

計畫編號：DOH100-DC-2035

行政院衛生署疾病管制局 100 年度科技研究發展計畫

傳染病疫情之流行病學時間與空間分析

研究報告

執行機構：衛生署疾病管制局

計畫主持人：莊人祥

協同主持人：吳芳姿、黃婉婷、郭宏偉

研究人員：林秋香、賴淑寬、蔡宜臻、孫芝佩、柯展、

林臻

執行期間：2011 年 1 月 1 日至 2011 年 12 月 31 日

本研究報告僅供參考，不代表本署意見，如對外研究成果應事先徵求本署同意

目 錄

	頁 碼
封面	
目錄	
中文摘要	(1)
壹、前言	(3)
貳、材料與方法	(6)
參、結果	(9)
肆、討論	(16)
伍、結論與建議	(18)
陸、計畫重要研究成果及具體建議	(19)
柒、參考文獻	(20)
	共 (20) 頁

中文摘要

研究目的：本局為達有效監視與提前預警的目的，自成立以來建置了多元的監測系統，期盼在這些監視系統常規運作下，可以掌握疫情流行趨勢，並利用過去的趨勢計算每年的預警值，在流行季前提醒民眾即早預防。然而疫情趨勢之研判目前仍需以人工的方式進行。為減少人為誤判或漏判重要疫情發展趨勢，本研究目的在運用不同分析工具，由選定的重點疾病之監測資料，嘗試建立例行性自動偵測異常的疫情及群聚事件的模式。

研究方法：本研究使用之資料來自於本局法定傳染病監視系統以及急診監視系統。利用 SaTScan 軟體進行時空分析，檢測疾病在空間或時空的分布上是否有顯著的群聚發生。同時也利用 R 軟體中 surveillance package 所提供的演算法，針對監測資料計算其流行閾值。本研究乃利用該軟體提供之 Bayes 演算法針對有明顯季節性變化的傳染病進行測試。

主要發現：地緣性的群聚事件，往往不容易發現以及掌握群聚規模，對於今（2011）年發生的兩起地緣性傷寒群聚事件，均可由 SaTScan 軟體偵測出來。對於鉤端螺旋體、類鼻疽或恙蟲病等，與天然災害相關或有明顯地理分布的疾病，設定適當的空間及時間參數後，均能準確指出群聚所在之鄉鎮位置。但對於急性呼吸道傳染病如流感、流行性腦脊髓膜炎及百日咳等疾病進行分析，均無法由 SaTScan 軟體找到具統計意義之群聚事件。運用 R 軟體 surveillance package 中的兩種演算法進行分析，顯示以過去五週資料平均值為閾值，可有效偵測出監測資料上升之反轉點；以過去兩年同期前後四週資料為閾值，則可有效偵測出今年異常於往年之監測數據。

結論及建議事項：以 SaTScan 軟體進行分析之目的在於及早偵測疑似群聚疫情，針對該軟體所偵測出有統計意義之群聚區域及個案應再進一步進行詳細疫情調查，才能釐清是否真正存在有流行病學上的相關性，以儘早掌握群聚疫情，實施適當的介入措施，避免疫情的擴大。運用 R 軟體進行異

常的時間聚集事件監測，可有效偵測到疫情的初期爬升階段。此外，對於異常於往年的疫情，運用此軟體也能適時偵測。

關鍵詞：疾病監測，異常偵測，群聚事件，SaTScan，R

壹、前言

疾病監測系統之重要性在於偵測疾病的發生與趨勢，並即時提供資訊，以利防疫作為的計畫施行。傳統上，疾病監測利用臨床及實驗室診斷資料，以提供流行病學上與疾病相關之人、時、地等資訊。近年來，以症狀為導向之監測系統逐漸被廣泛應用於傳染病爆發及生物恐怖攻擊之早期預警¹，並曾成功的使用在常見的病毒傳染病相關症狀之偵測^{2,3}。

雖然全球已將症候群資料應用於常規監測中，但是在定期監測的資料中卻缺乏定位資訊，無法呈現疾病發病地點、疫情擴散的空間動態資料，因此，不容易對爆發疫情急群聚事件做預警工作。目前，國外有許多研究利用 scan statistics 成功用於特定傳染病監測，如桿菌性痢疾⁴、西尼羅病毒⁵ 監測；美國紐約市應用在急診症候群監測⁶；也有應用在 E. coli O157 之群聚偵測⁷ 等。

SaTScan⁸ 是個用來分析空間、時間、時間和空間的免費統計軟體，分析數據可依人口普查地區，郵政編碼，縣市或其他地理分布、或者地理經緯座標等變項進行分析，該軟體主要應用於以下事項：(1) 進行地域疾病監測，檢測空間或時空上是否有顯著的疾病群聚；(2) 檢定特定疾病的時間、空間、時空分布是否隨機；(3) 評估疾病群聚是否有統計上的意義；(4) 定期進行疾病監測，以早期發現疾病群聚。該軟體的其他領域應用還包括：考古學、天文學、植物學、犯罪學、生態學、經濟學、工程、林業、遺傳學、地理學、地質學、歷史學，神經科學和動物學等。

在監測通常不易收集易感性人口數(分母)資料，Kulldorff 等人與紐約市政府衛生局合作⁶，利用該市急診腹瀉、呼吸道、發燒或類流感症狀的就診人次等資料(分子)，使用 space-time permutation scan 統計方法，前瞻性執行每日分析，已證實除能早期偵測群聚事件的發生外，偵測訊號偽陽性的機率亦不高。

