



รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์  
Weekly Epidemiological Surveillance Report, Thailand

ปีที่ 49 ฉบับที่ 8 : 9 มีนาคม 2561

Volume 49 Number 8 : March 9, 2018

สำนักโรคระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข / Bureau of Epidemiology, Department of Disease Control, Ministry of Public Health



นิตยสารฉบับ

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่และพื้นที่เสี่ยงของโรคไข้เลือดออกในประเทศไทย  
(Spatial correlation and hot spot analysis of dengue hemorrhagic fever in Thailand)

✉ viewfetc@gmail.com

ปณิธิ ธัมมวิจยะ<sup>1</sup>, ดารินทร์ อารีโยชชัย<sup>2</sup>

<sup>1</sup>สำนักโรคระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข

<sup>2</sup>สำนักโรคติดต่ออุบัติใหม่ กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข

#### บทคัดย่อ

**บทนำ:** โรคไข้เลือดออกเป็นปัญหาสำคัญทางสาธารณสุขที่พบได้ในทุกภูมิภาคของประเทศ โดยในแต่ละปีมีรายงานผู้ป่วยและเสียชีวิตจากโรคดังกล่าวจำนวนมาก เนื่องจากการระบาดของโรคไข้เลือดออกมีปัจจัยเชิงพื้นที่ที่หลายปัจจัยเป็นตัวกำหนด การศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษารูปแบบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของโรคดังกล่าว และเพื่อค้นหาพื้นที่จังหวัดที่มีลักษณะเป็นพื้นที่เสี่ยงของการระบาด

**วิธีการศึกษา:** ทำการวิเคราะห์เพื่อหาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ (Spatial autocorrelation) โดยอาศัยข้อมูลอุบัติการณ์รายจังหวัดของโรคไข้เลือดออกของประเทศไทยจากฐานข้อมูลระบบเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา (รายงาน 506) ในช่วงปี พ.ศ. 2557-2559

**ผลการศึกษา:** ในภาพรวมของประเทศอุบัติการณ์ของโรคไข้เลือดออกที่ระดับจังหวัดมีความสัมพันธ์เชิงพื้นที่อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติทั้ง 3 ปีที่ทำการศึกษา (Moran's I coefficient = 0.38, 0.41 และ 0.51 ตามลำดับ) และพบลักษณะความสัมพันธ์แบบเป็นกลุ่มก้อนของการระบาดที่แตกต่างกันระหว่างภูมิภาคต่าง ๆ ของประเทศ โดยในพื้นที่ภาคใต้ตอนล่างมีลักษณะการเกิดโรคแบบเป็น

กลุ่มก้อนระดับจังหวัดที่ชัดเจนทั้ง 3 ปี โดยมี 2 ปีเป็นกลุ่มก้อนของการระบาดแบบเข้มข้น (Hot spot) ส่วนในภาคกลางพบว่ามีกลุ่มก้อนแบบ Hot spot 1 ปี นอกจากนี้การวิเคราะห์ยังเปิดเผยให้เห็นว่าในแต่ละปีจะมีบางจังหวัดที่อยู่นอกพื้นที่ Hot spot แต่มีลักษณะเสี่ยงต่อการนำเข้ามาหรือส่งออกการระบาดไปยังพื้นที่ข้างเคียงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

**สรุปและวิจารณ์:** ผลจากการวิเคราะห์ชี้ให้เห็นว่าโรคไข้เลือดออกในประเทศไทยมีลักษณะการระบาดเป็นกลุ่มก้อนแบบ Hot spot ที่ชัดเจนในบางภูมิภาคของประเทศ โดยในขณะที่เดียวกันก็พบจังหวัดนอกพื้นที่ดังกล่าวที่เสี่ยงต่อการนำเข้ามาหรือส่งออกการระบาดซึ่งเป็นพื้นที่ที่แตกต่างกันไปในแต่ละปี ดังนั้นหน่วยงานที่เกี่ยวข้องควรพิจารณาการนำวิธีการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ไปใช้ร่วมกับการวิเคราะห์รูปแบบอื่นที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน เพื่อช่วยให้สามารถกำหนดมาตรการควบคุมโรคให้สอดคล้องกับความเสี่ยงของการระบาดในแต่ละพื้นที่ได้ดียิ่งขึ้น

**คำสำคัญ:** ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่, พื้นที่เสี่ยง, ไข้เลือดออก, ประเทศไทย



◆ การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่และพื้นที่เสี่ยงของโรคไข้เลือดออกในประเทศไทย	113
◆ สรุปการตรวจสอบข่าวการระบาดของโรคในรอบสัปดาห์ที่ 8 ระหว่างวันที่ 25 กุมภาพันธ์-3 มีนาคม 2561	121
◆ ข้อมูลรายงานโรคเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์ที่ 8 ระหว่างวันที่ 25 กุมภาพันธ์-3 มีนาคม 2561	123

## บทนำ

โรคไข้เลือดออก (Dengue Hemorrhagic Fever) เป็นโรคประจำถิ่นที่ถือเป็นปัญหาสาธารณสุขที่สำคัญมากปัญหาหนึ่งของประเทศไทยเนื่องจากการป่วยหรือเสียชีวิตจากโรครดังกล่าวเป็นจำนวนมาก โดยระหว่างปี พ.ศ. 2550-2559 พบว่า มีรายงานจำนวนผู้ป่วยจากฐานข้อมูลระบบเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา (รายงาน 506) ระหว่าง 50,000-155,000 รายต่อปี มีอัตราป่วยตาย (Case fatality rate) ใกล้เคียงกันในแต่ละปีโดยอยู่ที่ร้อยละ 0.09-0.12<sup>(1)</sup> การระบาดของโรคไข้เลือดออกมีลักษณะที่แตกต่างกันไปตามสถานที่และช่วงเวลา ซึ่งเป็นผลมาจากปัจจัยหรือตัวกำหนดต่าง ๆ หลายด้าน<sup>(2)</sup> ได้แก่ ประเภทและความหนาแน่น

### วัตถุประสงค์ในการจัดทำ

#### รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์

1. เพื่อให้หน่วยงานเจ้าของข้อมูลรายงานเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา ได้ตรวจสอบและแก้ไขให้ถูกต้องครบถ้วน สมบูรณ์ยิ่งขึ้น
2. เพื่อวิเคราะห์และรายงานสถานการณ์โรคที่เป็นปัจจุบัน ทั้งใน และต่างประเทศ
3. เพื่อเป็นสื่อกลางในการนำเสนอผลการสอบสวนโรค หรืองานศึกษาวิจัยที่สำคัญและเป็นปัจจุบัน
4. เพื่อเผยแพร่ความรู้ ตลอดจนแนวทางการดำเนินงานทางระบาดวิทยาและสาธารณสุข

