

การพัฒนาแบบจำลองพยากรณ์โรคไข้เลือดออกในเขตสุขภาพที่ 8 โดยใช้ SARIMA

และ Holt-Winters Exponential Smoothing: Python

Development of a Forecasting Model for Dengue Infection in Health Region 8

Using SARIMA and Holt-Winters Exponential Smoothing: Python

กฤษณะ สุภาวงศ์ ส.ม. (วิทยาการระบาด)¹Kitsana Sugawong M.P.H. (Epidemiology)¹ทรงยศ ศรีหริ่ง ส.ม. (สุขศึกษาและส่งเสริมสุขภาพ)²Songyot Sriring M.P.H. (Health Education and Health Promotion)²ฐิตินันท์ กล่ำศิริ วท.บ. (การส่งเสริมสุขภาพ)¹Thitinan Klamsiri B.Sc. (Health Promotion)¹¹สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 8 จังหวัดอุดรธานี¹Office of Disease Prevention and Control
Region 8 Udon Thani²มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรธานี²Udon Thani Rajabhat University

Received: May 22, 2025

Revised: September 3, 2025

Accepted: September 10, 2025

บทคัดย่อ

โรคไข้เลือดออกเป็นปัญหาสาธารณสุขสำคัญในเขตสุขภาพที่ 8 งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาและประเมินประสิทธิภาพแบบจำลองพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกรายเดือน โดยใช้เทคนิค SARIMA (Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average) และ Holt-Winters Exponential Smoothing เพื่อสนับสนุนการวางแผนควบคุมโรค ศึกษาจากข้อมูลผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในเขตสุขภาพที่ 8 ระหว่างปี พ.ศ. 2563-2567 แบ่งข้อมูลเป็นชุดฝึก พ.ศ. 2563-2566 และชุดทดสอบ พ.ศ. 2567 แบบจำลอง SARIMA ถูกสร้างโดยวิเคราะห์ภาวะนิ่งและพารามิเตอร์จากกราฟ ACF/PACF ส่วน Holt-Winters Exponential Smoothing (Additive) ถูกเลือกใช้เพื่อรองรับข้อมูลที่มีแนวโน้มและฤดูกาล ประเมินประสิทธิภาพด้วยค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์ (MAE), รากที่สองของค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนกำลังสอง (RMSE) และร้อยละความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์เฉลี่ย (MAPE) ผลการศึกษา พบว่าแบบจำลอง SARIMA(2,0,0)(0,0,0)[12] intercept มีค่า MAE = 213.96, RMSE = 333.00, และ MAPE = 49.65% ซึ่งพยากรณ์แนวโน้มภาพรวมได้ดี แต่ยังไม่แม่นยำในการตรวจจับจุดสูงสุดของการระบาดได้ ขณะที่แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing (Additive) มีค่า MAE = 193.02, RMSE = 234.03, และ MAPE = 52.32% ซึ่งสะท้อนแนวโน้มตามฤดูกาลได้ใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากกว่า สรุปและข้อเสนอแนะ Holt-Winters มีความแม่นยำเชิงสัมบูรณ์ (MAE และ RMSE) ที่ดีกว่า SARIMA ในการพยากรณ์โรคไข้เลือดออกรายเดือน โดยเฉพาะในการตรวจจับรูปแบบฤดูกาล แม้ว่า MAPE จะสูงกว่าเล็กน้อย แบบจำลองทั้งสองมีประโยชน์ต่างกัน โดย SARIMA เหมาะกับวางแผนเชิงนโยบายระยะยาว ส่วน Holt-Winters เหมาะกับการเตรียมความพร้อมระยะสั้นและตอบสนองต่อสถานการณ์ ทั้งนี้ ควรดำเนินการวิจัยเพิ่มเติมโดยบูรณาการปัจจัยอื่น ๆ เพื่อเพิ่มความแม่นยำของการพยากรณ์

คำสำคัญ: โรคไข้เลือดออก, การพยากรณ์โรค, SARIMA, Holt-Winters, Python

Abstract

Dengue infection is a significant public health issue in Health Region 8. This study aims to develop and evaluate the performance of monthly dengue case forecasting models using Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average (SARIMA) and Holt-Winters Exponential Smoothing techniques to support disease control planning. The study utilized dengue case data from Health Region 8 during 2020–2024. The dataset was divided into a training set (2020–2023) and a testing set (2024). The SARIMA model was constructed by analyzing stationarity and determining parameters from The Autocorrelation Function (ACF) and Partial Autocorrelation Function (PACF) plots. The additive Holt-Winters Exponential Smoothing method was chosen to accommodate data exhibiting trends and seasonality. Model performance was evaluated using Mean Absolute Error (MAE), Root Mean Square Error (RMSE), and Mean Absolute Percentage Error (MAPE). The results showed that The SARIMA (2,0,0) (0,0,0)[12] model with intercept yielded MAE = 213.96, RMSE = 330.00, and MAPE = 49.65%, effectively forecasting the overall trend but lacking precision in detecting outbreak peaks. In contrast, the Holt-Winters Exponential Smoothing (Additive) model achieved MAE = 193.02, RMSE = 234.03, and MAPE = 52.32%, reflecting seasonal patterns more closely to the observed data. For the conclusion and recommendation, The Holt-Winters model demonstrated superior absolute accuracy (MAE and RMSE) compared to SARIMA in monthly dengue case forecasting, particularly in capturing seasonal patterns, although it exhibited a slightly higher MAPE. Both models offer distinct advantages: SARIMA is suitable for long-term policy planning, while Holt-Winters is more appropriate for short-term preparedness and response. Further research integrating additional factors is recommended to enhance forecasting accuracy.

Keywords: Dengue infection, Disease forecasting, SARIMA, Holt-Winters, Python

บทนำ

โรคไข้เลือดออกเป็นโรคติดต่อที่เกิดจากไวรัสเดงกี (Dengue virus) ซึ่งมียุงลายบ้าน (*Aedes aegypti*) เป็นพาหะนำโรคที่สำคัญ ซึ่งนับว่าโรคนี้เป็นปัญหาสาธารณสุขสำคัญของโลก ที่มีการแพร่กระจายเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะในประเทศเขตร้อนและกึ่งเขตร้อนที่ได้รับผลกระทบในด้านสุขภาพ เศรษฐกิจ และระบบบริการสาธารณสุข ซึ่งปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อการระบาด ได้แก่ การเปลี่ยนแปลงของสภาพภูมิอากาศ การขยายตัวของเขตเมือง และการเดินทางระหว่างประเทศ ซึ่งเอื้อต่อการแพร่กระจายของโรคไปยังพื้นที่ใหม่ ๆ การควบคุมและป้องกันโรคไข้เลือดออกจึงต้องอาศัยความร่วมมือจากทุกภาคส่วน รวมถึงการมีส่วนร่วมของประชาชน

