

國立交通大學

資訊科學與工程研究所

碩士論文

運用「台灣通勤人口暨交通運輸網路模型」探討
新型流感傳播之最佳交通阻絕策略施行方式

**Applying Genetic Algorithms to Evolve The Best
Combination of Traffic Prevention Policies Against
Pandemic Novel Influenza**

研究生：陳碩璜

指導教授：孫春在 教授

中華民國 九十八年十月

運用「台灣通勤人口暨交通運輸網路模型」探討新型流感傳播之最佳
交通阻絕策略施行方式

Applying Genetic Algorithms to Evolve The Best Combination of
Traffic Prevention Policies Against Pandemic Novel Influenza

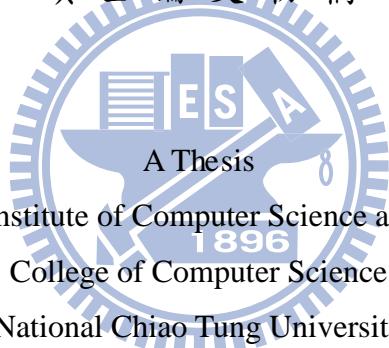
研究 生：陳碩璜

Student : Shuo-Huang Chen

指導 教授：孫春在

Advisor : Dr. Chuen-Tsai Sun

國立交通大學
資訊科學與工程研究所
碩士論文初稿



Submitted to Institute of Computer Science and Engineering

College of Computer Science

National Chiao Tung University

in partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of

Master

in

Computer Science

October 2009

Hsinchu, Taiwan, Republic of China

中華民國九十八年十月

運用「台灣通勤人口暨交通運輸網路模型」探討新型流感傳播之最佳交通阻絕策略施行方式

學生：陳碩璜

指導教授：孫春在 博士

國立交通大學資訊科學與工程研究所

中文摘要

當新型流感於地方爆發感染時，適當的交通阻絕策略能夠延遲傳染病於地域上的擴散並錯開各地區大流行之高峰期，以防止感染人數的爆增，使有限的醫療資源(例如重症病床數)得以控制當下的疫情，讓醫療體系不至於崩潰；此外，疫情的延遲也為政府防疫執行單位爭取時間，規劃佈署其它公衛政策，例如採購抗病毒藥劑、研發疫苗等。

然而，通勤及交通網路結構的異質性會影響新型流感於時間上與地域上的傳播進程，所以必須考量這些要素佈署交通阻絕策略。另一方面，交通阻絕策略能夠帶來防疫成效，卻也造成負面影響，它會阻礙交通、影響當地的經濟活動，而複雜的通勤及交通網路結構使規劃一個造成最小負面影響卻能達到最大成效的交通阻絕策略須要有技術去克服。

本研究提出以基因演算法來優選交通阻絕策略的近似最佳解決方案。並藉由結合通勤及交通網路結構與決定性倉室模型(deterministic compartmental model)，模擬新型流感於台灣爆發感染時的阻絕方法。實驗結果顯示基因演算法能夠依據「新型流感爆發的感染源」與「施行策略的時間點」找到符合效益的交通阻絕策略。除了交通阻絕策略的探討外，本研究的模型與基因演算法也可用來研究其它公衛政策有效的方法，例如數量有限的抗病毒藥劑該如何分配於各個城市，以有效控制疫情。

關鍵字：新型流感、決定性倉室模型(deterministic compartmental model)、複雜網路結構、基因演算法

Applying genetic algorithms for evolving the best combination of traffic prevention policies against pandemic novel influenza

Student : Shuo-Huang Chen

Advisor : Dr. Chuen-Tsai Sun

Institute of Computer Science and Engineering

National Chiao Tung University

Abstract

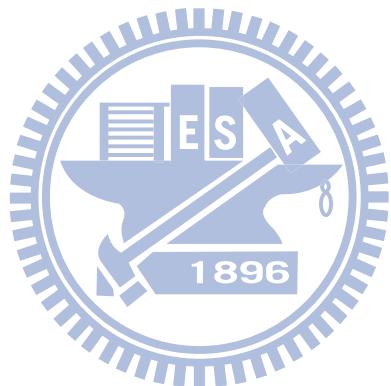
An effective traffic prevention policy can delay the spread of the novel influenza and can decrease the synchrony in timing of epidemics among all cities and rural areas so as to prevent a sudden surge of infections. By doing so, the limited medical resources (Such as the wards for critical care) will be adequate to save the medical system from collapsing. Furthermore, the delay can buy some time for the authorities to formulate other intervention policies, including the procurement of anti-viral medicines from pharmaceutical companies and the development of new vaccine. However, the potential costs of a traffic prevention policy must be taken into account. For example, the policy may impedes the traffic and affects local economic activity.

Due to the great complexity of the transportation network, tailoring a cost-efficient traffic prevention policy could be challenging. In this thesis, a genetic algorithm was applied for finding an optimal traffic prevention policy. Because the heterogeneity of the transportation networks affects the temporal and spatial progression of infectious diseases dramatically, we investigate the planning of efficient traffic prevention policies based on the complete topology structure of the transportation network. With the combination of the deterministic compartmental model—which describes local infection dynamics among individuals—and the transportation infrastructure in Taiwan, we are able to stimulate the transmission dynamics of pandemic novel influenza,

Our experimental results show that our proposed genetic algorithm is able to evolve the optimal traffic prevention policies according to the sources of the outbreaks and the timing of applying the policies respectively. In the future, we can employ this model and genetic algorithms to plan other public health policies, such

as ways to make proper distribution of finite anti-viral medicines to cities in Taiwan, and thus contain the outbreak of pandemic novel influenza.

Keywords: Novel influenza, deterministic compartmental model, Complex Network, Genetic algorithm



致謝

碩士兩年進入尾聲了，我像是收拾好行李準備邁向另一個未知大陸的旅行者，回頭探望我曾棲息的熱鬧小鎮。孫春在老師是我成長過程的啟蒙者，在我剛跨入資訊領域時，教導我們如何獨具慧眼的發掘研究新方向，並要求我們博覽各領域的相關研究，因為看的多，腦袋裡才會有足夠的材料，拼湊出新的觀念、新的點子。老師學識豐富，通曉資訊科學、人文科學、教育心理學等，帶領我們一窺科學與人文結合的美妙之處，也讓我重新思考資訊科學在人類社會裡所扮演的角色，科學是要幫助人們生活的更美好，就好像數位遊戲將輕鬆與樂趣帶入腳步緊湊與繁忙的現代人，還有傳染病傳播動態模擬協助我們制定公衛策略抵禦傳染病的擴散。而學習就是學到過去從未有過的新觀念，那種會震撼人心的新思維，當下會讓人想拍桌子大聲說：「為什麼我沒想過呢？」，而我很驕傲的認為這兩年我學習到很多，足以徹底轉變我的思考方式與價值觀。我也很感謝崇源學長與宇軒學長，兩位前輩是我研究科學的好榜樣與夥伴，願意空出他們寶貴的時間與我討論，並指引我走向研究的正確方向，尤其在我口試前的緊急時刻，崇源學長與宇軒學長拔刀相助，協助我度過難關。還要感謝台灣大學地理環境資源學系的溫在弘老師、台北市立聯合醫院中興院區璩大成院長與交通大學資訊科學與工程研究所胡毓志老師專業指導我公共衛生科學的研究，並提供我寶貴的意見。最後也要感謝在這熱鬧小鎮裡，跟著我一同成長的大家，王豪、聖文、鵬羽、立先、明儒、鈺涵、軍富、謹譽。

目錄

中文摘要	i
Abstract	ii
目錄	v
表 目 錄	vii
圖 目 錄	viii
第一章 緒論	1
1.1 研究背景與動機	1
1.2 研究問題	3
1.3 研究目標	4
第二章 文獻探討	5
2.1 新型流感簡介	5
2.1.1 新型流感的威脅	5
2.1.2 流感疾病特性	6
2.1.3 流感病毒特性	6
2.2 傳染病傳播模型	8
2.2.1 倉室模型(Compartmental Model)	8
2.2.2 Individual-based Model	10
2.2.3 以真實資料建立的複雜網路模型	12
2.3 交通網路結構對新型流感傳播之影響	13
2.4 交通阻絕政策的成效探討	15
2.5 基因演算法	18
第三章 研究方法	23
3.1 個體染病的發展過程	24
3.2 傳染病傳播動態	24
3.2.1 第一層：年齡層內部感染	24
3.2.2 第二層：年齡層之間的感染	25
3.2.3 第三層：區域間透過交通通勤網路感染	26
3.3 交通網路建構	27
3.3.1 地理分區	27
3.3.2 台灣鐵路通勤網路	28
3.3.3 台灣高速鐵路通勤網路	29
3.3.4 台灣國內航線航站通勤網路	30

3.3.5 短程通勤網路	30
3.4 實作交通阻絕策略	31
3.4.1 台鐵站、高鐵站與航空站關閉方式	31
3.4.2 短程通勤網路關閉方式	32
3.4.3 六大防疫分區與交通阻絕策略	33
3.4.4 各種交通阻絕策之探討	35
3.5 評估交通阻絕策略-適應函數(Fitness Function)	36
3.5.1 依據交通阻絕策略延遲各縣市疫情與錯開各縣市疫情高峰期之成效的評估方式	36
3.5.2 依據交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期的成效之評估方式 ...	39
3.6 分析交通阻絕策略	40
3.7 基因演算法	41
第四章 研究結果	45
4.1 台灣通勤交通網路結構探討	45
4.2 交通阻絕策略延遲疫情之效益探討	50
4.2.1 台灣遠程通勤之交通阻絕策略	51
4.2.1.1 新型流感起始於台北市大安區	53
4.2.1.2 新型流感起始於台中市北屯區	66
4.2.1.3 新型流感起始於高雄市三民區	75
4.2.2 台灣短程通勤與遠程通勤之交通阻絕策略	84
4.2.2.1 新型流感起始於台北市大安區	85
4.2.2.2 新型流感起始於高雄市三民區	91
4.3 交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期的能力探討	97
第五章 結論	100
參考文獻	101
附錄	106

表 目 錄

表 3-1 本研究之傳染病參數	27
表 3-2 本研究基因演算法之參數	44
表 4-1 台灣各縣市間單日平均通勤人口數	48
表 4-2 主要分析實驗結果之指標	52
表 4-3 新型流感爆發於台北市大安區於無策略下各縣市疫情高峰期的時間.....	56
表 4-4 對應圖 4-5 所列交通阻絕策略之成效與成本分析.....	59
表 4-5 對應圖 4-5 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數.....	60
表 4-6 新型流感爆發於台中市北屯區於無策略下各縣市疫情高峰期的時間.....	67
表 4-7 對應圖 4-10 所列交通阻絕策略之成效與成本分析.....	70
表 4-8 對應圖 4-10 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數.....	71
表 4-9 新型流感爆發於高雄市三民區於無策略下各縣市疫情高峰期的時間.....	76
表 4-10 對應圖 4-14 所列交通阻絕策略之成效與成本分析	79
表 4-11 對應圖 4-14 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數	80
表 4-12 對應圖 4-17 所列交通阻絕策略之成效與成本分析	87
表 4-13 對應圖 4-17 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數	88
表 4-14 對應圖 4-19 所列交通阻絕策略之成效與成本分析	93
表 4-15 對應圖 4-19 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數	94
表 4-16 模擬傳染病爆發於台北市大安區，基因演算法依據「縣市疫情同步擴散指標」所找到最好策略。	98
表 4-17 對應表 4-16 所列交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。	98

圖 目 錄

圖 2-1 倉室模型(Compartmental model)示意圖	9
圖 2-2 基因演算法流程圖	22
圖 3-1 本研究傳染病傳播動態模型示意圖	23
圖 3-2 個體染病過程	24
圖 3-3 台灣本島 98 個單位區域分佈圖	28
圖 3-4 台灣國內機場與高速鐵路站分佈圖	30
圖 3-5 車站、航站關閉示意圖	32
圖 3-6 關閉短程通勤示意圖	33
圖 3-7 台灣六大防疫分區	34
圖 3-8 各地區感染曲線之正規化與適應函數門檻值	39
圖 3-9 本研究基因演算法流程圖	43
圖 4-1 台灣各縣市對外通勤交通網之一	48
圖 4-2 台灣各縣市對外通勤交通網之二：以各個城市為交通中心來區分	49
圖 4-3 台灣各縣市對外通勤交通網之三：以交通類型區分	50
圖 4-4 新型流感爆發於台北市大安區各縣市感染人數趨勢圖	57
圖 4-5 新型流感爆發於台北市大安區時之近似最佳交通阻絕策略	58
圖 4-6 對應圖 4-5 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效	62
圖 4-7 對應圖 4-5 所列交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期之成效	64
圖 4-8 無法辨識策略好壞的狀況	65
圖 4-9 新型流感爆發於台中市北屯區各縣市感染人數趨勢圖	68
圖 4-10 新型流感爆發於台中市北屯區時之近似最佳交通阻絕策略	69
圖 4-11 對應圖 4-10 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效	73
圖 4-12 對應圖 4-10 所列交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期之成效。	75
圖 4-13 新型流感爆發於高雄市三民區各縣市感染人數趨勢圖	77
圖 4-14 新型流感爆發於高雄市三民區時之近似最佳交通阻絕策略	78
圖 4-15 對應圖 4-14 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效	82
圖 4-16 對應圖 4-14 所列交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期之成效	84
圖 4-17 新型流感爆發於台北市大安區時之近似最佳交通阻絕策略	86

圖 4-18 對應圖 4-17 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效	90
圖 4-19 新型流感爆發於高雄市三民區時之近似最佳交通阻絕策略	92
圖 4-20 對應圖 4-19 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效	96
圖 4-21 比較不同基因演算法錯開各縣市疫情的成效	99



第一章 緒論

1.1 研究背景與動機

2009 年 6 月 11 日世界衛生組織(World Health Organization)宣布新型流感病毒-H1N1 豬源流感病毒(Swing-origin H1N1 virus)已造成全球大流行，截至 2009 年 10 月 4 日已超過 378,223 人證實遭到感染，死亡人數 4,525 人[47]。此外，北半球將進入流感猖獗的冬季，預估感染人數還會以每四至七日成長一倍的速度持續攀升。然而，除了本世紀的第一起大流行，在上個世紀中，就爆發了三次新型流感大流行，每一次的死亡人數介於數百萬至數千萬人[35,39]。在面對來勢洶洶的新型流感病毒，如何制定有效的公衛阻絕策略以減少傷亡人數是科學家與公衛政策決策者共同關心的課題。

公衛阻絕策略依據它所能影響的層面，可分為兩類；一類為區域性的阻絕策略[6,9]，例如關閉公共場所、居家隔離與抗病毒藥劑的發放。另一類則為廣泛性的阻絕策略[22,23,29]，也就是交通阻絕策略，例如城市間的交通通勤的阻絕。在新型流感爆發期間，區域性阻絕策略無法確保已感染者經由遠距交通工具流竄至世界各地，使其它地區爆發瘟疫，而其它地區的感染者也會將病毒帶回到該區域繼續參與感染，讓疫情更加難以控制。加上新型流感的患者有可能在沒有症狀下傳染病毒，這樣的患者無法被察覺，使其行動不受限制，讓傳染病散播至其他區域的機會更大。而廣泛性阻絕策略能夠降低感染者離開疫區至其它未爆發感染地區之機率，以延遲新型流感於地理上的擴散，例如我們可以透過降低全球航線班機數目或機場邊境管制來減少境外移入已感染者的機會，以延遲新型流感於國際間的擴散[22,23,29]，或是經由國家內部的交通管制，避免疾病於縣市間快速的傳播。此外，新型流感傳播的延遲可以為政府爭取時間，規劃佈署其它公衛政策[23]，例如研製疫苗、採購與發放防疫物資、宣導防疫衛生觀念等，且疫情也不至於一發不可收拾造成國家醫療體系難以承受。然而，

區域性與廣泛性公衛政策都須耗費龐大的社會成本，交通阻絕策略更會阻礙經濟活動，造成額外的經濟損失。所以在佈署交通阻絕策略必須一併考慮它帶來的正面效益與負面影響，但過去鮮少有這方面的研究。

今日，規模龐大與緊密的交通運輸網使全球各地緊緊相連，人們可以短時間往返相隔遙遠的兩地，也一併的將傳染病散播至全世界。2003 年的嚴重急性呼吸道症候群(SARS)，於一年內傳遍全球 27 個國家[45]；2009 年 3 月，墨西哥市爆發的 H1N1 新型流感，於 2009 年 8 月中旬已有 177 個國家與地區證實遭到感染[46]，顯示全球交通運輸網對疾病傳播的影響已不可小覷。許多學者將地方或全球交通運輸網納入傳染病傳播動態模型，以探討交通運輸網對傳染病傳播的影響。[3,21,25,26,28,30]

複雜的交通網路結構影響疾病的傳播模式，也進而影響交通阻絕策略的規劃。龐大的交通運輸網屬於異質網路(heterogeneity networks)[21,27,29]，每座城市對外連結的緊密程度不同，對外的每條路線之交通量也相差甚大，以至於各自對傳染病傳播的重要性亦不能平等視之。Albert 等人[31]指出若複雜網路遵循幂次法則也就是所謂的無尺度網路，我們只須刪除佔整體網路極少數對外連結性很強的節點與其連結，整個網路就會破碎成數個互相獨立的小網路。而 Hufnagel 等人[28]指出我們只要封鎖全球前 2%大型都會區的對外交通，就能有效阻礙嚴重急性呼吸道症候群(SARS)於地理上的擴散。因此，須要從巨觀的角度考量整體交通網路結構，來研究傳染病之擴散與交通阻絕策略之規劃[23]。然而，當所考量的交通網路結構越完善，傳染病傳播模擬也會越趨近於真實，而我們所能探討的交通阻絕策略也會越細緻。

除了交通阻絕策略於地理位置上應該如何佈署，我們還須考量策略施行的時間點。若交通阻絕策略太慢實施，新型流感已流傳到外地，此時的策略就完全失效[29]。而策略也不可能一有潛在感染者就立即施行，是否能夠及早偵測到潛在感染者與研擬策略所花的時間都會拖延策略施行的時間點。另外，當新型

流感逐漸擴散時，交通阻絕策略佈署之先後順序也要考量，我們要先關閉那些機場(或車站)，再關閉那些機場(或車站)，如何在不影響過多的通勤人口之情況下，又能維持策略的有效性，是本研究的重點之一。

此外，傳染病於地理上散播時，遠距快速的交通工具不只擴大傳染病傳播的幅員面積也會加速各地疫情的同步爆發[30]，例如高速鐵路、國內與國際航線，使全國乃至於全球各地疫情快速同步，醫療資源瞬間匱乏，造成疫情完全失控，導致更大的災情。是否能透過交通阻絕策略，阻礙疫情同步爆發，好讓現有的醫療體系得以應付，亦是我們所關心的課題。

本研究將探討如何於複雜的交通網路，規劃合適的新型流感之交通阻絕策略。我們提出以基因演算法來尋找近似較佳的交通阻絕策略，依照策略延遲疫情的效果與策略減輕疫情在各地同步爆發的能力，評估每一候選策略的效益，經由演化機制找到可能的最佳解(最佳交通阻絕策略)。而我們將由所找到的一群交通阻絕策略中，探討交通網路結構、傳染病傳播、策略施行時間點與策略效益四者間之關係。另一方面，本研究依據台灣交通分區與重要城市的行政分區將台灣本島分成 98 個區域，並結合台灣內部交通網路結構與決定性倉室模型(deterministic compartmental model)建構了底層區域間的網路模型，其中，台灣內部交通網路結構包含了台灣鐵路、台灣高速鐵路、台灣國內航空航線與短程通勤網路。綜觀而言，整個模型分成三個層次，由下至上分別敘述(1)年齡層內部的傳染病傳播動態、(2)各年齡層間的傳播動態，與(3)跨區域間的傳播動態。

1.2 研究問題

根據研究動機，我們的研究問題如下所列：

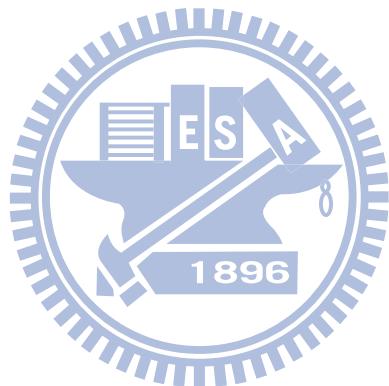
- A. 提出以基因演算法探討新型流感交通阻絕策略效益最佳化之課題。
 - a. 利用基因演算法找出能有效延遲傳染病擴散之交通阻絕策略。
 - b. 利用基因演算法找出能阻礙傳染病於各地同步爆發之交通阻絕策略，使

醫療體系得以應付當下的疫情。

B. 闡明複雜交通網路結構、新型流感傳播、策略施行時間點與策略效益，四者間之關係。

1.3 研究目標

本研究從交通阻絕策略為切入點，試著建立一套以基因演算法為主的方法，來探討公衛政策於成效與成本最佳化之課題。



第二章 文獻探討

2.1 新型流感簡介

2.1.1 新型流感的威脅

2009 年 4 月 29 日，世界衛生組織(WHO)宣布新型流感-豬源流感 H1N1 (swine-origin H1N1 virus) 已能有效的人傳人，並在兩個以上國家造成大規模群聚感染，將疫情等級(pandemic phase)調升至第五等級，2009 年 6 月 11 日再調升至最高等級第六等級，也就是新型流感已造成全球大流行。截至 2009 年 10 月 4 日，世界衛生組織估計全球約有超過 37 萬人證實已遭到感染，其中至少 4,525 人死亡[47]。雖然 H1N1 新型流感目前的致死率與一般季節性流感一樣，但病毒是否會繼續突變成為更致命的型態仍是個未知數[37]。

然而，新型流感對人類的威脅並不是頭一遭，在上個世紀就發生了三次新型流感大流行，其中最嚴重的莫屬於 1918 年西班牙流感(Spanish Influenza,H1N1)。此次大流行造成全世界 5,000 萬人死亡[36]，當時世界人口約只有 18 億人，災情慘重程度可想而知。另外兩次大流行分別為 1957 年亞洲流感(Asian Influenza,H2N2)與 1968 年的香港流感(Hong Kong Influenza, H3N2)，其死亡人數約為一至兩百萬人。

而本世紀初除了此次的 H1N1 新型流感，還有仍蠢蠢欲動的 H5N1 禽類流感病毒。H5N1 病毒株目前仍無法有效的在人際間傳播，人們主要是接觸遭感染的家禽或其排泄物後而被傳染的，但經由候鳥的遷徙病毒已被帶到不同國家[40]，如今亞洲、歐洲與非洲都有零星人類感染病例，截至 2009 年 8 月 11 日止，共有 483 人遭到感染，262 人死亡，死亡率達 54%[48]，而大部分死亡病例都小於 40 歲，這與 1918 年西班牙流感的情況非常相似。此外，當越多人感染了 H5N1 病毒，H5N1 就有越多機會突變演化成適應人類，以致能有效的在人際

間傳染，到時它所帶來的傷亡規模將令人擔憂。

2.1.2 流感疾病特性

新型流感與季節性流感是由病毒引發的一種疾病，病徵主要為呼吸系統的病變，這是因為流感病毒大部分是經由呼吸道黏膜細胞感染人體，嚴重時病毒會促使細胞分泌過多的細胞素，引起強烈的免疫反應，使免疫系統攻擊人體細胞，造成人體系統損壞，例如病毒性肺炎(pneumonia)。而在感染流感的初期，人體會出現類似感冒的症狀，例如發燒、咳嗽、喉嚨發炎與肌肉痠痛等，而病患主要經由飛沫將病毒送到其他個體的鼻腔、呼吸道等黏膜組織致使它人感染。

在感染流感的病程中，病人會先進入潛伏期(latent period)，通常潛伏期只有1~4天，接著病人開始出現病徵且具有傳染力。但是病人也有可能在沒有任何明顯的病徵下感染給其他個體，這使得流感更加難以防範，我們無法只透過患者的表徵來判斷他是否得病[38]，能否開發其他便宜快速的檢驗方式，幫助患者在感染初期就能檢驗出感染，也是科學家努力的方向，即早發現感染可以立即圍堵傳染病的擴散，使大流行不致於發生。

2.1.3 流感病毒特性

流感病毒屬於RNA病毒，而病毒的遺傳物質是由8條單股RNA組成，每條RNA具有1~2個病毒蛋白的遺傳碼[37]。而流感病毒中以A型流感病毒(Influenza A virus)對人類影響最為密切，它是造成20世紀三大流感與本世紀H5N1和H1N1流感的元凶。A型流感病毒依據表面蛋白-血球凝集素(Hemagglutinin，簡稱HA)，可分為16類(H1~H15)；依據另一蛋白-神經胺酸酶(Neuraminidase，簡稱NA)，可分為9類(N1~N9)。血球凝集素負責與宿主細胞的細胞膜上的接受體(receptor)結合，經由細胞的內吞作用(endocytosis)將病毒送入宿主細胞內部。接著病毒佔用細胞的複製系統開始大量複製自己的基因，組

合成千上萬的後代繼續感染其他健康的細胞。當新的病毒後代將脫離宿主細胞膜時，神經胺酸酶負責切除與細胞膜連接的蛋白，將新病毒釋放至周圍組織中[37]。然而，流感病毒之所以能不斷地感染生物體且造成嚴重的病變，是因為它的基因體(genome)快速突變，導致其表面抗原蛋白結構不停轉變，讓新的病毒能夠逃離人體免疫系統的偵測，順利侵入細胞內部。流感病毒的快速突變是透過幾種機制完成的：(1)病毒基因在宿主細胞內的複製過程錯誤率非常高，原因是缺乏校對改錯的機制；(2)不同種(type)的病毒株有機會彼此交換遺傳物質，也就是所謂基因重組(reassortment)，使得不同的病毒特性可以互相分享，以這次 H1N1 新型流感病毒為例，它的基因組由豬流感、禽流感與人流感病毒組合而成，使原本於豬隻間流傳的病毒得以跨物種感染人類，且進一步演化成有效的人傳人[37]。近年來，一些研究顯示豬體內可能是流感病毒基因重組(reassortment)的溫床，主要可能原因是豬氣管的表皮細胞同時擁有人流感(human-type influenza)與禽流感(avian-type influenza)病毒的接受體，當兩種病毒侵入同一隻豬個體時，它們的遺傳物質就可能會互換，導致原本單一物種的流感病毒得以跨物種感染，所以監測豬隻體內流感病毒的變異來幫助瞭解 A 型流感病毒演變成跨物種感染機制是未來努力的一個方向[39]。

2.2 傳染病傳播模型

對流行病學而言，一種病毒、細菌或原生動物(protozoan)如何穩定地於一群宿主間傳播並造成大流行是非常重要的課題[18]。傳染病傳播動態模型提供我們研究此類問題的重要工具。此種模型主要分為兩大類，一為歷史較悠久的倉室模型(compartmental model)，一為近幾年來廣泛被研究的 individual-based model。在這些模型裡，最被流行病學家所關注的就是傳播門檻- R_0 值。 R_0 值是指一個已遭受病原體感染的宿主，在一個未遭受感染且對此病原體無免疫力之群體中，已感染宿主所能夠感染的個體數[1]。而當 $R_0 \leq 1$ ，傳染病不會爆發，反之 $R_0 > 1$ ，傳染病則會爆發大流行(pandemic)。以新型流感感染人類宿主為例， R_0 不只會受新型流感病毒本身的特性影響，例如病毒毒性，也會受到人類對此病毒株的免疫力、氣候、地理環境與人際間的接觸網路(contact network)等因素影響。以下將簡介上述的兩大模型。

2.2.1 倉室模型(Compartmental Model)

倉室模型在傳染病傳播動態的探討已被廣泛使用，而最基本的型式為 SIR 模型[7](圖 2-1)。S-I-R 分別表示個體在發病歷程中的三個狀態(state)，易受感染狀態(Susceptible)、已感染且具傳染力狀態(Infected)、康復且具抵抗力或死亡狀態(Removed)。而傳染病傳播動態方面，倉室模型有一個重要假設：

“在一個群體中，任兩個個體都有機會碰面，且碰面的機率是一樣的。”

換言之，群體內部，個體與個體間所形成的接觸網路是均相的(Homogeneous)，由此假設可以推導出簡單的微分方程來敘述傳染病的傳播動態：

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI / N \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI / N - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (4)$$

$S(t)$ 、 $I(t)$ 、 $R(t)$ 各代表於時間 t ，群體處在 Susceptible、Infectious 與 Removed 三種狀態的個體數，公式 4 則表示群體的大小為常數 N ，不隨時間改變。 β 為傳染率(transmission rate)，也就是當群體皆處於易受感染狀態(Susceptible)下，一個具有傳染力的個體(Infectious)於單位時間內會將疾病傳染給幾個易受感染狀態下(Susceptible)的個體，公式 1 則表示隨著疾病的蔓延，易受感染狀態下(Susceptible)的個體數在群體中所佔比例會逐漸式微，一個具有傳染力的個體(Infectious)單位時間所能傳染的個體數也會依著 S/N 比例下降。 γ 為個體從具有傳染力的狀態(Infectious)轉變成康復或死亡狀態(Removed)的平均機率值，而公式 2 有個假設，就是具有感染力的個體(Infectious)轉變成(Removed)狀態的機率隨著時間呈指數 $-\gamma$ 遞減，由此推得 $1/\gamma$ 則為個體處在具有傳染力狀態(Infectious)的平均時間。綜合以上，我們可以推得 $R_0 = \beta \times \frac{1}{\gamma}$ 。

在倉室模型中，狀態(state)的數目與狀態間流程結構可依傳染病的特性或應用的目的而有所變更。例如流感(Influenza)這類傳染病，通常病患具有潛伏期(Exposed)，所以在原本 SIR 模型加上此狀態，成為 SEIR 模型[1](圖 2-1)。另外，Lipsitch 等人[13]用來模擬 2003 年新加坡 SARS 疫情的模型，為了探討公衛政策對當時疫情的影響，額外增加隔離(quarantined)狀態。總而言之，倉室模型會隨著應用的目的而變得很複雜。

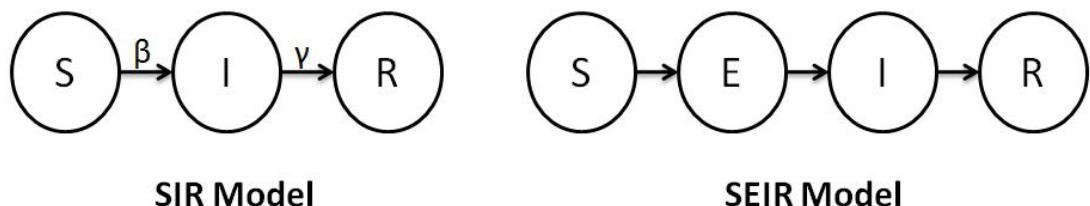


圖 2-1 倉室模型(Compartmental model)示意圖

但是倉室模型由於過度簡化卻忽略了幾個要素[12]：(1)個體間的接觸網路

結構並不是均相的(Homogeneous)，例如我們每個人每天所能夠接觸的人數並不相同，且相差甚大(2)個體所能接觸的其它個體數是有限的(3)真實的人際接觸網路是高群聚度的，舉例而言，Rapoport 提出的三角閉合概念[17]，就是指朋友的朋友也很容易成為朋友(4)任兩個有接觸的個體間疾病傳染率是會變動的，例如 Bob 與家人互動十分頻繁，但與遠方親戚卻很少碰面，若 Bob 本身感染流感，那麼他傳染給家人的機會一定大於遠方親戚。簡言之，倉室模型沒有考量人際接觸網路結構對傳染病傳播動態的影響，而這都影響 R_0 值的估計與傳染病規模的預測[5,11,12]。

2.2.2 Individual-based Model

Strogatz 指出網路結構(Network Structure)特性會影響複雜網路(Complex Network)的動態(dynamic)過程[33]。在流行病學裡，將宿主視為節點(Node)，個體間的關係則以連結(Edge)來表示，連結可以代表個體間的性關係或是接觸關係等，若一個宿主遭受感染，疾病可以透過連結所代表個體間的關係傳染給不同的個體，這樣的複雜網路就是 Individual-based model。

近年來，關於網路結構特性的研究蓬勃發展。Watts 與 Strogatz[34]發現許多自然界的網路結構與人造網路結構存在有小世界(Small-World)現象，例如神經網路(Neuron Network)、食物鏈網(Food Web)、人際間熟識網路、電力輸送網與網際網路等。小世界網路結構具有兩種特性，高群聚度與低分隔度。高群聚度指的是網路中的節點(Node)會群聚在一起，形成一個個小聚落，聚落內部的節點彼此高度相連，但聚落間的連結卻明顯較少，換言之，以人際間熟識網路為例，一個人的朋友們有很大的機會彼此也是朋友；而低分隔度則表示任兩節點間平均最短距離(或稱分隔度)很短，以 Milgram 的六度分隔為例，世界任兩個人的人際距離只相隔六個人，與地球總人口數相比相差懸殊。此外，小世界網路正是介於正規網路(Regular Network)與隨機網路(Random Network)之間。正規

