



## PLAGIARISM SCAN REPORT



0%  
Plagiarised



100%  
Unique

Date 2021-05-05

Words 490

Characters 22829

## Content Checked For Plagiarism

การใช้แบบจำลองเครือข่าย DTN เพื่อศึกษาแนวโน้มการแพร่กระจายของโรคระบาด

จัดทำโดย

นาย ภูริณัฐ จิตมนัส รหัสนักศึกษา 61070171  
นาย วัฒนวิทย์ มิ่งเชื้อ รหัสนักศึกษา 61070205  
นาย วิศรุต แก้วงาม รหัสนักศึกษา 61070210

อาจารย์ประจำวิชา  
ผศ.ดร. สุเมธ ประภาวัต

ดร. ประพันธ์ ปวรังกูร  
รายงานนี้เป็นส่วนหนึ่งของวิชา 06016337 Network Performance  
หลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิตสาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ  
ภาคเรียนที่ 2 ปีการศึกษา 2563  
คณะเทคโนโลยีสารสนเทศสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

บทคัดย่อ

สร้างแบบจำลองการส่งข้อมูลแบบ DTN เพื่อศึกษาการแพร่ระบาดของไวรัสโดยทั้งพฤติกรรมของทั้งสองอย่างนี้ล้วนมีหลายสิ่งที่คล้ายๆ กัน เช่น การส่งข้อมูลไปให้ host ที่ยังไม่มีสำเนาและบริบทอื่นๆที่สามารถสื่อถึงกันได้เป็นอย่างดี ทางผู้จัดทำจึงต้องการนำแบบจำลองที่สร้างขึ้นเพื่อศึกษาว่าตัวแปรใดสามารถส่งผลการแพร่กระจายอย่างไรและตัวแปรใดมีผลต่อการแพร่ระบาดมากกว่ากัน

บทนำ

DTN หรือ Delay-tolerant networking เป็นสถาปัตยกรรมเครือข่ายชนิดหนึ่งซึ่งถูกสร้างขึ้นมาเพื่อแก้ไขปัญหาบางประการที่ส่งผลกระทบต่อ การสื่อสารแบบ end-to-end เช่นสภาพแวดล้อมที่การเชื่อมต่อมีสัญญาณรบกวน อุปกรณ์มักเคลื่อนที่ไปในจุดอับสัญญาณจนการสื่อสารแบบปกติไม่มีประสิทธิภาพ โดยวิธีการส่งจะเป็นการทำสำเนาฝากไปยังอุปกรณ์อื่นๆที่เข้าใกล้และส่งต่อไปเรื่อยๆจนถึงปลายทาง โดยพฤติกรรมในส่วนนี้มีความคล้ายคลึงกับการแพร่กระจายของไวรัส โดยเปรียบไวรัสเป็นสำเนาข้อมูล โฮสต์เป็นโหนดอุปกรณ์ time to live เป็นระยะเวลาที่โฮสต์สามารถรักษาตัวกลับมาได้ อัตราการใช้พลังงานเปรียบความสามารถของไวรัสในการฆ่าคน เป็นต้น โดยสิ่งเหล่านี้สามารถนำมาสร้างแบบจำลองซึ่งอ้างอิงซึ่งกันและกันได้

บททวนวรรณกรรม

แบบจำลองที่ทางผู้จัดทำสร้างขึ้นมาใช้หลักการของ DTN และโมเดลการแพร่กระจายของไวรัสดังนี้

1. ความสามารถในการเคลื่อนที่ของโหนดจะเป็นการเคลื่อนที่แบบสุ่ม

2. การค้นหาเส้นทาง (routing) จะเป็นประเภท Replication-based protocols โดยเป็นการสร้างสำเนาข้อมูลไปให้ผู้ติดต่อทั้งหมด
3. จากข้อ 2. ทางผู้จัดทำได้ใช้หลักการเลือกเส้นทางที่มีชื่อว่า epidemic routing เป็นประเภทหนึ่งของ Replication-based คือส่งสำเนาข้อมูลไปให้โหนดทุกตัวที่ยังไม่มีสำเนา ซึ่งเหมือนโรคระบาดที่จะติดคนที่ยังไม่เป็นโรค
4. โมเดลการแพร่ระบาดที่ผู้จัดทำจะกล่าวถึงจะใช้ 2 โมเดลเป็นหลักคือ SI และ SIR โดยสถานะ S-I-R (Susceptible- Infectious- Recovered) หมายถึง ประชากรที่อยู่ในสถานะติดโรคได้ ประชากรที่ติดเชื้อแล้ว และประชากรที่ติดเชื้อและมีภูมิคุ้มกันแล้วตามลำดับ โดย state จะไม่มีการเดินทางย้อนกลับหรือก็คือสถานะ S ไปสถานะ I และสถานะ I ไป state R ได้เท่านั้น

