



การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัส  
แต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย  
Thailand Spatial Interaction of SARS-CoV-2 Species Infection Mortality

ปาณิสรา ฮวบสมบูรณ์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University  
วิทยานิพนธ์ระดับปริญญาตรี เสนอภาควิชาทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม

คณะเกษตรศาสตร์ ทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยนเรศวร

เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

สาขาวิชาภูมิศาสตร์

พฤษภาคม 2565

## ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยนเรศวร

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ประธานบริหารหลักสูตรวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาวิชาภูมิศาสตร์ และหัวหน้าภาควิชาทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม คณะเกษตรศาสตร์ ทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยนเรศวร ได้พิจารณาวิทยานิพนธ์ระดับปริญญาตรี เรื่อง “การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสแต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย” แล้ว เห็นสมควรให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาวิชาภูมิศาสตร์



.....  
(รองศาสตราจารย์พัฒนา ราชวงศ์)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์



.....  
(รองศาสตราจารย์พัฒนา ราชวงศ์)

ประธานบริหารหลักสูตรวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาวิชาภูมิศาสตร์



.....  
(รองศาสตราจารย์พัฒนา ราชวงศ์)

หัวหน้าภาควิชาทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม

## กิตติกรรมประกาศ

การศึกษาวิจัยเพื่อจัดทำเป็นวิทยานิพนธ์ระดับปริญญาตรีฉบับนี้สำเร็จลงได้ด้วยความกรุณาอย่างยิ่งจาก รองศาสตราจารย์พัฒนา ราชวงศ์ อาจารย์ปรีกษาวิทยานิพนธ์ และคณาจารย์สาขาวิชาภูมิศาสตร์ ภาควิชา ทรัพยากรธรรมชาติและสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยนเรศวร ทุกท่านที่กรุณาให้คำแนะนำ และตรวจสอบเครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย ตลอดจนช่วยตรวจสอบ แก้ไขข้อบกพร่องใดๆ และเอาใจใส่อยู่ตลอด จนทำให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ สำเร็จลุล่วงได้อย่างสมบูรณ์

กราบขอบพระคุณ บิดามารดาและครอบครัวของผู้วิจัย ที่ให้กำลังใจและสนับสนุนทุกๆ ด้านในการทำ วิทยานิพนธ์ครั้งนี้ ขอขอบคุณ อาจารย์ธัญญาลักษณ์ จันทร์สมบัติ ที่ช่วยแนะนำการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วยภูมิ สารสนเทศ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.กัมปนาท ปิยะธำรงชัย ที่ช่วยแนะนำการสร้างแผนที่ด้วยโปรแกรมภูมิ สารสนเทศ คุณจิรัฐญา ต้วงฟู นิสิตปริญญาโท สาขาวิชาภูมิสารสนเทศศาสตร์ ที่ช่วยแนะนำการสืบค้นข้อมูลและ วิธีการวิเคราะห์ที่ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ และขอบคุณเพื่อนๆ ที่มีอาจารย์ที่ปรึกษาคนเดียวกัน ที่ได้ช่วย ในการแบ่งปันแลกเปลี่ยนข้อมูลในการทำวิจัย และวิธีการในการทำงานวิจัยครั้งนี้สำเร็จลุล่วงได้

ผู้วิจัยหวังเป็นอย่างยิ่งว่างานวิจัยนี้จะเป็นประโยชน์ต่อผู้ที่สนใจบ้างไม่มากก็น้อย โดยคุณค่าและ คุณประโยชน์อันนี้พึงมีจากวิทยานิพนธ์ระดับปริญญาตรีฉบับนี้ ผู้วิจัยส่งมอบและอุทิศแต่ผู้มีพระคุณทุกๆ ท่าน ที่กล่าวมาแล้วข้างต้น

ปาณิศา ฮาบสมบูรณ์

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

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 แบ่งเป็นการเสียชีวิตเฉลี่ยในสายพันธุ์อัลฟาจังหวัดละ 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 ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออก และพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ขณะที่การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเหตุปัจจัยเชิงพื้นที่

การวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วย Hotspot analysis ได้ค่าสัมประสิทธิ์ GiZScore และ GiPValue ที่แสดงให้เห็นว่าการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อ ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออก และพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ขณะที่การวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ได้ค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ ในแต่ละสายพันธุ์ ร้อยละ 0.2, 4, 34 และ 62 ในช่วงที่มีการระบาดของสายพันธุ์อัลฟา 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

## สารบัญ

	หน้า
<b>บทที่ 1 บทนำ</b>	1
1.1 ที่มาและความสำคัญ	1
1.2 วัตถุประสงค์	2
1.3 พื้นที่ศึกษา	3
1.4 นิยามศัพท์เฉพาะ	3
1.5 ประโยชน์ที่ได้รับ	3
<b>บทที่ 2 ทฤษฎี แนวความคิด และวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง</b>	4
2.1 ทฤษฎีและแนวความคิด	4
2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	6
2.3 ผลลัพธ์	17
<b>บทที่ 3 ระเบียบวิธีวิจัย</b>	19
3.1 กรอบแนวคิดวิจัย	19
3.2 ข้อมูลและกระบวนการข้อมูล	20
3.3 วิธีวิเคราะห์ข้อมูล	21
3.4 การนำเสนอผลการวิเคราะห์ข้อมูล	28
<b>บทที่ 4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูล</b>	31
4.1 การติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่	31
4.2 การวิเคราะห์จุดความร้อนของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่	35
4.3. ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตสะสม	41
<b>บทที่ 5 สรุป อภิปรายผล และข้อเสนอแนะ</b>	56
5.1 สรุป	56
5.2 อภิปรายผล	57
5.3 ข้อเสนอแนะ	60
<b>บรรณานุกรม</b>	62
<b>ภาคผนวก ก ตารางข้อมูลของแต่ละสายพันธุ์</b>	64
<b>ประวัติผู้วิจัย</b>	66

## บัญชีตาราง

		หน้า
ตารางที่ 3.1	ช่วงเวลาของการระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในประเทศไทย	20
ตารางที่ 3.2	ข้อมูลและแหล่งข้อมูล	21
ตารางที่ 3.3	ค่าพารามิเตอร์แสดงผลลัพธ์การวิเคราะห์จุดความร้อน	25
ตารางที่ 3.4	แอตทริบิวต์ ค่าของแต่ละฟิลด์	25
ตารางที่ 3.5	ตัวอย่างพารามิเตอร์แสดงผลลัพธ์การวิเคราะห์จุดความร้อน	26
ตารางที่ 4.1	สถิติการติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่	31
ตารางที่ 4.2	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูงของสายพันธุ์ฮั่น	35
ตารางที่ 4.3	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำของสายพันธุ์ฮั่น	35
ตารางที่ 4.4	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูงของสายพันธุ์อัลฟา	36
ตารางที่ 4.5	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำของสายพันธุ์อัลฟา	36
ตารางที่ 4.6	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูงของสายพันธุ์เบต้า	37
ตารางที่ 4.7	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำของสายพันธุ์เบต้า	37
ตารางที่ 4.8	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูงของสายพันธุ์โอไมครอน	37
ตารางที่ 4.9	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำของสายพันธุ์โอไมครอน	38
ตารางที่ 4.10	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง สะสมตั้งแต่เริ่มระบาดจนถึง 12 กันยายน 2565	38
ตารางที่ 4.11	ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ สะสมตั้งแต่เริ่มระบาดจนถึง 12 กันยายน 2565	39

ตารางที่ 4.12	ค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญต่อการเกาะกลุ่มเป็นค่าสัมประสิทธิ์ Gi 2 ตัว คือ สัมประสิทธิ์ GiZValue และ GiPValue	40
ตารางที่ 4.13	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สะสม	42
ตารางที่ 4.14	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อู่ฮั่น	45
ตารางที่ 4.15	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อัลฟา	47
ตารางที่ 4.16	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์เบตา	50
ตารางที่ 4.17	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์โอไมครอน	53
		
		หน้า
ภาพที่ 3.1	กรอบแนวความคิดในงานวิจัย	19
ภาพที่ 3.2	ตัวอย่างผลลัพธ์การวิเคราะห์จุดความร้อน แสดงในแผนที่	27
ภาพที่ 4.1	กราฟแสดงสัดส่วนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560- 2565	32
ภาพที่ 4.2	กราฟแสดงสัดส่วนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสาย พันธุ์ พ.ศ.2560-2565	32
ภาพที่ 4.3	แผนที่แสดงสัดส่วนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560- 2565	33
ภาพที่ 4.4	แผนที่แสดงสัดส่วนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสาย พันธุ์ พ.ศ.2560-2565	33
ภาพที่ 4.5	แผนที่แสดงสัดส่วนติดเชื้อและผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565	34



ภาพที่ 4.6	ค่าพารามิเตอร์ผลลัพธ์การวิเคราะห์ hotspot analysis เชิงพื้นที่เพื่อแสดงการเกาะกลุ่มกันของจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ	39
ภาพที่ 4.7	แผนที่แสดงข้อมูลทางสังคม เศรษฐกิจ และสุขภาพของประชากรไทย รายจังหวัด	41
ภาพที่ 4.8	แผนที่ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สะสม	43
ภาพที่ 4.9	แผนที่ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อู่ฮั่น	46
ภาพที่ 4.10	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อัลฟา	48
ภาพที่ 4.11	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์เบตา	51
ภาพที่ 4.12	ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์โอไมครอน	53

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## บทที่ 1

### บทนำ

#### 1.1 ที่มาและความสำคัญ

สำหรับ ‘สายพันธุ์โควิด-19’ ที่มีการระบาดในประเทศไทยนั้น นับเป็นเวลา 2 ปีกว่าแล้ว ที่ทั่วโลกต้องเผชิญกับการระบาดของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19) ในขณะเดียวกันก็มีการพบการกลายพันธุ์ไปตามสภาพแวดล้อมในแต่ละพื้นที่จนเกิดเป็นสายพันธุ์ใหม่ๆ สำหรับประเทศไทยเองก็มีการรับเชื้อโควิดกลายพันธุ์เข้ามาจากที่ต่างๆ และมีการแพร่ระบาดอยู่หลากหลายสายพันธุ์ในขณะนี้ ศูนย์การตรวจวิเคราะห์ทางการแพทย์ เมดิคอลไลน์ แล็บ จะพาทุกท่านไปทำความรู้จักกับสายพันธุ์โควิด-19 ที่มีการแพร่ระบาดในประเทศไทย พร้อมอาการเบื้องต้นของแต่ละสายพันธุ์

1. โควิดสายพันธุ์อู่ฮั่น (Serine) ไวรัสโควิดสายพันธุ์ S หรือชื่อที่คนส่วนใหญ่เรียกกันคือสายพันธุ์อู่ฮั่นนี้เป็นสายพันธุ์ที่มีการพบเชื้อครั้งแรกที่เมืองอู่ฮั่น มณฑลหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน โดยเริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงเดือนมกราคม 2563 ถือเป็นสายพันธุ์ที่น่าวิตกกังวล พบครั้งแรกในสนามมวยที่ลุมพินี ราชดำเนิน และอ้อมน้อย รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 3,569 ราย รักษาหาย 3,379 ราย เสียชีวิต 59 ราย

2. โควิดสายพันธุ์อัลฟา (Alpha) ไวรัสโควิดสายพันธุ์ B.1.1.7 หรือชื่อที่คนส่วนใหญ่เรียกกันคือสายพันธุ์อัลฟานี้เป็นสายพันธุ์ที่มีการพบครั้งแรกที่เมืองเคนต์ ประเทศอังกฤษ ในช่วงเดือนกันยายนปี 2563 เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงเดือนมกราคม 2564 ถือเป็นอีกหนึ่งสายพันธุ์ที่น่าวิตกกังวล พบครั้งแรกที่ทองหล่อ รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 2,029,531 ราย รักษาหาย 1,921,361 ราย เสียชีวิต 20,188 ราย

3. โควิดสายพันธุ์เบต้า (Beta) ไวรัสโควิดสายพันธุ์ B.1.351 หรือชื่อที่คนส่วนใหญ่เรียกกันคือสายพันธุ์เบตานั้นเป็นสายพันธุ์ที่มีการพบครั้งแรกในอ่าวเนลสันแมนเดลา เมืองอีสเทิร์นเคป ประเทศแอฟริกาใต้ ในช่วงเดือนตุลาคมปี 2563 เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงวันที่ 9 มิถุนายน 2564 ที่ อ.ตากใบ จ.นราธิวาส สำหรับสายพันธุ์เบต้าพบว่ามีอัตราการแพร่เชื้อไวขึ้น 50% จากสายพันธุ์เดิม รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 7,693 ราย รักษาหาย 4,281 ราย เสียชีวิต 11 ราย

4. โควิดสายพันธุ์โอไมครอน (Omicron) ไวรัสโควิดสายพันธุ์ B.1.1.529 หรือชื่อที่คนส่วนใหญ่เรียกกันคือสายพันธุ์โอไมครอน ถือเป็นสายพันธุ์ที่น่าวิตกกังวลที่สุด พบครั้งแรกในประเทศแอฟริกาใต้ ในช่วงเดือนพฤศจิกายนปี 2564 รวมถึงประเทศไทยที่มีอัตราการระบาดค่อนข้างรวดเร็ว เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงพฤศจิกายน 2564 และมีความเสี่ยงที่จะทำให้เกิดการกลับมาติดเชื้อซ้ำเพิ่มขึ้น รวมๆแล้วมียอดผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 269,949 ราย รักษาหาย 378,481 ราย เสียชีวิต 11,238 ราย

เนื่องจากการเชื้อโควิด-19 นั้นมีผลกระทบต่อระบบทางเดินหายใจโดยตรง ซึ่งการรับเชื้อในปริมาณมาก จะทำให้มีเชื้อที่ถูกลดทอนทำให้เกิดอาการปอดอักเสบ เชื้อที่ถูกลดทอนจะทำให้มีการอุดตันส่งผลต่อการแลกเปลี่ยนและการลำเลียงออกซิเจนมีปัญหาอาจทำงานได้อย่างไม่มีประสิทธิภาพ หรือไม่สามารทำงานได้ ส่งผลให้กระแสเลือดและร่างกายไม่ได้รับออกซิเจนอย่างที่ควรจะเป็น

เมื่อหายจากโรคโควิด-19 แล้ว การอักเสบของร่างกายอย่างรุนแรงจากเชื้อโควิด-19 จะมีผลทำให้เกิดเป็นรอยแผลเป็นหรือพังผืดต่างๆ ในเนื้อปอด ทำให้เนื้อปอดขาดความยืดหยุ่น มีฝ้าขาวเกิดขึ้นที่ปอด แลกเปลี่ยนออกซิเจนได้ไม่ค่อยดีนัก รู้สึกหายใจไม่เต็มปอด เหนื่อยง่าย เหนื่อยล้า ไม่สดชื่น ไอเรื้อรัง ทำกิจกรรมต่างๆ ได้ไม่เหมือนเดิม

ผลกระทบต่อทางลบจากการแพร่กระจายของเชื้อไวรัสโควิด-19 จึงเกิดปัญหาอย่างมาก โดยเฉพาะคนยากจนที่ต้องทำงานหาเลี้ยงชีพเป็นวันๆ ซึ่งคนเหล่านี้จะต้องทำงาน สูญเสียรายได้ ข้ำราย คนยากจนเหล่านี้ยังไม่สามารถเข้าถึงบริการทางด้านสาธารณสุขได้เท่ากับคนที่มิฐานะ การร่วมแรงร่วมใจฝ่าฟันอุปสรรค จึงต้องช่วยเหลือแบ่งปัน เพื่อให้ผ่านวิกฤตินี้ไปได้ ผลกระทบที่สำคัญอีกด้านคือการผลิตอุตสาหกรรม ซึ่งส่งผลให้สินค้าขาดแคลน เช่น เครื่องมือ อุปกรณ์ทางการแพทย์ การดูแลสุขภาพ ที่ทำให้สินค้ามีราคาแพง เช่น หน้ากากอนามัย หรือเจลล้างมือ สินค้าอุปโภคบริโภคที่จำเป็น เกิดปัญหาการเก็งกำไร

ผลกระทบในระยะยาว เนื่องจากการเติบโตทางเศรษฐกิจลดลง ทำให้สูญเสียการพัฒนาทรัพยากรมนุษย์ที่เกี่ยวข้องกับการจ้างงาน ที่ประเทศจะสูญเสียขีดความสามารถในการแข่งขันและการเจริญเติบโตทางเศรษฐกิจในระยะยาว เนื่องจากจะต้องใช้ทรัพยากรจำนวนมากมาลงทุนกับการป้องกันและรักษาโรคโควิด-19 มีการนำเงินกู้จำนวนมากมาใช้จ่าย จนอาจขาดแคลนทรัพยากรในการลงทุนในโครงสร้างพื้นฐานที่จำเป็น

การระบาดของโควิด-19 ทำให้เกิดงานวิจัยมากมายหลายสาขาวิชาทั้งด้านวิทยาศาสตร์ สุขภาพ วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี และมนุษยศาสตร์และสังคมศาสตร์ เช่นเดียวกับสาขาวิชาภูมิศาสตร์ที่ให้ความสำคัญกับภูมิศาสตร์การแพทย์ ภูมิศาสตร์สุขภาพ ภูมิศาสตร์สาธารณสุข ซึ่งผู้วิจัยเป็นผู้หนึ่งที่ให้ความสนใจในประเด็นด้านภูมิศาสตร์สุขภาพที่จะนำเอาภูมิสารสนเทศมาเป็นเครื่องมือในการจัดการข้อมูล เพื่อใช้ประโยชน์ในการตัดสินใจด้านสุขภาพ ทั้งในส่วนของอุปสงค์คือการเข้าถึงระบบดูแลสุขภาพสุขภาพ และในส่วนของอุปทานคือระบบสิ่งอำนวยความสะดวกของการดูแลสุขภาพสุขภาพ

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## 1.2 วัตถุประสงค์

1. วิเคราะห์ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Description statistics และ Hotspot analysis
2. วิเคราะห์ด้วยผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Geographically Weighted Regression

### 1.3 พื้นที่ศึกษา

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสแต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย ครั้งนี้ เป็นการศึกษาในระดับมหภาคเพื่อให้เห็นภาพรวมของประเทศ จึงกำหนดพื้นที่ศึกษาครอบคลุมประเทศไทยทั้งประเทศ โดยมีจังหวัดทั้ง 77 จังหวัด เป็นหน่วยการวิเคราะห์ (Unit of Analysis)

### 1.4 นิยามศัพท์เฉพาะ

ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ หมายถึง ความสัมพันธ์ของข้อมูลเชิงพื้นที่ที่มีซึ่งกันและกันตามระบบทอพอโลยีที่ใช้กัน ตัวอย่างเช่น ความสัมพันธ์ระหว่างจุด เส้น และพื้นที่ หรือพื้นที่ต่างๆ ซึ่งเป็นรูปแบบของข้อมูลแผนที่ในระบบสารสนเทศภูมิศาสตร์

จุดความร้อน หมายถึง ด้วยชุดคุณลักษณะที่ถ่วงน้ำหนัก การวิเคราะห์จุดความร้อนสามารถระบุจุดร้อนและจุดเย็นที่มีนัยสำคัญทางสถิติได้ด้วยการใช้ดัชนี General G ในพื้นที่ การวิเคราะห์จุดความร้อนจะพิจารณาคุณลักษณะแต่ละอย่างในสภาพแวดล้อมใกล้เคียง ดังนั้น คุณสมบัติที่มีมูลค่าสูง อาจไม่แสดงความเป็นจุดความร้อน คุณลักษณะที่มีค่าสูงและล้อมรอบด้วยคุณลักษณะที่มีค่าสูง ความเป็นจุดความร้อน (hot spot) ตรงกันข้าม คุณลักษณะที่มีค่าต่ำและล้อมรอบด้วยคุณลักษณะที่มีค่าต่ำ จะมีความเป็นจุดความเย็น (cold spot)

อัตราการเสียชีวิต หมายถึง จำนวนประชากรที่เสียชีวิตต่อประชากรทั้งหมดต่อหนึ่งหน่วยเวลา

### 1.5 ประโยชน์ที่ได้รับ

1. การศึกษาการระบาดของโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในแต่ละสายพันธุ์ ที่ทำให้มีผู้เสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ ทำให้ทราบถึงพื้นที่ที่มีการระบาดจนทำให้เกิดการเสียชีวิต แบ่งได้ตามสายพันธุ์ทั้ง 4 สายพันธุ์ กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข สามารถนำผลลัพธ์ที่ได้ไปจัดระบบการป้องกัน รักษา และควบคุมการระบาดที่จะทำให้เกิดการเสียชีวิตของประชาชน

2. การศึกษาปัจจัยทางพื้นที่ที่ทำให้เกิดการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อฯ แบ่งย่อยออกตามแต่ละสายพันธุ์ ทำให้ทราบถึงระดับอิทธิพลของปัจจัยที่กำหนด ที่มีต่อการเสียชีวิตของประชาชนที่เป็นผู้ป่วยติดเชื้อฯ แบ่งตามสายพันธุ์ และการกระจายตัวของผู้เสียชีวิตแบ่งตามสายพันธุ์ ผลลัพธ์ที่ได้นี้เป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อกรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข ในการจัดระบบสิ่งอำนวยความสะดวกเพื่อการดูแลรักษาสุขภาพประชาชน

## บทที่ 2

### ทฤษฎี แนวความคิด และวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง

รายละเอียดที่จะกล่าวถึงในบทที่ 2 ทฤษฎี แนวความคิด และวรรณกรรมที่เกี่ยวข้องนี้ มี 2 ส่วน คือ ส่วนที่ 1 เป็นทฤษฎีและแนวความคิด ซึ่งเป็นการอธิบายถึงระบาดวิทยา การระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส และการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อโคโรนาไวรัส 2019 และส่วนที่ 2 เป็นการทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง ซึ่งมีทั้งหมด 5 เรื่อง

#### 2.1 ทฤษฎีและแนวความคิด

##### 2.1.1 ระบาดวิทยาของโควิด-19

ระบาดวิทยา หมายถึง “การศึกษาเกี่ยวกับการกระจายและปัจจัยของภาวะหรือเหตุการณ์ที่เกี่ยวข้องกับสุขภาพในกลุ่มประชากรเฉพาะ และการนำผลของการศึกษานี้ไปประยุกต์ใช้ในการควบคุมปัญหาสุขภาพ” การศึกษา: ระบาดวิทยาเป็น "รูปแบบ" หรือ "กระบวนการ" อย่างหนึ่งของการทำ "การศึกษา" ที่ใช้ในการแก้ไขปัญหาด้านสุขภาพ และผลการศึกษาที่ได้ก็จะเป็นการสร้างองค์ความรู้ใหม่” เพิ่มเติมขึ้นมา ระบาดวิทยาจึงเป็นกระบวนการที่ต้องทำอย่างต่อเนื่อง ไม่สิ้นสุด เพื่อสร้างองค์ความรู้ให้ทันสมัยตลอดเวลาภาวะหรือเหตุการณ์ที่เกี่ยวข้องกับสุขภาพ: จะเห็นได้ว่า คำจำกัดความนี้ได้กล่าวอย่างเป็น กลางๆ ไว้โดยระบุว่า "ภาวะ" หรือ "เหตุการณ์" โดยไม่กล่าวตรงๆ ว่า "ปัญหา" เพราะถ้ากล่าวว่าเป็น "ปัญหา" ก็อาจมีขอบเขตจำกัดเพียงเมื่อเกิด "ปัญหา" ขึ้นมาแล้ว แต่ "ระบาดวิทยา" นั้นมีขอบเขต กว้างขวางมากกว่า "ปัญหา" กล่าวคือ อาจไม่มีความจำเป็นต้องรอให้เกิด "ปัญหา" ขึ้นมาก่อนแล้วค่อย ลงมือแก้ไขเพราะนั่นเป็นการวิ่งไล่ "ปัญหา" และอาจไม่มีความคุ้มค่า อีกทั้งความเสียหายต่อสุขภาพก็ได้ เกิดขึ้นแล้ว โดยความเสียหายด้านสุขภาพบางอย่างอาจไม่สามารถแก้ไขได้ด้วยซ้ำไป การลงมือทำตั้งแต่ยังไม่เกิด "ปัญหา" ก็คือ "การป้องกัน" (prevention) นั่นเอง

ไวรัสโคโรนา (Coronavirus) เป็นไวรัสที่ถูกพบครั้งแรกในปี 1960 แต่ยังไม่ทราบแหล่งที่มาอย่างชัดเจนว่ามาจากที่ใด แต่เป็นไวรัสที่สามารถติดเชื้อได้ทั้งในมนุษย์และสัตว์ ปัจจุบัน มีการค้นพบไวรัสสายพันธุ์นี้แล้วทั้งหมด 6 สายพันธุ์ ส่วนสายพันธุ์ที่กำลังแพร่ระบาดหนักทั่วโลกตอนนี้เป็นสายพันธุ์ที่ 7 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ใหม่ที่ไม่เคยพบมาก่อนในมนุษย์ จึงถูกเรียกว่าเป็นไวรัสโคโรนาสายพันธุ์ใหม่และภายหลังได้ถูกตั้งชื่ออย่างเป็นทางการว่า โควิด-19 โควิด-19 มีต้นกำเนิดมาจากตลาดอาหารทะเลแห่งหนึ่งในเมืองอู่ฮั่น เมืองหลวงของจังหวัดหูเป่ย์ สาธารณรัฐประชาชนจีน ในช่วงปลายปี 2562 ต่อมาได้แพร่กระจายไปยังภูมิภาคอื่นๆ ทั่วโลกผ่านการเดินทาง เนื่องจากการมี

พื้นที่ทางภูมิศาสตร์ติดต่อกัน และมีการเดินทางเชื่อมต่อกันและกัน โดยเชื้อไวรัสนี้ก่อให้เกิดอาการป่วยทางระบบทางเดินหายใจ และสามารถแพร่เชื้อจากคนสู่คนได้ อาการทั่วไปของโรคโควิด-19 ได้แก่ อาการระบบทางเดินหายใจ มีไข้ ไอ หายใจถี่ หายใจลำบาก ในกรณีที่อาการรุนแรงมาก อาจทำให้เกิดภาวะแทรกซ้อน เช่น ปอดบวม ปอดอักเสบ ไตวาย หรืออาจเสียชีวิต

### 2.1.2 การระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัส

1. โควิดสายพันธุ์อู่ฮั่น (Serine) เป็นสายพันธุ์ที่มีการพบเชื้อครั้งแรกที่เมืองอู่ฮั่น สาธารณรัฐประชาชนจีน เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงเดือนมีนาคม 2563 พบครั้งแรกในสนามมวยที่ลุมพินี ราชดำเนิน และอ้อมน้อย รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 3,569 ราย รักษาหาย 3,379 ราย เสียชีวิต 59 ราย

2. โควิดสายพันธุ์เบต้า (Beta) เป็นสายพันธุ์ที่มีการพบครั้งแรกในเมืองอีสเทิร์นเคป ประเทศแอฟริกาใต้ เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงวันที่ 9 มิถุนายน 2564 ที่ อ.ตากใบ จ.นราธิวาส สำหรับสายพันธุ์เบต้าพบว่ามีอัตราการแพร่เชื้อไวขึ้น 50% จากสายพันธุ์เดิม รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 7,693 ราย รักษาหาย 4,281 ราย เสียชีวิต 11 ราย

3. โควิดสายพันธุ์อัลฟา (Alpha) เป็นสายพันธุ์ที่มีการพบครั้งแรกที่เมืองเคนต์ ประเทศอังกฤษ เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงเดือนมกราคม 2564 ถือเป็นอีกหนึ่งสายพันธุ์ที่น่าวิตกกังวล พบครั้งแรกที่ทองหล่อ รวมๆแล้วมีผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 2,029,531 ราย รักษาหาย 1,921,361 ราย เสียชีวิต 20,188 ราย

