

รหัสโครงการ FF7-7176-65-12-102(22)



รายงานการวิจัย

การศึกษาโมเดลการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง
(A Study of The Epidemic Model of Cassava Mosaic Disease)

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจาก
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

รหัสโครงการ FF7-7176-65-12-102(22)



รายงานการวิจัย

การศึกษาโมเดลการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง (A Study of The Epidemic Model of Cassava Mosaic Disease)

คณะผู้วิจัย

หัวหน้าโครงการ

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชัย จิตตะมัย

สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ

สำนักวิชาวิศวกรรมศาสตร์

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ผู้ร่วมวิจัย

อาจารย์ ดร.นันทดน้อย จันลาวงค์

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปีงบประมาณ พ.ศ. 2565

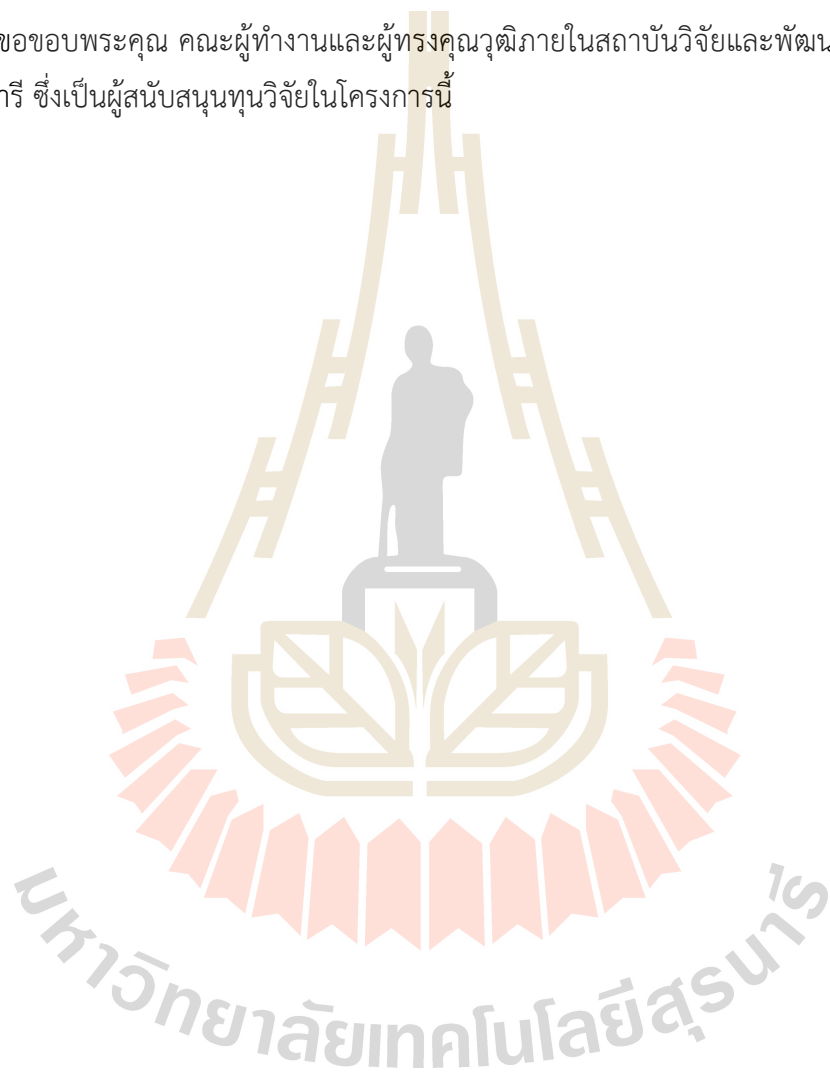
ผลงานวิจัยเป็นความรับผิดชอบของหัวหน้าโครงการวิจัยแต่เพียงผู้เดียว

มีนาคม 2566

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบพระคุณเกษตรกรผู้เพาะปลูกมันสำปะหลังในพื้นที่จังหวัดนครราชสีมา ที่ให้ความอนุเคราะห์ด้านข้อมูลที่ใช้ในการวิจัย ตลอดจนให้คำแนะนำที่มีประโยชน์อย่างมากในการดำเนินการวิจัยในโครงการนี้

ผู้วิจัยขอขอบพระคุณ คณะผู้ทำงานและผู้ทรงคุณวุฒิภายในสถาบันวิจัยและพัฒนา มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ซึ่งเป็นผู้สนับสนุนทุนวิจัยในโครงการนี้



บทคัดย่อ

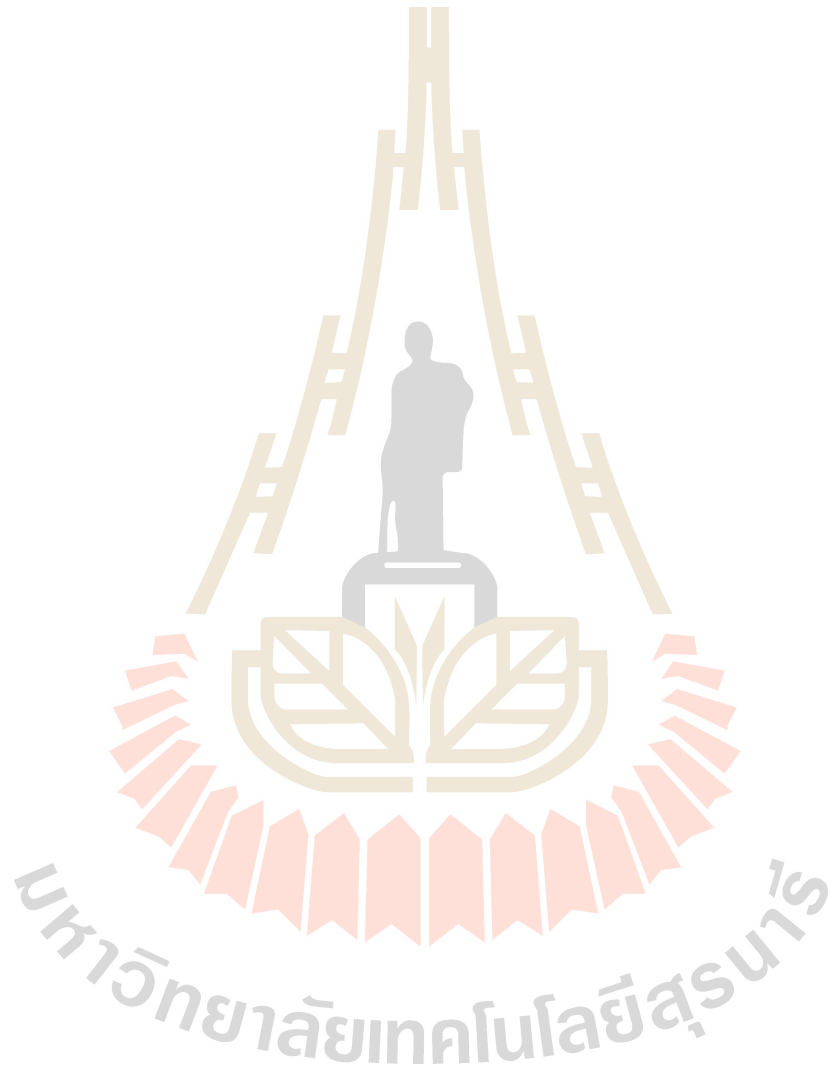
โรคใบด่างมันสำปะหลัง (Cassava Mosaic Disease หรือ CMD) เป็นโรคติดต่อของพืชมันสำปะหลัง ส่งผลให้ขนาดของหัวมันสำปะหลังและสัดส่วนแป้งลดลง ส่งผลให้ยอดของมันสำปะหลังลดลง โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับพยากรณ์สถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งโรคนี้มีสาเหตุการระบาด 2 กรณีคือ (1) ติดต่อกันจากแมลงหริ่งขาวที่มีเชื้อไวรัสอยู่ในตัว และ (2) เกิดจากการเพาะปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ ประชากรในแบบจำลองนี้ได้ถูกแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มคือ (1) ประชากรมันสำปะหลัง และ (2) ประชากรแมลงหริ่งขาว โดยแบ่งสถานะของประชากรมันสำปะหลังออกเป็น 3 สถานะ คือ (1) สถานะเสี่ยงติดเชื้อ (2) สถานะแฝงเชื้อ และ (3) สถานะติดเชื้อ ขณะที่ประชากรแมลงหริ่งขาวถูกแบ่งออกเป็น 2 สถานะคือ (1) สถานะเสี่ยงติดเชื้อ และ (2) สถานะติดเชื้อ แบบจำลองทางคณิตศาสตร์นี้จะถูกนำมาใช้ในการศึกษาปัจจัยที่ส่งผลต่อความรุนแรงในการระบาด และกำหนดนโยบายที่เหมาะสมในการควบคุมการระบาดที่ก่อให้เกิดประสิทธิผลทางเศรษฐศาสตร์สูงสุด

การตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลองจะใช้ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (R_0) เป็นเกณฑ์ในการตรวจสอบ ซึ่งเป็นค่าที่ใช้วิเคราะห์ความรุนแรงของการระบาด พบว่าเกิดเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดเสถียรภาพปลอดโรค (Locally-asymptotically-stable disease-free equilibrium point) เมื่อ $R_0 < 1$ โดยใช้เกณฑ์ของเรย์-เฮอรัลด์ และเกิดเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดที่มีการแพร่ระบาด (Locally-asymptotically-stable endemic equilibrium point) เมื่อ $R_0 > 1$ โดยการใช้กฎของเดการ์ต (Descartes's rule)

การวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลต่อความรุนแรงในการแพร่ระบาดจะใช้การวิเคราะห์ความไว (Sensitivity Analysis) เพื่อตรวจสอบว่ามีพารามิเตอร์ใดที่ส่งผลต่อค่า R_0 มากที่สุด พบว่าการลดจำนวนแมลงหริ่งขาวที่ติดเชื้อในพื้นที่เพาะปลูกเป็นวิธีการที่ดีที่สุดในการควบคุมการแพร่ระบาด ซึ่งสามารถทำได้ 2 วิธีคือ การกำจัดแมลงหริ่งขาวและการถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อออกจากพื้นที่เพาะปลูก แบบจำลองของโครงการวิจัยนี้จะถูกใช้ในการคำนวณความคุ้มค่าด้านต้นทุนในการควบคุมการแพร่ระบาด

นโยบายที่มีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุดจะถูกคำนวณโดยใช้ทฤษฎีระบบควบคุมแบบเหมาะสมที่สุด (Optimal control) และการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยอัตราส่วนต้นทุนประสิทธิผล (The average cost-effectiveness ratio หรือ ACER) โดยมีนโยบายทางเลือกทั้ง 3 คือ (1) การฉีดยาฆ่าแมลง (2) การถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ และ (3) การฉีดยาและการถอนทำลาย ผลจากการคำนวณพบว่าการใช้นโยบายทั้ง 3 คือการฉีดยาฆ่าแมลงร่วมกับการถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ เป็นนโยบายที่มีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด โดยให้ผลลัพธ์ ACER เท่ากับ 1.551 ซึ่งมีค่าน้อยที่สุด

โครงการวิจัยนี้ได้นำเสนอระบบการควบคุมโรคระบาดใบต่างมันสำปะหลังที่สามารถกำหนดนโยบายควบคุมโรคที่มีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุดให้แก่เกษตรกร ผู้ที่มีส่วนได้ส่วนเสียในห่วงโซ่อุปทานมันสำปะหลังสามารถประยุกต์ใช้แบบจำลองนี้ในการกำหนดทางเลือกการควบคุมโรคอื่น ๆ ได้ต่อไปในอนาคต



Abstract

Cassava Mosaic Disease (CMD) is a cassava disease that reduces tuber size and starch percentage, leading to sales decrease of cassava production. This research project aims to develop the mathematical model that uses to forecast an outbreak situation of CMD. This disease is caused by both whitefly transmission and plantings of infected cuttings. The population in this model are divided into 2 groups: (1) Cassava population and (2) Whitefly population. There are 3 cassava states: (1) susceptible, (2) exposed, and (3) infected and 2 whitefly states: (1) susceptible and (2) infected. This model is used to study the outbreak factors and determine the optimal policy to control the outbreak that maximizes economic effectiveness.

Validation of the model used the basic reproduction number (R_0) as a criterion for inspection, which is used to analyze the severity of the outbreak. The locally-asymptotically-stable disease-free equilibrium point is established when $R_0 < 1$, using the Routh-Hurwitz criteria. The locally-asymptotically-stable endemic point is established when $R_0 > 1$, using the Descartes's rule.

The most economically cost-effective policy is determined by using the optimal control theory and the average cost-effectiveness ratio analysis (ACER). There are three alternative policies: (1) spraying pesticide, (2) rouging infected cassava plants, and (3) spraying and rouging. Results suggest that the third policy: using spraying pesticide and rouging infected plants is the most cost-effective policy with ACER is 1.551, which is the minimum value.

This research project presented the CMD outbreak control system that can determine the most cost-effective disease control policy for farmers. Stakeholders in the cassava supply chain can apply this model to determine other disease control options in the future.

สารบัญ

	หน้า
กิตติกรรมประกาศ	ก
บทคัดย่อภาษาไทย	ข
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	ค
สารบัญ	ง
สารบัญตาราง	ฉ
สารบัญภาพ	ช
บทที่ 1 บทนำ	
การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง	1
นโยบายที่ใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาด.....	3
กระบวนการเพาะปลูกมันสำปะหลัง	3
กรอบแนวคิดงานวิจัย	4
การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์	5
วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย	8
ขั้นตอนการดำเนินงาน	8
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	8
บทที่ 2 ทบทวนวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	
งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโรคระบาดในมนุษย์	9
งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโรคระบาดในพืช	9
แบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง	10
การเปรียบเทียบแบบจำลองของแต่ละงานวิจัย	12
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย	
การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์	13
การตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลอง	14
การกำหนดนโยบายที่เหมาะสม โดยใช้การวิเคราะห์ความไว	21
บทที่ 4 ผลการดำเนินงาน	
การกำหนดนโยบายที่เหมาะสมที่สุดด้วยระบบควบคุม.....	23
การวิเคราะห์ความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์.....	27

บทที่ 5 สรุปผลการวิจัย อภิปรายผล และข้อเสนอแนะ	
การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์	29
การกำหนดนโยบายที่เหมาะสม	29
การนำเสนอแนะแนวทางการป้องกันแก่เกษตรกร.....	30
ข้อเสนอแนะ.....	31
บรรณานุกรม	32
ประวัติผู้วิจัย	34



สารบัญตาราง

	หน้า
บทที่ 1 บทนำ	
ตารางที่ 1 พารามิเตอร์และตัวแปรที่เกี่ยวข้องกับแบบจำลอง (ทั้งหมดมีหน่วยเป็นต่อ 1 วัน)	7
บทที่ 2 ทบทวนวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	
ตารางที่ 2 แสดงการเปรียบเทียบแบบจำลองของแต่ละงานวิจัย.....	12
บทที่ 3 วิธีการดำเนินการวิจัย	
ตารางที่ 3 ผลการวิเคราะห์ ค่าของพารามิเตอร์และขอบเขตของค่าพารามิเตอร์.....	22
บทที่ 4 ผลการดำเนินงาน	
ตารางที่ 4 ผลการวิเคราะห์ ACER ของแต่ละนโยบาย.....	28



สารบัญภาพ

	หน้า
บทที่ 1 บทนำ	
รูปที่ 1 แสดงขั้นตอนการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง.....	2
รูปที่ 2 แสดง state diagram ของโรคใบด่างมันสำปะหลัง.....	7
บทที่ 2 ทบทวนวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	
รูปที่ 3 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลังจาก งานวิจัยของ Holt et al. (1997).....	10
รูปที่ 4 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลังจาก งานวิจัยของ Bokil et al. (2019).....	11
รูปที่ 5 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลังจาก งานวิจัยของ Kinene et al. (2015).....	12
บทที่ 4 ผลการดำเนินงาน	
รูปที่ 6 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 1.....	25
รูปที่ 7 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 2.....	26
รูปที่ 8 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 3.....	27

