

國立交通大學

資訊科學與工程研究所

碩士論文

網路拓樸的遞移性：
以流行性傳染病的潛在感染風險為例

The Transitivity of Network Topology: Example of Epidemic
Spreading Risk

研究生：陳璽文

指導教授：孫春在 教授

中華民國 一 百 年 六 月

網路拓樸的遞移性：以流行性傳染病的潛在感染風險為例
The Transitivity of Network Topology: Example of Epidemic Spreading
Risk

研究生：陳璽文

Student：Hsi-Wen Chen

指導教授：孫春在

Advisor：Chuen-Tsai Sun

國立交通大學

資訊科學與工程研究所



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 and Information Science

June 2011

Hsinchu, Taiwan, Republic of China

中華民國一百年六月

網路拓樸的遞移性:以流行性傳染病的潛在感染風險為例

學生：陳璽文

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

分析網路拓樸動態產生的遞移性現象，儼然已成為研究網路拓樸亟需解決也不可或缺的需求。經由分析遞移性現象找出網路各節點在動態傳播過程中的影響力及重要性，就能控制核心節點來達到影響群體、主宰網路訊息傳遞的效果，對於網路拓樸所反映的現實實體層面即可提供有價值的參考資訊。本研究中，將過往探討遞移性現象的理論模型延伸擴充，依據網路拓樸架構及連結所呈現的權重值，分析動態傳播過程中每個節點的重要性。透過重要性的排序比較，得以找出關鍵的核心節點，解決現今研究網路拓樸的需求。

在本文以實際流行病傳播動態為案例研究來驗證演算法的正確性，並使用基因演算法優選在流行病傳播現象中，最貼近實際傳播動態的網路拓樸結構。實驗結果顯示經本模型分析，病原體遞移傳播對各節點的重要性造成的影響與案例研究比對呈現正相關性，證實本研究方法能夠有效處理遞移概念並分析各節點重要性。此外透過基因演算法搜尋結果也可顯示出實際流行病的傳播動態以及造成傳播的影響因素。

關鍵字：網路拓樸、遞移性、馬可夫鏈模型、網頁等級排序演算法、基因演算法

The Transitivity of Network Topology: Example of Epidemic Spread

Student : Hsi-Wen Chen

Advisor : Dr. Chuen-Tsai Sun

Institute of Computer Science and Engineering
National Chiao Tung University

Abstract

Analyzing the transitivity phenomenon influencing by network topology is among the requirements in studying network topology. Influenced by the transitive spreading, every node has different impacts in varied kinds of network topology. We can offer valuable information for the physical layer reflected by the network topology if the importance of every node can be analyzed.

In this research we propose an algorithm, based on the Markov Chain Model and the PageRank algorithm, for computing the spreading of the transitivity phenomenon of network topology and the importance of nodes. The importance of nodes in every network is determined only by considering the structure of the network topology and edge weights without taking complex dynamics of spreading into account, so the computation is rapid and easily analyzed.

We take epidemiological data as a case study to verify the correctness of our algorithm. Furthermore, a genetic algorithm can optimize the parameters to simulate an actual dynamic structure of network topology in the real epidemic spreading. Our experimental results show that the importance of nodes in network topology is correlated with epidemiological data. The algorithm can deal with the phenomenon of transitivity and analyze the importance of nodes efficiently. Besides, the solution searched by genetic algorithm can reflect the spreading dynamics of the real epidemics and the causes of spreading components.

Keywords: Network Topology, Transitivity, Markov Chain Model, PageRank Algorithm, Genetic Algorithm



致 謝

總算畢業了，回顧漫長的碩士生涯，不管是研究或是生活遇到什麼樣的重擔都要咬牙扛著走下去，所幸也遇到了許多人的幫助讓我能夠順利的走到這裡，過程中一點一滴的歡笑和淚水都會永遠烙印在我的心中。

首先要感謝的是我的指導教授孫春在老師，讓我在研究上能夠自由的探索不予限制，教導我做研究正確的方法以及該有的態度，並且在每次的報告中直接點出我研究的不足和正確的發展方向，令我受益良多。其次要感謝的是崇源學長，從題目的發展到研究結果的分析，每次都能在百忙之中抽空給予細心、耐心的指導與幫助，並且也教導我如何檢視實驗結果看到更多的研究價值，讓我萬分感激。再者還要感謝台大地理系的溫在弘老師，不厭其煩的給予我研究報告上的建議，讓我的研究更趨完善。

此外還要感謝實驗室的學長姐以及同學們的互相扶持。感謝博班的宇軒、聖文、基成、昱翔、勝毅、詠宏、書豪、王豪學長，在我的論文撰寫以及報告方面給了我許多建議，和你們相處拓展了我人生的視野，也讓我從你們身上學到了為人處事的道理。另外還有同屆的謹譽、全榮、泰源、壯為、嘉宏、鈞凱、鵬羽、柏志，和你們一起奮鬥過的日子很快樂，我永遠不會忘記。當然還有振濃、誌宏、偉存、承宏、浩琮、景照、怡中，感謝你們在我碩士生涯中的陪伴以及加油打氣。

最後要感謝最重要的家人，讓我在經濟上面沒有任何的後顧之憂，也無條件的在背後支持我、關心我的狀況，我也不斷的期許自己能夠在往後的日子好好的彌補並照顧我的家人。

由衷的感謝大家，沒有你們也就不會有這篇研究的出現

目 錄

中文摘要	i
Abstract.....	ii
致 謝	iv
圖目錄	vii
表目錄	ix
一、緒論	1
1.1 研究背景與動機.....	1
1.2 研究目標	4
1.3 研究重要性	5
二、文獻探討.....	7
2.1 網路遞移性的研究.....	7
2.2 探討遞移性的理論模型.....	9
2.3 PageRank 演算法與遞移性.....	10
2.4 傳染病與遞移性.....	12
2.5 基因演算法	13
三、研究資料.....	16
3.1 交通旅運網路建構.....	16
3.1.1 台灣短程通勤旅運網路資料.....	16
3.1.2 台灣鐵路通勤旅運網路資料.....	17
3.1.3 台灣航空通勤旅運網路資料.....	19
3.1.4 台灣高鐵通勤旅運網路資料.....	19
3.1.5 總交通通勤旅運網路建構.....	20
3.2 真實流行病病例資料	20
四、研究方法.....	22
4.1 流行風險指標模型	22
4.2 流行病風險指標效益評估	26
4.2.1 根據各行政區計算指標評估.....	26

4.2.2	根據模型計算命中率評估.....	27
4.3	基因演算法	30
五、	實驗結果.....	34
5.1	模型參數敏感度分析與驗證	34
5.1.1	實驗一：使用各種網路組合進行敏感度分析.....	34
5.1.2	實驗設計與結果分析	40
5.2	使用基因演算法搜尋最佳解	42
5.2.1	實驗二：使用短程網路為架構搭配台鐵網路搜尋解集合.....	42
5.2.2	實驗三：使用短程網路為架構搭配總交通網路搜尋解集合.	60
5.2.3	實驗四：使用長程交通網路搜尋解集合.....	66
5.2.4	實驗五：使用總交通旅運網路搜尋解集合.....	71
5.2.5	實驗總結.....	76
六、	結論	81
	參考文獻	83
	附錄 86	



圖目錄

圖 1-1 網頁重要性遞移傳播圖 (Page, 1998)	2
圖 3-1 通勤網路矩陣合併概念	17
圖 3-2 台灣鐵路主要交通 49 個分區	18
圖 4-1 模型整體架構圖	22
圖 4-2 行政區間通勤人口範例圖	24
圖 4-3 風險指標驗證方式	27
圖 4-4 行政區命中率概念圖	29
圖 4-5 基因演算法流程圖	30
圖 5-1 敏感度分析結果_2009 年 H1N1-A 型流感	37
圖 5-2 敏感度分析結果_2001 年 71 型腸病毒	37
圖 5-3 敏感度分析簡化參數分佈結果圖_日間旅運比例為 20%	38
圖 5-4 敏感度分析簡化參數分佈結果_日間旅運比例為 90%	38
圖 5-5 2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒最大檢定值比較圖	39
圖 5-6 各旅運網路組成實驗結果_2009 年 H1N1-A 型流感	40
圖 5-7 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1 對照比較圖_鄉鎮市規模	46
圖 5-8 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_鄉鎮市規模	46
圖 5-9 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1 對照比較圖_縣市規模	49
圖 5-10 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_縣市規模	49
圖 5-11 鄉鎮市與縣市規模通勤網路結構轉換概念	50
圖 5-12 通勤結構與各層級檢定圖表(藍點代表行政區的百分比,紅點為平均值)	52
圖 5-13 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒各行政區染病人數與各行政區人口密度相 關係數檢定	54
圖 5-14 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒於各行政區染病人數與各行政區人口數相	

關係數檢定.....	55
圖 5-15 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1-A 型流感對照比較圖_可縮放縣市規模	58
圖 5-16 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_可縮放縣市規模	58
圖 5-17 實驗二相關係數結果比較.....	59
圖 5-18 實驗五相關係數結果比較.....	74
圖 5-19 加乘旅運網路概念圖	75
圖 5-20 各交通旅運網路組合於各模型計算層級實驗結果圖	77
圖 5-21 比較中短程交通旅運與長程交通旅運實驗結果圖	77
圖 5-22 比較地理尺度實驗結果圖.....	78



表目錄

表 4-1 染病人數命中率.....	28
表 4-2 基因演算法參數設定.....	33
表 5-1 流行病特性比較表.....	35
表 5-2 敏感度分析參數設定.....	35
表 5-3 2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率.....	39
表 5-4 實驗二-基因演算法搜尋參數表.....	43
表 5-5 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模.....	44
表 5-6 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_鄉鎮市規模.....	45
表 5-7 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_縣市規模.....	47
表 5-8 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模.....	48
表 5-9 通勤結構與各層級對照表.....	51
表 5-10 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模.....	56
表 5-11 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣市規模.....	57
表 5-12 實驗三-基因演算法搜尋參數.....	61
表 5-13 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模.....	62
表 5-14 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_鄉鎮市規模.....	62
表 5-15 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模.....	63
表 5-16 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模.....	64
表 5-17 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模.....	65

表 5-18 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣市規模	65
表 5-19 實驗三基因演算法搜尋參數.....	66
表 5-20 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模.....	67
表 5-21 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒	67
表 5-22 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模.....	68
表 5-23 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模	69
表 5-24 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模.....	70
表 5-25 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣市規模	70
表 5-26 實驗五基因演算法搜尋參數.....	71
表 5-27 實驗五完整實驗結果	73
表 5-28 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模	79
表 5-29 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模.....	80
表 5-30 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模.....	80

一、緒論

1.1 研究背景與動機

現今社會資訊與科技發達，無時無刻都有人透過面對面接觸或是網路交流的方式在世界上各個角落進行頻繁的互動，產生思想、疾病、行為表現等等的傳播交流。例如朋友之間面對面的交談產生思想上的交流、因為搭乘交通運輸工具而位處於同一地的陌生人透過飛沫以及口鼻接觸造成病原體的傳染，還有同儕之間使用網路通訊軟體溝通形成的謠言傳遞，在在皆為經由人際接觸而產生傳播影響的範例。由此可知在這些每天看似頻繁且必要的人口流動以及人際間接觸交流下，伴隨而來的是各種現象的傳播與影響。

在各種人際間互動與接觸的關係之上，能夠構成不盡相同的接觸網路，而各類接觸網路也能夠形成許多種不同性質的現象傳遞與發展。舉例來說，我們會使用 E-mail 或 MSN 跟來自各地的朋友進行訊息的交換，其中便隱含了謠言與思想由 E-mail 或 MSN 所構成的接觸網路而形成傳播的現象 (Moreno et al., 2003; Nekovee et al., 2007)；此外還包含了愛滋病隨著性關係接觸網路傳染、流行性感冒隨著日常人際接觸網路傳染等例。如上述所舉例子，有些現象能夠透過多種接觸網路傳播、有些則只能在特定的網路上傳播，如果能夠考量網路的形式，利用完整有系統的方式進而評估各種現象在接觸網路上產生的傳播影響則為重要的一項議題。

在各種形式的網路之上不僅僅包含了許多現象的傳播，其背後更隱藏著經由傳播而產生的遞移性。例如全球資訊網 (World Wide Web) 即為眾多網頁所組成的一種網路，藉由網頁內的超鏈結可建立網頁間的連結關係進而組成一張完整的網路架構。Page 認為在全球資訊網中就牽扯到了”重要性”此現象的遞移傳播 (圖 1-1) (Page et al., 1998)，每個網頁的重要性是由所有鏈結到自身的網頁乘上該網頁重要性而得，而自身重要性也會經由自身所連出到其他網頁的鏈結所平

分提供其餘網頁計算重要性，也就是說越多網頁連向我這個網頁我就越重要，或是連向我的網頁中有重要的網頁（例如 yahoo、google 等大型入口網站）我的重要性也受到影響而提高。

在上例中，我們不難發現網頁自身的重要性是透過整體網路連結的關係綜合累積而得，並且自身的重要性經鏈結平分給其餘網頁運算後自身的重要性還保留著，就如同把自身的重要性複製一份再傳遞下去，此即為各種現象傳播的背後所包含的遞移性。網路中的節點間會受到彼此之間直接連接的節點或是有兩層以上間接連結的節點產生互動而造成不同的重要性，此外像人際接觸網路上流行病的傳播風險、人與人之間的影响力傳播等例也包含了遞移性，例如和我接觸的人越多或是和我接觸的人之中有高感染風險的人，我受到感染的機率就越高。由此可知許多現象的傳播即包含了遞移性，而這種遞移擴散的特性，恰為社會網路學中對於節點間互動的研究重點之一。

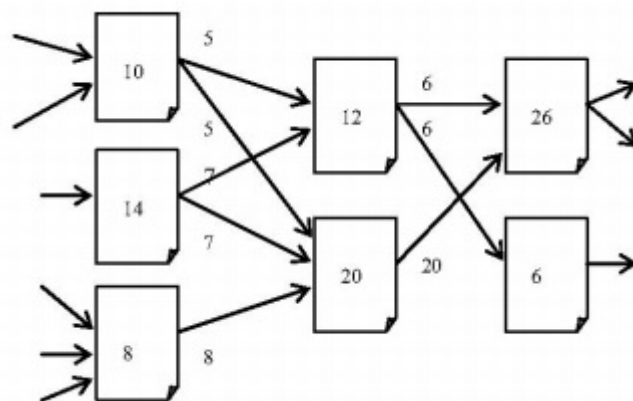


圖 1-1 網頁重要性遞移傳播圖 (Page, 1998)

社會網路學是一門研究社會上的個體之間互動關係的學問，社會網路學家利用基礎的節點及連結所構成的網路拓撲去表達並模擬諸如人際關係網路、流行病傳染網路各種個體關聯的互動 (Faust & Wasserman, 1994)。例如在研究科學家之

