

國立臺灣大學理學院地理環境資源學系

碩士論文

Department of Geography

College of Science


National Taiwan University

Master Thesis

人口旅運動態與登革熱傳播的時空分析

Spatial-temporal Analysis of Dengue Transmission

through Daily Movement of Population



黃宜庭

Yi-Tin Huang

指導教授：溫在弘 博士

Advisor：Tzai-Hung Wen, PhD

中華民國 100 年 1 月

January, 2011

國立臺灣大學碩(博)士學位論文
口試委員會審定書

人口旅運動態與登革熱傳播的時空分析

Spatial-temporal Analysis of Dengue Fever
Transmission through People's Daily Movement

本論文係黃宜庭君 (R97228024) 在國立臺灣大學地理環境資源學系、所完成之碩(博)士學位論文，於民國 99 年 12 月 01 日承下列考試委員審查通過及口試及格，特此證明。

口試委員：

張志弘

(簽名)

(指導教授)

黃崇源

方啓泰

致謝詞

匆匆兩年半過去了，很高興在最後得一年半遇到了溫在弘老師，讓我有機會對自己喜歡的空間統計更系統更有效率的學習，老師聰明絕頂且很善於解說，讓我這個英文程度不甚佳的學生，可以快速掌握其精髓。回想這一年半，有許多機會可以在寶山之中挖掘更多的寶物，可惜敗在自己的心態與起起伏伏的身體狀況，入寶山卻沒有滿載寶物，甚是可惜。也謝謝口委方啓泰老師與黃崇源老師，兩位分別在防疫政策及論文寫作上給予我意見，讓論文的呈現可以更好。

另外要感謝一位特別的老師--朱子豪教授，若不是老師的神通力，告訴我生病的病因，我也沒有處理他的機會，很謝謝老師讓我可以擺脫纏著我將近八年的病，讓我可以對自己的情緒與身體有主控權，這一年半來雖然又發生了更多我意想不到的靈異事件，讓我身體每況愈下，不過，總是在往好的方向點滴的前進著。

論文在失眠與昏眩中完成，可想而知其當中的語句與邏輯都亂而無序，不過我已經盡力了，擠出僅剩的一些腦袋，花了比原先預計長出3倍的時間，最終我完成了，還滿喜歡寫論文的過程，它讓我有機會檢視自己研究的問題、有系統的歸納其他論文如何處理這方面的議題，在過程中會有新的火花冒出來，常有「好想重做一次」的想法，不過，還是趕快畢業賺錢吧！盡盡為人子女的義務了。

還有一位要特別感謝的人，那就是在我想出國留學時，殺出來的程咬金--夏先生，雖然計畫都打亂了，但是謝謝你陪我度過一次次病魔的考驗，讓我在很絕望的時候並不是孤單一個人，我知道未來，我不再孤單一個人面對這個「堪忍」的世界，也希望你能通過我媽媽嚴酷的考驗，趕快把我娶回家，哈哈！

摘要

目地：本研究之目的在於探討人口旅運動態對於登革熱傳播的影響，分析人口移動及地理鄰近結構的傳播特徵及評估其區域間之差異。

方法：本研究以以時間掃描將 2001~2003 年在高雄地區之登革熱疫情，區分成群聚初期和群聚期，進而以群聚初期為初始疫情，透過旅運矩陣與地理鄰近矩陣模擬群聚期的病例分佈，分析旅運傳播與鄰近擴散的特徵。其次，本研究利用雙空間延遲地理加權迴歸模型(Dual Spatial Lag with Geographically Weighted Regression, DSLGWR)，找出旅運傳播與鄰近擴散因子在登革熱傳播上的區域差異，這些差異形成各區域的傳播特徵。

結果：旅運矩陣的模擬結果，能夠解釋大部分群聚期病例的分佈，亦發現高雄地區的旅運結構可能具有重疊子群，且子群內部的旅運連結強度不同，而造成有些地區較快受到波及，有些則較慢，旅運連結強度較強的子群(如小港區及鳳山市)且與前期病例分佈子群重疊大的(前鎮區)會較快受到波及，旅運連結強度較低的子群(如鼓山、鹽埕與旗津區)以及與前期病例分佈子群幾乎沒有重疊(如左營與楠梓區)，則較慢波及。鄰近矩陣之模擬結果，則只能解釋環繞在群聚期前期交通區及其周邊的群集現象。雙空間延遲地理加權迴歸模型所找到的區域傳播特徵，可以概分為三類: (1) 鄰近擴散傳播為主的地區為高雄較落後或較早開發的地區，(2) 旅運傳播為主的地區為工業區與新發展的地區，(3) 兩者影響力差不多的地區，則處在高雄中央的帶狀地帶，此區人口密集且交流頻繁，新舊社區交雜。

結論：群聚期前期的地區進行接觸式之鄰近擴散傳播及利用移動的人口將登革熱逐漸傳播至較遠的社區。以區域傳播特徵搭配病例前期分佈之分析，發現高雄 2002 年的登革熱疫情，主要由人的移動傳播所主導。且人口越多的地區移動，傳播能力越強。由於區域傳播特徵不同，故防疫策略應要有所差

異。

關鍵字： 登革熱、人口旅運、時間掃描統計、空間自迴歸、地理加權迴歸



Abstract

Objective: The purpose of the study is to analyze the role of population movement in the dengue transmission and to differentiate the diffusion characteristics of the epidemic due to population movement and geographic proximity.

Methods: Temporal scan statistics was used to divide into the initial and clustering periods of the dengue epidemic. We then used the disease cases during the initial period and the matrices of population travel and geographic proximity to simulate the spatial patterns of the clustering period. The dual spatial lag with geographically weighted regression was used to identify the spatial heterogeneity of diffusion characteristics due to population travel and geographic proximity.

Results: The results indicated that most of cases during the clustering period can be explained by the simulation with the population travel matrix. The areas with stronger travel connectivity (ex. Hdisoksng Precinct and Fengshan city) and with large overlap of initial period (ex. Chienchen Precinct) were diffused earlier. On the other hand, the areas with weaker travel connectivity (ex. Kushan, Yenchen, Chiching) and with almost none overlap of initial period (ex. Tsoying, Nantzu Precinct) were diffused later. The simulation with the geographic proximity matrix can only explain the clustering patterns of the areas and the surroundings where cases occurred during the initial period. The regression results indicated that the effect of geographic proximity is significant on disease diffusion in the areas with early development; effect of population travel is significant in the industrial areas and new development areas. Both effects are significant in the central belt areas with densely populated of Kaohsiung.

Conclusion: The patterns of dengue epidemic in 2001-2003 mixed the contagious and relocation diffusion due to population travel and was spread by the population

movement mainly. Therefore, implementation of prevention and control strategies should take different diffusion characteristics into further consideration

Keywords: dengue, population movement, temporal scan statistics, spatial autocorrelation, geographically weighted regression



目錄

目錄.....	I
圖目錄.....	IV
表目錄.....	VI
一、前言.....	1
1.1 研究背景與動機.....	1
1.2 研究目的.....	5
二、文獻回顧.....	7
2.1 傳染病的傳播.....	7
2.1.1 傳播理論.....	7
2.1.2 傳播模型.....	11
2.1.3 傳染病的空間群聚分析.....	12
2.2 人口移動的疾病傳播研究.....	15
2.2.1 人的動態移動類別.....	15
2.2.2 傳染病的動態傳播模型.....	16
2.2.3 由下至上的個體移動分析.....	17
2.2.4 人口移動與登革熱傳播.....	18
2.3 小結.....	20
三、研究資料.....	21

3.1 研究區域及登革熱病例.....	21
3.2 交通旅次矩陣、后矩陣與空間單元.....	23
四、研究方法與研究假設	26
4.1 研究架構.....	26
4.2 時空掃描群聚分析	28
4.3 矩陣模擬分析	34
4.3.1 交通旅運矩陣之群聚期模擬	34
4.3.2 鄰近矩陣的群聚期模擬.....	38
4.4 雙空間延遲地理加權自迴歸	41
4.4.1 雙空間延遲自迴歸	41
4.4.2 地理加權迴歸	44
4.4.3 雙空間延遲地理加權迴歸	48
五、研究結果	51
5.1 群聚期切割.....	51
5.2 矩陣模擬群聚期結果.....	54
5.2.1 DO 矩陣模擬結果	54
5.2.2 W_Q 矩陣模擬結果	58
5.3 雙空間延遲地理加權迴歸結果	61
5.3.1 雙延遲參數空間分佈圖.....	61
5.3.2 雙空間延遲參數合併圖.....	66
六、研究討論	69
6.1 矩陣模擬結果討論	69

6.1.1DO 矩陣模擬結果討論	69
6.1.2W _Q 矩陣模擬結果討論.....	72
6.2 雙空間延遲參數綜合討論	74
6.3 研究限制.....	78
七、結論與建議	80
7.1 研究發現.....	80
7.2 研究建議與展望	82
參考文獻：.....	83
一、英文文獻.....	83
二、中文文獻.....	91
附錄.....	93
附錄一：地理加權迴歸參數的區域標準誤推導過程.....	93
附錄二：SatScan 分析報表.....	94
附錄三：One-Sample Kolmogorov-Smirnov test 報表.....	95
附錄四：DSL _{GWR} 報表.....	96

圖目錄

圖 1、WHO 的 SEARO(SOUTH-EAST ASIA REGIONAL OFFICE)9 國登革熱確診 病例數分佈曲線(1985~2006)及五年移動平均線(MVA(5)).....	4
圖 2、台灣地區登革熱境外移入病例數分佈曲線(1990~2009 年)及 5 年移動 平均線(MAV(5)).....	4
圖 3、三種傳播模式：(A)擴張式傳播，(B)易位式傳播，(C)複合式傳播	8
圖 4、階層式傳播	9
圖 5、2001 年~2003 年高雄市與鳳山市登革熱病例數	22
圖 6、群聚期登革熱病例分佈圖	22
圖 7、109 個交通區分佈圖.....	25
圖 8、研究架構圖	27
圖 9、純空間掃描示意圖.....	29
圖 10、時空掃描分析及前瞻式、回溯式掃描分析示意圖.....	30
圖 11、純時間掃描示意圖.....	31
圖 12、前瞻式掃描尋找群聚期前期示意圖	33
圖 13(A)、三個交通區的日旅運圖，(B)旅次 OD 矩陣.....	34
圖 14、三個交通區的相鄰位置圖.....	38
圖 15、空間 KERNAL.....	45
圖 16、(A)固定 KERNAL，(B)自動調控 KERNEL.....	46
圖 17、最可能群聚期 T_C 與最可能群聚期前期 T_P	52
圖 18、(A)最可能群聚期前期病例分佈圖 Y_P 與(B)最可能群聚期病例分佈圖 Y_C	53
圖 19、DO 矩陣模擬群聚期病例分佈	57
圖 20、 W_Q 矩陣模擬群聚期病例分佈圖	60

圖 21、(A)PWQ(u,v)空間延遲參數估計值，(B)標準誤與(C)檢定值分佈圖 ...	63
圖 22、(A)PDO(u,v)空間延遲參數估計值，(B)標準誤與(C)檢定值分佈圖	64
圖 23、雙空間延遲地理加權自迴歸模式殘差圖	65
圖 24、(PWQ, PDO) 25 等級圖	66
圖 25、(PWQ, PDO)等級分佈圖	67
圖 26、交通區行政劃分不均圖	73
圖 27、八鄰近的鄰近個數直方圖	73
圖 28、登革熱防疫的流程圖	75
圖 29、雙空間延遲參數對人口密度及人口數散佈圖	77



表目錄

表 1、空間群聚分析工具.....	12
表 2、KULLDORFF 的 SATSCAN 軟體的分析類型與機率模型	28
表 3、DO 矩陣模擬之群聚期病例分佈與最可能群聚期病例分佈相關係數表	54
表 4、W _Q 矩陣模擬之群聚期病例分佈與最可能群聚期病例分佈相關係數表	58
表 5、模式之 AIC _c 比較表	62
表 6、(PWQ, PDO) 等級與交通區對照表.....	67



一、前言

1.1 研究背景與動機

嚴重急性呼吸道症候群(severe acute respiratory syndrome, SARS)自 2002 年 11 月在中國大陸廣東省開始有感染個案出現，之後香港、越南、新加坡以及加拿大等國，相繼出現感染病例，短短的三個月內，全球超過 20 個國家受到感染(黃小娟, 2005; 行政院衛生署疾病管制局, 2010)，及自 2009 年 3 月墨西哥發生的 A 型流感亦在極短的時間爆發全球性的感染，這樣的全球性或是跨洲際的快速傳播，人口之旅運全球化是肇始之因，也開啓了病毒全球蔓延的序章，因此，人口移動因子對於傳播疫病的影響，在人傳人的流行病傳播研究方面，開始了有多方文獻的討論(Lloyd-Smith et al., 2005; Meyers et al., 2005; Colizza et al., 2007)。然而人口移動對於蟲媒傳染病的傳播影響，仍是較少被研究的課題，而隨著全球暖化，在亞熱帶地區冬季低溫逐年上升，有助於蟲媒存活過冬，若加上移動的人口攜帶病原跨國旅行，那麼境外移入的病例再加上氣候形成的良好蟲媒發展條件，即有機會形成境內疫情爆發並延長傳播時間，使得近年來，流行性的蟲媒傳染病逐漸轉成地方性的傳染病(Wu et al., 2007)，且有向溫帶地區蔓延的趨勢(Rogers et al., 2000)。而影響台灣最嚴重的蟲媒感染病---登革熱，在過往的文獻中，著重於蚊媒的生態習性研究(Judson, 1967; Yasuno et al., 1970; 李學進, 1991; Mellor et al., 2000)，進而發展出對應的防疫措施，但是對於移動人口影響登革熱傳播的情況卻所知不多。

登革熱，是一種蚊媒傳染病，人經由攜帶登革病毒的蚊子(埃及斑蚊或白線斑蚊)叮咬後感染，經過 3~8 天潛伏期後發病，在發病前一日到至發病後五日為「病毒血症期」，在這時期若被蚊媒叮咬，此斑蚊將會感染病毒，病毒會在蚊體內增殖，經 8-12 天後這隻斑蚊即具有傳染力，當它再叮咬人時，即可將病毒傳給另一人，斑蚊一旦受染終生都會具有傳播力(行政院衛生署疾病管

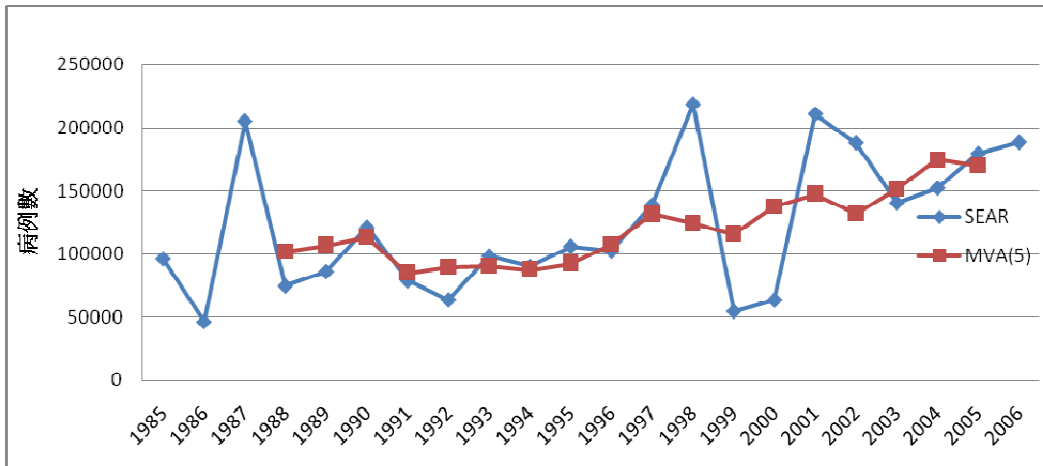
制局, 2009), 其傳播特色是「人-蚊媒-人」的一連串交互作用, 將登革熱病原傳播開。

登革熱全球的主要發生地在熱帶及亞熱帶有埃及及白線斑蚊分佈之地區, 包括亞洲、中南美洲、非洲及部分太平洋島嶼, 並在部分地區如斯里蘭卡、印度、孟加拉、緬甸、泰國、寮國、高棉、越南、馬來西亞、新加坡、印尼、新幾內亞、菲律賓、密克羅西亞、大溪地、加勒比海群島, 以及若干中南美洲國家, 已生根成爲地方性傳染病(行政院衛生署疾病管制局, 2009); 根據世界衛生組織(World Health Organization, WHO)統計資料顯示, 東南亞地區登革熱的確診病例在 2002~2006 年間, 比 1985~1989 年還多了 66.93%(WHO, 2007), 每年感染之病例數有逐漸增加的趨勢(圖 1), 而台灣與東亞及東南亞各國的往來十分頻繁, 由 1999 年 497 萬人次成長到 2009 年的 718 萬人次(交通部觀光局, 2010), 而病原可透過移動人口的跨國旅行, 傳播至其他國家, 故台灣每年登革熱流行之病毒株, 經基因親緣性比對分析均與東南亞病毒株相近(行政院衛生署疾病管制局, 2009), 顯示台灣的登革熱發生與東南亞地區的登革熱流行有關, 因此, 隨著東南亞地區的疫情逐年增溫及國人往來東南亞地區旅遊經商人次的增加, 引入登革熱病毒之風險相對增加許多, 從境外移入病例資料來看, 台灣的境外移入病例數從 1990~1994 年的年平均 18 人至 2005~2009 年的 164.4 人(圖 2), 增加了 8.13 倍的境外移入病例(行政院衛生署疾病管制局, 2009, 2010)。

今日病原能夠快速的進行跨洲移動, 乃由便捷的航空旅行所致, 若將同樣的思維放置在境內的區域感染, 病原是否亦透過搭乘運輸工具的人們進行傳播? 透過旅運傳播的影響又有多大? 而登革熱除了移動的宿主之外, 尚需斑蚊作爲傳播的媒介, 環境特徵是影響斑蚊分佈的最主要因子, 而環境特徵亦是代表著人們不同的土地利用方式, 譬如: 農業、工業、商業、住宅、交通、綠地、空地等, 反映了當地的生活水準和經濟發展程度, 由於區域間的發展特色不同, 因此人們在就業、就學、購物與休閒上, 會有跨區域的移動情形, 而在交通便

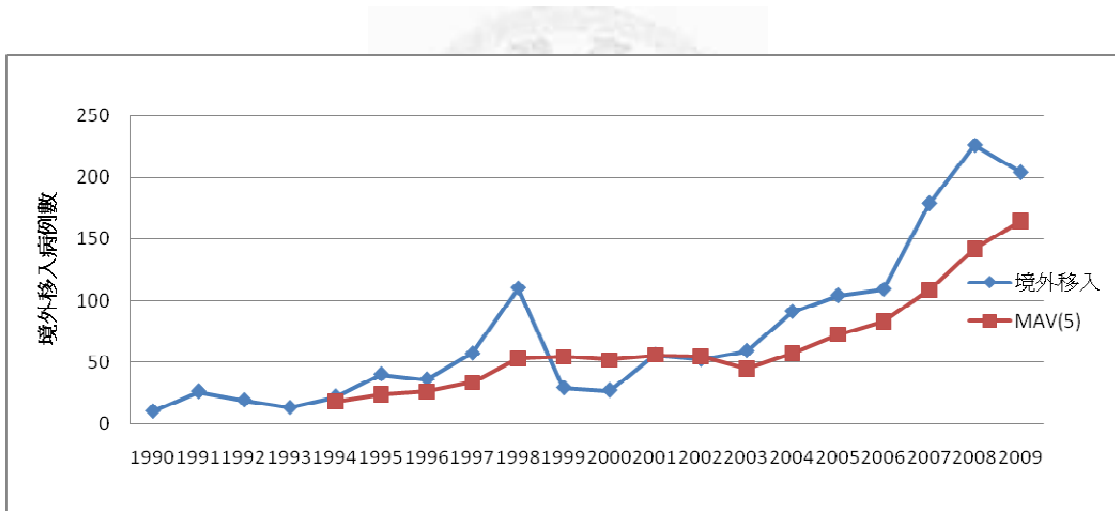
捷與私人運具快速發展下，跨區域移動的速度、頻率與距離都增加不少，本文欲探討高雄地區之人口旅運是否對於登革熱傳播有影響，若有影響，則進一步以迴歸模型處理人口旅運在不同地區之傳播能力。

登革熱傳播是「環境－人－斑蚊」三方互動下的結果，過去登革熱的研究多著重在蚊媒的生態習性研究，包含生命週期、棲息環境、覓食與產卵行爲 (Judson, 1967; Yasuno et al., 1970; 李學進, 1991)、溫濕度與雨量(Mellor et al., 2000)對於族群增減的影響、分佈緯度與海拔高度等等，因此可以針對其發展出對應其習性的防制策略，在台灣登革熱實際的防疫策略，主要是透過控制蚊媒的密度，如噴藥、滋生源清除或加強社區環境清潔，以中斷傳染途徑，以控制「環境－人－斑蚊」之環境與斑蚊面向，然而隨著暖化增溫(Githeko et al., 2000)及境外移入病例增加，耗費在環境及蚊媒管理的資源將會越多，然而投入如此多之人力物力，南台灣之登革熱疫情卻逐漸生根為地方性傳染病，從2001年開始年年都有疫情，若能夠了解各區域之旅運傳播對於疫情的影響，則能進一步加強登革熱防治於「人的傳播途徑」上，以補足現今之防疫缺塊，在資源有限下，亦增進登革熱防治的效率。



資料來源：(WHO, 2007)

圖 1、WHO 的 SEARO(South-East Asia Regional Office)9 國登革熱確診病例數分佈曲線(1985~2006)及五年移動平均線(MVA(5))



資料來源：(行政院衛生署疾病管制局, 2009)

圖 2、台灣地區登革熱境外移入病例數分佈曲線(1990~2009 年)及 5 年移動平均線(MAV(5))

1.2 研究目的

病原會隨著感染的宿主移動，感染的宿主受到居住地或是往來地的蚊媒叮咬，使得蚊媒成爲病原的攜帶者，病媒蚊再度叮咬其他健康的宿主，使得其他的宿主受到感染，如此不斷循環，會形成兩種感染型式，一是鄰近式傳播，爲受感染之宿主受到居住地的蚊媒叮咬，使得居住地的蚊媒成爲病媒蚊，又再度叮咬居住地的其他宿主，因此造成病例有鄰近的群聚現象；二是易位式傳播，爲受感染之宿主因上班、上學或其他旅運目的地，進行居住地以外的移動，到達外出地後受到當地的蚊媒叮咬，使得往來地的蚊媒受到感染，蚊媒再度叮咬往來地之宿主，形成往來地的群聚，因此造成病例之群聚區有跳躍的現象，因此本研究主要探討人口移動因子對於登革熱傳播的影響，並輔以鄰近式傳播分析，本研究主要分爲兩部分：

(1) **人口移動與鄰近傳播之登革熱傳播模擬**：本文以交通部運輸研究所調查之高雄都會區日旅次 OD 矩陣(Origin-Destination Matrix, OD Matrix)替代真實的人口移動資訊，以交通區爲起迄旅運單位(詳 3.2 交通旅次矩陣與空間單元)，此日旅次 OD 矩陣包含任一宿主在平常日(星期一到星期五)從居住地爲起始點至返回居住地之所有旅次，因此假設高雄地區之宿主每日的旅運習慣都相同下，潛在的受感宿主藉由經常性的往返，將病原攜帶至其他交通區，或是健康的宿主至疫區受到感染，再返回居住地，本文以日旅次 OD 矩陣模擬人口移動的傳播效果，假設在未考量隨機傳播(stochastic process)下做疾病傳播模擬，同時亦加入登革熱鄰近傳播模擬，因距離離疫區較近的地區受到疫情的波及機率較距離遠的高。本文第一部分即分別進行人口移動傳播與鄰近傳播模擬，從中觀察兩者的傳播特徵，並將模擬結果與實際的病例分佈進行比較，討論旅運傳播與鄰近傳播能夠解釋的實際病例分佈，與其無法解釋的部分。

(2) **人口移動與鄰近擴散傳播的區域差異**：本文以人口移動傳播與鄰近擴

散傳播作為登革熱病例在空間上分佈呈現群聚現象的空間結構因子，因此使用分析空間互動模型的雙空間延遲自迴歸，以處理因為兩因子的空間互動而產生的病例群聚分佈現象，然而傳染病的傳播並非是穩態的過程，也就是兩因子在不同區域中影響登革熱傳播的能力是有強弱程度差異的，因此結合區域迴歸模型中的地理加權迴歸，以處理人口旅運及鄰近擴散因子在登革熱傳播上的區域差異，這些差異形成各區域的傳播特徵，最後本文依此分析結果提出不同的區域傳播特徵宜採行之防疫管理策略。



二、文獻回顧

疾病地理學(Disease geography)是醫學地理學(Medical geography)的一個分支，應用地理學的概念與方法研究疾病發生的地理區位，與環境和社會文化間的關係，其中亦有專論傳染病的疾病地理分析，著重於研究流行病的空間分佈與擴散模式，並思考傳染病和地理環境的關係(Cliff, A. D., 1981; Haggett, 2000)，傳染病的發生包含病原、宿主及環境，病原能在宿主族群擴散，環境在其中扮演推波助瀾的角色，其複雜的動態互動效果造成傳染病的流行與再現(李美慧, 2005)；除了環境的影響，隨著貿易往來日益頻繁與運輸的便捷，平均每天有一百萬人跨國界移動，而每周有一百萬人在開發中國家與已開發國家間旅行(Garrett, 1996)，這樣龐大人口的移動使得國家間與區域間不再是獨立無關的個體(Mayer, 2000)，傳染病的新現與再現都與遷徙與移動的人口有關，因此了解疾病的在地理上的傳播過程及人的移動在其中扮演的角色至關重要。本文先回顧了傳播理論與模型，透過環境與人為因子的影響，疾病在空間中會呈現群聚現象，因此回顧了處理群聚的空間計量方法，最後將焦點放在人口移動的疾病傳播模型文獻上。

2.1 傳染病的傳播

2.1.1 傳播理論

探討流行病在空間上的傳播過程始於流病學家 Hamer，其後流病的地理空間移動傳播成為重要的議題(Mollison, 1977; Cliff, AD et al., 1988)。「傳播」其意指由一點或是起始地向外移動或擴散的過程，其研究核心為瞭解引起傳播的機制、傳播過程、特徵和流病的空間分佈型態，除了分析疾病如何透過人群在空間中傳播，學者們還希望能預測未來的可能病例數以及哪裡會是最可能的發

生地點。傳染病既是透過人群在空間中傳播，那麼瞭解人口交流的範圍與形式，有助於流病傳播渠道的瞭解，從而可得知目標防疫族群與區域，或是建立免疫緩衝族群與防疫警戒區(Meade et al., 2000)。

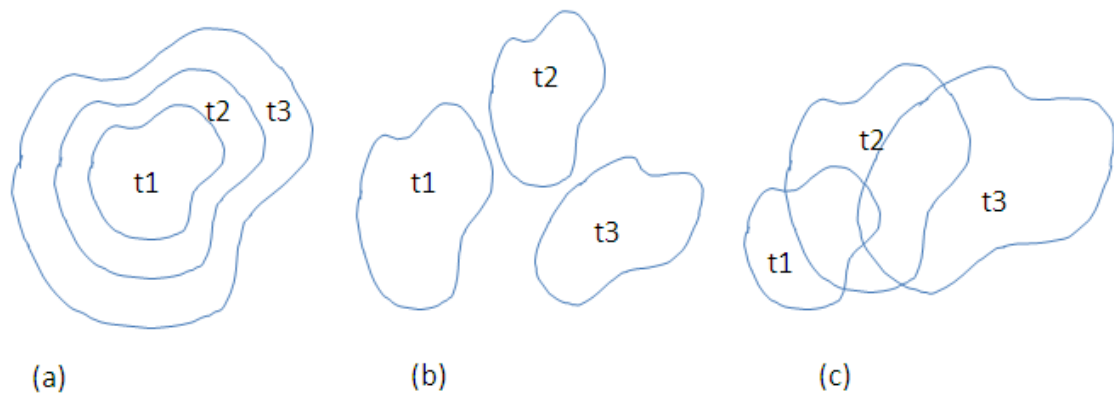


圖 3、三種傳播模式：(a)擴張式傳播，(b)易位式傳播，(c)複合式傳播
分別以 3 個時期(t1、t2、t3)表述傳播特徵

重製圖表：Cliff, A. D. (1981), *Spatial diffusion : an historical geography of epidemics in an island community*, p.6, New York : Cambridge University Press.

