

แบบจำลองเครือข่ายเพื่อวิเคราะห์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในประเทศไทย

ชญาณัฐ ศักดิ์ รัตนะวรวงศ์*

*คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏพระนครศรีอยุธยา, พระนครศรีอยุธยา, ประเทศไทย

*อีเมลผู้ประพันธ์บทความ: pormarch@yahoo.co.th

รับต้นฉบับ: 17 กันยายน 2568; รับบทความฉบับแก้ไข: 12 มกราคม 2569; ตอรับบทความ: 14 มกราคม 2569

เผยแพร่ออนไลน์: 27 เมษายน 2569

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาและวิเคราะห์แบบจำลองทางคณิตศาสตร์บนโครงสร้างเครือข่ายสองโหนด เพื่อศึกษาการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในประเทศไทย โดยจำแนกประชากรพืชออกเป็น 4 กลุ่มตามสถานการณ์ติดเชื้อ และพิจารณาการเชื่อมโยงระหว่างสองพื้นที่ที่เกิดจากการเคลื่อนย้ายของแมลงที่เป็นพาหะและท่อนพันธุ์ แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ถูกวิเคราะห์เชิงสัญลักษณ์โดยใช้เมทริกซ์รุ่นถัดไปในการคำนวณค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน R_0 และตรวจสอบเสถียรภาพของจุดสมดุลด้วยทฤษฎีบทวงกลมของเกอโรกริน ผลการศึกษาพบว่าอัตราการติดเชื้อและอัตราการฟื้นตัวมีอิทธิพลต่อค่า R_0 มากที่สุด โดยแบบจำลองสามารถอธิบายพลวัตของโรคได้ทั้งในสภาวะไร้โรคและสภาวะระบาด ซึ่งสะท้อนให้เห็นถึงความเสี่ยงในการกระจายระหว่างพื้นที่ที่มีการเคลื่อนย้ายต้นพันธุ์ ข้อเสนอเชิงนโยบายที่สอดคล้องกับผลการวิจัย ได้แก่ การควบคุมการเคลื่อนย้ายท่อนพันธุ์ การใช้พันธุ์ต้านทาน และการจัดการพื้นที่ปลูกอย่างเหมาะสม เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการควบคุมโรคใบด่างมันสำปะหลังอย่างยั่งยืน

คำสำคัญ: โรคใบด่างมันสำปะหลัง การควบคุมโรค แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ โครงสร้างเครือข่าย เมทริกซ์รุ่นถัดไป

Network Modeling and Analysis of Cassava Mosaic Disease Transmission in Thailand

Chayanusapat Rattanavarawong^{*}

^{}Faculty of Science and Technology, Phranakhon Si Ayutthaya Rajabhat University,
Phra Nakhon Si Ayutthaya, Thailand*

^{*}Corresponding author e-mail: pormarch@yahoo.co.th

Received: 17 September 2025; Revised: 12 January 2026; Accepted: 14 January 2026

Published online: 27 April 2026

Abstract

This study aims to develop and analyze a mathematical model based on a two-node network structure to investigate the spread of cassava mosaic disease in Thailand. The plant population is divided into four compartments according to infection status, and the connections between two regions are considered through the movement of insect vectors and stem cuttings. The mathematical model is analyzed symbolically using the next generation matrix to calculate the basic reproduction number (R_0), and the stability of equilibrium points is examined via the Gershgorin circle theorem. The results show that the infection and recovery rates have the greatest influence on R_0 . The model explains the disease dynamics under both disease-free and endemic conditions, highlighting the risk of transmission between regions through the movement of planting materials. Policy recommendations consistent with the finding include controlling the migration of stem cutting, adopting resistant cultivars, and implementing appropriate field management to enhance the sustainable control of cassava mosaic disease.

Keywords: Cassava mosaic disease, Disease control, Mathematical modeling, Network structure, Next generation matrix

บทนำ

โรคใบด่างมันสำปะหลัง (Cassava Mosaic Disease: CMD) ยังคงเป็นปัญหาสำคัญที่ส่งผลกระทบต่อภาคการเกษตรของประเทศไทยอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะในพื้นที่ปลูกมันสำปะหลังหลัก เช่น ภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคกลาง สาเหตุของโรคนี้คือเชื้อไวรัส *Sri Lankan Cassava Mosaic virus* (SLCMV) ซึ่งอยู่ในวงศ์ *Geminiviridae* ซึ่งมีการแพร่ระบาดอย่างรุนแรงในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2561 เป็นต้นมา [1], [2] การแพร่กระจายของโรคเกิดขึ้นได้ทั้งจากการปลูกชำด้วยท่อนพันธุ์ที่ติดเชื้อ และจากแมลงพาหะที่สำคัญคือแมลงหวี่ขาว (*Bemisia tabaci*) ซึ่งมีการกระจายพันธุ์ทั่วโลกและมีบทบาทสำคัญในการนำเชื้อไวรัสจากต้นหนึ่งไปยังอีกต้นหนึ่ง [3]

สถานการณ์ปัจจุบันสะท้อนให้เห็นถึงความรุนแรงของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยในปี พ.ศ. 2568 มีพื้นที่ปลูกมันสำปะหลังทั่วประเทศประมาณ 9.3 ล้านไร่ และพบว่ามากกว่า 3.2 ล้านไร่ หรือคิดเป็นกว่าร้อยละ 34 ของพื้นที่ปลูกทั้งหมดได้รับผลกระทบ ส่งผลให้ผลผลิตลดลงเหลือเพียง 28.5 ล้านตัน จากเดิมที่เคยผลิตได้มากกว่า 31 ล้านตันในปี 2563 มูลค่าความเสียหายทางเศรษฐกิจประเมินมากกว่า 12,000 ล้านบาท และมีครัวเรือนเกษตรกรที่ได้รับผลกระทบมากกว่า 750,000 ครัวเรือน ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความสำคัญของการหาวิธีควบคุมโรคอย่างมีประสิทธิภาพ [4], [5]

แม้ว่าจะมีมาตรการควบคุม เช่น การสำรวจแปลงปลูก การทำลายต้นที่ติดเชื้อ การควบคุมแมลงพาหะ และการส่งเสริมการใช้พันธุ์ที่ทนทานต่อโรค แต่แนวทางเหล่านี้ยังไม่สามารถหยุดยั้งการแพร่ระบาดได้อย่างยั่งยืน โดยเฉพาะในบริบทของพื้นที่ปลูกที่มีการเชื่อมโยงกันอย่างซับซ้อน ทั้งจากการแลกเปลี่ยนท่อนพันธุ์ การเคลื่อนย้ายของแมลงพาหะ และการติดต่อระหว่างชุมชนเกษตร [6]

