สุด แสดงให้เห็นว่า ตัวแบบ SLIVE with G เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลที่มีค่าความแตกต่างของข้อมูลระหว่างข้อมูลทดสอบกับข้อมูลที่ได้จากการทำนายมากที่สุด และมีสภาพภูมิอากาศหนาว

ตัวชี้วัด Type I Error ของตัวแบบ SLIVE with G ในฤดูร้อนให้ค่าน้อยที่สุด ค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายมีค่าน้อยที่สุด เนื่องจากฤดูร้อนจะมีการเปลี่ยนแปลงของอุณหภูมิในแต่ละวันน้อย จึงทำให้มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยลงด้วย แสดงให้เห็นว่าตัวแบบ SLIVE with G เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลการที่มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยที่สุด และสภาพภูมิอากาศมีการเปลี่ยนแปลงน้อย หรือแบบฤดูร้อน

ตัวชี้วัดค่า Accuracy Rate ของตัวแบบ SLIVE ในฤดูฝนให้ค่าเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายสูงสุด โดยให้ผลลัพธ์การทำนายจำนวนผู้ป่วยรวมทั้งหมดในฤดูฝนมีจำนวนใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากที่สุด แสดงให้เห็นว่าตัวแบบ SLIVE เหมาะสมกับการทำนายที่ต้องการผลการทำนายที่ให้เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการทำนายมากที่สุด และสภาพภูมิอากาศร้อนชื้น หรือฤดูฝน

การคำนวณประเมินค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model พบว่าผลลัพธ์ที่ได้มีค่าใกล้เคียงกับงานวิจัยของ Longini และคณะที่ใช้วิธีของ Stochastic Model และงานวิจัยของ Chowell และคณะที่ใช้วิธีของ Compartmental Epidemic Model ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการคำนวณค่า R_0 ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model อาจจะนำมาใช้กับข้อมูลการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยได้ และนอกจากนี้หากพิจารณาตามค่าความร้ายแรงของโรค หรือค่า R_0 พบว่าจำนวนผู้ป่วยที่จะติดเชื้อจะเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วตามค่า R_0 ที่เพิ่มมากขึ้น เนื่องจากค่าความร้ายแรงของโรคแสดงให้เห็นถึงแนวโน้มการเพิ่มขึ้นของจำนวนผู้ป่วย ซึ่งผลลัพธ์ของค่า R_0 นั้นเราสามารถที่จะนำไปใช้คำนวณจำนวนวัคซีนป้องกันโรคไข้หวัดใหญ่ที่ต้องจัดเตรียมไว้ หากเกิดเหตุการณ์ระบาดใหญ่ขึ้น และนำไปใช้ในการคำนวณการให้วัคซีนป้องกันโรคไข้หวัดใหญ่กับประชากรกลุ่มเสี่ยง เพื่อวางแผนรับมือก่อนที่จะมีการระบาดใหญ่เกิดขึ้น อย่างไรก็ตามการประมาณการค่าความร้ายแรงของโรคขึ้นอยู่กับวิธีการที่ใช้คำนวณ และจำนวนผู้ป่วยที่ใช้ในการคำนวณ และระบาดวิทยาของโรค เช่น ช่วงเวลาระยะฟักตัวของเชื้อ และระยะเวลาการติดเชื้อ และธรรมชาติหรือความสามารถในการแพร่กระจายของเชื้อโรคนั้นๆ

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

งานวิจัยนี้นำเสนอตัวแบบ SLIVE เพื่อนำมาใช้ทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดนกในคน (Avian Influenza) เพื่อศึกษาถึงปัจจัยต่างๆที่มีผลต่อการระบาดของโรคไข้หวัดนกในคน โดยขั้นตอนการทดลองในงานวิจัยนี้แบ่งออกเป็น 3 ขั้นตอนคือ (1) ขั้นตอนการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ TMAI (2) ขั้นตอนการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ SLIVE (3) ขั้นตอนการคำนวณประมาณการค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model

