

고병원성 조류인플루엔자(HPAI) 발생농가 입지특성*

김동현^{1*} · 배선학²

Locational Characteristics of Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) Outbreak Farm*

Dong-Hyeon KIM^{1*} · Sun-Hak BAE²

요 약

본 연구는 가축질병이 밀집되어 발생했던 지역인 경기도 남부-충청도의 감염농가 입지 특성을 파악하여 가금농가의 질병 발생 확률을 분석하고 조건에 해당하는 지역을 도출하여 가축질병 발생 예방과 차별적인 방역지역 선정 및 방역전략 설정의 근거와 보완대책의 기초자료로 사용하기 위해 수행되었다. 로지스틱 회귀분석 결과, 반경 3km내 가금농가 1개가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 10.9% 증가한다. 2차선 이상 주요 도로와의 거리 1m가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 0.001% 감소한다. 주요 철새도래지와 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 15~30km로 변화하면 HPAI에 감염될 확률이 46.0% 감소한다. 주요 철새도래지와 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 30km 이상으로 변화하면 HPAI에 감염될 확률이 88.5% 감소한다. 로지스틱 회귀분석 결과를 바탕으로 예측확률을 생성하고 도출된 입지요인인 '반경 3km내 가금농가 15개 초과, 주요 도로와의 거리 1km이내, 주요 철새도래지와 30km이내'의 실제 지역을 도출하고 감염 비율을 측정하였다. 본 연구의 결과가 지역 내에서 가축질병이 발생할 확률이 높은 지역을 판별하여, 방역 주체가 대상 지역과 농가에 대해 선제적 방역을 실시하거나 차량을 통제하는 등의 차별적인 방역지역과 방역전략을 설정할 때, 그 근거와 보완대책 마련에 기초자료로 활용될 수 있을 것이라 기대한다.

주요어 : 고병원성 조류인플루엔자(HPAI), 지리정보체계, 입지 특성, 로지스틱 회귀분석, 가금농가

2020년 9월 14일 접수 Received on September 14, 2020 / 2020년 12월 02일 수정 Revised on December 02, 2020 / 2020년 12월 03일 심사완료 Accepted on December 03, 2020

* 본 논문은 2020년 8월 강원대학교 일반대학원 지리정보학석사학위논문 "가금농가 입지특성과 고병원성 조류인플루엔자(HPAI) 발생과의 관계"의 내용을 일부 수정·보완하여 작성되었습니다. 본 연구는 농림축산식품부의 재원으로 농림식품기술기획평가원(가축질병대응기술개발사업)의 지원을 받아 연구되었습니다(No.318045-3).

1 강원대학교 일반대학원 스마트지역혁신학과 박사과정 Ph.D. program, Dept. of smart regional innovation, Kangwon National University

2 강원대학교 지리교육과 부교수 Associate Professor, Dept. of Geography Education, Kangwon National University

* Corresponding Author E-mail : idd@nate.com

ABSTRACT

This study was conducted to identify the location characteristics of infected farms in the areas where livestock diseases were clustered(southern Gyeonggi-do and Chungcheong-do), analyze the probability of disease occurrence in poultry farms, find out the areas corresponding to the conditions, and use them as the basis for prevention of livestock diseases, selection of discriminatory prevention zones, and establishment of prevention strategies and as the basic data for complementary measures. The increase of one poultry farm within a radius of 3-kilometers increases the risk of HPAI infection by 10.9% compared to the previous situation. The increase of 1m in distance from major roads with two lanes or more reduces the probability of HPAI infection by 0.001% compared to the previous situation. If the distance of the poultry farm located with 15 kilometers from a major migratory bird habitat increases by 15 to 30 kilometers, the chance of infection with HPAI is reduced by 46.0%. And if the distance of the same poultry farm increase by more than 30 kilometers, the chances of HPAI infection are reduced by 88.5%. Based on the results of logistic regression, the predicted probability was generated and the actual area of the location condition with 'more than 15 poultry farms within 3km a radius of, within 1km distance from major roads, and within 30km distance from major migratory birds habitat was determined and the infection rate was measured. It is expected that the results of this study will be used as basic data for preparing the data and supplementary measures when the quarantine authorities establish discriminatory quarantine areas and prevention strategies, such as preventive measures for the target areas and farms, or control of vehicles, by identifying the areas where livestock diseases are likely to occur in the region.

KEYWORDS : *High Pathogenic Avian Influenza(HPAI), Geographic Information System(GIS), Locational Characteristic, Logistic Regression Analysis, Poultry Farm*

서론

조류인플루엔자(AI)는 닭이나 오리, 칠면조와 같은 가금류 또는 야생조류에서의 인플루엔자 바이러스 감염증으로 정의되고 있다. HPAI는 아형(subtype)이 매우 많고 변이가 쉬워서 야생조류에서 다양한 종류의 바이러스가 분포한다. 일반적으로 닭에서의 HPAI 잠복기는 수 시간에서 3일로 규정하나, OIE(세계동물보건기구)에서는 계군 크기, 최초 감염경로, 사육관리, 환경 등에 따라 최대 잠복기를 21일로 규정하고 있다. 야생조류 중 특히, 청둥오리나 가창오리와 같은 물새류는 다양한 종류의 인플루엔자 바이러스가 감염되어 있으나 무증상인 경우가 많으며 이

러한 야생조류로부터 가금류로의 종간 전파(interspecies transmission)가 이루어져 유전자의 급격한 변이로 고병원성 특성으로 발현되는 경우가 많다. 멕시코(1994년), 이탈리아(1999년), 캐나다(2004년), 미국(2017년)의 발생이 저병원성에서 고병원성으로 변환된 사례이다(MAFRA, 2017).

우리나라의 HPAI는 2003년 12월 10일 충북 음성에서 최초로 발생한 이후, 2018년까지 8차례에 걸쳐 발생했다. 이후 거의 매년 감염사례가 보고되어 왔으며 5차 HPAI의 경우는 669일의 최장기간에 걸쳐 발생하였고 이로 인한 경제적 피해도 가장 컸다. 바이러스 혈청형은 H5N1형(1~4차), H5N8형(5~7차), H5N6형(7~8차)이 주를 이루고 있다. 이처럼 긴 기간

TABLE 1. Current status of HPAI in Korea

No.	1st	2nd	3rd	4th
Time	'03. 12. 10.~'04. 3. 20. (102 days)	'06. 11. 22.~'07. 3. 6. (104 days)	'08. 4. 1.~'5. 12. (42 days)	'10. 12. 29.~'11. 5. 16. (139 days)
Region and number of case	10 city · county 19 cases	5 city · county 7 cases	19 city · county 33 case	25 city · county 53 case
Bury	• 392 farm • 5.285 M(head)	• 460 farm • 2.80 M(head)	• 1,500 farm • 10.204 M(head)	• 286 farm • 6.473 M(head)
Serotype	H5N1	H5N1	H5N1	H5N1
Restoration of Clean Country Status	'04. 9. 21.	'07. 6. 18.	'08. 8. 15.	'11. 9. 5.
Financial Requirement (billion won)	87.4	33.9	181.7	80.7
No.	5th	6th	7th	8th
Time	'14. 1. 16.~'15. 11. 15. (669 days)	'16. 3. 23.~'4. 5. (14 days)	'16. 11. 16.~'17. 5. 12. (178 days)	'17. 11. 17.~'18. 2. 8. (84 days)
Region and number of case	19 city · county 38 cases	2 city · county 2 cases	69 city · county 419 case	12 city · county 18 case
Bury	• 809 farm • 13.972 M(head)	• 5 farm • 1.2 K(head)	• 946 farm • 37.87 M(head)	• 87 farm • 4.34 M(head)
Serotype	H5N8	H5N8	H5N6형/H5N8	H5N6
Restoration of Clean Country Status	'16. 2. 28.	'16. 8. 18.	-	-
Financial Requirement (billion won)	238.1	0.4	229.1	37.7

동안 많은 피해를 발생시키는 HPAI는 가금산업 및 국가의 동물방역 기금에 막대한 피해를 주고 있다(표 1).