งานวิจัยที่ผ่านมาเกี่ยวกับการใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ในการศึกษาการแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ได้แสดงให้เห็นถึงความสำคัญของการวิเคราะห์เชิงทฤษฎีและการจำลองสถานการณ์ เพื่อทำความเข้าใจพลวัตของโรค โดย Minhós et al. [7] ได้เสนอแบบจำลองเชิงสุ่มที่มีโครงสร้างสมการเศษส่วนและดีเลย์ (Stochastic fractional delay differential equations) เพื่อสะท้อนความไม่แน่นอนและความหน่วงของระบบจริง โดยเน้นการวิเคราะห์เสถียรภาพและการคงอยู่ของโรคภายใต้ผลกระทบของความสุ่มและเวลาหน่วง ซึ่งช่วยเพิ่มความสมจริงในการอธิบายพลวัตของโรคใบด่างมันสำปะหลัง นอกจากนี้งานวิจัยของ Reja et al. [8] ได้พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เชิงเวลาไม่ต่อเนื่อง (discrete-time model) เพื่อศึกษาพลวัตของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยมุ่งเน้นการวิเคราะห์ Neimark–Sacker bifurcation ซึ่งอธิบายการเปลี่ยนแปลงพลวัตของระบบเมื่อค่าพารามิเตอร์เปลี่ยนไป และทำให้เกิดพฤติกรรมการแกว่งแบบ quasi-periodic ในจำนวนพืชที่ติดเชื้อ นอกจากนี้ยังได้ทำการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหว (sensitivity analysis) เพื่อระบุพารามิเตอร์ที่มีอิทธิพลสูงสุดต่อการแพร่ระบาด ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าแบบจำลองเชิงเวลาไม่ต่อเนื่องสามารถสะท้อนความซับซ้อนของพลวัตโรคได้อย่างสมจริง และให้ข้อมูลเชิงลึกที่สำคัญต่อการกำหนดมาตรการควบคุมโรคอย่างมีประสิทธิภาพ และ Kinene et al. [9] ได้พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อศึกษาพลวัตของโรค Cassava Brown Streak Disease (CBSD) ในประเทศยูกันดา โดยรวมมาตรการควบคุมที่ใช้จริง เช่น การถอนและเผาต้นที่ติดเชื้อ การใช้พันธุ์ต้านทาน และการควบคุมแมลงพาหะด้วยการฉีดพ่นสารกำจัดแมลงเข้าไปในแบบจำลอง ผลการวิเคราะห์ครอบคลุมทั้งการคำนวณค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน การตรวจสอบเสถียรภาพของสมดุล และการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของพารามิเตอร์ พร้อมทั้งประเมินต้นทุน-ประสิทธิผลของมาตรการควบคุมแต่ละแบบ ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าการใช้มาตรการควบคุมแบบผสมผสาน โดยเฉพาะการเพิ่มอัตราการตายของแมลงพาหะร่วมกับการกำจัดต้นที่ติดเชื้อ มีความคุ้มค่าและมีประสิทธิภาพสูงสุดในการลดการแพร่ระบาดของโรค

จากทบทวนวรรณกรรมดังกล่าว แบบจำลองทางคณิตศาสตร์มีบทบาทสำคัญในการทำความเข้าใจพลวัตของโรคใบด่างมันสำปะหลัง ทั้งในระดับทฤษฎีและการประยุกต์ใช้เชิงนโยบาย อย่างไรก็ตาม งานวิจัยที่ผ่านมาเน้นการวิเคราะห์ในระบบโหนดเดียวเป็นหลัก จึงยังมีช่องว่างในการศึกษาการแพร่ระบาดในบริบทของเครือข่ายหลายพื้นที่ที่มีการเชื่อมโยงกัน ซึ่งเป็นประเด็นที่งานวิจัยนี้มุ่งเน้นเพื่อเติมเต็มช่องว่างดังกล่าว

ดังนั้น งานวิจัยนี้มีเป้าหมายเพื่อพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์บนโครงสร้างเครือข่ายสองโหนด เพื่ออธิบายและวิเคราะห์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลัง โดยพิจารณาปัจจัยสำคัญ เช่น อัตราการติดเชื้อ การเคลื่อนย้ายของแมลงพาหะ และโครงสร้าง

การเชื่อมโยงระหว่างพื้นที่ปลูก แบบจำลองที่พัฒนาขึ้นจะถูกนำไปใช้ในการจำลองสถานการณ์ต่าง ๆ เพื่อประเมินประสิทธิภาพของมาตรการควบคุม และเสนอแนวทางที่เหมาะสมในการจัดการโรคใบด่างอย่างเป็นระบบและยั่งยืน

ระเบียบวิธีวิจัย

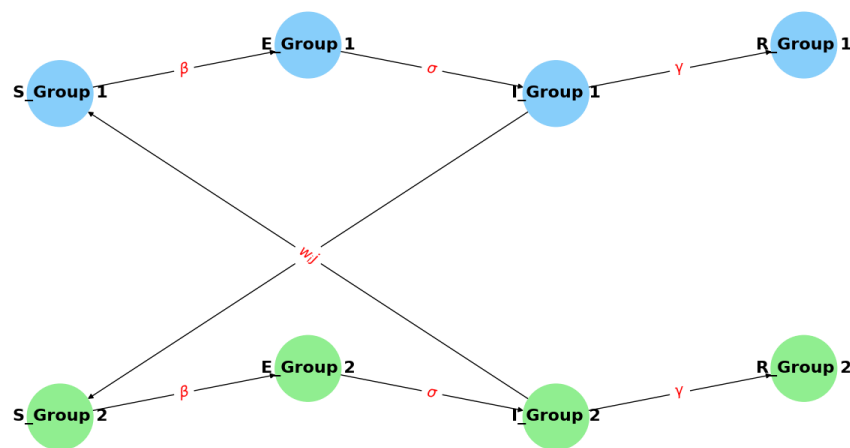
1. แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ในงานวิจัยนี้ผู้วิจัยได้ทำการศึกษาแบบจำลองเครือข่ายทางคณิตศาสตร์ ที่พิจารณาเครือข่ายที่มี n โหนด แต่ละโหนด i แทนต้นมันสำปะหลังในแปลงย่อยที่มีขนาด N_i ขณะที่โหนด j แทนต้นมันสำปะหลังในแปลงย่อยอื่น ๆ ที่มีการแพร่เชื้อต่อโหนด i โดยจำแนกดังตารางที่ 1 [10], [11]

ตารางที่ 1: สัญลักษณ์ของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

สัญลักษณ์	ความหมาย
S_i	จำนวนต้นมันสำปะหลังในพื้นที่ i ที่ยังไม่ติดโรค (Susceptible)
E_i	ต้นที่ได้รับเชื้อแล้วแต่ยังไม่แสดงอาการหรือยังไม่แพร่เชื้อ (Exposed)
I_i	ต้นที่ติดโรคและสามารถแพร่เชื้อโรคได้ (Infectious) ผ่านแมลงห้ำหรือท่อนพันธุ์
R_i	ต้นที่หายจากโรค หรือถูกกำจัดแล้ว (Removed/Recovered)
β	อัตราการแพร่เชื้อจากต้นที่ติดโรคผ่านแมลงห้ำหรือท่อนพันธุ์
σ	อัตราที่ต้นที่ได้รับเชื้อเริ่มแสดงอาการและแพร่เชื้อได้
γ	อัตราการฟื้นตัวของต้นมันสำปะหลัง
w_{ij}	ความเชื่อมโยงระหว่างพื้นที่ i และ j การเคลื่อนที่ของแมลงห้ำหรือการแลกเปลี่ยนท่อนพันธุ์

โดยแสดงแผนภาพเชื่อมโยงเพื่ออธิบายแนวคิดในการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ดังรูปที่ 1



รูปที่ 1: โครงข่ายแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของโรคใบด่างในมันสำปะหลัง

เราสามารถสร้างระบบสมการเพื่ออธิบายการแพร่กระจายของโรคใบด่างและแสดงความสัมพันธ์ของต้นมันสำปะหลังได้ดังนี้

$$\frac{dS_i}{dt} = -\beta S_i \sum_j w_{ij} I_j \quad (1)$$

$$\frac{dE_i}{dt} = \beta S_i \sum_j w_{ij} I_j - \sigma E_i \quad (2)$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \sigma E_i - \gamma I_i \quad (3)$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma I_i \quad (4)$$