จากขั้นตอนการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ TMAI นั้น ผลปรากฏว่าการทำนายโดยใช้ตัวแบบ TMAI เหมาะสมกับการทำนายในกรณีที่มีจำนวนผู้ป่วยน้อย และมีสภาพภูมิอากาศแบบฤดูร้อน เนื่องจากผลลัพธ์มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายน้อยที่สุด โดยให้ค่า Type I Error ดีที่สุด จากขั้นตอนการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคไข้หวัดนกในคนด้วยตัวแบบ SLIVE มีความเหมาะสมกับการทำนายกรณีที่มีจำนวนผู้ป่วยมาก และมีสภาพภูมิอากาศแบบฤดูหนาว และฤดูฝน เนื่องจากมีสภาพภูมิอากาศและอุณหภูมิในแต่ละวันเปลี่ยนแปลงบ่อย ซึ่งผลลัพธ์ให้ค่า RMSE ค่า MAE และค่า Accuracy Rate ดีที่สุด และในขั้นตอนนี้เราได้เพิ่มตัวแปรเกี่ยวกับสภาพภูมิอากาศหลายปัจจัยซึ่งได้แก่ ความยาวนานของแสงแดด และความชื้น ที่มีผลต่อการฟักตัวของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) ซึ่งเป็นค่าความน่าจะเป็นของการเกิดโรคไข้หวัดนก (ศิริชัย และคณะ) นำไปคำนวณในตัวแบบ SLIVE โดยตั้งชื่อใหม่ว่าตัวแบบ SLIVE with G ผลปรากฏว่าตัวแบบใหม่นี้เหมาะสมกับการทำนายกรณีที่มีจำนวนผู้ป่วยน้อย และในสภาพภูมิอากาศแบบฤดูร้อน และฤดูหนาว โดยให้ค่า RMSE และค่า Type I Error ดีที่สุด

เมื่อทำการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 ตัวแบบ พบว่าตัวแบบ SLIVE เหมาะสมกับการทำนายในช่วงฤดูฝน ซึ่งมีจำนวนผู้ป่วยเสียชีวิตมากที่สุด จึงจะมีประสิทธิภาพในการทำนายมากที่สุด และตัวแบบ SLIVE with G เหมาะสมกับการทำนายในช่วงฤดูหนาว และฤดูร้อนซึ่งมีจำนวนผู้ป่วยรองลงมาตามลำดับ จึงจะมีประสิทธิภาพในการทำนายมากที่สุด

จากขั้นตอนการคำนวณประเมินค่า R_0 ของโรคไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธี Compartmental Epidemic Model ให้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับการคำนวณด้วยวิธีการอื่นๆ เช่น วิธีของ Stochastic model ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ และจำนวนคนที่จะได้รับเชื้อหากเกิดการระบาดใหญ่ โดยมีค่าความร้ายแรงของโรคไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยในช่วงเวลาปี 2549 ของจังหวัดที่อยู่ในโซนเดียวกับจังหวัดสุพรรณบุรี มีค่า R_0 เป็น 1.3-1.4 นั้นหมายถึงหากมีคนติดเชื้อเริ่มต้น 1 คน จะสามารถแพร่เชื้อไข้หวัดใหญ่ไปสู่คนอื่นได้ถึง 1.3 -1.4 คน ในช่วงเวลาของการระบาด เนื่องจากการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่จะเกิดขึ้นเมื่อไหร่ นั้นไม่สามารถทำนายได้แน่ชัด แต่เมื่อเกิดขึ้นย่อมส่งผลกระทบต่อสุขภาพประชาชน เศรษฐกิจ และสังคมอย่างมหาศาล และหากลักษณะทางระบาดวิทยาของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่เปลี่ยนไป หรือลักษณะพิเศษของไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่แพร่กระจายในขณะนั้น (สำนักระบาดวิทยา 2549) เกิดการกลายพันธุ์เป็นเชื้อไวรัสที่สามารถแพร่ระบาดจากคนสู่คนได้ เมื่อเกิดการระบาดใหญ่ยาด้านไวรัส และวัคซีนจะขาดแคลนอย่างมาก ดังนั้น วิธีการคำนวณด้วยวิธี Compartmental Model สามารถนำไปใช้คำนวณค่าความร้ายแรงของโรคในระยะเริ่มต้นซึ่งมีจำนวนผู้ป่วยที่มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นก่อนเกิดการระบาดใหญ่ได้ เพื่อนำผลลัพธ์ไปช่วยในการสร้างมาตรการควบคุมป้องกันสถานการณ์การระบาดใหญ่ เช่น การจัดหาและสำรองยาด้านไวรัส วัคซีนไข้หวัดใหญ่ และวัสดุอุปกรณ์ป้องกันการติดเชื้อ รวมทั้งการพยายามผลิตวัคซีนไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ระบาดใหญ่ เพื่อเตรียมรับมือกับสถานการณ์ที่อาจจะเกิดขึ้น

