

引用格式:张永树,杨振凯,訾璐,等.中国艾滋病空间格局和时空演化分析[J].地球信息科学学报,2020,22(2):198-206. [Zhang Y S, Yang Z K, Zi L, et al. Spatio-temporal evolution of the AIDS pattern in China[J]. Journal of Geo-information Science, 2020,22(2):198-206.] DOI: 10.12082/dqxxkx.2020.190199

中国艾滋病空间格局和时空演化分析

张永树¹,杨振凯¹,訾璐¹,曹一冰¹,余航²

1. 信息工程大学地理空间信息学院,郑州 450001; 2. 77535 部队,拉萨 850000

Spatio-temporal Evolution of the AIDS Pattern in China

ZHANG Yongshu^{1*}, YANG Zhenkai¹, ZI Lu¹, CAO Yibing¹, YU Hang²

1. Institute of Geographic Space Information, Information Engineering University, Zhengzhou 450001, China;

2. 77535 Troops, Lasa 850000, China

Abstract: AIDS is an infectious fatal disease caused by HIV, which is class B in infectious disease in China. Since the first case of AIDS reported in 1985, AIDS has been rampant in China. Exploring the spatial pattern of AIDS and its spatiotemporal evolution characteristics will help improve AIDS prevention and control. In this study, we adopted GIS spatial statistical methods to analyze the provincial incidence data of AIDS in China from 1997 to 2016. First, we used spatial autocorrelation technology to detect the spatial pattern of the AIDS epidemic. Then, we explored the spatiotemporal evolution process by using the centroid transferring curve model. Results show that: (1) The epidemic of AIDS in China has strong spatial dependence at the provincial scale. From 1997 to 2016, the global spatial correlation of AIDS increased, and is likely to further increase. The development and diffusion process of the AIDS accorded with the first law of geography. (2) The AIDS epidemic in China showed a general pattern of "high in the south, low in the north, and random in the middle." The regions where local spatial autocorrelation occurred could be divided into two areas: the northern low-low clusters represented by Inner Mongolia and the southern high-high clusters represented by Guangxi. The cold spots area of AIDS in the north experienced fluctuations and increased slightly, and extended to the northeast and central China. The hot spots area in the south had a growing trend. (3) The overall prevalence of the AIDS epidemic has been expanding from 1997 to 2016 gradually, with obvious regional differences. In the process of diffusion, the spatial pattern of AIDS became increasingly unbalanced. Our findings suggest that, to achieve regional synergy and precise control of AIDS in the future, in addition to the traditional prevention methods, we should focus more on the spatiotemporal patterns of AIDS diffusion. Also, it is necessary to strengthen the control of hot spots in the epidemic and the direction of high-risk transmission. The present study demonstrates the importance and reliability of the spatial statistical analysis methods in improving medical and health services, and could be used as a scientific reference for the work of AIDS prevention and control in China. In future studies, we should scale down the research unit when more detailed data is available.

Key words: China; AIDS; spatial autocorrelation; center of gravity model; spatial pattern; spatiotemporal evolution

*Corresponding author: ZHANG Yongshu, E-mail: gis_zys@163.com

收稿日期:2019-04-28;修回日期:2019-06-28.

基金项目:国家重点研发计划项目(2016YFB0502300)。[**Foundation item:** National Key Research and Development Program of China, No.2016YFB0502300.]

作者简介:张永树(1994—),男,甘肃兰州人,硕士生,主要从事GIS开发与应用研究。E-mail: gis_zys@163.com

摘要:探索艾滋病疫情的空间格局和时空演化特征,发现其分布和流行规律,对促进艾滋病防控工作具有重要意义。本文基于1997—2016年中国艾滋病省级发病率资料,利用空间自相关技术探测艾滋病疫情的空间格局,并使用重心轨迹迁移算法进行时空演化分析。结果表明:中国艾滋病疫情在省级尺度上具有较强的空间依赖性。1997—2016年,中国艾滋病疫情的全局空间关联程度从弱变强,而且存在进一步强化的趋势;疫情总体呈现“南重北轻,中部过渡”的空间格局,可将中国艾滋病发病率在局部发生空间自相关的区域划分为以内蒙为代表的北方疫情冷点片区和以广西为代表的南方疫情热点片区;中国艾滋病疫情的总体流行程度不断加深,且具有明显的地域差异性,在空间上表现为非均衡增长。因此,今后的艾滋防控工作必须在传统预防手段的基础上注重疫情扩散的时空规律,重点加强对疫情热点区域和高风险传播方向的管控,以达到区域协同、精准防控的目的。

关键词:中国;艾滋病;空间自相关;重心模型;空间格局;时空演化

1 引言

艾滋病的医学全称为“获得性免疫缺陷综合征”(Acquired Immunodeficiency Syndrome, AIDS),是一种由艾滋病病毒(Human Immunodeficiency Virus, HIV)引起的致死率极高的全球性传染病^[1]。自1985年在中国境内发现第一例艾滋病病例起,艾滋病开始在我国各省市肆虐开来。截止2016年底,全国共报告艾滋病死亡人数21万余例,HIV感染者累计69万余人。艾滋病不仅给患者带来苦难,而且严重阻碍社会经济的健康发展,现已成为我国面临的重大公共卫生问题之一^[2]。流行病学的相关研究表明,艾滋病的传播和分布与地理空间信息关系密切^[3-4]。