가축질병의 지속적인 발생에 따라 가축질병 자체에 대한 수의학적 연구뿐만 아니라, 가축질병의 발생요인과 전파양상을 GIS를 통해 분석하여 가축질병 예방 및 선제적 방역조치에 도움을 주기 위한 연구가 지속적으로 이루어져 왔다. 살처분 매몰지 및 가금농가 위치정보를 통한 시공간 군집분석(Bae *et al.*, 2013; Moon *et al.*, 2014), 가상방역훈련 및 방역권역 설정을 위한 축산차량 이동데이터 활용한 권역 설정(Pak and Bae, 2016; Park *et al.*, 2016; Lee *et al.*, 2019), 가금농장 및 축산시설 간 소셜네트워크 분석(Bae *et al.*, 2016), HPAI 감염농장의 특성을 바탕으로 차후 HPAI 감염 가능 농장을 예측(Eon *et al.*, 2017), 고병원성

가축질병의 발생빈도와 높은 상관성을 보이는 요인들의 지역 별 영향력 수준을 가늠(Hong *et al.*, 2018), 전국단위의 HPAI 공간적 발생 양상을 설명하기 위한 확률모형 기반의 연구(Choi and Park, 2019), HPAI 발생 위험요인과 관련된 공간자료를 통합하여 위험 예측모형을 구축하고, 발생 고위험 지역을 추정(Pak *et al.*, 2019), 농장의 지리적 특성이 HPAI에 미치는 영향을 분석(An *et al.*, 2019)하는 연구 등이 이루어져 왔다.

가금농가 밀집지역에 관한 연구가 많이 이루어진 현재 시점에, 해당 지역의 실제 발병한 가금농가의 지리적 입지가 다른 농가와 어떤 특징적인 차이가 있으며, 확률적으로 가축질병이 발생할 확률이 높다고 판단되는 조건은 어떤 것인지 더 세부적으로 파악해야 한다. 따라서 본 연구에서는 여러 입지요인 중 일반적으로 사용할

수 있는 입지요인들을 추려내어 가금농가의 발병 여부와와의 관계를 로지스틱 회귀분석으로 파악해 더 높은 감염확률을 가진 가금농가가 어떤 조건에 분포하는지 파악하고자 한다.

연구 범위 및 방법

1. 시간적 범위

7차 HPAI는 2016년 11월 16일 전남 해남 산란계 농장에서 H5N6형, 2017년 2월 6일 전북 김제 산란계 농장에서 H5N8형이 발생하였고 2017년 6월 19일까지 약 7개월에 걸쳐 13개 시·도, 69개 시·군·구에서, 419건이 발생하였다(MAFRA, 2017). 총 3,787만 두를 매몰처분했으며 이에 따라 발생한 재정 소요액은 2,291억 원에 달한다. 지금까지 발생했던 역대 HPAI 중에서 5차 HPAI가 재정 소요액은 가장 높지만, 너무 오랜 기간 동안 HPAI가 진행된 탓이 크고, 실제 발생 건수는 7차 HPAI에 미치지 못한다. 7차 HPAI는 비교적 짧은 기간 동안 넓은 범위에서 큰 피해를 안긴 시기로, 종합적인 입지 조건을 판단하기에 적합한 시기라고 판단하였다. 따라서 본 연구의 시간적 범위는 2016~2017년 발생한 7차 HPAI 발생기간으로 하며 7차 HPAI의 발생 기간은 2016년 11월 16일부터 2017년 6월 19일까지이며 동 기간 발생농가 정보와 공간정보 데이터를 포함한다.

2. 내용적 범위

본 연구에 사용하는 가금농가 데이터는 농림축산검역본부(KAHIS)에서 제공하는 정보와 “16/17년 고병원성 조류인플루엔자 역학조사 분석보고서(농림축산식품부, 2017)”를 기반으로 가금농가의 주소, 사육 두수, HPAI 감염 여부 등의 데이터가 사용되었다. 또한 도계장, 도압장, 사료공장 등의 위치정보 데이터도 사용하였다. 지역의 입지요인을 찾기 위해 표준노드링크 지능형 교통체계 관리시스템에서 제공하는 도로망 정보, 국토지리정보원에서 제공하는 고도 및 경사, 국가수자원관리종합정보시스템에서

제공하는 하천망 정보, 한국농어촌공사에서 제공하는 저수지 정보, 환경부에서 제공하는 주요 철새도래지 정보 등을 사용하였다.

3. 연구 대상지 선정

경기도 남부-충청남도 동부-충청북도 서부 일대는 다른 지역에 비해 HPAI를 비롯한 가축 질병이 빈번하게 발생하는 지역으로 철새도래지 및 저수지 인근에 가금농가가 집중 분포하는 지역(Cho *et al.*, 2017)이다. 1차 감염 농가에 대한 방역 성과가 질병의 조기 차단 혹은 주변 지역으로의 광범위한 확산을 판가름(Bae *et al.*, 2019)하기 때문에 해당 지역은 지속적으로 선제적인 방역을 실행했거나, 실패할 수밖에 없는 구조적인 문제를 가지고 있다고 의심해볼 수 있는 지역이다. 따라서 해당 지역의 특징적인 가금농가 입지요인을 살펴보고자 한다. 일반적인 방역 업무가 지방자치단체 주도로 이루어지기 때문에 행정구역을 기준으로 연구지역을 선정하였으며, 구체적인 연구 지역은 대전광역시, 충청남도, 충청북도, 경기도 남부 지역인 수원시, 성남시, 안양시, 광명시, 평택시, 안산시, 과천시, 시흥시, 군포시, 의왕시, 용인시, 이천시, 안성시, 화성시, 광주시, 여주시와 세종특별자치시이다.

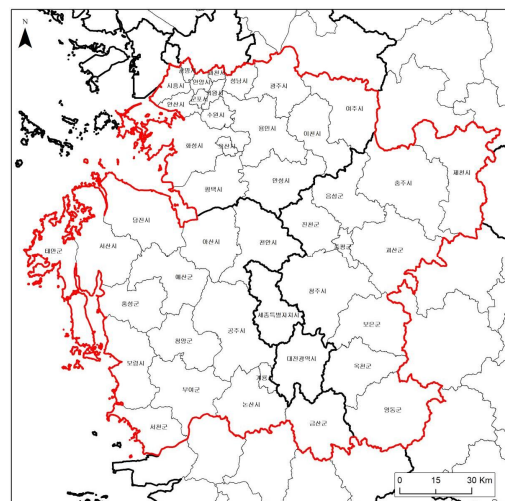


FIGURE 1. Study area

4. 연구 수행 방법

데이터를 지오코딩하고 각 항목들과 가금농가의 거리를 계산하여 입지정보를 구축하였다. 입지정보 구축에는 ArcGIS Pro 2.4.3(Esri), ArcGIS 10.3.1(Esri)을 사용하였다. 구축된 정보들 중에서 적합한 변수만을 사용하기 위해, 일반 가금농가 현황 분석, 선행연구 분석을 진행하여 HPAI 감염 농가의 입지 특성을 파악하였다. 또한 기술한 대로 연구대상지 선정을 위해 공간자기상관 분석을 시행하였다. 공간자기상관 분석에는 GeoDa 1.12(Exploring Spatial Data with GeoDa™)를 사용하였으며 인접 지역에 대한 공간가중치 적용 방법에서는 인접한 모든 객체에 대하여 가중치가 반영되는 Queen contiguity를 적용하였고, 가중치 적용 범위를 결정하는 Order of contiguity는 '1'을 적용하였다. 분석 결과의 지도화 작업에는 ArcGIS를 사용하였다. 적합하다고 판단된 변수들을 통해 해당 변수들과 가금농가의 HPAI 감염 여부의 관계를 로지스틱 회귀분석을 통해 분석하였고, 그 결과를 통해 예측확률을 생성하고 입지요인에 따른 HPAI 감염 확률을 분석하였다. 로지스틱 회귀분석과 감염확률 분석은 통계분석 프로그램인 R 3.6.3(The R Foundation)의 GLM(Generalized Linear Model)함수를 중심으로 시행되었다. 결과를 바탕으로 입지요인에 따른 해당 지역을 도출하였다.