บทที่ 1

บทนำ

โรคใบด่างมันสำปะหลัง (Cassava Mosaic Disease หรือ CMD) เป็นโรคระบาดในมันสำปะหลังที่มีต้นกำเนิดมาจากทวีปแอฟริกา โดยมีพาหะสำคัญคือ แมลงหีขาว (*Bemisia tabaci*) คุณลักษณะที่สำคัญของพืชที่ติดเชื้อคือ จะมีขนาดของหัวมันสำปะหลังที่เล็กลง มีเปอร์เซ็นต์แป้งที่ลดลง เนื่องจากมันสำปะหลังเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญและเป็นวัตถุดิบตั้งต้นในการแปรรูปเป็นอาหาร ยา และสินค้าต่าง ๆ ซึ่งเป็นห่วงโซ่อุปทานที่มีขนาดใหญ่ ดังนั้น จึงส่งผลกระทบต่อระบบเศรษฐกิจของกลุ่มประเทศที่เพาะปลูกมันสำปะหลังเป็นอย่างมาก จากข้อมูลดังกล่าวย่อมส่งผลให้เกิดความสูญเสียรายได้ต่อเกษตรกรผู้เพาะปลูกมันสำปะหลัง จากการศึกษาของ Thresh et al. (1997) พบว่าในปี พ.ศ.2540 ทวีปแอฟริกาทั้งทวีปได้รับความสูญเสียประเมินเป็นมูลค่าได้ 1.2-2.3 พันล้านเหรียญสหรัฐ ยิ่งไปกว่านั้น ในปี พ.ศ.2552 พบว่ามีความสูญเสียที่เพิ่มสูงขึ้นจากการที่ไม่สามารถยับยั้งการแพร่ระบาดได้ โดยสรุปเป็นมูลค่าความเสียหายได้ 1.9-2.7 พันล้านเหรียญสหรัฐ (Patil et al. (2009)) ในปี พ.ศ.2559 ได้พบการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังเป็นครั้งแรกในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ที่ประเทศเวียดนามและกัมพูชา (Wang et al. (2016)) ต่อมาในปี พ.ศ.2562 ได้พบต้นมันสำปะหลังที่จำหวัดสระแก้วที่มีการแสดงอาการของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ในปัจจุบันได้มีการพบการแพร่ระบาดในหลายพื้นที่ของประเทศไทย ข้อมูลในปี พ.ศ.2563 จากกรมส่งเสริมการเกษตร ได้มีการรายงานสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในประเทศไทย โดยพบว่ามีทั้งหมดกว่า 25 จังหวัด ซึ่งมีพื้นที่เพาะปลูกรวมกันประมาณ 4,900,000 ไร่ ที่ตกอยู่ในสถานการณ์เสี่ยงต่อการแพร่ระบาด ได้แก่ กาญจนบุรี กาฬสินธุ์ ขอนแก่น ฉะเชิงเทรา ชลบุรี ชัยนาท ชัยภูมิ นครราชสีมา บุรีรัมย์ ปราจีนบุรี มหาสารคาม มุกดาหาร ร้อยเอ็ด ระยอง ลพบุรี ลำปาง ศรีสะเกษ สระแก้ว สระบุรี สุพรรณบุรี สุรินทร์ อำนาจเจริญ อุทัยธานี และอุบลราชธานี ส่งผลให้หน่วยงานที่เกี่ยวข้องได้เร่งติดตามสถานการณ์เพื่อจำกัดความรุนแรงการแพร่ระบาด

จังหวัดนครราชสีมา นับว่าเป็นจังหวัดที่มีพื้นที่เพาะปลูกมากเป็นอันดับต้นของประเทศ ตลอดจนเป็นจุดยุทธศาสตร์สำคัญของห่วงโซ่อุปทานมันสำปะหลัง การที่ไม่สามารถควบคุมการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในพื้นที่ได้ ย่อมส่งผลกระทบต่อระบบเศรษฐกิจโดยรวมของประเทศ ดังนั้น จึงเป็นที่มาและความสำคัญของวัตถุประสงค์ในการจัดทำโครงการวิจัยนี้ คือ เพื่อศึกษาโมเดลเชิงคณิตศาสตร์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง สำหรับใช้ในการศึกษาการแพร่ระบาด ทั้งการวิเคราะห์ปัจจัยที่ส่งผลต่อความรุนแรงในการแพร่ระบาด ตลอดจนการกำหนดปัจจัยในการควบคุมการแพร่ระบาด ซึ่งจะนำไปสู่การวิเคราะห์และกำหนดนโยบายที่เหมาะสมในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในพื้นที่เพาะปลูกของจังหวัดนครราชสีมาและคาดหวังว่าจะขยายผลไปสู่การกำหนดนโยบายการควบคุมโรคระบาดในระดับประเทศต่อไป

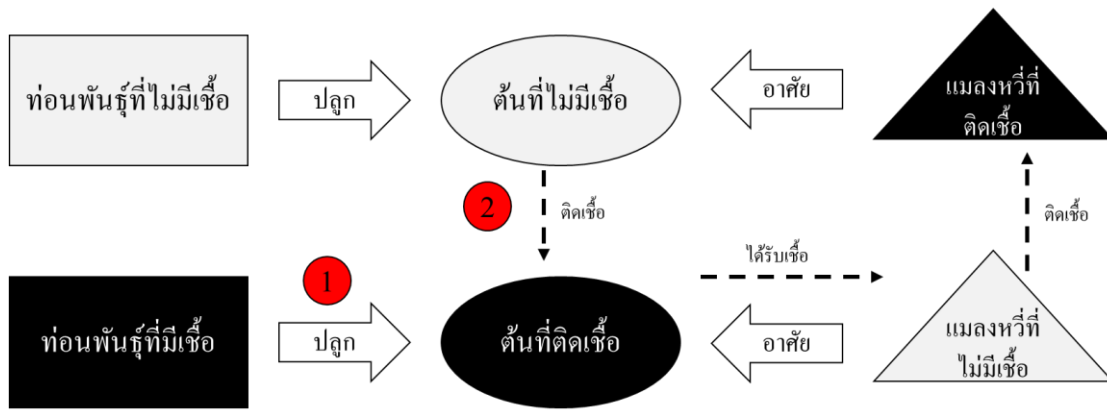
1. การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังจะเริ่มต้นจากการศึกษากระบวนการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง เพื่อระบุปัจจัยการแพร่ระบาด ประกอบกับการศึกษากระบวนการเพาะปลูกมันสำปะหลังโดยการประยุกต์ใช้หลักการของวิศวกรรมระบบ (Systems Engineering) ซึ่งผลการวิเคราะห์ทั้งหมดจะถูกนำมากำหนดเป็นพารามิเตอร์และตัวแปรของระบบการแพร่ระบาดที่จะเกิดขึ้นในพื้นที่เพาะปลูก และทำการวิเคราะห์เชิงคณิตศาสตร์ต่อไป

ขั้นแรกผู้วิจัยได้ทำการศึกษากระบวนการแพร่ระบาดจากการทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้องและทำการสัมภาษณ์ผู้เชี่ยวชาญด้านการระบาด พบว่าโรคใบด่างมันสำปะหลังเกิดจากเชื้อไวรัส Cassava Mosaic Virus โดยพบครั้งแรกในโลกเมื่อปี พ.ศ.2437 ที่ทวีปแอฟริกา ประเทศแทนซาเนีย ต่อมาได้พบการระบาดอีกครั้งที่ประเทศอูกันดา เมื่อปี พ.ศ.2463 ส่งผลเสียหายต่อระบบเศรษฐกิจของทวีปแอฟริกาที่พึ่งพาการส่งออกมันสำปะหลังเป็นอย่างมาก ทางรัฐบาลของแต่ละประเทศจึงได้มีการกำหนดนโยบายต่าง ๆ เพื่อจำกัดพื้นที่การแพร่ระบาด ความรุนแรงของการระบาดจึงได้ลดลง อย่างไรก็ตาม เมื่อปี พ.ศ.2533 โรคใบด่างมันสำปะหลังก็ได้กลับมาระบาดอีกครั้งที่ประเทศอูกันดาและประเทศเคนยา

การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังครั้งแรกในทวีปเอเชีย ถูกค้นพบที่ประเทศอินเดียและประเทศศรีลังกาจากการนำเข้าท่อนพันธุ์จากทวีปแอฟริกา ต่อมาในปี พ.ศ.2559 ก็ได้มีการค้นพบการระบาดในพื้นที่เอเชียตะวันออกเฉียงใต้เมื่อปี ที่ประเทศเวียดนามและกัมพูชา ซึ่งเป็นสายพันธุ์ Sri Lankan Cassava Mosaic Virus (SLCMV) (Wang et al. (2016)) และต่อมาอีก 3 ปีจึงได้พบต้นมันสำปะหลังที่แสดงอาการของโรคใบด่างมันสำปะหลังในประเทศไทยที่จังหวัดสระแก้วและบุรีรัมย์

จากข้อมูลทั้งหมดได้แสดงให้เห็นถึงรูปแบบการแพร่ระบาดที่จะเกิดจากการนำเข้าท่อนพันธุ์มาจากกลุ่มประเทศที่มีการระบาดอยู่แล้ว แต่การแพร่ระบาดนั้นไม่สามารถอาศัยแค่ต้นที่ติดเชื้อ จะเกิดจากพาหะแมลงหิวขาว (Whitefly) ที่โดยธรรมชาติจะแมลงหิวขาวจะใช้ต้นมันสำปะหลังเป็นพืชอาศัยในการขยายพันธุ์ เมื่อมีประชากรมากขึ้นก็จะขยายที่อยู่อาศัยไปยังต้นอื่น ๆ ส่งผลให้การแพร่ระบาดมีความรุนแรงมากยิ่งขึ้น ตัวเต็มวัยของแมลงหิวขาวจะมีขนาดความยาว 1 มิลลิเมตร มีปีกสีขาวและลำตัวสีเหลืองอ่อน มักจะพบใต้ใบมันสำปะหลัง วางไข่และฟักเป็นตัวอ่อนจนครบวงจรชีวิต หนึ่งรอบวงจรชีวิตของแมลงหิวขาวใช้เวลาประมาณ 30-40 วัน ซึ่งใน 1 ปีจะมี 10-12 รุ่น ขณะที่เพศเมีย 1 ตัว สามารถวางไข่ได้เฉลี่ย 200 ฟอง ตัวที่โตเต็มวัยจะเคลื่อนที่ด้วยการบิน โดยตัวที่แข็งแรงสามารถบินได้เป็นระยะทาง 2-7 กิโลเมตรต่อวันขึ้นอยู่กับแรงลม แมลงหิวขาวจะเพิ่มจำนวนได้มากเมื่อมีสภาพอากาศที่เหมาะสมคือ ร้อน ชื้น ฝนทิ้งช่วง และหากในพื้นที่เพาะปลูกมีพืชอาศัยชนิดอื่น ๆ นอกจากมันสำปะหลังก็จะยิ่งเพิ่มจำนวนมากขึ้น



รูปที่ 1 แสดงขั้นตอนการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

จากข้อมูลดังกล่าวสรุปได้ว่า เนื่องจากมันสำปะหลังซึ่งเป็นพืชที่ขยายพันธุ์โดยใช้ท่อนพันธุ์ (vegetatively propagated) ดังนั้น การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังจึงเกิดจากการเพาะปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ โดยจะเป็นแหล่งเชื้อเริ่มต้น (source of inoculum) ให้กับแมลงหวี่ขาว (whitefly) จากนั้น ความรุนแรงการระบาดก็จะขึ้นอยู่กับอัตราการขยายพันธุ์ และการเคลื่อนย้ายของแมลงหวี่ขาวในพื้นที่ โดยแสดงดังรูปที่ 1 ที่จะมีการระบาดได้ 2 วิธีคือ (1) จากท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ และ (2) จากแมลงหวี่ขาว ซึ่งทั้ง 2 ปัจจัยนี้จะถูกนำไปกำหนดพารามิเตอร์ในตัวแปรในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ต่อไป

2. นโยบายที่ใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาด

การควบคุมการแพร่ระบาดสามารถทำได้ 4 วิธี ได้แก่ (1) การถอนและทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อในพื้นที่เพาะปลูก (2) การกำจัดแมลงหวี่ขาวในพื้นที่เพาะปลูกซึ่งเป็นพาหะสำคัญที่ทำให้การแพร่ระบาดรุนแรง (3) การใช้ท่อนพันธุ์ต้านทานการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งขณะนี้ยังคงอยู่ในขั้นตอนการพัฒนา และ (4) การคัดเลือกท่อนพันธุ์ที่ไม่ติดเชื้อมาเพาะปลูก (Legg and Thresh (2000), Jittamai et al. (2020))

อย่างไรก็ตาม เนื่องจากการใช้นโยบายแต่ละอย่างล้วนมีการใช้ทรัพยากรในการดำเนินการ ตลอดจนบางวิธีอาจมีการต้องทำลายผลผลิต ซึ่งทั้งหมดล้วนส่งผลต่อกำไรที่เกษตรกรควรจะได้รับ ในปัจจุบัน ยังไม่มีเครื่องมือที่สามารถคำนวณและวิเคราะห์ความคุ้มค่าในการใช้นโยบายควบคุมการแพร่ระบาดโรคใบด่างมันสำปะหลัง ดังนั้น แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ในงานวิจัยนี้จึงถูกพัฒนาขึ้นมาเพื่อแก้ปัญหาดังกล่าว

3. กระบวนการเพาะปลูกมันสำปะหลัง

เพื่อให้การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์มีความใกล้เคียงกับระบบการเพาะปลูกจริงมากที่สุด เพื่อการนำไปประยุกต์ใช้ได้อย่างมีประสิทธิภาพ จึงต้องมีการศึกษากระบวนการเพาะปลูกและสร้างออกมา

เป็นระบบการเพาะปลูกมันสำปะหลัง นำไปสู่การกำหนดพารามิเตอร์ สถานะของประชากร การเปลี่ยนสถานะ ในขั้นตอนการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ต่อไป

จากการสัมภาษณ์เกษตรกรในพื้นที่จังหวัดนครราชสีมาและการทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง พบว่า กระบวนการเพาะปลูกมันสำปะหลังมีทั้งหมด 5 กิจกรรมหลักคือ

1. การเลือกพื้นที่เพาะปลูก โดยในกิจกรรมนี้การเลือกพื้นที่เพาะปลูกมี 2 กรณีคือ อาจเป็นพื้นที่ที่ เกษตรกรมีอยู่แล้วหรืออาจจะเป็นการเช่าหรือซื้อพื้นที่ใหม่ จะขึ้นอยู่กับเงื่อนไขที่แตกต่างกันของเกษตรกรแต่ละคน

2. การเตรียมท่อนพันธุ์สำหรับเพาะปลูก โดยมี 2 กรณีคือ (1) ชี้อ่อนพันธุ์จากภายนอกมาเพาะปลูก และ (2) นำท่อนพันธุ์จากผลผลิตรุ่นก่อนมาเพาะปลูก โดยจะพบว่ากิจกรรมนี้มีโอกาสที่เกษตรกรจะเป็นผู้ทำให้เกิดการระบาด เนื่องจากจะไม่สามารถทราบได้ว่าท่อนพันธุ์ที่นำมานั้น ติดเชื้อหรือไม่เนื่องจากไม่สามารถ สังเกตได้จากภายนอก

3. การเพาะปลูก ในกิจกรรมนี้จะขึ้นอยู่กับเทคนิคทางการเกษตร โดยทั่วไปเกษตรกรจะเพาะปลูกโดยการเว้นระยะห่างแต่ละต้นเป็นระยะทาง 1 เมตร ซึ่งเป็นอีกปัจจัยที่จะส่งผลต่อการเคลื่อนย้ายของพาหะแมลง หรือชาวจากต้นหนึ่งสู่ต้นหนึ่ง แต่โครงการวิจัยนี้จะไม่นำปัจจัยด้านระยะห่างมาใช้ในการพัฒนาแบบจำลอง เนื่องจาก เกษตรกรมีพื้นที่เพาะปลูกที่จำกัด ดังนั้น จึงมักจะจัดวางให้สามารถปลูกต้นมันสำปะหลังให้ได้มากที่สุดในพื้นที่ที่ตนมี

4. การใส่ปุ๋ยและการกำจัดวัชพืช ในกิจกรรมนี้จะเป็นเทคนิคทางการเกษตรเพื่อป้องกันไม่ให้ผลผลิต ถูกทำลาย ซึ่งโครงการวิจัยนี้จะตั้งสมมติฐานว่า แบบจำลองจะไม่มี การนำปัจจัยด้านการตายของต้นมันสำปะหลังเข้ามาพิจารณาในระบบ เนื่องจากต้องการศึกษาเพียงการระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

5. การเก็บเกี่ยว ในกิจกรรมนี้เกษตรกรจะเกี่ยวเกี่ยวผลผลิต โดยส่วนมากจะใช้เวลาในการเพาะปลูกถึงวันที่เก็บเกี่ยวเป็นเวลา 10 เดือนหรือประมาณ 300 วัน ดังนั้น ระยะเวลาในการศึกษาของแบบจำลองจะ กำหนดให้วันที่เก็บเกี่ยวคือวันที่ 300

จากข้อมูลดังกล่าว จะถูกนำมาพิจารณากับกระบวนการแพร่ระบาด เพื่อนำมาใช้ในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ให้ใกล้เคียงกับสถานการณ์จริงมากที่สุด ทั้งนี้ จะต้องมีการตรวจสอบแบบจำลอง ด้วยวิธีการทางคณิตศาสตร์ต่อไป

4. กรอบแนวคิดงานวิจัย

มันสำปะหลังเป็นพืชเศรษฐกิจที่สำคัญของประเทศไทย แต่สถานการณ์ปัจจุบันของการเพาะปลูกมันสำปะหลังในประเทศไทยมีความเสี่ยงต่อการประสบปัญหาเรื่องการระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง (Cassava Mosaic Disease; CMD) ซึ่งส่งผลกระทบต่อผลผลิตที่มาจากมันสำปะหลัง เนื่องจากโรคดังกล่าวจะส่งผลให้หัวมันสำปะหลังมีขนาดเล็กลง รวมทั้งสัดส่วนของแป้งก็จะลดลงเช่นกัน (รังษิ เจริญสภาพ