ในงานวิจัยนี้สนใจแบบจำลองการแพร่กระจายของโรคใบด่างและแสดงความสัมพันธ์ของต้นมันสำปะหลังในกรณีเพียง 2 โหนด

$$\frac{dS_1}{dt} = -\beta S_1(w_{11}I_1 + w_{12}I_2) \quad (5)$$

$$\frac{dE_1}{dt} = \beta S_1(w_{11}I_1 + w_{12}I_2) - \sigma E_1 \quad (6)$$

$$\frac{dI_1}{dt} = \sigma E_1 - \gamma I_1 \quad (7)$$

$$\frac{dR_1}{dt} = \gamma I_1 \quad (8)$$

$$\frac{dS_2}{dt} = -\beta S_2(w_{21}I_1 + w_{22}I_2) \quad (9)$$

$$\frac{dE_2}{dt} = \beta S_2(w_{21}I_1 + w_{22}I_2) - \sigma E_2 \quad (10)$$

$$\frac{dI_2}{dt} = \sigma E_2 - \gamma I_2 \quad (11)$$

$$\frac{dR_2}{dt} = \gamma I_2 \quad (12)$$

ตารางที่ 2: ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

สัญลักษณ์	ค่าพารามิเตอร์	หน่วย	อ้างอิง
β	0.05–0.2	ต้น ⁻¹ *สัปดาห์ ⁻¹	Legg et al. [12]
σ	0.5–1.0	สัปดาห์ ⁻¹	Legg and Thresh [13]
γ	0.1	สัปดาห์ ⁻¹	Fargette et al. [14]
w_{ij}	0.3–0.7	ไม่มีหน่วย	Xiao and van den Bosch [15]

2. จุดสมดุลและการวิเคราะห์เสถียรภาพของจุดสมดุล

พิจารณาจุดสมดุล $(S_i^*, E_i^*, I_i^*, R_i^*)$ ได้จากการกำหนดให้ขวามือของแต่ละสมการ ในสมการ (5)–(12) เท่ากับ 0 จะได้ว่า จุดสมดุลสภาวะไร้โรค คือ $E_{DFE}(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = (N_1, 0, 0, 0, N_2, 0, 0, 0)$ โดยที่ $N_i = S_i + E_i + I_i + R_i$ จุดสมดุลสภาวะการระบาดของโรค คือ $E_{EE}(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*)$ โดยที่

$$S_1^* = \frac{\gamma N_1 I_1^*}{\beta(I_1^* + w_{12}I_2^*)} \quad (13)$$

$$E_1^* = \frac{\gamma}{\sigma} I_1^* \quad (14)$$

$$R_1^* = N_1 - S_1^* - E_1^* - I_1^* \quad (15)$$

$$S_2^* = \frac{\gamma N_2 I_2^*}{\beta(I_2^* + w_{21}I_1^*)} \quad (16)$$

$$E_2^* = \frac{\gamma}{\sigma} I_2^* \quad (17)$$

$$R_2^* = N_2 - S_2^* - E_2^* - I_2^* \quad (18)$$

3. ทาค่า Basic Reproductive Number (R_0)

ค่าที่ใช้วัดความสามารถในการแพร่เชื้อของโรคติดต่อในต้นมันสำปะหลังที่ยังไม่มีภูมิคุ้มกันเลย โดยมีความหมายว่า จำนวนต้นมันสำปะหลังที่ติดเชื้อต้นใหม่โดยเฉลี่ยต้นที่ติดเชื้อหนึ่งต้นสามารถแพร่เชื้อไปยังต้นอื่นได้ ในสภาวะต้นมันสำปะหลังทั้งหมดมีความไวต่อการติดเชื้อ (ไม่มีภูมิคุ้มกันเลย) และไม่มีมาตรการควบคุมใด ๆ วิธีที่ใช้หาค่า R_0 คือวิธีการเมทริกซ์รุ่นถัดไป (Next Generation Matrix: NGM) [16] ดังนี้

$$K = FV^{-1} \quad (19)$$

เมื่อ

$$F = \left[\frac{\partial F_i}{\partial I_j} \right]_{DFE}$$

$$= \beta \begin{bmatrix} s_1^* w_{11} & s_1^* w_{12} \\ s_2^* w_{21} & s_2^* w_{22} \end{bmatrix}; s_i^* = N_i$$

และ

$$V = \left[\frac{\partial V_i}{\partial I_i} \right]_{DFE}$$

$$= \begin{bmatrix} \gamma & 0 \\ 0 & \gamma \end{bmatrix}$$

พิจารณาวิธีการเมทริกซ์รุ่นถัดไป

$$K = FV^{-1}$$

$$= \frac{\beta}{\gamma} \begin{bmatrix} N_1 w_{11} & N_1 w_{12} \\ N_2 w_{21} & N_2 w_{22} \end{bmatrix}$$

หาค่าลักษณะเฉพาะจาก $\det(K - \lambda I_2) = 0$ ทำให้ได้ค่าลักษณะเฉพาะคือ

$$\lambda = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) \pm \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

$$\text{ดังนั้น } R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

ตรวจสอบความเสถียรภาพของจุดสมดุลสภาวะไร้โรคและจุดสมดุลสภาวะระบาด โดยใช้ทฤษฎีวงกลมของเกอร์โกริน (Gershgorin circle theorem) มีความเสถียรภาพเฉพาะเมื่อค่าลักษณะเฉพาะของจาโคเบียนเมทริกซ์ที่จุดสมดุล มีส่วนจริงน้อยกว่า 0 ทั้งหมด [17]

กรณีที่ 1 จุดสมดุลสภาวะไร้โรค $E_{DFE}(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = (N_1, 0, 0, 0, N_2, 0, 0, 0)$ จะได้

$$J(E_{DFE}) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -N_1 \beta w_{12} & 0 \\ 0 & -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & N_1 \beta w_{12} & 0 \\ 0 & \sigma & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -N_2 \beta w_{21} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & N_2 \beta w_{21} & 0 & 0 & -\sigma & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma & -\gamma & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix}$$

บทแทรก 1 (จากทฤษฎีวงกลมของเกอร์โกริน) ให้ A เป็นเมทริกซ์ขนาด $n \times n$ ที่มีสมาชิกเป็นจำนวนจริง ถ้าสมาชิกของเมทริกซ์ที่อยู่บนเส้นทแยง a_{ii} ของ A เป็นไปตามเงื่อนไข $a_{ii} < -r_i$ โดยที่

$$r_i = \sum_{j=1, j \neq i}^n |a_{ij}|$$

สำหรับ $i = 1, \dots, n$ แล้วค่าลักษณะเฉพาะของเมทริกซ์ A จะเป็นค่าลบหรือมีส่วนจริงเป็นลบ