นอกจากนี้กระทรวงสาธารณสุขสามารถนำตัวแบบที่ได้นำเสนอ และผลการทดลองนี้ไปใช้ในการทำนายจำนวนผู้ป่วยเฝ้าระวังโรคไข้หวัดคนในคน และจำนวนผู้ป่วยโรคไข้หวัดใหญ่ เพื่อวางแผนเตรียมรับมือหากเกิดเหตุการณ์ระบาดใหญ่เกิดขึ้น ซึ่งสามารถเลือกใช้ตัวแบบทำนายได้ตามความเหมาะสมของสภาพภูมิอากาศ หรือช่วงฤดูกาลต่างๆ จึงจะให้ผลการทำนายที่แม่นยำและมีประสิทธิภาพมากขึ้น

ข้อเสนอแนะ

งานวิจัยฉบับนี้ใช้การเทคนิคการแพร่ระบาดวิทยาเป็นพื้นฐานในการทำนาย สำหรับผู้วิจัยรุ่นใหม่ๆ ที่มีความสนใจในด้านการทำนายข้อมูลผู้ป่วยโรคต่างๆ สามารถนำขั้นตอนวิธีดังกล่าวไปใช้เพื่อเป็นแนวทางการพัฒนาโปรแกรม เพื่อเป็นประโยชน์ในการศึกษาค้นคว้าในงานที่ต้องการผลลัพธ์การทำนายจำนวนผู้ป่วย นำไปสร้างมาตรการควบคุม หากเกิดเหตุการณ์การเกิดโรคระบาดของโรคไข้หวัดคนจากคนสู่คนได้ ผลที่ได้จากการวิเคราะห์นอกจากจะใช้เป็นแนวทางการศึกษา

และวิธีการป้องกันควบคุมการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดนกในคนแล้ว ยังสามารถใช้เป็นข้อมูลที่ช่วยให้กระทรวงสาธารณสุข หรือหน่วยงานที่เกี่ยวข้องนำไปใช้ในการวางแผนยุทธศาสตร์ เพื่อรองรับสถานการณ์การระบาดใหญ่ของโรคไข้หวัดใหญ่ การเฝ้าระวังและควบคุมโรคในคน เช่น การจัดหาจัดเตรียม ยาด้านไวรัสให้เพียงพอต่อจำนวนประชากร และจัดการให้วัคซีนไข้หวัดใหญ่แก่ประชาชนกลุ่มที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อไข้หวัดนก

