

การวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกเพื่อการพยากรณ์การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาในสุกร^{*}Logistic Regression Analysis for Forecasting the Presence of
Salmonella enterica in Swineปภากร อินทร์โหล^{**}

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ของการศึกษานี้ เพื่อพยากรณ์การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาในสุกร จากข้อมูลของโครงการเชียงใหม่สะอาด ที่เก็บข้อมูลจากร้านค้าหมูในตลาดสดจังหวัดน่าน ระหว่างเดือน มกราคม ถึง กันยายน ปี พ.ศ. 2554 โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติก ซึ่งตัวแปรตามที่ใช้ศึกษา คือการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา และตัวแปรอิสระที่ศึกษา คือจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด (TotalBac) หน่วยเป็น $\log \text{cfu/cm}^2$ และตำแหน่งที่ตรวจหาเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 6 ตำแหน่ง คือ เนื้อสุกร (Site 1) เชียง (Site 2) ตราซัง (Site 3) มีด (Site 4) ถาด (Site 5) และ มือผู้ขาย (Site 6) ผล การศึกษาสรุปได้ดังนี้ สมการถดถอยโลจิสติกคือ

$$\log \text{ odds} = -2.9015 + 0.4099(\text{Site 1}) + 0.1357(\text{Site 2}) + 0.2913(\text{Site 3}) \\ -0.2430(\text{Site 4}) + 0.5227(\text{Site 5}) + 0.6602(\text{TotalBac})$$

เมื่อ มือผู้ขาย เป็นกลุ่มอ้างอิง และอัตราส่วนออด ของเนื้อสุกร เชียง ตราซัง มีด ถาด และ จำนวนแบคทีเรียทั้งหมด เท่ากับ 1.507, 1.145, 1.338, 0.784, 1.687 และ 1.935 ตามลำดับ

และจากทดสอบความเหมาะสมของตัวแบบ พบว่าตัวแบบมีความเหมาะสมกับข้อมูล โดยมี อัตราการพยากรณ์ผิดพลาดของความน่าจะเป็นของการพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 32.32% หรือมีความถูกต้องในการพยากรณ์การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 67.68% เมื่อกำหนดจุดตัด (cut point) ในการแบ่งกลุ่มเป็น 0.5

Abstract

The objective of this research is forecasting the presence of *Salmonella enterica* in swine. The data from the Keang Sa Ard project were collected in fresh pork shop of the markets in Nan province from January to September in 2011. By using logistic regression technique where the dependent variable is presence/not presence *Salmonella enterica* and independent variables are total bacterial count (TotalBac) in

^{*} วัตถุประสงค์เพื่อพยากรณ์ความเสี่ยงการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาในสุกร

^{**} ภาควิชาสถิติ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ 50 ถนนพหลโยธิน เขตจตุจักร กรุงเทพฯ 10900 อาจารย์ที่ปรึกษา ผศ.ดร.บุญอ้อม โฉมทิพย์, Ph.D. อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม รศ.ประสิทธิ์ พยัคฆพงษ์, M.S.

$\log \text{cfu/cm}^2$ unit and checking positions with are pork (Site 1), chopping block (Site 2), balance (Site 3), knife (Site 4), tray (Site 5) and seller hand (Site 6). The results of this study are as follows.

The logistic regression equation is:

$$\log \text{ odds} = -2.9015 + 0.4099(\text{Site 1}) + 0.1357(\text{Site 2}) + 0.2913(\text{Site 3}) \\ -0.2430(\text{Site 4}) + 0.5227(\text{Site 5}) + 0.6602(\text{TotalBac})$$

where seller hand is the reference group , and odds ratio of pork, chopping block, balance, knife, tray and total bacterial count are 1.507, 1.145, 1.338, 0.784, 1.687 and 1.935 respectively.

Also, it is found that this equation is 32.32% of apparent error rate or the accuracy of forecasting is 67.68, when cut point is 0.5. For goodness of fit test, it is shown that the logistic regression model is good fit ($P < 0.0001$).

