

**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 ปวรางกูร

**รายงานนี้เป็นส่วนหนึ่งของวิชา 06016**337Network Performance

**หลักสูตรวิทยาศาสตร์บัณฑิตสาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ**

**ภาคเรียนที่** 2 **ปีการศึกษา 2563**

**คณะเทคโนโลยีสารสนเทศสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง**

**บทคัดย่อ**

สร้างแบบจำลองการส่งข้อมูลแบบ DTN เพื่อศึกษาการแพร่ระบาดของไวรัสโดยทั้งพฤติกรรมของทั้งสองอย่างนี้ล้วนมีหลายสิ่งที่คล้ายๆกัน เช่น การส่งข้อมูลไปให้ host ที่ยังไม่มีสำเนาและบริบทอื่นๆที่สามารถสื่อถึงกันได้เป็นอย่างดี ทางผู้จัดทำจึงต้องการนำแบบจำลองที่สร้างขึ้นเพื่อศึกษาดูว่าตัวแปรใดสามารถส่งผลต่อการแพร่กระจายอย่างไรและตัวแปรใดมีผลต่อการแพร่ระบาดมากกว่ากัน

**บทนำ**

DTN หรือ Delay-tolerant networking เป็นสถาปัตยกรรมเครือข่ายชนิดหนึ่งซึ่งถูกสร้างขึ้นมาเพื่อแก้ไขปัญหาบางประการที่ส่งผลกระทบต่อการสื่อสารแบบ end-to-end เช่นสภาพแวดล้อมที่การเชื่อมต่อมีสัญญาณรบกวน อุปกรณ์มักเคลื่อนที่ไปในจุดอับสัญญาณจนการสื่อสารแบบปกติไม่มีประสิทธิภาพ โดยวิธีการส่งจะเป็นการทำสำเนาฝากไปยังอุปกรณ์อื่นๆที่เข้าใกล้และส่งต่อไปเรื่อยๆจนถึงปลายทางโดยพฤติกรรมในส่วนนี้มีความคล้ายคลึงกับการแพร่กระจายของไวรัส โดยเปรียบไวรัสเป็นสำเนาข้อมูล โฮสต์เป็นโหนดอุปกรณ์ time to live เป็นระยะเวลาที่โฮสต์สามารถรักษาตัวกลับมาได้ อัตราการใช้พลังงานเปรียบความสามารถของไวรัสในการฆ่าคน เป็นต้น โดยสิ่งเหล่านี้สามารถนำมาสร้างแบบจำลองซึ่งอ้างอิงซึ่งกันและกันได้

**ทบทวนวรรณกรรม**

แบบจำลองที่ทางผู้จัดทำด้สร้างขึ้นมาใช้หลักการของ 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-ลดค่าตัวแปรเหล่านั้นมีผลต่อความสามารถในการแพร่มากน้อยเพียงใดและเข้าข่ายโรคระบาดได้หรือไม่ตามโมเดลการแพร่ระบาดโรคปกติ

**การวัด (Metric):** ประเมินจาก

* ค่าเฉลี่ยเวลาในการแพร่ระบาดสู่ประชากร 99% คือระยะเวลาจากการทดลองโดยเฉลี่ยในการที่ผู้ติดเชื้อ 1 คนใช้ในการแพร่เชื้อสู่ประชากร 99%
* จำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด คือจำนวนผู้ติดเชื้อสะสมสูงสุดเทียบกับจำนวนประชากร
* อัตราการแพร่ระบาด คือจำนวนผู้ติดเชื้อที่เพิ่มขึ้นในหนึ่งหน่วยเวลาโดยเฉลี่ย

**วิธีการศึกษา (Method):** เป็นการทำ simulation model โดยใช้ภาษา python จำลองการเคลื่อนที่ของโหนดในพื้นที่หนึ่ง โดยโค้ดที่ใช้ และรูปกราฟผลการทดลองสามารถดูได้จากhttps://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] |
| ระทางการแพร่ | [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**