ในการดำเนินมาตรการควบคุมยุงลายอย่างต่อเนื่อง⁽¹⁾ จากข้อมูลเฝ้าระวังโรคของประเทศไทยในปี พ.ศ. 2567 พบผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกสะสม จำนวน 105,250 ราย คิดเป็นอัตราป่วย 159.09 ต่อประชากรแสนคน และมีผู้เสียชีวิต 114 ราย (อัตราป่วยตาย ร้อยละ 0.11) โดยกลุ่มอายุ 65 ปีขึ้นไป มีอัตราป่วยตายสูงสุด สำหรับเขตสุขภาพที่ 8 พบผู้ป่วยสะสม 4,695 ราย อัตราป่วย 85.11 ต่อประชากรแสนคน และมีผู้เสียชีวิต 2 ราย (อัตราป่วยตาย ร้อยละ 0.04) โดยช่วงที่มีการระบาดสูงสุดของโรค มักอยู่ในเดือนกรกฎาคมถึงสิงหาคม และมีแนวโน้มการระบาดต่อเนื่องตั้งแต่เดือนเมษายนถึงตุลาคมของทุกปี⁽²⁾

การพยากรณ์โรคล่วงหน้า เป็นเครื่องมือสำคัญที่ช่วยให้หน่วยงานสาธารณสุขสามารถวางแผนมาตรการป้องกันและควบคุมโรคได้อย่างมีประสิทธิภาพ รวมถึงใช้ในการวางแผนบริการรักษา ลดผลกระทบทางเศรษฐกิจและสังคม และสร้างความตระหนักรู้แก่ประชาชน ปัจจุบันการวิเคราะห์เชิงทำนายมักดำเนินการด้วยภาษา Python ซึ่งเป็นภาษาการเขียนโปรแกรมที่ได้รับความนิยม เนื่องจากมีโครงสร้างที่เข้าใจง่าย ใช้งานฟรี และรองรับไลบรารีด้าน Machine Learning, Deep Learning และ Data Science เช่น NumPy, SciPy, matplotlib และ scikit-learn⁽³⁾

แบบจำลองอนุกรมเวลา (Time Series Models) เป็นเครื่องมือที่ได้รับความนิยมในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วย เช่น แบบจำลอง SARIMA (Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average) และ Holt-Winters Exponential Smoothing ซึ่งสามารถจัดการกับข้อมูลที่มีลักษณะฤดูกาลได้อย่างเหมาะสม จากงานวิจัยที่ผ่านมา เช่น การพยากรณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในจังหวัดตาก พ.ศ. 2566 พบว่าแบบจำลอง SARIMA มีค่า MAPE สูงถึง 117.54 และให้ค่าพยากรณ์ผิดพลาด แต่สามารถชี้แนวโน้มการระบาดในแต่ละเดือนได้⁽⁴⁾ ขณะที่แบบจำลอง Holt-Winters แบบ Multiplicative ให้ผลการพยากรณ์ที่แม่นยำมากขึ้น⁽⁵⁾ และเมื่อเปรียบเทียบกับ Exponential Smoothing กับ Box-Jenkins Method พบว่า แต่ละวิธีมีความแม่นยำต่างกัน ขึ้นอยู่กับระดับการระบาด⁽⁶⁾ การเลือกใช้แบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters แทนการใช้โมเดล Machine Learning ขั้นสูง เช่น LSTM หรือ Facebook Prophet เนื่องจากโมเดลเชิงสถิติเหล่านี้ สามารถอธิบายผลได้อย่างโปร่งใส ใช้งานง่าย และเหมาะกับบริบทของหน่วยงานสาธารณสุขในพื้นที่ ที่อาจมีข้อจำกัดด้านทรัพยากรและบุคลากร อีกทั้งข้อมูลที่ใช้ในการศึกษานี้มีขนาดไม่ใหญ่มาก การใช้แบบจำลองเชิงลึกอาจไม่ก่อให้เกิดประโยชน์เพิ่มเติม และมีความเสี่ยงต่อการ Overfitting ซึ่งอาจทำให้ผลพยากรณ์ขาดความแม่นยำในทางปฏิบัติ

อย่างไรก็ตาม ยังไม่มีงานวิจัยในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 8 ที่ใช้วิธีการพยากรณ์รูปแบบนี้มาก่อน ดังนั้น คณะผู้วิจัยจึงได้พัฒนาแบบจำลองพยากรณ์โรคไข้เลือดออกในเขตสุขภาพที่ 8 โดยใช้ SARIMA และ Holt-Winters Exponential Smoothing ด้วยภาษา Python อันจะเป็นประโยชน์ต่อการวางแผนและตัดสินใจด้านการควบคุมโรคไข้เลือดออกได้อย่างมีประสิทธิภาพและประสิทธิผลต่อไป

วัตถุประสงค์

1. เพื่อพัฒนาแบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters สำหรับการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 8
2. เพื่อเปรียบเทียบความแม่นยำของแบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters ในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกล่วงหน้า

3. เพื่อเสนอแนวทางการพัฒนารูปแบบการพยากรณ์โรค และการนำไปใช้กำหนดมาตรการป้องกันควบคุมโรคไข้เลือดออกของหน่วยงานสาธารณสุขและหน่วยงานที่เกี่ยวข้อง

วิธีการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการวิจัยเชิงปริมาณ (Quantitative Research) โดยใช้วิธีการพยากรณ์ข้อมูลอนุกรมเวลา (Time Series Forecasting) เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพและความแม่นยำของแบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters ในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในเขตสุขภาพที่ 8 โดยใช้ภาษา Python

1. ประชากรและกลุ่มตัวอย่าง

1.1 ประชากรที่ใช้ในการศึกษา

ประชากรคือ ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก ที่ได้รับการวินิจฉัยตามนิยามโรคและแนวทางการรายงานโรคติดต่ออันตราย ตั้งแต่เดือนมกราคม 2563 ถึงธันวาคม 2567 และรายงานผ่านระบบเฝ้าระวังโรค 506 ซึ่งจัดเก็บโดยสำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 8 จังหวัดอุดรธานี ผ่านระบบเฝ้าระวังโรค ZR506 Dashboard รู้ทัน ป้องกันได้

1.2 กลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษา

กลุ่มตัวอย่าง คือ จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกทั้งหมด ตั้งแต่เดือนมกราคม 2563 ถึง ธันวาคม 2567 จำนวน 21,557 ราย

2. เครื่องมือที่ใช้ในการศึกษา

2.1 การจัดการข้อมูล ได้แก่ ระบบเฝ้าระวังโรค ZR506 Dashboard รู้ทัน ป้องกันได้ สำหรับดึงข้อมูลจำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 8 และโปรแกรม Microsoft Excel ใช้จัดเก็บและเตรียมข้อมูล

2.2 การพัฒนาและวิเคราะห์แบบจำลอง ใช้ภาษา Python ผ่าน Google Colab โดยมีไลบรารีหลัก ได้แก่