網路中的節點只與相鄰的節點有連結，使其具有高群聚度，但若任取兩節點，它們之間的平均分隔度卻很高。相反的，隨機網路中，任兩節點間是否有連結的機率是一樣的，而這樣連結就是所謂捷徑(shut-cut)，它使的隨機網路任兩節點間的平均分隔度大幅縮減，但群聚度卻很低。然而，在正規網路中，只要填加極少比例的捷徑(隨機於任取兩節點間加上連結)，節點間的分隔度就急速縮減，使它成了同時具有高群聚度、低分隔度的小世界網路[34]。

Barabási 與 Albert[32]則進一步提出無尺度網路(Scale-free network)，意指網路節點的度分配(Degree Distribution)遵循冪次法則(Power -law)， $P(k) \sim k^{-\gamma}$ ， k 為節點的邊數， $P(k)$ 為任一節點有 k 個邊之機率，也就是所謂的度分配(degree distribution)，指數 γ 為正數。冪次分佈與卜瓦松分佈(Poission Distribution)有一個重要差異，就是前者發生偏值的機率相對比後者高，也就是說遵循冪次分佈的無尺度網路擁有極具連結性節點的機率較大。舉例而言，網際網路與全球資訊網(World-Wide Web)等都屬於無尺度網路。Barabási 與 Albert 進一步指出，在網路形成過程中，若新加入的節點傾向與連結性較高的節點產生連結，網路就能自我組織成無尺度網路[32]。然而，無尺度網路非常依賴連結性很強的節點，當我們移除大部分連結性很高的節點時，整個網路會分裂成數個獨立的小網路，所以它很容易遭受刻意攻擊的破壞[31]。

而網路結構的特性是如何改變傳染病的傳播動態呢？許多研究利用滲透模型(percolation model)[10,12]來探討此類問題。滲透模型是以網路結構來表示整個群體，易受感染的個體(Susceptible)以開的節點來表示，其他不易受感染的個體(本身具有一定免疫力)則以關閉來表示。在連結方面，若連結可以將疾病從一個個體傳染給另一個個體則以開表示，反之則關閉。而開的節點間透過開的連結彼此相連，直至遇到關的連結或節點，這樣的組合稱為聚落(Cluster)，而聚落代表傳染病在一個群體中所能擴散的幅員大小。在傳染病傳播動態中，滲透模型有兩個面向要探討，一個面向是節點滲透(Site Percolation)，另一個面向是

連結滲透(Bond Percolation)。前者討論在所有連結皆開的狀態下，至少要多少比例開的節點(代表 Susceptible)，才有較高的機會形成與群體大小同等規模的聚落；後者則表示在所有節點皆開的狀態下，要多少比例開的連結，才有較高的機會形成與群體大小同等規模的聚落，而這樣的比例如就是所謂的門檻值[10]。而透過數學推導，我們可以知道門檻值與節點度分配有著緊密關係[12]。

另一方面，Pastor-Satorras 與 Vespignani[16]利用 mean-field theory 來探討網路結構如何影響傳染病傳播門檻。他們以 SIS 模型描述個體的感染歷程，也就是個體從易受感染狀態至已感染且具感染力狀態再回到易受感染狀態。而當網路趨近於無窮大時，無尺度網路的傳播門檻就消失了，換句話說對任一傳染病，無論其傳染力如何，終究都有很大機率會造成大流行。黃崇源等[4]學者則表示無尺度網路中傳播門檻不存在是因為我們尚未考慮每一個體單位時間能夠傳染的個體數是有限的，若我們考慮個體能力的限制，傳播門檻就存在了，而傳播門檻的存在就代表我們有機會撲滅傳染病的爆發，只要我們能夠將傳染力壓至門檻以下。



然而，上述的模型只是理論性探討網路結構與傳播動態間的關係，而 Meyers 等學者[14]考量了場所對人們接觸模式的影響，利用加拿大溫哥華市人口普查資料，建構了家庭、學校、購物中心與工作場所等人際間的接觸網路模型。他們比對此類模型與無尺度網路的傳染病傳播動態，即使在相同的傳播門檻假設下，當傳染力高過傳播門檻時，前者爆發大流行的機率遠高於後者。這樣的結果顯示，若想真正了解傳染病在人類社會裡真實的傳播動態，我們還須要考量真實人際接觸網路的種種細節。

2.2.3 以真實資料建立的複雜網路模型

由於現實人際接觸網路中的種種細節無法完全被理論模型所考量，我們須要依據人們的生活型態與人口普查資料建立更符合真實世界的網路模型。

黃崇源等人[2]，提出以”分身”概念結合二維晶格的方式建構雙層的人際接觸網路模型。上層代表我們每個個體本身，下層的二維晶格代表我們會出現的活動場所。有鑑於我們在一天內會拜訪不同場所，所以以分身概念將每個個體的分身安插於不同場所，如此符合一個個體可以在一天內經由不同場所來傳播疾病。

Stephen Eubank 等人[19]，詳細調查每個人一天內哪些時間會出現於哪些場所，由此建立二分關聯圖(bipartite graph)描述個人與場所間的關係，也就是若一個人會出現在某場所，此人與此場所就會存在連結。而人們的接觸網路建立在場所內部，也就是當一群人同一時間出現於同一場所，就能推測這群人有很大的機率彼此接觸。另外，我們由這二分關聯圖可以推論出哪些場所時常聚集大量的人潮，或是人們常經過的樞紐，這樣的關聯可以幫助我們瞭解哪些場所可能會助長傳染病的擴散。

Longini 等人[9]，依人們的生活型態，將群聚團體(mixing group)概念納入模型中，例如家庭、社區、學校、工作場所、小孩遊戲場所等。而虛擬個體依據家庭人口數統計與家庭年齡分佈統計分配到每個家庭，另外依照真實社會居家位置與工作場所間的距離之統計資料，將成人分配到鄰近的工作場所，小孩則分配到鄰近學校等。

綜合以上，這些模型皆強調「地域性」在真實人際間接觸網路中扮演重要角色，除了讓模擬更逼近於現實世界，這樣的模型也適合用來探討更細緻的公衛政策，例如關閉學校與公共場所、目標導向的抗病毒藥劑或疫苗發放、居家隔離等，而對政策的成效與成本估計也較準確。

2.3 交通網路結構對新型流感傳播之影響

交通網路連結了每個城市與每個鄉村，感染者可以透過各種交通管道將傳染病帶入一個新的群體，為傳染病找到新天地。而現今世界各地便利且緊密的

交通網使的傳染病的擴散模式變的非常複雜，而這也促使許多科學家利用真實的交通網路數據探討現代交通網對疾病傳播的影響[25,26,28]。

Viboud 等人[30]分析美國本土三十年來(1972-2002)季節性流感於各州的疫情，探討州際通勤人口量如何影響季節性流感在美國本土的蔓延。研究發現，歷年來，任兩州疫情之傳播模式在時間上的同步^{*1}狀況，與這兩州通勤人口量呈正向關係，也就是當兩州間通勤往來越頻繁，這兩州每年季節性流感越容易同步爆發。此外，他們以重力模型來吻合美國各縣間人口通勤量與各縣間距離之關係，其公式為：

$$C_{ij} = \theta \frac{P_i^{\tau_1} P_j^{\tau_2}}{d_{ij}^{\rho}}$$

θ 為常數， τ_1 、 τ_2 與 ρ 為指數常數， C_{ij} 為縣 i 與縣 j 之間的通勤量， P_i 與 P_j 為縣 i 和縣 j 之人口數， d_{ij} 兩縣間的距離，以此來模擬季節性流感於美國本土的擴散。結果顯示，人口眾多且對外交通繁忙的州一旦首先爆發疫情，將迅速傳播到美國本土全境，反之傳染病一開始若爆發於人口稀疏對外交通也不發達的小州，疫情擴散至全境的機率與擴散速度都明顯小了許多。這項研究除了提供通勤網路影響流感傳播的實證基礎，它也表示交通網路結構與人口通勤量對流感爆發的規模和擴散的速度有絕對的影響。

Vittoria Colizza[21]等人探討全球航空網路結構如何影響新型流感於全球主要都市間的蔓延。他們建構涵蓋全球 3,100 座機場與 17,182 航線(囊括全球 99% 國際航線的旅客交通量)的航空網路結構。此網路節點之度分配(degree distribution)遵循冪次法則，而連結本身的交通量之機率分佈則遵循 skewed, heavy-tail distribution。實驗對照組的航空網路是同等規模的 Erdos-Rényi 隨機網路，Erdos-Rényi 隨機網路是屬於均相(homogeneous)的網路結構，它的度分配呈卜瓦松分佈。在網路平均連結度都相等的假設下，比較這兩類網路結構的傳染病傳播動態，發現度分配的異質性(heterogeneous)與連結本身交通量的異質性

會大大改變傳染病的傳播進程。在 Erdos-Renyi 隨機網路中，傳染病在各大城市爆發的時間點容易趨於一至。反之，在真實航空網路中，各大城市傳染病爆發的時程相差較大，這進一步的證明交通網路結構對傳染病傳播動態的重要性。

^{*1} 作者將美國歷年來各州死於季節性流感與肺炎的病例數整理成時間序列(time series)，以星期為時間單位，每個序列各代表一個州。利用數學統計方式計算任兩序列間的相關係數與相度(phase)差，以此代表兩序列間的同步(synchrony)狀況，接著計算這些數值與其它變項間的關係，如州際間的通勤量。[24,30]

2.4 交通阻絕政策的成效探討



Brownstein[20]比對歷年來國際航空交通量與美國季節性流感高峰期之間的關係，推論航空交通量的縮減會延遲季節性流感在美國爆發的時間，實驗指出 2001 年 9 月 11 日的美國恐怖攻擊事件，使國際航線的交通量頓時縮減，加上美國實行邊境管制，讓當季美國季節性流感高峰期延遲了將近兩個星期。這是首次科學家利用真實數據證明國際航線的頻繁程度會影響季節性流感的擴散。

Hollingsworth[29]表示當傳染病於初始感染源爆發時，必須在累積感染者還未到數百人時就必須啟用交通阻絕政策且必須搭配區域性的公衛政策將地方傳染病的 R_0 值壓至 1 以下，其成效才會顯著。主要原因在於若初始感染源累積的感染者過多時，假如已累積成千上萬，有很大的機率感染者已經離開初始感染源到新的城市，這時交通阻絕政策已失去它的效用。另外，若只施行交通阻絕政策，就算施行時間點適當，初始感染源會不斷累積感染者，總有一天一定會有漏網之魚，將傳染病傳到新天地，除非將當地對外交通全部封鎖，但實際上這是很難做到的。不過，單獨交通管制卻可以延遲疫情於城市間的擴散，而延

遲的程度通常為幾個星期或幾個月，要視情況而定，像是病毒傳染力、決策單位下達執行交通阻絕策略的反應速度等。

Hufnagel[28]等人模擬 2003 年嚴重急性呼吸道症候群(SARS)的傳播動態，模型中包含全世界前 500 大城市，並依據國際航空統計資料建構城市間的交通網絡。模擬結果指出封鎖全世界 2% 最大的主要城市與其機場，可以明顯降低嚴重急性呼吸道症候群(SARS)的威脅，且封鎖主要城市的效果比封鎖主要航線來的好。但，就算傳染力相同，新型流感病例數倍增的時間是嚴重急性呼吸道症候群(SARS)的 1/2，也就是新型流感的傳播威力勝過嚴重急性呼吸道症候群(SARS)。在此狀況下，封鎖全世界 2% 最大城市以防新型流感擴散的成效如何，須要進一步探討。另外，單單依賴城市規模來施行交通管制會忽略城市在全球交通網所扮演的角色，換句話說，網路結構的特性沒有被考量進來，這可能會減損交通管制的成效。

Epstein[23]模擬全世界 155 個主要城市新型流感的擴散，而城市間的交通只考量了國際航空網路。此外，模型納入季節對流感傳染力之影響，流感病毒傳染力旺盛時期通常是在冬天。政策成效的計算方式主要為”全部 155 個城市累積感染人數在傳染病開始的第六個月降低了多少”與”美國有第一起境外輸入病例的時間能延遲多久”。交通管制策略有兩種，(1)當初始城市累積感染者至 1000 人時，降低所有城市對外 95%~99% 的交通量，(2)每當一個城市的累積感染者至 1000 人時，降低該城市對外交通量 95%~99%。模擬顯示兩種交通管制策略的成效差不多，但可想而知後者對經濟造成的影響較小。從研究結果中，交通管制策略可以降緩傳染病的擴散，以阻絕對外 95% 交通量的政策為例，在感染爆發的第六個月，累積的感染總數是無政策狀況下的 1/2 至 1/3，但當大流行終了時，總感染人數卻沒有明顯改變，顯示交通管制策略確實可以延緩疫情，卻不能縮小瘟疫的規模。此外，當傳染病開始於七月份時，交通管制會將疫情的高峰期推至流感猖獗的冬天，使瘟疫規模更加嚴重。所以作者認為，交通阻

絕政策要搭配其他的地方性的公衛政策，例如抗病毒藥劑的預防性治療。再者，作者利用 911 恐怖攻擊重創美國國內航線所造成的國內經濟損失，粗略估計新型流感大流行時，若美國施行交通阻絕策略，會造成經濟損失的上限約 1060 億美元，占不到美國國內生產毛額(GNP)的 1%，認為交通阻絕策略是符合經濟效益。

Cooper[22]等人對交通阻絕政策成效分析，採用不同的方式，是計算”所有城市傳染病高峰期所延期時間之平均值”。模型包含了全世界 101 個主要城市，同樣考慮緯度與季節對病毒傳染力之影響，且只考量全球航空交通網，用來模擬 1968 年的香港流感若捲土重來時的狀況。交通管制策略為，當爆發感染的初始感染源累積感染者達 1000 人時，關閉初始區域 50%~99.9% 的對外交通流量，其它城市則累積到 100 位感染者就關閉當地 50%~99.9% 的對外交通。而政策成效會隨著初始感染源的地理位置與季節的不同而改變。若初始爆發區域為香港，疫情開始於一月，交通政策(對外流量封鎖 99.9%)的平均延遲效果是 112 天，但疫情若開始於十月份，延遲效果只有 69 天。而起始爆發區域為倫敦的話，疫情開始於一月份，延遲效果為 78 天，若開始於十月份，則剩 46 天。

在這些模型中，交通阻絕策略太過僵化，只能在累積感染者已達一百人或一千人時啟動政策，並沒有考量到各個城市處在複雜網絡中的那一個位置、對外交通頻繁程度又如何。Guimerá[27]在對全球航空網結構所做的研究中，發現每一個城市(或機場)在這龐大的航空網絡中所扮演的角色相差甚多，有的擁有複雜頻繁的對外交通網，有的對外交通雖不發達但卻是主要的中繼站^{*2}，有的兩者兼具，有的兩者皆無。例如美國阿拉斯加的安克拉治(Anchorage)是全球第二大中繼站，但在全球前 25 名擁有龐大的對外交通網之城市中卻沾不到邊。所以施行交通阻絕政策時應該要考量各個城市在整體交通網路中所扮演的角色。

^{*2} 中繼站：此航站是許多任兩航站之最短路徑的必經之地。

2.5 基因演算法

基因演算法(Genetic Algorithm，簡稱 GA)是效法生物演化進程的搜尋演算法(search algorithm)，最早由 Holland 與他的研究團隊塑立了基因演算法的研究基礎[44]。達爾文的生物演化論”物競天擇，適者生存”啟發了基因演算法，生物透過遺傳物質-基因-將母代的性狀傳給子代，然而個體的基因可以經由交配來互換，或是透過突變來改變基因內容，使得子代擁有與母代不同的特質與多樣性(polymorphism)，好適應地球多變的環境。基因演算法則試著抽象化生物演化的過程-交配、突變、遺傳、天擇-應用於工程等各種領域所遇到最佳化的難題(optimization problem)。

Goldberg 指出基因演算法具有四種特性，優於傳統搜尋演算法[42]：

- GA 必須將問題的參數編碼成一串序列，這串序列的內容可以是數字或布林值(boolean)等，但必須為有限長度。而編碼目的是將每一個可能解從解空間(solution space)對應到 GA 可以運作的基因型空間(genotype space)。由於這樣的編碼型式，使得 GA 不受限於傳統演算法的一些限制，例如函數是否連續、是否可以微分等，這讓 GA 應用的領域更廣泛。
- 在解空間中(Solution Space)，傳統的搜尋演算法只從一個點開始搜尋，若遇到擁有多個區域最佳解的問題(Multimodal Problem)搜尋很容易侷限於這些區域解。然而，GA 是以一個母體多點同步搜尋最佳解，如此可以同時保留多組解，幫助搜尋脫離區域最佳解。
- GA 只依賴適應函數(Fitness Function)來評估每組解的好壞，不須要額外關於解空間的結構資訊，例如 dynamic programming 所能解決的問題，必須擁有一種特性，那就是父問題可以拆解成數個子問題(sub-problem)，此拆解的動作可以不斷重複直到產生最小的子問題，而各個子問題的最佳解可以組合成父問題的最佳解，如此一路反方向組合出原本問題的最佳解。然而，

問題若不具有這種可拆解的特性，dynamic programming 就無用武之地。

但，GA 却不受限於這類問題，以致於它的應用範圍更廣泛。

- GA 使用帶有機率性質的操作子(operator)，使它的搜尋過程含有隨機性，但並不是指 GA 沒有方向的隨意搜尋，這樣的機率是為了結合已累積優秀的遺傳物質使搜尋朝向有較大機會找到較佳解的方向前進。

然而，如何設計一個良好的基因演算法，必須先了解它背後運作原理。

Holland 提出基模理論(Schema Theorem)[44]做為研究 GA 行為的基礎。基模(schema) 也就是所謂的建構元件(building block)，假設以二元字串(binary string)來表示 GA 的基因型(genotype)，以#為”don't care”符號，基模的定義為：

$$\text{Schema} = b_1 b_2 \dots b_i \dots b_k, b_i \in \{0, 1, \#\}$$

k 為字串長度。若 k 等於 5，1###0 就是一個基模，10000、11110 等都是此基模的實體(instance)。基模的長度定義為字串最前面非 don't care 符號字元的位置與最後面非 don't care 符號字元的位置間的距離，以上一個基模 1###0 為例子，

它的長度就是 4。而基模另一個重要的定義為 order，其定義為基模不為 don't care 符號的字元個數，同樣以 1###0 為例，它的 order 為 2。而 Holland 認為 GA 演化的過程就是不同基模彼此競爭，由於長度長的基模容易被 GA 操作子破壞掉，如交配與突變，所以一開始是長度短的基模互相爭奪進到下一代的機會，慢慢的基模長度越來越長，直到基模的 order 等於字串的長度，就是最後要找的解。簡言之，GA 從局部的最佳解(partial solution)慢慢的組合出整個問題的最佳解。

然而，這樣的邏輯會衍伸出一個問題，若一個搜尋問題的最佳解，它的局部解並不是最好的那麼 GA 還能運作嗎？這就是所謂的 deceptive problem，而許多研究也試著提出這個問題的解決方法。

Goldberg 依據基模理論提出若要設計成功的 GA，必須先了解幾個關鍵問題 [43]：

- 瞭解 GA 運作過程就是基模(或稱 Building block)的演化過程。
- GA 演化須要充足的基模種類，也就是 GA 的母體(Population)大小必須適當，太小的話，基模種類供應不足，無法演化出好的解，但太大則會降低 GA 的效能。另外，突變也可以適時的提供演化所須的新基模。
- 基模間須要適當的交配以組合出新的更優秀的基模，也就是要設計適合的交配操作子。
- GA 演化的過程中，基模間優勝劣敗的選擇要精確。在實際運作中，GA 篩選的是基模的實體，而一個基模的適應值等於它所涵蓋所有實體適應值的平均值。但一個好的基模也有較差的實體，一個較差的基模也有較好的實體，這會導致 GA 有可能篩選到較差的基模，這就是所謂的雜訊(noise)，然而如何克服雜訊的干擾是 GA 是否成功的關鍵。
- 要保證較好的基模在母體中的個數能不斷成長，而不是被較差的基模所取代。
- 避免 GA 不成熟的收斂。在演化過程中，若 GA 設計不當，並非為最佳解的基模會快速佔領整個母體，使得 GA 開始收斂，無法再產生較新的基模，最後 GA 收斂在一個較差的解。

而整個基因演算法的架構如圖 2-1 所示，其細節描述如下：

- 編碼(encoding)與解碼(decoding)：編碼是將解空間(Solution Space)對應到基因型空間(Genotype Space)，也就是將搜尋問題表示成一串序列，序列內容可以是布林值(boolean)、整數與浮點數(float)等，舉例而言，二元序列的表示方式即為 $b_1 b_2 \dots b_k$ ， $b \in \{0,1\}$ ，通常此序列稱作染色體(chromosome)，也是所謂解的基因型(Genotype)，而序列字元稱作基因(gene)。當 GA 運作完畢，染色體必須解碼回解空間相對應的解。
- 母體(population)：因為基因演算法為多點搜尋，所以母體為運作單位，母體包含多條染色體。一開始，母體必須初始化，通常是產生亂數的方式初

- 始化母體每一個基因所表示的值。
- 適應函數(Fitness Function)：適應函數即是最佳化問題的目標函數，它是用來評估一個染色體的好壞，也是篩選(Selection)所依據的準則。適應函數所計算的值稱為適應值(Fitness)。
- 母代篩選(Parent Selection)：演化過程中，會篩選適應值較高的母代來繁衍下一代，而選中的母代則放入交配槽(mating pool)。這一個步驟與存活篩選(survival selection)是基因演算法選擇壓力(selection pressure)的來源，常見篩選方式有轉輪法(roulette wheel selection)、競爭法(tournament selection)等。
- 交配(crossover)：交配是隨機從交配槽中選取兩個母代染色體，交換彼此的基因，藉由交換演化過程中累積的優秀基因，期待產生適應值更高的子代。而 Goldberg 認為交配是廣域性搜尋[42]，簡言之每一次交配，GA 在解空間中跳要幅度很大，如此可以幫助搜尋跳出區域最佳解(local optimal)。通常有一個機率值 p 來決定選取的兩個母代染色體是否要進行交配。交配的方法有單點交配(one-point crossover)、多點交配(multi-point crossover)與均勻交配(universal crossover)等。
- 突變(mutation)：Goldberg 認為 GA 是利用突變來做區域性搜尋[42]，也就是所謂的 hill-climbing。另外，突變也會將新的基因帶入母體中，從基模理論的角度，突變可以提供足夠的基模好讓 GA 有機會搜尋到最佳解。突變的機率通常不會設很大，範圍介於每一代只有一個基因突變到每一染色體只有一個基因突變。
- 存活篩選(Survival Selection)：經由交配與突變產生的子代，透過存活篩選取代母體中的母代。取代的方式有整代取代法(Age-Based Replacement)、最適者取代法(Fitness-Based Replacement)或是精英法(Elitism)。
- 停止條件(Termination Condition)：GA 是不停重複演化過程的迴圈，所以必須要設定停止條件。常用的停止條件分為兩類，一類是依據時間成本，另

一類是依據收斂程度。依據時間成本的方法有固定 GA 演化代數、固定 GA 適應函數的運作次數或限制 GA 運作的時間；而依據收斂程度的方法，通常是觀察適應值(Fitness)是否已開始收斂，若收斂的話則停止 GA，或者是觀察母體中染色體的多樣性(Diversity)是否開始下降，若染色體的基因內容趨於一致即停止 GA。

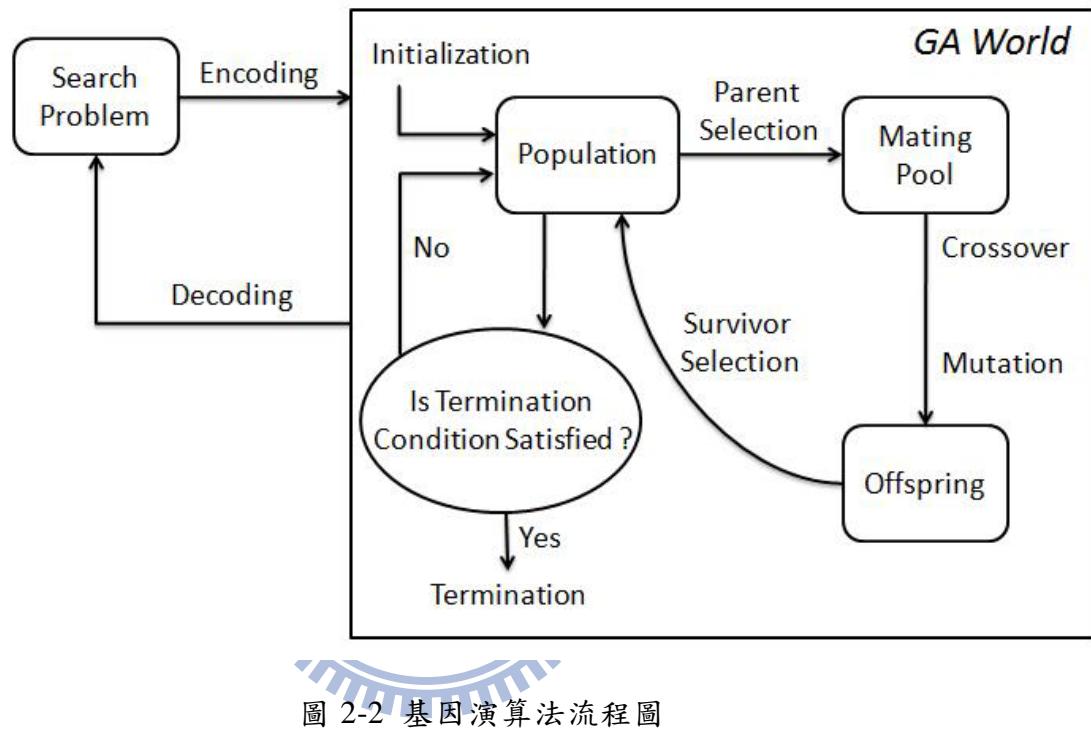


圖 2-2 基因演算法流程圖

第三章 研究方法

本研究探討若台灣爆發新型流感應該如何規畫符合效益的交通阻絕策略。我們結合決定性倉室模型(deterministic compartmental model)與台灣通勤交通網路建構三層的傳染病傳播動態模型(圖 3-1)：第一層描述傳染病在單一年齡層內部的傳播動態；第二層描述傳染病在各年齡層交互影響下的傳播動態；第三層則描述傳染病經由通勤網路與其他區域(鄉鎮市)交互影響與擴散的傳播動態。而交通阻絕策略是透過特定的時間點關閉特定車站(機場)或短程通勤來延遲傳染病的擴散。在所有可能的交通阻絕策略中，我們利用基因演算法尋找可能的最佳策略，此策略不但要能延遲疫情的擴散，也能夠減少交通管制所帶來的損失。

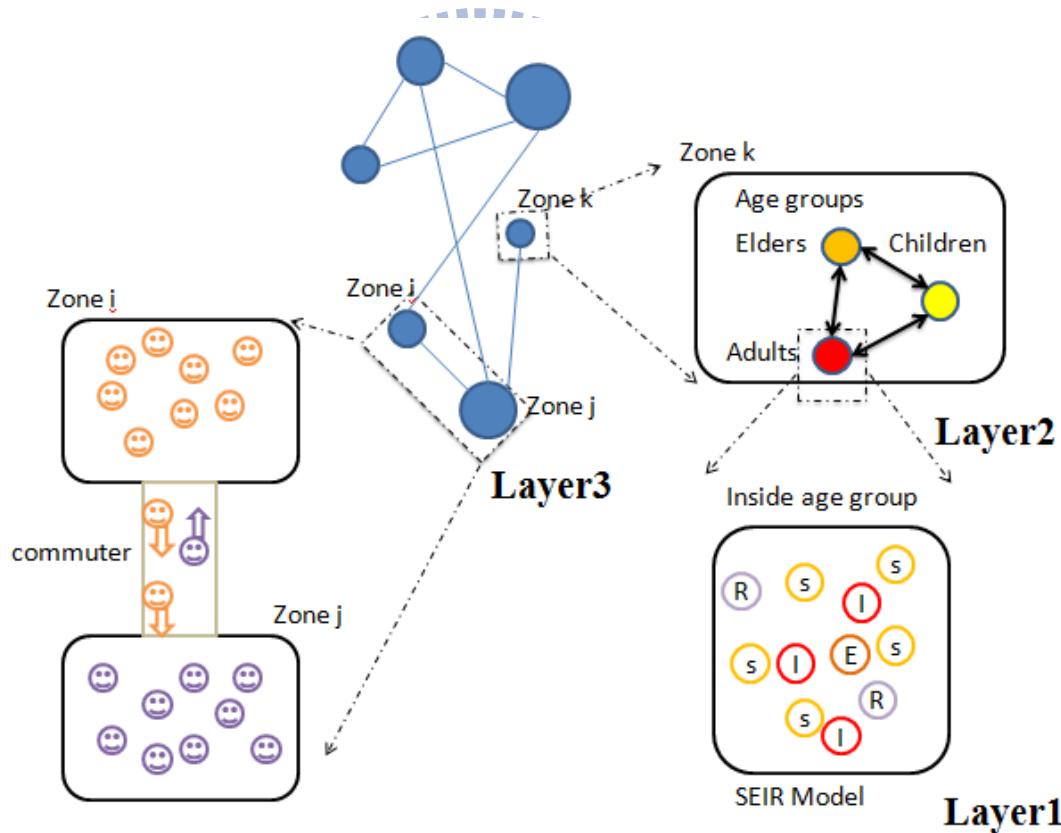
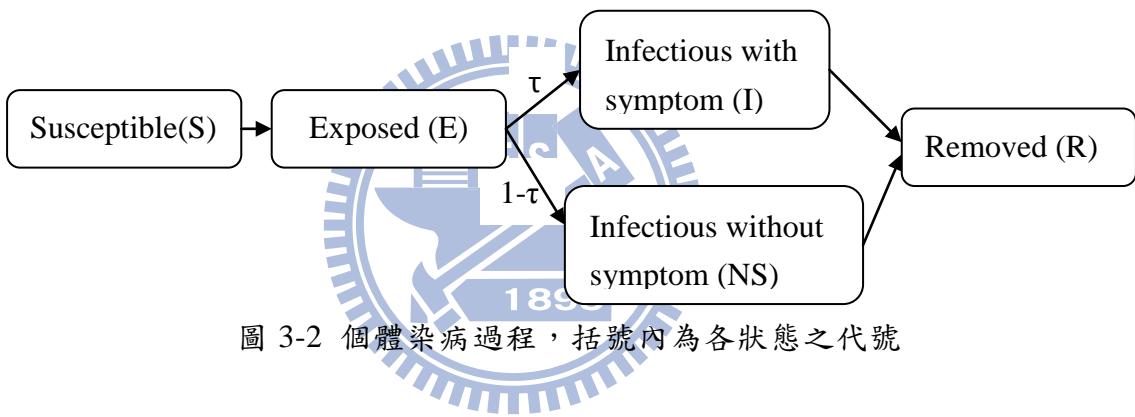


圖 3-1 本研究傳染病傳播動態模型示意圖

3.1 個體染病的發展過程

本模型中個體染病後的發病流程為(圖 3-2)：從易受感染期(Susceptible)進入潛伏期(Latent)，接著有 τ 比例的患者會進入有症狀且具有感染力的時期 (Infectious with symptom)，而 $(1-\tau)$ 比例的患者進入無症狀但具有感染力的時期 (Infectious without symptom)，最後所有患者進入免疫狀態或死亡(Removed)。無症狀感染期是為了考量新型流感患者可以在沒有發病的狀態下就具有感染力，引用 Longini[14]， τ 為 $2/3$ 。再者，由於本論文探討新型流感，所以一開始所有個體都不具免疫力，皆處於易受感染狀態(S)。



3.2 傳染病傳播動態

本研究主要新型流感傳染病參數主要參考表 3-1 所列新型流感模擬相關研究之文獻。

3.2.1 第一層：年齡層內部感染

此層模型描述於單位區域(參見 3.3.1)單一年齡層內部的傳播動態。年齡層分為 1~15 歲的小孩、15~65 歲的成人與 65 歲以上的老年人。這樣分類是因為新型流感對不同年齡層的感染力不相同，通常小孩免疫力差較易遭受感染，本模型假設小孩被同年齡層感染的機率是其他年齡層的 2 倍。傳播動態的微分方