間的合作網路時，可以將每個學者都用一個節點代表，學者之間如果有一篇科學論文以上的合作關係則用邊來連結此兩個節點，以此觀察學者之間的出版量及合作關係；在研究流行病的擴散時可以將人及場所簡化為節點，人與人之間以及人與場所之間的接觸皆能簡化為連結，以此觀察流行病的傳播動態 (Andersen et al., 2006; Ma et al, 2008)。因此我們得以利用社會網路建構真實世界的拓樸，觀察每種網路系統呈現的拓樸特性，進而探討人與人之間互動及交流所產生的遞移性現象。

網路拓樸所呈現出來的特性對於各種現象的傳遞影響一向是社會網路學的研究重點，不同的節點與連結架構所呈現的拓樸特性影響著網路中個體間的互動行為。有許多學者研究在不同的網路拓樸結構下所形成的分隔度、群聚度及冪次率等現象如何影響網路中個體的訊息傳遞等現象 (Faust & Wasserman, 1994)，例如學者 Centola 即研究人之間行為的傳遞，在具有高群聚度或是低群聚度的網路能夠造成較快速以及較廣泛的傳播影響 (Centola, 2010)，學者 Nekovee (2007) 則提出了利用馬可夫鏈 (Markov chain) 去計算謠言如何在人群中傳遞散播的研究。上述研究中針對網路拓樸的群聚度及冪次率等特性做了探討，雖然觀察行為的擴散以及計算謠言隨著個體間的互動而產生向下傳遞散播的現象包含了觀察網路結構中遞移特性的概念，但是在研究中卻缺少對於遞移性現象的關注與清楚的描述。

然而，以往對於社會網路中遞移性現象的研究並沒有清楚的觀察以及計算的方法，無法明顯的觀察出各種現象於各個個體的遞移傳播影響程度，通常是由簡單的二分法區分是否遭受到傳播影響。過去使用馬可夫鏈計算網路中遞移特性的研究往往侷限於馬可夫鏈的特性，只能夠藉由上一次的狀態來推斷一段時間後的狀態改變，無法得知轉變的過程，此外在計算過程也無法因應網路狀態的改變來更改轉移矩陣計算遞移特性，並且在馬可夫鏈的機率陣列中，一般認為機率陣列的內容於計算過程中不會有所改變，所以在機率陣列的組成方面以常數為主，並

未加入變數的概念；而計算遞移性的 PageRank 演算法主要則是對於網頁單項鏈結造成重要性遞移計算的一種特例應用，在真實的實體網路中往往必須考慮到節點間雙向鏈結的影響。若能夠清楚觀察風險於網路中個體的影響程度，以及將實體網路中的特徵考慮進來，能隨時根據現有網路狀況調整風險傳播的計算方式並能廣泛使用於不同網路型態，則對於觀察網路中的遞移現象有相當大的幫助。因此在本研究中將提出一套以馬可夫鏈以及 Page Rank 演算法為基礎的演算法並加以擴充，補足過去所缺以觀察網路中遞移傳播特性的演算法。

1.2 研究目標

本研究欲解決對於處理網絡遞移概念的問題，在此問題下發展一套演算法用來觀察並計算網絡的遞移概念，並依據網路狀態的改變隨時更改轉移矩陣進行計算，反映現實網路特性進而評估計算各種網路中的遞移傳播現象。此外若將各行政區視為網路中的節點，行政區間來往的人口視為邊，則人口於各行政區流動之際，諸如病原體及謠言等現象都能夠跟隨著宿主於各行政區四處遞移散播，恰符合各種現象於網路中轉移的特性。因此本研究將以傳染病傳播動態為案例研究，考量各行政區的交通旅運網路所帶來的人口流動，以各行政區間連結型態建構網路拓樸，計算並觀察出病原體於各行政區遞移散播的染病風險程度。

為了考慮計算出來的風險程度能夠對於案例研究有實質貢獻，因此在於建構網路拓樸的基本要素方面採取鄉鎮市層級以及縣市層級的網路拓樸建構。做出衛生決策的單位可以分為中央層級以及地方政府層級，因此在行政區範圍的計算劃分主要以台灣本島 22 個縣市和 353 個鄉鎮市為層級，縣市層級可提供中央政府參考病原體在縣市規模的網路拓樸下如何進行遞移傳播，而鄉鎮市層級則提供地方政府做參考，並且可比較鄉鎮市規模的網路拓樸與縣市規模的病原體遞移傳遞特性。

本研究使用各行政區間交通旅運資料建構網路拓樸的邊，而經由咳嗽、打噴嚏的飛沫傳染還有碰觸到病毒導致接觸傳染的流行病和交通旅運息息相關，傳染

容易於交通運輸工具的密閉空間內發生 (Tang et al., 2006)。因此在本研究計算出來的各行政區危險程度指標方面將和每年經由飛沫及接觸傳染的流行病感染人數重症病例數做相關係數檢定，如果相關性高，則代表本模型所提出觀察病原體經人口流動產生的遞移傳播指標通過驗證，與真實病原體傳播影響具有一定相關性。

此外在建立風險遞移模型時，無論是構成網路拓樸特性的邊其組成結構，亦或是各項遞移過程計算的參數皆需要透過調整，以便讓演算法的計算結果能夠完整的考慮到影響遞移特性計算的因素，使其更為精確、更為符合真實病例資料。因此在模型中，本研究需要藉助基因演算法來對各項參數進行優選以及計算，以產生本研究所欲搜尋的最佳解。

1.3 研究重要性

本研究的重要性，主要可以從延伸改變、案例研究以及應用三種層面來看。從延伸改變的層面來看，若和過去善於處理遞移特性的馬可夫鏈比較，傳統的馬可夫鏈能夠根據網路中個體前一次的狀態來計算一段時間後經改變的個體狀態，以此來觀察網路中的遞移特性，但卻無法得知轉變的過程也無法改變移轉矩陣進行計算。以傳染病的散播為例，有時傳染病的傳播過程對於衛生決策者對於政策的執行有莫大的參考價值，若無法得知遞移傳播的過程便無法提供有效資訊；同時各行政區之間的連接狀態可能隨時因為特定情形而改變，進而影響拓樸連結特性，若模型無法因應現實情形改變計算狀態則同樣也無法繼續計算提供有效資訊。因此本研究欲透過流行風險指標演算法來補足過去所缺，觀察網路中遞移傳播特性於不同的網路拓樸中具有何種傳播影響。

以案例研究層面來看，每一次的新興傳染病必須要耗費衛生單位相當多的時間來研究病毒並研發出疫苗，這段時間可能已經造成相當重大的傷亡數及影響。因此本研究概念能夠於流行病盛行前考慮人口流動因素進而計算傳染病因遞移傳播造成各行政區可能的危險程度，提供衛生單位參考。無論是計算鄉鎮市或縣市地

理尺度層級的資料，即使不知道病理的鏈結仍然可以介入最危險的地區，做出流行病學中的初級預防來防範疾病的發生，並且對如何掌握傳染病有更深入的了解。

從應用層面來看，本研究觀察網路中遞移傳播的特性不僅能使用於傳染病的傳播動態研究，一旦能夠了解並觀察網路拓樸中的遞移現象後，針對於各種不同架構型態的網路也能夠套用並且進行觀察提供有效參考資訊。例如經由各電腦間網路連結狀態建立網路拓樸，觀察對於電腦病毒在網際網路間電腦的遞移散播，提供經電腦間網路遞移傳播病毒後各電腦中毒風險程度以利防範。還有建立人際間網路拓樸，觀察謠言或者是思想等風險於人際間的遞移傳播等，皆能夠有進一步的探討，對於各個科學領域需觀察遞移現象影響的研究能夠有更多的幫助。



二、文獻探討

本研究將於章節 2.1 提出過去社會網路學是如何著重有關於遞移性質的研究。章節 2.2 探討用來研究遞移性的理論模型馬可夫鏈。章節 2.3 討論 PageRank 演算法對於遞移性質的處理方式與應用。章節 2.4 則是有關於案例研究的回顧，討論本研究欲探討的遞移現象如何應用於流行病傳染的危險程度計算以及為什麼能夠對應到流行病傳染的特性。章節 2.5 探討本研究為什麼使用基因演算法以及如何應用基因演算法於模型參數的估計及優化，利用本論文文獻來探討遞移特性於各領域理論的陳述及應用。

2.1 網路遞移性的研究

猶記得當時在 2008 年因為次級房貸所發生的金融海嘯事件，美國的金融機構將次級房貸者的貸款設計成連動債券等商品讓其他業者承接，承接的業者也不斷一重重的轉賣給其他的投資單位。我們不難發現在金融海嘯的例子裡，連動債券一層一層轉移到下一位投資單位，這其中就包含了投資單位間彼此對商品信任所形成的信用轉移，以及承接連動債的風險轉移。如果我們用社會網路的觀點來看金融海嘯的例子，投資單位間的合作就是一種點與邊的關係，透過點與邊的關係所形成的網路就能夠造成風險與信用的轉移、遞移，承接越多連動債的投資單位其風險就越高。

許多現象都能夠透過網路中點與邊的概念進而產生遞移傳播，近年來有一些在社會網路上隱含關於遞移現象的研究，無論是有形的病毒、流言及謠言抑或是無形之中受到影響的行為、思想等傳播的研究以觀察各種現象於網路中的擴散為重點。例如學者 Pedro 探討流言如何於互相認識的朋友網路間傳遞，設定觀察不同群聚度及分隔度的朋友網路拓樸架構下的傳播速率及傳播率(Lind et al., 2007)。學者 Centola 則是研究朋友網路中行為的擴散，探討究竟周遭朋友數量多也就是高群聚度的網路拓樸架構下，是否就會容易影響自身行為的改變(Centola, 2010)。

以及學者 Viboud 探討美國各州以及各州間的交通所構成的網路拓樸中，流行病於各州擴散時透過交通通勤於各州間擴散傳遞過程來驗證交通量與流病擴散的相關性 (Viboud et al., 2006)。

上述研究的不同點在於所探討的現象其形成擴散的本質，有些現象經由接觸擴散後本身就不保留此特性，而有些現象則相反。例如傳染病透過一次個體間的接觸就能夠造成病原體的傳染，重要的一點在於病原體是透過複製而形成遞移傳播，個體 A 並不會因為傳染給個體 B 之後就減少自身的病原體數；以自身行為為例則是需透過周遭夠多朋友的壓力才會改變，當個體影響別人的行為後自己本身也會保留此種行為，所以也具有複製並傳播的特性。

而上述研究共同的地方在於皆建構出各自的網路拓樸，觀察各種現象在網路拓樸中所形成的擴散，探討節點間經互動接觸後的改變，然而研究中雖然隱含了遞移性現象，卻著重在觀察不同網路架構下各種現象的擴散，而非關注背後隱含的遞移性現象，也沒有在研究中提及處理遞移性的方法。由這些社會網路觀察擴散傳播的研究得知，遞移現象確實存在於各種網路拓樸結構當中，各種現象的本質透過整體網路拓樸一層一層遞移累積並擴散所造成的影響也確實是個學者所欲觀察的重點。

此外近來這些社會網路的研究做到了考慮節點間的連結因素所構成的網路拓樸進而觀察某種現象如何於網路拓樸中經由各個節點的接觸產生流動擴散，但是卻無法區分各節點受影響的程度，只能單純以二分法來模擬節點是否受到傳播影響。以學者 Pedro 探討流言於朋友網路間的散播為例，僅能經由節點間產生互動決定是否進行流言的散播進而觀察流言的遞移傳播現象，而無法觀察個體經由此次互動受到整體網路的影響程度，也無法觀察此個體受整體網路遞移影響後對於其餘有連結個體的影響程度 (Lind et al., 2007)。若能夠計算各節點經每次互動後所受整體網路遞移影響的程度，將有助於本研究對於遞移傳播的特性進行更為精確的探討以及計算，也能夠使遞移特性更符合真實情況以應用於各方面的研

究。

社會網路分析學使用網路拓樸架構出欲研究的底層連結構造來研究各種現象的擴散，不僅僅提醒了本研究遞移現象確實存在於各種網路拓樸結構當中，也顯露出一些不足以應付真實情況、無法確實觀察背後所隱含遞移性現象的特性。因此除了參考社會網路學如何建構網路拓樸特性以及對於底層連結構造進行群聚度、節點中心性分析擴散現象的部分以外，如何將社會網路對於遞移性分析的不足進行改良也為本研究欲著重的部分。

2.2 探討遞移性的理論模型

過去用來研究遞移特性中著名的理論模型即為馬可夫鏈模型，在馬可夫鏈模型中狀態的轉移使用機率陣列來表示，並且利用前一次的狀態乘上機率陣列來計算和預測將來的狀態改變 (Meyn et al., 1993)，並且藉由預測狀態改變即可得知網路中個體經由本文所述遞移性現象影響後所受到整個網路造成的遞移性影響。

馬可夫鏈模型中將不同個體間彼此轉移、傳播的機率用來組成機率陣列，若和本文 2.1 節所提的流行病範例相比較，機率陣列的組成為個體間的狀態轉移，其中即表示網路的組成以及遞移的概念，也如同掌握住一個網路的拓樸特性及結構能夠用以計算病原體隨人際接觸遞移傳播後，每個個體狀態到最後的改變，換句話說藉由機率陣列能夠代表整體網路拓樸的組成，也等同掌握影響遞移特性的因素進而計算個體狀態的轉變。

因此經由掌握機率陣列，馬可夫鏈模型也能夠表示與研究網路中的遞移現象。例如在流行病的擴散現象方面，學者 Gomez 考量在流行病傳染中每個個體於單位時間內的隨機接觸概率等因素，利用馬可夫鏈評估各個體接觸後受感染的機率 (Gomez, 2010)，而學者 Netzer 則是根據一些交易資料使用馬可夫鏈模型來預估每個顧客間關係動態以及經由互動規則後產生的狀態改變 (Netzer, 2008)。如同上述研究都能夠規劃出個體轉變的狀態利用馬可夫鏈模型的計算

以達到觀察並推測個體狀態轉變的效果。

對於馬可夫鏈模型來說，雖然能夠藉由機率矩陣推算所有個體狀態的轉變，模擬經單位時間後受到整體網路遞移性的影響，計算出每個個體經過可能的機率轉移、遞移後的狀態。但是對於馬可夫鏈模型來說，機率陣列的組成內容無法根據個體間轉移的機率改變而改變。意即如果現在網路的連結狀態有所變動，造成遞移現象的傳播過程也有所不同，本研究便無法更改馬可夫鏈模型的機率陣列加以運算；此外在馬可夫鏈的機率陣列中，一般認為機率陣列的內容於計算過程中不會有所改變，所以在機率陣列的組成方面以常數為主並未加入變數的概念，但是在真實實體網路的拓撲中，能夠影響拓撲構成的因素有很多種，因此馬可夫鏈模型中機率陣列的連續性對於遞移特性的計算尚有稍嫌不足的地方，也是本研究欲加以擴充補足的地方。

