

ชื่อเรื่อง การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัส
แต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย
ผู้ศึกษาค้นคว้า ปาณิศา ฮวบสมบูรณ์
วิทยานิพนธ์ วิทยานิพนธ์ วท.บ สาขาภูมิศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวร 2565
อาจารย์ที่ปรึกษา รองศาสตราจารย์พัฒนา ราชวงศ์
คำสำคัญ อัตราการเสียชีวิต ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ การวิเคราะห์จุดความร้อน

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์ประการ ประการแรกต้องการศึกษาการระบาดที่ทำให้มีผู้เสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในแต่ละสายพันธุ์ และประการที่สองต้องการศึกษาปัจจัยทางพื้นที่ที่ทำให้ผู้ป่วยติดเชื้อ เสียชีวิต โดยใช้ Descriptive analysis และ Hotspot analysis ในการวิเคราะห์ ผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ พบว่า แต่ละจังหวัดมีผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เฉลี่ย 43,953 ราย แบ่งเป็นการเสียชีวิตเฉลี่ยในสายพันธุ์อู่ฮั่นจังหวัดละ 0.831 ราย สายพันธุ์อัลฟาจังหวัดละ 16 ราย สายพันธุ์เดลตาจังหวัดละ 259 ราย และสายพันธุ์โอไมครอนจังหวัดละ 138 ราย โดยมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานแต่ละสายพันธุ์ 3.038, 73.24, 708.90 และ 162.16 ตามลำดับ การวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วยการวิเคราะห์จุดความร้อน Hotspot analysis เพื่อค้นหาพื้นที่ที่มีการเกาะกลุ่มกันของผู้เสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สัมประสิทธิ์ GiZScore และ GiPValue ที่ได้ แสดงให้เห็นว่าการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อ ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันอยู่ในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออก และพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ขณะที่การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเหตุปัจจัยเชิงพื้นที่

การวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วย Hotspot analysis ได้ค่าสัมประสิทธิ์ GiZScore และ GiPValue ที่แสดงให้เห็นว่าการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อ ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันอยู่ในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออก และพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ขณะที่การวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ได้ค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ ในแต่ละสายพันธุ์ ร้อยละ 0.2, 4, 34 และ 62 ในช่วงที่มีการระบาดของสายพันธุ์อู่ฮั่น อัลฟา เบตา และโอไมครอน ตามลำดับ โดยพื้นที่ที่ปัจจัยทั้ง 4 มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ มากที่สุด อยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานคร จังหวัดเชียงราย จังหวัดอุดรธานี และจังหวัดบึงกาฬ

All rights reserved

Title Thailand Spatial Interaction of SARS-CoV-2 Species Infection Mortality

Province Authors Panisa Huabsomboon

Advisor Pathana Rachavong, Associated Professor

Academic Paper B.S. Thesis in Geography, Naresuan University, 2022

Keywords: Fatality ratio, Spatial relation, Hotspot analysis

Abstract

This particular study has two objectives: 1) to study the epidemic leading to death of each new coronavirus infection; 2) to study the spatial factors that role to the infected patients mortality by use the descriptive statistical analysis and hotspot analysis. The results obtained from the analysis show that each province had an average of 43,953 deaths from the novel coronavirus infection, divided into 0.831 deaths per province of Wuhan and 16 per province for Alpha strain. Delta species 259 cases per province and Omicron 138 cases per province with standard deviations for each species 3.038, 73.24, 708.90 and 162.16, respectively. Spatial analysis with hotspot analysis to find the area of aggregation of deaths of novel coronavirus cases. The resulting GiZScore and GiPValue coefficients showed infected mortality patients. All four species are grouped together in the area, namely Bangkok and its vicinities, northern area Eastern part and the lower southern part of Thailand while analyzing the relationship of spatial factors.

This research obtain GiZScore and GiPValue coefficients by hot spot analysis to indicate the mortality of infected patients. All four species are grouped together in the area, namely Bangkok and its vicinities. northern area Eastern area and the lower southern area. And I use the geo-weighted regression analysis to get the relationship coefficient 0.2, 4, 34 and 62 percent of each strain during the outbreak of Wuhan, Alpha, Beta and Omicron, respectively. The most infected people are in Bangkok. Chiang Rai Uttaradit Province and Bueng Kan Province.

All rights reserved