近年来,基于GIS的空间统计方法被广泛运用在与传染病时空分布相关的研究中^[5-6],范新生^[7]等使用Moran's I 和 G_i^* 统计量对中国SARS疫情进行了探索性空间数据分析,发现中国省级SARS疫情在空间上具有显著的关联,并由其空间聚集重心的迁移过程推断出人员流动是SARS疫情扩散的主要原因。曹志东等^[8]探讨了北京市甲型H1N1疫情早期的流行病学特征和时空演变模式,并对北京市2003年SARS疫情的空间传播网络,结果显示朝阳区、海淀区和城市中心区是北京市疫情发作的高频区域,建议对该区域进行重点关注。宁文艳^[9]等研究了2004—2013年中国登革热疫情的分布和流行规律,发现登革热疫情整体稳步递增,空间自相关性呈波动性非随机分布,国外输入病例对国内发病率的增加有重大影响,发病率重心由东南沿海向内陆迁移,认为加强东南沿海入境人员检疫工作可有效控制登革热疫情。还有一些学者对疟疾、手足口病、病毒性肝炎和痢疾等其它传染病与地理空间信息之间的关系进行了研究^[10-13]。

目前,国内针对艾滋病的研究主要集中在流行病学、预防控制、临床特征、病因学和社会学等领

域^[2],而对其时空扩散过程研究较少,且主要是针对特定县市区域内艾滋病感染人群分布或基于监测哨点数据的监测结果分析^[14-15]。总体来看,国内在大空间范围和长时间序列上的艾滋病时空传播特征研究还没有充分展开。因此本文通过收集1997—2016年中国艾滋病发病统计资料,使用空间统计分析技术探测并揭示我国艾滋病疫情的空间格局和时空演化规律,确定重点防治区域,以期为我国艾滋病的管控和防治提供科学依据。

2 数据来源与研究方法

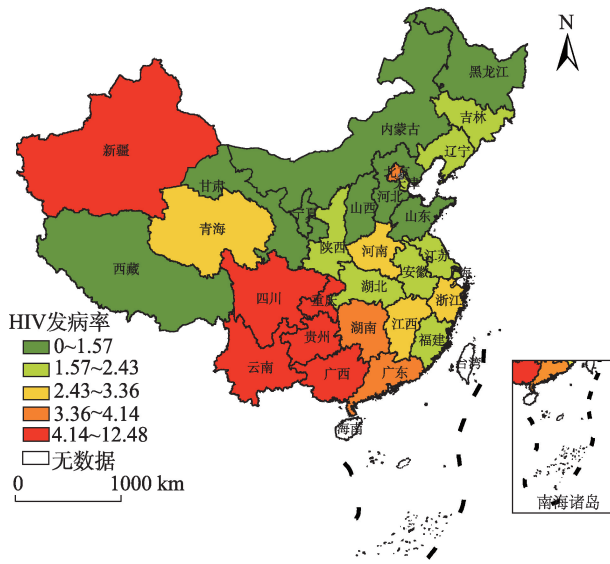
2.1 数据来源

本文所用的地理信息基础数据来源于国家测绘地理信息局(<http://bzdt.nasg.gov.cn/index.jsp>)提供的2015年1:400万中国省级行政边界数据。艾滋病发病率数据来自国家人口与健康科学数据共享服务平台(<http://www.ncmi.cn/column/INDEX>),包括1997—2016年的全国艾滋病分省统计数据,其中发病率=病例数/统计人口 $\times 10$ 万。由于台湾省和香港、澳门特别行政区的艾滋病发病率数据缺失,海南省不通过陆地与其它省市直接相接,故实际研究区域为除港澳台和海南省之外的其余21个省、4个直辖市和5个自治区,共30个省级行政区。其中重庆市在1997年升格为直辖市,缺失当年数据,故将四川省1997年的数据赋予重庆市。从图1可以看出,艾滋病发病率在全国各省市上的空间分布具有明显的差异。总体而言,截止2016年,艾滋病发病率在华北地区较低,华中和东南沿海地区属于疫情中度流行区,西南地区发病率最高,为疫情高发区。

2.2 研究方法

2.2.1 空间自相关方法

空间关联指地理事物和现象在空间上普遍发生相互依赖、相互作用和相互影响。空间关联的主



注:由于数据获取困难,本次研究不包括台湾、香港、澳门和海南。该图基于国家测绘地理信息局标准地图服务网站下载的审图号为GS(2019)1825的标准地图制作,底图无修改。

图1 2016年中国艾滋病发病率空间分布

Fig. 1 The spatial distribution of AIDS incidence rate in China in 2016

要形式是空间自相关,即地理对象的某一属性随其空间位置发生协同变化。作为空间统计的一项重要手段,空间自相关分析方法通过构建一个空间权重矩阵测度某一变量在不同空间位置的观测值之间的统计相关性。

在空间自相关分析中,为了探究空间对象的分布格局,经常用到一些全局和局部空间统计量,包括 Moran's I 、Local Moran's I 和 Geary's C 等^[16]。本文引入 Moran's I 和 Local Moran's I 分别测度中国艾滋病发病率的全局和局部的空间关联特征,并采用基于条件随机化方法的 p 值进行显著性检验。

(1) 全局 Moran's I 统计

全局空间自相关分析从全国的宏观层面出发,比较属性在整体区域汇总的均值与每个空间单元上的属性值,从而得出全国范围内各省域艾滋病发病率之间的平均关联程度,即判断艾滋病发病率在全国范围内有无聚集性。Moran's I 是一个比较常用的全局关联指数,计算公式为^[17]:

$$I = \frac{n \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij} (x_i - \bar{x})(x_j - \bar{x})}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \quad (1)$$

式中: n 为省级行政区的数量; x_i 为第 i 个省级行政区的艾滋病发病率; w_{ij} 为空间权重; \bar{x} 是艾滋病发病率在所有 n 个省级行政区中汇总的均值。对