และอมรรักษ์ คัดใจเดียว, 2553; Banito et al., 2010) โดย Wang et al., 2016 ระบุว่ามีการแพร่เชื้อไวรัสโรคใบด่างมันสำปะหลังอย่างรุนแรงที่ประเทศเวียดนาม เมื่อช่วงเดือนสิงหาคม 2560 สร้างความเสียหายให้กับผู้ปลูกมันสำปะหลังเป็นจำนวนมาก แม้ว่าเชื้อไวรัสดังกล่าวจะยังไม่แพร่เชื้อกระจายมาสู่มันสำปะหลังของประเทศไทย แต่เป็นเรื่องที่ควรเฝ้าระวังเป็นอย่างมาก เนื่องจากจุดที่พบการระบาดของโรคนี้ในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ซึ่งอยู่ไม่ห่างจากชายแดนประเทศไทยมากนักจึงควรมีการเฝ้าระวังอย่างเข้มงวด โดยสาเหตุการระบาดขั้นต้นของโรคใบด่างมันสำปะหลังมาจากท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อที่นำเข้ามาปลูกในประเทศ หลังจากนั้นแมลงหิวข้าวซึ่งเป็นพาหะนำโรคจะเป็นปัจจัยที่ทำให้การแพร่ระบาดของโรคได้รวดเร็วขึ้น (Fauquet and Fargette, 1990)

การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังย่อมส่งผลกระทบต่อโครงสร้างทางเศรษฐกิจในประเทศ ประกอบกับการที่ประเทศไทยรวมทั้งทุกประเทศในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ยังไม่มีระบบในการเฝ้าระวังการเกิดโรคระบาดในมันสำปะหลังอย่างเป็นรูปธรรม ดังนั้น เพื่อเป็นการเตรียมพร้อมในการป้องกันและควบคุมการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โครงการวิจัยนี้จึงมุ่งเน้นศึกษาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสมันสำปะหลังในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และศึกษาเพื่อกำหนดแนวทางในการใช้ประโยชน์จากข้อมูลสารสนเทศมาประเมินความรุนแรง ตลอดจนพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคไวรัสมันสำปะหลัง ที่จะแพร่ระบาดเข้ามาในประเทศไทยในอนาคต โดยการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อใช้พยากรณ์ความรุนแรงการแพร่ระบาด นำไปสู่การใช้เป็นข้อมูลในการป้องกันหรือกำจัดโรคดังกล่าวอย่างมีประสิทธิภาพในอนาคต

การศึกษาถึงสาเหตุของการระบาด รวมทั้งการวิเคราะห์รูปแบบการระบาดของโรคในมันสำปะหลัง เพื่อนำมาใช้ในการประเมินหรือพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคไวรัสมันสำปะหลัง จะนำหลักการของระบาดวิทยาที่ศึกษาถึงการกระจายและสิ่งกำหนด ของความถี่ในการเกิดโรคในประชากรที่สนใจ (Last (2001)) มาบูรณาการร่วมกับหลักการของการวิจัยดำเนินงาน เพื่อพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับพยากรณ์การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

โครงการวิจัยนี้ประยุกต์ใช้หลักการตัวแบบ Vector-Host ซึ่งเป็นแบบจำลองซึ่งแสดงความรุนแรงการระบาดของโรคระบาดที่มีสาเหตุมาจากพาหะนำโรค (van den Driessche and Watmough (2001)) เป็นแนวทางในการพัฒนาแบบจำลองเพื่อพยากรณ์การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งแบบจำลองดังกล่าวเป็นรูปแบบหนึ่งของตัวแบบสโตแคสติก (Stochastic model) ทั้งนี้ รูปแบบของแบบจำลองเป็นการใช้สมการทางคณิตศาสตร์ในการวิเคราะห์ความเปลี่ยนแปลงของสถานะในโรคระบาด ซึ่งการเปลี่ยนสถานะนั้นขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็น (Probability) ตามข้อมูลที่บันทึก (Kermack and McKendrick (1927))

การพัฒนาแบบจำลองการแพร่ระบาดให้ใกล้เคียงกับการระบาดมากที่สุด จะต้องมีการกำหนดการเปลี่ยนสถานะ (state transition) ตามความรู้เกี่ยวกับธรรมชาติของการเกิดโรคให้มากที่สุด ดังนั้น จึงต้องมีการศึกษารายละเอียดของการระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังก่อน โดยมีรายละเอียดดังนี้

มันสำปะหลังเป็นพืชที่ขยายพันธุ์โดยใช้ท่อนพันธุ์ (vegetatively propagated) ดังนั้น การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง จึงเกิดขึ้นได้รวดเร็วและกว้างไกลมากหากไม่มีการตรวจสอบความปลอดภัย

โรคในท่อนพันธุ์ โดยท่อนพันธุ์ติดเชื้อจะทำหน้าที่เป็นแหล่งของเชื้อเริ่มต้น (source of inoculum) ให้กับแมลงหิวขาว (whitefly) จากนั้นอัตราการของการแพร่ระบาดก็จะขึ้นอยู่กับอัตราการขยายพันธุ์ และการเคลื่อนย้ายของแมลงหิวขาวในพื้นที่ ซึ่งจะสูงในช่วงอุณหภูมิ 27-32 °C และไม่มีฝน โดยทั่วไปแล้วการแพร่ระบาดโดยแมลงหิวขาวมีความสำคัญน้อยกว่าการที่เชื้อติดไปกับท่อนพันธุ์ เพราะแมลงเคลื่อนย้ายได้ไม่ไกล และหากในพื้นที่ไม่มีมันสำปะหลังที่เป็นโรค ก็จะไม่มีการระบาดแม้จะมีแมลงหิวขาวจำนวนมากก็ตาม

5. การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

แบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับใช้ในการศึกษาการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง จะมีพื้นฐานมาจาก Epidemic Model โดยอาจเรียกว่า SIR model ซึ่งเป็นแบบจำลองแบบ Stochastic การพัฒนาแบบจำลองจะแบ่งสถานะ (state) ตามกลุ่มประชากรที่ต้องการศึกษา หลังจากนั้นจะเป็นการกำหนดพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่เกี่ยวข้องกับการแพร่ระบาด โดยประชากรจะมีการเปลี่ยนสถานะหลังจากเวลาผ่านไป $t+1$ (t คือตัวแปรเวลา ในงานวิจัยนี้กำหนดให้หน่วยของ t เป็นวัน) ซึ่งจำนวนของประชากรที่เปลี่ยนไปจะขึ้นอยู่กับค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่ผู้ทดลองกำหนด ผลลัพธ์สุดท้ายที่แบบจำลองจะคำนวณออกมาคือ จำนวนของประชากรในสถานะต่าง ๆ เมื่อสิ้นสุดระยะเวลาการศึกษา

5.1 การกำหนดสถานะ (State)

จากข้อมูลดังกล่าวจะนำมาสู่การกำหนดสมมติฐานการแพร่ระบาดในแบบจำลองนี้ โดยเกิดจาก 2 ปัจจัยคือ การติดเชื้อโดยตรงจากแมลงหิวขาวสู่ต้นมันสำปะหลังและการติดเชื้อจากการปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ โดยสามารถกำหนดสถานะของประชากรมันสำปะหลังและประชากรแมลงหิวขาวได้ดังนี้

ต้นมันสำปะหลัง (Cassava)

ต้นมันสำปะหลังที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ (Susceptible Cassava; S_H) คือ สถานะที่ต้นมันสำปะหลังยังไม่ได้รับเชื้อ แต่มีความเสี่ยงที่จะได้รับเชื้อ

ต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการ (Exposed Cassava; E_H) คือ สถานะที่ต้นมันสำปะหลังได้รับเชื้อแล้ว แต่ยังไม่มีการแสดงอาการ (เกษตรกรยังไม่ทราบว่ามีการระบาดจึงไม่ได้ถอน/ทำลาย)

ต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อและแสดงอาการ (Infectious Cassava; I_H) คือ สถานะที่ต้นมันสำปะหลังที่มีอาการรุนแรง (เมื่อเกษตรกรพบจะสามารถถอน/ทำลายได้ทันที)

โดยกำหนดให้ประชากรมันสำปะหลัง (N_H) คือ $N_H = S_H + E_H + I_H$

แมลงหิวขาว (The Whitefly)

แมลงหิวขาวที่มีความเสี่ยง (Susceptible Whitefly; S_V) คือ สถานะที่แมลงหิวขาวยังไม่ได้รับเชื้อ แต่มีความเสี่ยงที่จะได้รับเชื้อ (หากไปรับมาจากต้นที่ติดเชื้อ)

แมลงหิวขาวที่แพร่เชื้อได้ (Infectious Whitefly; I_V) คือ สถานะที่แมลงหิวขาวได้รับเชื้อแล้ว และสามารถแพร่เชื้อไปยังต้นมันสำปะหลัง

โดยกำหนดให้ประชากรแมลงหิวขาว (N_V) คือ $N_V = S_V + I_V$

5.2 การกำหนดการเปลี่ยนสถานะ (State Transition)

โดยสถานะที่กำหนดในหัวข้อที่ผ่านมา จะมีการเปลี่ยนสถานะตามระยะเวลา t ใดๆ โดยระยะเวลาที่เกิดการเปลี่ยนสถานะที่กำหนดคือ 1 วัน โดยการเปลี่ยนสถานะจะเกิดจากการที่ประชากรในกลุ่มเสี่ยงได้รับเชื้อไวรัส ส่งผลให้เกิดการติดเชื้อและจะเปลี่ยนสถานะเมื่อเวลาผ่านไป ซึ่งมีความสัมพันธ์กันดังนี้

ต้นมันสำปะหลัง

ต้นมันสำปะหลังที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ (S_H) ไปยัง ต้นมันสำปะหลังที่มีเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ (E_H) คือ การที่ต้นมันสำปะหลังที่ปลูกโดยยังไม่ได้รับเชื้อ ได้รับเชื้อจากพาหะแมลงหริ่ขาวที่ติดเชื้อ ส่งผลให้ต้นมันสำปะหลังกลายเป็นต้นมันสำปะหลังที่มีเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ

ต้นมันสำปะหลังที่มีเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ (E_H) ไปยัง ต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อและแสดงอาการ (I_H) คือ การที่ต้นมันสำปะหลังที่มีเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ ซึ่งต่อมาได้แสดงอาการกลายเป็นต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อรุนแรง

ประชากรแมลงหริ่

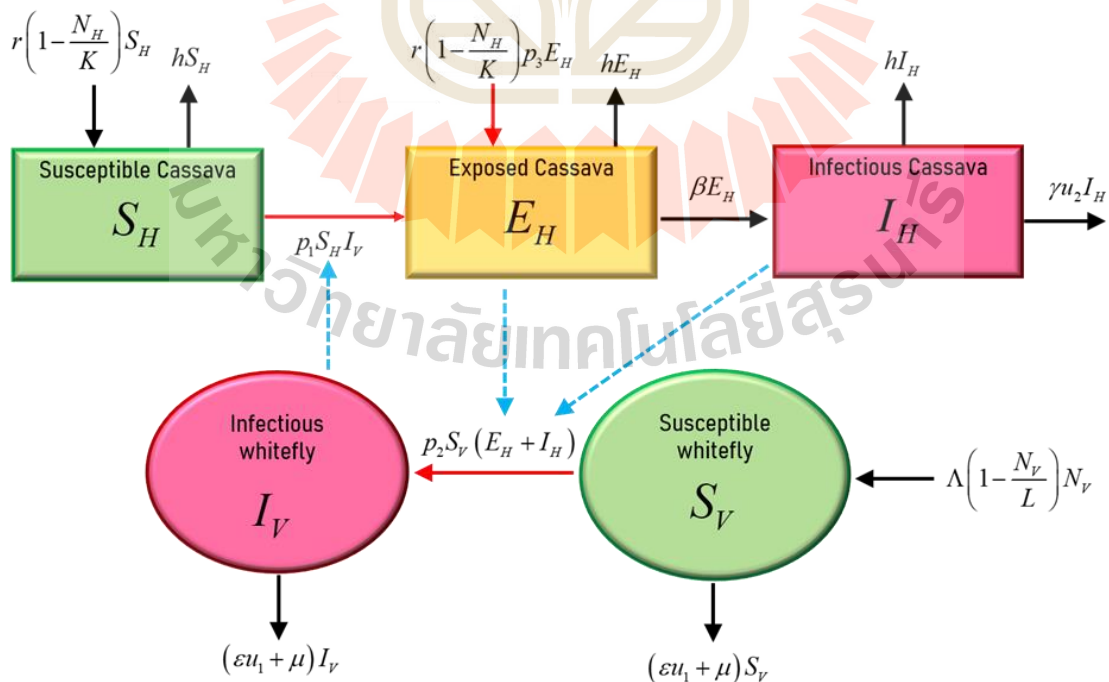
แมลงหริ่ขาวที่มีความเสี่ยง (S_V) ไปยัง แมลงหริ่ขาวที่แพร่เชื้อได้ (I_V) คือ การที่แมลงหริ่ขาวได้รับเชื้อไวรัสมาจากต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อรุนแรง จนกลายเป็นแมลงหริ่ขาวที่พร้อมแพร่เชื้อต่อไป

ทั้งนี้ การเปลี่ยนสถานะจะเกิดขึ้นจากพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่ถูกใส่เข้าไปในแบบจำลอง โดยพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องทั้งหมดได้แสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 พารามิเตอร์และตัวแปรที่เกี่ยวข้องกับแบบจำลอง (ทั้งหมดมีหน่วยเป็นต่อ 1 วัน)

สัญลักษณ์	คำอธิบาย
h	อัตราการเพาะปลูกของมันสำปะหลัง
β	อัตราการกลายเป็นต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการ
γ	อัตราการถอนทำลายต้นมันสำปะหลัง
r	อัตราการเพาะปลูกต้นมันสำปะหลัง
K	พื้นที่การเพาะปลูกสูงสุดของต้นมันสำปะหลัง
Λ	อัตราการเกิดของแมลงหวี่ขาว
μ	อัตราการตายตามธรรมชาติของแมลงหวี่ขาว
L	ปริมาณแมลงหวี่ขาวสูงสุดในพื้นที่เพาะปลูก
ε	ประสิทธิภาพของยากำจัดแมลงหวี่ขาว
p_1	อัตราการติดเชื้อของต้นมันสำปะหลังที่มาจากแมลงหวี่ขาว
p_2	อัตราการติดเชื้อของแมลงหวี่ขาวที่มาจากต้นมันสำปะหลัง
p_3	อัตราการติดเชื้อของต้นมันสำปะหลังที่มาจากการปลูกท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ
u_1	ตัวแปรการควบคุมโดยการพ่นยากำจัดแมลงหวี่ขาว
u_2	ตัวแปรการควบคุมโดยการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ

จากข้อมูลดังกล่าวสามารถแสดงแผนภาพการเปลี่ยนสถานะ (state diagram) ได้ดังรูปที่ 2



รูปที่ 2 แสดง state diagram ของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

6. วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์หลัก ดังนี้

1. เพื่อศึกษาโมเดลเชิงคณิตศาสตร์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง สำหรับใช้ในการพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งสามารถใช้ในการประเมินความเสี่ยงต่อการสูญเสียผลผลิตของเกษตรกร ยิ่งไปกว่านั้น ยังสามารถใช้ในการศึกษาปัจจัยการแพร่ระบาดและปัจจัยควบคุม
2. เพื่อใช้ในการกำหนดนโยบายให้เกษตรกรสามารถควบคุมการแพร่ระบาดได้อย่างมีประสิทธิภาพ และเพิ่มรายได้ให้เกษตรกรอย่างยั่งยืน

7. ขั้นตอนการดำเนินงาน

โครงการวิจัยทำการศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ซึ่งจะนำมาใช้ในการศึกษาปัจจัยการแพร่ระบาดและปัจจัยควบคุมของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยจำกัดพื้นที่ในการสำรวจ เพื่อแก้ปัญหาโรคใบด่างมันสำปะหลังที่เกิดขึ้นคือ พื้นที่จังหวัดนครราชสีมา ซึ่งเป็นจังหวัดที่มีพื้นที่เพาะปลูกขนาดใหญ่เป็นอันดับต้นๆ ของประเทศ และมีความรุนแรงในการระบาดในระดับที่สูง โดยวิธีการดำเนินการศึกษา ดังนี้

1. ศึกษากระบวนการแพร่ระบาดและปัจจัยการแพร่ระบาดและปัจจัยควบคุมการระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง เพื่อกำหนดพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องกับการควบคุมและการแพร่ระบาด
2. ทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการพัฒนาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง เพื่อพัฒนาแบบจำลองให้เหมาะสมกับบริบทของพื้นที่ทำการศึกษาให้มากที่สุด
3. วิเคราะห์ข้อมูลด้วยเทคนิคทางคณิตศาสตร์ เพื่อระบุปัจจัยที่ส่งผลต่อการแพร่ระบาดมากที่สุด นำไปสู่การกำหนดปัจจัยควบคุมที่เหมาะสม
4. ดำเนินการกำหนดนโยบายที่เหมาะสมหรือสร้างเสริมปัจจัยที่ใช้ในการแก้ปัญหาให้แก่เกษตรกร
5. นำเสนอแนวทางการป้องกันแก่เกษตรกร ในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

8. ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้รับองค์ความรู้ด้านการรับมือกับการแพร่ระบาดของโรคในพืชเศรษฐกิจ ซึ่งจะสามารถนำผลทางการศึกษาในโครงการวิจัยนี้ไปประยุกต์ใช้กับโรคระบาดที่อาจจะเกิดขึ้นในอนาคต
2. ผู้ที่มีความเกี่ยวข้องกับการกำหนดนโยบายด้านการเกษตร ได้รับแนวทางในการรับมือกับโรคระบาดที่ส่งผลกระทบต่อเชิงลบกับพืชเศรษฐกิจ
3. เกษตรกรได้รับเครื่องมือในการวิเคราะห์และกำหนดนโยบายที่เหมาะสมในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคในพืชที่ตนเพาะปลูก นำไปสู่การสร้างกำไรอย่างยั่งยืน

