

計畫編號：MOHW112-CDC-C-315-134312

衛生福利部疾病管制署 112 年委託研究計畫

計畫名稱：人畜共通傳染病檢驗資料增值應用(第 3 年)

112 年 度 研 究 報 告

執行機構：疾病管制署檢驗及疫苗研製中心

計畫主持人：陳秀玲

研究人員：江百善、盧祉彤、陳虹瑞、蔡奕戎

執行期間：112 年 01 月 01 日至 112 年 12 月 31 日

研究經費：新臺幣 97 萬 5000 元整

*本研究報告僅供參考，不代表本署意見，如對媒體發布研究成果應
事先徵求本署同意*

目 錄

目	次
壹、摘要	
一、中文摘要.....	(3)
二、英文摘要.....	(4)
貳、本文	
一、前言（包括研究問題之背景與現況、文獻探討等） ..	(5-9)
二、計畫目標.....	(9)
三、重要工作項目及實施辦法（含材料與方法）	(10-11)
四、結果與討論.....	(11-33)
五、結論與建議.....	(34)
六、參考文獻.....	(35-40)
七、圖表.....	(41-62)
參、經費支用情形.....	(64)

壹、 摘要

一、 中文摘要

為優化國內傳染病檢驗資料傳遞流程，疾管署建置法傳檢驗自動上傳平台，並陸續輔導國內傳染病認可及指定檢驗機構，嘗試接收各機構系統後端之檢驗結果，本年計畫針對國內傳染病認可檢驗機構，自動上傳的實驗室檢驗資料分析比對，以瞭解其資料應用性，此外，本年計畫另對包含人畜共通傳染病等 10 項傳染病監測資料，進一步分析本土個案發生之高風險時地。結果，2020 至 2021 年間，疾管署收載 46 萬 3,627 筆認可檢驗機構自動上傳之檢驗資料，其中 1,002 筆屬法定傳染病病原檢出紀錄（占 0.22%），除外籍受檢者外，自動上傳資料皆能對應淋病、侵襲性肺炎鏈球菌感染症、李斯特菌症及桿菌性痢疾等法定傳染病通報紀錄，另依 2020 至 2022 年間傳染病監測資料分析結果，日本腦炎及侵襲性肺炎鏈球菌感染症的發生呈現季節性，恙蟲病、地方性斑疹傷寒、鉤端螺旋體病及桿菌性痢疾則在特定地區呈現較高風險。本計畫分析結果顯示，認可檢驗機構檢驗資料自動上傳有助益於輔助現行人工上傳作業，在實務上應具應用價值，此外，本計畫為多年期計畫之第 3 年，第 4 年（民 113 年，2023 年）將應用本年疾病風險分析結果，至高風險地執行環境病媒調查。

關鍵詞：傳染病檢驗結果、自動上傳機制、大量數據

二、英文摘要：

Taiwan CDC has established an automatic uploading platform to receive automated and machine-to-machine data from each certificated clinical diagnostic laboratory. The objective of this study is to understand the applicability of the automated reporting data through analyzing. In addition, this study further analyzes the surveillance data from National Infectious Disease Reporting System (NIDRS) of ten infectious diseases, including zoonotic diseases, to realize the risk regions and periods. From 2020 to 2021, Taiwan CDC collected 463,627 data automatically and machine-to-machine uploaded by certificated clinical diagnostic laboratories, of which 1,002 were detection records of notifiable infectious disease pathogens (accounting for 0.22%). We observed the collected uploaded data all correspond to the notification records of notifiable infectious diseases such as gonorrhea, invasive pneumococcal disease, listeriosis and shigellosis, except for foreign subjects who have multiple identity numbers. In addition, based on the analyzed results of infectious disease surveillance data from 2020 to 2022, this study observed that the occurrence of indigenous Japanese encephalitis and invasive pneumococcal disease was seasonal, and that of scrub typhus, murine typhus, leptospirosis and shigellosis is frequent in certain regions by diseases. This study suggests that the automated reporting of diagnostic data from certificated clinical laboratory might be helpful to assist the current manual uploading operation. In addition, this study is the 3rd-year work of a multi-year project (2021-2024). Environmental vector investigation at high risk regions is going to be performed according to the analyzed results of this study.

keywords : Testing results, Auto-upload system, Big data

貳、本文

一、前言

(一)研究問題之背景與現況

1. 政策或法令依據: 依傳染病防治法第 46 條第 1 項第 2 款:「檢驗與報告: 第一類及第五類傳染病之相關檢體, 應送中央主管機關或其指定之具實驗室能力試驗證明之地方主管機關、醫事機構、學術或研究機構檢驗; 其他傳染病之檢體, 得由中央主管機關委託或認可之衛生之衛生、醫事機構、學術或研究機構檢驗。檢驗結果應報告地方及中央主管機關」及同項第 3 款:「確定: 傳染病檢驗結果, 由中央主管機關或其指定、委託、認可之檢驗單位確定之」。
2. 認可檢驗機構: 關於第二類至第四類法定傳染病(含人畜共通疾病項)檢驗, 係於 97 年開始推動認可制度, 迄今已通過認可 31 項傳染病檢驗, 及 260 家認可檢驗機構。各認可檢驗機構對於所有通報個案檢體之檢驗結果, 均須登入本署實驗室資訊管理系統(Laboratory Information Management System, 下稱 LIMS 系統), 辦理對應檢體資料建檔及檢驗報告登打, 惟認可檢驗機構業各自建置有自身之資訊系統管理檢驗資料, 即相關人員須於檢驗機構自身之檢驗系統及本署 LIMS 系統間, 重複檢驗報告登打作業, 再者, 除前述於檢驗前即須對疑似感染通報之傳染病外, 另關於檢驗陽性後甫須執行通報之其他傳染病, 認可檢驗機構對該等傳染病檢驗陰性之結果, 則不具將其登打至本署 LIMS 系統之義務, 又因陰性檢驗量過於龐大, 實務上如以人工登打之作業方式, 亦難以推動將該等檢驗陰性結果上傳至本署 LIMS 系統, 故有現階段雖可掌握國內通報確診陽性個案, 惟仍尚難掌握傳染病檢驗全貌之情形。
3. 指定檢驗機構: 第一類及第五類法定傳染病共 12 項(含人畜共通疾病 9 項), 本署於 107 年開始指定 H7N9 檢驗機構 9 家, 後續再指定新型 A 型流感指定檢驗機構 8 家, 惟當時其機構總數及其總檢驗件數皆屬有限, 係直至 109 至 7 月 26 日, 時為因應嚴重特殊傳染性肺炎疫情, 短期內大幅指定共 228 家檢驗機構, 國內機構之檢驗量能(嚴重特殊傳染性肺炎)隨即增至每日 5 萬件, 惟此亦衍生該等檢驗機構同時大量收件及其報告發布需

求，導致檢驗機構在檢驗報告登打方面，頓時產生大量人力需求，且本署 LIMS 系統亦因於短時間內需承受大量湧入之檢驗資料及登打操作，LIMS 系統一時難以負荷，引發校正回歸病例數等傳染病監測問題，後係改用中央健康保險署與醫院間所建置之健保 IC 卡自動上傳機制，方化解當時危機，故本署 LIMS 系統仍有必要與醫院系統間，建置傳染病檢驗之自動上傳機制，以因應未來疫情爆發之可能。

4. 綜上，國內具有傳染病檢驗自動上傳機制建置需求，以提供傳染病認可/指定檢驗機構將檢驗結果自動上傳本署，並有機構間檢驗結果格式標準化之需求，以綜整其所上傳資料，反映國內傳染病檢驗之情形及其附加價值。

(二)文獻探討

傳染病檢驗原由中央主管機關獨自執行，直至 93 年 7 月 29 日立法，訂定「傳染病檢驗指定機構管理辦法」，甫新增指定檢驗機構可進行檢驗，該管理辦法後於 97 年 7 月 4 日修正，正式將傳染病檢驗機構進一步區分為「指定」、「委託」及「認可」檢驗機構，將醫療檢驗網納入公衛檢驗網，建立全國傳染病檢驗網絡。關於指定檢驗機構，其係執行第一類及第五類法定傳染病，由中央主管機關就法定資格及檢驗技術直接指定之，其得獲補助部分或全部費用；另關於委託及認可檢驗機構，其係執行第二類至第四類法定傳染病，傳染病檢驗機構可以依「傳染病檢驗機構認可作業要點」，主動申請為認可檢驗機構，經費則由健保給付，另中央主管機關於必要時(主要指疫情或公衛需要)，得就機構所具備之檢驗資格及技術，直接委託其檢驗，受委託者亦得獲補助部分或全部費用。

關於第一類及第五類法定傳染病，共 12 項，其中 9 項為人畜共通傳染病，分別為鼠疫、狂犬病、嚴重急性呼吸道症候群(SARS)、新型 A 型流感、伊波拉病毒感染、拉薩熱、馬堡病毒出血熱、裂谷熱及黃熱病。指定檢驗機構於 107 年首度指定具法定資格(BSL-3 實驗室)之 H7N9 檢驗機構，協助檢驗第五類法定傳染病—H7N9，後續亦陸續指定檢驗機構檢驗新型 A 型流感，107 年指定 9 家、108 年指定 8 家、109 年指定 8 家(劉銘燦、楊季融，107、108、109 年)[1-3]，此等關於 H7N9 及新型 A 型流感之指定檢驗輔導經驗，對於推動國內高防護實驗室，協助第五類法定傳染病之檢驗，奠定了重要基礎。後在此基礎上，國內 109 年為因應嚴重特殊傳染性肺炎疫情，得於同年 1 月 22 日隨即

指定具備新型 A 型流感指定檢驗機構資格之 8 家機構，協助檢驗嚴重特殊傳染性肺炎，復因疫情滾動及公共衛生需求，傳染病檢驗及檢驗機構管理辦法於同年 2 月 11 日修正，將國內指定檢驗機構法定資格自 BSL-3 放寬至 BSL-2 負壓實驗室，本署亦隨即再指定 46 家 BSL-2 負壓實驗室擔任指定檢驗機構，嗣後，傳染病檢驗及檢驗機構管理辦法於同年 5 月 13 日再次修正相關規範，明定於嚴重特殊傳染性肺炎中央流行疫情指揮中心成立期間，因應疫情防治而有擴充檢驗量能必要時，中央主管機關得指定具操作特定檢驗方法資格之檢驗機構為指定檢驗機構，此次修法再次放寬擔任指定檢驗機構之資格，即於中央流行疫情指揮中心成立期間，不再受傳染病檢驗及檢驗機構管理辦法第一項第一款資格(指定檢驗機構法定資格)之限制，得經由建置指定檢驗機構大幅提升國內傳染病檢驗量能，截至 111 年 11 月，嚴重特殊傳染性肺炎指定檢驗機構業達 263 家。

另關於第二類至第四類法定傳染病，共 50 項，其中 23 項為人畜共通傳染病，分別為急性病毒性 E 型肝炎、屈公病、漢他病毒症候群、疱疹 B 病毒感染症、日本腦炎、西尼羅熱、炭疽病、肉毒桿菌中毒、布氏桿菌病、地方性斑疹傷寒、流行性斑疹傷寒、腸道出血性大腸桿菌感染症、類鼻疽、鉤端螺旋體病、李斯特菌症、萊姆病、Q 熱、恙蟲病、結核病、兔熱病、阿米巴感染症、弓形蟲感染症及新型庫賈氏病。截至 111 年 11 月，第二類至第四類法定傳染病認可檢驗機構為 262 家，認可 27 項傳染病檢驗，依疾病分列之認可家數前三名分別是急性病毒性 C 型肝炎 (214 家)、梅毒篩檢(211 家)及人類免疫缺乏病毒感染(198 家)，詳如圖一。

傳染病檢驗報告與通報之關係大致分為二種，第一種為符合檢驗條件(陽性)後通報，如梅毒、淋病、急性病毒性 A 型肝炎、急性病毒性 B 型肝炎、急性病毒性 C 型肝炎及人類免疫缺乏病毒感染等，醫院檢驗陽性後，需至本署傳染病個案通報系統完成通報，並登打檢驗結果於「附加資訊(頁面)」或「通報單」上。第二種為疑似個案即須通報，凡符合臨床或流行病學條件者(即無須衡量該案有否符合檢驗條件)就須至傳染病通報個案系統完成通報，並於本署 LIMS 系統新增傳染病檢體送驗單，俟實驗室收件及檢驗結果產出後，再回至本署 LIMS 系統以人工登打報告，檢驗結果復再整合該通報個案之臨床條件或流行病學條件，在個案通報系統進行個案研判轉。其中較為特別的是，結核

病之通報與其他傳染病略為不同，係採前述兩種通報路徑兼容(皆可)的模式，其中關於該疾病於檢驗陽性後，依陽性結果通報之部分，因國內檢驗量大，每年達 60-70 萬件，本署業於 102 年開發結核病檢驗結果自動上傳功能，迄今已有 33 家結核病認可檢驗機構透過交換平台將結核病檢驗結果自動上傳本署，免除了該等檢驗機構再次至本署 LIMS 系統重複登打檢驗結果之人工作業，如所驗結果屬於初次檢驗結核病陽性個案之檢體，其陽性結果自動上傳至本署後即再自動轉通報，此外，此自動上傳結果亦透過介接方式將檢驗結果傳遞至結核病追蹤管理系統，此機制有利於大量資料處理，不僅有助於傳染病個案後續治療追蹤，更排除了人為登打檢驗結果不慎誤植之風險。

本署於 96 年建置實驗室資訊管理系統(一代 LIMS)，僅提供署內實驗室結果報告登打，為增加使用效能，且尚有新增多項功能(包括檢驗資訊儲存擴充應用)之實務需求，故於 108 年進一步改版為第二代實驗室資訊管理系統(二代 LIMS)並上線開放使用，提供本署實驗室及國內傳染病檢驗機構登打檢驗報告，成功建置了國內各傳染病檢驗機構之共用平台。另亦新增實驗室檢驗報告自動上傳平台，與傳染病認可檢驗機構之實驗室報告系統介接，並開發介接規格書(表一及表二)，發函認可檢驗機構依法規要求於 109 年 12 月 31 日前規劃完成，以推動自動上傳資料之介接。有鑑於結核病檢驗報告回傳經驗，為便利傳染病認可檢驗機構報告上傳，當初規劃讓檢驗機構可以最少的經費及人力成本進行自動上傳作業，直接接受各檢驗機構各自的實驗室資訊系統原有資訊，並配合健保碼直接上傳，故系統尚具檢驗結果標準化其格式之需求。另原來指定檢驗機構之檢驗量能少(因機構家數少及檢驗數尚少)，故未規劃自動上傳，然嚴重特殊傳染性肺炎改寫了指定檢驗機構的框架，檢驗家數大幅擴增至 263 家，迄今檢驗件數單日最大量可達 23 萬件，每日平均約為 15 萬件，因此有傳染病檢驗自動上傳之需求。另國內於 109 年 7 月 26 日因應嚴重特殊傳染性肺炎疫情，短期內大幅指定共 228 家檢驗機構，國內機構之嚴重特殊傳染性肺炎檢驗量能隨即增至每日 5 萬件，因此亦衍生檢驗機構同時大量收件及報告發布需求，導致檢驗機構在檢驗報告登打方面，頓時產生大量人力需求，且疾管署 LIMS 系統亦因於短時間內承受大量湧入之檢驗資料及登打操作，系統一時難以負荷此路徑之大量資料，後改用中央健康保險署與檢驗機構間所建置之健保 IC 卡自動上傳機制，才化解當時危機，故 LIMS

系統仍有必要與檢驗機構系統間，建立不僅限於嚴重特殊傳染性肺炎之傳染病檢驗自動上傳機制，以因應未來各傳染病防疫之需求。

因本署接收的欄位資訊於檢驗機構上傳時未轉譯，例如同為陰性結果，其用字可能為「陰性、Non-Reactive、Not detected」或同時夾帶檢測數值，需再以人工方式將結果統整成為本署二代 LIMS 系統可對應之欄位值，本計畫將逐年將接收之資料標準化，接回二代 LIMS 系統，最終目的與通報資料連結，節省人工作業，亦可藉由上傳結果綜覽全國傳染病檢驗之全貌並予以分析，運用其附加價值。本計畫針對疾管署推動國內檢驗機構於 109 及 110 年自動上傳的實驗室檢驗資料，分析比對及探討，以提供日後持續推動法傳檢驗自動上傳之檢驗政策參考。此外，本計畫另就所比對之疾病進一步分析其高風險區，預計分析 10 項傳染病，其中包含至少 2 項人畜共通傳染病。

二、計畫目標

1. 分析 109 及 110 年自動上傳的實驗室檢驗資料。
2. 針對 10 項傳染病進行分析(含人畜共通傳染病至少 2 項)，找出高風險地區。

三、重要工作項目及實施辦法（含材料與方法）

工作項目

1. 分析自動上傳的實驗室檢驗資料。
2. 針對 10 項傳染病進行分析統計(含人畜共通傳染病至少 2 項)

材料方法

(一)、109-110 年推動傳染病檢驗自動上傳

本研究資料來源為疾管署 107 年所建置之法定傳染病檢驗自動上傳平台收錄資料，擷取採檢日期介於 109 年 1 月至 110 年 12 月間之檢驗報告，與疾管署法定傳染病通報資料庫勾稽比對，以瞭解認可檢驗機構實驗室檢驗報告自動介接上傳在呈現傳染病個案的實際情形。關於認可檢驗實驗室檢驗報告自動介接上傳資料，在臨床檢驗實務上，因各檢驗機構間所使用之檢驗資訊系統及檢驗報告格式不盡相同，因此檢體所屬個案之發病日欄位內容，其資料完整度明顯不若檢體本身之採檢時間欄位；反之，在疾管署法定傳染病通報資料庫中，通報個案之發病時間欄位內容完整度優於對應檢體之採檢日，因此，本研究在兩資料庫間，以採檢時間（自動上傳檢驗資料）勾稽發病時間（法定傳染病通報資料庫）進行模糊比對。本計畫使用 Microsoft Excel Professional Plus 2019 進行資料分析及分析結果視覺化呈現。

(二) 法定傳染病風險地區評估

基於法定傳染病檢驗自動上傳平台收錄資料，占法定傳染病通報資料比重尚少，為瞭解國內近期傳染病風險地區及季節，本計畫自疾管署法定傳染病通報資料庫，擷取發病日期介於 109 年 1 月至 111 年 12 月間之本土通報確診個案資料，資料內容包含個案之確定病名、居住縣市鄉鎮、發病日期及傳染病報告單電腦編號等，所下載資料依傳染病報告單電腦編號及確定病名進行資料歸併（歸人），關於同編號且同病名之多筆通報資料，皆併入其發病日期最早之紀錄，本計畫所列疾病個案數，皆以歸併後之資料計數。另有關每十萬人疾病發生率，係以「個案數/年中人口數*100,000」計算之，以每十萬人疾病發生率呈現（病例人次數/每十萬人口），其中有關各鄉鎮市區之年中人口數，本計畫係以內政部統計處之 111 年 6 月底臺閩地區人口數為計算基礎。

本部分研究使用 Microsoft Excel Professional Plus 2019 進行資料分析及結果

視覺化呈現，另以 PS Imago 4 (IBM SPSS Statistics 25, IBM Corporation) 軟體進行統計檢定，以及 QGIS 3.22.16 Białowieża 地理資訊系統軟體繪製地圖。