2.2.1 Holt-Winters

1) pandas สำหรับการโหลดข้อมูล

2) ฟังก์ชัน Exponential Smoothing จาก statsmodels เพื่อสร้างแบบจำลอง Holt-Winters

แบบ Additive

2.2.2 SARIMA

1) pandas สำหรับการโหลดข้อมูล

2) Statsmodels สำหรับพัฒนาแบบจำลอง SARIMA ด้วยฟังก์ชัน SARIMAX

3) scikit-learn สำหรับปรับแต่งพารามิเตอร์ด้วย GridSearchCV และประเมินแบบจำลอง

2.3 การแสดงผลและการวิเคราะห์เชิงภาพ โดยใช้ Matplotlib และ Seaborn สำหรับสร้างกราฟเปรียบเทียบค่าพยากรณ์กับค่าจริง

3. การวิเคราะห์ข้อมูล

การวิเคราะห์ข้อมูลจากการพัฒนาแบบจำลองการพยากรณ์โรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 โดยแบ่งตามประเภทของแบบจำลอง ดังนี้

3.1 แบบจำลอง SARIMA (Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average)

3.1.1 วิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นและตรวจสอบคุณสมบัติของอนุกรมเวลา (Exploratory Data Analysis and Time Series Properties Check)

1) สร้างกราฟอนุกรมเวลาเพื่อสังเกตแนวโน้ม (Trend), ฤดูกาล (Seasonality) และความแปรปรวน (Variance)

2) ตรวจสอบภาวะนิ่ง (Stationarity) ของอนุกรมเวลา (ทดสอบ Augmented Dickey-Fuller (ADF Test) โดยกำหนดระดับนัยสำคัญทางสถิติ ($\alpha = 0.05$) และหากผลการทดสอบ ADF ไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($p\text{-value} > \alpha$) จะพิจารณาว่าข้อมูลไม่นิ่งและต้องทำการหาผลต่าง (Differencing) เพื่อให้ข้อมูลนิ่ง

3.1.2 แบ่งข้อมูล (Data Splitting) โดยแบ่งข้อมูลอนุกรมเวลาออกเป็นชุดข้อมูลฝึก (Training Set) และชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) โดยแบ่งตามช่วงเวลา ดังนี้

1) ชุดข้อมูลฝึกใช้สำหรับสร้างและปรับแต่งแบบจำลอง (พ.ศ.2563 ถึง 2566)
2) ชุดข้อมูลทดสอบใช้สำหรับประเมินประสิทธิภาพการพยากรณ์ของแบบจำลองกับข้อมูลที่ไม่เคยเห็นมาก่อน (พ.ศ. 2567)

3.1.3 การระบุค่าสั่งของแบบจำลอง (Model Identification)

1) สร้างฟังก์ชันสหสัมพันธ์อัตโนมัติ (Autocorrelation Function - ACF) และฟังก์ชันสหสัมพันธ์บางส่วน (Partial Autocorrelation Function - PACF) ของอนุกรมเวลา

2) ใช้กราฟ ACF และ PACF เพื่อกำหนดค่า p, d, q และ P, D, Q, s สำหรับแบบจำลอง SARIMA โดยที่ (p, d, q) คือ ส่วนที่ไม่ใช่ฤดูกาล (Non-seasonal part) และ $(P, D, Q)s$ คือ ส่วนที่เป็นฤดูกาล (Seasonal part) โดย s คือ ความยาวของฤดูกาล โดยกำหนดไว้ 12 เดือน

คำย่อ

p คือ จำนวนค่า autoregressive (AR) ในส่วนไม่เป็นฤดูกาล d คือ จำนวนครั้งที่

ต้อง difference (ลบความไม่คงที่) ในส่วนไม่เป็นฤดูกาล

q คือ จำนวนค่า moving average (MA) ในส่วนไม่เป็นฤดูกาล

P คือ จำนวนค่า autoregressive (AR) สำหรับฤดูกาล

D คือ จำนวนครั้งที่ต้อง difference สำหรับฤดูกาล

Q คือ จำนวนค่า moving average (MA) สำหรับฤดูกาล

3.1.4 การประมาณค่าพารามิเตอร์แบบจำลอง (Parameter Estimation)

1) ใช้คำสั่ง SARIMAX ในไลบรารี statsmodels ของ Python เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ของแบบจำลอง SARIMA ที่ระบุค่าสั่งไว้

3.1.5 การตรวจสอบความเหมาะสมของแบบจำลอง

1) ตรวจสอบเศษเหลือ (Residuals) ของแบบจำลอง

1.1) สร้างภาพวิเคราะห์เศษเหลือเพื่อตรวจสอบว่าเศษเหลือมีการกระจายแบบสุ่ม (White Noise) หรือไม่

- 1.2) ทดสอบ Ljung-Box Test เพื่อตรวจสอบว่าเศษเหลือไม่มีสหสัมพันธ์อัตโนมัติ
- 2) เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางสถิติของแบบจำลอง ได้แก่ AIC (Akaike Information Criterion) และ BIC (Bayesian Information Criterion) เพื่อเลือกแบบจำลองที่ดีที่สุด
- 3) เปรียบเทียบค่าสถิติความคลาดเคลื่อน (Error Metrics) ได้แก่ RMSE (Root Mean Squared Error), MAE (Mean Absolute Error), MAPE (Mean Absolute Percentage Error) โดยคำนวณจากชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) เพื่อประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลองกับข้อมูลที่ไม่เคยเห็นมาก่อนอย่างแท้จริง

3.1.6 การพยากรณ์ (Forecasting) โดยใช้แบบจำลอง SARIMA ที่เหมาะสมที่สุดเพื่อพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกล่วงหน้า 12 เดือน (มกราคม 2568 - ธันวาคม 2568) นำเสนอด้วยกราฟ และตาราง

3.2 แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing

3.2.1 การวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น (Exploratory Data Analysis)

- 1) สร้างกราฟอนุกรมเวลาเพื่อสังเกตแนวโน้ม (Trend), ฤดูกาล (Seasonality)
- 2) ระบุประเภทของ Holt-Winters ที่เหมาะสม โดยประเภท Additive Holt-Winters เหมาะสมสำหรับข้อมูลที่แนวโน้มและฤดูกาลมีการเปลี่ยนแปลงแบบคงที่ ส่วน Multiplicative Holt-Winters เหมาะสมสำหรับข้อมูลที่แนวโน้มและฤดูกาลมีการเปลี่ยนแปลงแบบเป็นสัดส่วน

3.2.2 การประมาณค่าพารามิเตอร์ (Parameter Estimation)

