



การศึกษาแบบจำลองเชิงพื้นที่สำหรับโรคเลปโตสไปโรสิสในประเทศไทย



วิทยานิพนธ์เสนอบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยนเรศวร
เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา หลักสูตรวิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชาฟิสิกส์
ปีการศึกษา 2564
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยนเรศวร

การศึกษาแบบจำลองเชิงพื้นที่สำหรับโรคเลปโตสไปโรซิสในประเทศไทย



วิทยานิพนธ์เสนอบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยนเรศวร
เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาฟิสิกส์
ปีการศึกษา 2564
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยนเรศวร

วิทยานิพนธ์ เรื่อง "การศึกษาแบบจำลองเชิงพื้นที่สำหรับโรคเลปโตสไปโรซิสในประเทศไทย"

ของ สุรภา วิษาเป็ง

ได้รับการพิจารณาให้นับเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร

ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาฟิสิกส์

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

.....
(รองศาสตราจารย์ ดร.ไวพจน์ งามสะอาด)

ประธานที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

.....
(รองศาสตราจารย์ ดร.สุดาร์ตน์ชาติสุทธิ)

กรรมการผู้ทรงคุณวุฒิภายใน

.....
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.คเชนทร์ แดงอุดม)

อนุมัติ

.....
(รองศาสตราจารย์ ดร.กรรองกาญจน์ ชูทิพย์)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

ชื่อเรื่อง	การศึกษาแบบจำลองเชิงพื้นที่สำหรับโรคเลปโตสไปโรซิสในประเทศไทย
ผู้วิจัย	สุรภา วิชาเป็ง
ประธานที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์ ดร.สุภารัตน์ ชาติสุทธิ
ประเภทสารนิพนธ์	วิทยานิพนธ์ วท.ม. ฟิสิกส์, มหาวิทยาลัยนเรศวร, 2564
คำสำคัญ	โรคเลปโตสไปโรซิส, แบบจำลองแลตทิซ, การเคลื่อนที่ของประชากร

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาพลวัตการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิส จากการพัฒนาแบบจำลอง stochastic cellular automata ประกอบด้วยแลตทิซ 2 มิติที่ซ้อนทับกัน ได้แก่แลตทิซแสดงสถานะประชากร และแลตทิซแสดงสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน อีกทั้งกำหนดให้ประชากรสามารถเคลื่อนที่บนแลตทิซได้ โดยในแบบจำลองพิจารณาให้อัตราการส่งผ่านโรคของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คนขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม ผลจากการจำลองสถานการณ์พบว่าอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วมทำให้จำนวนผู้ป่วยที่คำนวณได้สอดคล้องกับข้อมูลผู้ป่วยในจังหวัดศรีสะเกษ ในปี พ.ศ. 2557 ถึง พ.ศ. 2561 มากกว่าปัจจัยอื่น ต่อมาศึกษาอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติ ที่ส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนสถานะจากไม่ระบาด (an absorbing state) ไปสู่การระบาดของโรค (an active state) โดยพบว่าค่าอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติที่คำนวณได้ประมาณ 1×10^{-5} นอกจากนี้งานวิจัยนี้ยังศึกษาการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproductive number, R_0) จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (SEIR model) ซึ่งแบ่งการวิเคราะห์เพื่อหาค่า R_0 ออกเป็น 3 แบบ คือ 1) อัตราการส่งผ่านโรค (Transition) 2) อัตราการส่งผ่านโรคและสิ่งแวดล้อม (Transition-Reservoir) และ 3) สิ่งแวดล้อม (Reservoir) ผลจากการวิเคราะห์เชิงตัวเลขพบว่าพารามิเตอร์ 3 พารามิเตอร์ ที่ส่งผลต่อการระบาด คืออัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม อัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน และอัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า

Title	THE STUDY OF SPATIAL MODEL FOR LEPTOSPIROSIS IN THAILAND
Author	SURAPA WICHAPENG
Advisor	Associate Professor Sudarat Chadsuthi
Academic Paper	M.S. Thesis in Physics, Naresuan University, 2021
Keywords	Leptospirosis, Lattice – based model, Human mobility

ABSTRACT

The objective of this work was to study the dynamics of the leptospirosis epidemic from the development stochastic cellular automata model, consisting of an overlapping 2D lattice, i.e., a population lattice, and an environment lattice. In this work, individuals can move from one site to another on the population lattice. We set the transmission probability from contaminated environments to individuals depending on the sinusoidal function, the amount of rainfall, and the flooded index. According to simulation results, we found that the disease transmission probability based on the flooded index led to the infected numbers corresponding to the reported cases in Sisaket Province from 2014 to 2018 than other factors. Then, we find the critical transmission probability from an absorbing state to an active state, which is approximately to 1×10^{-5} . Finally, we studied the Basic reproductive number (R_0) from the mathematical model of the disease (SEIR model). We divided the analysis of R_0 into three types, i.e., 1) Transition, 2) Transition-Reservoir, and 3) Reservoir. From numerical analysis results, we found that the three parameters, i.e., the multiplication rate of leptospires in the environment, the rate of transmission from the contaminated environment to humans, and the death rate of *Leptospira* in the environment, were the most influence on epidemic dynamics.

ประกาศคุณูปการ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงตามเป้าหมายได้ด้วยความกรุณาจากหลายท่าน ผู้วิจัยขอขอบพระคุณผู้ให้ความช่วยเหลือทุกท่านที่กรุณาเสียสละเวลาและให้คำแนะนำที่เป็นประโยชน์ต่อการศึกษาค้นคว้าเป็นอย่างดี

ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ที่กรุณาเสียสละเวลาให้คำแนะนำปรึกษา ชี้แนะแนวทาง ตรวจสอบและปรับปรุงแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ งานวิจัยมีความถูกต้องสมบูรณ์ยิ่งขึ้น ด้วยความเอาใจใส่เป็นอย่างดี เหนือสิ่งอื่นใดขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา ผู้อบรมสั่งสอนและสนับสนุนในด้านการศึกษา ตลอดจนเป็นกำลังใจสำคัญที่ทำให้สามารถผ่านพ้นอุปสรรคต่างๆไปได้ด้วยดี นอกจากนี้ผู้วิจัยขอขอบคุณคณะอาจารย์และนิสิตสาขาวิชาฟิสิกส์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร ทุกคนที่ช่วยเหลือและให้คำปรึกษาที่ดีเสมอมา

สำหรับคุณค่าและประโยชน์อันพึงจะมีจากการวิจัยในครั้งนี้ ผู้วิจัยขอขอบคุณความดีทั้งหมดให้แก่ผู้มีพระคุณ ตลอดจนคณาจารย์จากมหาวิทยาลัยนเรศวรทุกท่านที่ประสิทธิ์ประสาทความรู้ให้แก่ผู้วิจัย

สุรภา วิชาเป็ง

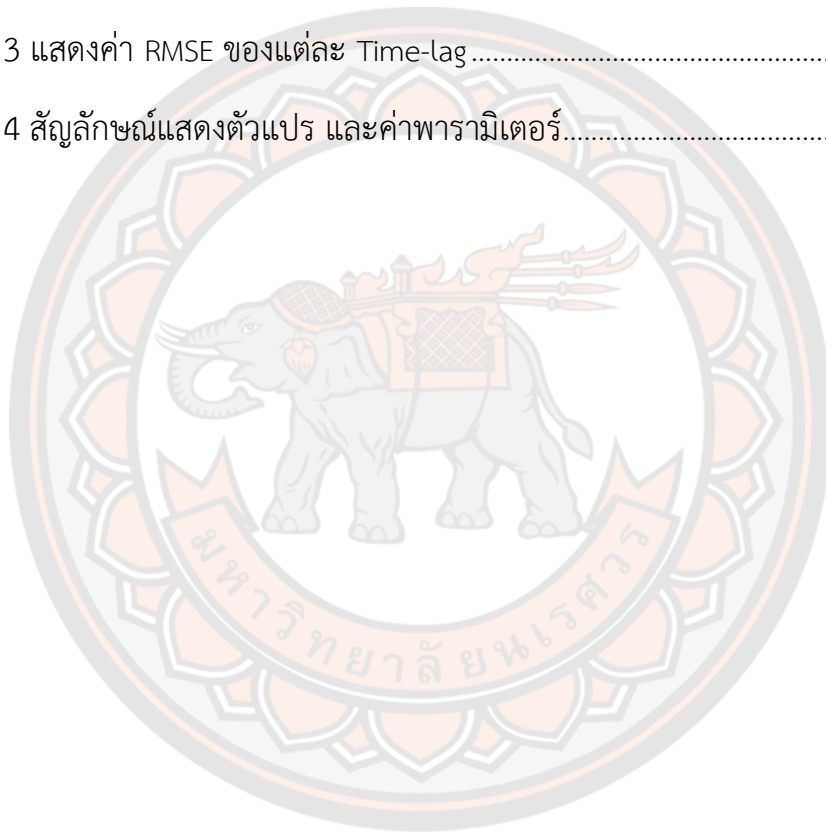
สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ค
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ง
ประกาศคุุณูปการ	จ
สารบัญ	ฉ
สารบัญตาราง.....	ช
สารบัญภาพ.....	ฌ
บทที่ 1 บทนำ.....	1
ความเป็นมาและความสำคัญ.....	1
จุดมุ่งหมายของการวิจัย.....	3
ขอบเขตของการวิจัย.....	3
สมมุติฐานของการวิจัย.....	3
บทที่ 2 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	4
โรคเลปโตสไปโรสิส (Leptospirosis).....	4
แบบจำลองการระบาด (Epidemic model).....	5
แบบจำลองแลตทิซ (lattice – based model).....	8
การเคลื่อนที่ของประชากร (Human mobility).....	11
การหาค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproduction number, R_0).....	14
ทบทวนวรรณกรรม.....	16
บทที่ 3 แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนแลตทิซ.....	18

แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสบนแลตทิซอย่างง่าย	18
ข้อมูล (Data)	18
การสร้างแบบจำลองอย่างง่าย (A simple Model)	22
การเคลื่อนที่ของประชากรบนแลตทิซ (Human movement)	23
การส่งผ่านโรค (Transmission disease)	24
ผลและวิจารณ์ผลการจำลองสถานการณ์	26
แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสบนแลตทิซ	30
ผลและวิจารณ์ผลการจำลองสถานการณ์	32
บทที่ 4 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรซิส	34
แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรซิส	34
แบบที่ 1 อัตราการส่งผ่านโรค (Transition)	36
แบบที่ 2 อัตราการส่งผ่านโรค และสิ่งแวดล้อม (Transition-Reservoir)	38
แบบที่ 3 สิ่งแวดล้อม (Reservoir)	40
การวิเคราะห์เชิงตัวเลข (Numerical analysis)	42
บทที่ 5 บทสรุป	46
สรุปผลการวิจัย	46
ข้อเสนอแนะ	47
บรรณานุกรม	48
ภาคผนวก	54
ประวัติผู้วิจัย	59

สารบัญตาราง

	หน้า
ตาราง 1 รายละเอียดของแต่ละช่วงคลื่นของข้อมูลการรับรู้จากระยะไกลจากดาวเทียม MODIS.....	20
ตาราง 2 แสดงค่าพารามิเตอร์ของประชากร และสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน	24
ตาราง 3 แสดงค่า RMSE ของแต่ละ Time-lag.....	32
ตาราง 4 สัญลักษณ์แสดงตัวแปร และค่าพารามิเตอร์.....	42



สารบัญภาพ

	หน้า
ภาพ 1 ความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรในแบบจำลอง SIR.....	6
ภาพ 2 แสดงสัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้กับค่า Basic reproduction number.....	7
ภาพ 3 ความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรในแบบจำลอง SIER.....	8
ภาพ 4 ผลจากการใช้แบบจำลองแลตทิซแบบ coupled จับคู่แบบ commuter-type.....	10
ภาพ 5 แสดงปฏิสัมพันธ์กันระหว่างบุคคล (แสดงเป็นจุด) บนแลตทิซแบบคู่.....	10
ภาพ 6 แสดงการเดินแบบสุ่มใน 1 มิติ.....	11
ภาพ 7 แสดงการเดินจำนวน N ก้าว ที่ในแต่ละก้าวมีระยะกระจัดเท่ากับ x_i	12
ภาพ 8 แสดงลักษณะการเคลื่อนที่แบบ Lévy-Flight [23].....	13
ภาพ 9 แผนภาพสถานะสำหรับแบบจำลอง SEIR	15
ภาพ 10 ตัวอย่างผลิตภัณฑ์น้ำฝน TRMM 3B42 v.7	19
ภาพ 11 แสดงหน้าต่างดาวเทียมโหลดข้อมูลภาพถ่ายจากดาวเทียม TERRA ระบบ MODIS ...	20
ภาพ 12 พิกัดของข้อมูลสำหรับประเทศไทย	21
ภาพ 13 ความสัมพันธ์ระหว่างแลตทิซของประชากร และสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน	22
ภาพ 14 แสดงการเคลื่อนที่ของประชากรบนแลตทิซ	24
ภาพ 15 แสดงความสัมพันธ์ระหว่างแลตทิซของประชากรกับแลตทิซของสิ่งแวดล้อมที่ ปนเปื้อน และแสดงการเปลี่ยนสถานะของประชากร	25
ภาพ 16 แสดงผลการจำลองสถานการณ์จากการแปรค่าเลขชี้กำลังในสมการ Truncated power-law	26
ภาพ 17 ความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนผู้ป่วยของโรคเลปโตสไปโรสิส ฟังก์ชันไซน์ ปริมาณ น้ำฝน และดัชนีน้ำท่วมสำหรับปี พ.ศ. 2557- พ.ศ. 2561	27

ภาพ 18 แสดงผลการจำลองสถานการณ์ของโรคเลปโตสไปโรซิสโดยอัตราการส่งผ่านโรค ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม	28
ภาพ 19 แสดงผลการจำลองสถานการณ์ของอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติ	29
ภาพ 20 (ก) ตัวอย่างการสุ่มด้วยวิธี LHS 5 ตัวอย่าง (ข) ตัวอย่างของค่า n_0 และ n_1 สุ่มด้วย วิธี LHS 100 ตัวอย่าง	31
ภาพ 21 ผลการจำลองสถานการณ์การระบาดที่ Time-lag มีค่าเท่ากับ 0-4 สัปดาห์.....	33
ภาพ 22 แนวคิดการสร้างแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสจากสิ่งแวดล้อม ที่ ปนเปื้อนสู่คน	34
ภาพ 23 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการเพิ่มขึ้น ของเชื้อเลปโตสไปราในสิ่งแวดล้อม	44
ภาพ 24 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการส่งผ่าน โรคระหว่างสิ่งแวดล้อมสู่คน	44
ภาพ 25 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการตายของ เชื้อเลปโตสไปรา	45

บทที่ 1

บทนำ

ความเป็นมาและความสำคัญ

โรคเลปโตสไปโรสิส (leptospirosis) เป็นโรคติดเชื้อที่สำคัญซึ่งเกิดขึ้นทั่วโลก โดยส่วนใหญ่พบในประเทศเขตร้อน และกึ่งเขตร้อน [1] ซึ่งประเทศไทยอยู่ในเขตร้อน โรคนี้มีสาเหตุมาจากการติดเชื้อแบคทีเรียที่ชื่อว่าเลปโตสไปรา (Leptospira) [2] โรคเลปโตสไปโรสิสเป็นโรคที่สามารถติดต่อจากสัตว์มาสู่คนได้ (zoonotic disease) โดยการติดเชื้อส่วนใหญ่เกิดจากที่คนไปสัมผัสกับปัสสาวะของสัตว์ที่เป็นแหล่งรังโรค เช่น โค กระบือ สุกร และหนู หรือการสัมผัสกับแหล่งน้ำ ดินหรือโคลน ที่ปนเปื้อนเชื้อจากสัตว์เหล่านั้น คนส่วนใหญ่มักติดเชื้อจากการสัมผัสกับสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนเหล่านั้น เมื่อเชื้อโรคเข้าสู่ร่างกายมีระยะฟักตัวประมาณ 7 ถึง 12 วัน ก่อนจะแสดงอาการของโรค ซึ่งอาการของโรคได้แก่ ไข้เฉียบพลัน ปวดศีรษะรุนแรง หนาวสั่น ปวดกล้ามเนื้ออย่างรุนแรง เป็นต้น [3, 4]

ในประเทศไทยอาชีพเกษตรกรรม และแรงงานทางการเกษตรมีความสำคัญเพราะมีประชากรที่ประกอบอาชีพนี้ประมาณ 30% ในปี 2561 [5] ซึ่งเป็นกลุ่มที่มีความเสี่ยงสูง เนื่องจากอาชีพทำนามักจะใช้เท้าเปล่าย่ำน้ำที่ขังเป็นเวลานาน เชื้อเลปโตสไปราจึงสามารถเข้าสู่ร่างกายผ่านทางรอยขีดข่วนหรือบาดแผล [6, 7] ตามการระบาดวิทยาของโรคเลปโตสไปโรสิส พบว่าผู้ป่วยส่วนใหญ่พบในพื้นที่ชนบทมากกว่าในเมืองซึ่งเป็นผลมาจากปัจจัยแวดล้อม และการประกอบอาชีพที่กล่าวถึงข้างต้น อีกทั้งเชื้อแบคทีเรียเลปโตสไปราสามารถอาศัยอยู่ในน้ำหรือในดินได้เป็นเวลานาน [8, 9] การระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสมักจะเกิดการระบาดในช่วงฤดูฝนถึงต้นฤดูหนาว ดังนั้นสภาพอากาศจึงเป็นปัจจัยสำคัญอย่างหนึ่งที่มีผลต่อการแพร่ระบาดของโรคนี้ [10] ในซัลวาดอร์ ประเทศบราซิลมีผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรสิสเข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลช่วงฤดูฝนมากกว่าช่วงฤดูอื่น ๆ จึงพบความสัมพันธ์เชิงบวกระหว่างจำนวนผู้ติดเชื้อกับปริมาณน้ำฝนที่เพิ่มขึ้นตามกัน [11] จากการศึกษาในประเทศอินเดีย [12] และประเทศศรีลังกา [13] กราฟจำนวนผู้ป่วยของโรคเลปโตสไปโรสิสสอดคล้องกับกราฟของฤดูกาล อีกทั้งยังพบความสัมพันธ์กับปริมาณน้ำฝนร่วมด้วย มีการศึกษาจำนวนมากเกี่ยวกับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรสิส ดังเช่นงานวิจัยของ Triampo และคณะ [14] มีการนำเสนอแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคเลปโตสไปโรสิส โดยมีหนูที่เป็นแหล่งรังโรค และสามารถส่งผ่านโรคไปยังผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อได้ด้วยอัตราการส่งผ่านโรคตามปริมาณน้ำฝนในจังหวัดแพร่ และจังหวัดนครราชสีมาของประเทศไทย ในงานวิจัยของ Holt และคณะ [15] ใช้แบบจำลอง SIR เพื่อทำความเข้าใจเกี่ยวกับพลวัตของการติดเชื้อในประชากรสัตว์

พื้นที่ในแอฟริกาของแทนซาเนีย และในงานวิจัยของ Pongsumpun และคณะ [16] ได้พัฒนาแบบจำลอง SIR-SI เพื่อศึกษาพฤติกรรมของโรคเลปโตสไปโรซิสเพื่อแสดงถึงอัตราการเปลี่ยนแปลงของทั้งหนู และประชากรมนุษย์

อย่างไรก็ตามการศึกษาเกี่ยวกับโรคเลปโตสไปโรซิสเหล่านั้นไม่ได้พิจารณาในเชิงพื้นที่ซึ่งมีความสำคัญต่อการระบาดของโรค การระบาดที่มีการพิจารณาเชิงพื้นที่ที่มีความแตกต่างจากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ คือในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์จะใช้เพื่อพิจารณาประชากรกลุ่มที่มีลักษณะเหมือนกัน ส่วนแบบจำลองเชิงพื้นที่สามารถใช้พิจารณาประชากร และสถานที่ที่มีความแตกต่างกันได้ [17] แบบจำลองเชิงพื้นที่ช่วยให้สามารถศึกษาปัญหาที่ซับซ้อน เช่นการเคลื่อนที่ของประชากร และความแตกต่างของสิ่งแวดล้อม แบบจำลอง Stochastic Cellular Automata (SCA) เป็นแบบจำลองที่ใช้ในการอธิบายพลวัตเชิงพื้นที่ซึ่งเป็นระบบที่ไม่ต่อเนื่องในพื้นที่ และเวลา [18] สำหรับแบบจำลองแลตทิซ กำหนดให้ในแต่ละช่องจะมีสถานะของประชากรอยู่ โดยสถานะของประชากรนี้ก็จะสามารถเปลี่ยนแปลงได้ตามกฎของการเปลี่ยนแปลง และสถานะของเพื่อนบ้านข้างเคียง แบบจำลองทำให้สามารถศึกษาการอัตราการส่งผ่านโรคของเชื้อเลปโตสไปราในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนได้ ก่อนหน้านั้นในงานวิจัยของ Athithan และคณะ [19] นำเสนอแบบจำลอง Cellular Automata สำหรับการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสระหว่างคน และสัตว์ ด้วยวิธี voting rules ผลจากการจำลองสถานการณ์เปรียบเทียบกับข้อมูลจำนวนผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรซิสจริง ในประเทศไทยระหว่างปี พ.ศ. 2543 และ พ.ศ. 2544 พบว่าจำลองสถานการณ์ใกล้เคียงกับข้อมูลจริง แต่การที่ประชากรจะสามารถรับเชื้อเลปโตสไปราได้ ส่วนใหญ่มาจากการสัมผัสกับสภาพแวดล้อมที่ปนเปื้อน [3] เพื่อให้มีความใกล้เคียงกับการระบาดจริงยิ่งขึ้น จึงพิจารณาให้มีการเพิ่มแลตทิซของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนขึ้น และความน่าจะเป็นที่ประชากรคนจะเปลี่ยนสถานะได้ขึ้นอยู่กับสภาพอากาศ และผลกระทบตามฤดูกาล [12]

ในงานวิจัยนี้ได้พัฒนาแบบจำลอง Stochastic Cellular Automata ซึ่งประกอบด้วยแลตทิซสองมิติ ได้แก่ แลตทิซของคน และแลตทิซของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนที่สามารถส่งผ่านโรคไปสู่คนได้ โดยในแลตทิซของคน กำหนดให้สามารถเคลื่อนที่ไปยังตำแหน่งอื่นได้ โดยมีวัตถุประสงค์คือศึกษาผลของอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และปริมาณน้ำท่วม ซึ่งแบบจำลองนี้พิจารณาเฉพาะจังหวัดศรีสะเกษประเทศไทย อีกทั้งยังศึกษาอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติที่แสดงให้เห็นถึงเฟสที่แสดงจุดที่ไม่เกิดการระบาดไปสู่การระบาดของโรคขึ้น และศึกษาการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number (R_0))