본 연구의 가설은 첫째, '가금농가가 밀집되어 있을수록 HPAI 감염 확률이 감소한다.' 둘째, '2차선 이상의 주요 도로와 가까울수록 HPAI 감염 확률이 감소한다.' 셋째, '주요 철새도래지와 가까울수록 HPAI의 감염 확률이 감소한다.' 라는 것이다.

종속변수와 독립변수 간의 상호 관련성에 대해 분석할 때 가장 일반적으로 사용하는 분석방법이 회귀분석이다. 하나의 독립변수와 종속변수와의 관계를 분석할 때는 단순회귀분석, 여러 개의 독립변수와 종속변수와의 관계를 분석하고자 할 때는 다중회귀분석을 사용한다. 일반적인 선형회귀모형에서는 독립변수들에 의해서 종속

변수의 변화가 직선적(연속적)으로 변화한다고 가정한다. 하지만 본 연구의 종속변수는 HPAI의 발생 여부를 예(1), 아니요(0)의 두 그룹으로 나누는 명목변수(이항변수, Binary variable)이기 때문에 0.5 같은 중간값은 존재하지 않으며 따라서 일반 선형회귀모형으로 분석하기에는 적합하지 않다. 또한 명목 변수는 오차항의 정규분포와 등분산성을 가정하기 어려우므로 선형회귀모형을 적용할 수 없는 한계가 있으며, 만일 종속변수가 명목변수임에도 선형회귀모형을 적용할 경우 설명변수의 크기 효과가 왜곡될 가능성이 높다(An et al., 2019). 이에 반하여 로지스틱 회귀분석(Logistic regression model)은 종속변수가 명목변수일 때 주로 사용되는 분석 방법으로, 종속변수와 독립변수와의 관계를 비선형이라 가정하여 로지스틱 회귀계수를 추정한다. 따라서 종속변수가 이항변수일 경우, 일반적으로 두 개의 값만을 가지는 종속변수와 독립변수들의 관련성을 분석할 수 있다.

아래 식 1에서, P 는 가금농가가 HPAI에 감염될 확률인 종속변수이며, β_0 는 추정계수, $\beta_1 X$ 는 독립변수를 의미한다고 가정했을 때, 일반적인 선형회귀모형에서는 P 값은 $(-\infty, \infty)$ 값을 가질 수 있다.

$$P = \beta_0 + \beta_1 X \quad (1)$$

하지만 로지스틱 회귀분석의 P 값은 확률이기 때문에 (0, 1) 사이의 값을 가진다. 따라서 일반선형회귀모형의 식 1에 양변에 로그를 취해 결과 계수를 로그 승산비(Odds ratio)로 나타낼 수 있도록 하여 선형식으로 표현하면 식 2와 같다.

$$\log\left(\frac{P(y=1)}{1-P(y=1)}\right) = \beta_0 + \beta_1 X \quad (2)$$

이와 같은 변환을 로짓 변환이라고 한다. 선형회귀분석에서의 최소 자승법(LSM : Least-Squares Method)은 잔차의 제곱합을 최소화하

여 회귀계수를 추정하지만, 로지스틱 회귀분석에서는 우도(Likelihood) 즉, 사건의 발생가능성을 크게 하는 최대 우도 추정법(MLE : Maximin-Likelihood Method)을 이용하여 계수를 추정한다(Lee *et al.*, 2006). 식 2에서 알 수 있듯이, X 가 한 단위 증가하면 승산비가 $\exp(\beta_1)$ 만큼 변화한다는 것을 의미한다. 즉, X 가 1 증가했을 때, 승산비가 1보다 클 경우 HPAI 발생 확률이 증가하고, 1보다 작을 경우에 감소한다는 것을 의미한다.

회귀분석을 위해 먼저, 각 변수의 형태를 분석하고 적절한 형태로 가공하였다. 종속변수는 HPAI 감염 여부로, 1:감염, 0:미감염의 범주형 변수로 구성하였다. 독립변수인 반경 3km내 가금농가의 개수, 주요 도로와의 거리, 주요 철새도래지와의 거리는 모두 연속형 변수인데, 분석과 해석의 용이성, 각 변수 간 영향력의 차이를 검증하기 위해 한 개의 연속형 변수를 범주형 변수로 바꾸어 구성하였다.

분석 및 고찰

1. 가금농가 입지 특성

연구대상지 내에는 야생조류와의 접촉 가능성을 나타내는 입지요인으로 주요 철새도래지와 하천 및 저수지가 많이 분포하며, 축산시설인 도계장과 사료공장도 다수 입지하고 있다. HPAI의 2차 감염에는 이미 감염된 지역의 인접감염이나 농가 혹은 시설을 방문한 차량과 사람에 의한 감염이 대부분을 차지한다. 따라서 HPAI 감염에 영향을 줄 수 있는 여러 자연환경 및 인공시설과 가금농가와의 거리가 중요한 입지요인이라고 할 수 있다. 본 연구에서는 자연환경 중에서 주요 철새도래지와의 거리, 하천 및 저수지와의 거리를 측정하였으며 인공시설로는 도로와의 거리, 사료공장과의 거리, 도계(압)장과의 거리를 측정하였다. 모든 거리는 가금농가와 가장 가까운 곳과의 거리를 미터(m)로 측정하였다.

가축질병 발생, 전파, 확산에 영향을 주리라

고 예상하는 모든 입지요인이 의미 있는 영향을 끼치는 것이 아니라는 것은 많은 선행 연구에 의해서 밝혀진 바 있다. 따라서 본 연구에서는 일반적으로 다양한 지역과 상황에서 사용할 수 있도록 보편적인 입지요인들을 구분하고자 하였다. 따라서 선행연구 분석을 통해 다양한 입지요인을 선정하거나 제외하는 과정을 거쳤다. 또한 본 연구는 가축질병 발생과 가금농가 입지요인과의 관계를 알아보기 위해 회귀분석을 시행하는데, 회귀분석의 특징 중 하나는 독립변수의 개수가 너무 많을 경우 그 해석과 활용에도 너무 많은 노력이 들어가기 때문에 너무 많은 독립변수를 사용하면 안 된다는 것이다(David W., 2004).

따라서 측정한 입지 데이터 중 분석에 적합한 입지요인은 다음과 같다. 첫째는 가금농가의 밀집 정도이다. “가금농가의 밀집 정도는 HPAI의 감염 및 전파에 많은 영향을 끼친다(박선일 외, 2019; An *et al.*, 2019).” 는 연구 결과가 다수 존재하며 이에 따라 가금농가의 밀집지역을 다양한 방법으로 구분해내기 위한 연구가 지속적으로 진행되고 있다. 이와 같이 가금농가의 밀집도는 중요한 입지요인이라고 할 수 있다. 다만 ‘밀집되었다고 판단하는 거리를 얼마로 하는가’ 에는 이견이 있을 수 있지만, 2018년 개정된 “조류인플루엔자 긴급행동지침(MAFRA, 2018)” 에서 발병농가 반경 3km를 예방적 살처분 범위로 규정하고 있기 때문에 본 연구의 첫 번째 중요한 입지요인으로 ‘반경 3km 이내의 가금농가 수’ 를 선정하였다.

둘째는 도로와의 거리이다. 도로와의 거리는 가금농가의 접근성에 따른 감염 가능성을 가늠하는 것으로, HPAI 유행 초·중반기에 차량을 통한 감염이 많은 것(Pak and Bae, 2016; Bae *et al.*, 2016; MAFRA, 2017; Lee *et al.*, 2019)을 토대로 중요한 입지 조건으로 선정하였다. 다만, 모든 도로를 변수로 사용할 경우 소로(小路)에 접한 가금농가가 실제로는 접근성이 떨어지지만 도로와의 거리는 매우 가까워서 접근성이 좋다고 판단할 가능성이 있어 변별력이 떨어지기에, 도로의 범위를 2차선 이상의 주요

도로로 정의하였다(Bae *et al.*, 2019).