- 1) ใช้คำสั่ง ExponentialSmoothing ในไลบรารี statsmodels ของ Python
- 2) กำหนด seasonal_periods 12 เดือน
- 3) กำหนด trend ('add' สำหรับ additive trend, 'mul' สำหรับ multiplicative trend)
- 4) กำหนด seasonal ('add' สำหรับ additive seasonality, 'mul' สำหรับ multiplicative seasonality) โดยแบบจำลองจะทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ Alpha (ระดับ), Beta (แนวโน้ม), Gamma (ฤดูกาล) โดยอัตโนมัติเพื่อลดข้อผิดพลาดในการพยากรณ์

3.2.3 การตรวจสอบความเหมาะสมของแบบจำลอง (Model Diagnostics/Validation) เปรียบเทียบค่าสถิติความคลาดเคลื่อน (Error Metrics) ได้แก่ MAE (Mean Absolute Error), RMSE (Root Mean Squared Error), MAPE (Mean Absolute Percentage Error) โดยคำนวณจากชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) เพื่อประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลองกับข้อมูลที่ไม่เคยเห็นมาก่อนอย่างแท้จริง

3.2.4 การพยากรณ์ (Forecasting) ใช้แบบจำลอง Holt-Winters ที่เหมาะสมที่สุดเพื่อพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกล่วงหน้า 12 เดือน (มกราคม 2568 - ธันวาคม 2568) นำเสนอด้วยกราฟ และตาราง

4. การพิทักษ์สิทธิกลุ่มตัวอย่าง

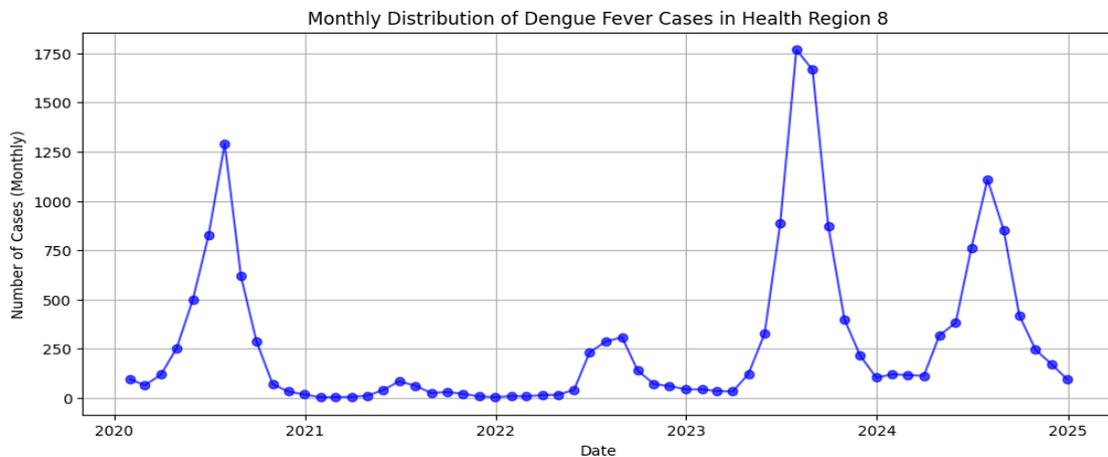
โครงการวิจัยผ่านการพิจารณาและรับรองโครงการวิจัยในมนุษย์จากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรธานี เลขที่รับรองโครงการ อว 0622.7/172

ผลการศึกษา

ผลการพัฒนาและเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters ในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในเขตสุขภาพที่ 8 นำเสนอผลดังต่อไปนี้

1. แบบจำลอง SARIMA (Seasonal Autoregressive Integrated Moving Average)

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นและตรวจสอบคุณสมบัติของอนุกรมเวลา พบว่าแนวโน้มของข้อมูลผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ระหว่างปี พ.ศ.2563-2567 มีลักษณะเป็นฤดูกาล (Seasonality) ที่ชัดเจน โดยจำนวนผู้ป่วยเพิ่มสูงขึ้นในช่วงกลางปีของแต่ละปี โดยเฉพาะเดือนพฤษภาคมถึงกันยายน (ฤดูฝน) ลักษณะการระบาดของโรคเป็นแบบคลื่น (Epidemic Wave) โดยมียอดผู้ป่วยสูงสุดที่ในปี พ.ศ. 2563 และ 2566 และแนวโน้มจะเพิ่มสูงขึ้นอีกครั้งในปลายปี พ.ศ. 2567 หลังการระบาดสูงมักมีช่วงที่ยอดผู้ป่วยลดต่ำลงหลายเดือน ก่อนที่จะพบผู้ป่วยสูงขึ้นอีกครั้ง โดยรวมแล้ว จำนวนผู้ป่วยยังคงแปรผันตามฤดูกาล และยังไม่ลดลงต่อเนื่องในระยะยาว ดังภาพที่ 1



ภาพที่ 1 แนวโน้มผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก จำแนกรายเดือน ตั้งแต่ปี พ.ศ.2563-2567 เขตสุขภาพที่ 8

จากการตรวจสอบข้อมูลผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ระหว่างปี พ.ศ.2563-2567 พบว่า อยู่ในสถานะนิ่ง (stationary) แล้ว สามารถใช้แบบจำลอง SARIMA ได้ และไม่จำเป็นต้องทำการหาผลต่าง (Differencing)

จากการพัฒนาแบบจำลอง SARIMA ในการพยากรณ์โรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 พบว่าโมเดลที่ดีที่สุด (Best model) คือ ARIMA(2,0,0)(0,0,0)[12] intercept ผลลัพธ์ของแบบจำลอง SARIMAX ที่ได้ทำการประมาณค่า (SARIMAX(2, 0, 0)) โดยใช้ข้อมูลจำนวน 48 ค่า ระหว่างวันที่ 1 มกราคม 2563 ถึง 31 ธันวาคม 2566 พบว่าค่า AIC และ BIC อยู่ในระดับที่เหมาะสมสำหรับการเปรียบเทียบกับโมเดลอื่นได้ (AIC = 652.558, BIC = 660.043) ค่า Ljung-Box (L1) Q = 0.52 และ ค่า Prob(Q) = 0.47 ซึ่งมากกว่า 0.05 แสดงว่าเศษเหลือ (residuals) ไม่มี serial correlation อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ กล่าวคือ เศษเหลือมีลักษณะสุ่มไม่แสดงรูปแบบหรือความสัมพันธ์กับตัวเองในอดีต ค่า Heteroskedasticity (H) = 1.34 และ Prob(H) = 0.57 ซึ่งมากกว่า 0.05 แสดงว่า ไม่มีปัญหา heteroskedasticity อย่างมีนัยสำคัญ เศษเหลือมีความแปรปรวนคงที่ ดังนั้น เศษเหลือจากแบบจำลองนี้มีการกระจายแบบสุ่ม (White Noise) ดังภาพที่ 2