4. โควิดสายพันธุ์โอไมครอน (Omicron) พบครั้งแรกในประเทศแอฟริกาใต้ เริ่มระบาดในไทยครั้งแรกในช่วงพฤศจิกายน 2564 และมีความเสี่ยงที่จะทำให้เกิดการกลับมาติดเชื้อซ้ำเพิ่มขึ้นพบครั้งแรกที่สนามบินสุวรรณภูมิ รวมๆแล้วมียอดผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้สะสมทั้งสิ้น 1,269,949 ราย รักษาหาย 378,481 ราย เสียชีวิต 11,238 ราย

### 2.1.3 การเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อโควิด-19

อัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ (IFR) คือจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคหารด้วยจำนวนผู้ป่วยทั้งหมด ถ้าคน 10 คนเสียชีวิตจากโรคนี้ และ 500 คนเป็นโรคนี้จริง ๆ แล้ว IFR จะเท่ากับ  $[10 / 500]$  หรือ 2% เพื่อหา IFR เราต้องการตัวเลขสองตัว: จำนวนผู้ป่วยทั้งหมดและจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคนี้ อย่างไรก็ตาม ตามที่เราอธิบายไว้ ณ ที่นี้ ไม่ทราบ จำนวนผู้ป่วยโรคโควิด - 19 ทั้งหมด เหตุผลสำคัญประการหนึ่งสำหรับเรื่องนี้ก็คือไม่ใช่ทุกคนที่ติดเชื้อโควิด-19 จะได้รับการทดสอบ 8, 9 ปี ไม่ทราบจำนวนคดีทั้งหมด ดังนั้นจึงไม่สามารถคำนวณ IFR จากข้อมูลที่สังเกตได้ แต่นักวิจัยสามารถประเมินจำนวนเคสทั้งหมดและนำไปใช้ในการคำนวณ IFR ได้

อัตราการเสียชีวิตของผู้ป่วย (CFR) ไม่เหมือนกับความเสี่ยงต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ แม้ว่าบางครั้ง นักข่าวจะแนะนำว่าเป็นเช่นนั้น มีความเกี่ยวข้องและสำคัญ แต่ยังห่างไกลจากเรื่องราวทั้งหมด ทั้งนี้ CFR นั้นง่ายต่อการคำนวณ คำนวณจำนวนคนที่เสียชีวิตจากโรคนี้อีก และคูณหารด้วยจำนวนผู้ป่วยทั้งหมดที่ได้รับการวินิจฉัยว่าเป็นโรคนี้นี้ ดังนั้น หากมีผู้เสียชีวิต 10 ราย และมีผู้ได้รับการวินิจฉัยว่าเป็นโรคนี้อีก 100 ราย CFR จะเท่ากับ  $[10 / 100]$  หรือ 10%

$$\text{Case Fatality Rate (CFR)} = \frac{\text{Number of deaths from disease}}{\text{Number of diagnosed cases of disease}} \times 100$$

## 2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

การศึกษาวินิจฉัย เรื่อง “จำนวนอัตราผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด - 19 ในแต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย” นี้ได้ทำการทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง จำนวน 5 เรื่อง ประกอบด้วย Juhon, et al. (2021) เรื่อง Role of Geographic Risk Factors in COVID-19 Epidemiology: Longitudinal Geospatial Analysis, Gaisie, et al. (2022) เรื่อง Geographies of infections: built environment and COVID-19 pandemic in metropolitan Melbourne, Gu, et al. (2022) เรื่อง Variation in the COVID-19 infection-fatality ratio by age, time, and geography during the pre-vaccine era: a systematic analysis, Grekousis, et al. (2022) เรื่อง Ranking the importance of demographic, socioeconomic, and underlying health factors on US COVID-19 deaths: A geographical random forest approach และงานวิจัยของ Gaskin et al. (2021) เรื่อง Geographic disparities in COVID-19 infections and deaths: The role of transportation ทั้งนี้เพื่อสร้างเป็นกรอบแนวความคิด ดังที่จะได้ขยายความให้ชัดเจนยิ่งขึ้นในบทที่ 3

ทั้งนี้การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง แบ่งออกเป็น 4 ประเด็น คือ 1) ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีบทบาทต่อความเสี่ยงต่อการระบาดของโรคโควิด-19 2) ภูมิศาสตร์การติดเชื้อ 3) ความแปรปรวนของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ และ 4) ปัจจัยทางประชากร สังคมเศรษฐกิจ และสุขภาพ ที่มีผลต่ออัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

### 2.2.1 ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีบทบาทต่อความเสี่ยงต่อการระบาดของโรคโควิด-19

การเฝ้าระวังตามยาวตามประชากรโดยประเมินแนวโน้มเชิงพื้นที่รอบครึ่งเดือนของความชุกของการทดสอบที่ยืนยันแล้วของโรคโควิด - 19 ใน Olmsted County รัฐมินนิโซตา ตั้งแต่วันที่ 11 มีนาคม 2020 ถึง 31

ตุลาคม 2020 เนื่องจากพื้นที่เขตเมืองคิดเป็น 84% ของ ประชากรและ 86% ของกรณีโรคโควิด - 19 ทั้งหมดใน Olmsted County, MN เรากำหนดจุดร้อนสำหรับโรคโควิด - 19 ในเขตเมือง (Rochester และเมืองเล็กๆ อื่นๆ ) ของ Olmsted County, MN ในระหว่างระยะเวลาการศึกษาโดยใช้การวิเคราะห์ความหนาแน่นของเคอร์เนลด้วย แบบตัววัดครึ่งไมล์ ซึ่ง Juhon *et al.* (2021) ทำการศึกษา เรื่อง Role of Geographic Risk Factors in COVID-19 Epidemiology: Longitudinal Geospatial Analysis โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อทำการวิเคราะห์แนวโน้มเชิงพื้นที่และเวลาสำหรับโรค coronavirus 2019 (COVID-19) ในชุมชนมิติเวสต์เพื่อระบุและกำหนดลักษณะฮอตสปอตสำหรับโรคโควิด-19

ข้อมูลที่ใช้ การระบุพิกัดทางภูมิศาสตร์:ที่อยู่ของทุกคนที่ได้รับการทดสอบในระหว่างระยะเวลาการศึกษา ได้รับการกำหนดพิกัดทางภูมิศาสตร์โดยใช้วิธีการระบุพิกัดทางภูมิศาสตร์แบบพิกัด การทำเช่นนี้ช่วยให้เราระบุ ตำแหน่งของบุคคลและครัวเรือนได้อย่างแม่นยำ รวมถึงลักษณะที่อยู่อาศัย (เช่น อพาร์ทเมนต์ [APT] ชุมชนบ้าน เคลื่อนที่ [MHC] หรือบ้านเดี่ยว [SFH]) และลักษณะบริเวณใกล้เคียงที่เกี่ยวข้องกับระบาดวิทยาของโควิด -19.

วิธีการวิเคราะห์ การวิเคราะห์เชิงพื้นที่ตามยาวของเราเผยให้เห็นปัจจัยเสี่ยงใหม่ๆ ทางภูมิศาสตร์และที่อยู่อาศัย ซึ่งอาจส่งผลกระทบต่อภาระโดยรวมของโควิด-19 อย่างมาก และความเหลื่อมล้ำทางเชื้อชาติ/ชาติพันธุ์ และ เศรษฐกิจและสังคมที่เกี่ยวข้องในชุมชน ผลลัพธ์ดังกล่าวสามารถชี้แนะความพยายามในการเข้าถึงชุมชน (เช่น การ ให้ความรู้ด้านสาธารณสุข การทดสอบ/การติดตาม และการเปิดตัววัคซีน) สำหรับประชากรที่เสี่ยงต่อการติดเชื้อ โควิด-19

ผลลัพธ์ ณ วันที่ 31 ตุลาคม 2020 มีผู้ป่วยทั้งหมด 37,141 คน (30%) ได้รับการทดสอบอย่างน้อยหนึ่ง ครั้ง โดย 2433 (7%) มีผลตรวจเป็นบวก อัตราการทดสอบในกลุ่มเชื้อชาติมีความคล้ายคลึงกัน: 29% (สีดำ), 30% (สเปน), 25% (เอเชีย) และ 31% (สีขาว) ฮอตสปอตในเมืองสิบแห่งคิดเป็น 590 คดีใน 220 ที่อยู่ (2.68 คดีต่อที่อยู่) เมื่อเทียบกับ 1843 คดีที่ 1292 ที่อยู่ในพื้นที่นอกฮอตสปอต (1.43 คดีต่อที่อยู่) โดยรวมแล้ว 12% ของ ประชากรที่อาศัยอยู่ในฮอตสปอตคิดเป็น 24% ของผู้ติดเชื้อโควิด-19 ทั้งหมด ฮอตสปอตกระจุกตัวในละแวก ใกล้เคียงที่มีอพาร์ทเมนต์ที่มีรายได้น้อยและชุมชนบ้านเคลื่อนที่ ผู้คนที่อาศัยอยู่ในจุดร้อนมักจะเป็นชนกลุ่มน้อย และมาจากภูมิหลังทางเศรษฐกิจและสังคมที่ต่ำกว่า ทั้งนี้ ตามความรู้ของเรา นี่เป็นการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ตามยาว ครั้งแรกสำหรับ ระบาดวิทยาของโควิด-19 ในระดับเทศมณฑลในสหรัฐอเมริกา การวิเคราะห์แนวโน้มเชิงพื้นที่ของเราเปิดเผยว่าจุดร้อนสำหรับโควิด-19 เป็นปัจจัยเสี่ยงทางภูมิศาสตร์ที่สำคัญสำหรับโควิด-19 ที่ไม่รู้จัก และดูเหมือนว่าจะกระจุกตัวอยู่ในละแวกใกล้เคียงที่มี APT และ MHC ที่มีรายได้น้อยและประชากรที่ขาดแคลนทรัพยากรทางเศรษฐกิจและสังคมที่ติดเชื้อโควิด-19 อาศัยอยู่ในจุดร้อนอย่างไม่เป็นสัดส่วน ความ เหลื่อมล้ำ ที่มีนัยสำคัญเหล่านี้เกิดขึ้นทั้งๆ ที่รายงานปัจจัยของชุมชนที่บรรเทาความเหลื่อมล้ำทางสุขภาพเช่น ดัชนีความต่างระดับต่ำและรายได้เฉลี่ยของครอบครัวที่สูงกว่าค่าเฉลี่ยของชาติ การวิเคราะห์แนวโน้มชั่วคราวของเราเผยให้เห็นรูปแบบที่โดดเด่นของระบาดวิทยาของโควิด-19 ในระดับชุมชน



## 2.2.2 ภูมิศาสตร์การติดเชื้อ

งานวิจัย เรื่อง Geographies of infections: built environment and COVID-19 pandemic in metropolitan Melbourne ของ Gaisie *et al.* (2022) นี้ มุ่งเน้นไปที่เมลเบิร์น เมืองใหญ่อันดับสองของออสเตรเลีย และเป็นเมืองหลวงของรัฐวิกตอเรียทางตะวันออกเฉียงใต้ มีประชากรประมาณ 5.1 ล้านคน และคาดว่าจะแข่งขันเมืองที่มีประชากรมากที่สุดของประเทศอย่างซิดนีย์ ในอีกสองทศวรรษข้างหน้า สถานที่น่าสนใจของเมลเบิร์นได้รับอิทธิพลส่วนหนึ่งจากชื่อเสียงในฐานะเมืองที่น่าอยู่มากที่สุดแห่งหนึ่งของโลก โดยได้รับรางวัลเมืองที่น่าอยู่ที่สุดในโลกติดต่อกันตั้งแต่ปี 2554 ถึง พ.ศ. 2560 วิกตอเรียเป็นรัฐที่ได้รับผลกระทบรุนแรงที่สุดในประเทศออสเตรเลีย โดยบันทึก 55.8% ของ 194,119 รายและโควิดส่วนใหญ่ - การเสียชีวิตที่เกี่ยวข้องในออสเตรเลีย เมื่อวันที่ 18 พฤศจิกายน พ.ศ.2564 ( กรมอนามัยของรัฐบาลออสเตรเลีย พ.ศ. 2564 ) เมลเบิร์นเป็นศูนย์กลางของการระบาดใหญ่ที่ต้องทนกับข้อจำกัดต่างๆ นานา และถูกระบุว่าเป็นเมืองที่ถูกล็อกมากที่สุดของโลก โดยมีคำสั่งให้อยู่แต่บ้านซึ่งกินเวลารวมทั้งสิ้น 267 วันนับตั้งแต่เกิดการระบาดใหญ่ ( พันธบัตร, 2021 ) เมื่อเร็วๆ นี้ ทางกรได้ยุติการล็อกดาวน์ครั้งที่ 6 ท่ามกลางการผ่อนคลายข้อจำกัดต่างๆ เช่น เคอร์ฟิวตอนกลางคืน การจำกัดการเคลื่อนไหว ชั่วโมงการช้อปปิ้ง กิจกรรมทางสังคม และอื่นๆ ซึ่งเป็นขั้นตอนที่กล้าหาญในแผนงานในการเปิดใหม่หลังจากอดทนต่อการระบาดที่เลวร้ายที่สุดในประเทศ เมลเบิร์นได้จัดเตรียมเงื่อนไขที่ดีที่สุดสำหรับการสำรวจภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมที่สร้างขึ้น

วัตถุประสงค์ 1.บทความนี้วิเคราะห์ภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อโควิด-19 ในเมลเบิร์น 2.อิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นต่อการระบาดของโควิด-19 และการติดเชื้อได้รับการตรวจสอบ 3.รูปแบบเชิงพื้นที่ของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นมีอิทธิพลต่อการแพร่กระจายของการติดเชื้อ 4.การแพร่กระจายของเชื้อก่อโรภายในชุมชนท้องถิ่นและรหัสไปรษณีย์ 5.การทำความเข้าใจภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อมีส่วนทำให้เกิดความยั่งยืนในเมือง

ข้อมูลที่ใช้ การวิเคราะห์รูปแบบเชิงพื้นที่ของการติดเชื้อต่อการบริการเรียกรถในหมู่นักวิจัยการศึกษาในเมืองสำหรับรากฐานเกี่ยวกับวิธีการสร้างการติดเชื้อโควิด-19 ในทางภูมิศาสตร์ พุดคุย จินตนาการ อาศัยอยู่ และปกป้องในเมืองต่างๆในฐานะที่เป็นFrumkin และคณะ (2004, p.57) กล่าวว่า “เมืองต่างๆ เป็นศูนย์บ่มเพาะของโรคติดเชื้อจากแหล่งกำเนิด เป็นการตั้งถิ่นฐานในยุคแรก... ผ่านการเติบโตใน [ล่าสุด] ศตวรรษ” ประวัติการวางผังเมืองแสดงให้เห็นว่าการติดเชื้อทางเดินหายใจร้ายแรง ไข้เหลือง ไข้ทรพิษ และอหิวาตกโรค กระตุ้นให้มีการทบทวนแนวทางการออกแบบที่อยู่อาศัย ระบบสุขภาพ และพื้นที่สาธารณะในยุโรปและ “โลกใหม่” เช่น อเมริกาเหนือ ในช่วงปี 19 นท้านองเดียวกัน การตอบสนองของผู้บริหารทั่วโลกเกี่ยวกับการระบาดของโควิด-19 เมื่อเร็ว ๆ นี้ ได้กระตุ้นให้เกิดการเปลี่ยนแปลงสภาพแวดล้อมโดยมีเป้าหมายเพื่อลดความแออัด ปฏิสัมพันธ์ และการเคลื่อนไหวข้ามเมือง มาตรการเหล่านี้ได้ต่ออายุความเห็นเกี่ยวกับวิธีที่การระบาดของโควิด-19 อาจส่งผลกระทบต่ออนาคตของการวางผังเมืองและการผลิตการปรับเปลี่ยนสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นซึ่งจำเป็นเพื่อส่งเสริมผลลัพธ์ด้าน

สุขภาพในเมืองและเพิ่มขีดความสามารถของเมืองในการรับมือกับการระบาดของโรคติดต่อในกรณีนี้ การระบาดของใหญ่ของโควิด-19 ทำให้เกิดคำถามในหลายชั่วอายุคนเกี่ยวกับผลกระทบของความสามารถในการเดิน ความหนาแน่น การใช้ระบบขนส่งสาธารณะ และคุณลักษณะอื่นๆ ของเมืองที่มีต่อความยั่งยืนและสุขภาพความกังวลหลักในการอภิปรายเหล่านี้อยู่ที่ศักยภาพของโรคระบาดใหญ่ที่จะกระตุ้นให้เกิดความเกลียดชังต่อ กลุ่ม การพัฒนาเมืองอย่างยั่งยืนเช่น การพัฒนาที่มีขนาดกะทัดรัดและหนาแน่น การขนส่งสาธารณะ และการออกแบบพื้นที่ใกล้เคียงสำหรับคนเดินถนน

วิธีการวิเคราะห์ ใช้เทคนิคทางสถิติเชิงพื้นที่เพื่อสะท้อนถึงภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อโควิด-19 ในเมืองเมลเบิร์น เรายืนยันว่าวิวัฒนาการของการระบาดของใหญ่ของโควิด-19 ซึ่งแพร่หลายไปตั้งแต่ต้นปี 2020 ในเมลเบิร์น มักจะดำเนินการผ่านคุณลักษณะของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นหลายอย่าง เช่น ความหลากหลาย การเข้าถึงปลายทาง ระยะทางในการขนส่งสาธารณะ การออกแบบ และความหนาแน่น การแพร่กระจายของโรคติดต่อได้รับการจัดระเบียบภายในชุมชนท้องถิ่นและรหัสไปรษณีย์ และปรับเปลี่ยนแนวปฏิบัติการเคลื่อนไหว วาทกรรม และโครงสร้างของการเมืองการบริหาร เราแสดงให้เห็นว่าการมุ่งเน้นไปที่รูปแบบเชิงพื้นที่ของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นสามารถแจ้งทุนการศึกษาเกี่ยวกับการแพร่กระจายของการติดเชื้อที่เกี่ยวข้องกับการระบาดของใหญ่ของโควิด-19 และภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อในวงกว้างได้อย่างไร โดยเน้นย้ำถึงความสอดคล้องของอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นต่อการติดเชื้อโควิด-19 ในสามระลอกของการระบาด การมุ่งเน้นที่อิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นนั้นพยายามที่จะสร้างวิสัยทัศน์แห่งอนาคตเมื่อมีรูปแบบใหม่ๆ เกิดขึ้น ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความสำคัญของการทำความเข้าใจภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อในขณะที่เมืองต่างๆ ทั่วโลกปรับตัวให้เข้ากับการใช้ชีวิตแบบ "ปกติของโควิด" เรายืนยันว่าการทำความเข้าใจภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อภายในเมืองอาจเป็นจุดเริ่มต้นสำหรับการไล่ตามการพัฒนาเมืองอย่างยั่งยืนด้วยการพัฒนาแบบผสมผสาน แบบผสมผสาน และการขนส่งสาธารณะที่ปลอดภัย

ผลลัพธ์ เราตอบคำถามการวิจัยในส่วนต่อไปนี้ 1) รูปแบบเชิงพื้นที่ของการติดเชื้อ; 2) ความสัมพันธ์ของการติดเชื้อที่มีคุณลักษณะของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้น และ 3) ความแปรผันเชิงพื้นที่ของความสัมพันธ์ระหว่างพื้นที่ใกล้เคียง วิธีนี้ช่วยให้ตรวจสอบความสอดคล้องของผลลัพธ์ในการระบาดทั้งสามครั้งได้อย่างง่ายดายและระบุภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อทั่วนครเมลเบิร์น โดยการศึกษาให้มุมมองที่น่าสนใจสำหรับการวางผังเมืองอย่างยั่งยืนและการพัฒนาในยุคหลังโรคระบาด เราได้ศึกษาภูมิศาสตร์ของการติดเชื้อเพื่อตรวจสอบความสอดคล้องของอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่สร้างขึ้นต่อการติดเชื้อโดยใช้เงื่อนไขที่ต่างกันซึ่งนำเสนอโดยการระบาดของโควิด-19 ที่แตกต่างกัน 3 ครั้งในนครเมลเบิร์น ผลลัพธ์ที่ได้แสดงหลักฐานเพื่อสนับสนุนการสนับสนุนการออกแบบที่ยั่งยืน ต่อไปแนวทางปฏิบัติ เช่น การพัฒนาที่มีขนาดกะทัดรัด หนาแน่น เดินได้ และใช้แบบผสมผสาน ตลอดจนการลงทุนด้านระบบขนส่งสาธารณะที่ส่งเสริมเมืองที่น่าอยู่และมีสุขภาพดี ความเข้าใจว่าคุณลักษณะเหล่านี้ไม่จำเป็นต้องขับเคลื่อนให้เกิดการติดเชื้อเป็นสิ่งสำคัญในโลกหลังโควิด-19 ที่มีการคิดทบทวนอย่างจริงจังเกี่ยวกับวิธีการออกแบบและจัดระเบียบเมืองต่างๆ อย่างไรก็ตาม ดังที่ได้กล่าวไว้ก่อนหน้านี้ ความ

พยายามใดๆ เพื่อความยั่งยืนของเมืองไม่สามารถมองข้ามความไม่เท่าเทียมกันทางเศรษฐกิจและสังคมที่มีอยู่ในเมืองใหญ่ๆ ได้

### 2.2.3 ความแปรปรวนของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

ในการศึกษาเรื่อง Variation in the COVID-19 infection–fatality ratio by age, time, and geography during the pre-vaccine era: a systematic analysis นี้ Gu and Cao (2022) ประเมินว่า IFR สำหรับโควิด-19 นั้นแปรผันตามอายุ เวลา และภูมิศาสตร์อย่างไรในช่วงก่อนยุคก่อนการฉีดวัคซีน รูปแบบทางระบาดวิทยาค่อนข้างคงที่ในช่วงเวลานี้ เมื่อเทียบกับระยะต่อมาของการระบาดใหญ่ ซึ่งมีลักษณะเฉพาะจากการเปิดตัววัคซีนที่แตกต่างกันและการเพิ่มขึ้นของสายพันธุ์ใหม่ 14 ด้วยเหตุนี้ ผลลัพธ์เหล่านี้จึงเป็นข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญซึ่งอธิบายความเสี่ยงของโรคโควิด-19 โดยไม่มีปัจจัยลดทอน เนื่องจากการรายงานการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ที่น้อยเกินไป เราจึงใช้การประมาณจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ที่แท้จริงในประชากร (กล่าวคือ การเสียชีวิตจากโควิด-19 ทั้งหมด) เป็นตัวเศษของ IFR 15, 16 ปีเรายังใช้ฐานข้อมูลขนาดใหญ่ของอัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 สำหรับกลุ่มอายุโดยละเอียดและการศึกษาความชุกทางเชื้อที่เผยแพร่หรือเผยแพร่ ร่วมกับข้อมูลจากโครงการโควิด-19 ที่สถาบันวัดและประเมินผลด้านสุขภาพ เราใช้ข้อมูลนี้เพื่อประเมินว่าอัตราส่วนการติดเชื้อ-การเสียชีวิตจะแตกต่างกันไปตามอายุ เวลา และภูมิศาสตร์ โดยมีการปรับความไวในการทดสอบแอนติบอดีที่ลดลง (ไม่ได้เผยแพร่) วิธีการ, ผู้ทำงานร่วมกันติดเชื้อโควิด-19 สละสล, รายงานการเสียชีวิตต่ำกว่าความเป็นจริง, 15, 16 และอคติอื่น ๆ ที่ทราบ นอกเหนือจาก IFR เฉพาะอายุที่ไม่เปลี่ยนแปลงตามเวลาแล้ว เรายังได้สร้างแบบจำลอง IFR สำหรับทุกวัยและตามอายุมาตรฐานที่เปลี่ยนแปลงตามเวลาสำหรับ 190 ประเทศและดินแดนและภูมิภาคย่อยหลายแห่งตามที่กำหนดโดยภาระโรคทั่วโลก, การบาดเจ็บและการศึกษาปัจจัยเสี่ยง (GBD). 17

วัตถุประสงค์ การวิเคราะห์ IFR แบบเฉพาะอายุของเราแสดงให้เห็นว่าความเสี่ยงต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโควิด-19 นั้นมีรูปร่างเหมือน J เมื่อเทียบกับอายุ ผลลัพธ์ที่สอดคล้องกับ O'Driscoll และเพื่อนร่วมงาน (2020) นโยบายและความพยายามในการป้องกันที่ดำเนินการบนสมมติฐานที่ว่าความเสี่ยงเพิ่มขึ้นอย่างช้าๆตามอายุนั้นไม่ได้เน้นย้ำถึงความเสี่ยงของการเสียชีวิตในเด็กเล็ก การวิเคราะห์ IFR ทุกช่วงอายุและตามอายุของเราแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างอย่างมากสำหรับสถานที่ต่างๆ ทั่วโลก การค้นพบนี้มีนัยยะสำคัญสำหรับปฏิบัติการจัดลำดับความสำคัญของวัคซีน ซึ่งควรคำนึงถึงโรคร่วม ตัวแปร และปัจจัยเฉพาะสถานที่อื่นๆ นอกเหนือจากอายุ ความสับสนจากตัวทำนายทางคลินิกของ IFR เช่น โรคอ้วน ทำให้การใช้อัตราการเสียชีวิตซับซ้อนขึ้นในการประเมินประสิทธิภาพของประเทศต่างๆ ในการตอบสนองต่อการระบาดใหญ่

ข้อมูลที่ใช้ การทำความเข้าใจความผันแปรในอัตราส่วนผู้เสียชีวิตจากโควิด-19 ต่อการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ยังคงเป็นตัวชี้วัดที่สำคัญยิ่งสำหรับบุคลากรทางการแพทย์และผู้กำหนดนโยบาย เรากำหนด

อัตราส่วนการติดเชื้อ-เสียชีวิต (IFR) เป็นความน่าจะเป็นที่บุคคลจะเสียชีวิตจากโรคแทรกซ้อนที่เกี่ยวข้องกับเชื้อโรคเมื่อติดเชื้อจากเชื้อโรค การเสียชีวิตเป็นแนวคิดที่แตกต่างจากการตาย โดยส่วนหลังอธิบายถึงการเกิดขึ้นของการเสียชีวิตในหมู่สมาชิกทุกคนในประชากร รูปแบบการตายและการเสียชีวิตจากโควิด-19 ตามอายุ เวลา และสถานที่ แข่งการแบ่งชั้นความเสี่ยงในการจัดการกรณีศึกษาทางคลินิก การออกแบบนโยบายและการดำเนินการ และกลยุทธ์ในการเพิ่มการรับวัคซีน 2, 3 โครงสร้างอายุของประชากรได้รับการแนะนำว่ามีส่วนสนับสนุนให้อัตราการเสียชีวิตต่ำกว่าที่พบในประเทศที่มีรายได้ต่ำและรายได้ปานกลาง 4 เนื่องจากประเทศเหล่านี้มักมีการแบ่งอายุที่อายุน้อยกว่า 5 การปรับโครงสร้างอายุของประชากรช่วยให้เห็นภาพที่ชัดเจนขึ้นเกี่ยวกับภาวะของโควิด-19 ระหว่างประเทศต่างๆ และเป็นพื้นฐานที่ดีขึ้นสำหรับการประเมินประสิทธิผลของการแทรกแซง การวัดความผันแปรของรูปแบบอายุของการเสียชีวิตจากโควิด-19 ร่วมกับ IFR เฉพาะอายุยังสามารถให้ข้อมูลเชิงลึกที่สำคัญเกี่ยวกับปริมาณการแพร่เชื้อในชุมชนตามกลุ่มอายุ สำหรับจำนวนผู้เสียชีวิตที่สังเกตพบ IFR ที่ต่ำกว่าหมายความว่ามีการติดเชื้อเกิดขึ้นมากขึ้นและภูมิคุ้มกันโดยธรรมชาติของประชากรก็มากขึ้น 6 ,การเสียชีวิตจากโควิด-19 และ IFR 7 ราย ซึ่งรวมถึงความแตกต่างตามอายุจึงเป็นปัจจัยนำเข้าที่สำคัญสำหรับโมเดลการส่งสัญญาณแบบไดนามิกที่พยายามอธิบายสถานะที่นำไปสู่ ภูมิคุ้มกันฝูง 8 ไม่ว่าจะผ่านการจัดการผู้ป่วยทางคลินิกหรือการป้องกันโรค การลด IFR เป็นเป้าหมายหลักของชุมชนทางการแพทย์ทั่วโลก สิ่งอื่นๆ ที่เท่าเทียมกัน การลด IFR จะบ่งชี้ว่าผู้ที่ติดเชื้อมีโอกาสเสียชีวิตต่ำกว่า ดังนั้น IFR จึงเป็นตัวชี้วัดที่สำคัญสำหรับการติดตามว่าความก้าวหน้าทางการแพทย์ที่ลดความรุนแรงของโรคกำลังปรับปรุงผลลัพธ์ด้านสุขภาพเมื่อเวลาผ่านไปหรือไม่

