ใบรับรองวิทยานิพนธ์

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การจัดการเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร)

ปริญญา

การจัดการเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร — **สาขา**

เทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร — **ภาควิชา**

เรื่อง การประยุกต์แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง

Empirical Models for Predicting the Growth of *Vibrio parahaemolyticus* in Frozen White Shrimp

นามผู้วิจัย นายผดุงเดช พูลสุข

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์รวิพิมพ์ ฉวีสุข, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์วราภรณ์ บุญทรัพย์ทิพย์, Ph.D.)

หัวหน้าภาควิชา

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์รวิพิมพ์ ฉวีสุข, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญจนา ธีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ ..... **เดือน** ..... **พ.ศ.** .....

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การประยุกต์แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง

Empirical Models for Predicting the Growth of *Vibrio parahaemolyticus* in Frozen White Shrimp

โดย

นายผดุงเดช พูลสุข

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การจัดการเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร)
พ.ศ. 2552

ผดุงเดช พูลสุข 2552: การประยุกต์แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (การจัดการเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร) สาขาการจัดการเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร ภาควิชาเทคโนโลยีอุตสาหกรรมเกษตร อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์รวิพิมพ์ ฉวีสุข, Ph.D. 110 หน้า

งานวิจัยนี้ศึกษาความเป็นไปได้และเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็งระหว่างแบบจำลองเชิงประจักษ์ 3 ประเภทคือ แบบจำลองการถดถอย แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Backpropagation neural network; BPN) และแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (Radial basis function neural network; RBFN) โดยสร้างแบบจำลอง 3 รูปแบบที่มีปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้นในช่วง 2 – 5 logMPN/g คือ แบบจำลองสำหรับทำนายในช่วงการเจริญที่อุณหภูมิ 20, 37 และ 44 องศาเซลเซียส แบบจำลองสำหรับทำนายในช่วงการตายที่อุณหภูมิ -20, -10, 0, 4 และ 10 องศาเซลเซียส และแบบจำลองในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด เปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายและการใช้งานทั่วไปด้วยค่าความคลาดเคลื่อนในรูป Mean absolute error (MAE) และความลำเอียงของแบบจำลองโดย Tracking signal (TS) ผลการศึกษาพบว่าแบบจำลองเพื่อการทำนายในช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียวนั้นมีความถูกต้องในการทำนายสูงกว่าแบบจำลองเพื่อการทำนายช่วงการตายเพียงอย่างเดียว และช่วงการเจริญและการตายพร้อมกัน แบบจำลอง BPN นั้นมีความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปสูงกว่าแบบจำลองการถดถอยและแบบจำลอง RBFN ไม่ว่าจะเป็นแบบจำลองเพื่อทำนายในช่วงการเจริญหรือช่วงการตายหรือทั้งสองช่วงพร้อม ๆ กัน โดยแบบจำลองที่ดีที่สุดสำหรับการทำนายในช่วงการเจริญ ช่วงการตาย และช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดคือ แบบจำลอง 3-3-1 BPN , 3-9-1 BPN และ 3-7-1 BPN ตามลำดับ ซึ่งมีค่าความคลาดเคลื่อนในรูป MAE ของข้อมูลชุดทวนสอบเท่ากับ 0.6, 0.7 และ 1.2 logMPN/g และยังเป็นแบบจำลองที่มีความลำเอียงในช่วงที่ยอมรับได้โดยมีค่า TS เท่ากับ -4.7, 2.8 และ 1.1 ตามลำดับ

_____ _____ ___ / ___ / ___

ลายมือชื่อนิสิต ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

Phadungdet Poolsuk 2009: Empirical Models for Predicting the Growth of *Vibrio parahaemolyticus* in Frozen White Shrimp. Master of Science (Agro-Industry Technology Management), Major Field: Agro-Industry Technology Management, Department of Agro-Industry Technology. Thesis Advisor: Assistant Professor Ravipim Chaveesuk, Ph.D. 110 pages.

This objective of this research was to examine the potential use and performance comparison of 3 empirical models in modeling the growth of *Vibrio parahaemolyticus* in the frozen white shrimp, namely regression, backpropagation neural network (BPN) and radial basis function neural network (RBFN). Three modeling growth patterns with an initial load of *Vibrio parahemolyticus* in the range of 2 -5 logMPN/g studied were the growth model (at 20, 37 and 44 degree Celsius), the death model (at -20, -10, 0, 4 and 10 degree Celsius) and the complete growth-death model. Model performances were compared based on their prediction accuracy in terms of mean absolute error (MAE) and model bias in term of tracking signal (TS). The results showed that the growth models possessed higher prediction accuracy than the death models and the complete growth-death models. The BPN models exhibited higher prediction accuracy and generalization capability than the regression models and RBFN models regardless of types of modeling growth patterns. The best growth model, the death model and the complete growth-death model were 3-3-1 BPN, 3-9-1 BPN and 3-7-1 BPN, respectively with the MAE of a validation data set of 0.6, 0.7 and 1.2 logMPN/g, respectively. In addition, these BPN models were of unbiased modeling type. Their biases in terms of TS were -4.7, 2.8 and 1.1 for the growth model, the death model and the complete growth-death model, respectively.

_____ _____ ___ / ___ / ___

Student's signature Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ขอกราบขอบพระคุณผู้ช่วยศาสตราจารย์รวิพิมพ์ ฉวีสุข ประธานกรรมการที่ปรึกษา ผู้ให้คำแนะนำและให้ความรู้ต่าง ๆ ที่เกี่ยวข้องกับเครือข่ายประสาทเทียมและวิชาความรู้ด้านอื่น ๆ ในการทำงานวิจัยในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ และกรุณาตรวจสอบ ให้คำแนะนำในการแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ขอกราบขอบพระคุณผู้ช่วยศาสตราจารย์วราภรณ์ บุญทรัพย์ทิพย์ กรรมการที่ปรึกษา และผู้ช่วยศาสตราจารย์ธนัญญา วสุศรี ผู้แทนบัณฑิตวิทยาลัยที่กรุณาแก้ไขและตรวจสอบวิทยานิพนธ์ให้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอกราบขอบพระคุณคุณพ่อ คุณแม่ที่ให้กำลังใจและให้การสนับสนุนในการศึกษาหาวิชาความรู้มาโดยตลอด รวมถึงขอขอบคุณเพื่อน ๆ พี่ ๆ น้อง ๆ ที่คอยเป็นกำลังใจ และห่วงใยเสมอมา

ขอขอบพระคุณเกษตรกรผู้เลี้ยงกุ้งและโรงผลิตกุ้งแช่เยือกแข็งกรณีศึกษาที่ให้ความอนุเคราะห์ข้อมูลและให้ความช่วยเหลืออย่างเต็มที่ ขอขอบพระคุณศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (BIOTEC) สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) ที่สนับสนุนสถานที่และเงินทุนสำหรับงานวิจัยนี้

ผดุงเดช พูลสุข

เมษายน 2552

สารบัญ

หน้า

สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
สารบัญภาพ (ต่อ)	(5)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	43
อุปกรณ์	43
วิธีการ	43
ผลและวิจารณ์	51
สรุปและข้อเสนอแนะ	76
สรุป	76
ข้อเสนอแนะ	77
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	78
ภาคผนวก	85
ภาคผนวก ก ข้อมูลปริมาณเชื้อจุลินทรีย์ที่ใช้ในการสร้างแบบจำลอง	86
ประวัติการศึกษา และการทำงาน	110

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ลักษณะอาการของโรคอาหารเป็นพิษที่เกิดจาก Vibrio parahaemolyticus	10
2	จำนวนผู้ป่วยด้วยโรคอาหารเป็นพิษ จำแนกตามชนิดของเชื้อก่อโรคในประเทศไทยระหว่างปี พ.ศ. 2539-2550	14
3	สรุปการระบาดของโรคที่เกี่ยวกับทางเดินอาหารของประเทศในทวีปยุโรป	16
4	มาตรฐานปริมาณ Vibrio parahaemolyticus ในกุ้งแช่เยือกแข็งสำหรับประเทศคู่ค้าต่าง ๆ	18
5	ผลการสำรวจและเก็บตัวอย่างกุ้ง	53
6	ช่วงปัจจัยที่ส่งผลต่อการเจริญของ Vibrio parahaemolyticus	53
7	แบบจำลองการถดถอยสำหรับการทำนายการเจริญเติบโตของ Vibrio paraheamolyticus ในรูปแบบต่าง ๆ ของข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง	56
8	โครงสร้างและพารามิเตอร์ที่เหมาะสมของแบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN และ ค่าคลาดเคลื่อนของชุดสร้างแบบจำลอง	61
9	ความถูกต้องและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการเจริญ	65
10	ความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการตาย	66
11	ความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด	66
12	การวิเคราะห์ความลำเอียง (TS) ของแบบจำลอง	68
13	เปรียบเทียบการทำนายของแบบจำลอง BPN สำหรับการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตต่าง ๆ	69
14	ข้อจำกัดของแบบจำลอง	75

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางผนวกที่		หน้า
1	ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญ	87
2	ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญ	89
3	ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการตาย	90
4	ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการตาย	93
5	ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด	94
6	ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด	98
7	ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญ	99
8	ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญ	101
9	ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการตาย	102
10	ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการตาย	104
11	ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด	105
12	ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด	109

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	ปริมาณผลผลิตกุ้งเพาะเลี้ยงในช่วงปี พ.ศ. 2538-2550	7
2	ปริมาณและมูลค่าการส่งออกกุ้งสดแช่เย็นแช่แข็งปี พ.ศ. 2544-2550	9
3	อัตราการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษต่อจำนวนประชากร 100,000 คนในประเทศไทยตั้งแต่ปี พ.ศ. 2541-2550)	12
4	การระบาดของ Vibrio parahaemolyticus ในประเทศต่าง ๆ	14
5	รูปแบบโครงสร้างและการทำงานของเครือข่ายระบบประสาทของสิ่งมีชีวิต	24
6	รูปแบบโครงสร้างและการทำงานของเครือข่ายประสาทเทียม	25
7	เครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหน้าชั้นเดียว	26
8	เครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหลายชั้น	27
9	ฟังก์ชั่นบ่งชี้ (Identity function)	29
10	ฟังก์ชั่นซิกมอยด์ (Sigmoid function)	29
11	ฟังก์ชั่นไฮเปอร์โบลิกแทนเจน (Hyperbolic tangent; tanH)	30
12	โครงสร้างของเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ	32
13	โครงสร้างของเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น	38
14	เส้นทางการจัดส่งกุ้งสู่โรงงานแปรรูปกรณีศึกษา	51
15	กระบวนการผลิตกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง	52
16	แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียลอันดับ 2 จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง	59
17	แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้ที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันไดจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง	59
18	แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้ที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลองการถดถอยอันดับ 1 แบบพหุจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง	60

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่ **หน้า**

19 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 62

20 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 62

21 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 63

22 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 63

23 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 64

24 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง 64

25 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 44 °C 70

26 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 37 °C 70

27 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 20 °C 71

28 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 10 °C 72

29 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 4 °C 72

30 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 0 °C 73

31 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ -10 °C 73

32 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ -20 °C 74

การประยุกต์แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง

Empirical Models for Predicting the Growth of *Vibrio parahaemolyticus* in Frozen White Shrimp

คำนำ

ประเทศไทยเป็นผู้ผลิตและส่งออกกุ้งและผลิตภัณฑ์อันดับหนึ่งของโลก ในด้านการผลิตนั้นมีผลผลิตถึง 25% ของปริมาณผลผลิตโลก สำหรับการส่งออกนั้นอยู่ในรูปกุ้งแช่เย็นแช่แข็งและกุ้งแปรรูปเป็นหลักมีส่วนแบ่งตลาดโลกเพิ่มขึ้นจาก 15.60 % ในปีพ.ศ. 2547 เป็น 20.68% ในปีพ.ศ. 2550 (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2551) โดยในปีพ.ศ. 2550 กุ้งแช่เย็นแช่แข็งมีปริมาณการส่งออก 197,777 ตัน คิดเป็นมูลค่า 42,912 ล้านบาท ส่วนกุ้งแปรรูปมีปริมาณการส่งออก 158,304 ตัน คิดเป็นมูลค่า 38,735 ล้านบาท (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2551) อย่างไรก็ตาม กระบวนการเพาะเลี้ยง การแปรรูป และการส่งออกกุ้งและผลิตภัณฑ์ของประเทศยังคงประสบอุปสรรคสำคัญคือ การปนเปื้อนของอันตรายชนิดต่าง ๆ ในอาหาร โดยเฉพาะการปนเปื้อน *Vibrio parahaemolyticus* ในผลิตภัณฑ์กุ้งแช่เย็นและแช่เยือกแข็ง ซึ่งส่งผลต่อการกักกัน และการตีกลับของสินค้าในบางประเทศที่มีความเข้มงวด ก่อให้เกิดการสูญเสียทางด้านเศรษฐกิจและความเชื่อถือของประเทศคู่ค้า แต่การปนเปื้อน *Vibrio parahaemolyticus* ซึ่งเป็นจุลินทรีย์ประจำถิ่นในน้ำทะเลและน้ำกร่อยเป็นสิ่งที่หลีกเลี่ยงได้ยากเนื่องจากเป็นแบคทีเรียที่มีอยู่แล้วตามธรรมชาติ และยังอาจปนเปื้อนซ้ำจากการปนเปื้อนข้ามในโซ่อุปทานในขั้นตอนการเก็บเกี่ยว การขนส่ง และในกระบวนการแปรรูป ดังนั้น เพื่อเป็นการสนับสนุนระบบการประกันคุณภาพ ความปลอดภัยผลิตภัณฑ์กุ้งแช่เยือกแข็งด้านจุลินทรีย์ และนำไปสู่การพัฒนาระบบการประเมินความเสี่ยงของอาหารและระบบการจัดการปัญหาที่เกิดขึ้นจากการปนเปื้อนดังกล่าว การพัฒนาแบบจำลองเพื่อทำนายปริมาณของ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งแช่เยือกแข็งภายใต้ปัจจัยที่มีอิทธิพลสูงต่อการเจริญและการตายของจุลินทรีย์ ได้แก่ อุณหภูมิ และ ปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น จึงเป็นประโยชน์อย่างยิ่ง

การศึกษาด้านการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ (Microbial predictive modeling) นั้น เป็นการพัฒนาแบบจำลองสำหรับกระบวนการเจริญเติบโต (Growth) การอยู่รอด (Survival) และการตาย (Death) ของจุลินทรีย์ในรูปของฟังก์ชั่นของเวลา (Ross and McMeekin, 1994; Whiting *et al.*, 1997) แบบจำลองที่ใช้งานแบ่งเป็น 2 ประเภทคือแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เช่น Gompertz model, Modified Gompertz model, Baranyi model, McKellar model และ Buchanan model และแบบจำลองเชิงประจักษ์ (Empirical model) เช่นแบบจำลองการถดถอย และแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network; ANN) การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่เหมาะสมนั้นต้องอาศัยความรู้ด้านจุลชีววิทยา ชีวเคมี และเคมีกายภาพของกระบวนการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์อย่างลึกซึ้ง และจะต้องสร้างแบบจำลอง 1 ชุด สำหรับสภาวะปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการเจริญของจุลินทรีย์ 1 สภาวะ ทำให้การสร้างแบบจำลองประเภทนี้ค่อนข้างยากและมีต้นทุนสูง เป็นเหตุผลให้แบบจำลองเชิงประจักษ์ได้รับความนิยมกว้างขวางมากขึ้น และแบบจำลองเชิงประจักษ์ในการจำลองความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ที่มีการนำไปใช้มากที่สุดได้แก่แบบจำลองการถดถอย แต่แบบจำลองการถดถอยมีข้อจำกัดในการเลือกรูปแบบระดับกำลังของแบบจำลอง (Function form) ที่เหมาะสม และมีความไวต่อข้อสมมติทางสถิติสูง ทำให้มีการใช้แบบจำลองทางเลือกอื่น ๆ เช่นแบบจำลอง ANN ซึ่งเป็นแบบจำลองที่สร้างความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้นและตัวแปรตามจากการเรียนรู้ข้อมูลซ้ำไปซ้ำมาหลาย ๆ รอบ แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมที่นิยมใช้ในการทำนายค่ามากที่สุด ได้แก่ แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Backpropagation neural network; BPN) อย่างไรก็ตามแบบจำลอง BPN นี้มีข้อจำกัดที่การเรียนรู้อาจทำได้ช้าเพราะต้องมีการส่งข้อมูลความคลาดเคลื่อนย้อนกลับไป และมีความไวต่อการเปลี่ยนแปลงพารามิเตอร์ของแบบจำลอง แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (Radial basis function neural network; RBFN) เป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่จะลดปัญหาในการสร้างแบบจำลอง BPN งานวิจัยนี้จึงศึกษาเปรียบเทียบการทำนายการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ *Vibrio paraheamolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็งระหว่างแบบจำลองการถดถอย และแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม 2 ประเภทที่กล่าวมาข้างต้น

วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาความเป็นไปได้ในการใช้แบบจำลองการถดถอยและแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบต่าง ๆ ในการทำนายการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus* ในอุตสาหกรรมกุ้งแช่เยือกแข็งจากช่วงการเก็บเกี่ยวจนถึงผลิตภัณฑ์กุ้งแช่เยือกแข็งที่สภาวะคงที่

2. เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลองการถดถอยและแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบต่าง ๆ ในการทำนายการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus* ในอุตสาหกรรมกุ้งแช่เยือกแข็งที่สภาวะคงที่

การตรวจเอกสาร

อุตสาหกรรมกุ้ง

การผลิตกุ้งสามารถแบ่งออกได้เป็นสองประเภทใหญ่ ๆ คือจับจากแหล่งธรรมชาติ และจากการเพาะเลี้ยง การผลิตกุ้งของประเทศไทยนั้นมาจากการเพาะเลี้ยงร้อยละ 60 และจับกุ้งจากธรรมชาติร้อยละ 40 ซึ่งแตกต่างจากประเทศที่เป็นคู่แข่งในการผลิตกุ้งส่วนใหญ่ เช่น จีน อินเดีย อินโดนีเซีย ซึ่งจะมีการจับกุ้งจากธรรมชาติมาผลิตเพื่อส่งออกมากกว่าการจับกุ้งจากการเพาะเลี้ยง แหล่งเพาะเลี้ยงที่สำคัญในประเทศไทยนั้นมักอยู่บริเวณชายฝั่งทะเลภาคใต้เป็นหลัก รองลงมาจะอยู่ในภาคตะวันออก และภาคกลาง กุ้งที่มีการเพาะเลี้ยงและเป็นสินค้าออกของประเทศไทยได้นั้น มี 2 ชนิด คือกุ้งกุลาดำ (Giant tiger shrimp) และกุ้งขาวแวนาไม (White shrimp) ผลผลิตกุ้งขาวแวนาไมเพิ่มปริมาณสูงขึ้นมากในปีพ.ศ. 2547 เนื่องจากผลิตได้ง่าย ทนทานต่อโรค มีต้นทุนการผลิตต่ำ และราคากุ้งขนาดเล็กดีกว่า จากสถิติของสำนักงานเศรษฐกิจการเกษตรในปีพ.ศ. 2550 พบว่าสัดส่วนของการเพาะเลี้ยงกุ้งขาวต่อกุ้งกุลาดำ เป็น 99 ต่อ 1 ส่วนในภาคผู้ประกอบการแปรรูปและส่งออกของประเทศไทย พบว่ามีการใช้วัตถุดิบกุ้งจากการจับจากแหล่งน้ำตามธรรมชาติและการเพาะเลี้ยง นอกจากนี้ยังมีการใช้กุ้งที่การนำเข้าจากต่างประเทศอีกด้วย โดยมีสัดส่วนการใช้กุ้งจากในประเทศร้อยละ 86.4 และนำเข้าจากต่างประเทศร้อยละ 9.6

กุ้งขาวแวนาไม (*Litopenaeus vannamei*)

1. ลักษณะทั่วไปของกุ้งขาวแวนาไม

ลักษณะทั่วไปของกุ้งขาวลิโทพีเนียส แวนาไม ลำตัวมี 8 ปล้องและมีสีขาว เปลือกหัวสีขาวอมชมพูถึงแดง ขาเดินมีสีขาวเป็นลักษณะที่โดดเด่น เปลือกบาง ขนาดตัวที่โตสมบูรณ์เต็มที่ของกุ้งสายพันธุ์นี้จะมีขนาดที่เล็กกว่ากุ้งกุลาดำ หากินทุกระดับความลึกของน้ำ ชอบว่ายล่องน้ำแก่ง ลอกคราบเร็วทุก ๆ สัปดาห์

กุ้งขาวลิโทพีเนียส แวนาไม เป็นสายพันธุ์กุ้งทะเลที่มีการเพาะเลี้ยงกันอย่างแพร่หลายในหลายประเทศ ได้แก่ประเทศ จีน ประเทศไทย อินโดนีเซีย เวเนซูเอล่า ฟิลิปปินส์ อินเดีย สหรัฐอเมริกา เม็กซิโก กัวเตมาลา นิคารากัว คอสตาริกา ปานามา โคลัมเบีย เอควาดอร์ เปรู เป็นต้น กุ้งสายพันธุ์นี้เป็นสัตว์ที่มีความแข็งแรงและทนทานจึงมีการขยายพันธุ์ตามธรรมชาติได้กว้างไกลในแถบแนวชายฝั่งตะวันออกของมหาสมุทรแปซิฟิก ตั้งแต่เม็กซิโกถึงเปรู เนื่องจากภูมิภาคในแถบนี้ที่ระดับความลึกจากเส้นแนวชายฝั่งลงไปประมาณ 72 เมตรหรือ 235 ฟุต มีพื้นท้องทะเลเป็นเหมือนโคลนที่เหมาะสมแก่การเจริญและเป็นแหล่งอาหารที่อุดมสมบูรณ์ (กมลศิริ, 2550)

กุ้งขาวแวนาไมเป็นกุ้งที่เลี้ยงได้ทั้งระบบธรรมชาติ และระบบกึ่งหนาแน่น ลักษณะพิเศษของกุ้งสายพันธุ์นี้คือสามารถสร้างความคุ้นเคยหรือปรับลักษณะนิสัยภายใต้ระบบการเพาะเลี้ยงได้ เช่น สามารถทำการเพาะเลี้ยงได้ทั้งในน้ำที่มีระดับความเค็มที่ 5 – 35 ส่วนในพันส่วน และระดับความเค็มต่ำ 0 – 5 ส่วนในพันส่วน แต่ระดับความเค็มที่สามารถเจริญได้ดีคือ 10 – 22 ส่วนในพันส่วน ส่วนอุณหภูมิที่สามารถเจริญเติบได้ดีคือ 26 – 29 องศาเซลเซียส แต่สามารถทำการเพาะเลี้ยงได้ที่อุณหภูมิ 25 - 35 องศาเซลเซียส ระดับออกซิเจนที่ละลายในน้ำควรมีค่า 4 - 9 มิลลิกรัมต่อลิตร และสำหรับค่าความเป็นกรดและด่างควรอยู่ระหว่าง 7.2 - 8.6 ซึ่งสามารถทำการเพาะเลี้ยงได้ทั้งในบริเวณพื้นที่ชายฝั่ง หรือบริเวณพื้นที่ที่มีความเค็มต่ำ กุ้งชนิดนี้ชอบน้ำกระด้างที่มีความกระด้างรวม 120 มิลลิกรัมต่อลิตร มีค่าอัลคาไลน์ในช่วง 80 - 150 มิลลิกรัมต่อลิตร มีนิสัยที่ไวต่อการเปลี่ยนแปลงสภาวะของน้ำในบ่อเพาะเลี้ยง ตื่นตกใจง่าย (กมลศิริ, 2550)

2. ข้อดีของกุ้งขาวแวนาไมมีข้อดีที่ทำให้ได้รับความนิยมเหนือกว่ากุ้งกุลาดำ

1. ทนต่อความเค็มได้ในช่วงกว้างตั้งแต่ 0.5 พีพีที ถึง 45 พีพีที โดยจะมีการเจริญได้ดีในช่วง 10-30 ส่วนในพันส่วน

2. เจริญได้ดีในช่วงอุณหภูมิกว้างคือ 24 - 32 องศาเซลเซียส แต่จะเจริญได้ดีที่สุดในช่วง 28-30 องศาเซลเซียส

3. ทนต่อสภาพออกซิเจนต่ำได้ดี พบว่าแม้ออกซิเจนต่ำถึง 0.8 ส่วนในล้านส่วน เป็นเวลาหลายชั่วโมง ก็ยังไม่ตายแต่การเจริญจะดี ถ้าออกซิเจนมีค่าตั้งแต่ 4 ส่วนในล้านส่วน ขึ้นไป

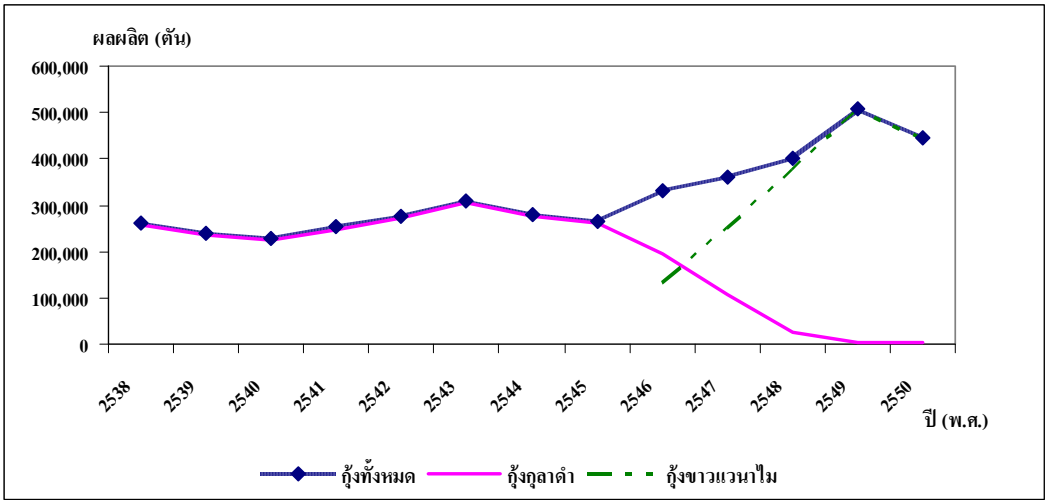
4. ความเป็นกรด-ด่างที่เหมาะสมคือ 7.0 - 8.5 ถ้าแม้ว่าบางครั้งความเป็นกรด-ด่างขึ้นสูง 10 ก็ยังไม่ตาย

5. ใช้อาหารโปรตีนต่ำ ทำให้ต้นทุนการผลิตถูกลง และยังสามารถใช้อาหารธรรมชาติจากบ่อได้อย่างมีประสิทธิภาพ อัตราแลกเนื้อต่ำ โดยทั่วไปถ้าให้อาหารถูกต้องจะต่ำกว่า 1.5

6. ให้เปอร์เซ็นต์เนื้อสูงถึง 66 - 68% (กุ้งกุลาดำให้เพียง 62%)ตลาดมีความต้องการสูงและมีตลาดทั่วโลก โดยเฉพาะตลาดสหภาพยุโรป และสหรัฐอเมริกา

3. สถานการณ์การผลิต

ปัจจุบันกุ้งที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจและได้รับความสนใจในตลาดโลก คือ กุ้งกุลาดำและกุ้งขาวแวนาไมซึ่งมีแนวโน้มการผลิตดังแสดงในภาพที่ 1โดยในปีพ.ศ. 2550 มีผลผลิตกุ้งเพาะเลี้ยงทั้งหมด 444,751 ตัน ซึ่งแยกเป็นกุ้งขาวแวนาไม 441,451 ตันและกุ้งกุลาดำ 3,300 ตัน



ภาพที่ 1 ปริมาณผลผลิตกุ้งเพาะเลี้ยงในช่วงปี พ.ศ. 2538-2550
ที่มา: กรมประมง (2551)

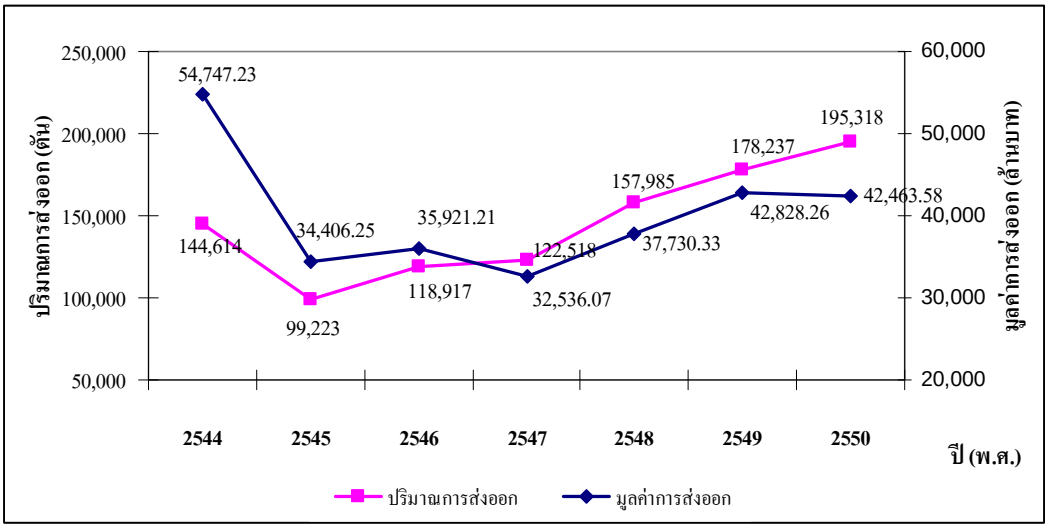
จากข้อมูลผลผลิตกุ้งเพาะเลี้ยง จะเห็นได้ว่าผลผลิตกุ้งขาวแวนาไมเพิ่มขึ้นตั้งแต่ปี พ.ศ.2548 เนื่องจากกุ้งขาวแวนาไมสามารถผลิตได้ง่ายกว่า อีกทั้งกุ้งกุลาดำขนาดเล็กไม่สามารถแข่งขันราคากับกุ้งขาวแวนาไมได้ นอกจากนี้เมื่อพิจารณาต้นทุนการผลิตของกุ้งขาวแวนาไมพบว่ามีต้นทุนการผลิตต่ำกว่ากุ้งกุลาดำ เนื่องจากกุ้งขาวแวนาไมสามารถผลิตได้ปริมาณผลผลิตสูงกว่ากุ้งกุลาดำ และค่าใช้จ่ายในการบริหารจัดการต่ำกว่า ในปี พ.ศ. 2549 จะเห็นได้ว่าปริมาณผลผลิตกุ้งกุลาดำจะต่ำมากอย่างชัดเจนเนื่องจากเกษตรกรหันไปเพาะเลี้ยงกุ้งขาวแวนาไมกันเกือบทั้งหมด ในปี พ.ศ.2550 ปริมาณผลผลิตกุ้งทั้งหมดลดลงร้อยละ 12.3 เมื่อเทียบกับปี พ.ศ. 2549 เนื่องจากปัญหาราคากุ้งตกต่ำ ทำให้การผลิตชะลอตัว อีกทั้งภาคใต้มีฝนตกมาตั้งแต่ต้นปี ทำให้การลงกุ้งล่าช้ากว่าปกติ และสภาพอากาศของประเทศโดยรวมไม่เอื้ออำนวย ทำให้กุ้งที่ผลิตได้มีขนาดเล็กลง

