TSPI AI Engine — Domain Expert Answers for the Development Team

This document answers the seven remaining questions as far as they can be answered at this stage. It also distinguishes between:

Confirmed architectural decisions

Provisional implementation rules

Items that still require a structured clinical master table

The system may be implemented using the confirmed and provisional rules below, but Q1 and Q2 must remain version-controlled because laboratory interpretation depends on marker type, units, patient characteristics, clinical context, and the official TSPI axis definitions.

Q1. Which laboratory marker maps to which Axis, and which direction is considered healthy?

Answer

Each laboratory marker must be mapped to one or more of the 39 TSPI Axes.

The relationship should not always be treated as strictly one marker to one Axis. In many cases:

one marker may contribute to several Axes;

one Axis may be assessed using several markers;

the same marker may have different significance depending on the clinical context.

The system should therefore support:

One marker → one primary Axis

One marker → zero or more secondary Axes

However, the AI must avoid double-counting the same laboratory abnormality when it is mapped to multiple Axes.

Healthy-direction classification

Every marker must be assigned one of the following direction rules:

lower_better

higher_better

toward_range

context_dependent

derived_rule

1. lower_better

Used when progressively higher values generally indicate increasing dysfunction.

Examples:

CRP

HbA1c

fasting glucose, when elevated

triglycerides, when elevated

ALT or AST, when interpreted as markers of active cellular injury

urinary albumin excretion

inflammatory cytokines

2. higher_better

Used when a low value usually reflects deficiency or loss of biological capacity, up to a defined physiological range.

Examples may include:

hemoglobin in anemia

albumin in reduced synthesis or malnutrition

eGFR

HDL-C in an appropriate clinical context

certain antioxidant or nutrient markers

The engine must not interpret unlimited increases as beneficial. A physiological upper boundary must still be defined.

3. toward_range

Used for markers in which both low and high values may indicate dysfunction.

Examples:

TSH
sodium
potassium
calcium
white blood cell count
platelet count
body temperature
some hormones

The healthy direction is therefore:

outside range → toward the target interval

4. context_dependent

Used when interpretation depends strongly on factors such as:

age
sex
pregnancy
medication
acute illness
fasting status
kidney function
liver function
time of collection
exercise status
laboratory method

Examples may include:

ferritin
cortisol
creatinine
insulin
uric acid
thyroid hormones
sex hormones

5. derived_rule

Used when the AI should not interpret an isolated value alone but should calculate or evaluate a derived relationship.

Examples:

HOMA-IR
AST/ALT ratio
neutrophil-to-lymphocyte ratio
TG/HDL ratio
corrected calcium
anion gap
eGFR
albumin-to-creatinine ratio

fibrosis scores
Axis mapping principle
Marker-to-Axis mapping should reflect the biological process represented by the marker, not merely the organ from which the test originated.
For example, CRP may primarily map to an inflammatory or immune-regulatory Axis, but it can also support interpretation of metabolic dysfunction, vascular dysfunction, cellular stress, and CELA-related systemic effects when combined with other evidence.
Axis 39, the Cognitive-Emotional Loop Axis, is also connected to measurable signals such as cortisol, HRV, inflammatory markers, microbiome-related signals, and potentially neurophysiological data. It should not be scored from a single laboratory marker alone. 39 แกนทางชีววิทยา tspi.pdf
Required implementation structure
Recommended schema:
marker_id,
canonical_name,
aliases,
specimen_type,
unit,
primary_axis,
secondary_axes,
direction_rule,
target_low,
target_high,
reference_source,
context_rules,
minimum_required_context,
version,
status
Current status
Partially answered.
The architecture and interpretation rules are confirmed.
However, the full authoritative table assigning every laboratory marker to the 39 Axes still needs to be prepared and clinically reviewed.
The development team may proceed with the schema and loader, but the initial marker mappings should be labelled:
provisional_clinical_mapping = true
until the final marker registry is approved.
Q2. What laboratory values count as Optimal, Subclinical, Functional Impairment, and Pathological for each Axis?
Answer
The four TSPI severity states should be retained:
TSPI state
Meaning
Optimal
Biological function is within the desired physiological or protective range
Subclinical
Early deviation is present, but clear organ or system failure may not yet be evident
Functional Impairment