程如下：

$$\frac{dS_p}{dt} = -\mu_p \beta^I S_p I_p / N_p - \mu_p \beta^{NS} S_p N S_p / N_p \quad (1)$$

$$\frac{dE_p}{dt} = -\theta E_p + \mu_p \beta^I S_p I_p / N_p + \mu_p \beta^{NS} S_p N S_p / N_p \quad (2)$$

$$\frac{dI_p}{dt} = -\alpha I_p + \tau \theta E_p \quad (3)$$

$$\frac{dNS_p}{dt} = -\alpha N S_p + (1 - \tau) \theta E_p \quad (4)$$

$$\frac{dR_p}{dt} = \alpha I_p + \alpha N S_p \quad (5)$$

- $p \in \{\text{children(c), adults(a), elders(e)}\}$
- N_p ：處於年齡層 p 的個體總數。
- μ_p ：接觸率，公式 = (年齡層 p 占該區域人口比例) $^2 \times d$
- d ：該區域人口的相對密度，介於 0~1 之間。
- β^I 、 β^{NS} ：分別表示患者處在 I 和 NS 狀態的 transmission rate。因為患者在無症狀下的感染力較弱，根據 Longini[14]， β^I 是 β^{NS} 的 2 倍。
- θ ：exposed rate
- α ：removed rate

3.2.2 第二層：年齡層之間的感染

此層模型描述年齡層間的傳播動態。同樣地，本模型假設其他年齡層傳染給小孩的機率是其他的 2 倍，微分方程如下：

$$\frac{dS_p}{dt} = -S_p \sum_{p \neq q} \mu_{p,q} \beta^I I_q / N_q - S_p \sum_{p \neq q} \mu_{p,q} \beta^{NS} N S_q / N_q \quad (6)$$

{ children(c), adults(a), elders(e) }

- $\mu_{p,q}$ ：接觸率，公式 = (年齡層 p 占該區域人口比例) \times (年齡層 q 占該區域人口比例) $\times d$

3.2.3 第三層：區域間透過交通通勤網路感染

本論文依據 3.3 節建構台灣內部的交通通勤網路，以決定性倉室模型 (deterministic compartmental model) 的方式描敘通勤人口與各單位區域 (參見 3.3.1) 內的本地人口之傳播動態。另外，本模型做了以下假設：

- 通勤人口皆為成人
- 通勤人口一天中有 T 比例的時間於外地工作，且都在白天， $1-T$ 比例的時間留在自己居住的地方，且都在晚上，在此我們假設 $T=0.5$ 。
- 當通勤人口到外地工作時，只會將傳染病傳給當地的成年人。
- 當通勤人口回到居住的地方時，則有機會將傳染病傳給各年齡層。
- 當通勤人口有病徵時，也就是處於 I 狀態，將留在自己居住的地方，停止通勤。但是會參與自己家鄉內部的感染。

而傳播動態的微分方程分敘如下：

(b 代表當地出外工作的人口，g 代表外地來本地工作的人口)

- 當白天工作時，區域 i 的成人 (代號 a) 遭受外來通勤人口感染的情形，

$$\frac{dS_a^i}{dt} = -T S_a^i \mu_{a,g}^i \beta^{NS} N S_g^i / N_g^i \quad (7)$$

- 夜晚時，當外出工作人口回到自己家鄉 i ，對各年齡層感染的情形，

$$\frac{dS_p^i}{dt} = -(1 - T) S_p^i \mu_{p,b}^i \beta^{NS} N S_b^i / N_b^i \quad (8)$$

$p \in \{\text{children, adults, elders}\}$

- 當白天工作時，從區域 i 至區域 j 工作的通勤人口，遭受區域 j 成人 (代號 a) 感染的情形，

$$\frac{dS_g^{i,j}}{dt} = -T \mu_{a,g}^i S_g^{i,j} \beta^I I_a^j / N_a^j + N_a^j S_g^{i,j} \beta^{NS} N S_a^j / N_a^j \quad (9)$$

- 夜晚時，當外出工作人口從區域 j 回到自己家鄉 i 時，遭受自己家鄉各年齡層感染的情形，

$$\frac{dS_b^{i,j}}{dt} = -(1 - T)\mu_{b,p}^i \sum_p (S_b^i \beta^I I_p^i / N_p^i + S_b^i \beta^{NS} NS_p^i / N_p^i) \quad (10)$$

最後， NS_g^i 指區域 i 內所有外地來本地工作處在 NS 狀態的人口，也就是 $NS_g^i = \sum_j NS_g^{j,i}$ ，另外 $\mu_{x,y}^i$ 指區域 i 內 x 人口 (population) 與 y 人口的接觸率，公式為：

$(\text{人口 } x \text{ 占區域 } i \text{ 總人口比例}) \times (\text{人口 } y \text{ 占區域 } i \text{ 總人口比例}) \times d$ ，
x、y 屬小孩、成人、老年人、外地來的工作人口或本地出外工作人口。

參數名稱	設定值
Transmission Rate (β)	1.4247 [31]
Exposed Rate (θ)	0.526 [50]
Recovery Rate (α)	0.333 [50]

表 3-1 本研究之傳染病參數

3.3 交通網路建構

3.3.1 地理分區

評估了有限的計算資源與台灣各行政區的重要性，我們依據臺灣鐵路局的台灣交通分區與台灣重要都市的行政分區，將台灣分成 98 個單位區域，其中包含了台北市的 12 區、高雄市的 11 區、基隆市的 7 區、新竹市的 3 區、台中市的 8 區、嘉義市的 2 區與臺南市的 7 區。各單位區域間的通勤交通網路建構則分別敘述於後。



圖 3-3 台灣本島 98 個單位區域，包含 1~49 台灣鐵路交通分區與台灣重要都

3.3.2 台灣鐵路通勤網路

台灣鐵路將台灣分成 49 個主要交通分區(圖 3-3)，所提供的 2006 年客運起訖旅次表[29]，是含括所有 49 個交通分區彼此間的客運旅次數，每個交通分區都涵蓋一至數個整數個 3.3.1 所描述的單位區域。因為資料有限，無法知道台灣鐵路的客運旅次中有多少個旅客是每日往返通勤的，有多少旅客只是單程旅行，所以本模型假設所有旅客皆是往返通勤的。在此假設下，必須修改數據以符合我們的模型。例如交通分區 1 至交通分區 6 之間去程的旅次數是 x ，回程則為 y ，而一位通勤族往返通勤一定佔了來回 2 個旅次量，所以總共有 $(x+y)/2$ 的通勤人口，再將通勤人口平分給交通分區 1 與交通分區 6。原始資料型式是以年為單位，所以必須再除以一年 365 天，得到每日的通勤人口數。接著，我們依

照下列的公式將交通分區間的通勤人口轉換成單位區域間的通勤人口。

$$c_{ij} = C_{xy} \times \frac{p_i}{P_x} \times \frac{p_j}{P_y}$$

c_{ij} 為每日從單位區域 i 至單位區域 j 工作的通勤人口數， C_{xy} 為每日從交通分區 x 至交通分區 y 工作的通勤人口數。 p_i 與 p_j 分別為單位區域 i 與單位區域 j 的人口數， P_x 與 P_y 分別為交通分區 x 與 y 的人口數。

3.3.3 台灣高速鐵路通勤網路

台灣高速鐵路總共有八個站(圖 3-4)，分別為台北、板橋、桃園、新竹、台中、嘉義、台南與新左營站。高速鐵路工程局提供我們 2008 年 9 月至 12 月份各站間起訖旅次表。依據與各站間的距離，我們將 3.3.1 所謂的 98 個單位區域分配至最近的車站，依此可將台灣以各高鐵站為中心分成八個分群。在計算與各站的距離時，我們是依據各單位區域的經緯度座標與高鐵站所在鄉鎮的經緯度座標之直線距離計算得知的。由於我們只有台灣各鄉鎮的座標，所以須要轉換成各單位區域的座標，轉換方式是依各鄉鎮人口數為權重，再利用重心法求得，公式如下：

$$(X_u, Y_u) = (\frac{\sum_t X_t \cdot p_t}{P_u}, \frac{\sum_t Y_t \cdot p_t}{P_u})$$

(X_u, Y_u) 為單位區域 u 換算後的經緯度， (X_t, Y_t) 為鄉鎮 t 的經緯度，鄉鎮 t 是泛指單位區域 u 所包含的所有鄉鎮， P_u 為單位區域 u 的人口數， p_t 為鄉鎮 t 的人口數。另外，由於高鐵各站皆在台灣西部平原，台灣東西部又隔著中央山脈，所以若直接計算位於東部的單位區域與西部各站的直線距離是不合理的。所以，我們以宜蘭縣頭城鎮與台東縣達仁鄉兩個位於台灣頭尾的鄉鎮為中間轉折點，來計算東部各單位區域經頭城鎮至高鐵台北站的距離與經達仁鄉至高鐵新左營站的距離，再依結果分配至最近的車站，也就是台北站或是左營站。

最後將各站間起訖旅次表轉成各單位區域間的通勤人口數，轉換的過程與

3.3.2 相同，只是我們這次是依照上述的八個分群來分配，不同於 3.3.2 依照台鐵 49 個交通分區來分配。

3.3.4 台灣國內航線航站通勤網路

台灣本島內部航線的航空站總共有九座(圖 3-4)，分別為松山、台中、嘉義、台南、小港、屏東、恆春、台東與花蓮航空站。依據台灣交通部運輸研究所的統計數據[29]，我們整理出各航站間起訖旅次表。依照 3.3.3 所提的分群方式，我們將 98 個單位區域以各航空站為中心分成九群，並依照 3.3.2 的方式將各航站間起訖旅次表轉換成各單位區域間的通勤人口。



圖 3-4 台灣國內機場(左)與高速鐵路站(右)分佈圖

3.3.5 短程通勤網路

台灣行政院主計處建構 2000 年台灣總體的通勤網路[30]，依據每個民眾

的戶籍地與工作場所建立所有鄉鎮市區間的通勤人口數。本研究根據此通勤網路扣除前三小節所述三種交通網路之通勤人口，建構台灣短程通勤交通網。首先，將台灣各鄉鎮市區通勤網路轉成各單位區域間的通勤網路，接著依據以下方式建構短程通勤網路：

$$M_{ij}^t = M_{ij}^R + M_{ij}^H + M_{ij}^A$$

$$M_{ij}^S = \max \{M_{ij}^{\text{All}} - M_{ij}^t, 0\}$$

● M_{ij}^R 、 M_{ij}^H 、 M_{ij}^A 分別指台灣鐵路、高速鐵路與國內航空網路單位區域 i 至單位區域 j 的通勤人口量，而 M^R 、 M^H 、 M^A 分別為此三種通勤網路的二維矩陣。

- M_{ij}^{All} 為台灣的總體通勤網路。
- M_{ij}^S 為台灣短程通勤網路。

3.4 實作交通阻絕策略

本研究的交通阻絕策略是透過關閉台鐵站、高鐵站、航空站與短程通勤來完成，關閉方式依據通勤類別而定，分別敘述如下：

3.4.1 台鐵站、高鐵站與航空站關閉方式

關閉車站(或航站)是以在某一時間點關閉某一車站(或航站)來完成，例如在第 3 天關閉高鐵台北站。關閉車站(或航站)是禁止由此車站(或航站)出入的通勤人口出外工作，如下圖(圖 3-5)所示，當關閉 x 站，將禁止單位區域 i、j、k 通勤人口由此站到別的區域工作，也禁止單位區域 l、m、n、t 經由 y 站到單位區域 i、j、k 上班。

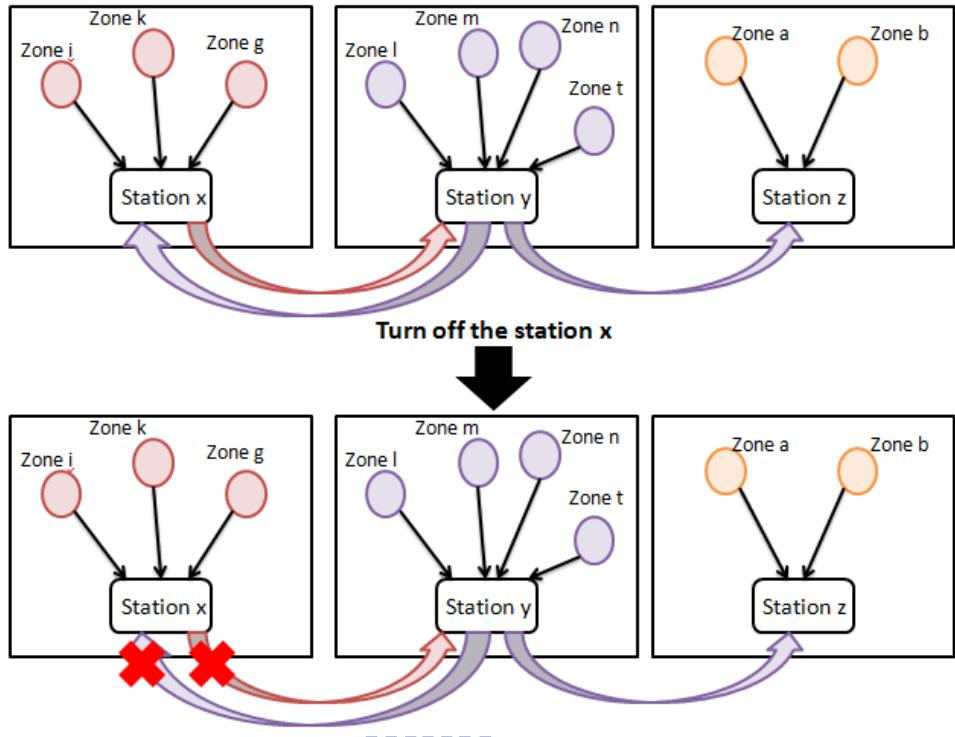


圖 3-5 車站、航站關閉示意圖

3.4.2 短程通勤網路關閉方式

短程通勤網路是依據 3.4.3 所說的六大防疫分區來實作阻絕策略，也就是阻止各防疫分區之間的短程通勤，但允許防疫分區內部的短程通勤。如下圖所示（圖 3-6），若我們關閉第一防疫分區 1 (EPZ1)，原本單位區域 b、c、d 與第二防疫分區 (EPZ2) 中的單位區域 i、k 的短程通勤全都被禁止，但兩防疫分區的內部網路則不受影響。

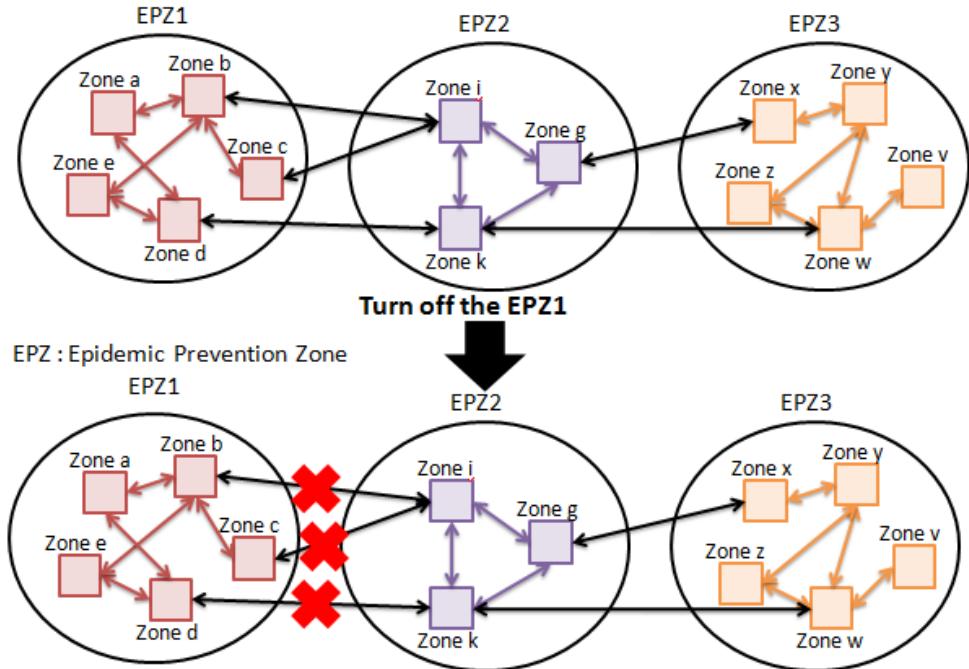


圖 3-6 封閉防疫分區間短程通勤示意圖

3.4.3 六大防疫分區與交通阻絕策略

本研究是依據台灣疾管局提出的六大防疫分區來施行車站(或航站)的關閉，以關閉第一分區高鐵站為例，就是在同一時間關閉位於第一分區的所有高鐵站，其包含了台北站與板橋站。台灣六大防疫分區如下所列(圖 3-7)：

- 第一分區(台北區)：台北市、基隆市、台北縣與宜蘭縣
- 第二分區(北區)：新竹市、桃園縣、新竹縣、苗栗縣
- 第三分區(中區)：台中市、台中縣、彰化縣、南投縣
- 第四分區(南區)：臺南市、雲林縣、嘉義縣、台南縣
- 第五分區(高屏區)：高雄市、高雄縣、屏東縣
- 第六分區(花東區)：花蓮縣、台東縣

每一個交通阻絕策略的表示方式為：

Traffic Restriction Strategy (TRS)

$$= (S_1, S_2, \dots, S_6, R_1, \dots, R_6, H_1, \dots, H_6, A_1, \dots, A_6)$$

- S_1, \dots, S_6 分別指短程通勤於防疫六大分區的關閉時間，其值介於 1~21，以天為單位，21 表示車站沒有關閉。

- R_1, \dots, R_6 分別指台鐵車站於防疫六大分區的關閉時間，其值定義同上。
- H_1, \dots, H_6 分別指高鐵車站於防疫六大分區的關閉時間，其值定義同上。
- A_1, \dots, A_6 分別指國內航線機場於防疫六大分區的關閉時間，其值定義同上。

關閉各站的時間侷限於第 1~20 天，原因是在本模型中，第 21 天以後關閉車站時，策略已經沒有什麼效果了，另外因交通封閉而無法通勤的人口，我們假設他(她)們會繼續參與所居住區域內部的疾病傳播。



圖 3-7 台灣六大防疫分區

3.4.4 各種交通阻絕策之探討

本研究從兩個變相來探討交通阻絕策略應如何因應新型流感爆發大流行，其中一變項為傳染病爆發之初始區域的地理位置，另一變向則是策略施行之時間點。在探討初始區域之地理位置對交通阻絕策略效益的影響時，我們分別模擬新型流感開始於台北市大安區、台中市北屯區與高雄市三民區之三種情境，初始感染人數皆為十人。此三座城市分別是台灣北、中、南的大都會區與經濟中樞，是從台灣境外移入新型流感病例最有可能的區域。另外，這三座城市與其它縣市交通頻繁(見圖 4-1)，若爆發新型流感疫情，新型流感散播的速度與幅員將超越其它縣市，而大安區、北屯區與三民區則是這三座城市人口最多的行政分區。另一方面，交通阻絕策略有時間上的限制，太晚施行，台灣各地區皆已有疫情，此時交通阻絕策略已經失效，而太早施行會浪費不必要的社會成本，所以我們測試當疫情爆發的第一天、第三天、第五天、第七天與第九天才開始規劃交通阻絕策略時，交通阻絕策略應如何佈署。換言之，我們先模擬新型流感在無任何公衛策略下的擴散行為，待疫情發展至上述幾個特定時間點時才開始利用基因演算法尋找較好的交通阻絕策略。

接著，我們朝兩種層面來探討交通阻絕策略：(1)只探討遠程通勤之交通阻絕策略，也就是策略只施行在台灣鐵路、台灣高速鐵路與國內航空站。(2)探討包含短程通勤(見 3.3.5)與遠程通勤之交通阻絕策略，也就是策略涵蓋 3.3 小節所述的四種交通通勤網。在探討遠程通勤之交通阻絕策略本研究定義了兩個基本交通阻絕策略—「基本交通阻絕策略一」與「基本交通阻絕策略二」—來衡量其它候選交通阻絕策略的效益：

➤ 基本交通阻絕策略一(TRS_{basic1})：

在特定時間點 t ，關閉六大防疫分區所有長程通勤，也就是

$$R_1 = \dots = R_6 = t, H_1 = \dots = H_6 = t, A_1 = \dots = A_6 = t,$$

但開放所有的短程通勤， $t \in \{1, 3, 5, 7, 9\}$ 。 (11)

➤ 基本交通阻絕策略二(TRS_{basic2})：

在模擬的第一天就關閉六大防疫分區所有通勤網路，也就是
 $R_1=\dots=R_6=1$ ， $H_1=\dots=H_6=1$ ， $A_1=\dots=A_6=1$ ， $S_1=\dots=S_6=1$ ，原則上這是成效最好的交通阻絕策略，但耗費最多社會成本。(12)

而在探討包含短程通勤與遠程通勤之交通阻絕策略時，「基本交通阻絕策略一」的定義則改變成如下所列：

➤ 基本交通阻絕策略一(TRS_{basic1})：

在特定時間點 t ，關閉六大防疫分區所有通勤網路，也就是
 $R_1=\dots=R_6=t$ ， $H_1=\dots=H_6=t$ ， $A_1=\dots=A_6=t$ ， $S_1=\dots=S_6=t$
 $t \in \{1, 3, 5, 7, 9\}$ 。 (13)

3.5 評估交通阻絕策略-適應函數(Fitness Function)

本研究提出兩種評估交通阻絕策略效益的方式，分別敘述如下。

3.5.1 依據交通阻絕策略延遲各縣市疫情與錯開各縣市疫情高峰期之能力的評估方式

適時的交通阻絕策略可以延遲疫情於地理上的擴散，但交通阻絕策略會影響人們的通勤阻礙正常的經濟活動，所以一個好的策略應該能兼顧成效與成本，本研究第一個評估策略好壞的方式之大要如下：

“一個好的交通阻絕策略應該有足夠的能力延遲各地疫情爆發的時間，又盡可能的減少被影響的通勤人口，且它有一定的能力可以防止各地疫情同步發生，好讓現有防疫資源得以承擔。”

接著詳細說明此評估方式。我們以縣市為單位，計算有症狀且具感染力者(I)於各縣市的人數之時間序列(Time Series)，而各縣市疫情高峰期指的是有症狀且具感染力者(I)單日人數的最大期。各縣市疫情的延遲定義如下：

$$Delay_k = InfectiousPeak_k^s - InfectiousPeak_k^n \quad (14)$$

- Delay_k ：於縣市 k 疫情延遲的天數
- $\text{InfectiousPeak}_k^s$ ：在施行策略的情況下，縣市 k 於疫情高峰期的時間
- $\text{InfectiousPeak}_k^n$ ：在無策略的情況下，縣市 k 於疫情高峰期的時間

依據 Delay_k 定義策略延遲疫情能力的評估方法：

$$\text{Epi_Delay}(\text{TRS}_i) = \sum_k \text{Delay}_k \times p_k \times \text{InfectiousPeak}_k \quad (15)$$

- p_k 為縣市 k 的人口數，它與 InfectiousPeak_k 皆為縣市 k 的權重，當一個縣市的人口越多、疫情爆發的規模越大，表示它越重要，若一項策略可以優先延遲此縣市的疫情，此策略越佳。

我們利用(12)所定義的「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)來正規化

Epi_Delay , BASIC_DELAY_k 則表示在施行策略「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)

後縣市 k 疫情延遲的天數 Delay_k 。而 Epi_Delay 的正規化方式為：

$$\text{Rel_Epi_Delay}(\text{TRS}_i) = \text{Epi_Delay}(\text{TRS}_i) / \text{Epi_Delay}(\text{TRS}_{\text{basic2}}) \quad (16)$$

在評估策略成本方面，我們依據的是”封鎖一防疫分區短程通勤或關閉一車站(或航站)會影響多少人的通勤”，例如關閉高鐵台北站一天的成本等於經由此車站通勤的人口數。而一個交通阻絕策略成本我們定義如下(交通阻絕策略的表示方式參考 3.4.2。)：

$$\text{Cost}(\text{TRS}_i) = \sum_x \text{IC}_x^r \times D_x^r + \sum_y \text{IC}_y^h \times D_y^h + \sum_z \text{IC}_z^a \times D_z^a + \sum_w \text{IC}_w^s \times D_w^s \quad (17)$$

- $\text{Cost}(\text{TRS}_i)$ ：交通阻絕策略 i 之成本
- IC_x^r ：關閉第 x 防疫分區所有台鐵站所影響的通勤人口數，依此類推

IC_y^h 、 IC_z^a 與 IC_w^s 分別指關閉高鐵站、國內航站與短程通勤。

- D_x^r ：總共關閉第 x 防疫分區所有台鐵站的天數，依此類推 D_y^h 、 D_z^a 與 D_w^s
- 分別指關閉高鐵站、國內航站與短程通勤。

由此可以得知 Cost 的最大值是當所有通勤交通第一時間全部關閉直至疫情結束，也就是(12)所定義的基礎交通阻絕策略「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)，

令此最大值為 Cost_{\max} ，接著依此最大值正規化策略成本：

$$\text{Rel_Cost}(\text{TRS}_i) = \text{Cost}(\text{TRS}_i) / \text{Cost}_{\max} \quad (18)$$

在評估策略阻礙疫情同步能力方面，本研究以縣市為單位，希望各縣市疫情能在不同時間點爆發，好讓限有的防疫資源得以應付，而這些防疫資源包含醫療人員數目、病床數目等，由於各縣市疫情規模有差異，須要正規化處理。各縣市疫情以各縣市有症狀且具感染力者(I)病例數為主，我們先正規化有症狀且具感染力者人數的時間序列， $I_k(t)$ ：

$$I_k^s = \sum_t I_k(t) \quad , I_k(t) \text{ is the discrete time series} \quad (19)$$

$$I_k^n(t) = I_k(t) / I_k^s \quad (20)$$

- I_k^s ：縣市 k 在疫情消退前，有症狀且具感染力者(I)的累積人數
- $I_k^n(t)$ ：為正規化後的 $I_k(t)$

接著我們依相對應時間疊加各縣市的 $I_k^n(t)$ ，得到時間序列 $I_{\text{taiwan}}^n(t)$ ：

$$I_{\text{taiwan}}^n(t) = \sum_k I_k^n(t) \quad (21)$$

由此可以得知各縣市疫情同步狀況，若縣市間疫情越同步，疊加後的時間序列對應於正規化後的感染人數會有很高的高峰值，反之，若各地疫情爆發的時間點越分散，則高峰值很低，我們將此高峰值稱作「縣市疫情擴散指標」，而高峰值的定義如下：

「縣市疫情擴散指標」(InfectiousPeak_{taiwan}ⁿ)： $I_{\text{taiwan}}^n(t)$ 對應於正規化感染人數的最大值。 (22)

綜合以上，依據策略的成效與成本如何評估一項公衛政策好壞，我們定義了下列的適應函數(Fitness Function)：

IF 「縣市疫情擴散指標」 $\leq R$

$$\text{fitness}(\text{TRS}_i) = \frac{\text{Rel_Epi_Delay}(\text{TRS}_i)}{\text{Rel_Cost}(\text{TRS}_i)}$$

$$\text{ELSE} \quad \text{fitness}(\text{TRS}_i) = 0 \quad (23)$$

適應函數的意義解釋如下：

➤ 在評估策略是否有足夠能力阻礙疫情於各縣市的同步，我們定義了門檻值 R 。門檻值愈小，當「縣市疫情擴散指標」小於等於 R ，代表此策略能將各縣市的疫情爆發時間拉的越開，而當「縣市疫情擴散指標」大於 R ，表示此策略不符合我們的要求，被評為最低分 0。以圖 3-8 為例，假設施行策略 1 的結果如(a)所示，施行策略 2 的結果如(c)所示，由於各縣市的疫情規模不同，所以將縣 A、B、C 的疫情正規化，得到結果分別為(b)與(d)。(b)之「縣市疫情擴散指標」已超過 R 值 0.25，依據適應函數其適應值為 0。反之，策略 2 有效的將「縣市疫情擴散指標」壓至 0.25 以下，所以策略 2 優於策略 1。

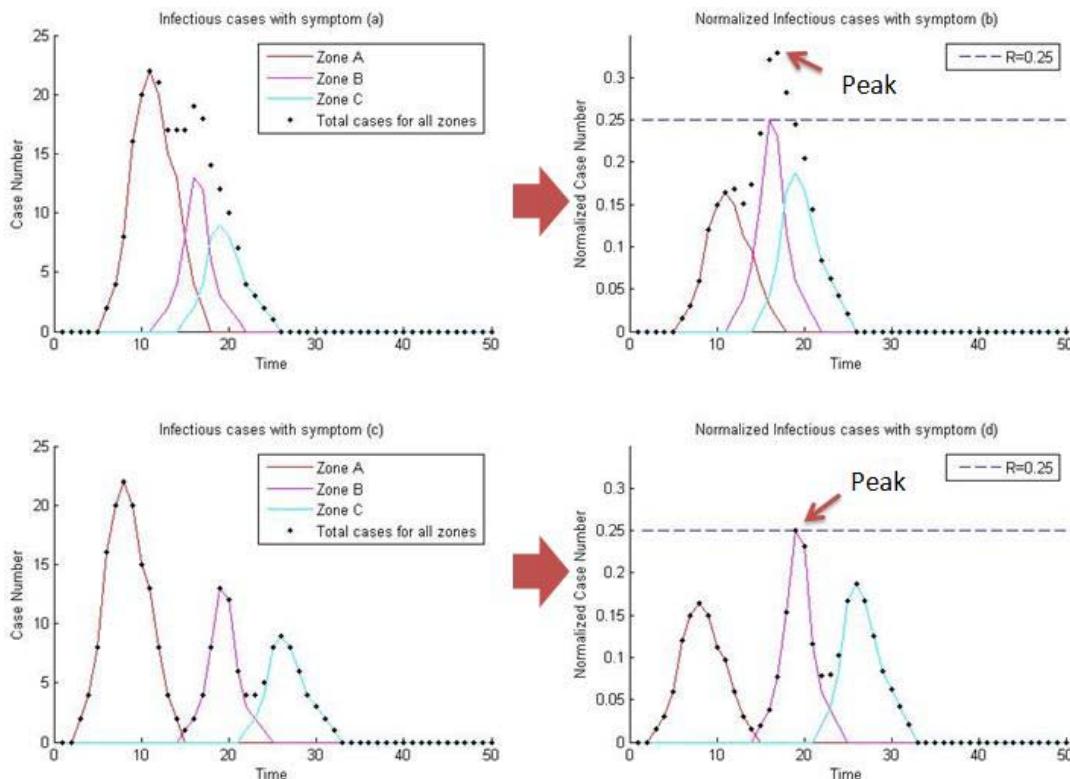


圖 3-8 各地區感染曲線之正規化與適應函數門檻值

3.5.2 依據交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期的能力之評估方式

本研究進一步的探討利用交通阻絕策略阻斷疫情於各縣市同時間發生，換

言之，希望各縣市疫情爆發於不同時間點，好讓有限的防疫資源得以依序應付。依據 3.5.1，若「縣市疫情同步擴散指標」($\text{InfectiousPeak}_{\text{taiwan}}^n$)越小，各縣市疫情爆發的時間點就越分散，所以將適應函數定義為：

$$\text{fitness}(\text{TRS}_i) = \text{InfectiousPeak}_{\text{taiwan}}^n \quad (24)$$

此適應函數暫不考慮交通阻絕策略成本。

3.6 分析交通阻絕策略

本研究以(11)至(13)所指的「基本交通阻絕策略一」($\text{TRS}_{\text{basic1}}$)與「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)來定義幾項數值，利用這些數值分析基因演算法所找到近似最佳的交通阻絕策略。以「基本交通阻絕策略一」($\text{TRS}_{\text{basic1}}$)定義「相對成效一」(Strategy_Effect1)與「相對成本一」(Strategy_Cost1)兩項數值，分別用來評估交通阻絕策略的有效性與成本，其定義如下所列：

$$\triangleright \text{Strategy_Effect1}(\text{TRS}_i) = \text{Epi_Delay}(\text{TRS}_i)/\text{Epi_Delay}(\text{TRS}_{\text{basic1}}) \quad (25)$$

$$\triangleright \text{Strategy_Cost1}(\text{TRS}_i) = \text{Cost}(\text{TRS}_i)/\text{Cost}(\text{TRS}_{\text{basic1}}) \quad (26)$$

TRS_i 代表待評估的交通阻絕策略。「相對成效一」(Strategy_Effect1)與「相對成本一」(Strategy_Cost1)用來分析基因演算法是否能在疫情發展到某一時間點之後，找到與「基本交通阻絕策略一」($\text{TRS}_{\text{basic1}}$)成效一樣好但卻消耗越少社會成本的交通阻絕策略，也就是這兩項數值是用來評估基因演算法功效的指標。

另一方面以「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)定義「相對成效二」(Strategy_Effect2)與「相對成本二」(Strategy_Cost2)：

$$\triangleright \text{Strategy_Effect2}(\text{TRS}_i) = \text{Rel_Epi_Delay}(\text{TRS}_i) \quad (27)$$

$$\triangleright \text{Strategy_Cost2}(\text{TRS}_i) = \text{Rel_Cost}(\text{TRS}_i) \quad (28)$$