วิธีการวิเคราะห์ เราประมาณการ IFR เฉพาะช่วงอายุและทุกช่วงอายุโดยจับคู่ seroprevalence การสำรวจอัตราการเสียชีวิตของโควิด-19 ทั้งหมดในประชากร การเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ทั้งหมด หมายถึงการประมาณการจำนวนผู้เสียชีวิตทั้งหมดที่เกี่ยวข้องโดยตรงกับโควิด-19 หลังจากใช้เกณฑ์การยกเว้นกับแบบสำรวจความชุกของซีรัม 5131 รายการ การวิเคราะห์ IFR ได้รับแจ้งจากแบบสำรวจทุกช่วงอายุ 2073 รายการและแบบสำรวจเฉพาะอายุ 718 รายการ (การสังเกตเฉพาะอายุ 3012 รายการ) เมื่อมีการรายงานความชุกของเชื้อตามกลุ่มอายุ เราแยกการตายจากโควิด-19 ทั้งหมดออกเป็นกลุ่มอายุที่เกี่ยวข้องกันโดยใช้แบบจำลองลำดับชั้นแบบเบย์เพื่อกำหนดลักษณะรูปแบบอายุที่ไม่เป็นเส้นตรงของการเสียชีวิตที่รายงานสำหรับสถานที่ที่กำหนด เพื่อจัดผลกระทบของวัคซีนที่มีต่อรูปแบบอายุของ IFR โดยประมาณ เราจึงไม่รวมการสังเกตความชุกของ seroprevalence และการเสียชีวิตที่เกิดขึ้นหลังจากฉีดวัคซีนในสถานที่นั้นๆ เราประเมิน IFR เฉพาะอายุด้วยการถดถอยเมตาที่ไม่เป็นเชิงเส้น และใช้รูปแบบอายุที่เป็นผลลัพธ์เพื่อสร้างมาตรฐานการสังเกต IFR ทุกช่วงอายุสำหรับการกระจายอายุทั่วโลก การสังเกต IFR ทั้งหมดถูกปรับสำหรับการตรวจวัดพื้นฐานและความไวในการทดสอบแอนติบอดีที่ลดลง จากนั้นเราจำลอง IFR ที่ได้มาตรฐานตามอายุโดยอิงจากเวลา ภูมิศาสตร์ และชุดค่าผสมสมมติความเครียดที่มีประสิทธิภาพสูงสุด 100 ชุด ตัวแปรรวมประกอบด้วยตัวทำนายทางคลินิก 7 ตัว (เช่น ความชุกของโรคอ้วนตามมาตรฐานอายุ) และการวัดค่า .2 แบบประสิทธิภาพ ของระบบสุขภาพ การประเมินขั้นสุดท้ายสำหรับ 190 ประเทศและเขตแดน

รวมถึงสถานที่ตั้งย่อยใน 11 ประเทศและเขตแดน ได้มาจากการทำนายเงื่อนไข IFR ที่ได้มาตรฐานตามอายุบนตัวแปรร่วมและการย้อนกลับมาตรฐานอายุ

ผลลัพธ์ เรายังงานการประมาณการ IFR สำหรับวันที่ 15 เมษายน 2020 ถึง 1 มกราคม 2021 ซึ่งเป็นช่วงก่อนการเปิดตัววัคซีนและวิวัฒนาการที่แพร่หลายของตัวแปรต่างๆ ข้อมูลทั่วโลกเกี่ยวกับอัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 แบบจำเพาะอายุสร้างรูปแบบ J-shape โดยมีอัตราต่ำสุดที่พบในประชากรอายุประมาณ 5 ปีถึง 10 ปี และอัตราที่สูงขึ้นเรื่อยๆ ในกลุ่มประชากรที่อายุน้อยกว่าและสูงอายุ จุดกึ่งกลางของอายุที่เชื่อมต่อกับเส้นแสดงว่าความชันของการคาดคะเนวิ่งขนานไปกับแนวโน้มอายุในข้อมูลอินพุต ทั่วทุกภูมิภาคของ GBD รูปแบบอายุของการเสียชีวิตจากโควิด-19 ค่อนข้างสอดคล้องกันเมื่ออายุต่ำกว่า 60 ปี รูปแบบอายุมีความแปรปรวนมากขึ้นเมื่ออายุเกิน 60 ปี โดยผลกระทบด้านอายุที่ชันที่สุดเกิดขึ้นในเขตที่มีรายได้สูง ผลกระทบของอายุที่แบนที่สุดเกิดขึ้นในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เอเชียตะวันออก และโอเชียเนีย (โปรดทราบว่า การจำแนกประเภทเหล่านี้ไม่รวมประเทศที่มีรายได้สูง) รูปแบบอายุที่มากกว่า 60 ปี แตกต่างกันมากตามสถานที่

การวิเคราะห์ของเราแสดงให้เห็นว่า IFR ของโควิด-19 ทุกช่วงอายุนั้นแปรผันตามปัจจัยมากกว่า 30 ในประเทศและดินแดนต่างๆ ในช่วงก่อนยุคก่อนการฉีดวัคซีน เนื่องจาก IFR มีความเกี่ยวข้องอย่างมากกับอายุ โครงสร้างอายุของประชากรจึงมีความแปรปรวนเกือบสามในสี่ของค่าประมาณ IFR สำหรับประเทศในกลุ่มตัวอย่างในวันที่ 15 กรกฎาคม 2020 รูปแบบอายุสำหรับอัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 และ IFR ทั้งสองรูปแบบเป็นเส้นโค้งรูปตัว J โดยมีความเสี่ยงน้อยที่สุดเมื่ออายุประมาณ 7 ปี หลังจากกำหนดมาตรฐานอายุแล้ว หลายประเทศในอเมริกาเหนือและยุโรปยังคงมี IFR สูง แม้ว่าจะมีการเข้าถึงทรัพยากรด้านการดูแลสุขภาพมากขึ้น การค้นพบนี้ น่าจะไม่ได้มาจากความแตกต่างในการรายงานการเสียชีวิตที่ต่ำกว่าความเป็นจริง เนื่องจากการวิเคราะห์ของเราใช้การประมาณจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ที่แท้จริง ซึ่งเป็นแนวคิดที่เราเรียกว่าการตายจากโควิด-19 ทั้งหมด เป็นตัวเศษของ IFR ค่าอธิบายทางเลือกที่เป็นไปได้ ได้แก่ อัตราการแพร่เชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สูงในประชากรบ้านดูแลในบางสถานที่ ความชุกของโรคร่วมที่สูงขึ้นซึ่งเพิ่มความรุนแรงของโรคโควิด-19 หรือสาเหตุอื่นๆ การวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของเราเมื่อเวลาผ่านไปพบว่าค่ามัธยฐานของ IFR ทั่วโลกลดลงประมาณ 33% ระหว่างวันที่ 15 เมษายน 2020 และ 1 มกราคม 2021 จาก 0.466% (IQR 0.223–0.840) เป็น 0.314% (0.143–0.551) รูปแบบของการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 และ IFR สัมพันธ์กันอย่างลึกซึ้งกับอายุ แต่ปัจจัยที่เปลี่ยนแปลงตามเวลาและเฉพาะสถานที่ก็มีบทบาทเช่นกัน ความเสี่ยงของการเสียชีวิตเพิ่มเติมหลายล้านคนในระดับโลกยังคงสูงอยู่ จนกว่าวัคซีนจะถูกนำไปใช้อย่างกว้างขวางและเท่าเทียม และมีประสิทธิภาพมากขึ้นในการพัฒนาและแจกจ่ายวัคซีนในวงกว้าง

## 2.2.4 ปัจจัยประชากร สังคมเศรษฐกิจ และสุขภาพ ที่มีผลต่อการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ SARS-CoV-2

โควิด-19 ก่อให้เกิดภัยคุกคามร้ายแรงต่อชีวิตมนุษย์ ส่งผลกระทบต่อกิจกรรมทางสังคมและเศรษฐกิจในด้านต่างๆ อย่างมีนัยสำคัญ เมื่อพิจารณาถึงผลกระทบที่ไม่เคยเกิดขึ้นมาก่อนและรุนแรงต่อความเป็นอยู่ที่ดีของมนุษย์และความยั่งยืนของสังคม สหประชาชาติได้ประกาศให้การระบาดใหญ่ครั้งนี้เป็นวิกฤตทางสังคม มนุษย์ และเศรษฐกิจ ( สหประชาชาติ 2020 ) อย่างไรก็ตาม การแพร่ระบาดไม่เพียงแต่ส่งผลกระทบต่อลักษณะทางเศรษฐกิจและสังคมของชุมชนเท่านั้น แต่ยังส่งผลกระทบต่อลักษณะเหล่านี้ด้วย (ในแง่ของการแพร่กระจายและความรุนแรง) เพื่อเป็นการตอบโต้ นักวิจัยและองค์กรต่างๆ ทั่วโลกจึงรีบเร่งต่อสู้กับโรคโควิด-19 เพื่อทำความเข้าใจว่าการแพร่กระจายเชิงพื้นที่และรูปแบบการตายของโรคใหม่นี้สัมพันธ์กับลักษณะทางเศรษฐกิจและสังคมของชุมชนต้นแบบอย่างไร สิ่งนี้จะช่วยในการออกแบบนโยบายด้านสุขภาพที่มีประสิทธิภาพมากขึ้นและดำเนินการแทรกแซงที่ไม่ใช่ยาตามเป้าหมาย

Grekousis et al (2022) ทำการศึกษาวิจัยเรื่อง Ranking the importance of demographic, socioeconomic, and underlying health factors on US COVID-19 deaths: A geographical random forest approach โดยมีวัตถุประสงค์ห้าประการ ประกอบด้วย 1.GRF มีประสิทธิภาพเหนือกว่ารุ่น RF, GWR และ OLS 2.การขาดประกันสุขภาพเป็นปัจจัยท้องถิ่นที่สำคัญที่สุดใน 34.86% ของมณฑล 3.ไม่มีการออกกำลังกายใดเป็นปัจจัยท้องถิ่นที่สำคัญที่สุดใน 19.86% ของมณฑล 4.การเคหะที่ไม่มียานพาหนะเป็นปัจจัยเสี่ยงหลักในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 5.ไม่มีการประกันภัยเป็นปัจจัยที่มีอิทธิพลมากที่สุดใภูมิภาคตะวันตก

ข้อมูลที่ใช้ แมชชีนเลิร์นนิงมีการใช้กันอย่างแพร่หลายในการวิเคราะห์พลวัตของโควิด-19 และระบุปัจจัยเสี่ยงที่สำคัญที่ส่งผลให้อัตราการเสียชีวิตสูงขึ้น (Roy and Ghosh, 2020) ในปัจจุบัน งานที่มีอยู่ซึ่งศึกษาความผันแปรเชิงพื้นที่ของการเสียชีวิตจากโควิด-19 ส่วนใหญ่ใช้วิธีการเรียนรู้ของเครื่องเชิงพื้นที่เชิงเส้นเป็นส่วนใหญ่ (เช่น การถดถอยถ่วงน้ำหนักตามภูมิศาสตร์) อย่างไรก็ตาม สมมติว่าความสัมพันธ์ของปัจจัยเสี่ยงกับการตายจาก โรคโควิด-19 เป็นเส้นตรงไม่สามารถพิสูจน์เหตุผลได้ง่ายๆ เนื่องจากการกระจายตัวของผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ที่ไม่สมดุลและความสัมพันธ์ที่ซับซ้อนกับปัจจัยเสี่ยง (Luo et al., 2021) เราใช้แบบจำลองป่าสุ่มทางภูมิศาสตร์แบบไม่เชิงเส้นแบบไม่อิงพารามิเตอร์ ซึ่งสามารถระบุได้ทั้งความสัมพันธ์เชิงพื้นที่และความสัมพันธ์ที่ไม่เป็นเชิงเส้น จากการตรวจสอบว่าความสำคัญของปัจจัยเสี่ยงแตกต่างกันอย่างไร เราพบว่าปัจจัยต่างๆ มีความเกี่ยวข้องกับอัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 ทั่วทั้งทวีปสหรัฐอเมริกา นี้แสดงให้เห็นว่า GRF เนื่องจากความสามารถในการจัดการกับความแตกต่างเชิงพื้นที่ สามารถระบุได้ว่าความสำคัญของปัจจัยแตกต่างกันอย่างไรในเชิงพื้นที่ ข้อมูลนี้ง่ายกว่าในการแจ้งการกำหนดนโยบายเมื่อเปรียบเทียบกับค่าสัมประสิทธิ์ท้องถิ่นที่ตัวแบบการถดถอยเชิงเส้นมีให้ ตัวอย่างเช่น การค้นพบของเราบอกเป็นนัยว่ารัฐบาลท้องถิ่นและระดับภูมิภาค (ส่วนใหญ่อยู่ในภูมิภาคตะวันตก)

ควรส่งเสริมกิจกรรมทางกายระหว่างการระบาดของโรคโควิด-19 เนื่องจากการขาดงานของพวกเขาเป็นปัจจัยสำคัญหลักสำหรับอัตราการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 ที่สูง นอกจากนี้ เราแสดงให้เห็นว่าการขาดประกันสุขภาพเป็นปัจจัยที่สำคัญที่สุดใน 34.86% ของมณฑลในสหรัฐอเมริกา รัฐบาลควรให้ความสำคัญกับการปรับปรุงระบบประกันสังคมและลงทุนในการประกันสุขภาพมากขึ้น เพื่อให้ประชาชนได้รับการรักษาพยาบาลอย่างเพียงพอและราคาไม่แพง

วิธีการวิเคราะห์ Random Forest (RF) เป็นวิธีการเรียนรู้ของเครื่องแบบไม่อิงพารามิเตอร์สำหรับการวิเคราะห์การจำแนกประเภทและการวิเคราะห์การถดถอย (Breiman 2001) RF ไม่ต้องการสมมติฐานเกี่ยวกับการแจกแจงทางสถิติของข้อมูล ทำให้วิธีการนี้เหมาะสมในกรณีของความสัมพันธ์แบบไม่เชิงเส้นระหว่างตัวแปร (Catani *et al.*, 2013) ซึ่ง RF คือ กลุ่มของการจำแนกประเภทหรือการถดถอยที่ไม่ได้ตัดแต่งซึ่งสร้างขึ้นจากการเลือกสุ่มตัวอย่างที่ได้มาจากข้อมูลการฝึกอบรวม (Ali *et al.*, 2012) 'ป่า' เป็นกลุ่มของต้นไม้ตัดสินใจที่มักจะฝึกด้วยวิธีการบรรจุ โดยสังเขป ขั้นตอนพื้นฐานของอัลกอริธึม RF คือ:

1. จากชุดการฝึกที่กำหนด ให้เลือกตัวอย่างแบบสุ่มพร้อมการแทนที่ (โดยปกติแล้ว  $n$  จะเท่ากับ  $2/3$  ของข้อมูลการฝึก) อีกชุดที่สามเรียกว่าชุดอุปกรณ์พกพา (OOB) ที่ไม่อยู่ในการฝึกและใช้เพื่อประเมินความพอดีของ RF
2. จากตัวอย่างแต่ละตัวอย่างที่มี ตัวแปร  $k$  ให้สุ่มเลือกเซตย่อย ( $m < k$ ) และสร้างแผนผังการตัดสินใจ
3. ต้นไม้แต่ละต้นเติบโตด้วยค่า  $m$  คงที่ จนถึงระดับสูงสุดโดยไม่ต้องตัดแต่งกิ่งจนแยกไม่ออก
4. คำนวณผลการทำนาย/การจัดประเภทสำหรับต้นไม้แต่ละต้น
5. คลาส/โหนดที่เกิดขึ้นบ่อยที่สุด (สำหรับการจัดประเภท) หรือการคาดคะเนเฉลี่ย (สำหรับการถดถอย) ของทรี่ทั้งหมดจะใช้เพื่อสร้างผลลัพธ์สุดท้าย

ป่าสุ่มทางภูมิศาสตร์ (GRF) เป็นส่วนขยายของ RF แบบดั้งเดิมและใช้เป็นแบบจำลองการคาดการณ์และเป็นเครื่องมือในการจัดการความแตกต่างเชิงพื้นที่ แนวคิดหลักของ GRF นั้นคล้ายคลึงกับกรอบการวิเคราะห์การถดถอยในท้องถิ่นของ GWR แบบดั้งเดิม (การถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักทางภูมิศาสตร์) GRF ประกอบด้วยโมเดลย่อยในท้องถิ่นที่หลายแบบแทนที่จะเป็นแบบจำลองระดับโลกเพียงแบบเดียว เพื่อจัดการกับความแตกต่างเชิงพื้นที่ GRF ได้รับการปรับเทียบในพื้นที่โดยใช้เมตริกซ์น้ำหนักเชิงพื้นที่และต้นไม้ป่าแบบสุ่ม กล่าวอีกนัยหนึ่ง สำหรับแต่ละตำแหน่ง  $i$  RF ในพื้นที่จะถูกคำนวณโดยใช้การสังเกตในบริเวณใกล้เคียงเท่านั้น สมการถดถอยแบบง่ายของ RF เชิงพื้นที่คือ (1)

ผลลัพธ์ RF และ GRF ใช้กับตัวแปร 29 ชุดขนาดใหญ่เพื่อวิเคราะห์อัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 ใน 3021 เคาน์ตี (หน่วยเชิงพื้นที่) ในสหรัฐอเมริกา ก่อนติดตั้งโมเดล RF และ GRF และเพื่อหลีกเลี่ยงไม่ให้เกินพิกัด เราใช้ Random Grid Search เพื่อค้นหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับไฮเปอร์พารามิเตอร์ หลังจากทดสอบการรวมกันของค่าพารามิเตอร์ไฮเปอร์ต่างๆ ผ่าน  $K$ -fold cross-validation แล้ว เราใช้การตั้งค่าต่อไปนี้สำหรับ GRF:

adoptive kernel, แบนด์วิดท์ = 300 เพื่อนบ้านที่ใกล้ที่สุด, จำนวนต้นไม้ที่จะเติบโต (ntree) = 2,000, จำนวนตัวแปรแบบสุ่ม สุ่มตัวอย่างเป็นผู้สมัครในแต่ละการแยก (mtry) = 8 เรายังเรียกใช้ OLS (กำลังสองน้อยที่สุดธรรมดา) RF และ GWR เพื่อเปรียบเทียบกับเอาต์พุต GRF ตารางที่ 2 นำเสนอตัวชี้วัดการประเมินของแบบจำลอง ซึ่งระบุว่า GRF มีความแม่นยำมากกว่า GWR, RF และ OLS โดยมี R<sup>2</sup> ที่สูงกว่า และ RMSE และ MAE ที่ต่ำกว่า

ทั้งนี้ การศึกษาเชิงนิเวศแบบภาคตัดขวางนี้รายงานการวิเคราะห์ระดับเขตของอัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 สะสมในปีแรกของการระบาดในสหรัฐอเมริกา ตั้งแต่วันที่ 5 กุมภาพันธ์ 2020 เราใช้แบบจำลองการถดถอยแบบไม่เชิงเส้นสองแบบ ได้แก่ RF และ GRF และ สองเส้นตรง (OLS และ GWR) ผลการศึกษาพบว่าแบบจำลอง GRF ในพื้นที่ที่มีประสิทธิภาพเหนือกว่าทุกรุ่น สิ่งนี้บ่งชี้ว่า GRF สามารถจัดการกับความแตกต่างเชิงพื้นที่และระบุปัจจัยที่อธิบายความแปรปรวนในท้องถิ่นในอัตราการเสียชีวิตของโรคโควิด-19 ซึ่งได้รับการยืนยันในการศึกษาอื่นๆ (Georganos et al., 2021 ; Luo et al., 2021) การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อระบุความสำคัญของปัจจัยด้านประชากรศาสตร์ เศรษฐกิจสังคม และสุขภาพที่สำคัญต่ออัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 จากปัจจัยเสี่ยงในท้องถิ่นที่มีอิทธิพลมากที่สุด 8 ประการ สิ่งประการคือด้านเศรษฐกิจและสังคม (ไม่มีกิจกรรมทางกายในยามว่าง ขาดประกัน ไม่มียานพาหนะ รายได้เฉลี่ยต่อปี) สองประการเกี่ยวข้องกับสุขภาพ (การสูบบุหรี่ โรคหัวใจ) และสองประการคือ ข้อมูลประชากร (อายุมากกว่า 80 ปี ประชากรแอฟริกัน-อเมริกัน) ด้านล่างนี้ เราจะพูดถึงผลการวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัจจัยเหล่านี้และเน้นย้ำถึงความหมาย

ผู้เขียน J.Gaskin. Darrell; Zare. Hossein and A.Delarmente. Benjo (2021) ผลกระทบของการระบาดใหญ่ของโควิด-19 นั้น มีความแตกต่างกันไปตามภูมิศาสตร์ ประเทศแรกเห็นกรณีและการเสียชีวิตบนชายฝั่งตะวันตกโดยเฉพาะในซานฟรานซิสโกและเซนต์หลุยส์แอตเทิล WA อย่างไรก็ตาม โรคระบาดได้ระเบิดอย่างรวดเร็วในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ซึ่งเซนต์หลุยส์แอตเทิลกลายเป็นศูนย์กลางของโรค สิ่งนี้คงอยู่เป็นเวลาสองสามเดือนเนื่องจากผู้ว่าการจากเวอร์จิเนียถึงแมสซาชูเซตส์พยายามดิ้นรนเพื่อขึ้นนำรัฐของพวกเขาเพื่อลดการติดต่อและการรักษาในโรงพยาบาลและลดจำนวนผู้เสียชีวิต ในขณะเดียวกัน พื้นที่อื่น ๆ ของประเทศดูเหมือนจะไม่ได้รับผลกระทบจากโรคโควิด-19 โดยมีผู้ป่วยและผู้เสียชีวิตค่อนข้างน้อยแม้จะเป็นศูนย์กลางของประชากรหลัก ยกเว้นการระบาดในกระเปาะ พื้นที่ขนาดใหญ่ของบางรัฐดูเหมือนจะไม่ถูกแตะต้องจากโรคโควิด-19 แม้แต่ในรัฐที่มีการระบาดใหญ่ จำนวนผู้ป่วยและการเสียชีวิตก็ไม่กระจายไปทั่วทั้งรัฐ ตัวอย่างเช่น ตอนใต้ของนิวเจอร์ซีย์มีหนักกว่าตอนเหนือของรัฐนิวเจอร์ซีย์มาก ใหญ่อื่นๆ เช่น นิวออร์ลีนส์ ชิคาโก และดีทรอยต์ มีความโดดเด่นไม่เหมือนใครในภูมิภาคของตน

การศึกษาเรื่อง Geographic disparities in COVID-19 infections and deaths: The role of transportation ของ Gaskin et al. (2021) มีวัตถุประสงค์สามประการด้วยกัน คือ 1.จำนวนผู้ป่วยและผู้เสียชีวิต



จากโรคโควิด-19 มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับความใกล้ชิดและปริมาณผู้โดยสารของสนามบินที่ใกล้ที่สุด 2. ระยะเวลาจนถึงผู้ป่วยและการเสียชีวิตจากโควิด - 19 รายแรกมีความสัมพันธ์เชิงบวกกับความใกล้ชิดกับสนามบินนานาชาติที่ใกล้ที่สุดและจำนวนผู้โดยสาร 3. จำนวนผู้เสียชีวิตและผู้ป่วยมีความสัมพันธ์เชิงบวกกับจำนวนสนามบิน จำนวนสถานีรถไฟ และเปอร์เซ็นต์ของผู้ใหญ่ที่ใช้ระบบขนส่งสาธารณะ

ข้อมูลที่ใช้ นี้คือการวิเคราะห์ระดับเคาน์ตีที่มี 3,132 เคาน์ตีในสหรัฐอเมริกา ในสหรัฐอเมริกา เคาน์ตีเป็นแผนกกฎหมายท้องถิ่นหลักในรัฐส่วนใหญ่ มณฑลส่วนใหญ่มีหน่วยราชการซึ่งอำนาจและหน้าที่แตกต่างกันไปในแต่ละรัฐ โดยทั่วไปแล้ว รัฐบาลของเคาน์ตีจะรับผิดชอบบริการสาธารณะในท้องถิ่น รวมถึงการศึกษา ตำรวจ อัคคีภัย การแบ่งเขต และการสาธารณสุข มีเคาน์ตีและเคาน์ตีเทียบเท่า 3,141 แห่งใน 50 รัฐและดิสตริกต์ออฟโคลัมเบีย โดยเฉลี่ยแล้วมณฑลหนึ่งมีประชากร 104,000 คน ซึ่งแตกต่างกันไปตามเขตเมือง ชานเมือง และชนบท ในเขตเมืองบางแห่งในรัฐที่มีประชากรมาก เช่น แคลิฟอร์เนีย นิวยอร์ก และเท็กซัส มีผู้อยู่อาศัยหลายล้านคน อย่างไรก็ตาม ในรัฐเดียวกันนี้มีเขตชนบทที่มีประชากรน้อยกว่า 25,000 คน ประมาณ 89% ของมณฑลมีสนามบินบางประเภท แต่ถ้าเราพิจารณาสนามบินหลัก มีเพียง 25% ของมณฑลที่อยู่ใกล้สนามบินขนาดใหญ่หรือขนาดกลาง ตัวแปรอิสระประกอบด้วยระยะทางไปยังสนามบินที่ใกล้ที่สุด ปริมาณสนามบิน จำนวนสนามบิน จำนวนสถานีรถไฟ และการใช้ระบบขนส่งสาธารณะในระดับเทศมณฑล นอกจากนี้เรายังรวมตัวแปรจำลองเพื่อระบุเขตที่มีหรืออยู่ภายใน 25 ไมล์จากสนามบินหลัก 13 แห่งที่มีการเดินทางระหว่างประเทศขาเข้า เราใช้จุดทางภูมิศาสตร์ตามเส้นรุ้งและตามยาวของสนามบินและเทศมณฑล และคำนวณระยะห่างระหว่างเซนทรอยด์ของแต่ละเคาน์ตีและสนามบินที่ใกล้ที่สุดเป็นไมล์ จากนั้น เราได้สร้างตัวแปรตามหมวดหมู่เพื่อจำแนกแต่ละเขตว่าตั้งอยู่ภายใน 25 ไมล์ ระหว่าง 25 ถึง 50 ไมล์ และมากกว่า 50 ไมล์ เราใช้จำนวนผู้โดยสารสำหรับแต่ละสนามบินในปี 2019 เพื่อจัดหมวดหมู่เป็นไม่มีปริมาณ (ไม่มีสนามบิน) ระดับกลาง (1-1. ผู้โดยสาร 07 ล้านคน) และสนามบินที่มีปริมาณมาก (1.07 ล้านคน - 39.9 ล้านคน) เพื่อวัดความพร้อมใช้งานของการขนส่งทางอากาศและทางรถไฟ เรานับจำนวนสนามบินและสถานีรถไฟระหว่างเมือง Amtrak ในแต่ละเขต