จุดมุ่งหมายของการวิจัย

1. ศึกษาพลวัตการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิส (leptospirosis) โดยใช้ฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วมเป็นปัจจัยในการส่งผ่านโรค
2. ศึกษาเฟสของการไม่เกิดโรค (infection free) และการระบาด (epidemic)
3. ศึกษาการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number, R_0)

ขอบเขตของการวิจัย

1. ประชากรในแบบจำลองเป็นผู้ที่ประกอบอาชีพเกษตรกร และปศุสัตว์ และอาศัยอยู่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยในปี พ.ศ. 2560
2. พิจารณาข้อมูลจำนวนผู้ป่วยของโรคเลปโตสไปโรสิส ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม ในช่วง พ.ศ. 2557 – พ.ศ. 2561 ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย
3. ในแบบจำลองกำหนดให้ประชากรสามารถเคลื่อนที่บนแลตทิซได้ แต่สิ่งแวดล้อมไม่สามารถเคลื่อนที่ได้

สมมติฐานของการวิจัย

1. การส่งผ่านโรคเป็นฟังก์ชันไซน์ขึ้นอยู่กับปริมาณน้ำฝน และขึ้นอยู่กับดัชนีน้ำท่วม
2. หาค่าการส่งผ่านโรควิกฤติ (λ_c) ที่ทำให้เกิดการระบาดของโรคได้

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

โรคเลปโตสไปโรสิส (Leptospirosis)

โรคเลปโตสไปโรสิส (leptospirosis) [20] เป็นโรคที่สามารถติดต่อจากสัตว์ไปสู่คน (zoonotic disease) เกิดจากการติดเชื้อแบคทีเรียที่ชื่อว่าเลปโตสไปรา ซึ่งมีหลายชนิด และให้เกิดก่ออาการหลากหลาย ขึ้นอยู่กับชนิดของเชื้อแบคทีเรีย (serovars) เชื้อก่อโรคมักมีลักษณะเป็นรูปเกลียวส่วน (spirochete) เส้นเกลียวบาง ขนาดกว้างประมาณ 0.1 ไมโครเมตร ยาว 6 - 12 ไมโครเมตร ใน Order Spirochaetales Genus มี 6 ชนิด คือ *Leptospira interrogans*, *Leptospira kirschneri*, *Leptospira noguchii*, *Leptospira borgpetersenii*, *Leptospira santarosai*, *Leptospira weilii* โดยมีสัตว์หลายชนิดเป็นแหล่งรังโรค เช่น หนู สุกร โค กระบือ และสุนัข เป็นต้น สัตว์ที่เป็นแหล่งรังโรคอาจไม่แสดงอาการ แต่จะมีการติดเชื้อที่ท่อไต (renal tubule) สามารถปล่อยเชื้อออกมากับปัสสาวะได้เป็นเวลานานหลายสัปดาห์หรือตลอดชีวิตของมัน สัตว์ที่เป็นแหล่งรังโรคจะสามารถส่งผ่านเชื้อโรคได้จากการผสมพันธุ์ การกินน้ำ อาหาร ฯลฯ นอกจากนี้การถ่ายทอดเชื้อจากแม่สัตว์ไปยังลูกสัตว์ผ่านทางรกหรือขณะคลอดก็อาจเกิดขึ้นได้ด้วย ซึ่งทำให้เกิดการระบาดในฝูงสัตว์

เชื้อเลปโตสไปราที่ถูกปล่อยออกมาจากปัสสาวะสัตว์ที่ติดเชื้อ จะปนเปื้อนอยู่ตามดินทรายที่เปียกชื้น หรือตามแหล่งน้ำ เชื้อโรคจะเข้าสู่ร่างกายผ่านทางผิวหนังที่มีบาดแผล ผิวหนังที่เปียกชุ่มจากการแช่น้ำเป็นเวลานาน ๆ และเยื่อที่อ่อนนุ่ม เช่น ตา จมูก ปาก ระหว่างว่ายน้ำ นอกจากนี้ยังสามารถติดเชื้อได้จากการกินอาหารที่ปนเปื้อนปัสสาวะหนู (แต่ไม่พบบ่อยนัก)

การประกอบอาชีพที่เสี่ยงต่อการเกิดโรค ส่วนใหญ่จะเป็นกลุ่มผู้ที่ประกอบอาชีพที่มีโอกาสสัมผัสสัตว์ ปัสสาวะของสัตว์ เช่น เกษตรกรผู้เลี้ยงสัตว์ หรือสัมผัสกับสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนอยู่เสมอ ๆ เช่น เกษตรกรที่ทำนา จะมีความเสี่ยงต่อการติดโรคจากแช่น้ำเป็นเวลานาน เกษตรกรที่ทำไร่ จะมีความเสี่ยงต่อการติดโรคในช่วงฤดูเก็บเกี่ยว เนื่องจากมือและเท้าต้องสัมผัสพื้นดินที่เปียกชื้น และกลุ่มผู้ที่ประกอบอาชีพอื่น ๆ ก็มีความเสี่ยงต่อการติดโรคได้แต่น้อย เช่น คนงานขุดลอกท่อระบายน้ำเหมืองแร่ คนงานโรงฆ่าสัตว์ สัตวแพทย์ นักวิทยาศาสตร์ในห้องทดลอง ทหารและตำรวจที่ปฏิบัติหน้าที่ตามป่าเขา

ปัจจัยในด้านของสิ่งแวดล้อมที่สัมพันธ์กับระบาดของโรค ได้แก่ฤดูกาล โดยทั่วไปจะพบผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรสิสได้ตลอดปี แต่จำนวนผู้ป่วยของโรคนี้จะสูงขึ้นในช่วงปลายฤดูฝนต่อฤดูหนาว เนื่องจากเชื้อเลปโตสไปราปนเปื้อนในสิ่งแวดล้อมมากขึ้น

แบบจำลองการระบาด (Epidemic model)

แบบจำลอง SIR [17] เป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เป็นเครื่องมือหนึ่งที่ใช้ในการทำความเข้าใจพลวัตการระบาดของโรคระบาด ซึ่งสามารถใช้อธิบายรูปแบบของการระบาดของโรคตามสมมติฐานทางคณิตศาสตร์ ซึ่งมีการศึกษา และพัฒนาแบบจำลองการระบาดของโรคเริ่มต้นตั้งแต่นั้นในปี 1927 โดย kermack และ Mckendrick ศึกษาแบบจำลอง SIR ซึ่งเป็นแบบจำลองแบบดีเทอร์มินิสติก (deterministic model) มีการเสนอเป็นสมการเชิงอนุพันธ์สามัญ (ordinary differential equation) ที่สามารถอธิบายถึงพลวัตการระบาดของโรคติดต่อได้ภายใต้สมมติฐานคือ จำนวนประชากรทั้งหมดไม่มีการเปลี่ยนแปลง นั่นคือไม่พิจารณาการเกิด และการตายภายในระบบ อีกทั้งประชากรที่หายจากการติดเชื้อจะมีภูมิคุ้มกันแบบถาวรซึ่งจะไม่สามารถกลับไปติดเชื้อเดิมได้อีก

ในแบบจำลองนี้แบ่งประชากรเป็น 3 กลุ่ม มีสัญลักษณ์ดังนี้

- S แทน ผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ (Susceptible)
- I แทน ผู้ที่ติดเชื้อ และเป็นพาหะของโรค (Infected)
- R แทน ผู้ที่หายจากการติดเชื้อ และมีภูมิคุ้มกัน (Recovered)
- β แทน อัตราการส่งผ่านโรค (transmission rate)
- γ แทน อัตราการหายจากโรค (recovery rate)

อัตราการส่งผ่านโรค (transmission rate, β) หรืออัตราการแพร่เชื้อ สามารถคำนวณได้จากระยะเวลาที่ทำให้เกิดผู้ที่ติดเชื้อรายใหม่ขึ้นได้ 1 ราย ตัวอย่างเช่น หากโดยเฉลี่ยแล้วระยะเวลาประมาณ 7 วัน จะพบผู้ติดเชื้อรายใหม่ 1 ราย ดังนั้น β จะเท่ากับ $1/7$ (0.143) ซึ่งหมายความว่าในระยะเวลา 1 วัน จะมีผู้ติดเชื้อรายใหม่ 0.143 ราย

อัตราการหายจากโรค (Recovery rate, γ) สามารถหาได้จากระยะเวลาที่ทำให้ผู้ที่ติดเชื้อ 1 รายหายจากโรค ตัวอย่างเช่น หากโดยเฉลี่ยแล้วผู้ที่ติดเชื้อจะใช้เวลาประมาณ 10 วัน ในการหายจากโรค ดังนั้น γ จะเท่ากับ $1/10$ (0.1) ซึ่งหมายความว่าในระยะเวลา 1 วัน จะผู้ที่หายจากการติดเชื้อ 0.1 คน

จากแบบจำลองการระบาดดังกล่าว ประชากรจากกลุ่ม S จะสามารถเปลี่ยนสถานะกลายเป็นกลุ่ม I ได้จากอัตราการส่งผ่านโรค (β) ต่อมาประชากรกลุ่ม I จะสามารถเปลี่ยนสถานะเป็นประชากรกลุ่ม R ได้จากอัตราการหายจากการติดเชื้อ (γ) แสดงความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรดังภาพ 1



ภาพ 1 ความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรในแบบจำลอง SIR

จากภาพ 1 ใช้ลูกศรสีดำแทนการแสดงทิศทางของการเปลี่ยนสถานะของ S , I และ R โดยสามารถเขียนสมการเชิงอนุพันธ์ ODE (Ordinary differential equations) ได้ดังนี้

$$\frac{ds}{dt} = -\beta SI \quad 2.1$$

$$\frac{di}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad 2.2$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad 2.3$$

การหาค่าปรากฏการณ์วิกฤติ พิจารณาจากการติดเชื้อ $I(0)$ ที่ส่งผ่านโรคไปยังผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ $S(0)$ แล้วผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื่อนั้นเริ่มกลายเป็นผู้ที่ติดเชื้อ จากสมการที่ 2.2 เมื่อพิจารณาที่เวลาเริ่มต้นจะได้

$$\left. \frac{di}{dt} \right|_{t=0} = I_0(\beta S_0 - \gamma) \quad 2.4$$

จากการวิเคราะห์พบว่า

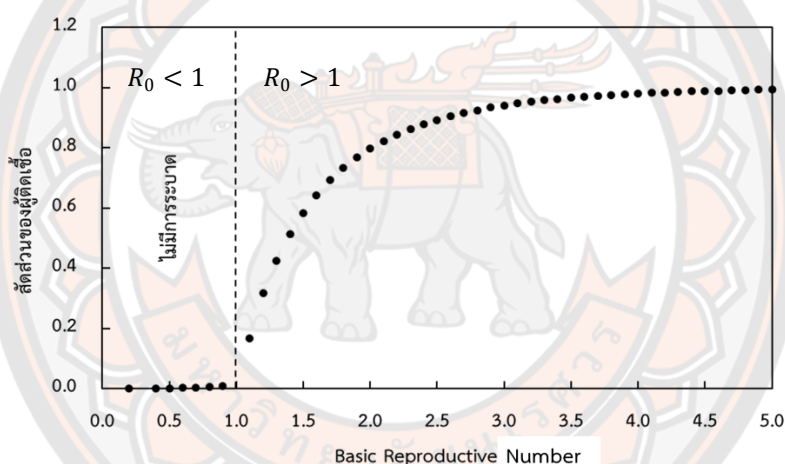
$$I_0(\beta S_0 - \gamma) > 0 \text{ if } S_0 > \gamma/\beta \quad 2.4.1a$$

$$I_0(\beta S_0 - \gamma) < 0 \text{ if } S_0 < \gamma/\beta \quad 2.4.1b$$

นั่นหมายความว่าที่เริ่มต้นหากการระบาดมีแนวโน้มจะเพิ่มขึ้น จำนวนกลุ่มเสี่ยงเริ่มต้นจะต้องมีปริมาณมากระดับหนึ่ง $S_0 > \gamma/\beta$ จะส่งผลให้ $I_0(\beta S_0 - \gamma) > 0$ และหากจำนวนประชากรในกลุ่มเสี่ยงจะลดลงเรื่อย ๆ จากปริมาณเริ่มต้น ซึ่งแน่นอนว่า $s(t) \leq s_0$ ที่เวลาใด ๆ ดังนั้นถ้าประชากรกลุ่มเสี่ยงตอนเริ่มต้นมีปริมาณน้อยเกินไป $S_0 < \gamma/\beta$ จะส่งผลให้ $I_0(\beta S_0 - \gamma) < 0$

จากการวิเคราะห์ตั้งแต่ต้นเราจะพบว่าค่าอัตราส่วน γ/β เป็นค่าสำคัญในการกำหนดทิศทางของการแพร่กระจายของโรคว่าจะทำให้เกิดการระบาดของโรคหรือไม่ อัตราส่วนดังกล่าวนี้

ถูกเรียกว่า อัตราการเอาออกสัมพัทธ์ (relative removal rate) ซึ่งส่วนกลับ β/γ จะเป็นอัตราการสัมผัส (contact rate) ซึ่งอัตราการสัมผัสนี้เมื่อคูณด้วยจำนวนประชากรกลุ่มผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อตั้งต้นจะให้ ค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญมากที่สุดเกี่ยวกับการระบาดเรียกว่า ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number (R_0)) ซึ่งค่า R_0 หมายถึง จำนวนเฉลี่ยของผู้ติดเชื้อรายใหม่ ที่เกิดขึ้นจากผู้ติดเชื้อรายแรกแพร่เชื้อให้กับผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ คำนวณได้จาก $R_0 = \beta/\gamma$ หากค่า $R_0 > 1$ ผู้ป่วยรายแรกสามารถแพร่เชื้อได้มากกว่า 1 คนโดยเฉลี่ย นั้นแสดงว่าเกิดการระบาดขึ้น และหากค่า $R_0 < 1$ ผู้ป่วยรายแรกสามารถแพร่เชื้อได้น้อยกว่า 1 คนโดยเฉลี่ย นั้นแสดงว่าไม่เกิดการระบาด ดังนั้นค่า $R_0 > 1$ จะส่งผลให้สัดส่วนของผู้ติดเชื้อจะเพิ่มขึ้น ซึ่งเรียกว่า จุดเริ่มของการระบาด (epidemic) หากค่า $R_0 = 1$ จะส่งผลให้มีการแพร่ระบาดโดยมีผู้ป่วยต่อเนื่องคงที่ และหากค่า $R_0 < 1$ จะส่งผลให้สัดส่วนของผู้ติดเชื้อเริ่มลดลง หรือไม่ส่งผลให้เกิดการระบาด ดังภาพ 2

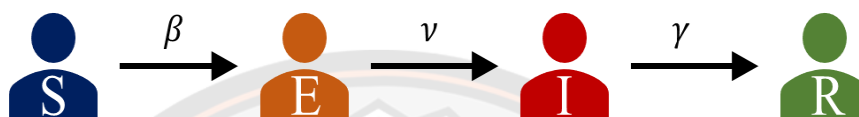


ภาพ 2 แสดงสัดส่วนของประชากรที่ติดเชื้อมีค่า Basic reproduction number

แบบจำลอง SEIR [17] เป็นแบบจำลองที่ในเวลาต่อเริ่มมีการคำนึงถึงระยะฟักตัว (incubation period) ของโรคติดทำให้มีการพัฒนาแบบจำลองเพิ่มเติมจากแบบจำลอง SIR โดยแยกประชากรกลุ่มหนึ่งออกจากประชากรกลุ่มผู้ที่ติดเชื้อ และสามารถส่งผ่านโรคได้ เรียกว่า ประชากรกลุ่มที่ติดเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการ (Exposed) จึงเรียกแบบจำลองดังกล่าวว่า Susceptible- Exposed- Infectious- Recovered Model (SEIR model) จากแบบจำลองการระบาดดังกล่าวประชากรจากกลุ่ม S จะสามารถเปลี่ยนสถานะกลายเป็นกลุ่ม E ได้จากอัตราการส่งผ่านโรค (β) ส่วนประชากรกลุ่ม E จะเปลี่ยนสถานะกลายเป็นประชากรกลุ่ม I ได้จากอัตราการฟักตัว (ν)

ต่อมาประชากรกลุ่ม I จะสามารถเปลี่ยนสถานะเป็นประชากรกลุ่ม R ตามอัตราการหายจากการติดเชื้อ (γ) แสดงความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรดังภาพ 3

อัตราการฟักตัว (incubation rate, ν) สามารถหาได้จากระยะเวลาฟักตัว (incubation period) ของโรค ตัวอย่างเช่น โดยเฉลี่ยแล้วโรคเลปโตสไปโรสิสมีระยะฟักตัวในร่างกายก่อนจะแสดงอาการของโรคประมาณ 7 วัน [21] ดังนั้น ν จะเท่ากับ $1/7$ (0.143)



ภาพ 3 ความสัมพันธ์ของกลุ่มประชากรในแบบจำลอง SIER

สำหรับ flow diagram ใช้ลูกศรสีดำแทนการแสดงทิศทางการเปลี่ยนสถานะของ S , E , I และ R สามารถเขียนสมการเชิงอนุพันธ์ ODE (Ordinary differential equations) ได้ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad 2.5$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \nu E \quad 2.6$$

$$\frac{dI}{dt} = \nu E - \gamma I \quad 2.7$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad 2.8$$

แบบจำลองแลตทิซ (lattice – based model)

แบบจำลองแลตทิซเป็นแบบจำลองพื้นฐานที่ใช้แบ่งประชากรกลุ่มใหญ่ในพื้นที่ที่พิจารณาให้เป็นกลุ่มย่อยได้ โดยใช้การแบ่งเป็นตารางหรือแบบกริด โดยประชากรที่อยู่ภายในกริดเดียวกันจะถูกจัดกลุ่มเข้าด้วยกัน กลายเป็นประชากรกลุ่มย่อย แบบจำลองแลตทิซแบ่งออกเป็น 2 แบบจำลอง คือ แบบจำลองแลตทิซแบบคู่ (coupled lattice) และแบบจำลองเซลลูลาร์ออโตมาตา (cellular automata ,CA)

แบบจำลองแลตทิซแบบคู่ (coupled lattice model) [17] เป็นแบบจำลองอย่างง่ายที่ใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ของประชากรกลุ่มย่อย ที่ถูกแบ่งโดยใช้ตารางหรือกริด ประชากรกลุ่มย่อยจะถูกจัดให้อยู่ในช่องแลตทิซ และจะมีการจับคู่กันของประชากรบนช่องแลตทิซที่ใกล้ที่สุดเท่านั้น

แบบจำลองนี้เหมาะสำหรับการพิจารณาพลวัตการระบาดของโรคแบบ SIR โดยมีเทอมปฏิสัมพันธ์ซึ่งกันและกันดังสมการที่ 2.9 ถึง 2.11

$$\frac{dS_i}{dt} = \mu - \beta S_i \frac{(1-\sum_j \rho_{ji})I_i + \sum_j \rho_{ij}I_j}{(1-\sum_j \rho_{ji})N_i + \sum_j \rho_{ij}N_j} - \nu S_i, \quad 2.9$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \beta S_i \frac{(1-\sum_j \rho_{ji})I_i + \sum_j \rho_{ij}I_j}{(1-\sum_j \rho_{ji})N_i + \sum_j \rho_{ij}N_j} - \gamma I_i - \nu I_i, \quad 2.10$$

$$\rho_{ij} = \rho_{ji} = \begin{cases} \rho & \text{ถ้า } i \text{ และ } j \text{ เป็น neighbors} \\ 0 & \text{อื่นๆ} \end{cases} \quad 2.11$$

โดยที่ μ คือ อัตราการเกิด

ν คือ อัตราการตาย

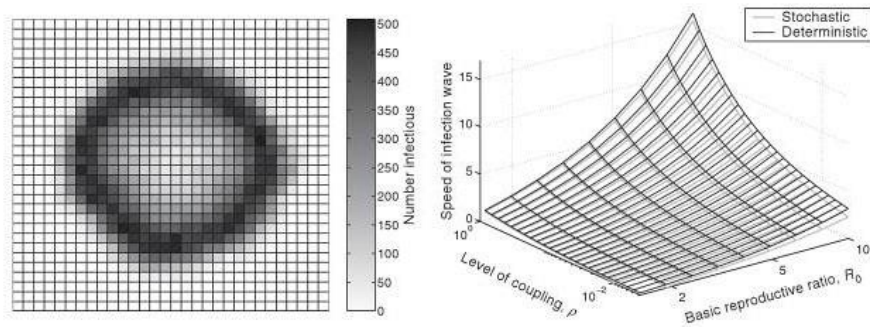
N คือ จำนวนประชากรทั้งหมด

i แทน ตำแหน่งบนช่องแลตทิซ (สำหรับแลตทิซสองมิติโดยทั่วไป ในประชากรกลุ่มย่อย S_{ij}

จะแสดงถึงจำนวนประชากรกลุ่มเสี่ยงต่อการติดเชื้อที่ตำแหน่ง (i, j))

ในแบบจำลองแลตทิซจะมีลักษณะการแพร่กระจายของโรคเหมือนคลื่น (wave-like spread) โดยจะเริ่มลุกลามจากจุดกำเนิด แผ่ขยายกระจายไปบนช่องแลตทิซข้างเคียง ดังภาพ 4 ซึ่งแสดงถึงตัวอย่างของ wave-like spread บนแลตทิซจัตุรัสร่วมกับกราฟของการจับคู่ (ρ) และอัตราการระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproductive number) ที่ $(R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \nu})$ ค่า ρ และ R_0 ทั้งคู่ถูกกำหนดให้เป็นความเร็วคลื่นในการลุกลาม เช่นเดียวกับในแบบจำลองแบบสโตแคสติก (stochastic version) ที่มีการเปลี่ยนแปลงประชากรแบบสุ่ม เมื่อมีความเร็วคลื่นในการลุกลามช้ามาก ๆ โรคติดเชื้อจะไม่แพร่กระจายไปยังช่องแลตทิซข้างเคียงจึงส่งผลให้ไม่เกิดการระบาดขึ้น