傳播模式有三種，擴張傳播(Expansion)、易位傳播(Relocation)與複合傳播(Combined)(圖 3)，擴張傳播是由中心向四周擴散，易位傳播則是不同時期的傳播中心位移，複合傳播則由上述兩種傳播混合(Cliff, A. D., 1981)。其中擴張傳播由兩種方式產生，一為接觸式(contagious)，傳播由直接接觸產生，這個過程距離的因子影響很大，地理學家稱之為「距離摩擦力」，越遠的個體間越不容易接觸或互動，與距離成反比，因此近鄰的個體或社區較遠地的個體或社區有較高的接觸機率，因此是由中心向外傳播，另一種是階層式(hierarchical)傳播，把城市的規模考量近來，若傳染病落在次一級的都市，則由起始地先向下一層級局部(local)傳播(圖 4、(b))，上一階層的高階城鎮則較慢被傳播(圖 4、(c))，一旦高層被傳播到則易形成較大範圍的區域(regional)擴散(圖 4、(d)) (Cliff, A. D., 1981; Haggett, 2000)。

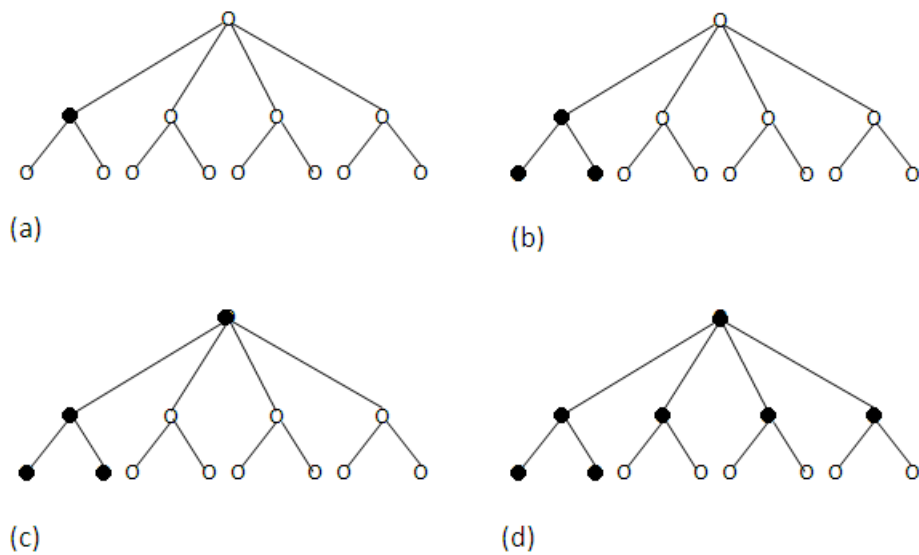


圖 4、階層式傳播

(a)起始地，(b)向下一層局部(local)傳播，(c)慢慢向上一層傳播，(d)向下一層區域(regional)傳播

重製圖表：Cliff, A. D. (1981), *Spatial diffusion : an historical geography of epidemics in an island community*, p.9, New York : Cambridge University Press.

Kan(2008)認為 2002 年的高雄地區登革熱之傳播模式分為兩類，一為接觸式傳播，通常都離初始感染地一公里以內，這種模式具有快速散佈的特性，二為易位式傳播，此模式傳播時間可長達 10 周，由南往北感染，病毒由一個群集點，可跳至好幾個較遠的地區，沒有症狀及輕微症狀的受感染者的活動、旅運及社交行為是造成易位模式的原因；同時，接觸式傳播亦伴隨著易位式傳播，因疫區多大於蚊媒的飛行範圍，因此推論登革熱由人傳播的能力更勝於蚊子，所以，在低人口密度的疫區，傳播速度較低，轉為大疫區的機會也較小。

林政宏(2007)提出此波登革熱在台灣地區只有一個明顯的空間群聚核心區，以接觸傳染為主要傳播的方式；其以 LISA(Local Indicators of Spatial Association)分析不同時間剖面的熱點，再將不同時間剖面的資料串連呈動態的

擴散過程，發現在擴散階段，登革熱是以接觸式擴散為主要方式；在疫情消退階段，則呈現階層式擴散的型態。



2.1.2 傳播模型

傳染病的研究剛開始時致力於時間序列的探討，譬如流行病的週期 (Hethcote et al., 1981; Aron et al., 1984)、傳播速度(Cliff, A.D. et al., 1982)或預測 (Noah, 1989)，然而可能的感染族群比例，不但會隨個體的屬性，如：年齡、預防接種歷史、收入或教育程度等改變，亦會受到地理因素的影響，如：土地利用型態、在地衛生條件或住宅品質等，因此，其後有越來越多的研究加入了「空間」的探討(Gould, 1993; Grenfell et al., 2001)，僅有時間或空間的單面論述無法真實呈現疾病的傳播過程，因傳染病的新現與再現是由於土地利用的改變與人口移動等因子互動的過程(Meade et al., 2000)。

傳染病的空間傳播以重力模型(Gravity model)為例(式 1)，其可解釋或預測區域間傳播的動態過程(Xia et al., 2004; Viboud et al., 2006)，基本的模式是假設區域族群間的可能互動(F_{ij})與區域的社經質量(Economic mass; M_i, M_j)相乘成正比(吸引項)，與區域間的距離(D_{ij}^{κ})成反比(摩擦項)，反比的次方數(κ)需要校正，應視區域間的交通網絡是何形式，也就是傳播的途徑是經由陸運、空運還是海運，又如往來的速率與頻率等都會影響區域間的互動程度，亦影響疾病的傳播速度、範圍與嚴重程度(Patterson et al., 1983)。

$$F_{ij} = G \frac{M_i M_j}{D_{ij}^{\kappa}} \text{-----}(1)$$

Rabaa (2010)以基因親緣比對近年在越南再現的登革熱疫情，發現無論在城市或是鄉村病毒型都有很高的多樣性，尤其在相鄰近的地區與中心都市胡志明市病毒有很高的交換比率，並以人口密度及距離的重力模型呈現的病毒的動態傳播過程，指出人口移動是最主要的傳播動力，以及人口數要足夠多才足以支持疫情爆發並傳播至鄉村地區，因此胡志明市是登革熱疫情的引擎(Rabaa et al., 2010)。

2.1.3 傳染病的空間群聚分析

傳播是經由區域、族群與通訊連繫而形成的資訊流、人流與物流進行的過程(Meade et al., 2000)，因此傳染病往往會形成群聚的現象，空間流病學家在研究傳染病時，都必須從時間與空間的兩個向度進行討論，並以地圖來呈現病例的分佈型態、找出的群聚範圍、分析及預測的結果等，群集的現象主要由空間變化來主導，土地利用的不同加之以屬性相異之人群與地方的互動，都可能使得病例呈現非隨機的分佈現象(Pfeiffer, 2008)。

表 1、空間群聚分析工具

	點資料	面資料
全域分析	K 鄰近, Ripley's K, GAM	Moran's I, Geary's C
區域分析	Kulldorff Spatial Scan	Local G, LISA

空間分析將病例分佈分為三類：均勻、隨機與群聚，而根據資料類型則分點資料(Point data)與面資料(Aggregated data)，分析模式可分為全域或區域分析(表 1)，全域分析可得整個研究空間的趨勢，區域分析可獲得空間局部的特性。在點資料的空間群聚分析方面，最常使用的是可以考量到風險人口(population at risk)異質分佈的最鄰近 K(K-nearest neighbor test)(Cuzick, 1990)與可以給出群聚半徑的 Ripley's K(Ripley, 1976, 1977)，而時空群聚分析最早由 Knox 發展出處理時間與空間點資料的群聚分析方法(Knox et al., 1964)，雖有許多缺點，但 Ederer-Myers-Mantel 檢定、Mantel's 檢定與 Barton's 檢定，都以 Knox 概念為基礎發展(Pfeiffer, 2008)，使用點資料分析的優點是有精確的病例位置，病例的地理資訊可以保留，但是不容易處理病例本身及周邊對應的人口學變項與

環境致病因子，因此面資料的空間統計分析如 Moran's I (Moran, 1950)與 Geary's C(Geary, 1954)，可做為空間群聚分析的常用工具，其概念類似皮爾森相關係數，只是使用的是空間資料，空間資料本身有是否相鄰以及距離遠近問題，不具有獨立同分佈的特性。

上述為全域的空間分析方法，大部分的全域分析都無法處理空間非穩態的問題，且區域的效果在經過加總之後模糊化，因此區域的空間統計模型應運而生，在面資料方面，Local G 及 Local Moran(Anselin, 1995)(又名 Local Indicators of Spatial Association, LISA)其只在鄰近限定的區域中衡量空間相依性，其中 LISA 是最廣為使用的方法，因 LISA 除了可以加以分辨相似區是高數值群聚(High-High)或是低數值群聚(Low-Low)，還可辨別相異區的低高(Low-High)或高低(High-Low)差異，亦可用來偵測局部的奇異區(Outlier)。然而美中不足的是面資料是經過加總過後的資料，在分析局部的群聚區域方面，其敏感度低於 Kulldorff(1995)發展的空間掃描分析(Spatial Scan Statistic)，且 LISA 的空間權重矩陣已預先假設了空間單元相依的方式，空間掃描分析則不會受到這種限制，還能運用其他社經共變數來校正群聚的定義(Hanson et al., 2002)。空間掃描分析由 Openshaw(1987)發展的地理分析引擎(Geographical Analysis Machine, GAM)開始，其概念是將研究區域切割出許多網格，以網格交點為中心產生許多不同半徑的搜尋視窗，比較視窗內的病例數與期望值，期望值是假設病例的發生服從波瓦松分佈。Kulldorff 則進一步將此概念擴展，不僅比較視窗內的病例數與期望值，還考量視窗外的病例數與期望值，得到可能然似比值(Likelihood ratio test)，除了空間的掃描亦可將此法運用在時間掃描及時空掃描的群聚分析上。

上述的全域或區域的分析法主要運用在群聚的偵測，找出群聚區在空間中坐落的位置與範圍，接下來就必須搭配迴歸分析，以解釋病例為何有如此之空

間分佈型態，然而病例的面資料間並不獨立，而是具有空間相依的特性，若使用傳統的迴歸分析，會使得模式殘差值具有空間關連性，表示模式忽略了未知的空間結構變數(Marshall, 1991)，使得參數估計產生偏差(bias)，且增加型一錯誤機率(Dormann, 2007)；空間的關連概念可類比於時間序列資料：收集到的資料時間間隔近的關連性較強，較遠的關連較低，故空間關連性被視為小區域範圍的變化，而迴歸模型則是用來解釋大尺度的變化(Cressie, 1989)，因此加入考量空間結構的迴歸分析，有助於理解流病的空間傳播過程，目前已發展處理空間關連的模型有自共變數模型(Autocovariate models)、空間特徵向量製圖(Spatial eigenvector mapping, SEVM)、一般最小平方法(Generalised least squares, GLS)、條件自迴歸(Conditional autoregressive models, CAR)、同步自迴歸(Simultaneous autoregressive models, SAR)、空間一般估計式(Spatial generalized estimating equations, GEE)等(Dormann, 2007)，這些處理空間關連的模型都假設空間是穩態的，也就是所有因子的空間相關結構在整體的研究區域中是恆定不變的，但這樣的假設在「擴散」的研究主題中是不成立的(Osborne et al., 2007)，Fotheringham et al. (2002)發展的地理加權迴歸模型(Geographically weighted regression)可以用來處理空間的不穩態，亦可以減少具有空間自相關的殘差，然而空間不穩態並不等於空間自相關，只是兩者有相關，因為空間的相關而產生反應變數(Response variables)在空間中呈現局部群聚現象，可運用 GWR 捕捉一些局部的變化，但 GWR 本身並不是用來處理空間自相關的工具(Kupfer et al., 2007)，且 GWR 在區域參數假設檢定尚有侷限(Fotheringham et al., 2002)。

2.2 人口移動的疾病傳播研究

2.2.1 人的動態移動類別

在個體動態行為中，Prothero 將人的動態移動分為循環移動(Circulatory movement)與遷徙移動(Migratory movement)兩類，循環移動是指宿主在一定的期間會返回住處，遷徙移動則是永久移居他處(Prothero, 1977)，其中循環移動的時間尺度可以分為一日、一周、數周至一月、數月至季與數季，空間尺度分為鄰里、都市內部、區域、國內與國際(Chapman et al., 1983)。在國際的尺度下，現代化的運輸工具縮短了宿主在全球往來的時間，亦縮短了病原體傳播至他方的時間及改變傳播之動態過程與路徑(Hollingsworth et al., 2007)，在更細的空間尺度下，人們規律(6 小時至數周)從家到學校讀書、家到工作地點之間的往返，以及不規律的拜訪親友或旅行，都是重要的病原體傳播模式(Chapman et al., 1983)，本研究之人口動態遷移為循環移動的「日」時間尺度，空間尺度為「都市內部」，以都市內部的日交通旅運資料，分析個體移動對於疾病傳播的影響。

2.2.2 傳染病的動態傳播模型

傳染病的動態傳播研究可以略分為幾類，一類是以微分方程加入邊界條件求解(Esteva et al., 1998; Derouich et al., 2003; Liu et al., 2007 ; Maidana et al., 2008; Wei et al., 2008)，探討變數在時間維度上的變化過程，其假設在邊界範圍以內所有無徵狀及易感宿主(susceptibles)都是均勻混合的(Homogeneous)，意指每一個宿主移動在空間中每一點都是一樣的頻率且彼此獨立，所以每個宿主受到感染的機率都相同(Kaplan, 2002)，邊界內的所有變數隱含也是同質性的假設，這樣自由混合的過程並不符合真實的人群互動，因此經常會獲得流行較嚴重的結果(Kaplan, 2002; Meyers et al., 2005)，若要將邊界內之變因與族群做更細微的劃分，會使得方程式數量過多，以致求解困難(Sichman et al., 1998)，此模型也沒有探討地理上的變異對於變數的影響。

傳染病動態方程可以結合空間生態學的複合種群模型(Metapopulation Model)，即可處理動態方程必須假設研究區域內部所有變數都是均質的問題，可將研究區域切割為 N 個區塊(patch)，複合種群可以處理兩種以上的族群，在此假設為人群與蚊群，每個區塊可賦予的不同的人群與蚊群數量，探討人群在區塊間移動與蚊媒互動造成疾病傳播的結果(Adams et al., 2009)，在流病的模式裡，增加族群間的接觸，會增強疾病的傳播或引發流行病(Hess, 1996)，唯模式的缺點需假設區塊內之種群都必須是均質混合，且所有區塊之環境條件皆相同。

2.2.3 由下至上的個體移動分析

不同於微分方程與複合種群模型的一般性討論，社會網絡學家從個體的動態行為網絡與網絡結構，探討傳染病的動態傳播過程，這有助於決策者了解下一個將被傳染的標的及高危險族群，及早做出防備工作。社會網絡其重心放在分析度指標(Degree Index)，將每一個個體視為節點(node)，個體間若有往來則在兩節點間連線(edge)，度指標計算每一個節點的連線數量，也就是每一個個體與其他個體的接觸程度，每一次的接觸都有可能造成病原的傳播，社會網絡分析若結合統計模型(Lloyd-Smith et al., 2005; Meyers et al., 2005; May, 2006)，度指標的機率分佈多假設服從冪次法則(Power law: $P(i) \sim i^{-\gamma}$, $2 < \gamma \leq 3$)，顯示人群的接觸網絡(Physical contact network)具有厚尾(Heavy tail)的現象，20%的人群有高度的接觸網絡，其餘 80%的人則屬於低度社交網絡，這與先前假設人群是均勻接觸的不同，可以修正過高的 R_0 值(Reproductive Rate)(Lloyd-Smith et al., 2005)，此研究方法多討論人與人的接觸性傳播疾病，或交通網絡對疾病的傳播(Hufnagel et al., 2004; Colizza et al., 2007)，而蟲媒傳染病並不是人與人接觸就會傳染，尚須考量與病媒蚊的接觸網絡，宿主在病媒蚊出現的地方停留的時間、時間長短與次數，都會影響被病媒叮咬的機率(Stoddard et al., 2009)，分析更為複雜；此外，亦可將度指標的概念結合多主體模型(Multi-agent model)(Eubank et al., 2004)，從個體的尺度由下而上模擬傳播結果，多主體模型可以根據資料庫，賦予每一個個體社經特徵，並結合土地利用型態估計真實的個體移動路徑，知道個體「何時」在「哪裡」出現，與多少個體接觸過，進而推估個體度指標，找出高度連結的節點，除此之外，還能計算地點的度指標，找出高危險的傳播地區。雖然研究個體的社會網絡，能夠讓決策者找出核心的傳播族群，然而在實務上這並不容易，欲取得真實的移動資料有違個人隱私，也不知傳染病的起始節點。

2.2.4 人口移動與登革熱傳播

Huber(2004)抽樣東南亞各國的病例進行病原基因比對，發現在何志明市與金邊的基因型差異，低於這兩個都市分別與泰國其他主要城市的差異，Huber認為人的運輸能夠解釋基因型的分佈(Huber et al., 2004)。

Tran 和 Raffy(2006)利用微分方程加入以遙測獲得之環境參數，估計蚊族群的動態，宿主及蚊媒分別以被感染的指標進行分群，透過人為模擬與搭配實際的地景參數呈現地理傳播過程，也提出不同時期的傳播特色，在最早期病媒將病原傳播至鄰近的地區，之後透過風的傳播，將某些病媒吹至第二鄰近的區域，而病媒又受到鄰近地區人類的吸引，而進一步傳播至第二鄰近區，在更後期某些病毒血症期患者移動至其他區域，而形成新的傳播中心(Tran et al., 2006)。其模式虛假設蟲媒是連續性的傳播，但是這與真實的自然環境並不相符(Roche et al., 2008)。

Roche(2008)嘗試以多主體模型模擬蟲媒傳染病的傳播，可惜宿主的移動與被感染均假設在隨機之下，若能結合個體的社經背景，賦予適當之移動路徑與社會網絡，加上經由遙測獲得之環境參數，能夠模擬更精確的蟲媒傳染過程。

在較細之分析尺度下，Stoddard(2009)同時考量日叮咬(day-biting)埃及斑蚊覓食行為與個體的日常生活移動行為，他估計個體考慮移動後的 R_0 值是不考慮移動的 2.88 倍，而考慮移動之後的地點 R_0 值與該地是否有較多的蚊媒無太大的關係，這是很有趣的發現，顯見人的移動對於地點以及個體的感染危機都具有很大的影響力，而蚊媒的多寡則沒有絕對性的關鍵，這與 Kan(2008)研究高雄地區登革熱傳播所獲之結論雷同：人的傳播能力更勝於蚊子。

Rabaa(2010)的登革熱病原之基因型親緣性比對研究，發現無論在城市或是鄉村病毒型都有很高的多樣性，尤其在相鄰近的地區與中心都市胡志明市病毒有很高的交換比率，提出人口移動是造成主要的傳播動力。



2.3 小結

綜合上述之文獻討論，以登革熱來說，可歸納出兩類的空間傳播模式，一為鄰近擴散傳播，由人的小範圍移動及與蚊媒的互動有關，二為易位傳播，乃由病毒血症期患者的移動行為有關，將登革熱進行遠距離傳播，故本文之登革熱傳播研究，將此鄰近傳播及人口移動傳播納入考量，在方法上並不採用無法考量空間變異的微分方程；因為沒有個體的移動資料，故也不採取社會網絡的度分析指標及複雜系統的多主體模型；本文以鄰近矩陣與旅運矩陣搭配疫情爆發前期的病例分佈，進行登革熱之傳播模擬。

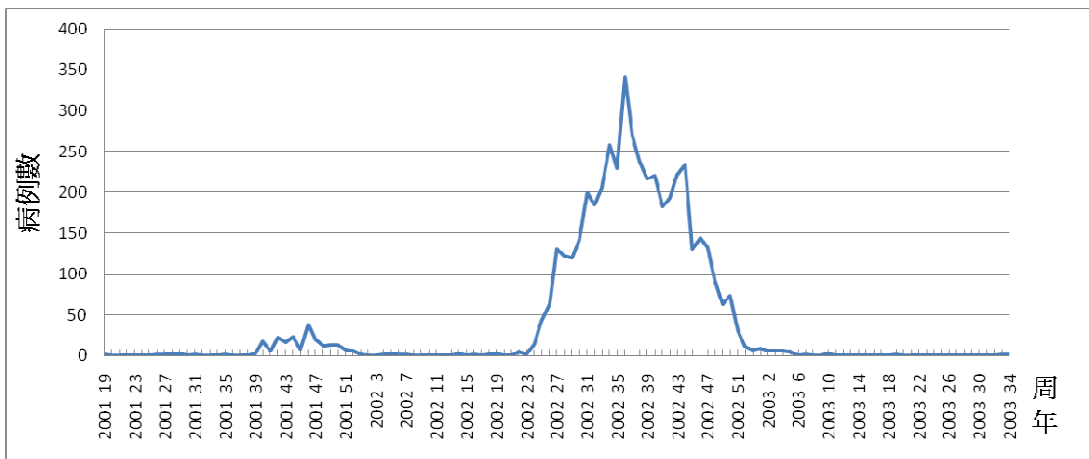
由文獻亦得知傳染病的傳播往往會形成群聚的現象，群集的現象主要由屬性相異之人群與地方的互動交織而成，本文以前述之鄰近因子及人口移動因子帶入處理空間關連的自迴歸模型中，可將病例之分佈現象進行小範圍的自相關解構並及大區域的兩因子之競爭結果，然而自迴歸模型假設在空間關連是穩態的，這與疾病傳播的事實不相符，故而加入使用能夠處理空間非穩態的地理加權迴歸模型，將兩迴歸模式合併則既能處理兩因子的空間關連，亦能處理其在空間中的非穩態之傳播影響，因此可以獲得兩因子在區域下的關連解構與競爭結果，而得知兩因子在各區域中的主導地位。

三、研究資料

3.1 研究區域及登革熱病例

登革病毒為黃熱病毒(Flavivirus) 亞屬，可分為四種抗原，在台灣埃及斑蚊及白線斑蚊均是登革熱病毒的媒介昆蟲，人被帶有登革病毒的病媒蚊叮咬而受到感染，經 3~8 天潛伏期後發病，發病前 1 天至發病後 5 天間，病人血液中有病毒活動，稱之為病毒血症期(viremia)，又稱為可感染期(行政院衛生署疾病管制局, 2009, 2010)，本研究之確診病例依據衛生署疾病管制局定義：檢體分離並鑑定出登革病毒、檢體分子生物學核酸檢測陽性、血清學抗原 NS1 檢測陽性或成對血清中，IgM 或 IgG 抗體有陽轉或 ≥ 4 倍上升(行政院衛生署疾病管制局, 2010)。

本文之研究地區為高雄市及其衛星城鎮高雄縣鳳山市，共 12 個行政區，542 個村里，人口約 181 萬(1817135 人)，家戶數約 61 萬家(615006 家)(行政院主計處, 2002)，研究面積 194.558 平方公里。研究時間為 2001 年 5 月 8 日至 2003 年 8 月 21 日止，這段期間共有 4774 例登革熱確診病例(圖 5)，登革熱自 2001 年的第 39 週起病例數增多，並且有過冬的現象，2002 年 1 月至 6 月初一直有個位數的零星病例，其後至 2003 年初，爆發台灣 60 年來最大的一波感染潮，其中 4578 例為登革熱(Dengue Fever)及 196 例登革出血熱(Dengue Hemorrhagic Fever)，94.81%的病例集中在 2002 年，本文以時空掃描群聚分析，將研究時間範圍縮小至 2002 年 6 月 20 日至 2002 年 12 月 17 日，共計有 4449 例病例在此群聚期(圖 6)，其中 4268 例為登革熱及 181 例登革出血熱。



資料來源：(行政院衛生署疾病管制局, 2010)

圖 5、2001 年~2003 年高雄市與鳳山市登革熱病例數

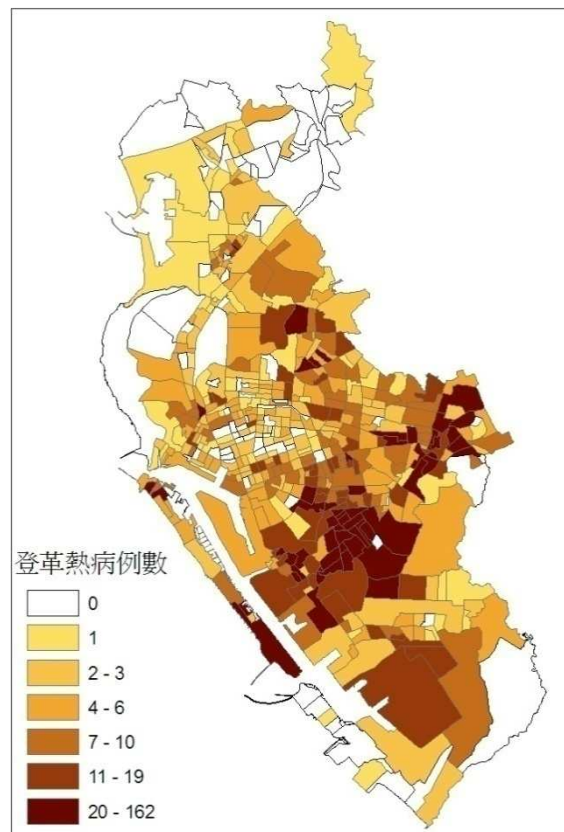


圖 6、群聚期登革熱病例分佈圖

經由群聚掃瞄分析，定義群聚期 2002.06.20~2002.12.17

3.2 交通旅次矩陣、后矩陣與空間單元

本文的交通旅次資料採用 1998 年交通部運輸研究所調查之高雄都會區住戶旅次資料，調查主要分為三部分：住戶旅次特性調查、屏柵線交通量調查及周界交通量和路邊訪問調查。旅次特性調查範圍為高雄都會區 23 個行政分區(高雄市 11 個行政分區和高雄縣 12 個鄉鎮市)，共計 695 個村里劃分為 150 個交通分區；其以居住在高雄都會區之普通住戶為對象，且年滿六歲，具有獨自旅運能力之成員，進行住戶交通旅次特性調查；抽樣方法為「分層比例抽樣法」，以高雄都會區 23 個鄉鎮市為單一副母體，各副母體以村里為標準，以抽樣比例 1%~1.5% 進行抽樣；問卷調查項目包含家庭成員結構、經濟情況、家庭停車設施及旅次需求特性。屏柵線及周界交通量調查則是選取重要路段，以人工計數方式進行車流量調查，路邊訪查為系統抽樣，在車流中每隔 5~10 輛中隨機抽取一輛調查，其目的是為配合住戶旅次調查，以校正家戶抽樣調查之偏差，而獲得較精確之住戶交通旅次資料。

本研究僅使用住戶旅次調查產生之高雄都會區全日旅次起迄分佈矩陣 (Origin-Destination Matrix, OD Matrix)，OD Matrix 是由住戶旅次調查之統計量，除以各交通區的實際抽樣率，產生旅次吸引流動矩陣 (Production-Attraction Matrix, PA Matrix)，再轉為 OD Matrix，並與實際穿越屏柵線及周界交通量核對比較，修正原 PA Matrix，再修正原 OD Matrix，此 OD Matrix 是日旅次加總，「日」代表的是平常日而非假日，也就是一個高雄地區居民在某一個平常日的一日旅次量與旅次之起訖地點，本文之旅運傳播模擬與人口旅運傳播之區域差異分析均據此 OD Matrix 為之，其空間加總單元為「交通區」，故本研究為搭配交通部運輸研究所之住戶交通旅次矩陣，以「交通區」為分析單位，本研究區因只包含高雄市與高雄縣鳳山市，在此範圍下只包含其中的 109 個交通區(圖 7)，故為 109×109 OD Matrix。

后矩陣(Queen Matrix)則是做爲探討鄰近擴散模擬與鄰近傳播之區域差異分析的工具，其鄰近之定義爲交通區的邊界只要共點或共邊，即爲鄰近交通區，以圖 7 之 13 號交通區爲例，其共邊之交通區爲：9、10、12、14 及 16 交通區，共點之交通區爲：8、15 及 17 交通區，共有 8 個交通區符合后鄰近之定義。