วิธีการวิเคราะห์ เราทำการวิเคราะห์ความไวสามครั้ง ประการแรก เพื่อให้แน่ใจว่าการค้นพบของเราไม่ได้เป็นเพียงผลลัพธ์ของการระบาดในนิวยอร์กและแคลิฟอร์เนีย เราจึงทำการวิเคราะห์อีกครั้งโดยไม่รวมสองรัฐหลักนี้ ผลการวิจัยมีความคล้ายคลึงกับแบบจำลองดั้งเดิมมาก ในการวิเคราะห์ความไวที่สอง เราใช้ระยะทางและปริมาตรเป็นตัวแปรต่อเนื่อง เราพบว่ามณฑลที่อยู่ไกลจากสนามบินหรือมีจำนวนผู้เดินทางทางอากาศน้อยกว่ามีจำนวนผู้ป่วยและเสียชีวิตน้อยลง

สำหรับการวิเคราะห์ความอ่อนไหวขั้นสุดท้าย เราได้เรียกใช้แบบจำลองดั้งเดิมและเซ็นเซอร์ข้อมูล 113 วัน (เช่น จุดกึ่งกลาง) เพื่อเรียนรู้ว่าความสัมพันธ์ระหว่างผู้ป่วยโรคโควิด-19 กับอัตราการเสียชีวิตและความใกล้ชิดกับสนามบิน สถานีรถไฟ และการขนส่งสาธารณะเปลี่ยนแปลงไปอย่างไรระหว่าง คลื่นลูกแรกและคลื่นลูกที่สองของการระบาด

## 2.3 ผลลัพธ์

1. กรณีและการเสียชีวิต ผู้ป่วยและผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 นั้นสูงขึ้นสำหรับมณฑลที่อยู่ใกล้กับสนามบิน นอกจากนี้ จำนวนผู้ป่วยและผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 เพิ่มขึ้นตามปริมาณผู้โดยสารที่เพิ่มขึ้น (ดูตารางที่ 1 ) จำนวนผู้เสียชีวิตและผู้ป่วยมีความสัมพันธ์เชิงบวกกับจำนวนสนามบิน จำนวนสถานีรถไฟ เอร์เซ็นต์ของผู้ใหญ่ที่ใช้ระบบขนส่งสาธารณะ และระยะเวลาในการเดินทาง

2. ผลกระทบของปัจจัยอื่นๆความสัมพันธ์โดยประมาณของปัจจัยระบบขนส่งและผลลัพธ์จากโควิด-19 นั้นแข็งแกร่งและไม่ขึ้นกับปัจจัยระดับชุมชนอื่นๆ การวิเคราะห์ของเราแสดงให้เห็นว่าผลลัพธ์ของโรคโควิด-19 เกี่ยวข้องกับปัจจัยระดับชุมชนอื่นๆ เช่น องค์ประกอบทางเชื้อชาติ ขนาดครัวเรือน และความหนาแน่นของประชากร. เราพบว่าการเพิ่มขึ้นร้อยละจุดในผู้อยู่อาศัยที่ไม่ใช่ชาวอเมริกันพื้นเมืองเชื้อสายฮิสแปนิกสัมพันธ์กับอัตราผู้ป่วยโรคโควิด - 19 ที่สูงกว่า 1.021 (CI:1.005–1.037) เท่า ในทำนองเดียวกัน การเพิ่มขึ้นร้อยละจุดในผู้อยู่อาศัยที่เป็นคนผิวดำที่ไม่ใช่ฮิสแปนิกและฮิสแปนิก สัมพันธ์กับ 1.025 (CI:1.016–1.033) และ 1.017 (CI:1.006–1.028) เท่าของจำนวนผู้ป่วยโควิด-19 ตามลำดับ ขนาดครัวเรือนเป็นตัวทำนายที่สำคัญ ขนาดครัวเรือนที่เพิ่มขึ้นเพียงคนเดียวสัมพันธ์กับการเพิ่มขึ้นของ 2.538 (CI: 1.948–3.307) เท่าของอัตราผู้ป่วยโรคโควิด-19 และ 2.627 (CI: 1.791–3.854) เท่าของอัตราการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 เมื่อเทียบกับการทำงาน จากบ้าน. ความหนาแน่นของประชากรในชุมชนไม่สัมพันธ์กับจำนวนผู้ป่วย แต่มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับช่วงเวลาของผู้ป่วยและการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 รายแรก

3. ข้อจำกัดการศึกษานี้มีข้อจำกัดบางประการ หนึ่งในนั้นเป็นเรื่องของความเข้าใจผิดทางนิเวศวิทยา อาจมีปัจจัยที่ทำให้สับสนซึ่งมีความสัมพันธ์กับสนามบินและระบบขนส่ง รวมถึงจำนวนผู้ป่วยและผู้เสียชีวิตจาก โรคโควิด-19 เราพยายามควบคุมปัจจัยด้านประชากรศาสตร์และเศรษฐกิจที่ทราบในแบบจำลองของเราที่เกี่ยวข้องกับโรค สอง จำนวนผู้ป่วยและผู้เสียชีวิตจากโรคโควิด-19 มีแนวโน้มต่ำที่สุด การทดสอบในมณฑลส่วนใหญ่จำกัดเฉพาะผู้ที่มีอาการและนำเสนอในสถานพยาบาล อาจมีหลายกรณีที่ตรวจไม่พบในเคาน์ตีซึ่งจะส่งผลกระทบต่อกรณีที่ดีและการวัดเวลาของเราในเคสแรก อย่างไรก็ตาม สิ่งนี้อาจไม่สัมพันธ์กับความใกล้ชิดหรือขนาดของสนามบิน

อภิปราย ความใกล้ชิดกับสนามบินเป็นปัจจัยเสี่ยงที่สำคัญต่อการติดเชื้อและการเสียชีวิตจากโรคโควิด-19 แม้ว่าความพยายามในการจำกัดการเดินทางมีไว้เพื่อป้องกันการแนะนำและการแพร่กระจายของไวรัส แต่การศึกษานี้ชี้ให้เห็นว่าอาจขยายความเสี่ยงสำหรับผู้ที่อยู่ใกล้สนามบิน ความพยายามก่อนหน้านี้ในการระบุผู้เดินทางที่มีอาการและไม่สามารถระบุผู้เดินทางที่ไม่มีอาการอาจเพิ่มความเสี่ยงให้กับผู้อยู่อาศัยในเมืองใกล้กับสนามบินหลัก ผลลัพธ์ของเราบ่งบอกว่าทรัพยากรด้านสาธารณสุขสำหรับการตรวจคัดกรอง การตรวจจับ และการกักกันควรเน้นไปที่ชุมชนรอบสนามบินที่เข้าสู่ระหว่างประเทศในช่วงเริ่มต้นของการระบาดใหญ่ นอกจากนี้, การพิจารณาเปลี่ยนเส้นทางการเดินทางทางอากาศระหว่างประเทศเข้าไปยังสนามบินจำนวนเล็กน้อยในประเทศซึ่ง

อยู่ห่างไกลจากศูนย์กลางของประชากรและในพื้นที่ที่มีความหนาแน่นของประชากรต่ำก็อาจคุ้มค่าเช่นกัน ตัวอย่างจะรวมถึงการใช้ London Gatwick (LGT) แทน London Heathrow (LHR) ในสหราชอาณาจักรหรือการใช้สนามบิน Tokyo-Narita (NRT) แทนสนามบิน Tokyo-Haneda (HND) ในญี่ปุ่น

ผลการวิจัยของเราสอดคล้องกับงานวิจัยล่าสุดของ Zhang และเพื่อนร่วมงาน พวกเขาแสดงให้เห็นว่าความถี่ของเที่ยวบินทางอากาศและบริการรถไฟความเร็วสูงออกจากเมืองอู่ฮั่น ประเทศจีน มีความสัมพันธ์เชิงบวกกับจำนวนผู้ป่วยโรคโควิด-19 ในเมืองปลายทาง พวกเขายังพบว่าระยะทางของเมืองหนึ่งจากอู่ฮั่นมีความสัมพันธ์เชิงลบกับจำนวนผู้ป่วย ( Zhang *et al.*, 2020 ) การศึกษานี้เน้นว่าไวรัสโรคโควิด-19 สามารถเคลื่อนที่ไปทั่วประเทศอย่างมีประสิทธิภาพผ่านระบบขนส่งได้อย่างไร



ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## บทที่ 3

### ระเบียบวิธีวิจัย

บทที่ 3 ระเบียบวิธีวิจัย มีหัวข้อที่จะอธิบายเพื่อให้เห็นถึงกรอบแนวคิด ข้อมูลที่ใช้เป็นตัวแทนของ ปัจจัยต่างๆ วิธีวิเคราะห์ข้อมูล และรูปแบบการนำเสนอผลลัพธ์ที่จะได้จากการวิเคราะห์ข้อมูล มีรายละเอียด ดังต่อไปนี้

#### 3.1 กรอบแนวคิดวิจัย

การวิจัยครั้งนี้ เป็นการวิเคราะห์เพื่อแสดงรูปแบบทางพื้นที่ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัส สายพันธุ์ใหม่แต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย โดยใช้วิธีการทางสถิติพรรณนาและการวิเคราะห์จุดความร้อน และการวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ เพื่อแสดงอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ ลักษณะทางสังคมเศรษฐกิจ และสุขภาพของประชากร ที่มีต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในประเทศไทย ทั้งนี้ โดย พิจารณาการติดเชื้อ การเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ และอัตราการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ ในแต่ละจังหวัด ทั้ง 77 จังหวัด ดังแสดงเป็นแผนภาพในภาพที่ 3.1 ข้างล่าง



ภาพที่ 3.1 กรอบแนวคิดในงานวิจัย

จากกรอบแนวคิดในภาพที่ 3.1 ข้างบน มีสิ่งสำคัญที่จะต้องทำความเข้าใจเป็นการเบื้องต้น ก่อนที่จะเก็บรวบรวมข้อมูล วิเคราะห์ข้อมูล และนำเสนอผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ ดังนี้

1. สายพันธุ์ของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ที่ตรงตามนิยามของสายพันธุ์ที่น่าสนใจ (ตามนิยามด้านล่าง) และได้ผ่านการประเมินเปรียบเทียบ แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์กับข้อใดข้อหนึ่ง (หรือมากกว่านั้น) ในระดับที่มีนัยสำคัญทางสาธารณสุข ดังนี้

- มีความสามารถในการแพร่ระบาดเพิ่มขึ้น หรือมีการเปลี่ยนแปลงด้านระบาดวิทยาของโรคโควิด 19
- มีความรุนแรงเพิ่มขึ้น หรือการเปลี่ยนแปลงทางคลินิกของโรค
- มาตรการทางสาธารณสุข และทางสังคม การตรวจวินิจฉัยที่เป็นไปได้ การจัดการด้านวัคซีน กระบวนการรักษา มีประสิทธิผลลดลง

2. IFR (Infection Fatality Rate) คือ จำนวนผู้เสียชีวิตจากโรค หารด้วยจำนวนผู้ป่วยทั้งหมด ถ้าคน 10 คนเสียชีวิตจากโรคนี้ และ 500 คนเป็นโรคนี้อันจริง ๆ แล้ว IFR จะเท่ากับ  $[10 / 500]$  หรือ 2% เพื่อหา IFR เราต้องการตัวเลขสองตัว: จำนวนผู้ป่วยทั้งหมดและจำนวนผู้เสียชีวิตจากโรคนี้

อย่างไรก็ตาม ตามที่เราอธิบายไว้ ณ ที่นี้ ไม่ทราบ จำนวนผู้ป่วยโรคโควิด-19 ทั้งหมด เหตุผลสำคัญประการหนึ่งสำหรับเรื่องนี้ก็คือไม่ใช่ทุกคนที่ติดเชื้อโควิด-19 จะได้รับการทดสอบ ดังนั้นจึงไม่สามารถคำนวณ IFR จากข้อมูลที่สังเกตได้ แต่นักวิจัยสามารถประเมินจำนวนเคสทั้งหมดและนำไปใช้ในการคำนวณ IFR ได้

3. ช่วงเวลาของการระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในประเทศไทย ที่กำหนดไว้ในกรอบแนวคิด ดังภาพข้างบน แบ่งเป็นช่วงเวลา จำนวนผู้ติดเชื้อ และจำนวนผู้เสียชีวิต ได้ดังตารางที่ 3.1 ข้างล่าง

ตารางที่ 3.1 ช่วงเวลาของการระบาดของเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ในประเทศไทย

สายพันธุ์	ช่วงเวลา	ผู้ติดเชื้อ	ผู้รักษาหาย	ผู้เสียชีวิต
WUHAN	28 มกราคม 2563 – 1 มกราคม 2564	7,694	4,337	64
ALFA	1 มกราคม 2564 – 9 มิถุนายน 2564	177,534	131,915	1,268
BETA	9 มิถุนายน 2564 – 30 พฤษภาคม 2564	1,938,338	1,887,513	19,503
OMICRON	30 พฤษภาคม 2564 - ถึงปัจจุบัน	2,584,577	2,580,823	11,145

ที่มา: <https://ddc.moph.go.th/covid19-dashboard/?dashboard=main>, <https://www.medicalinlab.co.th> และ <https://www.kinrehab.com/news/view/389>

### 3.2 ข้อมูลและกระบวนการข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้สำหรับการศึกษารั้งนี้ มี 2 ส่วน คือ ข้อมูลจำนวนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่และข้อมูลผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ข้อมูลนี้แสดงแยกเป็นรายจังหวัด ทั้ง 77 จังหวัดของประเทศไทย และข้อมูลแสดงค่าปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการติดเชื้อ และการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ โดยมีทั้งหมด 4 ปัจจัย

คือ ประชากรรายจังหวัด ประชากรผู้สูงอายุ ประชากรที่อยู่ในภาวะยากจน และประชากรที่มีภาวะสุขภาพเสี่ยงต่อการเสียชีวิต

โดยข้อมูลการติดเชื้อ และการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ ได้มาจากสถิติของกรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข ตั้งแต่การระบาดครั้งแรกในเดือนมกราคม 2563 ถึง เดือนกันยายน 2565 ส่วนข้อมูลประชากร สังคม เศรษฐกิจและสุขภาพของประชากรของปี พ.ศ.2560 2562 และ 2563 นั้น ได้จากการสืบค้นในเวปไซต์ต่างๆ ดังปรากฏในคอลัมน์ขวามือสุดของตาราง

ตารางที่ 3.2 ข้อมูลและแหล่งข้อมูล

	ข้อมูลสำหรับการวิจัย	ลักษณะข้อมูลที่ใช้	แหล่งข้อมูล
1	ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ จำนวนสะสม	ผู้ติดเชื้อ รายจังหวัด ถึง 12 กันยายน 65	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
2	ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ - อู่ฮั่น	ผู้ติดเชื้อ รายจังหวัด ถึงพฤศจิกายน 63	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
3	ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ - อัลฟา	ผู้ติดเชื้อ รายจังหวัด ถึงมีนาคม 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
4	ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ - เบต้า	ผู้ติดเชื้อ รายจังหวัด ถึงมิถุนายน 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
5	ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ - โอไมครอน	ผู้ติดเชื้อ รายจังหวัด ถึงธันวาคม 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
6	ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อสายพันธุ์อู่ฮั่น	ผู้เสียชีวิต รายจังหวัด ถึงพฤศจิกายน 63	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
7	ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อสายพันธุ์อัลฟา	ผู้เสียชีวิต รายจังหวัด ถึงมีนาคม 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
8	ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อสายพันธุ์เบต้า	ผู้เสียชีวิต รายจังหวัด ถึงมิถุนายน 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
9	ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อสายพันธุ์โอไมครอน	ผู้เสียชีวิต รายจังหวัด ถึงธันวาคม 64	<a href="https://ddc.moph.go.th">https://ddc.moph.go.th</a>
10	ประชากรที่มีภาวะสุขภาพเสี่ยงต่อการเสียชีวิต	ประชากรที่มีภาวะ 4 โรคเสี่ยง ปี 2563	<a href="http://www.thaincd.com">http://www.thaincd.com</a>
11	ประชากรรายจังหวัด	จำนวนประชากร ปี 2560	<a href="https://www.matichon.co.th">https://www.matichon.co.th</a>
12	ประชากรผู้สูงอายุ	จำนวนผู้สูงอายุ ปี 2563	<a href="https://www.dop.go.th">https://www.dop.go.th</a>
13	ประชากรที่อยู่ในภาวะยากจน	จำนวนประชากรที่ยากจน ปี 2562	Thai People Map and Analytics Platform

### 3.3 วิธีวิเคราะห์ข้อมูล

#### 3.3.1 หน่วยการวิเคราะห์

หน่วยการวิเคราะห์ จะเป็นหน่วยการวิเคราะห์จำนวนผู้เสียชีวิตแต่ละรายในแต่ละสายพันธุ์ โดยใช้จังหวัดเป็นหน่วยของการวิเคราะห์

### 3.3.2 Description statistics

สถิติเชิงพรรณนาใช้เพื่อนำเสนอคำอธิบายเชิงปริมาณในรูปแบบที่สามารถจัดการได้ ในการศึกษาวิจัย เราอาจมีมาตรการมากมาย หรือเราอาจวัดคนจำนวนมากในการวัดใดๆ สถิติเชิงพรรณนาช่วยให้เราลดความซับซ้อนของข้อมูลจำนวนมากด้วยวิธีที่สมเหตุสมผล สถิติเชิงพรรณนาแต่ละรายการจะลดข้อมูลจำนวนมากลงในการสรุปที่ง่ายกว่า ตัวอย่างเช่น พิจารณาตัวเลขง่ายๆ ที่ใช้ในการสรุปว่าผู้ตีลูกเล่นเบสบอลได้ดีเพียงใด ค่าเฉลี่ยการตีลูกตัวเลขเดี่ยวนั้นเป็นเพียงจำนวนครั้งที่ถูกหารด้วยจำนวนครั้งที่ตี (รายงานเป็นตัวเลขนี้สำคัญสามหลัก) ผู้ตีที่ดี .333 จะตีหนึ่งครั้งในทุกๆ สามครั้งที่ครั้งคราว หนึ่งบอล .250 กำลังตีหนึ่งครั้งในสี่ ตัวเลขเดียวอธิบายเหตุการณ์ที่ไม่ต่อเนื่องจำนวนมาก หรือพิจารณาความหายนะของนักเรียนหลายคนเกรดเฉลี่ย (GPA) ตัวเลขเดี่ยวนี้อธิบายผลการปฏิบัติงานทั่วไปของนักเรียนจากประสบการณ์ในหลักสูตรที่หลากหลาย ทุกครั้งที่คุณพยายามอธิบายข้อสังเกตชุดใหญ่ด้วยตัวบ่งชี้เดียว คุณจะเสี่ยงต่อการบิดเบือนข้อมูลเดิมหรือสูญเสียรายละเอียดที่สำคัญ ค่าเฉลี่ยการตีลูกไม่ได้บอกคุณว่าผู้ตี ดีโฮมรันหรือซิงเกิ้ล ไม่ได้บอกกว่าเธออยู่ในภาวะตกต่ำหรืออยู่ในสตรีค เกรดเฉลี่ยไม่ได้บอกคุณว่านักเรียนอยู่ในหลักสูตรที่ยากหรือง่าย หรือว่าเป็นหลักสูตรในสาขาหลักหรือสาขาวิชาอื่นๆ แม้จะมีข้อจำกัดเหล่านี้ สถิติเชิงพรรณนายังให้ข้อมูลสรุปที่มีประสิทธิภาพซึ่งอาจช่วยให้สามารถเปรียบเทียบระหว่างบุคคลหรือหน่วยอื่นๆ

### 3.3.3 การวิเคราะห์จุดความร้อน - HotSpot Analysis

การวิเคราะห์จุดความร้อน - Hot Spot Analysis ด้วยชุดคุณลักษณะที่ถ่วงน้ำหนัก การวิเคราะห์จุดความร้อนสามารถระบุจุดร้อนและจุดเย็นที่มีนัยสำคัญทางสถิติได้ด้วยการใช้ดัชนี General G ในพื้นที่ การวิเคราะห์จุดความร้อนจะพิจารณาคุณลักษณะแต่ละอย่างในสภาพแวดล้อมใกล้เคียง ดังนั้น คุณสมบัติที่มีมูลค่าสูงอาจไม่แสดงความเป็นจุดความร้อน คุณลักษณะที่มีค่าสูงและล้อมรอบด้วยคุณลักษณะที่มีค่าสูง มีความเป็นจุดความร้อน (hot spot) ตรงกันข้าม คุณลักษณะที่มีค่าต่ำและล้อมรอบด้วยคุณลักษณะที่มีค่าต่ำ จะมีความเป็นจุดความเย็น (cold spot)

การวิเคราะห์จุดความร้อนสามารถนำไปประยุกต์ใช้ได้ในการวิเคราะห์อาชญากรรม ระบาดวิทยา การวิเคราะห์รูปแบบการลงคะแนน ภูมิศาสตร์ทางเศรษฐกิจ การวิเคราะห์การค้าปลีก การวิเคราะห์เหตุการณ์ การจราจร และข้อมูลประชากร มีตัวอย่างบางส่วนดังต่อไปนี้

- การระบาดของโรคกระจุกตัวอยู่ที่ใด?
- ไฟไหม้ในครัวมีสัดส่วนที่มากกว่าที่คาดไว้ของการเกิดไฟไหม้ในที่พักอาศัยทั้งหมดหรือไม่?
- สถานที่อพยพควรอยู่ที่ไหน?

- ความเข้มข้นสูงสุดเกิดขึ้นที่ไหน/เมื่อไหร่?
- สถานที่ใดและในช่วงเวลาใดที่เราควรจัดสรรทรัพยากรของเรามากขึ้น?

### ฟังก์ชันนำเข้าสู่ข้อมูล

- Click Spatial Analysis > Spatial Statistical Analysis > Cluster Distributions > Hotspot Analysis.
- Toolbox > Spatial Statistical Analysis > Cluster Distributions > Hotspot Analysis. (iDesktopX)

### พารามิเตอร์หลักของการวิเคราะห์

- Source Dataset: ตั้งค่าชุดข้อมูลเวกเตอร์ที่จะวิเคราะห์ จุด เส้น และขอบเขต ของฐานข้อมูลทั้งสามชุด
- Assessment Field: กำหนดฟิลด์ตัวเลขที่จะใช้สำหรับวิเคราะห์
- Concept Model: ทางเลือกของคุณสำหรับ Conceptualized Model ควรสะท้อนถึงความสัมพันธ์ โดยธรรมชาติระหว่างคุณลักษณะที่กำลังจะทำการวิเคราะห์ ยังสามารถสร้างแบบจำลองว่าพีเจอร์โต้ตอบกันอย่างไรในพื้นที่ ผลลัพธ์ก็จะยิ่งแม่นยำมากขึ้นเท่านั้น
- Fixed Distance: ใช้ได้กับจุดและภูมิภาคที่มีการเปลี่ยนแปลงขนาดใหญ่ในขนาดภูมิภาค
- Region Adjacent (Common Edges or Intersect): ใช้ได้กับข้อมูลด้านที่อยู่ติดกันและทางแยก
- Region Adjacent (Adjacency Point, Common Edges or Intersect): ใช้ได้กับข้อมูลภูมิภาคที่มีจุดที่อยู่ติดกัน ด้านที่อยู่ติดกัน และจุดตัดกัน
- Inverse Distance: คุณลักษณะทั้งหมดถือเป็นคุณลักษณะที่อยู่ติดกันของคุณลักษณะอื่นๆ ทั้งหมด คุณลักษณะทั้งหมดส่งผลต่อคุณลักษณะของเป้าหมาย แต่เมื่อระยะทางเพิ่มขึ้น ผลกระทบก็จะน้อยลง และน้ำหนักระหว่างองค์ประกอบจะอยู่ที่ระยะทางเดียว ซึ่งใช้ได้กับข้อมูลต่อเนื่อง
- Inverse Distance Square: คล้ายกับ " Inverse Distance Model " ด้วยระยะทางที่เพิ่มขึ้น อิทธิพลจะลดลงเร็วขึ้น และน้ำหนักระหว่างจุดสนใจจะเท่ากับหนึ่งเหนือกำลังสองของระยะห่าง
- k-Nearest: คุณลักษณะ K ที่ใกล้เคียงที่สุดกับคุณลักษณะเป้าหมายมีอยู่ในการคำนวณคุณลักษณะเป้าหมาย (น้ำหนัก คือ 1) และคุณลักษณะที่เหลือจะไม่รวมอยู่ในการคำนวณคุณลักษณะเป้าหมาย (น้ำหนัก คือ 0) ตัวเลือกนี้มีประสิทธิภาพมากหากคุณต้องการให้แน่ใจว่าคุณมีจำนวนคุณลักษณะที่ต่อเนื่องกันสำหรับการวิเคราะห์ขั้นต่ำ วิธีนี้ใช้ได้ผลดีเมื่อการกระจายของข้อมูลเปลี่ยนแปลงในพื้นที่ศึกษา



เพื่อให้คุณลักษณะบางอย่างถูกลบออกจากคุณลักษณะอื่นๆ ทั้งหมด เมื่อสัดส่วนของการวิเคราะห์คงที่ไม่สำคัญเท่ากับจำนวนของวัตถุที่อยู่ติดกันคงที่ วิธี k-nearest neighbor ก็เหมาะสม