บทนำ

ปัจจุบันนี้เชื้อซาลโมเนลล่า (Salmonella) จากสัตว์หลายชนิดทำให้เกิดการติดเชื้อในคนและอาศัยเป็นพาหะอยู่ในคนได้เป็นเวลานานทั้งนี้เพราะเชื้อซาลโมเนลล่าสามารถปรับตัวได้ดี ทำให้สามารถอยู่ได้ในสภาวะแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปในสังคมมนุษย์ ซึ่งเป็นภัยคุกคามด้านสุขภาพของประชาชนส่งผลกระทบต่อด้านสาธารณสุขและเศรษฐกิจของประเทศไทย โดยความรุนแรงและความชุกในแต่ละพื้นที่จะต่างกันออกไป (Hendriksen *et al.*, 2011) ซึ่งประเทศไทยขึ้นชื่อว่าเป็นครัวของโลก มีการเดินทาง และการส่งออกสินค้าเกษตรหลายชนิด ดังนั้นจึงควรมีมาตรการการควบคุมสินค้าส่งออกที่เหมาะสม โดยที่การปนเปื้อนของเชื้อซาลโมเนลล่าอาจมาจากหลาย ๆ ขั้นตอน เช่น สุกรพาหะ ฟาร์มสัตว์ การขนส่งสัตว์ คอกพักสัตว์ก่อนฆ่า ขั้นตอนการฆ่าสัตว์ น้ำใช้ที่ปนเปื้อนอุจจาระ (Barber *et al.*, 2003)

นอกจากนี้ยังมีรายงานการพบเชื้อซาลโมเนลล่า ดังงานวิจัยต่อไปนี้ จากการศึกษาของ สุชาติ และคณะ (2548) ศึกษาการปนเปื้อนของเชื้อซาลโมเนลล่า ในเนื้อสุกร 229 ตัวอย่าง จากโรงฆ่าสัตว์ ในพื้นที่ภาคเหนือตอนล่าง 9 จังหวัด ได้แก่ กำแพงเพชร นครสวรรค์ เพชรบูรณ์ พิจิตร พิษณุโลก ตาก สุโขทัย อุตรดิตถ์ และอุทัยธานี พบการปนเปื้อนของเชื้อซาลโมเนลล่าคิดเป็นร้อยละ 52.8 (121/229 ตัวอย่าง) วรรณทิพย์ และคณะ (2549) พบเชื้อซาลโมเนลล่าจากตลาดสดมากกว่าห้างสรรพสินค้า ซึ่งจำนวนที่ตรวจพบ 0-2.4 $\log \text{CFU/g}$ และจำแนกเชื้อซาลโมเนลล่าได้ จำนวน 30 สายพันธุ์ 9 ซีโรวาร์ ซีโรวาร์ที่พบบ่อยที่สุดคือ *S. Enteritidis*, *S. Anatum* และ *S. Rissen* ร้อยละ 26.6, 23.3 และ 16.7 ตามลำดับ อุโม และคณะ (2550) เก็บตัวอย่างเนื้อจากโรงฆ่าสัตว์ในพื้นที่ภาคใต้จากเนื้อสุกร 177 ตัวอย่าง ระหว่างเดือนมกราคม ถึงมิถุนายน ปี พ.ศ. 2548 จากเชื้อซาลโมเนลล่าโดยซีโรวาร์ที่พบมากคือ *S. Rissen*, *S. Anatum* และ *S. Derby* คิดเป็น 23.16%, 22.60% และ 11.86% ตามลำดับ และจาก

เนื้อไก่ 97 ตัวอย่าง พบว่า ซีโรวาร์ที่พบบ่อยคือ *S. Enteritidis*, *S. Emek*, *S. Agona*, *S. Rissen* และ *S. Weltevreden* คิดเป็น 22.68%, 10.31%, 6.19%, 6.19% และ 6.19% ตามลำดับ พรเพ็ญ และคณะ (2550) ศึกษาในฟาร์มไก่ 238 ฟาร์ม และฟาร์มสุกร 250 ฟาร์มจาก 9 จังหวัด ในเขตภาคกลาง ช่วงปี พ.ศ. 2546 ถึง 2548 พบอัตราการพบเชื้อซาลโมเนลล่า ในฟาร์มไก่และสุกรรวม 3 ปี มีค่าใกล้เคียงกัน คือ 21.71%(155/714) และ 19.47% (146/750) ตามลำดับ และจากผลการศึกษาของ Pulsrikarn *et al.* (2012) พบเชื้อซาลโมเนลล่า จากกันสุกรร้อยละ 3 (2/66 ตัวอย่าง) และเนื้อสุกรร้อยละ 96 (24/25 ตัวอย่าง) เป็นต้น