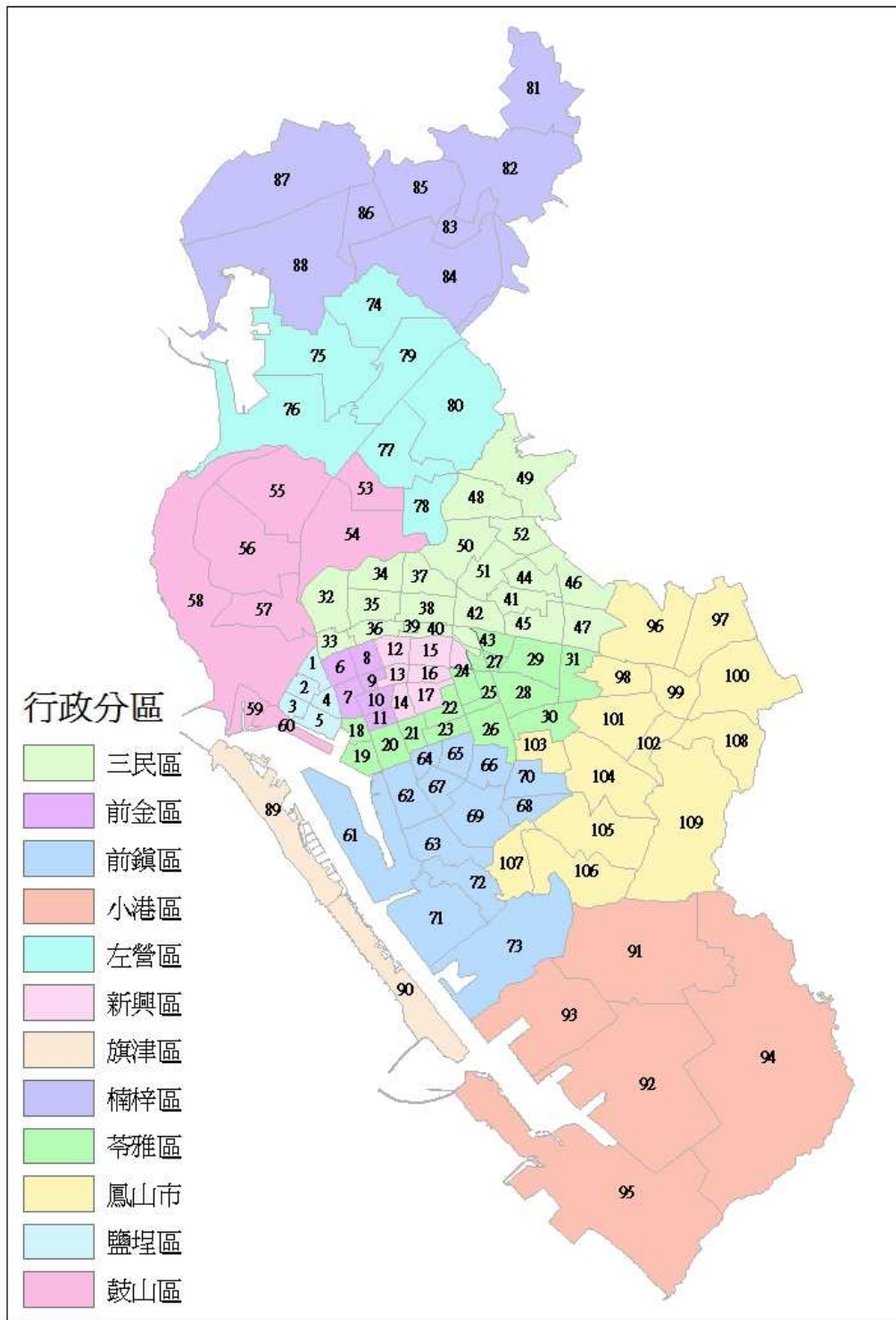


圖 7、109 個交通區分佈圖

542 個村里分成 109 個交通區，由交通部運研所提供之對應關係為之。

四、研究方法與研究假設

4.1 研究架構

研究架構如圖 8 所示，首先利用時空群聚掃描軟體 SatScan(Kulldorff, 2009) 將整波疫情(2001 年 5 月 8 日至 2003 年 8 月 21 日)切割，以回溯式掃描尋找在時間維度上具有顯著群聚的群聚期 T_C ，群聚期之病例分佈行向量為 Y_C ，再以前瞻式掃描尋找群聚期前期 T_P ，群聚期前期之病例分佈行向量 Y_P ，本研究假定登革熱的潛在傳播因子，是透過宿主的移動傳播以及鄰近擴散效應為主，兩者的特性不同，分別以高雄地區的日交通旅次矩陣代表宿主移動，而鄰近矩陣代表鄰近擴散，分別與群聚期前期病例分佈 Y_P 相乘，模擬病例的擴散現象，若兩因子確為潛在傳播因子，則模擬結果與群聚期病例分佈 Y_C 的相似程度，應高於前期 Y_P 與群聚期 Y_C 的相似程度，並以模擬病例分佈的變化過程，闡述兩因子的傳播特性，最後將模擬結果與實際的病例分佈進行比較，討論旅運傳播與鄰近傳播能夠解釋的實際病例分佈，與其無法解釋的部分。

病例群集的現象主要由空間變化來主導，其分佈不是隨機亦非獨立，土地利用的不同加之以屬性相異之人群與地方的互動，都可能使得病例呈現群集的分佈現象，而這土地與人共同交織的結果，使得各別交通區具有各自的特徵，本研究之目的為拆解病例分佈的空間結構，因此不考量其他外生變數的影響，將日交通旅次矩陣(DO Matrix)及鄰近矩陣(W_Q Matrix)帶入雙空間延遲地理加權自迴歸模型中，可得兩空間延遲參數的地理分佈情形，為提供簡便的參數辨別，將兩延遲參數分為 5 分位，再合併在一張圖表上呈現，清楚指出各別交通區之傳播特徵，將特徵概分三類，分別搭配不同的防疫手段，以提供更有效、更精準的防疫策略。

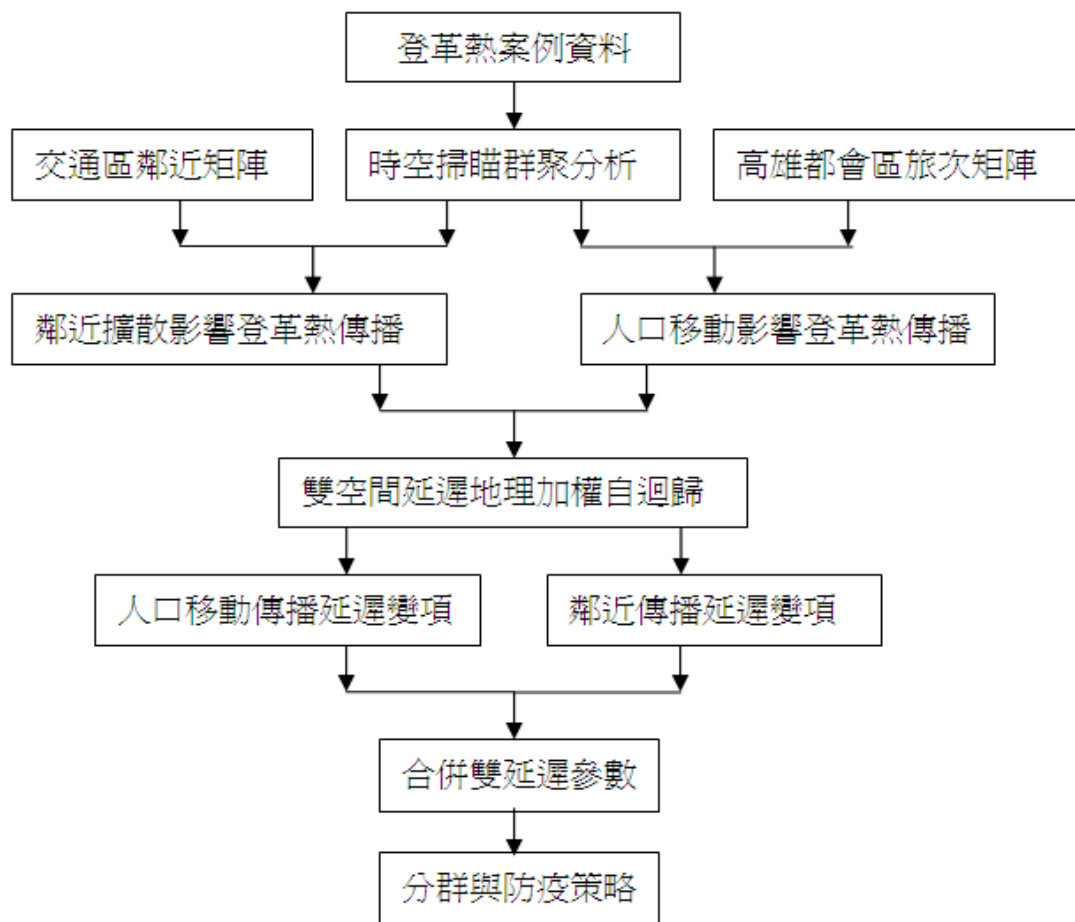


圖 8、研究架構圖

4.2 時空掃描群聚分析

Kulldorff 發展的掃描分析是一種結合不同的機率模型與電腦掃描技術 (Kulldorff, 2009)，用以偵測病例群聚的方法。依據不同的分析目的可以分為回溯式分析(Retrospective Analysis)及前瞻式分析(Prospective Analysis)，掃描方式可分為純時間掃描、純空間掃描及時空掃描，機率模型的使用則依據資料特性，如白努利模型、離散波瓦松模型及時空排列模型(Space-time permutation model)適用於計數資料，順序模型適用於順序的類別資料，指數模型適用於存活時間資料(Survival time data)，常態模型適用於連續型資料(表 2)。

表 2、Kulldorff 的 SatScan 軟體的分析類型與機率模型

分析類型		機率模型
回溯式	純空間分析	波瓦松模型
	純時間分析	白努利模型
	時空分析	時空排列模型*
前瞻式	純時間分析	(多維)常態模型
	時空分析	順序模型 指數模型

*時空排列模型只能用於時空分析時

資料來源：(Kulldorff, 2009)

以回溯式掃描分析來說，純空間掃描，是以網格節點為中心，若無網格資料，則以行政區中心點或病例為中心，在二維平面上由 0 逐漸增大視窗(window)半徑至使用者自訂之最大半徑，掃描視窗的位置與大小十分具有彈性(圖 9)，另外，掃描視窗可為圓型或是橢圓形，由於橢圓形掃描視窗有不同的形狀與角度會有較大的 Power，而圓型掃描視窗則 Power 較低；時空掃描則是在三維空

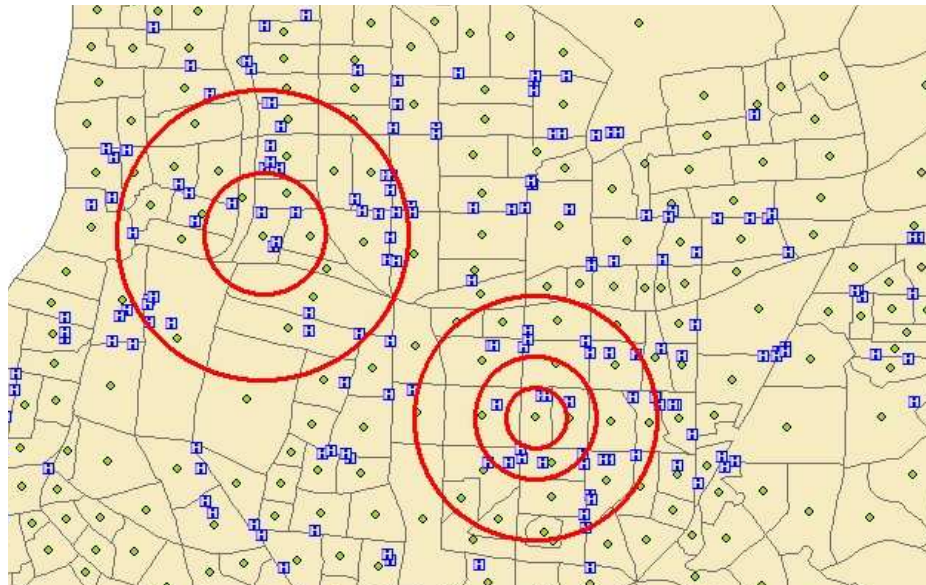


圖 9、純空間掃描示意圖

以病例或是行政區中心為掃描圓心，逐漸擴大掃描視窗，比較所有視窗內外的病例數然似比，找出最大然似比值視窗，即為最可能群聚。

間上，逐漸放大二維平面為空間、垂直軸為時間的圓柱型(或橢圓柱)掃描視窗，垂直軸掃描時間之起始點與結束點都具有彈性(圖 10)；純時間掃描，則是在一維的軸上，以每一時間點為中心，放大掃描視窗(圖 11)；純空間掃描時，會忽略病例的時間屬性，純時間掃描時，則會忽略病例的空間屬性。

時空掃描及純時間掃描除了可做回溯式分析之外，還可做前瞻式分析，兩者的差異在於，前瞻式掃描的目的是做預警功能，可以偵測病例突然增加的情況，因此前瞻式掃描時，其時間軸掃描之起始點為彈性，但結束點固定訂為研究期間之末，因此找到的群聚必定是研究末期存在的群聚(圖 10)；在做前瞻式掃描時，要不斷的隨著研究期間的向後推移，重複做掃描，可能是以天、周、月或是年為單位，依照使用者的研究目的可以自訂最小的時間單位。而回溯式分析研究的是歷史資料，目的是找到已經具有的群聚現象，因此時間軸掃描之

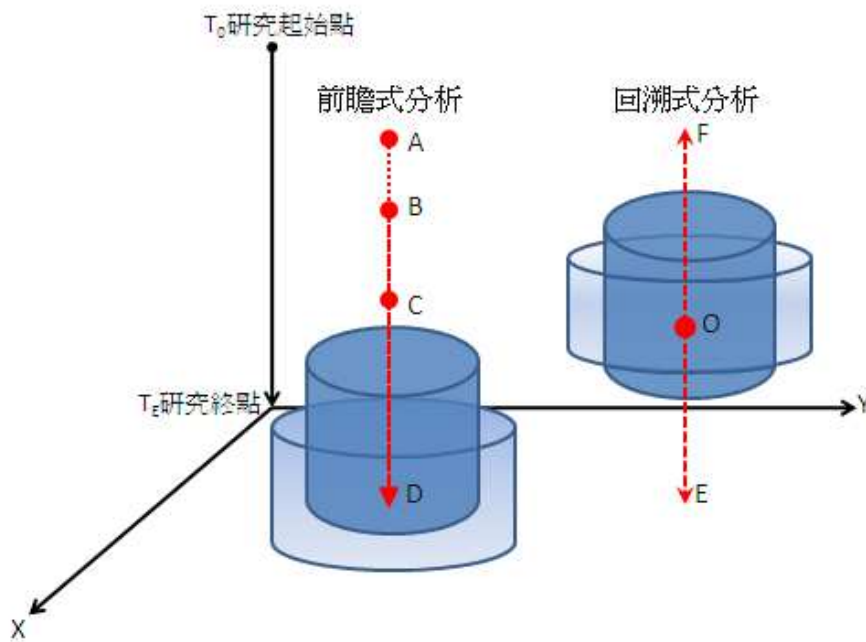


圖 10、時空掃描分析及前瞻式、回溯式掃描分析示意圖

時空掃描分析以純空間掃描為基礎，加上 Z 軸代表研究時間區間，以圓柱體在 3D 空間中放大掃描視窗，比較視窗內外的病例數然似比。時空掃描分析可以選擇前瞻式或回溯式掃描，前瞻式分析無論搜尋的起始時間(A、B or C 點)為何，都必須結束於研究期間最末端(D 點)，回溯式掃描分析則可由起始的時間點，向前(\overline{OF})或向後(\overline{OE})掃描。

起始於結束點都是彈性的(圖 10)。

這樣的掃描方式會產生無限個掃描視窗，每個視窗都必須進行檢定，若視窗 z 內之發生率為 p ，則視窗外之發生率為 q ， Z 為所有視窗 z 之集合，則對立假設 $H_1: z \in Z, p > q$ ，虛無假設 $H_0: p = q$ ，然似方程為：

$$L(z, p, q) = p^{c_z}(1 - p)^{n_z - c_z} q^{C - c_z} (1 - q)^{(N - n_z) - (C - c_z)} \dots\dots\dots(2)$$

其中 n_z 與 c_z 是視窗 z 內之個體數目與病例數， C 與 N 為整體研究區的病例

數與總個體數，尋找最大的然似方程沒有意義，因為人數較多的視窗自然會有較大的然似值，因此要找的視窗是擁有一個病例所需的個體數達最小者，因此採用然似比值(Likelihood ratio test)，將 H_1 之然似方程除以 H_0 之然似方程：

$$\gamma = \frac{\sup_{z \in Z, p > q} L(z, p, q)}{\sup_{p=q} L(z, p, q)} \quad (p, q \in [0, 1]) \dots\dots\dots(3)$$

尋找然似比值(γ)最大之視窗 z ，最大的然似比值視窗為最可能群聚(Most likely cluster)，代表其在所有(不論位置或大小的)視窗中最不可能是由隨機產生的群聚。而視窗 z 之顯著水準，則經由蒙地卡羅將資料集合以虛無假設下之分配，產生 n 次的模擬結果，每模擬一次就能計算出該位置及大小下的視窗然似比，得到 n 個虛無假設模擬下的然似比值，則視窗 z 之然似比值與虛無假設下產生之然似比值排序比較，假若實際然似比排第 R 個，則該視窗 z 之 $p\text{-value} = R / (1 + n)$ 。若視窗 z 之 $p\text{-value}$ 達顯著水準，則 z 為顯著最可能群聚。

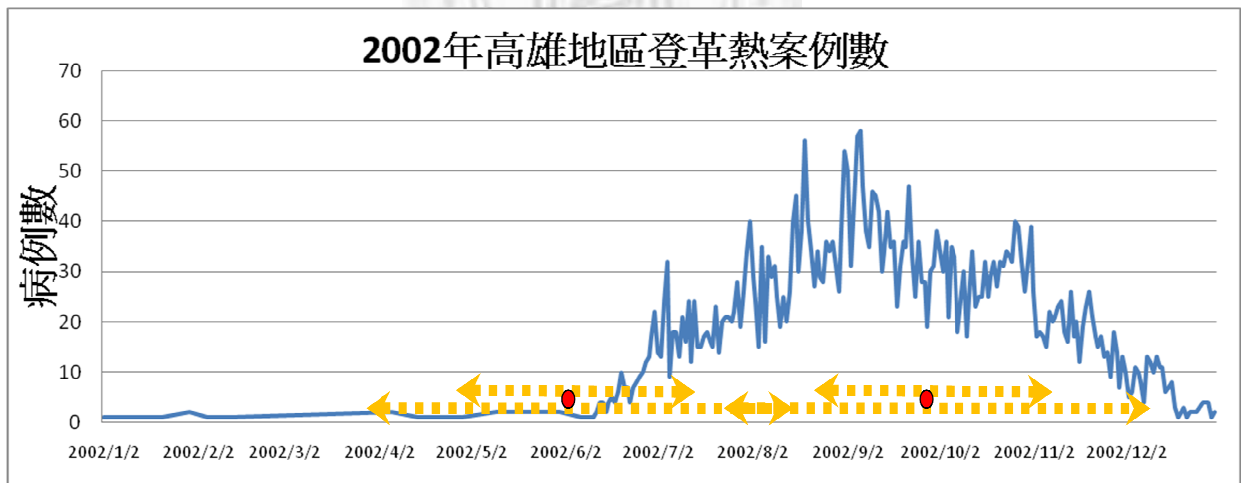


圖 11、純時間掃描示意圖

所有的病例將會忽略空間的屬性，只以發生的時間先後來做呈現，在一維的時間軸上，任取一時間點放大掃描視窗，比較視窗內外的病例數然似比，找到最可能的群聚區間。

本研究為探討人口移動對於登革熱傳播的影響，假設需在大規模的疫情爆

發下，才能夠使人口移動的潛在因子發揮效果，因此需將冗長的疫情期間切割，本文利用純時間掃描分析，找出顯著的群聚期間(T_C)與群聚期前期(T_P)。

若 X 代表每天發生的病例數，這樣的資料型態適用於波瓦松機率模型，在整體研究區間共 836 天、病例數為 4774 例、平均數=5.71(例/天)的條件下，要尋找最大可能群聚期，首先設定為回溯式分析，將虛無假設假設為

$X \overset{iid}{\rightarrow} \text{Poisson}(\lambda N(t = 1) = 5.71)$ ，在此機率模型下模擬病例分佈 999 次，以真實的病例分佈與虛無假設下模擬的結果，進行視窗內外的真實與模擬病例數比較：

$$\frac{\text{真實病例數}}{\text{期望值病例數}} = \left(\frac{c}{E[c]} \right)^c \left(\frac{C-c}{C-E[c]} \right)^{C-c} I() \dots\dots\dots(4)$$

式(4)為機率模型為波瓦松下推導所得之然似比值， C 是研究區域內之總病例數， c 是視窗內之真實病例數， $E[c]$ 是虛無假設下視窗內的病例數期望值，等於 5.71 的倍數，因為視窗的搜尋區間為 t 天($t \in [1, 836]$)，因此病例數期望值 = $5.71 \times t$ ， $C-c$ 與 $C-E[c]$ 是視窗外的真實病例數與期望值， $I()$ 是指標函數 (Indicator function)，如研究的目的是要找出高數值(High rate)的群聚，則當視窗內的真實病例數比期望值大時， $I()=1$ 反之為 0，因而可以收集到所有具有高數值群聚的視窗，再將然似比值進行排列，最大的然似比值視窗為最可能群聚，最不可能為波瓦松隨機分佈下產生的群聚期間 T_C 。

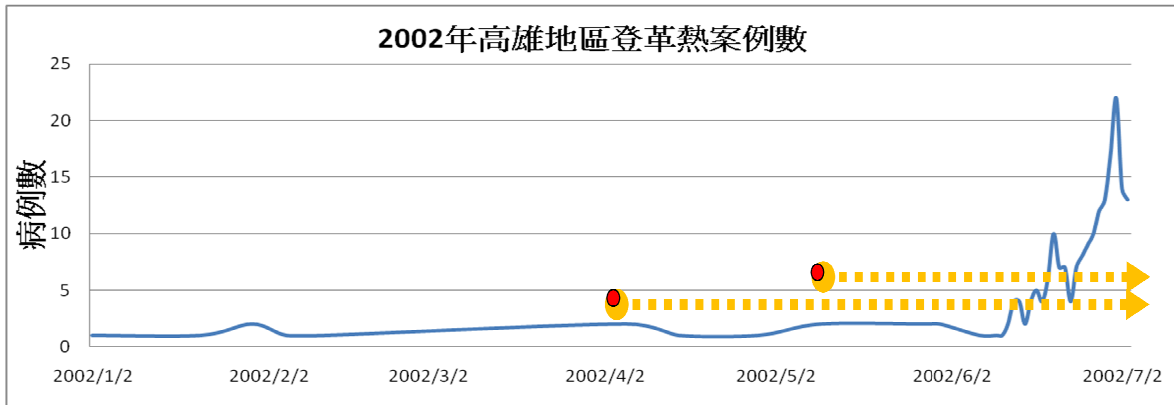


圖 12、前瞻式掃描尋找群聚期前期示意圖

獲得群聚期之後，再基於已知的群聚期期間，尋找疫情將爆發前的群聚期前期 T_p 。設定為前瞻式掃描，以群聚期的前一天(如圖 12 所示為 2002/07/02) 假設為研究期的最後一天，虛無假設亦假設 $X \rightarrow \text{Poisson}(\lambda N(t = 1) = n)$ ，其中的 n 代表掃描區間的平均病例數(以圖 12 所示意： n 為 2002/1/2~2002/7/2 所有的病例數除以天數)，其餘模擬方式與然似比值之求得均與回溯式掃描相同，唯前瞻式分析所有的掃描視窗都必須包含最後一天，因此可以尋找到在自訂之研究期末，具有最不可能為波瓦松隨機分佈下產生的顯著群聚期間 T_p 。

4.3 矩陣模擬分析

在獲得群聚期間(T_C)與群聚期前期(T_P)之後，欲模擬人口移動與鄰近擴散因子對於登革熱傳播的影響，可將獲得的群聚期前期的病例分佈行向量 $Y_P(109 \times 1)$ 與人口移動矩陣及鄰近擴散矩陣相乘，得到兩潛在因子對於群聚期病例分佈之模擬行向量(Y_{SC} 與 Y_{QC})，與真實的群聚期病例分佈 Y_C 比較，可從中分析兩因子傳播的特徵；在人口移動矩陣方面，本研究以高雄地區的全日交通總旅次矩陣，來近似高雄的真實人口移動資料，而鄰近矩陣則以後鄰近的共點共邊作為鄰近的定義。本文之模擬不考慮疾病傳播的隨機過程(stochastic process)，因此模擬的結果為定值，因此數值的絕對值意義不大，著重的是 109 個交通區之潛在因子，在傳播過程使得病例分佈的相對變化。

4.3.1 交通旅運矩陣之群聚期模擬

首先以一個簡單的例子說明，本研究以交通旅次矩陣模擬群聚期可能病例分佈的理論，假設有 3 個交通區 A、B 和 C，彼此的日旅運旅次流量如圖 13(a) 所示：

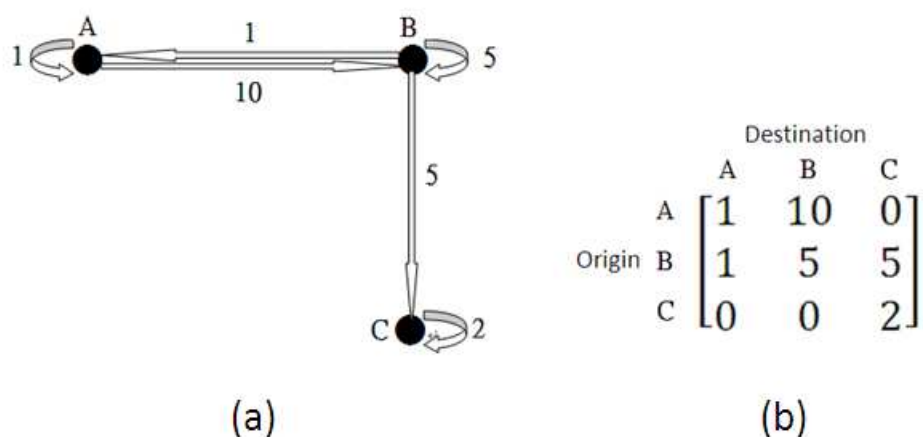


圖 13(a)、三個交通區的日旅運圖，(b)旅次 OD 矩陣

由 A 交通區出發至 B 交通區有 10 人，在 A 出發至 A 有 1 人，A 沒有到 C 交通區的人；同理，由 B 交通區出發至 A 交通區有 1 人，B 至 B 有 5 人，B 至 C 有 5 人；C 交通區沒有人到 A、B 區，只有在 C 交通區內活動。由此往來關係可以看出 B 交通區是 3 個交通區內往來人次最多的地方，A 交通區則是向外旅運人次最多，C 交通區則是接受外來的旅運人口，3 地的旅次 OD 矩陣如圖 13(b)，O 代表出發地點，D 則代表到達地點。假若現在在 A 交通區有一個登革熱感染病例，透過與旅次 OD 矩陣相乘可獲得：

$$\begin{array}{c}
 \text{Destination} \\
 \begin{array}{ccc}
 & \text{A} & \text{B} & \text{C} \\
 \text{Origin A} & \left[\begin{array}{ccc}
 1 & 10 & 0 \\
 1 & 5 & 5 \\
 0 & 0 & 2
 \end{array} \right] \times \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} \\
 \text{Origin B} \\
 \text{Origin C}
 \end{array}
 \end{array}
 \dots\dots\dots(5)$$

(5)式中 $[1 \ 1 \ 0]^T$ 第二個元素由 0 轉成 1，代表疾病傳播是由 B 到 A 經由一個旅行人次，顯示的是疾病的來源地和來源地的旅次量，故透過 OD 矩陣相乘第 T 期病例分佈行向量，會獲得 T-1 期的疾病來源行向量。