- Spatial Weight Matrix File: ต้องมีไฟล์เมทริกซ์น้ำหนักสเปซ น้ำหนักเชิงพื้นที่เป็นตัวเลขที่สะท้อนระยะทาง เวลา หรือค่าใช้จ่ายอื่นๆ ของแต่ละจุดสนใจและคุณสมบัติอื่นๆ ในชุดข้อมูล หากต้องการจำลองการเข้าถึงบริการต่างๆ ของเมือง เช่น เพื่อค้นหาพื้นที่ที่มีอาชญากรรมในเมืองหนาแน่น ควรใช้เครือข่ายเพื่อสร้างแบบจำลองความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ ก่อนวิเคราะห์ ให้สร้างไฟล์เมทริกซ์น้ำหนักเชิงพื้นที่ (.swmb) โดยใช้เครื่องมือน้ำหนักพื้นที่เครือข่ายที่สร้างขึ้น จากนั้นระบุเส้นทางแบบเต็มของไฟล์ SWMB ที่สร้างขึ้น
- Undifferentiated Regional: โมเดลนี้เป็นการผสมผสานระหว่าง "Inverse Distance Model" และ "Fixed Distance Model" คุณลักษณะแต่ละอย่างถือเป็นคุณลักษณะที่อยู่ติดกันของคุณลักษณะอื่นๆ ตัวเลือกนี้ไม่เหมาะสำหรับชุดข้อมูลขนาดใหญ่ คุณสมบัติภายในช่วงระยะทางที่กำหนดจะมีน้ำหนักเท่ากัน (น้ำหนัก 1); นอกจากระยะทางที่กำหนดของระยะทางที่กำหนดแล้ว เอฟเฟกต์จะน้อยลงเมื่อระยะทางเพิ่มขึ้น
- Break Distance Tolerance: ค่า "-1" หมายถึง การคำนวณและใช้ระยะทางเริ่มต้นซึ่งทำให้แน่ใจว่าองค์ประกอบแต่ละอย่างมีคุณสมบัติที่อยู่ติดกันอย่างน้อยหนึ่งรายการ ส่วน "0" หมายความว่าไม่มีการใช้ระยะทาง และแต่ละคุณสมบัติเป็นคุณสมบัติที่อยู่ติดกัน ค่าบวกที่ไม่เป็นศูนย์ คือ จุดสนใจที่อยู่ติดกันเมื่อระยะห่างระหว่างจุดสนใจน้อยกว่าค่านี้
  - Inverse Distance Power Exponent: ยิ่งเลขชี้กำลังสูง ค่ากำลังยิ่งสูง ผลกระทบของเลขชี้กำลังก็จะยิ่งเล็กลง
  - Number of Adjacent Features: กำหนดจำนวนเต็มบวก ซึ่งบ่งชี้ว่าจุดสนใจ K ที่ใกล้ที่สุด รอบจุดสนใจเป้าหมาย เป็นคุณลักษณะที่อยู่ติดกัน
  - Measure Distance Method: ปัจจุบันนี้ การวิเคราะห์รองรับได้เฉพาะการคำนวณระยะทางแบบยูคลิดและแบบแมนฮัตตันเท่านั้น สำหรับคำแนะนำเฉพาะเพิ่มเติมเกี่ยวกับการคำนวณทั้งสอง โปรดดูคำศัพท์พื้นฐานของการวิเคราะห์ทางสถิติเชิงพื้นที่
  - Whether FDR correction is conducted: หาก FDR (false discovery rate) ได้รับการแก้ไข นัยสำคัญทางสถิติจะขึ้นอยู่กับ การแก้ไขอัตราการแข่งขันที่ผิดพลาด มิฉะนั้น นัยสำคัญทางสถิติจะอิงตามฟิลด์ GiPvalue และ GiZscore
  - Self Weight Field: ตั้งค่าน้ำหนักระยะทาง รองรับเฉพาะฟิลด์ตัวเลข
  - Result Settings: ตั้งค่าแหล่งข้อมูลสำหรับข้อมูลผลลัพธ์และชื่อชุดข้อมูล
  -

## ผลลัพธ์ที่ได้

ชุดข้อมูลผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์จุดความร้อน ประกอบด้วยแอตทริบิวต์ 3 필ด์ ได้แก่ GiZscore, GiPvalue และ Gi\_Conflnvl โดยตารางต่อไปนี้ จะทำให้รายละเอียดเป็นความหมายของค่าทั้งหลาย

ตารางที่ 3.2 พารามิเตอร์แสดงผลลัพธ์การวิเคราะห์จุดความร้อน

Gi_Zscore	ความหมาย	กำหนดว่าเป็นจุดร้อนหรือจุดเย็น
Z>0 and P value is small	การกระจุกตัวกันอยู่สูงในพื้นที่ ยิ่งคะแนน z สูง ระดับการเกาะกลุ่มกันก็จะยิ่งมากขึ้น	จุดที่มีความร้อนมาก (hotspot) Gi_Conflnvl ที่สอดคล้องกันนั้น มีค่าเป็นบวก
Z is closer to 0	ไม่มีการเกาะกลุ่มเชิงพื้นที่กันที่ชัดเจน	--
Z<0 and P value is small<	มีการเกาะกลุ่มกันทางพื้นที่ต่ำ-ต่ำ ยิ่งคะแนน z น้อย ระดับการเกาะกลุ่มก็จะยิ่งน้อยลง	จุดที่ความเย็นมาก (coldspot) Gi_Conflnvl ที่สอดคล้องกันนั้น มีค่าเป็นลบ

ตารางที่ 3.3 แอตทริบิวต์ ค่าของแต่ละฟิลด์

Gi_Zscore (Standard Deviations)	Gi_Pvalue (probability)	Gi_Conf Invl value	Gi_Conf Invl	Analysis Result
<-2.58	<0.01	-3	99%	จุดที่เป็นความเย็นมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 99
<-1.96	<0.05	-2	95%	จุดที่เป็นความเย็นมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95
<-1.65	<0.1	-1	90%	จุดที่เป็นความเย็นมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 90
Smaller and closer to 0	--	0	--	No statistical significance.
>1.65	<0.1	1	90%	จุดที่เป็นจุดความร้อนมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 90
>1.96	<0.05	2	95%	จุดที่เป็นจุดความร้อนมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 95
>2.58	<0.01	3	99%	จุดที่เป็นจุดความร้อนมีนัยสำคัญทางสถิติโดยมีระดับความเชื่อมั่นร้อยละ 99

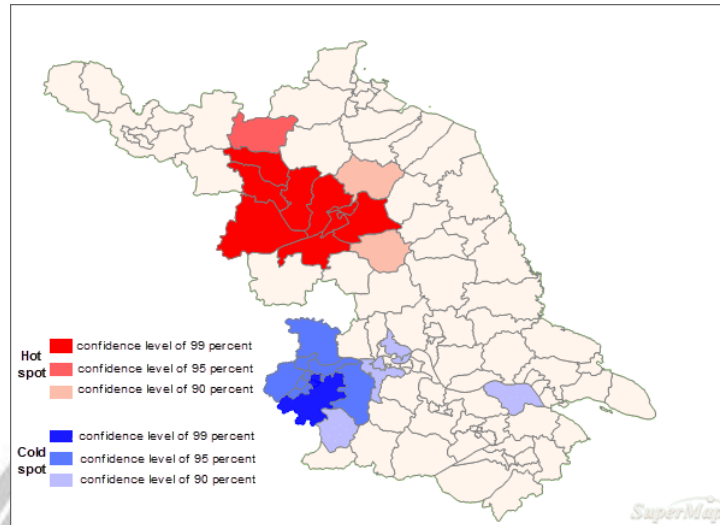
ตัวอย่างเช่น ดำเนินการ Hotspot Analysis เกี่ยวกับอัตราส่วนของกรณีไวรัสตับอักเสบบในเขตหนึ่งในปี 2013 ตั้งค่าฟิลด์การประเมินเป็นฟิลด์ที่บันทึกจำนวนเคส โมเดลแนวคิดถูกตั้งค่าเป็น Inverse Distance วิธีการวัดระยะทางถูกตั้งค่าเป็นระยะทางแบบยุคลิด ทำเครื่องหมายที่ช่องทำเครื่องหมายมาตรฐานของ Spatial Weight Matrix Standardization และพารามิเตอร์อื่นๆ จะถูกตั้งค่าเป็นค่าเริ่มต้น

ตารางที่ 3.4 ตัวอย่างพารามิเตอร์แสดงผลการวิเคราะห์จุดความร้อน

No	SmUserID	Q2013_Incidents	Gi_Zscore	Gi_Pvalue	Gi_Conflvl
1	0	116.482	6.953959	0	3
2	0	91.7566	4.860161	0.000001	3
3	0	85.1999	5.798528	0	3
4	0	76.4933	3.704068	0.000212	3
5	0	73.1654	1.387073	0.16542	0
6	0	67.2204	1.476271	0.139871	0
7	0	63.0425	3.78978	0.000151	3
8	0	62.4226	5.883952	0	3
9	0	52.7807	1.270717	0.203829	0
10	0	49.4207	3.988017	0.000067	3
11	0	48.3068	0.410772	0.68124	0
12	0	44.8258	-0.479617	0.6315	0
13	0	42.6745	1.742519	0.081418	0

ภายใต้สมมติฐานการแจกแจงแบบสุ่ม ผลปรากฏว่า:

- ในพื้นที่ทางตะวันตกเฉียงเหนือ ค่า  $z$  ทั้งหมดมีค่ามากกว่า 2.58 คุณสมบัตินี้รายล้อมไปด้วยคุณสมบัติที่มีมูลค่าสูง ดังนั้นพื้นที่ดังกล่าวจึงแสดงว่ามีการเกาะกลุ่มกันสูง ซึ่งหมายความว่า ไวรัสตับอักเสบบีมีอุบัติการณ์สูงในบริเวณนี้ ดังนั้น ในพื้นที่นี้ประชาชนควรใช้มาตรการป้องกันอย่างจริงจังมากขึ้น
- ในขณะที่ในพื้นที่สีน้ำเงินเข้ม ค่า  $z$  ทั้งหมดจะน้อยกว่า -2.58 คุณสมบัตินี้ล้อมรอบด้วยคุณสมบัติที่มีค่าต่ำ ดังนั้น พื้นที่ (พื้นที่เย็น) จึงแสดงกระจุกต่ำ-ต่ำ
- ค่า  $Z$  ในพื้นที่สีชมพูใกล้เคียงกับ 0 โดยไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ



ภาพที่ 3.2 ตัวอย่างผลลัพธ์การวิเคราะห์จุดความร้อน แสดงในแผนที่

### 3.3.4 Geographically Weighted Regression

Geographically Weighted Regression (GWR) เป็นรูปแบบการถดถอยในพื้นที่ค่าสัมประสิทธิ์ได้รับอนุญาตให้แตกต่างกันไปการดำเนินการถดถอยถ่วงน้ำหนักทางภูมิศาสตร์ (GWR) ซึ่งเป็นรูปแบบเฉพาะ ของการถดถอยเชิงเส้นที่ใช้ในการสร้างแบบจำลองความสัมพันธ์ที่แตกต่างกันในเชิงพื้นที่ GWR สร้างสมการ แยกต่างหาก สำหรับทุกพิกเจอร์ในชุดข้อมูลซึ่งประกอบด้วยตัวแปรตามและอธิบายของคุณสมบัติที่อยู่ภายใน Bandwidth ของแต่ละคุณสมบัติเป้าหมาย รูปร่างและขอบเขตของ Bandwidth ขึ้นอยู่กับการ Input ของผู้ใช้ สำหรับประเภท Kernel type, Bandwidth method, Distance, และ Number Of Neighbors Parameters ที่มีข้อจำกัดเดียว: เมื่อจำนวนของคุณลักษณะใกล้เคียงจะเกิน 1000 เท่านั้น นที่ใกล้เคียงที่สุด 1000 จะรวมอยู่ใน แต่ละสมการท้องถิ่น การวิเคราะห์ถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์จากสมการแบบจำลองถดถอยทั่วไป

$$y_i = \beta_0 + \sum_k \beta_k x_{ik} + \epsilon_i$$

นำมาพิจารณาในรูปแบบของ GWR เพื่อแสดงลักษณะของท้องถิ่นเข้าไปโดยเขียน เป็นสมการใหม่ได้

$$y_i = \beta_0 + \sum_k \beta_k (u_i, v_i) x_{ik} + \epsilon_i$$

เมื่อแทนค่าพิกัดของจุดในแต่ละจุดบนพื้นที่และเป็นค่าแสดงอิทธิพลของตัวแปรนั้นบนจุดใดโดยพื้นที่ที่ว่านั้นเป็นพื้นที่ที่มีค่าต่างๆ ของพารามิเตอร์ต่อเนื่องกันไปบนพื้นผิวและสามารถวัดค่าบนพื้นผิวนี จุดต่างๆ ได้อย่าง ชัดเจน สมการวิเคราะห์ถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์และพิจารณาถึงความแปรปรวนบนพื้นที่ใน รูปแบบของความสัมพัทธ์ที่ปรากฏอยู่และการวิเคราะห์ถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ก็สามารถที่จะวัดความสัมพันธ์นั้นได้

## 3.4 การนำเสนอผลการวิเคราะห์ข้อมูล

### 3.4.1 นำเสนอเป็นตาราง

โครงสร้างพื้นฐานของตารางคือชุดของคอลัมน์และแถวที่มีข้อมูลโดยปกติจะมีแถวหรือคอลัมน์ (หรือทั้งสองอย่าง) ส่วนหัวของข้อมูลองค์กร เมื่อตัดสินใจขนาดของโต๊ะจะดีกว่าที่จะจำหลักการหกคุณหก ในบริบทของตารางคู่มือนี้แนะนำตารางควรพยายามที่จะไม่เกินหกคอลัมน์และไม่เกินหกแถวเพื่อให้ปริมาณของข้อมูลในระดับที่เหมาะสม เมื่อเลือกขนาดของตารางโปรดตรวจสอบให้แน่ใจว่าขนาดตัวอักษรของข้อความในแต่ละเซลล์ในตารางมีขนาดใหญ่พอที่จะอ่านได้อย่างชัดเจนเมื่อแสดง ตารางมักจะใช้ไม่ได้ดีเท่าแผนภูมิ เพราะแสดงแต่ข้อมูล และกราฟจะแสดงคำอธิบายข้อมูล ซึ่งทำให้ผู้ชมเข้าใจได้ง่ายขึ้น เวลาคุณนำเสนอตาราง คุณต้องอธิบายข้อมูลให้คนดูฟัง วิธีหนึ่งที่จะทำให้บางเซลล์โดดเด่นคือการเปลี่ยนสีพื้นหลังของเซลล์หรือเพิ่มข้อความโดยการเปลี่ยนสีหรือทำให้หนาขึ้น ส่วนหัวคอลัมน์และ / หรือแถวควรเป็นตัวหนาเพื่อแยกความแตกต่างจากข้อมูล แพคเกจการสาธิตส่วนใหญ่มีเครื่องมือสร้างตารางในตัวเพื่อตอบสนองการใช้งานส่วนใหญ่ การนำเข้าตารางจากแพคเกจอื่นเช่นโปรแกรมประมวลผลคำไม่ได้เป็นความคิดที่ดีเสมอไปเพราะมันยากที่จะตั้งค่ารูปแบบอย่างถูกต้องเมื่อนำเข้าแปลและเนื่องจากต้องเริ่มต้นแพคเกจอื่น ๆ สำหรับการแก้ไขมันจะค่อนข้างยาก

### 3.4.2 นำเสนอเป็นกราฟ

แพคเกจการสาธิตส่วนใหญ่มีเครื่องมือสร้างกราฟิกในตัว สำหรับรุ่นก่อนหน้าของ Microsoft PowerPoint เป็นแอปพลิเคชัน Microsoft Graph และรุ่นที่สูงขึ้นใช้ Microsoft Excel เครื่องมือเหล่านี้ส่วนใหญ่มีประสิทธิภาพมากและสามารถตอบสนองความต้องการของผู้นำเสนอส่วนใหญ่ หากคุณต้องการใช้กราฟิก, เรียนรู้วิธีการสร้างและแก้ไขกราฟิกในซอฟต์แวร์สาธิต, โดยเฉพาะอย่างยิ่งองค์ประกอบที่ระบุไว้ข้างต้น. มีเครื่องมือซอฟต์แวร์วาดภาพโดยเฉพาะ แต่คุณจำเป็นต้องใช้เฉพาะเมื่อคุณต้องการใช้กราฟิกบางประเภทที่ซับซ้อนหรือต้องการคุณสมบัติที่ไม่รวมอยู่ในเครื่องมือในตัว วิธีหนึ่งในการขยายความสามารถของเครื่องมือกราฟิกในตัวคือการสร้างกราฟิกพื้นฐานโดยใช้เครื่องมือกราฟิกจากนั้นเพิ่มองค์ประกอบเฉพาะที่จำเป็น เช่นเส้นกล่องข้อความหรือลูกศรโดยใช้เครื่องมือวาดภาพของซอฟต์แวร์สาธิต การนำเข้ากราฟิกจากแพคเกจอื่น เช่นสเปรดชีตไม่ได้เป็นความคิดที่ดีเสมอไปเพราะมันยากที่จะได้รับสิ่งที่ถูกต้องในการแปลที่นำเข้า และยากที่จะแก้ไขเนื่องจากแพคเกจอื่นๆ จะต้องเริ่มต้นสำหรับการแก้ไข

กราฟพื้นฐานที่ใช้บ่อยที่สุดมีห้าประเภท นอกจากนี้ยังมีประเภทที่ซับซ้อนมากขึ้นสำหรับวัตถุประสงค์เฉพาะ และโดยทั่วไปแล้วจะมีลักษณะทางเทคนิคซึ่งไม่ได้กล่าวถึงในที่นี้เนื่องจากส่วนใหญ่ของเราไม่ค่อยได้ใช้พวก

เขา กราฟคือการแสดงกราฟ ของข้อมูลชุดเดียวหรือหลายชุด ชุดข้อมูลที่เกี่ยวข้องเรียกว่าชุดข้อมูล ตัวอย่างเช่น ยอดขายต่อปีของผลิตภัณฑ์ X ในช่วง 5 ปีที่ผ่านมาจะเป็นชุดข้อมูล นี่คือการประเภทกราฟพื้นฐาน

กราฟแสดงพื้นที่ - กราฟนี้แสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ของส่วนต่าง ๆ กับภาพรวมเมื่อเวลาผ่านไป ตัวอย่างหนึ่งคือการแสดงรายละเอียดของผลกำไรทั้งหมดขององค์กรที่แบ่งตามสายผลิตภัณฑ์ในช่วงห้าปีที่ผ่านมา กราฟนี้สามารถแสดงชุดข้อมูลหลายชุด (4-6) พร้อมกัน

กราฟแสดงคอลัมน์ - กราฟนี้แสดงความแตกต่างของค่าแต่ละตัวในแนวตั้ง มันสามารถใช้เพื่อแสดงความแตกต่างระหว่างค่าในช่วงเวลาที่แตกต่างกันหรือการจัดกลุ่มข้อมูลอื่น ๆ ตัวอย่างรวมถึงการแสดงจำนวนโทรศัพท์ทั้งหมดในแต่ละเดือนของปีที่ผ่านมาระหว่างจำนวนการสั่งซื้อที่ได้รับต่อวิธีการสั่งซื้อ (แฟกซ์โทรศัพท์อีเมลหรือขายเดิน) ในเดือนที่ผ่านมา กราฟนี้เหมาะสำหรับชุดข้อมูลน้อยกว่า (1-3) ชุด

กราฟแท่ง - กราฟนี้แสดงความแตกต่างในค่าแต่ละตัวในแนวนอน สำหรับการแสดงค่าของช่วงเวลาที่แตกต่างกันนั้นไม่ใช่ทางเลือกที่ดี มันสามารถแสดงผลลัพธ์ของชุดข้อมูลหนึ่งหรือสองชุดได้ดีขึ้น ตัวอย่างหนึ่งคือการแสดงความนิยมของคำตอบอันดับแรกของคำถามแบบสำรวจ

กราฟเส้น - กราฟนี้แสดงค่าของจุดเวลาที่แตกต่างกัน โดยปกติมันจะดีกว่าที่จะมีช่วงเวลาเท่ากันตามแกนแนวนอนของกราฟ ตัวอย่างหนึ่งคือ แนวโน้มที่แสดงให้เห็นถึงจำนวนสายงานบริการลูกค้าที่ประมวลผลต่อเดือนจากสำนักงาน 5 แห่งในปีที่แล้ว กราฟเส้นสามารถแสดงชุดข้อมูลจำนวนมาก (4-6) ได้ดี

แผนภูมิวงกลม - แผนภูมินี้แสดงสัดส่วนของแต่ละส่วนในทั้งหมด กราฟนี้ประมวลผลชุดข้อมูลเพียงชุดเดียว ตัวอย่างคือการแสดงสัดส่วนของเงินที่รัฐบาลมอบให้องค์กรทุกระดับในปีที่ผ่านมา

### 3.4.3 นำเสนอเป็นแผนที่

แผนที่ถูกใช้มากเกินไปเพราะอาจเป็นวิธีที่ขี้เกียจในการ "เพิ่มกราฟิกมากขึ้น" ในการนำเสนอ ผู้ฝ่าฝืนที่พบบ่อยที่สุดคือแผนที่ "ที่ตั้งอยู่ของบริษัท" ซึ่งคลุมเครือมากและโดยทั่วไปไม่ได้บอกอะไรเรา ที่เลวร้ายไปกว่านั้นแผนที่เหล่านี้น่าเบื่อและน่าเกลียดมาก แต่ทุกคนดูเหมือนจะหลงระเริงกับมัน! เหมือนพวกกัณฑ์ในงานปาร์ตี้ ที่แอบเข้ามา ในสุนทรพจน์เจ๋งๆของคุณ ดูแผนที่เหล่านี้ในงานนำเสนอของคุณ (ขวา) มีใครรู้หรือไม่ว่าสาขาอยู่ที่ไหนหรือประเทศใดที่คุณทำงาน?

หากเป้าหมายของคุณคือการสื่อสารข้อมูลที่ถูกต้องในตัวอย่างเหล่านี้รายการสถานที่ที่ออกแบบมาอย่างดีจะมีประสิทธิภาพมากขึ้น แม้ว่าจะมีจุดที่ไม่ดีมากมาย แต่แผนที่เป็นเครื่องมือที่ทรงพลังและขาดไม่ได้ในการแสดงข้อมูลตำแหน่งเฉพาะในการนำเสนอ

แผนที่เป็นหมวดหมู่เฉพาะของอินโฟกราฟิก ต่างจากแผนภูมิหรือแผนภูมิที่ดูแตกต่างจากข้อมูลในโลกจริงอย่างสิ้นเชิงแผนที่สะท้อนรูปร่างของโลกจริงเหมือนมุมมองข้อมูล 2 มิติของความ เป็นจริงสามมิติ

บทความต่อไปนี้จะทุ่มเทให้กับการสำรวจโซลูชันแผนที่ที่เป็นนวัตกรรมและแนวคิดการออกแบบใหม่ ๆ ซึ่งแตกต่างจากแผนที่ที่ไม่ดีสองแผนที่ด้านบนแผนที่ที่ดีที่สุดสามารถแสดงความลึกของข้อมูลทางภูมิศาสตร์ที่น่าตื่นตาตื่นใจได้อย่างรวดเร็วและง่ายดายซึ่งไม่สามารถเทียบได้กับอินโฟกราฟิกอื่น ๆ ฉันจะพูดถึงแผนที่ที่เน้นข้อมูลเหล่านี้มากขึ้นในส่วนที่ 2 อย่างไรก็ตามวันนี้เรามาดูแผนที่ "Enterprise Location" ที่ดีอีกครั้งและหาวิธีที่น่าสนใจในการอัปเดตแผนที่ประเภทนี้ไม่ใช่วิธีที่ดีที่สุดในการถ่ายทอดข้อมูลตำแหน่งเฉพาะในงานนำเสนอวันแต่คุณจะมีประมวผลตำแหน่งเพียงเล็กน้อยที่สามารถทำเครื่องหมายได้ หากคุณต้องรวมหนึ่งในแผนที่ "สาขา" เหล่านี้ในการนำเสนอให้พิจารณาวิธีการที่สร้างสรรค์

ความคิดบางอย่างของแผนที่สร้างสรรค์:

- แทนที่จะใช้ "เข็ม" ทั่วไปเพื่อแสดงตำแหน่ง แต่ใช้สิ่งที่น่าสนใจมากขึ้นเช่นไอคอนหรือรูปถ่ายของคนที่ทำงานที่นั่นหรือรูปถ่ายของสถานที่ที่มีชื่อเสียง
- เพิ่มแท็กถ้าคุณรู้ตำแหน่งที่แน่นอนเป็นสิ่งสำคัญ
- ปรับโทนสีของแผนที่ซึ่งจะช่วยปรับปรุงรูปลักษณ์ของแผนที่ได้อย่างมาก
- ขึ้นอยู่กับแบรนด์ของคุณคุณสามารถพิจารณาว่าแผนที่วาดด้วยมือหรือไอคอนวาดด้วยมือ ตัวอย่างนี้แสดงให้เห็นว่าข้อมูลการขายของร้านเครื่องสำอางเบเกอรี่ทั่วประเทศดีขึ้น
- บางครั้งเมื่อคุณสับสนกับแนวคิดการออกแบบของคุณอยู่ห่างจากแป้นพิมพ์และกลับไปสู่โลกแห่งความเป็นจริง
- ถ้าคุณเพียงแค่ทำแผนที่ "สถานที่" ที่ไม่ต้องการรายละเอียดมากมีวิธีการที่จะทำแผนที่จากสิ่งอื่น ๆ เช่นแอปเปิ้ลสโมลท์โดยศิลปินเควินแวน Aelst? ยกตัวอย่างเช่น ถ้าคุณอยู่ในวงการผลไม้ มันจะเป็นสไตล์ที่ขุดเยี่ยม (โดยวิธีการที่ถ้าคุณต้องการเห็นตัวอย่างความคิดสร้างสรรค์ที่ขุดเยี่ยมในการสร้างอินโฟกราฟิกโดยใช้วัตถุในโลกแห่งความจริงคุณจะต้องตรวจสอบเว็บไซต์ของเควินอย่างแน่นอน)

อีกวิธีหนึ่งที่ใช้งานได้จริงสามารถถ่ายแผนที่จริงและเพิ่มวัตถุเพื่อแสดงตำแหน่งที่เฉพาะเจาะจงและจากนั้นเพียงแค่ถ่ายภาพของผลลัพธ์สุดท้าย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## บทที่ 4

### ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

รายละเอียดในบทที่ 4 นี้ เป็นผลการวิเคราะห์ข้อมูลการติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ของประเทศไทย ช่วง 5 ปี ระหว่างปี 2560-2565 โดยมีรายละเอียด 2 ส่วน คือ ผลการติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ และผลการวิเคราะห์ปัจจัยกำหนดการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

#### 4.1 การติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

ตลอดระยะเวลากว่า 5 ปี คือ ระหว่างปี 2560-2565 ประเทศไทยมีจำนวนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ทั้งสิ้น 5,911,486 ราย มีผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ 42,610 ราย จำนวนผู้เสียชีวิตดังกล่าว คิดเป็นร้อยละ 8.71 ของประชากรทั้งประเทศ หรือ คิดเป็นร้อยละ 0.72 ของผู้ติดเชื้อฯ ทั้งประเทศ

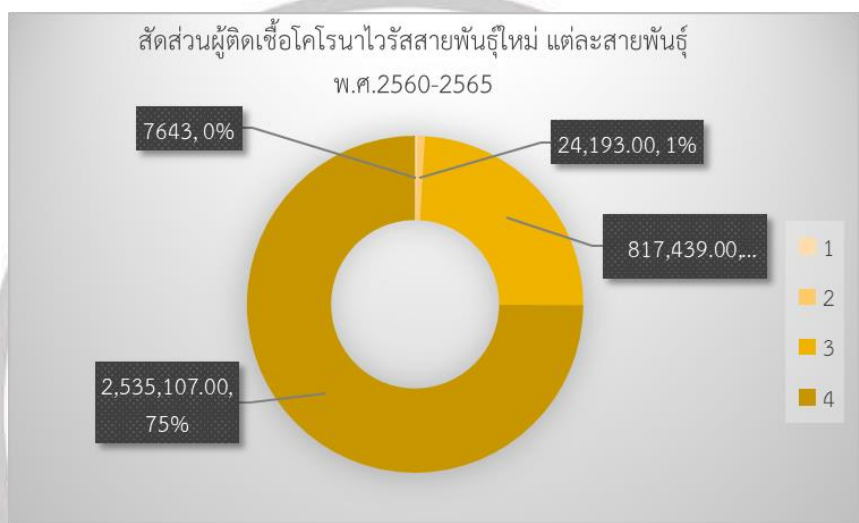
ตารางที่ 4.1 สถิติการติดเชื้อและเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