เป้าหมาย (Goals): ศึกษาผลการแพร่กระจายของไวรัสจากตัวแปร 3 ตัวแปรหลัก คือ จำนวนโหนด ระยะทางในการแพร่ และ Time to live โดยจะทำการทดลองว่าการเพิ่ม-ลดค่าตัวแปรเหล่านั้นมีผลต่อความสามารถในการแพร่อย่างน้อยเพียงใดและเข้าข่ายโรคระบาดได้หรือไม่ตามโมเดลการแพร่ระบาดโรคปกติ

การวัด (Metric): ประเมินจาก

\* ค่าเฉลี่ยเวลาในการแพร่ระบาดสู่ประชากร 99% คือระยะเวลาจากการทดลองโดยเฉลี่ยในการที่ผู้ติดเชื้อ 1 คนใช้ในการแพร่เชื้อสู่ประชากร 99%

\* จำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด คือจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมสูงสุดเทียบกับจำนวนประชากร

\* อัตราการแพร่ระบาด คือจำนวนผู้ติดเชื้อที่เพิ่มขึ้นในหนึ่งหน่วยเวลาโดยเฉลี่ย

วิธีการศึกษา (Method): เป็นการทำ simulation model โดยใช้ภาษา python จำลองการเคลื่อนที่ของโหนดในพื้นที่หนึ่ง โดยโค้ดที่ใช้และรูปภาพผลการทดลองสามารถดูได้จาก<https://github.com/FameIllusionMaya/DTN-Virus>

Simulation Parameter

ตัวแปร

ค่า

ขนาดพื้นที่

1000\*1000 หน่วย\*

667\*667 หน่วย

ขนาดโหนด

1\*1 หน่วย

ลักษณะการเคลื่อนที่

สุ่ม

ระยะการเดิน

-10 ถึง 10 ในแกน x และ y

จำนวนโหนด

[500\*, 750]

ระยะทางการแพร่

[24\*, 36]

Time to live

[100\*, 150]

\*แทนค่า default

เปรียบเทียบแบบจำลอง: กราฟผลลัพธ์จากแบบจำลองที่สร้างขึ้นมา เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับแบบจำลองการแพร่ระบาดของไวรัสพบว่าทิศทางของผลลัพธ์มีความคล้ายคลึงกันทั้งในโมเดล SI และ SIR ดังนั้นจึงสามารถสรุปได้ว่าแบบจำลอง DTN สามารถนำมาอธิบายการแพร่กระจายของไวรัสได้ และ simulation model ที่สร้างขึ้นสามารถใช้อ้างอิงผลลัพธ์ได้อย่างที่หวัง (ในรูปที่ 1.1 และ 1.2 คือผลลัพธ์ที่ได้จาก simulation model ที่สร้างขึ้นมาเองและรูปที่ 2.1 และ 2.2 คือผลลัพธ์จากแบบจำลองการแพร่ระบาด mathematical model โดยทั่วไป) โดยกำหนดค่าตัวแปร จำนวนโหนด ระยะการแพร่ และ time to live คือ 500 24 100 ตามลำดับ

รูปที่ 1.1 แบบจำลอง simulation แบบ SI

รูปที่ 1.2 แบบจำลอง simulation แบบ SIR

รูปที่ 2.1 แบบจำลองการแพร่ระบาดแบบ SI

รูปที่ 2.2 แบบจำลองการแพร่ระบาดแบบ SIR

ผลลัพธ์ระยะเวลาในการแพร่เชื้อสู่ประชากร 99%

### รูปที่ 3 กราฟแสดงระยะเวลาในการแพร่ระบาด

จากกราฟเป็นการทดลองโดยใช้แบบจำลอง SI เพื่อหาระยะเวลาในการแพร่ไวรัสจากผู้ติดเชื้อ 1 คนสู่ประชากร 99% (ติดเชื้อ 495 คนจาก 500 คนในแบบจำลอง) โดยทำการทดลองทั้งหมด 200 รอบและหาค่าเฉลี่ยซึ่งได้ผลลัพธ์ตามกราฟ

ตัวแปรที่กำหนดให้ต่างกันเพื่อดูความแตกต่าง คือ จำนวนโหนด-ระยะการแพร่-ขนาดพื้นที่การทดสอบ ซึ่งกำหนดค่าแตกต่างกันดังนี้