บทที่ 2

ทบทวนวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

โครงการวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้หลักการของวิชาระบาดวิทยา (Epidemiology) เพื่อศึกษากระบวนการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง เพื่อระบุปัจจัยเสี่ยงในการระบาดรวมทั้งระบุปัจจัยควบคุมการระบาด ซึ่งจะมีความเกี่ยวข้องกับการจัดการและประยุกต์ใช้ข้อมูลเชิงปริมาณในการพยากรณ์การแพร่ระบาด โดยพบว่าเป็นโรคที่เกิดจากพาหะ คือ แมลงหรีสีขาว (Whitefly) และเกิดจากการเพาะปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ

การสร้างกรอบแนวคิดของงานวิจัยที่ชัดเจน สามารถทำได้โดยการทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง โดยมุ่งเน้นไปที่งานวิจัยที่ศึกษาโรคระบาดที่มีลักษณะใกล้เคียงกับโรคใบด่างมันสำปะหลัง หลังจากนั้นจะทำการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Mathematical Model) ซึ่งสามารถใช้เป็นแนวทางในการป้องกันและควบคุมการแพร่ระบาดของโรค โดยมีงานวิจัยที่มีการประยุกต์ใช้หลักการดังกล่าวเพื่อศึกษาการระบาดทั้งในมนุษย์และพืช ดังนี้

1. งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโรคระบาดในมนุษย์

Duijzer et al. (2018) ศึกษาโรคระบาดที่มีรูปแบบการระบาดจากคนสู่คน โดยการศึกษามุ่งเน้นไปที่การคำนวณการใช้วัคซีนในปริมาณที่เหมาะสมเพื่อฉีดวัคซีนให้แก่ประชากรในชุมชน จากการคำนวณด้วยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ จนเกิดสถานะภูมิคุ้มกันหมู่ (Herd Immunity) ซึ่งจะสามารถควบคุมการระบาดได้ วิธีการดำเนินการคือ นำแบบจำลองสโตแคสติก (Stochastic model) ที่เรียกว่า SIR model มาประยุกต์ร่วมกับตัวแบบการหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด (Optimization model) นำไปสู่การพัฒนาตัวแบบทางคณิตศาสตร์เพื่อวิเคราะห์หาจำนวนวัคซีนที่เหมาะสม ซึ่งสามารถนำไปให้บริการประชาชนในพื้นที่ให้เกิดภูมิคุ้มกันหมู่และเป็นการใช้ต้นทุนการจ่ายวัคซีนอย่างคุ้มค่า ขณะที่ Shmueli and Burkom (2010) ได้ทำการพัฒนาระบบเฝ้าระวังการระบาดของโรคระบาดในคน โดยประยุกต์ใช้เครื่องมือทางสถิติ คือ แผนภูมิควบคุมทางสถิติ (Statistical Control Charts) โดยการแจ้งเตือนการระบาดจะเกิดเมื่อมีการบันทึกข้อมูลการระบาดและพบว่ามีจำนวนผู้ติดเชื้อเกินขอบเขตควบคุม ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จะนำไปสู่การศึกษาสาเหตุและสร้างมาตรการป้องกันต่อไป

2. งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโรคระบาดในพืช

โครงการวิจัยนี้ศึกษาการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งมีรูปแบบการระบาดจากพาหะนำโรค ดังนั้น การศึกษางานวิจัยที่เกี่ยวข้องจึงมุ่งเน้นไปที่งานวิจัยที่ศึกษาโรคระบาดที่เกิดจากพาหะนำโรค คือ Taylor et al. (2016) ซึ่งประยุกต์ใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ SIR จากโรคมะลาเรียที่มีพาหะในการติดเชื้อมาจากยุง มาประยุกต์ใช้กับการศึกษาเพื่อควบคุมการระบาดของโรคฮวงหลงบิง (Citrus Huanglongbing; HLB) หรือ ที่ประเทศไทยนิยม เรียกว่า โรคกรีนนิ่ง (Citrus greening) ซึ่งเป็นโรคที่สำคัญที่สุดของพืชตระกูลส้ม ที่สามารถสร้างความเสียหายต่อผลผลิตได้เป็นจำนวนมาก ซึ่งการประยุกต์ใช้ตัวแบบ SIR ทำให้ทราบถึง

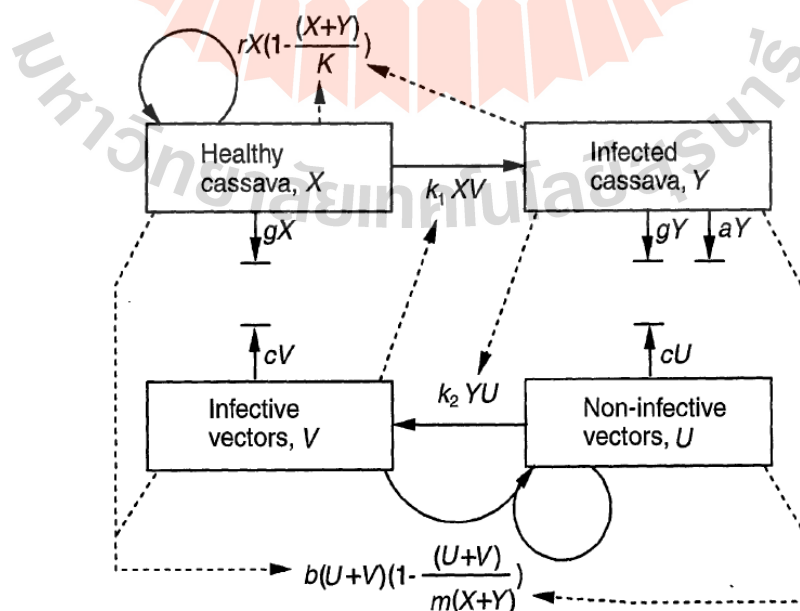
รูปแบบการระบาดและสามารถคาดการณ์จำนวนการติดเชื้อของผลผลิต ซึ่งจะนำไปสู่การวางกลยุทธ์เพื่อรับมือต่อการระบาดได้อย่างมีประสิทธิภาพต่อไป

การศึกษาการระบาดของโรคในมันสำปะหลัง เพื่อทำการควบคุมและจำกัดการแพร่ระบาดของโรคไวรัสมันสำปะหลัง เป็นประเด็นสำคัญอย่างยิ่งต่อสถานการณ์ด้านเศรษฐกิจของประเทศไทย เนื่องจากในปัจจุบันได้มีการตรวจพบการระบาดในประเทศเวียดนามและกัมพูชา ซึ่งเป็นที่คาดการณ์ว่าในอนาคตอาจมีการระบาดมายังประเทศไทย (Wang et al., 2016) ประกอบกับในปัจจุบันยังไม่มีเครื่องมือสำหรับการเฝ้าระวังการระบาดของโรคระบาดในมันสำปะหลัง จึงอาจสร้างความเสียหายต่อเศรษฐกิจในภูมิภาคได้หากเกิดการระบาดขึ้น ดังนั้น การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับการประเมินหรือพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคไวรัสมันสำปะหลังจึงมีความสำคัญอย่างยิ่ง

3. แบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

โดยงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาโรคใบด่างมันสำปะหลังหรือ Cassava Mosaic Disease มีดังนี้ Angela et al. (2018) ได้นำวิธีการทางสถิติมาใช้ในการหาสาเหตุของการเกิดโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยทำการศึกษาจากไร่มันสำปะหลังทั้งหมด 12 ไร่ในประเทศไนจีเรีย เพื่อวิเคราะห์และสรุปปัจจัยที่ส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคดังกล่าว ซึ่งพบว่าแมลงหีวขาวเป็นตัวแปรสำคัญตัวแปรหนึ่งที่ส่งผลต่อการระบาดของโรค โดยงานวิจัยนี้ได้นำเสนอแนวคิดในการใช้ประโยชน์จากข้อมูลการเพาะปลูก ซึ่งนำไปสู่แนวทางในการจัดการข้อมูลสารสนเทศให้เกิดประโยชน์สูงสุด

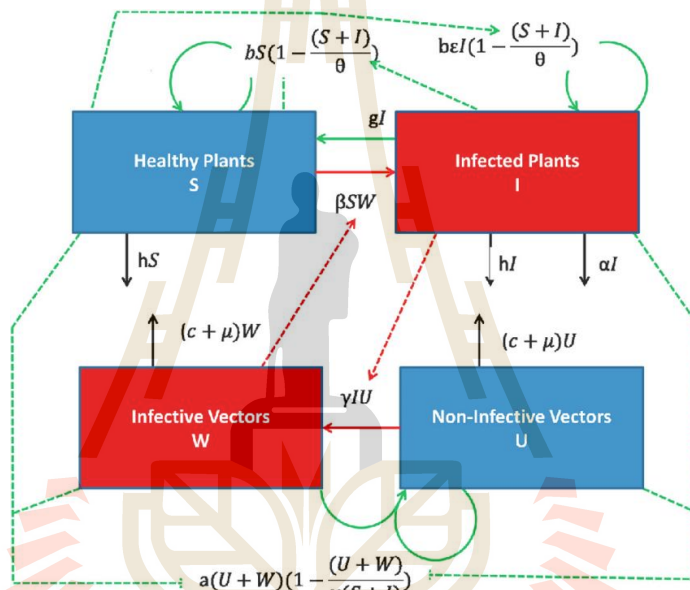
ขณะที่งานวิจัยที่ศึกษาการระบาดโดยการใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ คือ งานวิจัยของ Holt et al (1997) โดยประยุกต์ใช้ตัวแบบมาร์คอฟ เพื่อศึกษารูปแบบการระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลัง ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จากตัวแบบดังกล่าวสามารถพยากรณ์การระบาดและจำกัดความเสี่ยงของการเกิดโรคระบาดในมันสำปะหลังได้ โดยแสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของงานวิจัยดังกล่าวได้ดังนี้



รูปที่ 3 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลังหลังจากงานวิจัยของ Holt et al. (1997)

จากรูปที่ 3 จะพบว่าแบบจำลองของ Holt et al. มีการกำหนดสถานะของประชากรมันสำปะหลังและประชากรแมลงหิวข้าวเป็น (1) Healthy cassava (2) Infected cassava (3) Infective vectors และ (4) Non-infective vectors ขณะที่วิธีการแพร่ระบาดของแบบจำลองนี้มีเพียง 1 วิธี คือ การแพร่ระบาดจากพาหะ

Bokil et al. (2019) ได้พัฒนาแบบจำลองพยากรณ์การระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยมีการกำหนดสถานะของประชากรมันสำปะหลังและประชากรแมลงหิวข้าวเหมือนกับงานวิจัยของ Holt et al. แต่มีการเพิ่มเติมวิธีการระบาดเป็น 2 วิธี คือ การระบาดจากแมลงหิวข้าวและการติดเชื้อจากการเพาะปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ ดังรูปที่ 4

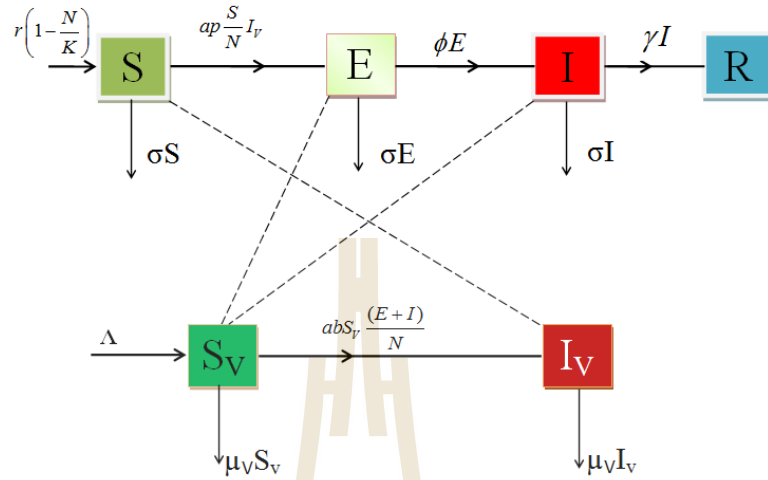


รูปที่ 4 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคไวรัสในมันสำปะหลังหลังจากงานวิจัยของ Bokil et al. (2019)

ในสถานการณ์จริงการติดเชื้อไวรัสของมันสำปะหลังจะมีระยะเวลาในการแฝงตัวของเชื้อไวรัส ก่อนที่จะมีการแสดงอาการอย่างชัดเจน ซึ่งหากต้นมันสำปะหลังอยู่ในสถานะนี้ ทางเกษตรกรจะไม่สามารถสังเกตเห็นและไม่สามารถถอนทำลายได้ ย่อมส่งผลต่อการแพร่ระบาดที่รุนแรงขึ้น ซึ่งจากงานวิจัยของ Holt et al. และ Bokil et al. ยังไม่ได้มีการเพิ่มสถานะนี้เข้าไปในแบบจำลอง

Kinene et al. (2015) ได้ทำการศึกษาการระบาดของโรคแผลขีดสีน้ำตาลของมันสำปะหลัง (Cassava Brown Streak Disease) โดยประยุกต์ตัวแบบมาร์คอฟ (Markov model) เพื่อใช้ในการหาประชากรต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ ซึ่งจะนำไปสู่การกำหนดนโยบายในการควบคุมการระบาดให้มีการใช้งบประมาณอย่างมีประสิทธิภาพสูงสุด โดยมีการแบ่งประชากรมันสำปะหลังและแมลงหิวข้าวออกเป็น 5 สถานะ ได้แก่ (1) Healthy cassava (2) Latent cassava (3) Infected cassava (4) Non-infected

whitefly (5) Infected whitefly ซึ่งการเพิ่มสถานะ Latent เข้ามาจะส่งผลให้แบบจำลองมีความใกล้เคียงกับความเป็นจริงมากยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตาม งานวิจัยนี้ยังพิจารณาวิธีการระบาดแค่ 1 วิธี คือ การติดเชื้อจากแมลงหิวขาว ดังรูปที่ 5



รูปที่ 5 แสดงแบบจำลองการแพร่ระบาดโรคไวรัสในมันสำปะหลังจากงานวิจัยของ Kinene et al. (2015)

4. การเปรียบเทียบแบบจำลองของแต่ละงานวิจัย

โครงการวิจัยนี้ได้ทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้องและพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ โดยเป็นการพัฒนามาจากงานวิจัยที่ได้สร้างแบบจำลองมาก่อน จาก ตารางที่ 2 จะพบว่าโครงการวิจัยนี้ได้เพิ่มเติมวิธีการระบาดเป็น 2 วิธีคือ (1) การติดเชื้อจากแมลงหิวขาว และ (2) การติดเชื้อจากการปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ นอกจากนี้ยังได้เพิ่มสถานะของต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการเข้าไปในระบบการระบาด เพื่อให้ความรุนแรงในการระบาดมีความใกล้เคียงกับสถานการณ์จริงมากที่สุด โดยหลังจากสร้างแบบจำลองแล้วจะทำการพิสูจน์ว่าแบบจำลองที่ถูกพัฒนาสามารถใช้เป็นตัวแทนของระบบได้ โดยการประยุกต์ใช้เทคนิคทางคณิตศาสตร์

ตารางที่ 2 แสดงการเปรียบเทียบแบบจำลองของแต่ละงานวิจัย

งานวิจัย	การติดเชื้อ		ตัวแปรสถานะ				
	แมลงหิวขาว	ท่อนพันธุ์	S_H	E_H	I_H	S_V	I_V
โครงการวิจัยนี้	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Holt et al. (1997)	✓		✓		✓	✓	✓
Kinene et al. (2015)	✓		✓	✓	✓	✓	✓
Bokil et al. (2019)	✓	✓	✓		✓	✓	✓

- หมายเหตุ
- S_H คือต้นมันสำปะหลังที่ไม่ติดเชื้อแต่มีความเสี่ยงที่จะติดเชื้อ (Healthy cassava)
 - E_H คือต้นมันสำปะหลังที่ได้รับเชื้อแต่ไม่แสดงอาการใด ๆ (Latent cassava)
 - I_H คือต้นมันสำปะหลังที่ได้รับเชื้อและแสดงอาการชัดเจน (Infected cassava)

- S_v คือแมลงหิวขาวที่ไม่ติดเชื้อแต่มีความเสี่ยงที่จะติดเชื้อ (Non-infected whitefly)
 I_v คือแมลงหิวขาวที่ติดเชื้อ (Infected whitefly)

แนวทางของงานวิจัยนี้ มุ่งเน้นไปที่การพัฒนาแบบจำลองการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง เพื่อหาแนวทางการใช้ประโยชน์จากข้อมูลสารสนเทศ นำไปสู่การพัฒนากระบวนการประเมินการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังที่จะแพร่ระบาดรุนแรงขึ้นในประเทศไทยในอนาคต ซึ่งจะสามารถวางมาตรการรับมือได้อย่างมีประสิทธิภาพต่อไป