ค่าสถิติพรรณนา	สายพันธุ์อื่น		สายพันธุ์อัลฟา		สายพันธุ์เดลต้า		สายพันธุ์โอไมครอน	
	ผู้ติดเชื้อ	ผู้เสียชีวิต	ผู้ติดเชื้อ	ผู้เสียชีวิต	ผู้ติดเชื้อ	ผู้เสียชีวิต	ผู้ติดเชื้อ	ผู้เสียชีวิต
ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่	7643	64	24,193.0	1,238.00	817,439.0	19,968.00	2,535,107.0	10,702.0
ค่าเฉลี่ย (AVERAGE)	99.259	1.641	2,041.80	16.08	26,259.76	259.32	32,923.47	138.99
ค่าสูงสุด (Max)	2383	26	66,116.0	642.00	380,993.0	6,105.00	493,958.00	1,360.00
ค่าต่ำสุด (Min)	0	0	24.00	0.00	1,991.00	9.00	1,260.00	9.00
ฐานนิยม (Mode)	11	0	87.00	1.00	0	34.00	0	73.00
มัธยฐาน (Median)	11	0	345.00	3.00	15,569.00	107.00	20,187.00	105.00
เบี่ยงเบนมาตรฐาน (STDEV)	1349.09	3.038	7,804.67	73.24	47,139.83	708.90	57,966.24	162.16
ความเบ้ (SKEW)	6.466	7.562	7.52	8.29	5.95	7.50	6.75	5.79
ความเรียบของกราฟ (KURT)	69.773	62.248	60.94	70.90	42.53	61.15	52.56	41.85

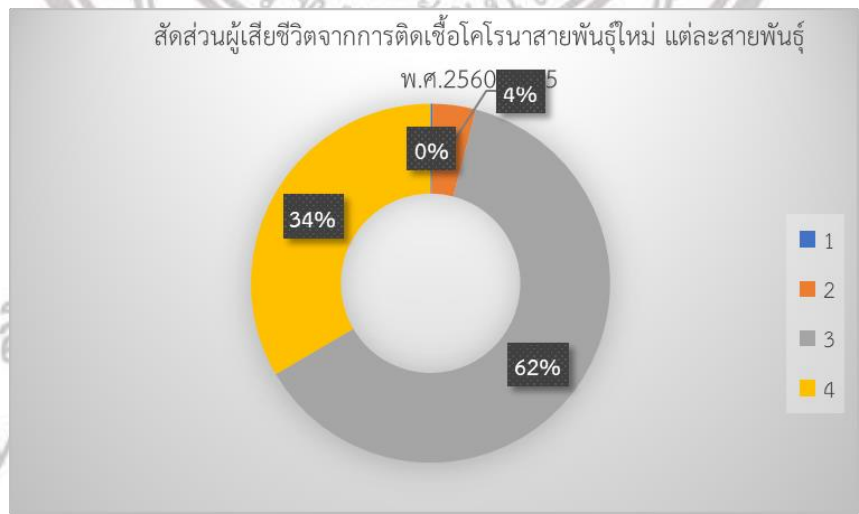
การติดเชื้อโคโรนาไวรัสของประชากรไทย แบ่งตามสายพันธุ์ พบว่า มีผู้ติดเชื้อไวรัสสายพันธุ์โอไมครอนมากที่สุด 2,535,107 ราย ในจำนวนนี้มีผู้เสียชีวิต 10,702 ราย คิดเป็นร้อยละ 62 ของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ทั้งหมด หรือคิดเป็นสัดส่วน 4.22 ต่อผู้ติดเชื้อฯ พันราย รองลงมาเป็นสายพันธุ์เบตา 817,439 ราย จำนวนนี้มี



ผู้เสียชีวิต 19,968 ราย คิดเป็นร้อยละ 34 ของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ทั้งหมด หรือ คิดเป็นสัดส่วน 24.43 ต่อผู้ติดเชื้อฯ พันราย สายพันธุ์อัลฟา 24,193 ราย จำนวนนี้มีผู้เสียชีวิต 1,238 ราย คิดเป็นร้อยละ 4 ของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ทั้งหมด หรือ คิดเป็นสัดส่วน 51.17 ต่อผู้ติดเชื้อฯ พันราย และสายพันธุ์อื่น 7,643 ราย จำนวนนี้มีผู้เสียชีวิต 64 ราย คิดเป็นร้อยละ 0.2 ของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ทั้งหมด หรือ คิดเป็นสัดส่วน 8.37 ต่อผู้ติดเชื้อฯ พันราย



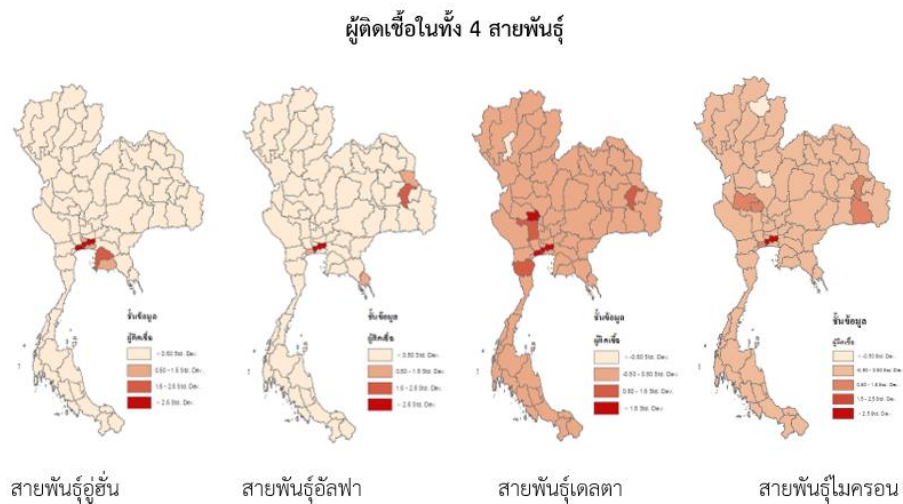
ภาพที่ 4.1 กราฟแสดงสัดส่วนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565



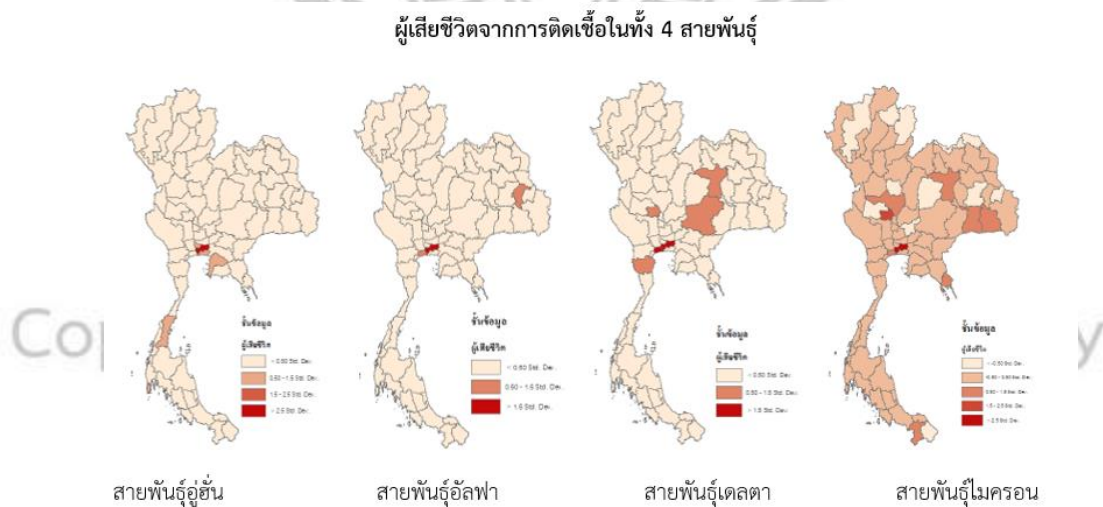
ภาพที่ 4.2 กราฟแสดงสัดส่วนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565

การติดเชื้อโคโรนาไวรัสของประชากรไทย แต่ละจังหวัด พบว่า มีค่าเฉลี่ยเท่ากับจังหวัดละ 43,953 ราย ทั้งนี้หากแบ่งตามสายพันธุ์แล้วพบว่าสายพันธุ์โอไมครอนมีค่าเฉลี่ยมากที่สุด คือ 32,923 ราย ค่าเบี่ยงเบน

มาตรฐาน 57,966 ราย รองลงมาเป็นเดลตา อัลฟา และอู่ฮั่น มีค่าเฉลี่ย (ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน) 26,259 ราย (47,139 ราย) 2,041 ราย (7,804 ราย) และ 99 ราย (1,349 ราย) ตามลำดับ ขณะที่การติดเชื้อโควิดโคโรนาไวรัสของประชากรไทย แต่ละจังหวัด พบว่า มีค่าเฉลี่ยเท่ากับจังหวัดละ 43,953 ราย ทั้งนี้หากแบ่งตามสายพันธุ์แล้วพบว่าสายพันธุ์โอไมครอนมีค่าเฉลี่ยมากที่สุด คือ 138 ราย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน 162 ราย รองลงมาเป็นเดลตา อัลฟา และอู่ฮั่น มีค่าเฉลี่ย (ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน) 259 ราย (708 ราย) 16 ราย (73 ราย) และ 1 ราย (3 ราย) ตามลำดับ

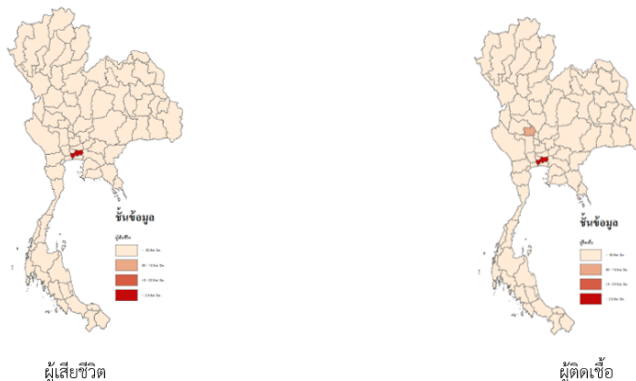


ภาพที่ 4.3 แผนที่แสดงสัดส่วนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565



ภาพที่ 4.4 แผนที่แสดงสัดส่วนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565

ผู้เสียชีวิตและผู้ติดเชื้อสะสม



ภาพที่ 4.5 แผนที่แสดงสัดส่วนติดเชื้อและผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ แต่ละสายพันธุ์ พ.ศ.2560-2565

การวิเคราะห์สถิติพรรณนา หรือ descriptive statistics เป็นการวิเคราะห์หาค่ากลางทางสถิติ เพื่อแสดงคุณลักษณะของข้อมูลเป็นภาพรวม เป็นตัวเลขแสดงจำนวนผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ และจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เป็นรายจังหวัด ทั้งสายพันธุ์อู่ฮั่น สายพันธุ์อัลฟา สายพันธุ์เบต้า สายพันธุ์โอไมครอน และผลรวมทุกสายพันธุ์ ผลการวิเคราะห์นำเสนอในหน้านี้ 2 รูปแบบ คือ ตารางแสดงค่าสถิติพรรณนา และแผนที่แสดงการกระจายของข้อมูลฯ ซึ่งทั้งตารางและแผนที่แสดงข้อมูลดังนี้

จากตาราง พบว่า ผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ รวมทั้งสิ้น 3,384,382 ราย เฉลี่ย 43,953 ราย แบ่งเป็น

- สายพันธุ์อู่ฮั่น 7,643 ราย เฉลี่ยจังหวัดละ 99 ราย ในแผนที่จะเห็นว่าผู้ติดเชื้อฯ กระจายอยู่ตรงกรุงเทพมหานคร จังหวัดโดยรอบ เช่น ปทุมธานี สมุทรปราการ ชลบุรี และระยอง
- สายพันธุ์อัลฟา 24,193 ราย เฉลี่ยจังหวัดละ 314 ราย ส่วนใหญ่อยู่ในกรุงเทพมหานคร สมุทรสาคร ยโสธร มุกดาหาร และตราด
- สายพันธุ์เบต้า 817,439 ราย เฉลี่ยจังหวัดละ 10,616 ราย กระจายครอบคลุมทุกจังหวัดของประเทศ ยกเว้นจังหวัดลำพูน
- และสายพันธุ์โอไมครอน 2,535,107 ราย เฉลี่ยจังหวัดละ 32,923 ราย กระจายครอบคลุมทุกจังหวัดของประเทศ ยกเว้นจังหวัดพิจิตรและพะเยา

สำหรับจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ นั้น จากตาราง พบว่า มีผู้เสียชีวิต รวม 31,972 ราย เฉลี่ยจังหวัดละ 415 ราย แบ่งเป็นสายพันธุ์อื่น 64 ราย ในแผนที่จะเห็นว่าผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ๗ กระจายอยู่ในกรุงเทพและ ปริมณฑล และจังหวัดชุมพร สายพันธุ์อัลฟา 1,238 ราย กระจายอยู่ในพื้นที่ กรุงเทพมหานคร สมุทรสาคร และจังหวัดโยธธา สายพันธุ์เบตา 19,968 ราย กระจายอยู่ในพื้นที่กรุงเทพมหานคร จังหวัดเพชรบุรี ชัยนาท นครราชสีมา และขอนแก่น และสายพันธุ์โอไมครอน 10,702 ราย กระจายอยู่หลาย จังหวัด โดยเฉพาะอย่างยิ่งกรุงเทพมหานคร จังหวัดชัยนาท นครสวรรค์ ตราด ขอนแก่น สุรินทร์ ศรีสะเกษ และ ยะลา

#### 4.2 การวิเคราะห์จุดความร้อนของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

ตารางที่ 4.3 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง ของสายพันธุ์อื่น

SOURCE_ID	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
บึงกาฬ	2.20139815712	0.02770784936	2
หนองบัวลำภู	2.20139815712	0.02770784936	2
อำนาจเจริญ	2.30940107676	0.02092133534	2
ขอนแก่น	2.43086217402	0.01506294325	2
โยธธา	2.56904651573	0.01019787678	2
หนองคาย	2.56904651573	0.01019787678	2
ชัยภูมิ	2.72845092396	0.00636325578	3
อุบลราชธานี	2.91547594742	0.00355146481	3
ร้อยเอ็ด	2.91547594742	0.00355146481	3
มหาสารคาม	3.41565025532	0.00063629914	3

ตารางที่ 4.6 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ ของสายพันธุ์อื่น

SOURCE_ID	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
ลำพูน	-0.41137667560	0.68079635514	0
ศรีสะเกษ	-0.38924947208	0.69709161090	0
เลย	-0.36650833307	0.71398579642	0
นครพนม	-0.34299717029	0.73160058958	0
ลำปาง	-0.34299717029	0.73160058958	0
กาฬสินธุ์	-0.31851102864	0.75009733078	0
มุกดาหาร	-0.31851102864	0.75009733078	0
เพชรบูรณ์	-0.31851102864	0.75009733078	0

SOURCE_ID	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
นนทบุรี	-0.29277002189	0.76969794416	0
สุรินทร์	-0.29277002189	0.76969794416	0

ตารางที่ 4.5 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง ของสายพันธุ์อัลฟา

SOURCE_ID	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
นครพนม	-0.27310476861	0.78477268151	0
บึงกาฬ	-0.27308662959	0.78478662459	0
สุรินทร์	-0.27307348620	0.78479672768	0
ศรีสะเกษ	-0.27303538207	0.78482601785	0
หนองบัวลำภู	-0.27302225838	0.78483610594	0
สกลนคร	3.66067621258	0.00025155048	3
อุบลราชธานี	3.66075900187	0.00025146921	3
อำนาจเจริญ	3.66078307824	0.00025144558	3
ชัยภูมิ	3.66082095129	0.00025140841	3
ยโสธร	3.66085069988	0.00025137922	3

ตารางที่ 4.6 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ ของสายพันธุ์อัลฟา

SOURCE_ID	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
ตาก	-0.27319841453	0.78470069898	0
ราชบุรี	-0.27319689500	0.78470186697	0
เลย	-0.27319534799	0.78470305609	0
นครปฐม	-0.27319504607	0.78470328817	0
สตูล	-0.27319487413	0.78470342033	0
นนทบุรี	-0.27319477789	0.78470349430	0
สิงห์บุรี	-0.27319432841	0.78470383980	0
กาญจนบุรี	-0.27319412161	0.78470399876	0
พระนครศรีอยุธยา	-0.27319371121	0.78470431421	0
หนองคาย	-0.27319348850	0.78470448540	0

ตารางที่ 4.5 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง ของสายพันธุ์เบต้า

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
นครพนม	2.35248883244	0.01864824973	2
บึงกาฬ	2.63732729312	0.00835621642	3

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
สกลนคร	3.30606472500	0.00094616229	3
สุรินทร์	3.46133794996	0.00053749761	3
ศรีสะเกษ	3.90642640983	0.00009367115	3
หนองบัวลำภู	4.69809197763	0.00000262603	3
อำนาจเจริญ	5.46036398722	0.00000004752	3
อุบลราชธานี	5.96868808442	0.00000000239	3
ชัยภูมิ	6.09011923026	0.00000000113	3
ยโสธร	6.51061131550	0.00000000007	3

ตารางที่ 4.6 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ ของสายพันธุ์เบต้า

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
นนทบุรี	-0.69403349819	0.48766120643	0
เลย	-0.69403349819	0.48766120643	0
หนองคาย	-0.69403349819	0.48766120643	0
ตาก	-0.69403349819	0.48766120643	0
ราชบุรี	-0.69403349819	0.48766120643	0
สตูล	-0.69403349819	0.48766120643	0
ปทุมธานี	-0.62881714725	0.52946877638	0
พระนครศรีอยุธยา	-0.62881714725	0.52946877638	0
อ่างทอง	-0.62881714725	0.52946877638	0
สิงห์บุรี	-0.62881714725	0.52946877638	0

ตารางที่ 4.5 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง ของสายพันธุ์โอไมครอน

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
หนองบัวลำภู	2.25293542199	0.02426322103	2
ยโสธร	2.72018238384	0.00652459185	3
นครราชสีมา	2.88823030420	0.00387416099	3
ชัยภูมิ	2.88823030420	0.00387416099	3
หนองคาย	3.33768210665	0.00084480342	3
ขอนแก่น	3.45724078691	0.00054573699	3
อุบลราชธานี	3.88682056895	0.00010156577	3
บุรีรัมย์	4.38969162156	0.00001135115	3
ศรีสะเกษ	4.38969162156	0.00001135115	3

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
สุรินทร์	5.73930146702	0.00000000951	3

ตารางที่ 4.6 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ ของสายพันธุ์โอไมครอน

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
บึงกาฬ	-1.10613075480	0.26866994641	0
นนทบุรี	-1.00130463200	0.31667956766	0
ปทุมธานี	-1.00130463200	0.31667956766	0
เลย	-1.00130463200	0.31667956766	0
น่าน	-1.00130463200	0.31667956766	0
ตาก	-1.00130463200	0.31667956766	0
สมุทรสงคราม	-1.00130463200	0.31667956766	0
ประจวบคีรีขันธ์	-1.00130463200	0.31667956766	0
สมุทรปราการ	-0.88822281921	0.37442091608	0
มหาสารคาม	-0.88822281921	0.37442091608	0

ตารางที่ 4.5 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore สูง สะสมตั้งแต่เริ่มระบาด จนถึง 12 กันยายน 2565

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
ชลบุรี	1.53154308869	0.12563522568	0
สิงห์บุรี	1.58495278076	0.11297706310	0
ฉะเชิงเทรา	1.58495278076	0.11297706310	0
สกลนคร	1.66343476570	0.09622543882	1
ระยอง	2.25261682915	0.02428331908	2
นครราชสีมา	2.31339850272	0.02070073934	2
อุบลราชธานี	2.46434780104	0.01372628453	2
นครนายก	3.21788513536	0.00129139523	3
ปราจีนบุรี	4.06367592661	0.00004830588	3
สระแก้ว	4.07855011955	0.00004531743	3

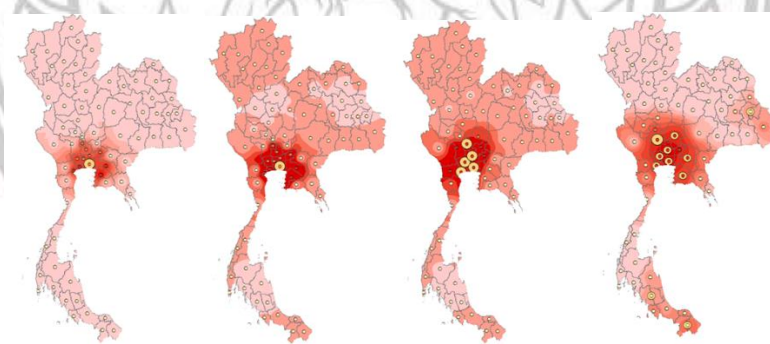
ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Narasuan University

All rights reserved

ตารางที่ 4.6 ค่าพารามิเตอร์จากการวิเคราะห์จุดความร้อน กลุ่มที่มีค่า GiZScore ต่ำ สะสมตั้งแต่เริ่มระบาด จนถึง 12 กันยายน 2565

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
ร้อยเอ็ด	-1.42464325533	0.15426034970	0
ยโสธร	-1.30454802785	0.19204679529	0
เขียงราย	-1.17814687717	0.23873807728	0
ขอนแก่น	-1.13976085798	0.25438596405	0
นันทบุรี	-1.04273209260	0.29707240498	0
อุดรธานี	-1.00132068803	0.31667180768	0
นครพนม	-1.00132068803	0.31667180768	0
สมุทรปราการ	-0.89377036509	0.37144477801	0
ชัยภูมิ	-0.89377036509	0.37144477801	0
บึงกาฬ	-0.89377036509	0.37144477801	0



ลิขสิทธิ์ มข  
Copyright by  
All rig

ยวเนศวร  
n University  
ved

ภาพที่ 4.6 เป็นการวิเคราะห์ hotspot analysis เชิงพื้นที่เพื่อแสดงการเกาะกลุ่มกันของจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ



การวิเคราะห์จุดความร้อน หรือ hotspot analysis เป็นการวิเคราะห์เชิงพื้นที่เพื่อแสดงการเกาะกลุ่มกันของจำนวนผู้ติดเชื้อ และผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ในแต่บริเวณพื้นที่ของประเทศไทย ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์แสดงไว้ในแผ่นนี้ 2 รูปแบบ เป็นตารางแสดงค่าพารามิเตอร์สำคัญหนึ่งตาราง และแผนที่แสดงการเกาะกลุ่มกันของผู้ติดเชื้อ และผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ จำนวน 5 แผ่น

สำหรับแผนที่ที่นำมาแสดงในแผ่นนี้นั้น เป็นแผนที่แสดงการเกาะกลุ่มกันของผู้ติดเชื้อ และผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ พื้นที่สีแดงในภาพหมายถึงพื้นที่ที่มีการเกาะกลุ่มกันอยู่อย่างหนาแน่นของจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ซึ่งจากตัวเลขสะสมมีการเกาะกลุ่มกันอยู่บริเวณกรุงเทพมหานครและพื้นที่ภาคกลาง ภาคตะวันออก และภาคใต้รอบอ่าวไทยรูปตัว ก. ขณะที่แผนที่ที่อยู่ด้านบนอีก 4 แผ่น แสดงการเกาะกลุ่มกันเป็นจุดความร้อนของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ในสายพันธุ์อัลฟา สายพันธุ์เบตา และสายพันธุ์โอไมครอน ตามลำดับจากซ้ายมือไปขวามือ โดยแผนที่แผ่นใหญ่ด้านล่าง เป็นการเกาะกลุ่มเป็นจุดความร้อนของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ สะสม

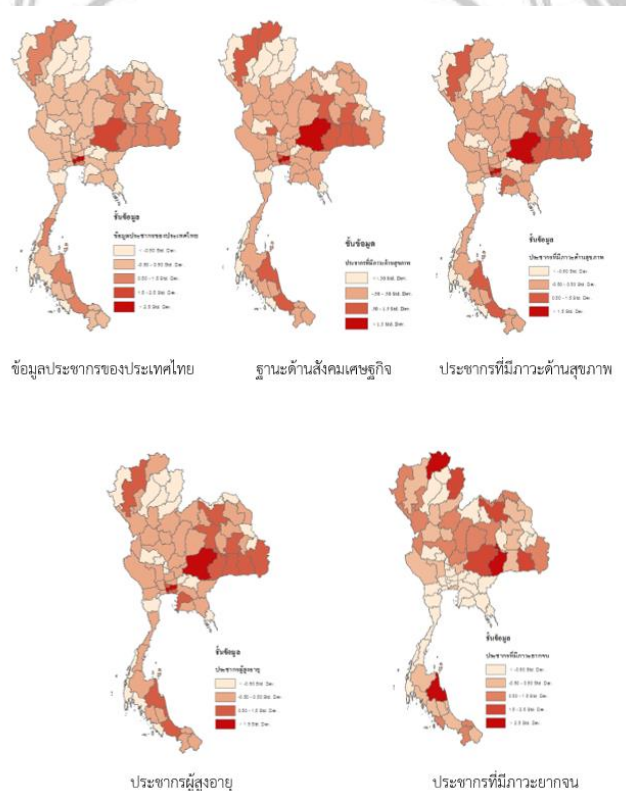
ตารางที่ 4.7 แสดงค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญต่อการเกาะกลุ่มเป็นค่าสัมประสิทธิ์  $G_i^2$  ตัว คือ สัมประสิทธิ์ GiZValue และ GiPValue

จังหวัด	GiZScore	GiPValue	Gi_Bin
จังหวัดชลบุรี	1.53154308869	0.12563522568	0
จังหวัดสิงห์บุรี	1.58495278076	0.11297706310	0
จังหวัดฉะเชิงเทรา	1.58495278076	0.11297706310	0
จังหวัดสกลนคร	1.66343476570	0.09622543882	1
จังหวัดระยอง	2.25261682915	0.02428331908	2
จังหวัดนครราชสีมา	2.31339850272	0.02070073934	2
จังหวัดอุบลราชธานี	2.46434780104	0.01372628453	2
จังหวัดนครนายก	3.21788513536	0.00129139523	3
จังหวัดปราจีนบุรี	4.06367592661	0.00004830588	3
จังหวัดสระแก้ว	4.07855011955	0.00004531743	3

ตารางที่แสดงในแผ่นนี้ ที่ค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญต่อการเกาะกลุ่มเป็นค่าสัมประสิทธิ์  $G_i^2$  ตัว คือ สัมประสิทธิ์ GiZValue และ GiPValue ซึ่งอยู่ตรงคอลัมน์ที่ 2 และ 3 ของตาราง โดยสัมประสิทธิ์ GiZValue เป็นตัวเลขแสดงการเกาะกลุ่มของปรากฏการณ์ ตัวเลขที่มีค่าสูงแสดงว่ามีการเกาะกลุ่มกันมาก ตัวเลขน้อยแสดงว่ามีการเกาะกลุ่ม

กันอยู่น้อย และสัมประสิทธิ์ GiPValue เป็นตัวเลขแสดงระดับความเชื่อมั่นทางสถิติของการเกาะกลุ่ม สำหรับตารางที่นำมาแสดงนี้ เป็นตารางย่อยส่วนที่คัดเลือกเฉพาะส่วนที่มีสัมประสิทธิ์ GiZValue สูงเพียง 10 จังหวัดเท่านั้น จะเห็นได้ว่าจังหวัดสระแก้ว ปราจีนบุรี นครนายก อุบลราชธานี นครราชสีมา และระยอง มีค่าดังกล่าวสูงกว่าจังหวัดอื่นๆ แสดงว่ามีการเกาะกลุ่มกันเป็นจุดความร้อน ทั้งนี้ จังหวัดดังกล่าวทั้งหกจังหวัดมี GiPValue น้อยกว่า 0.05 เป็นการยืนยันว่า การเกาะกลุ่มกันนั้นเป็นการเกาะกลุ่มกันจริงๆ อย่างมีนัยยะสำคัญทางสถิติ ขณะที่จังหวัดอื่นๆ ที่เหลือแม้ว่าจะมี GiZValue ค่อนข้างสูง แต่กลับมี GiPValue น้อยกว่า 0.05 จึงไม่น่าเชื่อว่าการเกาะกลุ่มจะเกิดขึ้นจริง