四、結果與討論

(一) 109-110 年推動傳染病檢驗自動上傳初步成果

109 至 110 年間，輔導國內檢驗機構自動上傳嚴重特殊傳染性肺炎以外之實驗室檢驗結果，共計 46 萬 3,627 筆，其中 46 萬 2,625 筆非屬法定傳染病病原(占 99.78%)，1,002 筆屬法定傳染病病原檢出紀錄(占 0.22%) (圖一)。多數自動上傳資料係 2020 年 1 月至同年 8 月間採檢的檢驗報告，此期間每月上傳筆數為 2 萬 2,9021 筆至 6 萬 5,984 筆(占總上傳數 84.23%，39 萬 498 筆/46 萬 3,627 筆)，爾後至 110 年 12 月，每月上傳筆數降為 1,055 筆至 1 萬 2,743 筆(圖二)。關於此期間的自動上傳資料來源，是來自於國內 23 家檢驗機構，分別為臺北榮民總醫院、臺中榮民總醫院、國立成功大學醫學院附設醫院、台灣基督長老教會馬偕醫療財團法人馬偕紀念醫院、國泰醫療財團法人國泰綜合醫院、國泰醫療財團法人汐止國泰綜合醫院、國泰醫療財團法人新竹國泰綜合醫院、敏盛綜合醫院、健仁醫院、新隆醫事檢驗所、衛生福利部所屬醫院及療養院等，其中多數上傳資料來自國立成功大學醫學院附設醫院(14 萬 1,628 筆，占 31%)、衛生福利部桃園醫院(9 萬 1,374 筆，占 20%)、敏盛綜合醫院(4 萬 2,860 筆，占 9%)及衛生福利部豐原醫院(2 萬 3,773 筆，占 5%)所上傳(圖三)。

關於 1,002 筆法傳病原檢出紀錄，分屬結核病、淋病、侵襲性肺炎鏈球菌感染症、李斯特菌症及桿菌性痢疾等 5 種傳染病，其中 *Mycobacterium tuberculosis complex* (結核病) 818 筆(占 82%)、*Neisseria gonorrhoeae* (淋病) 107 筆(占 11%)、*Streptococcus pneumoniae* (侵襲性肺炎鏈球菌感染症) 56 筆(占 5%)、*Listeria monocytogenes* (李斯特菌症) 18 筆(占 2%)、*Shigella spp.* (桿菌性痢疾) 3 筆(占 0.3%) (圖四)，*Mycobacterium tuberculosis complex* 檢出紀錄係擷取上傳結果包含 *Mycobacterium tuberculosis*、*Mycobacteria tuberculosis*、MTBC 等字串，*Neisseria gonorrhoeae* 檢出紀錄係擷取上傳結果包含 *Neisseria gonorrhoeae* 字串，*Streptococcus pneumoniae* 檢出紀錄係擷取上傳結果包含 *Streptococcus pneumoniae*、*Streptoc. pneumoniae* 等類似字串，*Listeria*

monocytogenes 檢出紀錄係擷取上傳結果包含 *Listeria monocytogenes* 及類似字串, *Shigella spp.* 檢出紀錄係上傳結果包含 *Shigella dysenteriae*、*S. flexneri*、*S. boydii* 或 *S. sonnei* 等字串。為瞭解該等 1,002 筆自動上傳紀錄可否成功對應法定傳染病通報系統資料庫, 反映傳染病資料, 故依疾病別於兩資料庫間 (自動上傳資料、法定傳染病通報系統資料庫) 進一步勾稽比對。以下為勾稽比對結果:

1. 淋病

關於 109 至 110 年間淋病致病原的 107 筆自動上傳檢出紀錄, 經勾稽比對同期 1,013 筆通報確診資料, 結果成功比對其中 103 筆, 其餘 4 筆, 經歸人後, 查係來自於 3 名受檢者, 含 1 名外籍人士及 2 名本國籍者, 除外籍人士具多重證號 (如: 護照、居留證或身分證等), 及其姓名得於資料庫間以不同語文呈現, 除了有致勾稽對應困難之虞外, 另查淋病通報定義, 係針對符合臨床條件及檢驗條件之個案。由於自動上傳資料主要僅反映檢驗機構之檢驗結果, 該等受檢者如於檢出病原時, 未符該疾病之通報定義, 則自動上傳資料可反映法定傳染病通報資料庫以外之陽性檢出紀錄 (表一)。

2. 侵襲性肺炎鏈球菌感染症

關於侵襲性肺炎鏈球菌感染症的 54 筆自動上傳檢出紀錄, 經勾稽比對同期 62 筆通報確診資料, 結果成功比對其中 11 筆, 其餘 43 筆, 經歸人後, 查係來自於 34 名受檢者, 皆具本國籍, 有關國內此疾病監測, 按病例定義係針對肺炎鏈球菌所引發的侵襲性感染, 其通報之檢驗條件係自正常無菌檢體 (如: 血液、腦脊髓液、關節液等體液) 分離並鑑定出肺炎鏈球菌 (*Streptococcus pneumoniae*), 而該等 43 筆未能勾稽法定傳染病通報資料庫之檢體, 種類皆係屬痰液或眼睛分泌物等, 不同於前述通報條件之無菌檢體, 自動上傳資料在此致病原進一步反映法傳通報資料庫以外之陽性檢出紀錄 (表二)。

3. 李斯特菌症

關於李斯特菌症的 18 筆自動上傳檢出紀錄, 經勾稽比對同期 37 筆通報確診資料, 結果成功比對其中 16 筆, 其餘 2 筆, 經歸人後, 檢體係來自於 1 名本國籍受檢者, 查有關國內此疾病監測, 按病例定義係針對李斯特菌所引發的侵襲性感染 (如: 敗血症、腦膜炎、骨髓炎、心包膜炎、腹膜炎等), 以及流產、死胎或早產, 其通報之檢驗條件係自正常無菌檢體 (血液、腦脊髓液等體液) 或自流產、死胎之胎盤或胎兒組織 (含羊水、胎便、腸胃道內容物等)

分離並鑑定出李斯特菌 (*Listeria monocytogenes*)。

李斯特菌廣布於周遭環境，可自土壤、水及腐爛的蔬菜分離培養，此致病菌除引起國內目前所監測的侵襲性感染外，在人群中尚能引起發燒及腹瀉、噁心、嘔吐等自限性 (self-limited) 腸胃炎症狀之非侵襲性感染。依前述受檢者自動上傳檢驗資料，其額外註記就醫診斷係發燒及十二指腸潰瘍之慢性腎病患者，未載列有侵襲性疾病診斷，因此自動上傳資料在此致病原或可進一步反映，法傳通報資料庫以外之非侵襲性感染或非重症的陽性檢出紀錄(表三)。

4. 桿菌性痢疾

關於桿菌性痢疾的 3 筆自動上傳檢出紀錄，經勾稽比對同期 110 筆通報確診資料，結果成功比對此 3 筆 (表四)。

5. 結核病

考量結核病檢驗多屬對個案之長期追蹤個管目的，勾稽比對同期通報資料較不具意義，以法傳通報系統全資料庫比對，關於結核病的 818 筆自動上傳檢出紀錄，經勾稽比對，結果成功比對其中 796 筆，其餘 22 筆，經歸人後係來自於 11 例外籍受檢者，查該等 14 例所對應檢體，皆係痰液或支氣管沖洗液，經分枝桿菌培養或抗酸菌染色檢出 *Mycobacteria tuberculosis complex*，外籍人士因具多重證號 (如：護照、居留證或身分證等)，及其姓名得於資料庫間以不同語文呈現，或有致勾稽對應困難之虞 (表五)。

討論

在本研究蒐集到的 46 萬餘筆自動上傳資料中，涉及法定傳染病檢出的資料僅 1,002 筆，占 0.22%，回顧全球，國際間第一個針對傳染病檢驗結果自動上傳與傳統人為上傳間的平行比對試驗，是在 1998 年的美國夏威夷州，即使該研究資料是來自當時負責通報傳染病檢驗的三家主要機構，在夏威夷衛生部門半年間所收錄的 15,830 筆自動上傳檢驗資料中，亦有 3,520 筆 (占 22%) 屬於非傳染病的資料(Effler et al., 1999)，綜合國內外的經驗，顯見從臨床檢驗端自動上傳資料篩選出目的所需的傳染病檢驗資料，是資料輸入至公共衛生資料庫及應用前的必經程序。

在本研究分析過程中觀察到，部分傳染病 (如：結核病及侵襲性肺炎鏈球菌感染症) 致病原，因各檢驗機構於自身系統所記載之檢驗結果方式多元，尚需以多元字串 (如：結核病檢驗陽性結果包含 *Mycobacterium tuberculosis*、

Mycobacteria tuberculosis、MTBC 等，侵襲性肺炎鏈球菌感染症陽性結果包含 *Streptococcus pneumoniae*、*Streptoc.pneumoniae* 等) 始能完整篩選出陽性檢出紀錄，亦顯示大量的檢驗自動上傳的初級資料繁雜，尚需經由多重條件的篩選後，才能淘選獲得其中少數的傳染病檢出數據，而篩選條件有否周全，則直接影響所篩資料的完整性。

公共衛生資料庫蒐集之傳染病檢驗數據資料，將來自多家不同的檢驗機構，目前各機構間對於同一檢驗結果所選用的報告字串，不盡相同，倘若欲將此篩選步驟(異字同義的整併)自動化，則檢驗機構間在報告結果編碼的一致化，則會相當的重要，在美國賓州，即曾遭遇難以從自動上傳的檢驗資料中截取出完整的傳染病檢驗結果，作進一步應用，此乃肇因於當地檢驗機構的檢驗結果編碼並未統一，而僅使用當地慣用的編碼術語(M'Ikantha N et al., 2003)，另根據歐洲疾病預防控制中心(European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC)在 2018 年針對 30 個歐盟或歐洲經濟區(European Union/European Economic Area, EU/EEA)成員國家所進行調查報告，亦指出檢驗結果缺乏統一的編碼是推動檢驗結果自動上傳的明確障礙之一(Leitmeyer et al., 2020)，因此，對於自動上傳的推動，落實檢驗結果統一編碼普遍被認為有助益且高度建議的重要基礎，例如採用 LOINC 標準編碼(Logical Observation Identifier Names and Codes)，即可降低檢驗數據或結果，經人為解譯或書寫衍生資訊系統辨識/解讀錯誤的風險，以利臨床檢驗資料的正確性及應用(Panackal et al., 2002)，又 LOINC 已被國際廣為採用，如國內實驗室檢驗作業導入 LOINC 編碼，不但促使國內檢驗資訊符合國際標準，更可加速國內醫療資訊產業與國際接軌，提昇醫療資訊全球化競爭優勢(劉建財 et al., 2006)。

本研究分析另觀察到，多數自動上傳資料是來自 109 年 1 月至同年 8 月間所採臨床檢體的檢驗報告，爾後上傳筆數明顯有減少情形，此或因自動上傳檢驗資料，是疾管署對檢驗機構以輔導方式，優化其臨床檢驗資料庫與公共衛生資料庫間的傳遞，與法定傳染病以法制規範通報之強度不同，故參與醫院在尚未將自動上傳列入其常態化作業前，即可能呈現本計畫所觀察到之上傳數不穩定情形。依據歐洲疾病預防控制中心的調查報告，阻礙臨床檢驗資料自動上傳的最主要因素有兩個，一是資訊科技人力資源的不充足，另一即是缺乏誘因或動機促使臨床實驗室轉換既有流程，改採電腦網路自動上傳(Leitmeyer et al., 2020)，因此，與檢

驗機構溝通，讓其等瞭解自動上傳所帶來的效益，例如降低登打檢驗結果所需的人時成本、降低醫事機構延遲提交檢驗報告的風險、以及提高檢驗資料傳輸的完整性等(Effler et al., 1999)，或有助於國內臨床檢驗結果自動上傳至公共衛生資料庫之推動。

本研究在分析時，雖將多筆「傳染病報告單電腦編號」及「確定病名」相同的通報資料，歸入併入最早（舊）一筆通報，並以「姓名」或「身分證號」在通報及檢驗資料間勾稽模糊比對，期將通報及送驗資料正確對應，惟如遇多證號多譯名的外籍人士，仍有無法勾稽的情形，這反映了數據資料在個人辨識或排除重複資料（de-duplication）的重要性。歐洲疾病預防控制中心的調查報告，呈現了2018年時已有13個歐洲國家將自動上傳的臨床檢驗結果，依據人口學變項予以排除重複資料，以利發展並應用於疾病群聚及趨勢的公共衛生監測，其中6個國家並將自動上傳陽性檢驗結果的歸人資料，串接至以個案為基礎的疾病通報資料庫，作更進一步（如個案追蹤管理）的應用(Leitmeyer et al., 2020)。檢驗資料自動上傳通常是將同一病人的初期檢驗結果，以及後續的定期追蹤及最終檢驗結果全數上傳至國家公共衛生資料庫，倘如在上傳資料沒有歸人的情形下，來自同一確診病患的歷次檢驗結果，便可能累積並誤視同成多起陽性個案檢出的假警報，進而觸發公共衛生作為以因應群聚疫情(Control and Prevention, 2008; Panackal et al., 2002)。

除了以病患為基礎的通報資料外，在臨床檢驗的實務上，由於許多檢驗，是在病患初次檢出陽性後，會接續在每個固定的期間，對同一病患持續觀察、採檢及檢驗，直至最終的檢驗結果（可能是轉為陰性）為止，因此難免會有短期間，同一人的多次檢驗結果歸入併計的需求(Effler et al., 1999)。在檢驗結果自動上傳的推動經驗裡，夏威夷衛生部門即發現到，自動上傳會收到來自檢驗機構的重複檢驗的資料，夏威夷的試辦報告中亦反映，透過程式邏輯歸併重複資料的必要性(Effler et al., 1999)，在歐洲，近年已有國家發展出自動上傳檢驗結果並對應至公共衛生資料庫的個人資料，且其資料對應品質已不亞於傳統人為上傳(Leitmeyer et al., 2020)。Panackal 等人認為，由於採檢情境及檢驗方法多元，交織出檢驗結果在審核上的複雜，因此，檢驗報告上傳的自動化系統，仍僅是一個輔助的現代化工具，難以完全取代人類審核實驗室檢驗結果及糾錯，自動上傳仍需有一定程度的人為判斷，是一個人機合作的模式(Panackal et al., 2002)，然而，近期在國際

上已經逐漸發展有檢驗結果自動審核的邏輯，藉由系統與人為間判定的每一次差異，不斷地修正系統的判定邏輯，以提升系統在審核面上能趨近專家審核的水準，優化系統審核的準確性，中國近年針對 30 種檢驗，綜合 782 條審核邏輯，已成功判定超過 350 萬檢驗結果(Jin et al., 2021)，顯示判定邏輯的障礙逐漸排除，自動上傳在實務上愈趨可行性。

有關國際間對於自動上傳的認同的推行政策方向，如以歐洲 30 國為例，歐洲 2018-2022 年在公共衛生的微生物學政策書上 (Public Health Microbiology Strategy)，即展望在 2022 年時，有 90% 的 EU/EEA 成員國家，具備有至少一種臨床檢驗結果自動上傳至國家的監測資料庫的實務能力(ECDC, 2018)。

依據歐洲疾病預防控制中心綜理問卷、面談及研討等調查資料的結果報告，在 2018 年時，已有 28 個 EU/EEA 成員國家有使用類似於我國檢驗機構及疾管署使用的實驗室資訊管理系統 (Laboratory Information Management System, LIMS)，採無紙化方式將檢驗結果登錄系統，其中有 14 個國家將至少一項檢驗的結果，自動上傳至國家的公共衛生檢驗監測資料庫，其中丹麥更已將所有的監測疾病檢驗項目，皆轉採自動上傳；不過在 14 個有自動上傳實務經驗的國家中，多數國家僅自動上傳陽性檢驗結果，並非就整體臨床檢驗量 (分母) 的資料完整提供與國家資料庫(Leitmeyer et al., 2020)。

目前我國已可將結核病從檢驗機構，將結果自動上傳至本署的檢驗資料庫，目前亦持續推動其他疾病檢驗自動上傳，可能在推動過程中，除以編碼不同外 (前述可採 LOINC 標準統一編碼改善)，另遭遇到所收資料來自各家機構之不同資訊系統尚待整合的問題，參考業將所有監測檢驗項目自動上傳的丹麥經驗，該國的檢驗機構各自使用多種不同檢驗資訊系統，然皆透過該國的微生物檢驗報告標準轉換程序 (a national standard xml transfer protocol for microbiology reports, XRPT05)，輸出欄位及格式統一的資料至丹麥的國家資料庫(Voldstedlund et al., 2014)，這種兼具資訊系統彈性 (包容檢驗機構亦通多元性)，以及輸出資料格式標準化的策略，被認為是丹麥成為歐洲第一個全面自動上傳的重要因素 (Gluskin et al., 2014)。至於是否需將不同疾病的臨床檢驗資料，皆整合經由同一系統自動上傳至公共衛生資料庫，參考歐洲經驗，在 14 個將檢驗資料自動上傳的國家中，有 6 個國家是透過多種系統，將不同疾病的檢驗資料分別自動上傳，其餘 8 個國家則是建置了通用的單一系統(Leitmeyer et al., 2020)，將各疾病檢驗

資料以同一路徑上傳，兩種方式似皆可行。

由於自動上傳除節省人力及時間成本之外，亦已被驗證，相較於傳統人為的資料上傳，可節省資料傳遞時效及完整性，依照夏威夷衛生部門在 1998 年試行檢驗結果自動上傳的計畫，挑選了沙門氏菌、志賀氏菌、梨形鞭毛蟲、具 vancomycin 抗藥性的腸球菌、以及自無菌部位檢出的肺炎鏈球菌的 5 種臨床檢驗，在兩種上傳方式間平行比對，結果在蒐集到的 357 筆檢出紀錄中，201 筆（占 56%）是單純透過自動上傳系統所傳遞，124 筆（占 35%）是自動上傳系統及傳統的人為上傳方式皆有傳遞的，僅 32 筆（占 9%）是單純透過傳統人為上傳方式所傳遞的，故透過自動上傳所獲取的資料，明顯高於僅依賴傳統人為上傳方式的筆數，有助於檢驗結果呈現的完整性，另外在傳遞資料欄位的完整性上，這個研究亦反映了，自動上傳系統優於傳統人為上傳的品質(Effler et al., 1999)。

綜上，所謂自動上傳，是指過程在無人為協助的情形下，可直接經由網路達成「系統對系統」或「電腦主機對電腦主機」(Machine-to-machine communication) 的資料傳輸方式(Anton-Haro and Dohler, 2015)，並搭配多組定義清晰明確邏輯的資訊應用程式介面(application programming interface, API)，才能讓臨床檢驗實驗室在報告經過實驗室專家或程式審核確認後，自動化地傳遞到國家的公共衛生檢驗資料庫，其伴隨著檢驗資料傳輸的時效性及完整性，並進一步經由檢驗資料歸人，提升其應用性，在歐洲，已有 5 個國家可將自動上傳資料對應至以個案(個人)為基礎的通報系統，並取代臨床醫師的在部分監測疾病的通報作業(Leitmeyer et al., 2020)。

國內在結核病檢驗方面，已建置有臨床檢驗結果自動上傳的路徑，並自 107 年 5 月起啟用自動通報的作業於實務運作(衛生福利部疾病管制署)，除此之外，本署自 103 年起與醫療院所合作推動「實驗室傳染病自動通報系統」(Laboratory Automated Reporting System, LARS)，曾在國內約 60 家醫院建置不侷限於法定傳染病病原體的即時監測，蒐集國內實驗室檢驗結果，雖然這些結果尚未整合至本署實驗室資訊管理系統，但已將其應用於疾病流行趨勢或高風險的監測(Yeh et al., 2017; 林民浩 et al., 2017)，加上本次計畫所觀察，亦呈現國內已有多所檢驗機構有成功自動上傳檢驗資料的經驗，此等經驗有助於檢驗資料自動上傳在國內的持續推動，然而國內的指定檢驗機構逾 330 家(截至 112 年 9 月 23 日止)(衛生福利部疾病管制署)，此等如欲發展自動上傳甚至取代現行上傳，必將相當依賴

系統對系統間的資料傳送頻率、傳送量穩定度、資料正確性、編碼對應及修正/除錯能力情形等(Jin et al., 2021)。我國在 COVID-19 疫情期間，曾經歷國內檢驗機構檢驗資料傳輸壅塞的情形，當時由於 COVID-19 甫增列為法定傳染病，檢驗結果自動上傳的機制尚未建立，爰在疫情初期，形成大量檢驗結果湧入疾管署系統致傳輸壅塞之情，國內雖復以健保署的健保系統支援，以及減少醫療院所端通報及送驗資料登打等措施，緩解檢驗資料傳輸壅塞情形(嚴重特殊傳染性肺炎中央流行疫情指揮中心, 2021)，然此已反映出國內推行檢驗自動上傳政策的必要性，此亦是歐美等國家的重要政策方向(ECDC, 2018; Health)。