The abnormality is likely to be affecting biological performance or clinical symptoms
Pathological
The abnormality is consistent with clinically significant disease, marked dysfunction, or a potentially dangerous state
However, severity must not be defined only by one global cut-off table.
The engine must support five different threshold types.
Threshold type 1: Higher value means greater dysfunction
Example structure:
Optimal: value ≤ T1
Subclinical: T1 < value ≤ T2
Functional impairment: T2 < value ≤ T3
Pathological: value > T3
This may apply to markers such as elevated CRP or HbA1c, provided the cut-offs are clinically approved.
Threshold type 2: Lower value means greater dysfunction
Example structure:
Optimal: value ≥ T1
Subclinical: T2 ≤ value < T1
Functional impairment: T3 ≤ value < T2
Pathological: value < T3
This may apply to markers such as eGFR or hemoglobin in a low-value abnormality.
Threshold type 3: Two-sided abnormality
For markers such as sodium, potassium, TSH, white blood cell count, or platelets, both low and high abnormalities must be scored.
Example:
severe low ← functional low ← optimal interval → functional high → severe high
The system should therefore store separate low-side and high-side boundaries.
Threshold type 4: Patient-adjusted thresholds
Some thresholds depend on:
sex
age
pregnancy
known diagnosis
laboratory method
medication use
organ function
clinical objective
These must be implemented as conditional rules rather than hard-coded universal numbers.
Threshold type 5: Composite Axis severity
An Axis should not automatically inherit the highest severity of one abnormal marker.
The Axis score should combine:
marker severity;
confidence in the marker;
number of concordant markers;
symptoms;
examination findings;
imaging;
omics information;

disease history;
longitudinal trend.
For example:
one mildly abnormal marker
≠
multiple concordant abnormalities plus symptoms and organ dysfunction
Safety override
Certain values should generate an urgent clinical alert regardless of the calculated Axis score.
Examples include potentially critical abnormalities involving:
potassium
sodium
glucose
severe anemia
severe thrombocytopenia
acute kidney injury
marked liver injury
severe hypoxemia
acute cardiac markers
These should be managed by a separate:
critical_value_rules
layer.
A critical alert must not be diluted by averaging it with normal markers.
Recommended threshold schema
marker_id,
unit,
population_rule,
direction_rule,
optimal_low,
optimal_high,
subclinical_low,
subclinical_high,
functional_low,
functional_high,
pathological_low,
pathological_high,
critical_low,
critical_high,
source,
version,
approval_status
Current status
Deferred for full numerical implementation.
The four severity classes and the software architecture can be implemented now.
The exact marker-by-marker numerical cut-offs require an official clinical threshold table. The CRP values shown in the developer document should be considered an example only, not the final TSPI clinical standard. The developer question itself identifies the current values as placeholders requiring expert confirmation. ◆