2.3 PageRank 演算法與遞移性

現今對於遞移性的計算應用具有高知名度的演算法實例就屬 1998 年 Google 的創辦人提出的 PageRank 演算法 (Page et al., 1998)，此演算法簡化馬可夫鏈模型概念並降低馬可夫鏈模型的複雜度被用來計算每個網頁的重要性並加以排序，來應付使用者搜尋網路資訊的需求。這套演算法考慮到網頁和網頁之間的超鏈結

(hyperlink) 關係，Page 認為有越多重要網頁鏈結的網頁必定還是重要的網頁，因此透過這些網頁間的超鏈結的組成就能夠確定每個網頁的重要性。此演算法在將各網頁的重要性 (用 PageRank 值表示) 以及鏈結關係納入演算過程後，再經由不斷的迭代計算至各網頁 PageRank 值收斂即停止計算，此計算結果即為各網頁的重要性。在 PageRank 演算法中計算的即為網頁透過鏈結而形成的影響力遞移，網頁的影響力遞移和傳染病相同具有複製的觀念，每個網頁的影響力並不會被其他具有鏈結關係的網頁分享而是繼續保留著。

而在計算網頁重要性所使用到的 PageRank 演算法之中包含了網頁搜索以及超鏈結分析，這些分析以及 PageRank 演算法的來源即為由社會網路學中節點中

心性 (Centrality) 及權威性 (Prestige) 的觀念演化而來。舉例來說如果我們將整個全球資訊網看成一張社會網路圖, 在這張網路圖中, 每個網頁都是一個節點, 節點之間的連結即為網頁間的超連結, 由此可觀察出每個網頁的節點中心性等屬性, 利用社會網路的角度分析此網路圖所得到的研究結果或是靈感皆能夠對應到網頁分析之中。因此我們不難發現社會網路對於網頁分析有著息息相關, 相當緊密的關係, 並且由網路圖的拓撲所呈現出來的各種特性皆能夠使用社會網路的觀點進行分析。

以社會網路的觀點來看, 在 PageRank 演算法中表達了一項相當重要的核心概念就是 PageRank 值的移轉。學者 Hoff 認為, 網站之間的連結所構成的有向圖都存在著遞移性的概念 (Hoff et al., 2002)。假設有 A、B、C 三個網頁, A 含鏈結指向 B, B 含鏈結指向 C, 我們可以說 A 對 C 具有一定的影響, 因為瀏覽網頁 A 的人潮可能會隨著鏈結走而瀏覽到網頁 C, 同理 A 也會影響到 C 的 PageRank 值。藉由社會網路的分析也可幫助我們看出, PageRank 演算法的核心概念, 即包含了計算網路拓撲中的遞移性概念。

PageRank 演算法的概念已經不是頭一遭被拿來應用, 有學者便利用 PageRank 演算法中考量個體間的鏈結關係以計算各個體數值的概念, 加以修改應用在其他方面的計算 (Andersen et al., 2006; Ma et al., 2008)。以學者 Zhao 的研究為例, 將論文之間的引用設定為鏈結關係, 並改良 PageRank 演算法套用於論文間引用的模式來計算每篇論文重要性。由此可知 PageRank 演算法呈現出來的核心概念, 能夠廣泛套用且應用於各個領域的問題之上。

若將 PageRank 演算法的概念套用在傳染病的角度來看, 假設在 A、B、C 三個城市中, A 和 B 之間以及 B 和 C 之間都有相當密切的人口往來流動。因為病毒寄生在人的體內, 城市之間頻繁的人口流動使得傳染病容易形成擴散, 所以當城市 A 有傳染病爆發時, 病毒便容易移轉到城市 B, 甚至於城市 C。但是病原體的傳播不同於網頁的計算, 因為人口的流動並非只有單向的流動而是雙向的回

饋，因此改良 PageRank 演算法，考慮傳染病於每個城市間移轉的概念、城市間建立在交通網路之上的遞移性關係也是本研究在建立模型時必須考慮的重點。

2.4 傳染病與遞移性

如同本文 1.1 節所述，透過人口於各地的流動以及接觸，能夠形成如病原體等各種風險的擴散及傳遞。以 1918 年於全球爆發大感染的流感為例，當時正逢第一次世界大戰末期，起初病原體於歐洲戰場擴散的同時，那些從歐洲戰場各自返鄉的士兵也將病原體帶回美國、日本等家鄉進而形成全球的大流行。顯而易見的是，流動於世界各地之間的人口對於藉由飛沫以及接觸傳染的流行性感冒，即為背後造成病原體擴散至世界各地的推手。

若以社會網路的角度來詮釋世界各地的人口流動，並將各地行政區及人口流動轉化為網路的概念，那麼人口於各行政區流動之際所造成的病原體傳遞則為本研究欲觀察並處理的網路遞移現象。以學者 Merler 為例 (Merler & Ajelli, 2010)，即利用了歐洲主要的鐵路及航空交通網路來驗證人口流動量與城市間流行病擴散的現象，模擬出當越多人群聚集的行政區就會擁有越快速的擴散現象。學者 Keeling 則利用人的移動來建立網路連結方式並探討對於移動過的地區造成的影響，最後得出高度移動的人口對於各行政區流行病的擴散具有雙向回饋影響的作用。因此在由行政區以及人口流動所構成的網路之中，反覆來回流動的通勤人口不僅僅能夠助於流行病的擴散，對於行政區之間也具有雙向的影響進而提高各行政區危險程度，滿足本研究所欲觀察的遞移性現象，再者流行病動態複雜度足夠資料收集方便容易做驗證，因此對於本研究而言流行病是很好的案例研究。

此外流行病隨人口流動於世界各地擴散的現象已非頭一遭被拿來討論，在流行病學的領域早有許多學者著手探討人口流動與傳染病的關係 (Grais et al., 2003; Hufnagel et al., 2004)。以學者 Grais 等人為例，在 2003 年利用了當時國際間 52 個城市的國際航空運輸資料，成功模擬出 1968 年香港流感隨著現今發達的航空網路造成的人口流動能夠更為快速的形成擴散 (Grais et al., 2004)。學者 Viboud

則是分析 1972 年到 2002 年間，美國各州來往通勤上班和人口數等資料，發現當來往兩州的通勤人口流動量越多，此兩州因流感造成的疫情統計資料所計算出來的相關係數就會更高 (Viboud et al., 2006)。以上研究主要都在探討人口流動對傳染病的影響，皆利用了交通通勤旅運資料來建構人口於各地的流動網路，因此在本研究將傳染病當做案例研究之際也必須要考慮使用交通通勤旅運網路來模擬人口流動構成底層的網路結構。

若將探討網路的遞移概念套用於病原體隨人口流動造成的遞移擴散現象，則交通旅運造成的影響則為必要考慮的條件。若以交通旅運為角度，來評估流行病的傳播，流行病於交通旅運的傳播主要發生在諸如飛機、車廂等交通工具的密閉空間，經由咳嗽、打噴嚏的飛沫傳染還有碰觸到病毒導致接觸傳染 (Tang et al., 2006)，因此本研究主要鎖定探討的流行病是以飛沫及接觸傳染為主的流行病，其中新型流感主要以飛沫及接觸傳染為主，71 型腸病毒主要以接觸傳染為主，皆為本研究的鎖定目標。

2.5 基因演算法

基因演算法 (Genetic Algorithm) 是一套根據生物演化過程的概念所建立的一種演算法，其核心理念是仿效生物的選擇、交配、遺傳、突變等觀念建構計算模式搜尋問題的最佳解，主要應用在解決各種領域中計算空間大、複雜度高、尋求全域最佳解的難題 (Holland, 1992)。依據核心理念，基因演算法將欲求解的問題經過編碼的方式產生染色體，初始染色體 (chromosome) 母體等同於在族群中競爭欲存活的生物，而演算法中的適應函數 (fitness function) 等同扮演天擇的角色，使適合生存環境的母體留下來繁衍後代，不適生存的母體淘汰，後代的繁衍可經由母體交配 (crossover) 以及一定機率的突變 (mutation) 來產生下一代，模擬自然界演化特性以找尋最佳解。以上基因演算法的各項步驟往往因為探討的內容及需求取向而有不同的設定方式，因此若能掌握基因演算法核心理念的各項步驟所呈現出來的特性，將有助於本研究解決參數最佳化問題。

綜合基因演算法的各項核心步驟來看，其具有搜尋空間、適應函數等等幾種和傳統演算法不同的特性，就是這些特性使得基因演算法具有下列幾種別於傳統的優點（Back et al., 1993; Goldberg, 1989）：

- (1) 基因演算法是將欲搜尋的參數先進行編碼再運算，而並非使用參數本身，因此不需受限於過去演算法對於搜尋空間的限制，例如過去求解最佳化演算法通常侷限在問題的目標函數、限制函數必須為連續或可微分函數才能進行，使基因演算法不受額外的限制。
- (2) 基因演算法擅長解決搜尋全域最佳解的問題，相較於過去的攀登演算法（Hill-climbing algorithm）容易受初始值影響最後收斂在局部最佳解，基因演算法同時對解集合進行平行搜尋使之避免陷入局部最佳解。
- (3) 基因演算法不需要複雜的數學運算，只需要靠適應函數來篩選解集合，例如傳統的梯度演算法需要根據其目標函數的導數來決定搜尋方向，基因演算法只需要適應函數值即可進行搜尋，跳脫傳統的數學式限制，降低處理問題的難度。

根據基因演算法幾項優於傳統的特性，其被廣泛使用在工程（模糊系統、類神經網路）、物理（液晶及雷射技術）以及文化娛樂（動畫及視覺圖形）等領域，解決排程順序、訊息重組、參數優選等問題（Haupt et al., 1998; Man et al., 1999; Deepa & Sivanandam, 2007）。例如使用基因演算法來解決複雜的多項次函式，以求達整體最佳參數解避免陷入數學函式中常見的局部最佳參數解（Michalewicz, 1992）；以及應用基因演算法調整設計自動模糊系統的歸屬函數（membership function）和模糊規則（Lee & Takagi, 2002）。目前對於使用基因演算法的研究皆顯示出，基因演算法於工程領域的應用相當具有效率也有不錯的效果，同時也是具有公信力被廣泛使用的求解最佳化演算法。

基於上述所列各項研究對於基因演算法所需，以及基因演算法所呈現的各項優點，本研究在模型的進行中也有幾點問題是極需使用基因演算法所解決。對於

本研究所使用各項參數來說，必須要將參數分割至小數點四位以下來尋求更為細緻的解集合提供更為有用的資訊，此作法搭配所使用的六項參數以及所使用的龐大資料量，複雜度將隨著參數的增加呈現指數成長，此外參數的細微變動將會造成結果的大幅變動容易造成解集合品質不一。因此若能使用基因演算法處理龐大資料量並且對解集合進行平行搜尋，一條染色體能夠得出一組參數解的做法，對於本研究不僅能得出各項參數對於最佳解的分佈，相較於類神經網路的搜尋方式也是更有效率的做法。此外基因演算法適當的於染色體中加入突變基因的做法也將有助於本研究跳脫局部最佳解，避免基因過於相近而無法突破。

本研究建構觀察遞移性的模型使用各項參數建構網路資料以此來計算風險的遞移並且將結果與真實資料進行比對驗證，各項參數搭配計算均代表了不同實質上的意義，有鑑於基因演算法對於本研究能夠提供的幫助，在本研究中將使用基因演算法幫助本研究進行各項參數的最佳化搜尋以求解符合真實情況的最佳解集合。



三、研究資料

在本文中流行風險指標使用流行病為案例研究，以台灣交通通勤旅運資料建構人口流動網路，模擬因人口流動而產生的流行病風險遞移動態。為達到風險指標對於案例研究的進行，研究所需資料含有用來建構人口流動網路的台灣各長短程交通旅運資料，以及與實驗結果比對的真實流行病病例資料。因此本節將從上述研究所需資料來源、收集到的研究資料內容、以及研究資料如何進行處理轉換來建構本論文所需人口流動旅運網路開始進行討論。

3.1 交通旅運網路建構

以傳染病而言在評估過台灣各行政區實質資源分配以及能有效影響衛生決策的單位過後，本論文將以台灣本島現行行政劃分之直轄市、省轄市、縣所構成本島 22 縣市，以及 22 縣市依據行政區及鄉鎮市所細分之 353 鄉鎮市為規模（中華民國交通部運輸研究所, 2008）。以上述所提及規模建構研究所需交通旅運網路資料以模擬人口流動，進而窺探人口流動造成的病原體遞移現象。其中建構 22 縣市及 353 鄉鎮市的交通網路資料包含了台灣短程通勤資料、台灣鐵路站起訖資料、台灣航空站起訖資料以及台灣高鐵站起訖資料，資料內容及轉換細節則為以下所敘。

3.1.1 台灣短程通勤旅運網路資料

本研究使用台灣行政院主計處所調查 2000 年台灣人口普查資料，此資料依據民眾戶籍地及工作地的關係建構所有鄉鎮市間每日通勤往來的人口數。此人口普查資料包含一 409×409 大小的矩陣內容，代表台灣各鄉鎮市共計 409 個鄉鎮市每日往來通勤人口數，其中列為居住地行為通勤地，矩陣中第 I 列第 J 行資料代表編號 I 鄉鎮市每日通勤至編號 J 鄉鎮市人口數。此資料除了將台灣直轄市、省轄市、縣所構成 22 縣市依據行政區及鄉鎮市往下細分為 353 鄉鎮市外，更將台北市 12 行政分區再細分為 68 個部分，因此共計有 409 個鄉鎮市通勤人口資料。此

人口普查資料不符本論文所需，所以必須將此 409 鄉鎮市通勤資料轉換為 353 鄉鎮市以及 22 縣市兩種規模，以符合本研究建構台灣短程通勤旅運網路資料的要求。

本論文所使用的 353 鄉鎮市規模與通勤人口資料的差別在於未將台北市 12 行政分區往下細分，因此必須利用圖 3-1 概念將 409 x 409 大小的通勤人口資料矩陣中被細分的台北市各行政分區轉換合併為 353 x 353 大小的短程通勤旅運網路矩陣。至於 22 縣市短程通勤旅運網路的矩陣建立方式則是利用相同的處理概念，將建構出來的 353 鄉鎮市矩陣資料依據各自所屬縣市合併為 22 縣市矩陣資料。

	台北市 松山區 -三民區	台北市 松山區 -中峯區	台北市 松山區 -本鎮區	高雄市 小港區
台北市 松山區 -三民區	10 人	17 人	21 人	10 人
台北市 松山區 -中峯區	15 人	3 人	22 人	20 人
台北市 松山區 -本鎮區	15 人	22 人	16 人	21 人
高雄市 小港區	21 人	17 人	23 人	31 人