จากข้อมูลโครงการเลี้ยงสะอาดกับการพบเชื้อซาลโมเนลล่าทำให้ผู้วิจัยสนใจในการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งเป็นการศึกษาข้อมูลจากโครงการเลี้ยงสะอาดซึ่งเป็นส่วนหนึ่งของโครงการวิจัยตามยุทธศาสตร์การ พัฒนาจังหวัดน่านโดยได้รับการสนับสนุนงบประมาณจากจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปี พ.ศ. 2554 ซึ่ง ผู้วิจัยได้รับการอนุเคราะห์ข้อมูลดังกล่าวจาก รศ.น.สพ.ดร. ธงชัย เกลิมชัยกิจ และ รศ.สพ.ญ.ดร. รุ่งทิพย์ ขวอนชื่น และนำข้อมูลเพียงบางส่วนมาศึกษาด้านการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา เพื่อศึกษา ด้านการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกากับจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด และตำแหน่งที่ตรวจหาเชื้อ ซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 6 ตำแหน่ง คือ เนื้อสุกร เชียง ตราซัง มีด ถาด และมือผู้ขาย ผู้วิจัยมี วัตถุประสงค์เพื่อสร้างตัวแบบพยากรณ์ความเสี่ยงการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาในสุกร

วิธีการศึกษา

ในการศึกษาการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา ด้วยวิธีการถดถอยโลจิสติกโดยให้ ตัวแปรอิสระ คือจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด ($\log \text{cfu/cm}^2$) และตำแหน่งที่ตรวจ (Site) ประกอบด้วย 6 ตำแหน่ง คือเนื้อสุกร (Site 1) เชียง (Site 2) ตราซัง (Site 3) มีด (Site 4) ถาด (Site 5) และมือผู้ขาย (Site 6) และตัวแปรตาม (Y) คือการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่า ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 การกำหนดค่าสำหรับตัวแปรตามและตัวแปรอิสระ

ตัวแปร	การกำหนดค่าของตัวแปร				
พบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่า (Y)	1 = พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 0 = ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา				
จำนวนแบคทีเรียทั้งหมด	TotalBac หน่วยเป็น $\log \text{cfu/cm}^2$				
ตำแหน่งที่ตรวจ					
Site1 = เนื้อสุกร	1	0	0	0	0
Site2 = เชียง	0	1	0	0	0
Site3 = ตราซัง	0	0	1	0	0
Site4 = มีด	0	0	0	1	0
Site5 = ถาด	0	0	0	0	1
Site6 = มือผู้ขาย (กลุ่มอ้างอิง)	0	0	0	0	0

ผลการศึกษา

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

จากการศึกษาการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา จากจำนวนตัวอย่างทั้งหมด 198 ตัวอย่าง มีตัวแปรจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด และตำแหน่งที่ตรวจทั้ง 6 ตำแหน่ง พบว่า จำนวนแบคทีเรียทั้งหมดมีค่าเฉลี่ย 2.8820 log cfu/cm² ค่าสูงสุด 5.6400 log cfu/cm² และมีค่าต่ำสุด -0.3000 log cfu/cm² และจากตำแหน่งที่ตรวจพบว่า พบเชื้อที่เนื้อสุกร มากที่สุดคือ 18 ตัวอย่าง รองลงมาคือ พบเชื้อที่เถาด เชียง ตราซัง มีด และมือผู้ขาย เท่ากับ 14, 13, 12, 6 และ 6 ตัวอย่าง ตามลำดับ สำหรับตัวแปรตาม พบว่า พบเชื้อ 69 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 34.85 และไม่พบเชื้อ 129 ตัวอย่าง คิดเป็นร้อยละ 65.15 ดังแสดงในตารางที่ 2, 3 และ 4