1000161230.jpg
Q3. How should the Network Severity Score, or NSS, be calculated?
Answer
The NSS should represent the overall burden and coordination failure of the patient's active biological Axes on a scale from 0 to 100.
It should not be calculated as a simple sum of all 39 Axis scores because:
patients will not have data for every Axis;
different Axes may have different levels of evidence;
related Axes may overlap biologically;
one critical abnormality must not disappear inside an average;
the absence of data must not be interpreted as normality.
Recommended initial NSS formula
For the first production version, use a transparent, bounded and auditable model.
Step 1: Calculate each Axis score
Each active Axis receives:
AxisScorei = 0–100
The Axis score is derived from available evidence, including laboratory markers, symptoms, imaging, history and other clinical data.
Step 2: Calculate Axis confidence
Each Axis also receives:
Confidencei = 0–1
Example:
1.0 = strong and concordant evidence
0.75 = good but incomplete evidence
0.50 = limited evidence
0.25 = weak or indirect evidence
0 = no usable evidence
Step 3: Assign clinical importance weight
Initially:
BaseWeighti = 1.0
Temporary higher weights may be assigned only to clinically critical Axes or confirmed organ-risk states.
The system should not permanently assume that inflammatory Axes are always 1.3 times more important. That may be used as a provisional test rule but should not become an unreviewed universal biological law.
Step 4: Calculate the evidence-adjusted mean
WeightedMean =
Σ(AxisScorei × Confidencei × BaseWeighti)
÷
Σ(Confidencei × BaseWeighti)
Only Axes with usable evidence are included.
Step 5: Add systemic burden adjustment
A small systemic-burden adjustment may be added when multiple biologically connected Axes are simultaneously abnormal.
Recommended provisional rule:
0 abnormal Axes at ≥50: no adjustment
1–2 abnormal Axes at ≥50: no adjustment
3–5 abnormal Axes at ≥50: +5%

6 or more abnormal Axes at ≥50: +10%
This prevents one isolated Axis from producing the same overall score as widespread network dysfunction.
Step 6: Preserve critical-risk signals
The final NSS must not replace individual Axis alerts.
For example:
NSS = 28
Critical potassium alert = present
The patient must still be treated as clinically urgent.
Step 7: Cap the value
NSS = min(100, adjusted score)
Initial formula
RawNSS =
Σ(AxisScorei × Confidencei × Weighti)
÷
Σ(Confidencei × Weighti)

NetworkFactor =
1.00, 1.05 or 1.10
according to the number of concurrently high Axes

FinalNSS =
min(100, RawNSS × NetworkFactor)
Severity level conversion
The bands already proposed by the development team may be retained provisionally:
0–15 = Level 0
16–30 = Level 1
31–60 = Level 2
61–100 = Level 3
The developer document states that the NSS determines the overall severity level and therefore influences standard dosing. ◆
1000161231.jpg
Important dosing safeguard
NSS should guide the default severity-based dose, but it must not override:
module-specific dose rules;
contraindications;
kidney or liver impairment;
age-related adjustments;
physician judgment;
bowel-regulating module rules already established for KS, B-LAX, Cathartic, LYPHOLAX and Ya Venta.
Current status
Provisional answer suitable for implementation.
The formula should be implemented behind a version flag:
nss_algorithm_version = "TSPI-NSS-v0.1"
It should remain explainable and replaceable after retrospective validation against actual patient outcomes.
Q4. Where do Axes 37, 38 and 39 belong, and how do the 12 Domains map to the 3 Keys?

Q4A. Where do Axes 37–39 belong?
Answer
Do not create a 13th Domain.
Axes 37, 38 and 39 should remain within Domain 12.
Recommended official structure:
Domain 12
Proteostasis, Cellular Integrity and Conscious Regulation
This Domain contains:
Axis 37
Protein Quality Control System Axis
This is the upstream quality-control Axis involving:
protein folding;
chaperone activity;
endoplasmic reticulum stress sensing;
unfolded protein response;
early correction of damaged or misfolded proteins.
Axis 37 represents the cell's capacity to identify and correct protein-quality problems before damaged proteins accumulate. ◆
39 แกนทางชีววิทยา tspi.pdf
Axis 38
Protein Clearance and Proteotoxic Stress Axis
This is the downstream clearance and burden Axis involving:
autophagy;
lysosomal clearance;
proteasomal degradation;
damaged-protein accumulation;
aggregate burden;
senescence;
proteotoxicity;
degenerative decline.
Axis 38 represents the capacity to remove damaged proteins and the burden created when clearance becomes insufficient. ◆
39 แกนทางชีววิทยา tspi.pdf
Axis 39
Cognitive-Emotional Loop Axis — CELA
CELA is a meta-regulatory Axis describing the formation, reinforcement, persistence and clearance of repetitive cognitive-emotional loops that affect:
neuroendocrine signalling;
autonomic regulation;
immune function;
systemic inflammation;
microbiome balance;
mitochondrial function;
whole-system biological regulation.
The existing TSPI material defines CELA as a dynamic regulatory system connecting cognitive-emotional patterns with neuroendocrine, immune, microbiome and inflammatory biology. ◆
last 39 แกน 12 โดเมน กุญแจ 3 ดอก.pdf