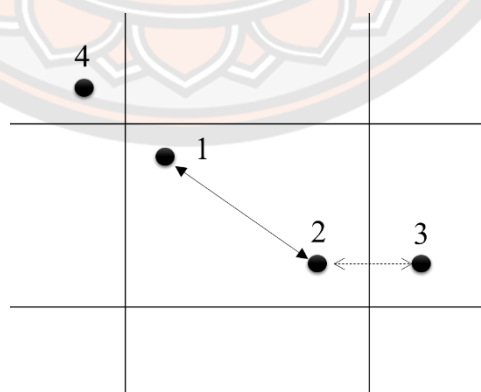
จากภาพ 4 เป็นผลจากการจำลองสถานการณ์การระบาดบนแลตทิซขนาด 100×100 มีจำนวนประชากรเริ่มต้นบนแลตทิซ 1,000 คน ภาพด้านซ้าย กำหนดให้มีค่า R_0 เท่ากับ 0.5 และ ρ เท่ากับ 0.1 ที่เวลา t เท่ากับ 5 วินาที แสดงให้เห็นถึงการแพร่ระบาดของโรคบนแลตทิซ โดยสีที่บนแลตทิซบ่งบอกถึงบริเวณที่มีประชากรติดเชื้อที่สูง และภาพด้านขวาแสดงถึงความสัมพันธ์ของค่า R_0 และ ρ ต่าง ๆ ที่บ่งบอกถึงความเร็วคลื่นของการติดเชื้อ (wave-like spread) ในที่ค่า ρ และค่า R_0 มาก ประชากรที่ติดเชื้อเมื่ออยู่ใกล้กับประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ประชากรทั้งสองสถานะจะสามารถจับคู่ และส่งผลผ่านโรคซึ่งกันได้ง่ายส่งผลทำให้เกิดการระบาดที่เร็วขึ้น



ภาพ 4 ผลจากการใช้แบบจำลองแลตทิซแบบ coupled จับคู่แบบ commuter-type

ที่มา: ภาพจาก หัวข้อ 7.3.1. Coupled Lattice Models หน้า 257 หนังสือ Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals [17]

แบบจำลองแลตทิซแบบคู่มีวิธีการในการระบุตำแหน่งเชิงพื้นที่ของบุคคลที่แน่นอน จึงสามารถนำมาพยากรณ์ และคาดการณ์ความเร็วคลื่นของการติดเชื้อตลอดพื้นที่ภูมิประเทศที่มีลักษณะเดียวกันได้ จากภาพ 5 แสดงให้เห็นว่าในแบบจำลองแลตทิซแบบคู่มีการระบุตำแหน่ง และจะมีการจับคู่กันระหว่างช่องแลตทิซที่ใกล้ที่สุดเท่านั้น ดังเช่นบุคคล แทนด้วยจุดที่ 1 และจุดที่ 2 อยู่ในช่องแลตทิซเดียวกันจึงมีปฏิสัมพันธ์กันมาก และจะไม่สามารถจับคู่บุคคลในจุดที่ 2 และจุดที่ 3 (จุดที่ 1 และจุดที่ 4) ที่อยู่ไกล เพราะมีปฏิสัมพันธ์กันน้อยหรือไม่มีปฏิสัมพันธ์กันเลย

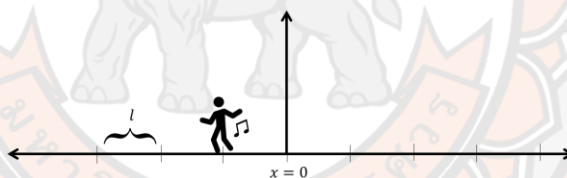


ภาพ 5 แสดงปฏิสัมพันธ์กันระหว่างบุคคล (แสดงเป็นจุด) บนแลตทิซแบบคู่

แบบจำลองเซลลูลาร์ออโตมาตา (Cellular Automata, CA) ยังคงใช้รูปแบบตารางหรือแบบกริด มีจำนวนประชากรในช่องแลตทิซแบบจำกัด โดยทั่วไปในช่องแลตทิซที่เป็นช่องว่างจะมีประชากรอยู่ และธรรมชาติของแบบจำลองเซลลูลาร์ออโตมาตาจะมีลักษณะแบบสุ่ม ประชากรที่อยู่ในช่องแลตทิซจะเป็นไปได้ 3 สถานะคือ ผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ผู้ที่ติดเชื้อ และผู้ที่หายจากการติดเชื้อ อย่างไรก็ตาม นอกจากนี้อาจมีประชากรที่อยู่บนแลตทิซจะมีปฏิสัมพันธ์กับเพื่อนบ้านข้างเคียง 4 ด้าน หรือ 8 ด้านบนช่องแลตทิซก็ได้ ซึ่งแบบจำลองเซลลูลาร์ออโตมาตาถือเป็นเครื่องมือที่ทำให้เข้าใจธรรมชาติของการมีปฏิสัมพันธ์ของบุคคล และลักษณะเชิงพื้นที่ของประชากรที่ทำให้เกิดการระบาดของโรคได้

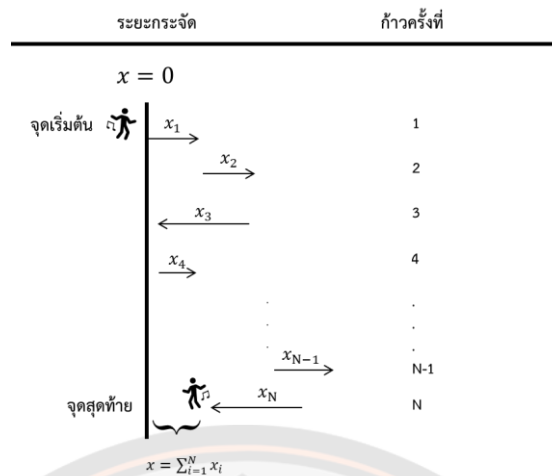
การเคลื่อนที่ของประชากร (Human mobility)

การเดินแบบสุ่ม (Random walk) [22] หรือการเคลื่อนที่ของบุคคล (Individual-Level) เป็นพฤติกรรมเดินแบบสุ่ม (Random walk) ซึ่งมีการเคลื่อนที่ไม่แน่นอน ยกตัวอย่างเช่น ดังภาพ 6 แสดงการเดินแบบสุ่ม เปรียบเทียบเหมือนคนเฒ่าเดิน ซึ่งอาจจะเดินทางไปทางซ้ายหรือทางขวาด้วยความน่าจะเป็นที่แตกต่างกัน



ภาพ 6 แสดงการเดินแบบสุ่มใน 1 มิติ

หากกำหนดให้คนเฒ่าเดินทางในแต่ละก้าวเป็นระยะทาง l ด้วยการเดินทั้งสิ้นเป็นจำนวน N ก้าว โดยในแต่ละก้าวมีระยะทางกระจัดเท่ากับ x_i เมื่อ $i = 1, 2, 3, \dots$ เพราะฉะนั้นตำแหน่งสุดท้ายที่คนเฒ่าจะยืนอยู่ภายหลังจากสิ้นสุดการเดินทางจะสามารถแสดงได้ดังภาพ 7



ภาพ 7 แสดงการเดินทางจำนวน N ก้าว ที่ในแต่ละก้าวมีระยะกระจัดเท่ากับ x_i

และคำนวณตำแหน่งสุดท้ายได้ดังสมการ

$$x(t_N) = \sum_{i=1}^N \Delta x_i \quad 2.12$$

ให้ x แทนตัวแปรต่อเนื่องที่ได้จากการทดลองช่วง $-l \leq x \leq l$ ในกรณีนี้สามารถแบ่งค่า x ออกเป็นช่วง โดยในแต่ละช่วงมีความกว้าง dx ซึ่งสามารถเขียนฮิสโตแกรมเพื่อหาค่า $dN(x_0)$ สำหรับการทดลองที่ได้ค่าในช่วง x ถึง $x + dx$ จะได้ความน่าจะเป็นของการวัด x ในช่วงนี้คือ $P(x_0)dx$ เมื่อ

$$dN(x_0)/N \rightarrow P(x_0) dx \text{ สำหรับค่า } N \text{ มาก ๆ} \quad 2.13$$

สมการ 2.13 แสดงถึงการแจกแจงความน่าจะเป็นแบบต่อเนื่อง (continuous probability distribution) ซึ่งมีหน่วยเป็นส่วนกลับของ x ตรงข้ามกับความน่าจะเป็นแบบไม่ต่อเนื่องซึ่งไม่มีหน่วย เนื่องจากการหาค่า $P(x)$ จะต้องหาร $dN(x_0)/N$ ด้วย dx ถ้าช่วงการทดลองเล็กมากพอความน่าจะเป็นในการหา x คือ $\int_{x_2}^{x_1} P(x) dx$ และเงื่อนไขของ normalization คือ

$$\int_{-l}^l P(x) dx = 1 \quad 2.14$$

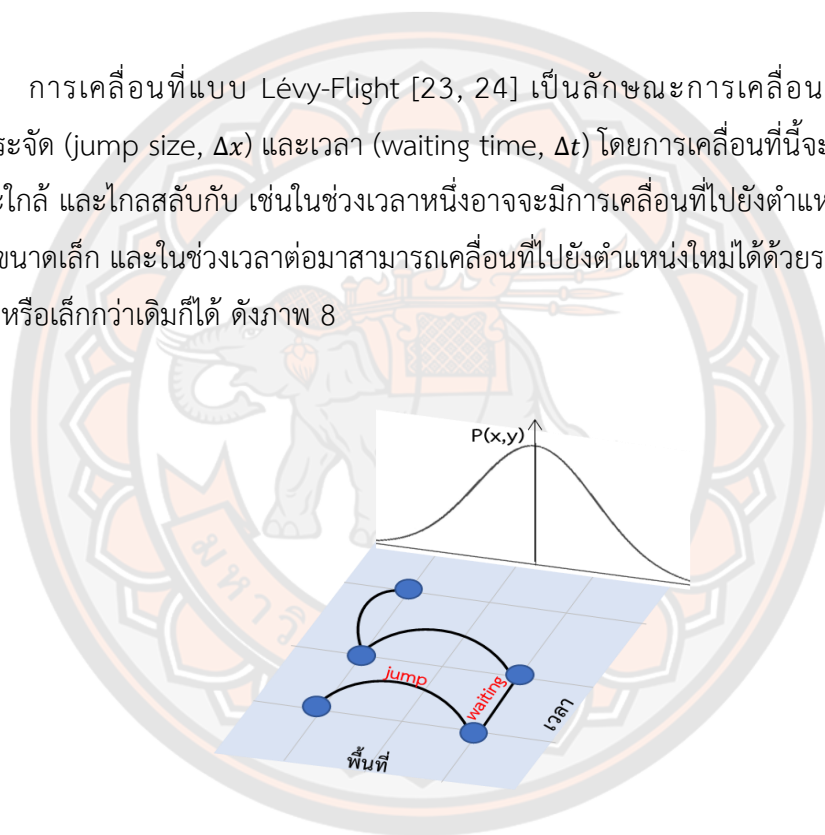
การแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) หรือ การแจกแจงแบบเกาส์ (Gaussian distribution) เป็นการแจกแจงความน่าจะเป็นของตัวแปรสุ่มต่อเนื่องที่สำคัญที่สุด มีความน่าจะเป็นดังสมการ 2.15

$$P(x) = Ae^{-(x-x_0)^2/2\sigma^2} \quad 2.15$$

เมื่อ A และ σ เป็นค่าคงที่บวก และ x_0 เป็นค่าคงที่อื่น เราสามารถพิสูจน์หาค่า A ได้ดังสมการที่ 2.16

$$P(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-(x-x_0)^2/2\sigma^2} \quad 2.16$$

การเคลื่อนที่แบบ Lévy-Flight [23, 24] เป็นลักษณะการเคลื่อนที่ที่เกี่ยวข้องกับระยะกระโดด (jump size, Δx) และเวลา (waiting time, Δt) โดยการเคลื่อนที่นี้จะมีทั้งการเคลื่อนที่ในระยะใกล้ และไกลสลับกับ เช่นในช่วงเวลาหนึ่งอาจจะมีการเคลื่อนที่ไปยังตำแหน่งใหม่ด้วยระยะกระโดดขนาดเล็ก และในช่วงเวลาต่อมาสามารถเคลื่อนที่ไปยังตำแหน่งใหม่ได้ด้วยระยะกระโดดที่ใหญ่กว่าเดิมหรือเล็กกว่าเดิมก็ได้ ดังภาพ 8



ภาพ 8 แสดงลักษณะการเคลื่อนที่แบบ Lévy-Flight [23]

โดยมีการแจกแจงดังสมการที่ 2.17 โดยที่ β อยู่ระหว่าง 0 ถึง 2

$$P(\Delta x) \sim |\Delta x|^{-(1+\beta)} \quad 2.17$$

การหาค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproduction number, R_0)

ค่าระดับการติดเชื้อ [25-27] เป็นค่าเฉลี่ยที่ผู้ป่วยหนึ่งคนจะสามารถทำให้ผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อเปลี่ยนสถานะกลายเป็นผู้ป่วยจำนวนกี่คนในช่วงของเวลาที่เขายังป่วยอยู่ ด้วยการใช้ Next Generation Method ซึ่งวิธีดังกล่าวเป็นวิธีทั่วไปในการหาค่าระดับการติดเชื้อ (R_0) สำหรับตัวแบบที่มีการแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็นหลากหลายลักษณะเช่น ตามอายุ ตามเพศ ตามถิ่นที่อยู่ เป็นต้น ขั้นตอนการหาค่า R_0 ด้วยวิธีนี้ถูกกล่าวไว้อย่างละเอียดในงานของ Diekmann และ Heesterbeek [26] และลักษณะสำคัญของงานนี้ได้ถูกนำมาขยายความต่อ และได้ถูกนำมาประยุกต์ใช้อย่างต่อเนื่อง โดยสรุปในวิธีนี้การหาค่า R_0 จะถูกคำนวณจากการหาค่ารัศมีเชิงสเปกตรัม (Spectral radius) ตามนิยามจากการใช้วิธีการ Next Generation

นิยาม ให้ $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ เป็นค่าเฉพาะจาง (Eigenvalue) ของเมตริก A เป็นเมตริกขนาด $n \times n$ แล้วเซต $\{\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n\}$ จะเรียกว่าสเปกตรัมของ A (Spectrum of A) และเรียก $\rho(A) = \max_{1 \leq i \leq n} \{|\lambda_i|\}$ ว่าเป็นรัศมีเชิงสเปกตรัมของ A (Spectral radius of A) [55]

วิธี Next Generation จะประกอบด้วยสองส่วน คือ F และ V^{-1}

$$F = \left[\frac{\partial F_i(E_0)}{\partial x_j} \right]$$

และ

$$V = \left[\frac{\partial V_i(E_0)}{\partial x_j} \right]$$

โดยที่

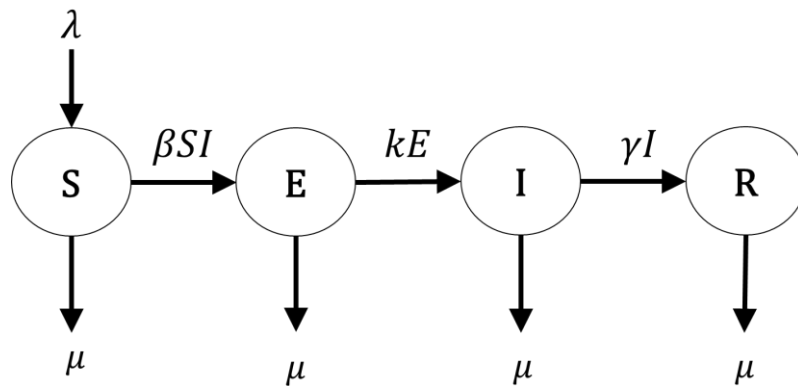
$F(X)$ คือเมตริกของผู้ป่วยที่เพิ่มขึ้น

$V(X)$ คือเมตริกของผู้ป่วยที่เปลี่ยนสถานะ

E_0 คือสภาวะสมดุลที่ปราศจากโรค

ตัวอย่างการหาค่า R_0 จากแบบจำลองการระบาด SEIR

พิจารณาการแพร่ระบาดที่ผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ (Susceptible) – ผู้ที่ติดเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการและไม่สามารถส่งผ่านโรคได้ (Exposed) – ผู้ที่ติดเชื้อและแสดงอาการ (Infected) – ผู้ที่หายจากการติดเชื้อ (Recovered) ซึ่งเป็นแบบจำลองที่เหมาะสมสำหรับโรคที่มีระยะฟักตัวหลังการรับเชื้อ ซึ่งผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อจะยังไม่เปลี่ยนสถานะกลายเป็นผู้ที่ติดเชื้อ และแสดงอาการได้ทันที ซึ่งแสดงการเปลี่ยนสถานะดังภาพ 9



ภาพ 9 แผนภาพสถานะสำหรับแบบจำลอง SEIR

สามารถเขียนสมการเชิงอนุพันธ์ ODE (Ordinary differential equations) ได้ดังนี้

$$\dot{S} = -\beta SI + \lambda - \mu S \quad 2.17$$

$$\dot{E} = \beta SI - (\lambda + k)E \quad 2.19$$

$$\dot{I} = kE - (\gamma + \mu)I \quad 2.20$$

$$\dot{R} = \gamma I - \mu R \quad 2.21$$

โดย β คืออัตราการส่งผ่านโรค

λ คืออัตราการเกิดโดยธรรมชาติ

μ คืออัตราการตายโดยธรรมชาติ

k คืออัตราการฟักตัว

และ γ คืออัตราการหายจากการติดเชื้อ

ในการคำนวณค่า R_0 จากการหาค่ารัศมีเชิงสเปกตรัม (Spectral radius) ด้วยวิธี Next Generation สำหรับแบบจำลอง SEIR จำเป็นต้องระบุ 1.) ส่วนของการติดเชื้อใหม่ที่เกิดขึ้น และ 2.) ส่วนของการเปลี่ยนสถานะจากกลุ่มหนึ่งไปอีกกลุ่มหนึ่ง โดยจัดสมการเชิงอนุพันธ์ไม่เชิงเส้นให้อยู่ในรูป $dx/dt = F(X) - V(X)$ โดยที่ $F(X)$ แทนเมตริกของผู้ป่วยที่เพิ่มขึ้น และ $V(X)$ แทนเมตริกของผู้ป่วยที่เปลี่ยนสถานะจากกลุ่มหนึ่งไปอีกกลุ่มหนึ่งได้จากอนุพันธ์ย่อย (Partial Derivative) ดังนี้

$$X = \begin{bmatrix} E \\ I \end{bmatrix}, F(X) = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_i(E_0)}{\partial x_j} \end{bmatrix} \text{ และ } V(X) = \begin{bmatrix} \frac{\partial V_i(E_0)}{\partial x_j} \end{bmatrix}$$

โดยพิจารณาสมการที่ 2.19 และ 2.20 เนื่องจากมีการติดเชื้อที่ทำให้เกิดผู้ติดเชื้อใหม่ และมีการเปลี่ยนสถานะ สามารถเขียนเมตริกของผู้ป่วยที่เพิ่มขึ้นอยู่ในรูป

$$F = \begin{bmatrix} \beta\lambda/\mu & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

และสามารถเขียนเมตริกของผู้ป่วยที่เปลี่ยนสถานะจากกลุ่มหนึ่งไปอีกกลุ่มหนึ่งได้ในรูป

$$V = \begin{bmatrix} 0 & \mu + k \\ \gamma + \mu & -k \end{bmatrix}$$

หาค่าเมตริก $F \cdot V^{-1}$ ได้เป็น

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{k}{(k + \mu)(\gamma + \mu)} & -\frac{-k - \mu}{(k + \mu)(\gamma + \mu)} \\ -\frac{-\gamma - \mu}{(k + \mu)(\gamma + \mu)} & 0 \end{bmatrix}$$

$$F \cdot V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{k\beta\lambda}{\mu(k + \mu)(\gamma + \mu)} & -\frac{\beta\lambda(-k - \mu)}{\mu(k + \mu)(\gamma + \mu)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

ดังนั้นหาค่า R_0 จากรัศมีเชิงสเปกตรัม (Spectral Radius) ของ $F \cdot V^{-1}$ เขียนแทนด้วย $\rho[F \cdot V^{-1}] = R_0$

$$R_0 = \frac{k\beta\lambda}{(\mu + k)(\mu + \gamma)\mu}$$

บททวนวรรณกรรม

โรคเลปโตสไปโรซิสเป็นโรคสัตว์สู่คนโรคหนึ่งที่มีความสำคัญ ถูกรายงานครั้งแรกในประเทศไทยปี พ.ศ. 2485 [28] โดยหลังจากนั้นการระบาดของโรคงพบได้อย่างต่อเนื่อง เพื่อให้เกิดความเข้าใจในพลวัตการระบาดของโรค ในปี พ.ศ. 2548 Tangkanakul และคณะ [14] ได้นำเสนอแบบจำลอง พื้นฐาน SIR ซึ่งเป็นแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อมาใช้อธิบายถึงการส่งผ่านโรค

ระหว่างคน และหนู โดยแบ่งประชากรออกเป็น 3 กลุ่ม คือผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ (S) ผู้ที่ติดเชื้อและสามารถส่งผ่านโรคได้ (I) และผู้ที่หายจากการติดเชื้อ (R) ในปี พ.ศ. 2550 ในงานวิจัยของ Triampo และคณะ [29] มีการเพิ่มสถานะกลุ่มผู้ติดเชื้อแฝง E (Exposed) ซึ่งเป็นผู้กลุ่มที่ได้รับเชื้อโรคแต่ไม่แสดงอาการของโรค ซึ่งเป็นแบบจำลองการระบาด SEIR และมีงานวิจัยของ Holt และคณะ [15] นำเสนอแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรซิสของประเทศซาเนียในแอฟริกา พบว่าจำนวนของหนูมีผลต่อการแพร่ระบาดของโรค ซึ่งแบบจำลองข้างต้นนี้เป็นแบบจำลองแบบ deterministic ที่ไม่ได้พิจารณาถึงปัจจัยแวดล้อมอื่นที่ส่งผลการระบาดของโรค ต่อมาในปี พ.ศ. 2555 Chadsuthi และคณะ [30] ได้ศึกษาผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรซิสที่มีความสัมพันธ์กับรูปแบบของฤดูกาล และความสัมพันธ์กับปัจจัยสภาพภูมิอากาศ พบว่าปริมาณน้ำฝนมีความสัมพันธ์กับผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรซิส จากการศึกษาวิจัยก่อนหน้านี้ยังไม่มีการศึกษาการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสบนแบบจำลองแลตทิซที่พิจารณาในเชิงพื้นที่ อีกทั้งยังพิจารณาใช้ฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และปริมาณน้ำท่วมเป็นปัจจัยในการส่งผ่านโรค และศึกษาการเคลื่อนที่ของประชากรเนื่องจากประชากรสามารถติดเชื้อได้จากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน เช่น ดิน โคลนหรือแหล่งน้ำที่ปนเปื้อนเชื้อเลปโตสไปรา โดยการที่ประชากรคนเคลื่อนที่เข้าหาแหล่งน้ำนั้น ในการพิจารณาการเคลื่อนที่ของประชากรศึกษาจากงานวิจัยของ González และคณะ [31] ที่มีการนำเสนอรูปแบบการเคลื่อนที่ของประชากร และในงานวิจัยของ Botari และคณะ [32] นำเสนอแบบจำลองการระบาดในโรคไข้เลือดออก ใน Rio de Janeiro ปี พ.ศ. 2554 ที่มีการพิจารณาการเคลื่อนที่ของพาหะนำโรค (ยุง) การส่งผ่านเชื้อโรคแบบสุ่มทิศทาง ในระยะทางที่ไกลออกไป โดยมีการแจกแจงความน่าจะเป็นในการส่งผ่านเชื้อโรคที่ขึ้นกับระยะทาง $P(r)$ เป็นไปตามสมการยกกำลัง (power law) ในแบบจำลองการระบาดจะมีการเปลี่ยนสถานะของประชากร จากผู้ที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อไปเป็นผู้ที่ติดเชื้อ ซึ่งในทางกลศาสตร์เชิงสถิติคือการเปลี่ยนสถานะ (phase transition) อีกทั้งยังสามารถหาค่าวิกฤติที่สะท้อนให้เห็นถึงสองเหตุการณ์สำหรับการระบาด เช่นในงานวิจัยของ Botari และคณะ [32]

ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงสร้างแบบจำลองการระบาดเชิงพื้นที่ที่พิจารณาปัจจัยดังกล่าว เพื่อให้เข้าใจถึงพลวัตการระบาดของโรค และหากผลของแบบจำลองที่ได้ใกล้เคียงกับการระบาดจริง แบบจำลองที่สร้างขึ้นสามารถจะเป็นประโยชน์ต่อการหามาตรการเพื่อลดความรุนแรงในการระบาดของโรค ซึ่งจะนำไปสู่การควบคุมโรคที่ดีได้ อีกทั้งยังศึกษาการหาค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproductive number, R_0) เป็นตัวเลขที่ใช้เพื่อบอกถึงศักยภาพการแพร่ระบาดของโรค โดยวิธี Next Generation Method เช่นในงานวิจัยของ Bani-Yaghoob [33] ที่มีการพิจารณาค่า R_0 จากแบบจำลอง SIR ร่วมกับพิจารณาเชื้อโรคในสิ่งแวดล้อม (free-living pathogen)

บทที่ 3

แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนเลตทิซ

แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนเลตทิซอย่างง่าย

ในงานวิจัยนี้ได้ศึกษาแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิส เพื่ออธิบายถึงพลวัตการระบาดของโรค จากการสร้างแบบจำลอง SCA โดยพิจารณาให้ประชากรบนเลตทิซมีการเคลื่อนที่ได้ อีกทั้งยังพิจารณาปัจจัยที่ส่งผลต่ออัตราการส่งผ่านโรคของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนไปสู่ประชากร ซึ่งส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสขึ้น เช่น อัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไฮเปอร์โบลิก ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม

ข้อมูล (Data)

ข้อมูลจำนวนผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรสิส [34] พิจารณาเฉพาะจำนวนผู้ป่วยรายวันของจังหวัดศรีสะเกษ ระหว่างปี พ.ศ. 2557 – พ.ศ. 2561 โดยข้อมูลจำนวนผู้ป่วยนั้นถูกรวบรวมมาจากสำนักโรคติดต่อ กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุขประเทศไทย ข้อมูลเหล่านี้เป็นส่วนหนึ่งของขั้นตอนการตรวจทางคลินิก คือเมื่อพบผู้ป่วยก็จะมีการเก็บข้อมูลของจำนวนผู้ป่วยไว้ในแต่ละวัน

ข้อมูลน้ำฝน [35] ได้มาจากการสำรวจด้วยดาวเทียมอุตุนิยมวิทยาชื่อว่า The Tropical Rainfall Measuring Mission (TRMM) ในการศึกษาครั้งนี้ใช้ข้อมูลปริมาณน้ำฝนราย 1 วัน จากการวิเคราะห์ข้อมูลน้ำฝนจากดาวเทียมแบบ real-time TRMM Multi-Satellite Precipitation Analysis ได้ปริมาณน้ำฝนรายวันจาก 3B42RT โดยมีวิธีดาวน์โหลดข้อมูลดังนี้

- ดาวเทียมผลิตผลิตภัณฑ์น้ำฝน TRMM 3B42RT เวอร์ชัน 7 ที่มีความละเอียดขนาด $0.25^{\circ} \times 0.25^{\circ}$ จากข้อมูลดาวเทียม TRMM ทางเว็บไซต์ที่ให้บริการโดย Goddard Earth Sciences Data and Information Services Center (GES DISC) ของ National Aeronautics and Space Administration (NASA)

- สามารถเข้าถึงข้อมูลด้วย URL: <ftp://trmmopen.gsfc.nasa.gov/pub/gis/> โดยผู้วิจัยทำการดาวน์โหลดผลิตภัณฑ์น้ำฝนที่จัดเรียงอยู่ในรูปของ 3B42RT.2014 (ปี) 01 (เดือน) 01(วัน) 06 (เขตเวลา). 1day.tif ดังภาพ 10 ซึ่งผลิตภัณฑ์น้ำฝนนี้เป็นไฟล์สกุล tif (Tag Image File Format) ในช่วงระยะเวลา 4 ปี คือ พ.ศ. 2557 (2014) และ พ.ศ. 2561 (2018)



ไฟล์	ขนาด	วันที่	เวลา
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.1day.tif	324 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.3day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.3day.tif	361 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.3day.txt	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.7day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.7day.tif	361 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010203.7day.txt	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.03hr.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.03hr.tif	108 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.1day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.1day.tif	322 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.3day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.3day.tif	376 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.3day.txt	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.7day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.7day.tif	376 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010206.7day.txt	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010209.03hr.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010209.03hr.tif	106 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010209.1day.tfw	1 KB	15/1/2558	0:00:00
ไฟล์: 3B42RT.2009010209.1day.tif	317 KB	15/1/2558	0:00:00

ภาพ 10 ตัวอย่างผลิตภัณฑ์น้ำฝน TRMM 3B42 V.7

- ดาวเทียมโหลดข้อมูลปริมาณฝนรายวันจากผลิตภัณฑ์น้ำฝนสกุลไฟล์ .tif ตามพิกัดละติจูด (Latitude) และลองจิจูด (Longitude) จาก Shapefiles ซึ่งเป็นข้อมูลสารสนเทศภูมิศาสตร์ประเภทหนึ่ง ที่เก็บข้อมูลอยู่ในรูปของเวกเตอร์ (Vector) ใน 3 ลักษณะ คือ จุด (Point) เส้น (Line) และรูปปิด (Polygon) [36] ที่ประกอบด้วยพิกัดของ 928 อำเภอในประเทศไทย ด้วยโปรแกรมภาษา R [37] (แสดงโค้ดในภาคผนวก) โดยในงานวิจัยพิจารณาเฉพาะข้อมูลปริมาณฝนรายวันของจังหวัดศรีสะเกษ

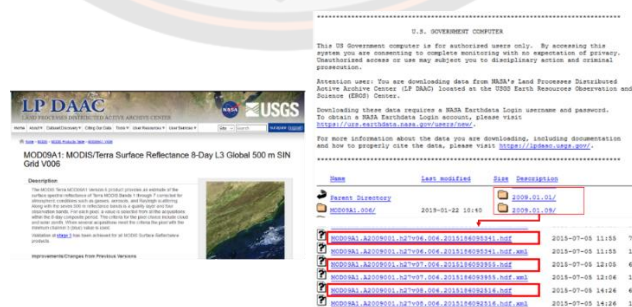
- จัดข้อมูลปริมาณฝนรายวันจากผลิตภัณฑ์น้ำฝนให้อยู่ในรูปแบบที่ต้องการ และบันทึกข้อมูลภาพถ่ายจากดาวเทียม TERRA ระบบ MODIS [38, 39] เป็นข้อมูลค่าการสะท้อนจากพื้นผิว (surface reflectance) ราย 8 วัน ความละเอียดภาพ 500 เมตร ในชุดข้อมูล MOD09A1 แบนด์ 1-7 ระหว่างปี พ.ศ. 2557 ถึง พ.ศ. 2561 เนื่องจากข้อมูลนี้ได้มาจากค่าการสะท้อนจากพื้นผิว จึงถูกแบ่งออกเป็น 7 แบนด์ตามความยาวคลื่น (นาโนเมตร) ดังตาราง 1 [40]

เพื่อนำไปวิเคราะห์ค่าดัชนีน้ำท่วม Modified Normalized Difference Water Index (MNDWI) โดยมีวิธีคำนวณโหลดข้อมูลดังนี้

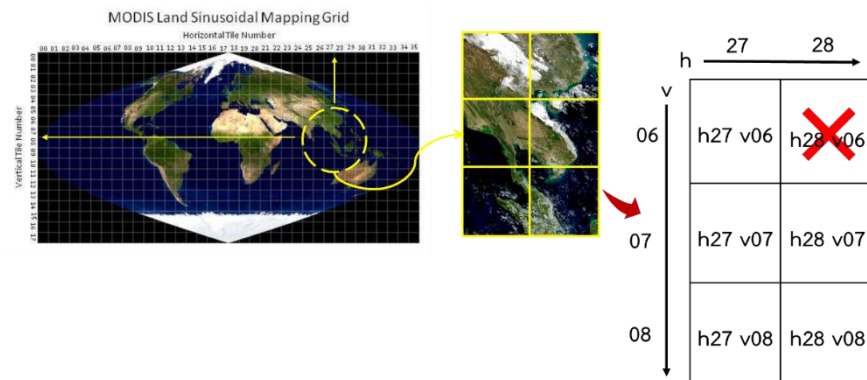
ตาราง 1 รายละเอียดของแต่ละช่วงคลื่นของข้อมูลการรับรู้จากระยะไกลจากดาวเทียม MODIS

แบนด์	ช่วงความยาวคลื่น (นาโนเมตร)	ตรวจพบ
1	620-670	รูปแบบสิ่งปกคลุมดินทุกประเภท, คลอโรฟิลล์พีช
2	841-876	ปริมาณเมฆ, รูปแบบของพีช และสิ่งปกคลุมดิน
3	459-479	ความแตกต่างของดิน และพีช
4	545-565	พีชสีเขียว
5	1,230-1,250	ความแตกต่างของใบ และยอดพีช
6	1,628-1,652	ความแตกต่างของเมฆ และหิมะ
7	2,105-2,155	คุณสมบัติเมฆ, คุณสมบัติของพื้นผิว

- ดาวเทียมโหนดข้อมูลภาพถ่ายจากดาวเทียม TERRA ระบบ MODIS ในชุดข้อมูล MOD09A1 ซึ่งสามารถเข้าถึงข้อมูลได้ที่ URL: https://lpdaac.usgs.gov/dataset_discovery/modis/modis_products_table/mod09a1_v006 โดยจะต้องดาวเทียมโหนดข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมทุกภาพที่ครอบคลุมพื้นที่ทั่วประเทศไทยในระบบพิกัด sinusoidal ระหว่าง h27v06 ถึง h28v08 โดยที่ h แทน horizon และ v แทน vertical บ่งบอกถึงตำแหน่งของภาพ ซึ่งจะได้เป็นไฟล์สกุล .hdf ดังภาพ 11 จากนั้นทำการ Mosaic Image ที่เป็นการต่อภาพทั้ง 5 ภาพเข้าด้วยกันด้วย เพื่อให้ครอบคลุมพื้นที่ศึกษาทั้งหมด และทำการแปลงไฟล์จากสกุล hdf เป็น tif ดังภาพ 12



ภาพ 11 แสดงหน้าต่างดาวเทียมโหนดข้อมูลภาพถ่ายจากดาวเทียม TERRA ระบบ MODIS



ภาพ 12 พิกัดของข้อมูลสำหรับประเทศไทย

- ค่าดัชนีน้ำท่วม The Modified Normalized Difference Water Index (MNDWI) ถูกพัฒนาจากดัชนีความแตกต่างของความชื้น (NDWI) โดยค่า MNDWI เน้นข้อมูลเชิงคลื่นของสิ่งปกคลุมที่เป็นพื้นน้ำบนผิวดิน และลดคลื่นรบกวนจากสิ่งปลูกสร้าง พืชพรรณ และดิน โดยสะท้อนแสงสีเขียว และคลื่นรังสีอินฟราเรดกลาง สามารถคำนวณดังสมการที่ 3.1 [41]

$$\text{MNDWI} = (\text{Green} - \text{SWIR}) / (\text{Green} + \text{SWIR}) \quad 3.1$$

โดยที่

Green = การสะท้อนในช่วงคลื่นสีเขียว (band 4)

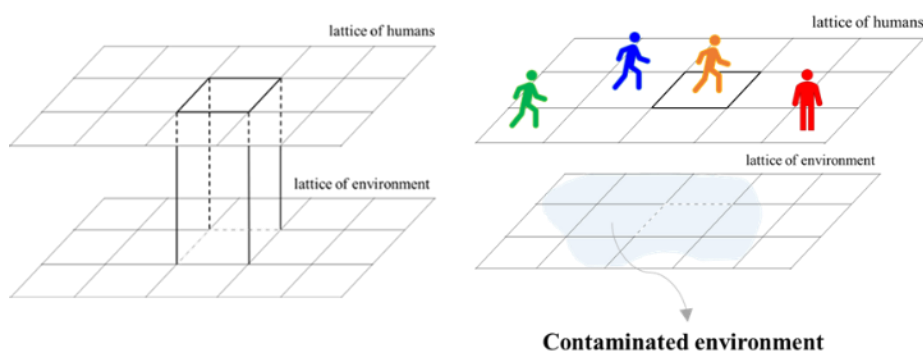
SWIR = การสะท้อนในช่วงคลื่นอินฟราเรดคลื่นสั้น (band 7)

- ดาวน์โฮลด์ข้อมูลดัชนีน้ำท่วมราย 8 วัน จากสกุลไฟล์ tif ตามพิกัดละติจูด (Latitude) และ ลองจิจูด (Longitude) จาก Shapefiles ที่ประกอบด้วย 77 จังหวัดในประเทศไทยด้วยโปรแกรมภาษา R โดยในงานวิจัยพิจารณาเฉพาะค่าดัชนีน้ำท่วมราย 8 วันของจังหวัดศรีสะเกษ

- ข้อมูลดัชนีน้ำท่วม (MNDWI) ราย 8 วัน จะมีค่าอยู่ระหว่าง -1 ถึง 1 เท่านั้น ค่าที่เป็นบวก และเข้าใกล้ 1 มากกว่า แสดงว่ามีความชุ่มชื้นปรากฏอยู่มากกว่า นั่นหมายถึงมีความน่าจะเป็นที่จะเป็นแหล่งน้ำมากกว่าบริเวณอื่น ๆ ส่วนค่าที่ใกล้ศูนย์หรือค่าที่ติดลบ แสดงว่ามีความชื้นปรากฏอยู่น้อยหรือไม่มีเลยจึงไม่ใช่แหล่งน้ำ ในงานวิจัยนี้พิจารณาเฉพาะพื้นที่ที่มีน้ำท่วมขังเท่านั้น

การสร้างแบบจำลองอย่างง่าย (A simple Model)

ในงานวิจัยนี้ศึกษาแบบจำลองสโตแคสติกเซลลูลาร์ออโตมาตา (Stochastic Cellular Automata, SCA) โดยศึกษาพลวัตการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสจาก 3 ปัจจัยที่ส่งผลต่ออัตราการส่งผ่านโรคบนแบบจำลอง SCA จากการสร้างแลตทิซ 2 มิติ ที่ซ้อนทับกับอยู่ขนาด $1,000 \times 1,000$ โดยมีแลตทิซแสดงสถานะของประชากร (lattice of humans) และแลตทิซสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน (lattice of contaminated environment) แสดงดังภาพ 13 แลตทิซที่แสดงสถานะของประชากร กำหนดให้มีประชากรทั้งหมด 350,000 คน คิดเป็น 35% บนแลตทิซ ประกอบอาชีพเฉพาะเกษตรกรรม และปศุสัตว์ ในจังหวัดศรีสะเกษ ปี พ.ศ. 2560 [42, 43] ในแต่ละช่องบนแลตทิซมีพิกัดเป็น (i, j) ประชากรแต่ละคนบนช่องแลตทิซ (H_{ij}) จะถูกเลือกให้อยู่บนแลตทิซอย่างสุ่ม ดังนั้นบนแลตทิซจะประกอบด้วยช่องว่าง และช่องที่มีประชากรอาศัยอยู่ โดยประชากรที่อยู่ในช่องแลตทิซจะเป็นไปได้ 4 สถานะ คือ สถานะประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ (Susceptible, S) สถานะของประชากรที่รับเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ และไม่สามารถส่งผ่านโรคได้ (Exposed, E) สถานะประชากรที่ติดเชื้อ (Infected, I) และสถานะของประชากรที่หายจากการติดเชื้อ (Recovered, R) ในส่วนของแลตทิซสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน คิดเป็น 60% บนแลตทิซ ตามพื้นที่เกษตรกรรม และปศุสัตว์ ในจังหวัดศรีสะเกษ [44] สามารถเป็นได้ทั้งพื้นที่ว่าง และพื้นที่ของสิ่งแวดล้อมที่มีเชื้อเลปโตสไปราอยู่ (แสดงถึงแหล่งที่มาของโรคเลปโตสไปโรซิส) และเพื่อลดความซับซ้อนของแบบจำลอง ในงานวิจัยนี้จึงสันนิษฐานว่าสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน (ช่องแลตทิซที่มีเชื้อโรคเลปโตสไปราอาศัยอยู่) สามารถส่งผ่านโรคสู่คนได้ (ประชากรที่รับเชื้อจะเปลี่ยนสถานะจากสถานะ S จะเข้าสู่สถานะ E) โดยแลตทิซมีเงื่อนไขขอบเขตเป็นแบบ periodic boundary condition และทุก ๆ ช่วงเวลา (time-step) กำหนดให้สอดคล้องกับหนึ่งวันบนแลตทิซ



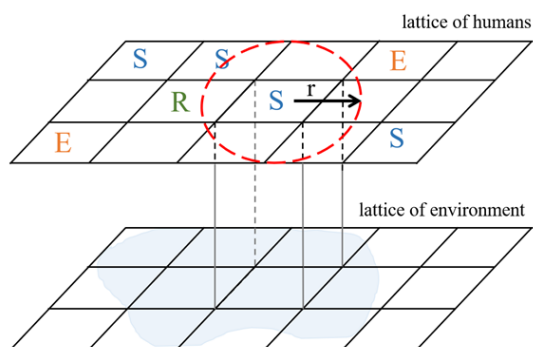
ภาพ 13 ความสัมพันธ์ระหว่างแลตทิซของประชากร และสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน

การเคลื่อนที่ของประชากรบนแลตทิซ (Human movement)

ในงานวิจัยนี้กำหนดให้ในแต่ละวันประชากรบนแลตทิซที่อยู่ในสถานะ S E และ R สามารถเคลื่อนที่ไปยังแลตทิซอื่น ๆ ที่เป็นช่องว่างได้ดังภาพ 14 ด้วยความน่าจะเป็น $\rho_{mob} = 0.5$ [45] โดยในแต่ละวันระยะทางที่ประชากรจะสามารถเคลื่อนที่ไปได้จะขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็นที่แจกแจงตามสมการที่เรียกว่า truncated power-law สมการที่ 3.2

$$P(\Delta r) = (\Delta r + \Delta r_0)^{-\beta} e^{-\Delta r/\kappa} \quad 3.2$$

โดยผู้วิจัยพิจารณาใช้การเคลื่อนที่ของประชากรตามสมการดังกล่าว เนื่องจากทำการศึกษา งานวิจัยของ Brockmann และคณะ [46] ที่ติดตามการเคลื่อนที่ของประชากรจากการใช้ธนบัตร ดอลลาร์ (การติดตามการเคลื่อนที่ของธนบัตรสามารถคิดได้ว่าเป็นการเดินทางของบุคคลได้ เนื่องจากธนบัตรที่กำหนดจะถูกแลกเปลี่ยนจากบุคคลจำนวนมาก) และจากผลการบันทึกข้อมูลพบการเคลื่อนที่แบบก้าวกระโดด (Jump length) และความน่าจะเป็นของการเคลื่อนที่ ($P(\Delta r)$) มีพฤติกรรมเป็นไปตามสมการกฎการยกกำลัง (Power law) นั่นคือ $P(\Delta r) \sim r^{-(1+\beta)}$ โดยที่ $\beta = 0.59 \pm 0.02$ เป็นเลขชี้กำลัง และศึกษา งานวิจัยของ González และคณะ [31] โดยในงานวิจัยมีการเก็บข้อมูล 2 ชุด โดยบริษัทมือถือยุโรป (European mobile phone company) ชุดที่ 1 บันทึกตำแหน่งของผู้ใช้โทรศัพท์มือถือโดยไม่ระบุชื่อสามล้านคน จากพิกัดของเสาสัญญาณที่ใกล้ที่สุดในช่วงปี พ.ศ. 2551 และข้อมูลชุดที่ 2 บันทึกตำแหน่งของผู้ใช้บริการโทรศัพท์มือถือ เช่น แอปพลิเคชัน pollen และการคาดการณ์สภาพการจราจร จากพิกัดของเสาสัญญาณที่ใกล้ที่สุดโดยไม่ระบุชื่อ 1,000 คน ทุก ๆ ชั่วโมงเป็นเวลาสองสัปดาห์ จากงานวิจัยข้างต้นข้อมูลการเคลื่อนที่ทั้งสองชุดเป็นไปตามสมการที่ 3.2 โดยมีเลขชี้กำลัง β เท่ากับ 1.75 ± 0.15 ระยะทางตั้งต้น Δr_0 เท่ากับ 1.5 กิโลเมตร ค่า cut-off (ระยะทางที่ประชากรเคลื่อนที่ได้ไกลสุด) ของข้อมูลชุดที่ 1 มีค่า κ เท่ากับ 400 กิโลเมตร และค่า cut-off ของข้อมูลชุดที่ 2 มีค่า κ เท่ากับ 80 กิโลเมตร เนื่องจากในชนบทประชากรที่ประกอบอาชีพเกษตรกรรม และปศุสัตว์ในประเทศไทย จะเป็นการเดินทางแบบระยะสั้น เช่น การออกจากบ้านเพื่อไปทำนาในตอนเช้า และช่วงเย็นกลับมาพักที่บ้าน ดังนั้นค่าพารามิเตอร์จากข้อมูลชุดที่ 2 จึงถือว่าสอดคล้องกับการเคลื่อนที่ของประชากรในแบบจำลองมากกว่าชุดที่ 1 อีกทั้งกำหนดให้ระยะทางที่ประชากรเคลื่อนที่ไปได้จะไม่เกินครึ่งหนึ่งของความยาวแลตทิซ ($1,000/2$) และมุมของการเคลื่อนที่ที่จะสุ่มเลือกจากการแจกแจงแบบสม่ำเสมอ $[0, 2\pi]$ ค่าพารามิเตอร์ทั้งหมดในแบบจำลองกำหนดขึ้นเพื่อให้เหมาะสมกับการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสในจังหวัดศรีสะเกษเท่านั้น ดังตาราง 2