ตารางที่ 2 ข้อมูลของจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด (log cfu/cm²)

จำนวนแบคทีเรียทั้งหมด	ค่าเฉลี่ย	ค่ามัธยฐาน	ค่าสูงสุด	ค่าต่ำสุด	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน
	2.8820	3.0400	5.6400	-	1.4596
				0.3000	

ตารางที่ 3 ข้อมูลความถี่ของตำแหน่งที่ตรวจ

ตำแหน่งที่ตรวจ	จำนวนเชื้อที่พบ (ตัวอย่าง)		ร้อยละ
เนื้อสุกร	พบเชื้อ	18	54.55
	ไม่พบเชื้อ	15	45.45
เขียง	พบเชื้อ	13	39.39
	ไม่พบเชื้อ	20	60.61
ตราซัง	พบเชื้อ	12	36.36
	ไม่พบเชื้อ	21	63.64
มีด	พบเชื้อ	6	18.18
	ไม่พบเชื้อ	27	81.82
ถาด	พบเชื้อ	14	42.42
	ไม่พบเชื้อ	19	57.58
มือผู้ขาย	พบเชื้อ	6	18.18
	ไม่พบเชื้อ	27	81.82

ตารางที่ 4 ข้อมูลของการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

ตัวแปรตาม (Y)	จำนวนเชื้อที่พบ (ตัวอย่าง)	ร้อยละ
พบเชื้อ	69	34.85
ไม่พบเชื้อ	129	65.15

ตารางที่ 5 จำนวนเชื้อที่พบจำแนกตามชนิดของเชื้อ

ชื่อเชื้อ	จำนวน (ตัว)
1. S.Rissen	13
2. S.Anatum	12
3. S.Stanley	11
4. S.Derby	10
5. S.Typhimurium	6
6. S.Weltevreden	5
7. S.Abony	5
8. S.Choleraesuis	3
9. S.Corvallis	2
10. S.Kimuenza	2
11. S.Give	1
12. S.Paratyphi B	1
รวม	71

จากตารางที่ 5 พบเชื้อซาลโมเนลล่า โดยซีโรวาร์ต่างๆ จำนวน 12 ซีโรวาร์ ซีโรวาร์ที่พบมากที่สุด คือ S.Rissen จำนวน 13 ตัว รองลงมา S.Anatum และ S.Stanley จำนวน 12 และ 11 ตัว ตามลำดับ ซีโรวาร์ที่พบน้อยที่สุด คือ S.Give และ S.Paratyphi B จำนวน 1 ตัว

ผลการวิเคราะห์สัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์

ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรตำแหน่งที่ตรวจและและจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด กับตัวแปรการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าว่ามีความสัมพันธ์กันหรือไม่ โดยวิธีของสเปียร์แมน แสดงผลดังตารางที่ 6 ต่อไปนี้

ตารางที่ 6 ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ด้านการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่า

	Y	Site	TotalBac
Y	1.0000	-0.1955 (0.0058)*	0.4079 (< 0.0001)*
Site		1.0000	-0.4492 (< 0.0001)*
TotalBac			1.0000

* p-value

ผลการวิเคราะห์สหสัมพันธ์สหสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่า พบว่าที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ตำแหน่งที่ตรวจและจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดมีความสัมพันธ์กับการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่า และพบว่า ตำแหน่งที่ตรวจมีความสัมพันธ์กับจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดในระดับต่ำ จึงทำการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกในลำดับถัดไป

ผลการวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติก (Logistic Regression Analysis)