แหล่งเพาะเลี้ยงกุ้งขาวแวนาไมมีแหล่งเพาะเลี้ยงที่สำคัญ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี ฉะเชิงเทรา พังงา และจันทบุรี เดือนที่มีปริมาณผลผลิตออกสู่ตลาดสูงสุดอยู่ในช่วงเดือนพฤษภาคมถึงพฤศจิกายน จากการศึกษาพบว่าในปี พ.ศ. 2550 กุ้งร้อยละ 90 จะเข้าสู่อุตสาหกรรมแปรรูปเพื่อทำการส่งออก ที่เหลือร้อยละ 10 นำมาบริโภคภายในประเทศ

4. สถานการณ์การส่งออก

กุ้งเป็นสินค้าส่งออกที่สำคัญของประเทศ เนื่องจากมีมูลค่าการส่งออกสูง โดยในปี พ.ศ. 2550 กุ้งสดแช่เย็นแช่แข็งมีมูลค่าการส่งออกมากที่สุด 42,463.58 ล้านบาท รองลงมาได้แก่ กุ้งอื่นๆ แช่เย็นแช่แข็ง มีมูลค่าการส่งออก 37,558.97 ล้านบาท กุ้งแปรรูป มีมูลค่าการส่งออก 31,634.50 ล้านบาท (กระทรวงพาณิชย์, 2551) ตลาดส่งออกกุ้งสดแช่เย็นแช่แข็งที่สำคัญ ได้แก่ ประเทศสหรัฐอเมริกา โดยในปี พ.ศ. 2550 นำเข้ากุ้งจากประเทศไทยมากที่สุดถึงร้อยละ 33.81 แต่เมื่อเปรียบเทียบระหว่างปี พ.ศ. 2550 กับปี พ.ศ. 2549 พบว่า สหรัฐอเมริกานำเข้ากุ้งจากไทยลดลงร้อยละ 2.81 ประเทศญี่ปุ่นเป็นอีกตลาดส่งออกที่มีความสำคัญ เนื่องจากในปี พ.ศ. 2550 มีการนำเข้ากุ้งจากไทยร้อยละ 12.73 ซึ่งไทยมีส่วนแบ่งการตลาดเป็นอันดับ 4 รองจาก เวียดนาม อินโดนีเซีย และอินเดียตามลำดับ แต่เมื่อเปรียบเทียบกับปี พ.ศ. 2549 พบว่าญี่ปุ่นนำเข้ากุ้งจากไทยเพิ่มขึ้นร้อยละ 31.26 เนื่องมาจากการลงนามในข้อตกลงหุ้นส่วนเศรษฐกิจระหว่างไทย – ญี่ปุ่น (JTEPA) ทำให้ลดอัตราภาษีนำเข้ากุ้งสดแช่เย็นแช่แข็งและกุ้งแปรรูป สำหรับตลาดยุโรปนั้น ในปี พ.ศ. 2550 ประเทศไทยมีปริมาณและมูลค่าการส่งออกเพิ่มขึ้นเมื่อเทียบกับปี พ.ศ. 2549 ร้อยละ 108 และ 93 ตามลำดับ ซึ่งเป็นผลมาจากไทยได้รับคืนสิทธิพิเศษทางภาษี (Generalized System of Preferences; GSP) จากกลุ่มสหภาพยุโรป จึงทำให้เพิ่มความสามารถในการแข่งขันทางด้านราคากับประเทศคู่แข่งได้มาก

ขึ้น (กรมประมง, 2551) ปริมาณและมูลค่าการส่งออกกุ้งสดแช่เย็นแช่เยือกแข็งตั้งแต่ปีพ.ศ. 2544 จนถึงปัจจุบันแสดงดังภาพที่ 2



ภาพที่ 2 ปริมาณและมูลค่าการส่งออกกุ้งสดแช่เย็นแช่แข็งปี พ.ศ. 2544-2550
ที่มา: กระทรวงพาณิชย์ (2551)

เชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus*

1. ลักษณะทั่วไป

เชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* เป็นแบคทีเรียแกรมลบ รูปแท่ง ก่อโรคอาหารเป็นพิษหรือกระเพาะและลำไส้อักเสบ เจริญได้ในช่วงอุณหภูมิ 9.5 - 45 °ซ ในช่วงความเป็นกรด-ด่าง 5 - 11 และสามารถเจริญในอาหารเลี้ยงเชื้อที่มีเกลือ 0.5 - 8% (ศรีวรรณา, 2550)

2. การก่อโรค

Vibrio parahaemolyticus พบระบาดครั้งแรกในประเทศญี่ปุ่น (ค.ศ. 1950 หรือ พ.ศ. 2493) Fujino และคณะ แยกเชื้อจากอุจจาระผู้ป่วยที่เมืองโอซากา สาเหตุอาหารเป็นพิษจากการรับประทาน “ชิราสุ (Shirasu)” เดิมเรียกเชื้อนี้ว่า *Pasteurella parahaemolyticus* มีรายงานว่าในประเทศญี่ปุ่น จีน ไต้หวัน อินเดีย และหลาย ๆ ประเทศทางเอเชียรวมทั้งอเมริกานั้นมากกว่า 50% ของอาหารเป็นพิษมีสาเหตุจากเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* สำหรับประเทศไทยเชื้อนี้เป็นสาเหตุ

อันดับ 1 ที่ทำให้เกิดโรคอาหารเป็นพิษเช่นกันคิดเป็นร้อยละ 56, 56, 58, 60, 61 และ 78 ของผู้ป่วยโรคอาหารเป็นพิษทั้งหมดในปี พ.ศ. 2540 - 2545 ตามลำดับ ส่วนที่ Calcutta ประเทศอินเดียในปี พ.ศ. 2539 เกิดการระบาดใหญ่ (Pandemic) ของสายพันธุ์ (Serotype) O3:K6 และเกิดการระบาดอย่างต่อเนื่องในหลาย ๆ ประเทศทางทวีปเอเชียเช่น ญี่ปุ่น จีน ไต้หวัน รวมทั้งประเทศอเมริกา จัดได้ว่า O3:K6 นี้เป็น Pandemic strain และเป็นสายพันธุ์ที่มาจากต้นตอเดียวกัน (Same clone) แต่เป็น new clone เมื่อเปรียบเทียบกับ O3:K6 ที่พบก่อนปี พ.ศ.2539 และก่อโรคประปราย (ศรีวรรณา, 2550)

เนื่องจาก *Vibrio parahaemolyticus* มีแหล่งธรรมชาติในทะเล ดังนั้นเป็นการง่ายที่จะพบการปนเปื้อนในอาหารทะเล เช่น หอย กุ้ง ปู ปลาเป็นต้น ดังนั้นผู้ที่นิยมรับประทานอาหารทะเลดิบหรือปรุงไม่สุกจึงมีโอกาสติดเชื้อมาก โดยหลังจากได้รับอาหารปนเปื้อนแล้ว จะมีระยะฟักตัวโดยปกติอยู่ในช่วง 12-24 ชั่วโมง แต่อาจพบได้ตั้งแต่ 4 ถึง 96 ชั่วโมง การติดต่อของโรคไม่ติดต่อจากบุคคลหนึ่งไปยังบุคคลหนึ่ง แต่คนส่วนใหญ่มีความไวต่อการรับเชื้อ (ศรีวรรณา, 2550)

3. อาการของโรคและกลุ่มเสี่ยง

การก่อโรค *Vibrio parahaemolyticus* จะเป็นอาการที่เกี่ยวกับระบบทางเดินอาหาร กระเพาะและลำไส้อักเสบ และมีความรุนแรงของโรคในระดับปานกลาง ผู้ป่วยโดยมากสามารถหายป่วยได้เองในระยะเวลาอันสั้น มีเพียงบางรายที่มีอาการติดเชื้อเข้าสู่กระแสเลือด (Septicemia) และอาจทำให้เสียชีวิตได้ โดยทั่วไป อาการของโรคที่เกิดจากเชื้อก่อโรค *Vibrio parahaemolyticus* นั้นจะมีอาการ ท้องร่วง อาเจียน ตะคริวเนื่องจากขาดน้ำ สูญเสียเกลือแร่ มีไข้ ปวดศีรษะ บางครั้งอาจพบมีอาการอุจจาระร่วงคล้ายอาการของโรคที่เกิดจากเชื้อบิด คือ มีมูกปนเลือดในอุจจาระ มีไข้สูง และ ตรวจพบเซลล์เม็ดเลือดขาวได้เป็นจำนวนมาก โดยทั่วไป มักไม่พบมีการติดเชื้อไปที่ระบบอื่นหรือมีผู้ป่วยเสียชีวิต การวินิจฉัยโรคสามารถตรวจยืนยันได้โดยการแยกเชื้อจากอุจจาระของผู้ป่วย แต่ในกรณีที่มีการติดเชื้อ (Septicemia) จะมีอาการไข้สูงและความดันโลหิตสูง กรณีนี้จะสามารถแยกเชื้อได้จากอุจาระและเลือด ข้อต่อและต่อมน้ำเหลืองบวมและมีอาการปวดตามร่างกาย ผู้ป่วยที่มีอาการติดเชื้อต้องได้รับการดูแลเป็นอย่างดีมิฉะนั้นอาจเสียชีวิตได้ (ศรีวรรณา, 2550) ตารางที่ 1 สรุปอาการและความถี่ที่มักพบได้ในผู้ป่วยจากโรคที่เกิดจากเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus*

ตารางที่ 1 ลักษณะอาการของโรคอาหารเป็นพิษที่เกิดจาก *Vibrio parahaemolyticus*

อาการ	ความถี่ของการเกิดอาการ	
	ค่าเฉลี่ย	ช่วง
ท้องร่วง	98%	80 - 100%
ปวดท้อง	82%	68 - 100%
คลื่นไส้	71%	40 - 100%
อาเจียน	52%	17 - 79%
ปวดหัว	42%	13 - 56%
มีไข้	27%	21 - 33%
รู้สึกหนาวสั่น	24%	4 - 56%

ที่มา: FDA/CFSAN (2005)

การแพร่เชื้อ มักเกิดจากการรับประทานอาหารทะเลดิบ การปรุงถูกสุขลักษณะหรือปรุงไม่สุกพอ หรือการปนเปื้อนข้ามจากการประกอบอาหารชนิดอื่น (Cross-contamination) หรือจากการสัมผัสน้ำทะเลที่มีเชื้อปนเปื้อน เชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* นี้สามารถเจริญและแพร่พันธุ์ได้อย่างรวดเร็วที่อุณหภูมิห้อง เพราะฉะนั้นกลุ่มเสี่ยงต่อโรคนี้ จะเป็นกลุ่มที่ชอบรับประทานอาหารทะเลที่ปรุงไม่สุกหรือชอบรับประทานดิบ เช่น ปลาดิบหรือซูชิ ปลาร้าดิบ หอยนางรมสด และหอยลวก เป็นต้น

4. การป้องกัน

รับประทานอาหารทะเลที่ทำให้สุกใหม่ ๆ แยกอาหารสุกและดิบออกจากกัน ไม่วางปะปนกัน รวมทั้งแยกอุปกรณ์ในการประกอบอาหารหรือทำความสะอาดอุปกรณ์สำหรับอาหารทะเลก่อนนำไปใช้กับอาหารชนิดอื่น

5. ความทนทานของเชื้อ (ศรีวรรณา, 2550)

5.1 ถูกทำลายที่อุณหภูมิ 60 °ซ ในเวลา 15 นาที

5.2 ถูกทำลายโดยกรด มีผู้ศึกษาพบว่าเชื้อนี้ถูกทำลายด้วยกรดมะนาว (Citric acid) pH 4.4 ในเวลาเพียง 30 นาที

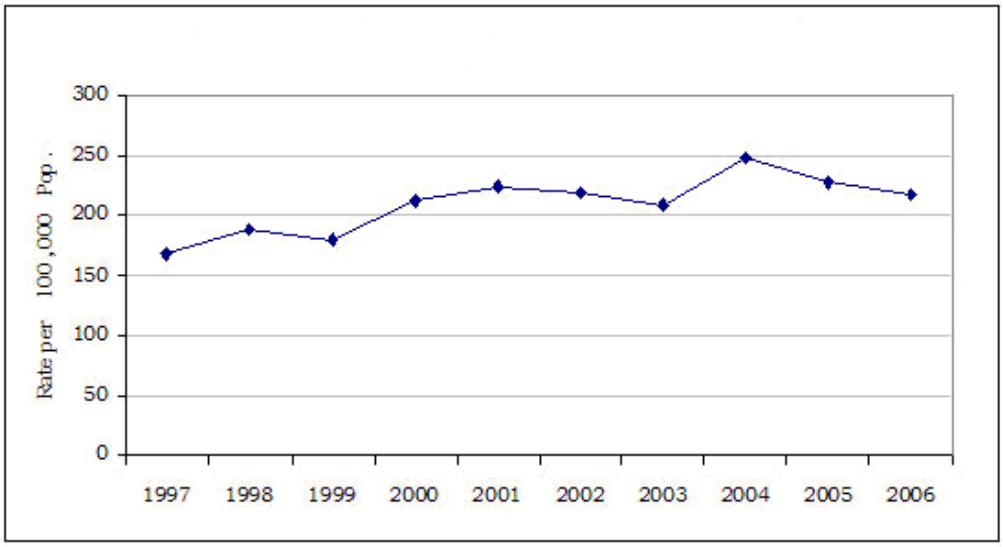
5.3 ในฤดูหนาวเชื้อสามารถอาศัยในตะกอนใต้พื้นน้ำ

5.4 สามารถมีชีวิตอยู่ในอาหารหรือน้ำที่มี NaCl ตั้งแต่ 1-8% ถ้ามากกว่า 10% เชื้อจะตาย สามารถอยู่ได้ที่อุณหภูมิต่ำ เช่นในเนื้อปู (1-15 °ซ) นาน 30 วัน กุ้งปอกเปลือก (3 - 18 °ซ) นาน 6 วัน และหอยนางรมแช่แข็งนาน 40 - 130 วัน

รายงานการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษที่เกิดจากเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus*

1. การระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศไทย

ฝ่ายพัฒนาระบบข้อมูลเฝ้าระวังโรค กองระบาดวิทยา สำนักงานปลัดกระทรวงสาธารณสุข ได้รับรายงานจากสำนักงานสาธารณสุขจังหวัดทั่วประเทศ ในช่วง 10 ปีที่ผ่านมา ระหว่าง พ.ศ. 2540-2550 ว่าแนวโน้มของการป่วยด้วยโรคอาหารเป็นพิษนั้นมีอัตราเพิ่มขึ้นจาก 169 รายต่อประชากรหนึ่งแสนคนในปีพ.ศ. 2540 เป็น 217 และ 184 รายต่อประชากรหนึ่งแสนคนในปีพ.ศ. 2549 และพ.ศ. 2550 ตามลำดับดังแสดงในภาพที่ 3



ภาพที่ 3 อัตราการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษต่อจำนวนประชากร 100,000 คนในประเทศไทย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2541-2550

ที่มา: ศรีวรรณา (2550)

ตารางที่ 2 แสดงผลการตรวจชนิดเชื้อก่อโรค จากการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาในปี พ.ศ. 2550 พบผู้ป่วยจากเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* จำนวน 1,655 ราย จากเชื้อ *Salmonella spp.* 256 ราย จากเชื้อ *Staphylococcus* 139 ราย จากเชื้อ *Clostridium perfringens* 33 ราย จากเชื้อ *Clostridium botulinum* 7 ราย และไม่ได้ระบุชนิดของเชื้อก่อโรค 113,414 ราย จากรายที่ทราบสาเหตุของการก่อโรคนั้น จะเห็นได้ว่าเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* เป็นสาเหตุหลักที่ทำให้เกิดโรคอาหารเป็นพิษที่สำคัญในประเทศไทย

ตารางที่ 2 จำนวนผู้ป่วยด้วยโรคอาหารเป็นพิษ จำแนกตามชนิดของเชื้อก่อโรคในประเทศไทย ระหว่างปี พ.ศ. 2539-2550

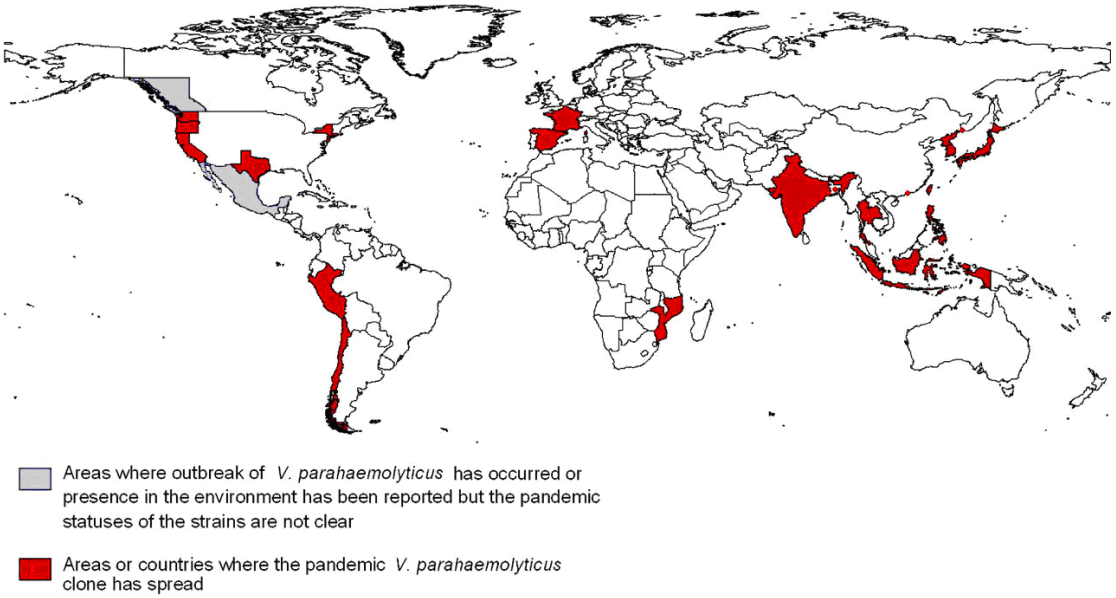
ปี พ.ศ.	จำนวน (คน)	VP*	*Salmonella* spp.	*Stap***	*C. botulinum*	*C. perfringens*	Unknown Organism
2550	115,504	1,655	256	139	7	33	113,414
2549	135,563	1,471	302	76	148	10	133,556
2548	140,949	533	219	61	0	13	140,123
2547	154,678	613	321	40	27	16	153,661
2546	131,561	424	350	28	30	11	130,718
2545	136,891	125	13	6	0	17	136,730
2544	138,795	624	323	73	17	15	137,743
2543	130,777	381	125	155	3	3	130,110
2542	110,291	187	48	87	1	1	109,967
2541	115,142	2,879	1,736	422	128	104	109,873
2540	102,454	2,741	1,532	572	46	113	97,450
2539	82,281	2,337	1,311	167	66	73	78,327

หมายเหตุ: *VP – *Vibrio parahaemolyticus* *Stap** - *Staphylococcus*
ที่มา: สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข (2551)

ในปีพ.ศ. 2549 สำนักระบาดวิทยาได้มีการระบุอาหารที่มีเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* ปนเปื้อนและทำให้เกิดการระบาด ได้แก่ กุ้งกระทะ ข้าวผัดปู หอยแมลงภู่ ปูนึ่ง กุ้งนึ่ง และหอยแครง ส่วนการติดเชื้อส่วนมากเกิดจากการรับประทานอาหารทะเลที่ปรุงไม่สุกดี หรือการรับประทานอาหารทะเลดิบ ๆ

2. การระบาดของเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* ในต่างประเทศ

นอกจากการระบาดในประเทศไทยแล้ว *Vibrio parahaemolyticus* ยังเป็นสาเหตุของการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษที่สำคัญอย่างหนึ่งในประเทศต่าง ๆ ทั่วโลก ภาพที่ 4 แสดงประเทศที่มีรายงานการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* (Nair *et al.*, 2007) ซึ่งจะสรุปแยกออกเป็นทวีปดังนี้



ภาพที่ 4 การระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศต่าง ๆ
ที่มา: Nair *et al.* (2007)

การระบาดในประเทศแถบทวีปเอเชียนั้นพบว่า *Vibrio parahaemolyticus* ได้ถูกระบุว่าเป็นสาเหตุของการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษครั้งแรกที่เมืองโอซาก้า ประเทศญี่ปุ่นในปี ค.ศ. 1951 ในครั้งนั้นพบผู้ป่วยจำนวน 272 รายและมีผู้เสียชีวิตจำนวน 20 ราย จากการรับประทานปลาซาดีนดิบ (Nishibushi and Kaper, 1995; Daniels *et al.*, 2000) หลังจากการพบการระบาดโดย *Vibrio parahaemolyticus* ครั้งนั้น เชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* ก็ได้ถูกระบุว่าเป็นสาเหตุของการเกิดโรคอาหารเป็นพิษในญี่ปุ่นถึง 20 - 30% ของการเกิดโรคอาหารเป็นพิษทั้งหมดในญี่ปุ่น ซึ่งสาเหตุส่วนมากนั้นมาจากการบริโภคอาหารทะเลที่ปรุงไม่สุก (Alam *et al.*, 2002) และในช่วงระหว่างปี ค.ศ. 1996-1998 ก็มีการระบาดของโรคอาหารเป็นพิษจากเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* ในญี่ปุ่นถึง

1,710 ครั้ง รวมจำนวนผู้ป่วยเป็นจำนวนทั้งหมด 24,373 ราย และภายหลังมีการระบุสายพันธุ์ก่อโรคว่าเป็น Serotype O3:K6 (IDSC, 1999) ซึ่งลักษณะการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* นี้ตรงกับการระบาดในหลาย ๆ ประเทศในแถบเอเชียเช่นกัน อันได้แก่ การระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ซึ่งเป็นสาเหตุการระบาดของโรคเกี่ยวกับทางเดินอาหาร 69% ในประเทศไต้หวันช่วงระหว่างปีค.ศ. 1981-2003 (Su and Liu, 2007) และเป็นสาเหตุการระบาด 31% ในประเทศจีนระหว่างปีค.ศ. 1991-2001 (Liu *et al.*, 2004)

สำหรับการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศแถบทวีปยุโรปนั้น เมื่อเปรียบเทียบกับการระบาดในประเทศแถบเอเชียแล้ว นับว่าน้อยกว่ามาก อาจเป็นเพราะไม่มีการรายงาน และเพราะอุณหภูมิเฉลี่ยโดยทั่วไปในแถบทวีปยุโรปจะต่ำกว่าอุณหภูมิในประเทศเอเชีย ซึ่งทำให้แบคทีเรียไม่สามารถเจริญเติบโตได้ อย่างไรก็ตามจากรายงาน “Opinion of the scientific committee on veterinary measures relating to public health on *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* in raw and undercooked seafood” (European Commission, 2001) ซึ่งแสดงไว้ในตารางที่ 3 ได้ระบุว่าการระบาดของโรคที่เกี่ยวกับทางเดินอาหารที่เกิดจาก *Vibrio parahaemolyticus* ในกลุ่มประเทศแถบทวีปยุโรปนั้น มีบางครั้งเกิดขึ้นจากการบริโภคอาหารทะเลที่นำเข้ามาจากประเทศในทวีปเอเชีย

ในประเทศสหรัฐอเมริกา *Vibrio parahaemolyticus* ถูกระบุว่าเป็นสาเหตุของการเกิดโรคที่เกี่ยวกับระบบทางเดินอาหารครั้งแรกในปีค.ศ. 1971 จากการบริโภคปูที่ปรุงไม่ถูกสุขลักษณะที่รัฐแมรี่แลนด์ (Molenda *et al.*, 1972) หลังจากการพบการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ครั้งนั้น ก็มีการพบการระบาดจากแบคทีเรียชนิดนี้อยู่เป็นประจำ ซึ่งสาเหตุสำคัญการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศสหรัฐอเมริกานั้นมาจากการบริโภคหอยนางรมดิบ Center of Disease Control (CDC) ได้ทำนายว่าจะมีผู้ป่วยจากโรคที่เกี่ยวกับทางเดินอาหารเป็นจำนวนประมาณ 2,800 รายต่อปีจากการบริโภคหอยนางรมดิบเพียงอย่างเดียวและประมาณ 62% ของผู้ป่วยจากการบริโภคหอยนางรมดิบนี้นี้ จะป่วยเป็นโรคทางเดินอาหารที่มีสาเหตุมาจาก *Vibrio parahaemolyticus* (FDA/CFSAN 2005) รายงานระบาดล่าสุดจาก Morbidity and Mortality Weekly ฉบับที่ 55 ประจำวันที่ 7 สิงหาคม ค.ศ. 2006 ของ CDC ได้แจ้งว่ามีการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* จากการบริโภคหอยนางรมดิบในสามรัฐอันได้แก่ รัฐนิวยอร์ก รัฐโอเรกอน และรัฐวอชิงตัน ซึ่งมีผู้ป่วยทั้งหมด 177 คน จากตัวอย่างเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* ที่สามารถแยกออกมาได้จากผู้ป่วยนั้นพบว่า 18 ตัวอย่างจาก 23 ตัวอย่างเป็น Serotype O4:K12 ซึ่งเป็นชนิดเดียวกันกับที่เคยมีการระบาดในแถบเอเชียเมื่อปีค.ศ. 1996

ตารางที่ 3 สรุปการระบาดของโรคที่เกี่ยวกับทางเดินอาหารของประเทศในทวีปยุโรป

ประเทศ	ช่วงปี (ค.ศ.)	จำนวนผู้ป่วย (คน)	อาการโรค	Reference
เดนมาร์ก	1987-1992	13	Wound infection	Hornstrup and Ganhrn-Handsen (1993).
		10	Ear infection	Hornstrup and Ganhrn-Handsen (1993).
		2	Gastroenteritis	Statens Serum Institut, Copenhagen
อังกฤษและเวลส์	1995-1999	115		PHLS, Colindale
ฝรั่งเศส	1995-1999	6	Gastroenteritis	Geneste *et al.* (2000)
	1995-1998	1	Septicemia	
	1997	44	Gastroenteritis[1]	Lemoine *et al.* (1999); CDSC (Communicable Disease Surveillance Centre, NI)
สเปน	1995-1998	19	Gastroenteritis	
สวีเดน	1992-1997	350	Gastroenteritis[2]	Lindquist *et al.* (2000)
นอร์เวย์	1999	4		Unpublished data

หมายเหตุ: [1]สาเหตุของการระบาดมาจากอาหารทะเลที่นำเข้ามาจากประเทศแถบเอเชีย

[2]สาเหตุของการระบาดมาจากการบริโภค crayfish ที่นำเข้าจากประเทศจีน

ที่มา: European Commission (2001)

สำหรับประเทศสหรัฐอเมริกานั้น ปัญหา *Vibrio parahaemolyticus* ปนเปื้อนในหอยนางรมดิบนับเป็นปัญหาระดับชาติอย่างหนึ่ง มีการจัดทำและตีพิมพ์การประเมินความเสี่ยงเชิงปริมาณเชื้อก่อโรค *Vibrio parahaemolyticus* ที่ปนเปื้อนหอยนางรมดิบและผลกระทบต่อสุขภาพประชาชนโดย FDA นอกจากนี้คณะกรรมการ The Council of State and Territorial Epidemiologists เสนอว่าทุกครั้งที่มีการระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศควรแจ้งศูนย์ระบาดชาติทันที (CDC, 2006)

เช่นเดียวกับกลุ่มประเทศในแถบยุโรป การระบาดของ *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศออสเตรเลียและนิวซีแลนด์ค่อนข้างน้อย จากรายงานการประมาณตัวเลขจำนวนผู้ป่วยจากโรคที่เกี่ยวกับทางเดินอาหารในประเทศออสเตรเลียปี ค.ศ. 2005 ประมาณได้ว่าจะมีผู้ป่วยที่มีสาเหตุจาก *Vibrio parahaemolyticus* ประมาณปีละ 1,080 คน ซึ่งส่วนใหญ่จะมาจากการบริโภคอาหารทะเลที่มีการปนเปื้อนเช่นเดียวกับการระบาดอื่น ๆ (Hall *et al.*, 2005) และสำหรับประเทศนิวซีแลนด์ ทาง New Zealand Food Safety Authority ได้มีการตีพิมพ์ Risk Profile: *Vibrio parahaemolyticus* in seafood และสรุปว่า การระบาดจากการบริโภคอาหารปนเปื้อน *Vibrio parahaemolyticus* ในประเทศนิวซีแลนด์นั้นอยู่ในระดับต่ำที่ประมาณ 1.6 ต่อประชากร 100,000 คน และอาหารที่ปนเปื้อนที่เป็นสาเหตุนั้นก็น่าจะมาจากอาหารทะเลที่ปนเปื้อนและถูกปรุงอย่างไม่ถูกสุขลักษณะหรือดิบ (Lake, 2003)

มาตรฐานผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำทางจุลชีววิทยา

เนื่องจากปัญหาด้านจุลชีววิทยาในผลิตภัณฑ์กุ้งแช่เยือกแข็งเป็นปัญหาระหว่างคู่ค้าซึ่งมักเป็นคู่ค้าระหว่างประเทศจึงได้มีมาตรฐานผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำทางจุลชีววิทยาเป็นมาตรฐานที่ทำขึ้นเพื่อเป็นเกณฑ์กำหนดการตรวจรับรองคุณภาพสินค้าสัตว์น้ำเพื่อให้ผลิตภัณฑ์ที่ได้มีมาตรฐานเป็นไปตามข้อกำหนด ซึ่งในแต่ละประเทศก็จะมีข้อกำหนดแตกต่างกันไป แสดงในตารางที่ 4 ซึ่งจะเห็นได้ว่าจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* มีความสำคัญในการส่งออกกุ้งแช่เยือกแข็งไปยังประเทศคู่ค้าหลักของประเทศไทย เช่น ญี่ปุ่น และสหรัฐอเมริกา โดยเฉพาะในญี่ปุ่นและจีนที่กำหนดให้ไม่ให้มี *Vibrio parahaemolyticus* ปนเปื้อนเลยในกุ้งสดแช่เยือกแข็ง ส่วนในบางประเทศก็กำหนดให้มีการปนเปื้อนน้อยกว่า 100 MPN/g ซึ่งเป็นการยากที่จะทำได้เนื่องจาก *Vibrio parahaemolyticus* เป็นจุลินทรีย์ที่พบอยู่ในแหล่งน้ำตามธรรมชาติ