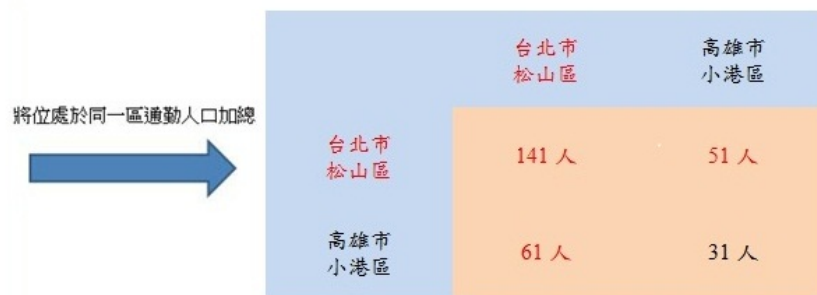


圖 3-1 通勤網路矩陣合併概念

3.1.2 台灣鐵路通勤旅運網路資料

在鐵路通勤旅運網路資料方面，本文使用民國 95 年及 97 年台灣鐵路管理局客運旅次起迄表建構鐵路通勤旅運網路（中華民國交通部運輸資訊組, 2009b）。台灣鐵路管理局將台灣鐵路起訖站大致分為圖 3-2 的 49 個主要分區，如圖 3-2 每個主要分區都涵蓋了數個鄉鎮市的起訖人數資料，資料內容為 49 x 49 大小的矩陣；矩陣內容代表了每年於此 49 個分區往來起訖的人口數，因此最後必須將資料再除以 365 才是每日的鐵路通勤旅運人數。

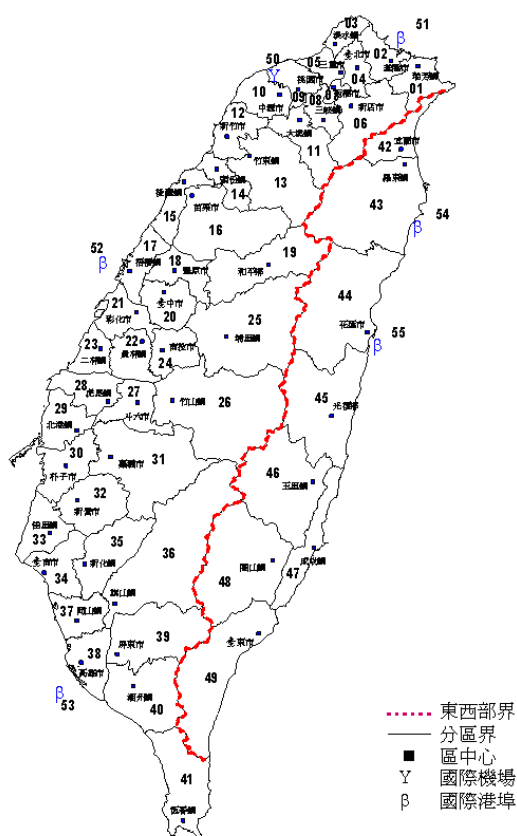


圖 3-2 台灣鐵路主要交通 49 個分區

由於各鐵路交通分區涵蓋一至數個鄉鎮市，所以本論文將旅次起訖表根據下列公式擴充至台灣 353 個鄉鎮市鐵路往來通勤旅運人數。

$$R_{ij} = r_{pq} \times \frac{P_i}{P_{\text{all}_p}} \times \frac{P_j}{P_{\text{all}_q}} \quad (3-1)$$

其中 R_{ij} 代表每日由編號 i 之鄉鎮市搭乘鐵路往編號 j 鄉鎮市人口數， r_{pq} 為每日

搭乘鐵路由交通分區 p 至交通分區 q 人口數， P_i 與 P_j 代表編號 i 鄉鎮市與編號 j 鄉鎮市當地人口數、 P_{all_p} 與 P_{all_q} 代表交通分區 p 與交通分區 q 所涵蓋的鄉鎮市總人口數，而在 22 縣市的矩陣建立則與台灣短程通勤旅運網路相同。

3.1.3 台灣航空通勤旅運網路資料

本論文使用民國 97 年台灣交通部運輸所提供國內航線班機載客率建構航空通勤旅運網路，資料內容為 9×9 大小的矩陣（中華民國交通部運輸資訊組, 2009b）；以國內航班資料為主包含台灣的台東、花蓮、松山、台中、嘉義、台南、小港、屏東及恆春共九個航空站於 97 年間往來的旅客人數，同樣的資料也必須除以 365 才是每日的航空通勤旅運人數。

本研究將航空資料的交通分區分為九大區，各個航空站代表一個交通分區，每個交通分區的涵蓋範圍再根據各航空站位處的地理地址決定。依據航空站與鄉鎮市的經緯度座標，本研究將各鄉鎮市分配至與其直線距離最近的航空站代表此鄉鎮市所屬區域，接著如同 3.1.2 節台灣鐵路通勤旅運網路的還原方式，根據各交通分區人口數比例還原便可得到 353 鄉鎮市及 22 縣市規模的航空通勤旅運網路。

3.1.4 台灣高鐵通勤旅運網路資料

台灣高速鐵路沿台灣西部一共建立了台北、板橋、桃園、新竹、台中、嘉義、台南和左營一共八個站，本研究將根據台灣交通部高速鐵路工程局所提供民國 98 年高鐵各站起訖旅客量資料建立研究所需高鐵通勤旅運網路。資料內容為 8×8 大小矩陣，包含各站於 98 年間起訖旅客人數（中華民國交通部高速鐵路工程局, 2009）。

如同前述 3.1.3 節對於航空資料的處理方式，本研究將高鐵各站歸類為一共八個交通分區，根據高鐵各站與鄉鎮市的經緯度座標來決定個高鐵站的交通分區涵蓋多少鄉鎮市，接著同樣如本文 3.1.2 節的還原方式，根據各交通分區與鄉鎮

市的人口數比例建構 353 鄉鎮市及 22 縣市規模的高鐵通勤旅運網路。

3.1.5 總交通通勤旅運網路建構

根據 3.1.1 節至 3.1.4 節所述，本研究利用台灣長短程通勤旅運網路資料建構出短程通勤旅運網路、鐵路通勤旅運網路、航空通勤旅運網路及高鐵通勤旅運網路，在本文中以下列式子代表總交通通勤旅運網路的構成：

$$W_{ij} = w_1 \times C_{ij} + w_2 \times R_{ij} + w_3 \times H_{ij} + w_4 \times A_{ij} \quad (3-2)$$

W 代表總交通通勤旅運網路，而 W_{ij} 代表每日由編號 i 之鄉鎮市通勤上班往編號 j 鄉鎮市人口數， C 、 R 、 A 、 H 則分別代表短程通勤旅運網路、鐵路通勤旅運網路、航空通勤旅運網路、高鐵通勤旅運網路，其中 w_1 、 w_2 、 w_3 、 w_4 (weight1~weight4) 為由 0~1 分佈實數分別乘上 C 、 R 、 H 、 A 為各長短程通勤旅運網路佔有權重，如此便為本研究用以模擬人口流動的總交通通勤旅運網路日旅運量完整組成。在組成總交通通勤旅運網路的過程中使用權重原因在於，每種長短程交通的日旅運量並不一定完全是通勤人口可能有部分比例為搭車遊玩的旅客，因此本研究必須用權重的方式來調整對傳染病傳播有影響的通勤旅客人次，找出所佔權重以組成真正有影響力的通勤旅運網路。

在調整過各長短程通勤旅運網路權重，組成真正有影影響力的通勤旅運網路後，本研究則會將總交通通勤旅運網路進行正規化 (normalize) 的動作，將居住地與通勤地的關係轉變為機率值方便本研究做出計算。正規化的方法為將總交通通勤旅運網路的每一列元素皆除以該列總和，這樣便可獲得計算時使用的總交通通勤旅運網路。

3.2 真實流行病病例資料

根據 2.4 節所述，本研究收集經人口流動遞移傳染的兩種典範傳染病資料-2009 年 H1N1 與 71 型腸病毒傳染病，與所計算之染病風險結果做驗證。流行病病例資料的來源為台灣行政院衛生署疾病管制局網站的傳染病統計資料查詢系統，此

系統收集於西元 1999 年至現今的各類法定傳染病重症病例通報資料，提供本研究收集傳染病統計資訊。

在傳染病統計資訊中有關 2009 年 H1N1 與 71 型腸病毒傳染病內容的部分，此系統收集了民國 1999 年至 2011 年共 12 年間的重症病例數，以縣市規模及鄉鎮市規模為統計範圍，記錄此 12 年間台灣各縣市或鄉鎮市的每周染病人數資料，恰符合本研究欲收集流行病資料的地理規模。除 2009 年 H1N1 傳染病外，本文收集此 12 年間 71 型腸病毒重症病例數破百的年度，包含 2000 年 291 起重症病例、2001 年 393 起重症病例、2002 年 162 起重症病例、2005 年 142 起重症病例、2008 年的 373 起重症病例共五年的重症病例資料。最後一共收集到各鄉鎮市及縣市的每年每周重症病例數，同時此資料也隱含了各鄉鎮市的初始病例周數等資訊，提供本研究進行風險程度的判斷。

根據收集到的傳染病資料，本研究先去除重症病例數為零的行政區後，再用以下規則為順序判斷各鄉鎮市及縣市各年的實際風險程度：

1. 該年重症病例數，病例數高風險也越高
2. 初始重症病例周別，周別越早風險越高
3. 第二重症病例周別，周別越早風險越高
4. 第三重症病例周別，周別越早風險越高

如此無論行政區是鄉鎮市規模或縣市規模，本研究皆可得到每年各行政區的風險程度排列，用來與本研究計算結果驗證。

四、研究方法

在本章節將使用第二章節所述的文獻，與第三章研究資料建構的交通旅運網路、驗證資料來探討模型的組成以及驗證方式。章節 4.1 針對研究目標所提，探討指標模型的制定方式以及功能等細節。章節 4.2 討論如何驗證本模型的計算結果正確性，提出驗證方法的目的及評估方式。章節 4.3 則解釋本模型於利用基因演算法搜尋最佳參數解時，如何設定基因演算法的各項流程步驟以及各項設定的意義。其中圖 4-1 為本模型整體架構組成。

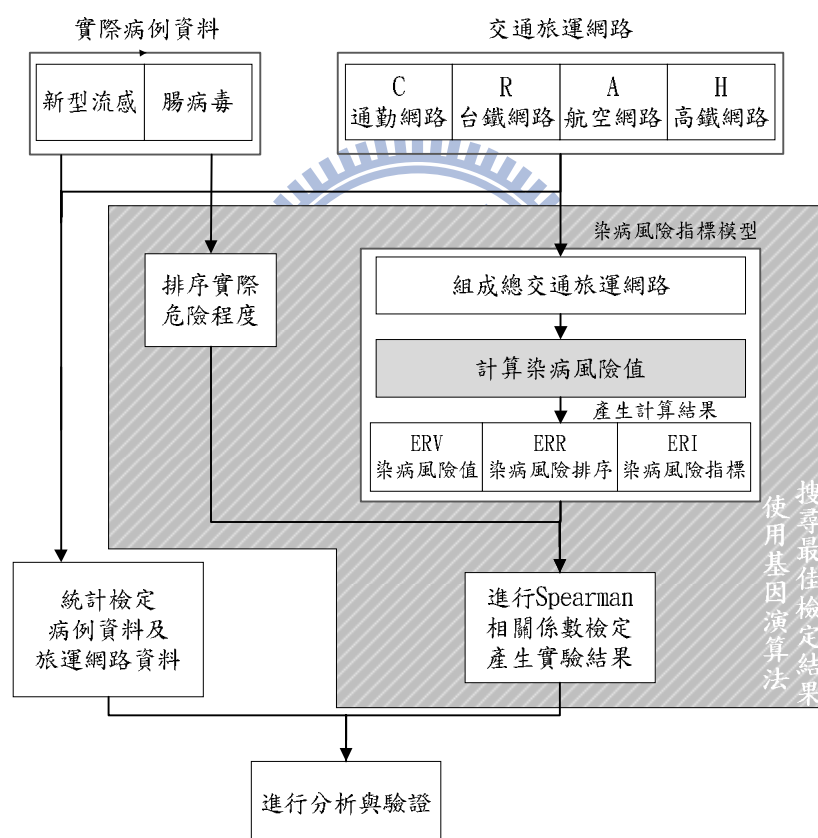


圖 4-1 模型整體架構圖

4.1 流行風險指標模型

本模型以流行病的傳播為案例研究，將網絡中的遞移概念套用於案例研究上，探

討病原體隨行政區間的人口流動所造成的遞移擴散現象。模型中將使用研究資料章節所建構的台灣長短程交通旅運網路模擬人口流動，以計算病原體隨宿主於各行政區移動時所造成的遞移風險。

每一個人的移動都代表著一條潛在的感染路徑，如圖 4-2(a)以行政區 A 與行政區 B 之間的每日往來通勤及原地通勤人口為例，若以行政區 A 的觀點來看，本研究在計算染病風險時需考慮的病原體遞移擴散方式有兩種：

1. 每日從其他行政區通勤至該行政區上班的人口帶來的傳染風險。

(圖 4-2(b))

2. 白天通勤至其他行政區受到感染後，晚上回原行政區的人口造成的傳染風險。(圖 4-2(c))

除了上述兩種病原體擴散方式外，原地通勤的人口數對於病原體於原行政區的擴散也有一定的影響，因此在計算傳染病風險時原地通勤人口以及行政區間通勤人口都是必須考量的地方。此外流行病的傳染病案例並非完全由通勤者所導致，其他部分對傳染病的擴散所造成的影響也是本模型必須計算的重點之一。



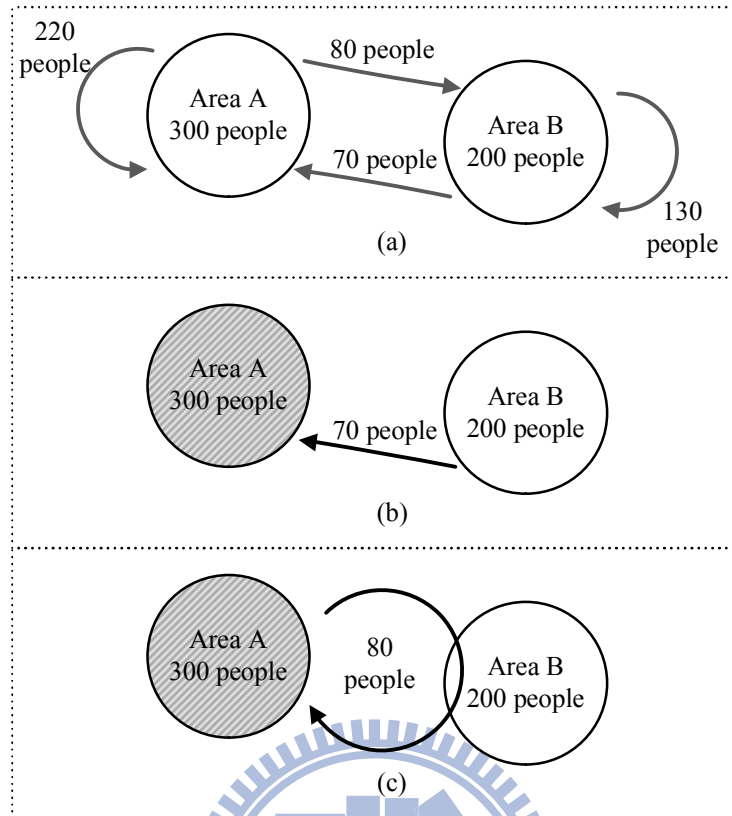


圖 4-2 行政區間通勤人口範例圖

根據上述概念本研究建立風險指標模型的計算公式如下：

$$ERV_{all}^{t+1} = (1 - d) \times f + d \times (\text{dayTime} \times W^T \times ERV_{all}^t + (1 - \text{dayTime}) \times W \times ERV_{all}^t) \quad (4-1)$$