Previous TSPI material already groups Domain 12 as Proteostasis & Cellular Integrity + CELA, supporting the decision to retain all three Axes within Domain 12 rather than creating a new Domain. ◆
เปรียบเทียบการรักษาของแผนปัจจุบันกับ tspi.pdf
Q4B. How should the 12 Domains map to the 3 Keys?
Answer
The 3 Keys are not merely administrative folders. They are high-level biological principles:
Key A — Metabolic Energy
Key B — Biological Dynamics
Key C — Biointegrity
The TSPI framework describes them as the energy required for life to proceed, the dynamic biological environment in which life functions, and the integrative coherence that allows the organism to remain a unified living system. ◆
last 39 แกน 12 โดเมน กุญแจ 3 ดอก.pdf
A Domain may biologically interact with all three Keys. Therefore, the database should support:
one primary Key
zero to two secondary Keys
Do not force the software into a biologically false one-to-one relationship.
Recommended schema:
domain_id,
domain_name,
primary_key,
secondary_keys,
relationship_weight,
version
Confirmed implementation principle
Domain → primary Key
Domain → optional secondary Key relationships
Still required
The final list assigning every one of the 12 Domains to Key A, B or C should be supplied in an official framework table.
Until that table is issued, the development team should not infer the mapping from Domain names alone.
Current status
Axes 37–39 → answered
No Domain 13 → answered
Domain-to-Key relationship model → answered
Exact 12-Domain assignment list → deferred pending the official Domain master
Q5. Is the learning rule for improving and worsening patients acceptable as currently proposed?
Answer
The general concept is correct, but the AI must not automatically increase or decrease clinical Axis importance in production solely because one patient improved or worsened.
The system should learn in two separate layers.
Layer 1: Patient-specific adaptive learning
This layer may adjust recommendations for the same patient.
Example:

an Axis remains abnormal over time;
treatment adherence is confirmed;
the assigned modules were actually used;
the marker or symptom worsens;
no obvious confounder explains the change.
The system may then increase that Axis's patient-specific priority.
Recommended bounded adjustment:
maximum change per review cycle: ±5%
maximum cumulative patient-specific adjustment: ±20%
Improvement should not immediately make the Axis unimportant. The system should require sustained improvement before reducing priority.
Recommended rule:
one improved visit:
do not reduce the Axis weight substantially

two or more consecutive improvements:
allow a small reduction

sustained normalisation:
move from active treatment priority to maintenance monitoring
Layer 2: Population-level learning
The AI must not modify the global clinical model directly from individual cases.
Global learning should require:
sufficient sample size;
repeatable outcomes;
adjustment for baseline severity;
adherence information;
treatment exposure;
concurrent medications;
physician review;
statistical validation;
version approval.
The AI may generate a proposed model update, but the update must be reviewed before deployment.
Worsening rule
Worsening should increase Axis priority only when:
the worsening is clinically meaningful;
the evidence is reliable;
the trend is repeated or substantial;
the worsening is not explained by acute illness, non-adherence, measurement error or a new diagnosis;
the physician has not intentionally changed the treatment objective.
Improvement rule
Improvement should reduce Axis priority gradually, not remove the Axis immediately.
The AI should distinguish between:
response;
partial response;
remission;