檢驗報告自動上傳資料的在檢體資料的完整性較佳，而疾管署法定傳染病通報資料庫則在通報個案資料的完整度較佳，基於兩資料庫之資料蒐集目的不同，因此在彼此間存有落差並不意外，然此確實限制了本研究計畫在比對上的精確性，又考量個案發病與就醫採檢在實務上存有落差時間，其不見得於發病日當下即就醫採檢，甫以檢驗月份（自動上傳檢驗資料）勾稽發病月份（法定傳染病通報資料庫）進行模糊比對，爰本研究亦存有高估比對成功率的研究限制。本研究另觀察到外籍人士檢體無法成功勾稽至法定傳染病通報資料庫的情形，此或因外籍人士具多重證號（如：護照、居留證或身分證等），及其姓名得於資料庫間以不同語文呈現，致有致勾稽對應困難之虞，爰如檢驗機構執行自動上傳時，可與傳染病通報時所填資訊欄位資訊來源一致化，或可排除前述外籍人士勾稽不易情形，有助於日後以自動上傳輔助人工登打檢驗結果作業。本研究樣本雖受限，然而，所篩出的 1,002 筆資料中，在不同疾病中，除外籍受檢者外，其餘皆仍能反映法定傳染病通報紀錄，顯示檢驗資料自動上傳確實能輔助現行人工上傳作業，在實務上有應用價值。此外，檢驗資料自動上傳，由於無須符合於各法定傳染病之通報定義項下條件（如：要求臨床條件為敗血症、腦膜炎、骨髓炎、心包膜炎、腹膜炎等侵襲性感染者，或限定檢驗條件為自血液、腦脊髓液、關節液等正常無菌檢體分離出致病原），因此，自動上傳資料更可反映法定傳染病通報資料庫以外之陽性檢出紀錄，從檢驗面向廣泛地瞭解國內傳染病病原，然除結核病外，本研究亦觀察到，傳染病相關的自動上傳資料確尚有限，國內仍有持續推動檢驗機構自動上傳相關政策之需求，甫能藉由自動上傳資料，反映國內傳染病的全貌，更盼能進而利用上傳檢驗數來建立地區和時間的檢驗量閾值，應用於協助疫情之預測。

(二)法定傳染病風險地區評估

法定傳染病風險地區評估，分析結果分述如下。

1.日本腦炎

2020 至 2022 年間，國內通報確診日本腦炎本土個案共 68 例，首例個案分別發生於 5 月（2020 及 2021 年）及 6 月（2022 年），病例集中於春、夏季部分月份（圖五），此 3 年間，5 至 8 月間所累積個案數，即占個案總數的 97.06%（66/68），在時間上明顯呈現集中性，其中以 6 月的個案總數最多，占 42.65%（29/68）（表六），此期間，各鄉鎮市區在 6 月的日本腦炎發生率（每 10 萬人 0.08 例），顯著高於其他月份（每 10 萬人 0.01 例）（ $p < 0.05$ ）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 53 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣等 16 縣市），地理分布廣泛，期間以屏東縣屏東市累積 5 例個案，占個案總數的 7.35% 為最多，另以臺東縣池上鄉的發生率為最高，2020-2022 年間發生率為每 10 萬人 12.48 例（惟該鄉僅 1 例確診）（圖六），如以該兩鄉鎮（市區）於 2020 至 111 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此兩鄉鎮於 2020 至 2022 年間，其月發生率未顯著高於其他鄉鎮（附表二）。

日本腦炎之發生明顯集中於 5 至 8 月，而鄉鎮間的發生率差異則不若月間差異顯著，2020 至 2022 年間各鄉鎮市區每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之一，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之一。

2.恙蟲病

2020 至 2022 年間，國內通報確診恙蟲病本土個案共 989 例，每月皆有個案新發生（圖七），個案數在月份間呈多峰分布，大致上於 6 至 7 月及 9 至 10 月分別呈現有主要及次要的兩波較多個案數發生，此兩波個案數分別占個案總數的 29.32%（290/989）及 23.56%（233/989），其中以 7 月的累積個案數最多，占 16.78%（166/989）（表七），惟 7 月的恙蟲病發生率（每 10 萬人 0.65 例）未顯著高於其他月份（每 10 萬人 0.45 例）（附表一）。

此疾病於近 3 年曾在國內多達 207 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰

化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣、連江縣等 22 縣市)，地理分布廣泛，惟同期間，臺東縣臺東市累積有 68 例個案，即占個案總數的 6.88%，屬鄉鎮市區間最多者（其 2020 至 2022 年間發生率為每 10 萬人 65.80 例），另連江縣北竿鄉的發生率最高，為每 10 萬人 385.98 例（同期該鄉累積 12 例確診個案，占 2020 至 2022 年間個案總數的 1.21%）（圖八），如以該兩鄉鎮（市區）於 109 至 111 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，結果其等皆顯著高於其他鄉鎮（ $p < 0.05$ ）（附表二）。

恙蟲病雖多發生於 6-7 月及 9-10 月，惟月間發生率無顯著性差異，而地理行政區間的發生率則呈現有差異顯著性，臺東縣臺東市及連江縣北竿鄉的月發生率，皆顯著高於其他鄉鎮市區。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之二，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之二。

3. 地方性斑疹傷寒

2020 至 2022 年間，國內通報確診地方性斑疹傷寒本土個案共 72 例，每年首例個案分別發生於 1 月（110 年）、2 月（109 年）及 3 月（111 年），全年各月皆有病例發生，其中部分春、夏月份有病例稍多的情形（圖九），5 至 7 月間所累積個案數，占個案總數 43.06%（31/72），其中以 5 月累積的個案總數最多，占 18.06%（13/72）（表八），惟 5 月的地方性斑疹傷寒發生率（每 10 萬人 0.03 例）未顯著高於其他月份（每 10 萬人 0.01 例）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 41 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬桃園市、臺中市、彰化縣、雲林縣、臺南市、高雄市、屏東縣、澎湖縣等 8 縣市），其中以彰化縣大城鄉 5 例個案，占個案總數的 6.94% 為最多，且於 2020 至 2022 年間，期累積發生率最高，為 10 萬人 32.03 例（圖十），如以該鄉鎮於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此鄉鎮於 109 至 111 年間，其月發生率顯著高於其他鄉鎮（附表二）。

地方性斑疹傷寒雖多發生於 5 至 7 月，惟月間累積發生率無顯著性差異，而地理行政區間的發生率則呈現有差異顯著性，彰化縣大城鄉的發生率顯著高於其他鄉鎮。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之三，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之三。

4、淋病

2020 至 2022 年間，國內通報確診淋病本土個案共 2 萬 1,779 例，全年各月皆

有病例發生，除 2021 年 3、4 月分別新發生 436 及 467 例外，國內每月本土病例數皆達 500 例以上（圖十一），其中以 11 月累積的個案總數最多，占 9.73%（2,120/21,779）（表九），此期間，11 月的淋病發生率（每 10 萬人 2.37 例）顯著高於其他月份（每 10 萬人 2.03 例）（ $p < 0.05$ ）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 364 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣、連江縣等 22 縣市），地理分布近乎遍及各鄉鎮市區，其中以新北市中和區 733 例個案，占個案總數的 3.37% 為最多（其發生率為每 10 萬人 182.87 例），另以新竹縣湖口鄉的發生率為最高，2020 至 2022 年間為每 10 萬人 287.92 例（圖十二），如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間，其月發生率皆顯著高於其他鄉鎮（附表二）。

淋病發生以 11 月為最多，惟此疾病發生於各月份皆有發生，時間分布廣泛，如以地理行政區劃來看，新北市中和區及新竹縣湖口鄉的每月發生率皆顯著高於其他行政區，2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之四，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之四。

5、鈎端螺旋體病

2020 至 2022 年間，國內通報確診鈎端螺旋體病本土個案共 237 例，全年各月皆有病例發生，其中部分夏、秋月份有病例稍多的情形（圖十三），8 至 9 月間所累積個案數，占個案總數 42.62%（101/237），其中以 8 月的個案總數最多，占 25.74%（61/237）（表十），惟此期間，8 月的鈎端螺旋體病發生率（每 10 萬人 0.15 例）未顯著高於其他月份（每 10 萬人 0.05 例）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 127 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣等連江縣以外的 21 縣市），地理分布近乎遍及各鄉鎮市區，其中以花蓮縣吉安鄉及屏東縣屏東市皆發生有 8 例個案，各自占 2020 至 2022 年間個案總數的 3.38% 為最多（其發生率分別為每 10 萬人 9.69 及 4.12 例），另花蓮縣萬榮鄉在 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 65.08 例（圖十四），

如以該三鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，結果花蓮縣吉安鄉的月發生率顯著高於其他鄉鎮 ($p<0.05$) (附表二)。

鉤端螺旋體病雖以 8 至 9 月個案數最多，占近半個案數，惟月間發生率無顯著性差異，而地理行政區間的發生率則呈現有差異顯著性，花蓮縣吉安鄉的月發生率顯著高於其他鄉鎮市區。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之五，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之五。

6、類鼻疽

2020 至 2022 年間，國內通報確診類鼻疽本土個案共 60 例，全年各月皆有病例發生，其中部分夏、秋月份有病例稍多的情形 (圖十五)，8 至 9 月間所累積個案數，占個案總數 41.67% (25/60)，其中以 8 月的個案總數最多，占 25% (15/60) (表十一)，惟此期間，8 月的類鼻疽發生率 (每 10 萬人 0.06 例) 未顯著高於其他月份 (每 10 萬人 0.01 例) (附表一)。

此疾病近 3 年曾在國內 38 個鄉鎮市區發生通報確診個案 (分屬新北市、宜蘭縣、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、臺南市、高雄市、屏東縣等 9 縣市)，其中以高雄市前鎮區 5 例個案，占個案總數的 8.33% (5/60) 為最多 (其發生率分別為每 10 萬人 2.77 例)，另屏東縣瑪家鄉在 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 14.80 例 (圖十六)，如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間，其月發生率未顯著高於其他行政區 (附表二)。

類鼻疽雖以 8 至 9 月個案數最多，占近半個案數，惟月間累積發生率無顯著性差異，如以地理行政區劃來看，鄉鎮市區間的發生率亦無差異顯著性。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜列如附圖一之六，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之六。

7、李斯特菌症

2020 至 2022 年間，國內通報確診李斯特菌症本土個案共 448 例，全年各月皆有病例發生紀錄，其中部分年月雖有病例稍多的情形，但各年間疾病發生的季節性/週期性尚不明顯，僅大致呈現 4、5 月偶有個案數略多的情形 (圖十七)，4 至 5 月間所累積個案數，占個案總數 21.65% (97/448)，其中以 4 月的個案總數最多，占 10.94% (49/448) (表十二)，惟此期間，4 月的李斯特菌症發生率 (每 10 萬人 0.06 例) 未顯著高於其他月份 (每 10 萬人 0.05 例) (附表一)。

此疾病近 3 年曾在國內 172 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣、連江縣等 22 縣市），地理分布廣泛，其中以桃園市中壢區 16 例個案，占個案總數的 3.57% (16/448) 為最多（其發生率為每 10 萬人 3.81 例），另臺中市新社區在 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 17.09 例（圖十八），如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間，其月發生率未顯著高於其他行政區（附表二）。

李斯特菌症雖以 4 月個案數最多，惟月間累積發生率無顯著性差異，如以地理行政區劃來看，鄉鎮市區間的發生率亦無差異顯著性。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜列如附圖一之七，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之七。

8、侵襲性肺炎鏈球菌感染症

2020 至 2022 年間，國內通報確診侵襲性肺炎鏈球菌感染症本土個案共 617 例，全年各月皆有病例發生紀錄，其中冬季月份（如 2020 年 1 月、2021 年 2 月、2022 年 12 月）有病例稍多的情形（圖十九），11 月、12 月及 1 月所累積個案數，占個案總數 38.74% (239/617)，其中以 1 月的累積個案數最多，占 16.69% (103/617)（表十三），此期間，1 月的侵襲性肺炎鏈球菌感染症發生率（每 10 萬人 0.22 例）顯著高於其他月份（每 10 萬人 0.09 例）($p < 0.05$)（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 216 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣等金門縣及連江縣以外的 20 縣市），地理分布廣泛，其中以彰化縣彰化市 17 例個案，占個案總數的 2.76% (17/617) 為最多（其發生率分別為每 10 萬人 7.49 例），另以高雄市茂林區於 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 52.08 例（惟該鄉僅 1 例確診）（圖二十），如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，此兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間，其月發生率未顯著高於其他行政區（附表二）。

此疾病好發於冬季，尤以 1 月的新發生具顯著性，而鄉鎮間的發生率差異則

不若月間差異顯著，2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之八，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之八。

9、桿菌性痢疾

2020 至 2022 年間，國內通報確診桿菌性痢疾本土個案共 324 例，全年各月皆有病例發生紀錄，其中部分年月雖有病例稍多的情形，但各年間疾病發生的季節性/週期性尚不明顯，僅大致呈現 3、4 月偶有個案數略多的情形（圖二十一），3 至 4 月間所累積個案數，占個案總數 23.15%（75/324），以 4 月的個案總數最多，占 12.04%（39/324）（表十四），惟此期間，4 月的桿菌性痢疾發生率（每 10 萬人 0.02 例）未顯著高於其他月份（亦每 10 萬人 0.01 例）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 216 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、金門縣等臺東縣、澎湖縣、連江縣以外的 2），地理分布廣泛，其中以新北市中和區 20 例個案，占個案總數的 6.17% 為最多（其發生率分別為每 10 萬人 4.99 例），另以花蓮縣萬榮鄉於 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 16.27 例（惟該鄉僅 1 例確診）（圖二十二），如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，結果新北市中和區的月發生率顯著高於其他鄉鎮（ $p < 0.05$ ）（附表二）。

桿菌性痢疾雖以 4 月個案數最多，惟各月間累積發生率無顯著性差異，而地理行政區間的發生率則呈現有差異顯著性，新北市中和區的發生率顯著高於其他鄉鎮市區。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之九，期間累積個案數分布及發生率，綜繪如附圖二之九。

10、結核病

2020 至 2022 年間，國內通報確診結核病本土個案共 21,149 例，全年各月皆有病例確診紀錄，其中部分年月雖有病例稍多的情形，但各年間疾病發生的季節性/週期性尚不明顯，僅大致呈現 9 月偶有個案數稍微略多的情形（圖二十三），9 月間所累積確診個案數，占個案總數 9.02%（1,908/21,149）（表十五），9 月的結核病發生率（每 10 萬人 3.56 例）略高於（ $p = 0.05$ ，僅具臨界顯著性，boradline significance）其他月份（每 10 萬人 3.19 例）（附表一）。

此疾病近 3 年曾在國內 368 個鄉鎮市區發生通報確診個案（分屬臺北市、新

北市、基隆市、宜蘭縣、桃園市、新竹縣、新竹市、苗栗縣、臺中市、彰化縣、南投縣、雲林縣、嘉義縣、嘉義市、臺南市、高雄市、屏東縣、花蓮縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣、連江縣等 22 縣市)，地理分布廣泛，其中以新北市板橋區 474 例個案，占個案總數的 2.24% 為最多（其發生率分別為每 10 萬人 2.40 例），另以南投縣仁愛鄉於 2020 至 2022 年間的累積發生率最高，為每 10 萬人 18.16 例(103 例確診)(圖二十四)，如以該兩鄉鎮市區於 2020 至 2022 年間的每月發生率與其他行政區進一步比較，結果南投縣仁愛鄉的月確診發生率顯著高於其他鄉鎮 ($p < 0.05$) (附表二)。

結核病雖以 9 月個案數最多，惟各月間累積發生率顯著性差異極為有限，而地理行政區間의 確診發生率則呈現有差異顯著性，南投縣仁愛鄉的發生率顯著高於其他鄉鎮市區。2020 至 2022 年間各鄉鎮每月個案數及月發生率，綜繪如附圖一之十，期間累積個案數分布及確診發生率，綜繪如附圖二之十。

討論

依分析結果，日本腦炎、侵襲性肺炎鏈球菌感染症的發生呈現季節性，相對的，恙蟲病、地方性斑疹傷寒、鉤端螺旋體病、桿菌性痢疾、結核病則在特定地區呈現較高風險，另淋病則在特定的季節及地區，皆出現較高風險，以下就各疾病分別討論：

1. 日本腦炎

本分析呈現國內 2020-2022 年間，日本腦炎發生風險最高的月份為 6 月，至鄉鎮市區間的發生風險差異則不明顯，過去 Su 等人曾於 2005-2012 年間，針對國內蚊蟲的調查顯示，帶日本腦炎病毒的病媒蚊蟲，在 5、6 月較易在環境中被發現，且在國內北、中、南、東各地區皆呈現一致情形(Su et al., 2014)，其蚊蟲帶病毒較具季節性而非地區性差異之情形，與本分析就病例的觀察結果相互呼應。

5、6 月屬三斑家蚊 (*Culex tritaeniorhynchus*)、環紋家蚊 (*Cx. annulus*) 及白頭家蚊 (*Cx. fuscocephala*) 等病媒家蚊活躍的初夏，距傳統 24 節氣的驚蟄(通常為每年 3 月 5 日或 3 月 6 日，是意指天氣轉暖，大地春雷，入冬以來藏伏土中的動物昆蟲逐漸甦醒或轉為活躍)約莫 2~3 月，如以家蚊每代生活史約莫 20 日為計(Gao et al., 2019)，此時間間隔足以供蚊蟲繁衍 2~3 代，又每隻受孕雌蚊可

產下 100 至 300 顆蟲卵(Centers for Disease Control and Prevention)，爰初夏時，環境中已具備疾病傳播所需之病媒條件，此或可解釋日本腦炎在分析期間的 5 月會被首度觀察到，並續於 6 月攀高。依 Su 等人在國內各地水稻田附近豬舍及溼地等家蚊棲地調查（家蚊幼蟲主要孳生於水田、水窟、小溪溝等處，依成蚊吸血嗜好則偏好接近豬、牛、人等），環紋家蚊（*Cx. annulus*）及白頭家蚊（*Cx. fuscocephala*）相較於三斑家蚊（*Cx. tritaeniorhynchus*）在豬舍及溼地的數量明顯少得多（三斑家蚊在豬舍及溼地分別占 92.6% 及 76.2%）(Su et al., 2014)，爰依病媒蚊種間優勢落差，Su 等人推論環紋家蚊（*Cx. annulus*）及白頭家蚊（*Cx. fuscocephala*）在國內日本腦炎的媒介傳播上，扮演相對薄弱角色，即國內日本腦炎主要病媒蚊為三斑家蚊（*Culex tritaeniorhynchus*），三斑家蚊在豬舍較為優勢的現象，在越南觀察到有類似情形(Lindahl et al., 2013)。

本分析結果呈現，此疾病在國內分布廣泛，除反映了三斑家蚊分布遍及國內各區域外，亦反映三斑家蚊的棲地及日本腦炎病毒增幅環境重疊且存在於國內各區域，例如，綜合三斑家蚊幼蟲孳生條件，及成蚊吸血嗜性，水田或水塘附近如飼有豬隻，便可提供三斑家蚊存活及延續的合適環境(Yamanaka et al., 2010)，而豬隻又是日本腦炎病毒的增幅宿主，除了懷孕的豬隻外，一般豬隻感染病毒後並不引發臨床症狀(Platt and Joo, 2006; Rosen, 1986; Straw et al., 2013)，國內多數日本腦炎的確診個案亦居住在豬舍或水稻田附近(Su et al., 2014)，如進一步比較，國內豬舍蚊蟲的帶病毒率（7.5/1,000）顯較水稻田蚊蟲（1.73/1,000）來得高，而前述地點以外的濕地（如紅樹林）蚊蟲，其帶病毒率則較為有限，顯見豬隻對於日本腦炎病毒除扮演了病毒增幅角色外，其亦是影響蚊蟲會否攜帶日本腦炎病毒的重要動物宿主。Su 等人過往調查觀察到，國內帶日本腦炎病毒的蚊蟲於 5 月發跡，同地點蚊蟲的帶病毒情形在 6 月達到高峰後，帶病毒率隨即大幅降低，爰其即推測，可能與多數豬隻經初次感染日本腦炎病毒，被誘發了血清中和抗體，大幅提升動物宿主群體免疫力，減少了環境中病毒增幅宿主所致，進而弱化蚊蟲帶病毒的條件，宿主免疫應是防治日本腦炎的重要一環(Su et al., 2014)。