#### คณะที่ปรึกษา

นายแพทย์สุชาติ เจตนเสน นายแพทย์ประยูร ภูนาตล  
นายแพทย์ธวัช จายนโยธิน นายแพทย์ประเสริฐ ทองเจริญ  
นายแพทย์คำนวณ อึ้งชูศักดิ์ นายสัตวแพทย์ประวิทย์ ชุมเกษียร  
องอาจ เจริญสุข

หัวหน้ากองบรรณาธิการ : นายแพทย์นคร เปรมศรี

บรรณาธิการประจำฉบับ : บริมาต ตักดีศิริสัมพันธ์

บรรณาธิการวิชาการ : นายแพทย์นคร เปรมศรี

#### กองบรรณาธิการ

บริมาต ตักดีศิริสัมพันธ์ สิริลักษณ์ รังษิวงศ์ สุวดี ตีวงษ์

#### ฝ่ายข้อมูล

สมาน สุขุมภูริจันทร์ ศศิธันว์ มาเอเดียน

พัชรี ศรีหมอก สมเจตน์ ตั้งเจริญศิลป์

ฝ่ายจัดส่ง : พริยา คล้ายพ้อแดง สวัสดิ์ สว่างชม

ฝ่ายศิลป์ : บริมาต ตักดีศิริสัมพันธ์

สื่ออิเล็กทรอนิกส์ : บริมาต ตักดีศิริสัมพันธ์ พริยา คล้ายพ้อแดง

ของยุงพาหะ นิเวศวิทยาและสภาพแวดล้อม (เช่น อุณหภูมิ ปริมาณน้ำฝน) ปัจจัยด้านสังคม (เช่น การเดินทาง ความหนาแน่นของประชากร) ระดับภูมิคุ้มกันในประชากร ลักษณะและสายพันธุ์ของเชื้อไวรัส รวมถึงมาตรการต่าง ๆ ที่ใช้ในการควบคุมยุงพาหะ เป็นต้น

จากการที่โรคไข้เลือดออกมีลักษณะการระบาดและปัจจัยกำหนดหลายด้านที่เกี่ยวข้องกับลักษณะเชิงพื้นที่ จึงมีความพยายามที่จะนำการวิเคราะห์เชิงพื้นที่มาช่วยในการสร้างความเข้าใจในรูปแบบการระบาดของโรครดังกล่าว โดยเฉพาะอย่างยิ่งในช่วงเวลาไม่กี่ปีที่ผ่านมาที่ระบบภูมิสารสนเทศ (Geographic Information System) และเทคโนโลยีสารสนเทศในภาพรวมได้มีความก้าวหน้าอย่างรวดเร็ว ส่งผลให้วิธีการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ (Spatial Analysis) เป็นวิธีที่ได้รับการยอมรับและนำมาใช้กันอย่างกว้างขวางในการศึกษาวิจัยที่เกี่ยวข้องกับลักษณะเชิงพื้นที่ของการระบาดของโรคไข้เลือดออก<sup>(3,4,5)</sup> โดยเฉพาะอย่างยิ่งการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ (Spatial Autocorrelation) ซึ่งมีประโยชน์อย่างยิ่งในการช่วยให้เกิดความเข้าใจลักษณะความสัมพันธ์ของการเกิดโรคในพื้นที่หนึ่ง ๆ กับพื้นที่โดยรอบ และสามารถช่วยให้สามารถระบุพื้นที่เสี่ยงที่จะเกิดการระบาดในอนาคตอันใกล้ได้

เนื่องจากโรคไข้เลือดออกยังคงเป็นปัญหาสำคัญที่กระทรวงสาธารณสุขให้ความสำคัญเป็นลำดับต้น ๆ มาอย่างต่อเนื่องทุกปี<sup>(6,7)</sup> ประกอบกับโรครดังกล่าวมีการระบาดกระจายไปทั่วประเทศ ทุกจังหวัดทุกอำเภอโดยลักษณะการกระจายของโรครมีการเปลี่ยนแปลงอยู่ตลอดเวลาและแตกต่างกันไปในแต่ละพื้นที่หรือภูมิภาคของประเทศ จึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องมีการมีมือในการเฝ้าระวังที่มีประสิทธิภาพเพื่อให้เกิดความเข้าใจที่ชัดเจนในลักษณะของการเกิดโรคในแต่ละพื้นที่ สามารถติดตามและช่วยระบุพื้นที่เสี่ยงที่จะเกิดการระบาดได้อย่างทันการณ์ แต่ที่ผ่านมารวมควบคุมโรครซึ่งเป็นหน่วยงานหลักของประเทศซึ่งมีการกิจด้านการเฝ้าระวังสถานการณ์และกำหนดมาตรการในการควบคุมป้องกันการระบาดของโรคไข้เลือดออกยังไม่เคยมีการทำการศึกษาแบบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของโรครดังกล่าวในภาพรวมของประเทศ ดังนั้นเพื่อให้เกิดความเข้าใจในลักษณะทางระบาดวิทยาของโรครไข้เลือดออกได้ดียิ่งขึ้น การศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษารูปแบบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของโรครดังกล่าวโดยใช้ข้อมูลสถานการณ์โรครที่ระดับจังหวัด และเพื่อค้นหาพื้นที่จังหวัดที่มีลักษณะเป็นกลุ่มก้อนของการระบาดแบบเข้มข้น (Hot spot) ซึ่งถือว่าเป็นพื้นที่เสี่ยงสูงสุดของการระบาด และพื้นที่จังหวัดที่อยู่นอกกลุ่มก้อนดังกล่าวแต่มีความเสี่ยงต่อการนำเข้าหรือส่งออกการระบาด ทั้งนี้เพื่อเป็นตัวอย่างให้กับหน่วยงานที่เกี่ยวข้องในการนำ

วิธีการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ในลักษณะดังกล่าวไปประยุกต์ใช้ในการ  
เฝ้าระวังสถานการณ์และระบุพื้นที่เป้าหมายของการดำเนินงาน  
ควบคุมป้องกันโรคต่อไป

### วิธีการศึกษา

#### แหล่งข้อมูลและประชากรที่ทำการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการวิเคราะห์ข้อมูลแบบทุติยภูมิ  
(Secondary data analysis) โดยอาศัยข้อมูลดังต่อไปนี้