maintenance;
relapse.
Recommended learning record
patient_id
axis_id
baseline_score
followup_score
change
time_interval
treatment_modules
actual_dose
adherence
confounders
physician_assessment
outcome_class
approved_for_learning
Human oversight
AI learning must remain:
suggestion-generating
version-controlled
auditable
reversible
clinician-supervised
The development document correctly identifies the technical mechanism as already bounded while recognising that the final learning policy is a clinical decision. ￼
1000161232.jpg
Current status
Answered with modification.
Do not use an unrestricted rule of:
worsening = automatically increase weight
improving = automatically decrease weight
Use bounded, longitudinal and clinician-approved learning.
Q6. Who is the approving clinician or clinic?
Answer
The approving clinical organisation should be:
Samutthan Polyclinic / สหคลินิกสมุฏฐาน
No patient-facing diagnostic interpretation, treatment recommendation or module recommendation should be released solely by the AI.
Roles permitted to approve
A report may be approved by:
the patient’s authorised treating clinician;
an authorised Thai Traditional Medicine physician working within the clinic’s TSPI system;
an authorised medical physician when the case requires modern medical interpretation or risk assessment;
the Clinical Director or designated senior clinician for complex, high-risk or disputed cases.
Administrative staff, developers and AI operators must not have clinical approval authority.
Recommended workflow
AI draft

→ clinical review queue
→ authorised clinician review
→ approve / edit / reject
→ version locked
→ release to patient
Approval levels
Level 1 — Routine report
May be approved by the authorised treating clinician.
Level 2 — Complex report
Requires a senior clinician or multidisciplinary review.
Examples:
several severely abnormal Axes;
complex comorbidity;
cancer;
advanced kidney disease;
advanced liver disease;
pregnancy;
major drug-herb interaction risk;
unclear diagnosis.
Level 3 — Urgent or critical findings
The AI should not wait for the normal report process.
It must:
issue a critical clinical alert;
prevent automatic patient release;
escalate to the responsible clinician;
document the response.
Minimum approval record
approver_id
professional_role
licence or authorisation status
clinic
date_time
report_version
changes_made
approval_status
clinical_comment
The development team specifically asks for confirmation that Samutthan Clinic and designated doctor roles will review and approve every AI report before it reaches the patient.

1000161233.jpg
Current status
Answered.
Q7. What language should the patient-facing report use?
Answer
The patient-facing report should support both Thai and English.
However:
Thai should be the default patient-facing language in Thailand.
English should remain the canonical internal data language.

English should also be available for international patients, research, referral and cross-border use.

Canonical-language rule

The following should remain canonical in English:

Module name
Axis name
Domain name
PhytoCore code
H-Code
database field names
clinical concept IDs
algorithm variables

Thai should be stored as a localisation layer.

Example:

```
{
  "axis_code": "A37",
  "canonical_name": "Protein Quality Control System Axis",
  "display_name_th": "แกนระบบควบคุมคุณภาพโปรตีน"
}
```

Patient report behaviour

The user or clinic should be able to select:

Thai
English
Bilingual

Recommended default:

locale = th-TH
report_language = Thai
technical_term_mode = Thai + English in parentheses

Example:

แกนการควบคุมคุณภาพโปรตีน
(Protein Quality Control System Axis — A37)

This keeps the report understandable to Thai patients while preserving scientific precision.

Current status

Answered: both languages, with Thai as the default in Thailand and English as the canonical database language.

Final Decision Summary for Developers

Question	Decision	Status
Q1 Marker → Axis and direction	Support primary and secondary Axis mappings; use five direction-rule types	Architecture confirmed; complete marker table pending
Q2 Severity thresholds	Use four TSPI classes with one-sided, two-sided, contextual and derived threshold models	Structure confirmed; numerical table pending
Q3 NSS formula	Evidence-adjusted weighted mean with bounded network factor and critical-risk override	Provisional implementation approved