2000 年美國紐約市也應用 spatial scan statistics，早期偵測西尼羅病毒爆發流行的模式⁵，分析當年美國紐約鳥類聚集死亡（其中也包含有檢病

毒陽性之死鳥)、病毒陽性之病媒蚊及人類病例之時空分布情形，模擬病毒流行模式，並且應用於 2001 年該地區之病毒流行監測，在鳥類及病媒蚊體內病毒活性有增加趨勢時能盡早提出警告，更有效防範病毒經由鳥類及病媒蚊造成人類的感染；同時也能針對特定流行區域優先進行病毒檢測，減少實驗室及人力資源的耗費。

在 2002 年間美國芝加哥應用 spatial scan statistics 於桿菌性痢疾群聚監測⁴，針對桿菌性痢疾個案每週執行 SaTScan 一次共 52 次，結果發現 12 起具統計意義之發生中時空相關群聚事件，其中 2 起為單一家庭群聚，10 起為社區群聚。10 起社區群聚病例數介於 21 至 41 例(中位數 29 例)，皆分布於城市中西部，時間間隔 28 天。並成功認定其中 15 家日間照護中心為可能之傳播源。

流感病毒與諾羅病毒分別會引起急性呼吸道感染與急性腸胃道傳染，共通的特色是病毒致病傳播力高，非常容易在人群中傳播。在英國，這兩項傳染病也是定期監測的疾病之一，但一直缺乏定位無法有效控制疾病的散播。Cooper 等人成功的利用地方公衛護士電話訪問追蹤，配合時空分析，提供即時的監測流行性病毒群聚⁹。

統計軟體 R，提供了多樣的統計和圖形技術，如線性和非線性模型、傳統的統計測試、時間序列分析及群聚等。此系統開程式碼，讓使用者可以依據自己的數據資料編輯新的算法；且依據不同疾病的季節性，計算出以週別為主之預警值¹⁰。其特色亦有(1)有效的資料處理及存取能力(2)方便的矩陣操作與運算能力(3)完整而連貫的資料分析能力(4)強大的繪圖功能(5)簡單且發展完善的程式語言環境。

德國研究指出，使用 R 軟體監測 2001 至 2005 年隱孢子蟲病之流行曲線，可以有效偵測出在 2001 年有一個流行高峰。經深入調查後，為德國聯邦國防軍營，於當年 8 月初實地演練時，在 450 名聯邦國防軍士兵中有 200 名士兵有急性腸胃炎症狀發生¹¹。

為達到有效監視與提前預警的目的，本局陸續建置多個特定的監視系統，

期盼在這些監視系統常規運作下，可以掌握疫情流行趨勢，並利用過去的趨勢計算每年的預警值，在流行季前提醒民眾即早預防。但疾病種類繁多，近 20 年陸續發現許多新興傳染病，因氣候變化、民眾旅遊或商務業務進出國頻繁、或人類與動物接觸、飼養關係改變等因素，使得疾病在短時間內急速增加或有季節性變化（如流感、腸病毒）、在某些特定環境、地理位置下發生特別多的病例（如登革熱、類鼻疽）、或在特定地區某事件發生後病例數急增（如莫拉克颱風後屏東縣萬丹鄉發生上百例的鉤端螺旋體病）。本局雖已建置多元監測系統，並以網頁方式呈現，然而疫情趨勢之研判仍需以人工的方式進行。為能減少誤判或漏判重要疫情發展趨勢，因此本計畫擬訓練疫情中心負責國內疫情分析人員熟悉以 Kulldorff 所定義與開發之時空分析 SaTScan 軟體^{8,12}，以及 R 軟體進行時間序列分析、空間分析與時空分析，並選擇特定疾病之監測資料，建立例行性自動偵測異常的疫情及群聚事件發生的模式，並且進行後續分析，驗證疫情是否確實出現異常情形。

貳、材料與方法

1. 資料來源

本研究使用之資料由本局法定傳染病監視系統提供，資料內容包括個案編號、個案發病日期、疾病名稱、個案居住縣市、個案居住鄉鎮市區、個案 GPS 座標等。

2. 分析軟體

SaTScan：用來分析空間、時間、時間和空間的免費統計軟體，分析數據可依人口普查地區，郵政編碼，縣市或其他地理分布、或者地理經緯座標等變項匯整，該軟體主要應用於以下事項：(1) 進行地域疾病監測，檢測空間或時空上是否有顯著的疾病群聚；(2) 檢定特定疾病的時間、空間、時空分布是否隨機；(3) 評估疾病群聚是否有統計上的意義；(4) 定期進行疾病監測，以早期發現疾病群聚。

R：提供多樣的統計和圖形技術，如線性和非線性模型、傳統的統計測試、時間序列分析及群聚等。此系統開程式碼，讓使用者可以依據自己的數據資料編輯新的算法；且依據不同疾病的季節性，計算出以週別為主之預警值。其特色為：(1)有效的資料處理及存取能力；(2)方便的矩陣操作與運算能力；(3)完整而連貫的資料分析能力；(4)強大的繪圖功能；(5)簡單且發展完善的程式語言環境。

3. 統計方法

SaTScan 的統計方法是透過對時間或空間逐步地掃描視窗(代表潛在的聚集區)，進而詳細記錄每個視窗所觀察的實際通報數和期望值，研究人員可自行定義該視窗之最大的空間範圍和時間區間，再利用概度比 (likelihood ratio) 或相對危險性 (relative ratio, RR) 檢定視