Moran's I 进行方差归一化处理,可使其值落在区间 $[-1, 1]$ 内。

在给定的显著性水平下, $I > 0$ 表示空间正相关,其值越大,空间相关性越明显,即高观测值在空间上倾向和高观测值集聚,低观测值在空间上倾向和低观测值集聚,出现高-高或低-低集聚的空间关联模式; $I < 0$ 表示空间负相关,其值越小,空间差异越大,即高观测值倾向与和低观测值集聚在一起,出现高-低相异分布的空间关联模式;若 $I = 0$, 则观测值在空间上随机分布。

(2) 局部 Moran's I 统计

由于全局空间自相关分析建立在空间平稳性假设的基础上,且只能反映研究区域的总体空间集聚程度,不能识别单个空间单元的局部空间状态。因此需要针对空间局部不平稳这一现实情况,进行局部空间自相关分析来探测不同空间位置上可能存在的局部空间集聚模式。局部 Moran's I 统计量是一种局部空间关联指标(Local Indicators of Spatial Association, LISA)^[18],用以度量某空间单元的观测值与其相邻区域观测值之间的空间依赖程度,并甄别其空间集聚模式。

局部空间自相关分析从单个省域的微观层面出发,逐个考察省级行政区的艾滋病发病情况,得出各省艾滋病发病率在其邻域空间的分布状态。即根据每个省级行政区及其相邻省级行政区艾滋病发病率值的相似性判断空间集聚、扩散状态。局部 Moran's I 的定义^[18]为:

$$I_i = \frac{n(x_i - \bar{x}) \sum_j w_{ij} (x_j - \bar{x})}{\sum_i (x_i - \bar{x})^2} \quad (2)$$

式中: n 为省级行政区的数量; w_{ij} 为空间权重; x_i 和 x_j 分别是第 i 和第 j 个省级行政区的艾滋病发病率; \bar{x} 是艾滋病发病率的省域汇总均值。

计算 I_i 统计量后,即可采用地图可视化方法进行局部空间自相关分析。LISA统计图是最常见的局部空间自相关分析指标,LISA统计图包括LISA集聚图和LISA显著性检验图^[19],分别用以展现空间单元与邻域的空间关联模式及其显著性水平。

2.2.2 重心轨迹迁移算法

空间自相关分析方法虽具有数据基础严密、定性与定量结合等优点,能很好地探索地理现象的空间格局,但较难直观、可视化地表达时空演化过程^[19]。为此,一些学者提出使用重心模型在空间自相关统计的基础上进一步精确地刻画地理现象的时空演

化规律^[20-21]。基于重心模型的时空演化表达方法在区域经济差异、人口分布和土地利用变化等领域应用较多。但是现有研究成果普遍只给出各个时间截面上的地理加权重心,并将相邻时间截面的重心连接形成重心转移曲线^[22],仅能表现地理现象的空间重心迁移路径,忽略了其属性的状态和变化过程。因此本文在用重心模型模拟艾滋病疫情时空迁移过程的同时使用属性变化强度表征疫情的强度演化,用以配合空间自相关方法来探测我国艾滋病的时空演化过程。

地理学中借用“重心”这个物理概念来表示地理属性在空间平面上的矢量平衡点。通常以某地理现象的某属性观测值作为权重,然后根据物理学中重力的分解与合成法则计算空间单元的地理属性加权重心^[23](简称重心)。若研究区域由 n 个平面空间单元组成, (x_i, y_i) 是第 i 个平面空间单元的几何重心, w_i 为其属性观测值,则区域整体的重心计算公式为:

$$\begin{cases} \bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n w_i x_i}{\sum_{i=1}^n w_i} \\ \bar{Y} = \frac{\sum_{i=1}^n w_i y_i}{\sum_{i=1}^n w_i} \end{cases} \quad (3)$$

在重心轨迹迁移算法中,使用重心迁移方向和重心迁移距离来直观反映地理现象在二维空间中的重心位移过程。使用阶段属性均值和属性变化强度描述属性的状态和变化强度。假定 $T(T=\{t_1, t_2, \dots, t_m\})$ 为地理现象属性观测值的时间序列,则可以有以下定义:

(1)重心迁移方向 θ :表示第 t 年的重心相对于第 $t-1$ 年的偏移方向。

$$\theta = \frac{k\pi}{2} + \arctan\left(\frac{\bar{Y}_t - \bar{Y}_{t-1}}{\bar{X}_t - \bar{X}_{t-1}}\right) \quad (4)$$

式中:设定 $k=0,1,2$,则 $\theta \in [-180^\circ, 180^\circ]$ 。定义 0° 、 90° 、 $\pm 180^\circ$ 和 -90° 分别表示正东、正北、正西和正南方向,则 $(0^\circ, 90^\circ)$ 、 $(90^\circ, 180^\circ)$ 、 $(-180^\circ, -90^\circ)$ 和 $(-90^\circ, 0^\circ)$ 4个象限分别代表东北、西北、西南和东南方向。

(2)重心迁移距离 d :表示第 t 年与第 $t-1$ 年的重心之间的欧式距离。

$$d = \sqrt{(\bar{X}_t - \bar{X}_{t-1})^2 + (\bar{Y}_t - \bar{Y}_{t-1})^2} \quad (5)$$