Q4 Axes 37–39
All belong to Domain 12; do not create Domain 13
Confirmed
Q4 Domain → 3 Keys
Support one primary Key and optional secondary Keys
Relationship model confirmed; exact list pending
Q5 Learning rule
Bounded, longitudinal, clinician-supervised; no unrestricted automatic global learning
Confirmed
Q6 Clinical approval
Samutthan Polyclinic; authorised treating clinicians approve before patient release
Confirmed
Q7 Report language
Thai and English; Thai default in Thailand; English canonical internally
Confirmed
Immediate Development Instruction
The team can implement the following now:
1. Marker registry schema
2. Threshold registry schema
3. Versioned NSS engine
4. Domain 12 assignment for A37, A38 and A39
5. Many-to-many Domain–Key architecture with one primary Key
6. Bounded patient-specific learning
7. Human clinical approval workflow
8. Thai/English localisation
The following must remain externally configurable and must not be hard-coded permanently:
1. Complete marker-to-Axis mappings
2. Exact laboratory severity cut-offs
3. Exact mapping of all 12 Domains to the 3 Keys
4. NSS coefficients after clinical validation
5. Population-level learning parameters

Q1. ตัวชี้วัดทางห้องปฏิบัติการ (Laboratory Marker) แต่ละตัวควรเชื่อมกับแกน (Axis) ใด และทิศทางใดจึงถือว่าดีต่อสุขภาพ
คำตอบ
ตัวชี้วัดทางห้องปฏิบัติการทุกตัว จะต้องเชื่อมโยงกับ 39 Biological Axes ของ TSPI
อย่างไรก็ตาม ความสัมพันธ์นี้ไม่ควรถูกกำหนดว่า
Marker 1 ตัว = Axis 1 แกน
เสมอไป
ในทางชีววิทยาจริง
Marker หนึ่งตัว อาจสะท้อนความผิดปกติของหลายแกน
แกนหนึ่งแกน อาจต้องอาศัยหลาย Marker ประกอบกันจึงประเมินได้
Marker เดียวกัน อาจตีความแตกต่างกันตามบริบทของผู้ป่วย
ดังนั้น AI ควรรองรับโครงสร้างดังนี้
Marker 1 ตัว → Primary Axis 1 แกน

Marker 1 ตัว → Secondary Axes ได้หลายแกน
แต่ระบบจะต้องป้องกันไม่ให้ AI นับความผิดปกติซ้ำซ้อน (Double Counting)
การกำหนดทิศทางของ Marker
Marker ทุกตัวควรถูกจัดให้อยู่ในกฎการตีความอย่างใดอย่างหนึ่ง ดังนี้
1. Lower is Better
หมายถึง
ค่ายิ่งต่ำ ยิ่งดี
เช่น
CRP
HbA1c
Fasting Glucose
Triglyceride
ALT
AST
Urine Albumin
Cytokine อักเสบ
2. Higher is Better
หมายถึง
ค่ายิ่งสูง (ภายในช่วงปกติ) ยิ่งดี
เช่น
Hemoglobin
Albumin
eGFR
HDL
สารต้านอนุมูลอิสระบางชนิด
แต่ AI ต้องรู้ว่า
ไม่ได้หมายถึง
ยิ่งสูงไม่จำกัดยิ่งดี
ต้องมีช่วงบนที่เหมาะสม
3. Toward Range
Marker บางตัว
ต่ำเกินก็ผิด
สูงเกินก็ผิด
ดังนั้น
ค่าที่ดีที่สุด
คือ
อยู่ในช่วงปกติ
ตัวอย่าง
TSH
Sodium
Potassium
Calcium
WBC
Platelet
4. Context Dependent
Marker บางตัว
ไม่สามารถตีความจากตัวเลขอย่างเดียว
ต้องดูร่วมกับ

อายุ
เพศ
การตั้งครรภ์
ยา
โรคประจำตัว
เวลาเจาะเลือด
การอดอาหาร
การทำงานของตับ
การทำงานของไต
เช่น
Ferritin
Creatinine
Insulin
Uric Acid
Hormone ต่าง ๆ
5. Derived Rule
Marker บางตัว
AI ไม่ควรใช้ค่าตัวเดียว
แต่ควรคำนวณก่อน
เช่น
HOMA-IR
AST/ALT Ratio
NLR
TG/HDL Ratio
Corrected Calcium
eGFR
Fibrosis Score
หลักการ Mapping
Marker ควรถูก Mapping ตาม
"หน้าที่ทางชีววิทยา"
ไม่ใช่
"อวัยวะ"
ตัวอย่าง
CRP
แม้จะเป็น Marker ของการอักเสบ
แต่ก็สามารถเชื่อมโยงกับ
Immune
Metabolism
Cardiovascular
Mitochondria
CELA
ได้พร้อมกัน
โครงสร้างฐานข้อมูลที่แนะนำ
ควรมี
Marker ID
Canonical Name
Alias
Specimen