反之，若相乘的是 DO 旅次矩陣(=OD^T)(式(6))，獲得 $[1 \ 10 \ 0]^T$ 第二個元素由 0 轉成 10，代表疾病傳播是由 A 到 B 經由十個旅行人次，顯示的是疾病傳播目的地和去目的地的旅次量，故透過 DO 矩陣相乘第 T 期病例分佈行向量，會獲得 T+1 期的疾病擴散行向量。

$$\begin{array}{c}
 \text{Origin} \\
 \begin{array}{ccc}
 & \text{A} & \text{B} & \text{C} \\
 \text{Destination A} & \left[\begin{array}{ccc}
 1 & 1 & 0 \\
 10 & 5 & 0 \\
 0 & 5 & 2
 \end{array} \right] \times \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 10 \\ 0 \end{bmatrix} \\
 \text{Destination B} \\
 \text{Destination C}
 \end{array}
 \end{array}
 \dots\dots\dots(6)$$

本文因探究的是登革熱透過旅次進行進一步傳播的動態，故採用交通旅次矩陣 DO 矩陣，而非原始提供的 OD 矩陣。

以 DO 旅運矩陣進行的群聚期傳播模擬，有以下假設：

- (1) 「交通區內」每個旅次都是潛在的傳播旅次，且傳播能力相同，沒有年齡及職業等差別。
- (2) 不知旅次目的、旅次路徑及目的地停留時間，只知其起始地及目的地。
- (3) 旅次間是獨立的，互不影響。
- (3) 交通區內之旅次將被分配至何交通區為隨機分配的，舉例：假設某交通區內之往來交通區有 3 個(甲、乙及丙)，今天黃小姐可能被分派去甲地，明天可能是丙地，是隨機分派的。
- (4) 假設蚊媒在整體研究區是均勻分佈且在小範圍隨機移動的，且任一宿主在交通區內也是服從均勻分佈的隨機移動，因此任一交通區只要有一病例，每一個區內的宿主都會成為潛在的受感染者，並成為潛在的傳播者。
- (5) 在(4)的假設下，每一個交通區只要有感染的旅次到達，該交通區的蚊媒受到感染而成為潛在之病媒蚊，因此再叮咬該交通區之宿主使其受到感染，之後潛在的受感宿主再移動到下一旅次目的地，如此反覆進行傳播。

在上述的假設之下，被傳播的風險指標是以到達該交通區的旅次量總和為之，然而每一個旅次出發的來源交通區之病例數不同，也就是「交通區間」之每一旅次所帶之傳播疾病的風險能力不同，因此加入第六個假設：

- (6) 交通區間的旅次傳播力，與該交通區內的感染人數成正比，若感染人數由 1 人增為 n 人，則該交通區的每一旅次傳播疾病能力為原之 n 倍。

每一個旅次都被賦予傳播力的權重，權重是旅次來源地的感染人數，因此被傳播的風險指標應以加權旅次量為之(式(7))：

$$\begin{array}{c}
 \text{Origin} \\
 \text{A} \quad \text{B} \quad \text{C} \\
 \text{Destination} \begin{array}{l} \text{A} \\ \text{B} \\ \text{C} \end{array} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 10 & 5 & 0 \\ 0 & 5 & 2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \times 2 + 1 \times 1 + 0 \times 0 \\ 10 \times 2 + 5 \times 1 + 0 \times 0 \\ 0 \times 2 + 5 \times 1 + 2 \times 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3 \\ 25 \\ 5 \end{bmatrix} \dots\dots\dots(7)
 \end{array}$$

在實作方面，帶入真實的 DO 矩陣(109×109)與群聚期前期的病例分佈行向量(Y_P : 109×1)相乘，DO×Y_P=Y_{SC}，而得到經由旅運傳播之模擬的群聚期病例分佈，然而群聚期的病例分佈可能由不止一次的旅運傳播而得到，在假設旅運習慣是不變下，本文將 DO 矩陣相乘不同次數，從中分析旅運傳播對於登革熱疫情發生的特徵。另此矩陣模擬法，由於沒有考量傳播的隨機性，所得到的加權旅次量所代表的並非估計病例數而是潛在的被傳播風險，因此取 109 個交通區的被傳播風險之相對大小，作為旅運傳播特徵之闡述，並比較在不同次的旅運傳播下，109 個交通區的被傳播風險之變化。



4.3.2 鄰近矩陣的群聚期模擬

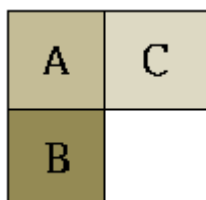


圖 14、三個交通區的相鄰位置圖

若三交通區的相鄰位置如圖 14，則相鄰矩陣 $W_q = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$ ，此時在 B 交

通區有一個感染病例，經由鄰近矩陣擴散可得：

$$\begin{array}{c} \text{A} \quad \text{B} \quad \text{C} \\ \text{A} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} \dots\dots\dots(8) \end{array}$$

式(8)之 $[1 \ 1 \ 0]^T$ 第一個元素由 0 轉成 1，代表 A 交通區的疾病由相鄰的 B 交通區擴散而來，故透過鄰近矩陣相乘 T 期病例分佈行向量，會獲得 T+1 期的疾病擴散行向量。

若在式(8)的基礎上，再進行一次鄰近擴散，則會得到：

$$\begin{array}{c} \text{A} \quad \text{B} \quad \text{C} \\ \text{A} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2 \\ 2 \\ 1 \end{bmatrix} \dots\dots\dots(9) \end{array}$$

式(9)之 $[2 \ 2 \ 1]^T$ 第一及二個元素由 1 轉成 2，第三個元素由 0 轉成 1，代表已經具有病例的 AB 交通區會互相震盪，形成更嚴重的感染，而 C 交通區的疾病則由相鄰的 A 交通區擴散而來，故透過鄰近矩陣相乘 T+1 期病例分佈行向量，會獲得 T+2 期的疾病擴散行向量。

這個模擬有以下之假設：

- (1) 往相鄰的交通區擴散沒有障礙，只要相鄰必定傳播。
- (2) 假設無考量環境因子，且在整個研究區蚊媒是均勻分佈且在小範圍內隨機移動的，另交通區內之任一個體的內部移動，假設均服從均一分配的隨機移動，且個體的沒有差異下，故受到蚊媒的叮咬機率相同，可假設傳播的速率相同，都賦予一倍的速率。

在上述的假設之下，相鄰交通區的被傳播風險為由該交通區的鄰近矩陣和為之，然而交通區的傳播能力並非相同，與該交通區的病例數有關，與旅運模擬的假設(5)相同，加入第三個假設：

- (3) 交通區的傳播力，與該交通區內的感染人數成正比，若感染人數由 1 人增為 n 人，則該交通區的傳播疾病能力為原之 n 倍。

每一個交通區都被賦予傳播力的權重，權重是該交通區的感染人數，因此相鄰交通區的被傳播風險指標，應以加權鄰近矩陣和為之(式(10))：

$$\begin{matrix} & \begin{matrix} A & B & C \end{matrix} \\ \begin{matrix} A \\ B \\ C \end{matrix} & \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \end{matrix} \times \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \times 2 + 1 \times 1 + 1 \times 0 \\ 1 \times 2 + 1 \times 1 + 0 \times 0 \\ 1 \times 2 + 0 \times 1 + 1 \times 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3 \\ 3 \\ 2 \end{bmatrix} \dots\dots\dots(10)$$

在實作方面，帶入真實的 W_Q 矩陣(109×109)與群聚期前期的病例分佈行向量(Y_P ：109×1)相乘， $W_Q \times Y_P = Y_{QC}$ ，而得到經由鄰近擴散之模擬的群聚期病例分佈，然而群聚期的病例分佈可能由不止一次的鄰近擴散而得到，本文將 W_Q 矩陣相乘不同次數，從中分析鄰近擴散對於登革熱疫情發生的特徵。另此矩陣模擬法，所得到的加權鄰近矩陣和所代表的是一地的被傳播風險，由於沒有考量傳播的隨機性，所得到的數值也非代表病例數，因此取 109 個交通區的被傳

播風險之相對大小，作為鄰近式傳播特徵之闡述，並比較在不同次的鄰近傳播下，109 個交通區的被傳播風險之變化。



4.4 雙空間延遲地理加權自迴歸

雙空間延遲地理加權自迴歸模型，為雙空間延遲自迴歸結合地理加權迴歸的區域迴歸概念，組合而成的模型，它結合了兩個模型的優點，空間延遲變項可以處理產生空間互動的因子，而區域迴歸模型則使得我們可以得知各變項在空間分佈上的差異，但由於地理加權迴歸模型的推論理論尚不完備，一般只用來作為探索工具，參數以傳統的最小平方法估計之。

本文先介紹單因子的空間延遲自迴歸模型，再推廣至雙空間因子自迴歸，其後介紹處理空間非穩態的地理加權迴歸模型，再將兩模式合併成一個雙空間延遲地理加權自迴歸，此模式是本文之實作模型。

4.4.1 雙空間延遲自迴歸

迴歸模型是一種可以度量準則變數(Response Variable)與獨立變數(Independent Variable)關係的統計分析方法，在傳統的線性迴歸中，必須假設誤差項為彼此獨立，不受其他誤差項影響，且其變異數 σ^2 都相等，(陳順宇, 1997)，但這樣的假設在許多流行病的研究中並不成立，以登革熱來說，傳染方式是「人類—斑蚊—人類」，因此受到感染的患者並不完全是因其個體的屬性而染病，可能是因周圍的環境屬性或是涉足疫區，無論是何種情形，個體總是透過病媒蚊互相影響著，絕非彼此獨立，因此感染病例往往具有群聚特性或是某種系統特性。

這種探索空間彼此互動而產生的相關性，一開始是以矩陣交叉相乘(cross-multiply)形式來度量的(Hubert et al., 1981)，如 Moran's $I \propto \sum_i \sum_{j \neq i} W_{ij} (y_i - \bar{y})(y_j - \bar{y})$ ，其中 $(y_i - \bar{y})(y_j - \bar{y})$ 是傳統相關係數的分子式，可以描述資料的相關程度，但此時的 y_i 與 y_j 在空間上彼此有連結

(Connection)，連結可以是地理(Physical Geography)上的鄰近，亦可是空間(Space)上的鄰近，連結關係以 W_{ij} 空間權重矩陣(Spatial weight matrix)來描述， W_{ij} 可以是二元(Binary)的對稱矩陣，或是經過列標準化的隨機矩陣(Stochastic Weights Matrix)(Wong et al., 2005)，習慣上都是使用隨機矩陣，以使 Moran's I 介於-1~1，進一步說，Moran's I 是度量 Y 與其"鄰居" WY 的線性相關程度，若其值為正，代表 Y 在空間上有相似性，若為負值，則代表 Y 在空間上是相異性(Wong et al., 2005)；由 Moran's I 延伸，將此度量空間自相關的概念，引用至空間迴歸分析，可以處理具有空間相依的觀測資料，它意謂著 y_i 會受到定義的"鄰居"的直接影響，我們稱之為空間延遲模型(Spatial Lag Model)，型式如下(Ward et al., 2008)：

$$Y = \rho WY + \beta X + \varepsilon \quad \varepsilon \overset{iid}{\rightarrow} N(0, \sigma^2) \dots\dots\dots(11)$$

空間延遲參數 ρ 若為正，代表若 Y 有較高的數值，則其"鄰居" WY 的加權平均也會有高數值；若 ρ 為負數，代表 Y 有較高的數值時，其"鄰居" WY 的加權平均則為較低的數值。

空間迴歸模型裡最重要的因子是空間權重矩陣，使用不同"鄰近"定義的空間權重矩陣，可能會得到不盡相同的迴歸結果(Plumper et al., 2010)，在大部分文獻中經常被使用的空間權重矩陣可分為兩類，一種是接鄰權重矩陣(Contiguity Weight Matrix)，包含一階或高階 Rook、后接鄰，還有 K 接鄰(K-nearest Neighbor)，另一種是地理距離權重矩陣(Distance-based Weight Matrix)，使用此種矩陣的假設是：距離近的比距離遠的影響大(Tobler, 1970)，然而空間相依隨距離增長而下降的程度卻有無限多種，不同次方反比 $(\frac{1}{d})^n$ 、距離取對數再反比 $(\frac{1}{\ln d})^n$ 或指數遞減 $e^{-\frac{d}{b}}$ 等，近年則有使用參數進行權重矩陣修正的例子(Aldstadt et al., 2004; Baicker, 2005; Rincke, 2010)。空間權重矩陣沒

有一定的型式，可分成理論驅動(Theory-driven)與資料驅動(Data-driven)(Anselin, 2002)，依照研究目的進行理論假設或是數個模型比較(Chi et al., 2008)，比較之準則也沒有一定。

上述之空間權重矩陣多為地理上的鄰近，但在社會科學研究裡，地理上的鄰近不代表空間上的鄰近(Ward et al., 2008)，例如住在兩個國家的同學，雖然地理上的相距很遠，但可能因為網路通訊的頻繁交往，使得雙方受到對方的影響多於居住一起的家人，稱之為社會影響(Social Influence)，此社會互動連結關係亦可以用鄰近矩陣來闡釋(Manski, 1993; Leenders, 2002);同時，在實務上，形成空間相依的因素可能不只一種，因此可使用兩個空間權重矩陣來表達兩種“鄰近”關係(Lacombe, 2004; Beck, 2006; Lin, 2006)，模式如下：

$$Y = \rho_1 W_1 Y + \rho_2 W_2 Y + \beta X + \varepsilon \quad \varepsilon \stackrel{iid}{\rightarrow} N(0, \sigma^2) \dots \dots \dots (12)$$

雙空間延遲模型以最大概似估計法估計延遲參數，但要特別注意使用的空間權重矩陣，必須是有區別(Distinct)的，否則過多重疊的資訊會造成估計的不穩定，如同傳統迴歸的共線性問題。

4.4.2 地理加權迴歸

地理加權迴歸是一種區域空間統計方法(Local Spatial Statistical method)，它是建立在傳統的迴歸分析之上，處理區域間的空間關係，不同於全域(Global)的迴歸分析，每個參數只能估計出一個值，地理加權迴歸能表達參數的空間變異，因此地理加權迴歸必須以圖的方式呈現參數的分佈。全域分析就像是氣象報告指出台灣地區明天平均氣溫，而區域分析則是將氣溫分成縣市與平地山區，顯然區域分析能夠得到更細微的資訊，而全域分析只能得到總體趨勢，兩者功用不同。

全域迴歸分析模型如下：

$$y_i = \beta_0 + \sum_k \beta_k x_{ik} + \varepsilon_i \quad \varepsilon \xrightarrow{iid} N(0, \sigma^2) \dots \dots \dots (13)$$

區域分析將全域參數修改如下(Fotheringham et al., 2002)：

$$y_i = \beta_0(u_i, v_i) + \sum_k \beta_k(u_i, v_i) x_{ik} + \varepsilon_i \quad \varepsilon \xrightarrow{iid} N(0, \sigma^2) \dots \dots \dots (14)$$

(u_i, v_i) 代表第 i 個點的座標， $\beta_k(u_i, v_i)$ 是 $\beta_k(u, v)$ 在 i 點的參數估計值，地理加權迴歸點(Regression point)可以是資料點(data point)、行政區的中心或是網格節點等，每一個資料點都會根據其距離迴歸點的遠近(d_{ij})給予不同權重值 ω_{ij} (圖 15)，距離迴歸點近的權重較高，距離遠的權重低，權重函數的選擇很多，如均一分佈(Uniform Distribution)、高斯分佈(Gaussian Distribution)、雙平方函數(Bi-square function)或指數函數等等，地理加權迴歸對於不同權重函數的選擇，對於估計值的影響不大，但帶寬(Bandwidth)對估計值的影響則相當大，其決定不同距離的資料點對迴歸點的”影響”有多大(Fotheringham et al., 2002)。

參數估計式如下：

$$\hat{\beta}(u_i, v_i) = (X^T \omega(u_i, v_i) X)^{-1} X^T(u_i, v_i) y \dots \dots \dots (15)$$

$\omega(u_i, v_i)$ 是非對角線為 0 的 $n \times n$ 矩陣，對角線則是 n 個資料點對應迴歸點 i 的權重，對每一個迴歸點重複此過程可得 $\hat{\beta}(u, v)$ 。參數估計有兩種方法：一者為固定 Kernal(圖 16(a))，另一者為自動調控 Kernal(圖 16(b))。固定 Kernal 較適用於迴歸點與資料點分佈均勻的情況，否則會如圖所示，迴歸點落在資料點稀疏的地方，計算上會使得參數估計的標準誤增大，且參數值較不平滑。自動調控 Kernal 則隨著資料點密集稀疏程度改變帶寬，資料點密度大的帶寬小，密度小的帶寬大，計算之後參數值較平滑。

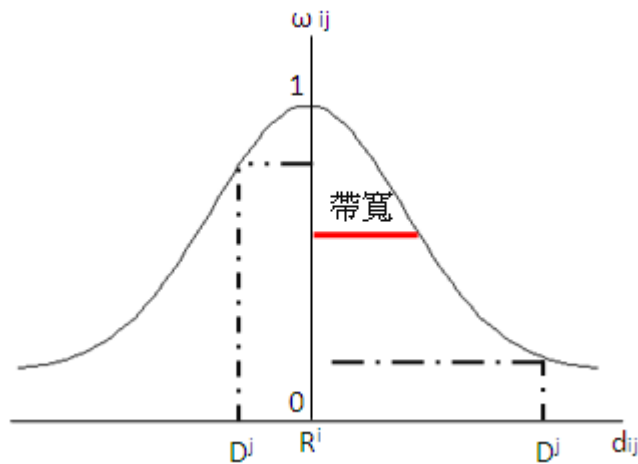


圖 15、空間 Kernal

R^i 代表迴歸點， D^j 代表資料點， d_{ij} 為迴歸點與資料點的距離，每個資料點會因與迴歸點距離不同，而對應不同的權重值 W_{ij} ，帶寬對於每個資料點的權重值有很大的影響，在大帶寬下，距離遠的資料點的權重值就會比，在帶寬小下的權重值要大許多，這對區域參數估計值的影響很大。

重製圖表：Fotheringham, A., C. Brunson, et al. (2002). Geographically weighted regression: the analysis of spatially varying relationships, John Wiley & Sons Inc.

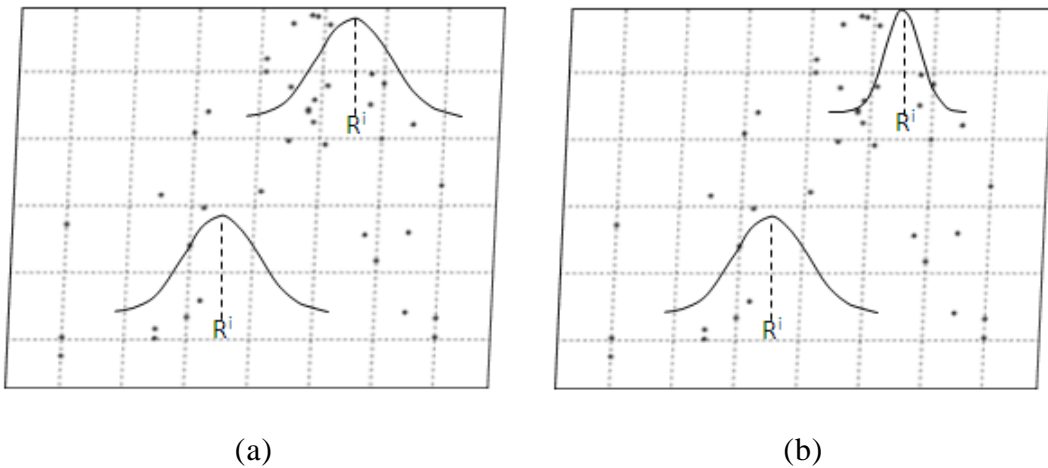


圖 16、(a)固定 Kernel，(b)自動調控 Kernel

小黑點為資料點，網格中心為迴歸點，固定 Kernel 不管在迴歸點周圍的資料點多寡，其帶寬都不改變，自動調控 Kernel 則隨資料點多寡變動，當離迴歸點的資料點數越多，帶寬越小，資料點數越少帶寬越大，以期能含納更多的資料點數作參數估計。

重製圖表：Fotheringham, A., C. Brunsdon, et al. (2002). Geographically weighted regression: the analysis of spatially varying relationships.

John Wiley & Sons Inc.

參數的區域標準誤如下(推導過程附錄一)：

$$\sigma^2_{\widehat{\beta(u,v)}} = CC^T\widehat{\sigma^2} = \frac{CC^TY^T(I-S)^T(I-S)y}{n-[2tr(S)+tr(S^TS)]} \dots\dots\dots(16)$$

因此每一個 $\widehat{\beta(u_i, v_i)}$ 有了對應的 $\sigma^2_{\widehat{\beta(u_i, v_i)}}$ 便可計算 t 值，由於資料點較稀疏的地方會有較大的標準誤，因此估計值是否具有顯著性，是需要檢驗的，雖然這個方法不是正式的(目前尚未發展出地理加權迴歸的檢定方法)，但可做為探索工具。

不論是帶寬、不同共變量(Covariate) 的選擇或是與擴展(Extention)模型的比較，實務上以 AIC(Akaike Information Criterion)做為選擇最適模型的依據，

AIC 越小代表該模型與真實的分佈最為接近，AIC 的表達如下：

$$AIC_c = 2n \log_e(\hat{\sigma}) + n \log_e(2\pi) + n \left\{ \frac{n - \text{tr}(S)}{n - 2 - \text{tr}(S)} \right\} \dots \dots \dots (17)$$

其中S 為帽子矩陣(Hat Matrix) = $X(X^T \omega(u, v) X)^{-1} X^T \omega(u, v)$ ，而 $\omega(u, v)$ 是帶寬的函數，不同帶寬會獲得的自由度不同， $\hat{\sigma}$ 是則是殘差項的標準差，由式(17)中可知 AIC 是從配適(Goodness-of-Fit)與自由度中來權衡最佳之模式。



4.4.3 雙空間延遲地理加權迴歸

雙空間延遲地理加權迴歸結合了雙空間延遲自迴歸與地理加權迴歸的功能，可以處理形成空間相依的兩種因子，又可以表達參數在地理變異的分佈，可以幫助我們進一步了解，兩種因子在不同地區的影響情況，模式如下：

$$Y = \rho_1(u, v)W_1Y + \rho_2(u, v)W_2Y + \beta(u, v)X + \varepsilon \quad \varepsilon \overset{iid}{\rightarrow} N(0, \sigma^2) \dots \dots \dots (18)$$

與雙空間延遲自迴歸只差在參數的部分，前者的參數只估計出一個值，後者則依迴歸點進行估計，這裡的 W_1 、 W_2 是代表影響空間相依的空間權重矩陣。另一差別是，雙空間延遲自迴歸是以最大概似估計法估計的，但此處則與地理加權迴歸同是以最小平方法估計，模式改成如下更好理解：

$$Y = \rho_1(u, v)Y_1^* + \rho_2(u, v)Y_2^* + \beta(u, v)X + \varepsilon \quad \varepsilon \overset{iid}{\rightarrow} N(0, \sigma^2) \dots \dots \dots (19)$$

將空間延遲項改成 Y_1^* 與 Y_2^* ，視為一般的共變項， $V = [Y_1^*, Y_2^*, X]$ ，參數部分改為 $\varphi(u, v) = [\rho_1(u, v), \rho_2(u, v), \beta(u, v)]$ ，因此參數估計式及參數標準誤改為如下：

$$\hat{\varphi}(u_i, v_i) = (V^T \omega(u_i, v_i) V)^{-1} V^T(u_i, v_i) y \dots \dots \dots (20)$$

$$C = (V^T \omega(u_i, v_i) V)^{-1} V^T(u_i, v_i) \quad S = V(V^T \omega(u, v) V)^{-1} V^T \omega(u, v)$$

$$\widehat{\sigma^2_{\varphi(u, v)}} = C C^T \widehat{\sigma^2} = \frac{C C^T y^T (I-S)^T (I-S) y}{n - [2\text{tr}(S) + \text{tr}(S^T S)]} \dots \dots \dots (21)$$

在實作方面，Kan(2008)的研究顯示 2002 年的高雄地區登革熱之傳播模式分為兩類，一為接觸式傳播，通常都離初始感染地一公里以內，二為易位式傳播，病毒由一個群集點，可跳至好幾個較遠的地區，同時，接觸式傳播亦伴隨著易位式傳播，因疫區多大於蚊媒的飛行範圍；而 Rabaa (2010)以基因親緣比

對近年在越南再現的登革熱疫情的研究顯示：在相鄰近的地區與中心都市胡志明市病毒有很高的交換比率，並指出人口移動是最主要的傳播動力。故而人口移動及鄰近擴散傳播是登革熱病例呈現空間聚集現象的要因，因此空間自相關模型的兩個空間權重矩陣，分別以旅運矩陣及鄰近矩陣代表人口移動傳播及鄰近擴散效果，兩矩陣都沒有經過列標準化，目的是保留各交通區的相對權重及日總旅次量的數值意含，因旅運資料內隱含了交通區之環境與人口學差異，如土地利用、人口結構、產業結構等，故此模型不考量其他共變因子，且無論是何種變數均無法單獨存在而對病例有所貢獻，譬如以人口密度變數來說，人口密度高的地區不代表能造成疾病的傳播，尚須加入蚊媒因子的考量，因疫情之傳播是兩者的動態互動結果，而呈現出的傳播特徵不是鄰近式、易位式就是兩者的混合式傳播，因此本研究認為應在得到空間延遲參數後，再納入環境及人口學變因對其做主成分分析，以獲得此二傳播模式是由何種類成分之主導結果。將式(18)改寫得：

$$Y_C = \beta_0(u, v) + \rho_{W_Q}(u, v)W_Q Y_C + \rho_{D_O}(u, v)W_{D_O} Y_C + \varepsilon$$

$$\varepsilon \overset{iid}{\rightarrow} N(0, \sigma^2) \dots \dots (22)$$

Y_C 為群聚感染期在 109 個交通區的病例數行向量， W_Q 為 109×109 去對角線鄰近矩陣，鄰近關係有共邊或共點者給予權重 1，反之給予 0， $\rho_{W_Q}(u, v)$ 為鄰近擴散延遲係數 (109×1)， W_{D_O} 為 109×109 去對角線 DO 矩陣， $\rho_{D_O}(u, v)$ 為旅運傳播延遲係數 (109×1)，本模式使用之旅運及鄰近矩陣都沒有經過列標準化 (Row Standardisation)，絕大多數的研究者 (Anselin, 2002; Beck, 2006; Lin, 2006) 都會將空間權重矩陣列標準化，列標準化是指每一列的單元除以該列的總和，使得每一列的總和都是一，因此空間延遲項 ($y_i^s = \sum_{j \neq i} W_{ij} y_j$) 是加權平均鄰近自變數的結果，這樣做的好處是 y^s 與 y 的數值等級差不多，且使空間延遲參數 ρ 的值域在 $[-1, 1]$ ，方便與不同的模式比較。然而這樣做，會改變觀察單位

間的相對權重(Ward et al., 2008)，使其失去意義，例如：往來高雄市小港區的交通流量比往來鹽埕區的高，但在列標準化後，兩者之間就毫無差別了。若不標準化空間權重矩陣，那麼空間延遲項 y^s 是鄰近自變數的加總，將會使得 y^s 與 y 的數值等級差很多，那麼估計的空間延遲參數 ρ 絕對值會遠小於一，也不能與其他模型比較，是故我們無法直接將 $\rho_{w_Q}(u, v)$ 與 $\rho_{DO}(u, v)$ 的數值直接相比得知哪一個動力因素或兩者之影響比例，故參數數值的相對排序才是我們所關心的。



五、研究結果

5.1 群聚期切割

本研究為探討人口移動對於登革熱傳播的影響，假設需在大規模的疫情爆發下，才能夠使人口移動的潛在因子發揮效果，因此需將冗長的疫情期間切割，本文利用純時間掃描分析，找出顯著的群聚期間(T_C)與群聚期前期(T_P)。

群聚期 T_C 透過 Kulldorff 發展的 SatScan，設定回溯式掃描之純時間分析，機率模型選擇離散波瓦松，掃描區間為 2001/05/08~2003/08/21，分析單位為「天」，以蒙地卡羅在虛無假設($X \rightarrow \text{Poisson}(\lambda N(t = 1) = 5.71)$)^{iid}下模擬 999 次，得到然似比=5699.86、p-value=0.001 之**最大可能群聚期 T_C** ：

2002/06/20~2002/12/17(圖 17)， T_C 期共計找到 4449 個病例(附錄二：SatScan 分析報表(a))，分佈在 109 個交通區(群聚病例分佈 Y_C ，圖 18(b))，病例主要落在前鎮區 68、70、71、72 與 73 交通區和鳳山市 99、100、105、106 與 107 交通區，餘落在苓雅區 30 交通區、三民區 51 交通區與左營區 75 交通區。