人群中，臺灣自 1960 年代推動日本腦炎的兒童預防接種，有效地控制了日本腦炎，然近年國內發病個案多為 20 歲以上或較為年長的民眾(Lee et al., 2020; Wu et al., 2017)，顯見年幼時的預防接種推升了年輕族群的群體免疫力，然除常規預防接種外，高風險族群接種追加劑（booster dose）亦具重要性，臺灣於

2000-2014 年間，Chang 等人觀察到完整接種日本腦炎疫苗的族群，相對於未接種疫苗的族群，其住院或死亡的風險，有顯著的下降(Chang et al., 2017)。由於日本腦炎是一個疫苗可預防疾病，國內每年皆有日本腦炎個案發生，顯見預防接種（含追加劑）對於預防此地方病的重要性。此疾病在地區間的差異不明顯，惟於夏季尤其活躍，爰除常規接種兒童疫苗及不分地區的高風險族群追加劑之接種外，夏季的自我保護措施，如穿著淺色長袖衣褲、身體裸露處使用政府主管機關核可含 DEET、Picaridin 或 IR3535 之防蚊藥劑、安裝紗門、紗窗及使用蚊帳、避免於黎明和黃昏等三斑家蚊活動的高峰期，在豬舍、其他動物畜舍或病媒蚊孳生地附近活動等，亦對預防日本腦炎有所助益。又基於防疫一體（one health）精神，防範此人畜共通傳染病，或許動物宿主群體免疫力之提升，或許是另一個值得思考的方向。

2. 侵襲性肺炎鏈球菌感染症

而另一在本分析呈現季節性的疾病是侵襲性肺炎鏈球菌感染症，於 2020-2022 年間，發生風險最高的月份為冬季的 1 月，至其個案地理分布廣泛，或與此疾病的病原傳播力高有關，依據 Almeida 等人在葡萄牙對 25-50 歲健康人的追蹤研究顯示，約莫有 20% 的研究對象在研究期間曾間歇性地攜帶肺炎鏈球菌（短期帶菌），約莫 10% 的研究對象則會持續性地（連續 4 個月以上）攜帶此病原菌，平均而言，每 1,000 人週（person-weeks）會有 16.5 人感染，感染者的帶菌中位數達 7 週(Almeida et al., 2021)，另外，依據 Tigoi 等人在肯亞對新生兒及其家人所做的調查，約 63% 名新生兒，即會在出生 3 個月內，自鼻咽部觀察到肺炎鏈球菌株菌叢，平均而言，出生後 38.5 日即會在鼻咽部觀察到此菌，30 日內接觸到此菌的機會為 23%(Tigoi et al., 2012)，因此，即使在 92 種肺炎鏈球菌荚膜血清型中，僅約 30 種具致病性，又僅 10 餘種較具侵襲性感染力，惟其在人群間傳播能力高，或可說明本研究分析所觀察，此疾病較無地理侷限性。

至於侵襲性肺炎鏈球菌好發於冬季的情形，除本分析觀察到之外，在國際上亦有類似報告，Dowell 等人分析觀察到，美國的疾病高峰亦集中於每年的 1 月前後，整體而言，當氣溫降低時，侵襲性肺炎鏈球菌發生率則升高，然而，由於美國幅員廣大，南方城市的均溫可較北方城市高 10~20°C，惟在美國並未見到北部城市的疾病盛行時期，較南部城市來的長久，爰 Dowell 等人推測肺炎鏈球菌的活躍除與低溫有關之外，亦可能存在閾值效應，當溫度低於閾值，即有助於

肺炎鏈球菌傳播，而再進一步低溫對於此菌傳播或感染活性之助益，或較為有限(Dowell et al., 2003)，曾有微生物學研究顯示，相較於更低溫的 4°C，在 20°C 的培養基可以滋長出較為豐富的肺炎鏈球菌量(Wasas et al., 1998)，另除美國外，南半球的澳洲也在低溫季節伴隨有較高發生率的情形(Watson et al., 2006)。我國位處亞熱帶，近年月均溫在每年 1 月前後降至約 20°C，為此菌適合的溫度，此或可解釋國內侵襲性肺炎鏈球菌發生率在 1 月時為高。此疾病屬於疫苗可預防疾病，預防接種對於防治此週期性威脅的疾病及其可能衍生之併發重症，是有效的方法。

3. 恙蟲病

恙蟲病是恙蟎科的幼蟲在人畜間，媒介恙蟲病立克次體 (*Orientia tsutsugamushi*，亦稱 *Rickettsia tsutsugamushi*) 所致，相較前述季節性明顯的兩個疾病，恙蟲病的發生率則明顯呈現地區間差異，國內恙蟲病雖分布廣泛，但尤其好發於臺東縣及澎湖縣地區。由於其病原—恙蟲病立克次體在結構上，其免疫優勢區域 (immunodominant region) 的抗原體基因—56 kDa type-specific antigen gene (tsa56 基因)，具有高度變異的特性，爰 tsa56 基因廣泛被應用於恙蟲病立克次體的基因分型(Blacksell et al., 2008; Enatsu et al., 1999; Qiang et al., 2003)。依 Chen 等人於 2006-2016 年間針對國內恙蟲病確診個案之病原分子流行病學分析，臺灣恙蟲病立克次體在 tsa56 基因型別上，呈現多樣性，共可區分為多達 36 種不同基因型，其中主流型別分別為 Karp 基因型 (占 49.9%)、TW-22 基因型 (占 17.8%，相對近似國際間的 Kato 基因型) 及 Kawasaki 基因型 (占 14.7%) 等三種，此三種主流型別即占 82.4%，如行政區間再進一步比較，臺東縣的恙蟲病立克次體最具多元性，至少觀察到 15 種，其中更包含 (於 2016 年前) 僅在臺灣被記錄的 TW-12、TW-22 及 TW-29 等 3 種 tsa56 特有基因型(Chen et al., 2022)。物種基因型別的多樣化，往往有利於在生態及演化上因應壓力，爰即使在環境變化 (如季節間的溫濕度變化) 的壓力之下，或許尚有部分種別反能在生態獲相對優勢，得以在地存續，病原基因多樣性及病例數亦可能互為因果，本分析期間，除 2021 年 2 月外，臺東縣終年有個案發生，此或可部分解釋恙蟲病好發於該地區的原因。

國內除針對通報確診病例的調查之外，Kuo 等人亦曾於 2006-2010 年間，對於國內野鼠體表的寄生蟎蟲，鑑定及檢驗其攜帶恙蟲病立克次體的情形，結果呈

現，地里恙蟎 (*Leptotrombidium deliense*) 廣布國內且為最優勢的恙蟎種類 (占 64.9%)，但曾在花蓮縣觀察到，其優勢性被當地的英帕恙蟎 (*L. imphalum*) 所取代，另在季節溫差較大的金門縣及連江縣等外島地區，地里恙蟎 (*L. deliense*) 的優勢性於冬季有被蒼白纖恙蟎 (*L. pallidum*) 及小盾纖恙蟎 (*L. scutellare*) 取代或瓜分，其優勢恙蟎種別隨季節變化而有所不同(Kuo et al., 2015)，爰在國內東部及外島地區等恙蟲病好發地點，其病媒恙蟎種類的呈現亦較其他地區多元，或亦有利於此病原在區域內的傳播。

恙蟲病立克次體可存在於齧齒類動物、哺乳類動物及鳥類等保存宿主 (reservoir)，經由恙蟎在動物間叮咬而傳播此病原與疾病，Kuo 等人於 2006-2010 年間調查國內本土恙蟎所帶恙蟲病立克次體情形，並同採上述的 tsa56 基因分型，結果發現恙蟎體內以 Karp 基因型 (66.4%)、Kawasaki 基因型 (24.3%) 及 Kato 基因型 (7.5%) 為主要型別，占 98.2%(Kuo et al., 2015)，此結果與上述 Chen 等人對於恙蟲病通報確診個案感染之立克次體，在分子流行病學上的觀察結果 (主流型別：Karp 基因型、TW-22 (pan-Kato) 基因型及 Kawasaki 基因型) 類似，又此病原在恙蟎體內可經卵傳播 (transovarial transmission)，此或代表恙蟲病在發生率較高或疾病頻繁的地區，病原已透過穩定的病媒-宿主關係而在地化，惟此等高風險地區之病媒及宿主，仍值得進一步探究。

4. 地方性斑疹傷寒

地方性斑疹傷寒 (endemic typhus fever)，又稱鼠媒性斑疹傷寒 (murine typhus fever)，致病原為斑疹傷寒立克次氏體 (*Rickettsia typhi*)，病媒為具傳染性的跳蚤，其體型微小，係昆蟲綱 (Insecta) 的節肢動物，在生活史中具吸食動物血液以維生及發育之需求。地方性斑疹傷寒病例遍布全世界，其中以亞熱帶和熱帶地區較多，主要發生在有大量老鼠存在，且人鼠鄰近的環境 (如居住的建築物或鄰近社區具有鼠害)，尤其是港埠城市或海岸等溫暖潮濕地區 (Traub and Wisseman, 1978)。在人類的歷史上，首例個案是報告於 1913 年的美國亞特蘭大 (Paullin, 1913)，其傳播途徑是在 1930 年代的墨西哥及美國，經由野鼠的鼠腦研磨乳糜，以及鼠蚤的研磨液，以天竺鼠為模型的動物實驗所逐漸確定 (Dyer et al., 1931; Kemp, 1931; Mooser et al., 1931)。

按本計畫分析結果，地方性斑疹傷寒雖在國內 8 縣市 (桃園市、臺中市、彰化縣、雲林縣、臺南市、高雄市、屏東縣、澎湖縣) 有個案發生情形，但多數

個案集中在臺中市、彰化縣等中部沿/臨海地區，以及高雄市、屏東縣及臺南市仁德區（與高雄市相鄰）等地區，顯具地理集中性。依 2007-2019 年間國際港埠動物血清長期監測資料顯示，國內位處前述地區內的高雄港及臺中港，其動物血清陽性率（分別為 28.29%及 20.1%）亦顯著高於國內其他國際港埠的整體陽性率（8.24%）(Chiang et al., 2022)，過往印尼即曾發現，住在具鼠患的市區居民，其地方性斑疹傷寒的血清抗體陽性率高於鄉村居民(Richards et al., 1997)；此類動物及人類感染具地理關聯的情形，也曾在美國德州有所紀錄(Boostrom et al., 2002; Centers for Disease Control and Prevention, 2009)，另依臺灣港務股份有限公司的統計資料，高雄港與臺中港，2007-2019 年間，其等貨物吞吐量分別為 18 億 7,683 萬 6,717 及 9 億 2,973 萬 0,031 公噸，分別各占臺灣港口總吞吐量的 54%及 27%（臺灣港務股份有限公司；<http://www.twport.com.tw/>），本分析的 2020-2022 年間，高雄港及臺中港貨物吞吐占比亦約占 5 成及 3 成，大量的貿易貨櫃亦可能伴隨與風險城市間交流的可能。

另本分析未在季間發現地方性斑疹傷寒的發生率有所差異，但此如在溫帶國家，病例發生常較集中於熱季或乾季，例如德州的夏末及加州的初秋(Civen and Ngo, 2008)，由於臺灣位處亞熱帶地區，相較溫帶氣候區，臺灣相對溫暖且四季溫差較為緩和，此或可解釋病例雖大多集中於 6、7 月，但終年各月份仍有病例發生，季節性不甚明顯。

如以發生率來看，本計畫分析期間，整體的發生率為每十萬人 0.31 例，相比於賽普勒斯的 24.5 例(Psaroulaki et al., 2012)、克羅埃西亞的 0.57 例(Punda-Polić et al., 2008)、韓國的 0.08 例(Chang et al., 2018)、以色列 0.04 例(Rogozin et al., 2019)，地方性斑疹傷寒在國內各地區形成大規模流行的風險，仍相對有限，惟國內地方性斑疹傷寒具地理位置集中的特性，如僅在個案較多的彰化縣、屏東縣及高雄市地區，又在其轄內發生率最高的鄉鎮市區，其發生率可升高至每 10 萬人 32.03、30.18 及 10.18 例，則呈現相對高的感染風險，對該等地區予以防治或較具效益。

5. 鈎端螺旋體病

鈎端螺旋體病為人畜共通傳染病，好發於熱帶和亞熱帶地區，致病原為鈎端螺旋體屬(*Lepospira* spp.)。鈎端螺旋體病在人身上造成的臨床表現廣泛，從無症狀感染到多重器官衰竭，甚至導致死亡。常好發在降雨或洪水之後，病原體可

經由傷口感染幾乎所有的哺乳類動物，包括野生動物及家畜，主要宿主有老鼠、犬隻、豬、牛、馬及羊等動物。動物感染鈎端螺旋體後，造成腎臟慢性感染，並且由尿液大量排菌，再經由尿液污染水及土壤。人類可經由接觸受鈎端螺旋體感染動物（例如：老鼠、犬隻及豬等）尿液污染的水、食物或土壤而染病，尤其是黏膜表面（例如：眼或鼻）或破損的皮膚接觸到污染物，或不小心中食用受到污染的食物或是飲用水，鈎端螺旋體偶爾也會可透過被齧齒動物咬傷而傳播。但人與人之間的傳播是不常見的，因此職業如農夫、礦工、畜牧業或屠宰場工作者等動物接觸族群，被認為具高危險群(王復德 et al., 2023)，Tsai 等人曾以國內 2007-2014 年資料分析，及觀察到農夫、畜牧業者及獸醫職業，較具罹患鈎端螺旋體病的風險；另在水災氾濫，被鈎端螺旋體污染的動物糞尿液排泄物被洪水沖入水溝和河川，進而接觸到人類的皮膚傷口，亦可能導致鈎端螺旋體病，Tsai 等人即觀察到 2009 年臺灣南部地區發生較多鈎端螺旋體個案，先前曾有水患且發生地附近飼有大量豬隻(Tsai et al., 2020)。爰此，顯見此病原人畜共通傳播特性，因感染宿主廣泛，故與動物息息相關。

因此，本分析呈現，國內鈎端螺旋體病好發於花蓮縣吉安鄉、新北市烏來區及臺東縣達仁鄉等自然環境仍較保留之鄉鎮，此或與該等地區自然環境豐沛，適宜於畜牧或野生動物，進而提供鈎端螺旋體在動物宿主存續的機會，爰人類再不慎接觸到環境中所保留的鈎端螺旋體所致，惟此疾病不侷限於前述地區，國內南部亦曾有多起病例發生的紀錄(Tsai et al., 2020; 衛生福利部疾病管制署)。由於國內存有此病原，爰國人宜避免接觸可能遭受污染的水或土壤，如果可能暴露於病原存在的環境時，需採用適當的防護措施，例如穿長靴，戴手套來避免直接接觸，身上如有傷口須做好適當的防護。平時應注重環境清潔，避免動物排泄物污染環境，高風險區域需進行滅鼠工作，如需清理動物污染的表面或尿液時，建議使用 1:10 的家用含氯漂白水進行消毒。

6. 桿菌性痢疾

本計畫分析呈現桿菌性痢疾多發生於新北市中和區，如進一步就鄉鎮通報確診個案數分布情形來看，此疾病在地理分布上，兼具廣布及聚集性，病例遍及國內北、中、南、東地區，但較集中在新北市中和區等人口較多的各都會區。桿菌性痢疾屬食媒性疾病，其具有在短時間內，在一限定區域內因有較多人口暴露於同一污染來源，而衍生群聚 (cluster) 感染的疾病特性 (如食品中毒事件)，

惟查衛生福利部食品藥物管理署食品中毒發生與防治年報，國內在 2020-2021 年間，食品中毒案件的病因物質，並無桿菌性痢疾致病原—志賀氏桿菌之紀錄(衛生福利部食品藥物管理署, 2020, 2021)，爰本分析觀察到個案多發生在都會區之情形，或與食媒傳播路徑的關聯性較低。除食媒傳播途徑之外，此疾病在人口較為密集擁擠的環境，亦較易經由病菌污染環境，再經人類宿主將病原間接帶入口腔、腸道進而感染之情形，國內即曾在長照機構、校園及家庭內部發生桿菌性痢疾群聚事件(江大雄 et al., 2009; 余幸璇 et al., 2018; 邱乾順 et al., 1999)，此外，自 2015 年起，國內以「本國籍無旅遊史年輕男性」感染族群為桿菌性痢疾個案最大宗，這與此疾病經糞口傳播有關(郭宏偉 et al., 2015)，爰在國內人口較為密集之都會區，如未確保個人衛生習慣，或較易經由直接或間接方式在人群間彼此接觸，又都會區性行為相關文化訊息豐富，亦或與此病原傳播風險有所關聯，防治此疾病，除應落實食品及飲食衛生外，亦應落實個人衛生，勤洗手以降低不慎接觸病原並將其帶入體內之風險，另因國內性傳染疾病感染者合併有桿菌性痢疾之情形，故應儘量避免口肛直接或間接接觸，或採取適當之防護措施，以降低傳播風險。

7. 淋病

淋病致病原奈瑟氏淋病雙球菌於 1879 年由德國醫師 Dr. Albert Neisser 發現(Ligon, 2005)，此病原可透過接觸感染者的黏膜滲出物而感染，染病孕婦更可透過胎盤、產道，使新生兒感染淋菌性結膜炎，然此並主要仍以性行為接觸為主要傳染模式。本計畫分析期間，雖呈現淋病在 11 月及新北市中和區的個案數最多，其發生率在時間及地區上，亦在統計學皆呈現顯著性，惟此疾病歷月皆有許多個案發生（3 年間累積個案數在各月分別有 1,547~2,120 例），且個案近乎遍及各鄉鎮市區，爰舉凡涉及疾病傳播路徑之相關行為，於各時地皆存在疾病發生風險。本次分析所呈現之國內本土個案遍及各區，惟仍稍具地理集中性的型態，與 Jonathan 等人在 1989-1993 年的舊金山觀察情形類似，在該 5 年間的 8,613 名淋病確診個案中，除了在舊金山少數的 1~2 個都市計畫區觀察到臨界顯著性（borderline significance）的感染風險增加情形外，無論是新發生或是重複感染的淋病個案，在舊金山的各區皆有發生紀錄，即經統計分析雖有觀察到少數地區呈現些微較高風險，然整體而言，各地區皆存在病例發生的可能性(Ellen et al., 1997)，與本計畫分析結果所呈現樣態相當雷同。另或可注意的是，本分析呈現

之此疾病個案數的地理分布，與同期桿菌性痢疾的分布略為相似，以人口密集的新北市中和區及各大都會區為最，國內曾有相關報告指出性傳染病與食媒傳染性疾病存有共病性的現象(郭宏偉 et al., 2015)。淋病主要以性行為接觸為主要傳染途徑，因此倘風險行為不具地區或時間的顯著關聯性，可預期此疾病會在各地區及時間發生。

8. 結核病

本分析在地理上觀察到，2020-2022 年間，南投縣仁愛鄉的發生率風險顯著高於其他鄉鎮市區，續接發生率較高的地區為花蓮縣萬榮鄉、新竹縣五峰鄉、臺東縣延平鄉、宜蘭縣南澳鄉及花蓮縣秀林鄉等，皆非屬都會區，且屬原民鄉。此情形與過往衛生福利部疾病管制署長期分析結果相符，即山地原鄉的結核病發生率，高於全國平均，爰此，國內持續對山地原鄉民眾提供防治計畫，例如近年的「山地原鄉縮短通報時效精進策略」、「山地鄉篩檢結合健保醫療健保資源」、「消彌原鄉健康不平等計畫」及「長照機構老人族群及山地原鄉居民 TB 暨 LTBI 整合計畫」、「強化山地原鄉即時判片模式」及「山地原鄉合作院所胸部 X 光篩檢補助計畫」等(衛生福利部疾病管制署, 2023)，並持續推動中。由於結核病屬慢性傳染病，實際感染的日期難自發病時點回推判定，爰本計畫是時間分析方面，改以診斷日分析之，本分析期間，除了 9 月在統計上觀察到臨界顯著性(boradline significance) 的確診風險增加情形外 ($p=0.05$)，各月份皆有個案被檢驗確診，3 年間累積個案數在各月分別有 1,524~1,908 例，並未觀察到有任一月份確診風險較低情形，均具防治政策推行之重要性，以利實現消除結核 (End TB) 目標。