กราฟสีแดง (500-24-1000\*1000) กราฟสีส้ม (750-24-1000\*1000) กราฟสีน้ำเงิน (500-36-1000\*1000) กราฟสีม่วง (500-36-1000\*1000) โดยกราฟสีแดงเป็นค่าเริ่มต้นส่วนกราฟอื่นๆ จะมีการปรับตัวแปรให้มากกว่าค่าเริ่มต้นอีก 0.5 เท่า ยกเว้นขนาดพื้นที่ซึ่งปรับให้ขนาดตั้งต้นมีขนาดเป็น 1.5 เท่าของค่าที่ใช้ในการทดลองเนื่องจากยิ่งขนาดพื้นที่เล็กประสิทธิภาพการแพร่ระบาดดีกว่าพื้นที่ใหญ่ โดยภาพรวมแล้ว ตัวแปรที่ใช้ระยะเวลาในการแพร่เชื้อจากผู้ติดเชื้อ 1 คนสู่ประชากร 99% ได้เร็วที่สุด คือ ขนาดพื้นที่ ระยะทางการแพร่เชื้อ จำนวนประชากรและค่าเริ่มต้น ตามลำดับ โดยใช้ระยะเวลาในการแพร่เชื้อโดยเฉลี่ย คือ 83.44 136.155 217.215 และ 375.215 หน่วยตามลำดับ ซึ่งมีปริมาณต่ำกว่าค่าเริ่มต้นอยู่ที่ 4.496 2.755 และ 1.727 เท่า ตามลำดับ

ผลลัพธ์การทดลองจำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด:

### รูปที่ 4 กราฟแสดงจำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด

จากกราฟเป็นผลการทดลองโดยใช้แบบจำลอง SIR เพื่อหาจำนวนผู้ที่ยังติดเชื้อสูงสุด โดยจะทำการทดลองทั้งหมด 200 รอบและหาค่าเฉลี่ยซึ่งได้ผลลัพธ์ตามกราฟ

ตัวแปรที่กำหนดให้ต่างกันเพื่อดูความแตกต่าง คือ จำนวนโหนด-ระยะการแพร่-เวลาในการรักษา(time to live) ซึ่งกำหนดค่าแตกต่างกันดังนี้

กราฟสีแดง (500-24-100) กราฟสีส้ม (750-24-100) กราฟสีน้ำเงิน (500-36-100) กราฟสีม่วง (500-36-150) โดยกราฟสีแดงเป็นค่าเริ่มต้นส่วนกราฟอื่นๆ จะมีการปรับตัวแปรให้มากกว่าค่าเริ่มต้นอีก 0.5 เท่า โดยภาพรวมแล้ว ตัวแปรที่เพิ่มจำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด คือ จำนวนโหนด ระยะทางการแพร่เชื้อ ระยะเวลาในการรักษา และค่าตั้งต้น โดยมีผู้ติดเชื้อพร้อมกันใน 1 หน่วยเวลาสูงสุดโดยเฉลี่ย คือ 533.83 456.205 319.92 และ 228.22 คน ตามลำดับ ซึ่งมีปริมาณสูงกว่าค่าเริ่มต้นอยู่ที่ 2.33 1.99 และ 1.4 เท่า ตามลำดับ

ผลลัพธ์การทดลองอัตราการแพร่ระบาด:

### รูปที่ 5 กราฟแสดงอัตราการแพร่ระบาด

จากกราฟเป็นผลการทดลองโดยใช้แบบจำลอง SIR เพื่อหาอัตราการแพร่ระบาด โดยอัตราการแพร่ระบาดคิดจากจำนวนผู้ติดเชื้อโดยรวมทั้งหมดหารด้วยระยะเวลาในการทดลอง ซึ่งระยะเวลาจะเพิ่มขึ้นไปเรื่อยๆจนกว่าทุกคนติดเชื้อทั้งหมด หรือผู้ติดเชื้อหายดีทั้งหมด โดยจะทำการทดลองทั้งหมด 200 รอบและหาค่าเฉลี่ยซึ่งได้ผลลัพธ์ตามกราฟ

ตัวแปรที่กำหนดให้ต่างกันเพื่อดูความแตกต่าง คือ จำนวนโหนด-ระยะการแพร่-เวลาในการรักษา(time to live) ซึ่งกำหนดค่าแตกต่างกันดังนี้