- ERV_{all}^{t+1} ：大小為 $N \times T$ 矩陣， N 為行政區數目、 T 為迭帶計算次數，內容為各行政區每次迭代後所計算出的風險值。
- W ：每日總交通通勤旅運網路，其中 $W \times ERV_{all}^t$ 代表計算白天通勤至其他行政區受到感染後，晚上回原行政區的人口造成的傳染風險。
- W^T ：每日總交通通勤旅運轉置網路，其中 $W^T \times ERV_{all}^t$ 代表計算每日從其他行政區通勤至該行政區上班的人口帶來的傳染風險。
- dayTime ：代表通勤人口外出工作時間所佔一天的比例。
- f ：其餘造成傳染病傳播的因素。
- d ：通勤因素於該流行病所佔的影響比例

利用此公式能夠讓本研究考慮病原體隨人口流動以及其它因素對於傳染病傳播的影響，進而計算出各行政區染病風險程度值。其中值得注意的地方在於流行病的傳播具有不斷遞迴傳染的特性，因此(4-1)式經由每日總交通通勤旅運網路量以及其它因素迭代計算一次的結果即為一日之後各行政區的風險程度；迭代M次則代表M日後的各行政區風險程度。

為了觀察傳染病在一年內所造成的影響，本模型設定了下列兩個迭代計算的停止條件，並以先達到為準：

1. 各行政區染病風險未變動達100次，表示計算趨平穩停止迭代。
2. 計算公式迭代至365次即停止迭代。

在計算公式停止迭代後即可獲得計算結果，同時本研究將計算結果分成下列三種不同表示方式，每種方式都代表了不同的意義與參考價值：

1. ERV (Epidemic Risk Value)：染病風險值，計算公式停止迭代後可得各行政區的染病風險值。
2. ERR (Epidemic Risk Rank)：染病風險排序，依據染病風險值將各行政區危險程度由高到低進行排序而得，可用來提供實施公衛政策順序的參考。
3. ERI (Epidemic Risk Index)：染病風險指標，將各行政區染病風險值皆各自除以所有行政區染病風險值總和所得的危險程度百分比比率，可比較各行政區指標以評估危險程度的比值，具絕對及相對意義。

本模型在於計算網路中的遞移特性功能方面與同為計算遞移特性著名的理論模型馬可夫鏈不同點在於馬可夫鏈使用機率陣列來計算一段時間後的狀態改變，過程中無法改變機率陣列。而本模型所建立的總交通通勤網路矩陣，能夠隨時於迭代過程更改結構，因應現實世界可能因防疫政策做出的交通旅運量改變而做出計算。同理在將模型運用至其他遞移現象的計算時，也能夠因應網路狀況更改計算網路矩陣的結構。

4.2 流行病風險指標效益評估

本文 4.1 節所述觀察遞移特性模型，在套用於案例研究計算出結果後，接著將使用本節提出對於案例研究具有參考價值的評估方式做為驗證。由於本模型套用於傳染病藉由人口流動傳播的遞移特性計算，因此底下將提出兩種評估方式，驗證結果對於傳染病學研究以及公衛單位做出衛生決策的幫助。

4.2.1 根據各行政區計算指標評估

對於衛生單位來說如果在一項新興流行病盛行之前，知道哪些行政區可能是具有高度感染風險的地區，就能夠進一步實施適當的隔離與預防政策。因此本模型考慮人口流動與傳染病遞移傳播的關係，計算出各行政區的染病風險程度，並且與本文 3.2 節所提各行政區真實流行病病例資料做第一項驗證。若相關性高代表驗證通過，證明本模型考量病原體隨人口流動遞移傳播的概念進而計算出各行政區的風險程度，對於衛生單位來說具有實際參考價值。

如圖 4-3 本模型使用第一項驗證方式如下：

- (1) 根據本文 3.2 節所述，將各行政區傳染病病例資料根據染病人數及病例週別做出實際風險程度的排序，得到數列 1。
- (2) 將本模型所計算出來的各行政區風險程度進行排序，得到數列 2。
- (3) 使用斯皮爾曼相關係數 (Spearman Correlation Coefficient) 將上述所得數列 1 與數列 2 進行相關程度的驗證，評估本模型計算結果的正確性。

在此使用斯皮爾曼相關係數的原因在於，相較於皮爾遜(Pearson)肯德爾(Kendall)等其餘相關係數的檢定，斯皮爾曼相關係數不要求兩數列的分佈形態、樣本大小等數據條件，只需要兩個變量是兩列對等級數即可進行計算。以本研究計算結果以及實際流行病病例資料來看，本研究只要求得兩種資料的等級數列即可進行相關性檢定，驗證本研究計算結果的正確性。

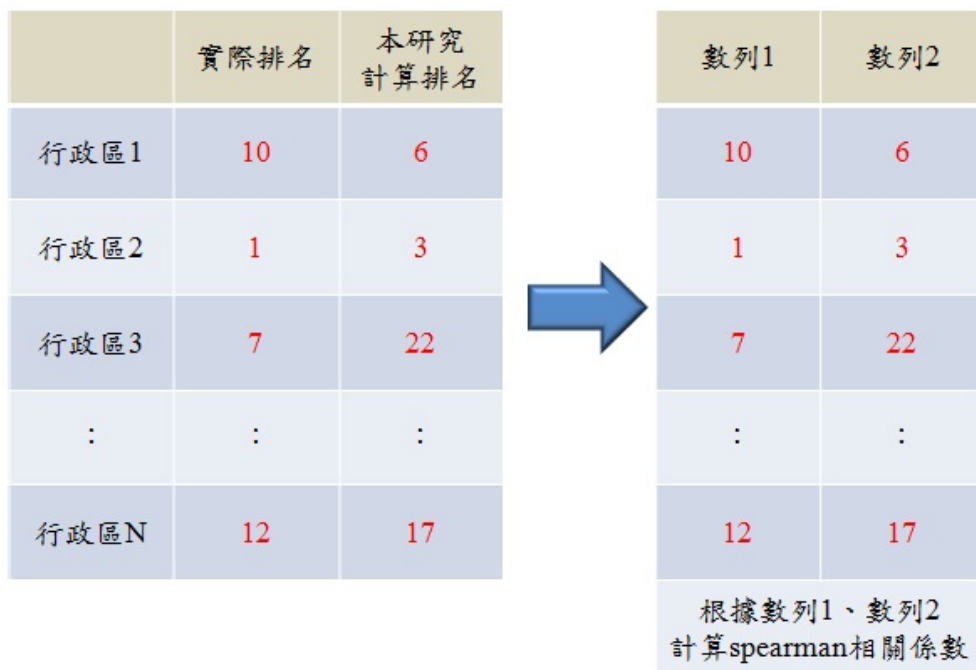


圖 4-3 風險指標驗證方式

4.2.2 根據模型計算命中率評估

每當新興流行病來臨時，如果能夠準確的預估出高風險的行政區將會更有助於預防政策的實施，有效降低新興流行病帶來的殺傷力。因此除了知道各行政區的染病風險程度排序能夠提供衛生單位政策實施的參考，若能夠再針對實際流行病資料中危險程度較高的行政區，進一步分析本模型對於這些高風險地區的命中率，也將有助於驗證本模型的計算結果。

依據標準差的組距觀念，本研究將實際資料中前 50% 的高風險行政區分為前 17.5% 以及 17.5%~50% 兩個組距，並且觀察本模型計算結果所預估的前 50% 高風險行政區，於此兩個組距與實際資料的重疊性來計算染病人數命中率與行政區命中率。以下將詳細介紹染病人數命中率與行政區命中率計算方式。

以表 4-1 中危險程度前 17.5% 組距的行政區為例，染病人數命中率的計算方式為：

$$\frac{\text{本模型命中之行政區染病人數總和}}{\text{實際資料之行政區染病人數總和}} = \frac{30 + 26 + 20}{30 + 26 + 20 + 10} \cong 0.88$$

	實際資料	該行政區 實際 染病人數	本研究 計算結果	該行政區 實際 染病人數
危險程度 前17.5% 行政區	行政區2	30	行政區2	30
	行政區5	26	行政區6	3
	行政區1	20	行政區1	20
	行政區7	10	行政區5	26

表 4-1 染病人數命中率

因此本模型計算結果於危險程度前 17.5%組距的染病人數命中率約為 88%，此外參考圖 4-4，行政區命中率的計算方式為：

$$\frac{\text{重疊之行政區數}}{\text{實際資料之行政區數} + \text{計算結果之行政區數} - \text{重疊之行政區數}} = \frac{3}{4 + 4 - 3} = \frac{3}{5} = 0.6$$

由此範例計算方式可得本模型於危險程度前 17.5%組距的行政區命中率為 60%，經由比較本模型計算結果於兩個組距的染病人數命中率與行政區命中率，提供有別 4.2.1 節所述相關係數檢定的方式，進而驗證本模型計算結果的正確性。

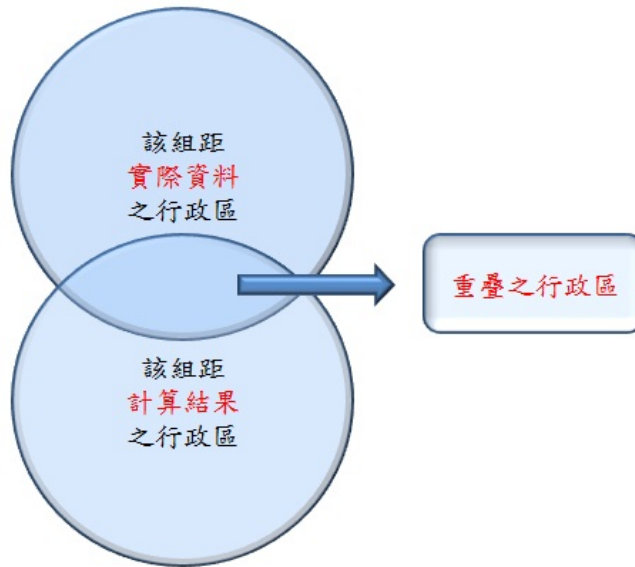
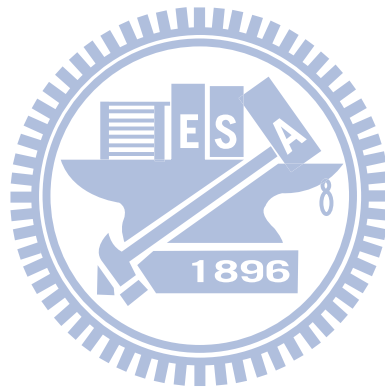


圖 4-4 行政區命中率概念圖



4.3 基因演算法

在本文中使用基因演算法來幫助模型搜尋計算遞移特性的各項參數，每條染色體都代表一組可能的參數解，並且以 4.2 節的驗證方法為適應函數(Fitness Function)來求解適應值最高的參數組合。以下將先以圖 4-6 的流程圖呈現概念，接著詳述本研究於基因演算法各步驟的詳細設定方式，後再以表 4-1 的步驟設定來整理基因演算法的各個變項設定：

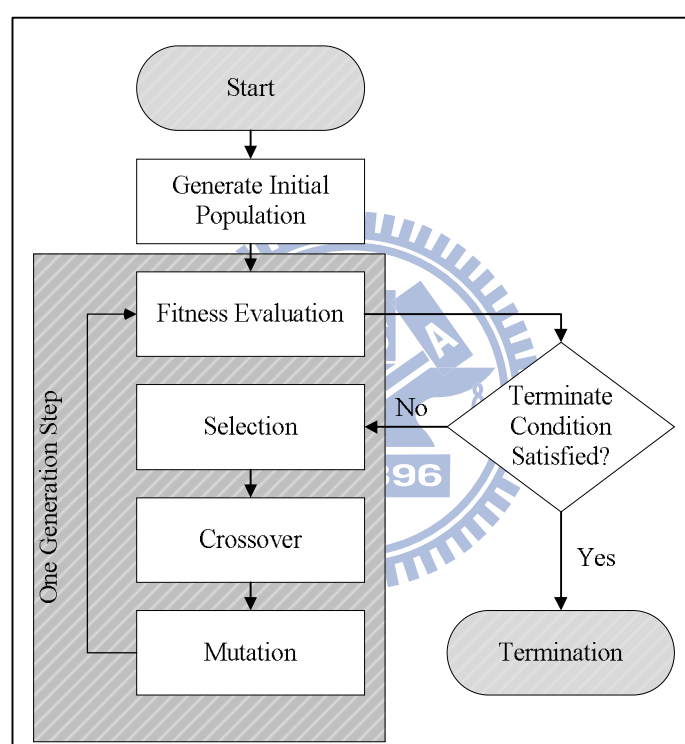


圖 4-5 基因演算法流程圖

(1) 染色體編碼方式 (Encoding)：

根據 4.1 節所述，本模型計算公式中包含 d 、 $dayTime$ 、 w_1 、 w_2 、 w_3 、 w_4 六個觀察遞移特性的參數，各參數皆從 0~1 呈實數分佈並且都使用十個二進位的數字來編碼，因此染色體一共包含六十個二進制的數字，其內容為：

$$(d_1 d_2 \cdots d_{10}, \text{dayTime}_1 \text{dayTime}_2 \cdots \text{dayTime}_{10},$$

$$w_{1_1} w_{1_2} \cdots w_{1_{10}}, w_{2_1} w_{2_2} \cdots w_{2_{10}}, w_{3_1} w_{3_2} \cdots w_{3_{10}}, w_{4_1} w_{4_2} \cdots w_{4_{10}})$$

以下列式子為例，在本文中將二進位編碼轉換為真正代表參數數值的方式為將各個參數由二進位制轉換成十進位制之後再除以 $(2^{10} - 1)$ 以進行染色體編碼的轉換：

$$1000000001_2 = 513_{10}$$

$$513 / (2^{10} - 1) \cong 0.5015$$

如此便可獲得各項參數實際值與染色體內表示法的轉換。

(2) 初始化與群體大小設定 (Population、Initialization)：

在初始值方面，本模型使用隨機亂數的方式來產生基因以構成染色體，並且設定原始群體內的染色體數為 100 條。

(3) 適應函數 (Fitness Function)：

在適應值方面，使用本文 4.2.1 節所述驗證方式做為基因演算法的適應函數 (fitness function)，以評估每條染色體的適應值。

(4) 挑選染色體方式 (Selection)：

本模型中使用競賽挑選 (Truncation selection) 與輪盤式挑選 (Roulette Wheel selection) 來從交配池中挑選欲交配的母代染色體。