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

- ศิริชัย วงษ์นาคเพ็ชร, 2549. รายงานการวิจัยระบาดวิทยาของโรคไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ปีกใน 5 จังหวัดที่เชื่อมต่อกันในภาคกลางและภาคตะวันตกของประเทศไทย. 60 – 72, พฤศจิกายน 2549.
- Bridge, C.B. , Katz J. M., Seto, W.H., Chan, P. K. S., Tsang D., Ho W., Mak K. H., Lim W., Tam J. S., Clarke M., Williams, S. G., Mounts A. W., Bresee J. S., Conn, L. A., Rowe, T., Hu-Primmer, J., Abernathy, R. A., Lu, X., Cox, N. J. and Fukuda, K. 2002. Risk of Influenza A (H5N1) Infection among Health Care Workers Exposed to Patients with Influenza A (H5N1), Hong Kong. **The Journal of Infectious Disease** 181: 344-8.
- Chowell, G., Ammon C.E., Hengartner, N.W. and Hyman, J.M. 2007. Estimating the reproduction number from the initial phase of the spanish flu pandemic waves in Geneva, Switzerland. **Mathematical Biosciences and Engineering** 2007 (4): 457-70.
- Chowell, G., Ammon C.E., Hengartner, N.W. and Hyman, J.M. 2006. Transmission dynamics of the great influenza pandemic of 1918 in Geneva, Switzerland: Assessing the effects of hypothetical interventions. **Journal of Theoretical Biology** 241, 193-204.
- Chowell, G. , Nishiura, H. and Bettencourt L. M. A. 2007. Comparative estimation of the reproduction number for pandemic influenza from daily case notification data. **Vaccine** 4 (12): 155-66.
- Ferguson, N.M. , Cummings, D.A.T., Cauchemez, S., Fraser, C., Riley, S., Meeyai, A., Lamsirithaworn, S. and Burker, D.S. 2005. Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia. **Nature** 437 (7056): 209-14.

Longini, Jr., Ira M., Azhar, N., Shufu, X., Kumnuan, U., Hanshaoworakul, W., Commings, D.A.T. and Halloran, M.E. 2005. Containing Pandemic Influenza at the Source. **Science Express** 309 (5737): 1083-7.

Jinping, Li., Ren, Q. and Yin J. 2004. Study on Transmission Model of Avian Influenza 2004, pp. 54-58. *In* **Information Acquisition, 2004**. IEEE.

Available Source: <http://epid.moph.go.th/invest/ai/aimain.php>, January 2006.

Available Source: [http://epi.dpc7.net/AI/daily situation](http://epi.dpc7.net/AI/daily%20situation), January 2006.

Available Source: <http://www.tmd.go.th/climate/climate.php>, August 2006.

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

ตัวอย่างข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยรายเดือนของประเทศไทย

ตารางผนวกที่ ก1 ตัวอย่างข้อมูลอุณหภูมิเฉลี่ยสูงสุด – ต่ำสุดรายเดือนของแต่ละภาคของประเทศไทยประจำปี 2549

	JAN	FEB	MAR	APR	MAY	JUN	JUL	AUG	SEP	OCT	NOV	DEC
Northern												
Mean Max	31.8	33.8	36.6	36.1	32.9	33.3	31.6	31.7	32.2	32.4	32.8	30.5
Mean Min	15.6	18.8	21.7	23.5	23.3	24.3	24.2	24.0	23.7	22.6	19.4	16.1
Northeastern												
Mean Max	32.0	33.2	35.2	35.2	34.2	34.3	32.6	32.1	32.3	31.9	33.1	29.9
Mean Min	17.2	20.5	22.9	24.4	24.3	25.2	24.9	24.4	24.0	23.2	21.6	17.8
Central												
Mean Max	32.8	34.1	35.5	35.6	34.0	33.7	32.9	32.7	32.9	32.9	33.9	31.8
Mean Min	21.3	24.0	25.4	25.9	25.7	25.6	25.8	25.5	25.0	25.0	24.1	21.3
Eastern												
Mean Max	32.6	33.5	34.0	34.5	33.5	32.8	32.1	31.6	31.9	32.5	33.7	32.1
Mean Min	21.6	24.1	25.2	25.7	25.6	25.6	25.9	25.5	24.9	24.8	25.0	21.9
Southern												
Mean Max	30.8	31.6	33.1	33.6	32.9	33.1	32.6	32.8	32.3	31.9	31.8	30.9
Mean Min	22.1	23.3	23.6	24.1	23.9	24.0	24.2	23.9	23.7	23.7	23.9	22.6
Avg. Max	32.0	33.2	34.9	35.0	33.5	33.4	32.4	32.2	32.3	32.3	33.1	31.0
Avg. Min	19.6	22.1	23.8	24.7	24.6	24.9	25.0	24.7	24.3	23.9	22.6	19.9