TRS_i 同樣指待評估的交通阻絕策略。以「基本交通阻絕策略二」($\text{TRS}_{\text{basic2}}$)與待

評估的 TRS_i 比較，是為了評估當疫情發展到時間點 t 才開始規劃交通阻絕策略，成效還剩多少。也就是當新型流感隨著時間逐漸擴大感染規模時，在此規模下，交通阻絕策略還有多少效用。此外， $Strategy_Effect2(TRS_i)$ 與 $Strategy_Cost2(TRS_i)$ 比值就是公式(23)所定義的適應值(Fitness)，也可將此適應值視作評估交通阻絕策略「單位成本之成效指標」。「相對成效一」($Strategy_Effect1$) 與「相對成效二」($Strategy_Effect2$)的值皆大於 0，且數值越大表示策略的成效越好。「相對成本一」($Strategy_Cost1$) 與「相對成本二」($Strategy_Cost2$)的值則介於 0~1，數值越大表示策略越耗費社會成本。

3.7 基因演算法

本研究提出以基因演算法尋找最佳交通阻絕策略，以染色體(chromosome)代表每一個潛在可能的交通阻絕策略，基因則代表關站的時間點，利用 3.5 所列的適應函數評估每一條染色體適應值(fitness)，演算法整個流程於圖 3-9，採用的參數則於表 3-2，流程的各部細節說明如下：

一、染色體的表示方式(Representation)：

表示方式如下，說明請參照 3.4.2：

Traffic Restriction Strategy(TRS)

$$= (S_1, S_2, \dots, S_6, R_1, \dots, R_6, H_1, \dots, H_6, A_1, \dots, A_6)$$

以正整數來表示每一個關站時間，其範圍介於 1~21 間，而 21 代表不關閉交通。

二、設定初始母體(Initial Strategy Pool)：

初始母體包含了 N 條染色體，而每條染色體(TRS)之各個基因的值是隨機產

生的亂數，亂數依據的機率函數為均勻分布(uniform distribution)。

三、評估每條染色體的適應函數(fitness function)

依照 3.5 所列的適應函數評估每條染色體的適應值(fitness)。

四、母代篩選(parent selection)

本研究使用 tournament selection 來選擇母代，也就是從母體中隨機選取四條染色體，比較它們最適值的優劣，在從中挑出適應值最高的染色體到交配母體(mating pool)中，重複此流程挑出 N 條染色體。而 tournament selection 是本研究基因演算法的主要優選壓力(selection pressure)來源，可以透過調控 tournament selection size 來控制優選壓力大小，而本研究嘗試不同的大小值，以 size 等於 4 的基因演算法表現最好。

五、交配(crossover)與突變(mutation)

由交配母體(mating pool)中，任選兩條母代染色體，採用均勻交配法(uniform crossover)互換兩染色體的基因，每一對相對應的基因有 $1/2$ 的機率會互換，互換的規則如下：

- 若此對基因的值皆介於 1~20，取此對基因的平均值替代此對基因原本的值。
- 若此對基因其中之一的值代表不關閉交通，另一個則介於 1~20，則直接交換此對基因彼此的值。
- 若此對基因皆表示不關閉交通，則不做任何動作。

交配完成後產生兩個子代，接著替這兩子代進行基因突變，每個基因皆有機率 p 的機會產生突變，突變方法是隨機產生一個介於 1~21 的亂數取代原本的數值，亂數依據的機率函數同樣為均勻分布(uniform distribution)。當完成突變步驟，所有產生的子代取代原本的母體成為新的母體，繼續下一輪的演化。

六、演化停止條件(Termination condition)

當基因演算法演化 n 代後就停止， n 介於 5,000 至 10,000 代。

七、資料分析

本研究會保留在演化過程中曾經找到 10~15 個適應值(fitness)最高的染色體或稱作交通阻絕政策進行結果分析。

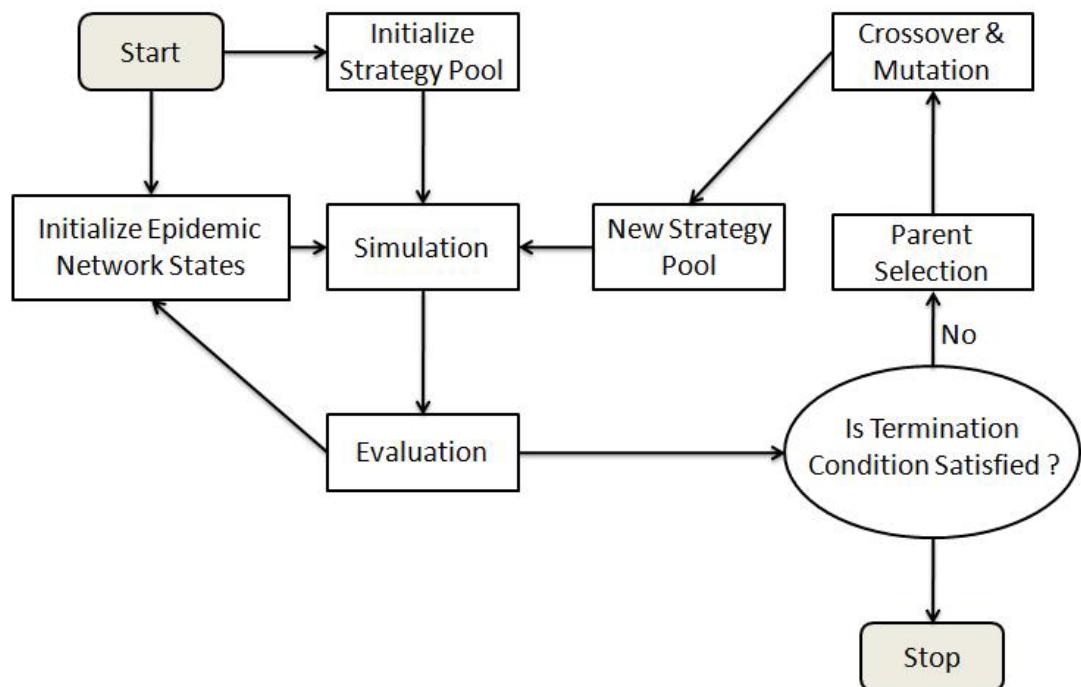


圖 3-9 本研究基因演算法流程圖



Representation	Integer Representation
Recombination	Uniform Crossover
Recombination probability	70%
Mutation	Select a random number from a uniform distribution over the range [1,21]
Mutation probability	1/12~1/6
Parent selection	Best 2 out of random 4 (Tournament Selection)
Survival selection	Generational replacement
Population size	100~150
Number of offspring	100~150
Initialization	Random
Termination condition	5000~10000 generations
Candidate solutions	Select 10~15 best solutions ever found in a round of the genetic algorithm for the analysis

表 3-2 本研究基因演算法之參數

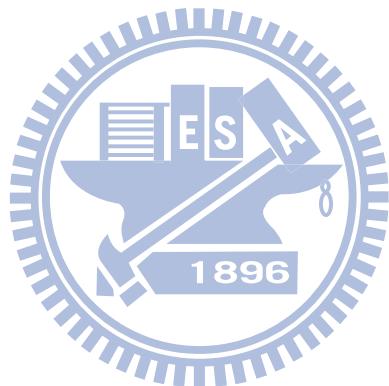
第四章 研究結果

4.1 台灣通勤交通網路結構探討

本實驗依據 3.3.2 至 3.3.5 小節的說明建構台灣各縣市間通勤交通網路，如表 4-1 所示，每個欄位的數值皆為台灣鐵路(以下簡稱台鐵)、台灣高速鐵路(以下簡稱高鐵)、台灣國內航空與短程通勤於對應的縣市間通勤人口數之加總。圖 4-1 是將表 4-1 視覺化後的台灣通勤網路。由於高通勤量的交通往來會加速傳染病的擴散，我們略去低通勤量的連結，繪製成圖 4-2a。圖 4-2a 的每條連結(edge)皆代表兩縣市間平均單日通勤人口數在 2000 人以上，於 17 條跨縣市高通勤量的連結中(以青綠色連結表示)，有 10 條高通勤量的連結是接於台北市(見圖 4-2b)，有 4 條接於高雄市(見圖 4-2c)，3 條接於台中市(見圖 4-2d)。此外，台北市與台中縣、台北市與高雄市平均單日通勤人口都超過 6000 人，這說明了台北市是整個台灣交通網的樞紐，它與台灣中部、南部的大都會區有著密切的通勤往來，且一旦台北市爆發新型流感大流行，疫情將迅速蔓延至台灣本島中南部地區。反觀台灣人口較稀疏、對外交通較不發達的縣市，以農業縣雲林縣(見圖 4-2a 之縮圖)為例，主要對外高通勤量連結都只達鄰近縣市，缺乏跨縣市、遠程高通勤量連結，而台灣偏遠縣市-台東縣(見圖 4-2a)，與其它各縣市的通勤人口，都沒有超過單日平均 2000 人，相對於大都會-台北市，若這些縣市爆發大流行，傳染病於地理上擴散的速度也比較慢。

同樣地，依據台灣高通勤量通勤交通網路(圖 4-2a 所示)，可以發現台灣的通勤交通網路具備高群聚度之特性，亦就是地理位置相鄰的縣市間都具備高通勤量之連結(圖 4-2a 黃色連結)，同時相隔遙遠的大都市間(台北縣市、台中縣市、高雄縣市)也具備高通勤量之連結(圖 4-2a 紅色連結)，這是所謂的捷徑(short-cut)——捷徑將加速新型流感於地理上的擴散——，而這些特性使台灣通勤網

路結構本身就具有類似小世界(Small-world)網路的特質。最後，依據交通類型建構的通勤交通網路，我們可以發現跨縣市高通勤量的連結主要是由台鐵(圖 4-3a)與高鐵通勤網路(圖 4-3b)組成。台鐵組成了北部(台北縣市、基隆市、桃園縣、新竹市)與東北部這些地區跨縣市間的高通勤往來，高鐵則以高通勤量連結了台北縣市、台中縣市與高雄縣市三大都會區，而這些結果顯示台鐵與高鐵將加速傳染病於台灣本島的蔓延。



From\To	台北縣	宜蘭縣	桃園縣	新竹縣	苗栗縣	台中縣	彰化縣	南投縣	雲林縣	嘉義縣	台南縣	高雄縣	屏東縣	台東縣	花蓮縣	基隆市	新竹市	台中市	嘉義市	臺南市	台北市	高雄市
台北縣	Non	820	55391	692	200	847	194	23	78	382	254	55	69	531	10918	543	284	54	190	491404	1023	
宜蘭縣	1009	Non	3	6	0	11	1	0	0	3	5	3	1	1	915	177	1	3	0	2	1768	14
桃園縣	41570	5	Non	10975	598	939	361	17	125	292	385	212	35	8	122	365	3245	452	82	185	24857	851
新竹縣	714	7	11415	Non	1862	393	130	6	39	111	238	100	18	1	1	49	44315	180	25	86	1971	429
苗栗縣	200	0	598	3916	Non	9034	67	0	0	3	7	3	1	0	1	1	13020	1637	0	2	622	14
台中縣	846	11	939	392	3307	Non	7087	5338	296	255	321	224	39	1	57	45	327	128035	117	155	3439	942
彰化縣	193	1	361	130	67	10964	Non	4882	4368	239	261	142	3	0	2	4	169	19848	193	283	600	347
南投縣	22	0	17	6	0	6746	3425	Non	1218	22	8	6	1	0	0	2	1	7720	0	2	97	29
雲林縣	77	0	125	39	0	296	1527	614	Non	5207	221	83	1	0	0	1	49	343	3809	215	214	189
嘉義縣	382	3	292	111	3	255	238	31	4117	Non	4705	246	44	0	0	14	50	162	29765	433	975	494
台中市	358	5	384	238	7	321	261	8	216	3055	Non	4383	112	12	1	21	64	185	2782	59991	1463	1670
高雄縣	254	3	212	100	3	224	142	6	83	236	9366	Non	7994	227	55	14	38	100	153	11725	920	123596
屏東縣	55	1	35	18	1	39	3	1	1	44	120	16348	Non	306	4	3	3	9	29	176	244	20873
台東縣	69	1	8	1	0	1	0	0	0	12	222	307	NoN	345	4	0	0	0	20	457	484	
花蓮縣	531	915	122	1	1	57	2	0	0	1	55	4	360	NoN	68	0	40	0	0	2354	140	
基隆市	20269	174	365	49	1	45	4	2	0	14	21	14	3	4	68	NoN	44	11	0	9	36479	61
新竹市	543	1	2079	17595	2189	327	169	1	49	50	64	38	3	0	0	43	NoN	203	31	56	1164	119
台中市	284	3	453	180	549	50351	6400	3151	343	162	185	100	9	0	40	11	203	NoN	113	139	1130	328
嘉義市	54	0	82	25	0	117	193	0	1369	14939	1115	153	29	0	0	1	31	113	NoN	358	122	243
台中市	189	2	185	86	2	155	283	2	215	433	54505	5756	176	20	0	9	56	139	358	NoN	652	2230
台北市	150690	1739	16833	1971	623	3439	600	97	214	975	1463	920	244	457	2353	8273	1164	1130	122	652	NoN	3820
高雄市	1023	14	852	429	14	942	347	27	189	494	1864	80355	8593	484	140	61	119	323	243	2124	3820	NoN

表 4-1 台灣各縣市間單日平均通勤人口數

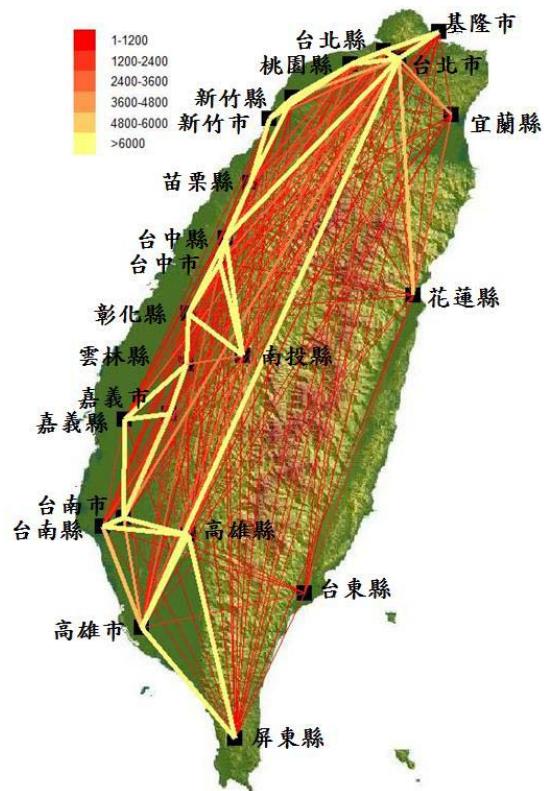


圖 4-1 台灣本島各縣市間對外通勤交通網—整合台鐵、高鐵、國內航線與短程通勤之通勤交通網：每條連結所對應的單日平均通勤人口數由線條粗細與線條顏色來呈現，線條越粗通勤人口量越大，而左上方是顏色與各縣市間單日平均通勤人口數的對照表，單位為個體數。

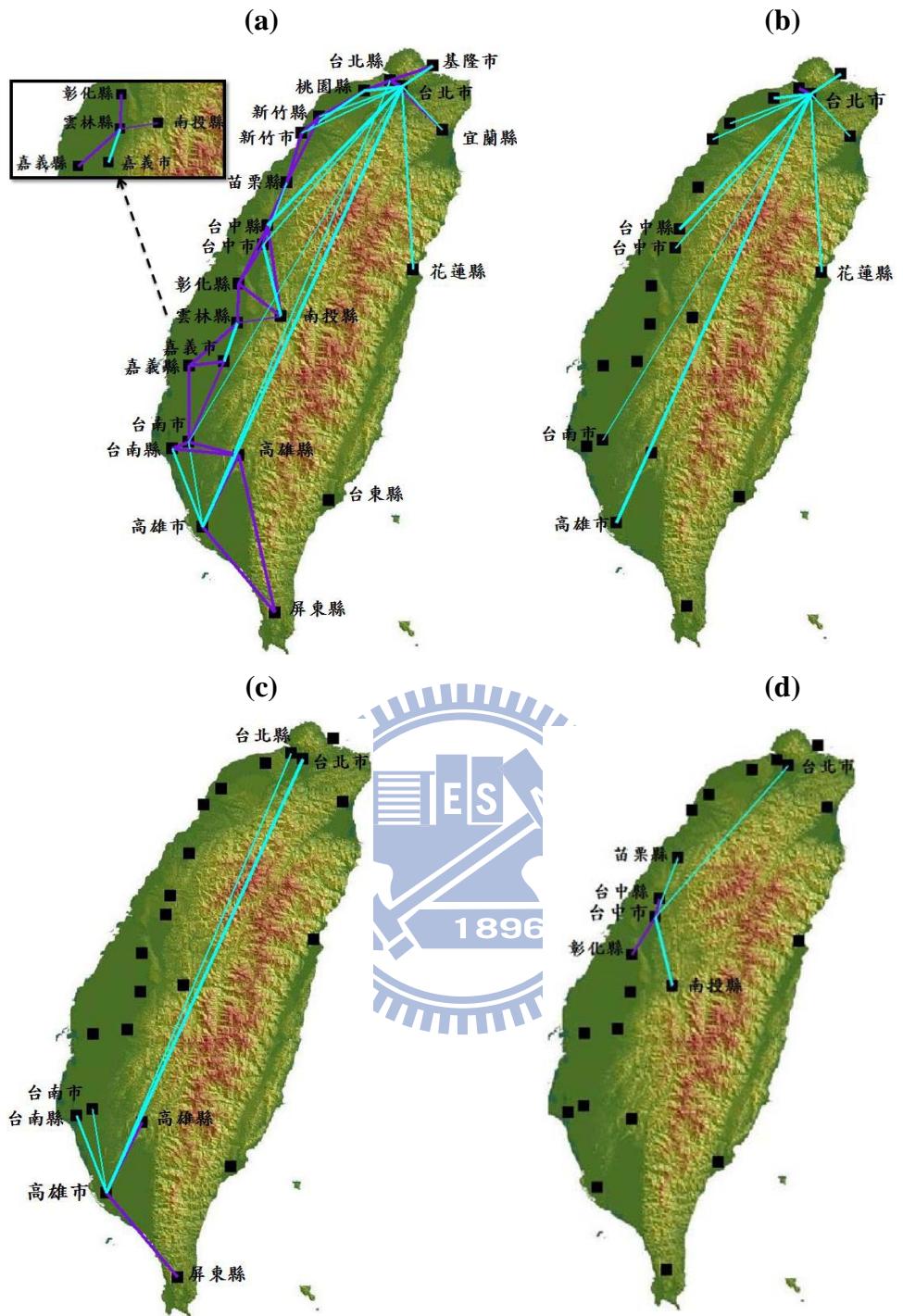


圖 4-2 台灣本島各縣市間高通勤量的通勤交通網：每條連結皆代表單日平均對外通勤人口超過 2000 人(包含來回通勤人口數)，紫色連結表示地理位置相鄰之兩縣市間的通勤，青綠色連結則代表跨縣市間的通勤；而連結之粗細代表通勤量的多寡，從最細到最粗分別表示單日平均對外通勤人口超過 2000 人、超過 4000 人與超過 6000 人。(a)包含全台灣所有縣市的對外通勤網(b)只包含台北市的對外通勤網(c)只包含高雄市的對外通勤網(d)只包含台中市的對外通勤網

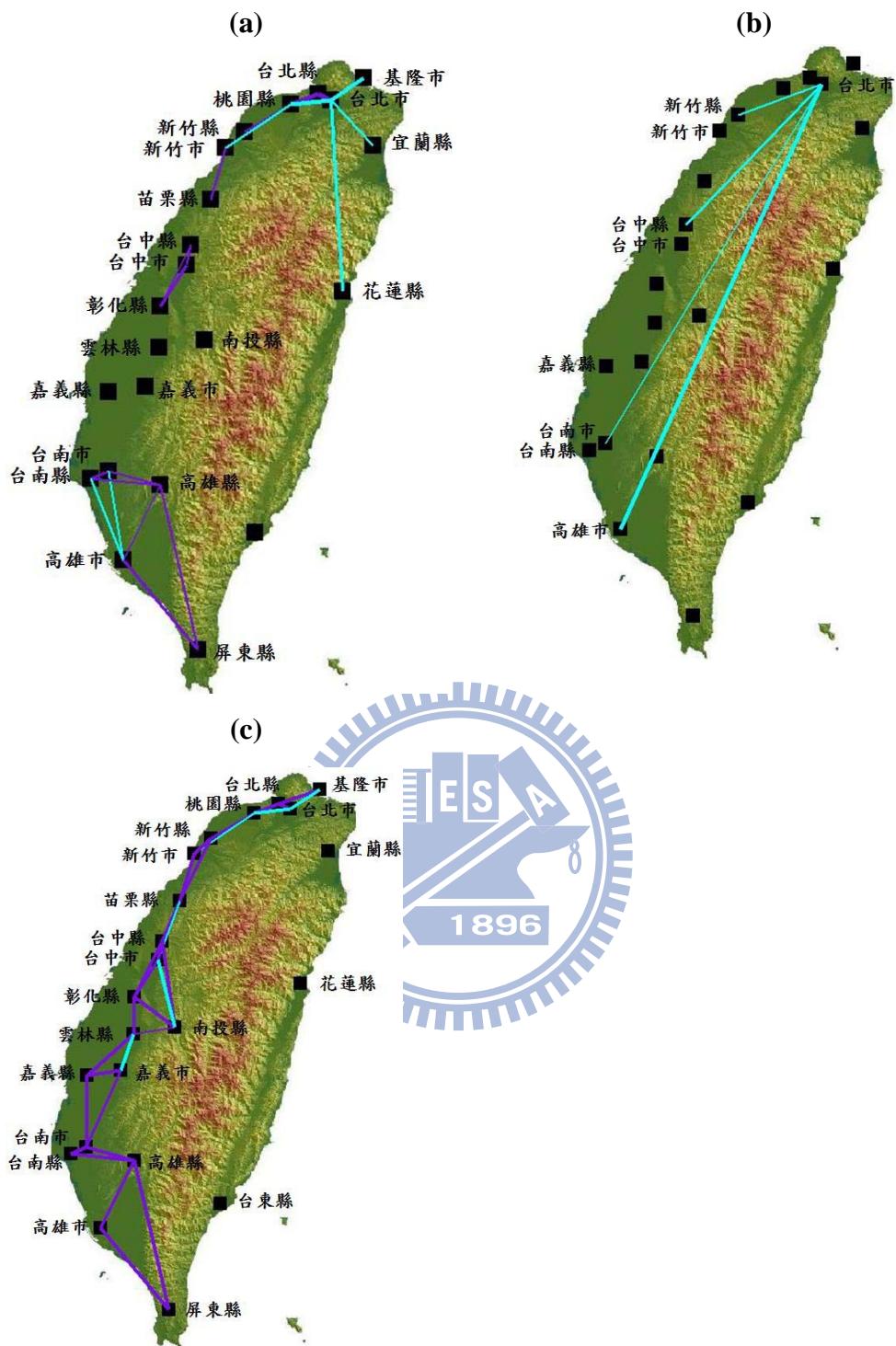


圖 4-3 台灣本島各縣市間高通勤量的通勤交通網—以交通類型來區分：每條連結所代表的通勤量與性質同圖 4-2 所示，(a)為台灣鐵路、(b)為台灣高鐵路、(c)為短程通勤於各縣市間的高通勤量之通勤網路。

4.2 交通阻絕策略延遲與錯開各縣市疫情擴散之效益探討

本實驗依據兩種面向探討交通阻絕策略的施行方式。第一種面向，本研究探討當新型流感的感染源位於台灣不同縣市，交通阻絕策略應該如何因應，而探討的縣市包含台北市大安區、台中市北屯區與高雄市三民區。第二種面向則探討當新型流感進展至不同規模時—策略施行的時間點—，該如何規劃合適的交通阻絕策略。而評估每一候選策略的標準是「該策略延遲各縣市疫情高峰期的成效」與「該策略影響多少人通勤」的比值(公式 23)，後者可視為該策略的社會成本，而理想的策略是能影響最少人通勤但卻能達到最大延遲疫情成效。

4.2.1 台灣遠程通勤之交通阻絕策略

本節的交通阻絕策略只考量擁有跨縣市遠距通勤的交通類型，包含台鐵、高鐵與國內航線，透過阻絕這些類型的交通來延遲新型流感的擴散。策略施行單位是依據台灣六大防疫分區—台北區、北區、中區、南區、高屏區與花東區，運用基因演算法來決定各防疫分區內各類型交通關站的先後順序與關站時間。

在此，本研究定義兩項基本策略作為比較基準，以分析基因演算法所找到的策略在成效與成本的表現，分別為「基本交通阻絕策略一」與「基本交通阻絕策略二」(表 4-2)。「基本交通阻絕策略一」是策略施行時間點為第 t 天時，延遲各縣市疫情成效最好的阻絕策略。「基本交通阻絕策略二」則是策略施行時間點為第一天時，延遲各縣市疫情成效最好的阻絕策略，因為它是第一時間關閉台灣所有通勤網路，所以是所有可能的策略中延遲成效最佳的。「基本交通阻絕策略一」在不同策略施行時間點延遲各縣市疫情的成效於附錄 A 至附錄 C。

最後，為了評估策略錯開各縣市疫情的成效，我們定義了「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)。這是因為各縣市疫情位於高峰期時感染人數不同，所以必須經由正規化的方式將各縣市疫情高峰期調整一致，如此可以經由疊加正規化後的感染人數之時間序列(感染曲線)，瞭解各縣市疫情同步爆發的狀況，而疊加後的曲線之高峰值就稱作「縣市疫情同步擴散指標」。

定義	
基本交通阻絕策略一 (只考慮遠程通勤之阻絕)	待疫情規模進展至模擬第 t 天時，關閉台灣本島所有遠程通勤， t 依據交通阻絕策略施行的時間點。而此策略為策略實行時間點為第 t 天時成效最好的，作為其它候選策略的比較基準。(11)
基本交通阻絕策略一 (考慮所有通勤之阻絕)	待疫情規模進展至模擬第 t 天時，關閉台灣本島所有短程與遠程通勤， t 依據交通阻絕策略施行時間點。此策略為策略實行時間點為第 t 天時成效最好的，作為其它候選策略的比較基準。(13)
相對成效一	$\frac{\text{候選交通阻絕策略之成效}}{\text{基本交通阻絕策略一之成效}}$ (25)
相對成本一	$\frac{\text{候選交通阻絕策略之成本}}{\text{基本交通阻絕策略一之成本}}$ (26)
基本交通阻絕策略二	模擬的第一天關閉台灣本島所有短程與遠程通勤。此策略為所有可能的交通阻絕策略中成效最好的，但也耗費最多社會成本，作為其它候選策略的比較基準。(12)
相對成效二	$\frac{\text{候選交通阻絕策略之成效}}{\text{基本交通阻絕策略二之成效}}$ (27)
相對成本二	$\frac{\text{候選交通阻絕策略之成本}}{\text{基本交通阻絕策略二之成本}}$ (28)
單位成本之成效指標	$\frac{\text{相對成效二}}{\text{相對成本二}}$
縣市疫情同步擴散指標	代表一個候選策略防止各縣市疫情同步爆發的指標，值越小代表越能防止各縣市疫情同步爆發(22)

表 4-2 主要分析實驗結果之指標

4.2.1.1 新型流感起始於台北市大安區

本小節模擬新型流感開始爆發於台北市大安區，初始感染人數十人，遠程通勤之交通阻絕策略應該如何施行。表 4-3 與圖 4-4a 是沒有施行任何交通阻絕策略下新型流感於各縣市高峰期的時間，而圖 4-4b 則是第一時間封鎖台灣本島所有遠程通勤，只讓短程通勤保持暢通的情況下，新型流感於各縣市高峰期的時間，由此可見阻絕遠程通勤似乎無法延遲台北市鄰近縣市的疫情，這是因為短程通勤助長了傳染病在鄰近縣市的擴散，然而阻絕遠程通勤卻能夠延遲桃園縣以南各縣市的疫情高峰期(表 4-5)。

接著，我們測試當疫情進展至不同時間點，我們才開始施行交通阻絕策略，這時應該如何規劃阻絕策略。我們測試的策略施行時間點包括模擬的第一天、第三天、第五天、第七天與第九天，主要原因是當疫情發展到第十天，即使關閉台灣所有遠程通勤，策略也已失去效用(附錄 A)。圖 4-5 是基因演算法在不同的策略施行時間點，所找到近似最佳的交通阻絕策略，而表 4-4 則是這些策略的成效與成本分析。與「基本交通阻絕策略一」(表 4-2)作比較，每個策略的成效都接近「基本交通阻絕策略一」(除了在策略施行時間點為第三天時所找到的交通阻絕策略)，也就是「相對成效一」(表 4-2)的值接近於 1，而相對成本卻只有「基本交通阻絕策略一」的 0.62 至 0.254。這結果表示本研究的基因演算法能依據策略施行的時間點找到相對應合適的交通阻絕策略。

然而交通阻絕策略延遲傳染病擴散的能力卻隨著策略施行時間點的拖延而越來越差。與「基本交通阻絕策略二」(表 4-2)作比較，策略施行時間點為第三天時，利用基因演算法所找到的交通阻絕策略，其「相對成效二」(表 4-2)瞬間降至 0.025(表 4-4)，然而策略實行時間點為第一天所找到的策略，其「相對成效二」為 0.241，兩者相差十倍之多。而在策略施行時間點為第九天時才開始施行交通阻絕策略，此時策略已經沒有明顯的成效(表 4-4)。另一方面，我們將「相對成效二」除以「相對成本二」(表 4-2)，令此比值為「單位成本之成效指標」

(表 4-2)，亦發現隨著策略施行時間點的拖延，交通阻絕策略單位成本所能達到的效果也越來越差(表 4-4)。

另一方面測試候選策略錯開各縣市疫情成效的「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)，也隨著策略施行時間點的拖延越來越高(圖 4-7)，換句話說，若越慢施行交通阻絕策略，就越難阻止各縣市疫情同步爆發。

圖 4-5d、e 顯示南部兩大城市臺南市與高雄市當策略實行時間點為第三天時，延遲疫情高峰期的成效已不明顯。這是因為台北市與高雄市往來交通非常頻繁(圖 4-2b、c)，一旦台北市發生疫情，新型流感會很快的散播至高雄市，若只單靠交通阻絕策略來阻絕疫情，一定要在台北市爆發新型流感就立即施行策略。另一方面高雄市與臺南市間的通勤人口也很多，若高雄市爆發新型流感，臺南市也會很快遭到感染。最後，當策略施行時間點為第九天時，基因演算法所找到的交通阻絕策略在延遲各縣市疫情高峰期的成效已不明顯(表 4-5)。

然而當策略施行時間點為第三天，基因演算法所找到近似最佳交通阻絕策略在延遲各縣市疫情高峰期的成效沒有很好，也就是「相對成效一」的數值不高(表 4-4)，這是因為基因演算法依據「單位成本之成效指標」(表 4-2)來評估每一個候選策略的優劣，並不是只依據策略延遲各縣市疫情高峰期的成效為基準，換言之，「單位成本之成效指標」考量了策略本身影響了多少人的通勤，也就是策略本身的社會成本。

另外，表 4-5 顯示在所有策略施行時間點，基因演算法所找到的交通阻絕策略可以延遲桃園縣疫情高峰期達 4 至 5 天。但進一步觀察，以策略施行時間點為第九天當例子，比對桃園縣在無施行任何策略與施行基因演算法所找到的策略，具有症狀且具感染力(I)者的時間序列(圖 4-8a)，整個曲線沒有明顯位移，只是曲線的形狀(shape)有些變形，造成疫情到達高峰期的時間不一樣，這讓程式誤判策略有延遲桃園縣疫情的高峰期。

另一個有爭議的例子是關於花蓮縣疫情高峰期延遲的效果，在表 4-5，策略

施行時間點為第五天、第七天與第九天，基因演算法所找到的交通阻絕策略不但無法延遲花蓮縣疫情，反而使得高峰期提早發生。但事實不然，同樣比對花蓮縣在無施行任何策略與施行基因演算法所找到的策略，具有症狀且具感染力(I)者的時間序列(圖 4-8b)，可以發現交通阻絕策略減緩了花蓮縣疫情的規模，使花蓮縣的疫情提早結束。同理，宜蘭縣的疫情也因為提早結束而使程式誤判為疫情提早進入高峰期。所以本研究基因演算法的設計還無法同時判斷交通阻絕策略減緩疫情的規模與延遲疫情的高峰期，而這是未來我們要努力改進的地方。