셋째와 넷째는 주요 철새도래지와와의 거리와 하천 및 저수지와와의 거리이다. HPAI의 초기 국내 유입경로는 시베리아로부터 날아오는 철새가 보균상태에서 국내로 살아서 유입되는 경우로 대부분 추정된다(MAFRA, 2017). 철새가 국내에 들어와서 머무는 장소는 주로 물이 있는 장소이기에 하천 및 저수지와와의 거리가 중요한 입지요인이 될 것이라고 보는 것이 일반적이다. 하지만 모든 하천과 저수지에 철새가 머무는 것은 아니며 야생조류 항원 검출 지점을 고려했을 때, 하천·저수지와와의 거리보다는 철새들이 주로 머무는 곳인 주요 철새도래지와와의 거리가 더 중요한 입지요인이 될 수 있다(Pak *et al.*, 2019).

다섯째는 가금농가와 도계장, 사료공장과 같은 축산시설과의 거리이다. 축산시설과의 거리는 가금농가가 실제로 거래하는 축산시설인지 알 수 없으며 이러한 축산시설과의 거래에서 거리는 크게 영향을 끼치지 않는기 때문에 역시 의미 있는 입지요인이 되지 못한다(Pak and Bae, 2016; Park *et al.*, 2016).

2. HPAI 감염 확률 분석

주요 철새도래지와와의 거리를 범주형 변수로 구성하였을 때, 모든 변수에서 통계적으로 유의미한 결론이 도출되었다. 세 독립변수를 모두 범주형 변수로 각각 구성해본 결과, 주요 철새도래지와와의 거리를 범주형 변수로 구성하는 것이 결과 해석과 확률 예측에 가장 적합하다고 판단하였다. 따라서 주요 철새도래지와와의 거리

를 범주형 변수로 변환하고, 나머지 독립변수는 연속형 변수 형태로 분석하였다.

로지스틱 회귀분석의 회귀계수는 독립변수 한 단위가 변화할 때, 종속변수의 $\log(\text{odds})$ 의 변화를 나타낸다. D_3k 한 단위가 증가하면, 즉 가금농가 반경 3km내에 다른 가금농가의 수가 1증가하면 HPAI에 감염될 $\log \text{ odds}$ 가 0.014 증가한다. D_road 한 단위가 증가하면, 즉 가금농가와 2차선 이상인 주요 도로와의 거리가 1m 멀어지면, HPAI에 감염될 $\log \text{ odds}$ 가 0.0009 감소한다. DR_Bird가 rank2에 해당한다면 DR_ird 1에 비해, 즉 가금농가와 주요 철새도래지와와의 거리가 15km 이하인 가금농가에 비해 15~30km인 가금농가가 HPAI에 감염될 승산비가 0.614 감소하고, 15km 이하인 가금농가에 비해 30km 초과인 가금농가가 HPAI에 감염될 승산비가 2.155 감소한다.

독립변수가 한 단위 증가하면, 승산비(Odds Ratio)가 1보다 크면 그만큼 확률이 증가하고, 1보다 작으면 그만큼 확률이 감소한다. 이에 따라 승산비를 해석하면 다음과 같다. 첫째, D_3km 한 단위(3km내 가금농가 1개)가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 10.9% 증가한다. 둘째, D_road 한 단위(2차선 이상 주요 도로와의 거리 1m)가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 0.001% 감소한다. 셋째, DR_Bird가 1에서 2로 변화하면(주요 철새도래지와와의 거리가 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 15~30km로 변화) HPAI에 감염될 확률이 DR_Bird1에 비해 46.0% 감소한

TABLE 2. Result of logistic regression analysis

	Estimate	Odds Ratio	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-1.51529***	0.21974	0.152984	-9.905	< 2e-16
D_3k	0.10404***	1.10965	0.013117	7.932	2.16E-15
D_road	-0.00095***	0.99905	0.00018	-5.273	1.34E-07
DR_Bird2	-0.61448***	0.54092	0.153422	-4.005	6.20E-05
DR_Bird3	-2.15583***	0.11580	0.245285	-8.789	< 2e-16

*D_3k - Number of poultry farms within a 3km radius of poultry farms

D_road - The distance between poultry farms and major roads

DR_Bird2 - Less than 15 km to 30 km away from major migratory birds

DR_Bird3 - Less than 30 km to 45 km away from major migratory birds

다. 넷째, DR_Bird가 1에서 3으로 변화하면(주요 철새도래지와 거리 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 30km 이상으로 변화) HPAI에 감염될 확률이 DR_Bird1에 비해 88.5% 감소한다.

이와 같은 회귀분석 결과를 통해 첫째, ‘가금농가가 밀집되어 있을수록 HPAI 감염 확률이 감소한다.’를 기각하고 대립가설인 ‘가금농가가 밀집되어 있을수록 HPAI 감염 확률이 증가한다.’를 채택한다. 둘째, ‘2차선 이상의 주요 도로와 가까울수록 HPAI 감염 확률이 감소한다.’를 기각하고 대립가설인 ‘2차선 이상의 주요 도로와 가까울수록 HPAI 감염 확률이 증가한다.’를 채택한다. 셋째, ‘주요 철새도래지와 가까울수록 HPAI의 감염 확률이 감소한다.’를 기각하고 대립가설인 ‘주요 철새도래지와 가까울수록 HPAI의 감염 확률이 증가한다.’를 채택한다.

3. 확률을 통한 입지요인 분석

본 연구에서는 예측확률(Predicted Probability)을 분석함으로써 각 독립변수가 종속변수에 어떤 결과를 미치는지를 시각화한다. 다만, 예측확률은 단순히 예측일 뿐이며 실제 각 변수의 조건에 해당하는 가금농가에 가축질병이 발생할 확률을 수치로 못 박는 것은 아니다. 상대적으로 다른 조건을 가진 가금농가에 비해 가축질병이 발생할 확률이 높고 낮은지를 변수의 영향력을 통해 파악하는 것이다.

예측확률 그래프 분석에서 가장 중요한 것은 각 곡선의 음영이 겹치는지의 여부를 파악하는 것이다. 그래프의 음영이 겹치는 부분이 존재한다면, 그 부분부터는 해당 조건이 통계적으로 유의미하지 않아서 그 의미가 퇴색된다는 것을 의미한다. 따라서 수치적으로 높은 확률이 나온 구간의 곡선보다 곡선의 음영이 겹치지 않는 구간이 더 중요하며 의미가 있다(Hosmer *et al.*, 2000; Long, 1997).

주요 도로와의 거리 변수를 평균값으로 고정하고 철새도래지와 거리 3km 내 가금농

가의 수 변수의 영향력을 탐지하였다. 그림 4의 그래프에서 주요 도로와의 거리를 554m(평균)로 고정하고 반경 3km 내 가금농가 수 변수에 따른 예측확률을 분석하였다. D_3km가 감소함에 따라, DR_Bird 순위가 낮음(rank 1 > rank 3)에 따라 예측확률이 감소하는 것으로 각 곡선이 반비례를 보이고 있다. 즉, 반경 3km 내 가금농가 수가 적을수록, 주요 철새도래지와 거리 3km 내 가금농가 수가 가까울수록 HPAI에 감염될 예측확률이 증가한다. 또한 주요 철새도래지와 거리 30km 이내인 가금농가에 비해 주요 철새도래지와 거리 30km 이상인 가금농가에서 예측확률이 현저히 낮은 것으로 해석된다. 또한 DR_Bird 모든 rank에 걸쳐, ㉞구간보다 ㉠구간에서 곡선의 기울기가 더 큰 것으로 말미암아 3km 내 가금농가 수가 많아질수록 예측확률이 급격하게 증가하는 것을 확인할 수 있다.