การวิเคราะห์การถดถอยโลจิสติกเพื่อพยากรณ์การพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาโดยตัวแปรตามคือการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา และตัวแปรอิสระ คือจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดและตำแหน่งที่ตรวจทั้ง 6 ตำแหน่ง และทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ โดยวิธีภาวะน่าจะเป็นสูงสุด ได้ฟังก์ชันโลจิท ดังนี้

$$\log \text{ odds} = -2.9015 + 0.4099(\text{Site 1}) + 0.1357(\text{Site 2}) + 0.2913(\text{Site 3}) - 0.2430(\text{Site 4}) + 0.5227(\text{Site 5}) + 0.6602(\text{TotalBac}) \quad (1)$$

ตารางที่ 7 ค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยโลจิสติก

ตัวแปร	b_i	SE (b_i)	Wald Chi-Square	Pr > ChiSq	Exp (b_i)
Intercept	-2.9015	0.6010	23.3054	<0.0001	0.055
Site					
Site 1	0.4099	0.6528	0.3942	0.5301	1.507
Site 2	0.1357	0.6435	0.0445	0.8330	1.145
Site 3	0.2913	0.6218	0.2194	0.6395	1.338
Site 4	-0.2430	0.6858	0.1255	0.7231	0.784
Site 5	0.5227	0.6199	0.7110	0.3991	1.687
TotalBac	0.6602	0.1552	18.0929	< 0.0001	1.935

$$\text{Pseudo } R^2 = 0.2358$$

$$\text{หรือ } \hat{\pi}_i = \frac{\exp \left(\frac{-2.9015 + 0.4099(\text{Site } 1) + 0.1357(\text{Site } 2) + 0.2913(\text{Site } 3)}{-0.2430(\text{Site } 4) + 0.5227(\text{Site } 5) + 0.6602(\text{TotalBac})} \right)}{1 + \exp \left(\frac{-2.9015 + 0.4099(\text{Site } 1) + 0.1357(\text{Site } 2) + 0.2913(\text{Site } 3)}{-0.2430(\text{Site } 4) + 0.5227(\text{Site } 5) + 0.6602(\text{TotalBac})} \right)} \quad (2)$$

โดยค่าที่คำนวณได้จากสมการ (2) เป็นค่าที่พยากรณ์ความน่าจะเป็นของการพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

ตัวอย่างการพยากรณ์การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาจากสมการ (2) สมมติพบจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด $4.31 \log \text{ cfu/cm}^2$ และพบเชื้อซาลโมเนลล่าที่เนื้อสุกร และไม่พบเชื้อที่ตำแหน่งอื่นๆ จะแทนค่า TotalBac, Site1, Site2, Site3, Site4 และ Site5 คือ 4.31, 1, 0, 0, 0 และ 0 ตามลำดับดังนี้

$$\begin{aligned} \hat{\pi}_1 &= \frac{\exp \left(\frac{-2.9015 + 0.4099(1) + 0.1357(0) + 0.2913(0)}{-0.2430(0) + 0.5227(0) + 0.6602(4.31)} \right)}{1 + \exp \left(\frac{-2.9015 + 0.4099(1) + 0.1357(0) + 0.2913(0)}{-0.2430(0) + 0.5227(0) + 0.6602(4.31)} \right)} \\ &= 0.5876 \end{aligned}$$

จากการตรวจนับจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด $4.31 \log \text{ cfu/cm}^2$ และพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาที่เนื้อสุกร จะมีความน่าจะเป็นที่จะพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา เท่ากับ 0.5876 หรือ 58.76 % หรือมีโอกาสพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกามากกว่าไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