群聚期前期，顧名思義要找到在大流行前之少量感染病例開始迅速增加之期，因此要用前瞻式掃描分析，搜尋在 2002/6/20 之前具有顯著上揚的期間，分析區間 2002/01/02~2002/06/19，分析單位為「天」，機率模型為離散波瓦松，以蒙地卡羅在虛無假設($X \rightarrow \text{Poisson}(\lambda N(t = 1) = 0.296)$)^{iid}下模擬 999 次，得到然似比=62.29、p-value=0.001 之**最大可能群聚期前期 T_P** ：**2002/06/10~2002/06/19**(圖 17)， T_P 共找到 33 個病例，分佈在 109 個交通區(群聚前期病例分佈 Y_P ，圖 18(a))，病例數最多的為前鎮區的 68 交通區，有 20 個病例，再來是鳳山市的 107 交通區有 4 個病例數，前鎮區 71 與苓雅區 21 交通區都有 2 個病例，前鎮區 72、69、鳳山市 104 及小港區 91、92 交通區各有一例，109 個交通區中

只有 9 個有病例，餘 100 個沒有。

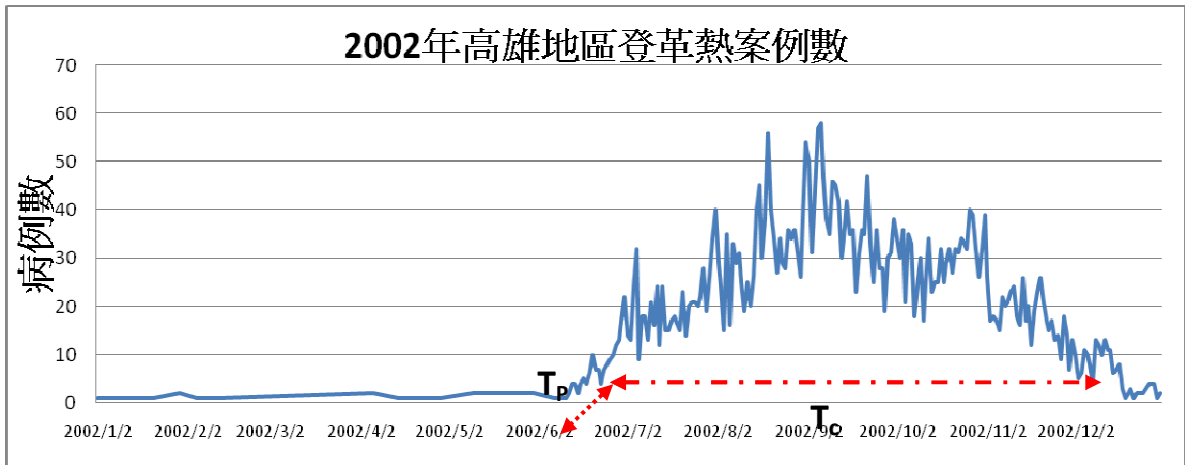


圖 17、最可能群聚期 T_C 與最可能群聚期前期 T_P

在設定離散波瓦松之機率模型下，由回溯式掃描分析，得到最可能群聚期 T_C ：2002/06/20~2002/12/17；另由前瞻式掃描分析，得到最可能群聚期前期 T_P ：2002/06/10~2002/06/19

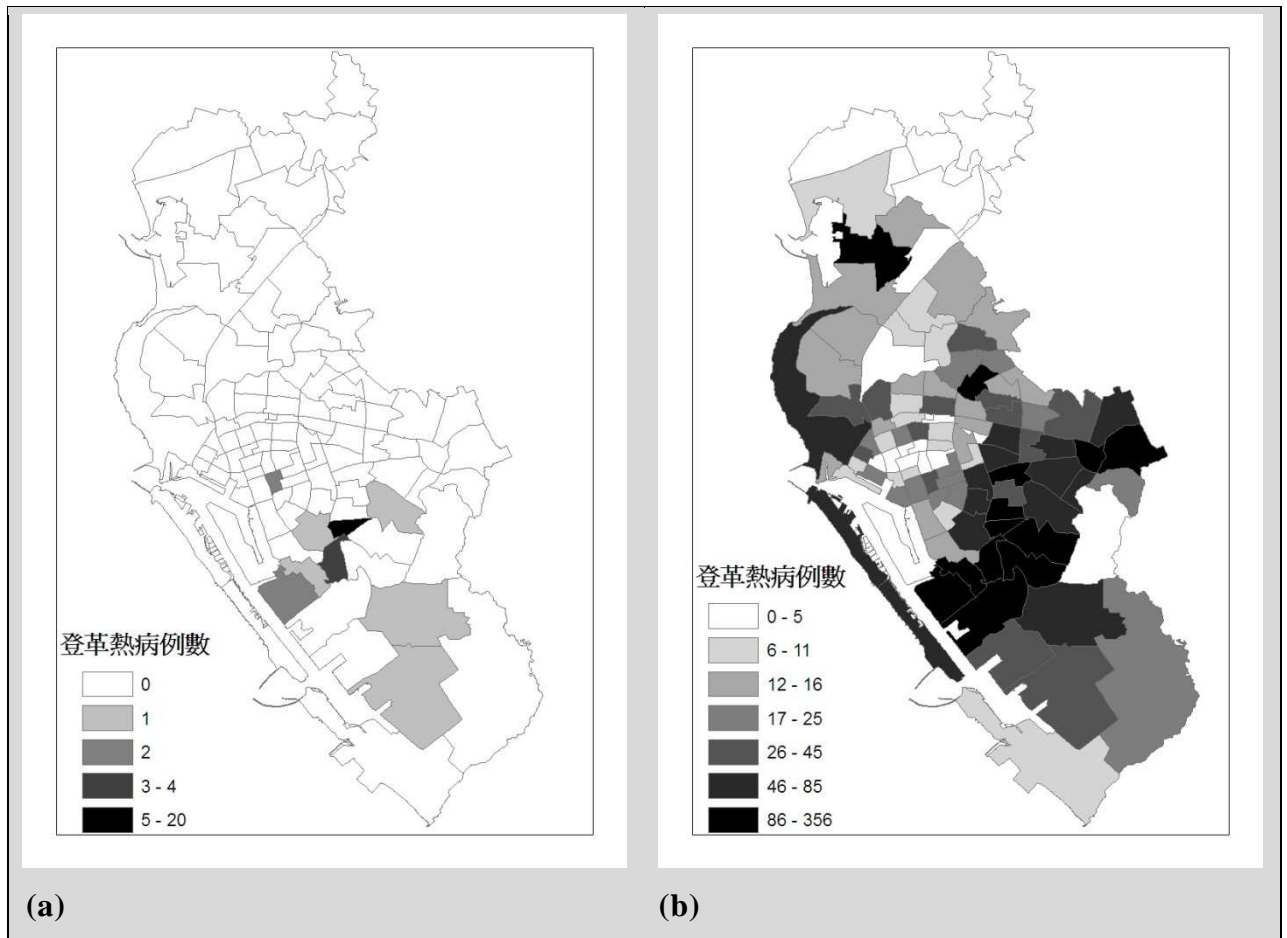


圖 18、(a)最可能群聚期前期病例分佈圖 Y_P 與 (b)最可能群聚期病例分佈圖 Y_C

Y_P 為 2002/06/10~2002/06/19 期間，發生之病例分佈圖；

Y_C 為 2002/06/20~2002/12/17 期間，發生之病例分佈圖。

5.2 矩陣模擬群聚期結果

5.2.1 DO 矩陣模擬結果

獲得兩個期間的病例分佈之後，將原高雄都會區住戶交通旅次 OD 矩陣轉置為 DO 矩陣，再與 Y_P 相乘，得到模擬的群聚分佈 Y_{SC} (圖 19)，若 DO 矩陣相乘兩次再乘 Y_P ，隱含的意義是群聚期的病例分佈是透過旅運進一步的傳播而得到，以此類推，DO 矩陣相乘三次及四次。將所模擬出的病例分佈，與真實的病例分佈 Y_C 做相關係數，如表 3：

表 3、DO 矩陣模擬之群聚期病例分佈與最可能群聚期病例分佈相關係數表

CorrCoef.	Y_C	p-value
Y_P	0.4561	<0.001
Y_{SC}	0.6072	<0.001
Y_{SC1}	0.563	<0.001
Y_{SC2}	0.4664	<0.001
Y_{SC3}	0.3857	<0.001

* $DO \times Y_P = Y_{SC}$ ； $DO \times DO \times Y_P = Y_{SC1}$ ； $DO \times DO \times DO \times Y_P = Y_{SC2}$ ；

$DO \times DO \times DO \times DO \times Y_P = Y_{SC3}$

其中 DO 代表交通區之旅運矩陣， Y_C 為群聚期之病例分佈行向量， Y_P 為群聚期前期之病例分佈行向量，兩者相乘得到的 Y_{SC} 代表經由旅運模擬之可能群聚期病例分佈，分別與 Y_C 做相關係數(CorrCoef.)。

表 3 之變數都經過資料轉換，取根號至 $|\text{偏態係數}| < 2$ ，使分佈近似常態，除 Y_P 有過多的 0 外。

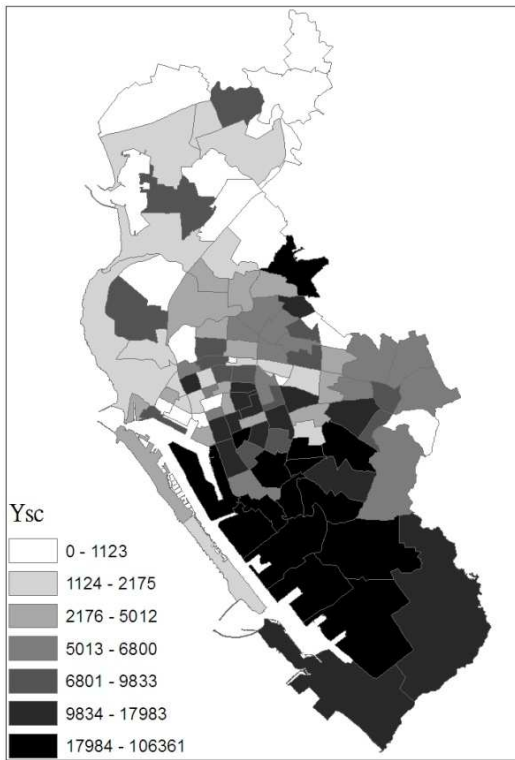
由表 3 得知，尚未進行 DO 矩陣模擬前，群聚期前期病例分佈與群聚期病例分佈的相關係數有 0.4561，然而在實務上，相關係數若其中一方含有過多的 0，則係數會越趨近 0.5，由 5.1 節得知， Y_P 含有 100 個 0，故而兩者之相關性應遠低於實務上計算的結果。透過旅次矩陣進行疾病傳染模擬之後，相關係數

增加至 0.6072，隨著旅次矩陣數次相乘，相關係數值逐漸下降。

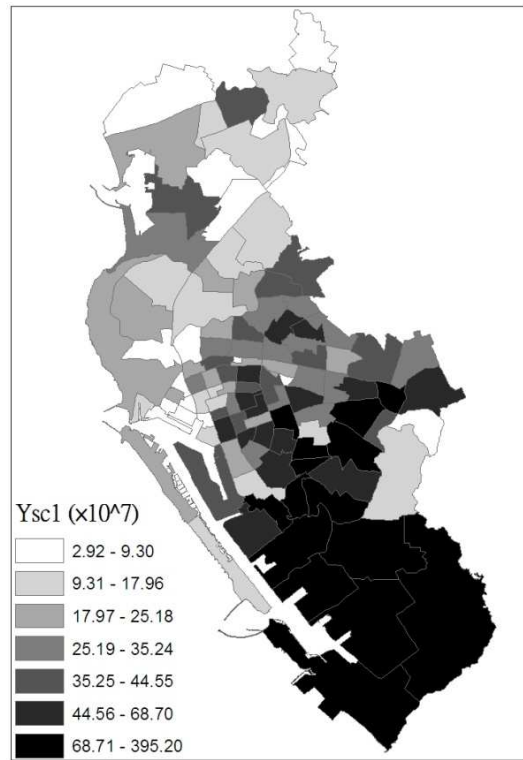
從圖 19(a)來看，群聚期前期的病例原本分佈在 21、68、71 及 107 等交通區，經由 DO 矩陣擴增到 105 個交通區，病例主要集中在前鎮區 61、68~73 交通區，鳳山市靠近前鎮區的 106、107 及 104 交通區和小港區 91~93 交通區，以此為中心向四方遞減，這些以前期病例分佈為傳播的傳染源，經由 DO 矩陣模擬的初期傳播，模擬較為嚴重的病例分佈交通區與真實群聚期的交通區重疊性很高，值得注意的是鼓山區 56、左營區 75 及楠梓區 85 交通區，雖與前期的感染地區很遠，但仍可經由旅運進行遠距離傳播。

圖 19(b)顯示群聚期經由旅運的進一步傳播，模擬顯示疫情向南(小港區)及向東方(鳳山市東北區)蔓延，高雄北邊的左營區 75 與楠梓區 85 交通區仍是一枝獨秀，顯示這兩區與高雄其他地區往來頻繁。隨著模擬的次數增加，我們觀察到容易受到感染的交通區開始有呈現分區聚集的現象(圖 19(c)-(e))，例如小港區全區與前鎮區南方 72、73 交通區；鳳山市 98、99、101 與 104 交通區；苓雅區 26、28、新興區 15 交通區；三民區 51 交通區，以上為重度感染機會的地區，左營區 75、76 及新興區一帶為中度感染區，表示若一直沒有防疫措施進入，人群不斷的移動，會呈現分區集中的現象，前期病例分佈的資訊會逐漸消失，呈現的是應是高雄都會區的主要交通區塊。

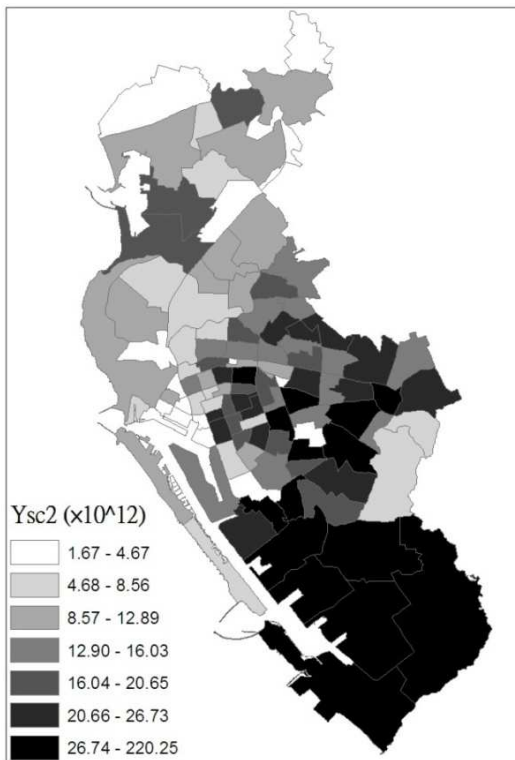
比較模擬圖(圖 19)與群聚期圖(圖 18(b))，前鎮區、苓雅區、三民區、前金區及鳳山市部分交通區的傳播趨勢有模擬出，左營區則是在三次 DO 矩陣相乘之後，趨勢才比較明顯，而鼓山、鹽埕及旗津區的模擬效果在四次 DO 矩陣相乘之後，仍未顯現出來，可能代表高雄地區的交通旅運結構具有重疊子群，且子群的旅運連結強度不同，前期的病例落在某一子群內，經由旅運矩陣不斷的



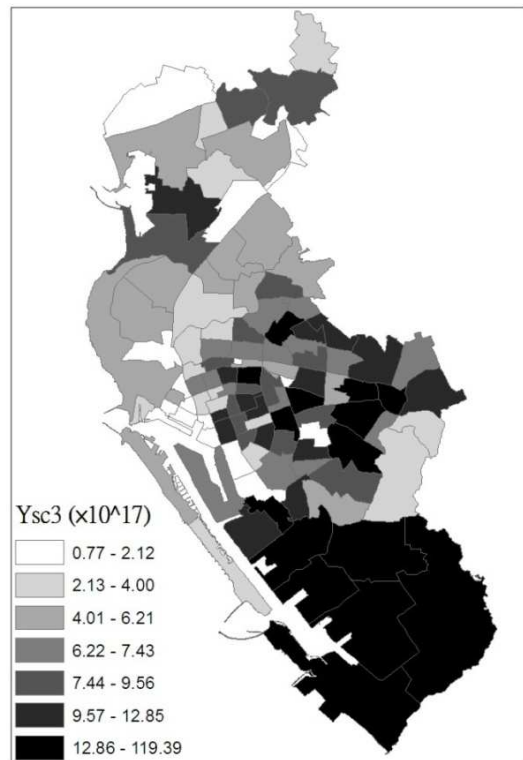
(a) $DO \times Y_P = Y_{SC}$



(b) $DO \times DO \times Y_P = Y_{SC1}$



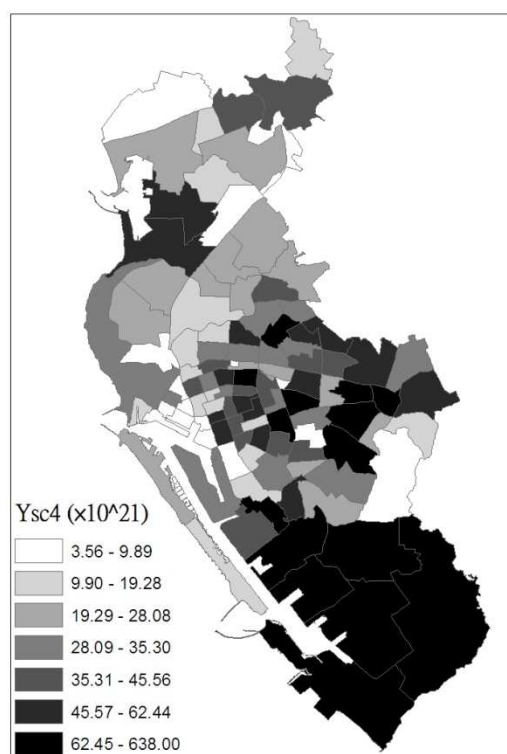
(c) $DO \times DO \times DO \times Y_P = Y_{SC2}$



(d) $DO \times DO \times DO \times DO \times Y_P = Y_{SC3}$

圖 19、DO 矩陣模擬群聚期病例分佈

DO 代表交通區之旅運矩陣， Y_P 為群聚期前期之病例分佈行向量，兩者相乘得到的 Y_{sc} 代表經由旅運模擬之可能群聚期病例分佈



(e) $DO \times DO \times DO \times DO \times DO \times Y_P = Y_{sc4}$

推送，逐漸推向其他子群；旅運連結強度較強的子群(如小港區及鳳山市)且與前期病例分佈子群重疊大的(前鎮區)會較快受到波及，旅運連結強度較低的子群(如鼓山、鹽埕與旗津區)以及與前期病例分佈子群幾乎沒有重疊(如左營與楠梓區)則較慢波及，故從旅運模擬可窺得此波登革熱疫情由高雄中南部逐步往北傳播與 Kan(2008)的分析結果相同。

5.2.2 W_Q 矩陣模擬結果

登革熱向鄰近的交通區進行擴散的情形，此處鄰近的定義是交通區之間有共邊及共點(Queen Contiguity)，得到一個包含自己的鄰近矩陣 W_Q ，鄰近矩陣與群聚期前期病例分佈(Y_P)相乘，得到一次鄰近擴散模擬 Y_{QC} ，同旅運矩陣模擬，若鄰近矩陣相乘兩次再乘 Y_P ，隱含的意義是群聚期的病例分佈是透過鄰近交通區進一步的傳播而得到，以此類推， W_Q 相乘多次，將所模擬出的病例分佈，與真實的病例分佈 Y_C 做相關係數，參照表 4：

表 4、 W_Q 矩陣模擬之群聚期病例分佈與最可能群聚期病例分佈相關係數表

CorrCoef.	Y_C	p-value
Y_P	0.4561	<0.001
Y_{QC}	0.583	<0.001
Y_{QC1}	0.5816	<0.001
Y_{QC2}	0.6092	<0.001
Y_{QC3}	0.5885	<0.001

* $W_Q \times Y_P = Y_{QC}$ ； $W_Q \times W_Q \times Y_P = Y_{QC1}$ ； $W_Q \times W_Q \times W_Q \times Y_P = Y_{QC2}$ ；

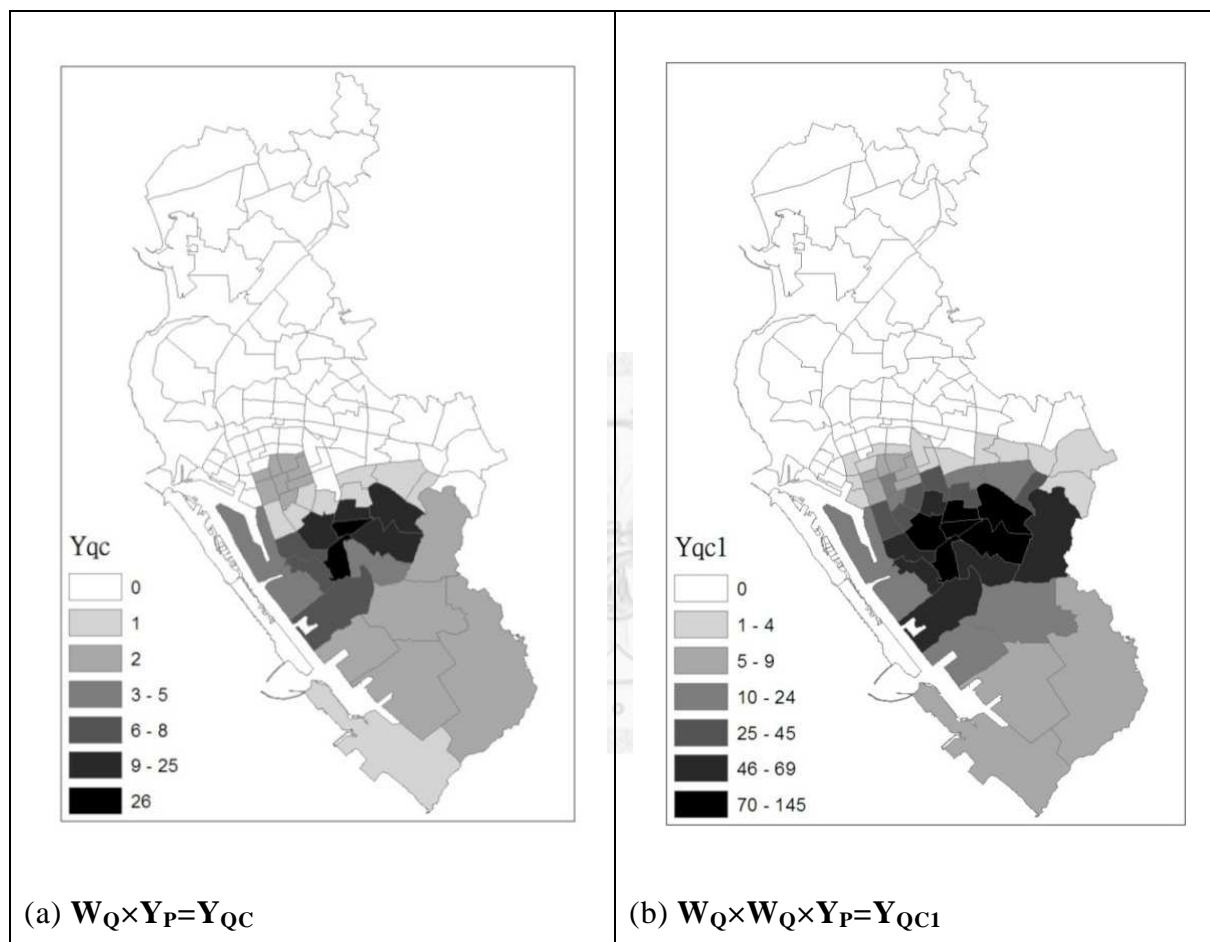
$W_Q \times W_Q \times W_Q \times W_Q \times Y_P = Y_{QC3}$

其中 W_Q 代表 109 個交通區之后鄰近矩陣，只要共邊或共點即為鄰近交通區， Y_C 為群聚期之病例分佈行向量， Y_P 為群聚期前期之病例分佈行向量，兩者相乘得到的 Y_{QC} 代表經由鄰近模擬之可能群聚期病例分佈，分別與 Y_C 做相關係數(CorrCoef.)。

表 4 之變數都經過資料轉換，取根號至 | 偏態係數 | < 2，使分佈近似常態，除 Y_P 有過多的 0 外。

由表 4 得知，尚未進行鄰近矩陣模擬前，群聚前期的病例分佈與群聚期的相關係數是 0.4561，進行模擬 3 次鄰近傳播之後，相關係數增加至 0.6092，鄰近擴散確實是登革熱傳播的一個潛在影響因子，從圖 20 可以得知，經由鄰近

擴散因素的登革熱傳播是屬於漸進式，由群聚前期病例為中心向外蔓延，隨著鄰近矩陣相乘次數越多，會以前期病例交通區為中心形成近似二維常態鐘型分佈，與實際群聚期分佈圖比較，只有中心部位符合實際分佈，周圍的蔓延部分不符合。



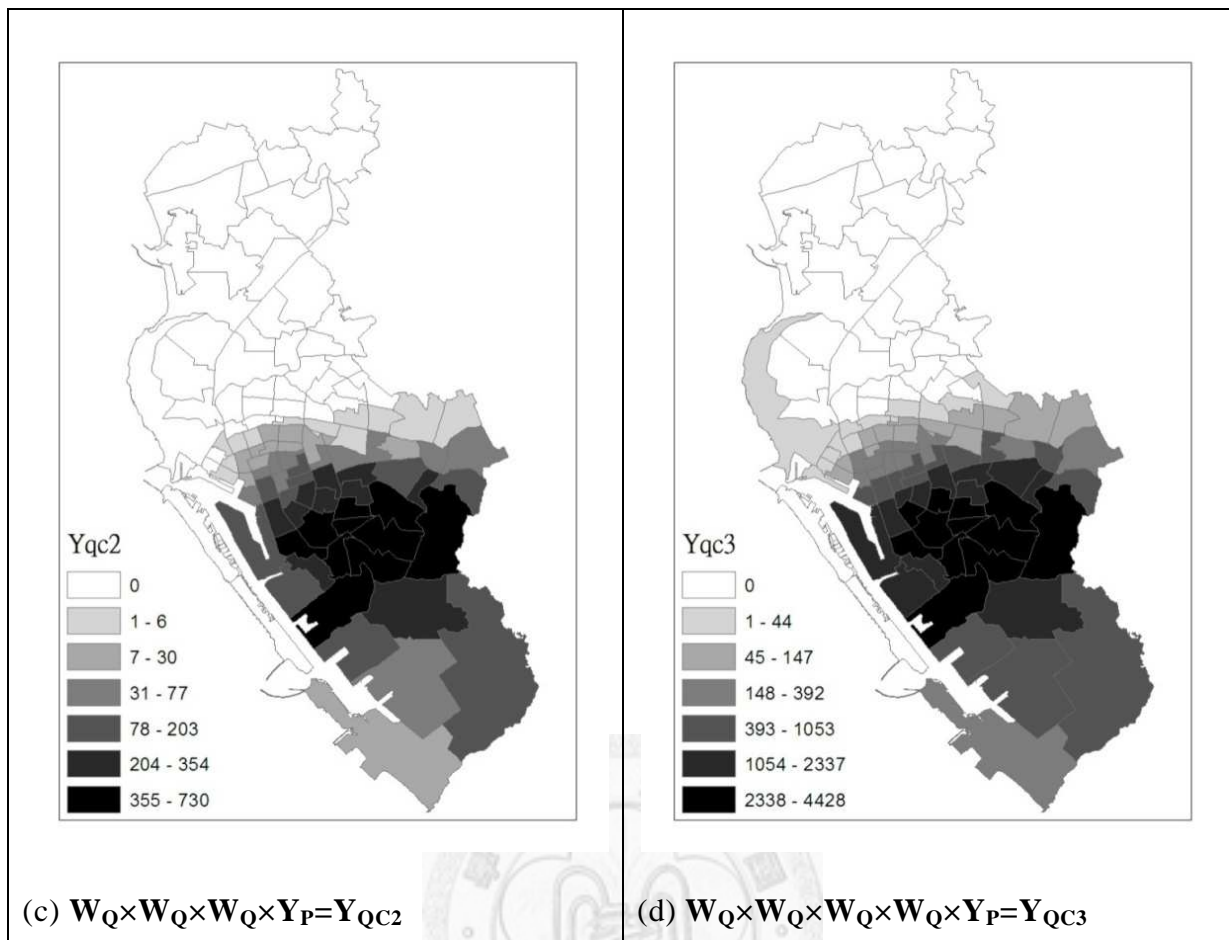


圖 20、 W_Q 矩陣模擬群聚期病例分佈圖

其中 W_Q 代表 109 個交通區之后鄰近矩陣，只要共邊或共點即為鄰近交通區， Y_P 為群聚期前期之病例分佈行向量，兩者相乘得到的 Y_{QC} 代表經由鄰近模擬之可能群聚期病例分佈