(3)阶段属性均值 A_t :表示第 t 年所有 n 个平面空间单元属性观测值的均值,代表该属性在整体区域的平均状态。

$$A_t = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n w_i \quad (6)$$

式中: w_i 为第 i 个平面空间单元在第 t 年的属性观测值。

(4)属性变化强度 I_t :表示第 t 年的阶段性属性均值相对于第 $t-1$ 年的变化强度。当 I_t 为正时,其值越大,属性总体状态较前一年强化幅度越大。当 I_t 为负时,其值越小,属性总体状态较前一年减弱幅度越大。

$$I_t = \frac{A_t - A_{t-1}}{A_{t-1}} \quad (7)$$

3 结果及分析

3.1 空间关联分析

3.1.1 全局空间自相关

空间自相关分析的前提是设定能够近似正确反映空间单元相互作用关系的空间权重矩阵,空间权重矩阵是空间统计和检验模型的出发点。一阶邻接矩阵又称一阶车矩阵(rook1),其认为区域 i 和区域 j 之间拥有共同的边即为存在邻接关系,是应用最为广泛的空间邻接矩阵。一阶邻接矩阵能很好地表达省域之间存在的边界相邻关系,所以本文选取一阶邻接矩阵,使用GeoDa1.6.0软件进行空间自相关分析,然后在ArcGIS 10.2软件中将分析结果加以地图可视化。实验计算得到的全局Moran's I 值和显著性检验结果如表1所示。

按时间序列将全局空间自相关计算结果绘制成图2,可以清楚地识别1997—2016年全国范围内各省域艾滋病发病率之间的平均关联程度演化过

表1 1997—2016年中国艾滋病发病率的
全局Moran's I 计算结果

Tab.1 Calculation results of global Moran's I of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016

年份	Moran's I	p 值	年份	Moran's I	p 值
1997	0.0660	0.3579	2007	0.1636	0.0383
1998	-0.0424	0.4171	2008	0.2353	0.0051
1999	0.0183	0.4781	2009	0.2181	0.0051
2000	-0.0487	0.3902	2010	0.2009	0.0081
2001	-0.0430	0.4331	2011	0.2091	0.0057
2002	-0.0343	0.4202	2012	0.2402	0.0086
2003	0.0369	0.3420	2013	0.2402	0.0086
2004	-0.0213	0.4451	2014	0.3187	0.0013
2005	0.0339	0.3821	2015	0.3526	0.0006
2006	0.0800	0.2082	2016	0.4061	0.0001

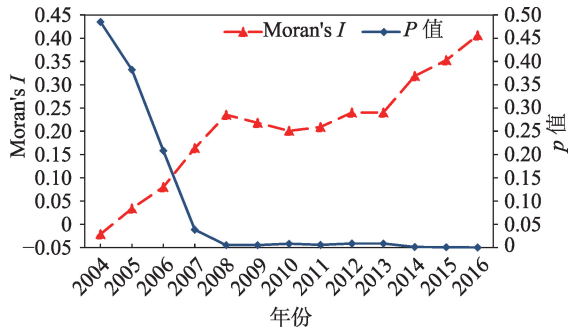


图2 1997—2016年中国艾滋病发病率的
全局Moran's *I*时序

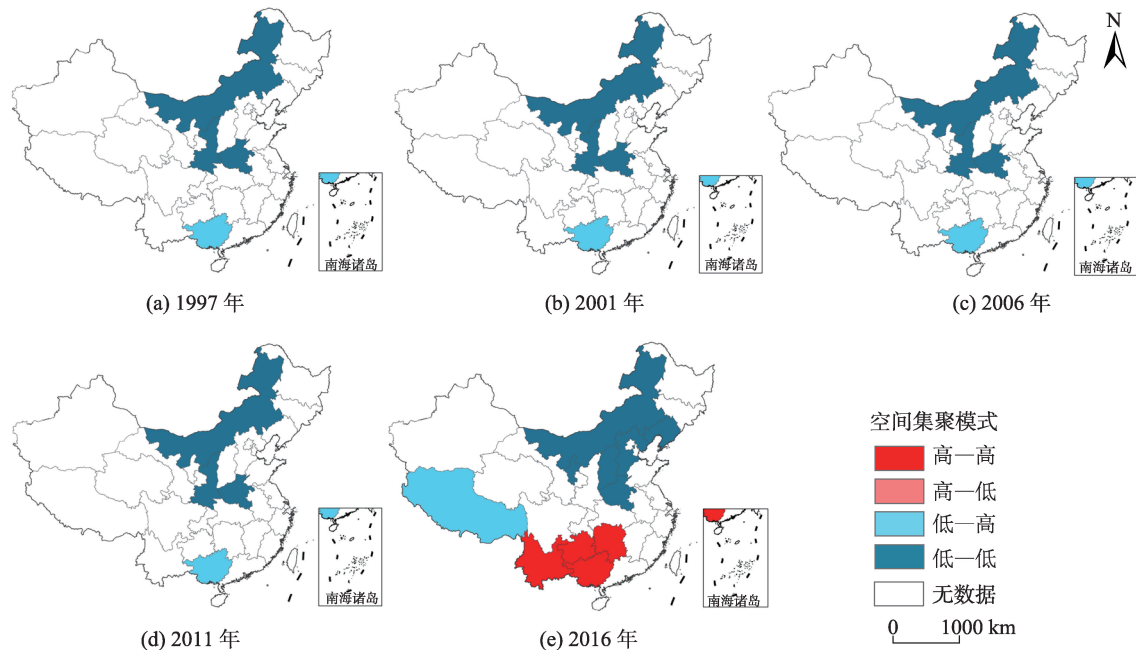
Fig. 2 Temporal trend of the Global Moran's *I* of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016

程。1997—2003年, Moran's *I* 值在区间[-0.05, 0.07]内小幅波动, 非常接近于其期望值0, 说明在此期间发病率的空自相关性微弱, 疫情在全国范围内倾向随机分布。从2004年开始, 全局 Moran's *I* 值迅速上升, *p* 值迅速下降, 说明2004年是艾滋病疫情在全国范围内由随机分布逐渐转变为空间聚集的起始年份。但是在2006年之前, *p* 值仍大于0.05, 不能通过置信度为95%的正态分布显著性检验, 故艾滋病发病率在2004—2006年还不存在统计学显著的空间相关性。从2007年开始, Moran's *I* 值始终处于高值(大于0.15), 并不断波动上升, *p* 值小于