ตารางที่ 4 มาตรฐานปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งแช่เยือกแข็งสำหรับประเทศคู่ค้าต่าง ๆ

ประเทศ	Fresh (cook before eat)	Fresh (raw eat)	Cooked (ready to eat)	Prepared (cook before eat)
Australia	-	-	n=5 ,c=2 m= 1000 ,M=10000	-
Canada	n=5 ,c=1 m= 1000 ,M=10000	n=5 ,c=1 m= 1000 ,M=10000	n=5 ,c=1 m= 1000 ,M=10000	n=5 ,c=1 m= 1000 ,M=10000
China	ND	-	ND	-
EU	-	-	n=5 ,c=0 m= <3	-
Japan	ND	-	-	-
New Zealand	-	n=5 ,c=2 m= 100 ,M=10000	n=5 ,c=2 m= 100 ,M=10000	-
USA	-	$<1x10^4$	$<1x10^4$	-
other	-	<100	<100	-

หมายเหตุ: ND = Not Detect

- = ไม่ได้ระบุ

n = จำนวนตัวอย่างที่สุ่มตรวจ

c = จำนวนมากที่สุดที่ยอมรับได้ว่าตรวจพบจุลินทรีย์ ระหว่าง m และ M

m = จำนวนจุลินทรีย์ที่มากที่สุดสำหรับผลิตภัณฑ์ที่มีคุณภาพดี

M = จำนวนจุลินทรีย์ที่มากที่สุดสำหรับผลิตถัณฑ์ที่มีคุณภาพยอมรับได้

ที่มา: กองตรวจสอบรับรองมาตรฐานคุณภาพสัตว์น้ำและผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำ, กรมประมง (2549)

แบบจำลองในการทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus*

ปัจจุบันความปลอดภัยของอาหารเป็นสิ่งสำคัญที่สุดต่อผู้บริโภคซึ่งถ้าอาหารไม่มีความปลอดภัยก็จะส่งผลเสียต่อผู้ผลิตซึ่งวัตถุประสงค์หลักของการผลิตอาหารคือต้องป้องกันการเจริญของเชื้อจุลินทรีย์และสารพิษที่เกิดจากเชื้อจุลินทรีย์โดยต้องมีการตรวจหาสภาวะที่และกระบวนการผลิตที่เหมาะสมที่เชื้อมีการเจริญได้ยาก

โดยทั่วไปการตรวจหาการปนเปื้อนของเชื้อในอาหารมีอยู่หลายวิธีได้แก่ Storage test, Microbial challenge test และ Predictive microbial ซึ่ง Storage test และ Microbial challenge test เป็นการทำการทดลองในห้องปฏิบัติการกับตัวอย่างอาหารที่เราศึกษาภายใต้สภาวะที่ควบคุมในขณะที่ Predictive microbial หรือการทำนายปริมาณจุลินทรีย์เป็นการประยุกต์ใช้แบบจำลองเชิงปริมาณเพื่ออธิบายการเจริญของเชื้อจุลินทรีย์หรือข้อมูลที่ได้จากการทดลองในการป้องกันการเจริญของเชื้อหรืออันตรายที่อาจจะเกิดขึ้น

แบบจำลองเชิงปริมาณที่ใช้งานในการทำนายปริมาณจุลินทรีย์แบ่งเป็น 2 ประเภทคือ แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Mathematical model) เป็นแบบจำลองที่ใช้ทฤษฎีมาอธิบายความสัมพันธ์ของตัวแปรต่าง ๆ เช่น Gompertz model, Modified Gompertz model, Baranyi model, McKellar model และ Buchanan medel และแบบจำลองเชิงประจักษ์ (Empirical model) ซึ่งเป็นแบบจำลองที่สร้างขึ้นจากการหารูปแบบความสัมพันธ์ของตัวแปรจากข้อมูลที่เก็บมา เช่น แบบจำลองการถดถอย และแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม (Artificial neural network; ANN) การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่เหมาะสมนั้นต้องอาศัยความรู้และทฤษฎีด้าน จุลชีววิทยา ชีวเคมี และเคมีกายภาพของกระบวนการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์อย่างลึกซึ้ง ดังนั้นแบบจำลองเชิงประจักษ์ จึงได้รับความนิยมกว้างขวางมากขึ้น และแบบจำลองเชิงประจักษ์ในการจำลองความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ที่มีการนำไปใช้มากที่สุดได้แก่แบบจำลองการถดถอย เช่น งานวิจัยของ Garcia *et al.* (2005) ถึงแม้ว่าการสร้างและการใช้งานแบบจำลองการถดถอยจะทำได้ง่ายแต่มีข้อจำกัดในการเลือกรูปแบบระดับกำลังของแบบจำลอง (Function form) ที่เหมาะสม และมีความไวต่อข้อสมมติทางสถิติสูง ในขณะที่แบบจำลอง ANN นั้นเป็นแบบจำลองที่สร้างความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้นและตัวแปรตามจากการเรียนรู้ข้อมูลซ้ำไปซ้ำมาหลาย ๆ รอบ แบบจำลอง ANN ได้รับความนิยมใช้ในการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ในช่วงไม่นานมานี้ แต่ก็ได้รับความนิยมมากขึ้นเรื่อย ๆ เช่น ในการทำนายการเจริญของ *Leuconostoc mesenteroides* (Garcia *et al.*, 2005) และ *Listeria monocytogenes* (Cheroutre-Vialette, and Lebert, 2002)

แบบจำลองการถดถอย (Regression model)

การวิเคราะห์การถดถอยเป็นเทคนิควิเคราะห์ทางสถิติที่ใช้ในการศึกษาวิเคราะห์และจำลองรูปแบบความสัมพันธ์เชิงคณิตศาสตร์ระหว่างตัวแปรสองกลุ่ม ตัวแปรกลุ่มหนึ่งเรียกว่า ตัวแปรตาม (Dependent variable) หรือตัวแปรผลลัพธ์มีจำนวนหนึ่งตัวแปร เป็นตัวแปรที่สนใจที่จะศึกษาลักษณะการเปลี่ยนแปลง โดยศึกษาวิเคราะห์รูปแบบความสัมพันธ์กับตัวแปรอีกกลุ่มหนึ่ง ซึ่งเรียกว่าตัวแปรต้นหรือตัวแปรอิสระ (Independent variable) ตัวแปรกลุ่มนี้อาจมีมากกว่าหนึ่งตัวแปร และรูปแบบความสัมพันธ์เชิงคณิตศาสตร์หรือเชิงสถิติที่ได้ เรียกว่า แบบจำลองการถดถอย หรือ สมการถดถอย (กัลยา, 2546 ; ทรงศิริ, 2548) แบบจำลองประเภทนี้ มีข้อสมมติหรือเงื่อนไขทางสถิติที่ค่าความคลาดเคลื่อนสุ่มของแบบจำลองต้องมีการแจกแจงแบบปกติ มีค่าเฉลี่ยเป็นศูนย์และมีความแปรปรวนคงที่ และตัวแปรอิสระต้องไม่มีสหสัมพันธ์ร่วม (Multicollinearity) อย่างมีนัยสำคัญ

การสร้างแบบจำลองการถดถอยนั้นต้องมีแนวความคิดอยู่ก่อนว่าความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้นและตัวแปรตามนั้นอยู่ในรูปแบบใด (Functional form) และรูปแบบนี้จะเป็นตัวบอกถึงประสิทธิภาพของแบบจำลองการถดถอย แบบจำลองการถดถอยที่ใช้ในการทำนายค่านั้นจำแนกได้เป็น 2 ประเภทใหญ่ๆ คือแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นตรง (Linear regression) และแบบไม่เชิงเส้นตรง (Nonlinear regression) ในงานวิจัยครั้งนี้พิจารณาเฉพาะแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นตรงดังต่อไปนี้

1. แบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นตรงแบบพหุ (Multiple linear regression model)

แบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นตรงที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรตาม Y และตัวแปรอิสระจำนวน k ตัวแปร (X_1, X_2, X_3, …, X_k) ได้แก่ แบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นตรงแบบพหุมีรูปแบบทั่วไปดังนี้

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2} + ... + \beta_k X_{ik} + \varepsilon_i \qquad i = 1, 2, \ldots, n \qquad (1)$$

โดยที่ n คือ จำนวนค่าสังเกตทั้งหมด

Y_i คือ ค่าของตัวแปรตามของค่าสังเกตที่ i

$\beta_0, \beta_1, \beta_2, \ldots, \beta_j$ คือ ค่าสัมประสิทธิ์การถดถอย (j = 1, 2, …, k)

X_{ij} คือ ค่าของตัวแปรอิสระ k ตัว ของค่าสังเกตที่ i

ε_i คือ ความคลาดเคลื่อนสุ่ม (Random error) ของค่าสังเกตที่ i ในแบบจำลอง โดยที่ ε_i มีการแจกแจงแบบปกติ เป็นอิสระต่อกัน และมีความแปรปรวนคงที่

2. แบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียล (Polynomial regression model)

แบบจำลองการถดถอยแบบโพลิโนเมียลเป็นรูปแบบการถดถอยที่มีตัวแปรอิสระ k ตัวที่มีระดับกำลังสูงกว่าหนึ่ง (Higher order) ที่มีความสัมพันธ์กับตัวแปรตาม Y จะได้สมการการถดถอย ซึ่งแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง X และ Y ดังนี้

$$Y_i = \sum_{j=1}^{l} \sum_{k=1}^{p} \beta_k Z_k(X_{ij}) + \varepsilon_i \qquad (3)$$

โดยที่ Y_i คือค่าตัวแปรตามของค่าสังเกตที่ i

X_{ij} คือค่าของตัวแปรต้นที่ j ของค่าสังเกตที่ i (j = 1, 2, …, k)

$Z_k(X_{ij})$ คือรูปแบบของสมการที่เป็นฟังก์ชันของ X_{ij} อยู่ในรูปยกกำลังหนึ่งกำลังสอง หรือสูงกว่า หรือปฏิสัมพันธ์ (Interaction) ของ X_{ij}

β_k คือค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงส่วน

ε_i คือ ความคลาดเคลื่อนสุ่มของค่าสังเกตที่ i ในแบบจำลอง โดยที่ ε_i มีการแจกแจงแบบปกติ เป็นอิสระต่อกัน และมีความแปรปรวนคงที่

3. ขั้นตอนการสร้างแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้น

3.1 กำหนดรูปแบบความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรตามและตัวแปรอิสระ

การกำหนดรูปแบบความสัมพันธ์อาจใช้ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง เช่น ทฤษฎีเศรษฐศาสตร์มีการกำหนดรูปแบบความสัมพันธ์ที่เรียกว่าแบบจำลองเศรษฐศาสตร์ในกรณีที่ไม่สามารถหาทฤษฎีมาประยุกต์ได้ นักพยากรณ์จะพิจารณารูปแบบความสัมพันธ์โดยนำข้อมูลที่มีอยู่ของตัวแปรตามและของตัวแปรอิสระ มาสร้างกราฟระหว่างตัวแปรตามกับตัวแปรอิสระทีละตัว เพื่อพิจารณากำหนดรูปแบบความสัมพันธ์เป็นคู่ระหว่างตัวแปรตามและตัวแปรอิสระว่าควรอยู่ในระดับกำลังหนึ่ง (First order) หรือในรูประดับกำลังสองหรือสูงกว่านั้น (Second or higher order) รวมถึงการมีปฏิสัมพันธ์ (Interaction) ระหว่างตัวแปรต้นต่าง ๆ ซึ่งวิธีการหนึ่งที่จะช่วยกำหนดรูปแบบที่เหมาะสมคือ การใช้การวิเคราะห์การถดถอยแบบขั้นบันได (Stepwise regression)

3.2 การประมาณค่าพารามิเตอร์ของแบบจำลองถดถอย

เมื่อกำหนดรูปแบบของแบบจำลองทดลองได้แล้ว ซึ่งอาจจะมีมากกว่าหนึ่งแบบจำลอง ขั้นตอนต่อไปก็คือ การประมาณค่าพารามิเตอร์ในแบบจำลอง วิธีที่ใช้กันทั่วไปคือ วิธีกำลังสองน้อยที่สุด (Least square method)

3.3 การวินิจฉัยความเพียงพอและน่าเชื่อถือของแบบจำลองการถดถอย

ตรวจสอบความน่าเชื่อถือของแบบจำลองด้วยการวิเคราะห์ความคลาดเคลื่อน (Residual analysis) ได้แก่ การตรวจพบว่า ความคลาดเคลื่อนมีการแจกแจงแบบปกติ เป็นอิสระต่อกัน มีค่าความแปรปรวนคงที่ และตัวแปรอิสระไม่มีสหสัมพันธ์ร่วม (Multicollinearity) หากพบว่าแบบจำลองที่กำลังพิจารณายังขาดความเหมาะสม จะต้องมีการแปลงข้อมูลทั้งตัวแปรอิสระ หรือตัวแปรตาม หรือ ตัวแปรทั้ง 2 รูปแบบตามความเหมาะสมจนกว่าจะได้แบบจำลองที่เหมาะสมเพียงพอในเชิงสถิติที่จะใช้ในงานต่อไป

4. ข้อดีของแบบจำลองการถดถอย

4.1 การสร้างและการใช้งาน ทำได้ง่าย มีกระบวนการที่เป็นที่รองรับทางสถิติ

4.2 มีโปรแกรมสำเร็จรูปหลากหลาย

5. ข้อเสียของแบบจำลองการถดถอย

5.1 มีความไวต่อสมมติฐานทางสถิติ ความน่าเชื่อถือในแบบจำลองขึ้นกับข้อสมมติทางสถิติ เช่น กรณีที่ตัวแปรอิสระมีสหสัมพันธ์ร่วมสูง จะต้องทำการรวมกลุ่มตัวแปรที่มีความสัมพันธ์กันไว้ในกลุ่มเดียวกันก่อน เพื่อแก้ปัญหาตัวแปรอิสระมีสหสัมพันธ์ร่วม เป็นต้น

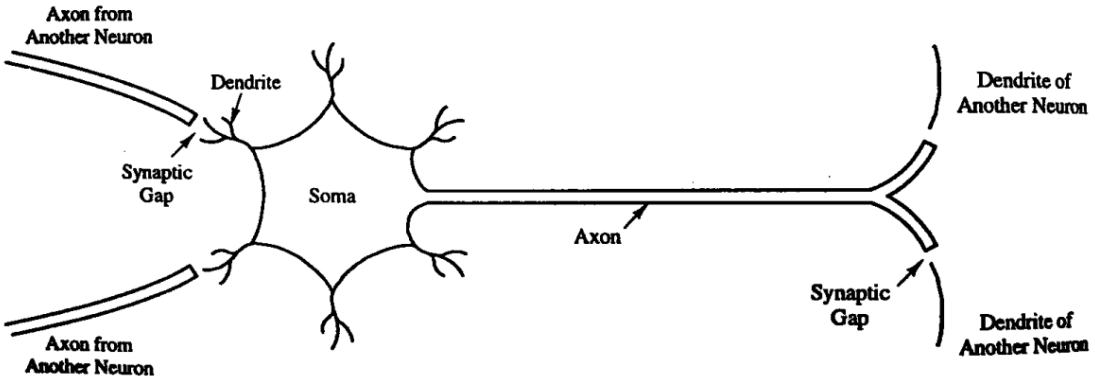
5.2 การวิเคราะห์การถดถอยแบบโพลิโนเมียล ที่มีรูปแบบของตัวแปรต้นที่ระดับกำลังสูงๆ จะไม่เสถียรหรือมีการเหวี่ยง (Oscillation) ในการใช้งาน

5.3 ประสิทธิภาพจะขึ้นอยู่กับรูปแบบของแบบจำลอง เมื่อรูปแบบไม่ถูกต้องจะทำให้ผลการทำนายหรือพยากรณ์ไม่ถูกต้อง

แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม

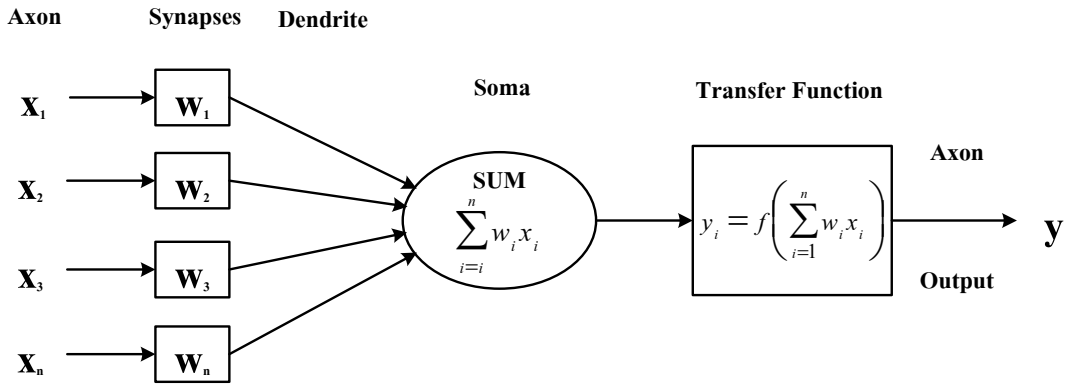
แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Networks, ANNs) เป็นระบบการประมวลผลข้อมูล หรือแบบจำลองที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อเลียนแบบการทำงานของระบบเครือข่ายประสาทของมนุษย์ (Biological neural network) หรือระบบการรับรู้ของมนุษย์ นิวรอนของเครือข่ายประสาทของมนุษย์ ประกอบด้วยองค์ประกอบที่สำคัญ 3 ประเภท ได้แก่ 1) เดนไดรท์ (Dendrites) 2) โซมา หรือตัวเซล (Soma หรือ Cell body) 3) แอกซอน (Axon) โดยสัญญาณจากนิวรอนตัวอื่น ๆ ที่อยู่ในรูปคลื่นกระแสไฟฟ้าจะถูกส่งผ่านช่องว่างไซแนป (Synaptic gap) ซึ่งมีการปรับระดับสัญญาณมายังเดนไดรท์ที่จะรับสัญญาณมาส่งให้กับโซมา เพื่อทำการรวมสัญญาณ เมื่อมีสัญญาณมากพอจะส่งผ่านไปยังแอกซอน เพื่อส่งไปยังนิวรอนหน่วยอื่น ๆ ต่อไป (ภาพที่ 5)

สำหรับการทำงานของเครือข่ายประสาทเทียมนั้น ประกอบด้วยนิวรอนหรือหน่วยประมวลผลจำนวนมาก เรียงตัวเป็นชั้น เช่น ชั้นนำเข้า (Input layer) ชั้นซ่อน (Hidden layer) ชั้นผลลัพธ์ (Output layer) และเชื่อมโยงกันเป็นเครือข่าย แต่ละเส้นการเชื่อมโยงจะมีน้ำหนัก (Weight) กำกับอยู่ ข้อมูลหรือสัญญาณจากนิวรอนนำเข้าจะถูกส่งผ่านเส้นเชื่อมโยงพร้อมกับปรับน้ำหนักไปยังนิวรอนประมวลผลถัดไป ซึ่งจะรวมสัญญาณที่ปรับน้ำหนักแล้วและนำไปผ่านฟังก์ชั่นกระตุ้น (Activation function หรือ Transfer function) เพื่อคำนวณผลลัพธ์ของเครือข่ายต่อไป (ภาพที่ 6)



Dendrites	คือ ส่วนที่ทำหน้าที่รับข้อมูล
Soma (Cell body)	คือ ส่วนที่ประมวลผลข้อมูลเบื้องต้น
Axon	คือ ส่วนที่แปลงข้อมูลที่ได้ประมวลเบื้องต้นเป็นผลลัพธ์ที่ต้องการ
Synapses	คือ ส่วนที่ทำหน้าที่เชื่อมต่อเพื่อการสื่อสารกับนิวรอนอื่นในระบบสมอง

ภาพที่ 5 รูปแบบโครงสร้างและการทำงานของเครือข่ายระบบประสาทของสิ่งมีชีวิต
ที่มา: Yacoub and Najjar (1997)



เมื่อ X_i คือ ข้อมูลนำเข้าที่ i (i = 1, 2, 3, …, n)

w_i คือ น้ำหนักเชื่อมโยงจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ y

y คือ ข้อมูลส่งออกหรือผลลัพธ์

ภาพที่ 6 รูปแบบโครงสร้างและการทำงานของเครือข่ายประสาทเทียม

ที่มา: Yacoub and Najjar (1997)

1. ลักษณะที่สำคัญของเครือข่ายประสาทเทียม

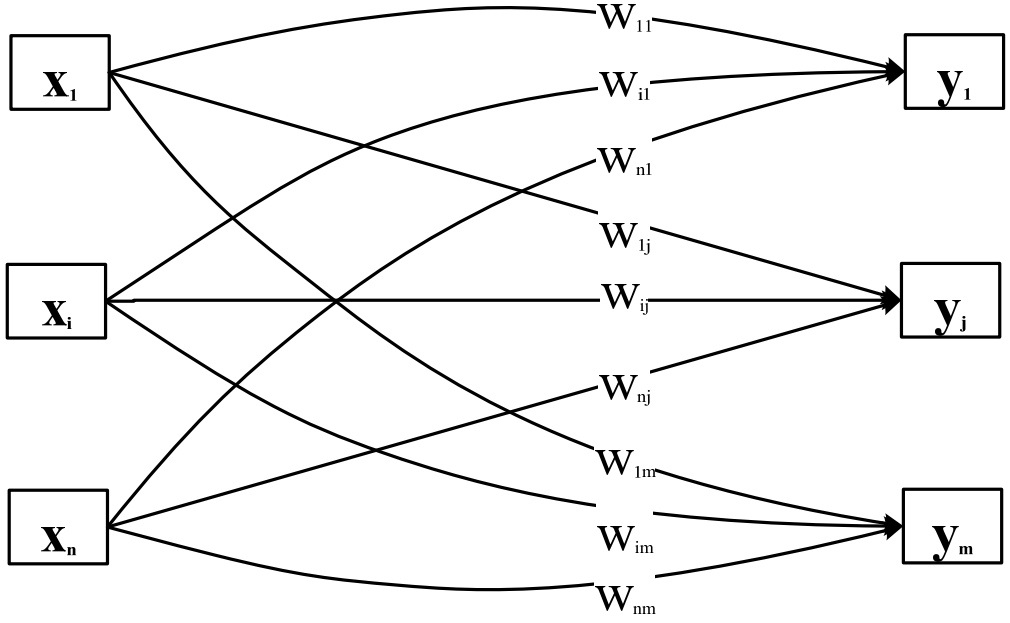
ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกประเภทของเครือข่ายประสาทเทียมได้แก่ สถาปัตยกรรมหรือโครงสร้างของเครือข่ายประสาทเทียม (Architecture) การฝึกหรือการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาทเทียม (Training/ Learning) และฟังก์ชั่นกระตุ้น ซึ่งมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

1.1 โครงสร้างหรือสถาปัตยกรรมของเครือข่ายประสาทเทียม

โครงสร้างของเครือข่ายประสาทเทียม เป็นการจัดเรียงชั้นของนิวรอน และรูปแบบการเชื่อมโยงระหว่างนิวรอนภายในเครือข่ายประสาทเทียม สามารถจัดแบ่งโครงสร้างพื้นฐานตามจำนวนชั้นออกเป็นเครือข่ายแบบชั้นเดียว (Single-layer net) และเครือข่ายแบบหลายชั้น (Multilayer net)

1.1.1 เครือข่ายแบบชั้นเดียว

เป็นเครือข่ายประสาทเทียมอย่างง่าย ประกอบด้วยชั้นนำเข้าและชั้นผลลัพธ์ซึ่งมีการเชื่อมโยงเพียง 1 ชั้นเท่านั้น การส่งผ่านข้อมูลกระทำจากชั้นนำเข้าส่งไปยังชั้นผลลัพธ์ ซึ่งจะรวบรวมข้อมูลที่ได้รับทำการปรับน้ำหนักแล้วส่งผ่านฟังก์ชั่นกระตุ้น ออกมาเป็นผลลัพธ์เครือข่ายประสาทเทียมประเภทนี้จะใช้แก้ปัญหาเชิงเส้นที่มีความซับซ้อนน้อย แสดงตัวอย่างเครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหน้าชั้นเดียว (Single-layer feedforward network) ในภาพที่ 7



เมื่อ X_i คือ หน่วยนำเข้าที่ i (i = 1, …, n)

Y_j คือ หน่วยผลลัพธ์ที่ j (j=1, …, m)

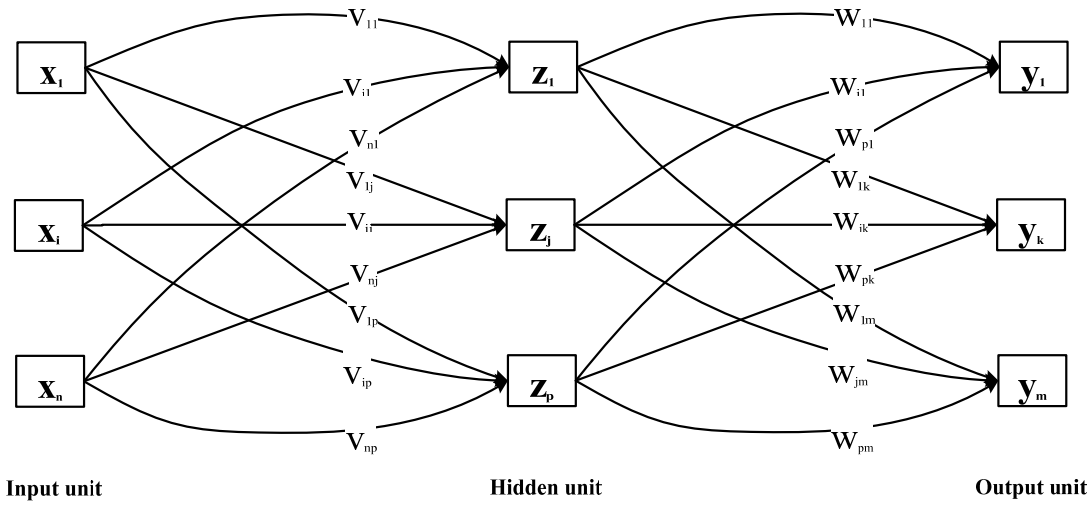
w_{ij} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ j

ภาพที่ 7 เครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหน้าชั้นเดียว

ที่มา: Fausett (1994)

1.2 เครือข่ายแบบหลายชั้น

เป็นเครือข่ายประสาทเทียมที่ประกอบด้วยชั้นซ่อน (Hidden layer) อย่างน้อย 1 ชั้นขึ้นไป แทรกอยู่ระหว่างชั้นนำเข้าและชั้นผลลัพธ์ ใช้ในการแก้ปัญหาที่มีความซับซ้อน แสดงเครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหน้าหลายชั้น (Multilayer feedforward networks) ดังภาพที่ 8



เมื่อ X_i คือ หน่วยนำเข้าที่ i (i = 1,…, n)

Z_j คือ หน่วยซ่อนที่ j (j = 1,…, p)

Y_k คือ หน่วยผลลัพธ์ที่ k (k = 1,…, m)

v_{ij} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยชั้นซ่อนที่ j

w_{jk} คือ ค่าน้ำหนักหน่วยชั้นซ่อนที่ j ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k

ภาพที่ 8 เครือข่ายประสาทเทียมแบบป้อนสู่ด้านหลายชั้น

ที่มา: Fausett (1994)

2. การเรียนรู้ของเครือข่ายประสาทเทียม

เป็นวิธีในการกำหนดค่าน้ำหนักให้กับการเชื่อมโยง สามารถแบ่งได้เป็น 2 วิธี คือ การเรียนรู้แบบมีผู้สอน (Supervised learning) และการเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน (Unsupervised learning)

2.1 การเรียนรู้แบบมีผู้สอน

การเรียนรู้จะเกิดขึ้นได้โดยการผ่านชุดข้อมูลนำเข้า (Input vector หรือ Training vector) พร้อมด้วยข้อมูลผลลัพธ์เป้าหมายที่ต้องการ (Target output vector) ให้กับเครือข่ายเพื่อเรียนรู้ความสัมพันธ์ และปรับค่าน้ำหนักของการเชื่อมโยง ตามกลไกการเรียนรู้ (Learning algorithms) เพื่อให้ค่าคลาดเคลื่อนระหว่างค่าผลลัพธ์กับค่าเป้าหมายน้อยที่สุด เครือข่ายประสาทเทียมที่ใช้การเรียนรู้แบบมีผู้สอน ได้แก่ เครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Backpropagation) และเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (Radial basis function)

2.2 การเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน

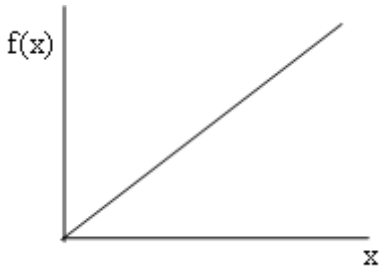
ในการเรียนรู้จะมีข้อมูลการเรียนรู้ให้เครือข่ายเรียนรู้ด้วยตนเอง โดยไม่มีการกำหนดผลลัพธ์เป้าหมาย และจะปรับค่าน้ำหนักเพื่อจัดกลุ่มข้อมูลนำเข้าที่เหมือนกันไว้ในกลุ่มเดียวกัน เครือข่ายที่ใช้การเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน ได้แก่ โคโฮเนน ซอม (Kohonen self organizing map; Kohonen SOM) และอาร์ท (Adaptive resonance theory network; ART)

3. ฟังก์ชั่นกระตุ้น (Activation function)

เป็นฟังก์ชั่นที่ใช้ในการคำนวณผลลัพธ์จากผลรวมของข้อมูลที่ผ่านการปรับน้ำหนักแล้ว ฟังก์ชั่นกระตุ้นที่นิยมใช้ ได้แก่

3.1 ฟังก์ชั่นบ่งชี้ (Identity function)

ใช้กับหน่วยนำเข้า สำหรับการรับและส่งผ่านสัญญาณเข้าสู่ระบบ ดังสมการ $f(x) = x$ แสดงรูปแบบในภาพที่ 9

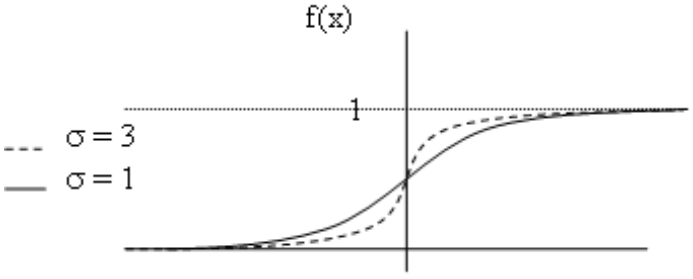


ภาพที่ 9 ฟังก์ชั่นบ่งชี้ (Identity function)
ที่มา: Fausett (1994)

3.2 ฟังก์ชั่นซิกมอยด์ (Sigmoid function)