ภาพ 14 แสดงการเคลื่อนที่ของประชากรบนแลตทิซ

ตาราง 2 แสดงค่าพารามิเตอร์ของประชากร และสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน

คำอธิบาย	สัญลักษณ์	ค่า
จำนวนประชากรทั้งหมด	N_H	350,000
อัตราการเคลื่อนย้ายในแต่ละวัน	ρ_{mob}	0.5
พื้นที่ของสิ่งแวดล้อมปนเปื้อนเชื้อเลปโตสไปร่า	ρ_E	0.6
ระยะพักตัวของเชื้อเลปโตสไปร่า	τ_E	7 days
ระยะเวลาของการติดเชื้อ	τ_I	7 days
ระยะเวลาของการสูญเสียภูมิคุ้มกัน	τ_R	720 days (ประมาณ)

การส่งผ่านโรค (Transmission disease)

หลังจากประชากรบนแลตทิซมีการเคลื่อนที่ไปยังแลตทิซตำแหน่งใหม่ หากตำแหน่งที่ย้ายไปของประชากรในสถานะ S ตรงกับแลตทิซที่มีเชื้อเลปโตสไปร่าอยู่จะสามารถส่งผ่านโรคไปยังประชากรในสถานะ S ได้ด้วยอัตราการส่งผ่านโรค (transmission rate, λ) เมื่อรับเชื้อโรคเข้าสู่ร่างกายจะเปลี่ยนสถานะจาก S เป็น E จนครบระยะพักตัว τ_E ถึงจะเปลี่ยนสถานะจาก E เป็น I โดยบุคคลนั้นจะอยู่ในสถานะนี้เป็นเวลา τ_I ถึงจะเปลี่ยนสถานะจาก I เป็น R และบุคคลที่อยู่ในสถานะ R จะสามารถกลับมาอยู่ในสถานะ S ได้อีกครั้งตามระยะเวลาที่หมดภูมิคุ้มกัน τ_R ดังภาพ 15

เพื่อศึกษาพลวัตการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสตามตามฤดูกาล จึงพิจารณาให้อัตราการส่งผ่านโรคขึ้นอยู่กับเวลาซึ่งกำหนดโดยฟังก์ชันไซน์อย่างง่ายตามสมการที่ 3.3 ปริมาณน้ำฝนตาม

สมการที่ 3.4 และดัชนีนำท่วมตามสมการที่ 3.5 แต่เนื่องจากค่าของฟังก์ชันนี้มีตั้งแต่ -1 ถึง 1 ส่งผลให้อัตราการส่งผ่านโรคมืดลงบางส่วนที่ติดลบ ซึ่งไม่สอดคล้องกับความเป็นจริงสำหรับการระบาดของโรค จึงมีการปรับฟังก์ชันไซน์ กำหนดอัตราการส่งผ่านโรค (λ) ดังนี้

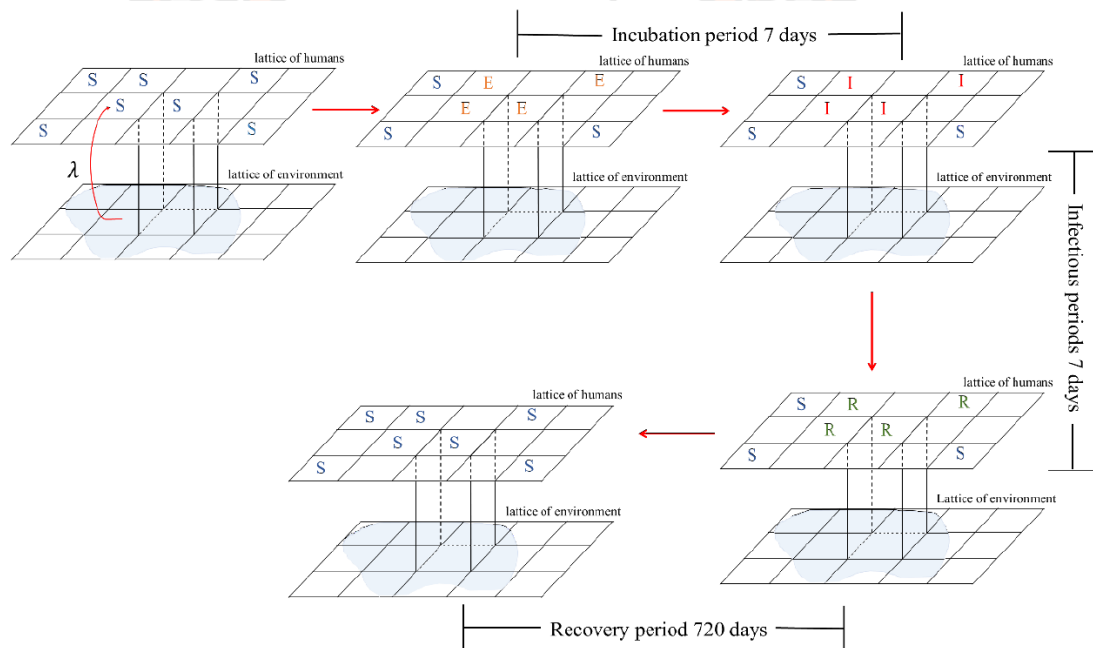
$$\lambda_1(t) = n_0 + n_1(1 + \sin(2\pi t/365) - \tau) \quad 3.3$$

$$\lambda_2(t) = n_0 + n_1(R(t) - \tau) \quad 3.4$$

$$\lambda_3(t) = n_0 + n_1(F(t) - \tau) \quad 3.5$$

โดยที่ n_0 และ n_1 คือค่าคงที่

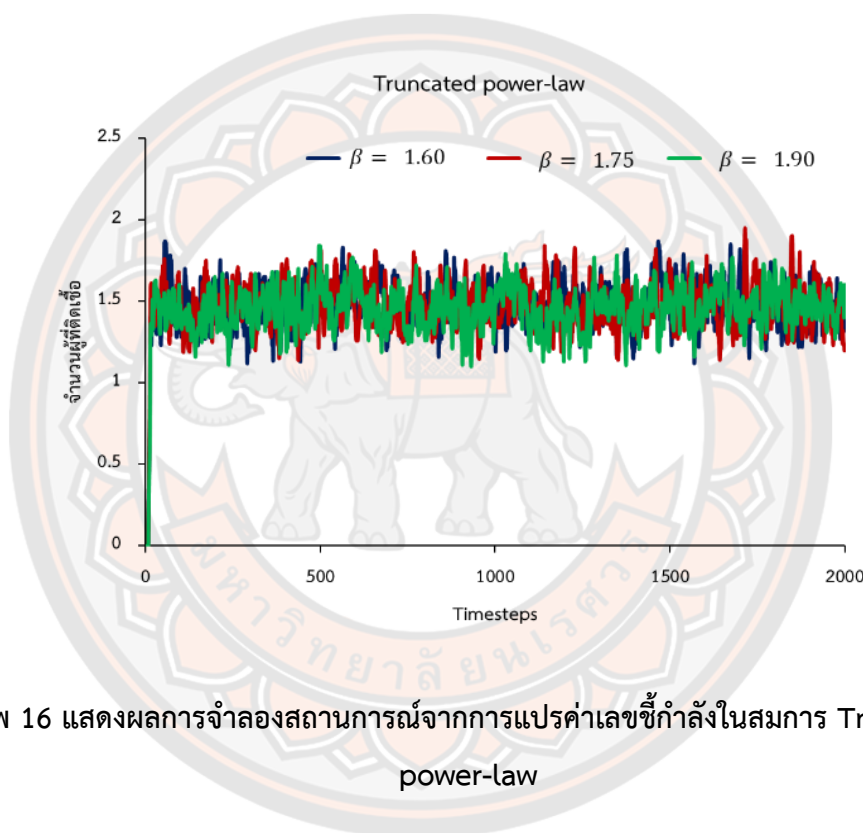
Time lag, τ คือความล่าช้าของผลกระทบที่จะเกิดขึ้น เมื่อเวลาผ่านไปแตกต่างกันมีค่า 0-4 สัปดาห์



ภาพ 15 แสดงความสัมพันธ์ระหว่างแลตทิซของประชากรกับแลตทิซของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน และแสดงการเปลี่ยนสถานะของประชากร

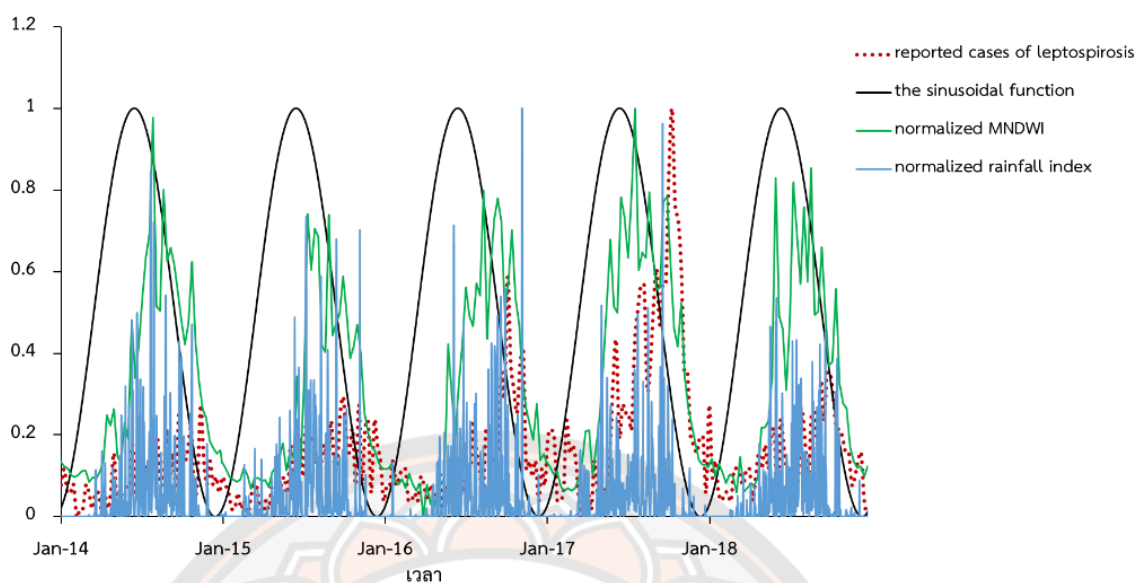
ผลและวิจารณ์ผลการจำลองสถานการณ์

ภาพ 16 แสดงผลจากการจำลองสถานการณ์สำหรับสมการการเคลื่อนที่ของประชากรแบบ Truncated power-law เมื่อแปรค่า β ที่เป็นเลขชี้กำลังเท่ากับ 1.60 1.75 และ 1.90 โดยกำหนดให้ค่า Δr เท่ากับ 15 ค่า Δr_0 เท่ากับ 0 และค่า κ เท่ากับ 800 เป็นค่าคงที่ จากกราฟพบว่าที่ค่า β มีค่าน้อยหรือมีค่ามากก็ส่งผลให้มีจำนวนผู้ที่ติดเชื้อเริ่มต้นเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วจนถึงจุดสูงสุดและเริ่มคงที่อย่างรวดเร็วเช่นกัน ซึ่งค่า β ทั้ง 3 มีแนวโน้มของกราฟที่เหมือนกัน ดังนั้นผู้วิจัยจึงพิจารณาใช้ β เท่ากับ 1.75 ตามงานวิจัยของ González และคณะ [31]



ภาพ 16 แสดงผลการจำลองสถานการณ์จากการแปรค่าเลขชี้กำลังในสมการ Truncated power-law

สำหรับการศึกษาพลวัตการระบาดของโรคเลปโตสไปโรซิสที่พิจารณาให้อัตราการส่งผ่านโรคขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซนัส ปริมาณน้ำฝน และปริมาณน้ำท่วม เทียบกับข้อมูลจำนวนผู้ป่วยโรคเลปโตสไปโรซิสของจังหวัดศรีสะเกษ ในช่วง พ.ศ. 2557 ถึง พ.ศ. 2561 และเพื่อแสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ที่ชัดเจนจึงปรับข้อมูล (normalization) ของทุกกราฟให้มีค่าสูงสุดเท่ากับ 1 พบว่าจำนวนผู้ที่ติดเชื้อมีแนวโน้มที่สอดคล้องกับฤดูกาล โดยพบจำนวนผู้ป่วยของโรคเลปโตสไปโรซิสสูงระหว่างเดือนสิงหาคมถึงตุลาคมซึ่งตรงกับช่วงฤดูฝน และยังมีผู้ป่วยสูง กราฟจากฟังก์ชันไซนัส ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วมก็มีค่าสูงในตำแหน่งที่ใกล้เคียงกัน ดังภาพ 17

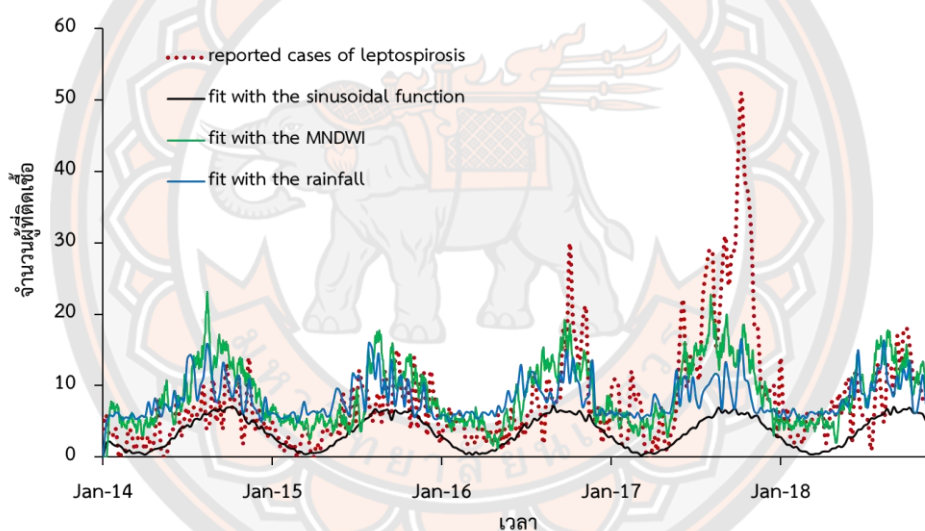


ภาพ 17 ความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนผู้ป่วยของโรคเลปโตสไปโรสิส ฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วมสำหรับปี พ.ศ. 2557- พ.ศ. 2561

ภาพ 18 แสดงผลการจำลองสถานการณ์จากการพิจารณาค่าอัตราการส่งผ่านโรค 3 ปัจจัย ซึ่งพบว่าที่อัตราการส่งผ่านโรคคือค่าดัชนีน้ำท่วม ส่งผลให้จำนวนผู้ที่ติดเชื้อโรคเลปโตสไปโรสิส สอดคล้องกับข้อมูลจริงมากกว่าค่าปริมาณน้ำฝน และฟังก์ชันไซน์ จากการหาค่า Root Mean squared error (RMSE) มีค่าต่ำสุดเท่ากับ 36.57 ที่ time lag เท่ากับ 1 สัปดาห์ ค่า n_0 เท่ากับ 2.00×10^{-6} และ n_1 เท่ากับ 1.20×10^{-5} สำหรับการจำลองสถานการณ์โดยใช้ค่าอัตราการส่งผ่านโรค คือค่าปริมาณน้ำฝนพบว่าจำนวนผู้ที่ติดเชื้อจากผลการจำลองสถานการณ์จะใกล้เคียงกับข้อมูลจริง เฉพาะในปีที่มีจำนวนผู้ติดเชื้อน้อย ซึ่งไม่สอดคล้องกับจำนวนผู้ป่วยในปี พ.ศ. 2560 จากการหาค่า RMSE ที่ดีที่สุดมีค่าเท่ากับ 47.35 ที่ time lag เท่ากับ 2 สัปดาห์ ค่า n_0 เท่ากับ 4.01×10^{-6} และ n_1 เท่ากับ 3.21×10^{-5} และการจำลองสถานการณ์โดยใช้ค่าอัตราการส่งผ่านโรคคือฟังก์ชันไซน์พบว่าผลการจำลองสถานการณ์ของฟังก์ชันไซน์สอดคล้องกับข้อมูลจริงเฉพาะในกรณีที่มีจำนวนผู้ติดเชื้อน้อย ๆ จากการหาค่า RMSE ที่ดีที่สุดมีค่าเท่ากับ 64.30 ที่ time lag เท่ากับ 4 สัปดาห์ ค่า n_0 เท่ากับ 3.47×10^{-7} และ n_1 เท่ากับ 2.09×10^{-6}

จากผลการจำลองสถานการณ์ข้างต้น ในกรณีที่พิจารณาอัตราการส่งผ่านโรคขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์สามารถได้ดีในกรณีที่มีจำนวนผู้ติดเชื้อน้อยเท่านั้น แม้ว่าฟังก์ชันไซน์จะถูกนำมาใช้โดยทั่วไปในแบบจำลองการแพร่ระบาดที่เกี่ยวข้องกับฤดูกาลก็ตาม [48] ส่วนผลการจำลองสถานการณ์ของอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วมได้ดีกว่าค่าปริมาณน้ำฝน เนื่องจาก

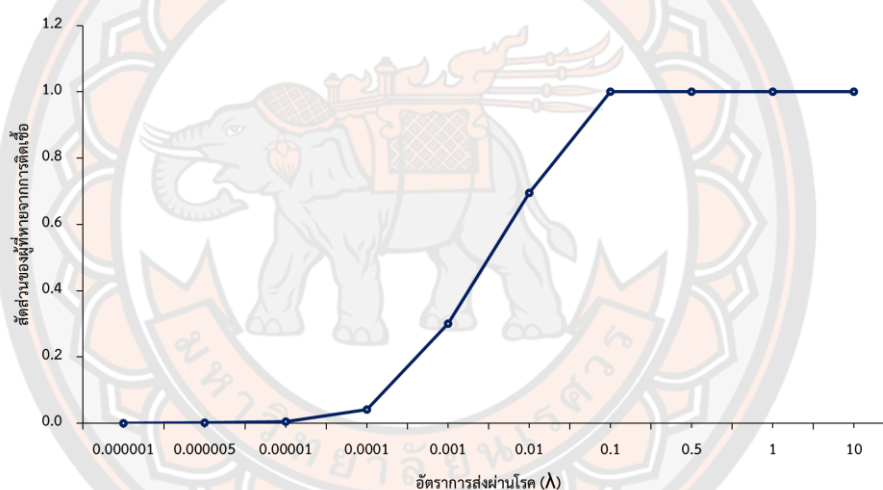
การระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสมักเกิดขึ้นหลังจากฝนที่ตกหนัก และเกิดน้ำขัง หรือน้ำท่วมขัง อีกทั้งเชื้อโรคเหล่านี้สามารถดำรงอยู่ได้ในสภาพแวดล้อมได้นานเป็นเวลาหลายวัน การจำลองอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับปริมาณน้ำฝนนั้นยังไม่สามารถพิตได้ดีกับข้อมูลในปี พ.ศ. 2560 ได้ เนื่องจากปัจจัยอื่น ๆ เข้ามาเกี่ยวข้อง เช่น เกิดมรสุม และฝนตกหนักในปีนั้น [47] ดังนั้นการศึกษานี้จึงแสดงให้เห็นว่าค่าดัชนีน้ำท่วมมีส่วนทำให้เกิดการแพร่กระจายของโรคเลปโตสไปโรสิสมากกว่าปัจจัยอื่น เนื่องจากการแพร่ระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสเป็นที่ทราบกันดีว่ามีรูปแบบตามฤดูกาล ปริมาณน้ำท่วมเป็นปัจจัยเสี่ยงที่สำคัญในการระบาดของโรค และมีความสัมพันธ์อย่างมากกับสภาพแวดล้อมในเขตร้อน [4, 21, 49] ในช่วงที่ฝนตกชุกเชื้อเลปโตสไปราจะเจริญเติบโตได้ดีในน้ำจืด เพราะว่าดินถูกชะล้างทำให้คนสัมผัสกับแบคทีเรียเหล่านี้ได้ง่าย [50] หากฝนตกแต่ไม่มากพอที่ทำให้เกิดน้ำท่วมขัง จะส่งผลให้การระบาดของโรคน้อยลง



ภาพ 18 แสดงผลการจำลองสถานการณ์ของโรคเลปโตสไปโรสิสโดยอัตราการส่งผ่านโรคขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม

สำหรับทฤษฎีการระบาดของโรค ปัญหาที่น่าสนใจคือการทำนายว่าหากพบบุคคลที่ติดเชื้อจำนวนน้อย จะส่งผลให้เกิดการไม่ระบาดของโรคหรือเกิดการระบาดของโรคขึ้น ซึ่งค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproductive number, R_0) [51] จะบ่งบอกได้ว่าหากมีผู้ป่วยรายแรกโดยสมมติให้ประชากรที่เหลือเป็นผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ ผู้ป่วยรายแรกจะสามารถส่งผ่านโรคได้ตามค่า R_0 โดยเฉลี่ยต่อคน ดังนั้น ความน่าจะเป็นของการสุ่มเลือกบุคคลที่หลีกเลี่ยงการติดเชื้อ (individual escaping infection) และบุคคลที่ยังคงเป็นผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้ออยู่ (remaining

susceptible) คือ $\exp(-R_0/N)$ หากมีบุคคล Z ติดเชื้อ ความน่าจะเป็นในการหลีกเลี่ยงที่จะติดเชื้อของแต่ละบุคคลคือ $\exp(-ZR_0/N)$ เมื่อสิ้นสุดการแพร่ระบาดจะมีสัดส่วนของผู้ติดเชื้อเท่ากับ $R(\infty) = Z/N$ โดยที่ $R(\infty)$ คือสัดส่วนสุดท้ายของบุคคลที่หายจากการติดเชื้อ ซึ่งเท่ากับสัดส่วนรวมของประชากรที่ติดเชื้อและสัดส่วนของผู้ที่ยังคงเป็นผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อคือ $S(\infty) = \exp(-R(\infty)R_0)$ ซึ่งเท่ากับ $1 - R(\infty)$ จะได้ว่า $1 - R(\infty) - \exp(-R(\infty)R_0) = 0$ จัดได้เป็น R_0 เท่ากับ $\log(1 - Z/N)/-Z/N$ [17] ในการศึกษาการประมาณ R_0 จากขนาดการแพร่ระบาด โดยกำหนดขนาดการระบาดเป็นสัดส่วนของผู้ที่หายจากการติดเชื้อ ณ จุดที่เสถียรแล้ว และกำหนดให้อัตราการส่งผ่านโรคเป็นค่าคงที่ ($\lambda = n_0$) ผลจากการจำลองสถานการณ์จากการแปรค่า λ อยู่ในช่วง 1×10^{-6} ถึง 1 พบค่าอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติที่ชี้ให้เห็นจุดที่มีการเปลี่ยนแปลงจากยังไม่มีมีการระบาดไปสู่การแพร่ระบาดของโรคดังภาพ 19