在使用競賽挑選時，將從交配池 (mating pool) 中隨機搜尋兩條染色體以進行下一步的演化動作，意謂每條染色體無論適應值高低，被挑選出來的機率皆相等。而在使用輪盤式挑選時，會依據每條染色體的適應值高低決定被挑選出來的機率，意即適應值越高其被挑選出來的機率就越高，此種作法的缺點在於適應值高的染色體可能被大量複製，造成群體及早產生收斂的情形。

本模型使用兩種挑選模式進行比較，觀察就兩種挑選模式所搜尋出來的解是否根據其挑選的特性能夠搜尋出不同的解集合，比較適應值以及染色體的演化狀況，並且將以表現狀況較佳的模式為主。

(5) 交配方式與突變方式 (Crossover、Mutation)：

在經過挑選模式選出欲交配的染色體後，本模型使用兩點式交配 (Two-point Crossover) 來使母代交換六項參數的基因組成以期產生適應值更高的子代。在交配過程中，隨機選擇兩個交配點將染色體分成三段，並將兩條母代染色體交換中間段的基因產生兩條子代以達到基因交換。

接著本模型將交配後的兩條子代染色體的基因進行突變操作，突變的方式採 bit-by-bit 並設定突變率為 0.001。突變進行的方式是從子代染色體中的六十個二進位數字，從最高位元至最低位元一個個位元根據突變率決定是否產生突變。當完成突變操作時會將子代放入新的交配池中，一旦新的交配池中染色體數目足夠，將捨棄舊的交配池並以新的交配池再進行下個回合的演化。

(6) 終止條件與結果篩選 (Termination condition)：

基因演算法演化達到 X 個世代後若染色體的適應值曲線達到平穩即停止演化，其中 X 初始設定為 1000。

本模型設定基因演算法模擬共十回合，每回合在經過 X 個世代的演化結束後，將保留所有染色體中適應值最高的十條染色體，如此演算法在十個回合結束後便可獲得 100 條染色體。接著便分析所有染色體中六項參數的分佈、中位數及平均數，觀察六項參數於各染色體的變化以及異同之處。

Genetic Algorithm Variables	Setting
Encoding	Binary
Population & Initialization	100~200 、 Random
Selection	Truncation Selection 、 Roulette Wheel Selection
Crossover	Two-point Crossover
Crossover Rate	0.8
Mutation	Bit-by-bit
Mutation Rate	0.001
Simulation Round	10
Termination condition	1000 Generations

表 4.2 基因演算法參數設定

五、實驗結果

本研究以流行病在台灣 353 個鄉鎮市以及 22 個縣市間的傳播來進行網路遞移的實驗模擬，並收集真實流行病病例資料進行驗證比對。本章節分成四個部分，第一個部分設定總交通旅運網路的構成參數以及模型其餘參數，並以敏感度分析探討實驗結果與真實資料驗證的正確性。第二部分使用基因演算法搜尋模型中的參數組合，設定總交通旅運網路由短程網路以及台鐵網路所構成並以短程網路為主體架構（短程網路權重為百分之百），觀察何種參數組合會使實驗結果與真實 H1N1-A 型流感、71 型腸病毒病例驗證相關性最高並分析參數組成及驗證結果是否能反映現實情況。第三部分加入高鐵及航空等長程交通旅運網路探討流病經由長程網路的傳播能力。第四部分只採取高鐵及航空兩種長程交通旅運網路與第二及第一部分做出比較驗證。第五部分則是將總交通旅運網路去除以短程網路為主要架構的設定，改為所有本研究所調查的旅運網路搭配而成，進行模擬並分析實驗結果。其中基因演算法所搜尋到的各項參數在本章節將取出最佳解染色體進行分析，而所有的染色體參數解分佈則收於附錄。

5.1 模型參數敏感度分析與驗證

在使用基因演算法搜尋本模型最佳參數解之前，本研究先將總交通旅運網路的構成參數 (3-2) 式以及 (4-1) 式其餘參數進行設定以便採取敏感度分析的做法，來探討並驗證模型方法的正確性。

5.1.1 實驗一：使用各種網路組合進行敏感度分析

如同本文 3.3 節本研究檢閱了 H1N1-A 型流感以及 71 型腸病毒的染病年齡層、潛伏期以及傳染途徑等特性並做出資料檢定。參考表 5-1，H1N1-A 型流感在各年齡層皆具有染病風險重症及死亡者多見於五歲以下孩童及老年人，潛伏期約 1~4 天病患在潛伏期已具有傳染力並且是經由飛沫以及接觸傳染 (Chan, 2009)；71 型腸病毒染病多見於五歲以下兒童成年人具較強抵抗力受影響低，發病後一

周具傳染力，糞口及食物接觸為主要傳染途徑 (Chang et al., 1999)。經由檢視上述流行病特性，值得本研究注意的是 H1N1-A 型流感的潛伏期以及染病族群，容易造成病原體透過移動力較高的青壯年人口通勤上班傳播，而 71 型腸病毒與通勤上班造成的傳播相關性則較低。意即 H1N1-A 型流感與通勤人口的相關性大過 71 型腸病毒與通勤人口的關係。

	H1N1-A 型流感	71 型腸病毒
染病年齡層	<ol style="list-style-type: none"> 1. 任何年齡層皆有染病風險 2. 重症及死亡者多見於五歲以下兒童及老年人 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 重症多見於五歲以下兒童 2. 成年人具較強抵抗力，較不受影響
潛伏期	潛伏期約 1~4 天 在潛伏期病患已具有傳染力	潛伏期約 2~10 天 發病後一周傳染力最強
傳染途徑	經由飛沫 人與人直接或間接接觸	接觸傳染(糞口、食物)

表 5-1 流行病特性比較表

有鑑於此，本研究做出一項假設：將模型的計算方式設定為排除其餘與通勤因素所不相干的影響，相較於 71 型腸病毒，計算結果與 H1N1-A 型流感的相關性會較高，因此底下根據假設將模型中參數做出表 5-2 的設定。

	參數					
	旅運影響比例	日間旅運影響比例	短程網路權重	台鐵網路權重	高鐵網路權重	航空網路權重
設定	1	由 0~1 分佈區間為 0.1		0 或 1 分佈		
規模：353 鄉鎮市	流行病：		2009 年 H1N1-A 型流感 2000 年~2010 年 71 型腸病毒			

表 5-2 敏感度分析參數設定

本文在此實驗使用交通旅運量最大的短程通勤旅運網路以及台鐵旅運網路來構成總交通旅運網路，設定旅運影響比例為 1 完全只看通勤對於病原體遞移傳播所造成的影響，並且設定日間旅運影響比例參數由 0 到 1 分佈、區間為 0.1 進行此參數的敏感度分析。計算規模以 353 鄉鎮市為準，而在流行病方面使用 2009 年 H1N1-A 型流感病例資料以及 2000 年至 2010 年間 71 型腸病毒重症病例數破百的年度來計算，驗證方式採 4.2.1 節所述斯皮爾曼相關係數做驗證。

在圖 5-1 及 5-2 中，日間旅運影響比例參數的分佈即為本模型使用表 5-2 參數設定後產生的敏感度分析結果，當日間旅運影響比例參數為 0 或 1 時代表沒有圖 4-2 中另外一種影響病原體傳播的方式，比較不具意義因此選擇將把日間旅運影響比例參數等於 0 以及 1 的結果取掉不呈現。

圖 5-1 與圖 5-2 即為本模型使用表 5-2 參數設定後產生的敏感度分析結果，顯示模型計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感及各年 71 型腸病毒實際病例進行斯皮爾曼相關係數檢定皆能夠形成正相關的檢定值。在結果方面，當日間旅運影響比例參數的數值越高越能夠造成兩種流行病的相關係數檢定值上升，顯示影響傳播的比重以圖 4-2(b)為主。在 H1N1-A 型流感方面當旅運網路組合越完整相關性也上升，顯示長短程旅運網路皆為影響 H1N1-A 型流感傳播的重要因素之一，在 71 型腸病毒方面當高鐵網路加入時往往能有效提高相關性，可看出高鐵網路於人口數高的行政區之間帶來的人口流動與 71 型腸病毒真實病例分布的重疊。

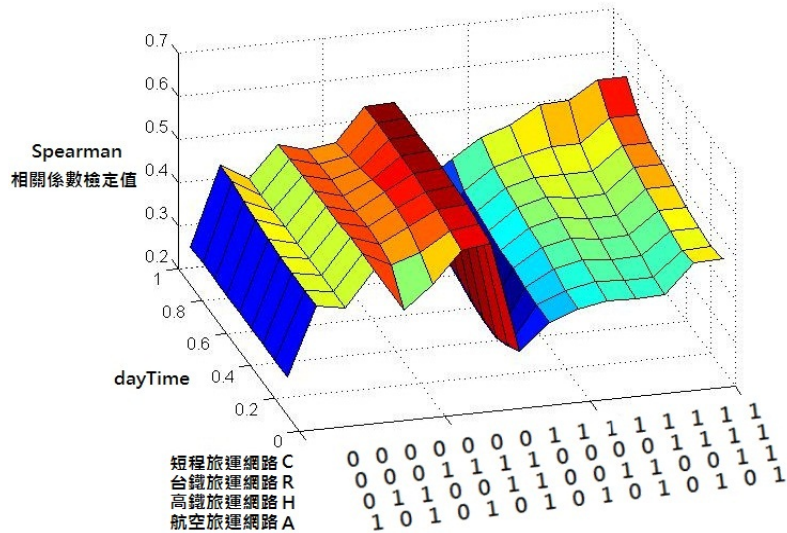


圖 5-1 敏感度分析結果_2009 年 H1N1-A 型流感

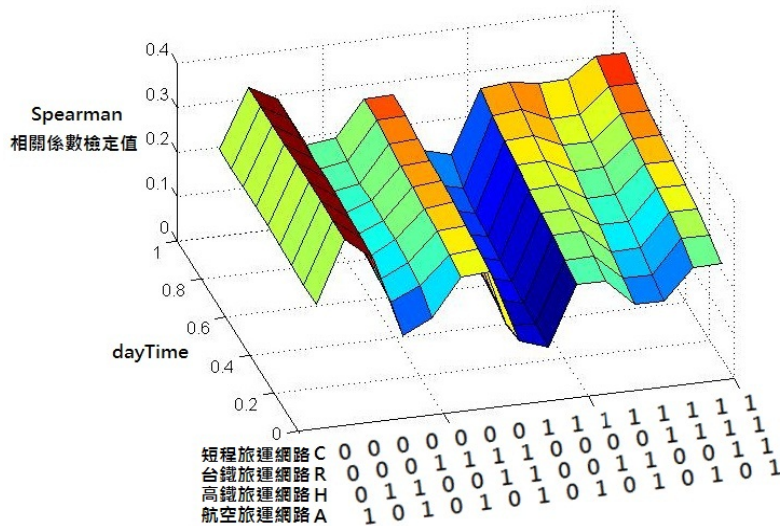


圖 5-2 敏感度分析結果_2001 年 71 型腸病毒

此外本文也將圖 5-1 及圖 5-2 簡化參數的分佈狀態，將日間旅運影響比例參數 dayTime 取極值並佐以各種旅運網路組合呈現於圖 5-3、圖 5-4，接著將相關係數較高的 2001 年 71 型腸病毒抓出來與 2009 年 H1N1-A 型流感做比對(圖 5-5)，並且根據 4.2.2 節其餘驗證方式將計算結果做出評估(表 5-3)。以圖 5-3、圖 5-4 來看，無論參數的組成為何，計算結果於 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值均高於 71 型腸病毒。而依據圖 5-5 來看，當參數 dayTime 設定為 0.9 時，模型計算結

果與 H1N1-A 型流感實際病例的斯皮爾曼相關係數檢定值為 0.578，明顯高於當參數 dayTime 為 0.9 時與 71 型腸病毒的檢定值 0.348。

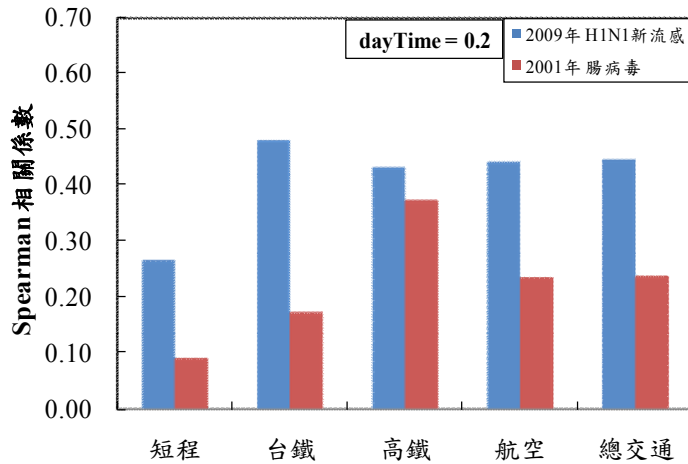


圖 5-3 敏感度分析簡化參數分佈結果圖_日間旅運比例為 20%

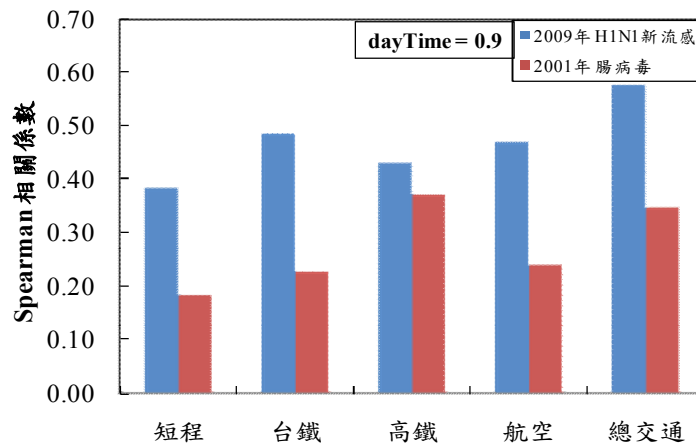


圖 5-4 敏感度分析簡化參數分佈結果圖_日間旅運比例為 90%

此實驗結果初步證實本模型使用旅運網路去計算各行政區染病風險程度的結果，確實與經由接觸及飛沫傳染的兩項實際流行病具有高度的相關性；同時也證實了本研究依據流行病特性作出的實驗假設，當模型計算方式設定為只看通勤因素的影響，計算結果確實與 H1N1-A 型流感的相關性大於 71 型腸病毒。而依據 4.2.2 節所做出的行政區及染病人數命中率如表 5-3 所列，皆具有 20% 以上的命中率。