Unit
Primary Axis
Secondary Axis
Direction Rule
Reference Range
Context Rule
Version
สถานะ
โครงสร้างเสร็จแล้ว
เหลือเพียงการจัดทำ
Master Marker Registry
Q2. ค่า Lab ระดับใดถือว่า Optimal, Subclinical, Functional Impairment และ Pathological
คำตอบ
TSPI ใช้ระดับความรุนแรง 4 ระดับ
Optimal
สุขภาพอยู่ในระดับดีที่สุด
Subclinical
เริ่มผิดปกติ
แต่ยังไม่เกิดโรคชัดเจน
Functional Impairment
เริ่มมีผลต่อการทำงานของระบบ
เริ่มมีอาการ
Pathological
เกิดโรคชัดเจน
หรือ
มีความผิดปกติรุนแรง
AI ต้องรองรับ Threshold 5 แบบ
แบบที่ 1
ยิ่งสูงยิ่งแย่
เช่น
CRP
HbA1c
แบบที่ 2
ยิ่งต่ำยิ่งแย่
เช่น
Hemoglobin
eGFR
Albumin
แบบที่ 3
ต่ำก็ผิด
สูงก็ผิด
เช่น
TSH
Na
K
Ca
Platelet
แบบที่ 4

Threshold เปลี่ยนตามผู้ป่วย
เช่น
อายุ
เพศ
การตั้งครรภ์
ยา
โรคประจำตัว
แบบที่ 5
คะแนนของ Axis
ไม่ได้มาจาก Marker ตัวเดียว
แต่เกิดจาก
Lab
Symptom
Imaging
History
Omics
Trend
รวมกัน
Safety Override
Marker บางตัว
ถ้าผิดปกติมาก
ต้องแจ้งเตือนทันที
แม้ว่าคะแนนรวมจะต่ำ
เช่น
Potassium
Sodium
Glucose
Acute Kidney Injury
Severe Liver Injury
Severe Anemia
สถานะ
โครงสร้างพร้อมแล้ว
เหลือเพียง
Clinical Cut-off Table
Q3. NSS (Network Severity Score) ควรคำนวณอย่างไร
คำตอบ
NSS
คือคะแนนภาพรวมของความผิดปกติของทั้งเครือข่ายชีวภาพ
ช่วง
0–100
NSS
ไม่ควรเป็นการเอา
39 Axis
มาบวกกันตรง ๆ
เพราะ
ข้อมูลแต่ละแกนไม่ครบ
ความน่าเชื่อถือไม่เท่ากัน
แกนบางแกนเกี่ยวข้องกัน

วิธีคำนวณ
ขั้นที่ 1
คำนวณคะแนนของแต่ละ Axis
0–100
ขั้นที่ 2
กำหนด Confidence
0–1
เช่น
ข้อมูลครบ
1.0
ข้อมูลไม่ครบ
0.5
ขั้นที่ 3
กำหนด Weight
เริ่มต้น
1.0
ขั้นที่ 4
คำนวณ Weighted Mean
ขั้นที่ 5
เพิ่ม Network Burden
ถ้ามีหลายแกนผิดพร้อมกัน
เช่น
6 แกนผิด
เพิ่มอีก
10%
ขั้นที่ 6
Critical Alert
เช่น
โพแทสเซียมสูงมาก
ต้องแจ้งเตือนทันที
ห้ามเอาไปเฉลี่ยจนหาย
ขั้นที่ 7
คะแนนสูงสุด
100
ระดับ Severity
0–15
Level 0
16–30
Level 1
31–60
Level 2
61–100
Level 3
NSS ใช้สำหรับ
กำหนดระดับการรักษา
แต่
ห้าม Override
Contraindication