ภาพ 19 แสดงผลการจำลองสถานการณ์ของอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติ

แบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนแลตทิซ

จากแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนแลตทิซอย่างง่ายผู้วิจัยได้ศึกษาการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิส โดยสร้างแบบจำลองบนแลตทิซ 2 มิติ ที่ซ้อนทับกับบ่ออยู่ ขนาด $1,000 \times 1,000$ กำหนดให้มีประชากรบนแลตทิซ ทั้งหมด 350,000 คน แลตทิซสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน คิดเป็น 60% บนแลตทิซ ประชากรที่อยู่ในช่องแลตทิซเป็นไปได้ 4 สถานะ และกำหนดค่าพารามิเตอร์ตามงานวิจัยที่ได้ทบทวนวรรณกรรม จึงพอทำให้เข้าใจถึงพลวัต และปัจจัยที่ส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคดังกล่าว และเพื่อให้เข้าใจถึงพลวัตการระบาดที่สอดคล้องกับความเป็นจริงมากขึ้น ผู้วิจัยได้ปรับพารามิเตอร์ในแบบจำลองให้มีความใกล้เคียงกับการระบาดจริงมากยิ่งขึ้น โดยปรับในส่วนของ การเคลื่อนที่ของประชากรในแต่ละวัน กำหนดให้ในแต่ละวันประชากรที่อยู่สถานะ S E และ R สามารถเคลื่อนที่ไปยังตำแหน่งใหม่บนแลตทิซที่เป็นช่องว่างได้ด้วยความน่าจะเป็นตามอัตราการส่งผ่านโรค ($\rho_{mob} = \lambda$) เนื่องจากประชากรที่ประกอบอาชีพเกษตรกรรมจะต้องเดินทางไปยังพื้นที่เพาะปลูก (เช่น ปลูกข้าว) ด้วยเหตุนี้ถึงจะสามารถรับเชื้อเลปโตสไปราที่อาศัยอยู่ในดิน โคลน และแหล่งน้ำได้ อีกทั้งเมื่อถึงช่วงฤดูทำนา ในแต่ละวันจึงมีประชากรเคลื่อนที่ไปยังพื้นที่เพาะปลูกมากกว่าช่วงเวลาอื่น ดังนั้นความน่าจะเป็นในการเคลื่อนที่จึงไม่ควรที่เป็นค่าคงที่ ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Botari และคณะ [32] ที่พิจารณาให้ในแต่ละวันความน่าจะเป็นในการเคลื่อนที่ของยูงที่ติดเชื้อจะบินออกจากพื้นที่นั้นไปยังพื้นที่อื่น ๆ แสดงถึงอัตราการส่งผ่านโรค $\lambda(t)$ ของยูงแต่ละตัว โดยที่อัตราการส่งผ่านโรคขึ้นอยู่กับอุณหภูมิ และปริมาณน้ำฝน

เมื่อประชากรสถานะ S E และ R เคลื่อนที่ ระยะทางที่สามารถเคลื่อนที่ไปได้จะขึ้นอยู่กับ การแจกแจงตามสมการที่ 3.2 และจะมีการเปลี่ยนสถานะของประชากรก็ต่อเมื่อตำแหน่งที่ย้ายไปของ ประชากรในสถานะ S ตรงกับแลตทิซที่มีเชื้อเลปโตสไปราด้วยอัตราการส่งผ่านโรค (transmission rate, λ) เมื่อรับเชื้อโรคเข้าสู่ร่างกายจะเปลี่ยนสถานะจาก S เป็น E จนครบระยะฟักตัว τ_E ถึงจะ เปลี่ยนสถานะจาก E เป็น I โดยบุคคลนั้นจะอยู่ในสถานะนี้เป็นเวลา τ_I ถึงจะเปลี่ยนสถานะจาก I เป็น R และบุคคลที่อยู่ในสถานะ R จะสามารถกลับมาอยู่ในสถานะ S ได้อีกครั้งตามระยะเวลาทั้งหมด ภูมิคุ้มกัน τ_R

ผลจากการศึกษาปัจจัยที่ส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคจากแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสบนแลตทิซอย่างง่ายชี้ให้เห็นว่าค่าดัชนีน้ำท่วมส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคมากกว่าปัจจัยอื่น และยังสอดคล้องกับงานวิจัยของ Chadsuthi และคณะ [52] ดังนั้นจึงพิจารณาให้อัตราการส่งผ่านโรค (λ) ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วมเพียงปัจจัยเดียวดังสมการ 3.6

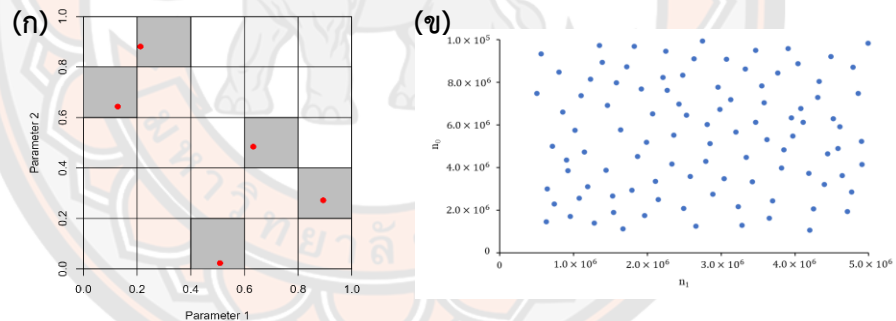
$$\lambda(t) = n_0(1 + n_1(F(t) - \tau)) \quad 3.6$$

โดยที่ n_0 และ n_1 คือค่าคงที่

Time lag (τ) คือความล่าช้าของผลกระทบที่จะเกิดขึ้น เมื่อเวลาผ่านไปแตกต่างกันมีค่า 0-4 สัปดาห์

เนื่องจากการศึกษาก่อนหน้าเป็นการประมาณค่าพารามิเตอร์ n_0 และ n_1 แบบสุ่มในช่วงตัวเลขกว้าง ๆ ก่อนแล้วจึงเลือกค่าพารามิเตอร์ที่ให้ผลการจำลองสถานการณ์ใกล้เคียงกับข้อมูลจริง ดังนั้นเพื่อให้ได้ค่าพารามิเตอร์ที่ส่งผลให้ผลของแบบจำลองสถานการณ์สอดคล้องกับข้อมูลจริงมากที่สุด ผู้วิจัยจึงพิจารณาใช้วิธีการเลือกค่าพารามิเตอร์จากการสุ่มด้วยวิธี Latin hypercube sampling และประเมินค่าความผิดพลาดจากการจำลองสถานการณ์จากการใช้วิธีหารากที่สองของค่าเฉลี่ยความผิดพลาดกำลังสอง

วิธี Latin hypercube sampling (LHS) [53] ซึ่งเป็นวิธีที่มีการกระจายค่าพารามิเตอร์จากการแจกแจงปกติของตัวแปรหลายตัว (multidimensional distribution) โดยสร้างตารางสี่เหลี่ยมจัตุรัสที่มีจุดตัวอย่างที่เป็นไปได้เพียงตัวอย่างเดียวในแต่ละแถว และแต่ละคอลัมน์ดังภาพ 20 (ก) และภาพ 20 (ข) แสดงการสุ่มค่า n_0 และ n_1 ที่ใช้ในแบบจำลองการระบาด



ภาพ 20 (ก) ตัวอย่างการสุ่มด้วยวิธี LHS 5 ตัวอย่าง (ข) ตัวอย่างของค่า n_0 และ n_1 สุ่มด้วยวิธี LHS 100 ตัวอย่าง

ที่มา: ภาพ 20 (ก) https://cran.rproject.org/web/packages/lhs/vignettes/lhs_basics.html

วิธีการประเมินค่าความผิดพลาดจากการพยากรณ์ [54] จากรากที่สองของค่าเฉลี่ยความผิดพลาดกำลังสอง (Root mean Square Error, RMSE) คือการวัดค่าความแตกต่างระหว่างค่าจริง และค่าที่ประมาณมาจากแบบจำลองยกกำลังสอง หาก RMSE มีค่าน้อย นั่นหมายความว่า

แบบจำลองสามารถประมาณค่าประมาณได้ใกล้เคียงกับค่าจริง และหากมีค่าเท่ากับศูนย์ หมายความว่าไม่เกิดความคลาดเคลื่อนในแบบจำลองนี้ โดยค่า RMSE สามารถคำนวณได้ตามสมการที่ 3.7

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^n (\bar{x}_i - x_i)^2} \quad 3.7$$

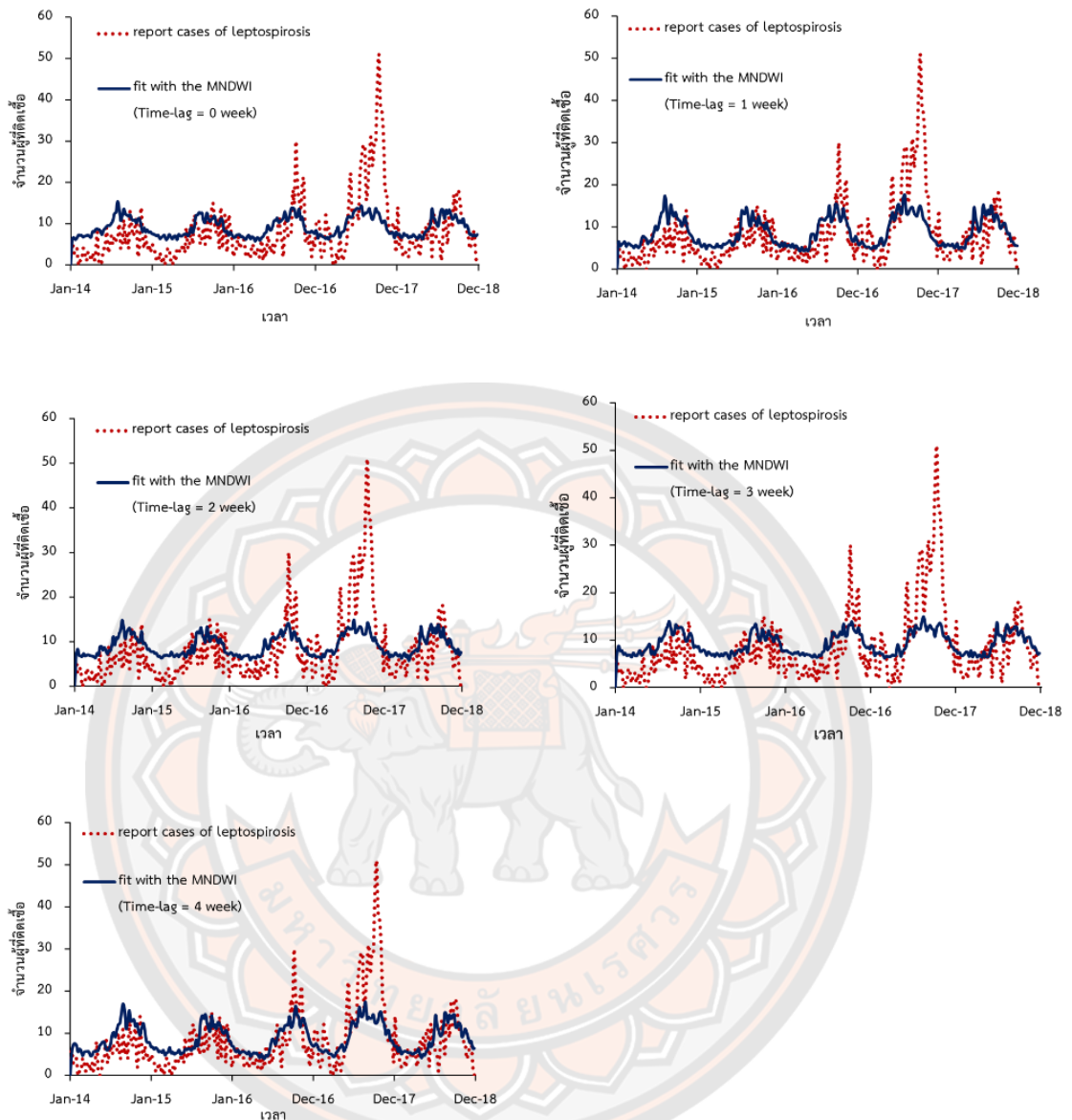
โดยที่ ตัวแปร n คือ จำนวนตัวแปร
 ตัวแปร \bar{x}_i คือ ค่าจากการพยากรณ์
 ตัวแปร x_i คือ ค่าจริง

ผลและวิจารณ์ผลการจำลองสถานการณ์

จากภาพ 21 แสดงผลการจำลองสถานการณ์ที่กำหนดให้อัตราการเคลื่อนที่ของบุคคลในแต่ละวัน (ρ_{mob}) ขึ้นอยู่กับอัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน (λ) โดยค่า λ ก็ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วมเช่นกัน โดยแปรค่า time-lag (τ) เท่ากับ 0 ถึง 4 สัปดาห์ ผลจากการจำลองสถานการณ์พบว่าจำนวนผู้ที่ติดเชื้อจากการจำลองสถานการณ์นั้นสอดคล้องกับข้อมูลจำนวนผู้ป่วยจริงมากกว่าแบบจำลองอย่างง่าย และยังส่งผลให้สามารถกำหนดสมการการเคลื่อนที่ได้ของบุคคลในแต่ละวันได้ โดยมีค่า RMSE ได้ต่ำที่สุดเท่ากับ 36.76 ที่ time lag เท่ากับ 2 สัปดาห์ ค่า n_0 เท่ากับ 2.75×10^{-6} และ n_1 เท่ากับ 9.93×10^{-6} โดยผลการแปรค่า time lag (τ) อื่น ๆ ให้ค่า RMSE ดังตาราง 3

ตาราง 3 แสดงค่า RMSE ของแต่ละ Time-lag

n_0	n_1	Time-lag (τ)	RMSE
		0 สัปดาห์	40.47
		1 สัปดาห์	38.19
2.75×10^{-6}	9.93×10^{-6}	2 สัปดาห์	36.76
		3 สัปดาห์	38.20
		4 สัปดาห์	38.41



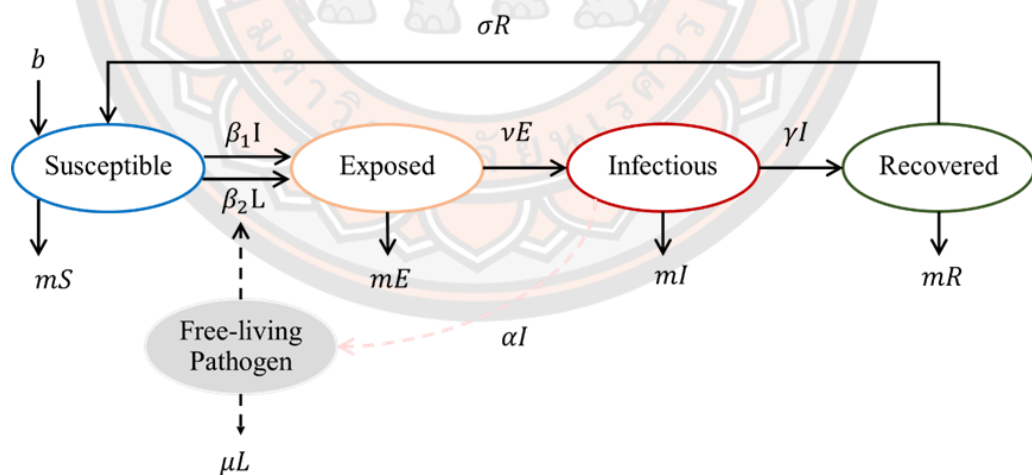
ภาพ 21 ผลการจำลองสถานการณ์การระบาดของ Time-lag มีค่าเท่ากับ 0-4 สัปดาห์

บทที่ 4

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรสิส

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรสิส

การศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์จะทำให้เข้าใจถึงการแพร่ระบาด โดยสามารถปรับเปลี่ยนให้ใกล้เคียงกับลักษณะเฉพาะของโรคระบาดได้ สามารถเพิ่มตัวแปร ค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ผลลัพธ์ที่ได้จากแบบจำลองทางคณิตศาสตร์จะช่วยให้เข้าใจถึงปัจจัยที่สามารถควบคุมการแพร่ระบาดของโรคได้ซึ่งการวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เป็นการวิเคราะห์ตามวิธีมาตรฐาน (Standard Method) โดยศึกษาหาค่าระดับการติดเชื้อ โดยใช้วิธี Next Generation Method หาค่าตอบเชิงวิเคราะห์ และค่าตอบเชิงตัวเลขโดยวิธี Numerical Analysis ในงานวิจัยนำเสนอแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับโรคเลปโตสไปโรสิส ซึ่งกำหนดให้อัตราการเกิด อัตราการเสียชีวิตคงที่ และประชากร 4 กลุ่ม คือ กลุ่มผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ (S) กลุ่มผู้ที่ติดเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการและไม่สามารถส่งผ่านโรคได้ (E) กลุ่มผู้ที่ติดเชื้อ (I) และกลุ่มผู้ที่หายจากการติดเชื้อ (R) โดยแผนภาพอธิบายแนวคิดในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์แสดงได้ดังภาพ 22



ภาพ 22 แนวคิดการสร้างแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสจากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน

โดยการระบาดของโรคดังกล่าวมาจากการส่งผ่านโรคจากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนมาสู่คน ในธรรมชาติเชื้อเลปโตสไปราจะอาศัยอยู่ในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน เช่น ดิน โคลน และแหล่งน้ำ (ซึ่งแบคทีเรียก็มีส่วนที่อยู่รอด และตาย (μ)) ดังนั้นจึงพิจารณาสองส่วนคือส่วนของประชากร และส่วนของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน (free living pathogen, L) โดยเมื่อประชากรกลุ่มที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ (Susceptible, S) รับเชื้อเลปโตสไปราจากสิ่งแวดล้อมเข้าสู่ร่างกาย (Environment-to-human transmission, β_2) จะส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนสถานะเกิดขึ้น คือจะเปลี่ยนสถานะไปเป็นกลุ่มประชากรคนที่ได้รับเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการ และไม่สามารถส่งผ่านโรคได้ (Exposed, E) ต่อมาจะมีการเปลี่ยนสถานะกลายเป็นกลุ่มประชากรคนที่ได้รับเชื้อ และแสดงอาการ (Infectious, I) ตามอัตราการฟักตัว (incubation rate, ν) และสุดท้ายจะเปลี่ยนสถานะกลายเป็นกลุ่มประชากรคนที่หายจากการติดเชื้อ (Recovered, R) ตามอัตราการหายจากการติดเชื้อ (recovered rate, γ) ซึ่งผู้ที่หายจากการติดเชื้อจะสามารถกลับมาอยู่ในสถานะผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อได้อีกครั้งตามอัตราการสูญเสียภูมิคุ้มกัน (immunity loss rate, σ) อีกทั้งกลุ่มประชากรที่ติดเชื้อจะสามารถปลดปล่อยเชื้อเลปโตสไปราสู่สิ่งแวดล้อมได้จากการขับถ่ายของเสีย (Shedding rate of human, α) และสามารถส่งผ่านโรคให้กับผู้ที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อได้จากการที่ผู้เสี่ยงสัมผัสกับสารคัดหลั่งของผู้ป่วย (Human-to-human transmission, β_1) ซึ่งเหตุการณ์ทั้งสองกรณีพบได้น้อยมากในธรรมชาติของการระบาดจากแผนภาพสามารถอธิบายด้วยระบบสมการเชิงอนุพันธ์ดังนี้

$$\frac{dS}{dt} = b - \beta_1 SI - \beta_2 SL + \sigma R - bS \quad 4.1$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta_1 SI + \beta_2 SL - \nu E - bE \quad 4.2$$

$$\frac{dI}{dt} = \nu E - \alpha I - \gamma I - bI \quad 4.3$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \sigma R - bR \quad 4.4$$

$$\frac{dL}{dt} = \alpha I + mgL - \mu L \quad 4.5$$

กำหนดให้ $L = \left(\frac{X-L}{X}\right)$ และ $g = \left(\frac{X-L}{L}\right)$

การหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproductive number, R_0) เป็นการหาค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานจะเป็นการหาค่ารัศมีเชิงสเปกตรัม (Spectral radius) ของ FV^{-1} โดยใช้วิธีการ Next Generation Method ซึ่งได้จากสมการ (4.2) - (4.5) จะได้เมตริก ในรูป

$\frac{dX}{dt} = F(X) - V(X)$ เพื่อหาค่ารัศมีเชิงสเปกตรัมจากเมตริก FV^{-1} ตามนิยาม [55] ซึ่ง $F(X)$ และ $V(X)$ ได้จากอนุพันธ์ย่อย (Partial Derivative) ดังนี้

$$X = \begin{bmatrix} E \\ I \\ L \end{bmatrix} \quad F(X) = \left[\frac{\partial F_i(E_0)}{\partial x_i} \right] \quad \text{และ} \quad V(X) = \left[\frac{\partial V_i(E_0)}{\partial x_i} \right]$$

เมื่อ $F(X)$ คือเมตริกของผู้ป่วยที่เพิ่มขึ้น

$V(X)$ คือเมตริกของผู้ป่วยที่เปลี่ยนสถานะจากกลุ่มหนึ่งไปอีกรุ่นหนึ่ง

โดยในงานวิจัยนี้มีการแบ่งการวิเคราะห์ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) ออกเป็น 3 แบบ คือ