그림 4의 ㉠구간에서는 DR_Bird의 rank1, 2 곡선의 음영이 겹치는 것을 확인할 수 있는데, 반경 3km 내 가금농가가 15개를 초과할 때는 철새도래지와 거리 15km 이하이거나 15~30km인지가 HPAI 감염확률에 크게 영향을 준다고 볼 수 없다는 것을 의미한다. 하지만 철새도래지와 거리 30km 이내에 위치한 가금농가가 30km를 초과한 곳에 있는 가금농가보다 크게는 70%까지 감염확률이 높은 것을 확인할 수 있다. ㉞구간은 가금농가 반경 3km 내 가금농가가 15개 이하인 경우에는 철새도래지와 거리에 따라 HPAI 감염확률이 크게는 약 40% 이상 차이 나는 것을 확인할 수 있다.

그래프의 실제 입지 조건 수치를 통해 예측확률 그래프의 각 구간을 실제 연구지역에서 나타내면 그림 5, 6과 같다. ㉠구간은 주요 철새도래지와 거리 30km 이내일 때는 주요 철새도래지와 거리 HPAI 감염 예측확률에 큰 영향을 끼친다고 볼 수 없기 때문에 rank1, 2를 한 곡선으로 취급하였다. ㉠구간에서 주요 도로와의 거리가 평균이며, 3km 내 가금농가의 수가 15개 초과인 지역에서 주요 철새도래지와 거리 30km 이하, 30km 초과인 지역의 감염 비율은 각각 23.6%, 2.4%로 나타난다. ㉞구간

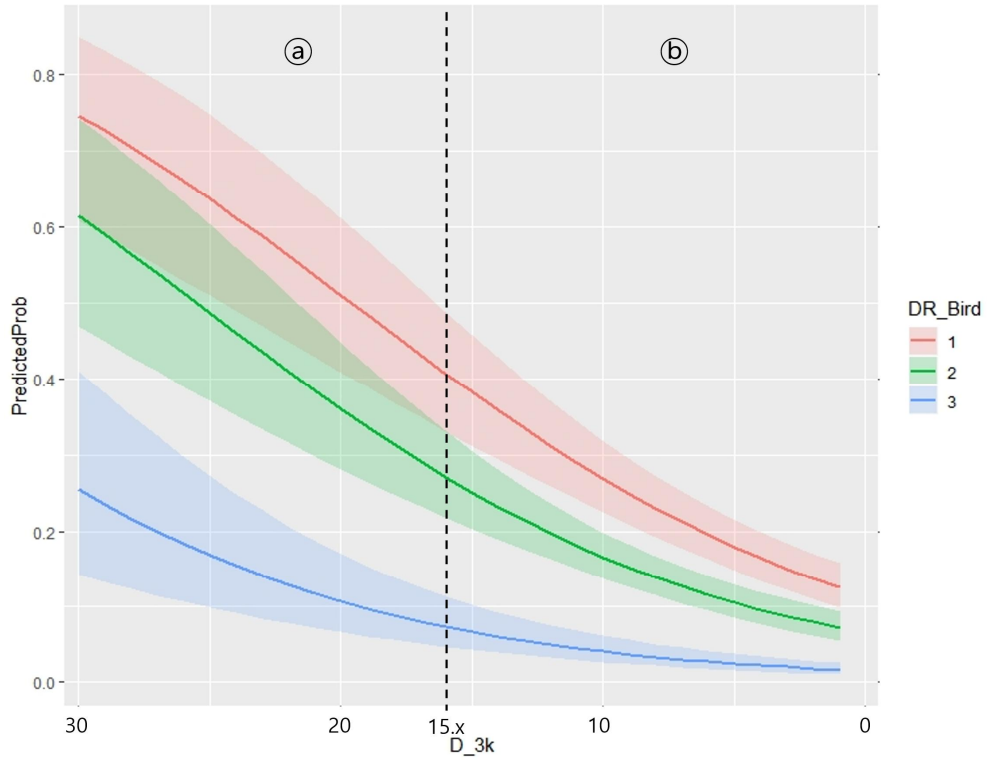


FIGURE 4. HPAI infection probability according to the number of poultry farms with a radius of 3km and distance from migratory birds

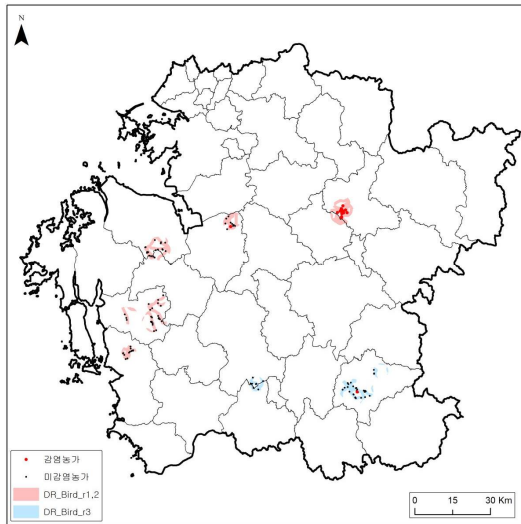


FIGURE 5. Distribution of infected farms in section (a)

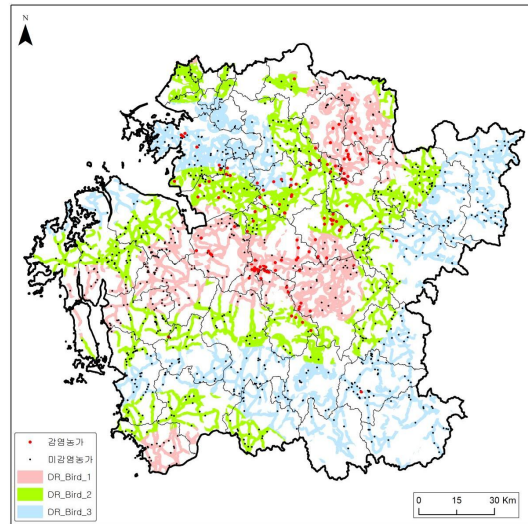


FIGURE 6. Distribution of infected farms in section (b)

TABLE 3. Number of infected farms in section ①

①	All farms	Infected farms	infected rate(%)
DR_Bird_r1,2	89	21	23.6
DR_Bird_r3	41	1	2.4

TABLE 4. Number of infected farms in section ②

②	All farms	Infected farms	infected rate(%)
DR_Bird_r1	312	76	24.4
DR_Bird_r2	440	50	11.4
DR_Bird_r3	391	16	4.1

은 주요 도로와의 거리가 평균이며, 3km 내 가금농가의 개수가 15개 이하인 지역에서 철새도래지와 거리 15km 이내, 15~30km, 30km 초과인 지역의 감염비율은 각각 24.4%, 11.4%, 4.1%로 나타난다. ②구간은 예측확률이 0~50%, ①구간은 15~85%로 ②구간이 ①구간보다 상대적으로 예측확률이 낮지만 실제 지역에서는 ②구간의 상대적으로 높은 예측확률을 가진 지역이 더 높은 감염비율을 보인다. 그래프

와 두 지도의 실제 감염비율을 통해, 평균적인 접근성을 가진, 철새도래지 반경 30km 이내, 반경 3km 내 가금농가가 15개를 초과해 위치한 가금농가가 주변 지역에 비해 가축질병 발생확률이 높다는 것을 확인하였다(표 3, 4).