พิจารณาแต่ละแถวของ $J(E_{DFE})$ เพื่อสร้างวงกลมของเกอร์โกริน ดังแสดงในตารางที่ 3

ตารางที่ 3: วงกลมของเกอริโกรินที่จุดสมดุลโรโรค

แถวที่	ศูนย์กลาง	รัศมี	วงกลม
1	0	$r_1 = -\beta N_1 w_{12} $	$Re(\lambda) \leq \beta N_1 w_{12}$
2	$-\sigma$	$r_2 = \beta N_2 w_{21} $	$Re(\lambda) \leq -\sigma + \beta N_2 w_{21} $
3	$-\gamma$	$r_3 = \sigma $	$Re(\lambda) \leq -\gamma + \sigma$
4	0	$r_4 = \gamma $	$Re(\lambda) \leq \gamma$
5	0	$r_5 = -\beta N_2 w_{21} $	$Re(\lambda) \leq \beta N_2 w_{21}$
6	$-\sigma$	$r_6 = \beta N_2 w_{21} $	$Re(\lambda) \leq \beta N_2 w_{21} - \sigma$
7	$-\gamma$	$r_7 = \sigma $	$Re(\lambda) \leq -\gamma + \sigma$
8	0	$r_8 = \gamma $	$Re(\lambda) \leq \gamma$

จุดสมดุลสภาวะโรโรคมีความเสถียรภาพ วงกลมของเกอริโกรินทั้งหมดต้องอยู่ในครึ่งระนาบลบ (left-half plane) ดังนั้นเงื่อนไขที่ทำให้จุดสมดุลสภาวะโรโรคมีความเสถียรภาพคือ

1. $\beta N_1 w_{12} < \sigma$
2. $\beta N_2 w_{21} < \sigma$
3. $\sigma + \beta N_2 w_{21} < \gamma$

เปรียบเทียบกับค่า Basic reproductive number

$$\text{จากการวิเคราะห์ } R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

ถ้า $\beta N_1 w_{12} < \sigma, \beta N_2 w_{21} < \sigma, \sigma + \beta N_2 w_{21} < \gamma, w_{12} w_{21} \leq w_{11} w_{22}, \beta(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) \leq \frac{2}{3} \gamma$ แล้ว

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right) \\ R_0 &< \frac{\beta}{\gamma} \cdot \left(N_1 w_{11} + N_2 w_{22} + \frac{N_1 w_{11} + N_2 w_{22}}{2} \right) \\ R_0 &< \frac{\beta}{\gamma} \cdot \left(\frac{3(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})}{2} \right) \\ R_0 &< 1 \end{aligned}$$

ดังนั้นผลจากวงกลมของเกอริโกริน สอดคล้องกับเงื่อนไข $R_0 < 1$ ต้องมีเงื่อนไขเพิ่มเติมคือ

1. $w_{12} w_{21} \leq w_{11} w_{22}$
2. $\beta(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) \leq \frac{2}{3} \gamma$

กรณีที่ 2 จุดสมดุลสภาวะการระบาดของโรค คือ $E_{EE}(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*)$ โดยที่

$$S_1^* = \frac{\gamma N_1 I_1^*}{\beta(I_1^* + w_{12} I_2^*)}$$

$$\begin{aligned} E_1^* &= \frac{\gamma}{\sigma} I_1^* \\ R_1^* &= N_1 - S_1^* - E_1^* - I_1^* \\ S_2^* &= \frac{\gamma N_2 I_2^*}{\beta(I_2^* + w_{21} I_1^*)} \\ E_1^* &= \frac{\gamma}{\sigma} I_2^* \\ R_1^* &= N_2 - S_2^* - E_2^* - I_2^* \end{aligned}$$

จะได้

$$J(E_{EE}) = \begin{bmatrix} -\beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12}) & 0 & -\beta S_1^* w_{11} & 0 & 0 & 0 & -\beta S_1^* w_{12} & 0 \\ \beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12}) & -\sigma & \beta S_1^* w_{11} & 0 & 0 & 0 & \beta S_1^* w_{12} & 0 \\ 0 & \sigma & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\beta S_2^* w_{21} & 0 & -\beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22}) & 0 & -\beta S_2^* w_{22} & 0 \\ 0 & 0 & \beta S_2^* w_{21} & 0 & \beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22}) & -\sigma & \beta S_2^* w_{22} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma & -\gamma & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix}$$

พิจารณาแต่ละแถวของ $J(E_{EE})$ เพื่อสร้างวงกลมของเกอโรนิน ดังแสดงในตารางที่ 4

ตารางที่ 4: วงกลมของเกอโรนินที่จุดสมดุลโรคระบาด

แถวที่	ศูนย์กลาง	รัศมี	วงกลม
1	$-\beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12})$	$r_1 = -\beta S_1^* w_{11} - \beta S_1^* w_{12} $	$Re(\lambda) \leq -\beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12}) + \beta S_1^* (w_{11} + w_{12})$
2	$-\sigma$	$r_2 = \beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12}) + \beta S_1^* (w_{11} + w_{12}) $	$Re(\lambda) \leq -\sigma + \beta(I_1^* w_{11} + I_2^* w_{12}) + \beta S_1^* (w_{11} + w_{12})$
3	$-\gamma$	$r_3 = \sigma $	$Re(\lambda) \leq -\gamma + \sigma$
4	0	$r_4 = \gamma $	$Re(\lambda) \leq \gamma$
5	$-\beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22})$	$r_5 = -\beta S_2^* (w_{21} + w_{22}) $	$Re(\lambda) \leq -\beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22}) + \beta S_2^* (w_{21} + w_{22})$
6	$-\sigma$	$r_6 = \beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22}) + \beta S_2^* (w_{21} + w_{22}) $	$Re(\lambda) \leq r_6 = \beta(I_1^* w_{21} + I_2^* w_{22}) + \beta S_2^* (w_{21} + w_{22}) - \sigma$
7	$-\gamma$	$r_7 = \sigma $	$Re(\lambda) \leq -\gamma + \sigma$
8	0	$r_8 = \gamma $	$Re(\lambda) \leq \gamma$

จุดสมดุลสภาวะโรคระบาดมีความเสถียรภาพ วงกลมของเกอโรนินทั้งหมดต้องอยู่ในครึ่งระนาบลบ (left-half plane) ดังนั้นเงื่อนไขที่ทำให้จุดสมดุลสภาวะโรคระบาดมีความเสถียรภาพคือ

1. $\beta(I_1^* + I_2^* + S_1^* + S_2^*) < \sigma$
2. $S_1^* < I_1^*$
3. $S_2^* < I_2^*$
4. $\sigma < \gamma$

เปรียบเทียบกับค่า Basic Reproductive Number

$$\text{จากการวิเคราะห์ } R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

ถ้า $\beta(I_1^* + I_2^* + S_1^* + S_2^*) < \sigma, S_1^* < I_1^*, S_2^* < I_2^*, \sigma < \gamma$ แล้ว

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

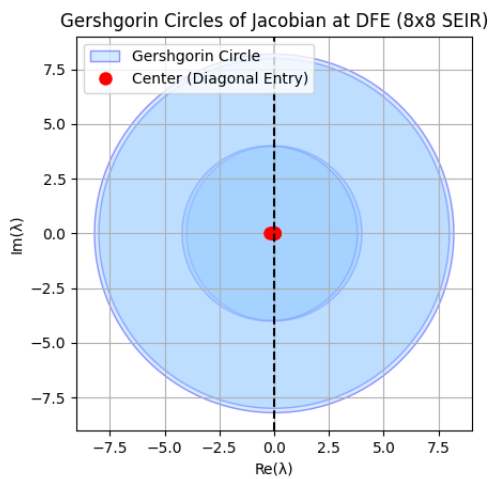
นำ $\beta(I_1^* + I_2^* + S_1^* + S_2^*) < \sigma$ แทนในสมการ