1. พิจารณาให้เฉพาะอัตราการส่งผ่านโรคของคนสู่คน และอัตราการส่งผ่านโรคจากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คนเป็นส่วนที่ส่งผลให้มีจำนวนผู้ป่วยเริ่มต้นในระบบ (Transition)
 2. พิจารณาเพิ่มอัตราการปลดปล่อยเชื้อเลปโตสไปร่าจากคนสู่สิ่งแวดล้อมเป็นส่วนที่ส่งผลให้มีจำนวนผู้ป่วยเริ่มต้นในระบบ (Transition-Reservoir)
 3. พิจารณาเพิ่มเทอมของอัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน และอัตราการเกิดของเชื้อเลปโตสไปร่าเป็นส่วนที่ส่งผลให้มีจำนวนผู้ป่วยเริ่มต้นในระบบ (Reservoir)
- แบบที่ 1 อัตราการส่งผ่านโรค (Transition)

สมมติให้ว่าเชื้อเลปโตสไปร่าไม่สามารถมีชีวิตอยู่ในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนไปตลอดได้ (เช่น อัตราการเกิดของเชื้อเลปโตสไปร่า (g) น้อยกว่าอัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า (μ)) สิ่งแวดล้อมจึงถือเป็นสถานะหนึ่งที่มีการเปลี่ยนสถานะได้แสดงในเมตริก $V(X)$ ดังนั้น อัตราการส่งผ่านโรคของคนสู่คน และอัตราการส่งผ่านโรคจากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คนจึงเป็นส่วนที่ส่งผลให้ผู้ป่วยเพิ่มขึ้นแสดงในเมตริก $F(X)$ ดังนี้

$$f = \begin{bmatrix} \beta_1 SI + \beta_2 S \left(\frac{L}{L + K} \right) \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

พิจารณาที่จุดสมดุลที่ไม่เกิดโรค $E_0(S, E, I, R, L) = E_0(1, 0, 0, 0, 0)$

จะได้

$$F(E_0) = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 S & \frac{\beta_2 S \kappa}{(L + \kappa)^2} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 & \frac{\beta_2}{\kappa} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$v = \begin{bmatrix} +vE + bE \\ -vE + \gamma I + \alpha I + bI \\ -\alpha I - mgL + \mu L \end{bmatrix}$$

$$V(E_0) = \begin{bmatrix} v + b & 0 & 0 \\ -v & \gamma + \alpha + b & 0 \\ 0 & -\alpha & -m + \mu \end{bmatrix}$$

กำหนดให้ $c_1 = v + m$ และ $c_2 = \gamma + \alpha + b$

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{-c_2 m + c_2 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & 0 & 0 \\ \frac{-mv + \mu v}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{-c_1 m + c_1 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & 0 \\ \frac{\alpha v}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 \alpha}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 c_2}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} \end{bmatrix}$$

$$\rho[F.V^{-1}(E_0)] = \begin{bmatrix} \frac{\alpha \beta_2 v}{\kappa(-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu)} + \frac{\beta_1(-mv + \mu v)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 \alpha \beta_2}{\kappa(-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu)} + \frac{\beta_1(-c_1 m + c_1 \mu)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 c_2 \beta_2}{\kappa(-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu)} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Spectral Radius ของ $F.V^{-1}(E_0)$ เขียนแทนด้วย $\rho[F.V^{-1}(E_0)] = R_0$

$$\begin{aligned} R_0^I &= \frac{(-\alpha \beta_2 + m \beta_1 \kappa - \beta_1 \kappa \mu) v}{c_1 c_2 \kappa (m - \mu)} = \frac{m \beta_1 v}{c_1 c_2 (m - \mu)} - \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa (m - \mu)} - \frac{\beta_1 \mu v}{c_1 c_2 (m - \mu)} \\ &= \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} - \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa (m - \mu)} \\ &= \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} + \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa (-m + \mu)} \end{aligned}$$

$$= \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} + \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa (-m + \mu)}$$

$$R_0^I = \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} + \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa (-m + \mu)}$$

กำหนดให้

$$R_{0d} = \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} \quad R_{0in} = \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa \mu} \quad R_{0g} = \frac{m}{\mu}$$

จัดรูปใหม่จะได้

$$R_0^I = R_{0d} + \left(\frac{R_{0in}}{1 - R_{0g}} \right)$$

แบบที่ 2 อัตราการส่งผ่านโรค และสิ่งแวดลอม (Transition-Reservoir)

คล้ายกับการพิจารณาก่อนหน้า โดยอัตราการปลดปล่อยเชื้อเลปโตสไปร่าจากคนสู่สิ่งแวดลอม (μ) เป็นอีกส่วนที่ส่งผลให้สิ่งแวดลอมมีการปนเปื้อน และสามารถส่งผ่านโรคได้ ดังนั้นเมตริก $F(X)$ แสดงได้ดังนี้

$$f = \begin{bmatrix} \beta_1 SI + \beta_2 S \left(\frac{L}{L + \kappa} \right) \\ 0 \\ \alpha I \end{bmatrix}$$

พิจารณาที่จุดสมดุลที่ไม่เกิดโรค $E_0(S, E, I, R, L) = E_0(1, 0, 0, 0, 0)$

จะได้

$$F(E_0) = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 S & \frac{\beta_2 S \kappa}{(L + \kappa)^2} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 & \frac{\beta_2}{\kappa} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{bmatrix}$$

$$v = \begin{bmatrix} +vE + bE \\ -vE + \gamma I + \alpha I + bI \\ -m \left(\frac{\chi - L}{\chi} \right) L + \mu L \end{bmatrix}$$

$$V(E_0) = \begin{bmatrix} v + b & 0 & 0 \\ -v & \gamma + \alpha + b & 0 \\ 0 & 0 & -m + \frac{2Lm}{\chi} + \mu \end{bmatrix}$$

กำหนดให้ $c_1 = v + m$ และ $c_2 = \gamma + \alpha + b$

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{-c_2 m + c_2 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & 0 & 0 \\ \frac{-mv + \mu v}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{-c_1 m + c_1 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & 0 \\ \frac{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 c_2}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} \end{bmatrix}$$

$$\rho[F \cdot V^{-1}(E_0)] = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1(-mv + \mu v)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{\beta_1(-c_1 m + c_1 \mu)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{c_1 c_2 \beta_2}{\kappa(-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu)} \\ 0 & 0 & 0 \\ \frac{\alpha(-mv + \mu v)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & \frac{\alpha(-c_1 m + c_1 \mu)}{-c_1 c_2 m + c_1 c_2 \mu} & 0 \end{bmatrix}$$

Spectral Radius ของ $F \cdot V^{-1}(E_0)$ เขียนแทนด้วย $\rho[F \cdot V^{-1}(E_0)] = R_0$

$$R_0^H = \frac{m\beta_1\kappa v - \beta_1\kappa\mu v + \sqrt{(-m\beta_1\kappa v + \beta_1\kappa\mu v)^2 - 4(c_1 c_2 m \alpha \beta_2 \kappa v - c_1 c_2 \alpha \beta_2 \kappa \mu v)}}{2c_1 c_2 \kappa (m - \mu)}$$

จัดรูป

$$R_0^H = \frac{1}{2} \left[\frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} + \sqrt{\left(\frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} \right)^2 - 4 \left(\frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 m \kappa - c_1 c_2 \kappa \mu} \right)} \right]$$

และกำหนดให้

$$R_{0d} = \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} \quad R_{0in} = \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa \mu} \quad R_{0g} = \frac{m}{\mu}$$

จัดรูปใหม่จะได้

$$R_0^H = \frac{1}{2} \left(R_{0d} + \sqrt{(R_{0d})^2 + 4 \left(\frac{R_{0in}}{1 - R_{0g}} \right)} \right)$$

แบบที่ 3 สิ่งแวดล้อม (Reservoir)

สิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนทำหน้าที่เป็นแหล่งกักเก็บเชื้อเลปโตสไปราโดยที่เชื้อมีแนวโน้มจะถูกเพิ่มเข้าสู่สิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนได้จากทั้งอัตราการปลดปล่อยเชื้อเลปโตสไปราจากคนสู่สิ่งแวดล้อม (μ) อัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปรา (m) และอัตราการเกิดของเชื้อเลปโตสไปรา (g) ดังนั้นเมตริก $F(X)$ แสดงได้ดังนี้

$$f = \begin{bmatrix} \beta_1 SI + \beta_2 S \left(\frac{L}{L + \kappa} \right) \\ 0 \\ \alpha I + m \left(\frac{\chi - L}{\chi} \right) L \end{bmatrix}$$

พิจารณาที่จุดสมดุลที่ไม่เกิดโรค $E_0(S, E, I, R, L) = E_0(1, 0, 0, 0, 0)$ จะได้

$$F(E_0) = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 S & \frac{\beta_2 S \kappa}{(L + \kappa)^2} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & m + \frac{2Lm}{\chi} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \beta_1 & \frac{\beta_2}{\kappa} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha & m \end{bmatrix}$$

$$v = \begin{bmatrix} +vE + bE \\ -vE + \gamma I + \alpha I + bI \\ +\mu L \end{bmatrix}$$

$$V(E_0) = \begin{bmatrix} v+m & 0 & 0 \\ -v & \gamma + \alpha + b & 0 \\ 0 & 0 & \mu \end{bmatrix}$$

กำหนดให้ $c_1 = v + m$ และ $c_2 = \gamma + \alpha + b$

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{c_1} & 0 & 0 \\ \frac{v}{c_1 c_2} & \frac{1}{c_2} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\mu} \end{bmatrix}$$

$$F \cdot V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} & \frac{\beta_1}{c_2} & \frac{\beta_2}{\kappa \mu} \\ 0 & 0 & 0 \\ \frac{\alpha v}{c_1 c_2} & \frac{\alpha}{c_2} & \frac{m}{\mu} \end{bmatrix}$$

Spectral Radius ของ $F \cdot V^{-1}(E_0)$ เขียนแทนด้วย $\rho[F \cdot V^{-1}(E_0)] = R_0$

$$R_0^{III} = \frac{1}{2c_1 c_2 \kappa \mu} (c_1 c_2 m \kappa + \beta_1 \kappa \mu v + \sqrt{\kappa} \sqrt{(c_1^2 c_2^2 m^2 \kappa + 4c_1 c_2 \alpha \beta_2 \mu v - 2c_1 c_2 m \beta_1 \kappa \mu v + \beta_1^2 \kappa \mu^2 v^2)})$$

จัดรูปจะได้

$$R_0^{III} = \frac{1}{2} \left[\frac{m}{\mu} + \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} + \sqrt{\frac{m^2}{\mu^2} - \frac{2m\beta_1 v}{c_1 c_2 \mu} + \frac{4\alpha\beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa \mu} + \frac{\beta_1^2 v^2}{c_1^2 c_2^2}} \right]$$

กำหนดให้

$$R_{0d} = \frac{\beta_1 v}{c_1 c_2} \quad R_{0in} = \frac{\alpha \beta_2 v}{c_1 c_2 \kappa \mu} \quad R_{0g} = \frac{m}{\mu}$$

จัดรูปใหม่จะได้

$$R_0^{III} = \frac{1}{2} \left[R_{0d} + R_{0g} + \sqrt{(R_{0d} - R_{0g})^2 + 4R_{0in}} \right]$$

การวิเคราะห์เชิงตัวเลข (Numerical analysis)

ในวิจัยได้ทำการวิเคราะห์เชิงตัวเลขของ R_0 ทั้ง 3 แบบ โดยแปรค่าพารามิเตอร์ที่ส่งผลต่อการระบาด ได้แก่ อัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม (m) อัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน (β_2) และอัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า (μ) ซึ่งกำหนดให้ค่าพารามิเตอร์อื่น ๆ เป็นค่าคงที่ และแสดงดังตาราง 4

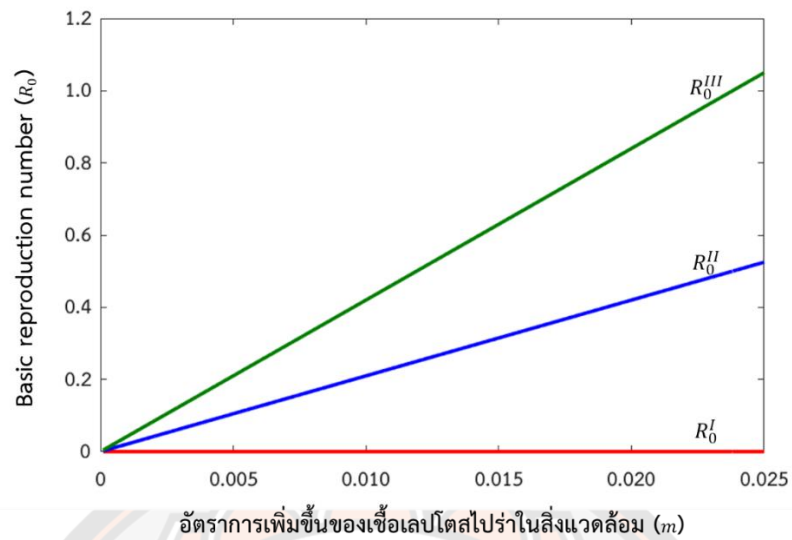
ตาราง 4 สัญลักษณ์แสดงตัวแปร และค่าพารามิเตอร์

สัญลักษณ์	ความหมาย	ค่าพารามิเตอร์
β_1	อัตราการส่งผ่านโรคระหว่างคนสู่คน	2.12×10^{-7} ประมาณจาก [56]
β_2	อัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน	2.12×10^{-6} ประมาณจาก [56]
v	อัตราการฟักตัว	1/7 [21]
b	อัตราการเกิดของประชากร	3.9139×10^{-5} [52]
m	อัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม	1.0×10^{-8} (โดยประมาณ)
γ	อัตราการหายจากการติดเชื้อ	1/7 [21]
κ	ความหนาแน่นของเลปโตสไปร่าในสภาพแวดล้อม	10^2 km^{-2} [52]
μ	อัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า	0.02381 [52]
α	อัตราการปลดปล่อยเชื้อเลปโตสไปร่าจากสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน	1.0×10^{-8} (โดยประมาณ)

ผลจากการศึกษาค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproductive number, R_0) ทั้ง 3 แบบ คือ $R_0^I = R_{0d} + \left(\frac{R_{0in}}{1-R_{0g}}\right)$, $R_0^{II} = \frac{1}{2} \left(R_{0d} + \sqrt{(R_{0d})^2 + 4 \left(\frac{R_{0in}}{1-R_{0g}}\right)} \right)$ และ $R_0^{III} = \frac{1}{2} \left[R_{0d} + R_{0g} + \sqrt{(R_{0d} - R_{0g})^2 + 4R_{0in}} \right]$ ซึ่งมีพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องคือ m, β_2 และ μ จากภาพ 23 พบว่าเมื่อแปรค่าอัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม (m) มากขึ้น ส่งผลให้ค่า R_0^{III} มากกว่าค่า R_0^{II} และ R_0^I เนื่องจากในสมการ R_0 ทั้งสองแบบ ค่าพารามิเตอร์ m ($R_{0g} = m/\mu$) ดังนั้นอัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม (m) จึงส่งผลต่อสมการ R_0^{III} มากกว่า R_0^I และ R_0^{II} ซึ่งตามการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสแล้วในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน (ดิน โคลน แหล่งน้ำ หรือพื้นที่เกษตรกรรม) หากมีเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อมมากย่อมส่งผลให้ประชากรที่ประกอบอาชีพเกษตรกรรมสามารถรับเชื้อโรคได้ง่ายขึ้น ทำให้มีจำนวนผู้ติดเชื้อมากขึ้น

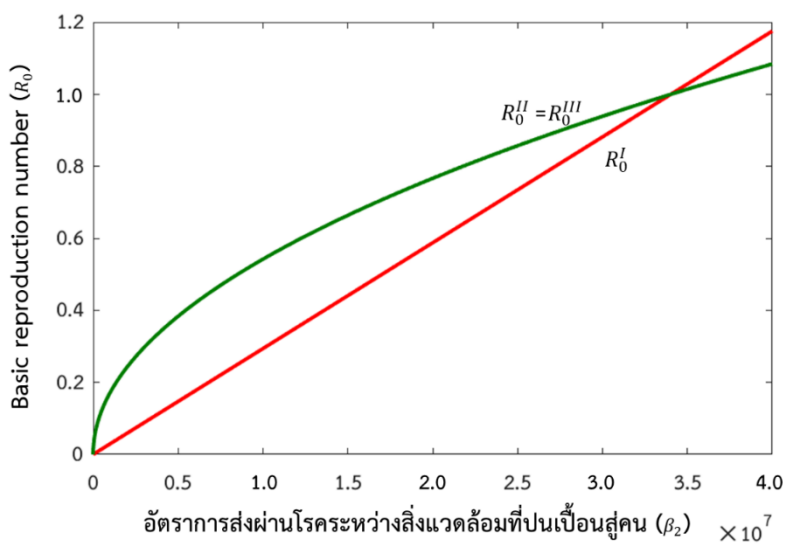
จากภาพ 24 เมื่อแปรค่าอัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมสู่คน (β_2) เพิ่มขึ้น ส่งผลให้ค่า R_0 ทั้ง 3 แบบเพิ่มขึ้นเช่นกัน โดย R_0^{II} มีค่าใกล้เคียงกันกับ R_0^{III} มาก ๆ เนื่องจากค่า $R_{0d} = \beta_1 v / c_1 c_2$ และ $R_{0g} = m/\mu$ เป็นค่าคงที่ซึ่งมีค่าน้อยมาก ๆ ทำให้สมการ R_0 ทั้งสองแบบลดรูปมาเหมือนกัน ซึ่งตามการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสแล้ว หากอัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมสู่คนมาก นั่นแสดงถึงเชื้อเลปโตสไปร่าจะมีโอกาสในการส่งผ่านโรครมาสู่คนมากขึ้น ซึ่งส่งผลให้มีผู้ติดเชื้อเพิ่มมากขึ้น

จากภาพ 25 เมื่อแปรค่าอัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า (μ) เพิ่มขึ้น ส่งผลต่อค่า R_0^{III} มากกว่าค่า R_0^{II} และ R_0^I เนื่องจากค่า μ อยู่ในเทอมของ $R_{0g} = m/\mu$ อีกทั้งค่า μ เป็นตัวส่วนที่ค่า μ น้อย ๆ จะส่งผลให้ค่า R_{0g} มีค่ามาก ซึ่งอยู่ในเทอมบวกของ R_0^{III} จึงส่งผลมากกว่า R_0 ทั้งสองแบบ และในส่วนของ R_0^I ที่ค่า R_{0g} เป็นตัวส่วน อีกทั้งค่า $R_{0d} = \beta_1 v / c_1 c_2$ และ $R_{0g} = m/\mu$ เป็นค่าคงที่ซึ่งมีค่าน้อยมาก ๆ จึงแทบไม่ส่งผลต่อค่า R_0^I ซึ่งเป็นไปตามการระบาดจริงหากเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนมีอัตราการตายน้อย นั่นแสดงว่ามีเชื้อเลปโตสไปร่าอยู่ในสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนมาก จึงสามารถส่งผ่านโรครมาสู่คนได้ส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคขึ้น

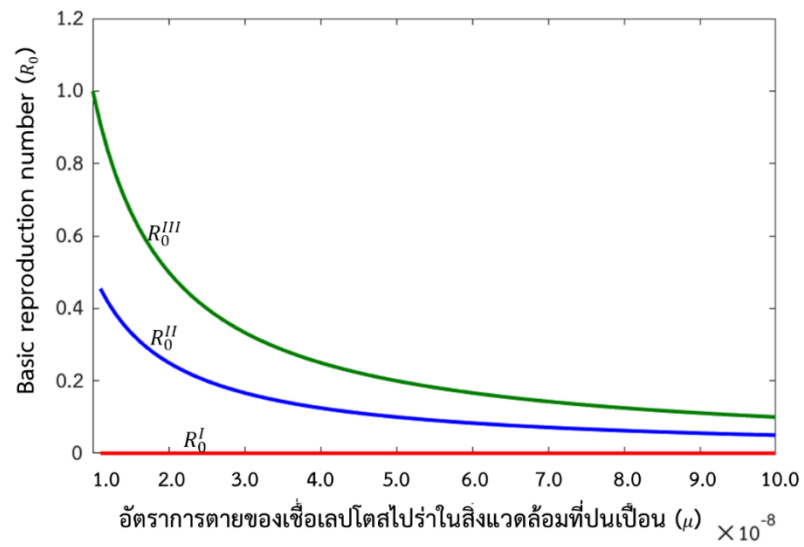


อัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปราในสิ่งแวดล้อม (m)

ภาพ 23 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปราในสิ่งแวดล้อม



ภาพ 24 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมสู่คน



ภาพ 25 แสดงถึงความแตกต่างของค่า R_0 3 แบบ จากการเปลี่ยนแปลงอัตราการตายของเชื้อ
เลปโตสไปรา



บทที่ 5

บทสรุป

สรุปผลการวิจัย

ศึกษาแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสอย่างง่าย จากการสร้างแบบจำลอง SCA โดยกำหนดให้ประชากรบนแลตทิซมีการเปลี่ยนสถานะแบบ SEIR ประชากรสามารถเคลื่อนที่ได้ ยิ่งแลตทิซอื่นที่เป็นช่องว่างได้ และในแต่ละความน่าจะเป็นของประชากรที่จะสามารถเคลื่อนที่ได้ เท่ากับค่าคงที่ โดยมีการพิจารณาปัจจัยที่ส่งผลต่ออัตราการส่งผ่านโรคของสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน เช่น อัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันไซน์ ปริมาณน้ำฝน และดัชนีน้ำท่วม ผลจากการจำลอง สถานการณ์พบว่าอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วมสอดคล้องกับจำนวนผู้ป่วยจริงใน จังหวัดศรีสะเกษ ช่วงปี พ.ศ. 2557 ถึง พ.ศ. 2561 มากกว่าปัจจัยอื่น เนื่องจากการแพร่ระบาดของ โรคเลปโตสไปโรสิสมีรูปแบบตามฤดูกาลซึ่งมีระบาดในช่วงฤดูฝน ในช่วงที่ฝนตกชุกเชื้อเลปโตสไปรา ที่อาศัยอยู่ตาม ดิน โคลน แหล่งน้ำจืดหรือพื้นที่น้ำขังจะเจริญเติบโตได้ ทำให้คนสามารถสัมผัสกับ แบคทีเรียเหล่านี้ได้ง่าย ดังนั้นปริมาณน้ำท่วมจึงเป็นปัจจัยเสี่ยงที่สำคัญที่ส่งผลให้เกิดการระบาด ซึ่ง หากมีฝนตกแต่ไม่มากพอที่ทำให้เกิดน้ำท่วมขังก็จะส่งผลกระทบต่อการระบาดของโรคได้น้อยลง และจาก การศึกษาค่าอัตราการส่งผ่านโรควิกฤติที่ส่งผลให้มีการเปลี่ยนสถานะจากไม่มีการติดเชื้อเป็นติดเชื้อ โดยแปรค่าในช่วง 1×10^{-6} ถึง 1 ซึ่งพบค่า λ_c ประมาณ 1×10^{-5}