위 과정과 같이 반경 3km 내 가금농가 수를 평균값으로 고정하고, 2차선 이상의 주요 도로와의 거리를 임의로 생성해, 예측확률을 생성하였다. 그림 7의 그래프에서 3km 이내 가금농가

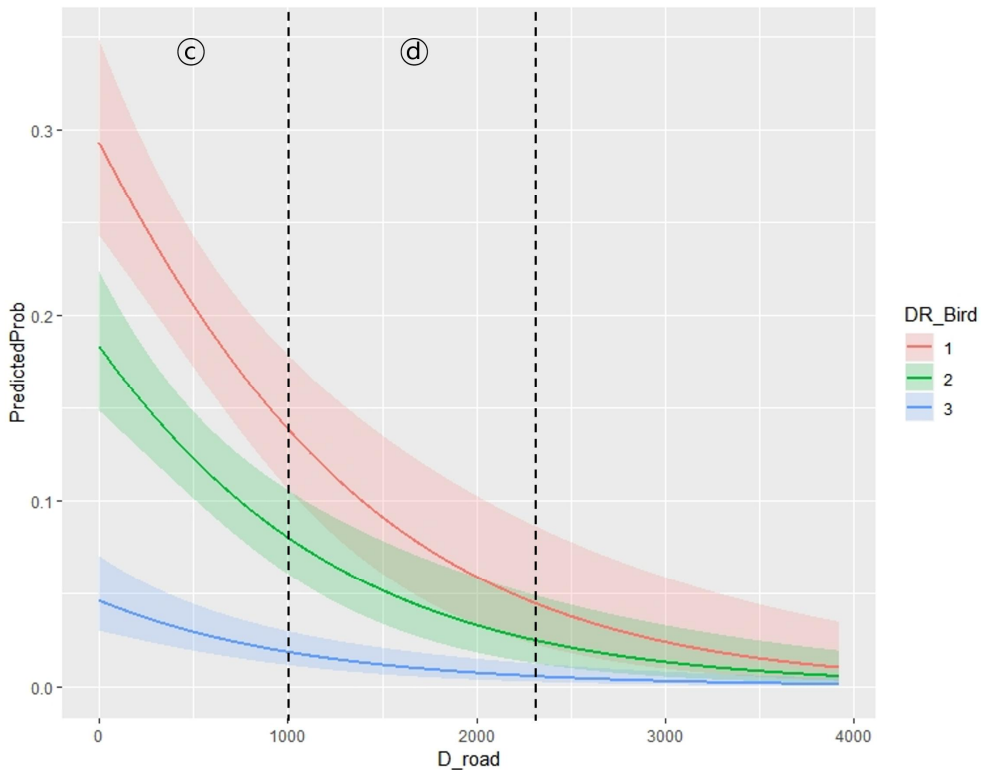


FIGURE 7. HPAI infection probability according to distance from major roads and distance from migratory birds

의 개수를 6개(평균)로 고정하고 주요 도로와의 거리 변수에 따른 예측확률을 분석하였다. D_road가 증가함에 따라, DR_Bird 순위가 낮음(rank 1 > rank 3)에 따라 예측확률이 감소하는 것으로 각 곡선에서 반비례를 보이고 있다. 즉, 2차선 이상 주요 도로와의 거리가 증가함에 따라, 주요 철새도래지와 거리가 증가함에 따라 예측확률이 감소한다. 주요 도로와의 거리를 고정하면 그림 4의 결과와 같이 주요 철새도래지와 거리가 30km 이내에 위치한 가금농가에 비해 주요 철새도래지와 거리가 30km 이상인 가금농가에서 예측 감염확률이 현저히 낮은 것으로 해석된다. 또한 DR_Bird 전 순위에 걸쳐, ㉔구간보다 ㉓구간에서 곡선의 기울기가 더 큰 것으로 말미암아 주요 도로와의 거리

가 가까워질수록 예측확률이 급격하게 증가하는 것을 확인할 수 있다.

그림 7의 ㉓구간은 주요 도로와의 거리 1,000m이하인 경우에 철새도래지와 거리에 따라 감염확률이 크게는 25%가량 차이나는 것을 확인할 수 있다. ㉔구간에서는 DR_Bird의 rank1, 2 곡선의 음영이 겹치는 것을 확인할 수 있는데, 주요 도로와의 거리가 1,000m에서 2,300m이며 주요 철새도래지와 거리가 30km 이내일 경우에는 철새도래지와 거리가 15km 이하이거나 15~30km인지가 HPAI 감염확률에 크게 영향을 준다고 볼 수 없다는 것을 의미한다. 하지만 철새도래지와 거리가 30km 이내에 위치한 가금농가가 30km를 초과한 곳에 있는 가금농가보다 감염확률이 크게는 8%까지 높게

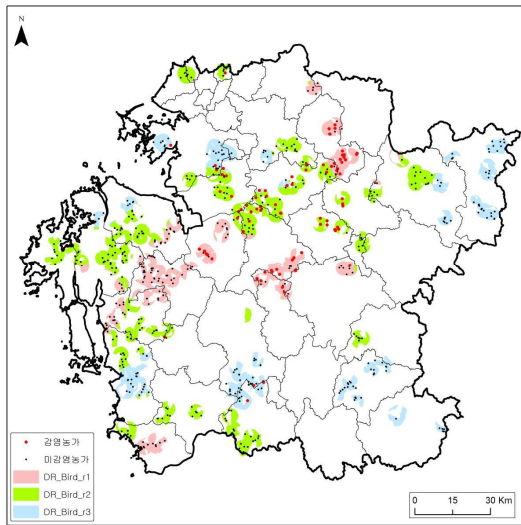


FIGURE 8. Distribution of infected farms in section ㉓

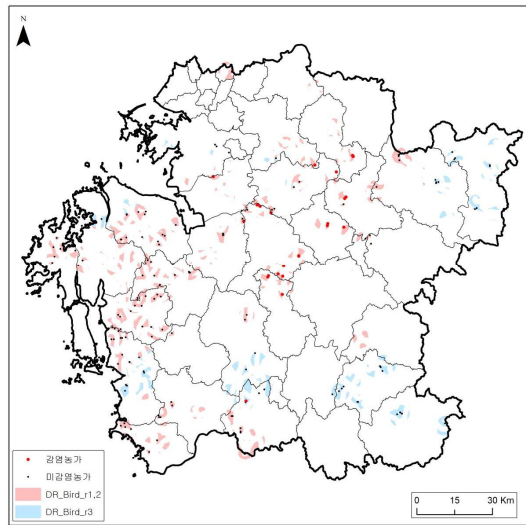


FIGURE 9. Distribution of infected farms in section ㉔

TABLE 5. Number of infected farms in section ㉓

㉓	All farms	Infected farms	infected rate(%)
DR_Bird_r1	170	38	22.4
DR_Bird_r2	294	42	14.3
DR_Bird_r3	188	9	4.8

TABLE 6. Number of infected farms in section ㉔

㉔	All farms	Infected farms	infected rate(%)
DR_Bird_r1,2	128	22	17.2
DR_Bird_r3	47	1	2.1

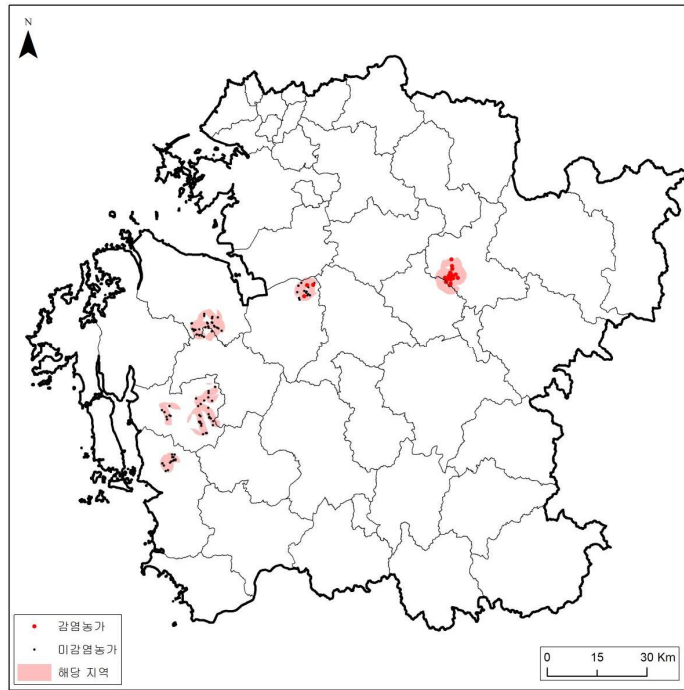


FIGURE 10. Distribution of infected farms in location conditions derived from predictive probability

TABLE 7. Number of infected farms in location conditions derived from predictive probability

All farms	Infected farms	infected rate(%)
127	32	25.2

나타난다.