Chart

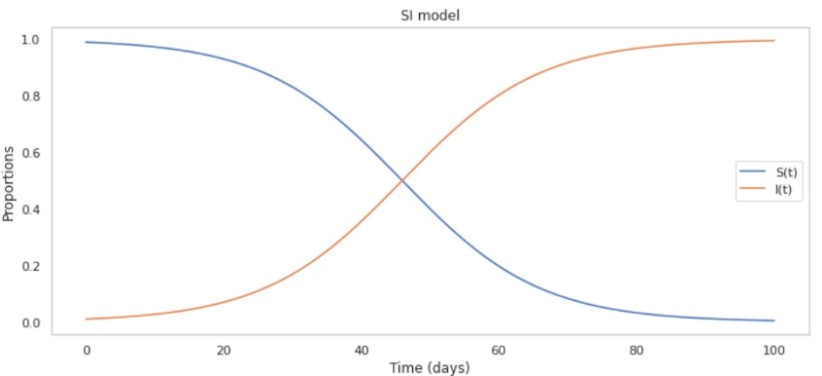
Description automatically generated

***รูปที่ 1.****1* ***แบบจำลอง*** *simulation* ***แบบ*** *SI*

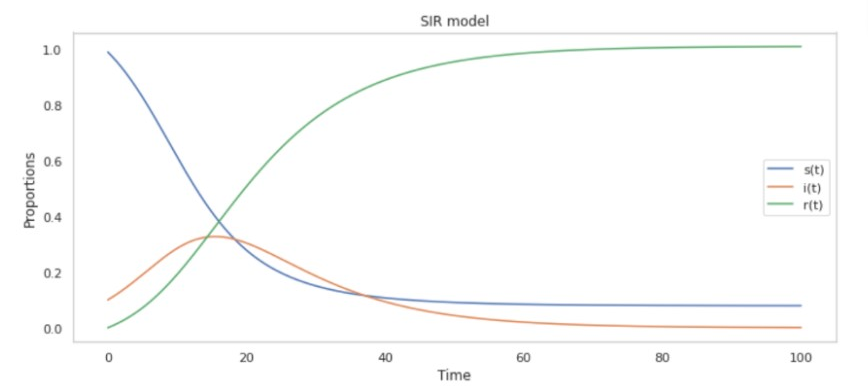
Chart, line chart

Description automatically generated

***รูปที่ 1.****2* ***แบบจำลอง*** *simulation* ***แบบ*** *SIR*



***รูปที่ 2.1 แบบจำลองการแพร่ระบาดแบบ*** *SI*



***รูปที่ 2.2 แบบจำลองการแพร่ระบาดแบบ*** *SIR*

ผลลัพธ์ระยะเวลาในการแพร่เชื้อสู่ประชากร **99%**

Chart, bar chart

Description automatically generated

***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 หน่วย ตามลำดับ ซึ่งมีปริมาณต่ำกว่าค่าเริ่มต้นอยู่ที่ 4.496 2.755 และ 1.727 เท่า ตามลำดับ**

ผลลัพธ์การทดลองจำนวนผู้ติดเชื้อสูงสุด**:**

**Chart, bar chart

Description automatically generated**

***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 ตัวแปรที่เพิ่มจำนวนผู้ติดเชื้อสูงที่สุด 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**:**

**Chart, bar chart

Description automatically generated**

***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 ตัวแปรที่เพิ่มประสิทธิภาพในการแพร่ระบาดได้สูงที่สุด 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 หมายความว่าไวรัสนั้นมีแนวโน้มที่จะก่อให้เดิดโรคระบาด

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 ซึ่งระยะเวลาในการรักษาจนมีภูมิคุ้มกันถึงจะมีส่วนที่ระยะเวลาในการถือเชื้อที่มากขึ้นจะมีโอกาสในการแพร่เชื้อที่มากขึ้น แต่ส่งผลน้อยกว่า จำนวนประชากร และระยะทางการแพร่เชื้อ**

**จำนวนผู้ติดเชื้อสะสมสูงสุดและอัตราการติดเชื้อในหนึ่งหน่วยเวลา จำนวนประชากรจะมีประสิทธิภาพดีกว่าระยะทางการแพร่เชื้อก็จริง แต่ผลลัพธ์ไม่ได้ต่างกันมาก**

เอกสารอ้างอิง

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

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7557303/?fbclid=IwAR2qBaaazKkxCIbaiJDUVFsXtBIckbTqWkBE3iH4A4ps-dTrDScgymr-JLo](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7557303/?fbclid=IwAR2qBaaazKkxCIbaiJDUVFsXtBIckbTqWkBE3iH4A4ps-dTrDScgymr-JLo)

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

ภาคผนวก

* **ข้อมูลแบบจำลองสามารถดูได้ที่** [www.github.com/FameIllusionMaya/DTN-Virus](http://www.github.com/FameIllusionMaya/DTN-Virus)
* **รูปกราฟใน** folder graph
* **ผลลัพธ์จากการประมวลผล 200 รอบใน** folder result