窗內的通報率是否高於視窗外（若視窗內的通報率高於視窗外，即定義為聚集），然後可再針對聚集的位置來進一步討論聚集的成因。利用蒙特卡羅假說檢定來比較實際的通報數據與隨機產生的數據集，將 RR 值 ($p < 0.05$) 有顯著上升的聚集再細分成五個風險等級，並且以地理資訊系統定位，若一個通報單位是位於兩個聚集的重疊區域時，則以 RR 值具有最小 p 值 (p-value) 的聚集來定位^{4-7,9,13}。

R 軟體中的 surveillance package 提供多種演算方法，一般應用在長期監測資料，以供使用者計算閾值。本研究利用此軟體提供之 Bayes 演算法針對有明顯季節性變化的傳染病進行測試。

4. 資料建置

為使監測資料符合統計軟體讀取格式，茲將資料整理如下：

建置資料檔案(a)，檔案內容為編號、個案數、發病日期、WGS-84 點位以利 SaTScan 執行。

建置資料檔案(b)，檔案內容為年週，確定病例數以利 R 執行。

5. 資料分析

本研究選取我國重要急性傳染病或特殊地區性疾病如：登革熱、腸病毒、侵襲性肺炎鏈球菌感染症、桿菌性痢疾、傷寒、類鼻疽、鉤端螺旋體以及恙蟲病等進行探討。

(1) 將上述檔案(a)匯入 SaTScan 軟體中，鍵入資料期間，點選日期單位（年、月、日等），再點選分析方法、分析模式、群聚時間單位（年、月、日之期間）、群聚距離設定等，並選擇資料輸入之格式及儲存位置，以利後續的分析。

(2) 將上述檔案(b)匯入 R 軟體中，由程式內建之 Bayes 演算法依據歷史監測資料，以過去五週資料及過去兩年同期前後四週資料（共 18 週資料）兩種不同的基礎，計算閾值，若實際觀察資料超過閾值，

程式自動於趨勢圖上給予警示標記。

- (3) 群聚點位繪製：將分析出之群聚事件（內容包含編號及群聚編號），與上述檔案進行合併，再利用 GIS 軟體繪製檔案中之 WGS-84 點位，呈現群聚所在地點。

參、結果

第一部份 SaTScan

1. 登革熱

2010 年我國境外移入確定病例共有 23 起群聚事件，分佈於 27 個鄉鎮市區。2011 年共 11 起群聚事件，分佈於 15 個鄉鎮市區。我們嘗試以登革熱兩倍最大潛伏期 28 天設定為時間群聚，另設定空間群聚最大距離為 50% 危險人群並以半徑 1 至 10 公里設定為空間群聚等不同的時空參數組合進行分析，於 2010 年資料中找到 1 至 3 起群聚事件（附表一）；於 2011 年資料中找到 1 至 2 起群聚事件（附表二）。

2. 桿菌性痢疾

依據本局 2010 年監測資料，該年共發生 10 起本土性桿菌性痢疾群聚事件（含 5 起家庭群聚、2 起醫院群聚、2 起人口密集機構群聚及 1 起社區及學校群聚），分布於 8 個鄉鎮市區。我們將群聚時間單位分別設定為 50% study period（程式預設值）或 28 天，群聚空間之最大距離為 50% 危險人群，並設定 2、5、10 公里之半徑等參數組合進行分析，分別找到 2 至 5 起群聚事件。其中若群聚時間設定為兩倍最大潛伏期 28 天，則不論空間距離如何設定，均能找到 5 起群聚事件。但其中有 1 起花蓮縣玉里鎮之群聚包含 2 起群聚個案之狀況（均為某醫院群聚，發生時間分別為 8 月及 11 月）；未偵測出之群聚有 4 起，其中 3 起為家庭群聚各 2 例確定病例（分布於新北市土城區、台中市沙鹿區、台中市太平區），另 1 起為宜蘭縣三星鄉機構群聚，該機構於 2010 年間發生 2 起群聚，但只偵測出個案數多的 1 起群聚事件。

3. 傷寒

2010 年傷寒本土確定病例共 22 例，居住地分布於 18 個鄉鎮市區；共發生 2 起家庭群聚，分布於 2 個鄉鎮市區（雲林縣四湖鄉及新北市鶯歌區）。2011 年：本土確定病例共 37 例，居住地分布於 20 個鄉鎮市區；共發生 2 起地緣性群聚，分布於 10 個鄉鎮市區（為 4-5 月

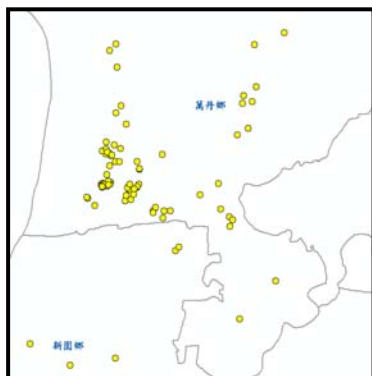
間於新竹縣市及苗栗縣地緣性群聚、8-11月間之桃園縣地緣性群聚)。我們將群聚時間分別設定為 50% study period(程式預設值)或 60 天，群聚空間之最大距離為 50%危險人群，並設定 2、5、10、15 公里之半徑進行分析。於 2010 年資料中僅偵測雲林縣的家庭群聚事件到 1 至 2 起群聚事件，另偵測到 1 起群聚事件涵蓋新竹縣 3 鄉鎮(竹東鎮、芎林鄉、北埔鄉)，但實際疫調並未發現該起群聚。2011 年群聚事件均可被偵測到，但若距離參數設定較小(2 公里)，會將其中一起群聚事件視為兩起。