그래프의 실제 입지 조건 수치를 통해 예측확률 그래프의 각 구간을 실제 연구지역에서 나타내면 그림 8, 9와 같다. ㉓구간은 반경 3km내 가금농가의 개수가 평균(6개)이며 주요 도로와의 거리가 1,000m이하인 지역에서 철새도래지와 거리가 15km이내, 15~30km, 30km 초과인 지역의 감염비율은 각각 22.4%, 14.3%, 4.8%로 나타나며 ㉔구간은 3km내 가금농가의 개수가 평균(6개)이며 주요 도로와의 거리가 1,000m~2,300m인 지역에서 철새도래지와 거리가 30km 이하, 30km 초과인 지역의 감염비율은 각각 17.2%, 2.1%로 나타난다. ㉓구간이 ㉔구간보다

상대적으로 예측확률도 높고, 실제 지역에서도 ㉓구간의 상대적으로 높은 예측확률을 가진 지역이 더 높은 감염비율을 보인다. 그래프와 두 지도의 실제 감염비율을 통해, 평균적인 밀집도를 가진, 철새도래지 반경 30km 이내, 주요 도로와의 거리가 1km이내에 위치한 가금농가가 주변 지역에 비해 발생확률이 높다는 것을 확인하였다(표 5, 6). 예측확률 그래프에 나타난 입지 조건을 통해 실제 지역을 도출한 결과로 확인할 수 있듯이 예측확률 그래프에서는 산출된 예측확률 수치가 높은 구간보다는 각 곡선이 겹치지 않고 구분되어 있는 구간이 더 의미가 있다.

예측확률을 통해 도출한 입지 조건인 주요 철

새도래지와외의 거리 30km 이내, 반경 3km내 가금농가 개수 15개 초과, 주요 도로와의 거리 1km 이내를 적용하여 연구대상지에 나타내면 그림 10과 같다. 해당 지역의 127개의 농가 중 감염농가 수는 32개이며, 감염 비율은 25.2%에 달한다. 특히 충청북도 음성군의 입지 조건 해당 지역은 29개의 농가 중 29개의 농가 모두 감염농가로 파악되어 특정 지역에 집중하는 경향을 보였다. 하지만 충청남도 당진시, 홍성군의 경우에는 조건에 해당하는 지역에 가금농가가 밀집해 분포하지만 감염농가가 분포하지 않는다(표 7). 따라서 입지 조건에 해당하는 지역이 가축질병 감염 확률이 높으나 다른 요인에 의해 가설을 기각하는 사례가 있을 수 있다. 이는 같은 조건을 가진 지역이라도 여러 요인을 고려하여 방역 정책을 지역 별로 차별적으로 적용해야 한다는 것을 시사한다.

결론

본 연구는 가축질병이 밀집되어 발생했던 지역의 감염농가 입지 특성을 파악하여 가금농가의 질병 발생 확률을 분석하고 조건에 해당하는 지역을 도출하여 가축질병 발생 예방과 차별적인 방역지역 선정 및 방역전략 설정의 근거와 보완대책의 기초자료로 사용하기 위해 수행되었다.

본 연구의 결과로는 첫째, 가축질병 발생 가금농가의 입지 특성 분석에 항상 적용할 수 있는 변수는 한정적이다. 다른 입지요인들이 많이 존재하지만 복잡한 조건에 구애받지 않고 일반적으로 적용할 수 있는 입지요인은 가금농가의 밀집도, 차량 접근성, 주요 철새도래지와외의 거리이다.

둘째, 연구대상지의 HPAI 발생확률은 입지요인에 따라 다른 결과를 보인다. 반경 3km내 가금농가 1개가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 10.9% 증가한다. 2차선 이상 주요 도로와의 거리 1m가 증가하면 HPAI에 감염될 확률이 전 단위에 비해 0.001% 감소한다. 주요 철새도래지와외의 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 15~30km로 변화하면 HPAI에

감염될 확률이 46.0% 감소한다. 주요 철새도래지와외의 거리가 15km 이내에 가금농가가 위치한 경우에서 30km 이상으로 변화하면 HPAI에 감염될 확률이 88.5% 감소한다. 따라서 귀무가설을 대립가설인 ‘가금농가가 밀집되어 있을수록 HPAI 감염 확률이 증가한다.’, ‘2차선 이상의 주요 도로와 가까울수록 HPAI 감염 확률이 증가한다.’, ‘주요 철새도래지와외 가까울수록 HPAI의 감염 확률이 증가한다.’를 채택하였다.

셋째, 예측 확률을 통한 가축질병 발생 확률이 높은 입지 조건은 주요 철새도래지와외의 거리 30km 이내, 반경 3km내 가금농가 개수 15개 초과, 주요 도로와의 거리 1km 이내이다. 연구대상지에는 해당 지역에 가금농가가 127개 분포하며, 32개의 가금농가에서 HPAI가 발생하여 25.2%의 감염 비율을 보였다. 또한 충청북도 음성군의 해당지역은 전체 29개의 가금농가가 모두 감염되어 특정 지역에 집중하는 경향을 보였으며 이에 따라 지역 별 차등을 둔 방역정책 적용이 필요하다.

현재 우리나라의 방역정책은 지방자치단체 주도로 밀집사육단지 및 농가 밀집지역에 대한 차별적인 대응 없이 모두 일괄적으로 적용하고 있다. 또한 예방적인 방역보다는 1차 발생 이후에 빠르게 상황을 파악하고 차단방역을 실시하는 형태로 진행되고 있다. 본 연구의 결과를 통해 가축질병이 발생할 확률이 높은 지역과 대상 농가에 대해 선제적 방역을 실시하거나 차량을 통제하는 등의 차별적인 방역지역 선정 및 방역전략 설정의 근거와 보완대책 마련에 기초자료로 활용될 수 있을 것이라 판단한다. **KAGIS**

REFERENCES

- An, M.L., Ji, I.B., Bae, S.H., Pak, S.I. and Kim, S.T. 2019. An Analysis of HPAI Risk Factors by Characteristics of Poultry Farm. *Journal of Rural Development* 42(3):173-192 (안미란, 지인배, 배선학, 박선일, 김상태. 2019. 가금 농장의 특성에