\縣市	台北縣	宜蘭縣	桃園縣	新竹縣	苗栗縣	台中縣	彰化縣	南投縣	雲林縣
疫情高峰期	12	23	17	37	41	33	37	40	57

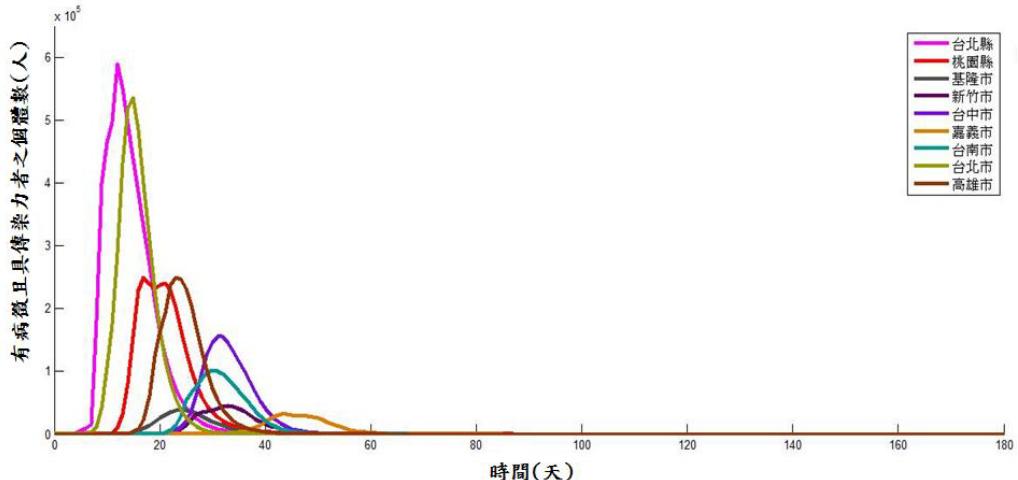
\縣市	嘉義縣	台南縣	高雄縣	屏東縣	台東縣	花蓮縣	基隆市	新竹市	台中市
疫情高峰期	54	28	22	31	28	23	24	33	31

\縣市	嘉義市	臺南市	台北市	高雄市
疫情高峰期	44	30	15	23

表 4-3 模擬新型流感一開始爆發於台北市大安區，在無策略下各縣市疫情處在最高峰的時間(疫情高峰期的定義可參考公式 15 InfectiousPeakⁿ)



(a)



(b)

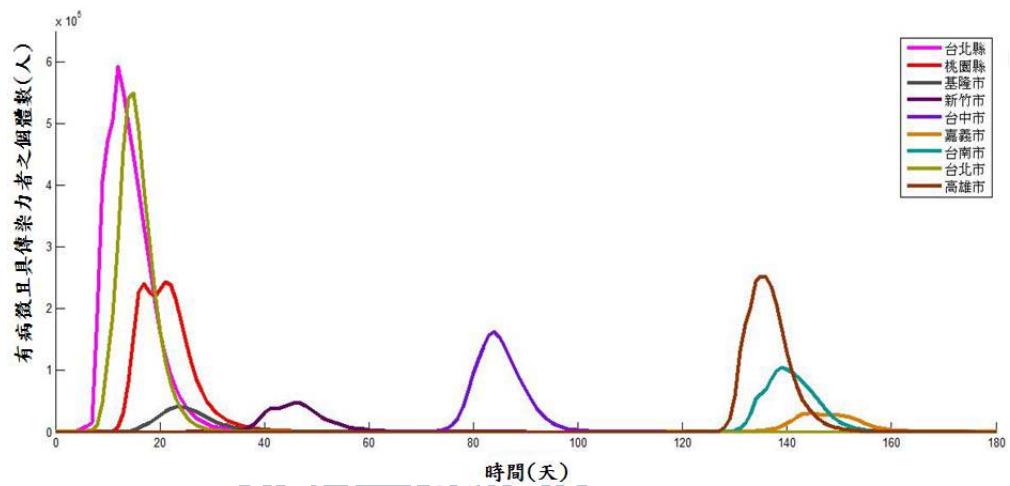


圖 4-4 模擬新型流感一開始爆發於台北市大安區，在(a)無施行任何交通阻絕策略與(b)模擬的第一天就關閉所有遠程通勤之狀況下，疫情擴散的情形。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數。

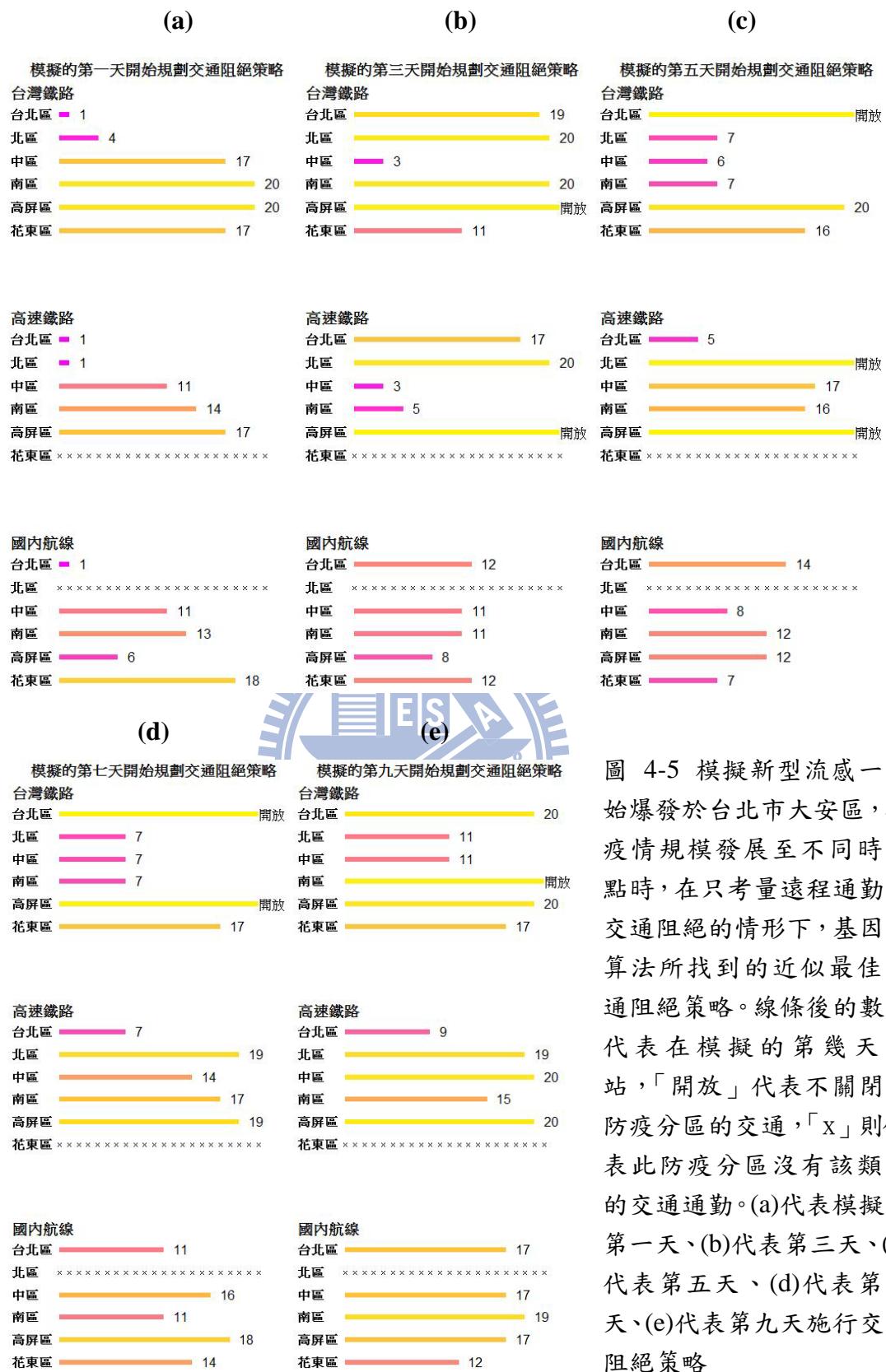
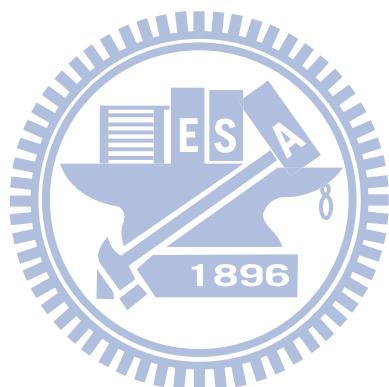


圖 4-5 模擬新型流感一開始爆發於台北市大安區，待疫情規模發展至不同時間點時，在只考量遠程通勤之交通阻絕的情形下，基因演算法所找到的近似最佳交通阻絕策略。線條後的數字代表在模擬的第幾天關站，「開放」代表不關閉此防疫分區的交通，「X」則代表此防疫分區沒有該類型的交通通勤。(a)代表模擬的第一天、(b)代表第三天、(c)代表第五天、(d)代表第七天、(e)代表第九天施行交通阻絕策略

\交通阻絕策略施行時間點	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的
	第一天	第三天	第五天	第七天	第九天
縣市疫情同步擴散指標	0.409	0.491	0.492	0.491	0.575
相對成效一	1.000	0.566	0.994	0.999	0.950
相對成本一	0.620	0.254	0.446	0.497	0.376
相對成效二	0.241	0.025	0.017	0.016	0.011
相對成本二	0.431	0.193	0.300	0.286	0.189
單位成本之成效指標	0.559	0.130	0.057	0.056	0.058

表 4-4 對應圖 4-5 所列交通阻絕策略之成效與成本分析

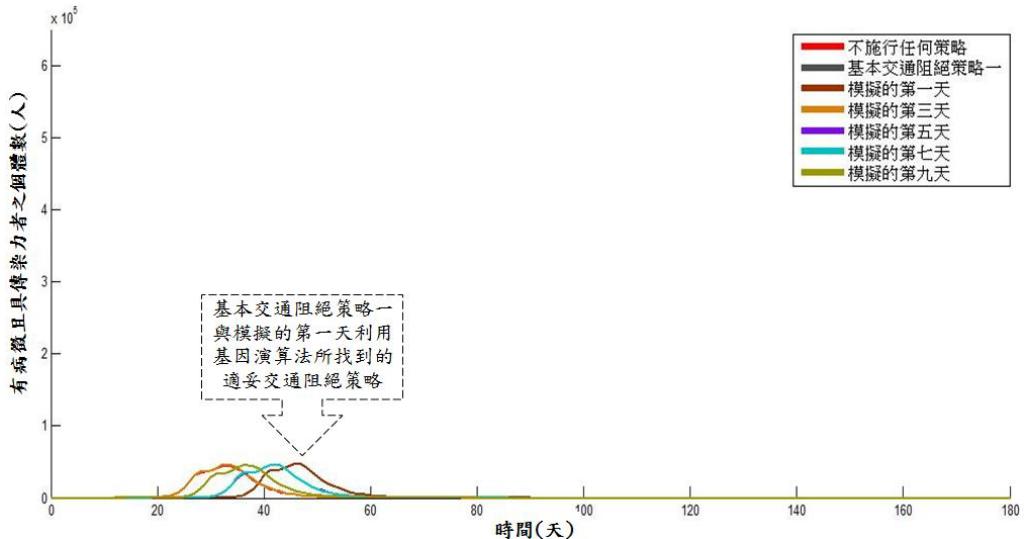


縣市\延遲的天數	第一時間關閉所有遠程					
	通勤	1	3	5	7	9
台北縣	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	-1*	-1*	-4*	0	0	-3*
桃園縣	4*	5*	0	4*	4*	4*
新竹縣	13	13	0	9	9	4
苗栗縣	13	13	0	9	9	4
台中縣	51	51	18	7	6	4
彰化縣	52	52	19	7	7	4
南投縣	51	51	18	7	6	3
雲林縣	102	102	1	21	20	1
嘉義縣	101	101	1	20	20	1
台南縣	109	109	2	3	3	2
高雄縣	112	112	0	1	1	1
屏東縣	112	112	0	1	1	1
台東縣	No	No	No	No	No	No
花蓮縣	No	No	No	-7*	-6*	-6*
基隆市	0	0	0	0	0	0
新竹市	13	13	0	9	9	4
台中市	53	896	53	20	8	8
嘉義市	100	100	0	19	19	1
臺南市	109	109	2	3	3	2
台北市	0	0	0	0	0	0
高雄市	112	112	0	2	1	1

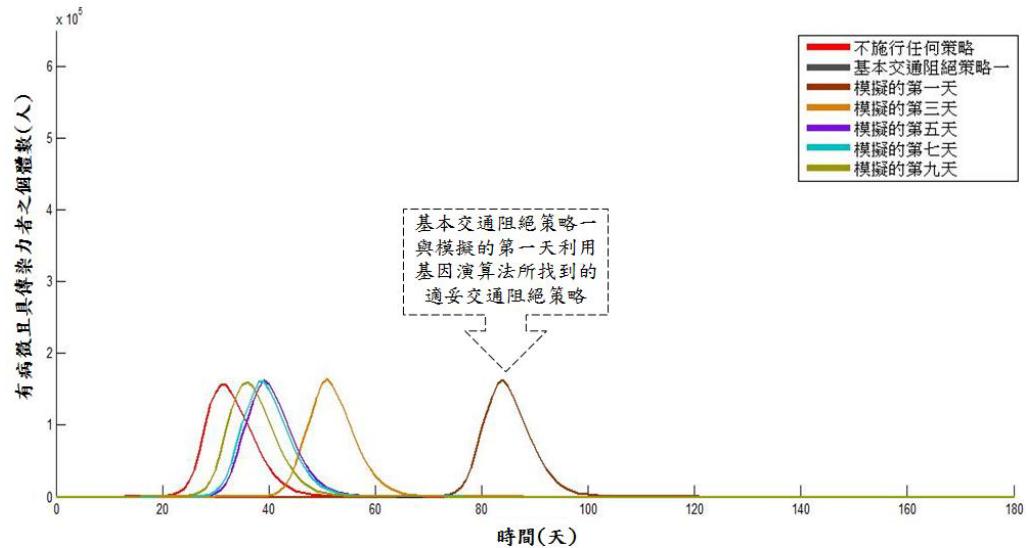
表 4-5 對應圖 4-5 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。

「No」表示沒有疫情爆發，「*」則表示程式誤判，細節敘於本文。

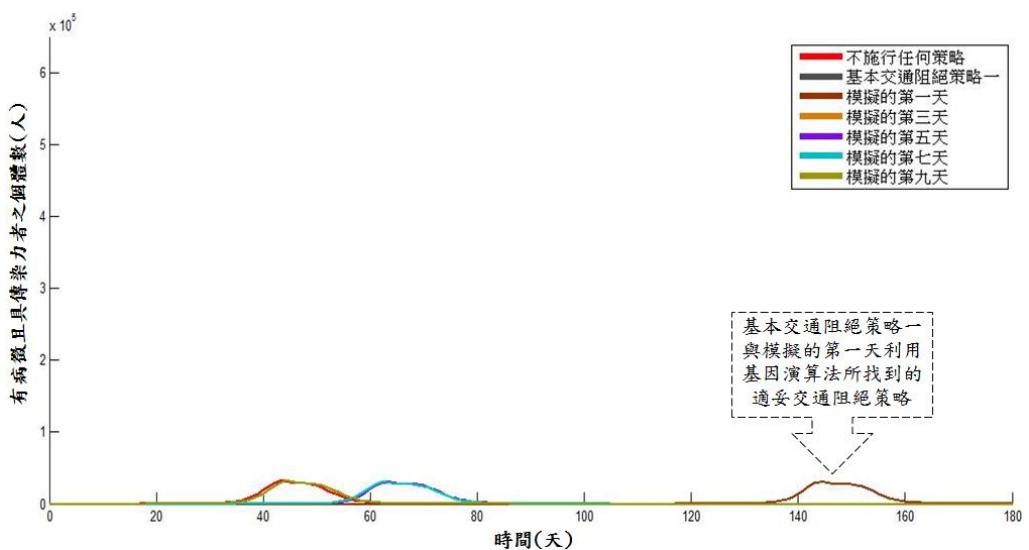
(a)



(b)



(c)



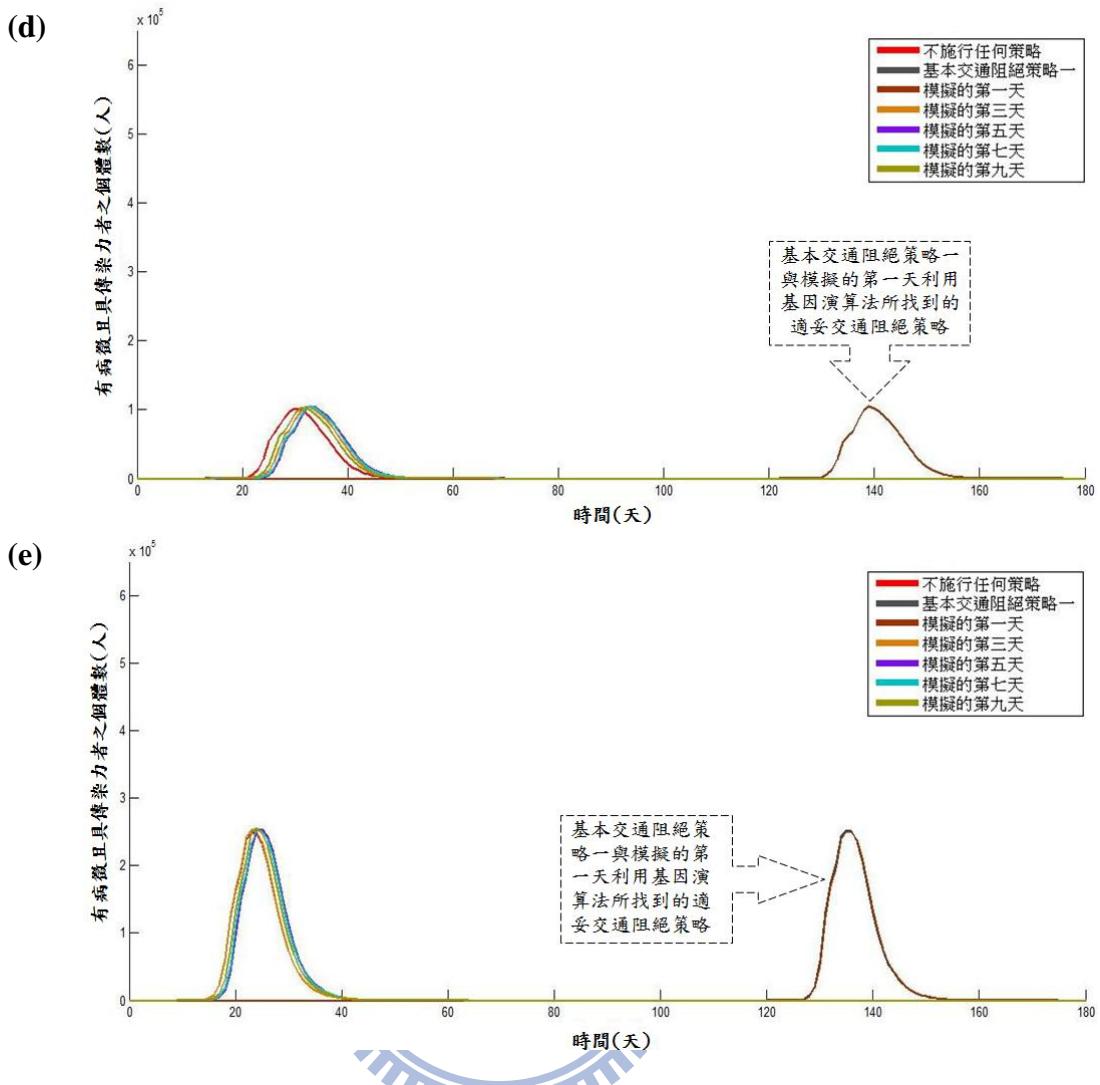
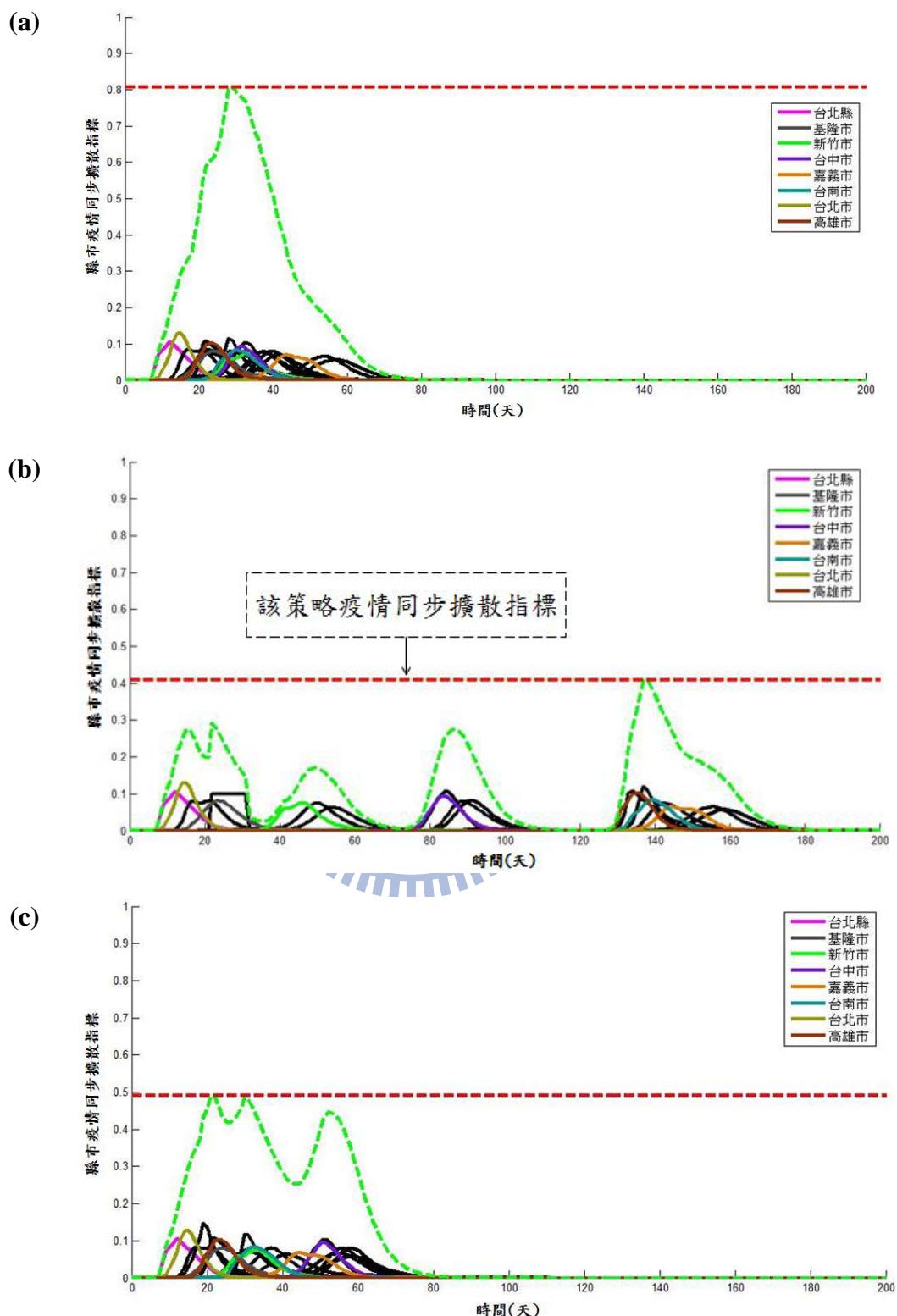


圖 4-6 對應圖 4-5 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效(a)為新竹市(b)為台中市(c)為嘉義市(d)為臺南市與(e)為高雄市。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數。



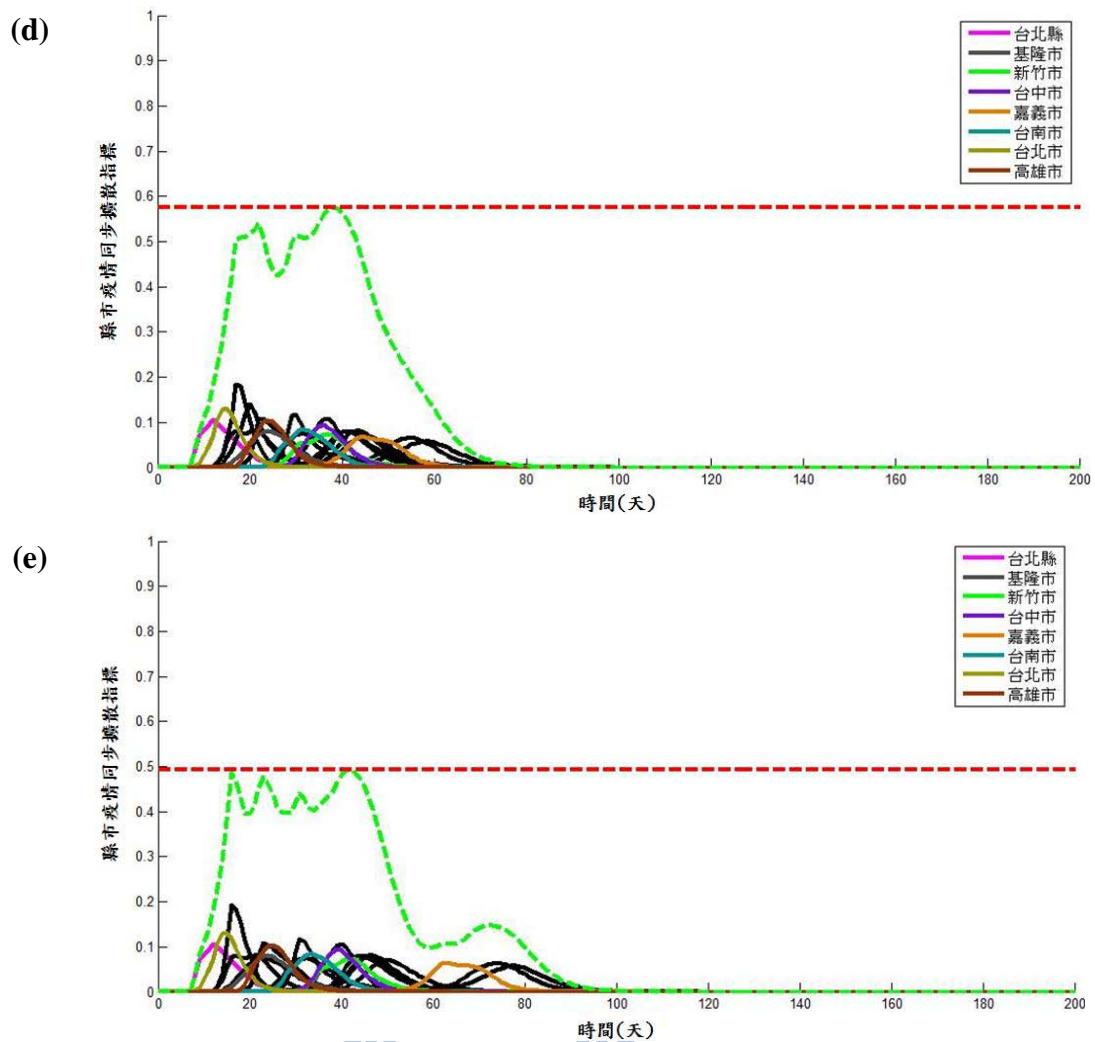


圖 4.7 模擬新型流感開始爆發於台北市大安區，在不同策略施行時間點，基因演算法所找到的交通阻絕策略錯開各縣市疫情的情況。(a)無施行任何策略，(b)策略施行時間點為第一天、(c)第三天、(d)第五天、(e)第九天。橫軸表示時間，縱軸表示「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)

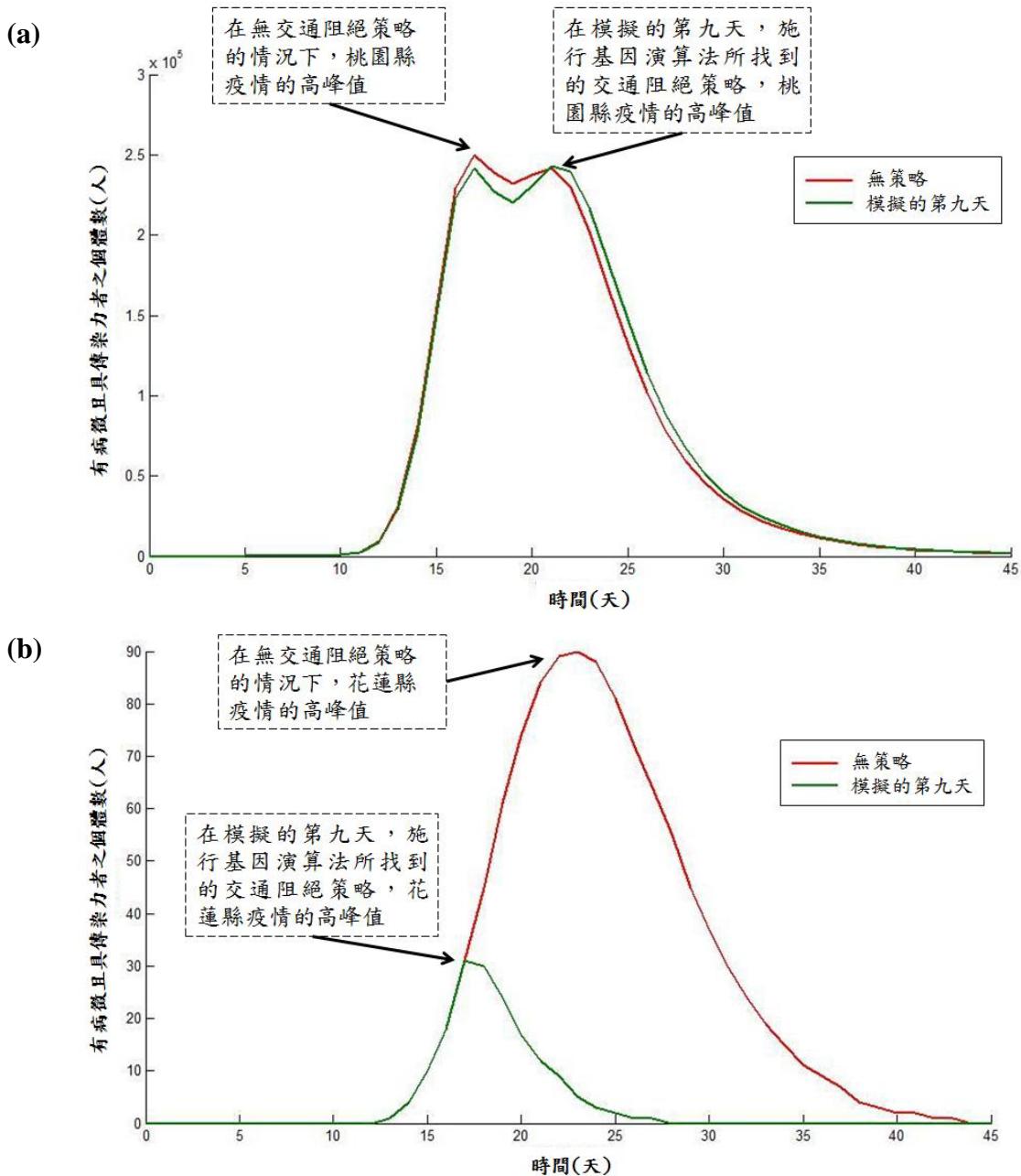


圖 4-8 當疫情開始爆發於台北市大安區，比較兩種情境下(a)桃園縣與(b)花蓮縣疫情的發展，一種情境是不施行任何策略(紅色線條)，另一種則在策略施行時間點為第九天，施行基因演算法所找到近似最佳的交通阻絕策略(綠色線條，見表 4-5)。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數

4.2.1.2 新型流感起始於台中市北屯區

本小節模擬新型流感開始爆發於台中市北屯區，初始感染人數十人，遠程通勤之交通阻絕策略應如何施行。表 4-6 與圖 4-9a 是在無施行任何交通阻絕策略下新型流感於各縣市高峰期的時間，可以發現台北縣、台北市、台中市與高雄市四個人口眾多的縣市，疫情高峰期非常接近，而台北縣甚至比初始爆發區域台中市更早進入高峰期。然而圖 4-9b 則是第一時間封鎖所有的遠程通勤，只讓短程通勤保持暢通的情況下，新型流感擴散的行為，阻絕遠程通勤可以延遲台北縣市與高雄市疫情高峰期達 38 至 58 天(表 4-8)，顯示阻絕遠程通勤可以有效延遲北部與南部兩大都會區疫情的發展。