บทที่ 3

วิธีการดำเนินการวิจัย

วิธีการดำเนินงานของโครงการวิจัยนี้จะทำการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อใช้ในการพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยรูปแบบของแบบจำลองจะเป็นการพัฒนาจากแบบจำลองของ Holt et al. Bokil et al. และ Kinene et al. ซึ่งแบบจำลองของโครงการวิจัยนี้ได้แบ่งประชากรออกเป็น 2 กลุ่ม คือ ประชากรของต้นมันสำปะหลังในพื้นที่เพาะปลูก และประชากรของแมลงหิวขาวในพื้นที่เพาะปลูก

ประชากรมันสำปะหลัง จะถูกแบ่งออกเป็น 3 สถานะคือ (1) Susceptible cassava (2) Exposed cassava และ (3) Infectious cassava ขณะที่ประชากรของแมลงหิวขาวจะถูกแบ่งออกเป็น 2 สถานะคือ (1) Susceptible whitefly และ (2) Infectious whitefly การติดต่อของเชื้อไวรัสในโครงการวิจัยนี้จะสามารถเกิดขึ้นได้ 2 กรณี คือ (1) การแพร่เชื้อจากแมลงหิวขาว (ซึ่งได้รับเชื้อมาจากต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อไวรัส) และ (2) การติดเชื้อโดยตรงจากการเพาะปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่มีเชื้อไวรัส

จากข้อมูลทั้งหมดจะถูกนำมากำหนดเป็นพารามิเตอร์และตัวแปรต่าง ๆ สำหรับใช้ในการคำนวณการเปลี่ยนแปลงสถานะของประชากรทั้ง 2 กลุ่ม หลังจากนั้นจะทำการตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลอง (Verify และ Validate) ด้วยเทคนิคทางคณิตศาสตร์ขั้นสูง 2 ขั้นตอนหลักคือ

1. การตรวจสอบขอบเขตของผลลัพธ์จำนวนประชากรซึ่งจะต้องมีค่าเป็นบวก โดยสมมติฐานของแบบจำลองคือ จะไม่อนุญาตให้จำนวนประชากรมีค่าเป็นลบ ซึ่งจะใช้ทฤษฎีของวิธีการเลียปูนอฟ (Lyapunov method) เป็นเครื่องมือในการตรวจสอบ

2. การหาเสถียรภาพกับเฉพาะที่ ณ จุดสมดุลที่ไม่มีการแพร่ระบาด (Local stability analysis of disease-free equilibria) และการหาเสถียรภาพกับเฉพาะที่ ณ จุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาด (Local stability analysis of endemic equilibria) โดยหลักการของการตรวจสอบแบบจำลองคือ หากแบบจำลองมีความถูกต้องผลลัพธ์ของจำนวนประชากรจะต้องมีจำนวนที่ทั้งติดเชื้อและไม่ติดเชื้อที่มีค่าเป็นบวกกรณี สถานการณ์มุ่งไปสู่สถานการณ์ระบาดของโรค ขณะเดียวกันจำนวนประชากรที่ไม่ติดเชื้อจะเป็นบวก ขณะที่ประชากรที่ติดเชื้อจะมีค่าเป็นศูนย์ หากไม่เกิดสถานการณ์แพร่ระบาดของเชื้อไวรัส ซึ่งโครงการวิจัยนี้จะใช้ค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic reproduction number หรือ R_0) เป็นเกณฑ์ในการทดสอบ ซึ่งค่า R_0 คือค่าที่สามารถพิจารณาได้ว่า เป็นจำนวนกรณีการติดเชื้อของผู้ป่วยรายใหม่ที่คาดหมายซึ่งติดมาจากผู้ป่วยรายเดียวโดยสมมติว่าคนในกลุ่มประชากรติดเชื้อได้ทุกคน หรืออาจตีความได้ว่าหากมีค่ามากกว่า 1 สถานการณ์การระบาดของโรคจะรุนแรงมากยิ่งขึ้น ขณะที่หากมีค่าน้อยกว่า 1 สถานการณ์การระบาดของโรคจะเบาบางลง

ขั้นตอนต่อมา หลังจากที่ได้รับแบบจำลองที่ผ่านการตรวจสอบมาแล้วจะทำการวิเคราะห์หว่าปัจจัยใดที่ส่งผลต่อความรุนแรงในการแพร่ระบาด เพื่อนำไปใช้ในการกำหนดนโยบายเพื่อควบคุมโรคที่เหมาะสม

ขั้นตอนสุดท้ายจะเป็นการนำเสนอแนะนโยบายที่เหมาะสมให้แก่เกษตรกร สำหรับใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยการประยุกต์ใช้ทฤษฎีระบบควบคุม (Optimal Control Theory) ซึ่ง

จะใช้หลักเกณฑ์ด้านความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ (Cost-effectiveness analysis) เป็นตัวชี้วัดว่านโยบายใดเหมาะสมต่อเกษตรกรมากที่สุด

1. การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

แบบจำลองของโครงการวิจัยนี้ได้แสดงเป็น State diagram ดังแสดงในรูปที่ 2 (บทที่ 1) ซึ่งจากแผนภาพดังกล่าวจะเกิดการเปลี่ยนสถานะต่าง ๆ ตามพารามิเตอร์ที่แสดงในตารางที่ 1 (บทที่ 1) ซึ่งจะสามารถนำมาแสดงในสมการเชิงอนุพันธ์สามัญ (Ordinary Differential Equations; ODEs) ได้ดังนี้

$$\frac{dS_H}{dt} = r \left(1 - \frac{N_H}{K}\right) S_H - p_1 S_H I_V - h S_H \quad (1)$$

$$\frac{dE_H}{dt} = r \left(1 - \frac{N_H}{K}\right) p_3 E_H + p_1 S_H I_V - (\beta + h) E_H \quad (2)$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \beta E_H - (\gamma u_2 + h) I_H \quad (3)$$

$$\frac{dS_V}{dt} = \Lambda \left(1 - \frac{N_V}{L}\right) N_V - p_2 S_V (E_H + I_H) - (\epsilon u_1 + \mu) S_V \quad (4)$$

$$\frac{dI_V}{dt} = p_2 S_V (E_H + I_H) - (\epsilon u_1 + \mu) I_V \quad (5)$$

แบบจำลองนี้ได้กำหนดให้สถานะเริ่มแรก (Initial Conditions) ของระบบคือ ประชากรทั้งหมดต้องมีค่ามากกว่าศูนย์ ดังสมการที่ (6)

$$S_H(0), E_H(0), I_H, S_V(0), I_V(0) > 0 \quad (6)$$

โดยการวิเคราะห์ด้วยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์นี้ จะเกิดขึ้นภายใต้สมมติฐานที่สำคัญ ดังนี้

1. พารามิเตอร์ทุกตัวมีค่าเป็นบวก
2. อัตราการเพิ่มขึ้นของต้นมันสำปะหลังจะต้องมีค่าเป็นบวก คือ $r - h > 0$
3. อัตราการเพิ่มขึ้นของแมลงหริ่งจะต้องมีค่าเป็นบวก คือ $\Lambda - \mu > 0$
4. อัตราการติดเชื้อจากแมลงหริ่งเข้าไปสู่ต้นมันสำปะหลังและจากต้นมันสำปะหลังไปสู่แมลงหริ่งจะต้องมีค่าเท่ากัน คือ $p_1 = p_2$
5. อัตราการเพิ่มขึ้นของแมลงหริ่งจะต้องมากกว่าอัตราการเพิ่มขึ้นของต้นมันสำปะหลัง คือ $(\Lambda - \mu) > (r - h)$

2. การตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลอง

แบบจำลองที่โครงการวิจัยนี้ต้องการสร้างขึ้น มีวัตถุประสงค์หลักคือ ต้องการศึกษাপัจจัยที่ส่งผลต่อการระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยคำตอบของแบบจำลองที่จะได้รับคือจำนวนของต้นมันสำปะหลังที่สามารถขายได้เมื่อถึงฤดูกาลเก็บเกี่ยวและจำนวนของต้นมันสำปะหลังที่ต้องถอนทำลายทิ้ง ซึ่งในการประยุกต์ใช้แบบจำลองจะทำได้โดยการใส่ปัจจัยควบคุมโรคเข้าไปในการจำลองสถานการณ์ เพื่อหาวิธีการควบคุมโรคที่มีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด นำไปสู่การกำหนดนโยบายการควบคุมโรคที่เหมาะสม แต่ในการวิเคราะห์เชิงคณิตศาสตร์จะต้องวิเคราะห์ความถูกต้องของประชากรทั้ง 2 กลุ่ม คือ กลุ่มมันสำปะหลังและกลุ่มแมลงหริ่งขาว ในขั้นตอนต่อไปจะเป็นการวิเคราะห์แบบจำลองด้วยวิธีการทางคณิตศาสตร์เพื่อเป็นการตรวจสอบความถูกต้องของแบบจำลอง โดยมีประเด็นที่จะให้ความสำคัญคือ ผลเฉลย (ในที่นี้คือจำนวนประชากรของมันสำปะหลังและแมลงหริ่งขาว) จะต้องมีค่าเป็นบวกและมีค่าจำกัดจำนวนหนึ่งและผลเฉลยของแบบจำลองจะมีค่าเสถียรเมื่อคำตอบของสมการมีค่าเข้าใกล้จุดสมดุลที่ไม่มีการระบาด (Disease-free equilibrium point) และเมื่อมีค่าเข้าใกล้จุดสมดุลที่มีการระบาด (Endemic equilibrium point)

ODEs ที่ใช้ในการตรวจสอบจะมีการปรับให้เป็นแบบจำลองที่ยังไม่มีการเพิ่มพารามิเตอร์และตัวแปรควบคุมโรค เพื่อให้แน่ใจว่าเสถียรภาพของแบบจำลองจะไม่เกิดจากปัจจัยที่ควบคุมโรค เพื่อเป็นการพิสูจน์ว่าแบบจำลองในงานวิจัยสามารถเป็นตัวแทนของระบบการระบาดจริง ๆ ได้ โดยกำหนดให้ u_1 และ u_2 มีค่าเท่ากับศูนย์ จะได้สมการ ODEs สำหรับตรวจสอบดังนี้

$$\frac{dS_H}{dt} = r \left(1 - \frac{N_H}{K} \right) S_H - p_1 S_H I_V - h S_H \quad (7)$$

$$\frac{dE_H}{dt} = r \left(1 - \frac{N_H}{K} \right) p_3 E_H + p_1 S_H I_V - (\beta + h) E_H \quad (8)$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \beta E_H - h I_H \quad (9)$$

$$\frac{dS_V}{dt} = \Lambda \left(1 - \frac{N_V}{L} \right) N_V - p_2 S_V (E_H + I_H) - \mu S_V \quad (10)$$

$$\frac{dI_V}{dt} = p_2 S_V (E_H + I_H) - \mu I_V \quad (11)$$

1. การตรวจสอบขอบเขตของสมการ (Positivity and boundedness of the solutions)

การตรวจสอบขอบเขตของสมการเพื่อยืนยันว่าประชากรทั้งหมดจะมีค่าเป็นบวก เมื่อเวลาผ่านไป t ใดๆ สามารถทำได้โดยใช้ทฤษฎีบทที่ 1

ทฤษฎีบทที่ 1 กำหนดให้ $S_H, E_H, I_H, S_V, I_V > 0$ เป็นผลเฉลยของสมการ (7) ถึง (11) เมื่อมีสถานะเริ่มแรก (Initial Conditions) ตามสมการ (6) และมีเซต

$$\Omega = \{(S_H, E_H, I_H, S_V, I_V) \in \mathbb{R}_+^5, W_1 \leq N_H \leq K, W_2 \leq N_V \leq L\}$$

สำหรับสมการที่ (7) ถึง (11) จะมีส่วน Ω ที่เป็นบวกครอบคลุมผลเฉลยทั้งหมดใน \mathbb{R}_+^5

พิสูจน์ การพิสูจน์จะใช้วิธีการเลียปูนอฟ (Lyapunov Method) โดยกำหนดให้ฟังก์ชันเลียปูนอฟแทนด้วย W

$$W = (W_1, W_2) = (S_H + E_H + I_H + S_V + I_V)$$

อนุพันธ์เวลา (Time derivative) ของฟังก์ชัน คือ

$$\frac{dW}{dt} = \left(\frac{dW_1}{dt}, \frac{dW_2}{dt} \right) = \left(\frac{dS_H}{dt} + \frac{dE_H}{dt} + \frac{dI_H}{dt} + \frac{dS_V}{dt} + \frac{dI_V}{dt} \right)$$

แทนสมการ (7) ถึง (11) ใน $\frac{dW}{dt}$ จะได้

$$\frac{dW}{dt} = \left(r \left(1 - \frac{N_H}{K} \right) (S_H + p_3 E_H) - h(S_H + E_H + I_H), \Lambda \left(1 - \frac{N_V}{L} \right) N_V - \mu(S_V + I_V) \right)$$

จากข้อเท็จจริงที่ว่า $N_H = \frac{(r-h)K}{r}$ และ $N_V = \frac{(\Lambda-\mu)L}{\Lambda}$ จะได้ว่า

$$\frac{dW_1}{dt} = h(S_H + p_3 E_H) - hW_1 \leq 0 \quad \text{สำหรับ } W_1 \geq N_H \quad (12)$$

$$\frac{dW_2}{dt} = \Lambda N_V - \mu W_2 \leq 0 \quad \text{สำหรับ } W_2 \geq N_V \quad (13)$$

จากสมการที่ (12) และ (13) เราจะได้ $\frac{dW}{dt} \leq 0$ เมื่อ $p_3 \in [0, 1]$ ซึ่งหมายความว่า Ω เป็นเซตคงที่ค่าบวก ดังนั้น สมการที่ (12) และ (13) สามารถแก้สมการโดยใช้ logistic growths ($N_H \leq K$ และ $N_V \leq L$) เพื่อให้ได้ขอบเขตบนของ W_1 และ W_2

$$0 \leq (W_1, W_2) \leq (N_H + W_1(0)e^{-ht}, N_V + W_2(0)e^{-\mu t}) \leq (K, L)$$

เมื่อ $W_1(0)$ และ $W_2(0)$ เป็นค่าสถานะเริ่มต้นของ W_1 และ W_2 ดังนั้น $t \geq 0$ จะได้ว่า

$$0 \leq (W_1, W_2) \leq (N_H, N_V) \leq (K, L)$$

ทำให้เราทราบว่าเซตคำตอบที่เป็นไปได้ (the feasible solution set) ของ (W_1, W_2) จะเข้าใกล้พื้นที่ Ω

ขั้นตอนต่อไปจะเป็นการคำนวณจุดสมดุลของระบบและค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐานของระบบ เพื่อนำค่าทั้งหมดไปวิเคราะห์เสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดที่ไม่มีเชื้อและ ณ จุดที่มีการติดเชื้อ เพื่อนำไปสู่การยืนยันความถูกต้องของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

2. จุดสมดุลและค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Equilibria and basic reproduction number)

จากสมการที่ (7) ถึง (11) จะมีจุดสมดุล 2 จุด คือ จุดสมดุลที่ไม่มีเชื้อแพร่ระบาด (Disease-free equilibrium; DFE) และจุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาด (Endemic equilibrium; EE)

สมการ (7) ถึง (11) สามารถคำนวณจุดสมดุลที่ไม่มีเชื้อแพร่ระบาด (DFE) ดังนี้

$$E_0 = (S_H^*, E_H^*, I_H^*, S_V^*, I_V^*) = \left(\frac{(r-h)K}{r}, 0, 0, \frac{(\Lambda-\mu)L}{\Lambda}, 0 \right)$$

และสามารถคำนวณจุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาด (EE) ดังนี้

$$E_1 = (\bar{S}_H, \bar{E}_H, \bar{I}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$$

เมื่อ

$$\bar{S}_H = \frac{Kh(r-h-p_1\bar{I}_V) - (\beta+h)r\bar{E}_H}{rh},$$

$$\bar{E}_H = \frac{p_1K\bar{I}_Vh(r-h-p_1\bar{I}_V)}{r((1-p_3)(h^2+hp_1\bar{I}_V) + \beta(h+p_1\bar{I}_V))},$$

$$\bar{I}_H = \frac{\beta}{h}\bar{E}_H,$$

$$\bar{S}_V = \frac{\mu h \bar{I}_V}{\bar{E}_H p_2 (\beta + h)},$$

$$\bar{I}_V = \frac{(\Lambda - \mu)(\beta + h)p_2 L \bar{E}_H}{\Lambda(\mu h + p_2 \bar{E}_H(\beta + h))}.$$

สำหรับการคำนวณค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (basic reproduction number) หรือค่า R_0 ในงานวิจัยนี้จะใช้เทคนิค The next-generation method จะได้ว่า

$$R_0 = \frac{p_3 h}{2(\beta + h)} + \sqrt{\left(\frac{p_3 h}{2(\beta + h)}\right)^2 + \frac{p_1 p_2 K L (r - h)(\Lambda - \mu)}{r \Lambda \mu h}}. \quad (14)$$

3. เสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดสมดุลที่ไม่มีการแพร่ระบาด (*Local stability of disease-free equilibria*)

การวิเคราะห์เสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดสมดุลที่ไม่มีการแพร่ระบาด (DFE) จะประยุกต์ใช้วิธีการ The Routh-Hurwitz criteria

ทฤษฎีบทที่ 2 ถ้า $R_0 < 1$ แล้ว E_0 มีเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่