4. 鈎端螺旋體

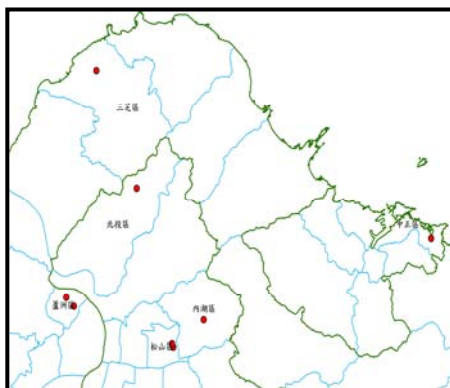
鈎端螺旋體主要是人體暴露於受污染的水或土壤而感染所產生的疾病，此病極易在洪水氾濫後爆發流行。2009 年莫拉克颱風在台灣南部造成嚴重淹水災情，颱風過後，於屏東縣萬丹鄉及新園鄉陸續發現鈎端螺旋體病群聚事件，除於患者檢體驗出病菌外，在環境水樣中亦發現鈎端螺旋體病菌。經本局第五分局疫調資料顯示，該地區因颱風淹水，染病民眾均曾在淹水時工作(亦即都曾接觸過髒水)，且無其他特殊暴露，故推測染病患者可能因淹水或清理家園時而遭受感染。該群聚事件總計 113 例確定病例，其中 1 例死亡；最嚴重的前三名村里為萬丹鄉灣內村(47 例，41.6%)、後村村(21 例，18.6%)及香社村(11 例，8%)，均是颱風期間淹水非常嚴重地區。我們將群聚時間分別設定為 50% study period(程式預設值)或 28 天，群聚空間之最大距離為 50%危險人群，分別設定 25、50 公里之半徑進行分析。結果顯示，有 2 起具統計意義的群聚事件被偵測到(圖一(a), (b))。其中 1 起為莫拉克颱風後發現之群聚事件；另 1 起共 8 例病例，經回顧當時疫調資料發現，個案間並無接觸共同感染源。

圖一 2007 及 2009 年台灣鉤端螺旋體確定病例群聚事件

(a)



(b)



第 1 起：2009/8/6 莫拉克颱風後，於屏東縣萬丹鄉及新園鄉陸續發現鉤端螺旋體病群聚事件，直徑為 4.80 km，發病區間 2009/8/12-8/29，共有 109 例確定病例。(a)

第 2 起：2007 年台北市、新北市及基隆市群聚，直徑為 21.7 km，發病區間 2007/7/18- 9/15，共有 8 例確定病例。(b)

5. 流行性腦脊髓膜炎

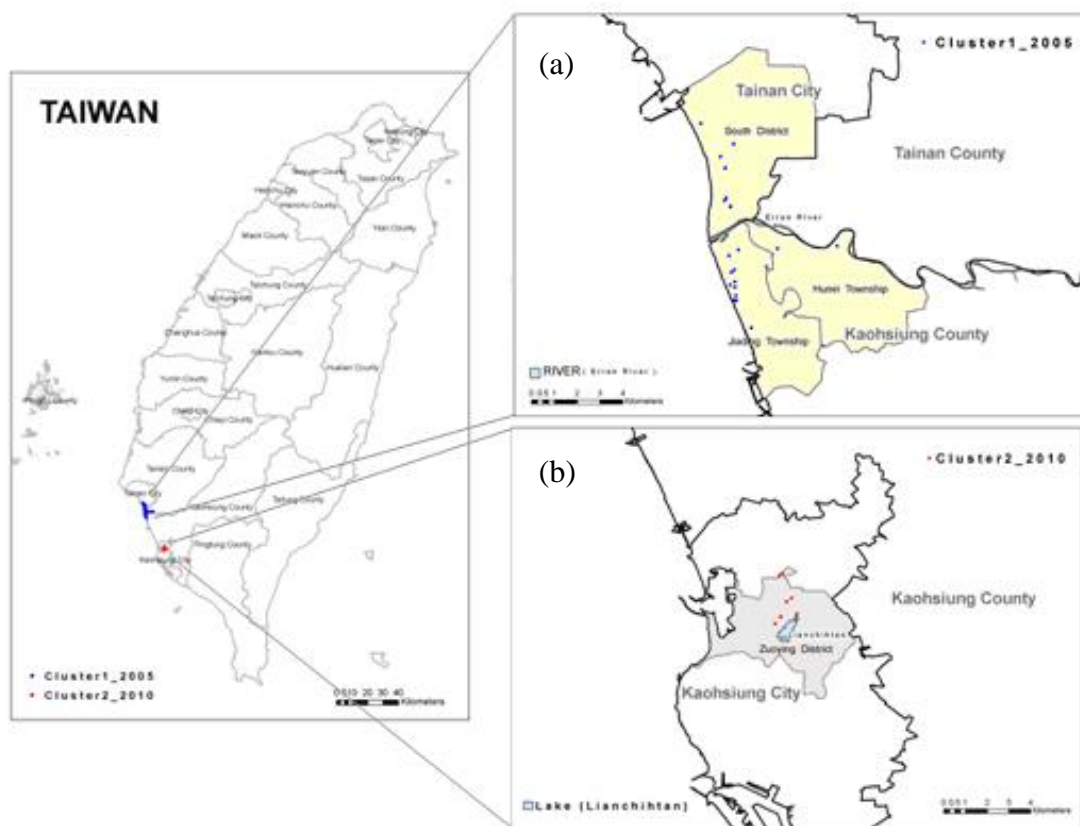
流行性腦脊髓膜炎是一急性的細菌性傳染病，具有高死亡率，並可能導致嚴重的後遺症。台灣地區近年來發生率一直很低，且絕大部份為散發性病例。2008 年 3 月，1 名就讀於台北縣某國中學生，被通報後確認為病例，經回溯追蹤及後續的監視又發現了另外 4 名確定個案，經比對證實為具有相同基因圖譜的菌株，為台灣地區近年來罕見的流行性腦脊髓膜炎校園群聚事件。我們將群聚時間分別設定為 50% study period (程式預設值) 或 7 天，群聚空間之最大距離為 50% 危險人群，分別設定 25、50 公里之半徑進行分析，結果無法偵測出具有統計意義之群聚事件。