#### 4.2.1 การวิเคราะห์ปัจจัยกำหนดการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่



ภาพที่ 4.7 แผนที่แสดงข้อมูลทางสังคม เศรษฐกิจ และสุขภาพของประชากรไทย รายจังหวัด

#### 4.3. ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตสะสม

การวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ หรือ GWR เป็นการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเหตุปัจจัยเชิงพื้นที่ และผลการวิเคราะห์ GWR ยังสามารถแสดงขนาดอิทธิพลของปัจจัยสำคัญที่มีต่อจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ซึ่งการวิเคราะห์ครั้งนี้้นำปัจจัยเข้ามาวิเคราะห์ 4 ปัจจัย คือ 1) สภาพอากาศที่แตกต่างกันตามเขต

ละติจูด 2) สัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากร 3) สัดส่วนคนยากจนต่อประชากร และ 4) สัดส่วนผู้มีปัญหาสุขภาพต่อประชากร ข้อคืออย่างหนึ่งของ GWR เหนือ regression ทั่วไป คือ ความสามารถในการดึงเอาคุณลักษณะของพื้นที่ใกล้เคียงเข้ามาร่วมวิเคราะห์ และสามารถแสดงรายละเอียดปลีกย่อยในระดับพื้นที่ส่วนย่อยได้ ขณะที่ regression ทั่วไปแสดงได้เฉพาะค่าของภาพรวมเท่านั้น

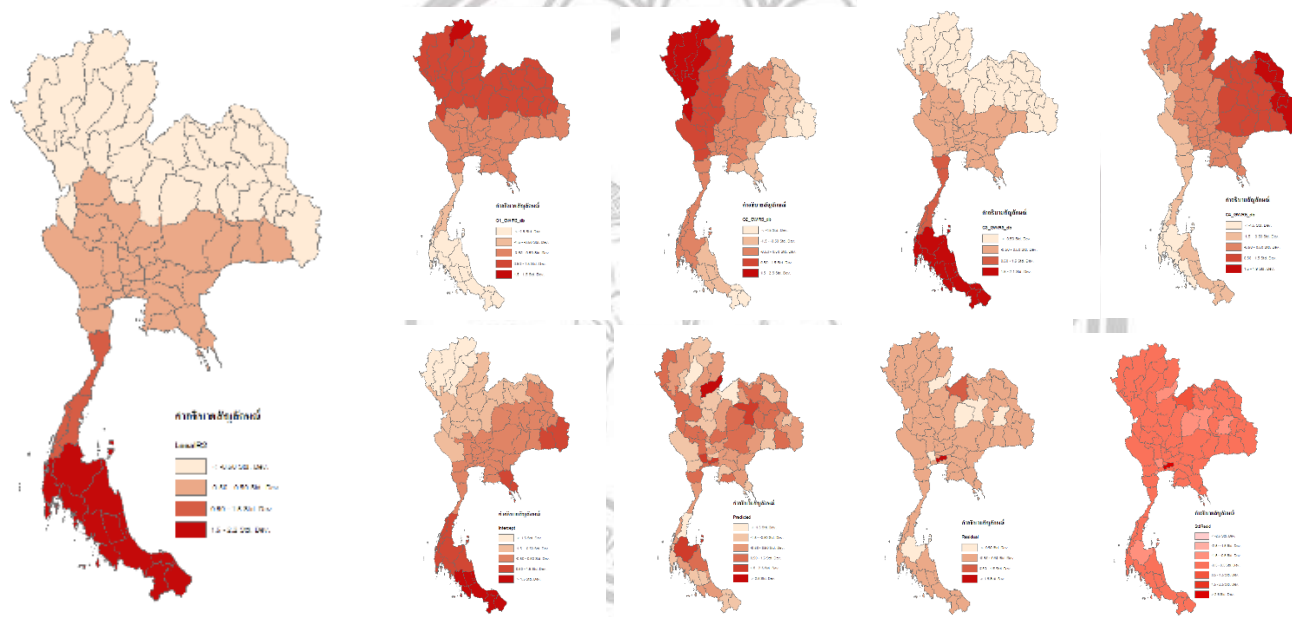
การวิเคราะห์ GWR จะได้ค่าพารามิเตอร์สำคัญ 5 ตัว ประกอบด้วย 1) สัมประสิทธิ์กำหนด R-Square แสดงสองส่วน ทั้งที่เป็นส่วนรวมของทั้งหมดทุกจังหวัดด้วยค่า R2 และเป็นรายจังหวัดด้วยค่า local R2 2) ค่า coefficient เป็นสัมประสิทธิ์ถดถอยกำหนดอิทธิพลของปัจจัยแต่ละตัวที่มีจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ แสดงอิทธิพลของปัจจัยทีละตัวเป็นรายจังหวัด 3) ค่า predicted เป็นการแสดงจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ที่ได้จากการทำนายของสมการ GWR อันเกิดจากอิทธิพลของปัจจัยทั้ง 4 ปัจจัยที่กล่าวไปแล้ว 4) ค่า intercept เป็นพารามิเตอร์แสดงค่าเริ่มต้นของจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ หมายความว่า ตัวเลขจำนวนนี้ในจังหวัดต่างๆ จะคงที่ไม่่ว่าจะได้รับอิทธิพลจากปัจจัยเหล่านั้นหรือไม่ก็ตาม และ 5) ค่า residual เป็นการแสดงความผิดพลาดของการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ด้วยสมการ GWR นี้ ในแต่ละจังหวัด โดยแสดงเป็น 2 ส่วน ทั้ง residual ที่เป็นความผิดพลาดด้วยตัวเลขที่มีอยู่ และ standardized residual เป็นความผิดพลาดที่เทียบเป็นค่ามาตรฐานแล้ว

ตารางที่ 4.8 แสดงผลลัพธ์ GWR มีการแสดงตัวแปรที่นำใส่เข้าไปในสมการ GWR ทั้งตัวแปรอิสระ (จำนวน 4 ตัว) และตัวแปรตาม (จำนวน 1 ตัว) ซึ่งได้กล่าวไปแล้ว การวิเคราะห์ครั้งนี้ กำหนดให้มีค่า Bandwidth = 15257604.9075 ค่า AICc = 1277.218861 และค่า Effective Number = 5.011847 ผลการวิเคราะห์ภาพรวมที่แสดงในตารางได้ค่าสัมประสิทธิ์กำหนดระดับความสัมพันธ์ ซึ่งเป็นค่ารวมของการวิเคราะห์ทั้งหมดทุกพื้นที่ 77 จังหวัด R-Square = 0.078989 หรือคิดเป็นร้อยละ 7.90 หมายความว่า ตัวแปรทั้งหมดนั้นมีความสัมพันธ์กันร้อยละ 7.90 ของพื้นที่ทั้งหมด 77 จังหวัด

ตารางที่ 4.8 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สะสม

OID	VARNAME	VARIABLE	DEFINITION
0	Bandwidth	15257604.9075	
1	ResidualSquares	60707256.9018	
2	EffectiveNumber	5.011847	
3	Sigma	918.31107	
4	AICc	1277.218861	
5	R2	0.078989	

OID	VARIABLE	DEFINITION	
6	R2Adjusted	0.027662	
7	Dependent Field	0	GWR4.1.dbf.csv.Death
8	Explanatory Field	1	GWR4.1.dbf.csv.Lat
9	Explanatory Field	2	GWR4.1.dbf.csv.Total
10	Explanatory Field	3	GWR4.1.dbf.csv.society
11	Explanatory Field	4	GWR4.1.dbf.csv.health



ภาพที่ 4.8 แผนที่ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สะสม

จากผลการวิเคราะห์นำพารามิเตอร์มาแสดงในแผนที่เฉพาะเรื่องได้ดังภาพที่ 4.8 ข้างบน โดยแสดงเป็นแผนที่การกระจายของพารามิเตอร์ทั้ง 9 ตัว เป็นผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ GWR ประกอบด้วย

- Local R2 ในภาพที่ 4.3 ก แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ของแต่ละจังหวัด หรือ local R2 ที่เป็นการมองภาพรวม โดยจัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์กำหนดนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 1 ในภาพที่ 4.3 ข แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีเขตละติจูดเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จาก

การทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดเชียงราย และภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบน

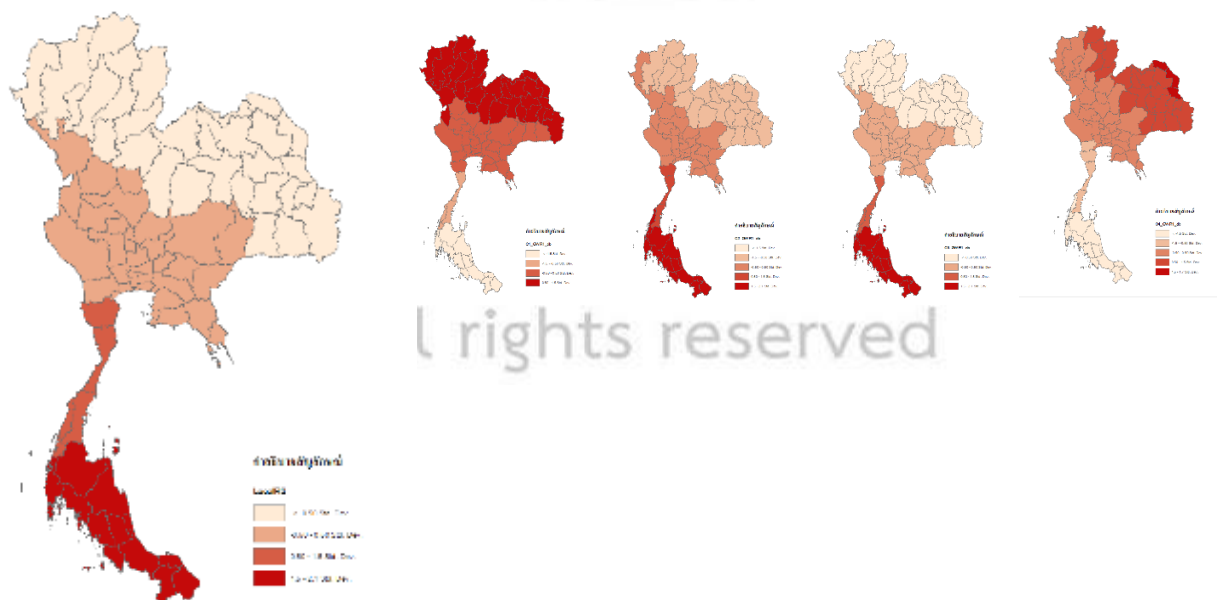
- Coefficient 2 ในภาพที่ 4.3 ค แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากรประชากรเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่าผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคเหนือ
- Coefficient 3 ในภาพที่ 4.3 ง แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนคนยากจนต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่าผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 4 ในภาพที่ 4.3 จ แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนปัญหาด้านสุขภาพต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่าผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
- Predicted ในภาพที่ 4.3 ฉ แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ที่ได้จากการทำนายด้วยสมการถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ในจังหวัดต่างๆ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดอุดรดิตถ์
- Intercept ในภาพที่ 4.3 ช แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> เบื้องต้นในจังหวัดต่างๆ ในกรณีที่ไม่มีปัจจัยทั้ง 4 เข้ามาเกี่ยวข้อง โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Residual ในภาพที่ 4.3 ซ แสดงการกระจายของความผิดพลาดในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล และจังหวัดเลย
- Standardized Residual ในภาพที่ 4.3 ฌ แสดงการกระจายของความผิดพลาดมาตรฐานในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล และภาพกลาง

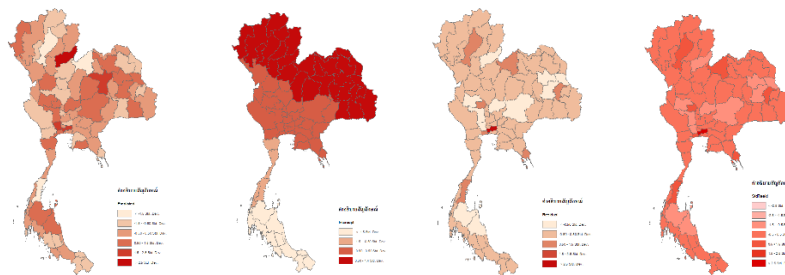
### 4.3.1 ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตของสายพันธุ์อื่น

ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยทั้ง 4 ที่กำหนดอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ในช่วงที่มีการติดเชื้อสายพันธุ์อื่นของประชากรในแต่ละจังหวัด ดังตารางที่ 4.9 ข้างล่าง โดยพบว่ามีระดับความสัมพันธ์สูง คือ  $R^2 = 0.148387$  จะเห็นว่ามีความสัมพันธ์ที่มากขึ้นเป็นร้อยละ 14.84 และมี Local  $R^2 = 0.100928$

ตารางที่ 4.9 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อื่น

OID	VARNAME	VARIABLE	DEFINITION
0	Bandwidth	15257604.9075	
1	ResidualSquares	605.883643	
2	EffectiveNumber	5.011847	
3	Sigma	2.901109	
4	ALCc	390.572651	
5	R2	0.148387	
6	R2Adjusted	0.100928	
7	Dependent Field	0	GWR4.1.dbf.csv.Death
8	Explanatory Field	1	GWR4.1.dbf.csv.Lat
9	Explanatory Field	2	GWR4.1.dbf.csv.Total
10	Explanatory Field	3	GWR4.1.dbf.csv.society
11	Explanatory Field	4	GWR4.1.dbf.csv.heath





ภาพที่ 4.9 แผนที่ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อู่ฮั่น

จากผลการวิเคราะห์นำพารามิเตอร์มาแสดงในแผนที่เฉพาะเรื่องได้ดังภาพที่ 4.9 ข้างบน โดยการวิเคราะห์ครั้งนี้กำหนดให้มีค่า Bandwidth = 15257604.9075 AICc = 390.572651 และ Effective Number = 5.011847 ทั้งนี้แสดงการกระจายของพารามิเตอร์ที่สำคัญทั้ง 9 ตัว ได้ดังนี้

- Local R2 ในภาพที่ 4.3 ก แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ของแต่ละจังหวัด หรือ local R2 ที่เป็นการมองภาพรวม โดยจัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์กำหนดนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 1 ในภาพที่ 4.4 ข แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีเขตละติจูดเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือ และตะวันออกเฉียงเหนือ
- Coefficient 2 ในภาพที่ 4.4 ค แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากรประชากรเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 3 ในภาพที่ 4.4 ง แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนคนยากจนต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 4 ในภาพที่ 4.4 จ แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนปัญหาด้านสุขภาพต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบน

มาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ โดยเฉพาะจังหวัดบึงกาฬ และนครพนม

- Predicted ในภาพที่ 4.4 ฉ แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ที่ได้จากการทำนาย ด้วยสมการถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ในจังหวัดต่างๆ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือโดยเฉพาะจังหวัดอุตรดิตถ์
- Intercept ในภาพที่ 4.4 ช แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ เบื้องต้นในจังหวัดต่างๆ ในกรณีที่ไม่มีปัจจัยทั้ง 4 เข้ามาเกี่ยวข้อง โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือ และตะวันออกเฉียงเหนือ
- Residual ในภาพที่ 4.4 ซ แสดงการกระจายของความผิดพลาดในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล
- Standardized Residual ในภาพที่ 4.4 ฅ แสดงการกระจายของความผิดพลาดมาตรฐานในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ภาคกลาง ภาคตะวันออกเฉียง ภาคตะวันตก และภาคใต้

#### 4.3.2 ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตของสายพันธุ์อัลฟา

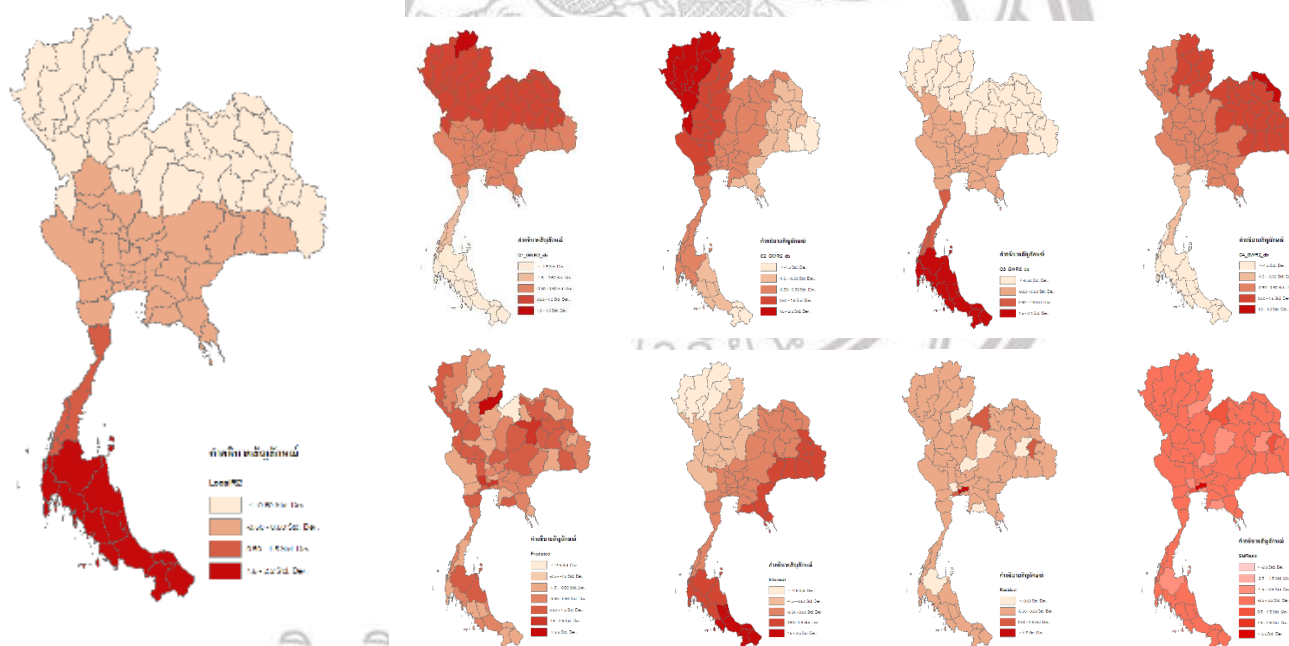
ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยทั้ง 4 ที่กำหนดอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ในช่วงที่มีการติดเชื้อสายพันธุ์อื่นของประชากรในแต่ละจังหวัด ดังตารางที่ 4.10 ข้างล่าง โดยพบว่ามีระดับความสัมพันธ์สูง คือ  $R^2 = 0.09769$  จะเห็นว่ามีความสัมพันธ์ที่มากขึ้นเป็นร้อยละ 9.76 และมี Local  $R^2 = 0.047405$

ตารางที่ 4.10 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อัลฟา

OID	VARNAME	VARIABLE	DEFINITION
0	Bandwidth	15257604.9075	
1	ResidualSquares	372698.80147	



OID	VARIABLE	DEFINITION	
2	EffectiveNumber	5.011847	
3	Sigma	71.95293	
4	AICc	885.05417	
5	R2	0.09769	
6	R2Adjusted	0.047405	
7	Dependent Field	0	GWR4.1.dbf.csv.Death
8	Explanatory Field	1	GWR4.1.dbf.csv.Lat
9	Explanatory Field	2	GWR4.1.dbf.csv.Total
10	Explanatory Field	3	GWR4.1.dbf.csv.society
11	Explanatory Field	4	GWR4.1.dbf.csv.health



4.10 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์อัลฟา

Copyright by Naresuan University  
 จากผลการวิเคราะห์นำพารามิเตอร์มาแสดงในแผนที่เฉพาะเรื่องได้ดังภาพที่ 4.9 ข้างบน โดยการวิเคราะห์ครั้งนี้กำหนดให้มีค่า Bandwidth = 15257604.9075 AICc = 885.5417 และ Effective Number = 5.011847 ทั้งนี้แสดงการกระจายของพารามิเตอร์ที่สำคัญทั้ง 9 ตัว ได้ดังนี้

- Local R2 ในภาพที่ 4.5 ก แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ของแต่ละจังหวัด หรือ local R2 ที่เป็นการมองภาพรวม โดยจัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์กำหนดนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 1 ในภาพที่ 4.5 ข แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีเขตละติจูดเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดเชียงราย และภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบน
- Coefficient 2 ในภาพที่ 4.5 ค แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากรประชากรเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคเหนือ
- Coefficient 3 ในภาพที่ 4.5 ง แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนคนยากจนต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคใต้ตอนล่าง
- Coefficient 4 ในภาพที่ 4.5 จ แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนปัญหาด้านสุขภาพต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดบึงกาฬ และนครพนม
- Predicted ในภาพที่ 4.5 ฉ แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>๑</sup> ที่ได้จากการทำนายด้วยสมการถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ในจังหวัดต่างๆ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคเหนือโดยเฉพาะจังหวัดอุตรดิตถ์
- Intercept ในภาพที่ 4.5 ช แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>๑</sup> เบื้องต้นในจังหวัดต่างๆ ในกรณีที่ไม่มีปัจจัยทั้ง 4 เข้ามาเกี่ยวข้อง โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคใต้ตอนล่าง

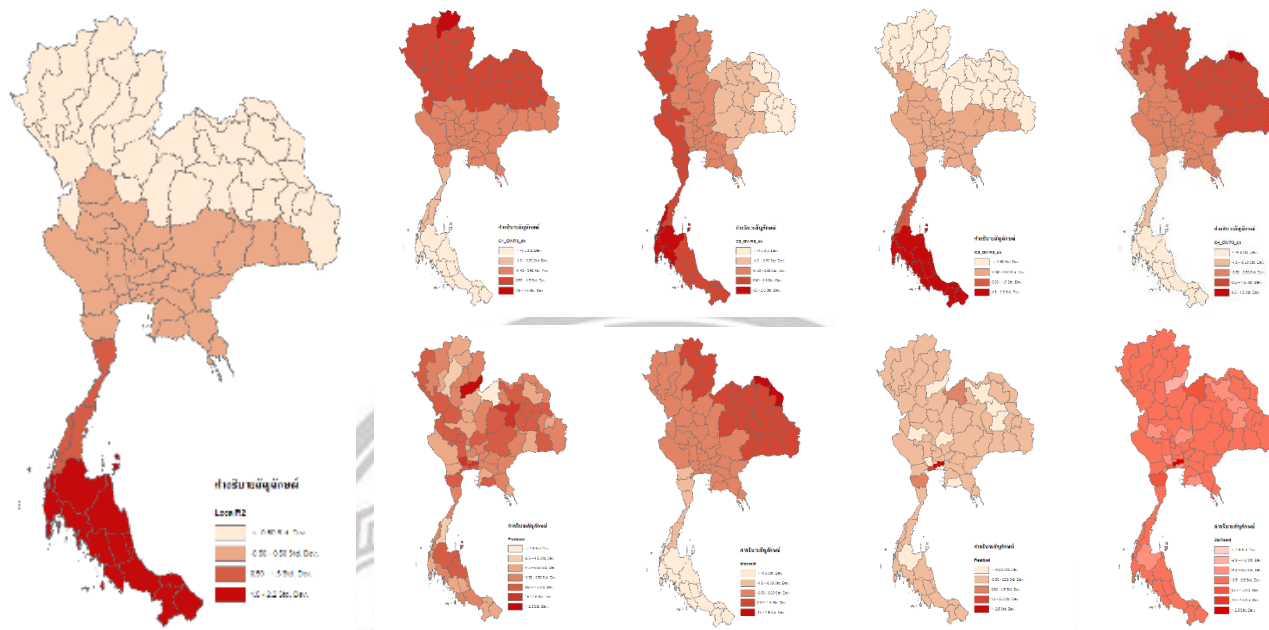
- Residual ในภาพที่ 4.5 ซ แสดงการกระจายของความผิดพลาดในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล
- Standardized Residual ในภาพที่ 4.5 ฉ แสดงการกระจายของความผิดพลาดมาตรฐานในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ภาพกลาง ภาคตะวันออก ภาคตะวันตก และภาคใต้

### 4.3.3 ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตของสายพันธุ์เบตา

ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยทั้ง 4 ที่กำหนดอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ ที่มีการติดเชื้อสายพันธุ์เบตาของประชากรในแต่ละจังหวัด ดังตารางที่ 4.11 ข้างล่าง โดยพบว่ามีระดับความสัมพันธ์สูง คือ  $R^2 = 0.147251$  จะเห็นว่ามีความสัมพันธ์ที่มากขึ้นเป็นร้อยละ 14.72 และมี Local  $R^2 = 0.099728$

ตารางที่ 4.11 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์เบตา

OID	VARNAME	VARIABLE	DEFINITION
0	Bandwidth	15257604.9075	
1	ResidualSquares	33015098.2277	
2	EffectiveNumber	5.011847	
3	Sigma	677.213773	
4	ALCc	1230.318294	
5	R2	0.147251	
6	R2Adjusted	0.099728	
7	Dependent Field	0	GWR4.1.dbf.csv.Death
8	Explanatory Field	1	GWR4.1.dbf.csv.Lat
9	Explanatory Field	2	GWR4.1.dbf.csv.Total
10	Explanatory Field	3	GWR4.1.dbf.csv.society
11	Explanatory Field	4	GWR4.1.dbf.csv.health



ภาพที่ 4.11 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์เบตา

จากผลการวิเคราะห์หน้าพารามิเตอร์มาแสดงในแผนที่เฉพาะเรื่องได้ดังภาพที่ 4.9 ข้างบน โดยการวิเคราะห์ครั้งนี้กำหนดให้มีค่า Bandwidth = 15257604.9075 AICc = 1230.318294 และ Effective Number = 5.011847 ทั้งนี้แสดงการกระจายของพารามิเตอร์ที่สำคัญทั้ง 9 ตัว ได้ดังนี้

- Local R2 ในภาพที่ 4.6 ก แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ของแต่ละจังหวัด หรือ local R2 ที่เป็นการมองภาพรวม โดยจัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์กำหนดนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 1 ในภาพที่ 4.6 ข แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีเขตละติจูดเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดเชียงราย และภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบน
- Coefficient 2 ในภาพที่ 4.6 ค แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากรประชากรเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า

ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะ จังหวัดสุราษฎร์ธานี พังงา และกระบี่

- Coefficient 3 ในภาพที่ 4.6 ง แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนคนยากจนต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่าผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณภาคใต้
- Coefficient 4 ในภาพที่ 4.6 จ แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนปัญหาด้านสุขภาพต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่าผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคเหนือ ภาคกลาง ภาคตะวันออก และภาคตะวันตก
- Predicted ในภาพที่ 4.6 ฉ แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ที่ได้จากการทำนายด้วยสมการถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ในจังหวัดต่างๆ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือ ภาคกลาง และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
- Intercept ในภาพที่ 4.6 ช แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ เบื้องต้นในจังหวัดต่างๆ ในกรณีที่ไม่มีปัจจัยทั้ง 4 เข้ามาเกี่ยวข้อง โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคตะวันออก เฉียงเหนือ ภาคเหนือ ภาคกลาง ภาคตะวันออก และภาคตะวันตก
- Residual ในภาพที่ 4.6 ซ แสดงการกระจายของความผิดพลาดในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ภาคกลาง ภาคตะวันออก ภาคตะวันตก และภาคใต้
- Standardized Residual ในภาพที่ 4.6 ฌ แสดงการกระจายของความผิดพลาดมาตรฐานในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ภาคกลาง ภาคตะวันออก ภาคตะวันตก และภาคใต้