0.05, 且波动减小, 说明从2007—2016年, 艾滋病发病率在全国范围内存在显著的空间正相关性, 疫情在全国范围内呈现集聚分布的空间格局, 且集聚程度存在不断加深的趋势。

3.1.2 局部空间自相关

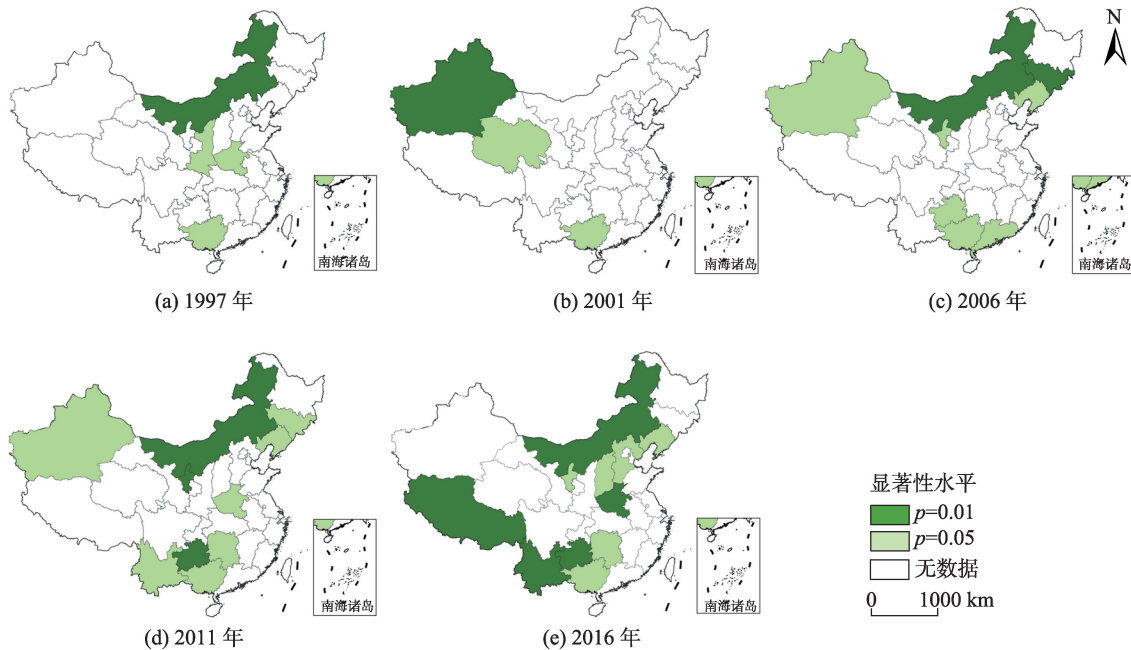
通过全局自相关分析, 已经探测到了中国艾滋病发病率在1997—2016年的总体空间关联程度, 但是尚不明确艾滋病疫情在各省市的空间分布状态演化过程, 即还不能探知各省市艾滋病发病率的局部空间关系。因此进行局部空间自相关分析, 结合LISA集聚图和LISA显著性地图, 将各省市艾滋病发病率之间可能发生的高—高、高—低、低—高和低—低集聚4种空间集聚模式在一定的显著性水平下加以地图可视化。选取1997、2001、2006、2011和2016年5个时间截面进行局部空间自相关分析, 计算并生成LISA集聚图和局部自相关显著性检验图。图3中红色和蓝色表明该地区的艾滋病发病率存在空间正相关, 呈现集聚分布的空间格局, 其中红色和蓝色分别表示高—高集聚和低—低集聚; 浅红色和浅蓝色表明该地区的艾滋病发病率存在空间负相关, 呈现分散分布的空间格局, 其中浅红色和浅蓝色分别表示高—低和低—高分散。局部空间自相关显著性检验图(图4)通过随机化方法生成, 用以呈现局部Moran's *I* 统计量的显著性水平, 其



注: 由于数据获取困难, 本次研究不包括台湾、香港、澳门和海南。该图基于国家测绘地理信息局标准地图服务网站下载的审图号为GS(2019)1825的标准地图制作, 底图无修改。

图3 1997—2016年中国艾滋病发病率分布LISA集聚图

Fig. 3 LISA cluster maps of the distribution of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016



注: 由于数据获取困难, 本次研究不包括台湾、香港、澳门和海南。该图基于国家测绘地理信息局标准地图服务网站下载的审图号为GS(2019)1825的标准地图制作, 底图无修改。

图4 1997—2016年中国艾滋病发病率局部空间自相关显著性检验

Fig. 4 Significance test results of the local spatial autocorrelation of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016

中深绿色表示该省市在95%的显著性水平上($p=0.05$)存在空间相关性, 浅绿色则表示该省市在99%的显著性水平上($p=0.01$)存在空间相关性。

1997年只有内蒙古、陕西和河南的艾滋病发病率呈现低—低集聚的空间格局, 其艾滋病发病率低于周边省份, 此时在全国范围内还没有出现疫情热点区域(图3(a))。2001年低—低集聚区域相较1997年向西北发生了转移, 由内蒙古、陕西和河南变成了新疆和青海(图3(b)), 广西则由低—高分散区域变成了高一—低分散区域, 其艾滋病发病率高于周边省份, 开始出现疫情热点区域。2006年低—低集聚区域东移, 新疆则由低—低集聚区域变为高一—低分散区域, 贵州呈现低—高分散的空间集聚模式, 高一—高集聚分布区域扩展到了广西东边的广东(图3(c))。2011年艾滋病发病率发生低—低集聚的区域相较2006年没有变化, 低—高分散分布的区域由贵州扩展到湖南, 高一—低分散分布的区域则新添了河南, 高一—高集聚分布区域由广西和广东变为广西和云南(图3(d))。2016年艾滋病发病率发生低—低集聚的区域扩张明显, 由内蒙古、吉林、辽宁和宁夏变成了内蒙古、辽宁、河北、山西、宁夏和河南等省区, 同时高一—高集聚的区域增加了湖南和广西, 疫情热点区域急速扩散(图3(e))。