6. 類鼻疽

每年夏季台灣本島常有颱風侵襲，於 2005 年及 2010 年分別發現類鼻疽群聚事件，經分局疫調資料顯示，由於颱風過後嚴重淹水，可能因此造成部分民眾暴露於受污染的水或土壤中而感染。依據氣象局歷年颱風資訊與發病時間區間配合潛伏期來探討，群聚發病時間正好為颱風過境造成災害之後，且均是颱風期間淹水非常嚴重的地區。我們將最大群聚時間範圍設定為 21 天，群聚空間之最大距離為 150 公里

之半徑進行分析，共偵測到 2 起群聚事件，分別為第 1 起：2005 年 7 月 20 日海棠颱風後，分別於台南市南區、高雄縣茄萣鄉及高雄市湖內鄉陸續發現類鼻疽群聚事件，直徑範圍約為 4.84 公里，發病區間 2005/07/21-7/29，共有 22 例確定病例（圖二 (a)）。第 2 起：2010 年 9 月 20 日凡那比颱風後，高雄市左營發現類鼻疽群聚事件，直徑範圍約為 1.46 公里，發病區間 2010/09/23-10/03，共有 7 例確定病例。（圖二 (b)）

圖二 2005 及 2010 年台灣南部類鼻疽確定病例群聚事件



7. 恙蟲病

恙蟲病在我國具有明顯之地理分布，多分布在離島地區，包括金門、連江、澎湖、綠島、蘭嶼或是花東等地區。針對 2010 至 2011 年資料進行分析，我們將群聚時間分別設定為 50% study period（程式預設值）或 42 天，群聚空間之最大距離為 50% 危險人群，分別設定 0 或 50 公里之半徑。結果顯示在 2010 年發現 4 至 7 起群聚事件，於 2011 年偵測到 3 至 6 起群聚事件。

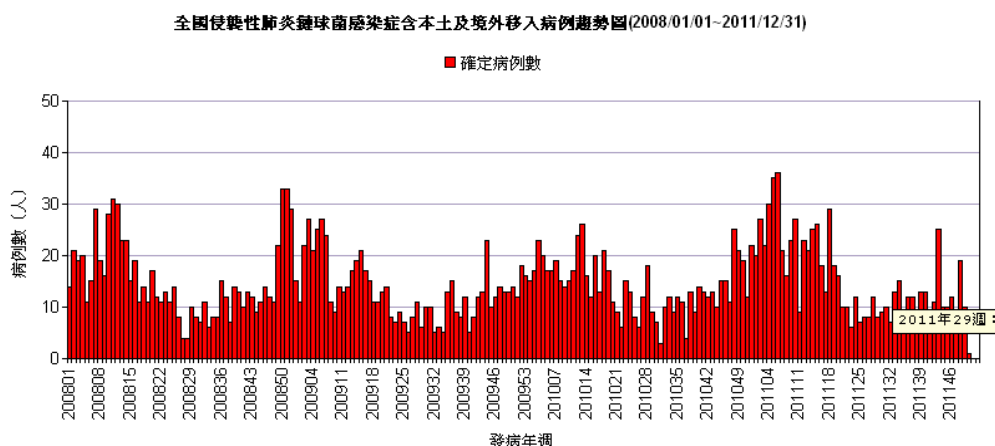
第二部份 R

本中心自 2011 年初嘗試使用 R 針對常規監測之疾病，進行異常偵測 (aberration detection)。

1. 侵襲性肺炎鏈球菌

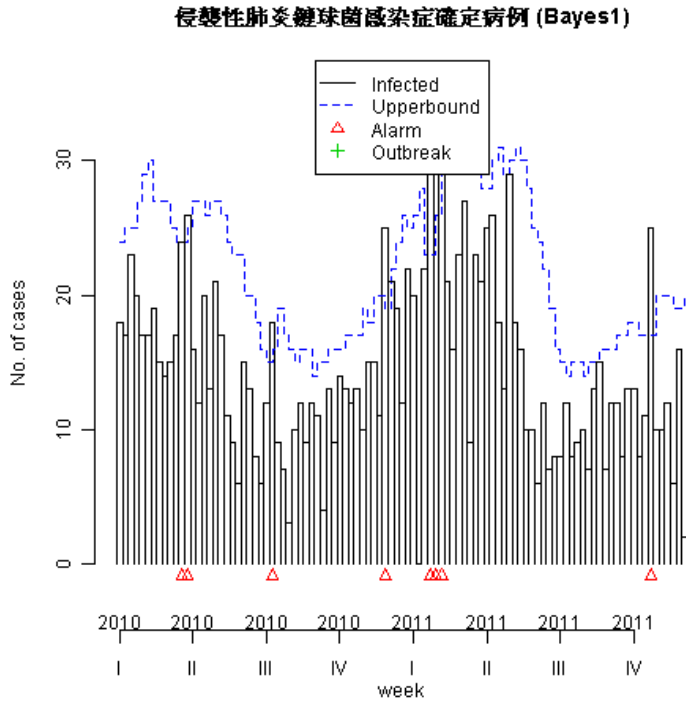
我國自 2007 年 10 月起，將侵襲性肺炎鏈球菌感染症列為第四類法定傳染病，依據 2008 年至 2010 年監測資料顯示(圖三)，侵襲性肺炎鏈球菌感染症為明顯具季節性變化之急性傳染病，以秋、冬兩季為主要感染高峰期，每週確定病例數介於 10 到 35 例之間。本中心運用 R 軟體中兩種不同演算法，於 2011 年第六週(2/6-2/12)偵測到侵襲性肺炎球菌感染症確定病例高於閾值(圖四 (a), (b))。立即於本局疫情防治會議中發出警示，且在例行記者會中呼籲民眾小心防範。