SARIMAX Results						
=====						
Dep. Variable:	y	No. Observations:	48			
Model:	SARIMAX(2, 0, 0)	Log Likelihood	-322.279			
Date:	Wed, 14 May 2025	AIC	652.558			
Time:	08:01:01	BIC	660.043			
Sample:	01-31-2020	HQIC	655.387			
	- 12-31-2023					
Covariance Type:	opg					
=====						
	coef	std err	z	P> z	[0.025	0.975]

intercept	77.0805	74.624	1.033	0.302	-69.180	223.341
ar.L1	1.2653	0.102	12.427	0.000	1.066	1.465
ar.L2	-0.5764	0.112	-5.155	0.000	-0.796	-0.357
sigma2	3.826e+04	5513.990	6.938	0.000	2.74e+04	4.91e+04
=====						
Ljung-Box (L1) (Q):	0.52	Jarque-Bera (JB):	65.42			
Prob(Q):	0.47	Prob(JB):	0.00			
Heteroskedasticity (H):	1.34	Skew:	1.11			
Prob(H) (two-sided):	0.57	Kurtosis:	8.27			
=====						

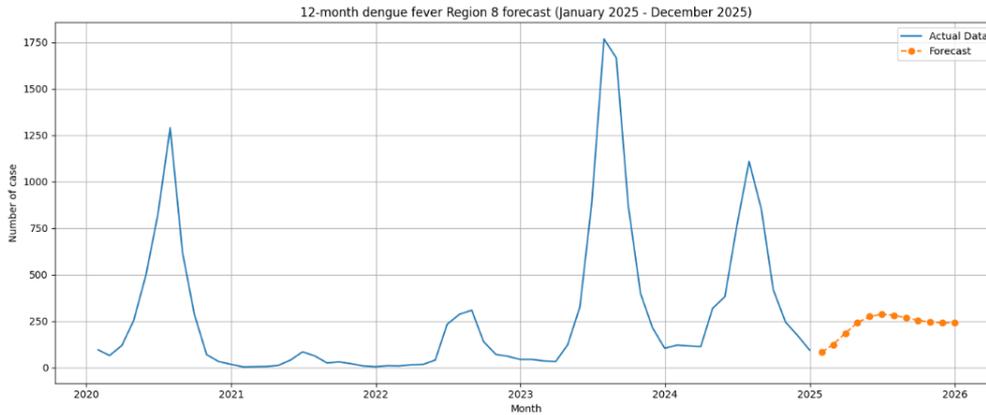
ภาพที่ 2 ผลการตรวจสอบสมมติฐานสำหรับ Residual ของแบบจำลอง SARIMAX(2,0,0)

ผลการเปรียบเทียบค่าสถิติความคลาดเคลื่อน พบว่า แบบจำลอง SARIMA มีค่าความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์เฉลี่ยจากค่าจริง (MAE) จำนวน 213.96 ราย ค่ารากที่สองของค่าเฉลี่ยกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (RMSE) จำนวน 333.00 ราย แปลผลได้ว่า แบบจำลองมีความคลาดเคลื่อนจากค่าจริงประมาณ 213–333 ราย และค่าที่แบบจำลอง SARIMA พยากรณ์ได้มีความคลาดเคลื่อนเฉลี่ยจากค่าจริง (MAPE) ร้อยละ 49.65 ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 ผลการประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลอง SARIMA

ค่าประเมิน	ผลการประเมิน (หน่วย)
MAE (Mean Absolute Error)	213.96 (ราย)
RMSE (Root Mean Squared Error)	333.00 (ราย)
MAPE (Mean Absolute Percentage Error)	49.65 (ร้อยละ)

การพยากรณ์โดยใช้แบบจำลอง SARIMA โมเดล ARIMA(2,0,0)(0,0,0)[12] intercept เพื่อพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ล่วงหน้า 12 เดือน (มกราคม 2568 – ธันวาคม 2568) พบว่า จากกราฟแสดงข้อมูลจริง (Actual Data) และผลการพยากรณ์ (Forecast) คาดการณ์ว่า ปี พ.ศ. 2568 จะมีจำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก จำนวน 2,717 ราย โดยไม่มีการระบาดสูงเหมือนข้อมูลจริงในอดีต จำนวนผู้ป่วยที่คาดการณ์ในแต่ละเดือนของปี พ.ศ. 2568 มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเล็กน้อยในช่วงต้นปี และคงที่ในช่วงกลางถึงปลายปี โดยไม่มีสัญญาณของการระบาดรุนแรง ซึ่งแตกต่างจากข้อมูลในอดีตที่แสดงลักษณะการระบาดเป็นรอบ มีช่วงที่ผู้ป่วยเพิ่มขึ้นสูงมาก และลดลงอย่างรวดเร็ว ดังภาพที่ 3 และตารางที่ 2



ภาพที่ 3 พยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ปี พ.ศ. 2568 ด้วยแบบจำลอง SARIMA

ตารางที่ 2 พยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ปี พ.ศ. 2568 ด้วยแบบจำลอง SARIMA

เดือน	ม.ค.	ก.พ.	มี.ค.	เม.ย.	พ.ค.	มิ.ย.	ก.ค.	ส.ค.	ก.ย.	ต.ค.	พ.ย.	ธ.ค.	รวม
จำนวนผู้ป่วย	83	123	185	240	274	286	281	267	254	244	240	240	2,717

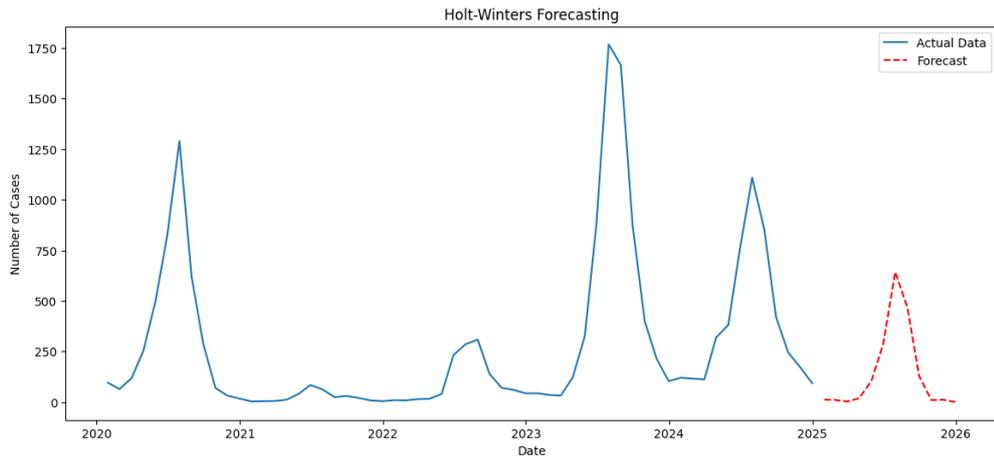
2. แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing

ผลการเปรียบเทียบค่าสถิติความคลาดเคลื่อน พบว่า แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing มีค่าความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์เฉลี่ยจากค่าจริง (MAE) จำนวน 193.02 ราย ค่ารากที่สองของค่าเฉลี่ยกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (RMSE) จำนวน 234.03 ราย แปลผลได้ว่า แบบจำลองมีความคลาดเคลื่อนจากค่าจริง ประมาณ 193–234 ราย และค่าที่แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing พยากรณ์ได้มีความคลาดเคลื่อนเฉลี่ยจากค่าจริง (MAPE) ร้อยละ 52.32 ดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 ผลการประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing

ค่าประเมิน	ผลการประเมิน (หน่วย)
MAE (Mean Absolute Error)	193.02 (ราย)
RMSE (Root Mean Squared Error)	234.03 (ราย)
MAPE (Mean Absolute Percentage Error)	52.32 (ร้อยละ)

การพยากรณ์ โดยใช้แบบจำลอง Holt-Winters แบบ Additive เนื่องจากข้อมูลที่มีแนวโน้มและฤดูกาล มีการเปลี่ยนแปลงแบบคงที่ เพื่อพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ล่วงหน้า 12 เดือน (มกราคม 2568 – ธันวาคม 2568) พบว่าจากกราฟแสดงข้อมูลจริง (Actual Data) และผลการพยากรณ์ (Forecast) คาดการณ์ว่า ปี พ.ศ.2568 จะมีจำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก จำนวน 1,689 ราย โดยจะพบการระบาดสูงเหมือนข้อมูลจริงในอดีต ในช่วงเดือนมิถุนายน - สิงหาคม จำนวนผู้ป่วยที่คาดการณ์ในแต่ละเดือนของปี พ.ศ. 2568 มีแนวโน้มที่แสดงลักษณะการระบาดเช่นเดียวกับข้อมูลจริงในอดีต ดังภาพที่ 4 และตารางที่ 4



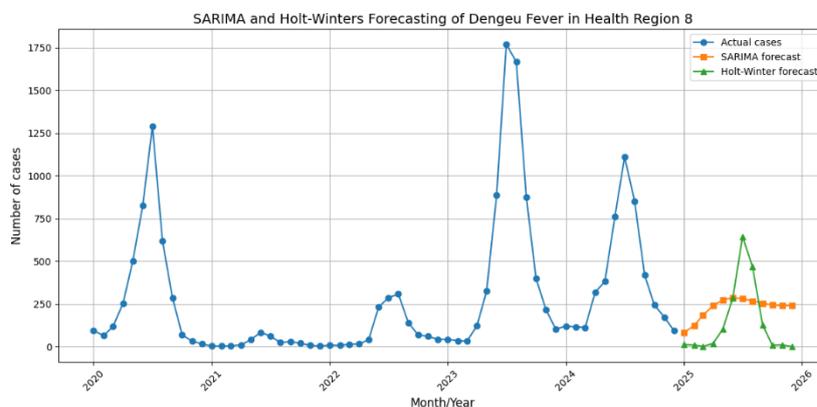
ภาพที่ 4 พยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ปี พ.ศ. 2568 ด้วยแบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing

ตารางที่ 4 พยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ปี พ.ศ. 2568 ด้วยแบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing

เดือน	ม.ค.	ก.พ.	มี.ค.	เม.ย.	พ.ค.	มิ.ย.	ก.ค.	ส.ค.	ก.ย.	ต.ค.	พ.ย.	ธ.ค.	รวม
จำนวนผู้ป่วย	12	10	2	19	103	285	643	467	128	9	11	0	1,689

3. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลอง SARIMA กับ Holt-Winters

จากผลการพยากรณ์โรคไข้เลือดออก เขตสุขภาพที่ 8 ปี พ.ศ. 2568 พบความแตกต่างของแบบจำลอง SARIMA และ Holt-Winters Exponential Smoothing เมื่อเปรียบเทียบกับข้อมูลจริง โดย SARIMA มีแนวโน้มพยากรณ์ที่ราบเรียบ ส่วน Holt-Winters Exponential Smoothing มีความผันผวนสูง และมีค่าคาดการณ์จุดสูงสุดที่แตกต่างจาก SARIMA ดังภาพที่ 5



ภาพที่ 5 เปรียบเทียบผลการพยากรณ์โรคไข้เลือดออก ระหว่างแบบจำลอง SARIMA กับ Holt-Winters

จากผลการประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลอง SARIMA กับ Holt-Winters พบว่า แบบจำลอง Holt-Winters มีค่าความคลาดเคลื่อนจากค่าจริง (MAE) ต่ำกว่าแบบจำลอง SARIMA และรากที่สองของค่าเฉลี่ยกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (RMSE) ของแบบจำลอง Holt-Winters มีค่าต่ำกว่าแบบจำลอง SARIMA โดยเฉลี่ยแล้วค่าที่แบบจำลอง SARIMA พยากรณ์ได้มีความคลาดเคลื่อนจากค่าจริง (MAPE) ต่ำกว่าแบบจำลอง Holt-Winters ดังตารางที่ 5

ตารางที่ 5 ผลการประเมินประสิทธิภาพของแบบจำลอง SARIMA กับ Holt-Winters

ค่าประเมิน	SARIMA (ARIMA(2,0,0)(0,0,0)[12] intercept	Holt-Winters Exponential Smoothing Additive
MAE	213.96	193.02
RMSE	333.00	234.03
MAPE	49.65	52.32

อภิปรายและสรุปผลการศึกษา

จากผลการศึกษาพบว่า แบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing (Additive) มีค่าความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์เฉลี่ย (MAE = 193.02) และค่ารากที่สองของค่าเฉลี่ยกำลังสองของความคลาดเคลื่อน (RMSE = 234.03) ต่ำกว่าแบบจำลอง SARIMA(2,0,0)(0,0,0) intercept (MAE = 213.96, RMSE = 330.00) สะท้อนว่า Holt-Winters มีความแม่นยำเชิงสัมบูรณ์มากกว่าในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกรายเดือนในเขตสุขภาพที่ 8 อย่างไรก็ตาม ค่าร้อยละความคลาดเคลื่อนสัมบูรณ์เฉลี่ย (MAPE) ของ Holt-Winters (52.32%) สูงกว่า SARIMA (49.65%) เล็กน้อย ซึ่งสอดคล้องกับข้อค้นพบในงานวิจัยนี้ที่ระบุว่า SARIMA สามารถพยากรณ์แนวโน้มภาพรวมได้ดี แต่ยังมีข้อจำกัดในการตรวจจับจุดสูงสุดของการระบาดได้อย่างแม่นยำ ในขณะที่ Holt-Winters สะท้อนแนวโน้มตามฤดูกาลได้ใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากกว่า และสอดคล้องกับงานวิจัยของวัชรภรณ์ อุณแสนดี และคณะ ที่ศึกษาการพยากรณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในจังหวัดตาก พบว่า SARIMA มีค่า MAPE สูง ซึ่งอาจไม่เหมาะสมกรณีโรคที่มีลักษณะการเกิดตามช่วงฤดูกาลที่รุนแรง⁽⁴⁾ ทั้งนี้สาเหตุที่ค่า MAPE ของแบบจำลอง Holt-Winters สูงมาก เกิดจากธรรมชาติของข้อมูลโรคไข้เลือดออก ซึ่งมีความผันผวนตามฤดูกาล โดยบางเดือนมีจำนวนผู้ป่วยต่ำมากหรือใกล้ศูนย์ ส่งผลให้เมื่อคำนวณ MAPE ซึ่งจะใช้ค่าจริงเป็นตัวหาร เมื่อมีความคลาดเคลื่อนเพียงเล็กน้อยก็ถูกขยายเป็นเปอร์เซ็นต์ที่สูงขึ้นได้ อีกทั้งการเกิดการระบาดแบบเป็นคลื่นที่มีค่าสูงสุด แตกต่างชัดเจนในแต่ละปี จะทำให้ MAPE มีความอ่อนไหวต่อค่าผิดปกติ ดังนั้น จึงควรตีความค่า MAPE อย่างระมัดระวัง และใช้ MAE และ RMSE ร่วมในการประเมินความแม่นยำของแบบจำลองเพื่อความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น⁽⁹⁾