3.2.1 ฟังก์ชั่นไบนารีซิกมอยด์ (Binary sigmoid function)

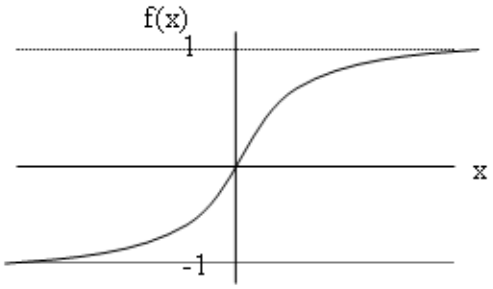
มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 ดังสมการ $f(x) = \frac{1}{1+e^{-\sigma x}}$ เมื่อ σ คือ ค่าพารามิเตอร์ของความชัน แสดงรูปแบบในภาพที่ 10



ภาพที่ 10 ฟังก์ชั่นซิกมอยด์ (Sigmoid function)
ที่มา: Fausett (1994)

3.2.2 ฟังก์ชั่นไฮเปอร์โบลิกแทนเจน (Hyperbolic tangent; tanH)

มีค่าอยู่ระหว่าง -1 ถึง 1 และค่า σ เป็น 1 ดังสมการ $f(x) = \frac{1-e^{-2x}}{1+e^{-2x}}$ เมื่อ σ คือ ค่าพารามิเตอร์ของความชัน แสดงรูปแบบในภาพที่ 11



ภาพที่ 11 ฟังก์ชั่นไฮเปอร์โบลิกแทนเจน (Hyperbolic tangent; tanH)
ที่มา: Fausett (1994)

4. การประยุกต์ใช้งาน Neural Network

เนื่องจากความสามารถในการจำลองพฤติกรรมทางกายภาพของระบบที่มีความซับซ้อนจากข้อมูลที่ป้อนให้เรียนรู้ การประยุกต์ใช้ข่ายงานระบบประสาทจึงเป็นทางเลือกใหม่ในการควบคุม ซึ่งมีผู้นำมาประยุกต์ใช้งานหลายประเภท เช่น

4.1 การจดจำรูปแบบที่มีความไม่แน่นอน (Pattern recognition) เช่น ลายมือ ลายเซนต์ ตัวอักษร รูปหน้า

4.2 การประมาณค่าฟังก์ชันหรือการประมาณความสัมพันธ์ (Function approximation)

4.3 การจัดหมวดหมู่ (Clustering) และแยกแยะสิ่งของ (Classification)

4.4 การทำนาย (Prediction) หรือพยากรณ์ (Forecasting) เช่นพยากรณ์อากาศ พยากรณ์หุ้น

5. ข้อดีของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียม (Fausett, 1994)

5.1 แบบจำลองสามารถจำลองความสัมพันธ์ของข้อมูลที่มีลักษณะไม่เชิงเส้นตรงได้

5.2 แบบจำลองมีความไวหรืออ่อนไหวต่อข้อมูลที่ผิดปกติต่าง ๆ ไม่มาก เช่นลักษณะของข้อมูลไม่คงที่ ไม่แน่ชัด มีความละเอียดของข้อมูลต่ำ และข้อมูลที่มีความผิดพลาด

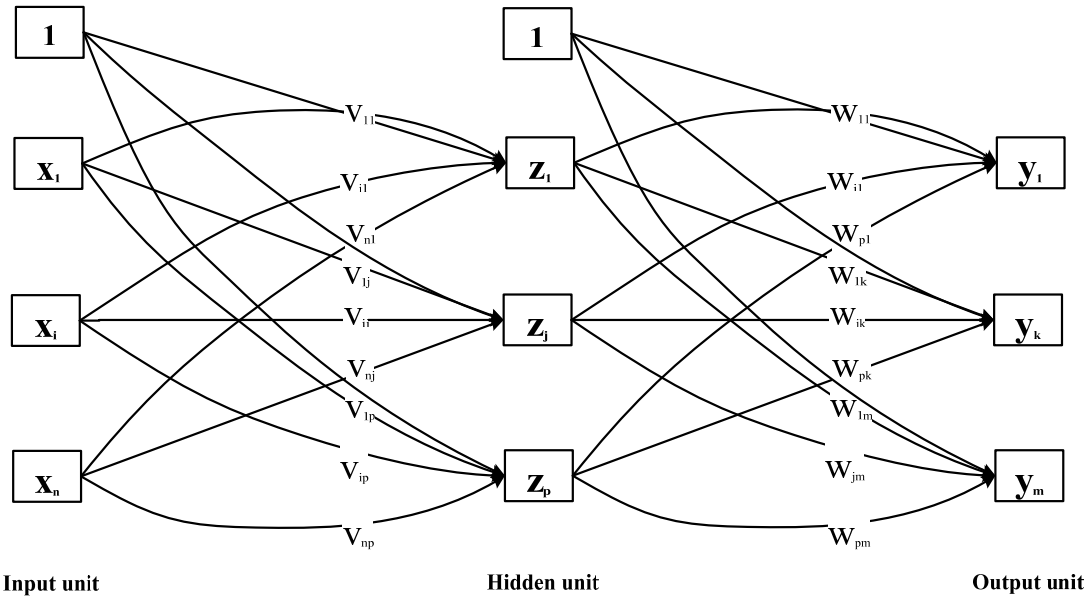
5.3 การเรียนรู้และการปรับน้ำหนักของระบบเกิดขึ้นในระดับโครงสร้างของแบบจำลอง

5.4 สามารถนำแบบจำลองไปใช้กับข้อมูลที่ไม่เคยผ่านการเรียนรู้มาก่อนได้

แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมที่นิยมใช้มากที่สุดในทางปฏิบัติ ได้แก่ แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Backpropagation neural network; BPN)

เครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ

เครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Backpropagation neural network; BPN) มีลักษณะเป็นเครือข่ายหลายชั้น ที่มีการส่งข้อมูลไปข้างหน้าแบบสมบูรณ์ (ภาพที่ 12) การเรียนรู้เป็นแบบมีผู้สอน กลไกการเรียนรู้เป็นแบบส่งข้อมูลความคลาดเคลื่อนย้อนกลับ (Backpropagation of error) เพื่อฝึกให้เครือข่ายตอบสนองได้อย่างถูกต้อง อย่างไรก็ตามเครือข่ายแบบ BPN ที่ดีจะต้องมีสมดุลระหว่างความสามารถในการตอบสนองรูปแบบที่ใช้สำหรับการเรียนรู้หรือการฝึกได้ถูกต้อง (Memorization) และความสามารถในการตอบสนองต่อรูปแบบอื่น ๆ ที่ไม่ใช้ในการฝึกหรือความสามารถในการใช้งานทั่วไป (Generalization) ได้ดีเช่นกัน (Fausett, 1994) เครือข่ายประสาทเทียมแบบ BPN ถือเป็นแบบจำลองที่นิยมใช้มากที่สุด และเป็นตัวประมาณค่าแบบสากลในทางทฤษฎี (Theoretic universal approximator) คือ สามารถจำลองความสัมพันธ์ที่ซับซ้อนได้ถึงระดับความถูกต้องใด ๆ ที่ต้องการในเชิงทฤษฎี (Funahashi, 1989; Hornik *et al.*, 1989) สามารถใช้สำหรับการจำลองข้อมูลหรือประมาณค่าฟังก์ชั่น (Data modeling หรือ Function approximation) การพยากรณ์ (Forecasting) การจำแนกรูปแบบ (Classification) การควบคุม (Control) และการจดจำรูปแบบ (Pattern recognition) (Basheer and Hajmeer, 2000; Hassoun, 1995)



เมื่อ X_i คือ หน่วยนำเข้าที่ i (i = 1,…, n)

Z_j คือ หน่วยซ่อนที่ j (j = 1,…, p)

Y_k คือ หน่วยผลลัพธ์ที่ k (k = 1,…, m)

v_{ij} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยชั้นซ่อนที่ j

w_{jk} คือ ค่าน้ำหนักหน่วยชั้นซ่อนที่ j ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k

ภาพที่ 12 โครงสร้างของเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ

ที่มา: Fausett (1994)

1. ขั้นตอนการเรียนรู้เครือข่ายประสาทเทียมแบบ BPN

กลไกการฝึกเครือข่าย BPN ประกอบด้วย 3 ขั้นตอน ได้แก่ (1) การป้อนข้อมูลชุดสำหรับการฝึกไปข้างหน้า (2) การถ่ายทอดแบบย้อนกลับของข้อมูลความคลาดเคลื่อน และ (3) การปรับน้ำหนักของทั้งเครือข่าย ในช่วงป้อนข้อมูลไปข้างหน้า แต่ละหน่วยของข้อมูลนำเข้า (X_i) ได้รับข้อมูลป้อนเข้าและส่งข้อมูลเหล่านั้นที่ได้รับการปรับน้ำหนัก (v_{ij}) แล้วไปยังหน่วยซ่อน (Z_j) ซึ่งจะรวมข้อมูลทั้งหมดดังสมการที่ 4

$$z_in_j = v_{0j} + \sum_{i=1}^{n} X_i v_{ij} \quad (4)$$

เมื่อ z_in_j คือ ผลรวมของสัญญาณนำเข้ามาที่หน่วยซ่อน z_j

X_i คือ ข้อมูลนำเข้าจากหน่วยนำเข้าที่ i (i = 1,…, n)

v_{ij} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยซ่อนที่ j (j = 1,…, p)

v_{0j} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยเอนเอียงไปยังหน่วยซ่อนที่ j

n คือ จำนวนหน่วยนำเข้า

หน่วยซ่อนจะนำค่าผลรวมที่คำนวณได้แต่ละหน่วยไปผ่านฟังก์ชันกระตุ้นเพื่อคำนวณค่ากระตุ้น (z_j) และส่งข้อมูลนี้ไปยังหน่วยผลลัพธ์ (y_k) ดังสมการที่ 5

$$z_j = f(z_in_j) \quad (5)$$

เมื่อ z_j คือ ค่ากระตุ้นจากหน่วยซ่อนที่ j

จากนั้นหน่วยผลลัพธ์แต่ละหน่วยจะคำนวณผลรวมของผลลัพธ์ค่ากระตุ้นที่ผ่านการปรับน้ำหนักแล้ว และนำผลรวมที่คำนวณได้ไปผ่านฟังก์ชันกระตุ้นเพื่อคำนวณค่ากระตุ้นซึ่งถือว่าเป็นผลลัพธ์ของโครงข่ายดังสมการที่ 6 และ 7

$$y_in_k = w_{0k} + \sum_{j=1}^{p} z_j w_{jk} \quad (6)$$

$$y_k = f(y_in_k) \quad (7)$$

เมื่อ y_in_k คือ ผลรวมของสัญญาณนำเข้ามาที่หน่วยผลลัพธ์ y_k

w_{0k} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยเอนเอียงไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k

w_{jk} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยซ่อนที่ j ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k (k = 1,…, m)

p คือ จำนวนหน่วยซ่อน

ค่ากระตุ้นที่คำนวณได้ (y_k) จะถูกเปรียบเทียบกับค่าเป้าหมาย (t_k) เพื่อหาค่าคลาดเคลื่อนที่ใช้ในการคำนวณข้อมูลความผิดพลาด (δ_k) สำหรับการกระจายค่าคลาดเคลื่อนจากหน่วยข้อมูลส่งออกกลับไปยังหน่วยซ่อน ดังแสดงในสมการที่ 8

$$\delta_k = (t_k - y_k)f'(y_in_k) \tag{8}$$

ข้อมูลความผิดพลาดจากชั้นผลลัพธ์ δ_k จะใช้ในการปรับค่าน้ำหนักทุกการเชื่อมโยงระหว่างหน่วยผลลัพธ์กับหน่วยซ่อน การคำนวณค่าน้ำหนักและค่าของหน่วยเอนเอียงที่เปลี่ยนไปแสดงได้ดังสมการที่ 9 และ 10

$$\Delta w_{jk} = \alpha\delta_k z_j \tag{9}$$

$$\Delta w_{0k} = \alpha\delta_k \tag{10}$$

เมื่อ Δw_{jk} คือ การปรับค่าน้ำหนักจากหน่วยซ่อนที่ j ไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k ($k = 1,\ldots, m$)

Δw_{0k} คือ การปรับค่าน้ำหนักจากหน่วยเอนเอียงไปยังหน่วยผลลัพธ์ที่ k

α คือ อัตราการเรียนรู้

ข้อมูลความผิดพลาดจากชั้นผลลัพธ์ (δ_k) จะถูกส่งผ่านไปยังหน่วยซ่อน เพื่อคำนวณข้อมูลความผิดพลาดจากหน่วยซ่อนกลับไปยังหน่วยข้อมูลนำเข้า (δ_k) สำหรับการกระจายค่าคลาดเคลื่อนจากหน่วยซ่อนกลับไปยังหน่วยข้อมูลนำเข้า และเพื่อใช้ปรับค่าน้ำหนักระหว่างชั้นซ่อนกับชั้นข้อมูลนำเข้า ซึ่งคำนวณได้ดังสมการที่ 11 และ 12

$$\delta_in_j = \sum_{k=1}^{m} \delta_k w_{jk} \tag{11}$$

$$\delta_j = \delta_in_j f'(z_in_j) \tag{12}$$

เมื่อ δ_in_j คือ ผลรวมข้อมูลความผิดพลาดที่หน่วยซ่อนที่ j (j=1,…, p)

δ_k คือ ข้อมูลความผิดพลาดจากชั้นผลลัพธ์

δ_j คือ ข้อมูลความผิดพลาดจากหน่วยซ่อนไปยังหน่วยข้อมูลนำเข้า

m คือ จำนวนหน่วยผลลัพธ์

ข้อมูลความผิดพลาด δ_j ใช้ปรับค่าน้ำหนักทุกการเชื่อมโยงระหว่างหน่วยซ่อนกับหน่วยข้อมูลนำเข้า การคำนวณค่าน้ำหนักและค่าของหน่วยเอนเอียงที่เปลี่ยนไปแสดงได้ดังสมการที่ 13 และ 14

$$\Delta v_{ij} = \alpha \delta_j x_i \tag{13}$$

$$\Delta v_{0j} = \alpha \delta_j \tag{14}$$

เมื่อ Δv_{ij} คือ การปรับค่าน้ำหนักจากหน่วยนำเข้าที่ i ไปยังหน่วยซ่อนที่ j (j = 1,…, p)

Δv_{0j} คือ การปรับค่าน้ำหนักจากหน่วยเอนเอียงไปยังหน่วยซ่อนที่ j

α คือ อัตราการเรียนรู้

การปรับค่าน้ำหนักจะปรับทั้งชั้นข้อมูลส่งออกและชั้นซ่อนพร้อมกัน ดังสมการที่ 15 และ 16

$$w_{jk}^{new} = w_{jk}^{old} + \Delta w_{jk} \tag{15}$$

$$v_{ij}^{new} = v_{ij}^{old} + \Delta v_{ij} \tag{16}$$

ขั้นตอนการฝึกทั้ง 3 ขั้นตอนนี้ จะดำเนินการซ้ำไปซ้ำมาหลายรอบการฝึก จนกระทั่งได้ค่าความคลาดเคลื่อนต่ำตามที่ต้องการ หรือเมื่อค่าน้ำหนักไม่เปลี่ยนแปลง หรือถึงจำนวนรอบการฝึกที่กำหนดไว้ล่วงหน้า (Fausett, 1994)

2. ข้อดีของเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Hassoun, 1995)

2.1 ใช้งานได้หลากหลายทั้งการประมาณหรือทำนายค่า การประมาณค่าฟังก์ชั่น และการจำแนกรูปแบบ

2.2 เป็นตัวประมาณค่าแบบสากลในทางทฤษฎี

2.3 ทฤษฎีพื้นฐานเข้าใจง่าย

2.4 มีโปรแกรมให้เลือกใช้มาก เช่น NeuralWorks Explorer, Clementile และ MATLAB เป็นต้น

3. ข้อเสียของเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Hassoun, 1995)

3.1 การเลือกโครงสร้างและพารามิเตอร์ในการเรียนรู้ เช่น อัตราการเรียนรู้ โมเมนตัม ฟังก์ชันกระตุ้น น้ำหนักสุ่มเริ่มต้น ที่เหมาะสม ทำได้ยากและไม่มีทฤษฎีหรือขั้นตอนกำหนดตายตัว จึงทำได้ยาก

3.2 มีความไวต่อการมีพารามิเตอร์ของแบบจำลอง (น้ำหนัก) มากเกินไป (Overparameterization) และต่อการเกิดการเรียนรู้มากเกินไป (Overtraining) ทำให้เครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ เข้าสู่ภาวะที่การจดจำข้อมูลชุดที่เรียนรู้ (Memorization) สูงมาก ทำให้ความสามารถในการใช้งานกับข้อมูลชุดที่ไม่ได้ใช้ในการฝึกหรือความสามารถใช้งานทั่วไป (Generalization) ลดลง

เครือข่ายประสาทเทียมแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (Radial basis function neural network)

เครือข่ายแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น เป็นเครือข่ายประสาทเทียมแบบหลายชั้น ที่มีการส่งข้อมูลไปข้างหน้าแบบสมบูรณ์ ดังภาพที่ 13 การเรียนรู้จะใช้ทั้งการเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอนในการกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสม และใช้การเรียนรู้แบบมีผู้สอน ในการกำหนดค่าน้ำหนักระหว่างหน่วยซ่อนกับหน่วยผลลัพธ์ (Hassoun, 1995) เครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่นจัดเป็นตัวประมาณค่าแบบสากลในทางทฤษฎี ซึ่งสามารถใช้จำลองความสัมพันธ์ที่ซับซ้อนได้ มีความถูกต้องในระดับสูง

เช่นเดียวกับเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (Poggio and Girosi, 1989; Hartman *et al.*, 1990; Park and Sandberg, 1993)

โครงสร้างของเรเดียลเบสิสฟังก์ชั้นประกอบด้วย หน่วยของข้อมูลป้อนเข้า (X_i) หน่วยซ่อน (Z_j) และหน่วยข้อมูลส่งออก (Y_k) โดยหน่วยซ่อนจะประมวลผลข้อมูล หรือคำนวณค่ากระตุ้น ($z_j(x)$) โดยใช้ฟังก์ชั่นที่เฉพาะเจาะจงกับข้อมูลในช่วงจำกัดที่อยู่ในรัศมีสมมาตร ซึ่งเรียกว่า Kernel function (K)

$$z_j(x) = K\left(\frac{\|x-\mu_j\|}{\sigma_j^2}\right) \tag{17}$$

เมื่อ $z_j(x)$ คือ ค่ากระตุ้นของหน่วยซ่อน

K คือ ค่า Kernel function ซึ่งมีค่าสูงสุดที่จุดศูนย์กลางความสมมาตร และลดลงเรื่อย ๆ ตามระยะห่างจากศูนย์กลาง

x คือ เวกเตอร์ข้อมูลรับเข้า

μ_j คือ เวกเตอร์ค่าศูนย์กลางของหน่วยซ่อนที่ j

$\|x-\mu\|$ คือ ระยะทางใน Euclidean

σ^2_j คือ ความกว้างของการรับรู้ข้อมูล (Receptive field) ของหน่วยซ่อนที่ j

Kernel function ที่นิยมใช้ในหน่วยซ่อนของเครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น ได้แก่ Gaussian basis function

$$z_j(x) = \exp\left(-\frac{\|x-\mu_j\|^2}{2\sigma_j^2}\right) \tag{18}$$

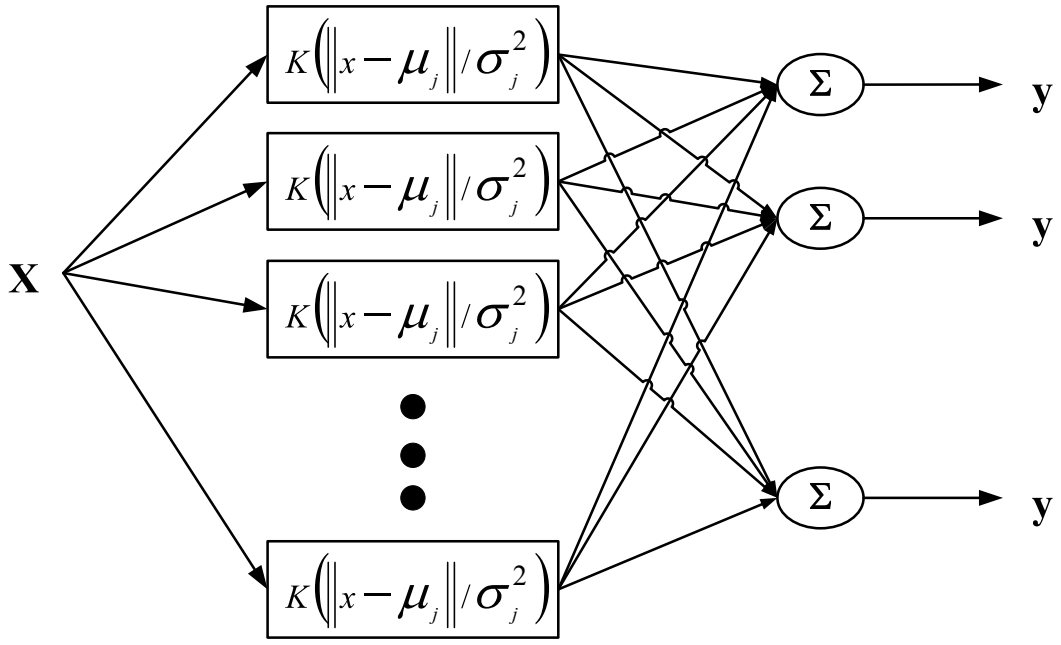
ในช่วงแรกของการเรียนรู้จะเป็นแบบไม่มีผู้สอน โดยใช้กลไกของการจัดกลุ่ม (Clustering algorithm) เพื่อคำนวณหาค่าศูนย์กลางความสมมาตร (μ_j) ที่เหมาะสม ซึ่งวิธีการที่นิยมใช้ คือ K-means และคำนวณหารัศมีของ Gaussian basis function จากค่าเฉลี่ยของระยะทางใน Euclidean ระหว่างศูนย์กลางของหน่วยซ่อน (NeuralWare, 1996)

ในช่วงการเรียนรู้แบบมีผู้สอน สัญญาณหรือค่ากระตุ้นที่ได้จากหน่วยซ่อน (Z_j) จะผ่านการถ่วงน้ำหนัก (W_{jk}) และหาผลรวมเชิงเส้นออกมาเป็นค่ากระตุ้นหรือผลลัพธ์ที่หน่วยข้อมูลส่งออก (Y_k)

$$y_k(x) = \sum_{\forall j} w_{jk} z_j(x) \tag{19}$$

เมื่อ $y_k(x)$ คือ ค่ากระตุ้นของหน่วยส่งออกที่ k

w_{jk} คือ ค่าน้ำหนักระหว่างหน่วยซ่อนที่ j กับหน่วยส่งออกที่ k



ภาพที่ 13 โครงสร้างของเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น

ที่มา: Hassoun (1995)

1. ความแตกต่างของเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ กับเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (Hassoun 1995)

1.1 เครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น เรียนรู้ได้เร็วกว่าเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ

1.2 เครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น มีความไวต่อจำนวนชั้นซ่อนและต่อการมีจำนวนพารามิเตอร์ (น้ำหนัก) มากเกินไปน้อยกว่าเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ

1.3 เครือข่ายทั้งสองชนิดให้ความถูกต้องในการทำนายใกล้เคียงกัน แต่เครือข่ายแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่นต้องการข้อมูลในการฝึกมากกว่าอย่างน้อย 10 เท่า และต้องการจำนวนชั้นซ่อนมากกว่าด้วย

1.4 สำหรับงานในการประมาณค่าฟังก์ชั่น (Function approximation) นั้น เครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ มีความสามารถใช้งานทั่วไป (Generalization) ได้ดีกว่าแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น

1.5 เครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ สามารถประมาณค่าออกไปนอกช่วงข้อมูลที่ใช้ในการสร้างได้ดีกว่าเครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น

1.6 เครือข่ายเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่นสามารถใช้งานในการจำแนกรูปแบบ (Classification) ได้ดีกว่าเครือข่ายแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

จากการรวบรวมเอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องพบว่ามีการใช้แบบจำลองเชิงประจักษ์โดยเฉพาะแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมในการทำนายข้อมูลการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์อย่างแพร่หลายเช่น Wengao and Shuryo (2001b) ศึกษาการใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมในการทำนายการยับยั้งเชื้อ *E. coil* โดยใช้ผลของอุณหภูมิ ความเป็นกรด-ด่าง (pH) และปริมาณน้ำอิสระ (A_w) โดยวัดปฏิกิริยา kinetics ของเชื้อจุลินทรย์ พบว่าแบบจำลอง BPN มีความถูกต้องในการทำนายสูงกว่าแบบจำลองอีก 2 ประเภท โดยแบบจำลอง BPN ให้ค่า RMSE และ R^2 เท่ากับ 0.144 และ 0.949 ตามลำดับ ในขณะที่แบบจำลอง RS ให้ค่า RMSE และ R^2 ที่ 0.232 และ 0.868 ตามลำดับ ส่วนแบบจำลองของ Cerf ให้ค่า RMSE และ R^2 ที่ 0.234 และ 0.815) ตามลำดับ ต่อมา Cheroutre-Vialette and Lebert (2002) ศึกษาการใช้แบบจำลอง Recurrent neural network (RNN) ในการจำลองการเจริญของ *Listeria monocytogenes* ในสภาวะต่าง ๆ คือ สภาวะเป็นกรด (pH 5.6-7.0) สภาวะเป็นด่าง (pH 7.0-9.5) สภาวะที่มีเกลือโซเดียมคลอไรด์ (0-8%) ใน Meat broth ที่อุณหภูมิ 20 และ 10 องศาเซลเซียส โดยวัดการเปลี่ยนแปลงของ pH และ A_w ระหว่างการเจริญ ผลการทดลองแสดงว่าสามารถใช้ RNN ในการอธิบายการเจริญของเชื้อ *L. monocytogenenes* ที่ซับซ้อนได้ โดยการเปรียบเทียบค่าจริง และค่าที่ได้จากการทำนาย Garcia *et al.* (2005) ใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมในการจำลองการเจริญของ *Leuconostoc mesenteroides* ที่สภาวะต่าง ๆ คือ อุณหภูมิ (10.5-24.5 องศาเซลเซียส) ความเป็นกรด-ด่าง (5.5 -7.5) ระดับโซเดียมคลอไรด์ (0.25%-6.25%) และระดับโซเดียมไนไตรท์ (0-200 ppm) เพื่อทำนายค่า Specific growth rate (Gr), Lag-time (Lag) และ Maximum population density (yEnd) ภายใต้สภาวะใช้อากาศและไม่ใช้อากาศผลปรากฏว่าแบบจำลอง BPN ให้แบบจำลองที่มีความถูกต้องในการทำนายค่ามากกว่า โดยมีค่า RMSE เท่ากับ 0.066 สำหรับทำนายค่า Gr, 0.359 สำหรับทำนายค่า Lag และ 0.124 สำหรับทำนายค่า yEnd ซึ่งน้อยกว่าแบบจำลอง RS เล็กน้อย และค่า SEP ของแบบจำลอง BPN เท่ากับ 2.82% สำหรับทำนายค่า Gr, 6.05% สำหรับทำนายค่า Lag และ 10% สำหรับทำนายค่า yEnd และในขณะที่แบบจำลอง RS มีค่า SEP เป็น 9.54% สำหรับทำนายค่า Gr, 8.89% สำหรับทำนายค่า Lag และ 10.27% สำหรับทำนายค่า yEnd นอกจากนี้มีงานวิจัยที่ใช้แบบจำลองคณิตศาสตร์ในการทำนายการเจริญของจุลินทรีย์ เช่น Borggaard and Jacobsen (2003) ศึกษาการใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมทำนายการเจริญเติบโตของ *Listeria monocytogenes* ในอาหารพร้อมรับประทาน เนื่องจากมีการพบการปนเปื้อนของ *L. monocytogenes* จากสิ่งแวดล้อมสู่ขบวนการผลิต พบว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับสามารถนำไปใช้ในการทำนายการเจริญเติบโตของ *L. monocytogenes* ได้ โดยมีค่าคลาดเคลื่อนในรูป MAE เท่ากับ 0.64 log (cfu/g) และ R-square เท่ากับ

0.87 นอกจากนี้ Garcia-Gimeno *et al.* (2001) ศึกษาการใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับในการทำนายผลร่วมของความเข้มข้นของ NaCl ระดับ pH และอุณหภูมิ ต่ออัตราการเจริญเติบโตของ *Lactobacillus plantarum* พบว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมให้ค่า SEP ที่ต่ำกว่าแบบจำลอง respond surface โดยแบบจำลอง BPN มีค่า SEP เท่ากับ 14.04% สำหรับอัตราการเจริญเติบโตและ 14.84% สำหรับช่วง lag และแบบจำลอง RSM มีค่า 35.63% และ 39.30% สำหรับอัตราการเจริญเติบโตและช่วง lag ตามลำดับ ในขณะที่ Wengao and Shuryo (2001a) ศึกษาการใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมในการทำนายการเจริญเติบโตของ *Lactobacillus sake* ในผลิตภัณฑ์เนื้อที่อยู่ในบรรจุภัณฑ์ปรับสภาวะ (Modified atmosphere) ผลการทดลองปรากฏว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมมี RMSE ต่ำกว่าแบบจำลอง Respond surface โดยค่า RMSE สำหรับการทำนาย μMax คือ 0.011 และ 0.013 และสำหรับการทำนาย Lag phase คือ 6.70 และ 6.88 สำหรับแบบจำลอง BPN และ RS ตามลำดับ

นอกจากการใช้แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์แล้วก็พบว่ามีการใช้เพื่อทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อราโดย Panagou *et al.* (2007) ศึกษาการใช้แบบจำลองในการทำนาย specific growth rate ของเชื้อรา *Monacus rubber* จากอิทธิพลของอุณหภูมิ (20 - 40 องศาเซลเซียส) ปริมาณน้ำอิสระ (0.937 - 0.970) และความเป็นกรด-ด่าง (3.5 - 5.0) พบว่าในชุดสร้างแบบจำลองแบบจำลอง RBFN ให้ผลดีกว่าแบบจำลอง RS มาก ในขณะที่ในชุดทดสอบแบบจำลอง RBFN ทำนายค่าได้ดีพอสมควร โดยแบบจำลอง RBFN และแบบจำลอง RS มีค่า RMSE เท่ากับ 0.063 และ 0.156 สำหรับชุดสร้างแบบจำลองตามลำดับ และมีค่า RMSE เท่ากับ 0.167 และ 0.441 สำหรับชุดทดสอบ