圖 4-10 是測試在不同的策略施行時間點利用基因演算法所找到近似最佳交通阻絕策略。由表 4-8 與圖 4-11，我們可以發現在策略施行時間點為第五天時，交通阻絕策略已無法有效延遲各縣市疫情高峰期，只剩中部地區的雲林縣與嘉義縣還有 7 至 8 天的延遲效果(亦可參考附錄 B)，這可能是該兩縣市對外交通不發達，使得疫情散播到這些縣市的速度較慢。另一方面，我們比較在不同策略施行時間點所找到的策略，它們的「單位成本之成效指標」(表 4-2)隨著策略施行時間點的拖延，單位成本所能達到的效果也越來越差(表 4-7)。最後，同樣測試候選策略錯開各縣市疫情能力的「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)也隨著策略施行時間點的拖延也越來越高(圖 4-12)，也就是越慢施行交通阻絕策略，越難阻止各縣市疫情同步爆發。然而，和位於其他初始感染源的結果相比較，當疫情一開始爆發於台中市北屯區，各縣市疫情更容易同步爆發，由圖 4-12 可以發現當策略施行時間點為第五天時，基因演算法所找到的交通阻絕策略錯開各縣市疫情的成效已不太明顯，主要是因為台中市位於台灣西部中廊中心，而西部走廊擁有台灣最繁密的交通網，一旦台中市爆發新型流感，它將快速擴散至台灣南北兩端的縣市，造成西部走廊各縣市疫情同步爆發。

而當策略施行時間點為第五天與第七天時，與傳染病感染源位於台北市大

安區的情況一樣，程式誤判桃園縣的疫情，同樣也是因為在施行交通阻絕策略後，桃園縣感染曲線的形狀有些改變，導致疫情達到高峰期的時間有些延遲，但桃園縣整個疫情沒有明顯的延後，詳細的例子可參考 4.2.1.1 節的本文。

\縣市	台北縣	宜蘭縣	桃園縣	新竹縣	苗栗縣	台中縣	彰化縣	南投縣	雲林縣
疫情高峰期	23	35	29	48	52	29	34	36	66
\縣市	嘉義縣	台南縣	高雄縣	屏東縣	台東縣	花蓮縣	基隆市	新竹市	台中市
疫情高峰期	62	35	29	38	36	35	37	44	28
\縣市	嘉義市	臺南市	台北市	高雄市					
疫情高峰期	53	37	27	30					

表 4-6 新型流感開始爆發於台中市北屯區，在無策略下各縣市疫情處在最高峰時的時間(疫情高峰期的定義可參考公式 15 InfectiousPeakⁿ)

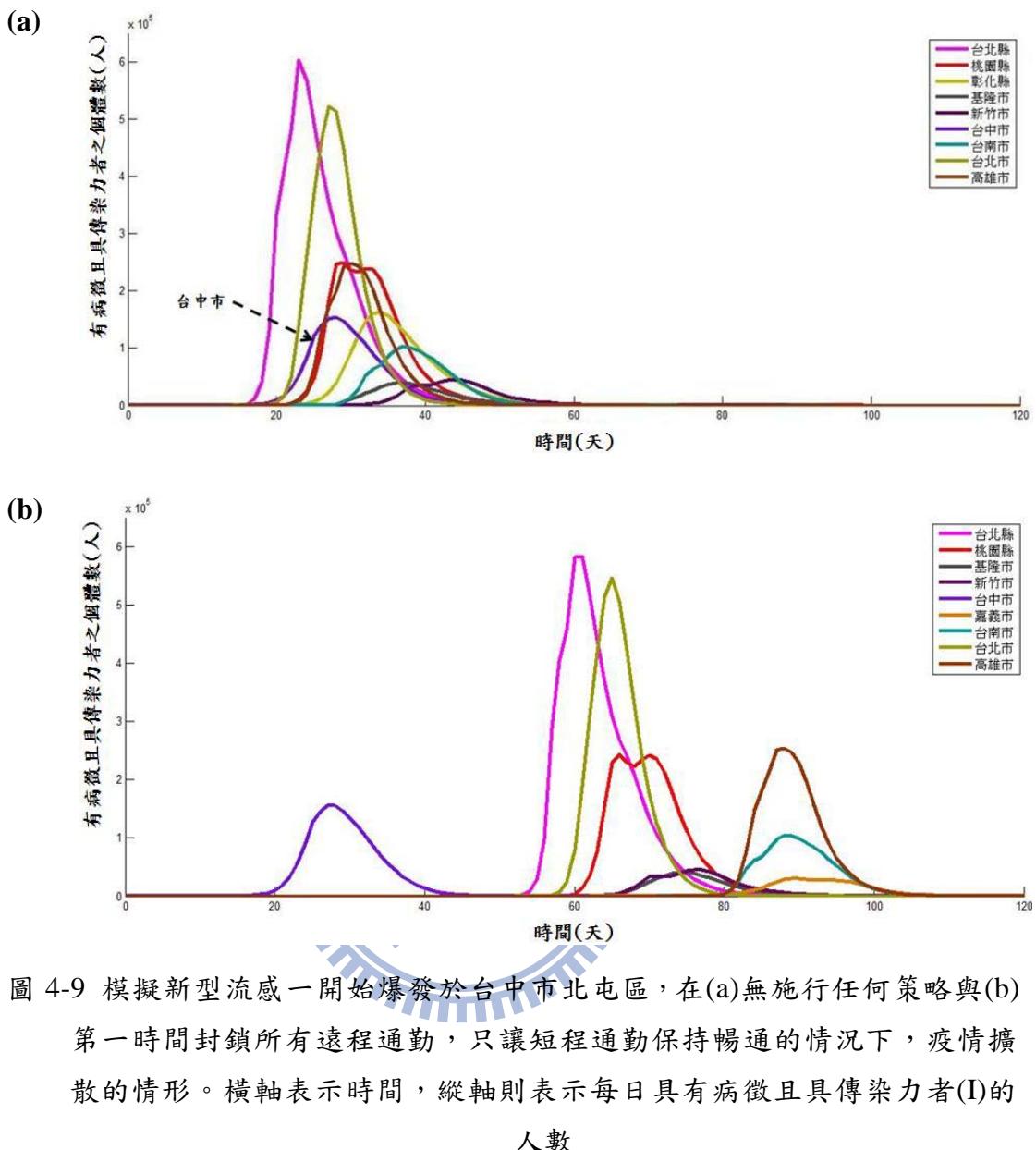




圖 4-10 模擬新型流感一開始爆發於台中市北屯區，待疫情規模發展至不同時間點時，在只考量遠程通勤之交通阻絕的情形下，基因演算法所找到的近似最佳交通阻絕策略。線條後的數字代表在模擬的第幾天關站，「開放」代表不關閉此防疫分區的通，「x」則代表此防疫分區沒有該類型的交通通勤。(a)代表模擬的第一天、(b)代表第三天、(c)代表第五天、(d)代表第七天施行交通阻絕策略

\交通阻絕策略施行時間點	模擬的 第一天	模擬的 第三天	模擬的 第五天	模擬的 第七天
縣市疫情同步擴散指標	0.573	0.638	0.8500	0.8500
相對成效一	0.891	1.000	4.1060	0.9370
相對成本一	0.472	0.215	0.0630	0.0680
相對成效二	0.134	0.027	0.0015	0.0015
相對成本二	0.387	0.174	0.0410	0.0420
單位成本之成效指標	0.346	0.155	0.0370	0.0360

表 4-7 對應圖 4-10 所列交通阻絕策略之成效與成本分析

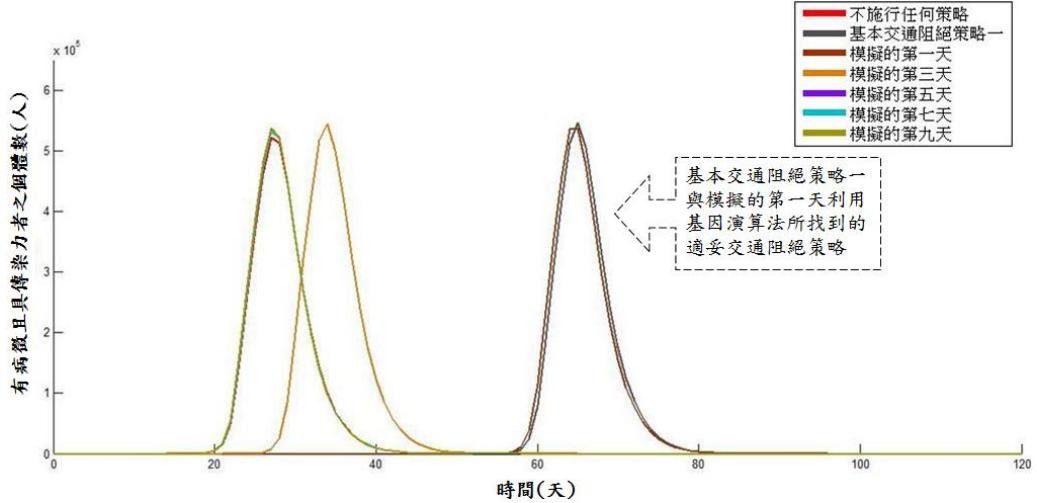


縣市\延遲的天數	第一時間關閉所有遠程				
	通勤	1	3	5	7
台北縣	38	37	7	0	0
宜蘭縣	37	37	6	0	0
桃園縣	37	41	6	4*	4*
新竹縣	32	32	13	2	2
苗栗縣	33	33	13	2	2
台中縣	0	0	0	0	0
彰化縣	0	0	0	0	0
南投縣	0	0	0	0	0
雲林縣	38	38	29	7	7
嘉義縣	38	38	30	8	8
台南縣	51	39	9	0	0
高雄縣	58	29	8	0	0
屏東縣	57	29	7	0	0
台東縣	No	No	No	No	No
花蓮縣	No	No	No	No	No
基隆市	37	37	6	0	0
新竹市	32	32	13	2	2
台中市	0 896 0	0	0	0	0
嘉義市	36	36	28	6	6
臺南市	51	38	9	0	0
台北市	38	38	7	0	0
高雄市	58	29	8	0	0

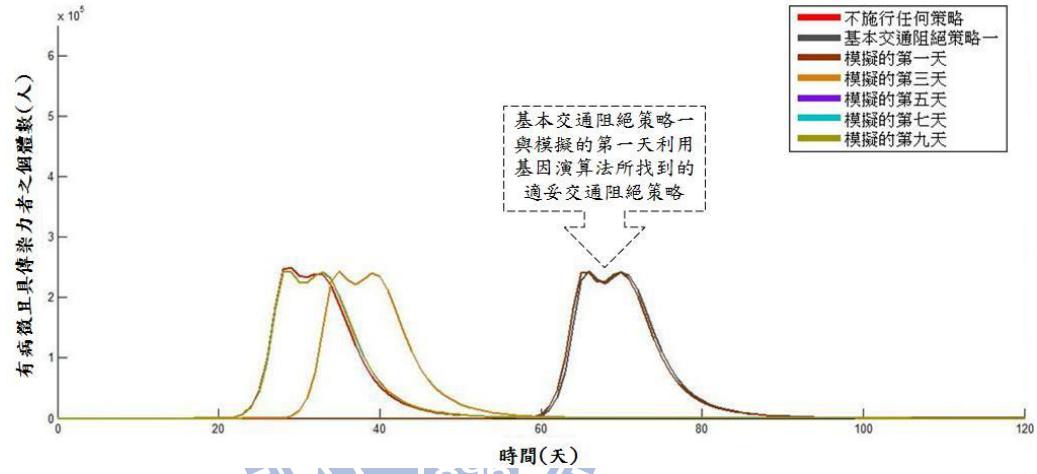
表 4-8 對應圖 4-10 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。

「No」表示沒有疫情爆發，「*」則表示程式誤判，細節敘於本文。

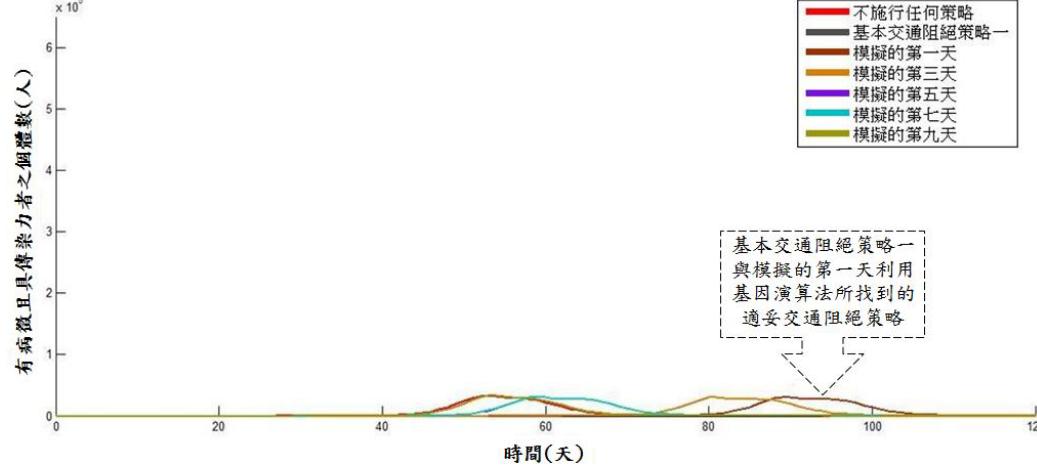
(a)



(b)



(c)



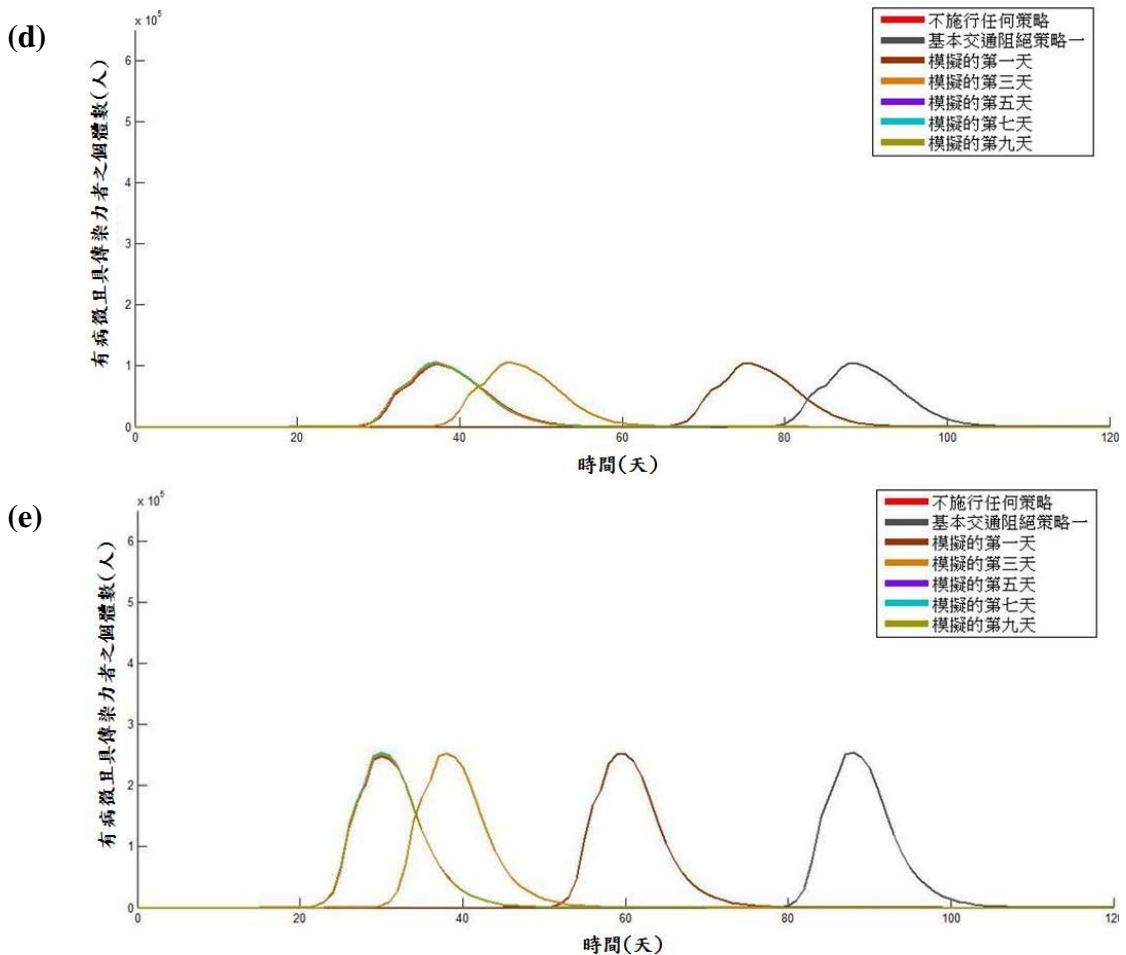
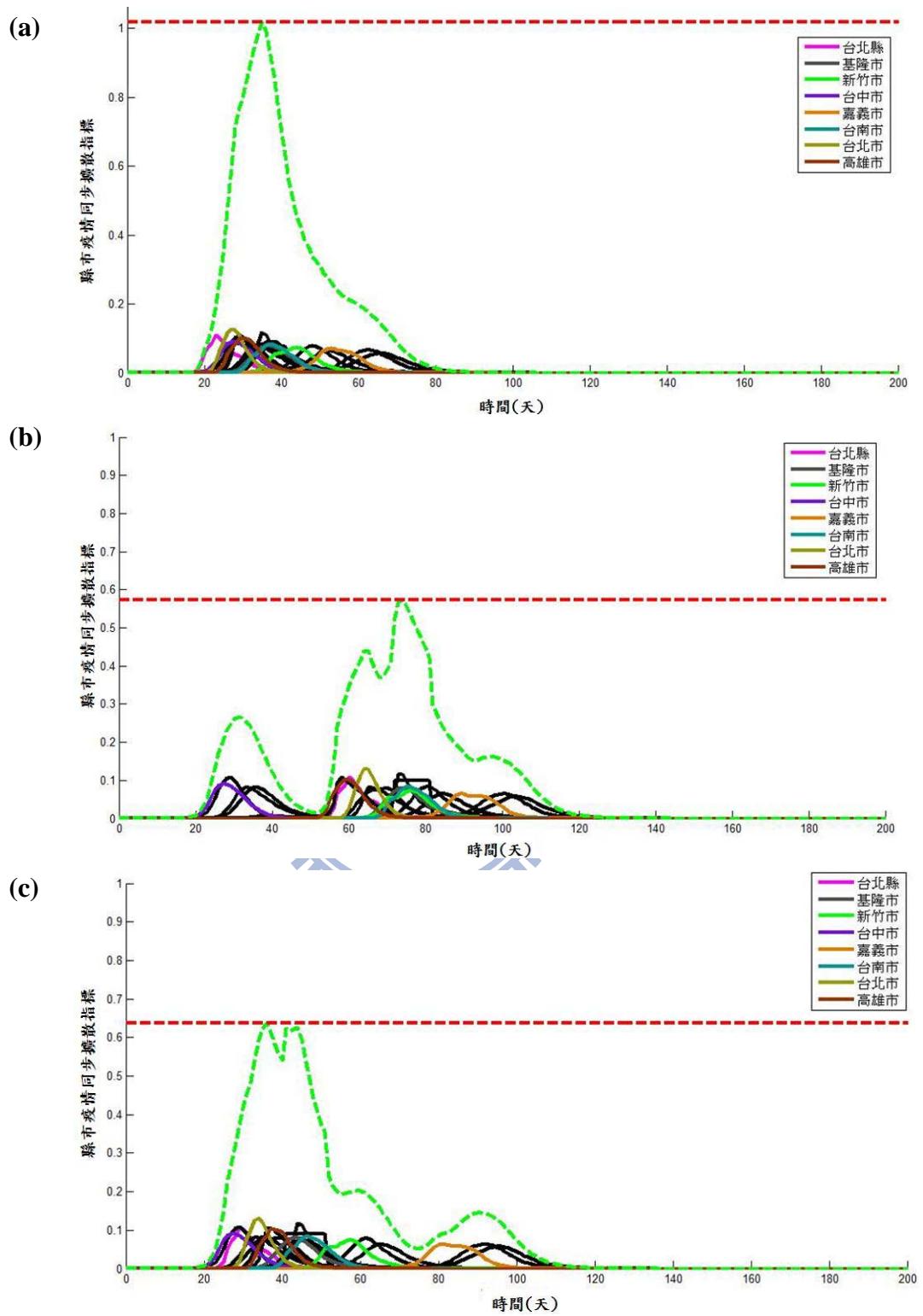


圖 4-11 對應圖 4-10 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效(a)為台北市(b)為桃園縣(c)為嘉義市(d)為臺南市與(e)為高雄市。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力(I)的人數



(d)

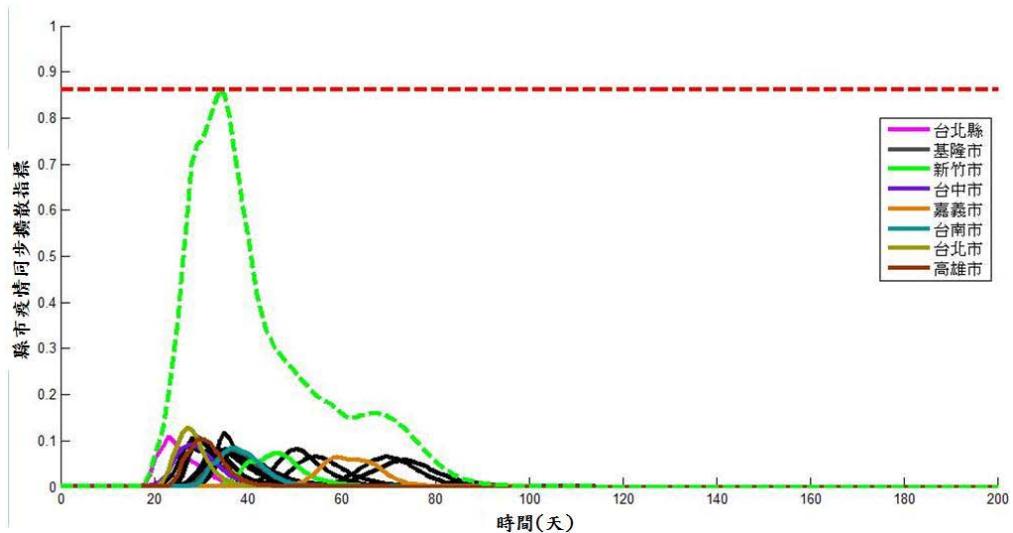


圖 4.12 模擬新型流感開始爆發於台中市三民區，在不同策略施行時間點，基
因演算法所找到的交通阻絕策略錯開各縣市疫情的情況。(a)無施行任何
策略，(b)策略施行時間點為第一天、(c)第三天、(d)第五天。橫軸表示時
間，縱軸表示「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)。

4.2.1.3 新型流感起始於高雄市三民區

本小節模擬新型流感開始爆發於高雄市三民區，初始感染人數十人，遠程
通勤之交通阻絕策略應如何施行。表 4-9 與圖 4-13a 是在無施行任何公衛策略下
新型流感於各縣市高峰期的時間，如同 4.2.1.1 模擬新型流感開始爆發於台北市
大安區時的狀況，高雄市與台北縣市疫情的高峰期相隔很短時間。然而圖 4-13b
則是第一時間封鎖所有的遠程通勤，只讓短程通勤保持暢通的情況下，新型流
感擴散的行為，阻絕遠程通勤可以延遲台北縣市疫情達 102 至 103 天(表 4-11)，
同時也延遲台中市疫情達 74 天，再次顯示遠程通勤加速了北、中、南三大都會
區疫情的同步爆發。反之，若只依賴短程通勤來散播新型流感，擴散的速度相
對上比較慢。

而探討在不同策略施行時間點交通阻絕策略的最佳化，策略施行時間點為
第三天時，遠程通勤之交通阻絕策略延遲北部地區主要縣市之成效大幅縮減，
(圖 4-15a、b、c 台北市、基隆市與桃園縣的疫情延遲效果)，延遲效果只剩 6
至 8 天(表 4-11)，與模擬新型流感一開始爆發於台北市大安區的情形類似，也是

因為台北市與高雄市有高通勤量的往來。而南部另一座重要城市-臺南市，由於緊鄰高雄市，遠程通勤之交通阻絕策略不管在任何策略施行時間點，交通阻絕策皆無法有效延遲疫情高峰期(圖 4-15f)。

最後，與前兩小節的結果一樣，我們比對不同策略施行時間點所找到的策略，它們的「單位成本之成效指標」(表 4-2)隨著策略施行時間點的拖延，交通阻絕策略單位成本所能達到的效果也越來越差(表 4-10)。最後，同樣測試候選策略錯開各縣市疫情能力的「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)也隨著策略施行時間點的拖延也越來越高(圖 4-16)，也就是越慢施行交通阻絕策略，越難阻止各縣市疫情同步爆發。

\縣市	台北縣	宜蘭縣	桃園縣	新竹縣	苗栗縣	台中縣	彰化縣	南投縣	雲林縣
疫情高峰期	20	31	25	44	48	36	41	43	54
\縣市	嘉義縣	台南縣	高雄縣	屏東縣	台東縣	花蓮縣	基隆市	新竹市	台中市
疫情高峰期	50	25	14	23	22	31	32	40	35
\縣市	嘉義市	臺南市	台北市	高雄市					
疫情高峰期	41	27	23	15					

表 4-9 新型流感開始爆發於高雄市三民區，在無策略下各縣市疫情最高峰時間的時間(疫情高峰期的定義可參考公式 15 InfectiousPeakⁿ)

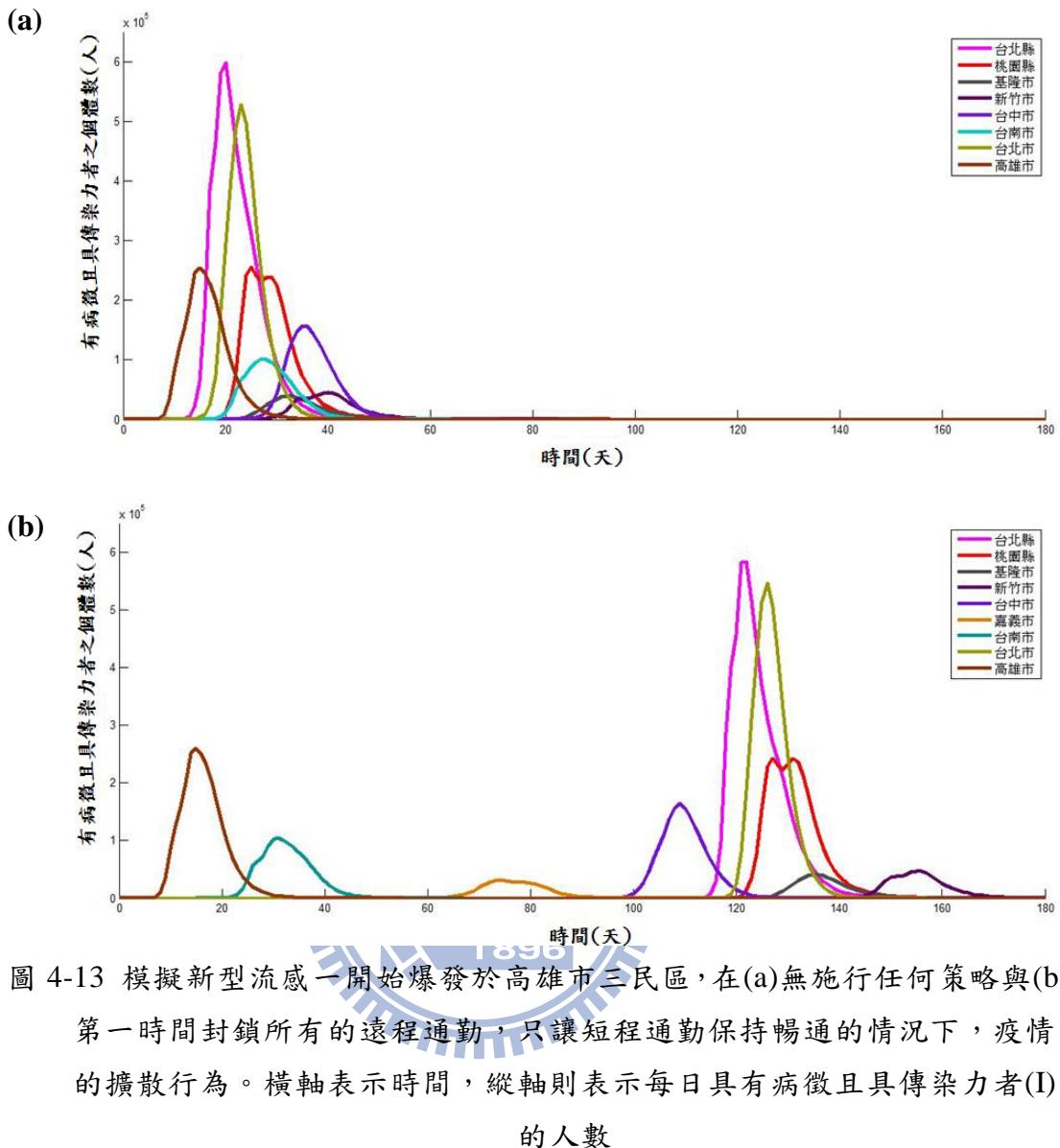




圖 4-14 模擬新型流感一開始爆發於高雄市三民區，待疫情規模發展至不同時間點時，在只考量遠程通勤之交通阻絕的情形下，基因演算法所找到的近似最佳交通阻絕策略。線條後的數字代表在模擬的第幾天關站，「開放」代表不關閉此防疫分區的交通，「x」則代表此防疫分區沒有該類型的交通通勤。(a)代表模擬的第一天、(b)代表第三天、(c)代表第五天、(d)代表第七天、(e)代表第九天施行交通阻絕策略

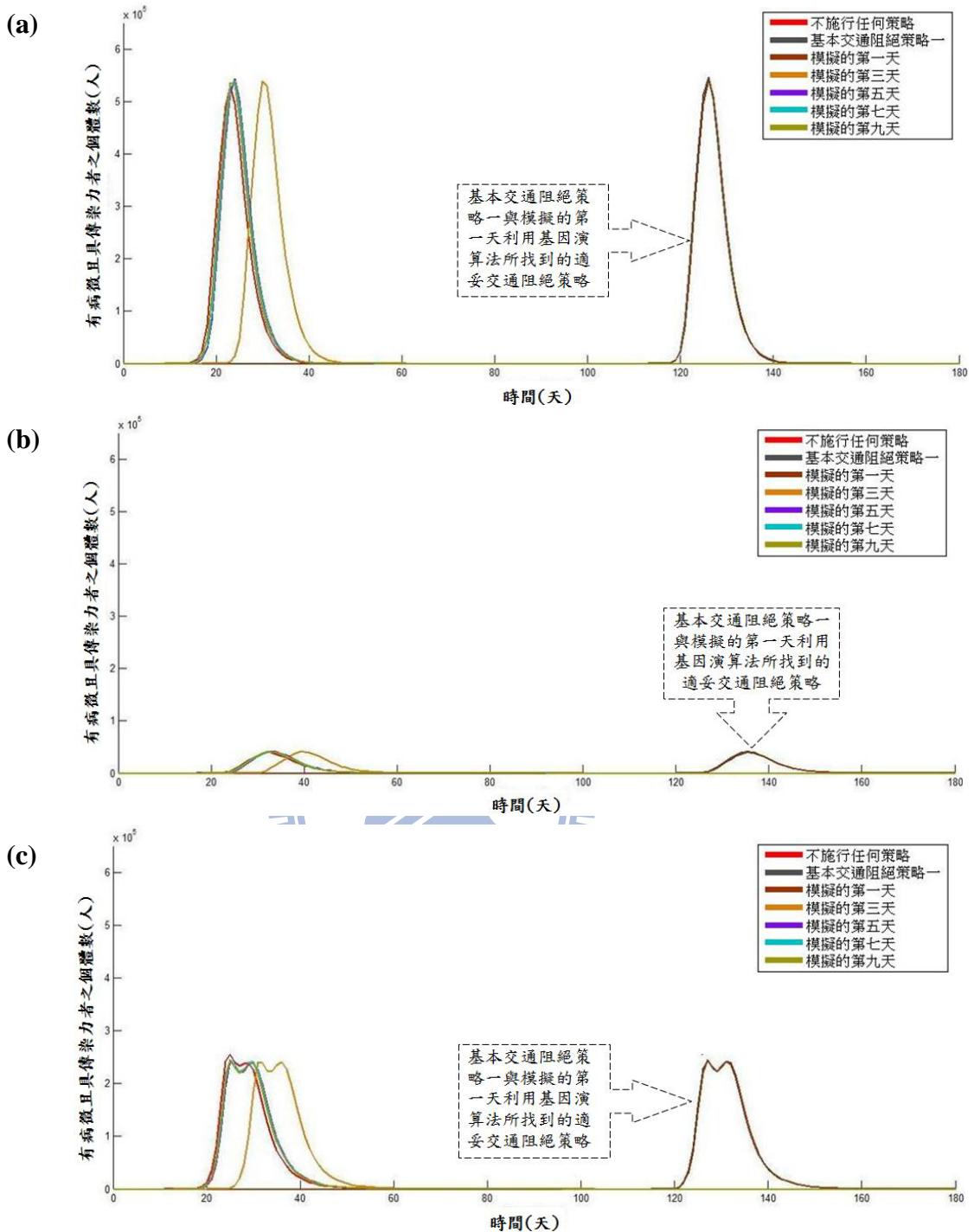
\交通阻絕策略施行時間點	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的
	第一天	第三天	第五天	第七天	第九天
縣市疫情同步擴散指標	0.314	0.488	0.485	0.487	0.498
相對成效一	1.000	1.040	0.956	0.916	0.981
相對成本一	0.347	0.209	0.209	0.204	0.254
相對成效二	0.339	0.030	0.005	0.005	0.003
相對成本二	0.257	0.160	0.150	0.120	0.127
單位成本之成效指標	1.319	0.188	0.033	0.042	0.024