จากตารางที่ 7 พบว่า ค่าสถิติวัดค่าของ TotalBac มีค่า 18.0929 และ p - value น้อยกว่า 0.0001 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ซึ่งปฏิเสธ H_0 จึงสรุปได้ว่า ค่าสัมประสิทธิ์ของ TotalBac ไม่เท่ากับ 0 และ ค่าสถิติวัดค่าของ Site1 Site2 Site3 Site4 และ Site5 เท่ากับ 0.3942, 0.0445, 0.2194, 0.1255, 0.7110 และ p - value เท่ากับ 0.5301, 0.8330, 0.6395, 0.7231 และ 0.3991 ตามลำดับ ดังนั้นฟังก์ชันโลจิสติกจะเป็น $\log \text{ odds} = -2.9015 + 0.6602(\text{TotalBac})$ แต่เนื่องจากตัวแปรตำแหน่งที่ตรวจเป็นตัวแปรที่สำคัญ ผู้วิจัยจึงไม่ทำการคัดทิ้ง และจะใช้สมการที่ (1) และ (2) สำหรับการพยากรณ์ความเสี่ยงการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาในสุกร และจาก ค่า $\text{Exp}(b_j)$ ของ Site1, Site2, Site3 และ Site5 มีค่า 1.507, 1.145, 1.338 และ 1.687 หมายความว่า ที่เนื้อสุกร เชียง ตราช้าง และ ถาด มีโอกาสพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา เพิ่มขึ้นประมาณ 1.5, 1.0, 1.3 และ 1.7 เท่า ของการพบเชื้อที่มีผู้ขาย ซึ่งเป็นกลุ่มอ้างอิง ตามลำดับ แต่ค่า $\text{Exp}(b_4)$ ของ Site4 มีค่า 0.784 โดย b_4 เท่ากับ -

0.2430 หมายความว่า มีโอกาสพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาที่มีลดลงประมาณ 1 เท่าตัว ของการพบเชื้อที่มือผู้ขาย สำหรับค่า $\text{Exp}(b_6)$ ของ TotalBac มีค่าเท่ากับ 1.935 หมายความว่า จากการตรวจนับจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดมีความน่าจะเป็นที่จะพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาเพิ่มขึ้นประมาณ 2 เท่าของการไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

การตรวจสอบมัลติโคลลิเนียริตี (Multicollinearity)

ตรวจสอบการเกิดปัญหา Multicollinearity โดยพิจารณาจากค่า Variance Inflation Factor (VIF) ในที่นี้กำหนดให้ค่า VIF มากกว่า 10 แสดงว่า เกิดปัญหา Multicollinearity ดังแสดงผลในตารางที่ 8

ตารางที่ 8 ค่า Variance Inflation Factor (VIF)

ตัวแปร		Variance Inflation Factor (VIF)
Site	Site 1	2.5779
	Site 2	2.32478
	Site 3	2.1820
	Site 4	1.7599
	Site 5	2.2129
TotalBac		1.2400

ผลการวิเคราะห์ตรวจสอบการเกิดปัญหา Multicollinearity พบว่า ค่า VIF ของตัวแปรอิสระทุกตัวมีค่าน้อยกว่า 10 แสดงว่าไม่พบการเกิดปัญหา Multicollinearity

การทดสอบสมมติฐานเกี่ยวกับค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยโลจิสติกของจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดและตำแหน่งที่ตรวจโดยวิธีอัตราส่วนภาวะน่าจะเป็น (Likelihood Ratio) แสดงได้ดังนี้

สมมติฐานที่ทดสอบคือ

H_0 : จำนวนแบคทีเรียทั้งหมดและตำแหน่งที่ตรวจในตัวแบบไม่มีอิทธิพลต่อการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

H_1 : จำนวนแบคทีเรียทั้งหมดและตำแหน่งที่ตรวจในตัวแบบมีอิทธิพลต่อการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา

ตารางที่ 9 ผลการทดสอบความสัมพันธ์

Chi-Square	df	Pr > ChiSq
37.1493	6	< 0.0001

จากตารางที่ 9 พบว่า ค่าไค-สแควร์ เท่ากับ 37.1493 และ p – value น้อยกว่า 0.0001 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 จึงสรุปได้ว่าจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดและตำแหน่งที่ตรวจมีอิทธิพลกับการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาอย่างน้อย 1 ตัวแปร อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05

สำหรับการตรวจสอบความเหมาะสมของตัวแบบการถดถอยโลจิสติก ในงานวิจัยนี้ใช้วิธีการทดสอบ Hosmer Lemeshow ให้ผลการศึกษาดังนี้