- ข้อมูลเชิงคุณลักษณะ (Attribute data) หรือ  
ข้อมูลด้านสถานการณ์โรคไข้เลือดออก ได้แก่ ฐานข้อมูลระบบเฝ้า  
ระวังทางระบาดวิทยา (รายงาน 506) ซึ่งเป็นฐานข้อมูลหลักในการ  
เฝ้าระวังโรคกลุ่มไข้เลือดออกของประเทศ โดยใช้จำนวนผู้ป่วยที่  
ได้รับการรายงานว่าเป็นโรคกลุ่มไข้เลือดออก (หมายถึง ผู้ที่ได้รับ  
การวินิจฉัยเป็น Dengue fever, Dengue hemorrhagic fever  
หรือ Dengue shock syndrome โดยครอบคลุมทั้งผู้ป่วยสงสัย  
ผู้ป่วยเข้าข่ายและผู้ป่วยยืนยัน) ที่ได้รับรายงานระหว่างปี พ.ศ.  
2557-2559 โดยเป็นข้อมูลสรุปจำนวนผู้ป่วย (Aggregate data)  
แยกรายจังหวัดและแยกกลุ่มอายุ (0-4 ปี, 5-14 ปี, 15-34 ปี, 35-  
64 ปี และ 65 ปีขึ้นไป) และฐานข้อมูลประชากรกลางปีรายจังหวัด  
พ.ศ. 2557-2559 และแยกกลุ่มอายุ (กลุ่มอายุเดียวกันกับข้อมูล  
ผู้ป่วย) ของสำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค

- ข้อมูลเชิงพื้นที่ (Spatial data) ได้แก่ ฐานข้อมูล  
แผนที่ขอบเขตการปกครองระดับจังหวัด ของสำนักงานพัฒนา  
เทคโนโลยีอวกาศและภูมิสารสนเทศ (องค์การมหาชน)

#### การจัดการข้อมูล

ข้อมูลจากฐานข้อมูลระบบเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาทำ  
การวิเคราะห์และฐานข้อมูลประชากรกลางปีถูกนำมาเชื่อมโยงด้วย  
โปรแกรม Spreadsheet เพื่อคำนวณอุบัติการณ์มาตรฐานปรับ  
โครงสร้างอายุโดยวิธีตรง (Direct age-standardized incidence)  
แยกรายจังหวัดและรายปี (พ.ศ.2557-2559) โดยอาศัยโครงสร้าง  
อายุของประชากรทั้งประเทศในปี พ.ศ.2558 เป็นมาตรฐาน  
(standard population) โดยมีสูตรในการคำนวณดังนี้

อุบัติการณ์มาตรฐานปรับโครงสร้างอายุโดยวิธีตรง (ต่อ  
ประชากร 100,000 คน)

$$= \left[ \sum_{i=1}^k w_i \left( \frac{n_i}{p_i} \right) \right] \times 100,000$$

โดยที่

$w_i$  = น้ำหนัก (weight) สัดส่วนของกลุ่มอายุที่  $i$  ตาม  
โครงสร้างประชากรมาตรฐาน (Standard population) โดยใช้  
โครงสร้างประชากรทั้งประเทศ ปี พ.ศ. 2558 เป็นมาตรฐาน

$n_i$  = จำนวนผู้ป่วยกลุ่มอายุที่  $i$  ในปีที่คำนวณ

$p_i$  = จำนวนประชากรกลุ่มอายุที่  $i$  ในปีที่คำนวณ

$k$  = จำนวนกลุ่มอายุ (ในที่นี้คือ 5 กลุ่ม ได้แก่ 0-4 ปี, 5-14  
ปี, 15-34 ปี, 35-64 ปี และ 65 ปีขึ้นไป)

หลังจากนั้นนำข้อมูลข้อมูลอุบัติการณ์มาตรฐานที่ได้มา  
เชื่อมต่อกับข้อมูลเชิงพื้นที่โดยโปรแกรม GeoDa ข้อมูลทั้งหมดจะ  
ถูกเก็บในรูปแบบฐานข้อมูลเชิงภูมิศาสตร์ (Geographical  
database) เพื่อใช้ในการวิเคราะห์ต่อไป

#### การวิเคราะห์ข้อมูล

การศึกษานี้ใช้วิธีการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่  
(Spatial autocorrelation) เพื่อค้นหาความสัมพันธ์ระหว่าง  
อุบัติการณ์ของโรคไข้เลือดออกในแต่ละจังหวัดกับจังหวัดที่อยู่  
ข้างเคียงหรือ “จังหวัดเพื่อนบ้าน” โดยอาศัยการกำหนดขอบเขต  
และน้ำหนักของพื้นที่ข้างเคียงด้วยวิธี Queen Neighbors (first-  
order contiguity) ซึ่งคือการเลือกทุกจังหวัดที่มีพื้นที่เชื่อมต่อกับ  
จังหวัดเป้าหมาย (Common border) มาเป็นจังหวัดเพื่อนบ้าน  
หลังจากที่กำหนดจังหวัดเพื่อนบ้านของทุกจังหวัดเรียบร้อยแล้ว  
จะทำการคำนวณค่าอุบัติการณ์เฉลี่ยของจังหวัดเพื่อนบ้านโดย  
สร้างขึ้นมาเป็นตัวแปรที่เรียกว่า Spatially lagged variable

สถิติที่ใช้ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ในภาพรวม  
ทั้งประเทศ (Global measure) คือ Moran's I coefficient <sup>(8,9)</sup>  
ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง -1 ถึง 1 (ค่าที่เป็นบวกหมายถึงมี positive  
association และค่าที่เป็นลบหมายถึงมี negative association  
ส่วนค่า 0 หมายถึงไม่มีความสัมพันธ์) และทำการทดสอบหาระดับ  
นัยสำคัญทางสถิติของ Moran's I coefficient โดยวิธีการ  
Monte-Carlo permutation test เพื่อทดสอบ null hypothesis  
ที่ว่า “อุบัติการณ์ของโรคไข้เลือดออกของจังหวัดใด ๆ ในประเทศ  
ไทยเกิดขึ้นแบบสุ่ม (random) โดยไม่มีความสัมพันธ์เชิงพื้นที่กับ  
จังหวัดเพื่อนบ้าน” โดยกำหนดให้ p value ที่ได้ต้องเกิดจากการ  
ทำ permutation test อย่างน้อย 999 ครั้ง

เนื่องจากการศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อค้นหาพื้นที่  
(จังหวัด) ที่เป็นกลุ่มก้อนของการระบาดของโรคไข้เลือดออก ดังนั้น  
ผู้ศึกษาจึงได้ทำการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่แบบเฉพาะ  
จุด (Local measure) โดยทำการคำนวณค่า Local Indicator  
of Spatial Association (LISA) <sup>(10)</sup> และระดับนัยสำคัญทางสถิติ  
ของแต่ละจังหวัด โดยผลการวิเคราะห์จะสามารถระบุพื้นที่จังหวัด  
ออกเป็นลักษณะต่าง ๆ ได้ 5 รูปแบบ <sup>(11)</sup> ได้แก่

1. กลุ่มก้อนแบบ High-High คือ จังหวัดที่มีอุบัติการณ์สูง  
และจังหวัดเพื่อนบ้านก็มีอุบัติการณ์สูงเช่นเดียวกัน จัดว่าเป็นพื้นที่

ที่มีความเสี่ยงต่อการเกิดการระบาดต่อเนื่องสูงสุด (หรือ Hot spot)