本計畫為 110-113 年多年期計畫之第 3 年，第 4 年 (113 年) 將參考本年分析結果，擇病媒人畜共通傳染病，續辦高風險地環境病媒調查。本計畫所公布資料，係依前述材料及方法擷取資料分析，有關國內傳染病通報確診數據，仍請依衛生福利部疾病管制署年報及該署官方網頁即時數據為準。

五、結論與建議

- (一) 綜觀國際，自動上傳資料程序為顯見從臨床檢驗端自動上傳資料篩選出目
的所需的傳染病檢驗資料，是資料輸入至公共衛生資料庫及應用前的必經
程序。其內容除包含法定傳染病之外，亦包含大量非法定傳染病之檢驗資
料。公共衛生資料庫蒐集之傳染病檢驗數據資料，將來自不同的檢驗機構，
各檢驗機構於自身系統所記載之檢驗結果方式多元，統一的編碼是推動檢
驗結果自動上傳的明確障礙之一，因此，對於自動上傳的推動，落實檢驗
結果統一編碼將有助益且高度建議的重要基礎；而在對於同一檢驗結果所
選用的報告字串，資料勾稽比對篩選步驟（異字同義的整併）之自動化，
則將有助於病例資料完整樣態之呈現。
- (二) 人畜共通傳染病多具病媒或病原生物特性，以日本腦炎為例，其病例積累
呈季節性集中於每年之 5-8 月且好發於養豬場與水稻田等相關生活或工作
場域，探究其原因可扣合其病媒三斑家蚊之生態習性與分布；又以地方性
斑疹傷寒為例，由病例資料勾稽比對可知其多分布於台中、彰化與高雄等
港埠相近地區，具有地域性特性，搭配分析署內港埠鼠類帶病原監測數據，
顯示鼠類之活動分布與帶病原陽性之高峰有相近之處，可見於該等高風險
區域實地進行病媒及病原之採集、檢測與風險評估之必要，且知悉實地病
媒與病原之樣態將有助於傳染病防治與疫苗政策之擬定與推廣。

六、參考文獻：

- Almeida, S.T., Paulo, A.C., Froes, F., de Lencastre, H., Sá-Leão, R., 2021. Dynamics of Pneumococcal Carriage in Adults: A New Look at an Old Paradigm. *J Infect Dis* 223(9), 1590-1600. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiaa558>.
- Anton-Haro, C., Dohler, M., 2015. Introduction to machine-to-machine (M2M) communications, *Machine-to-machine (M2M) Communications*. Elsevier, pp. 1-23.
- Blacksell, S.D., Luksameetanasan, R., Kalambaheti, T., Aukkanit, N., Paris, D.H., McGready, R., Nosten, F., Peacock, S.J., Day, N.P., 2008. Genetic typing of the 56-kDa type-specific antigen gene of contemporary *Orientia tsutsugamushi* isolates causing human scrub typhus at two sites in north-eastern and western Thailand. *FEMS Immunol Med Microbiol* 52(3), 335-342. <https://doi.org/10.1111/j.1574-695X.2007.00375.x>.
- Boostrom, A., Beier, M.S., Macaluso, J.A., Macaluso, K.R., Sprenger, D., Hayes, J., Radulovic, S., Azad, A.F., 2002. Geographic association of *Rickettsia felis*-infected opossums with human murine typhus, Texas. *Emerg Infect Dis* 8(6), 549-554. <https://doi.org/10.3201/eid0806.010350>.
- Centers for Disease Control and Prevention, C., Life Cycle of *Culex* Species Mosquitoes. <https://www.cdc.gov/mosquitoes/about/life-cycles/culex.html>.
- Centers for Disease Control and Prevention, C., 2009. Outbreak of *Rickettsia typhi* infection - Austin, Texas, 2008. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 58(45), 1267-1270.
- Chang, B.J., Kim, S.J., Lee, W.C., Lee, M.J., Choe, N.H., 2018. Comparative Study on the Epidemiological Trends and Aspects of Murine Typhus in Korea in the Last Decade (2006-2015). *J Glob Infect Dis* 10(3), 121-124. https://doi.org/10.4103/jgid.jgid_140_17.
- Chang, Y.K., Chang, H.L., Wu, H.S., Chen, K.T., 2017. Epidemiological Features of Japanese Encephalitis in Taiwan from 2000 to 2014. *Am J Trop Med Hyg* 96(2), 382-388. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0330>.
- Chen, H.F., Peng, S.H., Tsai, K.H., Yang, C.F., Chang, M.C., Hsueh, Y.L., Su, C.L., Wang, R.Y., Shu, P.Y., Yang, S.L., 2022. Molecular epidemiology of scrub typhus in Taiwan during 2006-2016. *PLoS Negl Trop Dis* 16(4), e0010369. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010369>.
- Chiang, P.S., Su, S.W., Yang, S.L., Shu, P.Y., Lee, W.P., Li, S.Y., Teng, H.J., 2022. Delayed correlation between the incidence rate of indigenous murine typhus in humans and the seropositive rate of *Rickettsia typhi* infection in small mammals in Taiwan from 2007-2019. *PLoS Negl Trop Dis* 16(4), e0010394. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010394>.
- Civen, R., Ngo, V., 2008. Murine typhus: an unrecognized suburban vectorborne

- disease. *Clin Infect Dis* 46(6), 913-918. <https://doi.org/10.1086/527443>.
- Control, C.f.D., Prevention, 2008. Supporting public health surveillance through the national electronic disease surveillance system.
- Dowell, S.F., Whitney, C.G., Wright, C., Rose, C.E., Jr., Schuchat, A., 2003. Seasonal patterns of invasive pneumococcal disease. *Emerg Infect Dis* 9(5), 573-579. <https://doi.org/10.3201/eid0905.020556>.
- Dyer, R., Rumreich, A., Badger, L., 1931. The typhus-Rocky Mountain spotted fever group in the United States. *Journal of the American Medical Association* 97(9), 589-595.
- ECDC, 2018. ECDC Public Health Microbiology Strategy 2018–2022. ECDC Stockholm.
- Effler, P., Ching-Lee, M., Bogard, A., Jeong, M.C., Nekomoto, T., Jernigan, D., 1999. Statewide system of electronic notifiable disease reporting from clinical laboratories: comparing automated reporting with conventional methods. *Jama* 282(19), 1845-1850. <https://doi.org/10.1001/jama.282.19.1845>.
- Ellen, J.M., Hessol, N.A., Kohn, R.P., Bolan, G.A., 1997. An investigation of geographic clustering of repeat cases of gonorrhea and chlamydial infection in San Francisco, 1989-1993: evidence for core groups. *J Infect Dis* 175(6), 1519-1522. <https://doi.org/10.1086/516491>.
- Enatsu, T., Urakami, H., Tamura, A., 1999. Phylogenetic analysis of *Orientia tsutsugamushi* strains based on the sequence homologies of 56-kDa type-specific antigen genes. *FEMS Microbiol Lett* 180(2), 163-169. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.1999.tb08791.x>.
- Gao, Q., Su, F., Zhou, Y.B., Chu, W., Cao, H., Song, L.L., Zhou, J.J., Leng, P.E., 2019. Autogeny, Fecundity, and Other Life History Traits of *Culex pipiens molestus* (Diptera: Culicidae) in Shanghai, China. *J Med Entomol* 56(3), 656-664. <https://doi.org/10.1093/jme/tjy228>.
- Gluskin, R.T., Mavinkurve, M., Varma, J.K., 2014. Government leadership in addressing public health priorities: strides and delays in electronic laboratory reporting in the United States. *Am J Public Health* 104(3), e16-21. <https://doi.org/10.2105/ajph.2013.301753>.
- Health, D.o.H.a.H.S.N.I.o., <https://www.hhs.gov/>.
- Jin, D., Wang, Q., Peng, D., Wang, J., Li, B., Cheng, Y., Mo, N., Deng, X., Tao, R., 2021. Development and implementation of an LIS-based validation system for autoverification toward zero defects in the automated reporting of laboratory test results. *BMC Med Inform Decis Mak* 21(1), 174. <https://doi.org/10.1186/s12911-021-01545-3>.
- Kemp, H.A., 1931. Endemic typhus fever: rat flea as a possible vector. *Journal of the American Medical Association* 97(11), 775-777.

- Kuo, C.C., Lee, P.L., Chen, C.H., Wang, H.C., 2015. Surveillance of potential hosts and vectors of scrub typhus in Taiwan. *Parasit Vectors* 8, 611. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-1221-7>.
- Lee, P.I., Huang, Y.C., Hwang, K.P., Liu, C.C., Chiu, C.H., Chen, P.Y., Lu, C.Y., Chen, C.J., Chang, L.Y., Chiu, N.C., Chi, H., Lin, H.C., Wu, K.G., Ho, Y.H., Sun, W., Lin, T.Y., 2020. Recommendations for the use of Japanese encephalitis vaccines. *Pediatr Neonatol* 61(1), 3-8. <https://doi.org/10.1016/j.pedneo.2019.11.009>.
- Leitmeyer, K.C., Espinosa, L., Broberg, E.K., Struelens, M.J., 2020. Automated digital reporting of clinical laboratory information to national public health surveillance systems, results of a EU/EEA survey, 2018. *Euro Surveill* 25(39). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2020.25.39.1900591>.
- Ligon, B.L., 2005. Albert Ludwig Sigismund Neisser: discoverer of the cause of gonorrhoea. *Semin Pediatr Infect Dis* 16(4), 336-341. <https://doi.org/10.1053/j.spid.2005.07.001>.
- Lindahl, J.F., Ståhl, K., Chirico, J., Boqvist, S., Thu, H.T., Magnusson, U., 2013. Circulation of Japanese encephalitis virus in pigs and mosquito vectors within Can Tho city, Vietnam. *PLoS Negl Trop Dis* 7(4), e2153. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002153>.
- M'Ikantha N, M., Southwell, B., Lautenbach, E., 2003. Automated laboratory reporting of infectious diseases in a climate of bioterrorism. *Emerg Infect Dis* 9(9), 1053-1057. <https://doi.org/10.3201/eid0909.020486>.
- Mooser, H., Castaneda, M.R., Zinsser, H., 1931. Rats as carriers of Mexican typhus fever. *Journal of the American Medical Association* 97(4), 231-232.
- Panackal, A.A., M'Ikanatha N, M., Tsui, F.C., McMahon, J., Wagner, M.M., Dixon, B.W., Zubieta, J., Phelan, M., Mirza, S., Morgan, J., Jernigan, D., Pasculle, A.W., Rankin, J.T., Jr., Hajjeh, R.A., Harrison, L.H., 2002. Automatic electronic laboratory-based reporting of notifiable infectious diseases at a large health system. *Emerg Infect Dis* 8(7), 685-691. <https://doi.org/10.3201/eid0807.010493>.
- Paullin, J.E., 1913. Typhus fever with a report of cases. *Southern Medical Journal* 6(1).
- Platt, K., Joo, H., 2006. Japanese encephalitis and West Nile viruses. *Diseases of swine* 9, 359-365.
- Psaroulaki, A., Christou, C., Chochlakis, D., Tsiligianni, I., Sandalakis, V., Georgalis, L., Ioannou, I., Giorgalas, G., Tselentis, Y., 2012. Murine typhus in Cyprus: a 9-year survey. *Trans R Soc Trop Med Hyg* 106(8), 489-495. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2012.02.010>.
- Punda-Polić, V., Luksić, B., Capkun, V., 2008. Epidemiological features of Mediterranean spotted fever, murine typhus, and Q fever in Split-Dalmatia

- County (Croatia), 1982-2002. *Epidemiol Infect* 136(7), 972-979.
<https://doi.org/10.1017/s0950268807009491>.
- Qiang, Y., Tamura, A., Urakami, H., Makisaka, Y., Koyama, S., Fukuhara, M., Kadosaka, T., 2003. Phylogenetic characterization of *Orientia tsutsugamushi* isolated in Taiwan according to the sequence homologies of 56-kDa type-specific antigen genes. *Microbiol Immunol* 47(8), 577-583.
<https://doi.org/10.1111/j.1348-0421.2003.tb03420.x>.
- Richards, A.L., Soeatmadji, D.W., Widodo, M.A., Sardjono, T.W., Yanuwadi, B., Hernowati, T.E., Baskoro, A.D., Roebiyoso, Hakim, L., Soendoro, M., Rahardjo, E., Putri, M.P., Saragih, J.M., Strickman, D., Kelly, D.J., Dasch, G.A., Olson, J.G., Church, C.J., Corwin, A.L., 1997. Seroepidemiologic evidence for murine and scrub typhus in Malang, Indonesia. *Am J Trop Med Hyg* 57(1), 91-95.
<https://doi.org/10.4269/ajtmh.1997.57.91>.
- Rogozin, E., Lazarovitch, T., Weinberger, M., 2019. High Morbidity Due to Murine Typhus Upsurge in Urban Neighborhoods in Central Israel. *Am J Trop Med Hyg* 100(4), 952-956. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.18-0076>.
- Rosen, L., 1986. The natural history of Japanese encephalitis virus. *Annu Rev Microbiol* 40, 395-414. <https://doi.org/10.1146/annurev.mi.40.100186.002143>.
- Straw, B.E., Zimmerman, J.J., D'Allaire, S., Taylor, D.J., 2013. *Diseases of swine*. John Wiley & Sons.
- Su, C.L., Yang, C.F., Teng, H.J., Lu, L.C., Lin, C., Tsai, K.H., Chen, Y.Y., Chen, L.Y., Chang, S.F., Shu, P.Y., 2014. Molecular epidemiology of Japanese encephalitis virus in mosquitoes in Taiwan during 2005-2012. *PLoS Negl Trop Dis* 8(10), e3122. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003122>.
- Tigoi, C.C., Gatakaa, H., Karani, A., Mugo, D., Kungu, S., Wanjiru, E., Jomo, J., Musyimi, R., Ojal, J., Glass, N.E., Abdullahi, O., Scott, J.A., 2012. Rates of acquisition of pneumococcal colonization and transmission probabilities, by serotype, among newborn infants in Kilifi District, Kenya. *Clin Infect Dis* 55(2), 180-188. <https://doi.org/10.1093/cid/cis371>.
- Traub, R., Wisseman, C.L., 1978. The ecology of murine typhus—a critical review. *Trop Dis Bull* 75(4), 237-317.
- Tsai, C.T., Lin, J.N., Lee, C.H., Sun, W., Chang, Y.C., Chen, Y.H., Lai, C.H., 2020. The epidemiology, characteristics and outbreaks of human leptospirosis and the association with animals in Taiwan, 2007-2014: A nationwide database study. *Zoonoses Public Health* 67(2), 156-166. <https://doi.org/10.1111/zph.12667>.
- Voldstedlund, M., Haarh, M., Mølbak, K., 2014. The Danish Microbiology Database (MiBa) 2010 to 2013. *Euro Surveill* 19(1).
<https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2014.19.1.20667>.
- Wasas, A.D., Huebner, R.E., De Blanche, M., Klugman, K.P., 1998. Long-term

survival of *Streptococcus pneumoniae* at room temperature on Dorset egg medium. *J Clin Microbiol* 36(4), 1139-1140.
<https://doi.org/10.1128/jcm.36.4.1139-1140.1998>.

Watson, M., Gilmour, R., Menzies, R., Ferson, M., McIntyre, P., 2006. The association of respiratory viruses, temperature, and other climatic parameters with the incidence of invasive pneumococcal disease in Sydney, Australia. *Clin Infect Dis* 42(2), 211-215. <https://doi.org/10.1086/498897>.

Wu, Y.H., Chen, J.M., Su, C.Y., 2017. Occurrence of old age Japanese Encephalitis: Current situation in Taiwan. *J Formos Med Assoc* 116(12), 915-916.
<https://doi.org/10.1016/j.jfma.2017.04.010>.

Yamanaka, A., Mulyatno, K.C., Susilowati, H., Hendrianto, E., Utsumi, T., Amin, M., Lusida, M.I., Soegijanto, S., Konishi, E., 2010. Prevalence of antibodies to Japanese encephalitis virus among pigs in Bali and East Java, Indonesia, 2008. *Jpn J Infect Dis* 63(1), 58-60.

Yeh, C.-T., Li, C.-L., Ke, C.-J., Chang, C.-M., 2017. Collecting Infectious Disease Data from LARS and Improving Data Quality in Taiwan. *Online Journal of Public Health Informatics* 9(1).

王復德, 何茂旺, 李育霖, 李敏生, 李禎祥, 柯文謙, 柯冠銘, 洪健清, 師健民, 張科, 莊銀清, 陳宜君, 陳抱宇, 陳彥旭, 湯宏仁, 黃玉成, 黃高彬, 黃崧溪, 楊家瑞, 趙麗蓮, 劉伯瑜, 鄭名芳, 盧柏樑, 賴重旭, 2023. 人畜共通傳染病臨床指引, 第三版. 衛生福利部疾病管制署出版.

江大雄, 陳琬菁, 劉士豪, 2009. 臺北縣汐止市某托兒所學童群聚感染桿菌性痢疾事件調查. *疫情報導* 25(1), 18-29.

余幸璇, 黃筱蓮, 簡大任, 廖盈淑, 邱乾順, 鄭皓元, 2018. 2016 年花蓮縣某長照機構桿菌性痢疾群聚事件. *疫情報導* 34(5), 82-87.

林民浩, 葉芝廷, 鄭皓元, 劉宇倫, 郭宏偉, 李佳琳, 劉定萍, 2017. 應用實驗室傳染病自動通報系統於李斯特菌感染監測: 現況與自動研析機制之建置. *疫情報導* 33(11), 189-197.

邱乾順, 江大雄, 賴辛癸, 魏孝倫, 1999. 南投縣竹山鎮桿菌性痢疾流行事件. *疫情報導* 15(9), 291-302.

郭宏偉, 鄔豪欣, 陳婉青, 羅一鈞, 劉定萍, 2015. 2015 年我國年輕男性 HIV 感染者合併桿菌性痢疾與急性病毒性 A 型肝炎流行現況. *疫情報導* 31(24), 626-630.

劉建財, 王亮雯, 溫立力, 羅友聲, 2006. 建構國內檢驗院內碼與 LOINC 碼對應輔助系統. *醫療資訊雜誌* 15(3), 29-40.

衛生福利部食品藥物管理署, 2020. 食品中毒發生與防治年報.

衛生福利部食品藥物管理署, 2021. 食品中毒發生與防治年報.

衛生福利部疾病管制署, <https://www.cdc.gov.tw/>.

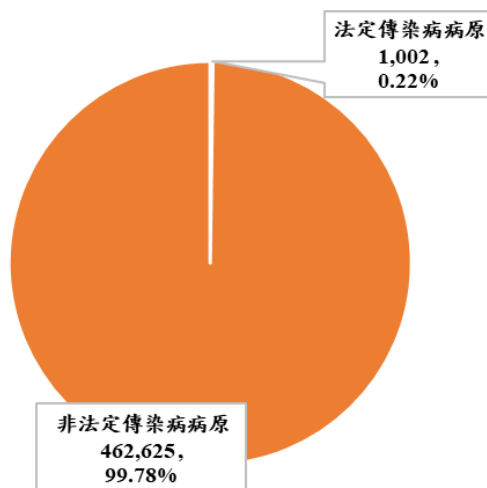
衛生福利部疾病管制署, 2023. 結核病年度流病政策簡報—2023 年結核病流病政策簡報.

https://www.cdc.gov.tw/Category/MPage/YpPM4PxFx3b_6FKuMDYjew.