นอกจากนี้ยังมีการใช้แบบจำลองเชิงประจักษ์ในการทำนายอื่นๆ เช่น Yu *et al.* (2006) ทดลองใช้แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับในการทำนายการเจริญเติบโตของกุ้งจากน้ำหนักตัวในช่วงอายุต่าง ๆ ผลการศึกษาพบว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมมีความถูกต้องในการทำนายการเจริญเติบโตของกุ้งมากกว่าแบบจำลองการถดถอย โดยมีค่า RMSE และ R^2 เท่ากับ 1.294 และ 0.979 ตามลำดับ และสำหรับแบบจำลองการถดถอยแบบ linear, polynomial, log reciprocal, von Bertalanffy, Gompertz, logistic และ exponential มีค่า RMSE เท่ากับ 6.512, 5.461, 14.510, 1.852, 2.037, 1.944 และ 11.631 ค่า R^2 เท่ากับ 0.837, 0.872, 0.660, 0.957, 0.948, 0.955 และ 0.728 ตามลำดับ Balasubramanian *et al.* (2009) ศึกษาการใช้เครือข่ายประสาทเทียมร่วมกับระบบจมูกเทียม Metal oxide-based ในการบ่งชี้การเสื่อมเสียของเนื้อ (*M. Longissimus lumborum*) ในสภาวะการเก็บรักษาที่ 4 และ 10 องศาเซลเซียสโดยการใช้

แบบจำลองเครือข่ายเทียมแบบ RBFN ในการจัดกลุ่ม (Classification) เป็น 2 กลุ่มคือ ไม่เสื่อมเสีย (จุลินทรีย์ทั้งหมดน้อยกว่า 6.0 logCFU/g) และเสื่อมเสีย (จุลินทรีย์ทั้งหมดมากกว่า 6.0 logCFU/g) และทวนสอบด้วยวิธี leave-1-out cross validation พบว่าแบบจำลองมีความสามารถในการจัดกลุ่มสูงกว่า 90% และเมื่อทำการเปรียบเทียบค่าจริงและค่าทำนายพบว่ามีค่า R^2 มากกว่า 0.7 ทั้ง 2 ระดับอุณหภูมิ Chowdhury *et al.* (2007) ใช้แบบจำลอง Logistic และ Gompertz เพื่อทำนายการเจริญเติบโตของเชื้อ *Pediococus acidilactici* ซึ่งแบบจำลองทั้งสองประเภทใช้ฟังก์ชั่นในรูป Sigmoid โดยทำการศึกษาที่อุณหภูมิ 30, 37 และ 40 องศาเซลเซียสพบว่ากราฟการเจริญที่สร้างขึ้นที่อุณหภูมิต่าง ๆ จากแบบจำลองทั้งสองสามารถใช้อธิบายการเจริญของเชื้อ *Pediococus acidilactici* ได้ดี และยังพบว่าสภาวะที่เชื้อเจริญเติบโตได้ดีที่สุดคือที่อุณหภูมิ 37 องศาเซลเซียส และค่า pH 6.5 โดยใช้สมการ Gompertz ในการอธิบาย นอกจากนี้แบบจำลองยังมีความลำเอียงซึ่งวัดในรูป Bias factor ที่น้อย (ใกล้เคียง 1) และคลาดเคลื่อนในรูป Mean square error ที่ต่ำด้วย (0.009 logCFU/ml)

งานวิจัยที่กล่าวมามีทั้งงานวิจัยที่เปรียบเทียบระหว่างแบบจำลองเชิงประจักษ์ด้วยกัน ได้แก่ แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ Probabilistic neural network (PNN) แบบจำลองเครือข่ายเทียมแบบ RBFN แบบจำลองการถดถอยรูปแบบต่างๆ คือ Linear, Polynomial, Log reciprocal, Logistic, Exponential และแบบจำลอง Response surface (RS) และเปรียบเทียบระหว่างแบบจำลองเชิงประจักษ์กับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ ได้แก่ แบบจำลองของ Cerf (Cerf's model), Von Bertalanffy และ Gompertz model โดยงานวิจัยส่วนใหญ่จะเปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายจากค่าความคลาดเคลื่อนในรูปแบบของ Root mean square error (RMSE), Standard error of prediction (SEP) และ R^2 และข้อสรุปของงานวิจัยต่าง ๆ อยู่ในแนวทางเดียวกันคือ แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมสามารถนำไปใช้ในการทำนายตัวแปรต่าง ๆ ได้อย่างมีความถูกต้องมากกว่าแบบจำลองอื่น ๆ เช่น แบบจำลองการถดถอย และแบบจำลอง Respond surface

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

1. อุปกรณ์เก็บข้อมูล Data locker
2. เทอร์โมมิเตอร์
3. เครื่องวัดค่าความเป็นกรด-ด่าง
4. คอมพิวเตอร์ระบบปฏิบัติการ Windows XP
5. โปรแกรมคอมพิวเตอร์ Microsoft Office 2003
6. โปรแกรมคอมพิวเตอร์ Minitab Version 15
7. โปรแกรม NeuralWorks Explorer Student Version

วิธีการ

งานวิจัยนี้แบ่งออกเป็น 4 ส่วน ได้แก่

1. การเก็บข้อมูล

2. การจัดการข้อมูล

3. การสร้างแบบจำลองการทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus*

4. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลอง

1. การเก็บข้อมูลและวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

1.1 รวบรวมข้อมูลทุติยภูมิเกี่ยวกับปัจจัยหรือสภาวะที่ส่งผลต่ออัตราการเจริญและปริมาณของ *Vibrio parahaemolyticus* ในอุตสาหกรรมกุ้งแช่เยือกแข็งระหว่างช่วงของการเก็บเกี่ยว การขนส่ง และการแปรรูป จากเอกสารวิชาการต่าง ๆ

1.2 สำรวจ วัดและบันทึกปัจจัยที่มีอิทธิพลต่ออัตราการเจริญและปริมาณของ *Vibrio parahaemolyticus* เช่น ความเป็นกรด-ด่าง อุณหภูมิ เวลา ปริมาณเกลือ ปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น ในช่วงการเก็บเกี่ยว การขนส่งและการแปรรูป โดยเก็บจากฟาร์มเพาะเลี้ยงกุ้งจำนวน 3 ราย แพขาย 1 ราย โรงงานแปรรูปกุ้งแช่เยือกแข็งจำนวน 1 ราย และตลาดค้าปลีก 1 ราย

1.3 คัดเลือกปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการเจริญของ *Vibrio parahaemolyticus* ซึ่งจากการวิจัยพบว่า ได้แก่ ปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้นและอุณหภูมิ และกำหนดช่วงค่าที่เป็นไปได้ของปัจจัยดังกล่าว เพื่อนำไปศึกษาอัตราการเจริญของจุลินทรีย์ในห้องปฏิบัติการ และนำข้อมูลมาสร้างแบบจำลองการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus*

1.4 การศึกษาอิทธิพลของปัจจัยที่สำคัญต่อการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแวนนาไม

1.4.1 การเตรียมกล้าเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus*

ถ่ายเชื้อ *Vibrio parahaemolyticus* สายพันธุ์ TDH 330 ที่เก็บรักษาในอาหารเลี้ยงเชื้อ Semisolid จำนวน 1 ลูปในอาหารเลี้ยงเชื้อ Tryptose soy broth (Merck, Darmstadt, Germany) ที่เติมเกลือ NaCl 3% (TSBS) บ่มเชื้อที่อุณหภูมิ 37°ซ เป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วถ่ายเชื้อซ้ำอีกสองครั้ง ครั้งสุดท้ายบ่มเชื้อเป็นเวลา 18 ชั่วโมง

1.4.2 การเตรียมตัวอย่าง

ซื้อกุ้งขาวแวนนาไมจากตลาดสดหรือซุปเปอร์มาร์เก็ตบริเวณมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เก็บรักษาในกล่องโฟมบรรจุน้ำแข็งเพื่อรักษาอุณหภูมิระหว่างการขนส่งนำกุ้งทั้งตัวปั่นในเครื่องบดผสมอาหารจนละเอียด แล้วจำลองการปนเปื้อน *Vibrio parahaemolyticus* ในเนื้อกุ้งบดโดยปิเปตสารละลายเชื้อที่ระดับความเข้มข้นที่เหมาะสมเพื่อให้มีปริมาณเชื้อเริ่มต้นประมาณ 4 logCFU/g คลุกเคล้าให้ทั่ว หลังจากนั้นแยกบรรจุในถุงปลอดเชื้อ ถุงละ 50 กรัม และปิดปากถุงให้สนิทด้วยเครื่องผนึกปากถุงนำไปเก็บรักษาที่ระดับอุณหภูมิซึ่งมีโอกาสเป็นไปได้ในช่วงการผลิต การเคลื่อนย้าย และการเก็บรักษากุ้งขาวแช่เยือกแข็ง ได้แก่ -20, -10, 0, 4, 10, 37 และ 44°C

1.4.3 การเก็บตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์ปริมาณจุลินทรีย์

ทำการเก็บตัวอย่างมาวิเคราะห์ปริมาณจุลินทรีย์จนกว่ากุ้งจะเน่าเสีย โดยที่อุณหภูมิ 44 และ 37 องศาเซลเซียสทำการเก็บตัวอย่างทุก 1 ชั่วโมง เป็นเวลา 6 และ 9 ชั่วโมง ตามลำดับ ที่อุณหภูมิ 20 องศาเซลเซียสเก็บตัวอย่างทุก 2 ชั่วโมงเป็นเวลา 16 ชั่วโมง ที่อุณหภูมิ 10, 4 และ 0 องศาเซลเซียสทำการเก็บตัวอย่างทุก 24 ชั่วโมง เป็นเวลา 96, 144 และ 360 ชั่วโมง ตามลำดับ และที่อุณหภูมิ -10 และ -20 องศาเซลเซียสทำการเก็บตัวอย่างทุก 168 ชั่วโมง เป็นเวลา 672 ชั่วโมง

1.4.4 การวิเคราะห์จำนวนจุลินทรีย์ในกุ้งขาวแวนนาไมที่เวลาต่างๆ

ตรวจสอบปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* เริ่มต้นและที่อุณหภูมิ -20, -10, 0, 4, 10, 20, 37 และ 44 องศาเซลเซียสที่เวลาต่าง ๆ ตามข้อ 1.4.3 จนกระทั่งกุ้งเน่าเสีย โดยใช้วิธี Most Probable Number (MPN) และทำการยืนยันว่าเป็น *Vibrio parahaemolyticus* จากยีน *tdh* โดยวิธี Polymerase Chain Reaction (PCR) (Food and Drug Administration, F 2004) โดยดำเนินการตรวจสอบจำนวน 3 ซ้ำที่แต่ละสภาวะอุณหภูมิ

2. การจัดการข้อมูลเพื่อสร้างแบบจำลองในการทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus*

งานวิจัยนี้ศึกษาแบบจำลองเพื่อการทำนายการเจริญของ *Vibrio parahaemolyticus* ในอุตสาหกรรมกุ้งแช่เยือกแข็ง 3 ประเภทได้แก่ แบบจำลองการถดถอย และแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบส่งถ่ายข้อมูลย้อนกลับ (BPN) และแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมแบบเรเดียลเบสิสฟังก์ชั่น (RBFN)

การสร้างแบบจำลองในงานวิจัยนี้ดำเนินการใน 3 รูปแบบคือ แบบจำลองการเจริญ (Growth model) แบบจำลองการตาย (Death model) และแบบจำลองรวมของการเจริญเติบโต (Growth-Death model) โดยแบบจำลองในช่วงการเจริญนั้นจะใช้ข้อมูลที่อุณหภูมิ 20, 37 และ 44 องศาเซลเซียส สำหรับแบบจำลองช่วงการตายนั้นใช้ข้อมูลที่อุณหภูมิ -20, -10, 0, 4, 10 องศาเซลเซียส และแบบจำลองรวมนั้นใช้ข้อมูลของอุณหภูมิทั้งหมด

นำข้อมูลที่เก็บได้จากข้อ 1.4.3 มาจัดให้อยู่ในรูปความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้น และตัวแปรตาม โดยที่ตัวแปรต้น (x) คือ เวลา (ชั่วโมง) ปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น (Log MPN/g) และอุณหภูมิตามช่วงการเจริญเติบโตที่เหมาะสม (องศาเซลเซียส) ส่วนตัวแปรตาม (y) คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* (Log MPN/g) จะได้ข้อมูลทั้งหมด 135 ค่า จากนั้นจัดเตรียมข้อมูลสำหรับสร้างและตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลองดังนี้

2.1 แบบจำลองการถดถอย สุ่มแบ่งข้อมูลเป็น 2 ชุดได้แก่ ชุดสร้างแบบจำลอง (Fitting set) จำนวน 80% ของข้อมูลทั้งหมดและชุดทวนสอบ (Validating set) จำนวน 20% ที่เหลือ

2.2 แบบจำลอง BPN และ RBFN นำข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองในข้อ 2.1 มาแบ่งเป็น 2 ส่วน คือชุดเรียนรู้ (Training set) จำนวน 85% และชุดทดสอบ (Testing set) จำนวน 15% เพื่อใช้ในการหาโครงสร้างและพารามิเตอร์ที่เหมาะสมของแบบจำลอง และใช้ชุดทวนสอบชุดเดียวกับข้อ 2.1

3. การสร้างแบบจำลองทำนายการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus*

3.1 แบบจำลองการถดถอย

3.1.1 ศึกษาเปรียบเทียบสร้างแบบจำลองการถดถอยจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง โดยใช้โปรแกรม Minitab 3 รูปแบบคือ แบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นแบบพหุ แบบโพลิโน-เมียลอันดับ 2 และแบบโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันได (Stepwise) โดยกำหนดความน่าจะเป็นในการเลือกตัวแปรนำเข้าและคัดตัวแปรออกของสมการการถดถอยแบบขั้นบันไดจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองเท่ากับ 0.05 ในการสร้างแบบจำลองการถดถอยแบบโพลิโนเมียล ให้แสดงตัวแปรนำเข้าแต่ละตัวในรูปของค่าเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ย $x_{ij} - \bar{x}_{i.}$ เพื่อลดผลของสหสัมพันธ์ร่วม (Multicollinearity) ระหว่างตัวแปรนำเข้า

โดยที่ x_{ij} หมายถึง ค่าตัวแปรปัจจัยที่ i ของข้อมูลลำดับที่ j

$\bar{x}_{i.}$ หมายถึง ค่าเฉลี่ยของปัจจัยที่ i ตลอดทุก ๆ ลำดับ j

3.1.2 การตรวจสอบความเหมาะสมของแบบจำลอง ประกอบด้วยการตรวจสอบความถูกต้องของข้อสมมติทางสถิติที่ว่าค่าความคลาดเคลื่อน (Residuals) ของแบบจำลองการถดถอยต้องมีการแจกแจงแบบปกติ เป็นอิสระต่อกัน และมีความแปรปรวนคงที่

ก. ตรวจสอบการแจกแจงปกติได้โดยใช้ Normal probability plot ของค่าความคลาดเคลื่อน ซึ่งต้องได้เส้นตรง หรือต้องไม่ปฏิเสธสมมติฐานหลักใน Kolmogorov-Smirnov test

ข. ตรวจสอบความเป็นอิสระหรือระดับความรุนแรงของสหสัมพันธ์ร่วมระหว่างตัวแปรนำเข้า ทำได้โดยการคำนวณค่า Variance inflation factor (VIF) ซึ่งค่า VIF ควรมีค่าไม่เกิน 10 จึงจะถือว่าไม่มีปัญหาของสหสัมพันธ์ร่วม

ค. ตรวจสอบภาวะความแปรปรวนคงที่โดยใช้แผนภาพระหว่างค่าความคลาดเคลื่อนของการทำนายค่าประมาณของปริมาณจุลินทรีย์ซึ่งต้องไม่พบการกระจายออกในตอนปลายใดปลายหนึ่ง

3.1.3 ทดสอบความถูกต้องในการทำนายและการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองโดยการนำแบบจำลองที่มีความน่าเชื่อถือมาทำนายข้อมูลชุดทวนสอบคำนวณหาค่าความคลาดเคลื่อนในรูป MAE และ RMSE ดังสมการที่ (20) และ (21) ตามลำดับ

$$MAE = \frac{\sum_{i=1}^{n} |y_i - \hat{y}_i|}{n} \tag{20}$$

$$RMSE = \sqrt{\sum_{i}^{n} \frac{(y_i - \hat{y}_y)^2}{n}} \tag{21}$$

โดยที่ $\hat{y}_i$ คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* จากการทำนายของข้อมูลลำดับที่ i

y_i คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ที่แท้จริงของข้อมูลลำดับที่ i

n คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมดที่ทดสอบ

3.2 แบบจำลอง BPN และ RBFN

สร้างแบบจำลองทั้ง 2 ประเภทจากข้อมูลชุดเรียนรู้ด้วยโปรแกรม Neuralworks Explorer

3.2.1 ศึกษาโครงสร้างและพารามิเตอร์ที่เหมาะสมโดยกำหนดโครงสร้างพื้นฐานคือหน่วยข้อมูลนำเข้า แสดงตัวแปรต้นได้แก่ อุณหภูมิ (T) เวลา (t) และปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น (N_0) จำนวน 3 หน่วย จำนวนชั้นซ่อน 1 ชั้น และหน่วยผลลัพธ์แสดงปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* จำนวน 1 หน่วย ศึกษาแปรค่าจำนวนหน่วยซ่อนที่ 1, 3, 5, 7, 9 อัตราการเรียนรู้ที่ 0.1, 0.3, 0.5 โมเมนตัมที่ 0, 0.1, 0.3, 0.5 ฟังก์ชั่นกระตุ้นแบบซิกมอยด์ และไฮเปอร์โบลิกแทนเจน และปรับน้ำหนักสุ่มเริ่มต้น 3 ครั้ง ปรับค่าตัวแปรทั้งหมดให้อยู่ในช่วงการเรียนรู้ที่เหมาะสมโดยการใช้คำสั่ง Min-Max table และ Bipolar Input จากโปรแกรม Neuralworks Explorer กำหนดรอบการเรียนรู้ที่เหมาะสมเลือกจากการให้แบบจำลองเรียนรู้ด้วยข้อมูลชุดเรียนรู้ และหยุดการเรียนรู้เพื่อทดสอบการทำนายด้วยข้อมูลชุดทดสอบเป็นช่วง ๆ โดยรอบการเรียนรู้ที่เหมาะสมคือจุดที่ให้ค่าคลาดเคลื่อนการทำนายของชุดทดสอบต่ำที่สุด เลือกโครงสร้างและพารามิเตอร์ที่เหมาะสมจากค่าความคลาดเคลื่อนในรูป MAE และ RMSE ของชุดทดสอบ ดังสมการที่ (20) และ (21) ตามลำดับ

3.2.2 ทดสอบความถูกต้องในการทำนายและการใช้งานทั่วไปของแบบจำลอง โดยการนำแบบจำลองที่คัดเลือกได้ในข้อ 3.2.1 มาสร้างใหม่เพื่อนำไปใช้งานจริงจากโครงสร้างและพารามิเตอร์ที่คัดเลือกได้ โดยใช้ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (ชุดเรียนรู้รวมกับชุดทดสอบ) จากนั้นนำมาทำนายข้อมูลชุดทวนสอบแล้วคำนวณหาค่าความคลาดเคลื่อนในรูป MAE และ RMSE ดังสมการที่ (20) และ (21) ตามลำดับ

4. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลอง

4.1 เปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองทั้ง 2 ประเภทโดยเปรียบเทียบค่าความคลาดเคลื่อนของแบบจำลองการถดถอยแบบจำลอง BPN และ RBFN ที่คัดเลือกได้จากข้อ 3 ในรูป MAE และ RMSE ของข้อมูล 2 ชุด คือ ชุดสร้างแบบจำลอง และชุดทวนสอบแบบจำลองที่ดีควรมีค่าความคลาดเคลื่อนในการทำนายของข้อมูลทุก ๆ ชุดต่ำ

4.2 การวิเคราะห์ความลำเอียงของแบบจำลอง ความลำเอียง (Bias) คือ การที่ความคลาดเคลื่อนที่เกิดขึ้นมีการแจกแจงอย่างมีระบบ หรือมีรูปแบบที่สังเกตได้ (Ross, 1996) ซึ่งสามารถตรวจสอบได้จากค่าโดยคำนวณค่า Tracking signal (TS) ดังสมการที่ (22)

$$TS = \frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)}{MAE} \qquad (22)$$

โดยที่ $\hat{y}_i$ คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* จากการทำนายของข้อมูลลำดับที่ i

y_i คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ที่แท้จริงของข้อมูลลำดับที่ i

n คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมดที่ทดสอบ

โดยถ้าค่า TS อยู่ในช่วง ± 6 แสดงว่าแบบจำลองมีความลำเอียงในระดับที่ยอมรับได้ แต่ถ้าหากค่าอยู่นอกช่วงดังกล่าว แสดงว่าแบบจำลองมีความลำเอียงมากเกินไป โดยอาจจะลำเอียงไปทางด้านลบ (TS > 6) หมายถึงส่วนมากทำนายได้ต่ำกว่าค่าจริง (Underestimation) หรืออาจจะลำเอียงไปทางด้านบวก (TS < -6) หมายถึงส่วนมากทำนายได้มากกว่าค่าจริง (Overestimation) (Chopra and Meindl, 2006)

5. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตแบบต่างๆ

เปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำนายของแบบจำลองทั้งหมดในช่วงการเจริญ ช่วงการตาย และช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดจากค่าความคลาดเคลื่อนในรูปค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์ในรูปของเปอร์เซ็นต์ (Mean absolute percentage error, MAPE) ซึ่งคำนวณได้ดังสมการที่ (23)

$$MAPE = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left|\frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i}\right| \qquad (23)$$

โดยที่ $\hat{y}_i$ คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* จากการทำนายของข้อมูลลำดับที่ i

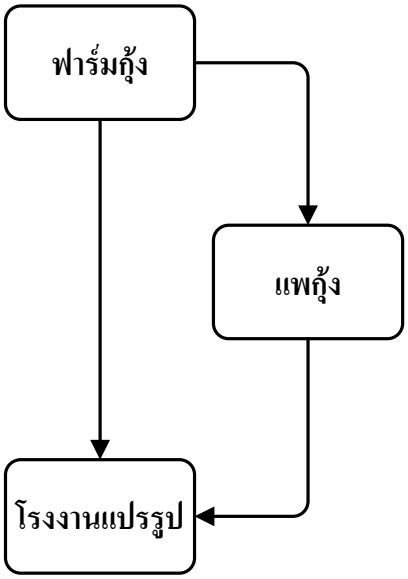
y_i คือ ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ที่แท้จริงของข้อมูลลำดับที่ i

n คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมดที่ทดสอบ

ผลและวิจารณ์

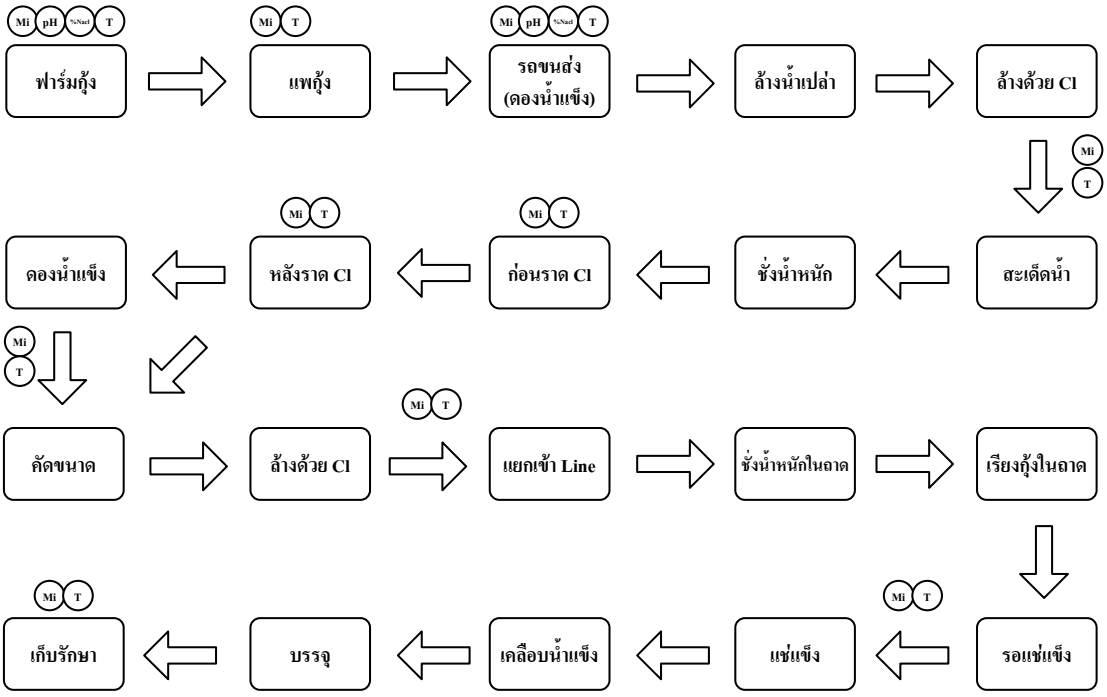
1. การสำรวจและเก็บข้อมูล

เส้นทางของกุ้งจากการเก็บเกี่ยวสู่โรงงานแปรรูปกุ้งขาวแช่เยือกแข็งที่สำรวจเป็นดังภาพที่ 14



ภาพที่ 14 เส้นทางการจัดส่งกุ้งสู่โรงงานแปรรูปกรณีศึกษา

ขั้นตอนการผลิตผลิตภัณฑ์กุ้งขาวแช่เยือกแข็งจากโรงงานแปรรูปกุ้งขาวแช่เยือกแข็งกรณีศึกษาและจุดที่ทำการสุ่มตัวอย่างเพื่อตรวจสภาวะแวดล้อมและปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เป็นดังภาพที่ 15



โดย Mi หมายถึงตรวจวัดจำนวนเชื้อจุลินทรีย์

pH หมายถึงตรวจวัดความเป็นกรด – ด่าง

%Nacl หมายถึงตรวจวัดปริมาณเกลือ

T หมายถึงตรวจวัดอุณหภูมิ

ภาพที่ 15 กระบวนการผลิตกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง

ผลการสำรวจและเก็บข้อมูลปัจจัยหรือสภาวะแวดล้อมที่มีผลต่อการเจริญของ *Vibrio paraheamolyticus* ในการผลิตกุ้งขาวแช่เยือกแข็งตั้งแต่กระบวนการเก็บเกี่ยว การขนส่ง การผลิต จนถึงการเก็บรักษา เป็นดังตารางที่ 5 และสามารถสรุปถึงปัจจัยที่ และช่วงที่เป็นไปได้ของแต่ละปัจจัยดังตารางที่ 6

ตารางที่ 5 ผลการสำรวจและเก็บตัวอย่างกุ้ง

จุดที่สำรวจ / เก็บตัวอย่าง	อุณหภูมิ (°C)	ปริมาณจุลินทรีย์ (logMPN/g)	ความเป็นกรด-ด่าง	ปริมาณเกลือ (%)
ฟาร์มกุ้ง	32.5*	3.0 – 5.0	9.61 – 10.07	0
แพกุ้ง	32.5*	4.6 – 5.0	-	-
ตลาดค้าปลีก	-	1.8 – 4.6	-	-
บนรถขนส่ง	2.1 – 2.4	<3.0	7.40 – 7.43	0.4
หลังล้างด้วยคลอรีนก่อนการสะเด็ดน้ำ	9.4 – 15.3	<3.5	7.9 – 7.96	0.2
หลังการชั่งน้ำหนัก	18.6 – 18.7*	1.0 – 2.0	-	-
หลังการราดด้วยคลอรีนครั้งที่ 2	18.6 – 18.7*	<3.0 – 4.6	-	-
ก่อนการคัดขนาด	1.6 – 2.0	<3.0	7.44 – 7.52	0.2
ก่อนแยกเข้า Line ผลิต	21.4 – 21.5*	<3.0 – 4.3	-	-
ผลิตภัณฑ์สุดท้าย	(-19.0) – (-19.4)	3.5 – 4.1	-	-

หมายเหตุ: * เป็นอุณหภูมิของสิ่งแวดล้อม

ตารางที่ 6 ช่วงปัจจัยที่ส่งผลต่อการเจริญของ *Vibrio parahaemolyticus*

ปัจจัย	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
อุณหภูมิ (°ซ)	-18	32.5
ความเป็นกรด-ด่าง	7.40	7.96
ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ทั้งหมดที่ฟาร์ม (log CFU/g)	3	5
ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ทั้งหมดที่แพ (log CFU/g)	4.6	5
ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ทั้งหมดที่ตลาดค้าปลีก (log CFU/g)	1.8	4.6
ปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ทั้งหมดที่โรงงาน (log CFU/g)	3	4.6
ความเค็มเทียบเป็น % เกลือโซเดียมคลอไรด์	0.0	0.4

จากขอบเขตของปัจจัยที่ได้จากการเก็บข้อมูล และการวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการทำให้สามารถกำหนดปัจจัยและขอบเขตของปัจจัยที่สนใจจะศึกษาได้ดังนี้

1. ปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น

ช่วงความเป็นไปได้ในการพบเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ที่พบในอุตสาหกรรมกุ้งแช่แข็งอยู่ในช่วง 1.8 – 4.6 logMPN/g จึงกำหนดช่วงปริมาณการเติมจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ที่มียีน *tdh* ในช่วง 2 – 5 logCFU/g

2. อุณหภูมิ

ช่วงความเป็นไปได้ในการเจริญของเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ที่พบในอุตสาหกรรมกุ้งแช่แข็งอยู่ในช่วง -18 ถึง 28.4 องศาเซลเซียส อย่างไรก็ตามการวิจัยทำในช่วงฤดูฝนที่อุณหภูมิไม่สูงมากและเพื่อเป็นการป้องกันการเจริญในสภาวะแวดล้อมแบบแย่ที่สุด (Worst case scenario) ซึ่งอุณหภูมิที่สูงที่สุดที่ *Vibrio parahaemolyticus* สามารถเจริญเติบโตได้คือ 44 องศาเซลเซียส จึงดำเนินการศึกษาอุณหภูมิที่ระดับ -20, -10, 0, 4, 10, 20, 37 และ 44 องศาเซลเซียส และแบ่งระดับการศึกษาดังนี้

2.1 แบบจำลองการเจริญจำนวน 3 ระดับคือ 20, 37, 44 องศาเซลเซียส

2.2 แบบจำลองการตายจำนวน 5 ระดับคือ -20, -10, 0, 4, 10 องศาเซลเซียส

2.3 แบบจำลองการเจริญเติบโตทั้งหมดจำนวน 8 ระดับคือ -20, -10, 0, 4, 10, 20, 37, 44 องศาเซลเซียส

3. ปริมาณเกลือ

เนื่องจากปริมาณเกลือมีการเปลี่ยนแปลงน้อยมากในกระบวนการผลิตกุ้งแช่แข็งจากฟาร์มถึงผลิตภัณฑ์สุดท้ายจึงกำหนดปริมาณเกลือไว้ที่ 2.5%