สมมติฐานที่ทดสอบคือ

H_0 : ตัวแบบการถดถอยโลจิสติกเหมาะสมกับข้อมูล

H_1 : ตัวแบบการถดถอยโลจิสติกไม่เหมาะสมกับข้อมูล

ตารางที่ 10 ผลการทดสอบความเหมาะสมของสมการการถดถอยโลจิสติก

Chi-Square	df	Pr > ChiSq
4.6489	8	0.7944

จากตารางที่ 10 พบว่า ค่าไค-สแควร์ เท่ากับ 4.6489 และ p – value เท่ากับ 0.7944 ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 จึงสรุปได้ว่าตัวแบบการถดถอยโลจิสติกที่ได้มีความเหมาะสมกับข้อมูลอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

ผลการประเมินความเหมาะสมของตัวแบบถดถอยโลจิสติกที่ใช้ในการพยากรณ์

การประเมินความเหมาะสมของตัวแบบถดถอยโลจิสติกที่ใช้ในการพยากรณ์ เมื่อกำหนดจุดตัดในการแบ่งกลุ่มเป็น 0.5 สามารถสรุปได้ดังตารางที่ 11

ตารางที่ 11 ผลการประเมินความเหมาะสมของตัวแบบสมการที่ใช้ในพยากรณ์

กลุ่ม	ขนาดตัวอย่าง	ผลการพยากรณ์	
		มีแนวโน้มพบเชื้อ	แนวโน้มไม่พบเชื้อ
มีแนวโน้มพบเชื้อ	69	30 (43.5%)	39 (27.3%)
มีแนวโน้มไม่พบเชื้อ	129	25 (45.5%)	104 (80.6%)
รวม	198		

$$\text{อัตราการพยากรณ์ผิดพลาดเท่ากับ } \frac{(25+39) \times 100}{198} = 32.32\%$$

แสดงว่า การวิเคราะห์ถดถอยโลจิสติกสามารถใช้พยากรณ์การพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาได้ด้วยความถูกต้อง 67.68%

สรุปผล

จากการศึกษาการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาจากข้อมูลโครงการเชียงใหม่สะอาดที่จังหวัดน่าน ที่เก็บข้อมูลในระหว่างเดือนมกราคม ถึง กันยายน ปี พ.ศ. 2554 โดยการเก็บตัวอย่างจากร้านค้าหมูในตลาดสด ผู้วิจัยได้รับการอนุเคราะห์ข้อมูลดังกล่าวจาก รศ.น.สพ.ดร. ธงชัย เณลิ้มชัยกิจ และ รศ.สพ.ญ.ดร. รุ่งทิพย์ ขวณชื่น โดยการใช้วิธีการถดถอยโลจิสติก เมื่อตัวแปรอิสระ คือจำนวนแบคทีเรียทั้งหมด และตำแหน่งที่ตรวจ 6 ตำแหน่ง ได้แก่ เนื้อสุกร เชียง ตราซัง มีด ถาด และ มือผู้ขาย สรุปผลการศึกษาครั้งนี้สมการถดถอยโลจิสติกภายใต้ตัวแปรที่ศึกษาทั้งหมด แสดงในสมการ (1) และ (2) และเนื่องจากตัวแปรตำแหน่งที่ตรวจนั้นมีความสำคัญต่อการวิจัยครั้งนี้ กล่าวคือตำแหน่งในการตรวจหาเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาอาจจะบ่งบอกถึงความสุขของเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาได้ และจากอัตราส่วน Odds พบว่า การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา ที่เนื้อสุกร เชียง ตราซัง และ ถาด มีโอกาสเกิดเพิ่มขึ้นประมาณ 1.5, 1.1, 1.3, และ 1.7 เท่า ของการพบเชื้อที่มือผู้ขาย ซึ่งเป็นกลุ่มอ้างอิง ตามลำดับ และ มีโอกาสพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาที่มีดจะลดลงประมาณ 1 เท่า ของการพบเชื้อที่มือผู้ขาย ส่วนจากการตรวจนับจำนวนแบคทีเรียทั้งหมดมีโอกาสพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาเพิ่มขึ้นประมาณ 2 เท่า ของการไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา และการทดสอบความเหมาะสมของตัวแบบ พบว่ามีความเหมาะสมกับข้อมูล โดยสมการดังกล่าวมีอัตราพยากรณ์ผิดพลาดของความน่าจะเป็นการพบ/ไม่พบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกา 32.32 % หรือฟังก์ชันถดถอยโลจิสติกนี้สามารถใช้พยากรณ์การพบเชื้อซาลโมเนลล่าเอนเทอริกาได้ด้วยความถูกต้อง 67.68% เมื่อกำหนดจุดตัดในการแบ่งกลุ่มเป็น 0.5.