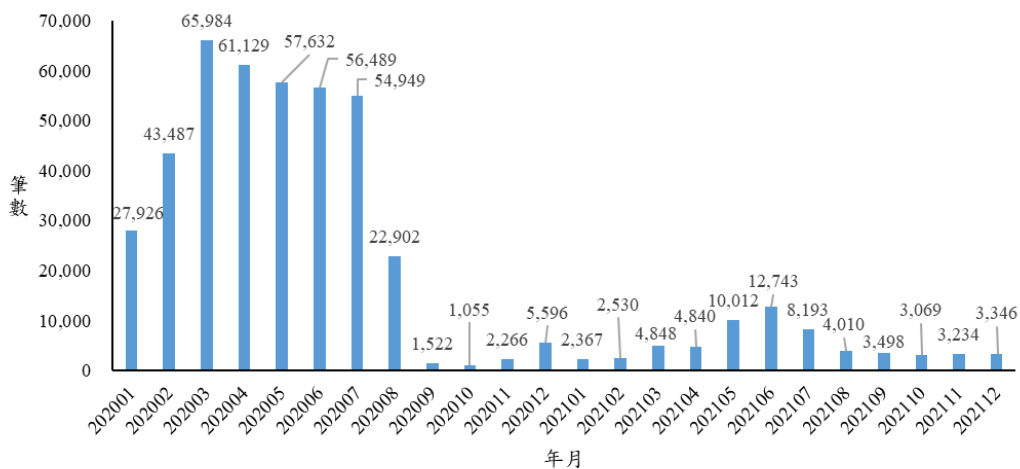
嚴重特殊傳染性肺炎中央流行疫情指揮中心, 2021. 5 月 23 日全國防疫會議後記者會報告.

七、圖表

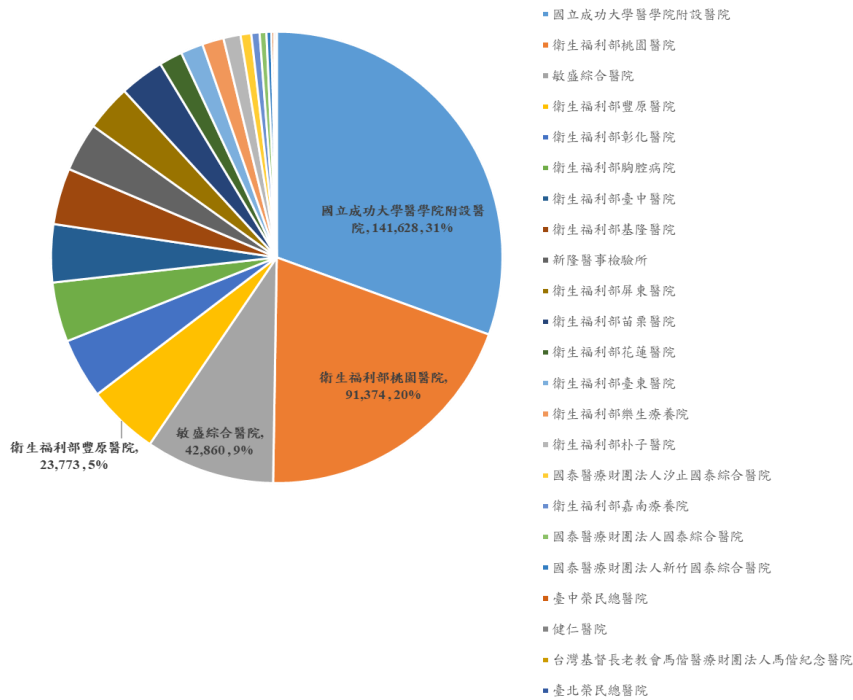
圖一、2020-2021 年法定傳染病病原及非法定傳染病病原之自動上傳檢出數



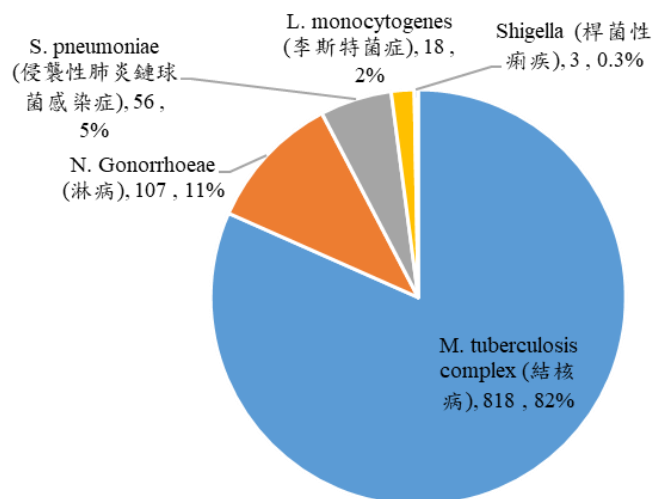
圖二、2020-2021 年自動上傳檢出數



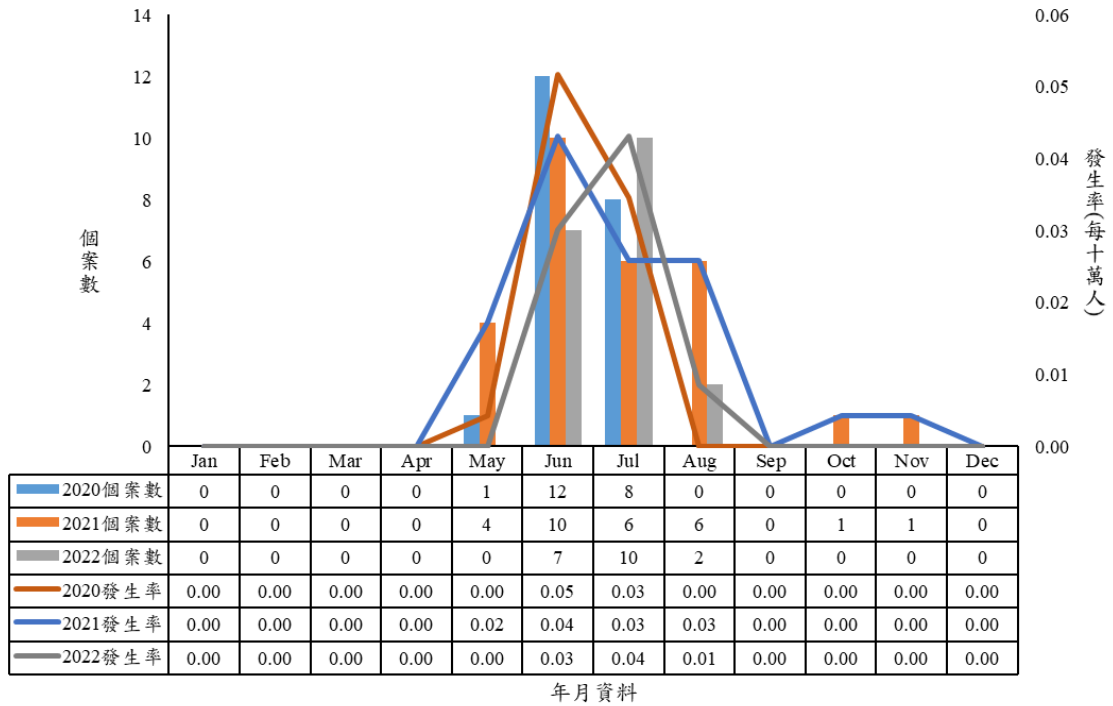
圖三、2020-2021 年各機構自動上傳檢出數



圖四、2020-2021 年各法定傳染病致病原自動上傳檢出數

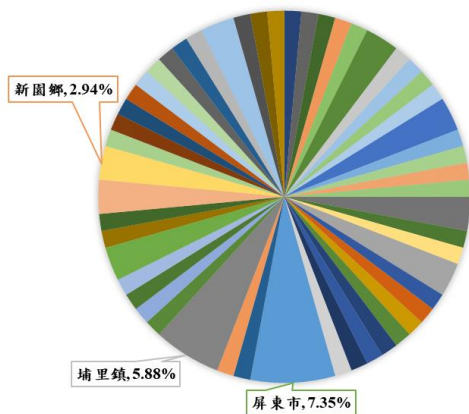


圖五、日本腦炎每月確診個案數及發生率

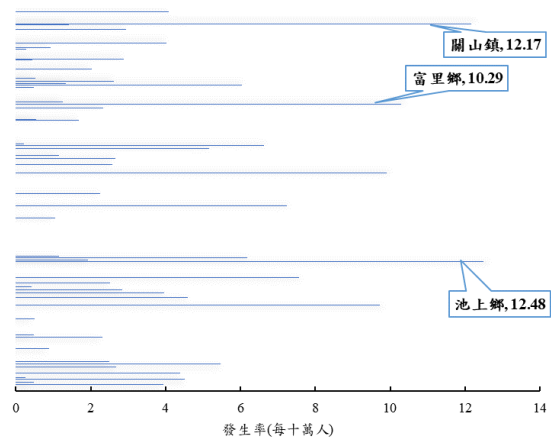


圖六、2020-2022 年間日本腦炎在鄉鎮市區累積個案數占比及發生率

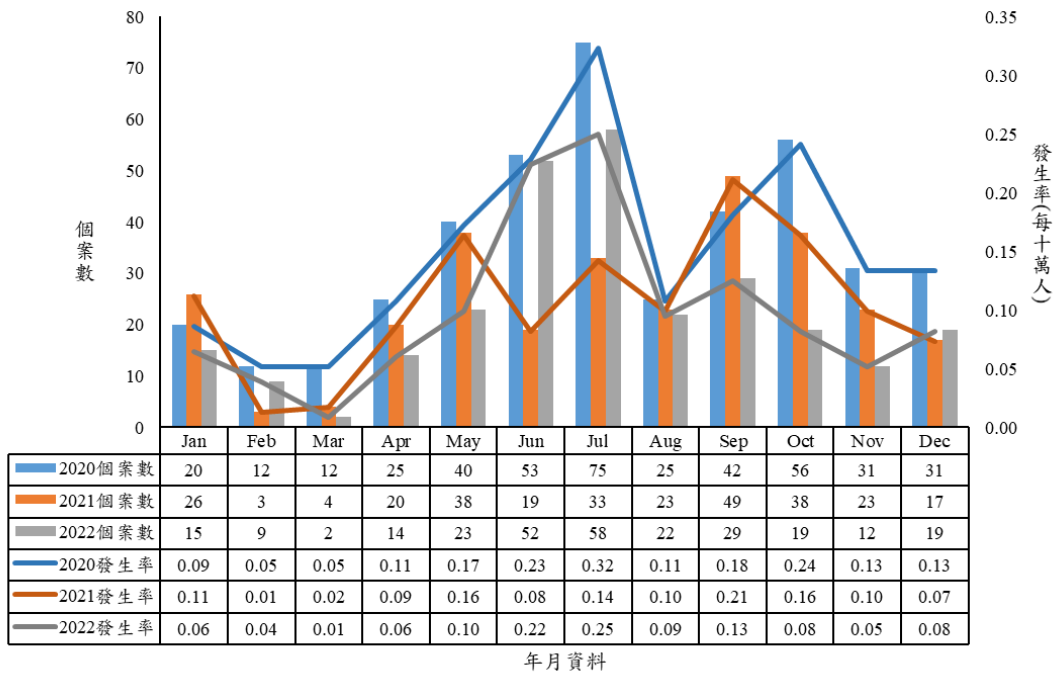
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

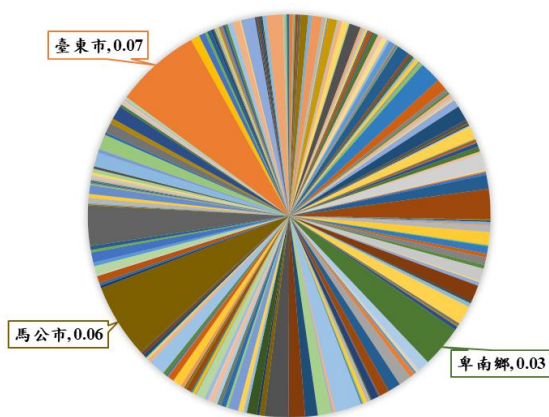


圖七、恙蟲病每月確診個案數及發生率

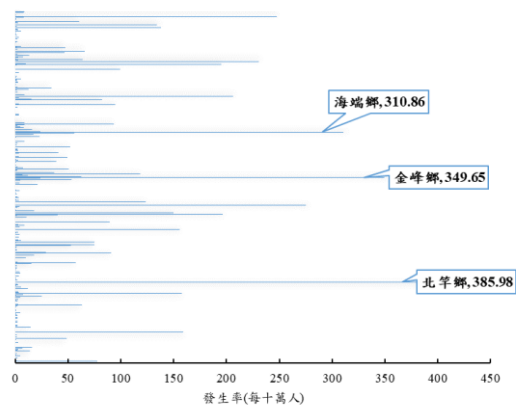


圖八、2020-2022 年間恙蟲病鄉鎮累積個案數占比及發生率

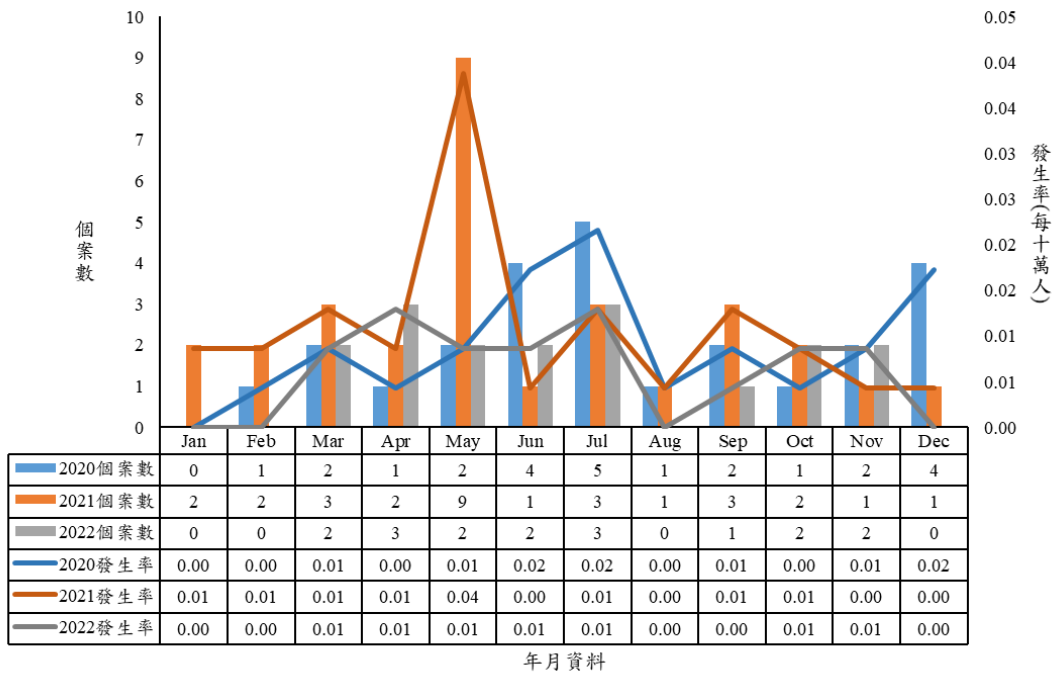
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

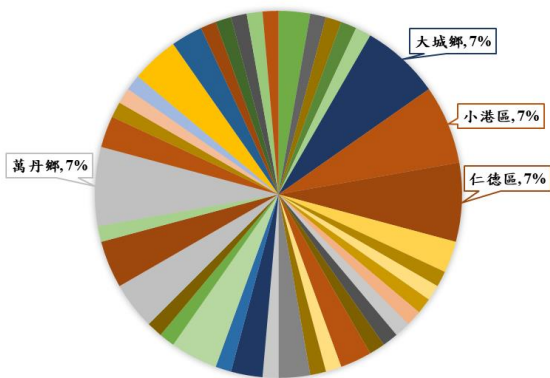


圖九、地方性斑疹傷寒每月確診個案數及發生率

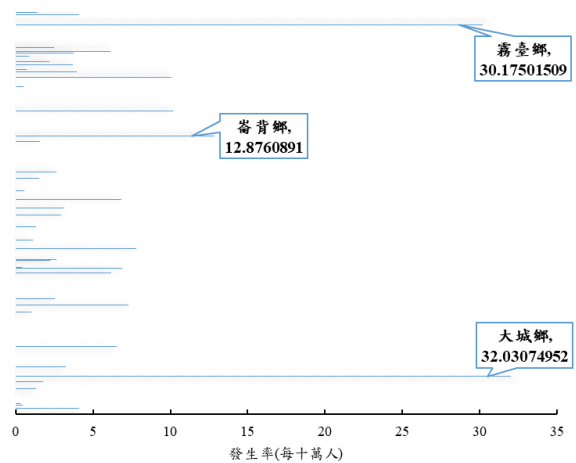


圖十、2020-2022年間地方性斑疹傷寒鄉鎮累積個案數占比及發生率

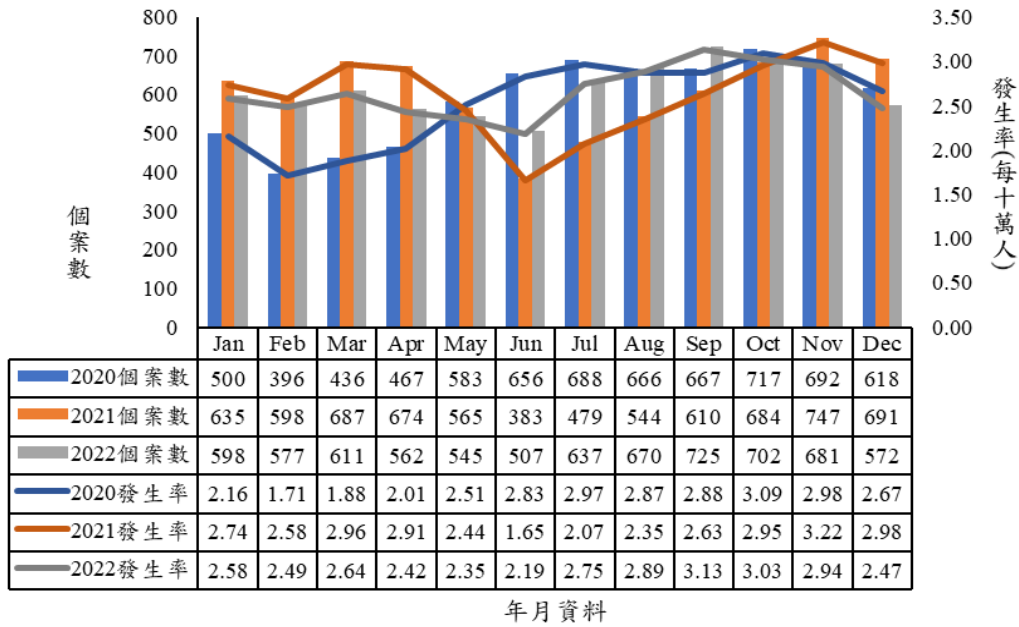
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