4. ความเป็นกรด-ด่าง

เนื่องจากความเป็นกรด-ด่างมีการเปลี่ยนแปลงน้อยมากในกระบวนการผลิตกุ้งแช่แข็งจากฟาร์มถึงผลิตภัณฑ์สุดท้ายจึงกำหนดค่าความเป็นกรด-ด่างไว้ที่ประมาณ 7 ± 0.5

2. การสร้างแบบจำลอง

2.1 แบบจำลองการถดถอย

แบบจำลองการถดถอยรูปแบบต่าง ๆ ได้แก่ แบบจำลองเชิงเส้นแบบพหุ แบบจำลองโพลิโนเมียลอันดับ 2 และแบบจำลองโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันไดที่สร้างขึ้นเพื่อทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ของข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง ในช่วงการเจริญเติบโตแบบต่าง ๆ ให้ผลการทำนายดังตารางที่ 7 พบว่าแบบจำลองการถดถอยซึ่งสามารถทำนายค่าได้ถูกต้องมากกว่าอยู่ในรูปโพลิโนเมียลลำดับที่ 2 ไม่ว่าจะเป็นแบบจำลองในช่วงการเจริญ ช่วงการตาย หรือทั้ง 2 ช่วงพร้อมกัน ทั้งนี้เนื่องจากรูปแบบการเจริญเติบโตของ *Vibrio parahaemolyticus* นั้นมีความซับซ้อนและตัวแปรต้นทั้ง 3 ตัวแปรและปฏิสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้นมีอิทธิพลต่อปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* อย่างมีนัยสำคัญ อย่างไรก็ตามเมื่อดำเนินการตรวจสอบเงื่อนไขทางสถิติพบว่าแบบจำลองที่ผ่านการทดสอบคือมีค่าความคลาดเคลื่อนซึ่งมีการแจกแจงปกติ มีค่าความแปรปรวนคงที่ และไม่มีสหสัมพันธ์ร่วม และสมควรนำไปใช้ต่อได้แก่ แบบจำลองโพลิโนเมียลอันดับ 2 สำหรับทำนายในช่วงการเจริญ แบบจำลองโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันไดสำหรับทำนายในในช่วงการตาย ในขณะที่ไม่มีแบบจำลองใดผ่านเกณฑ์สำหรับทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

ตารางที่ 7 แบบจำลองการถดถอยสำหรับการทำนายการเจริญเติบโตของ *Vibrio paraheamolyticus* ในรูปแบบต่าง ๆ ของข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง

รูปแบบการถดถอย	การเจริญ			การตาย			การเจริญเติบโตทั้งหมด		
	RMSE (logMPN/g)	MAE	ความน่าเชื่อถือ	RMSE (logMPN/g)	MAE	ความน่าเชื่อถือ	RMSE (logMPN/g)	MAE	ความน่าเชื่อถือ
อันดับ 1 แบบพหุ	12.3	1.5	น่าเชื่อถือ	9.0	0.9	ความแปรปรวนไม่คงที่	22.8	1.7	ไม่แจกแจงปกติ
โพลิโนเมียลอันดับ 2	7.6	0.9	น่าเชื่อถือ	5.6	0.5	ไม่แจกแจงปกติ	21.0	1.5	ไม่แจกแจงปกติ ความแปรปรวนไม่คงที่ VIF > 10
โพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันได	18.3	1.9	ไม่แจกแจงปกติ ความแปรปรวนไม่คงที่	5.8	0.6	น่าเชื่อถือ	21.5	1.5	ไม่แจกแจงปกติ ความแปรปรวนไม่คงที่

สมการการถดถอยที่เหมาะสมในช่วงการเจริญและช่วงการตายเป็นดังต่อไปนี้

สมการการถดถอยสำหรับทำนายในช่วงการเจริญ

$$\begin{aligned}\text{LogMPN/g} = {} & 8.968962+\left(0.03406\times(T+31.91)\right)+\left(0.630371\times(t+5.59)\right)\\ & +\left(0.464919\times(N_0+4.16)\right)+\left(-0.017178\times\left((T+31.91)^2\right)\right)\\ & +\left(-0.013024\times\left((t+5.59)^2\right)\right)+\left(0.274671\times\left((N_0+4.16)^2\right)\right)\\ & +\left(-0.008424\times\left((T+31.91)\times(t+5.59)\right)\right)\\ & +\left(0.030916\times\left((T+31.91)\times(N_0+4.16)\right)\right)\\ & +\left(-0.322958\times\left((t+5.59)\times(N_0+4.16)\right)\right)\\ & +\left(0.016608\times\left((T+31.91)\times(t+5.59)\times(N_0+4.16)\right)\right)\end{aligned}$$

โดย T คืออุณหภูมิ

t คือเวลา

N_0 คือปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น

สมการการถดถอยสำหรับทำนายในช่วงการตาย

$$\begin{aligned}\text{LogMPN/g} = {} & 2.031+\left(-0.0133\times(t+136)\right)+\left(0.49\times\left(N_0+4.30\right)\right)\\ & +\left(0.00002\times\left((t+136)^2\right)\right)+\left(-0.56\times\left(\left(N_0+4.30\right)^2\right)\right)\\ & +\left(0.061\times\left((T-2.41)\times\left(N_0+4.30\right)\right)\right)\\ & +\left(-0.00174\times\left((t+136)\times\left(N_0+4.30\right)\right)\right)\end{aligned}$$

โดย T คืออุณหภูมิ

t คือเวลา

N_0 คือปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น

อย่างไรก็ตามถึงแม้จะไม่สามารถหาแบบจำลองการถดถอยเพื่อการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดที่เหมาะสมได้ แต่ได้เลือกแบบจำลองการถดถอยที่ผ่านการตรวจสอบสมมติฐานมากที่สุดเพื่อทำการเปรียบเทียบกับแบบจำลองประเภทอื่น ๆ ดังต่อไปนี้

สมการการถดถอยสำหรับทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

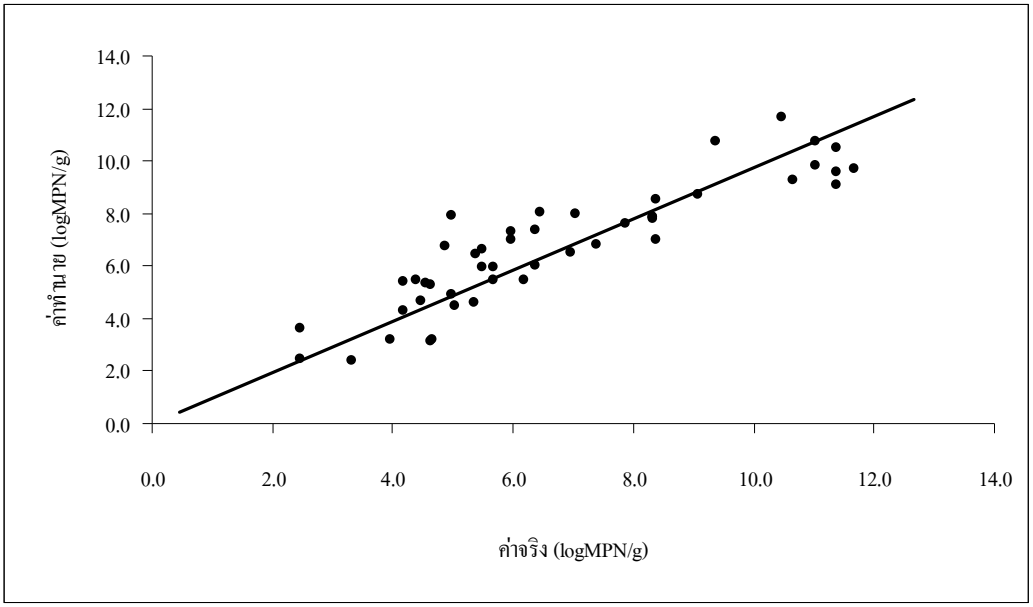
$$\text{LogMPN/g} = 2.11 + (0.0758 \times (T + 12.25)) + (-0.00565 \times (t + 80.28)) + (0.392 \times (N_0 + 4.24))$$

โดย T คืออุณหภูมิ

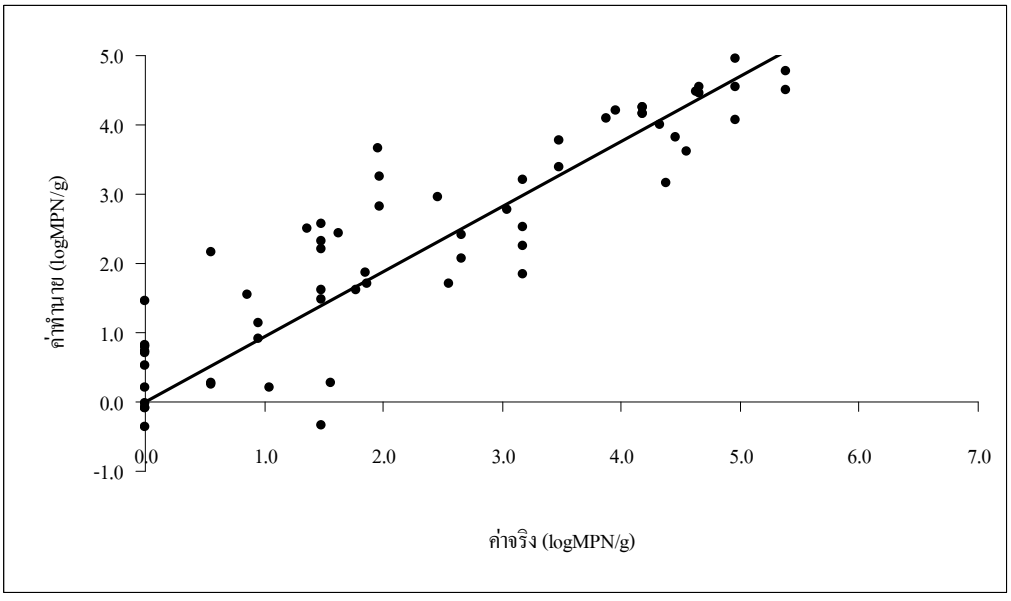
t คือเวลา

N_0 คือปริมาณจุลินทรีย์เริ่มต้น

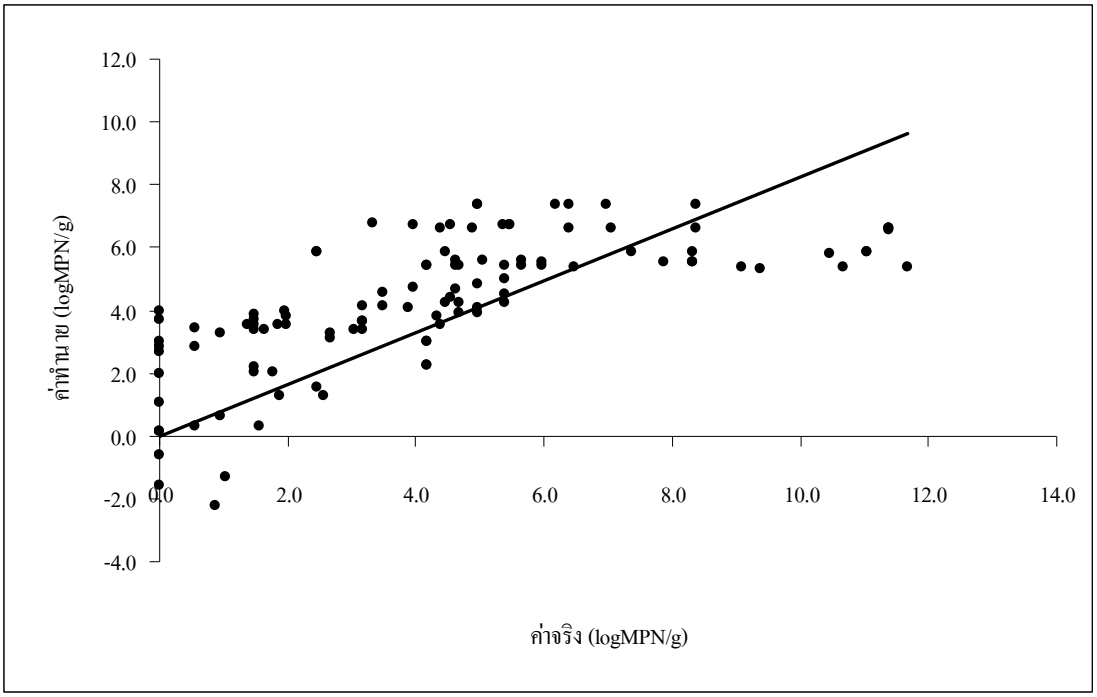
ความถูกต้องในการทำนายปริมาณจุลินทรีย์นั้นสามารถพิจารณาได้จากแผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนาย โดยถ้าข้อมูลเรียงกันเป็นเส้นตรงแสดงว่าแบบจำลองมีความถูกต้องในการทำนายสูง ซึ่งผลการเปรียบเทียบจากแบบจำลองที่คัดเลือกได้ 3 สมการข้างต้นเป็นดังภาพที่ 16 - 18 พบว่าแบบจำลองสำหรับทำนายในช่วงการเจริญและช่วงการตายมีความถูกต้องสูงกว่าในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด



ภาพที่ 16 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียลอันดับ 2 จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.7706)



ภาพที่ 17 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้ที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันไดจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.7996)



ภาพที่ 18 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้ที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลองการถดถอยอันดับ 1 แบบพหุจากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.1089)

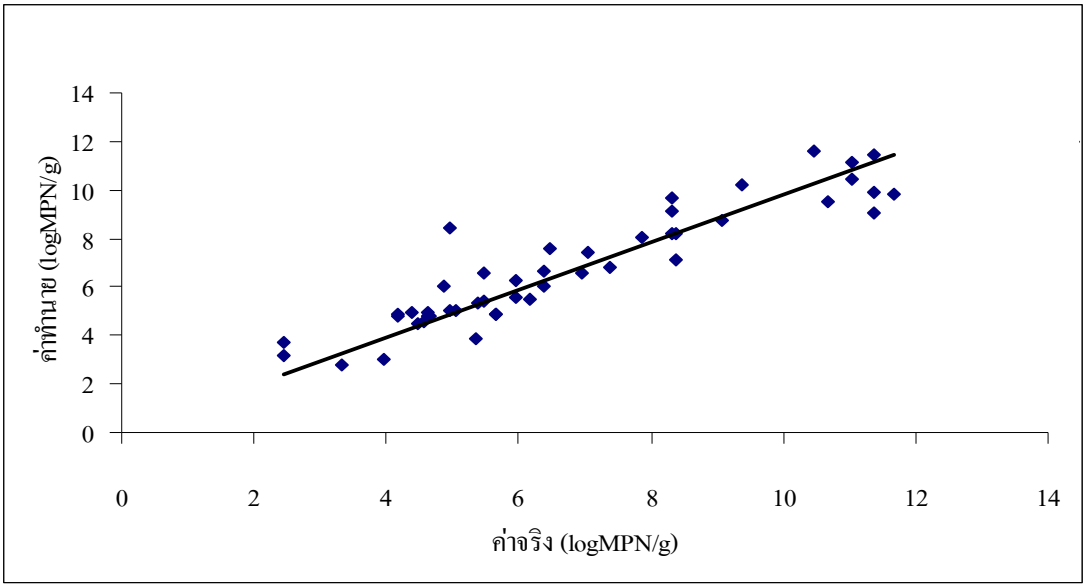
2.2 แบบจำลอง BPN และ แบบจำลอง RBFN

ผลการสร้างแบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN สำหรับการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ในช่วงการเจริญ การตาย และทั้ง 2 ช่วงพร้อมกัน โดยศึกษาแปรค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของแบบจำลองพบว่าอัตราการเรียนรู้ และโมเมนตัมไม่มีผลต่อค่าความคลาดเคลื่อนจึงได้กำหนดค่าไว้ที่ 0.1 และ 0 ตามลำดับ และได้โครงสร้างที่ดีที่สุดคือให้ค่าความคลาดเคลื่อนต่ำที่สุดแสดงดังตารางที่ 8

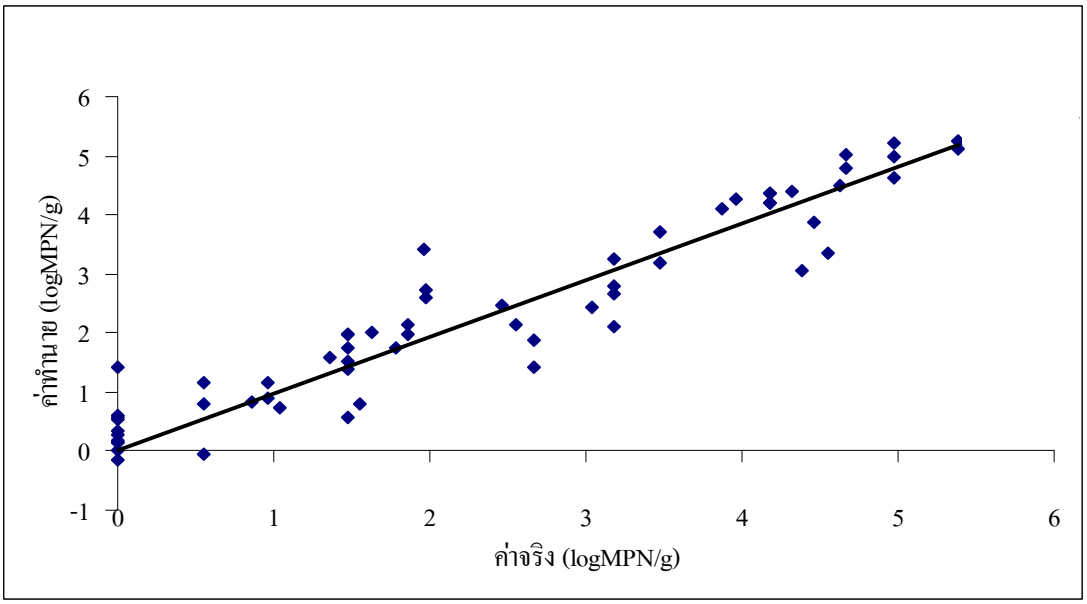
ตารางที่ 8 โครงสร้างและพารามิเตอร์ที่เหมาะสมของแบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN และ ค่าคลาดเคลื่อนของชุดสร้างแบบจำลอง

รูปแบบ	แบบจำลอง	จำนวนหน่วยซ่อน	ฟังก์ชั่นกระตุ้น	จำนวนรอบการเรียนรู้	MAE (LogMPN/g)	RMSE (LogMPN/g)
BPN	การเจริญ	3	tanH	32,000	0.6	0.8
	การตาย	9	sigmoid	269,000	0.4	0.5
	การเจริญเติบโตทั้งหมด	7	tanH	43,000	1.2	1.2
RBFN	การเจริญ	9	tanH	17,000	0.9	1.1
	การตาย	9	tanH	8,000	0.7	0.8
	การเจริญเติบโตทั้งหมด	9	tanH	40,000	1.3	1.8

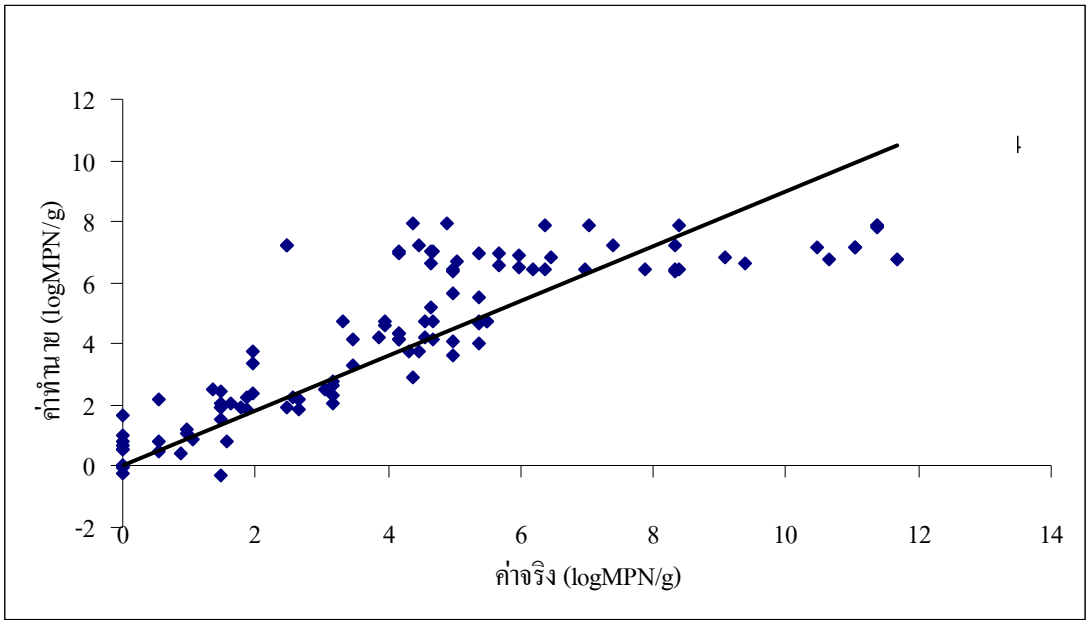
เมื่อนำปริมาณจุลินทรีย์จริงและปริมาณจากการทำนายในช่วงการเจริญ ช่วงการตาย และทั้ง 2 ช่วงพร้อมกันของแบบจำลอง BPN มาเปรียบเทียบกันให้ผลดังภาพที่ 19 - 21 พบว่าแบบจำลอง BPN นั้นสามารถทำนายข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองในช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียว หรือการตายเพียงอย่างเดียว ถูกต้องมากกว่าทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด เช่นเดียวกับแบบจำลองการถดถอยในขณะที่แบบจำลอง RBFN สามารถทำนายข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองในช่วงการเจริญได้ดีที่สุด และทำนายช่วงการตาย และช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดได้ไม่ดีเท่า ดังแสดงในภาพที่ 22 – 24



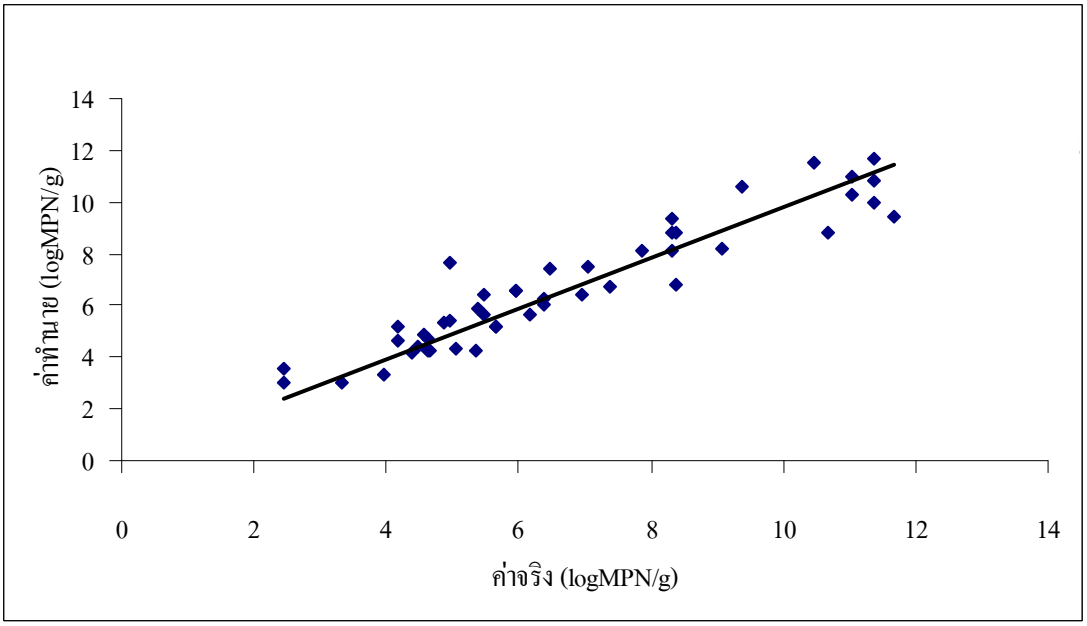
ภาพที่ 19 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.8354)



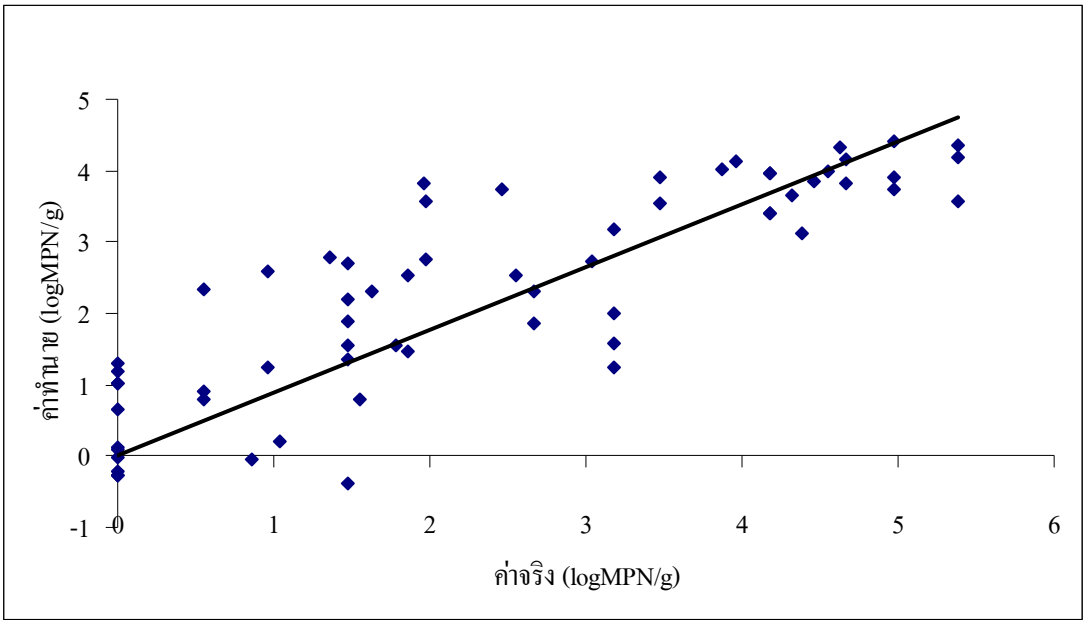
ภาพที่ 20 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.8967)



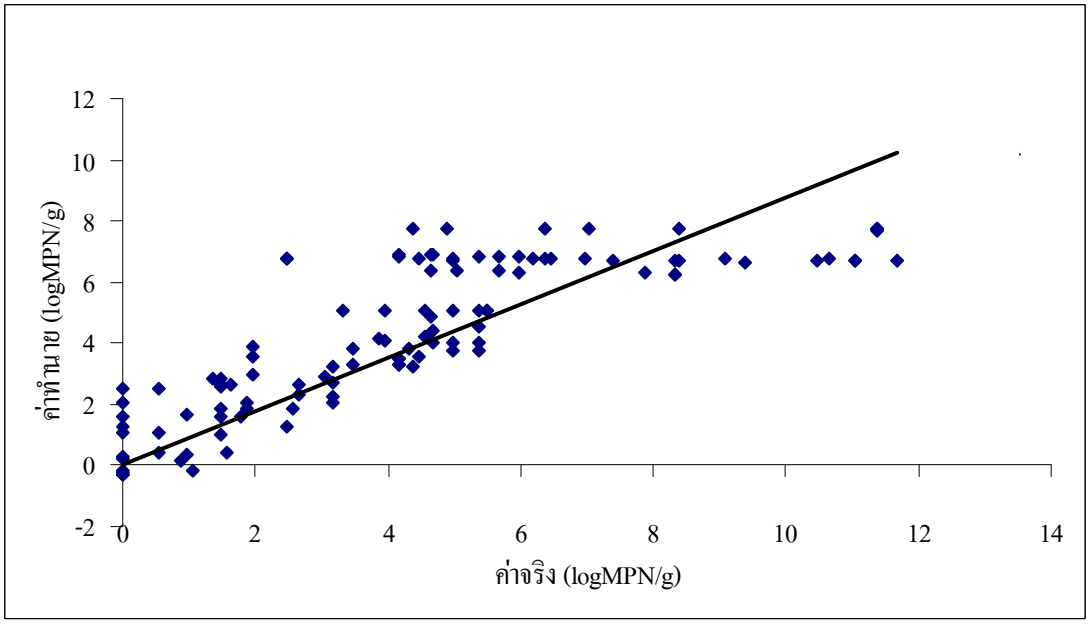
ภาพที่ 21 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลอง BPN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.6014)



ภาพที่ 22 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.8678)



ภาพที่ 23 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการตายของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.6591)



ภาพที่ 24 แผนภาพระหว่างค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดของแบบจำลอง RBFN จากข้อมูลชุดสร้างแบบจำลอง (R^2=0.5534)

3. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลอง

3.1 การตรวจสอบความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไป

เมื่อนำแบบจำลองการถดถอย แบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN ที่คัดเลือกได้มาเปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปในช่วงการเจริญ (ตารางที่ 9) พบว่าแบบจำลองที่ดีที่สุดคือแบบจำลอง 3-3-1 BPN อย่างไรก็ตามแบบจำลอง 3-9-1 RBFN ก็สามารถทำนายได้ถูกต้องมากกว่าแบบจำลองการถดถอย

ตารางที่ 9 ความถูกต้องและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการเจริญ

แบบจำลอง	**รูปแบบ**	**ค่าความคลาดเคลื่อน**			
		ชุดสร้างแบบจำลอง		**ชุดทวนสอบ**	
		RMSE	**MAE**	**RMSE**	**MAE**
		(logMPN/g)		**(logMPN/g)**	
การถดถอย	โพลิโนเมียลอันดับ 2	7.6	0.9	7.9	2.2
BPN	3 – 3 – 1*	1.0	0.7	0.8	0.6
RBFN	3 – 9 – 1*	0.9	0.7	1.0	0.7

หมายเหตุ: * แสดงจำนวนนิวรอนในชั้นนำเข้า ชั้นซ่อน และชั้นผลลัพธ์ตามลำดับ

เมื่อนำแบบจำลองการถดถอย แบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN ที่คัดเลือกได้มาเปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปในช่วงการตาย (ตารางที่ 10) พบว่าแบบจำลองที่ดีที่สุดคือแบบจำลอง 3-9-1 BPN อย่างไรก็ตามแบบจำลอง 3-9-1 RBFN ก็สามารถทำนายได้ถูกต้องมากกว่าแบบจำลองการถดถอย

ตารางที่ 10 ความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการตาย

แบบจำลอง	รูปแบบ	ค่าความคลาดเคลื่อน			
		ชุดสร้างแบบจำลอง		ชุดทวนสอบ	
		RMSE (logMPN/g)	MAE (logMPN/g)	RMSE (logMPN/g)	MAE (logMPN/g)
การถดถอย	โพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันได	5.8	0.6	9.4	2.0
BPN	3 – 9 – 1*	0.5	0.4	1.0	0.7
RBFN	3 – 9 – 1*	0.9	0.7	1.0	0.7