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$$

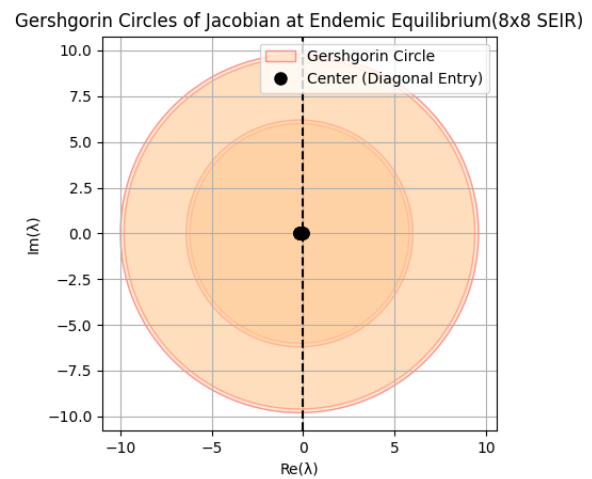
$$R_0 > 1$$

ดังนั้น ผลจากวงกลมของเกอร์โกริน สอดคล้องกับเงื่อนไข $R_0 > 1$ ต้องมีเงื่อนไขเพิ่มเติมคือ

$$\frac{\beta}{\gamma} > \frac{2}{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}$$



รูปที่ 2: วงกลมของเกอร์โกรินของจาโคเบียนเมทริกซ์
ที่จุดสมดุลสภาวะไร้โรค



รูปที่ 3: วงกลมของเกอร์โกรินของจาโคเบียนเมทริกซ์
ที่จุดสมดุลสภาวะโรคระบาด

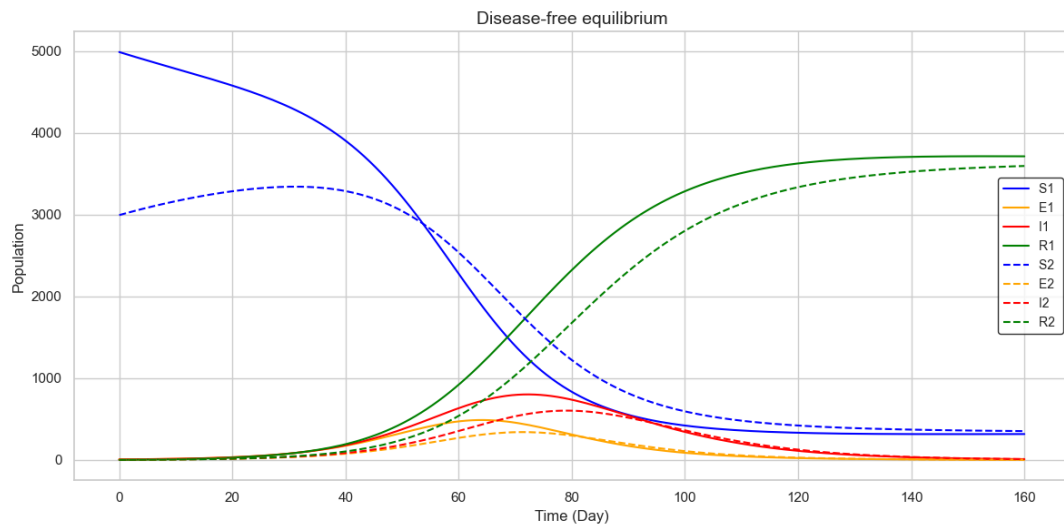
กราฟทั้งสองรูปแสดงการวิเคราะห์เชิงเสถียรภาพของระบบพลวัตในแบบจำลอง SEIR แบบสองโหนด โดยใช้ทฤษฎีวงกลมของเกอร์โกริน เพื่อประมาณขอบเขตของค่าลักษณะเฉพาะ (eigenvalues) ของจาโคเบียนเมทริกซ์ ซึ่งเป็นตัวบ่งชี้สำคัญในการประเมินเสถียรภาพของจุดสมดุลในแบบจำลองคณิตศาสตร์

รูปที่ 2 แสดงวงกลมเกอร์โกรินของจาโคเบียนเมทริกซ์ ณ จุดสมดุลสภาวะไร้โรค (E_{DFE}) โดยมีจุดศูนย์กลางของวงกลมอยู่ที่จุดกำเนิด (0,0) บนระนาบเชิงซ้อน และมีจุดสีแดงแสดงตำแหน่งของค่าลักษณะเฉพาะจริงของแบบจำลองคณิตศาสตร์ในสภาวะไร้โรค การที่วงกลมทั้งหมดอยู่ในบริเวณที่ส่วนจริงของค่าลักษณะเฉพาะเป็นลบบนระนาบเชิงซ้อน ($Re(\lambda) \leq 0$) บ่งชี้ว่าแบบจำลองคณิตศาสตร์มีความเสถียรภาพ

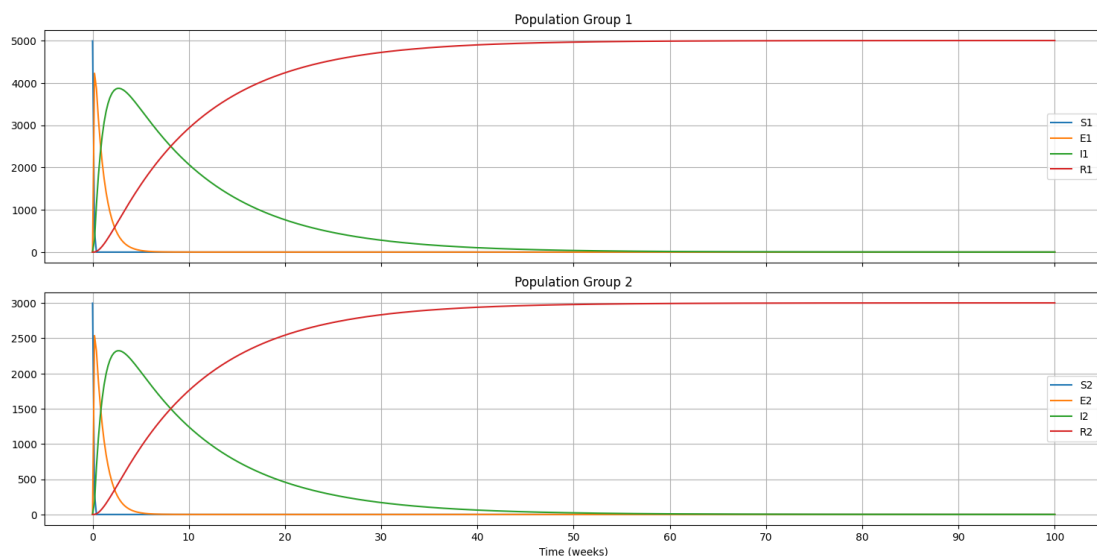
รูปที่ 3 แสดงวงกลมเกอร์โกริน ณ จุดสมดุลสภาวะระบาด (E_{EE}) โดยมีจุดศูนย์กลางของวงกลมอยู่ที่ใกล้จุดกำเนิด และมีจุดสีแดงแสดงค่าบนแนวทแยงของจาโคเบียนเมทริกซ์ในสภาวะระบาด หากวงกลมทั้งหมดอยู่ในบริเวณที่ส่วนจริงของค่าลักษณะเฉพาะเป็นลบเช่นกัน จะบ่งชี้ว่าระบบมีความเสถียรภาพในสภาวะระบาด