2. กลุ่มก้อนแบบ Low-Low คือ จังหวัดที่มีอุบัติการณ์ต่ำ และจังหวัดเพื่อนบ้านก็มีอุบัติการณ์ต่ำเช่นเดียวกัน ซึ่งจัดว่าเป็นพื้นที่ที่มีความเสี่ยงต่อการเกิดการระบาดต่ำ (หรือ Cold spot)

3. แตกต่างแบบ Low-High คือ จังหวัดที่มีอุบัติการณ์ต่ำแต่จังหวัดเพื่อนบ้านกลับมีอุบัติการณ์สูง จัดว่าเป็นพื้นที่ที่มีความเสี่ยงต่อการนำเข้าการระบาดจากจังหวัดเพื่อนบ้าน (หรือ potential importer)

4. แตกต่างแบบ High-Low คือ จังหวัดที่มีอุบัติการณ์สูงแต่จังหวัดเพื่อนบ้านยังมีอุบัติการณ์ต่ำ จัดว่าเป็นพื้นที่ที่มีความเสี่ยงต่อการส่งออกการระบาดไปยังจังหวัดเพื่อนบ้าน (หรือ potential exporter)

5. ไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ คือ จังหวัดที่ไม่ได้มีทั้งลักษณะเป็นกลุ่มก้อนหรือแตกต่างจากจังหวัดเพื่อนบ้านอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

ในการศึกษานี้ กำหนดให้จังหวัดที่เข้าลักษณะ 4 รูปแบบแรกจะต้องมีระดับนัยสำคัญทางสถิติ (p value) ต่ำกว่า 0.05 และภายหลังจากที่ได้ทำการวิเคราะห์ LISA ของแต่ละจังหวัดแล้วจะทำการแสดงผลในรูปแบบแผนที่แสดงความเสี่ยง (Risk Map) โดยการวิเคราะห์เชิงพื้นที่และการจัดทำแผนที่เพื่อแสดงผลการวิเคราะห์ในการศึกษานี้ใช้โปรแกรม GeoDa version 1.12 (<https://geodacenter.github.io/>)

#### ผลการศึกษา

ระหว่างปี พ.ศ. 2557-2559 จำนวนผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกที่ได้รับรายงานในระบบรายงาน 506 ในภาพรวมทั้งประเทศรวม

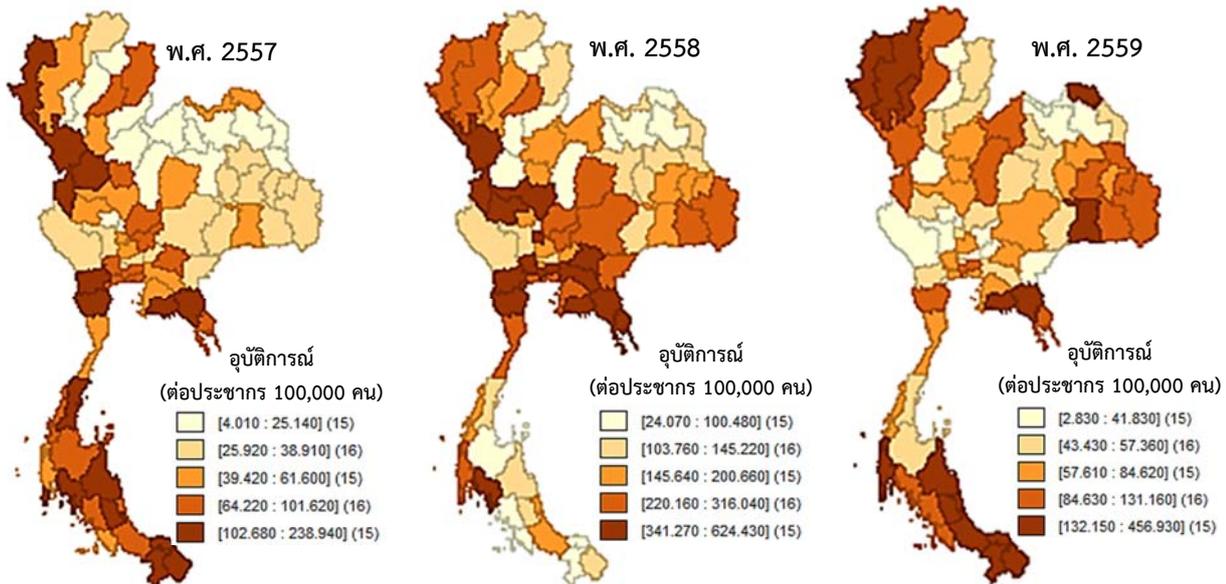
ทั้งสิ้น 249,965 ราย โดยแต่ละปีมีจำนวนผู้ป่วยและอุบัติการณ์ดังแสดงในตารางที่ 1 เมื่อศึกษาอุบัติการณ์ของไข้เลือดออกที่ระดับจังหวัดในแต่ละปี พบค่ามัธยฐานของอุบัติการณ์ที่ระดับจังหวัด (ตารางที่ 2) ทั้ง 3 ปี มีค่าต่ำกว่าอุบัติการณ์ในภาพรวมของประเทศ (ตารางที่ 1) และเมื่อดูการกระจายเชิงพื้นที่ (รูปที่ 1) จะพบจังหวัดที่มีอุบัติการณ์สูงกระจายอยู่ทั่วทุกภาคของประเทศไทย ยกเว้นภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบนที่ดูเหมือนจะมีการเกิดโรคเบาบางกว่าภูมิภาคอื่น

ในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ในภาพรวมทั้งประเทศ (Global measure) ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างอุบัติการณ์ของไข้เลือดออกในแต่ละจังหวัดกับอุบัติการณ์เฉลี่ยของจังหวัดข้างเคียง (รูปที่ 2) พบว่าในช่วงปี พ.ศ. 2557-2559 มีค่าดัชนี Moran's I coefficient เท่ากับ 0.38, 0.41 และ 0.51 ตามลำดับ โดยค่าดัชนีนี้ได้ทั้งสามปี มีนัยสำคัญทางสถิติ (p value = 0.001)

ตารางที่ 1 จำนวนและอุบัติการณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกในระบบ

รายงาน 506 ประเทศไทย ปี พ.ศ. 2557-2559		
ปี พ.ศ.	จำนวน (ราย)	อุบัติการณ์ (ต่อประชากร 100,000 คน) *
2557	41,082	63.08
2558	144,952	222.58
2559	63,931	98.17

หมายเหตุ \*อุบัติการณ์มาตรฐานปรับโครงสร้างอายุโดยวิธีตรง (Direct age-standardized incidence) โดยอาศัยโครงสร้างอายุของประชากรทั้งประเทศ ปี พ.ศ. 2558 เป็นมาตรฐาน