圖三 2008-2011 年侵襲性肺炎鏈球菌感染症確定病例趨勢圖

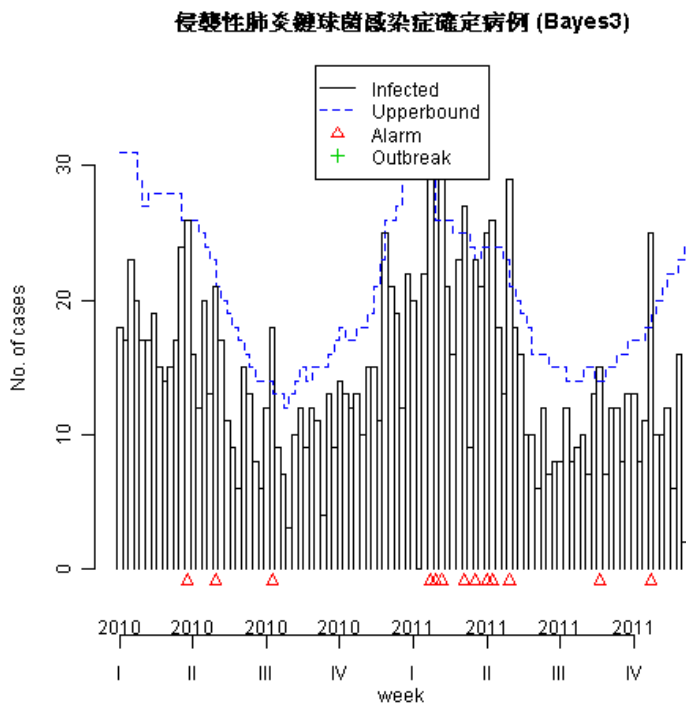


圖四 侵襲性肺炎鏈球菌感染症確定病例異常警示圖 (R Project)

(a)



(b)

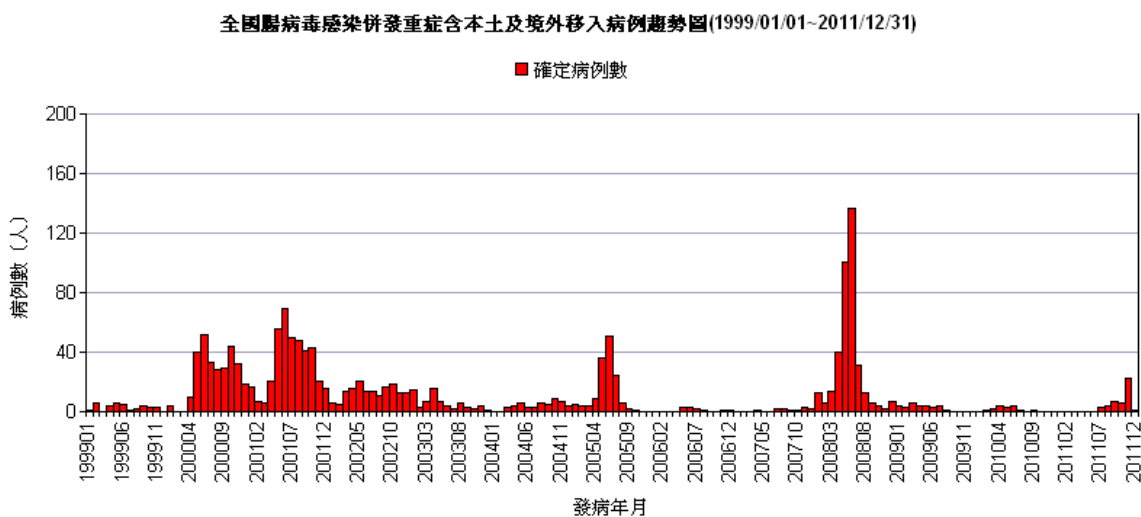


2. 腸病毒

腸病毒感染是幼兒常見的傳染病，一般來說，疫情在四月開始上升，六月達到高峰，七月由於暑假開始，學童接觸的頻率減少，疫情也隨之下降，通常在九月開學過後可以看到另一波的流行，但由於此