ซึ่งต่อมาผู้วิจัยได้ปรับแบบจำลองอย่างง่ายให้มีความสอดคล้องกับการระบาดจริงมากยิ่งขึ้น จึงศึกษาแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสที่ปรับในส่วนของความน่าจะเป็นในการเคลื่อนที่ในแต่ละวันของประชากรให้เท่ากับค่าอัตราการส่งผ่านโรคที่ขึ้นอยู่กับค่าดัชนีน้ำท่วม อีกทั้งพิจารณาใช้วิธีการเลือกค่าพารามิเตอร์จากการสุ่มด้วยวิธี Latin hypercube sampling และ ประเมินค่าความผิดพลาดจากการจำลองสถานการณ์จากการใช้วิธีหารากที่สองของค่าเฉลี่ยความ ผิดพลาดกำลังสอง ซึ่งพบว่าจำนวนผู้ที่ติดเชื้อจากผลจากการจำลองสถานการณ์สอดคล้องกับข้อมูล จำนวนผู้ป่วยจริงมากกว่าแบบจำลองอย่างง่าย และยังทำให้ทราบถึงสมการการเคลื่อนที่ของ ประชากรในแต่ละวันซึ่งขึ้นอยู่กับสมการอัตราการส่งผ่านโรค (λ)

ต่อมาศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคเลปโตสไปโรสิสโดยหาค่าระดับการติดเชื้อ พื้นฐาน (Basic reproductive number, R_0) เป็นการหาค่ารัศมีเชิงสเปกตรัม (Spectral radius) โดยใช้วิธีการ Next Generation Method ในงานวิจัยนี้มีการแบ่งการวิเคราะห์ค่าระดับการติดเชื้อ พื้นฐาน (R_0) ออกเป็น 3 แบบ คือ แบบที่ 1 อัตราการส่งผ่านโรค (Transition) แบบที่ 2 อัตราการ ส่งผ่านโรค และสิ่งแวดล้อม (Transition-Reservoir) และแบบที่ 3 สิ่งแวดล้อม (Reservoir) โดยมี

การวิเคราะห์เชิงตัวเลข (Numerical analysis) พบว่าพารามิเตอร์ทั้ง 3 พารามิเตอร์ คืออัตราการเพิ่มขึ้นของเชื้อเลปโตสไปร่าในสิ่งแวดล้อม (m) อัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนสู่คน (β_2) และอัตราการตายของเชื้อเลปโตสไปร่า (μ) เปลี่ยนแปลงก็จะส่งผลให้ค่าระดับการติดเชื้อ (Basic reproductive number, R_0) เปลี่ยนแปลงเช่นกัน

ข้อเสนอแนะ

ในงานวิจัยสร้างแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิสเบื้องต้น และมีการปรับปรุงการเคลื่อนที่ของประชากรในแบบจำลอง โดยพิจารณาความสัมพันธ์ระหว่างคนกับสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน เพื่อศึกษาพลวัตการระบาดของโรคจากการใช้ฟังก์ชันชิ้น ปริมาณน้ำฝน และค่าดัชนีน้ำท่วมเป็นค่าอัตราการส่งผ่านโรคระหว่างสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อนมาสู่คน ซึ่งในการจำลองสถานการณ์แต่ละค่าอัตราการส่งผ่านโรคต้องใช้เวลาในการจำลองสถานการณ์ (simulation) นานพอสมควร ดังนั้นแบบจำลองการระบาดที่สร้างขึ้น ยังคงต้องมีการพัฒนาโดยการพิจารณาถึงความสัมพันธ์ทั้งหมดของโรคเลปโตสไปโรสิสนั้นคือ คน สัตว์ และสิ่งแวดล้อมที่ปนเปื้อน อีกทั้งต้องพัฒนาให้สอดคล้องกับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เพื่อเป็นประโยชน์ต่อหน่วยงานที่เกี่ยวข้อง และนักระบาดวิทยา ที่สามารถนำไปใช้เพื่อหามาตรการในป้องกันและควบคุมการระบาดของโรคได้อย่างรวดเร็ว และทันท่วงที เพื่อประโยชน์นี้จึงต้องสร้างแบบจำลองให้มีความใกล้เคียงกับความเป็นจริงในการระบาดของโรคมามากที่สุด

บรรณานุกรม



1. Pappas G, Papadimitriou P, Siozopoulou V, Christou L, Akritidis N. The globalization of leptospirosis: worldwide incidence trends. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*. 2008;12(4):351-7.
2. Palaniappan RU, Ramanujam S, Chang YF. Leptospirosis: pathogenesis, immunity, and diagnosis. *Current opinion in infectious diseases*. 2007;20(3):284-92.
3. Massenet D, Yvon J-F, Couteaux C, Goarant C. An Unprecedented High Incidence of Leptospirosis in Futuna, South Pacific, 2004 - 2014, Evidenced by Retrospective Analysis of Surveillance Data. *PloS one*. 2015;10(11):e0142063-e.
4. Haake DA, Levett PN. Leptospirosis in humans. *Current topics in microbiology and immunology*. 2015;387:65-97.
5. Survey NSOSotLS. [Available from: <http://www.nso.go.th/sites/2014/Pages/Agri/2556/report-full.aspx>.
6. Vijayachari P, Sugunan A, Shriram A. Leptospirosis: An emerging global public health problem. *Journal of biosciences*. 2008;33:557-69.
7. Wiwanitkit V. A note from a survey of some knowledge aspects of leptospirosis among a sample of rural villagers in the highly endemic area, Thailand. *Rural Remote Health*. 2006;6(1):526.
8. Henry RA, Johnson RC. Distribution of the genus *Leptospira* in soil and water. *Appl Environ Microbiol*. 1978;35(3):492-9.
9. Rood EJJ, Goris MGA, Pijnacker R, Bakker MI, Hartskeerl RA. Environmental risk of leptospirosis infections in the Netherlands: Spatial modelling of environmental risk factors of leptospirosis in the Netherlands. *PLOS ONE*. 2017;12(10):e0186987.
10. Lau CL, Clements ACA, Skelly C, Dobson AJ, Smythe LD, Weinstein P. Leptospirosis in American Samoa – Estimating and Mapping Risk Using Environmental Data. *PLOS Neglected Tropical Diseases*. 2012;6(5):e1669.
11. Hacker KP, Sacramento GA, Cruz JS, de Oliveira D, Nery N, Jr., Lindow JC, et al. Influence of Rainfall on *Leptospira* Infection and Disease in a Tropical Urban Setting, Brazil. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(2):311-4.

12. Pawar S. Seasonality of leptospirosis and its association with rainfall and humidity in Ratnagiri, Maharashtra. *International Journal of Health & Allied Sciences*. 2018;7.
13. Ehelepola NDB, Ariyaratne K, Dissanayake WP. The correlation between local weather and leptospirosis incidence in Kandy district, Sri Lanka from 2006 to 2015. *Global health action*. 2019;12(1):1553283.
14. Triampo W, Baowan D, Tang IM, Nuttavut N, Wong-ekkabut J, Doungchawee G. A Simple Deterministic Model for the Spread of Leptospirosis in Thailand. 2006;2.
15. Holt J, Davis S, Leirs H. A model of Leptospirosis infection in an African rodent to determine risk to humans: seasonal fluctuations and the impact of rodent control. *Acta tropica*. 2006;99(2-3):218-25.
16. Pongsumpun TM, R. Kongnuy. Age structural transmission model for leptospirosis. *The 3rd International Symposium in Biomedical Engineering* 2008:411-6.
17. Keeling M, Rohani P, Pourbohloul B. Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals. *Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America*. 2008;47:864-5.
18. Sarkar P. A brief history of cellular automata. *ACM Comput Surv*. 2000;32(1):80–107.
19. Athithan S, Shukla V, Biradar S. Voting Rule Based Cellular Automata Epidemic Spread Model for Leptospirosis. *Indian Journal of Science and Technology*. 2015;8:337.
20. จิรถาวร จ. คู่มือวิชาการโรคเลปโตสไปโรสิส: กรุงเทพฯ : โรงพิมพ์ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย; 2558.
21. Adler B, de la Peña Moctezuma A. Leptospira and leptospirosis. *Vet Microbiol*. 2010;140(3-4):287-96.
22. Barbosa H, Barthelemy M, Ghoshal G, James C, Lenormand M, Louail T, et al. Human Mobility: Models and Applications. *Physics Reports*. 2017;734.
23. Checkin A, Metzler R, Klafter J, Gonchar V. Introduction to the Theory of Lévy Flights. 2008. p. 129-62.
24. Song C, Koren T, Wang P, Barabási A-L. Modelling the scaling properties of human mobility. *Nature Physics*. 2010;6(10):818-23.

25. Holland Jones J (2007) Notes on R_0 . Unpublished, Stanford University.
26. Diekmann O, Heesterbeek JA, Metz JA. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of mathematical biology*. 1990;28(4):365-82.
27. Heffernan JM, Smith RJ, Wahl LM. Perspectives on the basic reproductive ratio. *J R Soc Interface*. 2005;2(4):281-93.
28. J. Y. First report of Weil's disease in Thailand. *J Med Assoc Thai*. 1943;26(83-136).
29. Islam S. Mathematical Modeling towards the Dynamical Interaction of Leptospirosis. *Applied Mathematics & Information Sciences*. 2014;8:1049-56.
30. Chadsuthi S, Modchang C, Lenbury Y, Iamsirithaworn S, Triampo W. Modeling seasonal leptospirosis transmission and its association with rainfall and temperature in Thailand using time-series and ARIMAX analyses. *Asian Pacific journal of tropical medicine*. 2012;5(7):539-46.
31. Gonzalez MC, Hidalgo C, Barabasi A-L. Understanding Individual Human Mobility Patterns. *Nature*. 2008;453:779-82.
32. Botari T, Alves S, Leonel E. Explaining the high number of infected people by dengue in Rio de Janeiro in 2008 using a susceptible-infective-recovered model. *Physical review E, Statistical, nonlinear, and soft matter physics*. 2011;83:037101.
33. Bani-Yaghoub M, Gautam R, Shuai Z, van den Driessche P, Ivanek R. Reproduction numbers for infections with free-living pathogens growing in the environment. *Journal of biological dynamics*. 2012;6:923-40.
34. Bureau of Epidemiology D M. National Disease Surveillance (report 506) 2019 [Available from: <http://www.boe.moph.go.th/boedb/surdata/disease.php?ds=71>].
35. Goddard Earth Sciences Data and Information Services Center (2016) TRMM (TMPA-RT) Near Real-Time Precipitation L3 1 day 0.25 degree x 0.25 degree V7 G, MD, Goddard Earth Sciences Data and Information Services Center (GES DISC). [
36. ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศภูมิศาสตร์กรุงเทพมหานคร (BMA GIS Center). GIS Database. [cited 6 มิถุนายน 2561]. Available from: http://www.bangkokgis.com/modules.php?m=gis_foreveryone&gr=basic_gis&page=3
37. R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing V, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

38. Huffman G, Adler RF, Bolvin DT, Gu G, Nelkin EJ, Bowman KP, et al. The TRMM multi-satellite precipitation analysis: Quasi-global, multi-year, combined-sensor precipitation estimates at fine scale. *J Hydrometeor.* 2007;8:28-55.
39. Huffman GJ BDR-tTm-spadsdNTD.
40. E. F. Vermote JCR, and J. P. Ray. MODIS Surface Reflectance User's Guide: May, 2015; 2015 [Available from: <https://lpdaac.usgs.gov/products/mod09a1v006/>].
41. Xu H. Modification of normalised difference water index (NDWI) to enhance open water features in remotely sensed imagery. *International Journal of Remote Sensing.* 2006;27(14):3025-33.
42. ศูนย์เทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสารกรมปศุสัตว์. ข้อมูลเกษตรกรผู้เลี้ยงสัตว์ระดับจังหวัด ปี 2560. [cited 29 กันยายน 2560]. Available from: <http://ict.dld.go.th/webnew/index.php/th/service-ict/report/289-report-thailand-livestock/reportservey2560/1164-2560-prov>.
43. สำนักงานสถิติแห่งชาติ. จำนวนครัวเรือนเกษตรกรที่ขึ้นทะเบียนเกษตรกร จำแนกรายจังหวัด พ.ศ. 2560. [cited 29 กันยายน 2560]. Available from: <http://statbbi.nso.go.th/staticreport/page/sector/th/11.aspx>.
44. สำนักงานสภาพัฒนาการเศรษฐกิจและสังคมแห่งชาติ. แผนพัฒนาภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ในช่วงแผนพัฒนาเศรษฐกิจและสังคมแห่งชาติ ฉบับที่ 12 (พ.ศ.2560-2564). [cited 29 กันยายน 2560]. Available from: http://www.nesdb.go.th/ewt_dl_link.php?nid=7526&filename=index.
45. Medeiros LCdC, Castilho CAR, Braga C, de Souza WV, Regis L, Monteiro AMV. Modeling the Dynamic Transmission of Dengue Fever: Investigating Disease Persistence. *PLOS Neglected Tropical Diseases.* 2011;5(1):e942.
46. Brockmann D, Hufnagel L, Geisel T. The Scaling Laws of Human Travel. *Nature.* 2006;439:462-5.
47. ศูนย์ข้อมูลน้ำและภูมิอากาศแห่งชาติ 2560. อุทกภัยจากอิทธิพลพายุ “Sengka” (SONCA) 24-31 กรกฎาคม 2560. [cited 6 มิถุนายน 2561]. Available from: <https://www.thaiwater.net/current/2017/SONCAjuly2017/sonca.html>.
48. Tanaka G, Aihara K. Effects of seasonal variation patterns on recurrent outbreaks in epidemic models. *Journal of Theoretical Biology.* 2013;317:87-95.

49. Hunter PR. Climate change and waterborne and vector-borne disease. *Journal of Applied Microbiology*. 2003;94(s1):37-46.
50. Goarant C. Leptospirosis: risk factors and management challenges in developing countries. *Research and reports in tropical medicine*. 2016;7:49-62.
51. Lahodny GE, Jr., Gautam R, Ivanek R. Estimating the probability of an extinction or major outbreak for an environmentally transmitted infectious disease. *Journal of biological dynamics*. 2015;9 Suppl 1:128-55.
52. Chadsuthi S, Chalvet-Monfray K, Wiratsudakul A, Modchang C. The effects of flooding and weather conditions on leptospirosis transmission in Thailand. *Scientific Reports*. 2021;11(1):1486.
53. Stein ML. Large sample properties of simulations using latin hypercube sampling. *Technometrics*. 1987;29:143-51.
54. Chai T, Draxler RR. Root mean square error (RMSE) or mean absolute error (MAE)?– Arguments against avoiding RMSE in the literature. *Geoscientific Model Development*. 2014;7:1247-50.
55. วิทยาเกียรติเลิศ ว. ฟังก์ชันเมทริกซ์กับการประยุกต์ในคณิตศาสตร์การเงิน. *วารสารคณิตศาสตร์ MJ-MATH*. 2017;62(692).
56. Minter A, Diggle PJ, Costa F, Childs J, Ko AI, Begon M. A model for leptospire dynamics and control in the Norway rat (*Rattus norvegicus*) the reservoir host in urban slum environments. *Epidemics*. 2018;25:26-34.

ภาคผนวก

Code: สำหรับการดึงข้อมูล (extraction) จากไฟล์ข้อมูล

```
setwd("C:/Rainfall")
rm (list=ls ())
library(rts)
library(raster)
library (RCurl)
library(rgdal)
library(shapefiles)
library(sp)
library(maptools)
Code = read.csv (file = "referrewcen.csv")
tha.adm2 <- read.shapefile("THA_adm2")
days = read.table(file = "days.csv", sep=";", header = T, colClasses = "character" )
Year = 2017
Rain = matrix (NA, nrow = 928 , ncol = 365)
for (d in 1:365) {
  Day = days$Day[d]
  for (num in 1:928) {
    ID = Code$ID_2[num]
    long = Code$Xcoord [ID]
    lat = Code$Ycoord [ID]
    cellnumber = 1440 * (ceiling (((60 - lat)/0.25))-1) + ceiling (((180 + long)/0.25))
    myraster = raster (paste ("tiff/", Year, "/3B42RT.", Year, Day, "06.7.1day.tif", sep=""))
    RainValue <- extract (myraster, cellnumber)
    Rain [num, d] = RainValue
  }
}
filename = paste ("Extract/", Year, "/3B42RT.Rainfall", Year, ".csv", sep="")
write.csv (Rain, filename)
```

Code: จำลองสถานการณ์สำหรับศึกษาแบบจำลองการระบาดของโรคเลปโตสไปโรสิส

```

rm(list=ls())
MND = read.csv(file = "MNDWI2013to2018.csv" )
M = read.csv(file = "lsh_n0_n1_MNDWI_part13.csv" )
# State human
St.S = 1
min.St.E = 2; max.St.E = 8    #2+7-1
min.St.I = 9; max.St.I = 15  #9+7-1
min.St.R = 16; max.St.R = 735 #16+360-1
# initial state
Lsize = 1000
Nh = 350000
PEn = 0.6
Int.lh = 0
maxiter = 50
tmax = 1826
r0 = 15
Keppa = 800
TL = 0
lh = c(M)
for (a in 1:25) {
  n0 = lh$n0[a]
  n1 = lh$n1[a]
  print(paste("n0 ", n0))
  print(paste("n1 ", n1))
  #set parameters
  # set Prob movement
  beta = 1.75
  r = c(1 : Lsize)
  Pr = (((r+r0)^(-beta))*exp(-r/Keppa))
  ProbR = Pr/sum(Pr)
}

```

```

PopSH = matrix(NA,nrow=tmax+1,ncol=maxiter)
PopEH = matrix(NA,nrow=tmax+1,ncol=maxiter)
PopIH = matrix(NA,nrow=tmax+1,ncol=maxiter)
PopIHNew = matrix(NA,nrow=tmax+1,ncol=maxiter)
PopRH = matrix(NA,nrow=tmax+1,ncol=maxiter)
#set Environment
CellL = matrix(0,nrow=Lsize,ncol = Lsize)
CellL[sample(Lsize^2,PEn*Lsize^2)] = 1
for (iter in 1:maxiter) {
  print(paste("iter ", iter))
  set.seed(as.numeric(Sys.time()))
  CellH = matrix(0,nrow=Lsize,ncol=Lsize)
  #set human
  x = sample(Lsize^2,Nh)
  CellH[x] = 1
  #CellH[x[1:nt.lh]] = 9 #
  PopSH[1,iter]=length(which(CellH==St.S)) #Sh
  PopEH[1,iter]=length(which(CellH>=min.St.E & CellH<=max.St.E)) #Eh
  PopIH[1,iter]=length(which(CellH>=min.St.I & CellH<=max.St.I)) #Ih
  PopIHNew[1,iter]=length(which(CellH == min.St.I ) )#Ih New
  PopRH[1,iter]=length(which(CellH>=min.St.R & CellH<=max.St.R)) #Rh
  # iterate
  for(t in 2:(tmax+1) ){
    lambda = n0*(1+n1*(MND$MNDWI[t-1+92-(TL*7)])
    Rho.mob = 0.5
    # human movement
    #find S E R will move

    Hmove1 = which(!(CellH>=9 & CellH<=15) & !(CellH==0)) # S E R will move
    Hmove2 = Hmove1[runif(length(Hmove1)) < Rho.mob]
    #find Original position (row and colum)

```

```

o.r = ((Hmove2-1) %% Lsize) + 1
o.c = floor((Hmove2-1) / Lsize) + 1
#find Distance to go
dist = sample(r, size = length(Hmove2), replace = TRUE, prob = ProbR)
#find angle to go
theta = sample(seq(0,2*pi,0.01), size = length(Hmove2), replace = TRUE)
n.r1 = round(dist*sin(theta) + o.r) # axis=y
n.c1 = round(dist*cos(theta) + o.c) # axis=x
# boundary
n.r1[which(n.r1<=0)] = n.r1[which(n.r1<=0)]+Lsize #Left
n.r1[which(n.r1>Lsize)] = n.r1[which(n.r1>Lsize)]-Lsize #Right
n.c1[which(n.c1<=0)] = n.c1[which(n.c1<=0)] + Lsize #Top
n.c1[which(n.c1>Lsize)] = n.c1[which(n.c1>Lsize)] - Lsize #Bottom
#find Position duplicated of Human
ind = (n.c1-1)*Lsize + n.r1
No.dup.post=!duplicated(ind)
empt = which(CellH[ind[No.dup.post==T]]==0)
m.cellH = CellH
#move to new position == 1 and original position == 0
m.cellH[Hmove2[No.dup.post==T][empt]] = CellH[ind[No.dup.post==T][empt]]
m.cellH[ind[No.dup.post==T][empt]] = CellH[Hmove2[No.dup.post==T][empt]]
# change status S--> E
u.cellH = m.cellH
HandL = CellL*(m.cellH)
Match.HandL = which(HandL == 1)
prob.SE = (runif(length(Match.HandL)) < lambda)*1 #find change S --> E ?
u.cellH[Match.HandL] = m.cellH[Match.HandL] + prob.SE #change (S)1 --> 2(E)
# update day of E | R
pos.up = which(m.cellH >= min.St.E & m.cellH < max.St.R)
u.cellH[pos.up] = m.cellH[pos.up] + 1
# update R--> S

```

```

pos.R = which(m.cellH == max.St.R)
u.cellH[pos.R] = 1
CellH = u.cellH
PopSH[t,iter]=length(which(CellH==St.S)) #Sh
PopEH[t,iter]=length(which(CellH>=min.St.E & CellH<=max.St.E)) #Eh
PopIH[t,iter]=length(which(CellH>=min.St.I & CellH<=max.St.I)) #Ih
PopIHNew[t,iter]=length(which(CellH == min.St.I)) #Ih New
PopRH[t,iter]=length(which(CellH>=min.St.R & CellH<=max.St.R)) #Rh
}
filename = paste("SH_En",PEn,"_n0_",n0,"_n1_",n1,"_TL_",TL,".csv",sep="")
write.csv(PopSH, filename)
filename = paste("EH_En",PEn,"_n0_",n0,"_n1_",n1,"_TL_",TL,".csv",sep="")
write.csv(PopEH, filename)
filename = paste("IH_En",PEn,"_n0_",n0,"_n1_",n1,"_TL_",TL,".csv",sep="")
write.csv(PopIH, filename)
filename = paste("H_New_En",PEn,"_n0_",n0,"_n1_",n1,"_TL_",TL,".csv",sep="")
write.csv(PopIHNew, filename)
filename = paste("RH_En",PEn,"_n0_",n0,"_n1_",n1,"_TL_",TL,".csv",sep="")
write.csv(PopRH, filename)
}
}

```