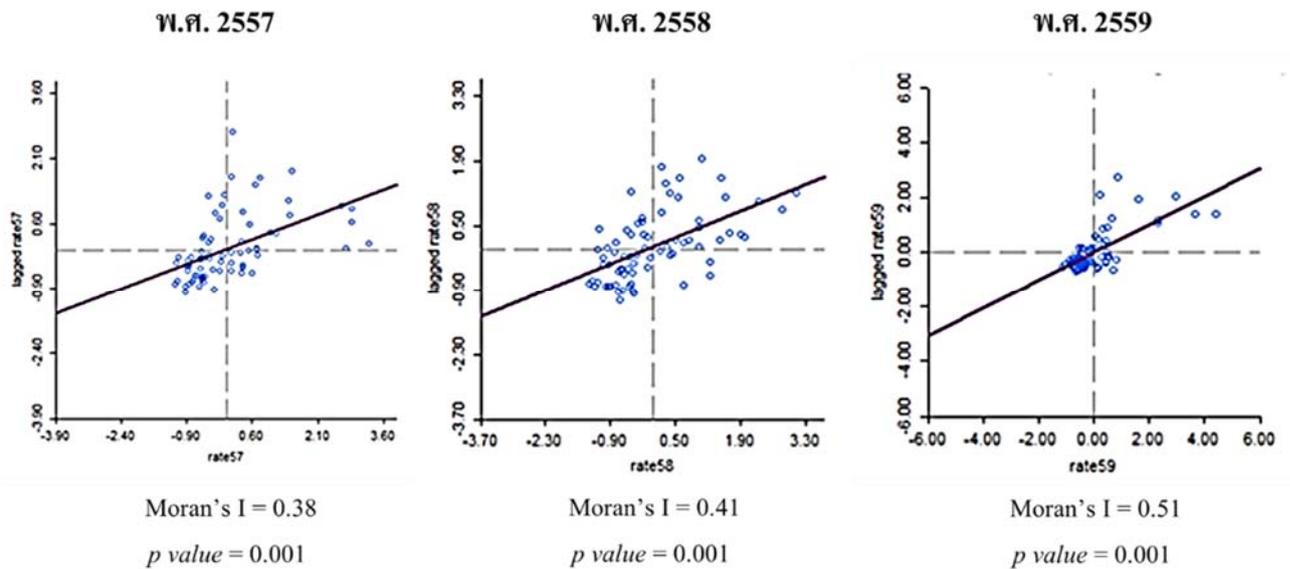
หมายเหตุ อุบัติการณ์มาตรฐานปรับโครงสร้างอายุโดยวิธีตรง (Direct age-standardized incidence) โดยอาศัยโครงสร้างอายุของประชากรทั้งประเทศ ปี พ.ศ. 2558 เป็นมาตรฐาน

รูปที่ 1 แผนที่แสดงอุบัติการณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกระดับจังหวัด (77 จังหวัด) ในระบบรายงาน 506 ประเทศไทย ปี พ.ศ. 2557-2559

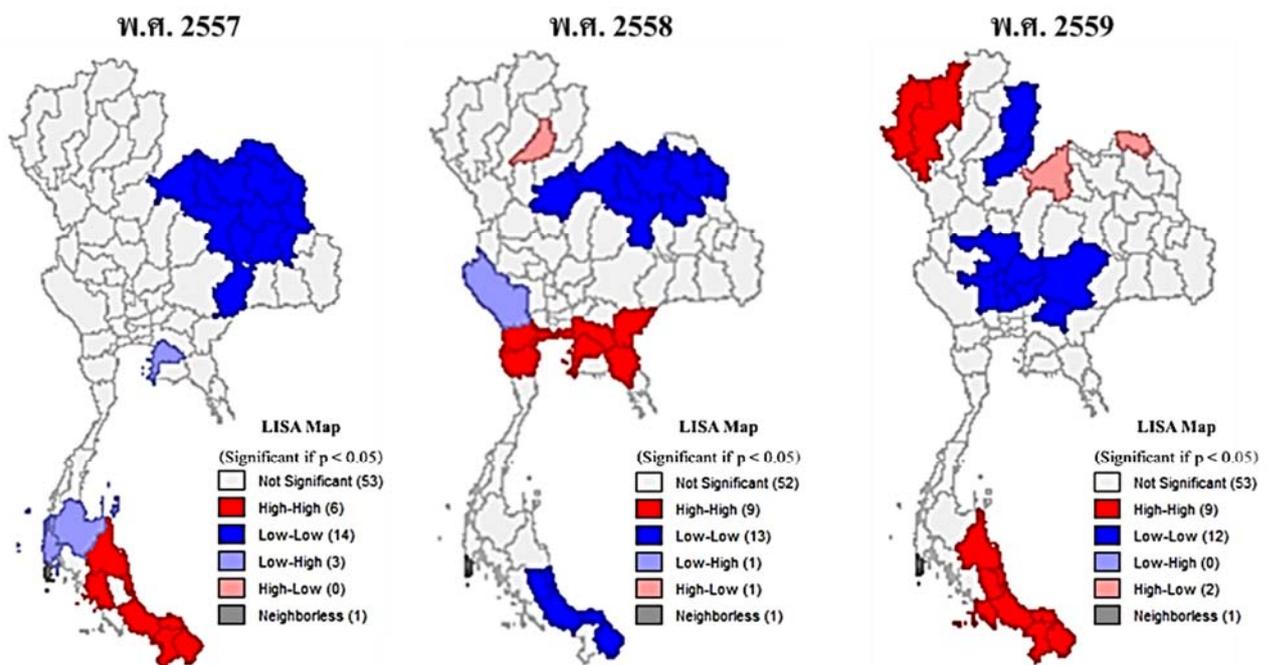
ตารางที่ 2 ค่ามัธยฐาน ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุดของอุบัติการณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกระดับจังหวัด (77 จังหวัด) ในระบบรายงาน 506 ประเทศไทย ปี พ.ศ. 2557-2559

	อุบัติการณ์ที่ระดับจังหวัด (ต่อประชากร 100,000 คน) *		
	ปี พ.ศ. 2557	ปี พ.ศ. 2558	ปี พ.ศ. 2559
มัธยฐาน	50.43	166.63	64.13
ต่ำสุด (จังหวัด)	4.01 (อุดรธานี)	24.07 (อุดรธานี)	2.83 (สิงห์บุรี)
สูงสุด (จังหวัด)	238.94 (แม่ฮ่องสอน)	624.43 (เพชรบุรี)	456.93 (แม่ฮ่องสอน)

หมายเหตุ \*อุบัติการณ์มาตรฐานปรับโครงสร้างอายุโดยวิธีตรง (Direct age-standardized incidence) โดยอาศัยโครงสร้างอายุ



รูปที่ 2 Scatter plot และค่า Moran's I coefficient (p value) แสดงความสัมพันธ์ระหว่างอุบัติการณ์ผู้ป่วยโรคไข้เลือดออกแต่ละจังหวัดกับจังหวัดข้างเคียง จากข้อมูลในระบบรายงาน 506 ประเทศไทย ปี พ.ศ. 2557-2559