Module Dose
การตัดสินใจของแพทย์
Q4. Axis 37–39 อยู่ตรงไหน
คำตอบ
ไม่ควรสร้าง Domain ที่ 13
ให้
Axis
37
38
39
อยู่ใน
Domain 12
ทั้งหมด
Axis 37
Protein Quality Control
ระบบควบคุมคุณภาพโปรตีน
Axis 38
Protein Clearance
ระบบกำจัดโปรตีนเสีย
Axis 39
CELA
Cognitive Emotional Loop Axis
แกนการควบคุมวงจรความคิด อารมณ์ และการเชื่อมโยงกับระบบประสาท ภูมิคุ้มกัน ฮอร์โมน และไมโครไบโอม
Domain กับ 3 Keys
3 Keys
คือ
A
Metabolic Energy
B
Biological Dynamics
C
Biointegrity
Domain หนึ่ง
อาจเกี่ยวข้องกับหลาย Key
ดังนั้น
ฐานข้อมูลควรรองรับ
Primary Key
Secondary Key
Q5. AI ควรเรียนรู้อย่างไร
คำตอบ
AI ไม่ควรเปลี่ยน Weight ของระบบทั้งโลก
จากคนไข้เพียงคนเดียว
AI ควรเรียนรู้
2 ระดับ
ระดับที่ 1
เรียนรู้เฉพาะผู้ป่วยคนนั้น
ระดับที่ 2

เรียนรู้ระดับประชากร
ต้องผ่าน
สถิติ
Clinical Validation
Physician Approval
ก่อน
การเพิ่มหรือลด Weight
ควรค่อย ๆ ปรับ
ไม่ใช่เปลี่ยนทันที
Q6. ใครเป็นผู้อนุมัติรายงาน AI
คำตอบ
AI
เป็นเพียง
Clinical Decision Support
รายงานทุกฉบับ
ต้องผ่าน
สหคลินิกสมุฏฐาน
ก่อน
ผู้อนุมัติ
ได้แก่
แพทย์ผู้รักษา
แพทย์แผนไทยที่ได้รับมอบหมาย
แพทย์แผนปัจจุบัน (เมื่อจำเป็น)
Clinical Director
Workflow
AI
↓
Review
↓
Approve
↓
Release
Q7. รายงานคนไข้ควรใช้ภาษาอะไร
คำตอบ
รองรับ
ทั้ง
ภาษาไทย
และ
ภาษาอังกฤษ
แต่
ประเทศไทย
ควรใช้
ภาษาไทย
เป็นค่าเริ่มต้น
ฐานข้อมูล
Module
Axis
PhytoCore

ยังใช้
ภาษาอังกฤษ
เป็นมาตรฐาน
ส่วนภาษาไทย
เป็น Layer สำหรับการแสดงผลแก่ผู้ป่วย
สรุปสำหรับทีมพัฒนา
สามารถเริ่มพัฒนาได้ทันทีในส่วนต่อไปนี้
โครงสร้าง Marker Registry
โครงสร้าง Severity Threshold
ระบบคำนวณ NSS เวอร์ชันแรก
การกำหนด Axis 37–39 ให้อยู่ใน Domain 12
โครงสร้าง Domain ↔ 3 Keys
ระบบ AI Learning ที่มีขอบเขตและอยู่ภายใต้การกำกับของแพทย์
Workflow การอนุมัติรายงานโดยแพทย์
ระบบรองรับภาษาไทยและภาษาอังกฤษ
ส่วนที่ยังต้องจัดทำเป็น Master Table ภายหลัง ได้แก่
ตาราง Mapping ของ Marker ทุกตัวเข้าสู่ 39 Axes
ตารางค่า Cut-off ของ Marker ทุกตัว
ตาราง Mapping ของ 12 Domains กับ 3 Keys
การปรับสูตร NSS หลังผ่านการตรวจสอบด้วยข้อมูลผู้ป่วยจริง (Clinical Validation)