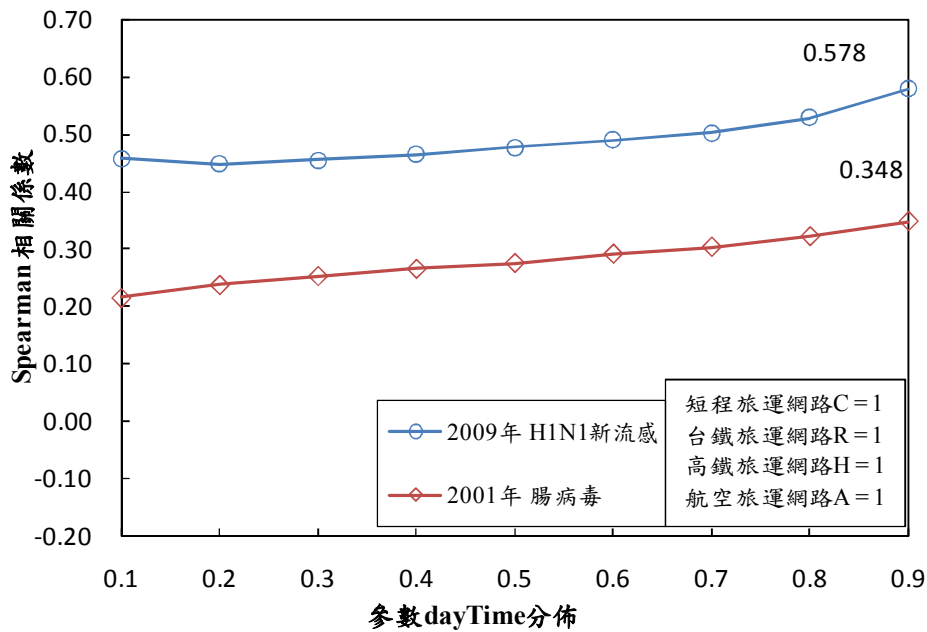


圖 5-5 2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒最大檢定值比較圖

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2009 年 H1N1- A 型流感	行政區		
	命中率	19.4%	21.3%
	染病人數		
	命中率	29.2%	35.6%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2001 年 71 型腸病毒	行政區		
	命中率	25%	30.2%
	染病人數		
	命中率	36.8%	47.3%

表 5-3 2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率

5.1.2 實驗設計與結果分析

在 5.1.1 小節中，本實驗使用敏感度分析將模型中所有可變參數，包括旅運網路的各種組成以及日間旅運比例參數(dayTime)進行分析透過圖 5-1、圖 5-2 呈現，並且由圖 5-3、圖 5-4 的圖形簡化結果初步驗證本模型使用人口流動方法計算各行政區風險程度的正確性。而在本小節中將針對實驗一的敏感度分析結果，討論並設計接下來使用基因演算法的實驗中，該如何針對所要研究的現象設計底層旅運網路的組成。

由於本研究所要驗證的流行病以 H1N1-A 型流感此種藉由人口流動造成病原體散播的呼吸道傳染病為主，因此以圖 5-1 來分析各種旅運網路的組成所造成相關係數的變化，藉此設定下一部所欲利用基因演算法搜尋的實驗內容。在此本研究所要分析的是旅運網路的組成，因此對於圖 5-1 的敏感度分析結果中，本研究將日間旅運影響比例參數 dayTime 取極值為 0.9 的方式將敏感度分析的實驗結果簡化並呈現於圖 5-6，圖中 X 軸代表旅運網路的組合，0 為不含此種旅運網路、1 為包含此旅運網路，Y 軸代表相關係數檢定值。

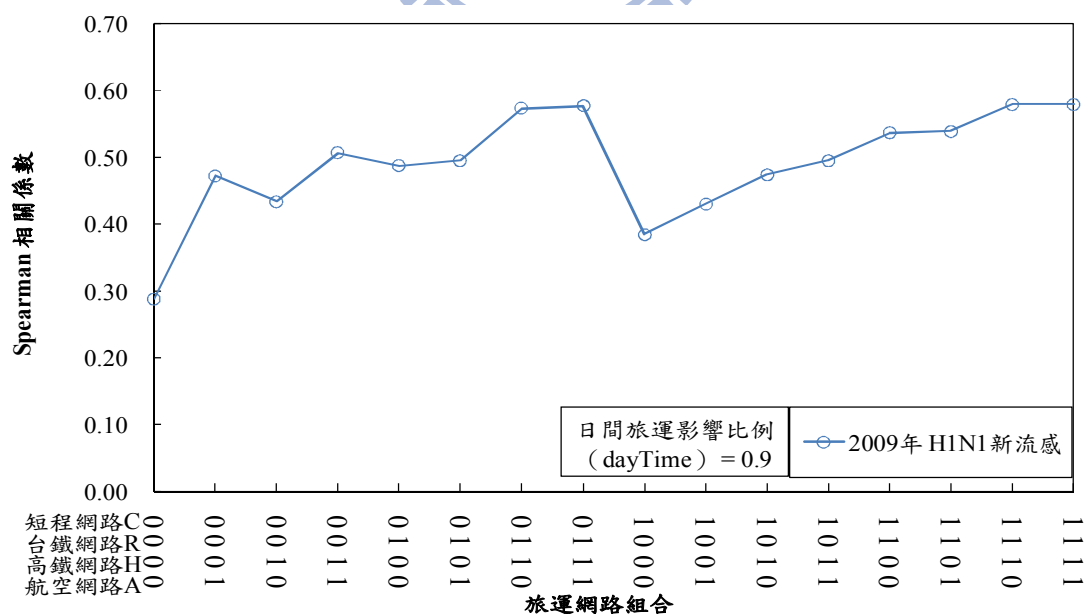


圖 5-6 各旅運網路組成實驗結果_2009 年 H1N1-A 型流感

在圖 5-6 中，整體而言本研究可以發現當實驗中所使用的旅運網路組合越完整，也就是考慮的人口流動資料越完善時，所得到的實驗結果與真實流行病病例資料相關性就越高。此外交通旅運人口在短時間內所造成的大量人際間接觸，容易造成呼吸道流行病的迅速傳播，並且長程的交通旅運與中短程的交通旅運造成的傳播影響程度也不同 (Tang et al., 2006)。有鑑於此，本文根據實驗一的敏感度分析在此將 3-2 式設計出實驗二～實驗五以下幾種旅運網路組成：

1. $W_{ij} = 1 \times C_{ij} + w_2 \times R_{ij}$

本文實驗二：總交通旅運網路為短程網路加上台鐵網路，觀察中短程交通對於流行病傳播影響。其中因為短程網路佔有人口流動資料百分比為最高因此權重設定為百分之百，台鐵網路權重則由基因演算法進行搜尋。

2. $W_{ij} = 1 \times C_{ij} + w_2 \times R_{ij} + w_3 \times H_{ij} + w_4 \times A_{ij}$

本文實驗三：總交通旅運網路為實驗二所設定中短程交通網路再加上高鐵及航空等遠程交通網路進行實驗，觀察與實驗二結果差別。

3. $W_{ij} = w_3 \times H_{ij} + w_4 \times A_{ij}$

本文實驗四：總交通旅運網路為高鐵網路加上航空網路，相較於實驗二本實驗主要是觀察遠程交通對於流行病傳播的影響，與實驗二、實驗三結果做對照比較。

4. $W_{ij} = w_1 \times C_{ij} + w_2 \times R_{ij} + w_3 \times H_{ij} + w_4 \times A_{ij}$

本文實驗五：在前述實驗中，因為短程旅運網路所含有的入口流動資料遠大於其餘旅運網路，因此主要以短程旅運網路為主體架構來建立總交通旅運網路，雖短程網路旅運量大，但若其在傳染病的散播方面佔有的影響比例並不高則將短程旅運網路權重也加入基因演算法搜尋或許能夠得出更加接近真實情況的解集合。

而經由上述實驗結果的對照，本研究除了可將模型方法做進一步驗證外，還可比較中短程交通旅運與長程交通旅運，對於台灣本島流行病傳播扮演的角色及影響程度。

5.2 使用基因演算法搜尋最佳解

在本模型中由於資料量龐大，參數的細微變動就能造成計算結果的大幅改變使解集合品質不一，為能解決以上問題並考慮到如能做出求近似最佳解的快速計算即時提供有效訊息給衛生單位參考，對案例研究來說即可提供相當的助益，本研究將藉助基因演算法來對遞移特性的各項參數進行優選，找出圖 4-2 傳播的方法中影響病原體傳播的比例等，以產生本研究所欲搜尋的近似最佳解。

根據第一部分的實驗結果，初步證實本模型使用旅運網路去計算各行政區染病風險程度的結果，確實與經由接觸及飛沫傳染的兩項實際流行病具有正相關性；因此本研究進一步使用基因演算法進行第二部分及之後的參數實驗，其中第二部分使用台灣交通旅運量最大的短程通勤旅運網路以及台鐵旅運網路來構成總交通旅運網路，計算規模包含 22 縣市及 353 鄉鎮市兩種完整的地理尺度規模。

5.2.1 實驗二：使用短程網路為架構搭配台鐵網路搜尋解集合

在此實驗，本研究進一步使用基因演算法搜尋在何種參數組合下所得的計算結果，與真實病例資料會產生最佳相關係數檢定解，此實驗根據表 5-4 設定參數以及地理尺度等規模來進行。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	由 0~1 分佈 使用基因演算法搜尋				0	0
規模：	22 縣市 353 鄉鎮市	流行病：		2009 年 H1N1-A 型流感 2001 年 71 型腸病毒		

表 5-4 實驗二基因演算法搜尋參數表

在基因演算法實驗中同樣使用短程通勤旅運網路以及台鐵旅運網路來構成總交通旅運網路，並且計算規模設定為 22 縣市以及 353 鄉鎮是兩種規模皆計算，在此由於短程交通旅運網路所包含的人口流動資料量遠遠大於其餘旅運網路結構，因此本研究設定短程網路權重為 1，以短程網路為基本架構搭配台鐵網路來進行實驗。使用的流行病年度資料則是採用 2009 年 H1N1-A 型流感以及歷年來較大規模流行且具代表性的 2001 年 71 型腸病毒，不同點在於旅運影響比例參數 d 、日間旅運影響比例參數 $dayTime$ 、短程網路權重 w_1 及台鐵網路權重 w_2 是使用本文 4.3 節基因演算法的設定來進行參數組合搜尋。

5.2.1.1 鄉鎮市層級實驗結果

實驗搜尋結果如表 5-5 的鄉鎮市規模以及表 5-6 的縣市規模，首先以表 5-5 所搜尋出參數短程網路權重 w_1 及台鐵網路權重 w_2 來看，可知模型所架構的短程通勤旅運網路以及台鐵旅運網路已大致上構成背後造成 H1N1-A 型流感病原體遞移傳播的網路架構，旅運影響比例參數 d 也驗證了 H1N1-A 型流感的傳播仰賴通勤旅運人口的比重，而由日間旅運影響比例參數 $dayTime$ 可得知 H1N1-A 型流感藉由通勤人口的傳播主要以圖 4-2(b) 的方式為主，但值得注意的是日間旅運影響比例參數代表圖 4-2 兩種傳播方式比例的概念而非一天外出所佔時間比例。

H1N1	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.9951	0.95	1	0.996

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.597**

71 型腸 病毒	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.998	0.992	1	0.66

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.435**

表 5-5 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模

接著以 71 型腸病毒搜尋出的參數 w_1 、 w_2 來看，其造成病原體遞移傳播的網路架構與台鐵旅運網路的相關性相較於 H1N1-A 型流感呈現較低的情形，而由參數 dayTime 可得知藉由通勤人口的主要傳播模式同樣以圖 4-2(b)為主，但是本模型計算結果與 71 型腸病毒的相關係數檢定值不如 H1N1-A 型流感，可能代表著通勤人口造成 71 型腸病毒的病原體傳染有一定的限度。計算結果與 H1N1-A 型流感的相關性大於 71 型腸病毒，也符合本研究利用交通旅運建構網路的計算結果，也就是通勤因素與 H1N1-A 型流感的相關性大於 71 型腸病毒。經由本模型的計算結果與真實病例的檢定，也證實了本模型的實驗結果經過驗證，能夠計算出和真實病歷資料具中高相關程度的參考資料，而行政區及染病人數命中率則如表 5-6 所列。

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2009 年	行政區		
H1N1- A 型流感	命中率	23.1%	27.6%
	染病人數 命中率	32.7%	45.9%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2001 年	行政區		
71 型腸病毒	命中率	27.7%	30.2%
	染病人數 命中率	39.3%	47.4%

表 5-6 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_鄉鎮市規模

此外也將模型計算結果與真實流行病資料，以圖 5-7 及圖 5-8 著色的方式呈現並比較，其中未著色行政區代表於實際流行病資料中沒有感染人數，同時在染病風險值 (ERV) 也將這些行政區去除未著色。從圖 5-7、圖 5-8 可以看出計算結果與 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒的相關性，也就是相關係數檢定。同時本研究也可以由圖中計算結果的部分看出，位於北、中、南交通密集的行政區都有顯現出來，驗證本模型使用通勤旅運網路所計算的正確性。