5.3 雙空間延遲地理加權迴歸結果

由於雙空間延遲地理加權自迴歸是由最小平方法進行參數估計，因此所有的變數必須要服從常態分配，變數有病例分佈依變項 Y_C 、鄰近擴散延遲項 $W_Q Y_C$ 、旅運傳播延遲項 $W_{DO} Y_C$ 及誤差變異數 σ^2 ，誤差變項尚須符從空間獨立。依變項與解釋變項均取根號至 $|\text{偏態係數}| < 2$ ，使分佈近似常態，以符合模式之要求。模式之參數估計採用自動調控 Kernel，權重函數為常態方程，其帶寬會隨交通區之疏密而變動(附錄四：DSLGR 報表)，研究使用之兩矩陣都沒有列標準化，目的是保留各交通區間的相對權重，因此估計出的延遲參數數值遠低於1，且由於矩陣基礎不同，兩種因子不能直接比較，故參數數值的相對排序才是我們所關心的，下列圖檔(除圖 23)都是以分位數(Quantile) 為表達方式。

5.3.1 雙延遲參數空間分佈圖

模型結果從圖 21 的鄰近擴散延遲參數($\rho_{W_Q}(u,v)$)及圖 22 的旅運傳播延遲參數($\rho_{DO}(u,v)$)空間分佈圖，可看出兩者的區域差異。其中，由圖 21 可看出 $\rho_{W_Q}(u,v)$ 估計值都大於0，代表與鄰近交通區呈現正關連，若鄰近交通區發生疫情本身亦會受到影響，影響的大小由西北向東南方向遞減，且參數之標準誤則是由北向南遞減，t 值則由前鎮區向北、東、南方遞減，t 值都大於5.6，雖然多組假設檢定(Multiple Hypothesis tests)需要經過 Bonferroni Correction 調校，因校正過於保守，故未採取校正，在 p-value=0.05、自由度 106 下，對應之 t=2.27，p-value=0.01、自由度 106 對應之 t=2.87，故 $\rho_{W_Q}(u,v)$ 之顯著水準小於 $\alpha = 0.01$ 。

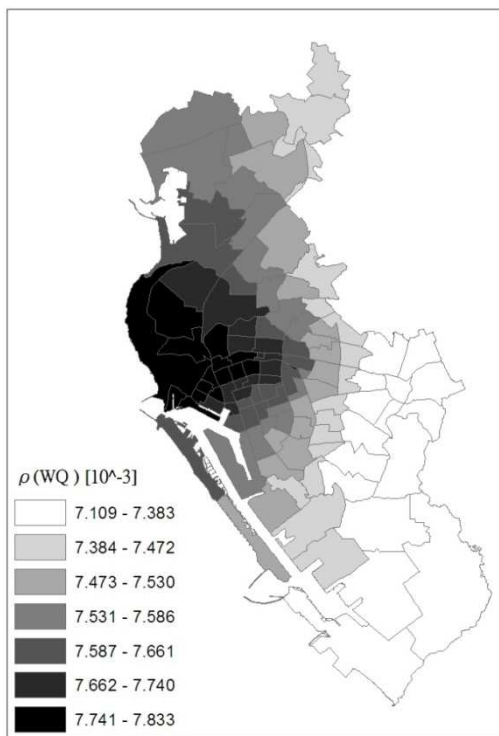
從圖 22 可看出， $\rho_{DO}(u,v)$ 估計值都大於0，代表旅運往來的交通區間呈現正關連，往來之交通區發生疫情本身亦會受到影響，影響大小的空間分佈由東向西方向遞減，參數之標準誤亦由北向南遞減，t 值則由東南向西北方遞減，t 值都大於3.02，故 $\rho_{DO}(u,v)$ 之顯著水準亦小於 $\alpha = 0.01$ 。

由於殘差具有空間意涵，因此其隨機性驗證不能使用卡方適合度檢定，宜使用空間自相關統計量 Moran's I 闡述，由圖 23 觀察，其殘差值分佈相當雜亂，沒有特定的圖案，Moran's I = -0.07、p-value=0.30，未達顯著水準($\alpha = 0.01$)，沒有足夠證據宣稱殘差不為隨機分佈，顯示人口旅運移動傳播及鄰近擴散傳播兩潛在動力因子，對於群聚期病例分佈的解釋能力相當好，模型配適度佳。另殘差應服從常態分配，以單樣本 Kolmogorov-Smirnov 適合性檢定(附錄三：One-Sample Kolmogorov-Smirnov test 報表)，Z=1.08、p-value=0.194，未達顯著水準($\alpha = 0.01$)，沒有足夠證據宣稱殘差不服從常態分佈。

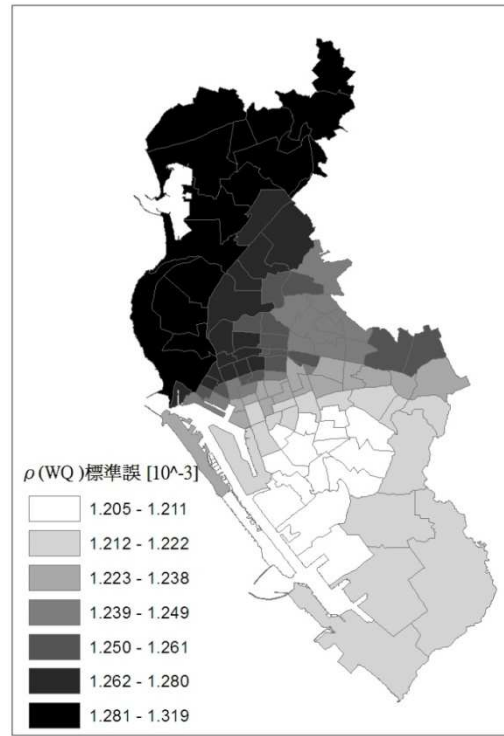
AIC_C 是從配適與自由度中來衡量最佳模式之指標，數值越低代表模式越接近真實，在同時考量旅運傳播與鄰近擴散對病例分佈解釋之模式時，其 AIC_C 為 514.10，只考量旅運傳播其 AIC_C 上升至 522.93，和只考量鄰近擴散其 AIC_C 最高達 527.67(表 5)，兩者的 AIC_C 都高於本文之模式，表示病例分佈只由鄰近擴散解釋的能力最差，若只考量單一之空間自相關因子，旅運傳播因子比鄰近擴散更佳，表示病例的空間群聚現象更接近旅運傳播的結果，但都不如兩因子同時考量的解釋能力，表示多數的群聚現象是來自兩者的貢獻，而某些群聚現象乃由鄰近擴散而得，是旅運傳播無法解釋的，另外的群聚現象是由旅運傳播所得，無法由鄰近擴散解釋，故本文之雙空間延遲因子模式相較單一空間延遲因子模式大幅降低 AIC_C，對病例分佈的解釋能力最佳。

表 5、模式之 AIC_C 比較表

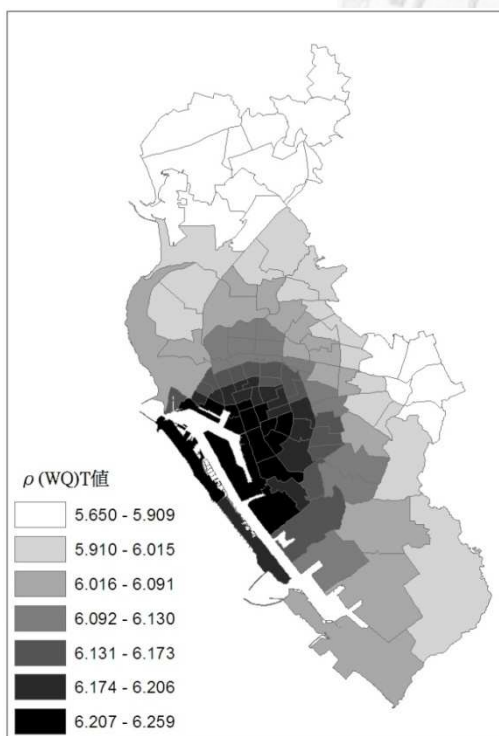
	旅運傳播與 鄰近擴散	旅運傳播	鄰近擴散
AIC _C	514.10	522.93	527.67



(a) $\rho_{WQ}(u, v)$ 空間延遲係數分佈



(b) $\rho_{WQ}(u, v)$ 標準誤分佈



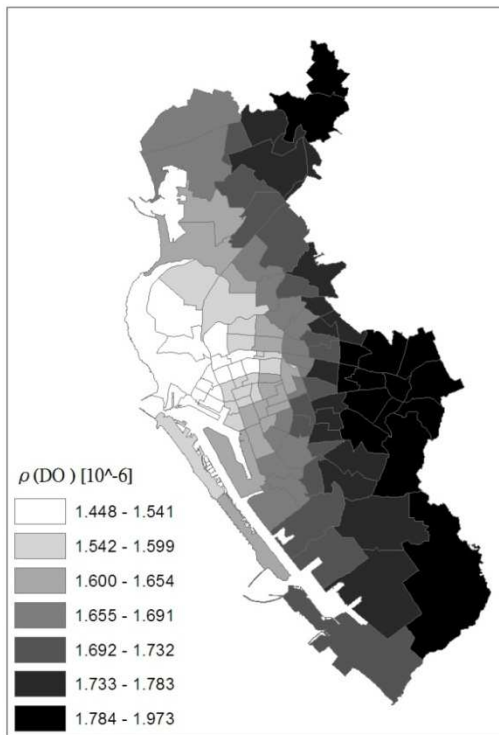
(c) $\rho_{WQ}(u, v)$ t 檢定值分佈

圖 21、(a) $\rho_{WQ}(u, v)$ 空間延遲參數估計值，(b)標準誤與(c)檢定值分佈圖

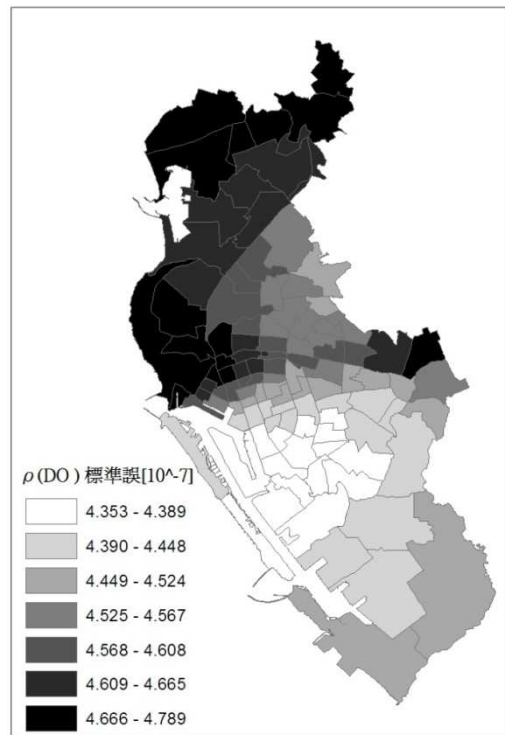
(a) 登革熱傳播的鄰近空間互動，以 $\rho_{WQ}(u, v)$ 空間延遲參數的估計值表達，延遲效果由西北向東南方向遞減。

(b) 估計值之標準誤由北向南遞減，亦由南向北遞減至高雄市中心區域。

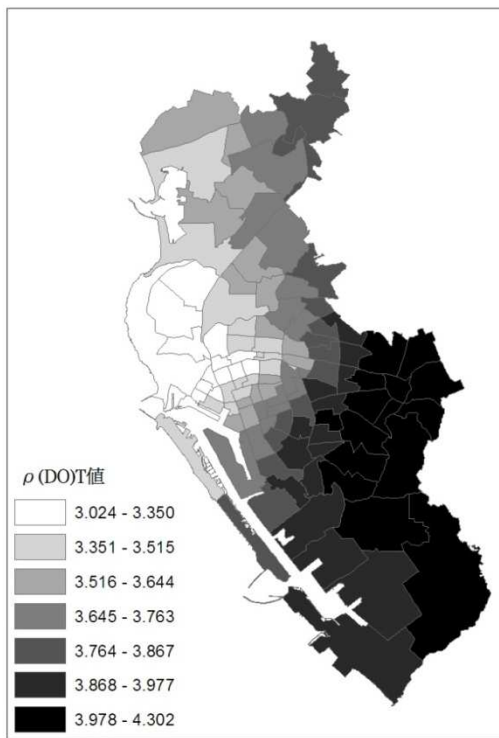
(c) T 值由高雄西部向四周遞減。



(a) $\rho_{DO}(u, v)$ 空間延遲係數分佈



(b) $\rho_{DO}(u, v)$ 標準誤分佈

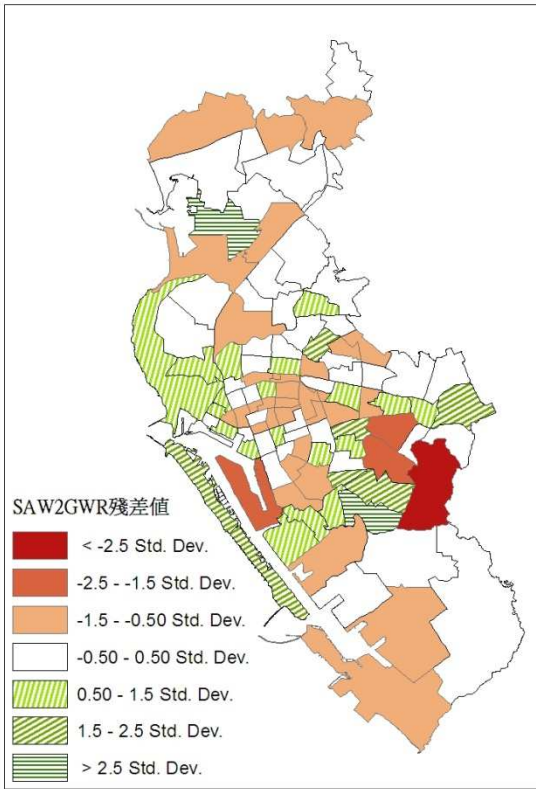


(c) $\rho_{DO}(u, v)$ t 檢定值分佈

圖 22、(a) $\rho_{DO}(u, v)$ 空間延遲參數估計值，(b)標準誤與(c)檢定值分佈圖

(a) 登革熱傳播的旅運空間互動，以 $\rho_{DO}(u, v)$ 空間延遲參數的估計值表達，延遲效果由東向西北方向遞減。
 (b) 估計值之標準誤由北向南遞減，亦由南向北遞減至高雄市中心區域。
 (c) T 值由東南向西北方遞減。

圖 23、雙空間延遲地理加權自迴
歸模式殘差圖



5.3.2 雙空間延遲參數合併圖

在傳染病防制上，阻斷傳播途徑是最主要的課題，本文走筆至此，兩種潛在傳播途徑著實對登革熱傳播有顯著影響，兩者之特性不同，故而會對應不同的防疫手段，雖然已分別得到兩者影響性的空間分佈，然而在防疫上並不方便使用，兩個潛在傳播因子各在交通區扮演何種程度的影響，是我們關心的課題，故本文將兩空間延遲估計係數合併在一張圖表上闡釋，分別將兩參數以 5 分位數將 109 個交通區分成五種程度延遲效果，數值 1 時代表為最後的 20%，表該交通區在某一因子的空間延遲效果最差，數值為 5 時代表最前的 20%，表示空間延遲效果最好， $\rho_{wQ}(u, v)$ 依等級低到高，分別以黃到紅色漸層呈現， $\rho_{DO}(u, v)$ 依等級低到高，分別以黃到綠漸層呈現，兩參數合併則將兩種顏色彼此混合，形成 25 層漸層色系(圖 24)，深紅色代表此交通區易受到鄰近交通區擴散傳播，但旅運帶來的影響則較低，深綠色代表此交通區易受旅運往來交通區傳播登革熱，但鄰近交通區帶來的疫病擴散影響較低，越接近黃色，則代表兩種傳播效果都具有相當的影響。

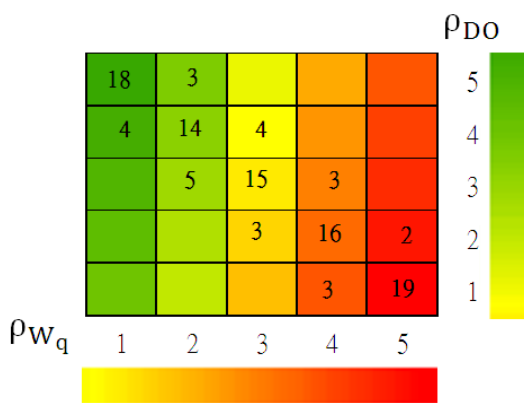


圖 24、 (ρ_{wQ}, ρ_{DO}) 25 等級圖

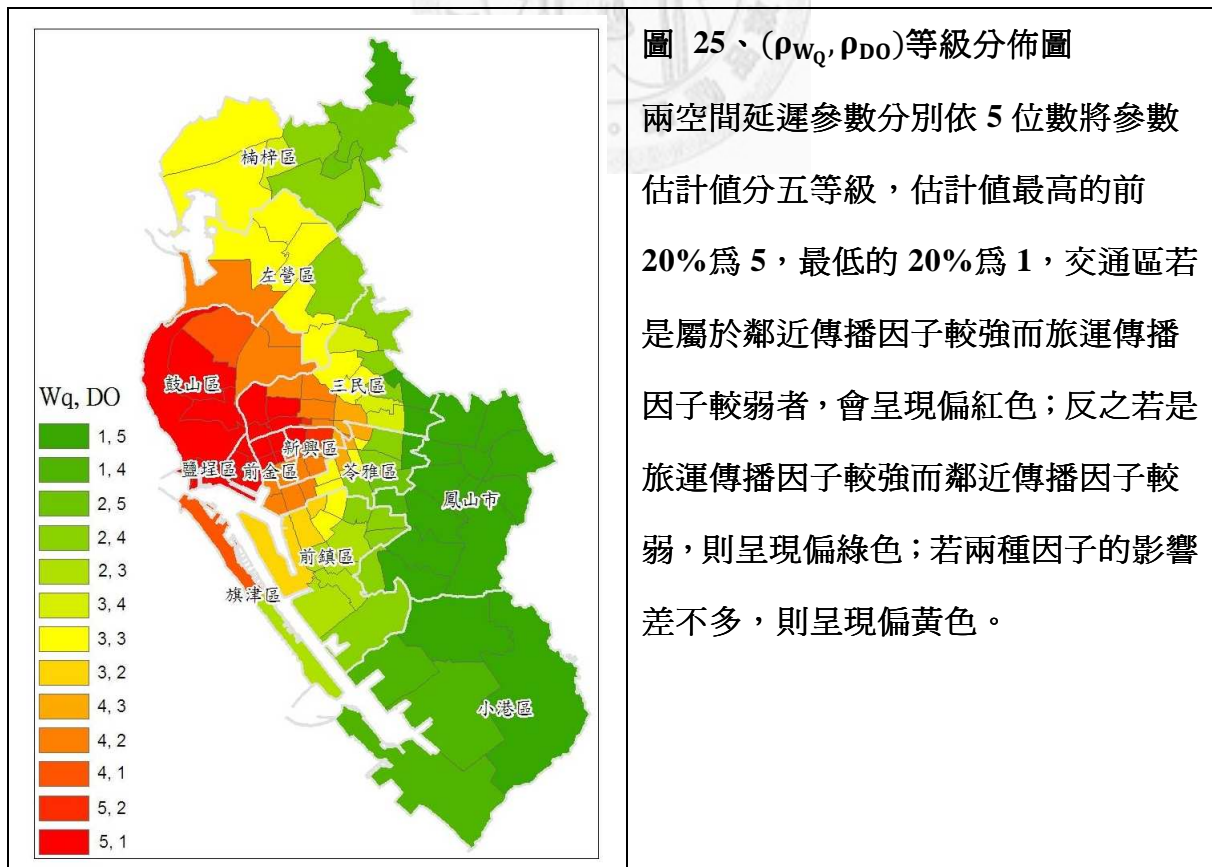
兩空間延遲參數分別依 5 位數將係數分五等級，係數最高的前 20% 為 5，最低的 20% 為 1，可得 5 乘 5，共 25 等級方格。方格內的數值代表符合該等級之交通區數量。

將兩延遲參數依此 25 漸層色對應得圖 25，顯示交通區若是屬於鄰近傳播因子較強而旅運傳播因子較弱者，會呈現偏紅色；反之若是旅運傳播因子較強

而鄰近傳播因子較弱，則呈現偏綠色；若兩種因子的影響差不多，則呈現偏黃色。

表 6 為 25 等級與鄉鎮市、交通區對照表，透過圖表可得知，最易受旅運傳播的地區落在鳳山市、小港區與楠梓東區(表 6 $(\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = \{(1, 5), (1, 4), (2, 5)\}$)，次一級主要落在前鎮南區、苓雅區、三民東區與楠梓區(表 6 $(\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = \{(2, 4)\}$)；最易受鄰近擴散的地區主要在鹽埕區、鼓山區、前金區、三民西區、新興西區(表 6 $(\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = \{(5, 1), (5, 2), (4, 1)\}$)，次一級主要落在新興東區、苓雅西區、三民中西區(表 6 $(\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = \{(4, 2)\}$)；而受到中度旅運及中度鄰近擴散影響的地區主要為前鎮中區、苓雅中區、三民中區、左營區與楠梓西區(表 6 $(\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = \{(2, 3), (3, 4), (3, 3), (3, 2), (4, 3)\}$)。

表 6、 (ρ_{WQ}, ρ_{DO}) 等級與交通區對照表



		群聚期病例數前28%交通區							
N		群聚期前期交通區							
Wq	DO	鄉鎮市	交通區		Wq	DO	鄉鎮市	交通區	
1	5	苓雅區	31		2	3	前鎮區	63	69 71 72
		三民區	46	47			旗津區	90	
		楠梓區	81		3	4	三民區	41	45 48
		小港區	91	94			楠梓區	86	
		鳳山市	96	97 98 99 100 101			苓雅區	22	23 25 27
		102	104 105 106	108 109	50	51			
1	4	小港區	92	93 95	3	3	前鎮區	65	67
		鳳山市	103				左營區	74	75 77 78 79
							楠梓區	87	88
2	5	苓雅區	30		3	2	前鎮區	61	62 64
		楠梓區	82	83					
2	4	苓雅區	26	28 29	4	3	苓雅區	24	
		三民區	44	49 52			三民區	42	43
		前鎮區	66	68 70 73					
		左營區	80						
		楠梓區	84	85					
		鳳山市	107						
					4	2	前金區	10	11
							新興區	14	16 17
							苓雅區	18	19 20 21
							三民區	34	37 38 40
							鼓山區	53	54
							左營區	76	
					4	1	新興區	13	
							鼓山區	55	
							旗津區	89	
					5	2	新興區	15	
							三民區	39	
					5	1	鹽埕區	1	2 3 4 5
							前金區	6	7 8 9
							新興區	12	
							三民區	32	33 35 36
							鼓山區	56	57 58 59 60

所有的交通區依照等級予以表列，反白的區塊代表的是群聚期病例數達前 28%的交通區，粗體數字則為群聚期前期的交通區，前期病例分佈幾乎落在旅運影響因子較大的交通區，而經由旅運的傳播之後，群聚期的病例分佈也多集中在旅運影響因子較大的交通區。

六、研究討論

6.1 矩陣模擬結果討論

6.1.1 DO 矩陣模擬結果討論

本研究運用旅運矩陣與鄰近矩陣模擬方法，分別偵測出登革熱的傳播足跡，旅運移動的人口能將登革熱傳播至較遠的地區，往來旅運人次越多的交通區被傳播的風險就越高，且經由旅運矩陣模擬，可以概略預測將被傳播的地區，而預先採取防疫措施。在旅運模擬的過程，隨著 DO 矩陣持續相乘，與群聚期分佈的相關係數反而逐漸下降，可能的原因是：

(1) 不是每一個旅次的感染機會是均等的

由於 DO 矩陣隱含著不同交通區的土地利用、人口結構及產業結構，以小港區來說，其與鄰近的幾個交通區，相互間有很大的旅次量，因小港區有臨海工業區、第二港口及小港機場的設置，大量的工作機會和出入境旅客，旅次量較其他交通區多出許多，但小港區內有的交通區是以住宅區為主，居住人口密集且多，有的交通區則是工廠用地，因此，不是每一個旅次的感染機會是均等的，但旅運矩陣模擬時，必須假設任一「交通區內」每個旅次的傳播能力相同，沒有年齡及職業等差別，因此旅次量越高代表該交通區被傳染機率越高，因此 DO 矩陣會將前期的病例在部分交通區過度的放大(圖 19)，如：小港區、新興區與楠梓區；而部份交通區則低估了旅次傳播的影響，如：鼓山區與左營區。

旅次依目的可略分為四類：家—工作、家—學校、家—其他及非家旅次，但旅運矩陣是以「交通區」為單位的「日」旅次加總，各別旅次的資訊被模糊化，不知各別旅次的目的、起始時間、停留時間，更不知旅次的路徑(Stoddard et al., 2009)，因此無法與各地蚊媒指數、蚊媒覓食時間搭配校正，不能選取有

效的傳播旅次。

(2) 防疫措施已進入

DO 矩陣模擬之群聚期是假設在無外力干擾的狀態下，人的移動與蚊媒叮咬不斷的互動循環而形成傳播現象，然而實際的情況是，在疫情發生之後，衛生單位必有防疫措施以阻止疫情擴大，譬如大量的噴藥以殺死病媒蚊，因此在 8 月到達疫情高峰期之後，周感染人數便逐漸遞減，但 DO 矩陣之相乘是基於上一次的感染基礎之下，因此潛在的感染人數會隨著矩陣的相乘而逐漸增加，這是與實際情況相當不符合的。

(3) 病毒血症期與抗體

病人在發病前一天至發病後五天為病毒血症期，具有感染斑紋的能力，癒後則對該型病原具有抗體，不會再被同型病原感染，若以此病人為發病之第一人，至下一個病例發生最快 10 天最慢約 31 天(行政院衛生署疾病管制局, 2009)，因此群聚期的切割若以一周或是兩周為單位，較能捕捉登革熱傳播在時間上的動態過程，然而本研究之群聚期的掃描分析，只以時間軸為考量，未加入空間上的群聚分析，因此群聚掃描找到的群聚期相當的長，長達 6 個月(2002/06/20~2002/12/17)，這麼長的時間許多病例已逐漸痊癒，不會再對蚊媒提供病原，而模擬時卻無法隨著時間逐步剔除具有抗體之病例，所以矩陣越乘數值越大，這是群聚期間太長的缺點。

(4) 被傳播交通區未必有蚊媒

旅運矩陣的傳播是假設在蚊媒是均勻分佈的情況下，事實上蚊媒有特定的喜好環境，絕不可能是均勻分佈的，因此有的被傳播交通區在沒有足夠的蚊媒下，就不可能成為下一期傳播的種子區，因此 DO 矩陣越乘，將會越偏離可能