รูปที่ 3 แผนที่แสดงความเสี่ยงด้วยค่า Local Indicator of Spatial Association (LISA) เพื่อแสดงจังหวัดที่มีความสัมพันธ์กับจังหวัดข้างเคียงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $p$  value  $< 0.05$ ) ใน 4 ลักษณะ ได้แก่ High-High, Low-Low, Low-High และ High-Low จากข้อมูลในระบบรายงาน 506 ประเทศไทย ปี พ.ศ. 2557-2559

เมื่อทำการวิเคราะห์เพื่อค้นหาพื้นที่ (จังหวัด) ที่เป็นกลุ่มก่อนของการระบาดของโรคไข้เลือดออก โดยหาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่โดยอาศัย Local Indicator of Spatial Association (LISA) และแสดงออกมาเป็นแผนที่แสดงความเสี่ยง (Risk map) ดังรูปที่ 3 พบว่าในปี พ.ศ. 2557 มีพื้นที่ที่จัดว่าเป็นกลุ่มก่อนของการระบาดแบบเข้มข้น (Hot spot หรือ High-High) จำนวน 6 จังหวัด โดยทั้งหมดอยู่ในบริเวณภาคใต้ตอนล่าง และยังมี 3 จังหวัด (ชลบุรี สุราษฎร์ธานี และพังงา) ที่เป็นจังหวัดที่มีความเสี่ยงในการนำเข้าการระบาดจากพื้นที่ข้างเคียง (Low-High) ส่วนปี พ.ศ. 2558 พบจังหวัดที่เป็น Hot spot ทั้งสิ้น 9 จังหวัด โดยทั้งหมดตั้งอยู่ในภาคกลางตอนล่างและภาคตะวันออก โดยมี 1 จังหวัดที่มีความเสี่ยงในการนำเข้าการระบาดจากพื้นที่ข้างเคียง (กาญจนบุรี) และอีก 1 จังหวัดที่มีความเสี่ยงในการส่งออกการระบาดให้กับพื้นที่อื่น (High-Low) คือ แพร่

สำหรับปี พ.ศ. 2559 พบจังหวัดที่เป็น Hot spot ทั้งสิ้น 9 จังหวัด โดย 7 จังหวัดอยู่ในบริเวณภาคใต้ตอนล่าง และอีก 2 จังหวัดอยู่ทางภาคเหนือ นอกจากนี้ยังพบจังหวัดที่มีความเสี่ยงในการส่งออกการระบาดให้กับพื้นที่อื่นอีก 2 จังหวัด ได้แก่ เลย และ บึงกาฬ

#### อภิปรายผล

การศึกษาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของการเกิดโรคไข้เลือดออก ดังที่ได้นำมาแสดงในการศึกษานี้เป็นวิธีที่ได้รับการยอมรับในระดับนานาชาติว่าสามารถทำให้เกิดข้อมูลสำคัญซึ่งนำมาสู่ความเข้าใจในลักษณะทางระบาดวิทยาเชิงพื้นที่ของโรคดังกล่าวได้ชัดเจนขึ้น<sup>(8,9,11)</sup> โดยอาศัยการวิเคราะห์ทางสถิติเชิงอนุมานและกฎความน่าจะเป็นมาเป็นตัวช่วยสนับสนุนการตัดสินใจ แทนที่จะอาศัยเพียงการวิเคราะห์สถานการณ์เชิงพรรณนา (ดังรูปที่ 1) ซึ่งอาจจะยังให้ภาพสถานการณ์ที่มีความคลุมเครือและระบุได้ค่อนข้างยากว่าพื้นที่ส่วนใหญ่ของประเทศหรือจังหวัดใดที่ควรเป็นเป้าหมายสำคัญและเร่งด่วนของมาตรการป้องกันควบคุมการระบาดของไข้เลือดออก

ผลการวิเคราะห์บ่งชี้ให้เห็นว่าในภาพรวมของประเทศการระบาดของไข้เลือดออกในระดับจังหวัดมีความสัมพันธ์เชิงพื้นที่กับจังหวัดที่อยู่ข้างเคียงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แม้ว่าระดับความแน่นอนของความสัมพันธ์ดังกล่าว (strength of association) จะไม่อยู่ในระดับที่สูงนักก็ตาม (Moran's I อยู่ระหว่าง 0.38-0.51) อย่างไรก็ตามค่าดัชนี Moran's I ที่พบในการศึกษานี้มีค่าสูงกว่าที่พบในรายงานการศึกษาลักษณะเดียวกันที่พบในประเทศเอกวาดอร์ และเวียดนามเล็กน้อย<sup>(11,12)</sup>

จังหวัดในภาคใต้ตอนล่างประมาณ 6-8 จังหวัดมีลักษณะการเกิดโรคไข้เลือดออกที่มีความความสัมพันธ์กันอย่างแนบชิด โดยพบว่าในปี พ.ศ. 2557 และ 2559 พื้นที่ดังกล่าวมีลักษณะการระบาดแบบเป็น Hot spot คือ มีการระบาดเป็นกลุ่มก้อนอย่างเข้มข้น ซึ่งสอดคล้องกับข้อมูลทางระบาดวิทยาของทั้งโรคไข้เลือดออกและไข้ปวดข้อยุงลาย (Chikungunya) ซึ่งข้อมูลของสำนักระบาดวิทยาซึ่งบ่งชี้ว่าในช่วงตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2559 พบว่าการระบาดของทั้งสองโรคนี้นั้นในแต่ละปีส่วนใหญ่จะมีอุบัติการณ์สูงสุดในภาคใต้<sup>(13)</sup> โดยปรากฏการณ์ดังกล่าวสามารถอธิบายได้จากสภาพอากาศที่มีฝนตกต่อเนื่องเป็นระยะเวลาอันยาวนานในแต่ละปีและภูมิประเทศซึ่งมีลักษณะเป็นสวนยางพาราซึ่งเป็นปัจจัยที่เอื้อต่อการเกิดการระบาดของโรคติดต่อที่นำโดยยุงลาย<sup>(14,15)</sup> อย่างไรก็ตามในปี พ.ศ. 2558 พบว่าในพื้นที่ดังกล่าวมีลักษณะการเป็นกลุ่มก้อนแบบ Low-Low (หรือ Cold spot) อันน่าจะเป็นผลมาจากการที่เพิ่งผ่านการระบาดอย่างหนักมาในปีก่อนหน้านั้น ส่วนพื้นที่ภาคอื่น ๆ ก็สามารถพบการระบาดเป็นกลุ่มก้อนอย่างเข้มข้นได้เช่นกัน (เช่น ภาคกลางในปี พ.ศ. 2558 และภาคเหนือบางจังหวัดในปี พ.ศ. 2559) แต่ก็ยังไม่พบหลักฐานของความเป็นกลุ่มก้อนอย่างต่อเนื่องดังเช่นที่พบในภาคใต้