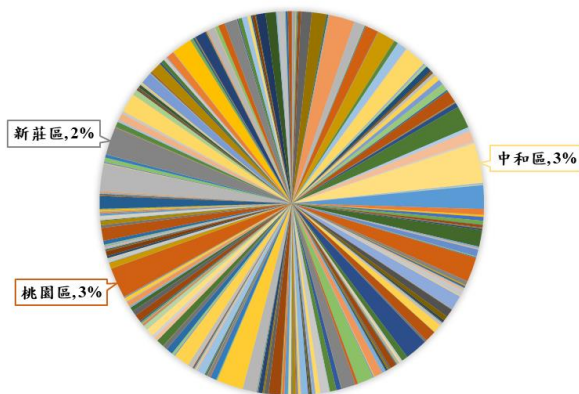


圖十一、淋病每月確診個案數及發生率

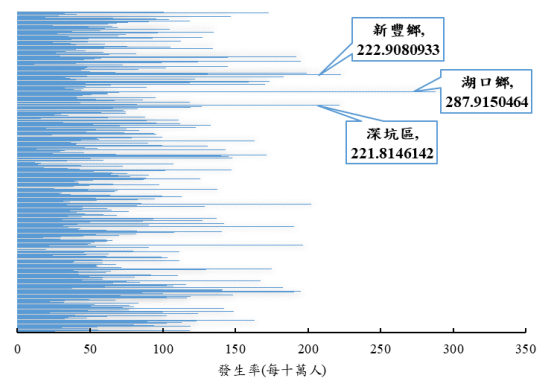


圖十二、2020-2022 年間淋病鄉鎮累積個案數占比及發生率

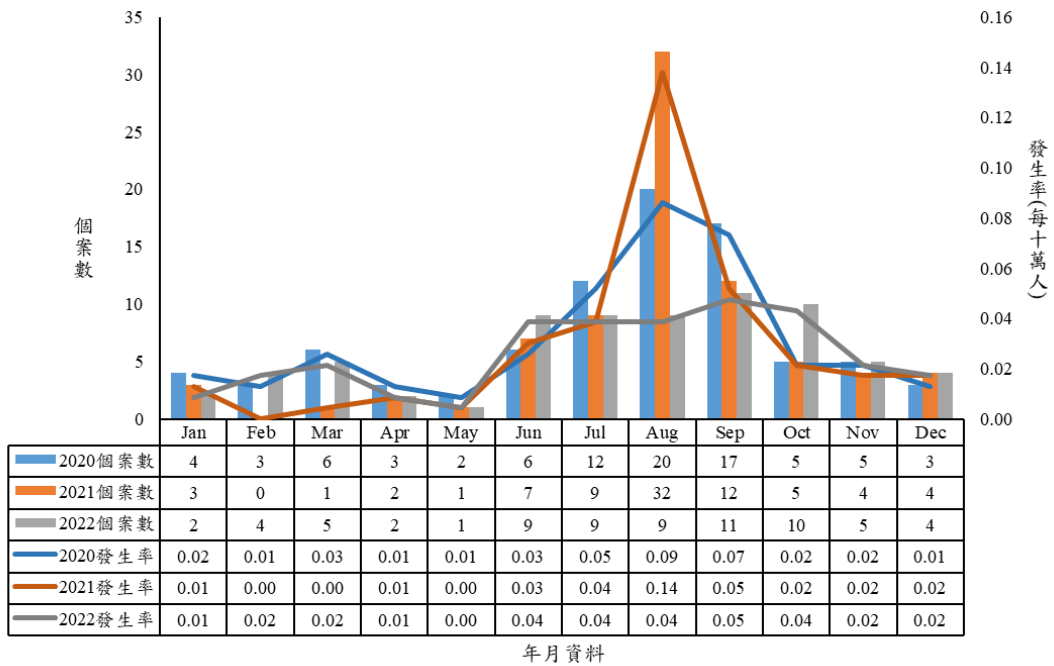
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

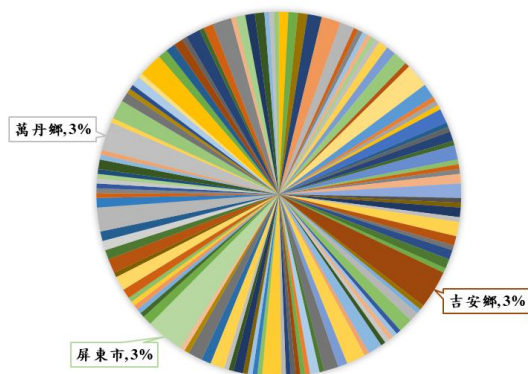


圖十三、鉤端螺旋體病每月確診個案數及發生率

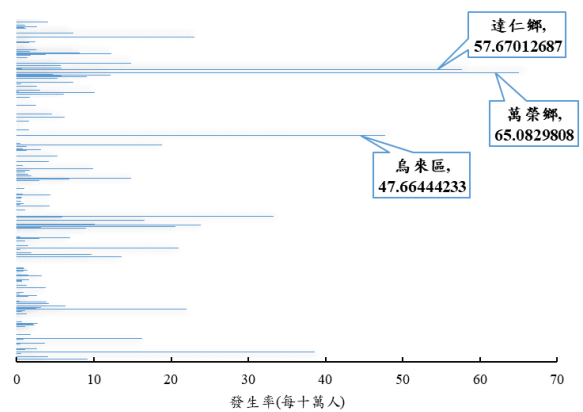


圖十四、2020-2022 年間鉤端螺旋體病鄉鎮累積個案數占比及發生率

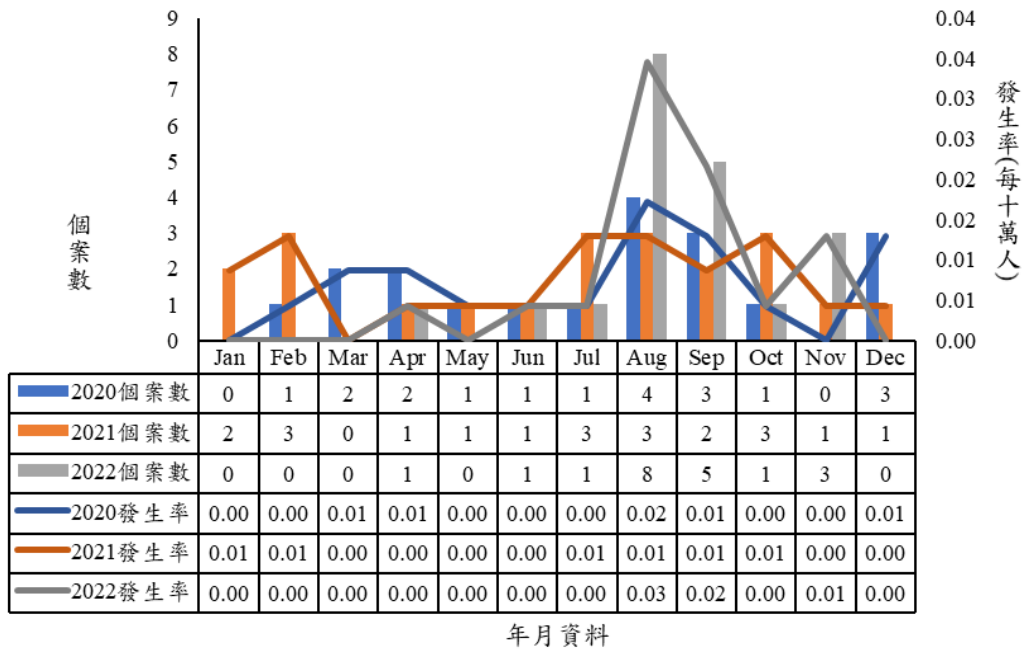
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

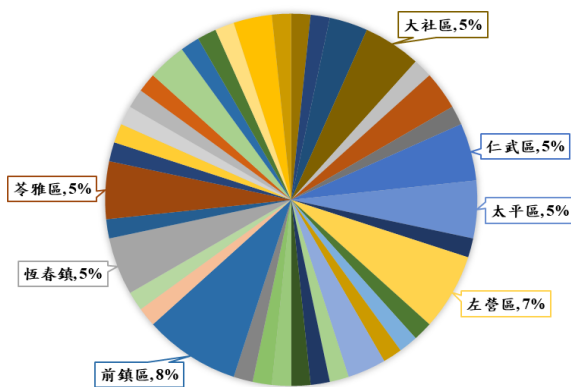


圖十五、類鼻疽每月確診個案數及發生率

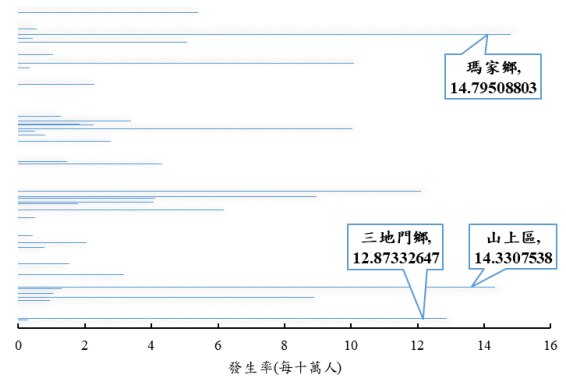


圖十六、2020-2022年間類鼻疽鄉鎮累積個案數占比及發生率

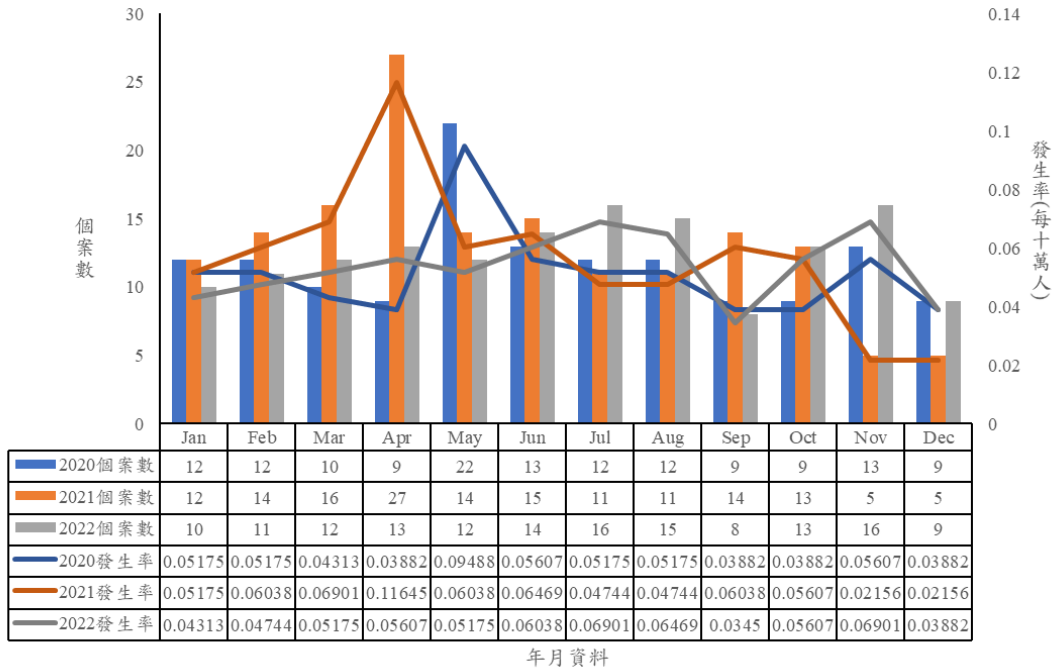
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

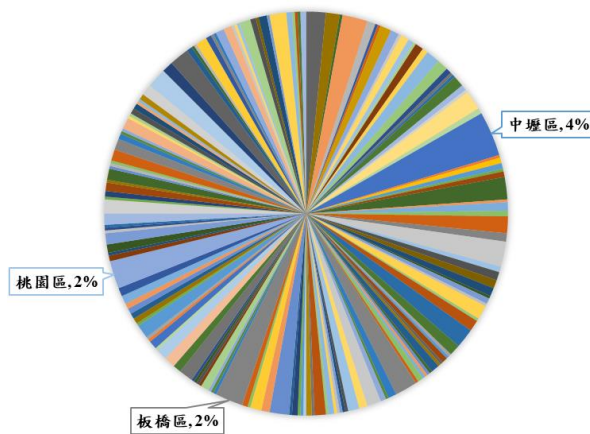


圖十七、李斯特菌症每月確診個案數及發生率

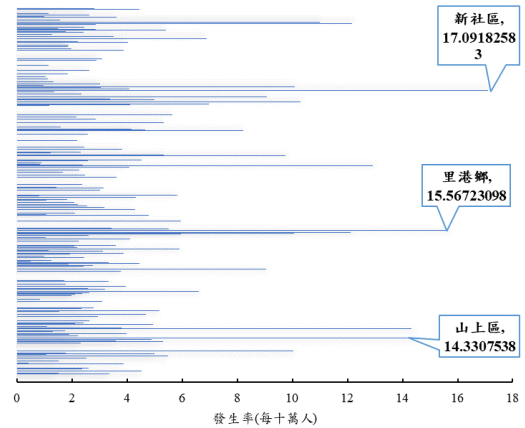


圖十八、2020-2022 年間李斯特菌症鄉鎮累積個案數占比及發生率

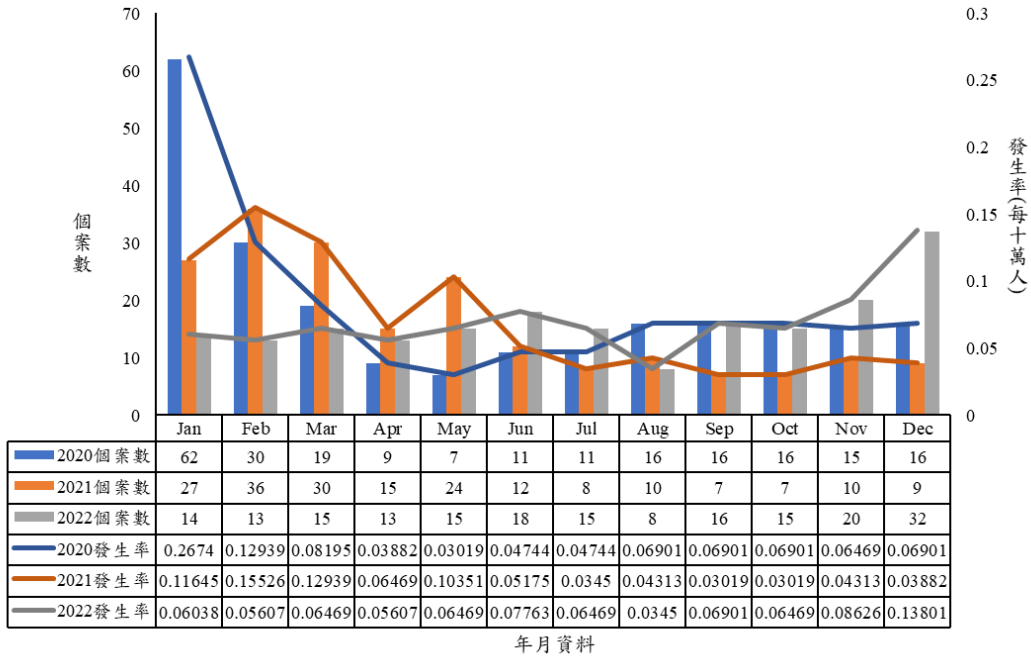
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

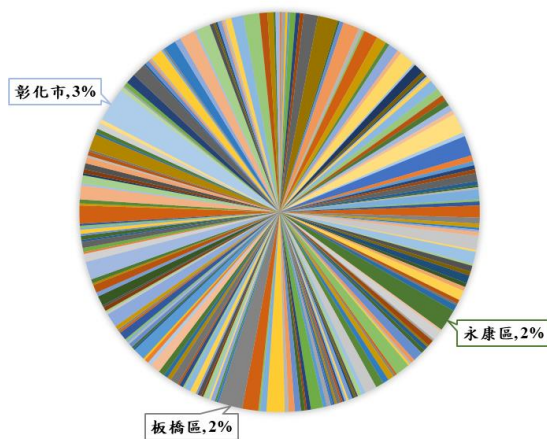


圖十九、侵襲性肺炎鏈球菌感染症每月確診個案數及發生率

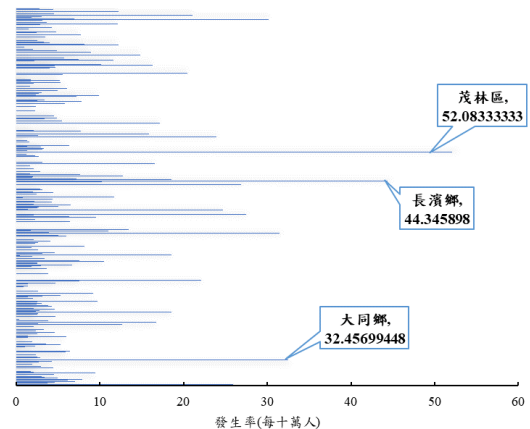


圖二十、2020-2022 年間侵襲性肺炎鏈球菌感染症鄉鎮累積個案數占比及發生率

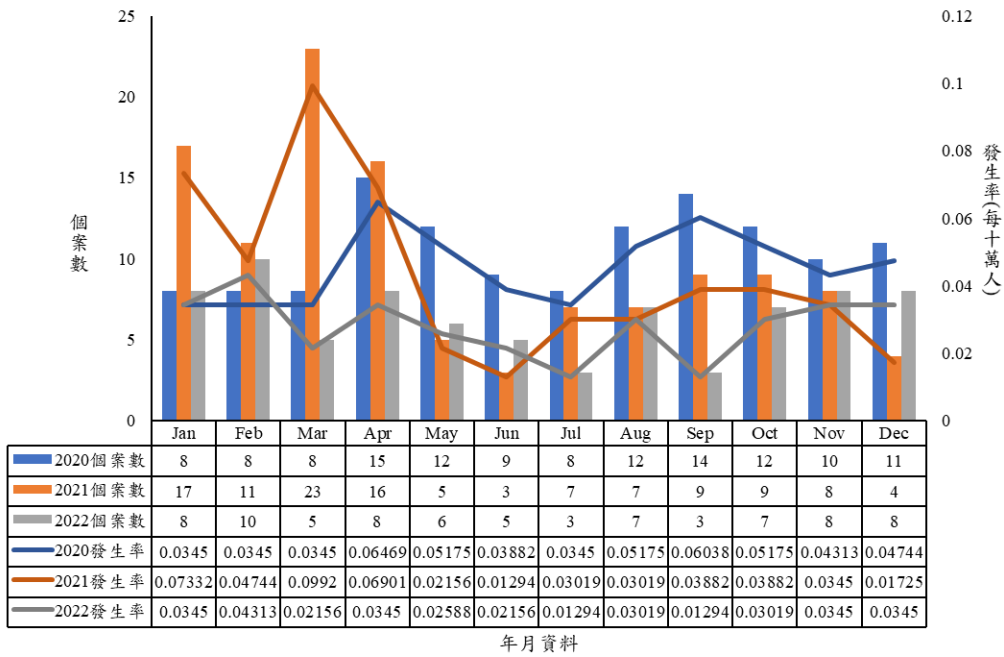
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