ภาคผนวก ข

โปรแกรมทำนายจำนวนผู้ป่วยไข้ระวังโรคไข้วัดคนในคน

ตัวอย่างโปรแกรมทำนายจำนวนผู้ป่วยด้วยตัวแบบ SLIVE

```

$conn = @odbc_connect($Dsn,"","");
if(!$conn) {
exit("Error". odbc_Error(). "! - ". odbc_Errormsg(). ".");}
$sql = "Select * from Ai1";
$cases_result = odbc_exec($conn, $sql);
$i=1;
$sum_case = 0;
while($resultrow = odbc_fetch_array($cases_result)) {
    $dateRpt = $resultrow["Date_rpt"];
    $s_dateRpt[$i] = substr($dateRpt, 5, 5);
    $ai1[$i] = $resultrow["Pv1"];
    $ai2[$i] = $resultrow["Pv2"];
    $ai3[$i] = $resultrow["Pv3"];
    $ai4[$i] = $resultrow["Pv4"];
    $s_case[$i] = $ai1[$i]+$ai2[$i]+$ai3[$i]+$ai4[$i];
    $i++;
}
odbc_close($conn);
$period = $i;
$Temp_min1=($min1+$min2+$min3 +$min4)/4;
$Temp_min2=($min5+$min6+$min7 +$min8)/4;
$Temp_min3=($min9+$min10+$min11 +$min12)/4;
$Temp_max1=($max1+$max2+$max3 +$max4)/4;
$Temp_max2=($max5+$max6+$max7 +$max8)/4;
$Temp_max3=$max9+$max10+$max11 +$max12)/4;
//Calculate temperature: t1, t2
$avg_max = $Temp_max1;
$avg_min = $Temp_min1;

```

```

$t2 = ($avg_max - $avg_min)/$period;
$t1 = $avg_min - $t2;
$N_outbreak=0;
$M = 10; //level of control measure
$C = 3; //average control measure
$H = 0.15; //threshold
$R0 = 1;
$R1 = 100;
$THS = 0.157;
//Calculate SLIVE Model
for($t=1; $t < $period; $t++) {
    $day = $t;
    $N_outbreak=1;
    $count=0;
    //calculate  $K(n)=AS(n)^b$  ----- (1)
    $Kn = $s_case[$t]*1.1;
    //Calculate L(n) ----- (2)
    $Ln1 = $THS*(3.4 - ((0.0915) * pow(($t1 + (($t2) * $day)), 1.1)));
    $Ln = pow(M_E, ($Ln1));
    //Calculate I(n) ----- (3);
    $In1 = -($day/$C);
    $In2 = pow(M_E, $In1);
    $In = $M/(1 + ($M-1)*$In2);
    while($count < $Kn) {
        $rnd = round(rand($R0,$R1) /100,4);
        //Calculate probability  $P = R*L(n)*S(n)*(1/I(n))$  ----- (4)
        $Pi = ($rnd * $s_case[$t] * $Ln * (1/$In));
        if($Pi >= $H){
            $N_outbreak += 1; // Number of outbreaks count here }
            $count++;}
}

```

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ –นามสกุล	นางสาวประภาพรณ ประวิง
วัน เดือน ปี ที่เกิด	วันที่ 7 พฤศจิกายน 2521
สถานที่เกิด	เชียงราย
ประวัติการศึกษา	บช.บ. (คอมพิวเตอร์ธุรกิจ) มหาวิทยาลัยธุรกิจบัณฑิต (พ.ศ. 2545)
ตำแหน่งหน้าที่การงานปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	<ol style="list-style-type: none"> นำเสนอ และตีพิมพ์บทความวิชาการเรื่อง “Adaptive Statistical Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human in Thailand” ในงานประชุมวิชาการ The 4th International Joint Conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE 2007) จ.ขอนแก่น วันที่ 2-4 พฤษภาคม 2550 นำเสนอ และตีพิมพ์บทความวิชาการเรื่อง “Adaptive a Statistical Transmission Model of Avian Influenza for Outbreak Prediction in Human” ในงานประชุมวิชาการ Shanghai International Symposium on Nonlinear Science and Applications 2007 (Shanghai NSA’07) มณฑลเซี่ยงไฮ้ ประเทศจีน ในวันที่ 6-10 มิถุนายน 2550
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	-