的病例分佈趨勢，這也是為何有的交通區間的旅次量很大，可是卻沒有成為主要的感染區，如部分的三民區與苓雅區。



6.1.2 W_Q 矩陣模擬結果討論

登革熱的近距離擴散傳播，應與蚊媒的棲息圈和在地居民的小範圍活動有關(Tran et al., 2006; Kan et al., 2008; Rabaa et al., 2010)，蚊媒一生的飛行範圍約涵蓋其出生地 840 公尺直徑範圍內(Reiter et al., 1995)，一旦受到感染則終生都有傳播能力，且病毒還能傳染至子代(魏鳳樑, 1991)。當受輕微或無症狀之宿主在住家附近活動時，受到當地蚊媒叮咬，使得蚊媒成爲帶有病毒之病媒蚊，而病媒蚊在其一生的活動範圍內，經由多次的叮咬行爲將病毒帶至其他宿主，此模式不斷循環，形成在地的群聚感染。因此鄰近擴散與蚊媒及在地居民的互動有關，每個交通區之個體風險值一定不相同，然而在以鄰近矩陣模擬時，假設只要是鄰近交通區都賦與一倍的擴散權重，無考量蚊媒的分佈是具有異質性的，受到在地環境影響很大，且每個交通區的居民活動性質可能不同，人口密度亦不同，實際的蔓延速度應有差異而非等速蔓延。

研究使用之鄰近權重乃爲共邊共點之八鄰近矩陣，然而交通區面積劃分差異甚大，最小的 6.6 萬平方公尺，最大的 1504.4 萬平方公尺，有的交通區很多鄰居，有的很少甚至沒有(圖 27)，有些交通區的中心位置離很近，有的卻差很遠，因此在鄰近傳播上有些一次只能傳小範圍，有些卻可以傳很大範圍(圖 26)，非常不合理，因此鄰近權重應以兩兩交通區中心的”距離”作爲衡量的依據較爲適切，譬如距離反比或平方反比等。



圖 26、交通區行政劃分不均圖

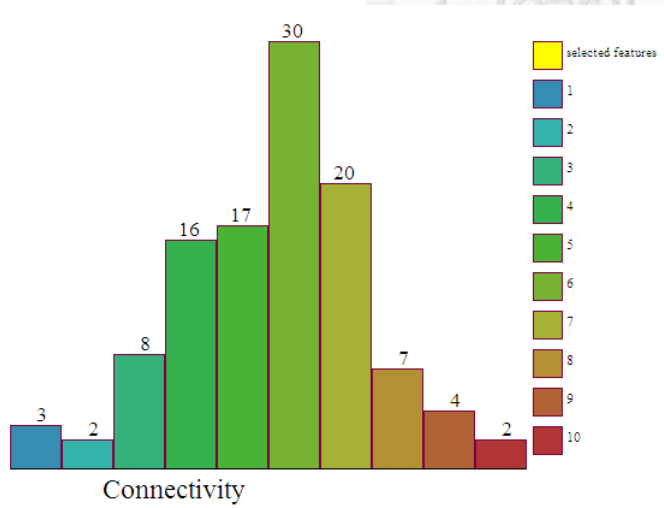


圖 27、八鄰近的鄰近個數直方圖

6.2 雙空間延遲參數綜合討論

在雙空間延遲自迴歸中，本文將兩參數的空間分佈合併呈現(圖 25)，因此可以得知每一個交通區兩因子的強弱關係，在紅色的交通區中主要是鄰近傳播，而受到旅運傳播影響較低，這些地區如鼓山、新興、鹽埕、旗津及左營區西部，均是高雄早期發展地區，老舊的房舍、缺乏污水下水道設施、土地使用破碎、雨水下水道淤積等，提供較佳的蚊媒孳生環境，且由於居住環境品質不佳，使得住民暴露風險增高，因此一旦有病例在此區發生，很容易造成群聚感染，防疫策略應著重在環境清潔、孳生源清除，並多向居民宣導衛教。

而綠色的交通區主要是旅運傳播，鄰近擴散的影響較低，這些地區多集中在鳳山市、小港區、左營東區與楠梓東區，四區確實有大量的通勤人口，鳳山市做為高雄市的衛星城市，其於民國 61 年始成為縣轄市，左營東區因高鐵站、台鐵左營站與捷運站三鐵共構，開始有新市鎮的開發，二者的發展較晚，環境較不易提供蚊媒孳生，而楠梓與小港都是工業區，工廠周邊的環境維護較有系統，也不易造成蚊媒孳生，同時其亦有較佳的都市規劃與污水下水道設施，這些因素較不易提供蚊媒滋生環境，也減少住民的暴露風險，這些地區若是發生疫情，應多為宿主在其他交通區受到感染引起，一旦有病例發生，其實並不易在當地發展成群聚感染，在防疫策略上應要加強診所、衛生所、地區醫院的通報。

偏黃色的交通區代表兩種傳播因子都有影響，主要是分佈在前鎮、苓雅、三民、新興、左營中區與楠梓西區，呈現帶狀分佈，這些地區是高雄人口密集的都會區，交通人口往來頻繁且新舊屋舍交雜，疫情在此區發生，不但有足夠的蚊媒與夠多的人口移動，在兩因子交互作用之下，認為前期病例若是落入此區較易引起疫情爆發，在防疫策略上，此區的應列為平時最主要的監測區，每

一次進行蚊媒指數的抽樣調查時，此區一定要有較多的抽樣單位，一旦有病例發生，必須同時著重環境滋生原清除工作與加強通報系統。

從前述得知，病例的落點位置很重要，因為區域的傳播特徵不同，以本次疫情為例，前期的病例幾乎落在綠色區塊(表 6)：小港、前鎮區與鳳山市，此區主要以旅運傳播為主，鄰近傳播為輔，搭配 DO 矩陣模擬圖(圖 22)觀看，主要傳播對象仍是綠色區域的小港、前鎮區、鳳山市以及遠處黃色的左營區 75 及 76、黃色的三民區、黃綠色的苓雅區及橘黃色的新興區，與群聚期分佈對照吻合度相當高，而推論旅運傳播是此波疫情的主要動力因子，而位於紅色區域的 89、58 應是少數病例進入之後，因此區住民有較高的暴露風險，即造成群聚感染。同時，前期感染期的偵測非常重要，宜搭配前瞻式群聚掃描分析尋找即將爆發的疫情。

根據研究結果，提出防疫的流程(圖 28)，首先以前瞻式掃描偵測要爆發之疫情，標示病例的落點位置，再搭配個交通區的傳播特徵，若位於紅色的鄰近

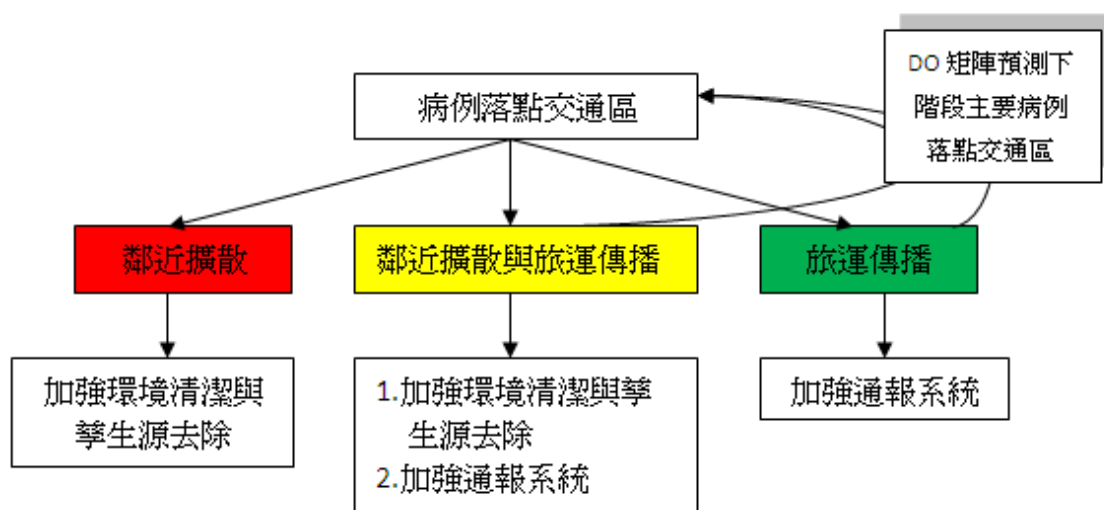


圖 28、登革熱防疫的流程圖

擴散區，則立即加強環境清潔與滋生源清除，若位於綠色的旅運傳播區，及加強診所、衛生所、地區醫院的通報及當地病媒指數的監視，並透過旅運矩陣，預測下一階段病例的主要落點交通區，若位於黃色區域，同時加強環境清潔與滋生源清除及通報系統，亦以旅運矩陣預測下一階段的病例主要落點區。

Kan(2008)提出的：登革熱由人傳播的能力更勝於蚊子，在低人口密度的疫區，傳播速度較低，轉為大疫區的機會也較小。本研究認為低人口密度的疫區未必不會轉成嚴重疫區，譬如鼓山區與旗津區即是，其環境特徵反而容易因為少量的病例移入，即造成大量的群聚感染。

林政宏(2007)發現在擴散階段，登革熱是以接觸式擴散為主要方式。本研究認為其空間單元太大，而獲此結論，其實在疫情的擴散過程，即同時有接觸式及階層式擴散，接觸式擴散是人的在地移動與病媒的互動結果，而階層式則是潛在的受感者攜帶病原進行跨區域移動，譬如工作、上學及購物等，而使得高雄主要的交通區被傳播風險較高。

Rabaa (2010)發現在中心都市胡志明市病毒有很高的交換比率，提出人口移動是造成主要的傳播動力，且人口數要足夠多才足以支持疫情爆發並傳播至鄉村地區。本研究進一步將得到的空間延遲參數，分別與人口密度與人口數作迴歸分析(圖 29)，發現人口密度對兩參數均無解釋能力(圖 29(a)、(c))，而人口數對兩參數有 25%以上解釋變異的能力(圖 29(b)、(d))，旅運傳播嚴重的地方傾向發生在人口數較多的地區，顯示越多人口數的地方越有能力移動傳播，而呼應胡志明市有很高的病毒交換率；而鄰近擴散嚴重的地方傾向發生在人口數較少的地區，故本研究可進一步指出，鄰近擴散可能主要是決定於蚊媒的傳播力，也意味著人口數少的地區有較合適的滋生環境。

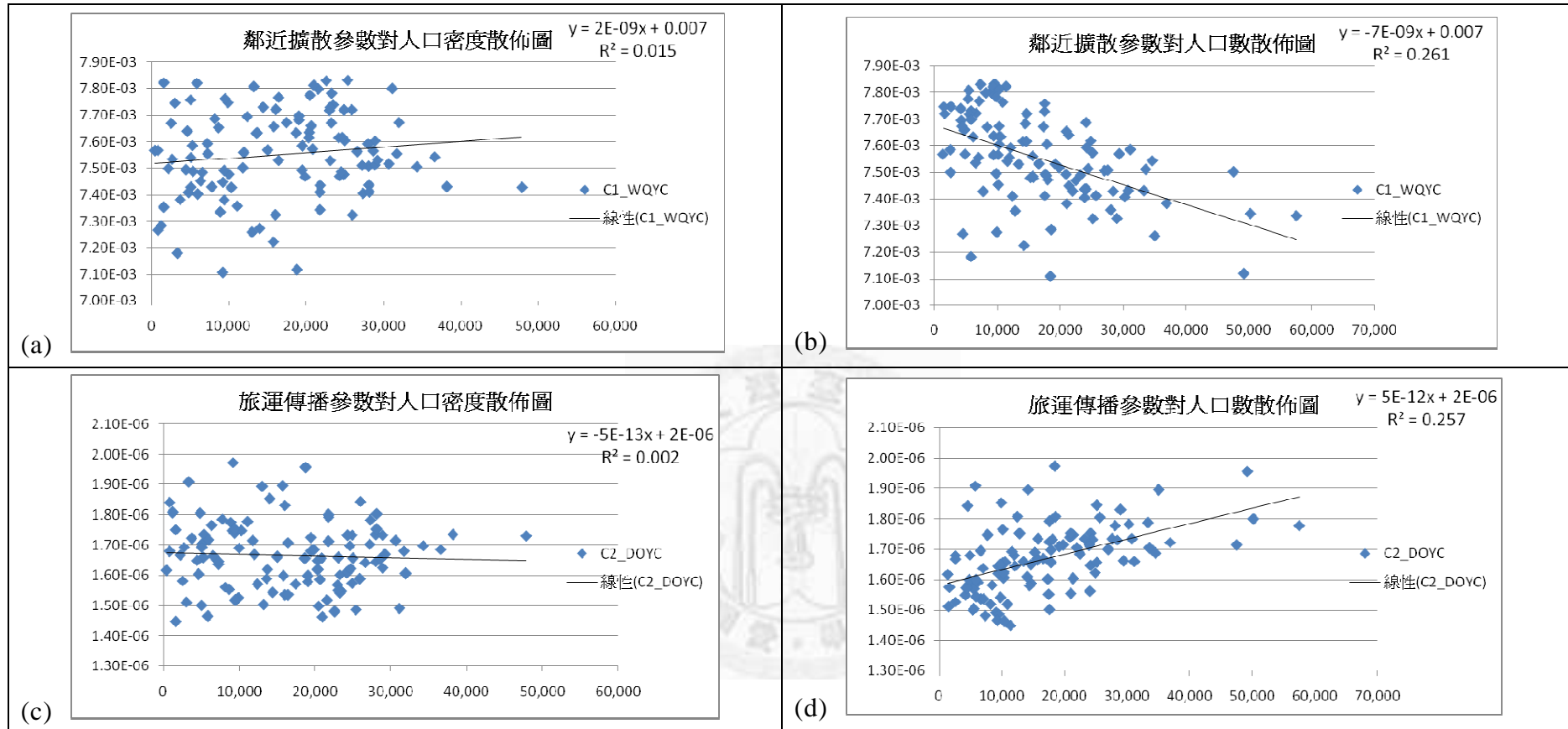


圖 29、雙空間延遲參數對人口密度及人口數散佈圖

(a)、(b)之縱軸為鄰近擴散延遲參數，(c)、(d)之縱軸為旅運傳播延遲參數，(a)、(c)之橫軸為交通區之人口密度(人/平方公尺)，(b)、(d)之橫軸為交通區之人口數

6.3 研究限制

本研究的限制可略分為二類：(1)研究資料與(2)研究方法

(1) 研究資料方面：

因取得是經過加總的日旅次資料，旅次的社經資料、旅次目的與起迄時間均無所得，否則可經由其他相關資料交叉分析，進一步篩選出具有實際傳播力的旅次，則在模擬旅運傳播及帶入迴歸模型時會更具有說服力。

又旅次資料為 1998 年交通部運研所大規模訪查所得，用來處理 2002 年發生的登革熱疫情，可能會有部分誤差，唯 1998 年至 2002 年間，高雄都會區並無重大交通工程完工，故假設住民在這段期間的旅行習慣並無過大的改變。

病例資料方面，無徵狀及輕微徵狀的個體可能不會就醫，因此會造成真實病例的低估現象。

(2) 研究方法方面：

本文使用之模型無將高雄與屏東及台南的往來影響計算在內，另外境外旅客的影響亦無包含，高雄都會區被當作是一封閉地區來處理。

作群聚掃描分析時，僅以時間軸作為登革熱群聚期的依據，未考量病例在空間上的群聚分佈，乃因 SatScan 軟體無法負荷將近 5000 筆的資料量同時尋找時空群聚，若能找到替代性的方法，尋找時間上與空間上的群聚期，能更有助於探討人口旅運傳播與鄰近擴散對登革熱傳播的影響。

本文使用之雙空間延遲地理加權迴歸必須使用面資料，因此所有的資訊必須經過加總，且必須依照交通分區的行政界線來分割資料，會有可調整地區單元(MAUP)的問題，且每一個交通區內將被視為均一分佈(Uniform distribution)，使得交通區的內部差異無法顯現，雖然 109 個單位在傳統的統計上已算是大樣

本，但那是在樣本可重複抽樣且每一個樣本值都是獨立同分佈(*independent and identically distributed*)的情況下，而地理空間單位不具有獨立也無法重複抽樣，越小的單位越多的空間樣本數，可使得統計值的估計更為精確，亦可以呈現更細緻的空間差異(Fotheringham et al., 2002)。

使用迴歸分析時應小心解釋變數間的相關性，變數間的共線性會影響係數的估計有偏差，即使在全域迴歸時解釋變數完全不具有相關性，然而同樣的變數在使用地理加權迴歸時，仍會有局部共線性(Wheeler, D., 2005)，而本研究的兩空間延遲解釋變數在全域迴歸時 $VIF=1.47$ ，雖然共線性不高，但仍會增加區域參數估計不穩定性與參數標準誤的膨脹，可以使用脊迴歸(Ridge Regression)進一步改良偏差的參數估計(Wheeler, D. C., 2007)。



七、結論與建議

7.1 研究發現

本文首先以時間掃描分析，將 2001~2003 年在高雄地區發生之登革熱疫情切割出群聚期和群聚期前期，再透過旅運矩陣與鄰近矩陣搭配群聚期前期病例分佈進行群聚期病例分佈之模擬，分析旅運傳播與鄰近擴散的特徵，發現旅運矩陣的模擬結果，能夠解釋大部分群聚期病例的分佈，亦發現高雄地區的旅運結構可能具有重疊子群，且子群內部的旅運連結強度不同，而造成有些地區較快受到波及，有些則較慢，旅運連結強度較強的子群(如小港區及鳳山市)且與前期病例分佈子群重疊大的(前鎮區)會較快受到波及，旅運連結強度較低的子群(如鼓山、鹽埕與旗津區)以及與前期病例分佈子群幾乎沒有重疊(如左營與楠梓區)則較慢波及。鄰近矩陣之模擬結果，則只能解釋環繞在群聚期前期交通區及其周邊的群集現象。總合來說，群聚期前期的交通區同時進行接觸式之鄰近擴散傳播及一邊利用移動的人口將登革熱逐漸傳播至較遠的社區。

其次，本研究利用雙空間延遲地理加權迴歸模型(Dual Spatial Lag with Geographically Weighted Regression)，找出旅運傳播與鄰近擴散因子在登革熱傳播上的區域差異，這些差異形成各區域的傳播特徵，防疫工作應依傳播特徵而有區域上的差異，概分為三類：鄰近擴散傳播為主的地區為高雄較落後或較早開發的地區，防疫上要加強環境清潔與孳生源清除及衛生教育宣導，旅運傳播為主的地區為工業區與新發展的地區，防疫上要加強醫生、衛生所與學校的通報，兩者影響力差不多的地區，則處在高雄中央的帶狀地帶，此區人口密集且交流頻繁，新舊社區交雜，故此區之防疫最為重要，平常即要對此區加強病媒指數監測，一旦有病例落在此區，容易造成疫情爆發。

最後，搭配區域傳播特徵與病例前期分佈之分析，提出高雄 2002 年的登

革熱疫情，主要由人的移動傳播所主導，且人口越多的地區移動傳播的能力越強。



7.2 研究建議與展望

期望未來的研究，能將跨出入高雄的旅次與境外旅次的影響納入考量；也能進一步取得更詳盡的旅次背景資料，進一步篩選出具有實際傳播力的旅次，並將八鄰近矩陣改為以距離衡量的鄰近權重矩陣，重新再作一次矩陣模擬與雙空間延遲自迴歸分析，旅次矩陣方面可分拆為四種旅次特性：家－工作、家－學校、家－其他與非家旅次，分析哪一種旅次特性對於登革熱傳播影響較大。

另本文使用的病例包含境內感染與境外感染，並未將其分別分析，未來可將境外病例發生的時間與地點，與境內感染病例發生的時間與地點分析比較，因經基因親源比對，國內的病毒株與東南亞相近，因此國內疫情流行應與境外移入病例的控管不當有關，應尋求有效的境外病例控管方法，在源頭即能有效抑制，或許能省下更多的人物力。

蚊媒指數資料因是抽樣調查的結果，有許多遺漏數據(Missing data)，可以搭配遙測資料與現有的蚊媒指數比對，對遺漏數據進行估算，或許能對蚊媒與移動人口的互動關係有更深入的探討。

在 6.2 節的討論中，本文分別將雙空間延遲參數對人口密度與人口數進行迴歸分析，未來亦可以環境變項與其他人口學等變數對雙空間延遲參數進行成分分析($\rho_{WQ}, \rho_{DO}) = X\beta + \varepsilon$ ，找出形成兩因子的主要成分為何？則可以在交通區之三種傳播特徵的防疫基礎下，再尋找核心傳播族群與地區，譬如說：鄰近傳播的主要成分為低人口數、40 年以上屋齡與家庭主婦，則在傳播特徵以鄰近擴散為主的交通區(紅色區域者)中，優先進行低人口數社區與 40 年以上屋齡之社區清潔與孳生源清除，和該區域之家庭主婦的登革熱防疫教育宣導，必能提供更精準與有效的防疫策略。

參考文獻：

一、英文文獻

- Adams, B. and D. Kapan (2009). "Man bites mosquito: Understanding the contribution of human movement to vector-borne disease dynamics." PLoS One **4**(8).
- Aldstadt, J. and A. Getis (2004). "Constructing the spatial weights matrix using a local statistic." Geographical Analysis, **36** 2: 90-104.
- Anselin, L. (1995). "Local indicators of spatial association-LISA." Geographical analysis **27**(2): 93-115.
- Anselin, L. (2002). "Under the hood issues in the specification and interpretation of spatial regression models." Agricultural Economics **27**(3): 247-267.
- Aron, J. and I. Schwartz (1984). "Seasonality and period-doubling bifurcations in an epidemic model." Journal of Theoretical Biology **110**(4): 665-679.
- Baicker, K. (2005). "The spillover effects of state spending." Journal of Public Economics **89**(2-3): 529-544.
- Beck, N. (2006). "Space is more than geography: Using spatial econometrics in the study of political economy." International Studies Quarterly **50**(1): 27.
- Chapman, M. and R. M. Prothero (1983). "Themes on circulation in the third world." International Migration Review **17**(4): 597-632.
- Chi, G. and J. Zhu (2008). "Spatial regression models for demographic analysis." Population Research and Policy Review **27**(1): 17-42.
- Cliff, A. and P. Haggett (1988). Atlas of disease distributions: analytic approaches to epidemiological data., Oxford : Basil Blackwell.
- Cliff, A. D. (1981). Spatial diffusion : an historical geography of epidemics in an island community. New York, Cambridge University Press.
- Cliff, A. D. and P. Haggett (1982). "Methods for the measurement of epidemic velocity

- from time-series data." International Journal of Epidemiology **11**(1): 82.
- Colizza, V., A. Barrat, et al. (2007). "Modeling the worldwide spread of pandemic influenza: Baseline case and containment interventions." PLoS Medicine **4**(1): 95.
- Cressie, N. (1989). "Spatial data analysis of regional counts." Biometrical Journal **31**(6): 699.
- Cuzick, J. (1990). "Spatial clustering for inhomogeneous populations." Journal of the Royal Statistical Society: Series A **52**(1): 73.
- Derouich, M., A. Boutayeb, et al. (2003). "A model of dengue fever." BioMedical Engineering Online **2**(1): 4.
- Dormann, C. F. (2007). "Methods to account for spatial autocorrelation in the analysis of species distributional data: a review." Holarctic Ecology **30**(5): 609.
- Esteva, L. and C. Vargas (1998). "Analysis of a dengue disease transmission model." Mathematical Biosciences **150**(2): 131-151.
- Eubank, S., H. Guclu, et al. (2004). "Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks." Nature **429**: 180-184.
- Fotheringham, A., C. Brunson, et al. (2002). Geographically weighted regression: the analysis of spatially varying relationships, John Wiley & Sons Inc.
- Garrett, L. (1996). "The return of infectious disease." Foreign Affairs **75**(1): 66-79.
- Geary, R. (1954). "The contiguity ratio and statistical mapping." The Incorporated Statistician **5**(3): 115-146.
- Githeko, A., S. Lindsay, et al. (2000). "Climate change and vector-borne diseases: a regional analysis." Bulletin of the World Health Organization **78**(9): 1136-1147.
- Gould, P. (1993). The slow plague: A geography of the AIDS pandemic., Cambridge, MA:Blackwell.

- Grenfell, B. T., O. N. Bjornstad, et al. (2001). "Travelling waves and spatial hierarchies in measles epidemics." Nature **414**(6865): 716-723.
- Haggett, P. (2000). The geographical structure of epidemics, Oxford University Press.
- Hanson, C. E. and W. F. Wiecek (2002). "Alcohol mortality: a comparison of spatial clustering methods." Social Science & Medicine **55**(5): 791-802.
- Hess, G. (1996). "Disease in metapopulation models: implications for conservation." Ecology **77**(5): 1617-1632.
- Hethcote, H., H. Stech, et al. (1981). "Nonlinear oscillations in epidemic models." SIAM Journal on Applied Mathematics **40**(1): 1-9.
- Hollingsworth, T., N. Ferguson, et al. (2007). "Frequent travelers and rate of spread of epidemics." Emerging Infectious Diseases **13**(9): 1288-1294.
- Huber, K., L. L. Loan, et al. (2004). "Human transportation influences *Aedes aegypti* gene flow in Southeast Asia." Acta Tropica **90**(1): 23-29.
- Hubert, L., R. Golledge, et al. (1981). "Generalized procedures for evaluating spatial autocorrelation." Geographical analysis **13**(224-233): 15.
- Hufnagel, L., D. Brockmann, et al. (2004). "Forecast and control of epidemics in a globalized world." Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America **101**(42): 15124-15129.
- Judson, C. (1967). "Feeding and oviposition behavior in the mosquito *Aedes aegypti* (L.). I. Preliminary studies of physiological control mechanisms." Biological Bulletin **133**(2): 369-377.
- Kan, C. C., P. F. Lee, et al. (2008). "Two clustering diffusion patterns identified from the 2001-2003 dengue epidemic, Kaohsiung, Taiwan." American Journal of Tropical Medicine and Hygiene **79**(3): 344-352.
- Kaplan, E. H. (2002). "Emergency response to a smallpox attack: the case for mass

- vaccination." Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America **99**(16): 10935-10940
- Knox, E. and M. Bartlett (1964). "The detection of space-time interactions." Applied Statistics **13**(1): 25-30.
- Kulldorff, M. (1995). "Spatial disease clusters: detection and inference." Statistics in Medicine **14**(8): 799-810.
- Kulldorff, M. (2009). SaTScan User Guide, Version 8.0.
- Kupfer, J. and C. Farris (2007). "Incorporating spatial non-stationarity of regression coefficients into predictive vegetation models." Landscape Ecology **22**(6): 837-852.
- Lacombe, D. J. (2004). "Does econometric methodology matter? an analysis of public policy using spatial econometric techniques." Geographical analysis **36**(2): 105-119.
- Leenders, R. T. A. J. (2002). "Modeling social influence through network autocorrelation: constructing the weight matrix." Social Networks **24**(1): 21-47.
- Lin, T. M. (2006). "" Neighborhood" Influence on the Formation of National Identity in Taiwan: Spatial Regression with Disjoint Neighborhoods." Western Political Quarterly **59**(1): 35-46.
- Liu, Q. and Z. Jin (2007). "Formation of spatial patterns in an epidemic model with constant removal rate of the infectives." Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment **2007**: P05002.
- Lloyd-Smith, J. O., S. J. Schreiber, et al. (2005). "Superspreading and the effect of individual variation on disease emergence." Nature **438**(7066): 355-359.
- Maidana, N. and H. Yang (2008). "Describing the geographic spread of dengue disease by traveling waves." Mathematical Biosciences **215**(1): 64-77.

- Manski, C. (1993). "Identification of endogenous social effects: The reflection problem." The Review of Economic Studies **60**(3): 531-542.
- Marshall, R. J. (1991). "A review of methods for the statistical analysis of spatial patterns of disease." Journal of the Royal Statistical Society. Series A **154**(3): 421-441.
- May, R. M. (2006). "Network structure and the biology of populations." Trends in Ecology & Evolution **21**(7): 394-399.
- Mayer, J. D. (2000). "Geography, ecology and emerging infectious diseases." Social Science & Medicine **50**(7-8): 937-952.
- Meade, M. S. and R. Earickson (2000). Medical geography, Guilford Press.
- Mellor, P. and C. Leake (2000). "Climatic and geographic influences on arboviral infections and vectors." Revue scientifique et technique **19**(1): 41-54.
- Meyers, L. A., B. Pourbohloul, et al. (2005). "Network theory and SARS: predicting outbreak diversity." Journal of Theoretical Biology **232**(1): 71-81.
- Mollison, D. (1977). "Spatial contact models for ecological and epidemic spread." Journal of the Royal Statistical Society. Series B **39**(3): 283-326.
- Moran, P. (1950). "Notes on continuous stochastic phenomena." Biometrika **37**(1-2): 17.
- Noah, N. (1989). "Cyclical patterns and predictability in infection." Epidemiology and Infection **102**(02): 175-190.
- Openshaw, S. (1987). "A mark 1 geographical analysis machine for the automated analysis of point data sets." International Journal of Geographical Information Science **1**(4): 335.
- Osborne, P., G. Foody, et al. (2007). "Non-stationarity and local approaches to modelling the distributions of wildlife." Diversity and Distributions **13**(3): 313-323.