กราฟสีแดง (500-24-100) กราฟสีส้ม (750-24-100) กราฟสีน้ำเงิน (500-36-100) กราฟสีม่วง (500-36-150) โดยกราฟสีแดงเป็นค่าเริ่มต้นส่วนกราฟอื่นๆ จะมีการปรับตัวแปรให้มากกว่าค่าเริ่มต้นอีก 0.5 เท่า โดยภาพรวมแล้ว ตัวแปรที่เพิ่มประสิทธิภาพในการแพร่ระบาดได้สูงสุด คือ จำนวนโหนด ระยะทางการแพร่เชื้อ ระยะเวลาในการรักษา และค่าเริ่มต้น โดยมีอัตราการแพร่เชื้อ คือ 2.835 2.757 1.07 และ 0.924 คนต่อหนึ่งหน่วยเวลา ตามลำดับ ซึ่งมีปริมาณสูงกว่าค่าเริ่มต้นอยู่ที่ 3.068 2.983 และ 1.158 เท่า ตามลำดับ

### ประโยชน์ของแบบจำลอง

- \* สามารถนำไปวิเคราะห์การแพร่ระบาดของไวรัสในภาพรวมได้
- \* สามารถวิเคราะห์ได้ว่าไวรัสเหล่านั้นมีแนวโน้มเป็นโรคระบาดหรือไม่ โดยวิเคราะห์จากกราฟอัตราการติดเชื้อในหน่วยเวลา ถ้าผลส่วนนั้นมีค่ามากกว่าอัตราการรักษาในหนึ่งหน่วยเวลา หมายความว่าไวรัสนั้นมีแนวโน้มที่จะก่อให้เกิดโรคระบาด

### สรุปผลการทดลอง

ในรายงานฉบับนี้ได้ใช้ตัวแปรที่ส่งผลต่อการแพร่ระบาดมาประมวลผลโดยใช้แบบจำลองที่สร้างขึ้นจากแบบจำลอง DTN หรือ delay tolerant network เพื่อจำลองการแพร่ระบาดของไวรัส ซึ่งจะจำลองการแพร่ระบาดแบบ SI และ SIR

ผลการจำลองแสดงให้เห็นว่า ตัวแปรที่ทำให้ไวรัสสามารถแพร่กระจายได้เร็วที่สุดคือ ขนาดพื้นที่ ระยะทางการแพร่เชื้อ และจำนวนประชากรตามลำดับ ซึ่งขนาดพื้นที่เล็กจะแพร่เชื้อได้ดีกว่าขนาดพื้นที่ใหญ่ (แปรผกผันกัน) ตรงกันข้ามกับ ระยะทางการแพร่เชื้อ และจำนวนประชากร ที่ความสามารถในการแพร่เชื้อจะแปรผันตรงซึ่งกันและกัน

กรณีที่มีการคิดการฟื้นตัวและมีภูมิคุ้มกันจากไวรัส ระยะเวลาในส่วนนี้ก็ส่งผลเช่นกัน ซึ่งระยะเวลาในการรักษาจะมีภูมิคุ้มกันถึงจะมีส่วนที่ระยะเวลาในการถือเชื้อที่มากขึ้นจะมีโอกาสในการแพร่เชื้อที่มากขึ้น แต่ส่งผลน้อยกว่า จำนวนประชากร และระยะทางการแพร่เชื้อ จำนวนผู้ติดเชื้อสะสมสูงสุดและอัตราการติดเชื้อในหนึ่งหน่วยเวลา จำนวนประชากรจะมีประสิทธิภาพดีกว่าระยะทางการแพร่เชื้อก็จริง แต่ผลลัพธ์ไม่ได้ต่างกันมาก

### เอกสารอ้างอิง

- \* คอนเซ็ปต์แบบจำลอง DTN และการแพร่กระจายของไวรัส [www.youtube.com/watch?v=niA-aZEnSA&t=320s](https://www.youtube.com/watch?v=niA-aZEnSA&t=320s)

\* โมเดลการแพร่ระบาด

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7557303/?fbclid=IwAR2qBaaazKkxCIbaiJDUVFsXtBlckbTqWkBE3iH4A4ps-dTrDScgymr-JLo](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7557303/?fbclid=IwAR2qBaaazKkxCIbaiJDUVFsXtBlckbTqWkBE3iH4A4ps-dTrDScgymr-JLo)

\* รูปภาพผลการแพร่ระบาดแบบ SI และ SIR [www.medium.com/data-นาฟาด/sir-model-คืออะไร-และใช้คาดคะเนการระบาดของโรคได้อย่างไร-e79c487e26b9](https://www.medium.com/data-นาฟาด/sir-model-คืออะไร-และใช้คาดคะเนการระบาดของโรคได้อย่างไร-e79c487e26b9)

ภาคผนวก

\* ข้อมูลแบบจำลองสามารถดูได้ที่ [www.github.com/FameIllusionMaya/DTN-Virus](https://www.github.com/FameIllusionMaya/DTN-Virus)

\* รูปภาพใน folder graph

\* ผลลัพธ์จากการประมวลผล 200 รอบใน folder result

## Matched Source

No plagiarism found