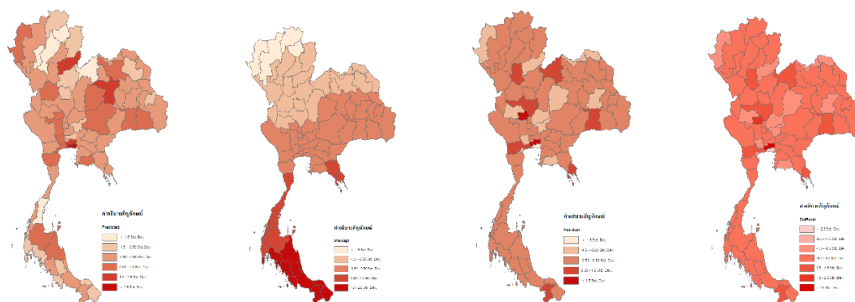
#### 4.3.4 ปัจจัยที่มีผลต่อการเสียชีวิตของสายพันธุ์โอไมครอน

ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยทั้ง 4 ที่กำหนดอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ SARS-CoV-2 ในช่วงที่มีการติดเชื้อสายพันธุ์อ่อนของประชากรในแต่ละจังหวัด ดังตารางที่ 4.9 ข้างล่าง โดยพบว่ามีความสัมพันธ์สูง คือ  $R^2 = 0.148387$  จะเห็นว่ามีความสัมพันธ์ที่มากขึ้นเป็นร้อยละ 14.84 และมี Local  $R^2 = 0.100928$

ตารางที่ 4.12 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์ไอมะครอน

OID	VARIABLE	DEFINITION	
0	Bandwidth	15257604.9075	
1	ResidualSquares	1798535.49484	
2	EffectiveNumber	5.011847	
3	Sigma	158.062553	
4	ALCc	1006.24889	
5	R2	0.116494	
6	R2Adjusted	0.067257	
7	Dependent Field	0	GWR4.1.dbf.csv.Death
8	Explanatory Field	1	GWR4.1.dbf.csv.Lat
9	Explanatory Field	2	GWR4.1.dbf.csv.Total
10	Explanatory Field	3	GWR4.1.dbf.csv.society
11	Explanatory Field	4	GWR4.1.dbf.csv.health





ภาพที่ 4.12 ผลลัพธ์ GWR ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สายพันธุ์โอไมครอน

จากผลการวิเคราะห์นำพารามิเตอร์มาแสดงในแผนที่เฉพาะเรื่องได้ดังภาพที่ 4.9 ข้างบน โดยการวิเคราะห์ครั้งนี้กำหนดให้มีค่า Bandwidth = 15257604.9075 AICc = 390.572651 และ Effective Number = 5.011847 ทั้งนี้แสดงการกระจายของพารามิเตอร์ที่สำคัญทั้ง 9 ตัว ได้ดังนี้

- Local R2 ในภาพที่ 4.4 ก แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ของแต่ละจังหวัด หรือ local R2 ที่เป็นการมองภาพรวม โดยจัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์กำหนดนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคใต้ตอนล่างโดยเฉพาะจังหวัดนราธิวาส
- Coefficient 1 ในภาพที่ 4.4 ข แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางภูมิศาสตร์ที่มีเขตละติจูดเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือตอนบนและทั้งหมด
- Coefficient 2 ในภาพที่ 4.4 ค แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนผู้สูงอายุต่อประชากรประชากรเป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคเหนือทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดเชียงราย และภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบน
- Coefficient 3 ในภาพที่ 4.4 ง แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนคนยากจนต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายนี้นับว่ามีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคใต้ทั้งหมด โดยเฉพาะจังหวัดสุราษฎร์ธานี พังงา ภูเก็ต กระบี่ และ ตรัง

- Coefficient 4 ในภาพที่ 4.4 จ แสดงการกระจายของสัมประสิทธิ์ถดถอย coefficient กำหนดอิทธิพลของปัจจัยทางสัดส่วนปัญหาด้านสุขภาพต่อประชากร เป็นตัวแทน จัดกลุ่มตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของสัมประสิทธิ์ถดถอยตัวนี้ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
- Predicted ในภาพที่ 4.4 ฉ แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ที่ได้จากการทำนายด้วยสมการถดถอยแบบถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ ในจังหวัดต่างๆ แบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตที่ได้จากการทำนายมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล
- Intercept ในภาพที่ 4.4 ช แสดงการกระจายของผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> เบื้องต้นในจังหวัดต่างๆ ในกรณีที่ไม่มีปัจจัยทั้ง 4 เข้ามาเกี่ยวข้อง โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ ภาคใต้
- Residual ในภาพที่ 4.4 ซ แสดงการกระจายของความผิดพลาดในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล
- Standardized Residual ในภาพที่ 4.4 ฅ แสดงการกระจายของความผิดพลาดมาตรฐานในการทำนายจำนวนผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อ<sup>a</sup> ในจังหวัดต่างๆ ด้วยปัจจัยทั้ง 4 โดยแบ่งเป็น 5 กลุ่ม ตามค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน พบว่า ผู้เสียชีวิตเบื้องต้นมีจำนวนมากเกาะกลุ่มกันอยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ภาคกลาง ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคตะวันออก และภาคใต้

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved



## บทที่ 5

### สรุป อภิปรายผล และข้อเสนอแนะ

#### 5.1 สรุป

การศึกษาวิจัย เรื่อง “การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสแต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย” นี้ มีวัตถุประสงค์ 3 ประการ คือ 1) วิเคราะห์ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Description statistics 2) วิเคราะห์ด้วยผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Hotspot analysis และ 3) วิเคราะห์ด้วยผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Geographically Weighted Regression ในการวิเคราะห์ ผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ พบว่า แต่ละจังหวัดมีผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เฉลี่ย 43,953 ราย แบ่งเป็นการเสียชีวิตเฉลี่ยในสายพันธุ์ฮันจังหวัดละ 0.831 ราย สายพันธุ์อัลฟาจังหวัดละ 16 ราย สายพันธุ์เดลตาจังหวัดละ 259 ราย และสายพันธุ์โอไมครอนจังหวัดละ 138 ราย โดยมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานแต่ละสายพันธุ์ 3.038, 73.24, 708.90 และ 162.16 ตามลำดับ ซึ่งการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วย Hotspot analysis เพื่อค้นหาพื้นที่ที่มีการเกาะกลุ่มกันของผู้เสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สัมประสิทธิ์ GiZScore และ GiPValue ที่ได้ แสดงให้เห็นว่าการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อฯ ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันอยู่ในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และพื้นที่ภาคใต้ตอนกลาง ขณะที่การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเหตุปัจจัยเชิงพื้นที่

สำหรับการวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์เพื่อแสดงอิทธิพลของปัจจัย 4 ปัจจัย ที่มีต่อการเสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ได้ค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ ร้อยละ 7.90 สำหรับภาพรวมของการเสียชีวิตทั้งหมดของประเทศไทย และมีค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ในแต่ละสายพันธุ์เพิ่มขึ้นเป็น ร้อยละ 0.2, 4, 34 และ 62 ในช่วงที่มีการระบาดของสายพันธุ์ฮัน อัลฟา เบตา และโอไมครอน ตามลำดับ โดยพื้นที่ที่ปัจจัยทั้ง 4 มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ มากที่สุด อยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานคร เชียงราย อุดรดิตถ์ และ บึงกาฬ และเมื่อแยกแต่ละปัจจัย พบว่า

1. ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ – เขตละติจูด ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สายพันธุ์ฮันในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และเหนือฝั่งตะวันออกเฉียงเหนือ

2. ปัจจัยสังคมประชากร – จำนวนผู้สูงอายุ ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สายพันธุ์อ่อนในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคเหนือตอนบนฝั่งตะวันตก สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และเหนือฝั่งตะวันออก

3. ปัจจัยสังคมเศรษฐกิจ – จำนวนผู้ยากจน ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สายพันธุ์อ่อนในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคใต้ สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคใต้ฝั่งตะวันออก และภาคเหนือฝั่งตะวันออก

4. ปัจจัยสุขภาพของประชาชน – จำนวนผู้ป่วยโรคไม่ติดต่อ ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สายพันธุ์อ่อนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดยเฉพาะจังหวัดบึงกาฬ และนครพนม สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคเหนือตอนบนฝั่งตะวันตก สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และภาคเหนือฝั่งตะวันออก

## 5.2 อภิปรายผล

การศึกษาวิจัยตามวัตถุประสงค์ข้อที่ 1 ที่ต้องการวิเคราะห์ผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Description statistics และข้อที่ 2 ที่ต้องการวิเคราะห์ด้วยผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อด้วย Hotspot analysis ผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ พบว่า แต่ละจังหวัดมีผู้เสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เฉลี่ย 43,953 ราย แบ่งเป็นการเสียชีวิตเฉลี่ยในสายพันธุ์อ่อนจังหวัดละ 0.831 ราย สายพันธุ์อัลฟาจังหวัดละ 16 ราย สายพันธุ์เดลตาจังหวัดละ 259 ราย และสายพันธุ์โอไมครอนจังหวัดละ 138 ราย โดยมีค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานแต่ละสายพันธุ์ 3.038, 73.24, 708.90 และ 162.16 ตามลำดับ ซึ่งการวิเคราะห์เชิงพื้นที่ด้วย Hotspot analysis เพื่อค้นหาพื้นที่ที่มีการเกาะกลุ่มกันของผู้เสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ สมประสิทธิ์ GiZScore และ GiPValue ที่ได้แสดงให้เห็นว่าการเสียชีวิตของผู้ป่วยติดเชื้อฯ ทั้งสี่สายพันธุ์เกาะกลุ่มกันอยู่ในพื้นที่ คือ กรุงเทพมหานครและปริมณฑล พื้นที่ภาคเหนือ พื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ขณะที่การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเหตุปัจจัยเชิงพื้นที่

อย่างไรก็ดี มีข้อควรพิจารณาจากผลลัพธ์ที่ได้ตามวัตถุประสงค์ข้อนี้ 3 ประเภท คือ

1. จำนวนผู้สูงอายุที่เสียชีวิต จะอยู่ในบริเวณภาคใต้ทั้งหมดของสายพันธุ์อ่อน ภาคเหนือฝั่งตะวันตกของสายพันธุ์อัลฟา ภาคใต้ตอนบนของสายพันธุ์เบตา และภาคใต้ฝั่งตะวันตกของสายพันธุ์โอไมครอน เพราะผู้สูงอายุยิ่งสูงอายุมากก็จะมีชีวิตเป็นจำนวนมากเนื่องจากผู้สูงอายุเป็นช่วงที่ได้รับเชื้อได้เร็วและรักษาได้หายยากและมีภูมิคุ้มกันได้น้อยจึงเป็นเหตุทำให้มีผู้สูงอายุเสียชีวิตเป็นจำนวนมาก

2. ความสอดคล้องกับงานวิจัยที่สืบค้นและทบทวนมาในจำนวน 3 เรื่อง ผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ครั้งนี้มี ความสอดคล้องกับ Juhon *et al.* (2021) ที่พบว่า ฮอตสปอต กระจุกตัวในละแวกใกล้เคียงที่มอพาร์ทเมนต์ที่มีรายได้น้อยในชุมชนมิดเวสต์ สอดคล้องกับงานวิจัยของ Darrell *et al.* (2021) ที่พบว่า ความสัมพันธ์ของการเสียชีวิตจากการติดเชื้อในเคาน์ตีที่อยู่ใกล้กับสนามบินหลัก และสอดคล้องกับงานวิจัยของ COVID-19 Forecasting Team (2022) ซึ่งพบว่า ช่วงวัย ช่วงเวลา และสภาพภูมิศาสตร์ มีผลอย่างมากต่ออัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ

3. ประการสุดท้าย หากเราพิจารณาคำถามว่า จะเป็นอย่างไรในวันข้างหน้า ในช่วง 10 ปี หรือ 50 ปี ข้างหน้า โดยธรรมชาติของโรคระบาดนั้น โรค covid – 19 อาจกลายพันธุ์กลับมาใหม่ แต่อาจจะไม่เหมือนเดิมแต่แค่จะมีเชื้อเดิมอยู่เป็นฐาน ทั้งนี้อาจจะเพิ่มความรุนแรงมากกว่าทุกวันนี้ก็เป็นได้

สำหรับการวิเคราะห์ถดถอยถ่วงน้ำหนักด้วยภูมิศาสตร์ตามวัตถุประสงค์ข้อที่ 3 นั้น เป็นการวิเคราะห์เพื่อแสดงอิทธิพลของปัจจัย 4 ปัจจัย ประกอบด้วย ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ ปัจจัยสังคมประชากร ปัจจัยสังคมเศรษฐกิจ และ ปัจจัยด้านสุขภาพ ที่มีต่อการเสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ซึ่งได้ค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ ร้อยละ 7.90 สำหรับภาพรวมของการเสียชีวิตทั้งหมดของประเทศไทย และมีค่าสัมประสิทธิ์กำหนดความสัมพันธ์ในแต่ละสายพันธุ์เพิ่มขึ้นเป็น ร้อยละ 0.2, 4, 34 และ 62 ในช่วงที่มีการระบาดของสายพันธุ์ฮัน อัลฟา เบตา และโอไมครอน ตามลำดับ โดยพื้นที่ที่ปัจจัยทั้ง 4 มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ มากที่สุด อยู่ในบริเวณ กรุงเทพมหานคร เชียงราย อุตรดิตถ์ และบึงกาฬ

1. อย่งไรก็ดี มีประเด็นพัฒนาที่เกี่ยวข้องกับปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ 3 ประการ คือ พื้นที่บริเวณภาคใต้ที่เกี่ยวข้องกันก็คือความความร้อนที่เหตุทำให้มีคนเสียชีวิตเพราะเขตละติจูดต่ำความร้อนจะสูงมากทำให้แพร่เชื้อได้เร็วกว่า ประชากรจำนวนผู้สูงอายุในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีจำนวนมากจึงให้ได้รับเชื้อโรคได้ง่าย เป็นสาเหตุที่ทำให้มีผู้เสียชีวิตมาก ปัจจัยสังคมเศรษฐกิจจำนวนผู้ยากจนในพื้นที่บริเวณภาคใต้มีจำนวนประชากรที่ยากจนมากเป็นเพราะทำให้ไม่ได้รับการรักษาได้หรือป้องกันได้ อย่างดีจึงทำให้มีผู้เสียชีวิตเป็นจำนวนมาก สุขภาพของประชาชนในภาคเหนือเป็นเหตุที่ให้มีคนชีวิต

2. มีคำถามที่น่าสนใจเพิ่มเติมในส่วนนี้ว่า จะเป็นอย่างไรหาก เพิ่มปัจจัยมาอีกสักปัจจัย เช่น ลักษณะทางภูมิศาสตร์ในบริเวณของพื้นที่ราบลุ่มของภูมิภาค โดยพื้นที่ราบที่ไม่ขนาดกว้างใหญ่จะทำให้ผู้คนเดินทางได้สะดวกมากกว่า จึงทำให้เดินทางติดเชื้อฯ และการเสียชีวิตจากการติดเชื้อได้ง่าย เพราะประชากรส่วนใหญ่จะใช้เส้นทางที่สะดวกในการเดินทางมากกว่า

เมื่อแยกอิทธิพลของแต่ละปัจจัยที่มีต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ แต่ละสายพันธุ์ พบว่า ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ ที่ใช้เขตละติจูดเป็นตัวแทนเขตอากาศของประเทศไทย ที่จะมีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สาย

พันธุ์อุ้งในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และเหนือฝั่งตะวันออก ทั้งนี้เพราะว่า ในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีเขตอากาศที่หนาวและร้อนมาก โดยทลที่พื้นที่ภาคเหนือจะเป็นภาคที่อยู่บนสุดของประเทศจึงทำให้ความกดอากาศต่ำทำให้การหายใจได้ไม่สะดวกและโดยเฉพาะเด็กเล็กที่ยังมีระบบหายใจไม่แข็งแรงพอ เสี่ยงกับภาวะคาร์บอนไดออกไซด์คั่งเกิดอันตรายต่อระบบประสาทของเด็กได้ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีเขตอากาศที่ร้อนทำให้เชื้อสามารถแพร่ได้อย่างรวดเร็วซึ่งเกิดได้กับทุกช่วงทุกวัยในบริเวณภาคใต้ทั้งหมดเพราะภาคใต้เป็นภาคที่มีฝนตกชุกชมทำให้ประชากรที่อยู่บริเวณนี้อาจจะป่วยง่ายและเมื่ออุณหภูมิในร่างการต่ำการติดเชื้อจึงเป็นสาเหตุที่ทำให้ร่างกายที่อ่อนแออยู่อาจจะช็อคจนทำให้เสียชีวิตได้ จะเป็นอย่างไรหาก ปัจจัยนี้เป็นเหตุผลสำคัญที่ทำให้เกิดการเสียชีวิตได้เร็วขึ้นหรือรุนแรงมากขึ้นกว่าเดิมเนื่องจากภาพเขตอากาศในแต่ละพื้นที่ที่มีจำนวนอุณหภูมิแตกต่างกันจึงเป็นเหตุปัจจัยอย่างหนึ่งที่ทำให้สายพันธุ์โคโรนาไวรัสที่กลายพันธุ์นั้นเข้ามาในพื้นที่ที่ให้ให้แพร่เชื้อได้อย่างรวดเร็วหรือติดต่อกันได้ง่าย

ขณะที่ปัจจัยสังคมประชากร ที่ใช้จำนวนผู้สูงอายุเป็นตัวแทนลักษณะทางสังคมประชากร ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ สายพันธุ์อุ้งในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคเหนือตอนบนฝั่งตะวันตก สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และเหนือฝั่งตะวันออก เพราะว่า ผู้สูงอายุที่มีอายุมากกว่า 60 ปีจะมีความเสี่ยงที่จะติดเชื้อไวรัสโควิด-19 ได้ง่ายมากกว่าคนในวัยอื่นๆ เนื่องจากระบบภูมิคุ้มกันโรคที่ต่ำลงตามวัย แม้ว่าสุขภาพโดยรวมจะแข็งแรงสมบูรณ์ดีก็ตาม ยิ่งผู้สูงอายุที่มีโรคประจำตัว สอดคล้องกับงานวิจัยของ COVID-19 Forecasting Team (2022) ซึ่งพบว่า ช่วงวัย ช่วงเวลา และสภาพภูมิศาสตร์ มีผลอย่างมากต่ออัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อ

สำหรับปัจจัยสังคมเศรษฐกิจ ที่ใช้จำนวนผู้ยากจนเป็นตัวแทนลักษณะทางสังคมเศรษฐกิจ ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อ สายพันธุ์อุ้งในบริเวณภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคใต้ สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคใต้ทั้งหมด และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคใต้ฝั่งตะวันออก และเหนือฝั่งตะวันออก เพราะว่า ในช่วงที่มีเคสเคอร์รี่ใหญ่ทำให้ผู้คนจำนวนมากต้องรับกลับบ้าน แต่ในทางกลับกันงานบางคนต้องทำกลางคืนเป็นประจำจะต้องหยุดทำไป จึงเป็นเหตุที่ทำให้หลายๆคนต้องตกงานกันเป็นจำนวนมาก ทำให้ได้รายได้ไม่เพียงพอต่อการดำรงชีวิต สอดคล้องกับงานวิจัยเรื่อง Ranking the importance of demographic, socioeconomic, and underlying health factors on US COVID-19 deaths: A geographical random forest approach ของ George Grekousis (2022) การกระจายตัวของผู้เสียชีวิตจากโควิด-19 ในพื้นที่ที่ไม่สม่ำเสมอสัมพันธ์กับความเหลื่อมล้ำทางประชากรศาสตร์และเศรษฐกิจและสังคมในอวกาศอย่างไรก็ตาม การศึกษาส่วนใหญ่ล้มเหลวในการประเมินความสำคัญเชิงสัมพันธ์ของแต่ละปัจจัยต่ออัตราการเสียชีวิตจากโควิด-19 และที่สำคัญกว่านั้น ความสำคัญนี้แตกต่างกันอย่างไรในเชิงพื้นที่ ในที่นี้

และปัจจัยด้านสุขภาพ ที่ใช้จำนวนผู้ป่วยโรคไม่ติดต่อเป็นตัวแทนลักษณะทางด้านสุขภาพของประชาชน ที่มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดยเฉพาะจังหวัดบึงกาฬ และนครพนม สายพันธุ์อัลฟาในบริเวณภาคเหนือตอนบนฝั่งตะวันตก สายพันธุ์เบตาในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และสายพันธุ์โอไมครอนในบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และเหนือฝั่งตะวันออกเฉียงเหนือ เพราะว่า ผู้ป่วยที่มีโรคประจำตัว ทั้ง 7 โรค เช่น โรคหัวใจ โรคเบาหวาน โรคความดันโลหิตสูง โรคระบบทางเดินหายใจ โรคไตเรื้อรัง โรคหัวใจและหลอดเลือด ยิ่งเสี่ยงมากยิ่งขึ้น อาจทำให้มีอาการรุนแรงและมีความเสี่ยงเสียชีวิตสูง จะเป็นอย่างไรหากผู้ป่วยทั้งโรคติดต่อและไม่ติดต่อก็มีอาการรุนแรงมากกว่าเดิมถ้ามีไวรัสสายพันธุ์ใหม่เพิ่มจำนวนขึ้นมาและยายังไม่สามารถมาช่วยได้ต่อผู้ป่วยที่เป็นโรคพวกนี้

### 5.3 ข้อเสนอแนะ

ผลลัพธ์ที่ได้จากการศึกษาวิจัย เรื่อง “การวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของอัตราการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสแต่ละสายพันธุ์ในประเทศไทย” ครั้งนี้ ทำให้เห็นว่า ปัจจัยทางภูมิศาสตร์ สังคมประชากร สังคม เศรษฐกิจ และสุขภาพของประชาชน มีความสำคัญ และส่งผลต่อการเสียชีวิตจากการติดเชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เพื่อประโยชน์ในการจัดการและการศึกษาวิจัยในอนาคต ผู้วิจัยมีข้อเสนอแนะ 3 ประการ คือ

1. ข้อเสนอแนะสำหรับการจัดการด้วยมาตรการที่ไม่ใช้เภสัชภัณฑ์ – เนื่องจาก มีการเสียชีวิตจากการติดเชื้อของประชาชนในช่วงที่สายพันธุ์โอไมครอนระบาด เป็นจำนวนมาก โดยปัจจัยทั้ง 4 ปัจจัย มีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตมากในพื้นที่กรุงเทพมหานครและปริมณฑล ขณะที่ ลักษณะอากาศมีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตมากในพื้นที่จังหวัดเชียงราย จำนวนผู้สูงอายุมีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตมากในพื้นที่เชียงราย ความยากจนมีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตมากในพื้นที่จังหวัดนครราชสีมา และประเด็นสุขภาพมีอิทธิพลต่อการเสียชีวิตมากในพื้นที่จังหวัดขอนแก่น ผู้วิจัยเห็นว่ามาตรการที่ไม่ใช้เภสัชภัณฑ์ (Non – pharmaceutical) ยังมีความจำเป็นทั้ง ในส่วนบุคคล ได้แก่ การสวมหน้ากากอนามัย ล้างมือบ่อยๆ และการเว้นระยะห่างตามที่กำหนด และส่วนที่เป็นสาธารณะที่จะต้องจัดพื้นที่ให้เอื้ออำนวยต่อการใช้มาตรการเว้นระยะห่างของประชาชน โดยเฉพาะอย่างยิ่งพื้นที่ที่โอกาสเป็นแหล่งแพร่เชื้อโคโรนาไวรัสสายพันธุ์ใหม่

2. ข้อเสนอแนะสำหรับการจัดการด้วยมาตรการที่ใช้เภสัชภัณฑ์ – เนื่องจากการพัฒนาวัคซีนต้องใช้เวลา มาก วัคซีนที่พัฒนาขึ้นมาในช่วงที่มีการระบาดใหญ่ จึงอาจทำได้เพียงแค่ป้องกันการเสียชีวิตจากการติดเชื้อฯ ไม่สามารถป้องกันการติดเชื้อได้อย่างมีประสิทธิภาพ การวิจัยครั้งนี้พบว่าปัจจัยด้านสุขภาพมีผลต่อการเสียชีวิตของผู้ติดเชื้อฯ ในพื้นที่จังหวัดขอนแก่น ผู้วิจัยจึงขอเสนอว่า ใหัรณรงค์ฉีดวัคซีนให้ได้ในปริมาณที่เพียงพอต่อการควบคุมการระบาดและการป้องกันการเสียชีวิตตามคำแนะนำของกระทรวงสาธารณสุข

3. ข้อเสนอแนะสำหรับการศึกษาวิจัยในอนาคต – เนื่องจากว่า การวิจัยครั้งนี้กำหนดปัจจัยที่มีอิทธิพลที่มี การเสียชีวิตในลักษณะ Deterministic Approach ด้วยการเลือกตัวแปรที่เป็นตัวแทนปัจจัย ที่อาจไม่ครอบคลุม การมีอิทธิพลตามปัจจัยอื่นๆ ทั้งหมด การเพิ่มจำนวนตัวแปรในแต่ละปัจจัยให้มากขึ้น น่าจะทำให้เห็นอิทธิพลของ ปัจจัยต่างๆ ชัดเจนยิ่งขึ้น



ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved



บรรณานุกรม

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## บรรณานุกรม

- Gaisie, Eric; Oppong-Yeboah, Nana Yaw and Cobbinah, and Patrick, Brandful (2022). “Geographies of infections: built environment and COVID-19 pandemic in metropolitan Melbourne”. *Sustainable Cities and Society*. Volume 81, (June): Pages 103838. doi.org/10.1016/j.scs.2022.103838
- Gaskin, Darrell J.; Zare, Hossein. and Delarmente, Benjo A. (2021). “Geographic disparities in COVID-19 infections and deaths: The role of transportation”. *Transport Policy*. Volume 102, (March): Pages 35-46. doi.org/10.1016/j.tranpol.2020.12.001
- Grekousis, George; Feng, Zhixin; Marakakis, Ioannis; Lu, Yi and Wang, Ruoyu (2022). “Ranking the importance of demographic, socioeconomic, and underlying health factors on US COVID-19 deaths: A geographical random forest approach”. *Health & Place*. Volume 74, (March): Pages 102744. doi.org/10.1016/j.healthplace.2022.102744
- Gu, Xiaoying and Cao, Bin. (2022). “Variation in the COVID-19 infection–fatality ratio by age, time, and geography during the pre-vaccine era: a systematic analysis”. *The Lancet*. Volume 399, Issue 10334, (16–22 April): Pages 1469-1488. doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02867-1
- Juhon, Young J.; Wheele, Philip; Wi, Chung-ll; Bublitz, Joshua; Ryu, Euijung; Ristagno, Elizabeth H. and Patten, Christi (2021). “Role of Geographic Risk Factors in COVID-19 Epidemiology: Longitudinal Geospatial Analysis”. *Mayo Clinic Proceedings: Innovations, Quality & Outcomes*. Volume 5, Issue 5, (October): Pages 916-927. doi.org/10.1016/j.mayocpiqo.2021.06.011

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved





ภาคผนวก

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved



ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร  
Copyright by Naresuan University  
All rights reserved



ประวัติผู้วิจัย

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved

## ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ-นามสกุล ปาณิศา ฮวบสมบูรณ์  
 วัน เดือน ปีเกิด 14 ธันวาคม 2543  
 ที่อยู่ปัจจุบัน 32 หมู่ 1 ตำบลแสนตอ อำเภอเมือง จังหวัดพิษณุโลก 53000  
 ประวัติการศึกษา

พ.ศ. 2565 วท.บ. (ภูมิศาสตร์) มหาวิทยาลัยนเรศวร

พ.ศ. 2562 สายวิทย์-คณิต โรงเรียนเตรียมอุดมศึกษาน้อมเกล้า อุดรดิตถ์



ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยนเรศวร

Copyright by Naresuan University

All rights reserved