พิสูจน์ E_0 เป็นจุดสมดุลที่มีเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ถ้าค่า eigenvalue (λ) ของ Jacobian matrix ทั้งหมดมีค่าเป็นลบ ดังนั้น Jacobian matrix ที่ E_0 มีดังนี้

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -(r-h) & -(r-h) & -(r-h) & 0 & -\frac{p_1 K (r-h)}{r} \\ 0 & p_3 h - (\beta + h) & 0 & 0 & \frac{p_1 K (r-h)}{r} \\ 0 & \beta & -h & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{p_2 L (\Lambda - \mu)}{\Lambda} & -\frac{p_2 L (\Lambda - \mu)}{\Lambda} & -(\Lambda - \mu) & 2\mu - \Lambda \\ 0 & \frac{p_2 L (\Lambda - \mu)}{\Lambda} & \frac{p_2 L (\Lambda - \mu)}{\Lambda} & 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

สมการลักษณะเฉพาะ (characteristic equation) คือ

$$(\lambda + (r - h))(\lambda + (\Lambda - \mu))(\lambda^3 + a_1 \lambda^2 + a_2 \lambda + a_3) = 0 \quad (15)$$

เมื่อ

$$a_1 = \beta + \mu + h(2 - p_3),$$

$$a_2 = \mu(\beta + 2h - p_3 h) + h(\beta + h - p_3 h) - \frac{p_1 p_2 K L (r - h)(\Lambda - \mu)}{r \Lambda},$$

$$a_3 = \mu h(\beta + h - p_3 h) - \frac{p_1 p_2 K L (r - h)(\Lambda - \mu)(\beta + h)}{r \Lambda}.$$

สามารถคำนวณ eigenvalues ด้วยสมมติฐานของโมเดลคือ $r > h$ และ $\Lambda > \mu$ โดย eigenvalues 2 ค่าแรกมีค่าเป็นลบคือ $-(r - h)$ และ $-(\Lambda - \mu)$

จากสมการที่ (15) สามารถจัดรูปให้ง่ายได้ดังนี้

$$\lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 = 0,$$

เมื่อ $0 \leq p_1 \leq 1$ เราจะได้ $a_1 = \beta + \mu + h(2 - p_3) > 0$

ถ้า $R_0 < 1$ จะสามารถจัดรูป R_0 ได้ดังนี้

$$R_0 < \frac{hp_3}{2(\beta + h)} + \sqrt{\left(\frac{2(\beta + h) - hp_3}{2(\beta + h)}\right)^2}$$

$$\frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)}{r\Lambda\mu h} < \frac{(\beta + h - p_3h)}{(\beta + h)}.$$

ดังนั้น

$$a_3 = \mu h(\beta + h - p_3h) - \frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)(\beta + h)}{r\Lambda} > 0.$$

ขั้นต่อไปจะพิจารณา

$$a_1a_2 - a_3 = (\beta + \mu + h(2 - p_3)) \left(\mu(\beta + 2h - p_3h) + h(\beta + h - p_3h) \right. \\ \left. - \frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)}{r\Lambda} \right) - \mu h(\beta + h - p_3h) \\ + \frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)(\beta + h)}{r\Lambda}.$$

(16)

สมการ (16) สามารถเขียนใหม่ได้ดังนี้

$$a_1a_2 - a_3 = (\beta + \mu + h(2 - p_3)) \left(\mu(\beta + 2h - p_3h) - \frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)}{r\Lambda} \right) \\ + h(\beta + h(2 - p_3))(\beta + h - p_3h) + \frac{p_1p_2KL(r - h)(\Lambda - \mu)(\beta + h)}{r\Lambda} \\ = G_1 + G_2 + a_3,$$

เมื่อ

$$G_1 = \frac{\beta + h}{\beta + \mu + h(2 - p_3)} \left(h(\beta + h(2 - p_3))(\beta + h - p_3h) + \frac{p_1 p_2 K L (r - h)(\Lambda - \mu)(\beta + h)}{r \Lambda} \right)$$

$$G_2 = \mu \beta (\beta + 2h - p_3 h).$$

ทำให้ทราบว่า $G_1 > 0$ $G_2 > 0$ และ $a_3 > 0$ เมื่อ $R_0 < 1$ $r > h$ $\Lambda > \mu$ และ $0 \leq p_1 \leq 1$

จากการพิสูจน์สามารถสรุปได้ว่า $a_1 a_2 - a_3 > 0$ จากการใช้ Routh-Hurwitz criteria สำหรับของสมการยกกำลังสาม ($a_1 > 0$ $a_3 > 0$ และ $a_1 a_2 - a_3 > 0$) พบว่า eigenvalues ทั้งหมดของจุดสมดุลที่ไม่มีการแพร่ระบาดมีค่าเป็นลบ ดังนั้น ถ้า $R_0 < 1$ จะส่งผลให้ E_0 เป็นจุดสมดุลที่ไม่มีการแพร่ระบาดมีความเสถียรกำกับเฉพาะจุด

4. เสถียรภาพกำกับเฉพาะที่ ณ จุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาด (*Local stability of endemic equilibria*)

หมายเหตุ 1 กำหนดให้ $E_1 = (\bar{S}_H, \bar{E}_H, \bar{I}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$ เป็นตามสมการ (7) ถึง (11) และ A , B , และ C เป็นตามสมการดังนี้

$$g(\bar{E}_H) = A\bar{E}_H^2 + B\bar{E}_H + C = 0, \quad (17)$$

เมื่อ

$$A = (p_2 G_3)^2 \Lambda \left((\Lambda - \mu) p_1 L \left(p_3 - \frac{G_3}{h} \right) + \Lambda (p_3 h - G_3) \right),$$

$$B = p_2 \Lambda \mu G_3 h \left(2(p_3 h - G_3) + L(\Lambda - \mu) \left(p_3 - \frac{G_3}{h} \right) \right) + \frac{p_1 p_2 G_3^2 K L (\Lambda - \mu)}{r} (p_2 \Lambda (r - h) - p_1 L (\Lambda - \mu)),$$

$$C = (\mu \Lambda h)^2 (p_3 h - G_3) + \frac{p_1 p_2 \Lambda \mu K L (\Lambda - \mu) (r - h) G_3 h}{r}, \quad (18)$$

เมื่อ $G_3 = \beta + h$

ถ้าตรงตามเงื่อนไขใดต่อไปนี้

$$A > 0, B < 0 \text{ และ } C < 0$$

$$A > 0, B > 0 \text{ และ } C < 0$$

$$A < 0, B > 0 \text{ และ } C > 0$$

$$A < 0, B < 0 \text{ และ } C > 0$$

จะส่งผลให้ $E_1 = (\overline{S}_H, \overline{E}_H, \overline{I}_H, \overline{S}_V, \overline{I}_V)$ มีจุดสมดุลที่มีค่าเป็นบวกเพียงค่าเดียวเป็นตามสมการ (7) ถึง (11)

ทฤษฎีที่ 3 ถ้า $R_0 > 1$ แล้ว E_1 มีเสถียรภาพกำกับเฉพาะที่

พิสูจน์ ในการพิสูจน์จะใช้กฎของ Descartes สำหรับพหุนามสมการที่ (18) ซึ่งจะกำหนดให้ $G(\overline{E}_H) = 0$

จากสมมติฐานของแบบจำลอง $p_1 = p_2, r > h, \Lambda > \mu$ และ $(\Lambda - \mu) > (r - h)$ สำหรับ $t \geq 0$ และข้อเท็จจริงที่ว่า $L > \Lambda$ และ $0 \leq p_3 \leq 1$ สมการที่ (18) จะสามารถจัดรูปใหม่ได้เป็น

$$A = (p_2 G_3)^2 \Lambda \left((\Lambda - \mu) p_1 L \left(p_3 - \frac{G_3}{h} \right) + \Lambda (p_3 h - G_3) \right) < 0,$$

และ

$$B = p_2 \Lambda \mu G_3 h \left(2(p_3 h - G_3) + L(\Lambda - \mu) \left(p_3 - \frac{G_3}{h} \right) \right) + \frac{p_1 p_2 G_3^2 K L (\Lambda - \mu)}{r} (p_2 \Lambda (r - h) - p_1 L (\Lambda - \mu)) < 0.$$

ระบบนี้จะมีค่า E_1 เป็นค่าเดียว เมื่อ $C > 0$ ถ้า $R_0 > 1$ โดยสมการที่ (14) จะได้

$$R_0 > \frac{p_3 h}{2(\beta + h)} + \sqrt{\left(\frac{2(\beta + h) - p_3 h}{2(\beta + h)} \right)^2} \\ \frac{p_1 p_2 K L (r - h) (\Lambda - \mu)}{r \Lambda \mu h} > \frac{\beta + h - p_3 h}{\beta + h}.$$

จะพบว่า

$$C = (\mu\Lambda h)^2(p_3h - G_3) + \frac{p_1p_2\Lambda\mu KL(\Lambda - \mu)(r - h)G_3h}{r} > 0.$$

เมื่อเงื่อนไขของหมายเหตุ 1 เป็นจริง ทำให้ทราบว่าถ้า $R_0 > 1$ จะส่งผลให้ E_1 เป็นจุดสมดุลที่มีการแพร่ระบาดมีความเสถียรกำกับเฉพาะจุด

จากการตรวจสอบแบบจำลองทั้งหมดจะสามารถยืนยันได้ว่า แบบจำลองสามารถใช้เป็นตัวแทนของระบบการแพร่ระบาดได้ ซึ่งในขั้นตอนต่อไปจะเป็นการนำแบบจำลองที่ได้รับการทดสอบแล้วมาใช้ในการวิเคราะห์ว่าปัจจัยใดที่ส่งผลต่อการแพร่ระบาด เพื่อจะนำผลลัพธ์ไปใช้ในการกำหนดนโยบายที่เหมาะสมในการควบคุมการแพร่ระบาดต่อไป

3. การกำหนดนโยบายที่เหมาะสม โดยใช้การวิเคราะห์ความไว

ในขั้นตอนนี้จะเป็นการวิเคราะห์เพื่อกำหนดปัจจัยในการแพร่ระบาดที่มีผลต่อการระบาดมากที่สุด เพื่อกำหนดแบบวิธีการควบคุมโรคที่เหมาะสม โดยจะใช้เทคนิคการวิเคราะห์ความไวของพารามิเตอร์ของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ทุกค่า ซึ่งเทคนิคที่ใช้วิเคราะห์คือ The normalized forward sensitivity index ดังสมการต่อไปนี้

$$\Gamma_{\text{parameter}}^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial(\text{parameter})} \times \frac{\text{parameter}}{R_0}, \quad (19)$$

ผลการวิเคราะห์ รวมทั้งค่าและขอบเขตของค่าในแต่ละพารามิเตอร์ได้แสดงในตารางที่ 3

ตารางที่ 3 ผลการวิเคราะห์ ค่าของพารามิเตอร์และขอบเขตของค่าพารามิเตอร์

(อ้างอิงค่าจากงานวิจัยของ Kinene et al. (2015) Bokil et al. (2019) Magoyo et al. (2019))

สัญลักษณ์	ค่า	ขอบเขต	Sensitivity Index
h	0.003	[0.002, 0.004]	-0.526
β	0.008	[0.008, 0.05]	-0.003
r	0.5	[0.025, 0.1]	+0.032
K	0.5	[0.1, 1.0]	+0.498
Λ	0.2	[0.1, 0.3]	+0.213
μ	0.06	[0.06, 0.018]	-0.711

สัญลักษณ์	ค่า	ขอบเขต	Sensitivity Index
L	200	[1, 2500]	+0.498
p_1	0.005	[0, 1.0]	+0.498
p_2	0.005	[0, 1.0]	+0.498
p_3	0.1	[0, 1.0]	+0.005

จากตารางที่ 3 จะพบว่าพารามิเตอร์การแพร่ระบาดที่มีผลต่อการระบาดมากที่สุดคือ การติดเชื้อระหว่างต้นมันสำปะหลังไปสู่แมลงหริ่งขาว (p_1) และการติดเชื้อระหว่างแมลงหริ่งขาวไปสู่ต้นมันสำปะหลัง (p_2) ด้วยค่า S.I เท่ากับ +0.498 ซึ่งหมายความว่ายิ่งมีค่ามากขึ้นจะส่งผลให้ความรุนแรงการแพร่ระบาดมากขึ้น ซึ่งมีผลมากกว่าการปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ (p_3) ขณะที่พารามิเตอร์ที่มีผลต่อการควบคุมการแพร่ระบาดมากที่สุดคืออัตราการตายของแมลงหริ่งขาว (μ) ด้วยค่า S.I. เท่ากับ -0.711 ซึ่งหมายความว่าหากเพิ่มค่าดังกล่าวจะส่งผลให้ความรุนแรงการแพร่ระบาดลดลง ดังนั้น จากผลการวิเคราะห์จึงสามารถกำหนดแนวทางการควบคุมการแพร่ระบาดได้ โดยการมุ่งเน้นไปที่การลดจำนวนของแมลงหริ่งขาวและลดอัตราการติดเชื้อของแมลงหริ่งขาวเอง ดังนั้น ในเชิงตัวแปรทางคณิตศาสตร์จึงได้กำหนดค่าตัวแปรควบคุมที่ใส่ในแบบจำลองตามสมการที่ (1) ถึง (5) ใหม่เป็น $u_1 \in [0,1]$ และ $u_2 \in [0,1]$

ในเชิงนโยบายจึงได้มีการกำหนดไว้ดังนี้

- (1) นโยบายการกำจัดแมลงหริ่งขาวโดยการฉีดพ่นยาฆ่าแมลง
- (2) นโยบายการถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ
- (3) นโยบายการใช้ทั้งการกำจัดแมลงหริ่งและการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ

ในขั้นตอนต่อไปจะเป็นการวิเคราะห์ความคุ้มค่าเชิงเศรษฐศาสตร์ของการใช้นโยบายทั้ง 3 แบบ เพื่อนำเสนอเป็นแนวทางในการป้องกันแก่เกษตรกร โดยการประยุกต์ใช้การหาค่าตอบที่เหมาะสมที่สุดสำหรับระบบควบคุม (Optimal Control)

บทที่ 4

ผลการดำเนินงาน

ในบทนี้จะเป็นการนำแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ได้รับมาใช้ในการกำหนดนโยบายที่เหมาะสม ซึ่งนโยบายที่ใช้ในการวิเคราะห์ถูกกำหนดขึ้นมาจากทฤษฎีการวิเคราะห์ความไว (Sensitivity analysis) พบว่าปัจจัยที่มีผลต่อการแพร่ระบาดของโรคไบต่างมีนสำคัญที่สุดคือ จำนวนของประชากรแมลงหวี่ขาวในพื้นที่เพาะปลูก หากมีจำนวนที่มากขึ้นการระบาดจะรุนแรงมากยิ่งขึ้น ซึ่งการจะควบคุมก็สามารถทำได้โดยตรงคือการกำจัดแมลงหวี่ขาวโดยการฉีดพ่นยาฆ่าแมลง หรืออีกกรณีคือกำจัดพืชอาศัยที่ติดเชื้อ เนื่องจากแมลงหวี่ขาวจะได้รับเชื้อจากต้นที่ติดเชื้อส่งผลให้มีการระบาดที่รุนแรงขึ้น ดังนั้น จึงต้องทำการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อออกจากพื้นที่เพาะปลูก โดยสรุปเป็นนโยบายทั้ง 3 นโยบายดังนี้

- (1) นโยบายการกำจัดแมลงหวี่ขาวโดยการฉีดพ่นยาฆ่าแมลง
- (2) นโยบายการถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ (กรณีนี้เกษตรกรจะไม่สามารถถอน Exposed cassava ได้ เนื่องจากไม่สามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน)
- (3) นโยบายการกำจัดแมลงหวี่ขาวและการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อควบคู่กัน

เมื่อคำนวณจำนวนประชากรที่คงเหลือหลังจากการใช้นโยบายทั้ง 3 แล้ว จะทำการคำนวณความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ เพื่อนำเสนอว่านโยบายใดเหมาะสมที่สุด ซึ่งจะช่วยให้เกษตรกรมีความคุ้มค่าที่จะลงทุน และปกป้องรายได้ของเกษตรกรมากที่สุด

1. การกำหนดนโยบายที่เหมาะสมที่สุดด้วยระบบควบคุม

การคำนวณจะประยุกต์ใช้ทฤษฎีระบบควบคุม (Optimal Control Theory) โดยขั้นแรกจะทำการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์ดังนี้

1. ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective function)

$$J(u_1, u_2) = \int_0^{t_f} (A_0 I_H + A_1 u_1^2 + A_2 u_2^2) dt,$$

เมื่อ t_f เป็นค่าเวลาสุดท้ายของการวิเคราะห์ โดยการคำนวณจะอยู่ภายใต้สมการที่ (1) ถึง (5) ซึ่งค่า A_0 คือค่าน้ำหนักคงที่ของ I_H ส่วน A_1 และ A_2 เป็นค่าน้ำหนักคงที่ของตัวแปรควบคุม u_1 และ u_2 โดยต้นทุนของแต่ละตัวแปรควบคุมมีดังนี้

1. $A_1 u_1^2$ คือ ต้นทุนในการพ่นยาฆ่าแมลง
2. $A_2 u_2^2$ คือ ต้นทุนการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ

2. ผลการวิเคราะห์ด้วยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

การวิเคราะห์นโยบายเพื่อกำหนดนโยบายที่เหมาะสมในการควบคุมโรคระบาด โดยคำนึงถึงความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ มีการกำหนดตัวแปรควบคุมตามนโยบายต่าง ๆ ไว้ดังนี้