- Patterson, K. D. and G. F. Pyle (1983). "The diffusion of influenza in sub-Saharan Africa during the 1918-1919 pandemic." *Social Science & Medicine* **17**(17): 1299-1307.
- Pfeiffer, D. (2008). *Spatial analysis in epidemiology*, Oxford University Press.
- Plumper, T. and E. Neumayer (2010). "Model specification in the analysis of spatial dependence." *European Journal of Political Research* **49**(3): 418-442.
- Prothero, R. (1977). "Disease and mobility: a neglected factor in epidemiology." *International Journal of Epidemiology* **6**(3): 259-267.
- Rabaa, M., V. Hang, et al. (2010). "Phylogeography of recently emerged DENV-2 in Southern Viet Nam." *Plos Neglected Tropical Diseases* **4**(7): 100-103.
- Reiter, P., M. Amador, et al. (1995). "Short report: dispersal of *Aedes aegypti* in an urban area after blood feeding as demonstrated by rubidium-marked eggs." *The American journal of tropical medicine and hygiene* **52**(2): 177-179.
- Rincke, J. (2010). "A commuting-based refinement of the contiguity matrix for spatial models, and an application to local police expenditures." *Regional Science and Urban Economics* **40**(5): 324-330.
- Ripley, B. (1976). "The second-order analysis of stationary point processes." *Journal of Applied Probability* **13**(2): 255-266.
- Ripley, B. (1977). "Modelling spatial patterns." *Journal of the Royal Statistical Society. Series B* **39**(2): 172-212.
- Roche, B., G. Jean-François, et al. (2008). "Multi-agent systems in epidemiology: a first step for computational biology in the study of vector-borne disease transmission." *BMC Bioinformatics* **9**: 435.
- Rogers, D. and S. Randolph (2000). "The global spread of malaria in a future, warmer world." *Science* **289**(5485): 1763.

- Sichman, J. S., R. Conte, et al. (1998). Agent-Based Modeling vs. Equation-Based Modeling: A Case Study and Users' Guide. Multi-Agent Systems and Agent-Based Simulation, Springer Berlin / Heidelberg. **1534**: 10-25.
- Stoddard, S. T., A. C. Morrison, et al. (2009). "The Role of Human Movement in the Transmission of Vector-Borne Pathogens." Plos Neglected Tropical Diseases **3**(7): 9.
- Tobler, W. R. (1970). "A computer movie simulating urban growth in the Detroit region." Economic Geography **46**: 234-240.
- Tran, A. and M. Raffy (2006). "On the dynamics of dengue epidemics from large-scale information." Theoretical Population Biology **69**(1): 3-12.
- Viboud, C., O. Bjornstad, et al. (2006). "Synchrony, waves, and spatial hierarchies in the spread of influenza." Science **312**(5772): 447.
- Ward, M. D. and K. S. Gleditsch (2008). Spatial regression models, Sage Publications.
- Wei, H.-M., X.-Z. Li, et al. (2008). "An epidemic model of a vector-borne disease with direct transmission and time delay." Journal of Mathematical Analysis and Applications **342**(2): 895-908.
- Wheeler, D. (2005). "Multicollinearity and correlation among local regression coefficients in geographically weighted regression." Journal of Geographical Systems **7**(2): 161-187.
- Wheeler, D. C. (2007). "Diagnostic tools and a remedial method for collinearity in geographically weighted regression." Environment and Planning A **39**(10): 2464-2481.
- WHO, S.-E. A. R. O. (2007). Reported cases of DF/DHF in selected countries in SEA Region (1985-2005),
http://www.searo.who.int/LinkFiles/Dengue_dengue_updated_tables_06.pdf.

- Wong, D. and J. Lee (2005). Statistical analysis of geographic information with ArcView GIS and ArcGIS, Wiley, John & Sons.
- Wu, P.-C., H.-R. Guo, et al. (2007). "Weather as an effective predictor for occurrence of dengue fever in Taiwan." Acta Tropica **103**(1): 50-57.
- Xia, Y., O. N. Bjornstad, et al. (2004). "Measles metapopulation dynamics: A gravity model for epidemiological coupling and dynamics." The American Naturalist **164**(2): 267-281.
- Yasuno, M. and R. Tonn (1970). "A study of biting habits of *Aedes aegypti* in Bangkok, Thailand." Bulletin of the World Health Organization **43**(2): 319.



二、中文文獻

- 交通部觀光局 (2010). **觀光統計年報--中華民國國民出國目的地人數分析**.
- 行政院主計處 (2002). **中華民國八十九年臺閩地區戶口及住宅普查綜合報告**.
- 行政院衛生署疾病管制局 (2009). **登革熱防治工作指引**. 防疫學苑系列, 行政院衛生署疾病管制局.
- 行政院衛生署疾病管制局 (2009). **登革熱防治工作指引**.
- 行政院衛生署疾病管制局. (2010). "登革熱專區--認識疾病." Retrieved 10.09, 2010, from <http://www.cdc.gov.tw/ct.asp?xItem=6191&ctNode=1821&mp=130>.
- 行政院衛生署疾病管制局 (2010). **傳染病病例定義暨防疫檢體採檢送驗事項--登革熱**. 衛生署疾病管制局.
- 行政院衛生署疾病管制局 (2010). **傳染病統計資料查詢系統**.
- 行政院衛生署疾病管制局. (2010). "嚴重急性呼吸道症候群(SARS)." Retrieved 10.02, 2010, from http://www.cdc.gov.tw/sp.asp?xdurl=disease/disease_content.asp&id=754&mp=1&ctnode=1498#1.
- 李學進 (1991). 影響蚊子產卵之重要因子, **第四屆病媒防治技術研討會論文集**.
- 李美慧 (2005). "醫學地理學的熱門課題--新興傳染病的研究." 地理學報 41: 45-64.
- 林政宏 (2007). **台灣地區登革熱擴散之空間分析**, 臺灣大學地理環境資源學研究所碩士論文.
- 陳順宇 (1997). **迴歸分析**, 華泰文化事業股份有限公司.
- 黃小娟 (2005). **台灣地區醫療院所醫護人員 SARS 冠狀病毒抗體篩檢與 SARS 陽性相關因子之探討**. 國立中山大學生物科學系研究所碩士論文.
- 魏鳳樑 (1991). **臺灣地區埃及斑蚊和白線斑蚊對登革熱病毒的病媒能力**. 國立臺

灣大學植物病蟲害學研究所博士論文.



附錄

附錄一：地理加權迴歸參數的區域標準誤推導過程

$$\hat{y} = Sy, \quad S = X(X^T W(u, v)X)^{-1} X^T W(u, v)$$

$$\hat{\beta}(u_i, v_i) = Cy, \quad C = (X^T W(u_i, v_i)X)^{-1} X^T(u_i, v_i)$$

$$\text{Var}[\hat{\beta}(u_i, v_i)] = CC^T \sigma^2, \quad \sigma^2 = \sum_i (y_i - \hat{y}_i)^2 / (n - 2\text{tr}(S) + \text{tr}(S^T S))$$

$$\text{RSS} = (y - \hat{y})^2 = y^T (I - S)^T (I - S) y$$

$$E(\text{RSS}) = (n - [2\text{tr}(S) + \text{tr}(S^T S)]) \sigma^2$$

$$\therefore \widehat{\sigma^2} = \frac{y^T (I - S)^T (I - S) y}{n - [2\text{tr}(S) + \text{tr}(S^T S)]}$$

$$\sigma^2_{\widehat{\beta}(u, v)} = CC^T \widehat{\sigma^2} = \frac{CC^T y^T (I - S)^T (I - S) y}{n - [2\text{tr}(S) + \text{tr}(S^T S)]}$$



附錄二：SatScan 分析報表

(a) 群聚期 T_c 分析報表

```
Analysis
-----
Type of Analysis      : Retrospective Purely Temporal
Probability Model     : Discrete Poisson
Scan for Areas with  : High Rates
Time Aggregation Units : Day
Time Aggregation Length : 1
Number of Replications : 999
```

SUMMARY OF DATA

```
Study period.....: 2001/5/8 - 2003/8/21
Total number of cases.....: 4774
```

MOST LIKELY CLUSTER

```
1.Location IDs included.: All
Time frame.....: 2002/6/20 - 2002/12/17
Number of cases.....: 4449
Expected cases.....: 1033.61
Observed / expected...: 4.30
Relative risk.....: 49.54
Log likelihood ratio..: 5699.863474
Monte Carlo rank.....: 1/1000
P-value.....: 0.001
```

(b) 群聚期前期 T_P 分析報表

```
Analysis
-----
Type of Analysis      : Prospective Purely Temporal
Probability Model     : Discrete Poisson
Scan for Areas with  : High Rates
Time Aggregation Units : Day
Time Aggregation Length : 1
Number of Replications : 999
```

SUMMARY OF DATA

```
Study period.....: 2002/1/2 - 2002/06/19
Total number of cases.....: 50
```

MOST LIKELY CLUSTER

```
1.Location IDs included.: All
Time frame.....: 2002/6/10 - 2002/6/19
Number of cases.....: 33
Expected cases.....: 2.96
Observed / expected...: 11.15
Relative risk.....: 30.86
Log likelihood ratio..: 62.286482
Monte Carlo rank.....: 1/1000
P-value.....: 0.001
Recurrence interval...: 2 years 269 days
```

附錄三：One-Sample Kolmogorov-Smirnov test 報表

One-Sample Kolmogorov-Smirnov Test

		residual
N		109
Normal Parameters ^{a,b}	Mean	*****
	Std. Deviation	*****
Most Extreme Differences	Absolute	.103
	Positive	.103
	Negative	-.092
Kolmogorov-Smirnov Z		1.080
Asymp. Sig. (2-tailed)		.194

a. Test distribution is Normal.

b. Calculated from data.



附錄四：DSL GWR 報表

NAME	VALUE	DESC
Neighbours	109	
ResidualSquares	648.11	
EffectiveNumber	4.61	
Sigma	2.49	
AICc	514.10	
R2	0.55	
R2Adjusted	0.53	
Dependent Field	0	YC
Explanatory Field	1	WQYC
Explanatory Field	2	DOYC

TRAF_CO	LOCALR2	PREDICTED	INTERCEPT	C1_WQYC	C2_DOYC	RESIDUAL	STDERROR	STDERR_INT	STDERRC1_W	STDERRC2_D	STDRESID	T_C1	T_C2
1	0.52	3.16	1.94	7.83E-03	1.48E-06	1.53	2.44	0.48	1.28E-03	4.70E-07	0.63	6.14	3.15
2	0.52	3.73	1.95	7.80E-03	1.49E-06	2.27	2.47	0.48	1.27E-03	4.66E-07	0.92	6.16	3.20
3	0.52	3.28	1.95	7.78E-03	1.50E-06	-0.12	2.45	0.48	1.26E-03	4.62E-07	-0.05	6.18	3.24
4	0.53	3.32	1.92	7.75E-03	1.53E-06	-2.32	2.45	0.48	1.25E-03	4.58E-07	-0.95	6.20	3.33
5	0.53	2.85	1.93	7.72E-03	1.54E-06	1.62	2.45	0.48	1.24E-03	4.55E-07	0.66	6.21	3.38
6	0.52	3.65	1.92	7.81E-03	1.50E-06	-0.48	2.47	0.48	1.27E-03	4.67E-07	-0.20	6.15	3.22
7	0.53	3.39	1.91	7.73E-03	1.54E-06	-1.65	2.46	0.48	1.25E-03	4.57E-07	-0.67	6.20	3.38
8	0.53	3.95	1.90	7.80E-03	1.52E-06	0.63	2.47	0.48	1.27E-03	4.67E-07	0.26	6.15	3.26
9	0.53	3.20	1.89	7.74E-03	1.55E-06	-1.78	2.46	0.48	1.25E-03	4.59E-07	-0.72	6.18	3.38
10	0.54	2.67	1.88	7.70E-03	1.57E-06	-0.43	2.46	0.48	1.24E-03	4.53E-07	-0.18	6.20	3.47
11	0.54	4.28	1.88	7.66E-03	1.59E-06	-1.63	2.46	0.48	1.23E-03	4.49E-07	-0.66	6.22	3.54
12	0.53	4.34	1.87	7.78E-03	1.54E-06	1.32	2.45	0.48	1.27E-03	4.65E-07	0.54	6.15	3.31
13	0.53	3.64	1.87	7.72E-03	1.57E-06	-1.64	2.47	0.48	1.25E-03	4.58E-07	-0.67	6.18	3.43
14	0.54	3.81	1.86	7.66E-03	1.60E-06	-2.40	2.47	0.48	1.23E-03	4.50E-07	-0.97	6.20	3.55
15	0.54	5.57	1.83	7.72E-03	1.59E-06	-2.41	2.36	0.48	1.26E-03	4.61E-07	-1.02	6.15	3.45
16	0.54	4.23	1.83	7.67E-03	1.61E-06	-1.59	2.46	0.48	1.24E-03	4.55E-07	-0.64	6.17	3.53
17	0.54	4.68	1.84	7.64E-03	1.62E-06	-2.68	2.45	0.48	1.23E-03	4.50E-07	-1.09	6.19	3.60
18	0.54	2.85	1.90	7.67E-03	1.57E-06	-0.40	2.45	0.48	1.23E-03	4.49E-07	-0.16	6.23	3.50
19	0.54	2.73	1.89	7.63E-03	1.59E-06	1.63	2.45	0.48	1.22E-03	4.44E-07	0.67	6.24	3.58
20	0.54	5.24	1.87	7.62E-03	1.61E-06	-0.24	2.44	0.48	1.22E-03	4.44E-07	-0.10	6.23	3.63
21	0.54	4.40	1.85	7.60E-03	1.62E-06	1.34	2.47	0.48	1.22E-03	4.44E-07	0.54	6.22	3.66
22	0.55	5.68	1.82	7.59E-03	1.65E-06	-0.99	2.44	0.48	1.23E-03	4.46E-07	-0.40	6.19	3.69
23	0.55	4.21	1.83	7.57E-03	1.65E-06	0.15	2.47	0.48	1.22E-03	4.43E-07	0.06	6.21	3.74
24	0.55	5.04	1.79	7.62E-03	1.65E-06	-1.30	2.46	0.48	1.24E-03	4.52E-07	-0.53	6.15	3.65
25	0.55	4.72	1.78	7.56E-03	1.68E-06	-2.27	2.47	0.48	1.23E-03	4.47E-07	-0.92	6.16	3.76
26	0.55	8.00	1.78	7.51E-03	1.70E-06	0.42	2.46	0.48	1.22E-03	4.41E-07	0.17	6.17	3.85
27	0.55	3.18	1.76	7.59E-03	1.68E-06	-1.45	2.44	0.48	1.24E-03	4.54E-07	-0.59	6.12	3.70
28	0.55	8.17	1.74	7.49E-03	1.73E-06	-1.39	2.37	0.48	1.22E-03	4.46E-07	-0.59	6.12	3.87
29	0.55	4.52	1.71	7.51E-03	1.73E-06	2.34	2.47	0.48	1.24E-03	4.53E-07	0.95	6.07	3.83
30	0.56	5.48	1.73	7.44E-03	1.75E-06	4.77	2.46	0.48	1.22E-03	4.42E-07	1.93	6.12	3.96
31	0.56	6.74	1.67	7.41E-03	1.79E-06	-1.65	2.46	0.49	1.23E-03	4.51E-07	-0.67	6.03	3.98
32	0.51	2.87	1.89	7.76E-03	1.52E-06	2.69	2.44	0.47	1.27E-03	4.67E-07	1.10	6.09	3.25
33	0.52	4.13	1.92	7.83E-03	1.49E-06	-0.52	2.46	0.48	1.28E-03	4.72E-07	-0.21	6.12	3.15
34	0.52	3.33	1.83	7.68E-03	1.58E-06	0.67	2.46	0.46	1.26E-03	4.60E-07	0.27	6.09	3.43
35	0.52	4.22	1.86	7.73E-03	1.55E-06	-0.90	2.47	0.47	1.26E-03	4.63E-07	-0.37	6.11	3.35
36	0.52	4.77	1.88	7.77E-03	1.54E-06	-1.61	2.47	0.47	1.27E-03	4.65E-07	-0.65	6.13	3.30
37	0.52	4.99	1.80	7.64E-03	1.62E-06	-0.99	2.47	0.46	1.25E-03	4.57E-07	-0.40	6.09	3.55
38	0.53	3.81	1.82	7.67E-03	1.60E-06	2.02	2.47	0.47	1.26E-03	4.59E-07	0.82	6.11	3.49
39	0.53	2.44	1.84	7.72E-03	1.57E-06	-1.44	2.44	0.47	1.26E-03	4.62E-07	-0.59	6.13	3.41
40	0.53	4.04	1.82	7.70E-03	1.60E-06	-1.80	2.47	0.47	1.26E-03	4.60E-07	-0.73	6.13	3.47
41	0.54	5.14	1.72	7.52E-03	1.71E-06	0.52	2.47	0.47	1.24E-03	4.55E-07	0.21	6.04	3.77
42	0.54	5.22	1.77	7.61E-03	1.66E-06	-1.61	2.47	0.47	1.25E-03	4.57E-07	-0.65	6.09	3.63
43	0.54	4.13	1.76	7.63E-03	1.66E-06	-0.13	2.47	0.48	1.25E-03	4.59E-07	-0.05	6.11	3.61
44	0.54	6.23	1.70	7.48E-03	1.73E-06	-2.36	2.43	0.47	1.24E-03	4.54E-07	-0.97	6.01	3.82
45	0.55	4.94	1.70	7.51E-03	1.73E-06	0.26	2.47	0.48	1.25E-03	4.57E-07	0.10	6.03	3.79
46	0.55	5.73	1.66	7.41E-03	1.78E-06	-1.99	2.47	0.47	1.24E-03	4.55E-07	-0.81	5.95	3.92
47	0.55	4.48	1.63	7.41E-03	1.80E-06	0.21	2.47	0.49	1.25E-03	4.60E-07	0.09	5.94	3.92
48	0.52	4.40	1.71	7.51E-03	1.70E-06	2.31	2.45	0.46	1.25E-03	4.53E-07	0.94	6.01	3.76
49	0.53	3.92	1.66	7.45E-03	1.75E-06	-0.45	2.47	0.46	1.25E-03	4.52E-07	-0.18	5.96	3.87
50	0.53	5.40	1.75	7.56E-03	1.67E-06	-0.51	2.47	0.46	1.25E-03	4.54E-07	-0.20	6.06	3.68

TRAF_CO	LOCALR2	PREDICTED	INTERCEPT	C1_WQYC	C2_DOYC	RESIDUAL	STDERROR	STDERR_INT	STDERRC1_W	STDERRC2_B	STDRESID	T_C1	T_C2
51	0.53	5.16	1.74	7.54E-03	1.69E-06	5.42	2.45	0.46	1.25E-03	4.54E-07	2.21	6.06	3.72
52	0.53	4.99	1.69	7.47E-03	1.73E-06	-0.75	2.47	0.46	1.24E-03	4.52E-07	-0.30	6.00	3.83
53	0.51	3.42	1.78	7.62E-03	1.62E-06	-0.59	2.46	0.46	1.26E-03	4.59E-07	-0.24	6.02	3.54
54	0.51	3.88	1.82	7.67E-03	1.58E-06	-1.64	2.46	0.46	1.27E-03	4.61E-07	-0.67	6.06	3.43
55	0.49	3.24	1.83	7.69E-03	1.56E-06	0.50	2.46	0.46	1.28E-03	4.66E-07	0.20	6.00	3.35
56	0.49	3.65	1.90	7.76E-03	1.50E-06	-0.05	2.47	0.47	1.29E-03	4.72E-07	-0.02	6.01	3.18
57	0.50	3.47	1.94	7.82E-03	1.47E-06	1.63	2.46	0.47	1.29E-03	4.75E-07	0.66	6.06	3.08
58	0.49	4.47	1.96	7.82E-03	1.45E-06	2.46	2.47	0.47	1.30E-03	4.79E-07	0.99	6.02	3.02
59	0.52	3.29	1.99	7.81E-03	1.46E-06	0.58	2.46	0.48	1.27E-03	4.68E-07	0.24	6.16	3.13
60	0.53	2.97	1.95	7.75E-03	1.51E-06	-0.52	2.44	0.48	1.25E-03	4.57E-07	-0.21	6.21	3.31
61	0.54	6.80	1.89	7.57E-03	1.62E-06	-4.80	2.46	0.48	1.21E-03	4.38E-07	-1.95	6.25	3.69
62	0.55	3.95	1.86	7.56E-03	1.64E-06	-0.08	2.46	0.48	1.21E-03	4.38E-07	-0.03	6.24	3.74
63	0.55	6.81	1.85	7.50E-03	1.67E-06	-3.06	2.37	0.48	1.21E-03	4.35E-07	-1.29	6.22	3.83
64	0.55	4.64	1.85	7.57E-03	1.64E-06	-0.28	2.47	0.48	1.22E-03	4.40E-07	-0.11	6.22	3.73
65	0.55	6.30	1.82	7.53E-03	1.67E-06	-1.51	2.47	0.48	1.21E-03	4.39E-07	-0.61	6.21	3.80
66	0.55	6.24	1.80	7.49E-03	1.70E-06	2.24	2.47	0.48	1.21E-03	4.38E-07	0.91	6.19	3.88
67	0.55	4.64	1.84	7.53E-03	1.66E-06	-1.99	2.47	0.48	1.21E-03	4.37E-07	-0.81	6.22	3.79
68	0.55	10.57	1.78	7.43E-03	1.73E-06	5.18	2.37	0.48	1.21E-03	4.36E-07	2.19	6.16	3.97
69	0.55	11.02	1.82	7.48E-03	1.69E-06	-2.90	2.40	0.48	1.21E-03	4.36E-07	-1.21	6.20	3.88
70	0.55	9.21	1.77	7.43E-03	1.74E-06	0.93	2.45	0.48	1.21E-03	4.37E-07	0.38	6.15	3.97
71	0.55	6.64	1.86	7.49E-03	1.67E-06	3.60	2.46	0.48	1.21E-03	4.36E-07	1.47	6.21	3.82
72	0.55	9.62	1.84	7.47E-03	1.68E-06	3.11	2.43	0.48	1.21E-03	4.35E-07	1.28	6.20	3.87
73	0.55	12.97	1.82	7.43E-03	1.70E-06	-3.38	2.30	0.48	1.21E-03	4.37E-07	-1.47	6.16	3.90
74	0.50	3.39	1.69	7.54E-03	1.69E-06	0.48	2.44	0.46	1.29E-03	4.65E-07	0.20	5.86	3.64
75	0.50	3.37	1.73	7.59E-03	1.65E-06	8.04	2.46	0.46	1.29E-03	4.66E-07	3.27	5.90	3.54
76	0.49	5.58	1.78	7.64E-03	1.60E-06	-1.97	2.46	0.46	1.28E-03	4.66E-07	-0.80	5.95	3.44
77	0.51	3.78	1.74	7.57E-03	1.66E-06	-0.46	2.47	0.46	1.26E-03	4.57E-07	-0.19	5.99	3.63
78	0.52	3.72	1.75	7.57E-03	1.66E-06	-0.41	2.47	0.46	1.25E-03	4.55E-07	-0.17	6.04	3.64
79	0.51	3.84	1.69	7.54E-03	1.69E-06	-1.84	2.44	0.46	1.28E-03	4.61E-07	-0.75	5.91	3.68
80	0.52	3.04	1.68	7.50E-03	1.71E-06	0.57	2.46	0.46	1.26E-03	4.56E-07	0.23	5.94	3.76
81	0.51	1.90	1.56	7.41E-03	1.81E-06	-0.90	2.41	0.48	1.31E-03	4.73E-07	-0.37	5.65	3.82
82	0.51	2.64	1.59	7.43E-03	1.79E-06	-1.64	2.44	0.48	1.30E-03	4.69E-07	-0.67	5.72	3.81
83	0.51	1.93	1.61	7.45E-03	1.76E-06	-0.52	2.42	0.47	1.29E-03	4.65E-07	-0.21	5.79	3.80
84	0.51	3.12	1.64	7.49E-03	1.74E-06	-0.88	2.46	0.47	1.29E-03	4.65E-07	-0.36	5.81	3.73
85	0.50	4.32	1.63	7.49E-03	1.74E-06	-2.08	2.37	0.47	1.30E-03	4.70E-07	-0.88	5.75	3.70
86	0.50	2.50	1.66	7.53E-03	1.71E-06	-0.26	2.44	0.47	1.30E-03	4.71E-07	-0.11	5.78	3.63
87	0.49	2.17	1.68	7.57E-03	1.68E-06	-2.17	2.42	0.47	1.32E-03	4.76E-07	-0.89	5.74	3.53
88	0.49	3.71	1.71	7.59E-03	1.66E-06	-0.71	2.45	0.47	1.31E-03	4.72E-07	-0.29	5.81	3.51
89	0.54	3.50	1.95	7.65E-03	1.55E-06	5.66	2.46	0.48	1.22E-03	4.44E-07	2.30	6.26	3.50
90	0.55	3.33	1.88	7.50E-03	1.65E-06	5.44	2.45	0.48	1.21E-03	4.37E-07	2.22	6.20	3.77
91	0.56	9.43	1.75	7.34E-03	1.78E-06	-0.21	2.44	0.49	1.21E-03	4.41E-07	-0.09	6.06	4.03
92	0.55	7.88	1.79	7.35E-03	1.75E-06	-1.56	2.24	0.49	1.22E-03	4.44E-07	-0.70	6.04	3.95
93	0.55	6.16	1.82	7.40E-03	1.72E-06	0.08	2.46	0.49	1.21E-03	4.39E-07	0.03	6.12	3.91
94	0.55	5.01	1.73	7.29E-03	1.81E-06	-0.65	2.45	0.50	1.22E-03	4.48E-07	-0.26	5.96	4.04
95	0.55	4.50	1.82	7.38E-03	1.72E-06	-2.06	2.43	0.49	1.22E-03	4.45E-07	-0.84	6.05	3.87
96	0.56	6.24	1.56	7.26E-03	1.90E-06	0.24	2.46	0.50	1.25E-03	4.65E-07	0.10	5.80	4.08
97	0.56	6.56	1.51	7.11E-03	1.97E-06	0.79	2.46	0.51	1.25E-03	4.67E-07	0.32	5.68	4.23
98	0.56	7.68	1.63	7.33E-03	1.84E-06	1.21	2.40	0.49	1.23E-03	4.52E-07	0.50	5.96	4.08
99	0.56	10.30	1.59	7.22E-03	1.90E-06	1.23	2.34	0.49	1.23E-03	4.50E-07	0.53	5.89	4.21
100	0.56	7.60	1.54	7.12E-03	1.96E-06	4.02	2.42	0.50	1.23E-03	4.55E-07	1.66	5.78	4.30
101	0.56	10.79	1.66	7.33E-03	1.83E-06	-3.72	2.32	0.49	1.22E-03	4.45E-07	-1.60	6.01	4.11
102	0.56	7.56	1.65	7.27E-03	1.85E-06	0.86	2.46	0.49	1.21E-03	4.44E-07	0.35	5.99	4.18
103	0.56	5.01	1.75	7.43E-03	1.75E-06	1.48	2.43	0.48	1.21E-03	4.39E-07	0.61	6.14	3.98
104	0.56	13.18	1.71	7.35E-03	1.80E-06	-4.82	2.35	0.49	1.21E-03	4.39E-07	-2.05	6.07	4.10
105	0.56	12.10	1.74	7.36E-03	1.78E-06	5.25	2.33	0.48	1.21E-03	4.38E-07	2.25	6.10	4.06
106	0.56	11.41	1.77	7.38E-03	1.75E-06	7.46	2.41	0.48	1.21E-03	4.37E-07	3.10	6.12	4.01
107	0.55	16.68	1.81	7.44E-03	1.71E-06	1.21	2.21	0.48	1.20E-03	4.35E-07	0.55	6.17	3.93
108	0.56	5.59	1.60	7.18E-03	1.91E-06	-0.59	2.45	0.49	1.22E-03	4.47E-07	-0.24	5.89	4.27
109	0.56	9.50	1.67	7.27E-03	1.84E-06	-7.26	2.21	0.49	1.21E-03	4.41E-07	-3.28	6.00	4.17