总体来看, 全国范围内艾滋病疫情的局部空间

自相关性是逐渐加强的。疫情在1997年只存在空间上的低—低集聚分布, 尚未出现高一—高集聚区域。随着时间的推移, 高一—高集聚分布的区域在广西周边开始形成, 并逐渐向相邻省份扩散。2016年, 高一—高集聚的区域已扩大到湖南、云南、贵州和广西4省, 低—低集聚的区域经历了数次波动, 区域范围小幅增加, 并由北部向东北和华中方向延伸。

根据实验分析结果, 可将我国艾滋病发病率发生局部空间自相关的区域划分为两大片区, 分别是以内蒙古为代表的北方片区(包括内蒙古、新疆、青海、辽宁、河北、山西、陕西、宁夏和河南等)和以广西为代表的南方片区(包括湖南、云南、贵州和广西等), 分别形成发生低—低集聚的疫情冷点区域和高—高集聚的疫情热点区域。而高一—低和低—高分散区域较为分散, 主要位于集聚区域的边缘, 作为集聚分布向随机分布的过渡(表2)。

3.2 重心轨迹迁移算法实验

以省级行政区为统计单元, 用重心轨迹迁移算法分析中国1997—2016年的艾滋病发病率数据, 可以得出我国艾滋病疫情的重心移动轨迹。本文使用各省市的省会城市位置代替其几何重心, 并用投影坐标进行计算。表3给出了艾滋病发病率的阶段观测值、属性变化强度、重心转移距离和重心转移

表2 1997—2016年中国艾滋病发病率4种空间关联模式对应的区域

Tab. 2 Regions of the four spatial association modes of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016

年份	低—低	低—高	高—低	高—高
1997	内蒙古—陕西—河南	广西		
2001	新疆—青海			广西
2006	内蒙古—吉林—辽宁—宁夏	贵州	新疆	广西—广东
2011	内蒙古—吉林—辽宁—宁夏	湖南—贵州	新疆—河南	云南—广西
2016	内蒙古—辽宁—河北—山西—宁夏—河南	西藏		湖南—云南—贵州—广西

表3 1997—2016年中国艾滋病发病率重心
轨迹迁移计算结果Tab. 3 Calculation results of the centroid movement path
method of AIDS incidence rate in China from 1997 to 2016

年份	属性阶段 观测值	属性变化 强度	重心转移 距离/km	重心转移 方向
1997	0.0025			
1998	0.0120	3.80	57.44	东北 50.67
1999	0.0151	0.26	65.61	东北 85.33
2000	0.0222	0.47	52.71	东北 56.53
2001	0.0350	0.58	122.01	东北 59.42
2002	0.0588	0.68	43.94	东南 60.19
2003	0.0849	0.44	126.12	东北 50.35
2004	0.2349	1.77	49.07	东北 63.28
2005	0.4324	0.84	114.86	西南 7.76
2006	0.5102	0.18	240.65	西南 50.59
2007	0.7400	0.45	51.99	西南 32.22
2008	0.7613	0.03	46.87	东南 81.17
2009	1.0001	0.31	40.82	西北 22.07
2010	1.1974	0.20	60.16	东北 62.28
2011	1.5251	0.27	18.58	西北 79.92
2012	3.1120	1.04	177.27	西北 32.77
2013	3.2230	0.04	100.26	东北 5.64
2014	3.3313	0.03	42.20	东北 14.79
2015	3.6940	0.11	39.81	东北 75.76
2016	3.9656	0.07	28.11	东北 58.47

方向。将1997—2016年的重心逐年份连接起来,并将每年的属性变化强度用地图符号化的方式表现出来,便可得到我国艾滋病发病率的重心迁移轨迹图(图5)。重心轨迹迁移图可以清晰、直观地反映出我国艾滋病发病率的时空演化特征和属性强度变化过程。

从表3和图5可发现,1997—2016年中国艾滋病疫情的时空演化过程中存在2个特点:

(1)从重心整体分布状态来看,发病率的属性变化强度都为正值,且其平均值高达0.61,疫情流行程度不断扩大。发病率重心主要集中在湖南西

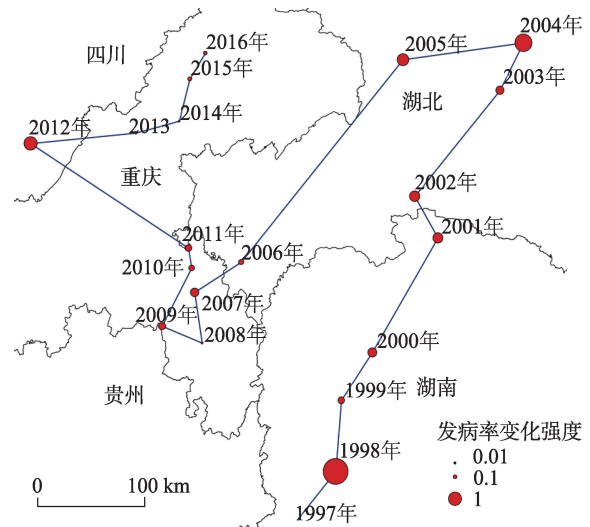


图5 1997—2016年中国艾滋病发病率重心迁移轨迹

Fig. 5 Centroid movement path of the AIDS incidence rate in
China from 1997 to 2016