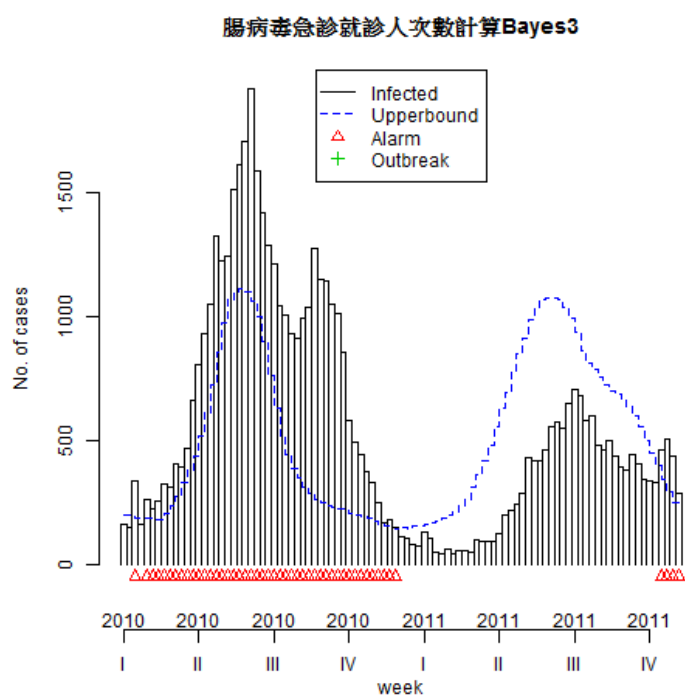
季節較不利於病毒的發展，因此這一波的流行通常規模較小。我國自 1998 年發生一次大流行後，於 2001 年以及 2008 年均有爆發流行疫情（圖五）。

圖五 1999-2011 年腸病毒併發重症確定病例趨勢圖



分析今年腸病毒急診就診人次資料，今年疫情較往年延後，且疫情相對緩和，但自今年第 46 週起，疫情開始上升且超過預警值（圖六），本局亦於例行記者會提醒民眾，今年疫情不同於以往，時入秋冬季未見疫情趨緩。

圖六 2010-2011 年腸病毒急診就診人次趨勢圖



肆、討論

我國自 1994 年後，每年皆有本土登革熱疫情發生，但每年疫情皆無延續，所以並不是地方性流行(endemic)。本研究利用 SaTScan 分析境外移入登革熱確定病例，探討是否可以藉此找到本土疫情的開始，以利及早進行後續之疫情防治工作。設定不同之群聚半徑進行分析，於 2010 年共有 4 個縣市具有統計意義($p < 0.05$)，分別為台北市、新北市、桃園縣及台南市，其中除新北市五股區之境外移入群聚造成當地之本土群聚疫情外，其餘均與本土疫情無相關。2011 年共有 2 個縣市具有統計意義 ($p < 0.05$)，分別為台南市及高雄市，均與本土疫情無相關。

每年當出現本土疫情時，本局各分局皆會做詳細的疫情調查，其中包含個案在發病前 2 週曾經停留的地方，以追查可能的感染源，及發病前 1 天至後 5 天（病毒血症期）活動地點，以找出可能會發生疫情之所在，然此份研究利用確定病例之居住地，並無考量到活動地，會忽略於活動地所感染之本土病例；此研究，雖然陽性預測值為 100%，但敏感度最高僅 18%，故當探討境外移入登革熱確定病例，造成本土病例及本土疫情時，應需多加考慮其他因子，以利疫情之研判。

由於不同的疾病因感染模式不同，會造成不同類型的群聚疫情。例如桿菌性痢疾，其致病菌為痢疾志賀氏桿菌，因致病力高（約 10~100 個病菌即可能造成感染）且潛伏期短（通常為 1~3 天），往往容易在家庭、學校、精神科病房或人口密集機構（如身心障礙機構及安養中心等）發生群聚事件；而傷寒的潛伏期長短則會因感染傷寒桿菌之多寡而不同（一般為 1~3 週），亦有部分傷寒患者未經治療而成為長期帶菌者，故除了在家庭較容易發生群聚疫情外，本（2011）年亦出現 2 起地緣性群聚，其中 1 起（4-5 月間之新竹縣市及苗栗縣地緣性群聚）經疫調後發現該起群聚之個案均曾至同一家麵店用餐或訂購外食、另 1

起（8-11 月間之桃園縣地緣性群聚）則大部分個案均曾食用同一家冰品（感染源目前仍調查中）。由於地緣性群聚，往往難以發現及掌握群聚規模，今年發生的兩起地緣性傷寒群聚事件均可由 SaTScan 軟體偵測出來。此外，本研究亦發現，在研究期間內若同一個區域重複發生多起群聚事件時（如：宜蘭縣某身心障礙機構或花蓮縣某醫院均在同一年間各發生 2 起群聚），SaTScan 軟體只會選擇報告該區域點位個案數最多的一起群聚。因此，若將確定病例以發病日分年或分季來進行分析，較可避免分析結果之缺漏。

有關鉤端螺旋體、類鼻疽或恙蟲病等，與天然災害相關或有明顯地理分布的疾病，在使用 SaTScan 進行時空分析時，設定適當的空間及時間參數後，均能準確指出群聚所在之鄉鎮位置。但對於急性呼吸道傳染病如流感、流行性腦脊髓膜炎及百日咳等疾病進行分析，均無法找到具統計意義之群聚事件。

我們同時運用 SaTScan 軟體針對急診監測系統（RODS）中腸病毒急診就診資料進行時空聚集分析，由於資料來自各急診通報醫院，資料內容包括每週參與醫院之腸病毒就診人次數及該醫院當年所有就診人次數等次級資料。若以通報醫院為點位，以醫院之全年就診人次數為人口數計算，雖同樣可得擴散趨勢結果，但以醫院點位觀察擴散趨勢並不顯著；另一方面，以醫院為點位之擴散趨勢，受限於參與 RODS 監測系統醫院之層級以及地理分布不平均的影響，無法正確代表疾病真正之擴散方向。