หมายเหตุ: * แสดงจำนวนนิวรอนในชั้นนำเข้า ชั้นซ่อน และชั้นผลลัพธ์ตามลำดับ

เมื่อนำแบบจำลองการถดถอย แบบจำลอง BPN และแบบจำลอง RBFN ที่คัดเลือกได้มาเปรียบเทียบความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปในช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด (ตารางที่ 11) พบว่าแบบจำลองที่ดีที่สุดคือแบบจำลอง 3-9-1 BPN และแบบจำลอง 3-9-1 RBFN

ตารางที่ 11 ความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปของแบบจำลองในการทำนายช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

แบบจำลอง	รูปแบบ	ค่าความคลาดเคลื่อน			
		ชุดสร้างแบบจำลอง		ชุดทวนสอบ	
		RMSE (logMPN/g)	MAE (logMPN/g)	RMSE (logMPN/g)	MAE (logMPN/g)
การถดถอย	อันดับ 1 แบบพหุ	22.8	1.7	10.9	1.6
BPN	3 – 7 – 1*	1.8	1.2	1.6	1.2
RBFN	3 – 9 – 1*	1.9	1.3	1.8	1.3

หมายเหตุ: * แสดงจำนวนนิวรอนในชั้นนำเข้า ชั้นซ่อน และชั้นผลลัพธ์ตามลำดับ

เมื่อพิจารณาโดยรวมแล้วพบว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมทั้งแบบ BPN และ RBFN มีค่าความคลาดเคลื่อนในการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ทั้งในช่วงการเจริญ การตาย และจากเจริญเติบโตทั้งหมดต่ำกว่าแบบจำลองการถดถอยในทุกๆ ชุดข้อมูล แสดงให้เห็นว่าแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมมีความถูกต้องในการทำนาย และความสามารถในการใช้งานทั่วไปสูงกว่าแบบจำลองการถดถอย เนื่องจากคุณสมบัติ Universal approximator ของแบบจำลอง BPN และ RBFN (Fanahashi, 1989, Hornik, 1989) ที่สามารถจำลองความสัมพันธ์ซับซ้อนใด ๆ โดยไม่จำเป็นต้องทราบรูปแบบความสัมพันธ์ล่วงหน้า ผลการวิจัยนี้สอดคล้องกับงานวิจัยของ Wengao and Shuryo (2001b) ที่ทำนายการยับยั้งเชื้อ E. Coli งานวิจัยของ Garcia *et al.* (2005) ที่ทำนายการเจริญของ *Leuconostoc mesenteroides* งานวิจัยของ Garcia-Gimeno *et al.* (2001) ที่ทำนายเจริญเติบโตของ *Lactobacillus plantarum* งานวิจัยของ Wengao and Shuryo (2001a) ที่ทำนายการเจริญเติบโตของ *Lactobacillus sake* และเมื่อเปรียบเทียบระหว่างแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมด้วยกันนั้นแบบจำลอง BPN มีความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปสูงกว่าแบบจำลอง RBFN ถึงแม้จะใช้รอบการเรียนรู้นานกว่า สอดคล้องกับข้อสรุปของ Hassoun (1995)

3.2 การวิเคราะห์ความลำเอียง

ผลการวิเคราะห์ความลำเอียงของแบบจำลองแสดงดังตารางที่ 12 พบว่าแบบจำลองทั้ง 3 ประเภทไม่ว่าจะใช้ในการทำนายในช่วงการเจริญ การตาย หรือการเจริญเติบโตทั้งหมดต่างก็มีความลำเอียงอยู่ในระดับที่ยอมรับได้ คือมีค่า Tracking signal อยู่ในช่วง ± 6 ยกเว้นแบบจำลองการถดถอยโพลิโนเมียลอันดับ 2 แบบขั้นบันไดซึ่งใช้ในการทำนายช่วงการตายมีความลำเอียงในชุดทวนสอบในด้านบวก (ค่า TS>6) หรือมักจะทำนายสูงเกินกว่าค่าจริงเสมอ ในความเป็นจริงแล้วแบบจำลองการถดถอยจัดเป็นแบบจำลองที่ต้องปราศจากความลำเอียงในทางทฤษฎี (Unbiased estimator) ในขณะที่แบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมทั้ง BPN และ RBFN เป็นแบบจำลองที่มีความลำเอียงตามธรรมชาติประเภท Undershoot คือ เมื่อค่าจริงมีค่าสูงขึ้นแบบจำลองจะไม่สามารถทำนายได้สูงถึงค่านั้น และถ้าค่าจริงมีค่าต่ำลงก็ไม่สามารถทำนายได้ต่ำถึงค่านั้น (Twomey and Smith, 1996)

ตารางที่ 12 การวิเคราะห์ความลำเอียง (TS) ของแบบจำลอง

ช่วงการทำนาย	แบบจำลอง	ชุดสร้างแบบจำลอง	ชุดทวนสอบ
การเจริญเติบโต	โพลิโนเมียลอันดับที่ 2	0.0	-2.0
	3-3-1 BPN*	0.6	-4.7
	3-9-1 RBFN*	-0.6	-1.2
การตาย	โพลิโนเมียลอันดับที่ 2 แบบขั้นบันได	0.0	11.4
	3-9-1 BPN*	0.0	2.8
	3-9-1 RBFN*	-6.0	3.7
การเจริญเติบโตทั้งหมด	อันดับ 1 แบบพหุ	0.0	1.1
	3-7-1 BPN*	-3.8	1.6
	3-9-1 RBFN*	-2.2	2.7

หมายเหตุ: * แสดงจำนวนนิวรอนในชั้นนำเข้า ชั้นซ่อน และชั้นผลลัพธ์

3.3 การเปรียบเทียบการทำนายระหว่างช่วงการเจริญต่าง ๆ

ตารางที่ 13 เปรียบเทียบการทำนายของแบบจำลองที่ดีที่สุดคือ แบบจำลอง BPN สำหรับการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ *Vibrio paraheamolyticus* ในช่วงการเจริญเติบโตต่าง ๆ พบว่าการทำนายในช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียวให้ความถูกต้องในการทำนายสูงกว่าการทำนายในช่วงการตายเพียงอย่างเดียว และช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด และผลนี้สอดคล้องกับผลการทำนายจากแบบจำลองการถดถอย และแบบจำลอง RBFN ทั้งนี้เนื่องจากแบบจำลองช่วงการเจริญนั้นครอบคลุมอุณหภูมิน้อยระดับกว่าช่วงการตายและช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

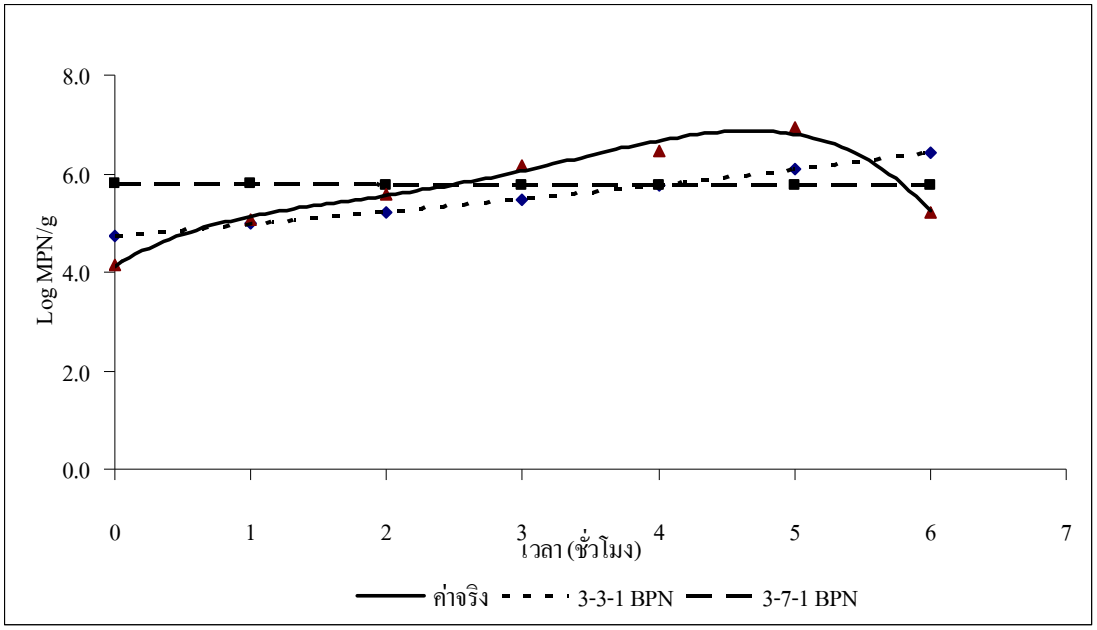
ตารางที่ 13 เปรียบเทียบการทำนายของแบบจำลอง BPN สำหรับการทำนายในช่วงการเจริญเติบโตต่าง ๆ

แบบจำลอง	รูปแบบของ BPN	ค่าความคลาดเคลื่อนในรูป MAPE (%)	
		ชุดสร้างแบบจำลอง	ชุดทวนสอบ
การเจริญเติบโต	โพลิโนเมียลอันดับที่ 2	15.15	34.57
	3-3-1 BPN*	9.30	8.71
	3-9-1 RBFN*	11.21	12.44
การตาย	โพลิโนเมียลอันดับที่ 2 แบบขั้นบันได	32.20	151.95
	3-9-1 BPN*	20.86	35.14
	3-9-1 RBFN*	41.49	48.57
การเจริญเติบโตทั้งหมด	อันดับ 1 แบบพหุ	55.19	81.43
	3-7-1 BPN*	32.55	29.19
	3-9-1 RBFN*	37.42	45.00

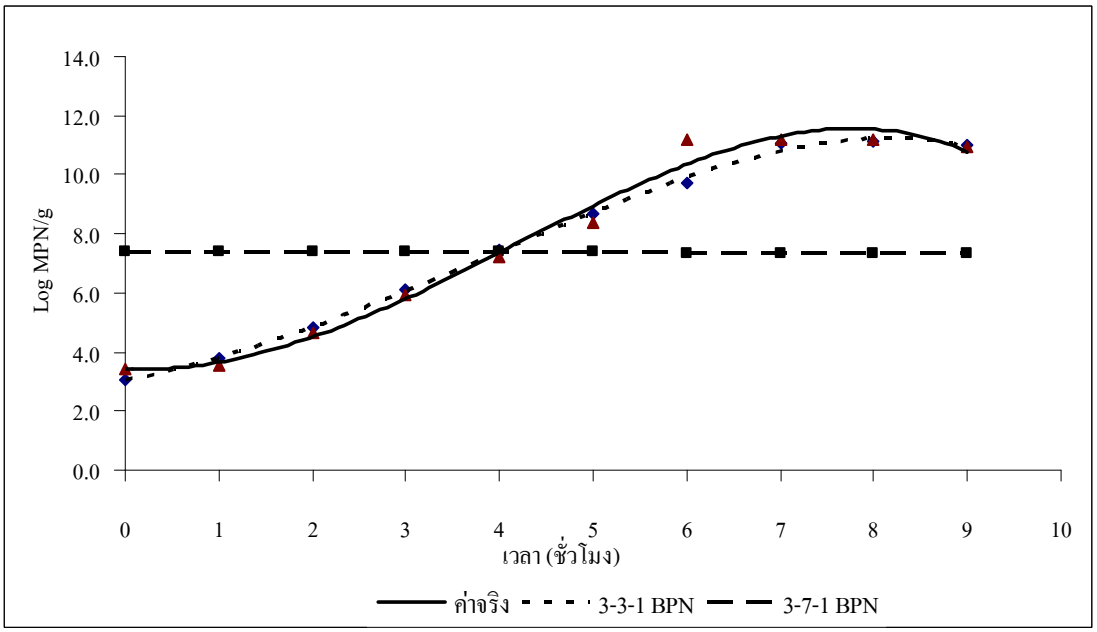
หมายเหตุ: * แสดงจำนวนนิวรอนในชั้นนำเข้า ชั้นซ่อน และชั้นผลลัพธ์ตามลำดับ

3.4 เปรียบเทียบผลการทำนายของแบบจำลองที่ดีที่สุดกับข้อมูลจริง

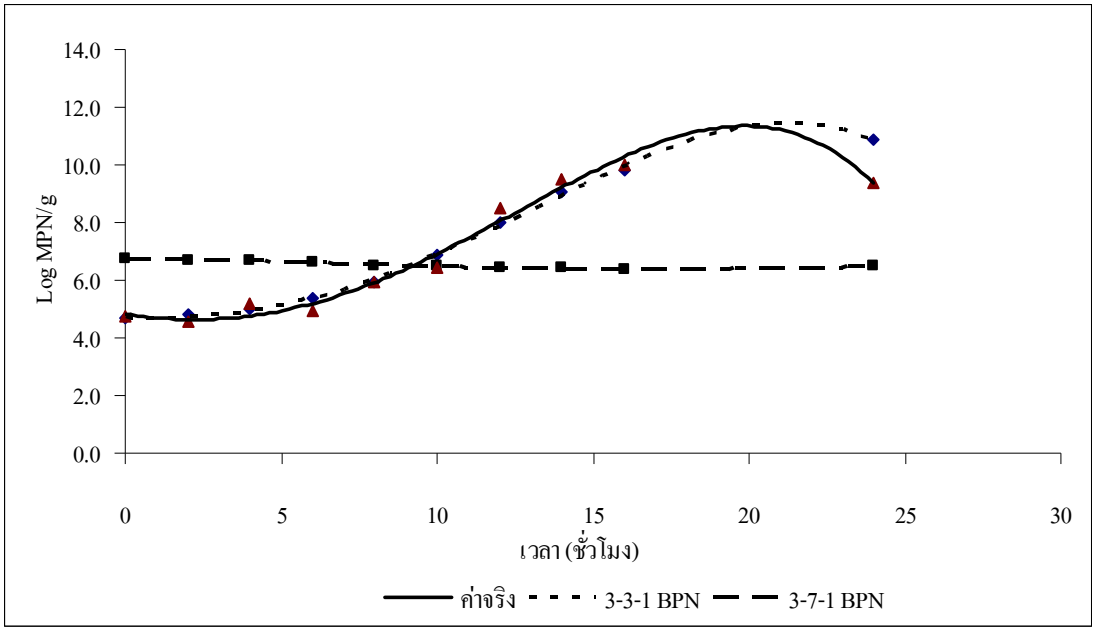
การเปรียบเทียบผลการทำนายของแบบจำลองที่ดีที่สุดในช่วงการเจริญจากแบบจำลองที่ดีที่สุดคือ 3-3-1 BPN สำหรับการทำนายช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียว และ 3-7-1 BPN สำหรับการเจริญเติบโตทั้งหมด พบว่าแบบจำลองสำหรับช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียวสามารถให้ค่าทำนายใกล้เคียงค่าจริง แต่สำหรับแบบจำลองช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมดไม่สามารถไล่ตามการเปลี่ยนแปลงปริมาณจุลินทรีย์ได้ดี ถึงแม้ว่าจะมีค่าความคลาดเคลื่อนต่ำ (1.2 logMPN/g) แสดงดังภาพที่ 25 -27



ภาพที่ 25 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 44 °C

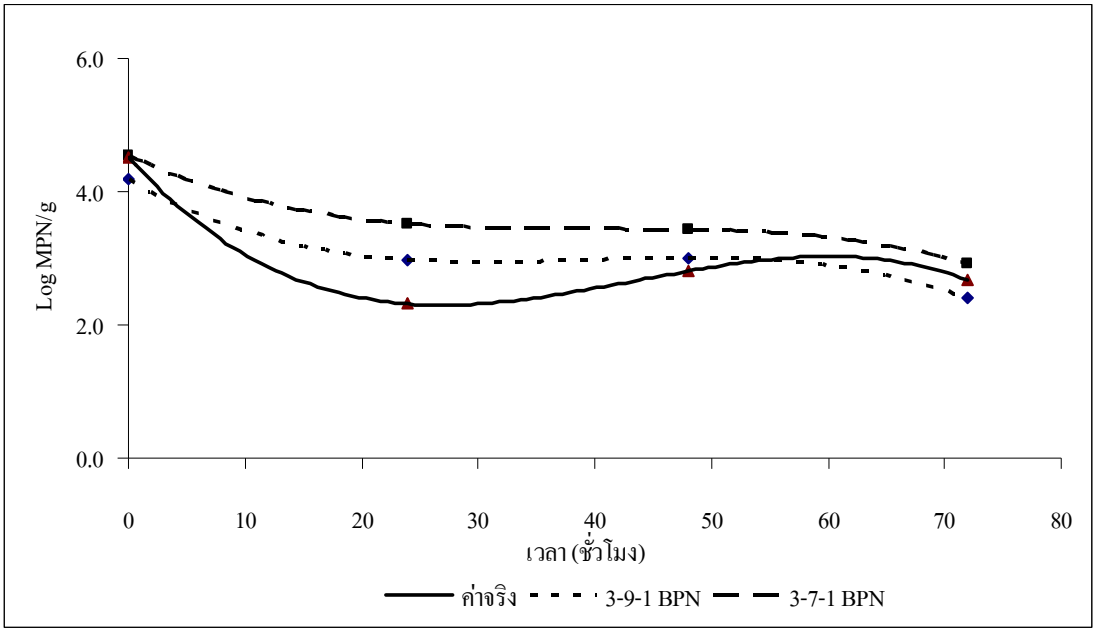


ภาพที่ 26 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 37 °C

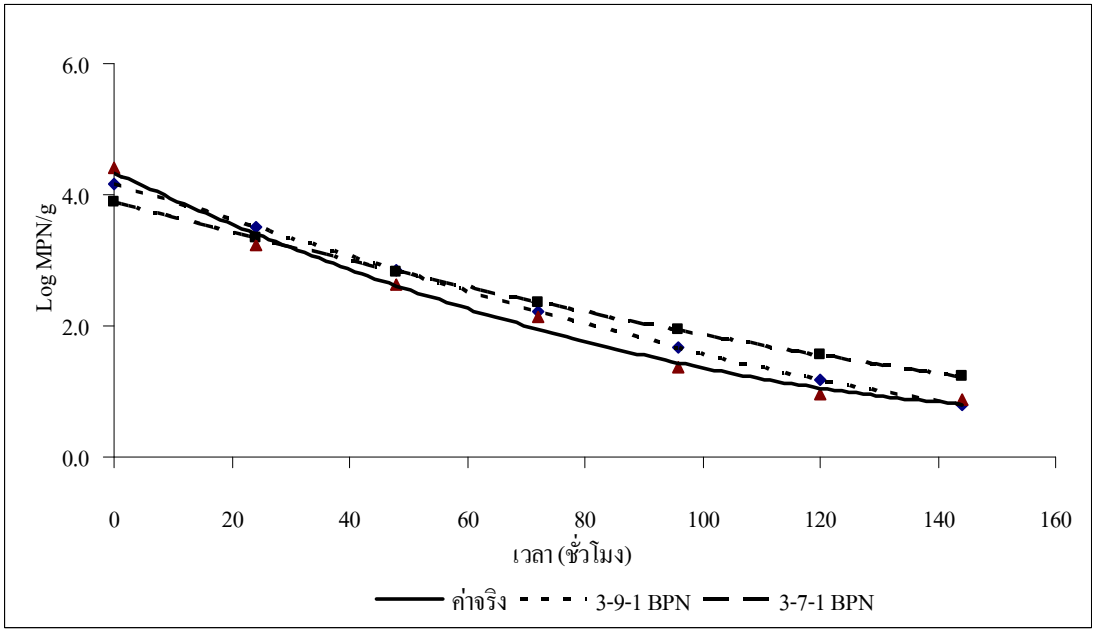


ภาพที่ 27 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 20 °C

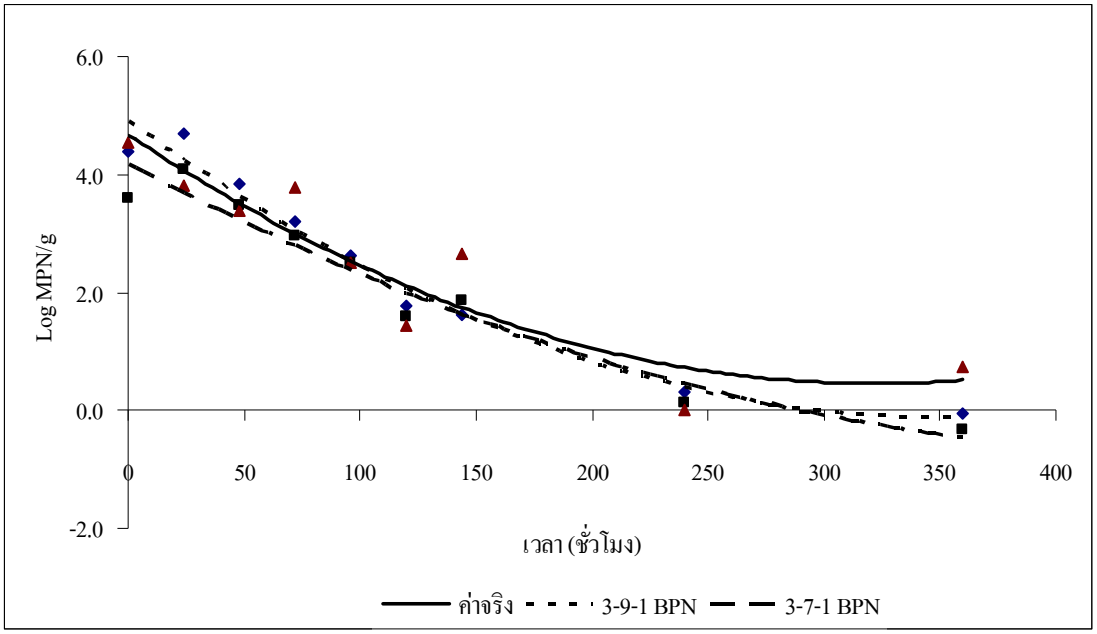
การเปรียบเทียบผลการทำนายของแบบจำลองที่ดีที่สุดในช่วงการตายจากแบบจำลองที่ดีทีสุดคือ 3-9-1 BPN สำหรับการทำนายช่วงการตายเพียงอย่างเดียว และ 3-7-1 BPN สำหรับการเจริญเติบโตทั้งหมด พบว่าแบบจำลองทั้ง 2 รูปแบบมีความสามารถในการทำนายปริมาณจุลินทรีย์ได้ในระดับหนึ่ง แต่แบบจำลองสำหรับช่วงการตายเพียงอย่างเดียวส่วนมากสามารถให้ค่าทำนายใกล้เคียงค่าจริงมากกว่าแบบจำลองช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด แสดงดังภาพที่ 28 -32



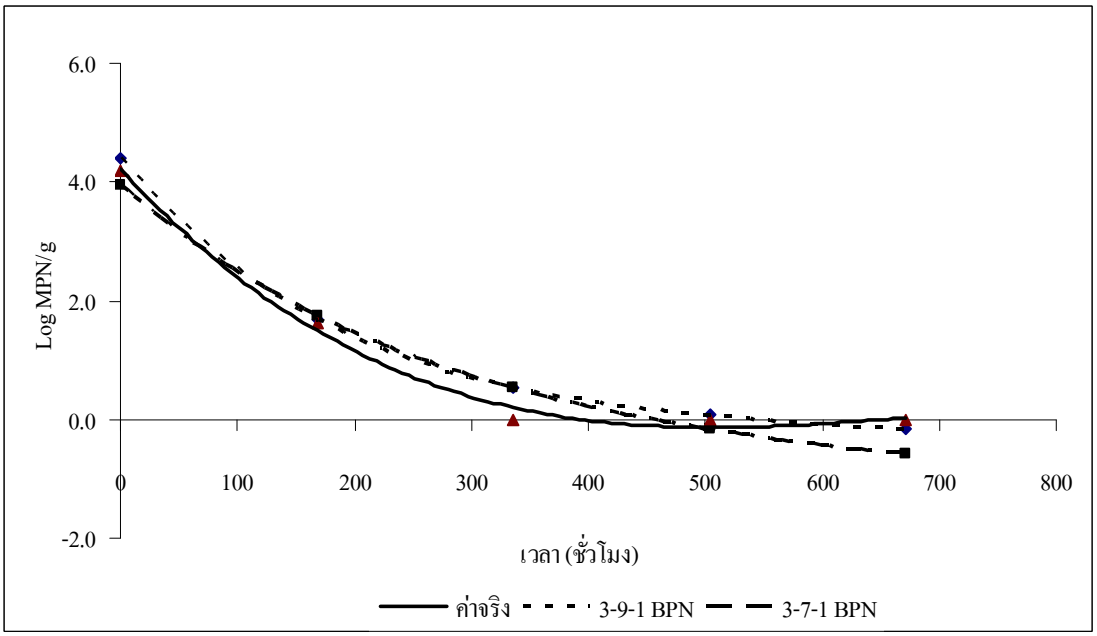
ภาพที่ 28 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 10 °C



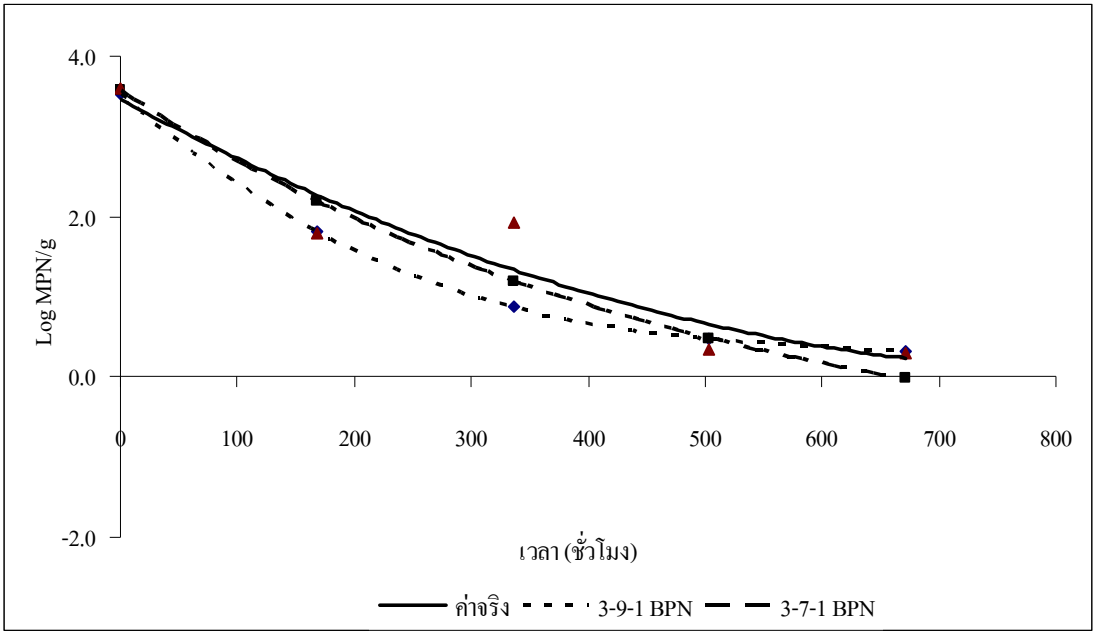
ภาพที่ 29 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 4 °C



ภาพที่ 30 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ 0 °C



ภาพที่ 31 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ -10 °C



ภาพที่ 32 แผนภาพค่าปริมาณจุลินทรีย์จริง และปริมาณที่ได้จากการทำนายที่อุณหภูมิ -20 °C

4. ข้อจำกัดของแบบจำลอง

แบบจำลองที่สร้างขึ้นเป็นแบบจำลองเชิงประจักษ์ซึ่งสร้างจากการหารูปแบบความสัมพันธ์ในข้อมูลจริงทำให้แบบจำลองมีข้อจำกัดในการใช้งานที่สภาวะคงที่ (Static) และในช่วงของข้อมูลดังตารางที่ 14 เท่านั้น

ตารางที่ 14 ข้อจำกัดของแบบจำลอง

แบบจำลองที่อุณหภูมิ (องศาเซลเซียส)	**ช่วงเวลาในการทำนาย (ชั่วโมง)**	**ช่วงปริมาณจุลินทรีย์ *Vibrio heamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**
44	0 – 6	3.32 – 4.97
37	0 – 9	2.46 – 4.38
20	0 – 16	4.63 – 5.04
10	0 – 96	3.18 – 5.38
4	0 – 144	3.18 – 5.38
0	0 – 360	3.18 – 5.38
-10	0 – 672	4.18
-20	0 – 672	2.46 – 4.18

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

1. แบบจำลองทุกประเภทที่สร้างขึ้นเพื่อทำนายปริมาณจุลินทรีย์ในช่วงการเจริญเพียงอย่างเดียวมีความถูกต้องในการทำนายสูงกว่าแบบจำลองที่สร้างขึ้นเพื่อทำนายปริมาณจุลินทรีย์ในช่วงตายเพียงอย่างเดียวหรือทั้ง 2 ช่วงพร้อม ๆ กัน

2. แบบจำลอง BPN มีความถูกต้องในการทำนายและความสามารถในการใช้งานทั่วไปสูงกว่าแบบจำลอง RBFN และแบบจำลองการถดถอย ทั้งประเภทที่ทำนายช่วงการเจริญ หรือช่วงการตายเพียงอย่างเดียว หรือประเภทที่ใช้ทำนายทั้ง 2 ช่วง พร้อมกัน และมีความลำเอียงในการทำนายอยู่ในระดับที่ยอมรับได้

3. ค่าความคลาดเคลื่อนสูงที่สุดจากแบบจำลอง BPN คือมีค่าไม่เกิน 1.2 log MPN/g หรือคือ 16 MPN/g ซึ่งถือว่าอยู่ในเกณฑ์ที่ดีเมื่อเทียบกับปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* ที่พบในอุตสาหกรรมกุ้งแช่เยือกแข็ง คือ 2 – 5 logMPN/g หรือ 100 – 100,000 MPN/g หรือเมื่อเทียบกับกฎหมายการส่งออกผลิตภัณฑ์กุ้งแช่เยือกแข็งของประเทศทางยุโรปที่ระบุให้พบปริมาณเชื้อจุลินทรีย์ *Vibrio parahaemolyticus* ได้ไม่เกิน 2 logMPN/g หรือคือ 100 MPN/g

4. ถึงแม้ว่าแบบจำลอง BPN จะมีประสิทธิภาพสูงกว่าแบบจำลอง RBFN แต่ใช้เวลาในการเรียนรู้มากกว่า เนื่องจากต้องใช้จำนวนรอบการเรียนรู้ที่สูงกว่า

5. แบบจำลองที่ใช้ในการทำนายเป็นแบบจำลองที่ทำนายในสภาวะคงที่ (Static) ดังนั้นเพื่อให้แบบจำลองสามารถนำไปใช้ในสภาวะเคลื่อนที่ (Dynamic) ได้อย่างถูกต้องมากขึ้น จำเป็นต้องเก็บข้อมูลเพิ่มเติม เพื่อให้สามารถสร้างแบบจำลองพลวัต (Dynamic model) ได้

ข้อเสนอแนะ

แบบจำลองการถดถอยมีความไวต่อข้อสมมติทางสถิติคือ แบบจำลองต้องมีค่าความคลาดเคลื่อนที่มีการแจกแจงแบบปกติ ไม่มีสหสัมพันธ์ร่วมและมีความแปรปรวนคงที่ซึ่งหากไม่เป็นไปตามนี้แล้วจะทำให้แบบจำลองไม่มีความน่าเชื่อถือสามารถทำการปรับปรุงได้โดยการปรับค่าเพื่อให้ได้ข้อมูลที่เป็นไปตามสมมติฐานทางสถิติ เช่น การยกกำลัง การกลับเศษเป็นส่วน

ประสิทธิภาพของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมขึ้นกับปริมาณข้อมูลที่ใช้ในการสร้างโครงสร้างของแบบจำลอง โดยถ้ายิ่งมีปริมาณข้อมูลมากขึ้นก็สามารถทำให้การทำนายมีความถูกต้องมากขึ้นด้วย ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการทำนายของแบบจำลองควรทำการเก็บข้อมูลและทดลองในห้องปฏิบัติการเพิ่มขึ้นเพื่อให้แบบจำลองได้เรียนรู้เพิ่มเติม

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

กระทรวงพาณิชย์. 2551. **จุลสารเศรษฐกิจการประมง ฉบับที่ 1 ปี 2551**. แหล่งที่มา: http://fishco.fisheries.go.th/economic_divistion/magazine/Y2008March/1.pdf. 24 มีนาคม 2551.