3. การวิเคราะห์เชิงตัวเลข

ในการวิเคราะห์เชิงตัวเลขของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ใช้ค่าพารามิเตอร์ในตารางที่ 2 ได้ผลการวิเคราะห์เชิงตัวเลขดังรูปต่อไปนี้



รูปที่ 4: พลวัตของระบบ SEIR สองประชากรภายใต้จุดสมดุลสภาวะไร้โรค โดยที่ $R_0 = 0.15 < 1$ ส่งผลให้ $E_{DFE}(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = (N_1, 0, 0, 0, N_2, 0, 0, 0)$ จากเงื่อนไขเริ่มต้น $(S_1[0], E_1[0], I_1[0], R_1[0], S_2[0], E_2[0], I_2[0], R_2[0]) = (4990, 5, 5, 0, 2995, 3, 2, 0)$ สอดคล้องกับนิยามของจุดสมดุลสภาวะไร้โรค



รูปที่ 5: พลวัตของระบบ SEIR สองประชากรภายใต้จุดสมดุลสภาวะระบาด โดยที่ $R_0 = 2.00 > 1$ ส่งผลให้จุดสมดุล $E_{EE}(S_1^*, S_2^*, E_1^*, E_2^*, I_1^*, I_2^*, R_1^*, R_2^*) = (0.50, 0.50, 0.249, 0.249, 0.31, 0.18, 4999.69, 2999.82)$ จากเงื่อนไขเริ่มต้น $(S_1[0], E_1[0], I_1[0], R_1[0], S_2[0], E_2[0], I_2[0], R_2[0]) = (4990, 5, 5, 0, 2995, 3, 2, 0)$

จากรูปที่ 4 และ 5 จุดสมดุลสภาวะไร้โรค มีสัณฐานพื้นฐาน $R_0 = 0.15 < 1$ ซึ่งหมายความว่า การแพร่ระบาดไม่สามารถดำรงอยู่ได้ในระยะยาว ภายใต้เงื่อนไขนี้ ระบบจะเข้าสู่สถานะที่ไม่มีโรคติดเชื้อมาก่อน โดยกลุ่มประชากรที่เกี่ยวข้องกับการติดเชื้อ ได้แก่ พืชที่ได้รับเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการ (E), พืชที่ติดเชื้อและสามารถแพร่เชื้อได้ (I), และพืชที่ฟื้นตัวหรือถูกกำจัด (R) จะลดลงสู่ศูนย์ ขณะที่กลุ่มที่พืชที่ยังไม่ติดเชื้อ (S) จะคงอยู่ในระดับสูงเท่ากับจำนวนพืชทั้งหมดในระบบ $S_i^* = N_i$ ผลลัพธ์นี้สอดคล้องกับนิยามของจุดสมดุลไร้

โรค และสามารถใช้เป็นเกณฑ์ในการประเมินประสิทธิภาพของมาตรการควบคุมโรค ในทางกลับกัน กรณีของจุดสมดุลสภาวะระบาด มีสปีพันธุ์พื้นฐาน $R_0 = 2.00 > 1$ ซึ่งสะท้อนถึงสถานการณ์ที่การแพร่ระบาดสามารถดำรงอยู่ได้อย่างต่อเนื่อง ระบบจะเข้าสู่จุดสมดุลที่มีจำนวนพืชติดเชื้อมากขึ้นในระยะยาว โดยกลุ่มที่ติดเชื้อและสามารถแพร่เชื้อได้ I มีค่ามากกว่าศูนย์อย่างชัดเจน ขณะที่ S , E และ R มีค่าคงที่ในระดับต่ำกว่าจำนวนพืชทั้งหมด ผลลัพธ์นี้แสดงถึงการคงอยู่ของโรคในระบบ และเน้นถึงความจำเป็นในการดำเนินมาตรการควบคุมอย่างต่อเนื่อง

4. การวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหว (Sensitivity Analysis)

การวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหว เป็นกระบวนการที่ใช้ในการประเมินผลกระทบของพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่มีต่อค่าพื้นฐานการสปีพันธุ์ (R_0) ซึ่งเป็นตัวชี้วัดสำคัญในการวิเคราะห์ศักยภาพการแพร่ระบาดของโรคในแบบจำลอง SEIR แบบเครือข่าย ในการศึกษานี้ ได้ใช้ดัชนีความอ่อนไหวแบบ Forward Normalized Sensitivity Index เพื่อวัดการเปลี่ยนแปลงสัมพัทธ์ของ R_0 เมื่อพารามิเตอร์หนึ่งเปลี่ยนแปลง โดยนิยามดังนี้ [5]

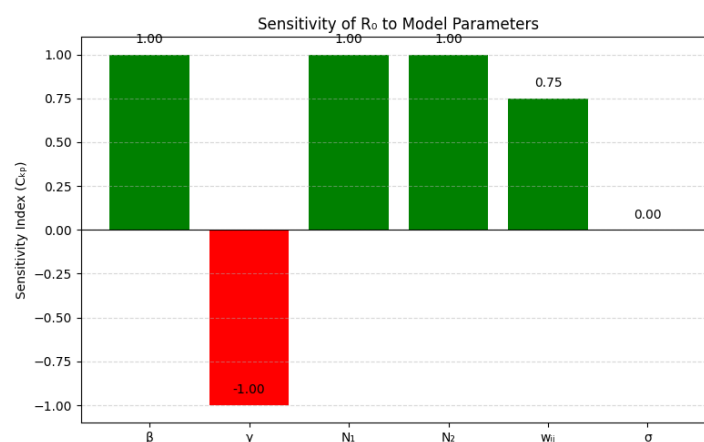
$$C_p^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial p} \cdot \frac{p}{R_0}$$

โดยที่ p แทนพารามิเตอร์ของการแพร่ระบาดของโรค และ $C_p^{R_0}$ แทนดัชนีความอ่อนไหวของ R_0 ต่อ p

จาก $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22}) + \sqrt{(N_1 w_{11} + N_2 w_{22})^2 - 4(N_1 w_{11} N_2 w_{22} - N_1 w_{12} N_2 w_{21})}}{2} \right)$ คำนวณดัชนีความอ่อนไหวของ R_0 ต่อ p

ตารางที่ 5: ดัชนีความอ่อนไหวของ R_0 ต่อ p ของแบบจำลองทางคณิตศาสตร์

พารามิเตอร์(p)	ดัชนีความอ่อนไหว($C_p^{R_0}$)
β	+1
γ	-1
N_1	+1
N_2	+1
w_{ij}	+0.5 ถึง +1
σ	0



รูปที่ 6: แผนภูมิแท่งแสดงผลการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของ R_0 ต่อพารามิเตอร์หลักในแบบจำลอง SEIR เครือข่าย ได้แก่ β , γ , N_1 , N_2 , w_{12} , และ w_{21} โดยพบว่า β , N_1 , N_2 มีค่าความอ่อนไหวสูงสุด (+1.0) ขณะที่ γ มีผลในทางลบเท่ากัน (-1.0) ส่วนพารามิเตอร์เชิง w_{ij} มีค่าความอ่อนไหวอยู่ที่ประมาณ +0.75 แสดงให้เห็นถึงอิทธิพลเชิงสัมพัทธ์ของแต่ละพารามิเตอร์ต่อการแพร่ระบาดของโรคในระบบเครือข่ายเกษตรกรรม

จากการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของค่าดัชนีการแพร่ระบาดพื้นฐาน (R_0) ต่อพารามิเตอร์ในแบบจำลอง SEIR เครือข่าย พบว่า พารามิเตอร์ที่มีผลกระทบมากที่สุดคืออัตราการติดเชื้อและจำนวนพืชในแต่ละพื้นที่ (β, N_1, N_2) และอัตราการฟื้นตัว (γ) โดยค่าความอ่อนไหวของ R_0 ต่อ β, N_1, N_2 เท่ากับ +1.0000 หมายความว่า หาก β, N_1, N_2 เพิ่มขึ้น 1% ค่า R_0 จะเพิ่มขึ้นประมาณ 1% ในทางกลับกัน ค่าความอ่อนไหวต่อ γ เท่ากับ -1.0000 ซึ่งแสดงว่าการเพิ่มขึ้นของอัตราการฟื้นตัวจะช่วยลดค่า R_0 ในอัตราเดียวกัน ดังนั้น การควบคุมการแพร่เชื้อและการเร่งการฟื้นตัวของพืชจึงเป็นกลยุทธ์ที่มีประสิทธิภาพสูงในการลดการระบาดของโรค

โดยสรุป การควบคุมโรคพืชอย่างมีประสิทธิภาพควรเน้นไปที่การลดอัตราการติดเชื้อและการเพิ่มอัตราการฟื้นตัวของพืชเป็นหลัก ขณะที่การจัดการเชิงพื้นที่ เช่น การควบคุมจำนวนพืชและการจำกัดการเคลื่อนย้ายระหว่างพื้นที่ ควรดำเนินควบคู่กันเพื่อเสริมสร้างความยั่งยืนในการควบคุมการแพร่ระบาดของโรคในระบบเกษตรกรรมเครือข่าย

ผลการวิจัยและการอภิปรายผล

ในการศึกษานี้ ได้มีการพัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ประเภท SEIR บนโครงสร้างเครือข่าย เพื่อใช้วิเคราะห์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในระบบเกษตรกรรมที่มีการเชื่อมโยงระหว่างพื้นที่ปลูกหลายแห่ง แบบจำลองแบ่งประชากรพืชออกเป็นสี่กลุ่ม ได้แก่ พืชที่ยังไม่ติดเชื้อ (S), พืชที่ได้รับเชื้อแต่ยังไม่แสดงอาการ (E), พืชที่ติดเชื้อและสามารถแพร่เชื้อได้ (I), และพืชที่ฟื้นตัวหรือถูกกำจัด (R) โดยแต่ละพื้นที่มีพลวัตของโรคเป็นของตนเอง และมีการเชื่อมโยงกันผ่านพารามิเตอร์ที่สะท้อนการเคลื่อนย้ายพืชหรือแมลงพาหะระหว่างพื้นที่ เช่น อัตราการเคลื่อนย้ายระหว่างพื้นที่ปลูก

แนวทางการสร้างแบบจำลองนี้ได้รับแรงบันดาลใจจากงานของ Keeling and Rohani [18] ซึ่งเสนอการใช้โครงสร้างเครือข่ายในการศึกษาการแพร่ระบาดในระบบที่มีความซับซ้อน โดยเฉพาะในบริบทที่มีการเชื่อมโยงระหว่างหน่วยย่อยหลายแห่ง การคำนวณค่าดัชนีการแพร่ระบาดพื้นฐาน (R_0) ใช้แนวคิดของเมทริกซ์รุ่นถัดไป ตามแนวทางของ van den Driessche และ Watmough [16] ซึ่งช่วยให้สามารถประเมินความสามารถในการแพร่ระบาดของโรคในระบบเครือข่ายได้อย่างเป็นระบบและแม่นยำ

จากการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของ R_0 ต่อพารามิเตอร์ต่าง ๆ โดยอิงจากวิธีการของ Chitnis et al. [19] พบว่าอัตราการติดเชื้อ (β) และอัตราการฟื้นตัว (γ) เป็นพารามิเตอร์ที่มีผลกระทบต่อ R_0 มากที่สุด โดยมีค่าความอ่อนไหวเท่ากับ +1.0 และ -1.0 ตามลำดับ ซึ่งหมายความว่า หากอัตราการติดเชื้อเพิ่มขึ้น 1% ค่า R_0 จะเพิ่มขึ้นประมาณ 1% ขณะที่การเพิ่มขึ้นของอัตราการฟื้นตัวจะช่วยลดค่า R_0 ในอัตราเดียวกัน

นอกจากนี้ พารามิเตอร์อื่น ๆ เช่น จำนวนพืชในแต่ละพื้นที่ (N_1, N_2) และการเชื่อมโยงระหว่างพื้นที่ (w_{12}, w_{21}) มีค่าความอ่อนไหวอยู่ที่ประมาณ +0.5 ซึ่งแสดงว่ามีผลต่อการแพร่ระบาดในระดับปานกลาง โดยเฉพาะในบริบทที่มีการเคลื่อนย้ายพืชระหว่างพื้นที่อย่างต่อเนื่อง ผลการวิเคราะห์นี้สอดคล้องกับข้อเสนอของ Sélley et al. [20] ที่ชี้ให้เห็นว่าการเคลื่อนย้ายในเครือข่ายสามารถเร่งการแพร่ระบาดได้อย่างมีนัยสำคัญ

จากผลการศึกษาดังกล่าวสามารถเสนอแนวทางการควบคุมโรคได้อย่างเป็นระบบ โดยเน้นการลดอัตราการติดเชื้อผ่านการควบคุมแมลงพาหะ การใช้พันธุ์พืชที่ต้านทานโรค และการจัดการแปลงปลูกให้เหมาะสม รวมถึงการเพิ่มอัตราการฟื้นตัวของพืช เช่น การกำจัดพืชที่ติดเชื้ออย่างรวดเร็ว หรือการใช้สารกระตุ้นภูมิคุ้มกัน นอกจากนี้ การวางแผนการปลูกและการเคลื่อนย้ายพืชอย่างรอบคอบจะช่วยลดความเสี่ยงในการแพร่ระบาดข้ามพื้นที่ และการนำแบบจำลองไปใช้ร่วมกับข้อมูลภาคสนามจะช่วยสนับสนุนการตัดสินใจเชิงนโยบายได้อย่างมีประสิทธิภาพ

สรุปผล

การศึกษานี้ได้พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์บนโครงสร้างเครือข่าย เพื่อใช้วิเคราะห์การแพร่ระบาดของโรคใบด่างมันสำปะหลังในระบบเกษตรกรรมที่มีการเชื่อมโยงระหว่างพื้นที่ปลูกหลายแห่ง โดยแบบจำลองสามารถจำแนกประชากรพืชออกเป็นกลุ่มต่าง ๆ ตามสถานะของโรค และสะท้อนพลวัตของการแพร่ระบาดในแต่ละพื้นที่ได้อย่างแม่นยำ

การคำนวณค่าสืบพันธุ์พื้นฐาน (R_0) ด้วยแนวคิดของเมทริกซ์รุ่นถัดไป ทำให้สามารถประเมินความสามารถในการแพร่ระบาดของโรคในระบบเครือข่ายได้อย่างเป็นระบบ ขณะเดียวกันการวิเคราะห์ค่าความอ่อนไหวของ R_0 ต่อพารามิเตอร์ต่าง ๆ ช่วยให้สามารถระบุปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อการแพร่ระบาดได้อย่างชัดเจน โดยพบว่าอัตราการติดเชื้อและอัตราการฟื้นตัวของพืชเป็นปัจจัยหลักที่มีผลกระทบสูงสุด