本研究另一部分是運用 R 軟體，針對監測資料，進行異常偵測。我們利用 R 軟體內建演算法中的兩種進行分析，結果顯示以過去五週資料平均值為閾值，可有效偵測出監測資料上升之反轉點；以過去兩年同期前後四週資料為閾值，則可有效偵測出今年異常於往年之監測數據。

伍、結論與建議

本研究以 SaTScan 軟體進行群聚疫情分析時所遭遇之最大困難點在於「如何決定群聚之時間及空間範圍」，若選擇較大群聚範圍設定值時，會出現數起群聚均聚集為同一群聚之狀況，或是所偵測出之群聚涵蓋有實際上無確定病例的縣市鄉鎮區別；若選擇較小群聚範圍設定值時，則實際上的地緣性群聚會有被拆散成較小範圍群聚之狀況。因此，群聚半徑的設定必須依據該疾病較易發生的群聚型態而改變。例如群聚型態常以家庭群聚發生，建議應設定較小的群聚半徑，若群聚半徑設的太大，則鄰近發病時間但居住縣市鄉鎮不同之病例，會列為同一起群聚事件。若群聚型態常以學校、機構、軍營或醫院群聚發生，建議應設定較大的群聚半徑，若群聚半徑設的太小，則居住在不同鄉鎮的病例，不會被視為同一群聚事件。

考量以 SaTScan 軟體進行分析之目的在於及早偵測群聚疫情，故應以疾病特性以及群聚常發生之型態，選擇適當的參數設定值來進行群聚疫情分析。而針對 SaTScan 軟體所偵測出有統計意義之群聚區域及個案應再進一步進行詳細疫情調查，才能釐清是否真正存在有流行病學上的相關性，以儘早掌握群聚疫情，實施適當的介入措施，避免疫情的擴大。

本研究亦發現，運用 R 軟體進行異常的時間聚集事件監測，可有效偵測到疫情的初期爬升階段。此外，對於異常於往年的疫情，運用此軟體也能適時偵測。

陸、計畫重要研究成果及具體建議

- 一、針對與天然災害相關或有明顯地理分布的疾病如鉤端螺旋體、類鼻疽或恙蟲病等，在使用 SaTScan 進行時空分析時，設定適當的空間及時間參數後，均能準確指出群聚所在之鄉鎮位置，未來可嘗試運用在此類疾病之群聚偵測。
- 二、SaTScan 軟體進行分析之目的在於及早偵測疑似群聚疫情，針對所偵測的疑似群聚區域及個案應再進一步進行詳細疫情調查，才能釐清是否真正存在有流行病學上的相關性，以儘早掌握群聚疫情，實施適當的介入措施，避免疫情的擴大。
- 三、SaTScan 軟體依據資料涵蓋時間的長短，以及群聚時間與群聚半徑等參數值的設定，都會影響分析所耗費的時間多寡，執行分析運算所耗費最長的時間甚至超過一天，因此不適用於常規的分析作業。
- 四、R 軟體進行異常的時間聚集事件監測，可有效偵測到疫情的初期爬升階段，以及異常的疫情。建議未來可常規運用於異常疫情之偵測。

柒、參考文獻

1. Henning KJ: What is syndromic surveillance? MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2004, 24(Suppl 53):5-11.
2. Heffernan R, Mostashari F, Das D, Karpati A, Kulldorff M, Weiss D: Syndromic surveillance in public health practice, New York City. Emerg Infect Dis 2004, 10:858-864.
3. Steiner-Sichel L, Greenko J, Heffernan R, Layton M, Weiss D: Field investigations of emergency department syndromic surveillance signals – New York City. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2004, 24(Suppl 53):184-189.
4. Jones RC, Liberatore M, Fernandez JR, Gerber SI: Use of a prospective space-time scan statistic to prioritize shigellosis case investigations in an urban jurisdiction. Public Health Rep 2006,121:133-139.
5. Mostashari F, Kulldorff M, Hartman JJ, Miller JR, Kulasekera V: Dead bird clustering: A potential early warning system for West Nile virus activity. Emerg Infect Dis 2003, 9:641-646.
6. Kulldorff M, Heffernan R, Hartman J, Assuncao R, Mostashari F: A space-time permutation scan statistic for disease outbreak detection. PLoS Med 2005, 2:e59.
7. Pearl DL, Louie M, Chui L, Dore K, Grimsrud KM, Leedell D, Martin SW, Michel P, Svenson LW, McEwen SA: The use of outbreak information in the interpretation of clustering of reported cases of Escherichia coli O157 in space and time in Alberta, Canada, 2000–2002. Epidemiol Infect 2006, 34:699-711.
8. Kulldorff M, Information Management Services (2010). SaTScan: Software for the spatial, temporal, and space-time scan statistics, version 9.1.0. Accessed 19 Nov. 2010. Available: <http://www.satscan.org/>.
9. Cooper DL, Smith GE, Regan M, Large S, Groenewegen PP: Tracking the spatial diffusion of influenza and norovirus using telehealth data: A spatiotemporal analysis of syndromic data, BMC Medicine 2008, 6:16.
10. Michael Hohle , Andrea Riebler and Michaela Paul: The R-Package 'surveillance' June 4, 2008
11. Robert Koch Institute: Epidemiologisches Bulletin. 28. September 2001 /Nr. 3
12. Kulldorff M: A spatial scan statistic. Bernoulli and Poisson models. Commun Statist: Theory Meth 1997, 26:B1481-B1496.
13. Boscoe FP, McLaughlin C, Schymura MJ, Kielb CL: Visualization of the spatial scan statistic using nested circles. Health Place 2003, 9:273-277.