_____. 2551. **ข้อมูลการค้าระหว่างประเทศของไทย**. แหล่งที่มา: http://www2.ops2.moc.go.th/export/. 24 มีนาคม 2551.

กรมศุลกากร. 2550 **ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร.** แหล่งที่มา: http://www.ops2.moc.go.th/tradeth/maincomt2.htm. 5 กุมภาพันธ์ 2551.

กัลยา วานิชย์บัญชา. 2546. **การใช้ SPSS for Windows ในการวิเคราะห์ข้อมูล**. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. กรุงเทพฯ.

กฤติกา วงศาวณิช และศุภชัย ตั้งบุญญะศิริ. 2550. **Report Neural Network.** Report Neural Network. แหล่งที่มา: http://202.28.94.55/web/320417/2548/work1/g26/Files/Report_Neural Network.doc. 5 กุมภาพันธ์ 2551.

กมลศิริ พันธนียะ. 2550 **กุ้งขาวลิโทพีเนียส แวนาไม.** แหล่งที่มา: http://www.shrimpcenter.com/t-shrimp051.html. 5 กุมภาพันธ์ 2550.

กองตรวจสอบรับรองมาตรฐานคุณภาพสัตว์น้ำและผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำ, กรมประมง 2549. **มาตรฐานผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำ**. แหล่งที่มา: http://www.fisheries.go.th/quality/standard_49.html

ชญานี สินประจักษ์ผล และคณะ. 2550. **Neural Network.** Neural Network. แหล่งที่มา: http://www.cs.psu.ac.th/wiphada/Teaching%20Coureses/sem%202-2547/344-471%20AI-ES/Present-AI/Neural%20Network.ppt. 5 กุมภาพันธ์ 2551.

ทรงศิริ แต้สมบัติ. 2548. **การวิเคราะห์การถดถอย.**สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.กรุงเทพฯ.

ศรีวรรณา หัทยานานนท์และ กรองแก้ว ศุภวัฒน์. 2550. **ศูนย์ข้อมูลโรคติดเชื้อและพาหะนำโรค.** แหล่งที่มา:http://webdb.dmsc.moph.go.th/ifc_nih/a_nih_1_001c.asp?info_id=1134. 5 กุมภาพันธ์ 2550.

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร. 2551. **สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร** แหล่งที่มา: http://www.oae.go.th/OAE-WEB-SITE/profile/commodityPRo/index.html. 5 กุมภาพันธ์ 2551.

สำนักงานเศรษฐกิจอุตสาหกรรม. 2550. **สำนักงานเศรษฐกิจอุตสาหกรรม.** แหล่งที่มา: http://www.oie.go.th/industrystatus21_th.asp. 5 กุมภาพันธ์ 2551.

กระทรวงสาธารณสุข. 2551 **สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรคกระทรวงสาธารณสุข.** แหล่งที่มา: http://203.157.15.4/ 5 กุมภาพันธ์ 2551.

Alam, M.J., Tomochika, K., Miyoshi, S., and Shinoda, S. ,2002. Environmental investigation of potentially pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in the Seto Inland Sea, Japan. **FEMS Microbiol Lett** 208: 83–87

Balasubramanian S., Panigrahi S., Logue C.M., Gu H., Marchello M. 2009. Neural networks-integrated metal oxide-based artificial olfactory system for meat spoilage indentification**. Journal of Food Engineering**, 91: 91-98.

Basheer, I. and M., Hajmeer. 2000. **'**Artificial neural networks: fundamentals, computing, design, and application**'**, **Journal of Microbiological Methods,** 43: 3-31.

CDC., 2006. *Vibrio parahaemolyticus* Infections Associated with Consumption of Raw Shellfish, **CDC**. Available Source: http://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5531a5.htm

Cheroutre-Vialette, M., Lebert, A. 2002. Application of Recurrent Neural Network to Predict Bacterial Growth in Dynamic Condotions**. International Journal of Food Microbiology** 73(2002) 107-118.

Chopra, S. and P. Meindl. 2006. **Supply Chain Management: Strategy, Planning, and Operation. 3 ed**. Prentice Hall, USA.

Chowdhury *et al.*, 2007 B.R. Chowdhury, R. Chakraborty and U.R. Chaudhuri, Validity of modified Gompertz and Logistic models in predicting cell growth of *Pediococcus acidilactici* H during the production of bacteriocin pediocin AcH, **Journal of Food Engineering** 80 (4) (2007), pp. 1171–1175

Claus Borggaard and Tomas Jacobsen. 2003. Estimating growth of Listeria monocytogenes using a neural network**. International Conference on Predictive Modelling in Foods**.

Daniels, N.A., B. Ray, *et al.*,2000. "Emergence of a new *Vibrio parahaemolyticus* serotype in raw oysters: A prevention quandary." **Jama 284(12)**: 1541-5.

European Commission. 2001. Opinion of the Scientific Committee on Veterinary Measures relating to Public Health on *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus*. **European Commission. 2001**.

Fausett, L. 1994. **Fundamentals of Neural Network: Architectures, Algorithms and Application.** Prentice-Hall Inc., USA.

FDA/CFSAN 2005, **Quantitative Risk Assessment on the Public Health Impact of Pathogenic *Vibrio parahaemolyticus***, U.S. Department of Health and Human Services,.

Food and Drug Administration, F 2004, **Bacteriological Analytical Manual (BAM)**.

Funahashi, K. 1989. On the approximate realization of continuous mappings by neural networks. **Neural Networks 2**: 183-192.

Garcia-Gimeno, R.M., Hervas-Martinez, C., Rodriguez-Perez, R., and Zurera-Cosaro, G. 2005. Modeling the Growth of *Leuconostoc mesenteroides* by Artificial Neural Network. **International Journal of Food Microbiology** 105(2005) 317-332.

Hall, G, Kirk, MD, Becker, N, Gregory, JE, Unicomb, L, Millard, G, Stafford, R, Lalor, K & OzfoodNet 2005, 'Estimating Foodborne Gastroenteritis, Australia', **Emerging Infectious Diseases**, vol. 11, no. 8, pp. 1257-1264.

Hassoun, M.H. 1995. **Fundamentals of Artificial Neural Networks**. MIT Press, Cambridge.

Hartman, E. J., J.D. Keeler and J. M. Kowalski. 1990. Layered neural networks with Gaussian hidden units as universal approximators. **Neural Computation**. 2 (2): 210-215.

Hornik, K., M. Stinchcombe and H. White. 1989. Multilayer feedforward networks are universal approximators. **Neural Networks 2**: 359-366.

Lake, R, Hudson, A., Cressey, P. 2003, **Risk Profile: *Vibrio parahaemolyticus* in seafood,** Insititute of Environmental Science & Research Limited.

Lu, S, Liu, B, Cao, J, Zhou, B & Levin, RE 2004, 'Incidence and Enumeration of Vibrio parahaemolyticus in Shellfish from Two Retail Sources and the Genetic Diversity of Isolates as Determined by RAPD-PCR Analysis', **Food Biotechnology**, vol. 20, no. 2, pp. 193-209.

McKellar, RC & Lu, X 2004, **Modeling microbial responses in foods,** CRC series in contemporary food science., CRC Press, Boca Raton, FL.

Molenda John R., William G. Johnson, Morris Fishbein, Barry Wentz, Ira J. Mehlman and Thoburn A. Dadisman Jr. 1972. *Vibrio parahaemolyticus* Gastroenteritis in Maryland: Laboratory Aspects**. Applied Microbiology**. p. 444-448

Nair, GB, Ramamurthy, T, Bhattacharya, SK, Dutta, B, Takeda, Y & Sack, DA 2007, 'Global dissemination of *Vibrio parahaemolyticus* serotype O3 : K6 and its serovariants', **Clinical Microbiology Reviews**, vol. 20, no. 1, pp. 39-+.

NeuralWare. 1996. **NeuralWorks Reference Guide**. NeuralWare Inc. America.

Nishibuchi, M. & Kaper, J. B. ,1995. Thermostable direct hemolysin gene of *Vibrio parahaemolyticus*: a virulence gene acquired by a marine bacterium. **Infect Immun 63**, 2093–2099

Panagou E.Z., Kodogiannis V., Nychas G.J.-E. 2007. Modelling fungal growth using radial basis function neural networs: The case of the ascomycetous fungus *Monascus rubber* van Tieghem. **International Journal of Food Microbiology**, 117: 276-286.

Park, J., and I.W. Sandberg. 1993. Approximation and radial-basis-function networks. **Neural Computation.** 5 (2): 305-316.

PingSun Leung and LiemT.Tran. 2000. Predicting shrimp disease occurrence: artificial neural networks vs. logistic regression**. Aquaculture 187**. p. 35–49

Poggio, T., and F. Girosi. 1989. A theory of neural networks for approximation and learning**. Proceedings of the IEEE**. 78 (9): 1481-1497.

Rosa Maria Garcıa-Gimeno, Ce sar Hervas-Martınez, Maria Isabel de Siloniz. 2001. Improving artificial neural networks with a pruning methodology and genetic algorithms for their application in microbial growth prediction in food. **International Journal of Food Microbiology** 72 (2002). p. 19– 30

Ross, T. 1996**. Indices for performance evaluation of predictive models in food microbiology**. **Journal Application Bacteriol**. 81: 501-508.

Ross, T. and McMeekin, T.A. 1994 Review Paper: Predictive Microbiology, **International Journal of Food Microbiology**, 23, 241-264.

Run Yu, PingSun Leung, Paul Bienfang. 2006**.** Predicting shrimp growth: Artificial neural network versus nonlinear regression models. **Aquacultural Engineering** 34. p. 26–32

Su, YC & Liu, C 2007, *'Vibrio parahaemolyticus*: A concern of seafood safety', **Food Microbiology**, vol. 24, no. 6, pp. 549-558.

Twomey, J.M. and A.E. Smith. 1996. Validation and verification. Artificial Neural Networks for Civil Engineers: **Fundamentals and Applications**. ASCE press

Wengao Lou and Shuyro Nakai. 2001a. Artificial Neural Network-Based Predictive Model for BacterialGrowth in a Simulated Medium of Modified-Atmosphere-Packed Cooked Meat Products. **Journal of Agriculture Food Chem**. 2001, 49 p. 1799 - 1804

Wengao Lou and Shuyro Nakai. 2001b. 'Application of artificial neural networks for predicting the thermal inactivation of bacteria: combined effect of temperature, pH and water activity', **Food Research International**. 34: 573–579.

Whiting, R.C., Roberts, T.A., Hass, C.N., Rose, J.B., Gerba, C.P., Crockett. C.S., Scaffner, D.W., Labuza, T.P., Miller, A.J., and Smith, J.L. 1997. Overview: Predictive Food Microbiology: Where do we go from here?, **Food Technology**, 51(4), 81-103

Yacoub M. Najjar *et al.* 1997**.** Computational neural networks for predictive microbiology I: methodology, **International Journal of Food Microbiology**. 34: 27-49.

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

ข้อมูลปริมาณเชื้อจุลินทรีย์ที่ใช้ในการสร้างแบบจำลอง

ตารางผนวกที่ 1 ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญ

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
44	0	4.96848	4.96848
44	1	4.96848	6.17609
44	2	4.96848	6.38021
44	3	4.96848	6.96848
44	4	4.96848	8.38021
44	6	4.96848	4.96848
44	0	3.32222	3.32222
44	1	3.32222	3.95904
44	3	3.32222	5.36173
44	4	3.32222	4.55630
44	5	3.32222	5.47712
44	6	3.32222	5.47712
37	0	2.46240	2.46240
37	1	2.46240	2.46240
37	2	2.46240	4.46240
37	4	2.46240	7.38021
37	5	2.46240	8.32222
37	7	2.46240	11.04139
37	8	2.46240	11.04139
37	9	2.46240	10.46240
37	0	4.38021	4.38021
37	2	4.38021	4.87506
37	3	4.38021	6.38021
37	4	4.38021	7.04139
37	5	4.38021	8.38021
37	6	4.38021	11.38021
37	7	4.38021	11.38021

ตารางผนวกที่ 1 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
37	9	4.38021	11.38021
20	0	4.63347	4.63347
20	2	4.63347	4.17609
20	4	4.63347	4.17609
20	6	4.63347	5.38021
20	24	4.63347	9.38021
20	0	4.66276	4.66276
20	4	4.66276	5.66276
20	8	4.66276	5.96848
20	10	4.66276	6.46240
20	12	4.66276	9.07918
20	14	4.66276	10.66276
20	16	4.66276	11.66276
20	0	5.04139	5.04139
20	2	5.04139	4.63347
20	4	5.04139	5.66276
20	8	5.04139	5.96848
20	12	5.04139	7.87506
20	14	5.04139	8.32222
20	16	5.04139	8.32222

ตารางผนวกที่ 2 ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญ

อุณหภูมิ ($^{\circ}$C)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
44	5	4.96848	8.38021
44	2	3.32222	4.80618
37	3	2.46240	5.46240
37	6	2.46240	11.04139
37	1	4.38021	4.66276
37	8	4.38021	11.38021
20	2	4.66276	4.87506
20	6	4.66276	4.17609
20	6	5.04139	5.17609
20	10	5.04139	6.38021

ตารางผนวกที่ 3 ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการตาย

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
10	0	5.38021	5.38021
10	48	5.38021	3.95904
10	72	5.38021	3.47712
10	0	4.96848	4.96848
10	24	4.96848	4.63347
10	72	4.96848	4.55630
10	0	3.17609	3.17609
10	24	3.17609	0.00000
10	72	3.17609	0.00000
4	0	5.38021	5.38021
4	48	5.38021	4.46240
4	72	5.38021	3.47712
4	120	5.38021	1.47712
4	144	5.38021	1.47712
4	0	4.66276	4.66276
4	24	4.66276	3.87506
4	48	4.66276	1.95904
4	72	4.66276	1.96848
4	120	4.66276	1.36173
4	144	4.66276	0.55630
4	0	3.17609	3.17609
4	24	3.17609	1.85733
4	48	3.17609	1.47712
4	72	3.17609	0.95904
4	120	3.17609	0.00000
4	144	3.17609	0.55630
0	0	5.38021	5.38021

ตารางผนวกที่ 3 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
0	120	5.38021	1.47712
0	240	5.38021	0.00000
0	360	5.38021	1.47712
0	0	3.17609	3.17609
0	120	3.17609	0.00000
0	240	3.17609	0.00000
0	0	4.96848	4.96848
0	24	4.96848	4.96848
0	72	4.96848	3.17609
0	96	4.96848	1.96848
0	120	4.96848	1.63347
0	0	4.66276	4.66276
0	24	4.66276	4.32222
0	72	4.66276	4.38021
0	96	4.66276	3.04139
0	120	4.66276	2.66276
0	144	4.66276	2.66276
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.47712
-10	336	4.17609	0.00000
-10	504	4.17609	0.00000
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.77815
-10	504	4.17609	0.00000
-20	0	2.46240	2.46240
-20	168	2.46240	0.95904
-20	504	2.46240	1.04139

ตารางผนวกที่ 3 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
-20	672	2.46240	0.86332
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	1.86332
-20	336	4.17609	0.55630
-20	672	4.17609	0.00000
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	2.55630
-20	336	4.17609	1.55630
-20	504	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 4 ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการตาย

อุณหภูมิ (°C)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
10	48	4.96848	4.46240
10	48	3.17609	0.00000
4	24	5.38021	3.96848
4	96	5.38021	1.47712
4	96	4.66276	2.17609
4	96	3.17609	0.47712
0	24	5.38021	2.17609
0	360	3.17609	0.00000
0	48	4.96848	3.38021
0	48	4.66276	3.38021
-10	672	4.17609	0.00000
-10	672	4.17609	0.00000
-20	336	2.46240	3.66276
-20	504	4.17609	0.00000
-20	672	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 5 ข้อมูลชุดสร้างแบบจำลองของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
44	0	4.96848	4.96848
44	1	4.96848	6.17609
44	2	4.96848	6.38021
44	3	4.96848	6.96848
44	4	4.96848	8.38021
44	6	4.96848	4.96848
44	0	3.32222	3.32222
44	1	3.32222	3.95904
44	3	3.32222	5.36173
44	4	3.32222	4.55630
44	5	3.32222	5.47712
44	6	3.32222	5.47712
37	0	2.46240	2.46240
37	1	2.46240	2.46240
37	2	2.46240	4.46240
37	4	2.46240	7.38021
37	5	2.46240	8.32222
37	7	2.46240	11.04139
37	8	2.46240	11.04139
37	9	2.46240	10.46240
37	0	4.38021	4.38021
37	2	4.38021	4.87506
37	3	4.38021	6.38021
37	4	4.38021	7.04139
37	5	4.38021	8.38021
37	6	4.38021	11.38021
37	7	4.38021	11.38021

ตารางผนวกที่ 5 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
37	9	4.38021	11.38021
20	0	4.63347	4.63347
20	2	4.63347	4.17609
20	4	4.63347	4.17609
20	6	4.63347	5.38021
20	24	4.63347	9.38021
20	0	4.66276	4.66276
20	4	4.66276	5.66276
20	8	4.66276	5.96848
20	10	4.66276	6.46240
20	12	4.66276	9.07918
20	14	4.66276	10.66276
20	16	4.66276	11.66276
20	0	5.04139	5.04139
20	2	5.04139	4.63347
20	4	5.04139	5.66276
20	8	5.04139	5.96848
20	12	5.04139	7.87506
20	14	5.04139	8.32222
20	16	5.04139	8.32222
10	0	5.38021	5.38021
10	48	5.38021	3.95904
10	72	5.38021	3.47712
10	0	4.96848	4.96848
10	24	4.96848	4.63347
10	72	4.96848	4.55630
10	0	3.17609	3.17609

ตารางผนวกที่ 5 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
10	24	3.17609	0.00000
10	72	3.17609	0.00000
4	0	5.38021	5.38021
4	48	5.38021	4.46240
4	72	5.38021	3.47712
4	120	5.38021	1.47712
4	144	5.38021	1.47712
4	0	4.66276	4.66276
4	24	4.66276	3.87506
4	48	4.66276	1.95904
4	72	4.66276	1.96848
4	120	4.66276	1.36173
4	144	4.66276	0.55630
4	0	3.17609	3.17609
4	24	3.17609	1.85733
4	48	3.17609	1.47712
4	72	3.17609	0.95904
4	120	3.17609	0.00000
4	144	3.17609	0.55630
0	0	5.38021	5.38021
0	120	5.38021	1.47712
0	240	5.38021	0.00000
0	360	5.38021	1.47712
0	0	3.17609	3.17609
0	120	3.17609	0.00000
0	240	3.17609	0.00000
0	0	4.96848	4.96848

ตารางผนวกที่ 5 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
0	24	4.96848	4.96848
0	72	4.96848	3.17609
0	96	4.96848	1.96848
0	120	4.96848	1.63347
0	0	4.66276	4.66276
0	24	4.66276	4.32222
0	72	4.66276	4.38021
0	96	4.66276	3.04139
0	120	4.66276	2.66276
0	144	4.66276	2.66276
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.47712
-10	336	4.17609	0.00000
-10	504	4.17609	0.00000
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.77815
-10	504	4.17609	0.00000
-20	0	2.46240	2.46240
-20	168	2.46240	0.95904
-20	504	2.46240	1.04139
-20	672	2.46240	0.86332
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	1.86332
-20	336	4.17609	0.55630
-20	672	4.17609	0.00000
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	2.55630

ตารางผนวกที่ 5 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
-20	336	4.17609	1.55630
-20	504	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 6 ข้อมูลชุดทวนสอบของแบบจำลองการถดถอยช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
44	5	4.96848	8.38021
44	2	3.32222	4.80618
37	3	2.46240	5.46240
37	6	2.46240	11.04139
37	1	4.38021	4.66276
37	8	4.38021	11.38021
20	2	4.66276	4.87506
20	6	4.66276	4.17609
20	6	5.04139	5.17609
20	10	5.04139	6.38021
10	48	4.96848	4.46240
10	48	3.17609	0.00000
4	24	5.38021	3.96848
4	96	5.38021	1.47712
4	96	4.66276	2.17609
4	96	3.17609	0.47712
0	24	5.38021	2.17609
0	360	3.17609	0.00000
0	48	4.96848	3.38021

ตารางผนวกที่ 6 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
0	48	4.66276	3.38021
-10	672	4.17609	0.00000
-10	672	4.17609	0.00000
-20	336	2.46240	3.66276
-20	504	4.17609	0.00000
-20	672	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 7 ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญ

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
44	0	4.96848	4.96848
44	2	4.96848	6.38021
44	3	4.96848	6.96848
44	4	4.96848	8.38021
44	6	4.96848	4.96848
44	0	3.32222	3.32222
44	3	3.32222	5.36173
44	4	3.32222	4.55630
44	5	3.32222	5.47712
44	6	3.32222	5.47712
37	0	2.46240	2.46240
37	1	2.46240	2.46240
37	4	2.46240	7.38021
37	5	2.46240	8.32222
37	7	2.46240	11.04139

ตารางผนวกที่ 7 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
37	8	2.46240	11.04139
37	9	2.46240	10.46240
37	0	4.38021	4.38021
37	2	4.38021	4.87506
37	3	4.38021	6.38021
37	4	4.38021	7.04139
37	5	4.38021	8.38021
37	6	4.38021	11.38021
37	9	4.38021	11.38021
20	0	4.63347	4.63347
20	4	4.63347	4.17609
20	6	4.63347	5.38021
20	24	4.63347	9.38021
20	0	4.66276	4.66276
20	4	4.66276	5.66276
20	8	4.66276	5.96848
20	10	4.66276	6.46240
20	14	4.66276	10.66276
20	16	4.66276	11.66276
20	0	5.04139	5.04139
20	4	5.04139	5.66276
20	8	5.04139	5.96848
20	12	5.04139	7.87506
20	14	5.04139	8.32222
20	16	5.04139	8.32222

ตารางผนวกที่ 8 ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญ

อุณหภูมิ ($^{\circ}C$)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
44	1	4.96848	6.17609
44	1	3.32222	3.95904
37	2	2.46240	4.46240
37	7	4.38021	11.38021
20	2	4.63347	4.17609
20	12	4.66276	9.07918
20	2	5.04139	4.63347

ตารางผนวกที่ 9 ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการตาย

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
10	0	5.38021	5.38021
10	48	5.38021	3.95904
10	72	5.38021	3.47712
10	0	4.96848	4.96848
10	24	4.96848	4.63347
10	72	4.96848	4.55630
10	0	3.17609	3.17609
10	24	3.17609	0.00000
4	0	5.38021	5.38021
4	48	5.38021	4.46240
4	72	5.38021	3.47712
4	144	5.38021	1.47712
4	0	4.66276	4.66276
4	24	4.66276	3.87506
4	48	4.66276	1.95904
4	72	4.66276	1.96848
4	120	4.66276	1.36173
4	144	4.66276	0.55630
4	0	3.17609	3.17609
4	48	3.17609	1.47712
4	72	3.17609	0.95904
4	120	3.17609	0.00000
4	144	3.17609	0.55630
0	0	5.38021	5.38021
0	120	5.38021	1.47712
0	360	5.38021	1.47712
0	0	3.17609	3.17609

ตารางผนวกที่ 9 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
0	120	3.17609	0.00000
0	240	3.17609	0.00000
0	24	4.96848	4.96848
0	0	4.96848	4.96848
0	72	4.96848	3.17609
0	120	4.96848	1.63347
0	0	4.66276	4.66276
0	24	4.66276	4.32222
0	72	4.66276	4.38021
0	96	4.66276	3.04139
0	144	4.66276	2.66276
-10	0	4.17609	4.17609
-10	336	4.17609	0.00000
-10	504	4.17609	0.00000
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.77815
-10	504	4.17609	0.00000
-20	0	2.46240	2.46240
-20	168	2.46240	0.95904
-20	672	2.46240	0.86332
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	1.86332
-20	336	4.17609	0.55630
-20	672	4.17609	0.00000
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	2.55630
-20	336	4.17609	1.55630
-20	504	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 10 ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการตาย

อุณหภูมิ (°C)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
10	72	3.17609	0.00000
4	120	5.38021	1.47712
4	24	3.17609	1.85733
0	240	5.38021	0.00000
0	96	4.96848	1.96848
0	120	4.66276	2.66276
-10	168	4.17609	1.47712
-20	504	2.46240	1.04139

ตารางผนวกที่ 11 ข้อมูลชุดการเรียนรู้ของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
44	0	4.96848	4.96848
44	2	4.96848	6.38021
44	3	4.96848	6.96848
44	4	4.96848	8.38021
44	6	4.96848	4.96848
44	0	3.32222	3.32222
44	3	3.32222	5.36173
44	4	3.32222	4.55630
44	5	3.32222	5.47712
44	6	3.32222	5.47712
37	0	2.46240	2.46240
37	1	2.46240	2.46240
37	4	2.46240	7.38021
37	5	2.46240	8.32222
37	7	2.46240	11.04139
37	8	2.46240	11.04139
37	9	2.46240	10.46240
37	0	4.38021	4.38021
37	2	4.38021	4.87506
37	3	4.38021	6.38021
37	4	4.38021	7.04139
37	5	4.38021	8.38021
37	6	4.38021	11.38021
37	9	4.38021	11.38021
20	0	4.63347	4.63347
20	4	4.63347	4.17609

ตารางผนวกที่ 11 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
20	6	4.63347	5.38021
20	24	4.63347	9.38021
20	0	4.66276	4.66276
20	4	4.66276	5.66276
20	8	4.66276	5.96848
20	10	4.66276	6.46240
20	14	4.66276	10.66276
20	16	4.66276	11.66276
20	0	5.04139	5.04139
20	4	5.04139	5.66276
20	8	5.04139	5.96848
20	12	5.04139	7.87506
20	14	5.04139	8.32222
20	16	5.04139	8.32222
10	0	5.38021	5.38021
10	48	5.38021	3.95904
10	72	5.38021	3.47712
10	0	4.96848	4.96848
10	24	4.96848	4.63347
10	72	4.96848	4.55630
10	0	3.17609	3.17609
10	24	3.17609	0.00000
4	0	5.38021	5.38021
4	48	5.38021	4.46240
4	72	5.38021	3.47712
4	144	5.38021	1.47712
4	0	4.66276	4.66276

ตารางผนวกที่ 11 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
4	24	4.66276	3.87506
4	48	4.66276	1.95904
4	72	4.66276	1.96848
4	120	4.66276	1.36173
4	144	4.66276	0.55630
4	0	3.17609	3.17609
4	48	3.17609	1.47712
4	72	3.17609	0.95904
4	120	3.17609	0.00000
4	144	3.17609	0.55630
0	0	5.38021	5.38021
0	120	5.38021	1.47712
0	360	5.38021	1.47712
0	0	3.17609	3.17609
0	120	3.17609	0.00000
0	240	3.17609	0.00000
0	24	4.96848	4.96848
0	0	4.96848	4.96848
0	72	4.96848	3.17609
0	120	4.96848	1.63347
0	0	4.66276	4.66276
0	24	4.66276	4.32222
0	72	4.66276	4.38021
0	96	4.66276	3.04139
0	144	4.66276	2.66276
-10	0	4.17609	4.17609
-10	336	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 11 (ต่อ)

อุณหภูมิ (°C)	เวลา (ชั่วโมง)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)	ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)
-10	504	4.17609	0.00000
-10	0	4.17609	4.17609
-10	168	4.17609	1.77815
-10	504	4.17609	0.00000
-20	0	2.46240	2.46240
-20	168	2.46240	0.95904
-20	672	2.46240	0.86332
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	1.86332
-20	336	4.17609	0.55630
-20	672	4.17609	0.00000
-20	0	4.17609	4.17609
-20	168	4.17609	2.55630
-20	336	4.17609	1.55630
-20	504	4.17609	0.00000

ตารางผนวกที่ 12 ข้อมูลชุดทดสอบของแบบจำลองเครือข่ายประสาทเทียมช่วงการเจริญเติบโตทั้งหมด

อุณหภูมิ ($^{\circ}$C)	**เวลา (ชั่วโมง)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* เริ่มต้น (LogMPN/g)**	**ปริมาณ *Vibrio paraheamolyticus* (LogMPN/g)**
44	1	4.96848	6.17609
44	1	3.32222	3.95904
37	2	2.46240	4.46240
37	7	4.38021	11.38021
20	2	4.63347	4.17609
20	12	4.66276	9.07918
20	2	5.04139	4.63347
10	72	3.17609	0.00000
4	120	5.38021	1.47712
4	24	3.17609	1.85733
0	240	5.38021	0.00000
0	96	4.96848	1.96848
0	120	4.66276	2.66276
-10	168	4.17609	1.47712
-20	504	2.46240	1.04139

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ –นามสกุล	นายผดุงเดช พูลสุข
วัน เดือน ปี ที่เกิด	วันที่ 16 กันยายน 2524
สถานที่เกิด	เชียงใหม่
ประวัติการศึกษา	วท.บ (เทคโนโลยีการพัฒนาผลิตภัณฑ์) มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ (พ.ศ. 2546)
ตำแหน่งหน้าที่การงานปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	เข้าร่วมการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 47 นำเสนอผลงานเรื่อง แบบจำลองเชิงปริมาณเพื่อการทำนายปริมาณ *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งขาวแช่เยือกแข็ง เมื่อวันที่ 20 มีนาคม พ.ศ. 2552
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	ทุนวิจัยจากโครงการการประเมินความเสี่ยงของเชื้อก่อโรค *Vibrio parahaemolyticus* ในกุ้งแช่เย็นและแช่แข็งในประเทศไทยและการพัฒนาและสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ สำหรับการลดปริมาณการปนเปื้อนในกรรมวิธีการผลิต สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