นอกจากนี้ ผลการจำลองยังแสดงให้เห็นว่าการเคลื่อนย้ายพืชหรือแมลงพาหะระหว่างพื้นที่มีบทบาทสำคัญในการเร่งการแพร่ระบาด โดยเฉพาะในระบบที่มีการเชื่อมโยงอย่างต่อเนื่อง ซึ่งสอดคล้องกับแนวคิดการแพร่ระบาดบนเครือข่ายที่ปรากฏในงานวิจัยก่อนหน้านี้

จากผลการศึกษา สามารถเสนอแนวทางเชิงนโยบายเพื่อการควบคุมโรคที่มีประสิทธิภาพและยั่งยืน ได้แก่

1. การจัดการแปลงปลูกอย่างเหมาะสม เช่น การเว้นระยะปลูก การกำจัดเศษซากพืช และการควบคุมการเคลื่อนย้ายต้นพันธุ์
2. การส่งเสริมการใช้พันธุ์ต้านทานและการบำรุงรักษาที่เหมาะสม เพื่อเพิ่มอัตราการฟื้นตัวของพืช
3. การกำหนดมาตรการควบคุมการเคลื่อนย้ายพืชและแมลงพาหะในระดับพื้นที่และระดับนโยบาย

4. การบูรณาการข้อมูลภาคสนามเข้ากับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ เพื่อสนับสนุนการตัดสินใจเชิงนโยบายอย่างมีหลักฐานรองรับ

ผลลัพธ์จากแบบจำลองนี้จึงสามารถใช้เป็นเครื่องมือเชิงวิชาการในการออกแบบมาตรการควบคุมโรคใบด่างมันสำปะหลัง ทั้งในระดับพื้นที่และระดับประเทศ เพื่อสร้างความมั่นคงทางการเกษตรอย่างยั่งยืน

REFERENCES

- [1] S. Chaowongdee, S. Malichan, P. Pongpamorn, A. Peamane, and W. Siriwan, "Metabolic profiles of Sri Lankan cassava mosaic virus-infected and healthy cassava (*Manihot esculenta* Crantz) cultivars with tolerance and susceptibility phenotypes," *BMC Plant Biol.*, vol. 23, 2023, Art. no. 178, doi: 10.1186/s12870-023-04181-3.
- [2] P. J. De Barro, S. S. Liu, L. M. Boykin, and A. B. Dinsdale, "Bemisia tabaci: A statement of species status," *Annu. Rev. Entomol.*, vol. 56, pp. 1–19, 2011, doi: 10.1146/annurev-ento-112408-085504.
- [3] C. Rakkrai, T. Chomdate, W. Khampanich, P. Paechaisri, D. Chaironkaew, and P. Maneechote, "Evaluation of disease resistance of cassava lines introduced from Nigeria to Sri Lankan Cassava Mosaic virus, the causal agent of cassava mosaic disease, under greenhouse conditions," (in Thai), *Thai Agric. Res. J.*, vol. 40, no. 3, pp. 226–237, 2022.
- [4] N. H. Shah and J. Gupta, "SEIR model and simulation for vector borne diseases," *Appl. Math.*, vol. 4, no. 8A, pp. 13–17, 2013, doi: 10.4236/am.2013.48A003.
- [5] G. R. Phajjoo and D. B. Gurung, "Sensitivity analysis of SEIR-SEI model of dengue disease," 2025, *arXiv:2501.17196*.
- [6] Y. Takeguchi and K. Yagasaki, "Optimal control of the SEIR epidemic model using a dynamical systems approach," *Jpn. J. Ind. Appl. Math.*, vol. 41, pp. 297–316, 2024, doi: 10.1007/s13160-023-00605-7.
- [7] F. Minhós, A. Raza, U. Shafique, and M. Mohsin, "Modeling, analysis, and transmission dynamics of cassava mosaic disease through stochastic fractional delay differential equations," *Mathematics*, vol. 13, no. 3, 2025, Art. no. 383, doi: 10.3390/math13030383.
- [8] S. Reja, F. Al Basir, and K. Aldawsari, "A discrete-time mathematical model for mosaic disease dynamics in cassava: Neimark–Sacker bifurcation and sensitivity analysis," *AIMS Math.*, vol. 10, no. 8, pp. 18295–18320, 2025, doi: 10.3934/math.2025817.
- [9] T. Kinene, L. S. Luboobi, B. Nannyonga, and G. G. A. Mwanga, "A mathematical model for the dynamics and cost effectiveness of the current controls of cassava brown streak disease in Uganda," *J. Math. Comput. Sci.*, vol. 5, pp. 567–600, 2015.
- [10] J. P. Legg et al., "Comparing the regional epidemiology of the cassava mosaic and cassava brown streak virus pandemics in Africa," *Virus Res.*, vol. 159, no. 2, pp. 161–170, 2011, doi: 10.1016/j.virusres.2011.04.018.
- [11] P. Sseruwagi, W. S. Sserubombwe, J. P. Legg, J. Ndunguru, and J. M. Thresh, "Methods of surveying the incidence and severity of cassava mosaic disease and whitefly vector populations on cassava in Africa: A review," *Virus Res.*, vol. 100, no. 1, pp. 129–142, 2004, doi: 10.1016/j.virusres.2003.12.021.



- [12] J. P. Legg, B. Owor, P. Sseruwagi, and J. Ndunguru, "Cassava mosaic virus disease in East and Central Africa: Epidemiology and management of a regional pandemic," *Adv. Virus Res.*, vol. 67, pp. 355–418, 2006, doi: 10.1016/S0065-3527(06)67010-3.
- [13] J. P. Legg and J. M. Thresh, "Cassava virus diseases in Africa," *African Crop Sci. J.*, vol. 9, no. 3, pp. 471–500, 2001, doi: 10.4314/acsj.v9i3.27762
- [14] D. Fargette, M. J. Jeger, C. Fauquet, and L. D. C. Fishpool, "Analysis of temporal disease progress of African cassava mosaic virus," *Phytopathology*, vol. 84, no. 1, pp. 89–91, 1994, doi: 10.1094/Phyto-84-89.
- [15] Y. N. Xiao and F. van den Bosch, "The dynamics of an eco-epidemic model with biological control," *Ecol. Model.*, vol. 168, no. 2–3, pp. 203–214, 2003, doi: 10.1016/S0304-3800(03)00156-2.
- [16] P. van den Driessche and J. Watmough, "Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission," *Math. Biosci.*, vol. 180, no. 1–2, pp. 29–48, 2002, doi: 10.1016/S0025-5564(02)00108-6.
- [17] S. Brakken-Thal, "Gershgorin's theorem for estimating eigenvalues," 2007. [Online]. Available: <https://linear.ups.edu/buzzard.ups.edu/courses/2007spring/projects/brakkenthal-paper.pdf>
- [18] M. J. Keeling and P. Rohani, *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton, NJ, USA: Princeton Univ. Press, 2008.
- [19] N. Chitnis, J. M. Hyman, and J. M. Cushing, "Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model," *Bull. Math. Biol.*, vol. 70, no. 5, pp. 1272–1296, 2008, doi: 10.1007/s11538-008-9299-0.
- [20] F. Sélley, Á. Besenyei, I. Z. Kiss, and P. L. Simon, "Dynamic control of modern epidemics: A network-based approach," *Sci. Rep.*, vol. 5, 2015, Art. no. 11745, doi: 10.1038/srep11745.