- (1) นโยบายที่ 1 กำจัดแมลงหิวข้าวโดยการฉีดพ่นยาฆ่าแมลง $u_1 \in [0,1]$ และ $u_2 = 0$
- (2) นโยบายที่ 2 การถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ $u_1 = 0$ และ $u_2 \in [0,1]$
- (3) นโยบายที่ 3 การใช้ทั้งการกำจัดแมลงหิวและการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ $u_1 \in [0,1]$ และ $u_2 \in [0,1]$

สำหรับค่าพารามิเตอร์และตัวแปรที่เกี่ยวข้องกับแบบจำลอง มีการกำหนดไว้ดังนี้

ค่าน้ำหนักต้นที่ติดเชื้อ: $A_0 = 1.000$

ต้นทุน: $A_1 = \$0.003$ และ $A_2 = \$0.001$

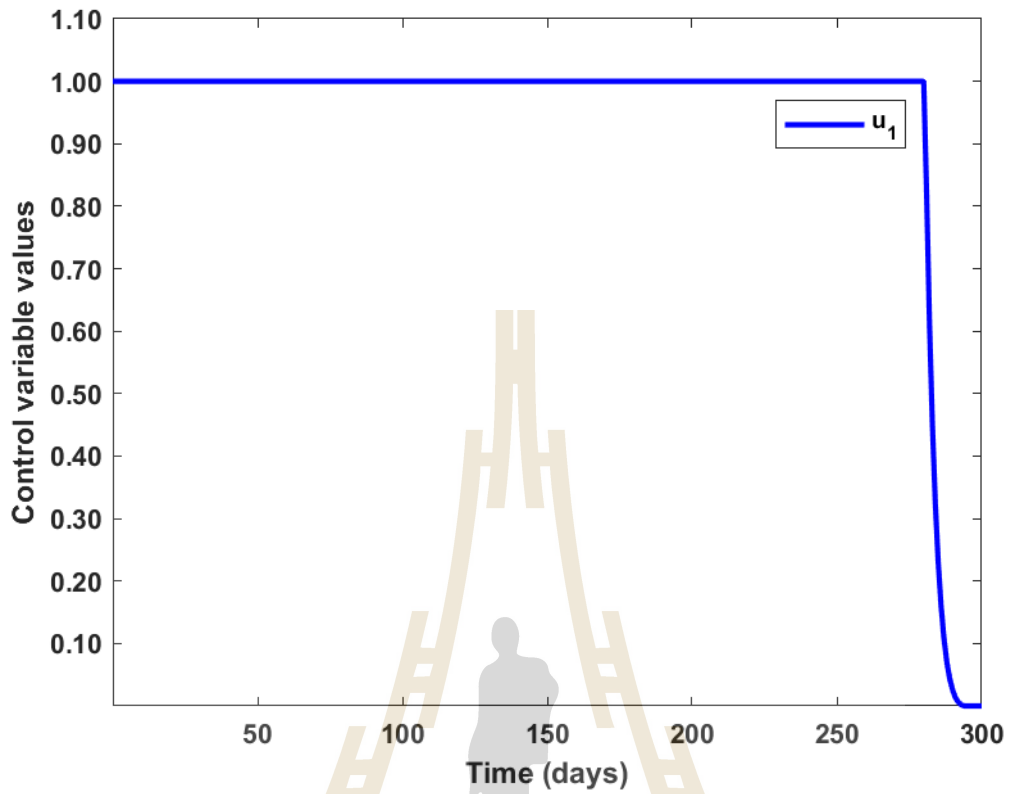
ประสิทธิภาพ: $\gamma = 0.003$ และ $\varepsilon = 0.2$

ช่วงเวลา: $t \in [0,300]$

สถานะเริ่มต้น: $S_H(0) = 0.20$ $E_H(0) = 0.15$ $I_H(0) = 0$ $S_V(0) = 0$ และ $I_V(0) = 50$

สำหรับค่าพารามิเตอร์นอกจากนี้ได้กำหนดตามตารางที่ 3

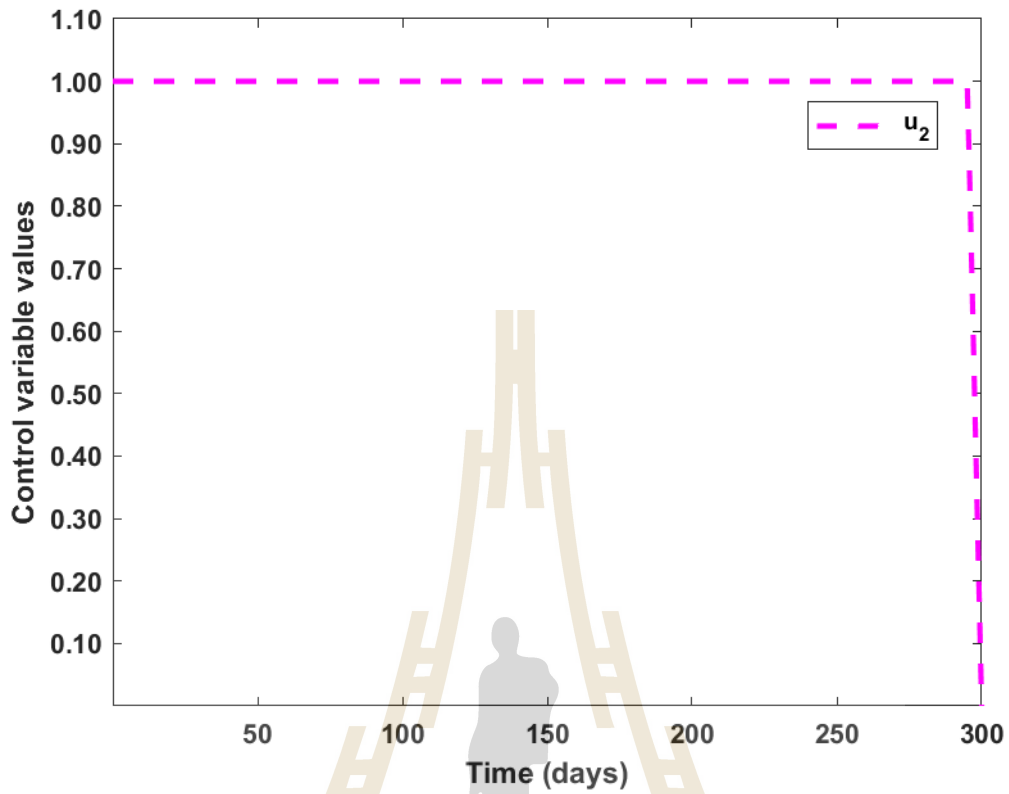
นโยบายที่ 1 กำจัดแมลงหรือชาวโดยการฉีดพ่นยาฆ่าแมลง $u_1 \in [0,1]$



รูปที่ 6 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 1

จากรูปที่ 6 พบว่าพารามิเตอร์ควบคุม u_1 ของนโยบายที่ 1 มีการใช้นโยบาย 100% ในวันแรกที่เริ่มปลูกและยังคงอยู่จนกระทั่งวันที่ 280 จึงเริ่มลดลงเป็นศูนย์ในวันที่เก็บเกี่ยว (วันที่ 300)

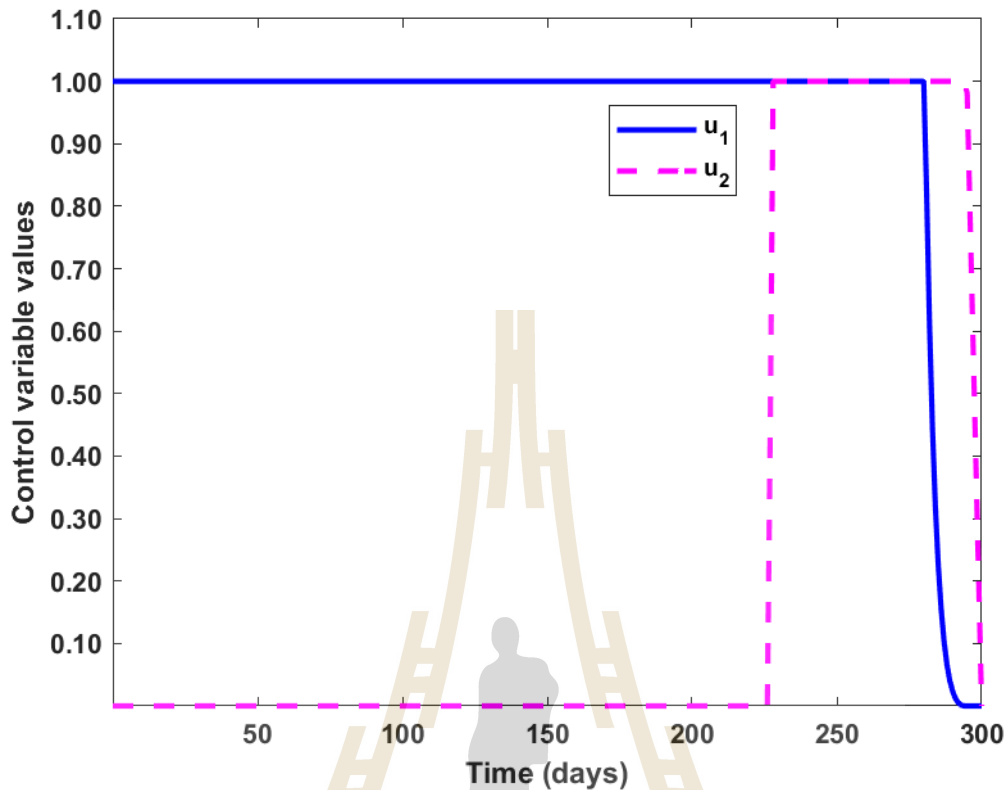
นโยบายที่ 2 การถอนทำลายต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อ $u_2 \in [0,1]$



รูปที่ 7 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 2

จากรูปที่ 7 พบว่าพารามิเตอร์ควบคุม u_2 ของนโยบายที่ 2 มีการใช้นโยบาย 100% ในวันแรกที่เริ่มปลูกและยังคงอยู่จนกระทั่งวันที่ 296 จึงเริ่มลดลงเป็นศูนย์ในวันที่เก็บเกี่ยว

นโยบายที่ 3 การใช้ทั้งการกำจัดแมลงหวี่และการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ $u_1 \in [0,1]$ และ $u_2 \in [0,1]$



รูปที่ 8 ผลการควบคุมโรคของนโยบายที่ 3

จากรูปที่ 8 พบว่าพารามิเตอร์ควบคุม u_1 ของนโยบายที่ 3 มีการใช้นโยบาย 100% ในวันแรกที่เริ่มปลูกและยังคงอยู่จนกระทั่งวันที่ 280 จึงเริ่มลดลงเป็นศูนย์ในวันที่เก็บเกี่ยว ขณะที่พารามิเตอร์ควบคุม u_2 ไม่มีใช้นโยบายในวันแรกที่เริ่มปลูก (0%) หลังจากนั้นจึงเริ่มมีการใช้นโยบายเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ จนครบ 100% ในวันที่ 228 และคงอยู่ 67 วัน จนกระทั่งลดลงเป็นศูนย์ในวันที่เก็บเกี่ยว

2. การวิเคราะห์ความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ (Cost-effectiveness analysis)

จากผลการทดลองด้วยระบบควบคุม (Optimal control) จะนำมาวิเคราะห์ความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ของแต่ละนโยบาย โดยใช้ the average cost-effectiveness ratio (ACER) ซึ่งสมการที่ใช้คำนวณดังนี้

$$ACER = \frac{\text{ต้นทุนรวมที่ใช้ในการควบคุมโรค}}{\text{ต้นมันสำปะหลังที่ไม่ติดเชื้อต่อประชากรทั้งหมดที่เพิ่มขึ้น}}$$

ซึ่งนโยบายที่เหมาะสมที่สุดจะให้ค่า ACER น้อยที่สุด โดยผลการวิเคราะห์ความคุ้มค่าจากการใช้นโยบายสามารถสรุปได้ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 4 ผลการวิเคราะห์ ACER ของแต่ละนโยบาย

นโยบาย	ต้นทุนรวม	สัดส่วน ที่เพิ่มขึ้น	ACER
นโยบายที่ 1	0.844	0.492	1.717
นโยบายที่ 2	0.296	0.044	6.743
นโยบายที่ 3	0.914	0.589	1.551

จากตารางที่ 4 จะพบว่าค่า ACER ที่น้อยที่สุดคือ ค่า ACER ของนโยบายที่ 3 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 1.551 จากการวิเคราะห์การกำจัดแมลงหิวข้าวไปพร้อมกับการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ ขณะที่นโยบายที่คุ้มค่านำมาคือ นโยบายที่ 1 การกำจัดแมลงหิวข้าวเพียงอย่างเดียว ซึ่งมีค่า ACER = 1.717 ขณะที่นโยบายที่มีความคุ้มค่าน้อยที่สุดคือนโยบายที่ 2 คือการถอนทำลายเพียงอย่างเดียว ซึ่งมีค่า ACER = 6.743 โดยอ้างอิงจากผลการวิเคราะห์ sensitivity analysis ก็จะสามารถยืนยันได้ว่าปัจจัยที่มีผลต่อการระบาดมากที่สุดคือ จำนวนของแมลงหิวข้าว ดังนั้น จึงมีความจำเป็นที่จะต้องกำจัดแมลงหิวด้วย อย่างไรก็ตาม ด้วยต้นทุนยาฆ่าแมลงที่สูง การที่จะใช้นโยบายที่ 1 จึงมีความคุ้มค่าน้อยกว่านโยบายที่ 3 ดังนั้น จะได้ข้อสรุปว่าแนวทางที่เหมาะสมในการป้องกันการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังคือการกำจัดแมลงหิวข้าวไปพร้อมกับการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ ซึ่งเกษตรกรสามารถนำแนวทางนี้ไปปฏิบัติในพื้นที่เพาะปลูกต่อไป จะสามารถเพิ่มผลผลิตในพื้นที่เพาะปลูก รวมทั้งยังสามารถควบคุมการแพร่ระบาดในพื้นที่ของตนเองได้อย่างมีประสิทธิภาพ

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัย อภิปรายผล และข้อเสนอแนะ

โครงการวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์คือ เพื่อศึกษาโมเดลเชิงคณิตศาสตร์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง สำหรับใช้ในการพยากรณ์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ซึ่งจะถูกใช้ในการพยากรณ์ความรุนแรงการแพร่ระบาด ตลอดจนการวิเคราะห์ปัจจัยการระบาดและปัจจัยการควบคุมได้ และเพื่อใช้แบบจำลองดังกล่าวมากำหนดนโยบายที่เหมาะสมให้แก่เกษตรกรใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาด โดยมีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด

การดำเนินงานของโครงการวิจัยนี้เริ่มต้นจากการศึกษากระบวนการแพร่ระบาดและปัจจัยการแพร่ระบาด เพื่อทำความเข้าใจรูปแบบการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ต่อมาได้ทำการทบทวนวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง เพื่อใช้เป็นพื้นฐานในการพัฒนาแบบจำลองสำหรับใช้ในบริบทของพื้นที่เพาะปลูกมันสำปะหลังจังหวัดนครราชสีมา

ต่อมาได้ทำการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยเทคนิคทางคณิตศาสตร์ เพื่อระบุปัจจัยที่ส่งผลต่อการแพร่ระบาดมากที่สุด นำไปสู่การกำหนดนโยบายทางเลือกที่สามารถควบคุมปัจจัยดังกล่าวได้ และใช้เทคนิคทางคณิตศาสตร์เพื่อวิเคราะห์หาข้อเสนอนโยบายที่มีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด นำเสนอเป็นแนวทางในการควบคุมโรคแก่เกษตรกรในพื้นที่จังหวัดนครราชสีมา

1. การพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

เนื่องจากว่าโรคใบด่างมันสำปะหลังนับว่าเป็นโรคอุบัติใหม่ในประเทศไทย จึงนับว่าเป็นข้อจำกัดในการค้นคว้าข้อมูลเชิงสถิติ ในการพัฒนาแบบจำลองจึงใช้การอ้างอิงจากแบบจำลองที่เคยมีนักวิจัยศึกษามาก่อน โดยเป็นโรคที่มีการระบาดที่เหมือนกัน ซึ่งแบบจำลองในโครงการวิจัยนี้ก็ได้รับการพัฒนามากจากแบบจำลองที่เคยมีการศึกษาก่อนหน้า ขณะที่ค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่ถูกใช้ในแบบจำลองนี้ก็ยังคงเป็นข้อจำกัดจากเหตุผลที่ได้กล่าวไว้ด้านบน ดังนั้น ค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ได้ถูกกำหนดมาจากการศึกษาวิจัยที่ได้ศึกษามาก่อน โดยมีสมมติฐานว่าค่าสถิติต่าง ๆ ที่เกิดขึ้นมาจากกลุ่มประเทศที่มีขนาดพื้นที่เพาะปลูก ปริมาณการส่งออกสภาพอากาศใกล้เคียงกับประเทศไทย ขณะที่การตรวจสอบความถูกต้องทั้งหมดของแบบจำลองได้ใช้หลักการและทฤษฎีทางคณิตศาสตร์เป็นเครื่องมือในการตรวจสอบ จึงมีความเชื่อมั่นได้ว่าแบบจำลองสามารถให้ผลลัพธ์ที่ใกล้เคียงกับความเป็นจริงได้ ซึ่งหากมีการพัฒนาแบบจำลองในงานวิจัยครั้งต่อไป อาจทำการปลดสมมติฐานบางอย่างออก เพิ่มตัวแปรหรือพารามิเตอร์บางตัว ตลอดจนการเก็บข้อมูลเชิงสถิติมากำหนดค่าพารามิเตอร์ให้สอดคล้องกับพื้นที่ที่ต้องการศึกษา จะสามารถใช้แบบจำลองเป็นเครื่องมือในการวิเคราะห์ที่ได้ใกล้เคียงกับสถานการณ์จริงของพื้นที่ทำการวิเคราะห์ได้มากที่สุด