表 4-10 對應圖 4-14 所列交通阻絕策略之成效與成本分析



縣市\延遲的天數	第一時間關閉所有遠程					
	通勤	1	3	5	7	9
台北縣	102	102	6	0	0	0
宜蘭縣	102	103	7	0	0	0
桃園縣	102	102	11	0	0	0
新竹縣	115	115	14	5	4	4
苗栗縣	115	115	14	5	4	4
台中縣	73	73	18	7	6	5
彰化縣	73	73	17	6	5	4
南投縣	73	73	17	6	6	4
雲林縣	34	34	32	10	13	12
嘉義縣	35	35	33	11	14	12
台南縣	4	4	4	3	2	2
高雄縣	0	0	0	0	0	0
屏東縣	0	0	0	0	0	0
台東縣	No	No	No	No	No	No
花蓮縣	No	No	No	No	No	No
基隆市	103	104*	8	1	1	1
新竹市	115	115	14	5	4	4
台中市	74	396	74*	18	7	6
嘉義市	33	33	31	10	12	10
臺南市	4	4	4	3	2	2
台北市	103	103	7	1	1	0
高雄市	0	0	0	0	0	0

表 4-11 對應圖 4-14 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。「No」表示沒有疫情爆發，「*」則表示程式誤判，細節敘於本文。



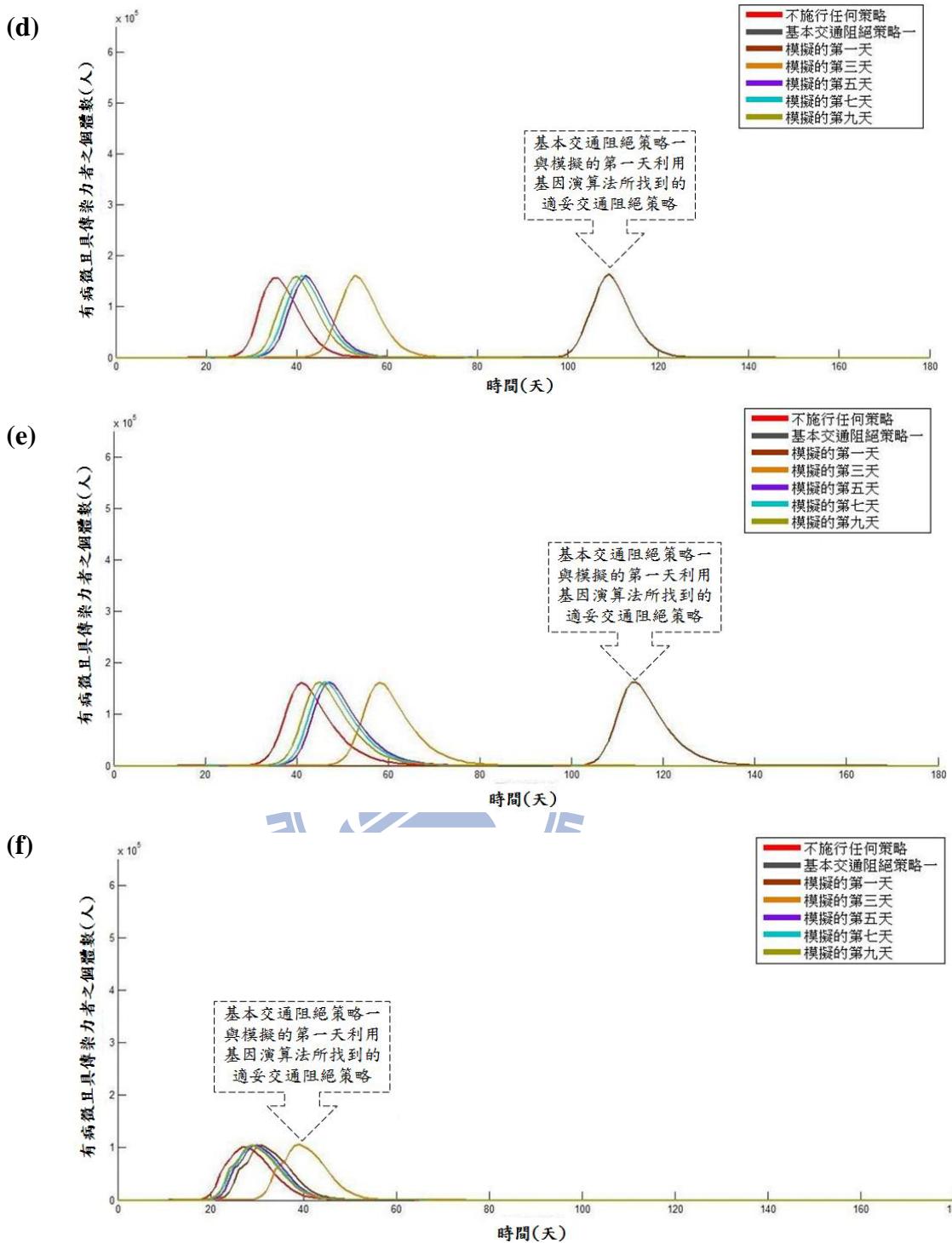
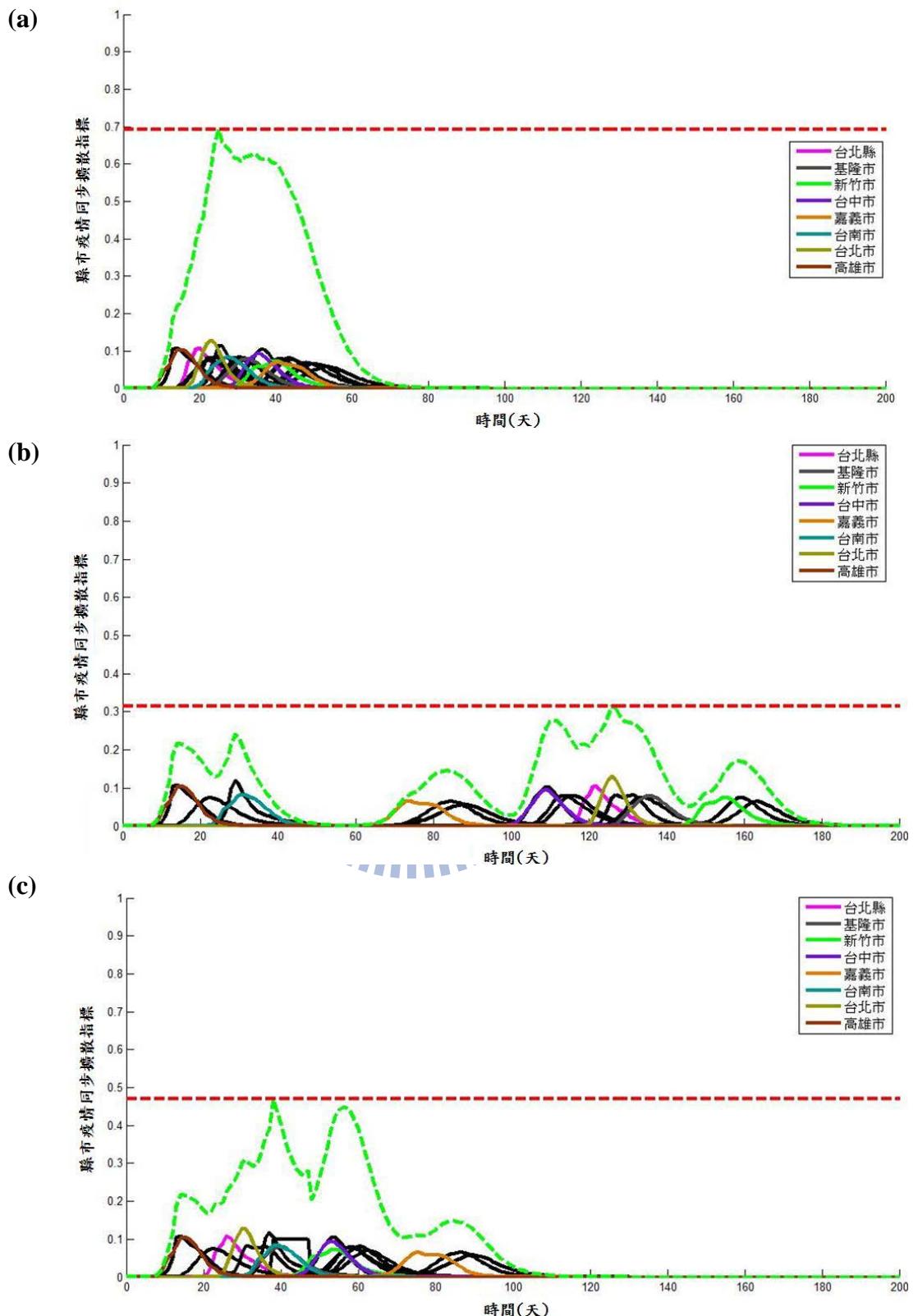


圖 4-15 對應圖 4-14 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效(a)為台北市(b)為基隆市(c)為桃園縣(d)為台中市與(e)為彰化縣(f)為臺南市。縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數



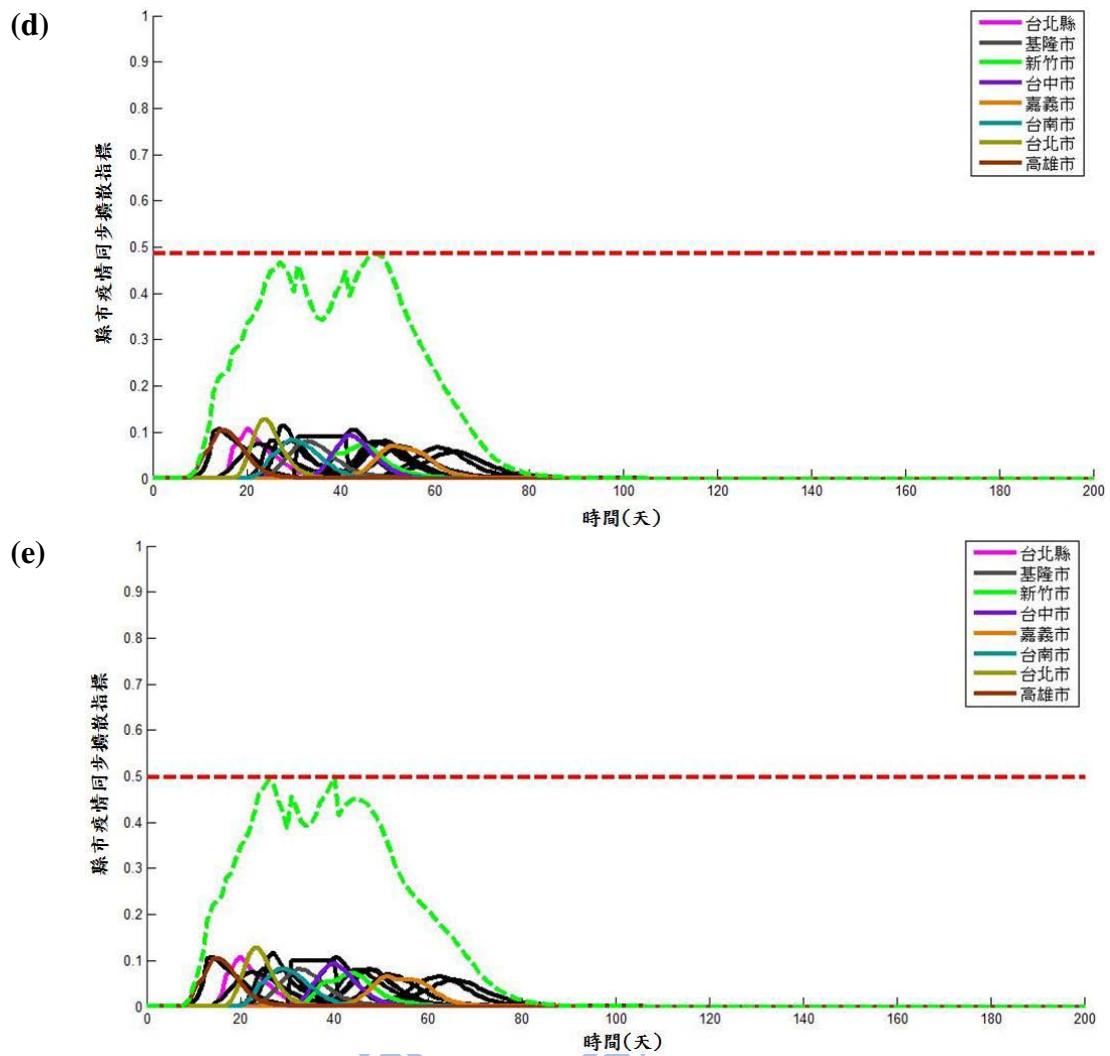


圖 4-16 模擬新型流感開始爆發於高雄市三民區，在不同策略施行時間點，基因演算法所找到的交通阻絕策略錯開各縣市疫情的情況。(a)無施行任何策略，(b)策略施行時間點為第一天、(c)第三天、(d)第五天、(e)第九天。橫軸表示時間，縱軸表示「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)。

4.2.2 台灣短程通勤與遠程通勤之交通阻絕策略

除了遠程通勤的交通阻絕，本節多考量短程通勤的交通阻絕來延遲並錯開各縣市疫情。在不同感染源的情境下與不同策略施行時間點，探討利用基因演算法所找到近似最佳的交通阻絕策略。同樣，以台灣六大防疫分區—台北區、北區、中區、南區、高屏區與花東區—為策略實行單位，運用基因演算法來決定各防疫分區內各類交通關站的先後順序與關站時間。

與 4.2.1 節一樣，本研究定義兩項基本策略作為比較的基準來分析基因演算法找到的交通阻絕策略在成效與成本方面的表現，分別為「基本交通阻絕策略一」與「基本交通阻絕策略二」（表 4-2）。「基本交通阻絕策略一」的定義改成待疫情規模發展至模擬的第 t 天，關閉台灣本島所有短程通勤與遠程通勤， t 依據策略施行的時間點。然而「基本交通阻絕策略一」是在疫情規模進展至時間點 t 時，延遲各縣市疫情成效最好的交通阻絕策略，但卻也是在該施行時間點影響最多人通勤的策略。「基本交通阻絕策略一」延遲各縣市疫情高峰期的成效於附錄 D 與附錄 E。另外，「基本交通阻絕策略二」的定義沒有改變。

4.2.2.1 新型流感起始於台北市大安區

本小節模擬新型流感開始爆發於台北市大安區，初始感染人數十人時，短程與長程通勤之交通阻絕策略應如何施行。比較表 4-5 與表 4-13，在策略施行時間點為第一天，利用基因演算法所找到的交通阻絕策略，多考量短程通勤之交通阻絕策略可以將疫情封鎖在台北區內部，但在策略施行時間點為第三天、第五天、第七天與第九天的情境下，依據「單位成本之成效指標」（表 4-2），多考量了短程通勤的交通阻絕沒有明顯優勢。圖 4-17 為不同策略施行時間點，基因演算法所找到符合當下疫情規模的交通阻絕策略，表 4-13 與圖 4-18 是這些策略延遲各縣市疫情的成效。當策略施行時間點為第九天，程式誤判桃園縣疫情的延遲，原因與 4.2.1.1 小節相同。而策略施行時間點為第一天至第七天，程式判定宜蘭縣的疫情高峰期提早一天，主要是因為該縣的疫情提早結束，同樣也可參考 4.2.1.1 小節的本文。

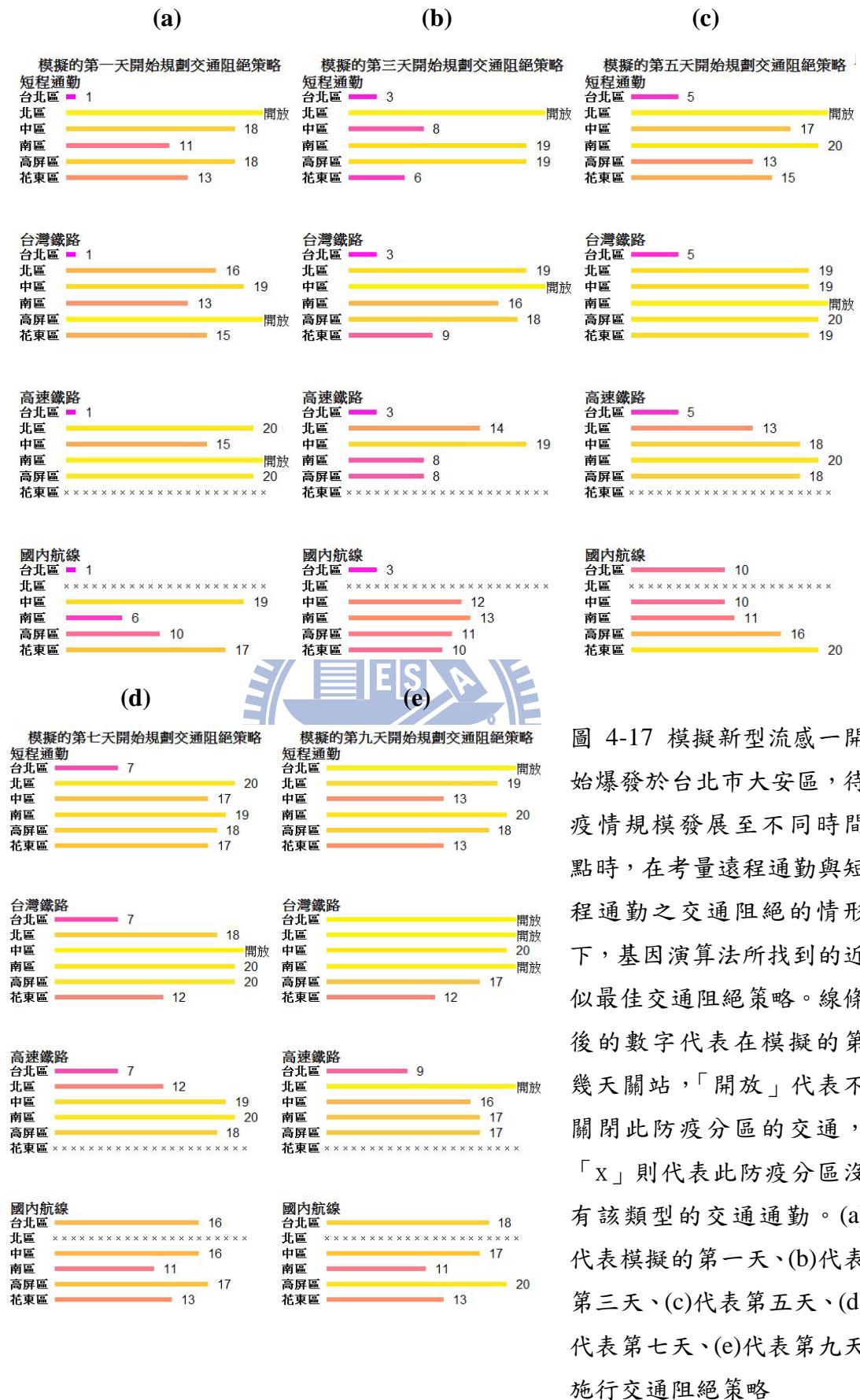
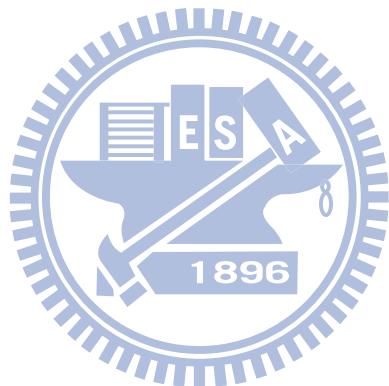


圖 4-17 模擬新型流感一開始爆發於台北市大安區，待疫情規模發展至不同時間點時，在考量遠程通勤與短程通勤之交通阻絕的情形下，基因演算法所找到的近似最佳交通阻絕策略。線條後的數字代表在模擬的第幾天關站，「開放」代表不關閉此防疫分區的交通，「x」則代表此防疫分區沒有該類型的交通通勤。(a)代表模擬的第一天、(b)代表第三天、(c)代表第五天、(d)代表第七天、(e)代表第九天施行交通阻絕策略

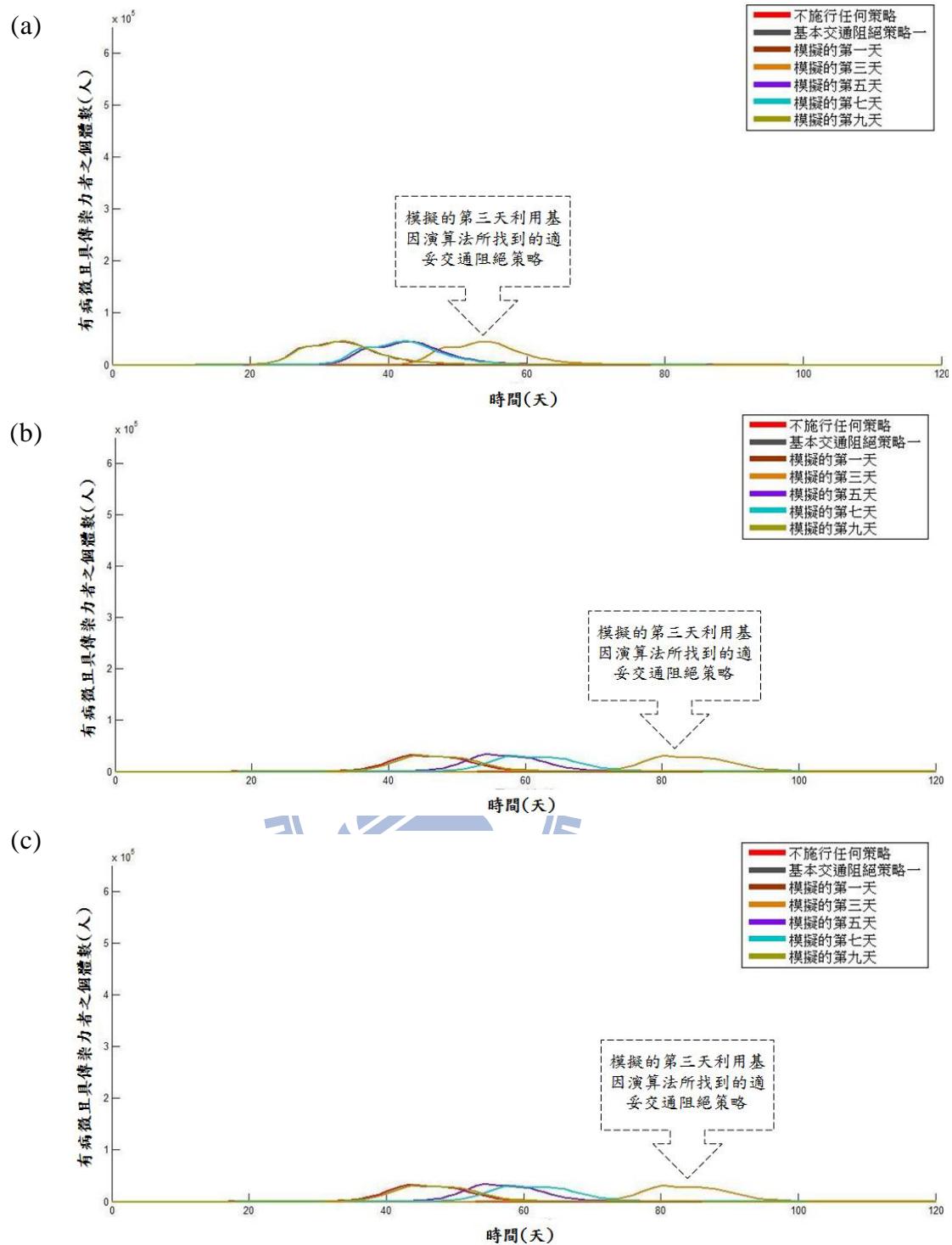
\交通阻絕策略施行時間點	模擬的第一天	模擬的第三天	模擬的第五天	模擬的第七天	模擬的第九天
縣市疫情同步擴散指標	0.314	0.488	0.485	0.487	0.498
相對成效一	1.000	1.040	0.956	0.916	0.981
相對成本一	0.347	0.209	0.209	0.204	0.254
相對成效二	0.340	0.032	0.005	0.005	0.003
相對成本二	0.257	0.160	0.150	0.120	0.127
單位成本之成效指標	1.323	0.200	0.033	0.042	0.024

表 4-12 對應圖 4-17 所列交通阻絕策略之成效與成本分析



縣市\延遲的天數	絕策略二	基本交通阻					
		1	3	5	7	9	
台北縣		0	0	0	0	0	0
宜蘭縣		-1	-1	-1	-1	-1	0
桃園縣	No	No	51	28	26	4*	
新竹縣	No	No	On	10	9	0	
苗栗縣	No	No	On	10	9	0	
台中縣	No	No	19	7	6	2	
彰化縣	No	No	19	7	7	3	
南投縣	No	No	18	7	6	2	
雲林縣	No	No	38	11	16	1	
嘉義縣	No	No	38	10	15	1	
台南縣	No	No	12	3	3	2	
高雄縣	No	No	9	1	1	1	
屏東縣	No	No	9	1	1	1	
台東縣	No	No	No	No	No	No	
花蓮縣	No	No	No	No	No	No	
基隆市	No	No	0	0	0	0	
新竹市	No	No	On	10	9	0	
台中市	No	No	20	8	8	3	
嘉義市	No	No	37	11	14	0	
臺南市	No	No	12	3	3	2	
台北市	0	0	0	0	0	0	
高雄市	No	No	9	2	1	1	

表 4-13 對應圖 4-17 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。「No」表示沒有疫情爆發，「*」則表示程式誤判，細節敘於本文。



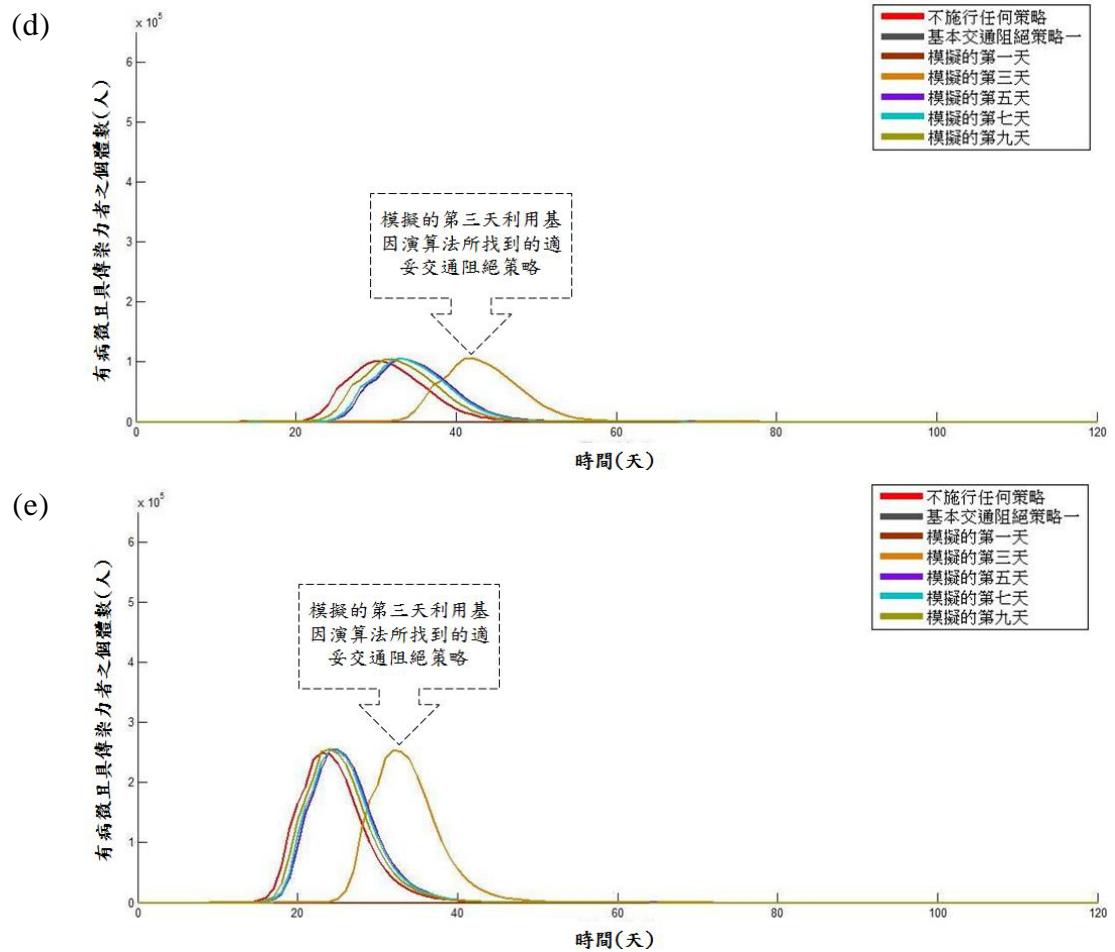


圖 4-18 對應圖 4-17 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效(a)為新竹市(b)為台中市(c)為嘉義市(d)為臺南市與(e)為高雄市。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數

4.2.2.2 新型流感起始於高雄市三民區

本小節模擬新型流感開始爆發於高雄市三民區，初始感染人數十人時，短程與長程通勤之交通阻絕策略應如何施行。比較表 4-11 與表 4-15，在策略施行時間點為第一天，利用基因演算法所找到的交通阻絕策略，多考量短程通勤之交通阻絕策略可以將疫情封鎖在防疫分區的高屏區內部，但在策略施行時間點為第三天、第五天、第七天與第九天的情境下，依據「單位成本之成效指標」(表 4-2)，多考量了短程通勤的交通阻絕沒有明顯優勢。圖 4-19 為不同策略施行時間點，基因演算法所找到符合當下疫情規模的交通阻絕策略，表 4-15 與圖 4-20 是這些策略延遲各縣市疫情的成效。

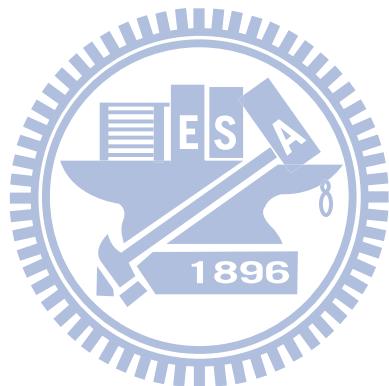




圖 4-19 模擬新型流感一開始爆發於高雄市三民區，待疫情規模發展至不同時間點時，在考量遠程通勤與短程通勤之交通阻絕的情形下，基因演算法所找到的近似最佳交通阻絕策略。線條後的數字代表在模擬的第幾天關站，「開放」代表不關閉此防疫分區的交通，「x」則代表此防疫分區沒有該類型的交通通勤。(a)代表模擬的第一天、(b)代表第三天、(c)代表第五天、(d)代表第七天、(e)代表第九天施行交通阻絕策略