北部、湖北西南部和重庆西部等地区,偏离研究区域的几何中心,说明中国艾滋病发病率存在明显的地域差异性,在空间非均衡增长;

(2)时空格局总体呈现由南向北移动的特征。可将艾滋病疫情的时空演化过程分为3个阶段:①第一阶段是1997—2004年,发病率重心由湘西北向东北方向迁移至鄂西南,其变化强度呈现波动扩大的趋势,疫情流行加剧;②第二阶段是2005—2012年,发病率重心移动方向和属性变化强度波动明显,由鄂转进至渝;③第三阶段是2013—2016年,重心持续向西北方向小幅移动,属性变化强度维持在较低水平,疫情传播演化得到控制。

4 结论与讨论

本研究以国家人口与健康科学数据共享服务平台提供的1997—2016年艾滋病统计资料为数据源,利用空间自相关技术分析了我国艾滋病发病率在全局和局部的空间关联特征,并使用重心迁移轨

迹算法来探测历年艾滋病发病率的时空演化过程, 研究结果表明:

(1)从整体趋势上看, 中国艾滋病疫情在省级尺度上具有较强的空间依赖性, 其发展扩散过程基本符合地理学第一定律。1997—2016年, 中国艾滋病疫情的全局 Moran's I 从其期望值 0 附近上升到 0.4 以上, 全局空间关联程度从弱变强, 而且存在进一步强化的趋势。1997—2003 年艾滋病发病率的空间关联程度较低, 在全国范围内倾向随机分布; 从 2004 年开始, 疫情逐渐由随机分布转向空间集聚, 空间关联程度逐年加强; 2007 年后发病率在全国范围内存在显著的空间正相关性, 呈现集聚分布的空间格局。

(2)中国艾滋病疫情呈现“南重北轻, 中部过渡”的空间格局。可将中国艾滋病发病率在局部发生空间自相关的区域划分为两大片区, 分别是以内蒙为代表的北方疫情冷点片区(内蒙古、新疆、青海、辽宁、河北、山西、陕西、宁夏和河南等)和以广西为代表的南方疫情热点片区(湖南、云南、贵州和广西等)。北方疫情冷点片区经历了数次波动并小幅增加, 并向东北和华中方向延伸, 南方疫情热点片区存在不断扩大的趋势。建议疾控部门密切关注疫情热点片区, 重点加强对湘、滇、黔、贵等地及其相邻省份的艾滋病监测和防控, 遏止疫情热点区域在空间上的蔓延。

(3)艾滋病疫情总体流程度在 1997—2016 年不断扩大, 且疫情具有明显的地域差异性, 在空间上呈现非均衡增长的态势。因此今后的艾滋防控工作必须在传统预防手段的基础上注重疫情扩散的空间规律, 强化对疫情传播时空耦合机制的研究, 以达到区域协同、精准防控的目的。

本文将 GIS 空间统计分析方法引入艾滋病研究工作中, 从宏观层面揭示了中国艾滋病疫情的空间关联模式和时空演化特征, 不仅有助于促进地理学方法在医疗卫生领域的应用, 而且为艾滋病的防控工作提供了科学依据。然而, 由于艾滋病统计数据的尺度局限性, 本文只在省域层面进行了研究, 在今后的工作中, 应当从更精细的空间尺度(如县域尺度)出发, 在更详细数据的支持下对研究区域进行尺度下沉, 进而得出更精确的研究结论。另外, 本文对艾滋病疫情的研究主要是探索性空间数据分析, 未能明确艾滋病疫情产生空间关联的具体原因。接下来可以在现有研究的基础上联合其他变量(如经济因素、交通因素和人口流动因素等),

通过建立时空回归模型来进行证实性空间数据分析, 探讨艾滋病疫情时空格局形成和变化的原因及驱动力机制。

参考文献(References):

- [1] 李太生, 王福生, 高福. 中国艾滋病诊疗指南(2018 版)[J]. 协和医学杂志, 2019, 10(1): 31-52. [Li T S, Wang F S, Gao F. Chinese guidelines for diagnosis and treatment of AIDS (2018)[J]. Medical Journal of Peking Union Medical College Hospital, 2019, 10(1): 31-52.]
- [2] 杨尧, 李功权. 中国近年艾滋病空间分布及影响因素分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(12): 1208-1211. [Yang Y, Li G Q. Spatial distribution and influencing factors of AIDS in China in recent year[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2018, 24(12): 1208-1211.]
- [3] Shasha Q, Wei G, Jiannan X. Diversity of AIDS epidemic in China: A result from hierarchical clustering analysis and spatial autocorrelation analysis[J]. Aids, 2014, 28(12): 1805-1813.
- [4] Busgeeth K, Rivett U. The use of a spatial information system in the management of HIV/AIDS in South Africa [J]. International Journal of Health Geographics, 2004, 3(1): 13-13.
- [5] 陈江平, 张兰兰, 余远剑. 利用空间自相关的中国内陆甲型 H1N1 流感疫情分析[J]. 武汉大学学报·信息科学版, 2011, 36(11): 1363-1366. [Chen J P, Zhang L L, Yu Y J. Analysis on epidemic of H1N1 flu in mainland China based on spatial statistical methods[J]. Geomatics and Information Science of Wuhan University, 2011, 36(11): 1363-1366.]
- [6] 陈斐, 杜道生. 空间统计分析与 GIS 在区域经济分析中的应用[J]. 武汉大学学报·信息科学版, 2002, 27(4): 391-396. [Chen F, Du D S. Application of the integration of spatial statistical analysis with GIS to the analysis of regional economy[J]. Geomatics and Information Science of Wuhan University, 2002, 27(4): 391-396.]
- [7] 范新生, 应龙根. 中国 SARS 疫情的探索性空间数据分析[J]. 地球科学进展, 2005, 20(3): 282-291. [Fan X S, Ying L G. An exploratory spatial data analysis of SARS epidemic in China[J]. Advances in Earth Science, 2005, 20(3): 282-291.]
- [8] 曹志冬, 曾大军, 王全意. 北京市甲型 H1N1 早期流行的特征与时空演变模式[J]. 地理学报, 2010, 65(3): 361-368. [Cao Z D, Zen D J, Wang Q Y. Analysis on spatial distribution pattern of Beijing restaurants based on open source big data[J]. Acta Geographica Sinica, 2010, 65(3): 361-368.]
- [9] 宁文艳, 鲁亮, 任红艳. 2004-2013 年间中国登革热疫情时