2. การกำหนดนโยบายที่เหมาะสม

แม้ว่าจุดเริ่มต้นของการติดเชื้อของโรคใบด่างมันสำปะหลังจะเป็นการปลูกด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ แต่ความรุนแรงในการแพร่ระบาดจะขยายผลได้จากแมลงหิวข้าวซึ่งเป็นพาหะสำคัญ ที่ใช้ต้นมันสำปะหลังเป็นพืชอาศัย ซึ่งจากการวิเคราะห์ด้วยการวิเคราะห์ความไว (Sensitivity analysis) ก็ได้ยืนยันสมมติฐานดังกล่าว โดยระบุว่าจำนวนประชากรแมลงหิวข้าวที่เพิ่มมากขึ้นจะส่งผลโดยตรงต่อความรุนแรงของการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง

โครงการวิจัยนี้จึงได้กำหนดนโยบายที่มีผลโดยตรงต่อการควบคุมจำนวนประชากรแมลงหิวข้าวทั้งที่ติดเชื้อและไม่ติดเชื้อ โดยมี 3 นโยบายคือ (1) การกำจัดแมลงหิวข้าวโดยการพ่นยาฆ่าแมลง ซึ่งเป็นวิธีที่มีต้นทุนค่อนข้างสูง และมีความเสี่ยงต่อคุณภาพของผลผลิต (2) การถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ ซึ่งจะส่งผลให้เกษตรกรสูญเสียรายได้ค่อนข้างมาก และอาจจะมองข้ามต้นที่ติดเชื้อและไม่แสดงอาการได้ และ (3) การกำจัดแมลงหิวข้าวและการถอนทำลายต้นที่ติดเชื้อ โดยทั้ง 3 นโยบายเป็นนโยบายที่เกษตรกรทั่วโลกใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาด อย่างไรก็ตาม ในอนาคตอาจจะมีการนำนโยบายอื่น ๆ มาเพิ่มในแบบจำลองและใช้แบบจำลองในการวิเคราะห์หา นโยบายที่เหมาะสมที่สุด เช่น การใช้ท่อนพันธุ์ที่เป็นพันธุ์ต้านทานหรืออาจใช้การปลูกพืชรองในพื้นที่เพาะปลูก (Intercropping) เป็นต้น ซึ่งวิธีการพัฒนาแบบจำลองสามารถใช้ขั้นตอนต่าง ๆ ที่โครงการวิจัยนี้ดำเนินการมาทั้งหมดได้ ยิ่งไปกว่านั้น ยังสามารถประยุกต์ใช้องค์ความรู้จากงานวิจัยนี้ในการศึกษาและควบคุมการระบาดของโรคระบาดอื่น ๆ ได้ ไม่ว่าจะเป็นโรคระบาดในพืชเศรษฐกิจอื่น ๆ หรือสัตว์ที่เป็นอาหาร หรือแม้แต่โรคระบาดในมนุษย์ก็ได้

3. การนำเสนอแนะแนวทางการป้องกันแก่เกษตรกร

จากการวิเคราะห์ในโครงการวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่านโยบายการกำจัดแมลงหิวข้าวด้วยยาฆ่าแมลง แม้ว่าจะเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพมากที่สุด แต่ก็เป็วิธีที่มีต้นทุนสูงที่สุดเช่นกัน ซึ่งการลดจำนวนประชากรแมลงหิวข้าวจะสามารถควบคุมการแพร่ระบาดได้มากที่สุด ตามการวิเคราะห์ความไว แต่เนื่องจากต้นที่ติดเชื้อมีอยู่คงอยู่ในพื้นที่เพาะปลูก จึงต้องใช้ในปริมาณที่มาก

ขณะที่นโยบายการถอนทำลายมีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์น้อยที่สุด เนื่องจากไม่ได้ควบคุมที่ปัจจัยหลักคือ จำนวนประชากรแมลงหิวข้าว แต่เน้นไปที่การถอนทำลายพืชอาศัยที่ติดเชื้อ ซึ่งมีข้อจำกัดที่สำคัญคือแบบจำลองในโครงการวิจัยนี้ได้เพิ่มสถานะของต้นที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการเข้าไปในแบบจำลอง ส่งผลให้ในสถานการณ์จริงเกษตรกรจะไม่สามารถมองเห็นต้นที่ติดเชื้อแต่ไม่แสดงอาการได้ การระบาดจึงยังคงมีความรุนแรงต่อไป

และนโยบายสุดท้าย คือ การฉีดยาฆ่าแมลงและการถอนทำลายควบคู่กัน จากผลการทดลองพบว่ามีค่าความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด ซึ่งเหตุผลหลักคือการกำจัดปัจจัยหลักของการระบาดคือพาหะและทำลายพืชอาศัยที่ติดเชื้อควบคู่กัน จึงเป็นการควบคุมที่มีประสิทธิภาพมากที่สุด แม้จะมีต้นทุนที่ค่อนข้างสูง เนื่องจาก

ต้องจ่ายค่ายาและต้องจ่ายค่าจ้างคนคอยทำลาย แต่ผลผลิตที่ได้รับเพิ่มขึ้นนั้นส่งผลให้เกิดความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์มากที่สุด จึงสรุปเป็นข้อเสนอให้แก่พี่น้องเกษตรกรผู้เพาะปลูกมันสำปะหลังว่าควรใช้ทั้ง 2 วิธีควบคู่กันไป อย่างไรก็ตามงานวิจัยนี้ยังไม่ได้มีการวิเคราะห์นโยบายอื่น ๆ ซึ่งต้องทำการเก็บข้อมูลเพิ่มเติมและศึกษาถึงความเป็นไปได้ ตลอดจนประสิทธิภาพในการควบคุมการระบาดของวิธีการอื่น ๆ เพื่อให้การวิเคราะห์สามารถให้คำแนะนำที่อาจจะเหมาะสมกรณีในอนาคตได้

4. ข้อเสนอแนะ

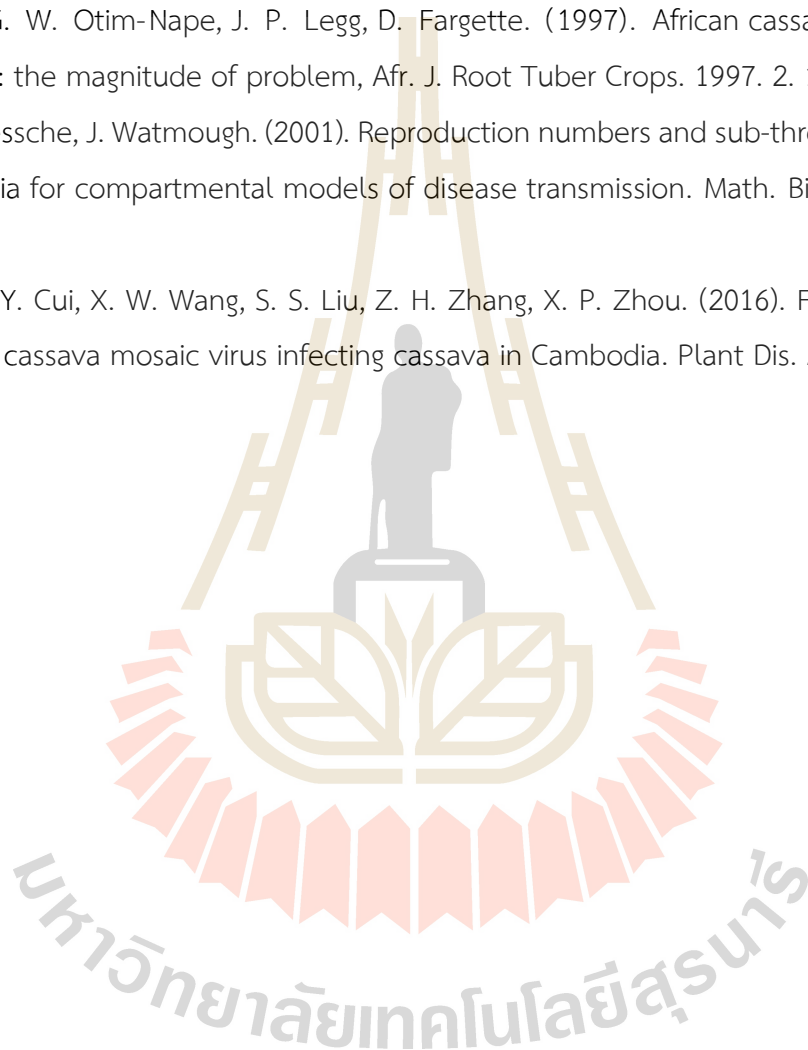
งานวิจัยในอนาคตอาจต้องทำการศึกษาพฤติกรรมของเชื้อไวรัสที่อาจมีการเปลี่ยนแปลงซึ่งอาจจะมี ความรุนแรงและรวดเร็วในการแพร่เชื้อได้มากขึ้น ซึ่งอาจจะมีปัจจัยการแพร่ระบาดหรือปัจจัยควบคุมการระบาดใหม่ ๆ เพิ่มเติมจากปัจจุบัน ซึ่งงานวิจัยในอนาคตสามารถใช้วิธีการดำเนินงานตามที่โครงการวิจัยนี้ได้สร้างไว้ เพื่อระบุปัจจัยใหม่ ๆ ขณะที่ข้อมูลเชิงสถิติต่าง ๆ หากมีความเป็นไปได้จะต้องเริ่มมีการวางแผน และพัฒนาระบบการจัดเก็บข้อมูลด้านการเกษตรที่มีระบบมากยิ่งขึ้น แล้วยังเพิ่มโอกาสที่งานวิจัยที่ศึกษาเกี่ยวกับระบาดวิทยาจะได้ใช้ประโยชน์ นำไปสู่การหาทางออกของสถานการณ์การแพร่ระบาดได้อย่างเหมาะสมยิ่งขึ้น ยิ่งไปกว่านั้น ผู้ที่เกี่ยวข้องในห่วงโซ่คุณค่ามันสำปะหลังจะสามารถใช้แบบจำลองในงานวิจัยนี้ เพื่อใช้ในการกำหนดนโยบายควบคุมโรคที่เหมาะสม เกษตรกรสามารถมีเครื่องมือเพื่อใช้ในการประเมินความคุ้มค่าในการลงทุน หากต้องปลูกพืชเศรษฐกิจในสถานการณ์ที่มีการระบาด ซึ่งจะเป็นการสร้างระบบเฝ้าระวัง และควบคุมการระบาดของโรคในพืชเศรษฐกิจได้อย่างมีประสิทธิภาพและมีความยั่งยืนต่อไป



บรรณานุกรม

- รังสี เจริญสภาพและอมรรักษ์ คัดใจเดียว, 2553. โรคแอนแทรกโนสมันสำปะหลังและแนวทางการป้องกัน
กำจัด สถาบันวิจัยพืชไร่กรมวิชาการเกษตร (ออนไลน์). ที่มา:
<http://soclaimon.wordpress.com/2010/06/11>
- O. E. Angela, P. E. Oghenewairhe, G. S. Mojisola, I. P. Segun, A. A. Aderemi. (2018). Incidence of cassava mosaic disease and associated whitefly vectors in south west and north central Nigeria: Data exploration. *Data in brief*. 2018. 10. 370-392.
- A. Banito, K. E. Kpemoua, B. Bissang, K. Wydra. (2010). Assessment of cassava root and stem rots in ecozones of Togo and evaluation of the pathogen virulence. *Pak. J. Bot.* 2010. 42. 3. 2059-2068.
- V. A. Bokil, L. J. S. Allen, M. J. Jeger, A. Lenhart. (2019). Optimal control of a vectored plant disease model for a crop with continuous replanting. *J. Biol. Dyn.* 2019. 13. 325-353.
- L. E. Duijzer, W. L. van Jaarsveld, J. Willinga, R. Dekker. (2018). Dose-optimal vaccine allocation over multiple population. *Production and operation management*. 2018. 21. 1. 143-159.
- C. Fauquet, D. Fargette. (1990). African cassava mosaic virus: etiology, epidemiology and control. *Plant Disease*. 1990. 74. 404-411.
- J. Holt, M. J. Jeger, J. M. Thresh, G. W. Otim-Nape. (1997). An epidemiology model incorporation vector population dynamics applied to African cassava mosaic virus disease. *J. Appl. Ecol.* 1997. 34. 793-806.
- P. Jittamai, N. Chanlawong, W. Atisattapong, W. Anlamlert, N. Buensanteai. (2020). Reproduction number and sensitivity analysis of cassava mosaic disease spread for policy design. 2020. 18. 5. 5069-5093.
- W. O. Kermack, A. G. Mckendrick. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. Math. Phys. Eng. Sci.* 1927. 115. 700-721.
- T. Kinene, L. Luboobi, B. Nannyonga, G. G. Mwangi. (2015). A mathematical model for the dynamics and cost effectiveness of the current control of cassava brown streak disease in Uganda. *J. Math. Comput. Sci.* 2015. 5. 567-600.
- J. M. Last. (2001). *A Dictionary of Epidemiology*. 4th ed. Oxford University Press: United Kingdom.
- J. P. Legg, J. M. Thresh. (2000). Cassava mosaic virus disease in east Africa: a dynamic disease in a changing environment. *Virus Res.* 2000. 71. 135-149

- B. Patil, C. Fauquet. (2009). Cassava mosaic geminiviruses: actual knowledge and perspectives. *Mol. Plant Pathol.* 2009. 10. 685-701.
- G. Shmueli, H. Burkom. (2010). Statistical challenges facing early outbreak detection in biosurveillance. *Technometrics.* 2010. 52. 39-51.
- R. A. Taylor, E. A. Mordecai, C. A. Gilligan, J. R. Rohr, L. R. Johnson. (2016). Mathematical models are a powerful method to understand and control the spread of Huanglongbing. *PeerJ.* 2016. 4:e2642. DOI 10.7717/peerj.2642.
- J. M. Threst, G. W. Otim-Nape, J. P. Legg, D. Fargette. (1997). African cassava mosaic virus disease: the magnitude of problem, *Afr. J. Root Tuber Crops.* 1997. 2. 13-17.
- P. Van den Driessche, J. Watmough. (2001). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Math. Biosci.* 2002. 180. 29-48.
- H. L. Wang, X. Y. Cui, X. W. Wang, S. S. Liu, Z. H. Zhang, X. P. Zhou. (2016). First report of Sri Lankan cassava mosaic virus infecting cassava in Cambodia. *Plant Dis.* 2016. 100. 1029



ประวัติผู้วิจัย

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชัย จิตตะมัย เกิดวันที่ 21 กรกฎาคม พ.ศ.2516 สำเร็จการศึกษา วศ.บ. (วิศวกรรมอุตสาหการ) จากมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ พ.ศ.2538 สำเร็จการศึกษา M.S. (Industrial Engineering) จากมหาวิทยาลัย Texas A&M พ.ศ.2542 และสำเร็จการศึกษา Ph.D. (Industrial Engineering) จากมหาวิทยาลัย Texas A&M พ.ศ.2547 ปัจจุบันดำรงตำแหน่งอาจารย์ประจำสาขาวิชา วิศวกรรมอุตสาหการ สำนักวิชาวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี และดำรงตำแหน่งรองอธิการบดีฝ่ายการเงินและบริหารทั่วไป มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี มีความเชี่ยวชาญด้านการจัดการห่วงโซ่อุปทานและโลจิสติกส์ (Supply chain and logistics management) การวิจัยดำเนินการ (Operations research) วิศวกรรมระบบ (Systems engineering)

ประสบการณ์ทำงาน

ก.ย. 2562 - ปัจจุบัน เป็นที่ปรึกษารัฐมนตรีช่วยว่าการกระทรวงพาณิชย์

ต.ค. 2560 - ปัจจุบัน เป็นรองประธานคณะกรรมการโรงพยาบาลมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ปี พ.ศ.2562 ถึง พ.ศ.2563 ได้ตีพิมพ์ผลงานทางวิชาการดังนี้

P. Jittamai, N. Chanlawong, W. Boonyanusith, S. Meechaiyo. (2019). Efficiency assessment model development of emergency medical service systems: case study of Nakhon Ratchasima province. Journal of professional routine to research. 2019. 6. 27-36

N. Buransri, P. Jittamai. (2019). The impact of population changes on healthcare demands using nonhomogeneous Markov model. RMUTI journal science and technology. 2019. 12. 3.

W. Boonyanusith, P. Jittamai. (2019). Blood supply chain risk management using house of risk model. Walailuk journal of science and technology (WJST). 2019. 16. 8. 573-591.

P. Jittamai, N. Chanlawong, W. Atisattapong, W. Anlamlert, N. Buensanteai. (2020). Reproduction number and sensitivity analysis of cassava mosaic disease spread for policy design. 2020. 18. 5. 5069-5093.