- 따른 HPAI 위험요인 분석. 농촌경제 42(3): 173-192).
- Anselin, L. 1995. Local indicators of spatial association—LISA. *Geographical analysis*. 27(2):93-115.
- Anselin, L., Bera, A. K. 1998. Spatial Dependence in Linear Regression Models with an Introduction to Spatial Econometrics, in: Ullah, A. and Giles, D. (eds.). 237-289.
- Bae, S.H., Jeong, H.Y. and Eom, C.H. 2016. Social Network Type Analysis of Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) Outbreaks in South Korea, 2014-2016. *Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies* 19(3):114-126 (배선학, 정해용, 엄치호. 2016. 2014-2016 국내 발생 고병원성조류인플루엔자 (HPAI) 의 사회연결망 (Social Network) 유형 분석. *한국지리정보학회지* 19(3):114-126).
- Bae, S.H., Shin, Y.K., Kim, B.H. and Pak, S.I. 2013. Temporospatial clustering analysis of foot-and-mouth disease transmission in South Korea, 2010~2011. *Korean J Vet Res* 53(1):49-54 (배선학, 신연경, 김병한, 박선일. 2013. 시공간 클러스터링 분석을 이용한 2010~2011 국내 발생 구제역 전파양상. *대한수의학회지* 53(1):49-54).
- Chen, H. X., Shen, H. G., Li, X. L., Zhou, J. Y., Hou, Y. Q., Guo, J. Q., Hu, J. Q. 2006. Seroprevalance and identification of influenza A virus infection from migratory wild waterfowl in China (2004-2005). *Journal of Veterinary Medicine Series B* 53(4):166-170.
- Cho, J.H., Kim, B.E. and Bae, M.K. 2017. A Study on the Characteristic Diagnosis of AI Damage in Chungbuk and the Improvement of Preventive Quarantine Management System. *CHUNGBUK FOCUS* 134:1-25 (조진희, 김보은, 배민기. 2017. 충북 AI 피해 특성진단과 예방적 방역관리체계 개선 방안. *충북 FOCUS* 134:1-25).
- Choi, S.H. and Pak S.I. 2019. Application of a Geographically Weighted Poisson Regression Analysis to Explore Spatial Varying Relationship Between Highly Pathogenic Avian Influenza Incidence and Associated Determinants. *Journal of Veterinary Clinics* 36(1):7-14. (최성현, 박선일. 2019. 공간가중 포아송 회귀모형을 이용한 고병원성 조류인플루엔자 발생에 영향을 미치는 결정인자의 공간이질성 분석. *한국임상수의학회지* 36(1):7-14).
- Dunford, M. and Greco, L. 2006. After the three Italies: wealth, inequality and industrial change. Oxford. Blackwell. pp.1-376.
- Eom, C.H., Pak, S.I. and Bae, S.H. 2017. Analysis of Potential Infection Site by Highly Pathogenic Avian Influenza Using Model Patterns of Avian Influenza Outbreak Area in Republic of Korea. *Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies* 20(2):60-74 (엄치호, 박선일, 배선학. 2017. 국내 조류인플루엔자 발생 지역의 모델 패턴을 활용한 고병원성조류인플루엔자 (HPAI) 의 감염가능 지역 분석. *한국지리정보학회지* 20(2):60-74).
- Hong, S.J., Pak, S.I., Lee, K.N., Cho, K.H. and Lee, G.J. 2018. Spatial Variations of Risk Factors Associated with the Diffusion of Highly Infectious Animal Diseases. *Journal of the Korean Cartographic Association* 18(1):81-91. (홍성조, 박선일, 이광녕, 조기현, 이경주, 2018, 고병원성 가축질병 확산 위험요인의 공간적 분포특성 연

- 구, 한국지도학회지 18(1):81-91).
- Hosmer, David W., Stanley Lemeshow. 2000. Applied Logistic Regression. Interpretation of the Fitted Logistic Regression Model. John Wiley & Sons, New York, pp.47-90.
- Lee, G.J., Pak, S.I, Lee, K.N., Park, J.H. and Hong, S.J. 2019. Animal Infectious Disease Preventive Zone Based on Livestock Vehicle Movement Network. Journal of the Korea Academia-Industrial cooperation Society 20(1):189-199 (이경주, 박선일, 이광녕, 박진호, 홍성조. 2019. 축산차량 이동 네트워크에 기반한 가축 전염병 방역권역 설정. 한국산학기술학회논문지 20(1):189-199).
- Lee, S.I., Cho, D.H., Sohn, H.G. and Chae M.O. 2010. A GIS-Based Method for Delineating Spatial Clusters: A Modified AMOEBA Technique. Journal of the Korean Geographical Society 45(4):502-520 (이상일, 조대현, 손학기, 채미옥. 2010. 공간 클러스터의 범역 설정을 위한 GIS-기반 방법론 연구: 수정 AMOEBA 기법. 대한지리학회지 45(4):502-520).
- Lee, S.S., and Wong, N.S. 2011. The clustering and transmission dynamics of pandemic influenza A (H1N1) 2009 cases in Hong Kong. Journal of Infection 63(4):274-280.
- Lee, Y.J., Park, G.A. and Kim, S.J., 2006. Analysis of Landslide Hazard Area using Logistic Regression Analysis and AHP (Analytical Hierarchy Process) Approach. JOURNAL OF THE KOREAN SOCIETY OF CIVIL ENGINEERS D 26(5D):861-867 (이용준, 박근애, 김성준. 2006. 로지스틱 회귀분석 및 AHP 기법을 이용한 산사태 위험지역 분석. 대한토목학회논문집 26(5D): 861-867).
- Liu, J., Xiao, H., Lei, F., Zhu, Q., Qin, K., Zhang, X. W. and Ma, J. 2005. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. Science 309(5738): 1206-1206.
- Long, J. Scott. 1997. Regression models for categorical and limited dependent variables. Advanced quantitative techniques in the social sciences(7), Indiana University, USA, pp.1-328.
- MAFRA(Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs). 2017. 2016-2017 Highly Pathogenic Avian Influenza(HPAI) epidemiology reports. pp.1-234. (농림축산식품부. 2017. 2016-2017 HPAI 역학조사 분석보고서. 1-234쪽)
- Moon, O.K., Cho, S.B. and Bae, S.K. 2015. Spatio-Temporal Clustering Analysis of HPAI Outbreaks in South Korea, 2014. Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies 18(3):89-101 (문운경, 조성범, 배선학. 2015. 2014년 국내 발생 HPAI (고병원성 조류인플루엔자)의 시·공간 군집 분석. 한국지리정보학회지 18(3):89-101).
- Ord, J. K. and Getis, A. 1995. Local spatial autocorrelation statistics: distributional issues and an application. Geographical analysis 27(4):286-306.
- Pak, S.I. and Bae, S.H. 2016. Link Between Service Coverage of Slaughterhouse and the Potential Disease Transmission: Analyzing the Livestock Movements Data for Simulation Exercise (CPX). Journal of the Korean Cartographic Association 16(1)67-77 (박선일, 배선학. 2016. 가축 질병 가상방역훈련 (CPX) 을 위한 축산차량

- 이동 분석: 도축장의 서비스 범위 분석을 사례로. *한국지도학회지* 16(1):67-77).
- Pak, S.I., Jheong, W.H. and Lee, K.N. 2019. A GIS-Based Spatial Analysis for Enhancing Classification of the Vulnerable Geographical Region of Highly Pathogenic Avian Influenza Outbreak in Korea. *Journal of Veterinary Clinics* 36(1):15-22 (박선일, 정원화, 이광녕. 2019. GIS 공간분석 기술을 이용한 국내 고병원성 조류인플루엔자 발생 고위험지역 분류. *한국임상수의학회지* 36(1):15-22).
- Park, H., Bae, S.H. and Pak, S.I. 2016. Properties of a Social Network Topology of Livestock Movements to Slaughterhouse in Korea. *Journal of Veterinary Clinics* 33(5):278-285 (박혁, 배선학, 박선일. 2016. 도축장 출하차량 이동의 사회연결망 특성 분석. *한국임상수의학회지* 33(5):278-285).
- Subbarao, K. and Katz, J. 2000. Avian influenza viruses infecting humans. *Cellular and Molecular Life Sciences* 57(12):1770-1784.
- UCLA, LOGIT REGRESSION | R DATA ANALYSIS EXAMPLES. <https://stats.idre.ucla.edu/r/dae/logit-regression/>. (Accessed May 6, 2020).
- WHO(World Health Organization). 2013. H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza: timeline of major events. http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/en/. (Accessed May 6, 2020).
- Yeon, Y.K. 2011. Evaluation and Analysis of Gwangwon-do Landslide Susceptibility Using Logistic Regression. *Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies* 14(4):116-127 (연영광. 2011. 로지스틱 회귀분석 기법을 이용한 강원도 산사태 취약성 평가 및 분석. *한국지리정보학회지* 14(4):116-127).
- Yoo, B.O., Park, J.H., Park, Y.B., Jung, S.Y. and Lee, K.S. 2016. Assessment of the Distributional Probability for Evergreen Broad-Leaved Forests (EBLFs) Using a Logistic Regression Model. *Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies* 19(1):94-105 (유병오, 박준형, 박용배, 정수영, 이광수. 2016. 로지스틱 회귀모형을 이용한 상록활엽수림 생육분포 확률 평가. *한국지리정보학회지* 19(1):94-105). **KAGIS**