แบบจำลอง Holt-Winters สามารถสะท้อนแนวโน้มตามฤดูกาลได้ใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากกว่า โดยเฉพาะในช่วงที่มีการระบาดสูงสุดของโรค ส่วน SARIMA แม้จะพยากรณ์แนวโน้มภาพรวมได้ดี แต่ยังมีข้อจำกัดในการตรวจจับจุดสูงสุดของการระบาดอย่างแม่นยำ ผลลัพธ์นี้สอดคล้องกับงานวิจัยที่ผ่านมา ซึ่งพบว่า แบบจำลอง Holt-Winters เหมาะสมกับข้อมูลที่มีฤดูกาลชัดเจน ส่วนแบบจำลอง Holt-Winters Exponential Smoothing (Additive)

ซึ่งมีความสามารถในการจัดการกับแนวโน้ม (Trend) และรูปแบบฤดูกาล (Seasonal Pattern) ได้อย่างชัดเจน ให้ค่า MAE และ RMSE ที่ต่ำกว่า SARIMA แสดงให้เห็นถึงความแม่นยำเชิงสัมบูรณ์ที่ดีกว่าในการพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกรายเดือน และสามารถสะท้อนรูปแบบการระบาดตามฤดูกาลได้ใกล้เคียงกับข้อมูลจริงมากกว่า การที่แบบจำลอง Holt-Winters สามารถปรับตัวตามข้อมูลได้รวดเร็วกว่า โดยเฉพาะเมื่อมีการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นอย่างฉับพลันหรือในช่วงที่มีการระบาดสูง ทำให้แบบจำลองนี้มีความเหมาะสมสำหรับการพยากรณ์ในระยะสั้นถึงปานกลาง เพื่อการเตรียมความพร้อมเชิงปฏิบัติการ งานวิจัยนี้ สอดคล้องกับแนวคิดของ Chen และ Moraga ที่ชี้ว่าแบบจำลองอนุกรมเวลาแบบดั้งเดิม เช่น SARIMA อาจมีข้อจำกัดในการตอบสนองต่อค่าผิดปกติหรือการเปลี่ยนแปลงอย่างรวดเร็ว ในขณะที่เทคนิค Exponential Smoothing ที่มีความยืดหยุ่นกว่าอาจให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าในสถานการณ์ที่ข้อมูลมีความผันผวนสูง⁽⁸⁾

โดยสรุป แบบจำลองทั้งสองมีประโยชน์ในบริบทที่แตกต่างกัน SARIMA อาจเหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์แนวโน้มระยะยาวและการวางแผนเชิงนโยบายในภาพรวมระดับเขตสุขภาพ เนื่องจากสามารถบ่งชี้ถึงรูปแบบฤดูกาลที่คาดการณ์ได้ แต่มีข้อจำกัดในการพยากรณ์ค่าเฉพาะจุดที่แม่นยำ ส่วน Holt-Winters มีความเหมาะสมมากกว่า สำหรับการพยากรณ์เชิงปฏิบัติการในระยะสั้นถึงปานกลาง เช่น การประเมินความต้องการทรัพยากรการจัดสรรบุคลากร หรือการวางแผนการควบคุมและป้องกันโรคในแต่ละเดือน เนื่องจากมีความแม่นยำเชิงสัมบูรณ์ที่สูงกว่าและสามารถสะท้อนความผันผวนตามฤดูกาลได้ดี

ข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งได้ทำการพัฒนาและประเมินแบบจำลองพยากรณ์โรคไข้เลือดออกด้วยเทคนิค SARIMA และ Holt-Winters Exponential Smoothing พบว่า แบบจำลองทั้งสอง มีศักยภาพในการพยากรณ์ข้อมูลอนุกรมเวลาที่มีลักษณะฤดูกาล อย่างไรก็ตาม เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพและความแม่นยำในการพยากรณ์โรคไข้เลือดออกในอนาคต รวมถึงเพื่อให้งานวิจัยสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในทางปฏิบัติได้อย่างเกิดประโยชน์สูงสุด จึงมีข้อเสนอแนะดังต่อไปนี้

1. หน่วยงานสาธารณสุขระดับอำเภอ/จังหวัด/เขต และองค์การปกครองส่วนท้องถิ่นทุกแห่ง ควรนำผลการศึกษาไปประยุกต์ใช้ในการพยากรณ์โรคไข้เลือดออกโดยใช้ฐานข้อมูลระดับพื้นที่ เพื่อนำไปใช้วางแผนในการป้องกันควบคุมโรคที่เหมาะสมกับบริบทต่อไป

2. การบูรณาการปัจจัยภายนอก (Exogenous Variables) เพื่อเพิ่มความแม่นยำ

งานวิจัยในอนาคตควรพิจารณาการนำปัจจัยภายนอกที่มีอิทธิพลต่อการระบาดของโรคไข้เลือดออกเข้ามาในแบบจำลอง ซึ่งอาจรวมถึงปัจจัยทางภูมิอากาศ (เช่น อุณหภูมิ ปริมาณน้ำฝน ความชื้น) ปัจจัยด้านสิ่งแวดล้อม (เช่น ความหนาแน่นของยุงพาหะ ดัชนีลูกน้ำยุงลาย การจัดการขยะ) ปัจจัยทางสังคมและประชากร (เช่น ความหนาแน่นของประชากร พฤติกรรมการป้องกันโรค) หรือแม้กระทั่งข้อมูลเชิงการเคลื่อนย้ายของประชากร การบูรณาการข้อมูลเหล่านี้ เข้ากับแบบจำลองอนุกรมเวลา เช่น การใช้ SARIMAX (SARIMA with Exogenous Variables) หรือเทคนิค Machine Learning/Deep Learning จะช่วยให้แบบจำลองสามารถตรวจจับความสัมพันธ์ที่ซับซ้อนและเพิ่มความแม่นยำในการพยากรณ์ได้อย่างมีนัยสำคัญ