- 空变化分析[J].地球信息科学学报,2015,17(5):614-621. [Ning W Y, Lu L, Ren H Y. Spatial and temporal variations of dengue fever epidemics in China from 2004 to 2013[J]. Journal of Geo- information Science, 2015,17(5): 614-621.]
- [10] 陈翼,李光强,邓敏.疟疾发病的空间格局和时空演化分析[J].地理信息世界,2010,8(5):42-47. [Chen Y, Li G Q. Analysis of spatial pattern and spatial-temporal evolution about Malaria[J]. Geomatics World, 2010,8(5):42-47.]
- [11] 曹磊,刘峰,闫云. 2010-2015年陕西省手足口病时空聚集性分析[J].公共卫生与预防医学,2017,28(6):56-59. [Cao L, Liu Feng, Yan Yun. Spatial-temporal scan statistic on HFMD cases in Shaanxi (2010-2015)[J]. Journal of Public Health and Preventive Medicine, 2017,28(6):56-59.]
- [12] 翟卫欣,程承旗.一种空间权重矩阵的优化方法[J].武汉大学学报·信息科学版,2017,42(6):731-736. [Zhai W X, Cheng C Q. An improved spatial weights matrix construction strategy[J]. Geomatics and Information Science of Wuhan University, 2017,42(6):731-736.]
- [13] 李媛媛,徐成东,肖革新.京津唐地区细菌性痢疾社会经济影响时空分析[J].地球信息科学学报,2016,18(12):1615-1623. [Li Y Y, Xu C D, Xiao G X. Spatial-temporal analysis of social-economic factors of bacillary dysentery in Beijing- Tianjin- Tangshan[J].Journal of Geo- information Science, 2016,18(12):1615-1623.]
- [14] 徐昀,柯文前,陈培阳.基于ESDA的河南艾滋病空间格局[J].地理研究,2013,32(7):1199-1208. [Xu D, Ke W Q, Chen P Y. The spatial pattern of AIDS infection in Henan Province based on the ESDA analysis[J]. Geographical Research, 2013,32(7):1199-1208.]
- [15] 王莹. 2013年中国HIV/AIDS空间分布及主要社会经济影响因素[D].郑州:郑州大学,2016. [Wang Y. Study on spatial distributions and socio- economic influence of HIV/AIDS in China in 2013[D]. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2016.]
- [16] Ping J L, Green C J, Zartman R E, et al. Exploring spatial dependence of cotton yield using global and local autocorrelation statistics[J]. Field Crops Research, 2004,89(2-3): 219-236.
- [17] Moran P A P. The interpretation of statistical maps[J]. Journal of the Royal Statistical Society, 1948,10(2):243-251.
- [18] Anselin L. Local indicators of spatial association (LISA) [J]. Geographical Analysis, 1995,27(2):93-115.
- [19] 曹志冬,王劲峰,高一鹤.广州SARS流行的空间风险因子与空间相关性特征[J].地理学报,2008,63(9):981-993. [Cao Z D, Wang J F, Gao Y G. Risk factors and autocorrelation characteristics on SARS in Guangzhou[J]. Acta Geographica Sinica, 2008,63(9):981-993.]
- [20] 李光强,曾绍琴,邓敏.重心转移曲线在时空演化模式表达中的应用[J].武汉大学学报·信息科学版,2013,38(8):940-944. [Li G Q, Zeng S Q, Deng M. Employing a centroid transferring curve to spatio-temporal evolution patterns[J]. Geomatics and Information Science of Wuhan University, 2013,38(8):940-944.]
- [21] 张英慧,高星,王伟.中国省域煤矿事故时空分异特征及影响因素研究[J].地球信息科学学报,2018,20(3):311-320. [Zhang Y H, Gao X, Wang W. Spatial-temporal variation and influencing factors of coal mine accidents in China[J]. Journal of Geo- information Science, 2018,20(3):311-320.]
- [22] 付强,诸云强,孙九林.中国畜禽养殖的空间格局与重心曲线特征分析[J].地理学报,2012,67(10):1383-1398. [Fu Q, Zhu Y Q, Sun J L. Spatial patterns and gravity centers curve of livestock and poultry breeding in China [J]. Acta Geographica Sinica, 2012,67(10):1383-1398.]
- [23] 梅林,郭艳花,陈妍.吉林省人口老龄化时空分异特征及成因[J].地理科学进展,2018,37(3):352-362. [Mei L, Guo Y H, Chen Y. Spatiotemporal characteristics and influencing factors of population aging in Jilin Province[J]. Progress in Geography, 2018,37(3):352-362.]