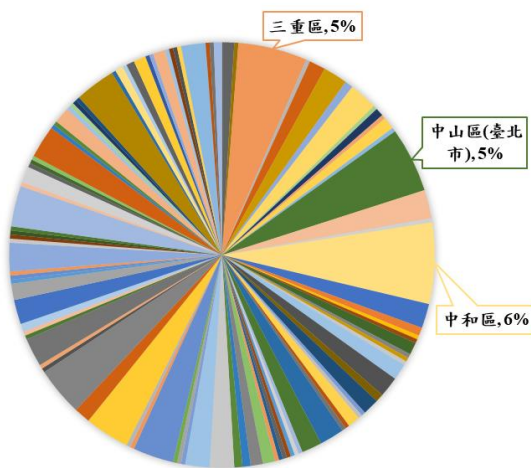


圖二十一、桿菌性痢疾每月確診個案數及發生率

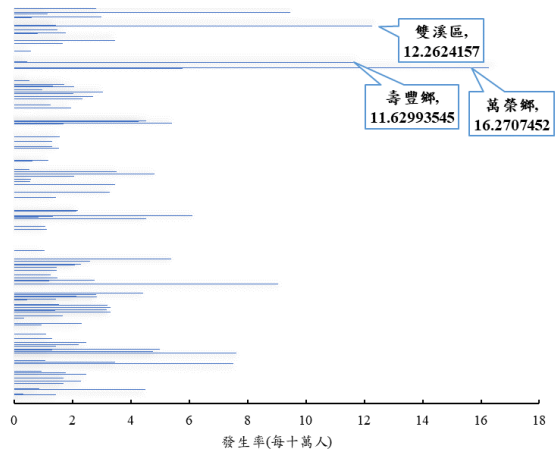


圖二十二、2020-2022 年間桿菌性痢疾鄉鎮累積個案數占比及發生率

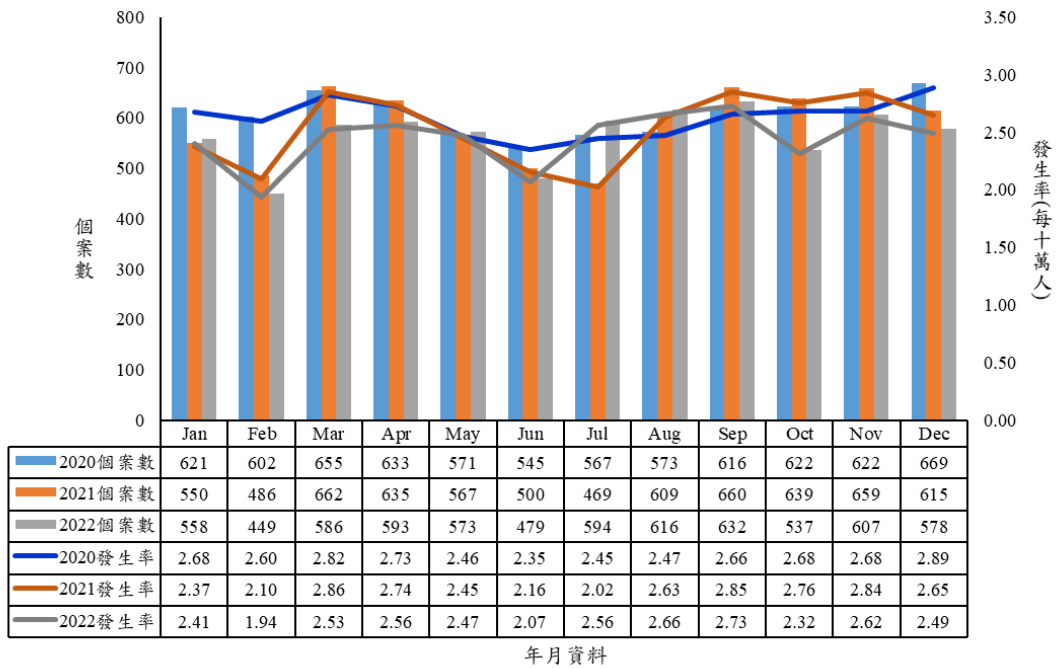
(A) 累積個案數占比



(B) 發生率

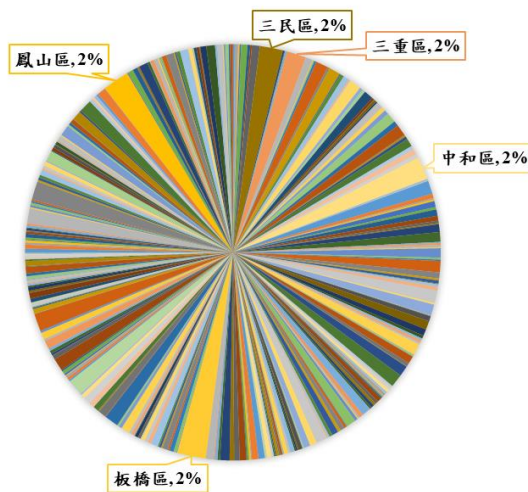


圖二十三、結核病每月確診個案數及確診發生率

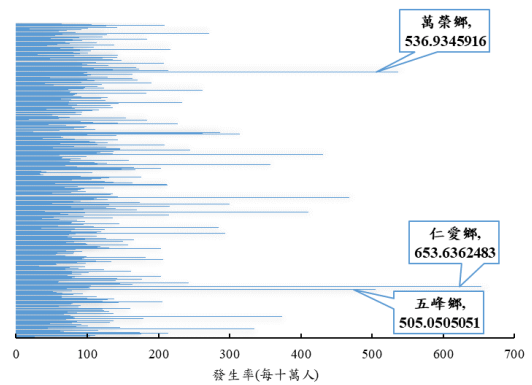


圖二十四、2020-2022 年間結核病鄉鎮累積確診個案數占比及確診發生率

(A) 累積個案數占比



(B) 發生率



表一、淋病致病原，自動上傳資料對應法定傳染病通報系統資料庫通報確診資料情形

傳染病檢驗機構	機構通報送驗確診數 ^a	機構自動上傳陽性檢出數 ^b	自動上傳資料勾稽法傳通報系統確診資料筆數（對應筆數）						
			同期通報資料勾稽條件（身分條件/發病條件）				小計（併計） ^c	對應筆數占同期確診數比例（%）	對應比數占自動上傳陽性檢出數比例（%）
			同名、出生年、且同發病年月	同名、出生年且同發病年	同個人證號、且同發病年月	同個人證號且同發病年			
國泰醫療財團法人汐止國泰綜合醫院	140	21	14	14	21	21	21	15.0%	100.0%
國泰醫療財團法人國泰綜合醫院	130	1	1	1	1	1	1	0.8%	100.0%
國泰醫療財團法人新竹國泰綜合醫院	96	1	1	1	1	1	1	1.0%	100.0%
衛生福利部桃園醫院	223	47	39	47	39	47	47	21.1%	100.0%
衛生福利部彰化醫院	15	2	2	2	2	2	2	13.3%	100.0%
衛生福利部臺中醫院	39	12	5	10	6	11	11	28.2%	91.7% ^d
衛生福利部樂生療養院	29	1	1	1	1	1	1	3.4%	100.0%
衛生福利部豐原醫院	102	12	12	12	12	12	12	11.8%	100.0%
臺中榮民總醫院	94	2	0	2	0	2	2	2.1%	100.0%
國立成功大學醫學院附設醫院	145	8	4	5	4	5	5	3.4%	62.5% ^e
總計	1,013	107	79	95	87	103	103	10.2%	96.3%

a. 資料來源：疫情資料倉儲 BO（疾病管制署法定傳染病通報資料庫）。

b. 資料來源：傳染病檢驗機構自動上傳資料庫。

c. 對應任一勾稽條件之筆數。

d. 1 件檢出僅列於自動上傳資料庫，其具外籍身分，爰具多重證號可能性（如：護照、居留證或身分證等），及其姓名亦可能於資料庫間以不同語文呈現，或致勾稽未能對應，另可能未符通報定義檢驗條件以外之臨床條件。

e. 3 件檢出（歸入後計 2 例）僅列於自動上傳資料庫，皆具本國籍，惟可能未符通報定義檢驗條件以外之臨床條件。

表二、侵襲性肺炎鏈球菌感染症致病原，自動上傳資料對應法定傳染病通報系統資料庫通報確診資料情形

傳染病檢驗機構	機構通報送驗確診數 ^a	機構自動上傳陽性檢出數 ^b	自動上傳資料勾稽法傳染病通報系統確診資料筆數（對應筆數）						
			同期通報資料勾稽條件（身分條件/發病條件）				小計（併計） ^c	對應筆數占同期確診數比例（%）	對應比數占自動上傳陽性檢出數比例（%）
			同名、同出生年、且同發病月	同名、同出生年、且同發病年	同個人證號、且同發病年月	同個人證號、且同發病年			
國立成功大學醫學院附設醫院	34	34	2	2	2	2	2	5.9%	5.9% ^d
衛生福利部彰化醫院	4	6	2	2	2	2	2	50.0%	33.3% ^e
衛生福利部樂生療養院	6	6	2	4	2	4	4	66.7%	66.7% ^f
衛生福利部豐原醫院	14	4	3	3	3	3	3	21.4%	75.0% ^g
衛生福利部基隆醫院	1	1	0	0	0	0	0	0.0%	0.0% ^g
衛生福利部桃園醫院	1	1	0	0	0	0	0	0.0%	0.0% ^g
衛生福利部臺中醫院	2	2	0	0	0	0	0	0.0%	0.0% ^h
總計	62	54	9	11	9	11	11	17.7%	20.4%

a. 資料來源：疫情資料倉儲 BO（疾病管制署法定傳染病通報資料庫）。

b. 資料來源：傳染病檢驗機構自動上傳資料庫。

c. 對應任一勾稽條件之筆數。

d. 32 件檢出（歸入後計 27 例），具本國籍，檢體皆非屬「正常無菌檢體」。

e. 4 件檢出僅列於自動上傳資料庫，具本國籍，檢體皆非屬「正常無菌檢體」。

f. 2 件檢出（歸入後計 1 例），具本國籍，檢體皆非屬「正常無菌檢體」。

g. 1 件檢出，具本國籍，檢體皆非屬「正常無菌檢體」。

h. 2 件檢出，具本國籍，檢體皆非屬「正常無菌檢體」。

表三、李斯特菌症致病原，自動上傳資料對應法定傳染病通報系統資料庫通報確診資料情形

傳染病檢驗機構	機構通報送驗確診數 ^a	機構自動上傳陽性檢出數 ^b	自動上傳資料勾稽法傳染病通報系統確診資料筆數（對應筆數）						
			同期同報資料勾稽條件（身分條件/發病條件）				小計（併計） ^c	對應筆數占同期確診數比例（%）	對應比數占自動上傳陽性檢出數比例（%）
			同名、同出生年且同發病年月	同名、同出生年且同發病年	同個人證號、且同發病年月	同個人證號、且同發病年			
國立成功大學醫學院附設醫院	15	9	6	6	7	9	9	60.0%	100.0%
衛生福利部桃園醫院	17	5	5	5	5	5	5	29.4%	100.0%
衛生福利部屏東醫院	2	2	2	2	2	2	2	100.0%	100.0%
衛生福利部豐原醫院	3	2	0	0	0	0	0	0.0%	0.0% ^d
總計	37	18	13	13	14	16	16	43.2%	88.9%

a.資料來源：疫情資料倉儲 BO(疾病管制署法定傳染病通報資料庫)。

b.資料來源：傳染病檢驗機構自動上傳資料庫。

c.可對應任一勾稽條件之筆數。

d. 2 件檢出(歸人後 1 例) 僅列於自動上傳資料庫，具本國籍，查國內李斯特菌症係針對侵襲性感染規範通報義務(如：敗血症、腦膜炎、骨髓炎、心包膜炎、腹膜炎等重症)，而該例診斷係載列發燒及十二指腸潰瘍症狀之慢性腎病患者。

表四、桿菌性痢疾致病原，自動上傳資料對應法定傳染病通報系統資料庫通報確診資料情形

傳染病檢驗機構	機構通報送驗確診數 ^a	機構自動上傳陽性檢出數 ^b	自動上傳資料勾稽法傳通報系統確診資料筆數(對應筆數)						
			同期同報資料勾稽條件 (身分條件/發病條件)				小計(併計) ^c	對應筆數占同期 確診數比例(%)	對應比數占自動上傳 陽性檢出數比例(%)
			同名、同出生 年、且同發病年 月	同名、同出生 年、且同發病年	同個人證號、 且同發病年月	同個人證 號、且同發病 年			
衛生福利部桃園醫院	110	3	3	3	3	3	3	2.7%	100.0%
總計	110	3	3	3	3	3	3	2.7%	100.0%

a. 資料來源：疫情資料倉儲 BO(疾病管制署法定傳染病通報資料庫)。

b. 資料來源：傳染病檢驗機構自動上傳資料庫。

c. 可對應任一勾稽條件之筆數。

表五、結核病致病原，自動上傳資料對應法定傳染病通報系統資料庫通報確診資料情形

傳染病檢驗機構	機構自動上傳陽性檢出數 ^a	自動上傳資料勾稽法傳通報系統 ^b 確診資料筆數 (對應筆數)	對應筆數檢體具法傳通報編號比例(%)
國立成功大學醫學院附設醫院	189	189	100.00%
衛生福利部桃園醫院	278	264	94.96% (264/278) ^c
衛生福利部胸腔病院	195	192	98.46% (192/195) ^d
衛生福利部彰化醫院	39	35	89.74% (35/39) ^e
衛生福利部臺中醫院	39	38	97.44% (38/39) ^f
衛生福利部基隆醫院	18	18	100.00%
衛生福利部豐原醫院	20	20	100.00%
國泰醫療財團法人汐止國泰綜合醫院	7	7	100.00%
國泰醫療財團法人新竹國泰綜合醫院	21	21	100.00%
衛生福利部苗栗醫院	9	9	100.00%
衛生福利部樂生療養院	3	3	100.00%
總計	818	796	97.31% (796/818)

a. 資料來源：疫情資料倉儲 BO (疾病管制署法定傳染病通報資料庫)。

b. 資料來源：傳染病檢驗機構自動上傳資料庫。

c. 14 件檢出 (歸入後 4 例) 僅列於自動上傳資料庫，其具外籍身分，爰具多重證號可能性 (如：護照、居留證或身分證等)，及其姓名亦可能於資料庫間以不同語文呈現，或致勾稽對應困難。

d. 3 件檢出 (歸入後 3 例) 僅列於自動上傳資料庫，其具外籍身分，爰具多重證號可能性 (如：護照、居留證或身分證等)，及其姓名亦可能於資料庫間以不同語文呈現，或致勾稽對應困難。

e. 4 件檢出 (歸入後 4 例) 僅列於自動上傳資料庫，其具外籍身分，爰具多重證號可能性 (如：護照、居留證或身分證等)，及其姓名亦可能於資料庫間以不同語文呈現，或致勾稽對應困難。

f. 1 件檢出僅列於自動上傳資料庫，其具外籍身分，爰具多重證號可能性，及其姓名亦可能於資料庫間以不同語文呈現，或致勾稽對應困難。

表六、2020-2022 年間日本腦炎每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Jun	29	42.65%
Jul	24	35.29%
Aug	8	11.76%
May	5	7.35%
Oct	1	1.47%
Nov	1	1.47%
Jan	0	0.00%
Feb	0	0.00%
Mar	0	0.00%
Apr	0	0.00%
Sep	0	0.00%
Dec	0	0.00%
總計	68	100.00%

月份依個案數由多至少排序呈現。

表七、2020-2022 年間恙蟲病每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Jul	166	16.78%
Jun	124	12.54%
Sep	120	12.13%
Oct	113	11.43%
May	101	10.21%
Aug	70	7.08%
Dec	67	6.77%
Nov	66	6.67%
Jan	61	6.17%
Apr	59	5.97%
Feb	24	2.43%
Mar	18	1.82%
總計	989	100.00%

月份依個案數由多至少排序呈現。

表八、2020-2022 年間地方性斑疹傷寒每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
May	13	18.06%
Jul	11	15.28%
Mar	7	9.72%
Jun	7	9.72%
Apr	6	8.33%
Sep	6	8.33%
Oct	5	6.94%
Nov	5	6.94%
Dec	5	6.94%
Feb	3	4.17%
Jan	2	2.78%
Aug	2	2.78%
總計	72	100.00%

月份依個案數由多至少排序呈現。

表九、2020-2022 年間淋病每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Nov	2,120	9.73%
Oct	2,104	9.66%
Sep	2,003	9.20%
Aug	1,882	8.64%
Dec	1,881	8.64%
Jul	1,805	8.29%
Mar	1,734	7.96%
Jan	1,733	7.96%
Apr	1,705	7.83%
May	1,694	7.78%
Feb	1,571	7.21%
Jun	1,547	7.10%
總計	21,779	100.00%

表十、109-111 年間鉤端螺旋體病每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Aug	61	25.74%
Sep	40	16.88%
Jul	30	12.66%
Jun	22	9.28%
Oct	20	8.44%
Nov	14	5.91%
Mar	12	5.06%
Dec	11	4.64%
Jan	9	3.80%
Feb	7	2.95%
Apr	7	2.95%
May	4	1.69%
總計	237	100.00%

表十一、2020-2022 年間類鼻疽每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Aug	15	25.00%
Sep	10	16.67%
Jul	5	8.33%
Oct	5	8.33%
Feb	4	6.67%
Apr	4	6.67%
Nov	4	6.67%
Dec	4	6.67%
Jun	3	5.00%
Jan	2	3.33%
Mar	2	3.33%
May	2	3.33%
總計	60	100.00%

表十二、2020-2022 年間李斯特菌症每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Apr	49	10.94%
May	48	10.71%
Jun	42	9.38%
Jul	39	8.71%
Mar	38	8.48%
Aug	38	8.48%
Feb	37	8.26%
Oct	35	7.81%
Jan	34	7.59%
Nov	34	7.59%
Sep	31	6.92%
Dec	23	5.13%
總計	448	100.00%

表十三、2020-2022 年間侵襲性肺炎鏈球菌感染症每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Jan	103	16.69%
Feb	79	12.80%
Mar	64	10.37%
Dec	57	9.24%
May	46	7.46%
Nov	45	7.29%
Jun	41	6.65%
Sep	39	6.32%
Oct	38	6.16%
Apr	37	6.00%
Jul	34	5.51%
Aug	34	5.51%
總計	617	100.00%

表十四、2020-2022 年間桿菌性痢疾每月累積個案數及占比

發病月	個案數	個案數占比 (%)
Apr	39	12.04%
Mar	36	11.11%
Jan	33	10.19%
Feb	29	8.95%
Oct	28	8.64%
Aug	26	8.02%
Sep	26	8.02%
Nov	26	8.02%
May	23	7.10%
Dec	23	7.10%
Jul	18	5.56%
Jun	17	5.25%
總計	324	100.00%

表十五、2020-2022 年間結核病每月確診累積個案數及占比

確診月	個案數	個案數占比 (%)
Sep	1908	9.02%
Mar	1903	9.00%
Nov	1888	8.93%
Dec	1862	8.80%
Apr	1861	8.80%
Aug	1798	8.50%
Oct	1798	8.50%
Jan	1729	8.18%
May	1711	8.09%
Jul	1630	7.71%
Feb	1537	7.27%
Jun	1524	7.21%
總計	21149	100.00%

附圖一之一~十，因資料量龐大難以於此一一列出，詳細內容請參詳 GRB 系統電子檔案。

附圖二之一~十，因資料量龐大難以於此一一列出，詳細內容請參詳 GRB 系統電子檔案。

112 年度科技研究計畫期末執行進度審查意見回復表

計畫名稱：人畜共通傳染病檢驗資料加值應用

計畫主持人：陳秀玲

填報日期：112 年 12 月 21 日

序號	審查意見	辦理情形說明	修正處頁碼
1	本計畫分析結果顯示，認可檢驗機構檢驗資料自動上傳有助益於輔助現行人工上傳作業，在實務上應具應用價值。	謝謝委員。	無
2	對全國傳染病之流行病學分析之完整性有助益。	謝謝委員。	無
3	可以減輕醫院端通報人員之負擔和減少錯誤之產生。	謝謝委員。	無
4	研究方法正確適當，結論及建議具實用價值，具創新及可行性，對施政有明顯助益。	謝謝委員。	無
5	就本計畫(或系統)之原意乃希望能接受陰性之檢驗報告(以掌握前言中所論及之傳染病檢驗全貌)、以及減少法傳檢體人工登打對醫院之負擔，但結果除肺結核外之陽性檢體與法傳系統通報病例數之吻合度均偏低，顯示檢驗報告在介接上有相當大的落差，無法改善人工登打	謝謝委員建議。 自動上傳資料更可反映法定傳染病通報資料庫以外之陽性檢出紀錄，從檢驗面向廣泛地瞭解國內傳染病病原，然除結核病外，本研究亦觀察到，傳染病相關的自動上傳資料確尚有限，國內仍有持續推動檢驗機構自動上傳相關政策之需求，甫能藉由自動上傳資料，反映國內傳染病的全貌，更盼能進而利	p18

序號	審查意見	辦理情形說明	修正處 頁碼
	之問題，亦難以掌握所謂傳染病檢驗之全貌。可能仍需思考改善的目標或策略。	用上傳檢驗數來建立地區和時間的檢驗量閾值，應用於協助疫情之預測。	
6	未見於報告中呈現投稿情形。	目前仍整理相關數據，準備投稿中。	無
7	建議以上傳檢驗數(或含檢驗值)來建立地區和時間的檢驗量閾值，來評估是否有某些醫院(實驗室)有系統性的介接問題發生以改善資料品質，以及在疫情上升前先發現檢驗量增加來協助疫情之預測。	謝謝委員建議。 於未來的上傳數值分析向量，可依委員建議方式以改善資料品質與協助疫情預測。	無

備註：如有修正期末報告內容，請註明頁碼，並務必於 112 年 12 月 22 日前至 GRB 系統完成資料抽換。