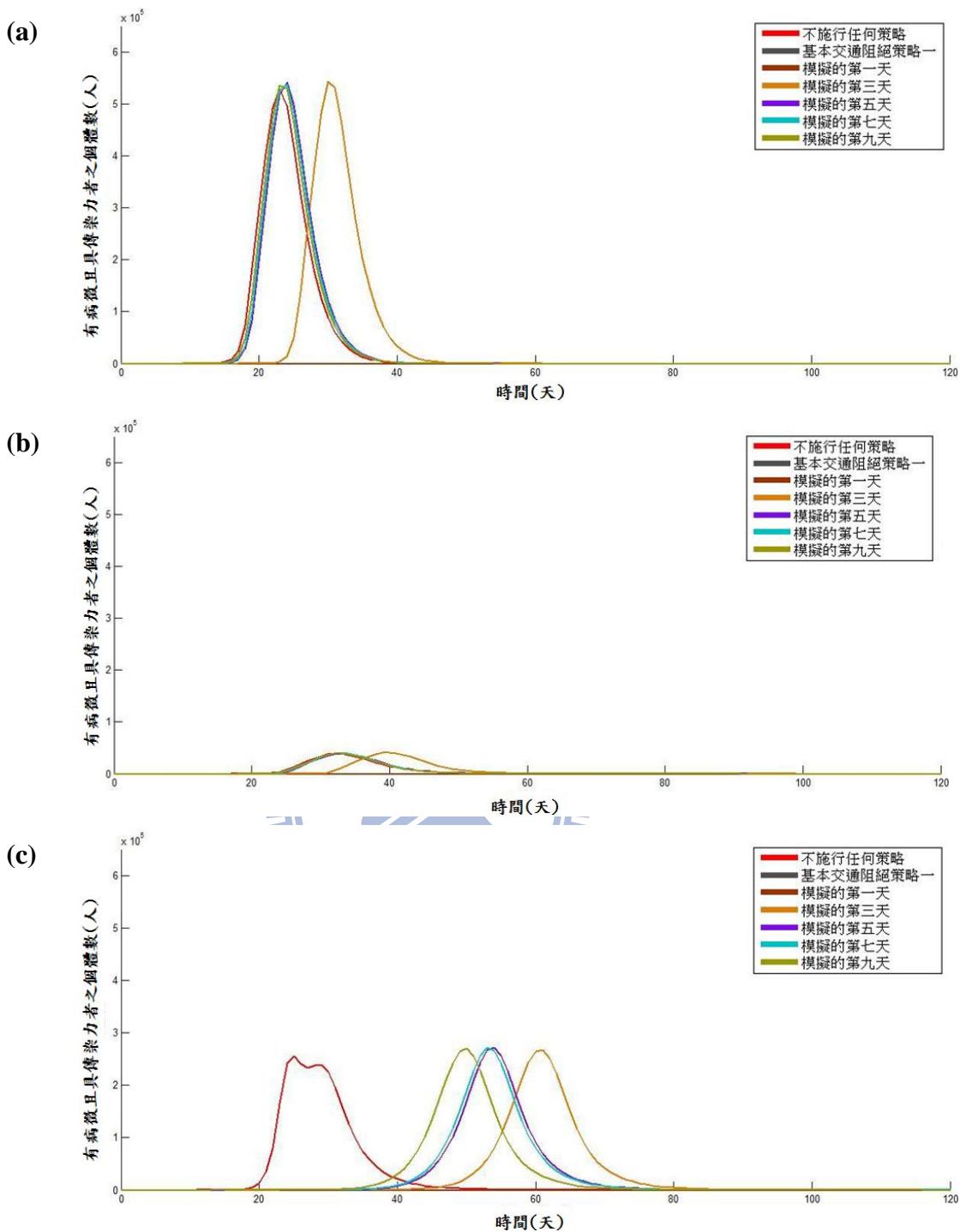
\交通阻絕策略施行時間點	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的	模擬的
	第一天	第三天	第五天	第七天	第九天
縣市疫情同步擴散指標	0.217	0.481	0.466	0.450	0.523
相對成效一	1.000	0.878	0.866	0.865	0.864
相對成本一	0.315	0.225	0.282	0.296	0.274
相對成效二	1.000	0.040	0.015	0.014	0.011
相對成本二	0.419	0.283	0.361	0.343	0.270
單位成本之成效指標	2.387	0.141	0.042	0.041	0.041

表 4-14 對應圖 4-19 所列交通阻絕策略之成效與成本分析



縣市\延遲的天數	絕策略二	基本交通阻				
		1	3	5	7	9
台北縣	No	No	6	0	0	0
宜蘭縣	No	No	7	1	1	0
桃園縣	No	No	36	29	28	25
新竹縣	No	No	19	7	8	5
苗栗縣	No	No	19	7	8	5
台中縣	No	No	18	7	6	4
彰化縣	No	No	18	6	5	4
南投縣	No	No	18	6	5	4
雲林縣	No	No	33	16	16	10
嘉義縣	No	No	33	16	16	11
台南縣	No	No	5	3	3	2
高雄縣	0	0	0	0	0	0
屏東縣	0	0	0	0	0	0
台東縣	No	No	No	No	No	No
花蓮縣	No	No	No	No	No	No
基隆市	No	No	8	1	1	1
新竹市	No	No	19	7	8	5
台中市	No	No	19	7	6	4
嘉義市	No	No	31	14	14	9
臺南市	No	No	5	3	3	2
台北市	No	No	7	1	1	0
高雄市	0	0	0	0	0	0

表 4-15 對應圖 4-19 所列之交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。「No」表示沒有疫情爆發，「*」則表示程式誤判，細節敘於本文。



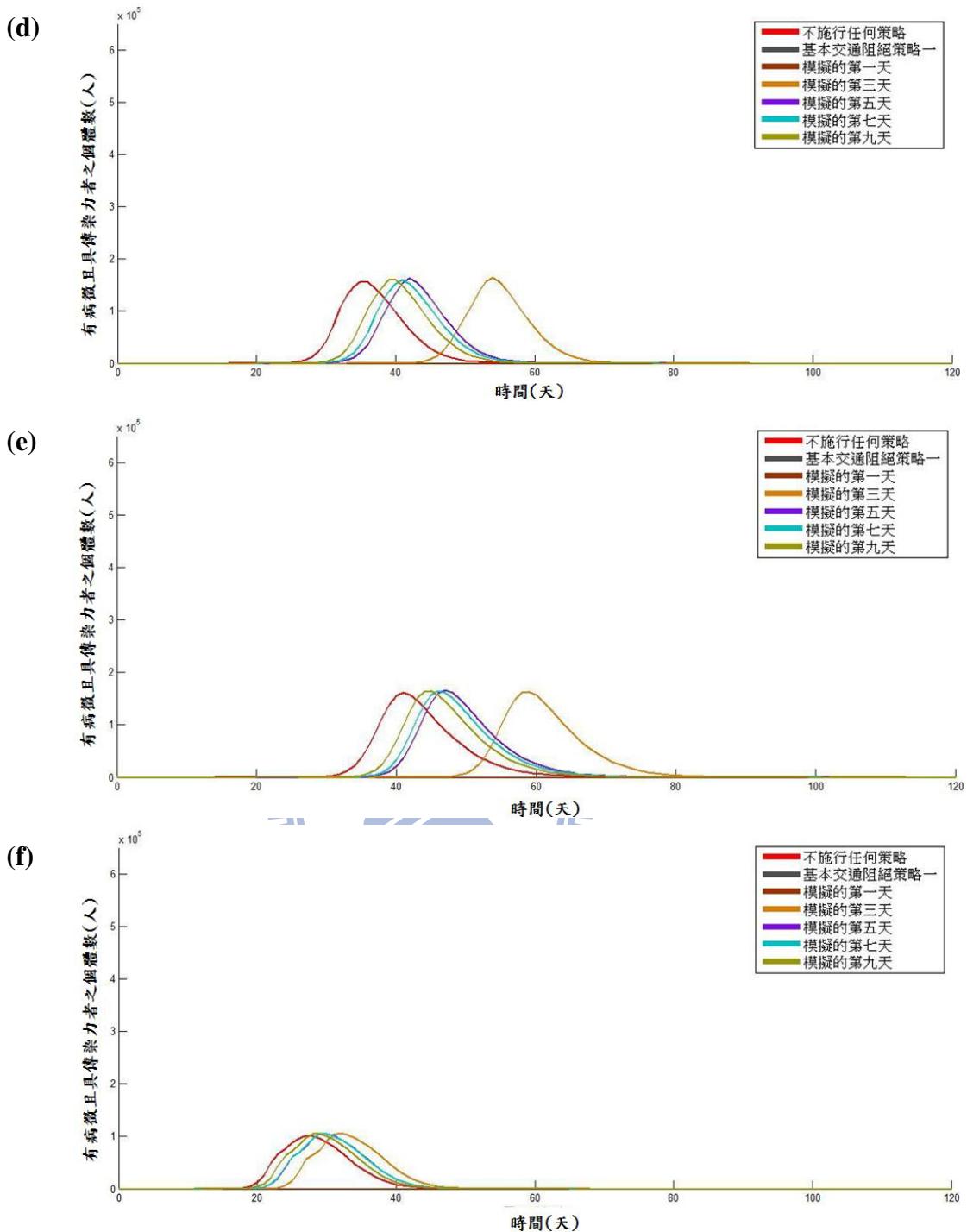


圖 4-20 對應圖 4-19 所列交通阻絕策略延遲各縣市疫情高峰期之成效(a)為台北市(b)為基隆市(c)為桃園縣(d)為台中市與(e)為彰化縣(f)為臺南市。橫軸表示時間，縱軸則表示每日具有病徵且具傳染力者(I)的人數

4.3 交通阻絕策略錯開各縣市疫情高峰期的能力探討

本實驗是進一步探討交通阻絕策略防止各縣市疫情同步爆發的可能。4.2 節的基因演算法主要是根據策略延遲各縣市疫情高峰期的能力來評分，我們重新設計新的基因演算法，改依據候選策略的「縣市疫情同步擴散指標」(表 4-2)來給策略評分，指標的數值越低表示此策略錯開各縣市疫情的能力越好，經由演化的方式找到指標數值最低的策略(亦可參考 3-5-2 節)。

我們模擬傳染病一開始爆發於台北市大安區，初始感染人數十人，策略施行時間點為第一天，另外本實驗只考量了遠程通勤的阻絕。新的基因演算法找到表 4-16 的交通阻絕策略，表 4-17 為該策略延遲各縣市疫情高峰期的天數。圖 4-21b 則為此策略的「縣市疫情同步擴散指標」，圖 4-21a 是基因演算法依據延遲各縣市疫情高峰期所找到最好策略之「縣市疫情同步擴散指標」。可以發現，前者(圖 4-21b)分散各縣市疫情的能力優於後者，尤其是錯開南部各縣市的疫情。而後者只是將南部各縣市的疫情一起往後推延，但它們卻集中在模擬的第 130 天至第 180 天一同爆發。

然而以「基本交通阻絕策略二」(表 4-2)為比較基準，前者所須的社會成本(為 0.507)卻高於後者(為 0.431)，主要是新的基因演算法未考慮到策略的社會成本，只單純考量了策略阻礙各縣市疫情同步之能力。如何考量「縣市疫情同步擴散指標」與策略的成本來設計基因演算法，是我們未來努力的方向。

Traffic	R₁	R₂	R₃	R₄	R₅	R₆	H₁	H₂	H₃
Time(day)	1	5	20	6	6	14	1	4	13
Traffic	H₄	H₅	H₆	A₁	A₂	A₃	A₄	A₅	A₆
Time(day)	14	1	15	1	5	15	On	20	16

表 4-16 模擬傳新型流感爆發於台北市大安區，基因演算法依據「縣市疫情同步擴散指標」所找到最好策略。

縣市	台北縣	宜蘭縣	桃園縣	新竹縣	苗栗縣	台中縣	彰化縣	南投縣	雲林縣
Delay(day)	0	-1	4	13	13	51	52	51	102

縣市	嘉義縣	台南縣	高雄縣	屏東縣	台東縣	花蓮縣	基隆市	新竹市	台中市
Delay(day)	101	97	87	87	No	No	0	13	53

縣市	嘉義市	臺南市	台北市	高雄市
Delay(day)	100	97	0	88

表 4-17 對應表 4-16 所列交通阻絕策略能夠延遲各縣市疫情高峰期的天數。

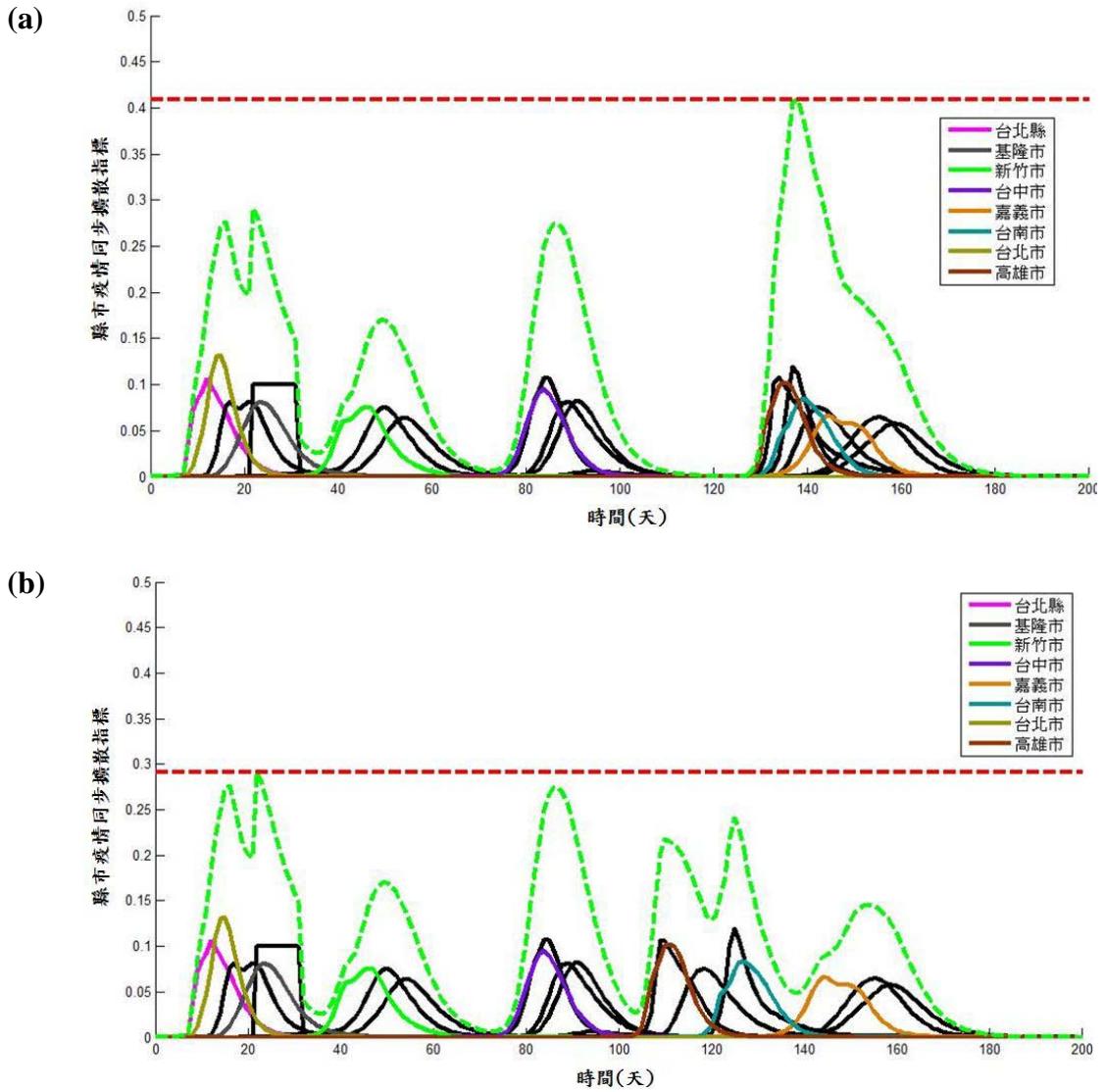


圖 4-21 模擬新型流感開始爆發於台北市大安區，策略施行時間點為第一天並只考量遠程通勤的交通阻絕，(a)為基因演算法依據延遲各縣市疫情高峰期所找到最好的策略(b)為基因演算法依據「縣市疫情同步擴散指標」所找到最好策略。綠色虛線是正規化各縣市感染人數時間序列後，經由疊加產生的感染曲線，紅色虛線則表示「縣市疫情同步擴散指標」
(表 4-2)

第五章 結論

本研究以新型流感爆發於台灣本島為例，探討交通阻絕策略的施行方式。在規劃一項交通阻絕策略以延遲新型流感的擴散和阻斷各地區疫情同步爆發時，我們必須考量到策略本身的社會成本，例如影響民眾的通勤上班、阻礙各地觀光產業的經營與其它經濟活動等，也就是如何規劃造成最小負面影響但仍維持相當成效的交通阻絕策略是本研究的重點。另外，每個地區對外交通頻繁與否、每條通勤交通路線通勤人口的多寡都會影響新型流感在時間與空間上擴散的模式，所以本研究結合了通勤交通網路結構與傳染病傳播動態模型來探討交通阻絕策略的施行方式。我們依據各縣市疫情延遲的天數與錯開各縣市疫情高峰期的程度來評估每個候選策略的成效，而依據交通阻絕策略影響多少通勤人口來評估候選策略的成本，接著根據每個候選策略成效與成本之比值，評估它們的好壞。我們提出以基因演算法依照上述的評估方法作為每個策略的最適值(Fitness)，以演化的方式找到符合最好成效與最低成本的交通阻絕策略。實驗結果顯示，不管起始感染源位於地理上哪個位置、疫情發展到怎樣的規模，基因演算法都可以找到符合當下感染規模之適妥的交通阻絕策略。

然而，當傳染病傳播動態模型越複雜、所規劃的交通阻絕策略越精緻時，基因演算法所須要的計算資源也就越龐大，如何開發效能更佳的基因演算法是未來研究的方向之一。另外，除了交通阻絕策略外，本模型也可以用來探討其它公衛策略的最佳化，例如若可以預估現有的抗病毒藥劑對於新型流感之治療成效，我們就能探討在各個地區應該如何佈署有限的抗病毒藥劑，使的傳染病威脅降至最低。

參考文獻

- [1] Anderson, R. M., May, R. M., “*Infectious diseases of humans: dynamics and control.*” Oxford University Press, 1991.
- [2] C.Y. Huang, et al., “*Simulating SARS: Small-World Epidemiological Modeling and Public Health Policy Assessments*”, *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*, 2004. (4), <http://jasss.soc.surrey.ac.uk/7/4/2.html>.
- [3] Colizza, V., et al., ”*Modeling the Worldwide Spread of Pandemic Influenza: Baseline Case and Containment.*” PLoS Medicine, 2007. 4(1): e13.
doi:10.1371/journal.pmed.0040013s
- [4] C.Y. Huang., et al., “*Influences of Resource Limitations and Transmission Costs on Epidemic Simulations and Critical Thresholds in Scale-Free Networks*” Simulation, 2009. 85(3); p. 205-219.
- [5] Darren, M. Green, Istvan, Z. Kiss, and Rowland, R. Kao, “*Parameterization of individual-based models: Comparisons with deterministic mean-field models.*” *Journal of Theoretical Biology*, 2005. 239; p. 289-297.
- [6] Ferguson, N. M., et al., “*Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia.*” *Nature*, 2005. 437: p. 209-214.
- [7] Kermack, W. O. and A. G. McKendrick, “*A contribution to the mathematical theory of epidemics.*” *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 1927. 115(772): p.700-721.
- [8] Keeling, M.J. and Rohani, P., “*Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals.*” Princeton University Press, 2008.
- [9] Longini Jr, I. M., et al., “*Containing Pandemic Influenza at the Source.*” *Science*, 2005. 309(5737): p. 1083-1087.
- [10] Moore, C., Newman, M. E. J., “*Epidemic and percolation in small-world*

networks.” Phys. Rev. E, 2000. 61(5).

[11] Matt, J. Keeling, Bryan, T., Grenfell, “*Individual-based Perspectives on R_0 .*” Journal of Theoretical Biology, 2000. 203: p. 51-61.

[12] M. E. J. Newman, “*Spread of epidemic disease on networks.*” Phys. Rev. E, 2002. 66 (1 Pt 2). 016128.

[13] Marc, Lipsitch, et al., “*Transmission dynamics and control of severe acute respiratory syndrome.*” Science, 2003. 300: p. 1966-1970.

[14] Meyers, L. A., et al., “*Network theory and SARS: predicting outbreak diversity.*” Journal of Theoretical Biology, 2005. 232: p.71-81.

[15] Newman, M. E. J., “*Spread of epidemic disease on networks.*” Phys. Rev. E, 2002. 66(1)

[16] Pastor-Satorras, R., A. Vespignani, “*Epidemic spreading in scale-free networks.*” Physical Review Letters, 2001. 86(4): p. 3200-3203.

[17] Rapoport, A., “*Mathematical models of social interaction.*” Handbook of Mathematical Psychology, 1963. 2: p. 493-579.

[18] Robert, M., May, Sunetra, Gupta, and Angela, R., McLean, “*Infectious disease dynamics: what characterizes a successful invader?*” The Royal Society, 2001. 356: p. 901-910.

[19] Stephen, Eubank, et al., ”*Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks.*” Nature, 2004. 429: p. 180-184.

[20] Brownstein, J. S., Wolfe, C. J. and Mandl, D., “*Empirical Evidence for the Effect of Airline Travel on Inter-Regional Influenza Spread in the United States.*” PLoS Medicine, 2006. 3(10).

[21] Colizza, V., et al., “*The role of the airline transportation network in the prediction and predictability of global epidemics.*” Proc. Natl. Acad. Sci. USA,

2006. 103(7): p.2015-2020.

[22] Cooper, B. S. et al., “*Delaying the International Spread of Pandemic influenza.*” PLoS Medicine, 2006. 3(6):e212.

[23] Epstein, J. M., et al., “*Controlling Pandemic Flu: The Value of International Air Travel Restrictions.*” PLoS One, 2007. 5:e401.

[24] Grenfell, B. T., Bjørnstad, O. N., and Kappey, J., “*Travelling waves and spatial Hierarchies in measles epidemics*” Nature, 2001. 414: p. 716-723.

[25] Grais, R. F., Ellis, J. H. and Glass, G. E., “*Assessing the impact of airline travel on the geographic spread of pandemic influenza.*” European Journal of Epidemiology, 2003. 18:1065-1072.

[26] Grais, R. F. and Ellis, J. H., “*Modeling the Spread of Annual Influenza Epidemics in the U. S.: The Potential Role of Air Travel.*” Health Care Management Science, 2004. 7: p. 127-134.

[27] Guimerà, R., Mossa, S., Turtschi, A. and Amaral, L. A. N., “*The worldwide air transportation network: Anomalous centrality, community structure, and cities' global roles.*” Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2005. 102(22):7794-7795.

[28] Hufnagel, L., Brockmann, D. and Geisel, T., “*Forecast and control of epidemics In a globalized world.*” Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2004. 101(42): p.15124-15129

[29] Hollingsworth, T. D., Ferguson, N. M., and Anderson, R. M., “*Will travel restrictions control the international spread of pandemic influenza?*” Nature Medicine, 2006. 12: p.497-499.

[30] Viboud, C., et al., “*Synchrony, Waves and Spatial Hierarchies in Spread of Influenza.*” Science, 2006. 312: p. 447-451.

[31] Albert, R., Jeong, H. and Barabási, “*Error and attack tolerance of complex*

network.” Nature, 2000. 406: p. 378-382.

[32] Barabási, A. L., and Albert, R., “*Emergence of Scaling in Random Network.”* Science, 286(5439): p. 509-512.

[33] Strogatz, S. H., “*Exploring complex networks.*” Nature, 2001. 410: p. 268-276.

[34] Watts, D. J., and S. H., Strogatz, “*Collective dynamics of small-world networks.*” Nature, 1998. 393(6684): p. 409-410.

[35] Cox, N. J., Subbarao, K., “*Influenza.*” The Lancet, 1999. 354: p. 1277-1282.

[36] Nicholson, K. G., Wood, J. M. and Zambon, M., “*Influenza*” The Lancet, 2003. 362: p. 1733-1745.

[37] Neumann, G., Noda, T. and Kawaoka, Y., “*Emergence and pandemic potential of swine-origin H1N1 influenza virus.*” Nature, 2009. 459: p. 931-939.

[38] Stewart, J. J., “*Parameters of Influenza Aerosol Transmission.*” Comments on Theoretical Biology, 2002. 7(6): p.445-457.

[39] Smith, G. J. D., et al., “*Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic.*” Nature, 2009. 459: p. 1122-1125

[40] Wang, G., et al., “*H5N1 avian influenza re-emergence of Lake Qinghai: phylogenetic and antigenic analyses of the newly isolated viruses and roles of migratory birds in virus circulation.*” Journal of General Virology, 2008. 89: p. 697-702.

[41] Eiben, A. E., Smith, J. E., “*Introduction to Evolutionary Computing.*” Springer, 2003

[42] Goldberg, D. E., “*Genetic Algorithms in Search ,Optimization, and Machine Learning.*” Addison-Wesley , 1989.

[43] Goldberg, D. E., “*The Design of Innovation : Lesson From and For Competent Genetic Algorithms.*” Kluwer Academic Publisher, 2002.

[44] Holland, J. H., “*Adaptation in nature and artificial systems.*” The University of

Michigan Press, 1975.

[45] World Health Organization, “*Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 November 2002 to 31 July 2003*” Available From:

http://www.who.int/csr/sars/country/table2004_04_21/en/index.html

[46] World Health Organization , “*Pandemic (H1N1) 2009 - update 58*”

Available From : http://www.who.int/csr/don/2009_07_06/en/index.html

[47] World Health Organization , “*Pandemic (H1N1) 2009 - update 69*”

Available From : http://www.who.int/csr/don/2009_10_09/en/index.html

[48] World Health Organization , “*Cumulative Number of Confirmed Human Cases of Avian Influenza A/(H5N1) Reported to WHO*” Available

From : http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/country/cases_table_2009_08_11/en/index.html

[49] 台灣行政院主計處, “*中華民國八十九年戶口及住宅普查.*” 2002

[50] 台灣交通部運輸研究所, “*運輸研究統計資料彙編.*” 2007



附錄 A

當新型流感感染源位於台北市大安區，初始感染人數十人，只考量遠程通勤之交通阻絕的情況下，「基本交通阻絕策略一」（表 4-2）於不同策略施行時間點，延遲各縣市疫情高峰期的天數與「相對成效二」（表 4-2）的數值。

策略施行		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
\ 時間(天)		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
台北縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
桃園縣	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
新竹縣	13	13	13	10	9	9	9	7	5	4	4
苗栗縣	13	13	13	10	9	9	9	7	5	5	5
台中縣	51	19	18	8	7	6	6	5	4	3	
彰化縣	52	19	19	8	7	7	7	5	4	4	
南投縣	51	18	18	8	7	6	6	5	4	3	
雲林縣	102	39	38	24	22	21	20	15	12	10	
嘉義縣	101	39	38	23	21	20	20	14	11	9	
臺南市	109	21	12	4	3	3	3	3	2	2	
高雄縣	112	9	9	2	1	1	1	1	1	0	
屏東縣	112	9	9	2	1	1	1	1	0	0	
台東縣	No										
花蓮縣	No										
基隆市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
新竹市	13	13	13	10	10	9	9	7	5	4	
台中市	53	20	20	9	8	8	8	6	5	4	
嘉義市	100	38	37	22	20	19	19	13	10	8	
臺南市	109	12	12	4	3	3	3	3	2	2	
台北市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
高雄市	112	9	9	2	2	1	1	1	1	1	
相對成效二	.241	.046	.045	.019	.017	.016	.016	.013	.011	.010	

附錄 B

當新型流感感染源位於台中市北屯區，初始感染人數十人，只考量遠程通勤之交通阻絕的情況下，「基本交通阻絕策略一」（表 4-2）於不同策略施行時間點，延遲各縣市疫情高峰期的天數與「相對成效二」（表 4-2）數值

策略施行		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
\ 時間(天)		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
台北縣	38	7	6	1	0	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	37	6	6	0	0	0	0	0	0	0	0
桃園縣	37	6	6	0	0	4	4	4	-1	-1	
新竹縣	32	15	14	5	3	3	3	3	3	3	3
苗栗縣	33	15	14	5	3	3	3	3	3	3	3
台中縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
彰化縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
南投縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
雲林縣	38	30	30	14	12	11	10	10	10	9	
嘉義縣	38	31	30	14	12	11	11	10	10	10	10
臺南市	51	10	9	1	0	0	0	0	0	0	0
高雄縣	58	8	8	0	890	0	0	0	0	0	0
屏東縣	57	8	7	0	0	0	0	0	0	0	0
台東縣	No	No									
花蓮縣	No	No									
基隆市	37	6	6	0	0	0	0	-1	-1	-1	
新竹市	32	15	14	4	3	3	3	3	3	3	3
台中市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
嘉義市	36	29	28	12	10	9	9	8	8	8	8
臺南市	51	10	9	1	0	0	0	0	0	0	0
台北市	38	7	7	1	0	0	0	0	0	0	0
高雄市	58	8	8	1	0	0	0	0	0	0	0
相對成效	.150	.027	.025	.004	<	<	<	<	<	<	
二					.001	.001	.001	.001	.001	.001	

附錄 C

當新型流感感染源位於高雄市三民區，初始感染人數十人，只考量遠程通勤之交通阻絕的情況下，「基本交通阻絕策略一」（表 4-2）於不同策略施行時間點，延遲各縣市疫情高峰期的天數與「相對成效二」（表 4-2）的數值

策略施行

\ 時間(天)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
台北縣	102	6	6	1	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	102	7	7	1	0	0	0	0	0	0
桃園縣	102	11	6	5	0	0	0	0	0	0
新竹縣	115	19	18	9	8	8	8	7	6	5
苗栗縣	115	19	18	9	8	8	7	7	6	5
台中縣	73	19	18	8	7	6	6	5	5	4
彰化縣	73	18	18	7	6	6	6	5	4	3
南投縣	73	18	18	8	7	6	6	5	4	4
雲林縣	34	33	33	20	18	17	16	14	12	10
嘉義縣	35	34	34	20	18	17	17	15	12	11
臺南市	4	4	4	3	3	2	2	2	2	1
高雄縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
屏東縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
台東縣	No									
花蓮縣	No									
基隆市	103	8	8	1	1	1	1	1	1	0
新竹市	115	19	18	9	8	8	8	7	6	5
台中市	74	19	19	8	7	7	7	6	5	4
嘉義市	33	32	32	18	16	15	15	13	10	9
臺南市	4	4	4	3	3	2	2	2	2	1
台北市	103	7	7	1	1	1	1	0	0	0
高雄市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
相對成效二	.339	.032	.030	.010	.006	.005	.005	.004	.003	.003

附錄 D

當新型流感感染源位於台北市大安區，初始感染人數十人，考量短程與遠程通勤之交通阻絕的情況下，「基本交通阻絕策略一」（表 4-2）於不同策略施行時間點，延遲各縣市疫情高峰期的天數與「相對成效二」（表 4-2）的數值

策略施行

\ 時間(天)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
台北縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
桃園縣	No	52	51	30	28	26	26	20	17	15
新竹縣	No	21	21	11	10	10	9	7	5	4
苗栗縣	No	21	21	11	10	10	9	7	5	5
台中縣	No	19	18	8	7	6	6	5	4	3
彰化縣	No	19	19	8	7	7	7	5	4	4
南投縣	No	18	18	8	7	6	6	5	4	3
雲林縣	No	39	38	24	22	21	20	15	12	10
嘉義縣	No	39	38	23	21	20	20	14	11	9
臺南市	No	12	11	4	3	3	3	2	2	2
高雄縣	No	9	9	2	1	1	1	1	1	1
屏東縣	No	9	9	2	1	1	1	1	0	0
台東縣	No									
花蓮縣	No									
基隆市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
新竹市	No	21	21	11	10	9	9	7	5	4
台中市	No	20	20	9	8	8	8	6	5	4
嘉義市	No	38	37	22	20	19	19	13	10	8
臺南市	No	12	11	4	3	3	3	2	2	1
台北市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
高雄市	No	9	9	2	2	1	1	1	1	1
相對成效二	1.00	.082	.080	.039	.035	.032	.032	.025	.021	.018

附錄 E

當新型流感感染源位於高雄市三民區，初始感染人數十人，考量短程與遠程通勤之交通阻絕的情況下，「基本交通阻絕策略一」（表 4-2）於不同策略施行時間點，延遲各縣市疫情高峰期的天數與「相對成效二」（表 4-2）的數值

策略施行		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
\ 時間(天)		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
台北縣	No	6	6	0	0	0	0	0	0	0	0
宜蘭縣	No	7	7	1	0	0	0	0	0	0	0
桃園縣	No	50	50	38	36	35	34	32	29	27	
新竹縣	No	20	19	10	9	8	8	7	6	5	
苗栗縣	No	20	19	10	8	8	8	7	6	5	
台中縣	No	19	18	8	7	6	6	5	5	4	
彰化縣	No	18	18	7	6	6	6	5	4	3	
南投縣	No	18	18	8	6	6	6	5	4	4	
雲林縣	No	37	36	20	18	17	16	14	12	10	
嘉義縣	No	37	36	20	18	17	17	15	12	11	
台南縣	No	12	12	4	3	3	3	2	2	2	
高雄縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
屏東縣	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
台東縣	No	No	No	No	No	No	No	No	No	No	
花蓮縣	No	No	No	No	No	No	No	No	No	No	
基隆市	No	8	8	1	1	1	1	1	0	0	
新竹市	No	20	19	9	8	8	8	7	6	5	
台中市	No	19	19	8	7	7	7	6	5	4	
嘉義市	No	35	34	18	16	15	15	13	10	9	
臺南市	No	12	12	4	3	3	3	2	2	2	
台北市	No	7	7	1	1	1	1	0	0	0	
高雄市	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
相對成效二		1.00	.046	.046	.019	.022	.017	.017	.014	.013	.011