นอกจากการศึกษานี้จะทำให้เข้าใจลักษณะทางระบาดวิทยาเชิงพื้นที่ของโรคไข้เลือดออกได้ดีขึ้นแล้ว การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ในระดับพื้นที่เพื่อหา Hot spot ยังช่วยให้เราสามารถกำหนดความสำคัญและเร่งด่วนของพื้นที่ในการดำเนินมาตรการควบคุมป้องกันการระบาดได้อย่างเป็นรูปธรรมและชัดเจนขึ้นโดยนอกเหนือจากพื้นที่ Hot spot ซึ่งจัดได้ว่าเป็นกลุ่มก้อนของจังหวัดที่มีการระบาดเข้มข้นสูงสุดและมีความเสี่ยงต่อการแพร่ระบาดอย่างต่อเนื่องแล้ว ยังมีพื้นที่อีก 2 กลุ่มที่ควรให้ความสำคัญ ได้แก่ กลุ่มจังหวัดที่มีลักษณะ Low-High (หรือ Potential importer) ซึ่งเป็นพื้นที่เสี่ยงในลำดับถัดไปที่ต้องให้ความสำคัญเนื่องจากมีโอกาสสูงที่จะได้รับการระบาดจากจังหวัดข้างเคียง และอีกกลุ่มคือ จังหวัดต่าง ๆ ที่อยู่รอบข้างจังหวัดที่มีลักษณะ High-Low (หรือ Potential exporter) ซึ่งมีโอกาสสูงที่จะแพร่เชื้อให้กับจังหวัดรอบข้างเหล่านั้น อย่างไรก็ตาม ข้อมูลจากการวิเคราะห์ Hot spot นี้เป็นเพียงข้อมูลในมิติความสัมพันธ์เชิงสถิติ ซึ่งการจะนำไปใช้ให้เกิดประโยชน์ได้จริงนั้นจำเป็นต้องนำมาพิจารณาประกอบกับข้อมูลด้านอื่น ๆ ด้วย ที่สำคัญได้แก่ ข้อมูลอุบัติการณ์ของแต่ละพื้นที่และแนวโน้มของการระบาด ข้อมูลด้านภูมิศาสตร์ สภาพอากาศและการเดินทาง รวมถึงข้อมูลทรัพยากรและการปฏิบัติการควบคุมป้องกันโรคของหน่วยงานในพื้นที่ ฯลฯ

การศึกษานี้มีข้อจำกัดที่สำคัญ ได้แก่ การใช้ข้อมูลทุติยภูมิ ในการวิเคราะห์ซึ่งข้อมูลดังกล่าวเป็นข้อมูลที่ถูกล่ามเลียออกมา จากฐานข้อมูลการให้บริการด้านการแพทย์ในหน่วยบริการซึ่งมีความเคลื่อนไหวของการบันทึกและส่งออกข้อมูลได้สูงกว่าข้อมูลที่มาจากการเก็บรวบรวมเพื่อการศึกษาวิจัยโดยตรง นอกจากนี้ข้อมูลเหล่านี้มาจากหน่วยบริการในสังกัดกระทรวงสาธารณสุขเป็นหลัก ดังนั้นข้อมูลดังกล่าวจึงอาจไม่สะท้อนสถานการณ์ของโรคในพื้นที่ที่มีหน่วยบริการหรือโรงพยาบาลนอกสังกัดกระทรวงสาธารณสุข ให้บริการอยู่เป็นจำนวนมาก (เช่น กรุงเทพมหานคร หรือจังหวัดขนาดใหญ่) ซึ่งหน่วยบริการเหล่านั้นอาจไม่ได้ส่งข้อมูลเข้าสู่ระบบ เฝ้าระวังโรคของกระทรวงสาธารณสุข อย่างไรก็ตามเนื่องจากโรคไข้เลือดออกเป็นโรคที่ผู้ป่วยเกือบทั้งหมดจะได้รับการวินิจฉัยและรักษาที่โรงพยาบาลและประชาชนส่วนใหญ่ของประเทศยังมารับบริการที่โรงพยาบาลในสังกัดกระทรวงสาธารณสุข ดังนั้นถึงแม้ว่าข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์อาจจะไม่ครอบคลุมผู้ป่วยจากหน่วยบริการทุกรูปแบบ รวมถึงไม่สามารถบอกขนาดของปัญหาที่แท้จริงหรือ ลักษณะทางระบาดวิทยาของผู้ป่วยในหลายแง่มุมได้ก็จริง แต่ข้อมูลชุดนี้น่าจะเป็นที่ยอมรับได้ว่ามีความน่าเชื่อถือเพียงพอที่จะสะท้อนรูปแบบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของการระบาดโรคไข้เลือดออกซึ่งเป็นวัตถุประสงค์ของการศึกษาในครั้งนี้

#### ข้อเสนอแนะ

การศึกษานี้แสดงให้เห็นถึงรูปแบบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ในระดับจังหวัดของการระบาดโรคไข้เลือดออกและช่วยระบุพื้นที่เสี่ยงต่อการระบาดซึ่งควรถือเป็นเป้าหมายเร่งด่วนของการดำเนินงานควบคุมป้องกันโรค อย่างไรก็ตาม เนื่องจากลักษณะทางระบาดวิทยาของโรคและปัจจัยต่าง ๆ ที่เกี่ยวข้องมีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา หน่วยงานที่เกี่ยวข้องจึงควรพิจารณาการนำวิธีการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ในลักษณะนี้ไปใช้ร่วมกับการวิเคราะห์รูปแบบอื่นที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน เพื่อใช้ติดตามสถานการณ์ทางระบาดวิทยาของโรคไข้เลือดออกในพื้นที่ที่รับผิดชอบอย่างต่อเนื่อง ซึ่งจะช่วยให้สามารถกำหนดมาตรการควบคุมโรคให้สอดคล้องกับความเสี่ยงของการระบาดในแต่ละพื้นที่ได้ดียิ่งขึ้น โดยหน่วยงานที่รับผิดชอบในระดับเขตหรือระดับจังหวัดสามารถทำการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่ในหน่วยที่ย่อยลงไปอีก เช่น ระดับอำเภอหรือตำบล เพื่อให้เกิดความเข้าใจในรูปแบบการระบาดของโรคที่ลึกซึ้งขึ้นและสามารถกำหนดพื้นที่เป้าหมายของการดำเนินการได้อย่างจำเพาะ

นอกจากนี้ เนื่องจากวิธีการวิเคราะห์ดังกล่าวไม่ได้มีจุดมุ่งหมายที่จะค้นหาว่าความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ที่ค้นพบนั้นเกิดจาก

ปัจจัยหรือมีกลไกใดที่สามารถอธิบายได้ ดังนั้นเมื่อพบความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ไม่ว่าจะเป็นรูปแบบใดก็ตาม สมควรที่ผู้วิเคราะห์จะพิจารณานำการวิธีการศึกษาในรูปแบบอื่น ๆ มาช่วยในการอธิบายความสัมพันธ์ที่พบต่อไป

#### กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ ศูนย์สารสนเทศทางระบาดวิทยาและการพยากรณ์โรค สำนักระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค ที่อำนวยความสะดวกในการเข้าถึงข้อมูลที่นำมาใช้ในการศึกษานี้

#### เอกสารอ้างอิง

1. สำนักระบาดวิทยา. สรุปรายงานการเฝ้าระวังโรค ประจำปี 2550-2559 [อินเทอร์เน็ต]. 2560 [เข้าถึงเมื่อ 10 ม.ค. 2561]. เข้าถึงได้จาก: <http://203.157.15.110/boeeng/annual.php>
2. Arunachalam N, Tana S, Espino F, Kittayapong P, Abeyewickreme W, Wai KT, et al. Eco-bio-social determinants of dengue vector breeding: a multicountry study in urban and periurban Asia. Bull World Health Organ. 2010 Mar; 88(3): 173-84.
3. Honorio NA, Nogueira RM, Codeco CT, Carvalho MS, Cruz OG, Magalhaes Mde A, et al. Spatial Evaluation and Modeling of Dengue Seroprevalence and Vector Density in Rio de Janeiro, Brazil. PLoS Negl Trop Dis 3(11): e545.
4. Hu W, Clements A, Williams G, Tong S. Spatial analysis of notified dengue fever infections. Epidemiol Infect. 2011 Mar;139(3):391-9.
5. Jeefoo P, Tripathi NK, Souris M. Spatio-temporal diffusion pattern and hotspot detection of dengue in Chachoengsao province, Thailand. Int J Environ Res Public Health. 2011 Jan; 8(1): 51-74.
6. กรมควบคุมโรค. แผนยุทธศาสตร์กรมควบคุมโรค ปี 2559-2563 [อินเทอร์เน็ต]. [เข้าถึงเมื่อ 10 ม.ค. 2561]. เข้าถึงได้จาก: [http://www.ddc.moph.go.th/file/plan59\\_63.pdf](http://www.ddc.moph.go.th/file/plan59_63.pdf)
7. กรมควบคุมโรค. แผนยุทธศาสตร์โรคติดต่อฯ โดยแมลง ปี 2555-2559 [อินเทอร์เน็ต]. 2557 [เข้าถึงเมื่อ 10 ม.ค. 2561]. เข้าถึงได้จาก: [http://www.thaivbd.org/ploads/project/1/\\_2555\\_2559.pdf](http://www.thaivbd.org/ploads/project/1/_2555_2559.pdf)
8. Hu W, Clements A, Williams G, Tong S. Spatial analysis of notified dengue fever infections. Epidemiol Infect. 2011 Mar;139(3):391-9.
9. Wen TH, Lin NH, Lin CH, King CC, Su MD. Spatial mapping of temporal risk characteristics to improve environmental health risk identification: a case study of a dengue epidemic in Taiwan. Sci Total Environ. 2006 Aug 31;367(2-3):631-40.

10. Anselin, L. Local indicators of spatial association – LISA. *Geographical Analysis*. April 1995; 27: 93-115.
11. Katty C Castillo, Birthe Körbl, Anna Stewart, Javier F Gonzalez, Facundo Poncec. Application of spatial analysis to the examination of dengue fever in Guayaquil, Ecuador. *Procedia Environmental Sciences*. 2011; 7: 188-93.
12. Toan do TT, Hu W, Quang Thai P, Hoat LN, Wright P, Martens P. Hot spot detection and spatio-temporal dispersion of dengue fever in Hanoi, Vietnam. *Glob Health Action*. 2013 Jan 24; 6: 18632. doi: 10.3402/gha.v6i0.18632.
13. สำนักกระบาดวิทยา. สรุปรายงานการเฝ้าระวังโรค ประจำปี 2559 [อินเทอร์เน็ต]. 2560 [เข้าถึงเมื่อ 10 ม.ค. 2561]. เข้าถึงได้จาก: <http://203.157.15.110/annual/AESR2016/index.html>
14. Rianthavorn P, Prianantathavorn K, Wuttirattanakowit N, Theamboonlers A, Poovorawan Y. An outbreak of chikungunya in southern Thailand from 2008 to 2009 caused by African strains with A226V mutation. *Int J Infect Dis*. 2010 Sep;14 Suppl 3:e161-5.
15. Vongpunsawad S, Intharasongkroh D, Thongmee T, Poovorawan Y. Seroprevalence of antibodies to dengue and chikungunya viruses in Thailand. *PLoS One*. 2017;12(6):e0180560. doi: 10.1371/journal.pone.0180560. eCollection 2017.

#### แนะนำการอ้างอิงสำหรับบทความนี้

ปณิตี ธรรมวิจยะ, ดารินทร์ อารีย์โชคชัย. การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่และพื้นที่เสี่ยงของโรคไข้เลือดออกในประเทศไทย. รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์. 2561; 49: 113-20.

#### Suggested Citation for this Article

Thammawijaya P, Areechokchai D. Spatial correlation and hot spot analysis of dengue hemorrhagic fever in Thailand. *Weekly Epidemiological Surveillance Report*. 2018; 49: 113-20.

## Spatial correlation and hot spot analysis of dengue hemorrhagic fever in Thailand

**Author :** Panithee Thammawijaya<sup>1</sup>, Darin Areechokchai<sup>2</sup>

<sup>1</sup> *Bureau of Epidemiology, Department of Disease Control, Ministry of Public Health*

<sup>2</sup> *Bureau of Vector Borne Diseases, Department of Disease Control, Ministry of Public Health*

### Abstract

**Background:** Dengue hemorrhagic fever (DHF) is an important public health problem found in all regions of Thailand and there are many cases, including deaths, reported every year. Since several spatial characteristics are determinants of DHF epidemic, objectives of this study are to explore spatial relationship of the disease in the country and to identify areas at high risk of dengue epidemic.

**Methods:** Spatial autocorrelation analyses were performed using data of provincial DHF incidence of Thailand from the National Notifiable Diseases Surveillance (Report 506) during 2014-2016.

**Results:** Overall, DHF incidences at provincial level in Thailand had statistically significant spatial correlation in 2014, 2015 and 2016 with Moran's I coefficients of 0.38, 0.41 and 0.51, respectively. Clusters of DHF epidemic were identified and varied by geographical regions. Among provinces in the most south region, clusters of epidemic were found in all three years including two years with "hot spot", i.e. aggregation of high incidence provinces. In the central region, hot spot was identified in one of three years. Additionally, there were some provinces outside the hot spots but had high risk of either importing or exporting epidemics from adjacent provinces, based on their statistically significance level.

**Conclusion and discussion:** Findings of this study indicated that DHF epidemic in Thailand had clear pattern of hot spot in some regions while, in other areas, provinces at high risk of exporting or importing epidemic were also identified. We strongly recommend relevant organizations to consider applying spatial autocorrelation analysis, in addition to conventional methods, to improve provision of appropriate disease control measures.

**Keywords:** Spatial autocorrelation, hot spot, dengue hemorrhagic fever, Thailand