3. การประเมินและเปรียบเทียบกับแบบจำลองการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning/Deep Learning Models)

แม้ว่าแบบจำลองอนุกรมเวลาแบบดั้งเดิม เช่น SARIMA และ Holt-Winters จะให้ผลลัพธ์ที่ดีในระดับหนึ่ง แต่ในปัจจุบันเทคนิค Machine Learning และ Deep Learning เช่น Recurrent Neural Networks (RNNs), Long Short-Term Memory (LSTM), Prophet, หรือ Gradient Boosting Models ได้รับการพิสูจน์แล้วว่ามีความสามารถในการจัดการกับข้อมูลอนุกรมเวลาที่มีรูปแบบซับซ้อนและไม่เป็นเชิงเส้น การมีการศึกษาเปรียบเทียบประสิทธิภาพของแบบจำลองปัจจุบันกับเทคนิคเหล่านี้ เพื่อสำรวจความเป็นไปได้ในการพัฒนาแบบจำลองพยากรณ์ที่มีความแม่นยำและยืดหยุ่นมากยิ่งขึ้น

4. การวิเคราะห์ในระดับพื้นที่จังหวัด/อำเภอ/ตำบล

การพยากรณ์ในระดับเขตสุขภาพ ให้ภาพรวมที่เป็นประโยชน์สำหรับการวางแผนเชิงนโยบาย อย่างไรก็ตาม เพื่อให้การควบคุมและป้องกันโรคมีประสิทธิภาพสูงสุด ควรมีการขยายผลการศึกษาไปสู่การวิเคราะห์และพัฒนาแบบจำลองพยากรณ์ในระดับพื้นที่ เช่น รายจังหวัด อำเภอ หรือระดับตำบล การวิเคราะห์ในระดับพื้นที่ย่อยนี้ จะช่วยให้สามารถระบุพื้นที่เสี่ยงสูงได้อย่างแม่นยำยิ่งขึ้น และสามารถวางแผนหรือจัดสรรทรัพยากรได้อย่างตรงจุดและทันที่ให้กับสถานการณ์การระบาดในแต่ละพื้นที่ได้

5. การพัฒนาแพลตฟอร์มพยากรณ์แบบเรียลไทม์ (Real-time Forecasting Platform)

เพื่ออำนวยความสะดวกในการใช้งานจริง ควรพิจารณาการพัฒนาแพลตฟอร์มหรือระบบที่สามารถประมวลผลข้อมูลผู้ป่วยใหม่ๆ และให้ผลการพยากรณ์แบบเรียลไทม์หรือกึ่งเรียลไทม์ได้ ระบบดังกล่าวควรมีส่วนต่อประสานกับผู้ใช้ (User Interface) ที่เข้าใจง่าย และสามารถนำเสนอผลการพยากรณ์พร้อมช่วงความเชื่อมั่น (Confidence Interval) เพื่อให้บุคลากรสาธารณสุขและผู้มีอำนาจตัดสินใจ สามารถนำข้อมูลไปใช้ในการวางแผนและตัดสินใจได้อย่างรวดเร็วและมีประสิทธิภาพ

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอแสดงความขอบคุณอย่างสูง ต่อผู้อำนวยการสำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 8 จังหวัดอุดรธานี ที่ให้การสนับสนุนและคำแนะนำ ตลอดจนการดำเนินโครงการวิจัย ขอขอบคุณบุคลากรกลุ่มระบาดวิทยาและตอบโต้ภาวะฉุกเฉินทางสาธารณสุข กลุ่มพัฒนานวัตกรรมและวิจัย และเครือข่ายสำนักงานสาธารณสุขจังหวัดในเขตสุขภาพที่ 8 ที่ให้ความร่วมมือและสนับสนุนข้อมูลที่สำคัญต่อการศึกษา ตลอดจนขอขอบคุณคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยราชภัฏอุดรธานี ที่ให้ความเห็นชอบโครงการวิจัยฉบับนี้

เอกสารอ้างอิง

1. World Health Organization. Dengue and severe dengue. World Health Organization [Internet]. 2024 [cited 2025 Feb 20]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>

2. กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. แพลตฟอร์มเฝ้าระวังดิจิทัล รายงานสถานการณ์โรค. [อินเทอร์เน็ต]. [เข้าถึงเมื่อ 1 มีนาคม 2568]. เข้าถึงได้จาก: https://dvis3.ddc.moph.go.th/t/DDC_CENTER_DOE/views/DDS2/sheet33?%3Aembed=y&%3AisGuestRedirectFromVizportal=y
3. Pedregosa et al. Scikit-learn: Machine Learning in Python [Internet]. [Cited 2025 Mar 1]. Available from: <https://scikit-learn.org/>
4. วัชรภรณ์ ฉุนแสนดี, วัฒนา ชยธวัช, ปริญ ใจหนูน. การพยากรณ์จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออก จังหวัดตาก พ.ศ. 2566 [อินเทอร์เน็ต]. 2566 [เข้าถึงเมื่อ 20 มีนาคม 2567]. เข้าถึงได้จาก: <https://research.kpru.ac.th/journal/science/journal/3412024-09-11.pdf>
5. กาญจนา ยิงขาว, กัญญรัตน์ สระแก้ว. การพยากรณ์โรคไข้เลือดออก เขตพื้นที่เครือข่ายบริการที่ 9 ปี พ.ศ. 2556. วารสารรายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์. 2556; 44(37): 577-84.
6. ปณิธิ ธีมมวิจยะ. ความแม่นยำของการพยากรณ์ระยะสั้นของการเกิดโรคกลุ่มไข้เลือดออกด้วยการวิเคราะห์อนุกรมเวลา พ.ศ. 2551–2556. รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์. 2557; 45(15): 225-31.
7. Hyndman RJ., Athanasopoulos G. Forecasting: principles and practice. 2nd ed. Melbourne: OTexts; 2018 [Internet]. [Cited 2025 Mar 1]. Available from: <https://otexts.com/fpp2>
8. Chen, X, & Moraga P. Assessing dengue forecasting methods: a comparative study of statistical models and machine learning techniques in Rio de Janeiro, Brazil. Trop Med Health. [Internet]. 2025 [Cited 2025 April 2]; 53(52):23. Available from: <https://doi.org/10.1186/s41182-025-00723-7>
9. Jim Frost. Mean Absolute Percentage Error [MAPE] [Internet]. [Cited 2025 April 2]. Available from: https://statisticsbyjim.com/glossary/mean-absolute-percentage-error/?utm_source=chatgpt.com