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณ รศ.น.สพ.ดร. ธงชัย เณลิ้มชัยกิจ และ รศ.สพ.ญ.ดร. รุ่งทิพย์ ขวณชื่น ที่อนุเคราะห์ข้อมูลสำหรับการศึกษานี้ และขอขอบคุณสถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ที่สนับสนุนงบประมาณการทำวิจัย

เอกสารอ้างอิง

ภาษาไทย

เกรียง กิจบำรุงรัตน์. “ตัวแบบถดถอยโลจิสติกเชิงอันดับสำหรับคณะวิชาและการวิเคราะห์เกรด

นักศึกษา” วารสารวิชาการ Vol. 6 January – April, 2556. แหล่งที่มา:

<http://www.ejournal.su.ac.th>

พรเพ็ญ พัฒนโสภณ วัชรชัย ณรงค์ศักดิ์ และศศิ เจริญพจน์. (2550). “ความชุกซีโรวาร์และความไวต่อ
ยาต้านจุลชีพของเชื้อ *Salmonella* spp. ที่แยกได้จากฟาร์มไก่และสุกรในเขตภาคกลาง.”

สัตวแพทยสาร 58, 2 (สิงหาคม): 49-63.

วรรณาทิพย์ เต็มมawangษ์ ฆรรณี ต้อยเต็มวงค์ ประเวทย์ ต้อยเต็มวงษ์ และอรุณ บ้างตระกูลนนท์. (2549).

การตรวจนับเชื้อซัลโมเนลล่าในสัตว์, 485-492. ใน การประชุมทางวิชาการของ

มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 44. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.

สุชาติ มูลสวัสดิ์ พิเชษฐ พักบัว และไกรแก้ว คำดี. (2548). “การศึกษาการปนเปื้อนของเชื้อซัลโมเนล
ล่าในเนื้อสุกรเขตภาคเหนือตอนล่าง.” *วิชาการปศุสัตว์เขต 5* 7, 2 (กุมภาพันธ์-พฤษภาคม).

อุไม บิลหมัด สายันต์ ย้อยดำ อีรพรพรณ ภูมิภมร ประสบพร ทองนุ่น และประภัสสร อนันต์. (2550).

“ซีโรวาร์และการดื้อยาต้านจุลชีพของเชื้อ *Salmonella* ที่แยกได้จากเนื้อสุกรและเนื้อไก่ใน
ภาคใต้.” *Thai-NIAH* 2, 1 (พฤษภาคม-สิงหาคม): 27-37.

ภาษาต่างประเทศ

Barber, D.A., G.Y. Miller and P.E. Mcnamara. (2003). “Model of Antimicrobial Resistance
and Foodborn illness: Examining Assumptions and Practical Applications.” *Food
Protection* 66, 4: 700-709.

Hendriksen, R.S., S.L. Hello., V. Bortolaia., C. Pulsrikarn., E.M. Nielsen., S. Pornruangmong.,
P. Chaichana., C.A. Svendsen., F. Weill and F.M. Aarestrup. (2011). “Characterization of
Isolates of *Salmonella enterica* Serovar Stanley, a Serovar Endemic to Asia and
Associated with Travel.” *Clinical Microbiology* 50, 3: 709-720.

Pulsrikarn, C., P. Chaichana., S. Pornruangwong., Y. Morita., S. Yamamoto and S. Boonmar.
(2012). “Serotype, Antimicrobial Susceptibility, and Genotype of *Salmonella*
Isolates from Swine and Pork in Sa Keaw Province, Thailand.” *Thai J Vet Med*
42, 1: 21-27.