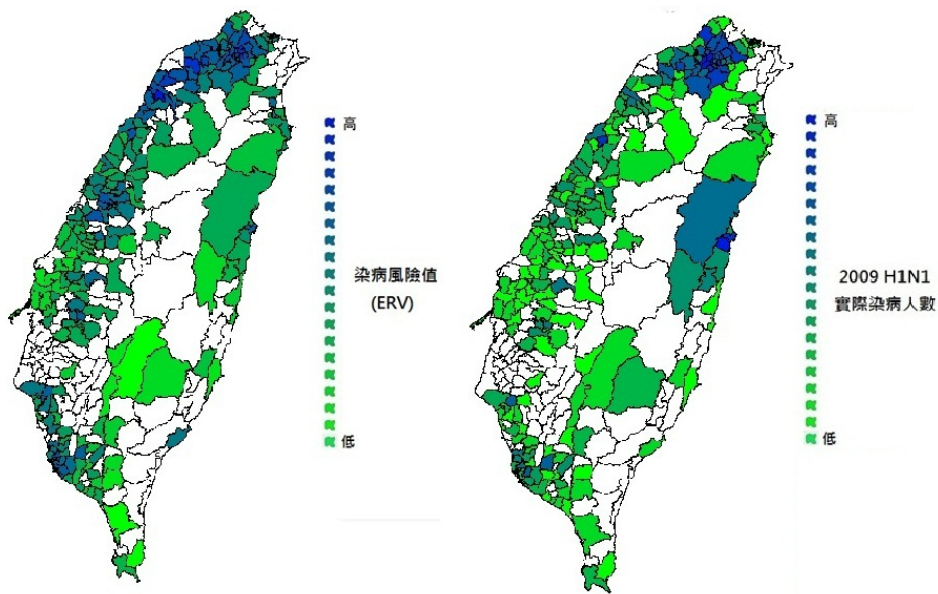


圖 5-7 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1 對照比較圖_鄉鎮市規模

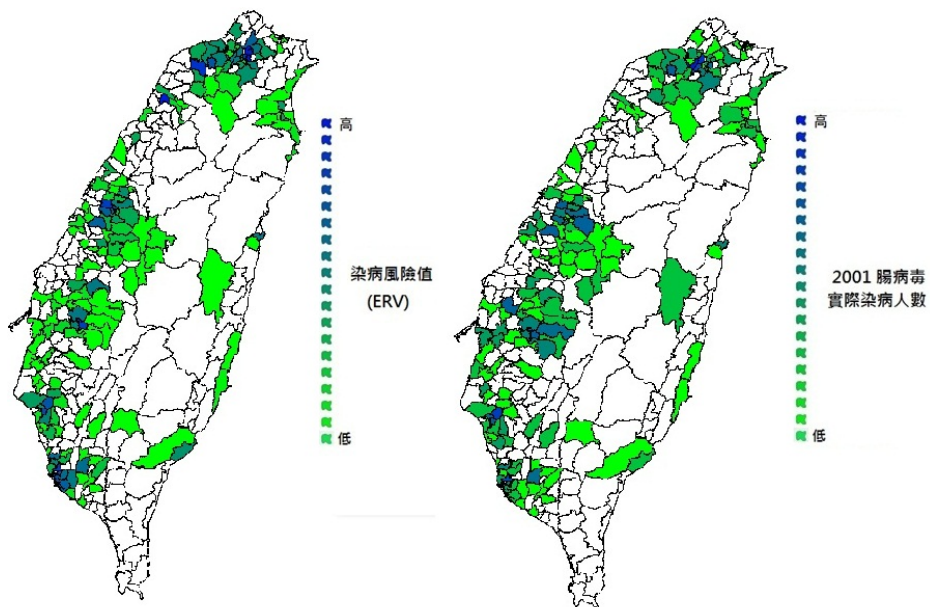


圖 5-8 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_鄉鎮市規模

5.2.1.2 縣市層級實驗結果

在縣市層級方面搜尋結果如表 5-7，先以 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒的參數短程網路權重 w_1 及台鐵網路權重 w_2 來看，本研究可以看出縣市之間病原體的傳播對於本研究模型所架構的短程通勤旅運網路以及台鐵旅運網路的仰賴皆有相當的比例。

而本模型在縣市層級搜尋出的旅運影響比例參數 d 以及日間影響比例參數

dayTime 和鄉鎮市規模的搜尋結果所發現的相去不遠，參數 d 驗證了通勤旅運人口對於縣市層級之間 H1N1-A 型流感與 71 型腸病毒的傳播影響以及藉由參數 dayTime 發現通勤人口於縣市層級的傳播也主要以圖 4-2(b)的方式為主。

行政區命中率及染病人數命中率方面如表 5-7 所列，在危險程度於前 17.5% 的組距內，本模型命中了四個中的一個，而在次危險的 32.5% 組距內總數七個的行政區，本模型計算的行政區命中率以及染病人數命中率驗證分別有 30% 及 50% 上下的命中率。

H1N1	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.997	0.962	1	0.996
計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值： 0.557				
71 型腸 病毒	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.992	0.982	1	0.971
計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值： 0.783				

表 5-7 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_縣市規模

本研究同樣也將縣市規模的模型計算結果與真實流行病資料，以圖 5-9 及圖 5-10 著色的方式呈現並比較。從圖 5-9 H1N1-A 型流感的實際病例圖本研究可以看出，由於花蓮縣感染人數較多因此具有較高的危險程度排序，這是與本模型計算結果產生的圖有些出入的地方，但是其餘地區整體來說還是能夠達到一定標準的危險程度預測。而在圖 5-10 方面則可以明顯看出本模型計算結果與 71 型腸病

毒的相關程度更高。

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年 H1N1- A 型流感	行政區		
	命中率	14.3%	27.3%
	染病人數		
	命中率	10.8%	42.3%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年 71 型腸病毒	行政區		
	命中率	14.3%	55.6%
	染病人數		
	命中率	18.2%	71.6%

表 5-8 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模

如表 5-7 所示，在縣市規模相關係數方面，本研究得到模型計算結果與 71 型腸病毒相關係數大於 H1N1-A 型流感相關係數的結論，產生了不同於本研究所預期的趨勢，因此本研究再藉由 5.2.1.3 節的通勤網路與流行病資料分析來檢視本研究的計算結果並提出合理的解釋。

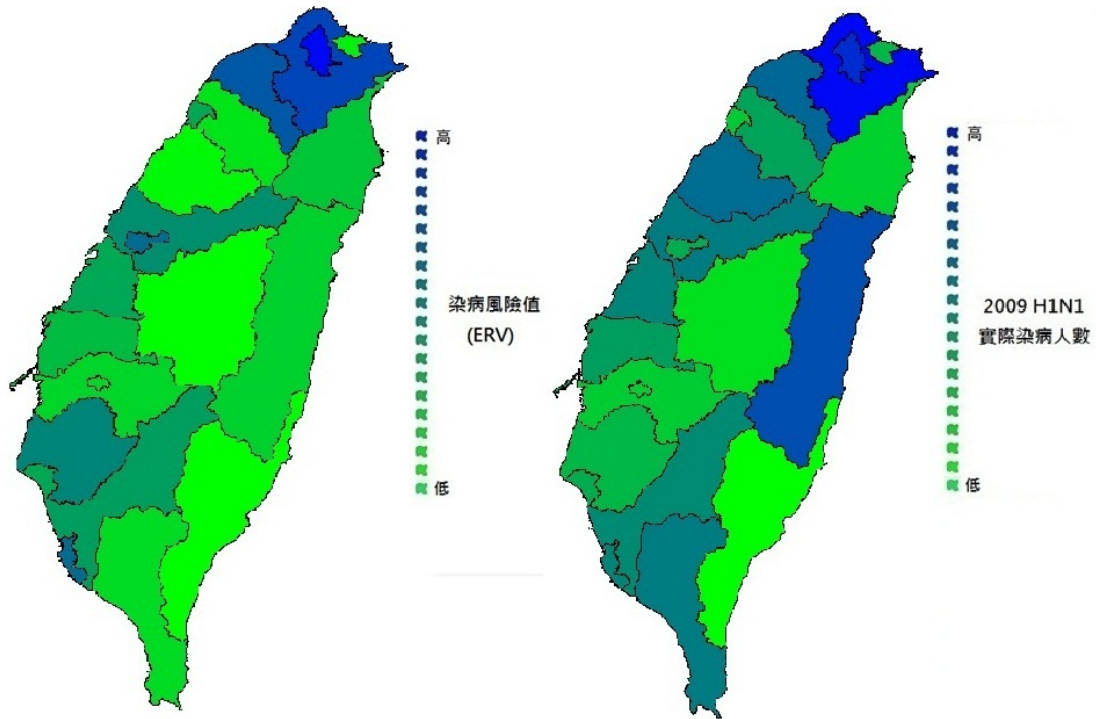


圖 5-9 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1 對照比較圖_縣市規模

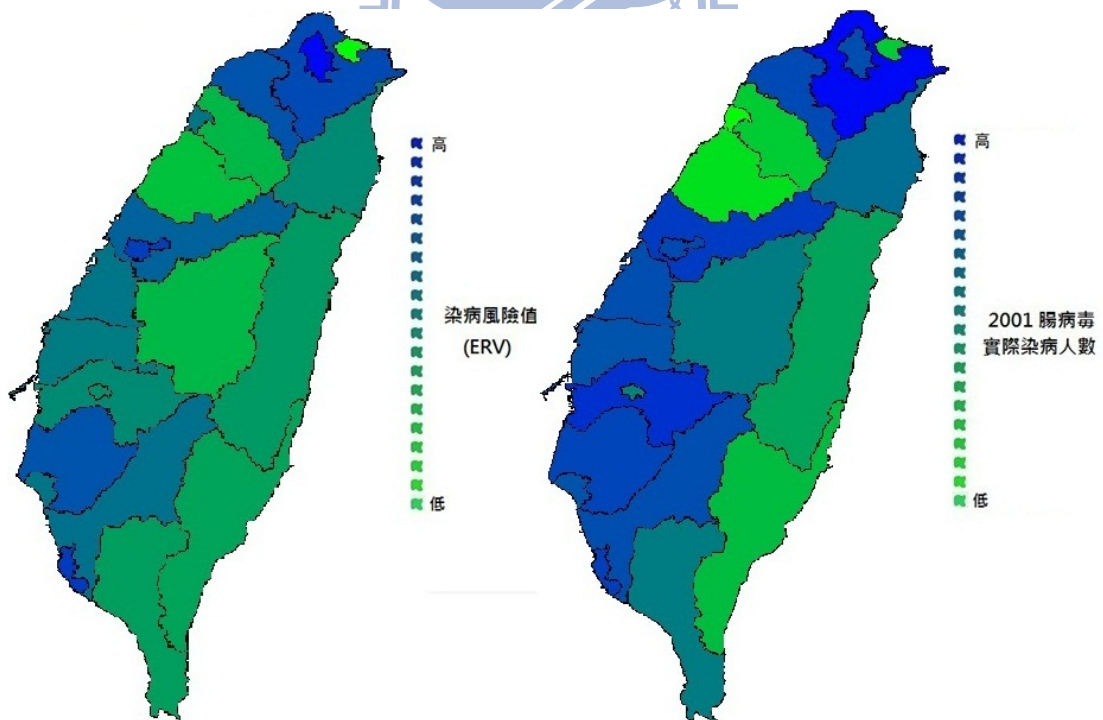


圖 5-10 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_縣市規模

5.2.1.3 總交通旅運網路與流行病資料分析

為了能夠更加了解模型所計算出來的結果，本研究回頭檢視總交通旅運網路的組成以及流行病的資料，以期對計算結果有更進一步的解釋。首先檢視的是總交通旅運網路的組成，由於本研究將計算規模分成 353 鄉鎮市以及 22 縣市兩種規模來計算各行政區風險程度以利中央及地方政府做出決策參考，因此除了原始得到的 353 鄉鎮市間通勤往來資料還必須依據 3.1 節方式合併為 22 縣市層級旅運網路以便縣市規模計算。本研究發現在由 353 鄉鎮市規模合併為 22 縣市規模時，網路之中通勤造成人口流動的特性可能被忽略。

以圖 5-11 為例，假設台北市只有大安、信義、中正三個行政區，並且圖中標明了各行政區人口數以及行政區間往返通勤人口數，若以 353 鄉鎮市規模來看便可清楚的觀察出行政區間通勤所造成的人口流動並記錄在本研究所使用的總交通旅運網路，但是若合併為縣市規模來看，由於縣市間往來通勤的人口數較少，若以縣市規模的總交通旅運網路計算各行政區風險時，所能觀察到行政區之間人口流動造成的病原體擴散現象則較少。

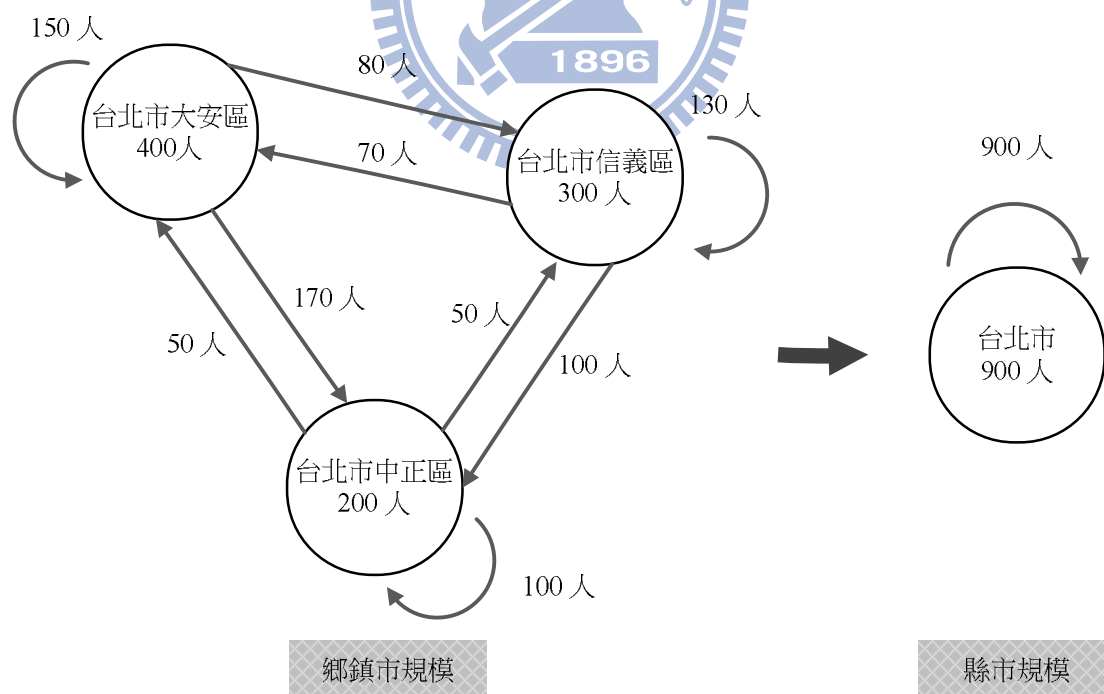


圖 5-11 鄉鎮市與縣市規模通勤網路結構轉換概念

在此為使網路保留通勤結構，本研究使用第二種縣市層級的計算方式—文中

稱為可縮放縣市層級，來補足原本經由合併後的縣市規模總交通旅運網路所忽略的通勤結構。由於鄉鎮市規模的總交通旅運網路含有較完整的行政區間通勤人口資料，因此可縮放縣市層級的計算方式為：在使用（4-5）式計算時，先採用鄉鎮市層級的通勤網路計算，最後達到迭代停止條件時，再把各行政區所得 ERV 值根據其所在縣市加總，產生各縣市的 ERV 值，如此即為可縮放縣市層級的計算方式。

為了驗證本研究所提鄉鎮市規模以及兩種縣市層級規模計算方式下，總交通旅運網路所保留的通勤結構特性，本文在此將三種規模計算方式所使用的總交通旅運網路，分別根據各行政區原地工作人數百分比與該行政區人口數做出獨立性檢定。若該規模所使用的總交通旅運網路各行政區原地工作人數百分比與該行政區當地人口數檢定結果為獨立，代表保留了完整的通勤特性；若不為獨立則代表通勤特性可能被忽略。以下分別以表 5-9 以及圖 5-12 來呈現本文所做的各規模獨立性檢定結果。



獨立性檢定	縣市/鄉鎮市人口數
原始縣市層級旅運網路 原地工作人口數	$p = 0.59$
可縮放縣市層級旅運網路 原地工作人口數	$p < 0.01$
鄉鎮市層級旅運網路 原地工作人口數	$p < 0.01$

表 5-9 通勤結構與各層級對照表

總交通旅運網路

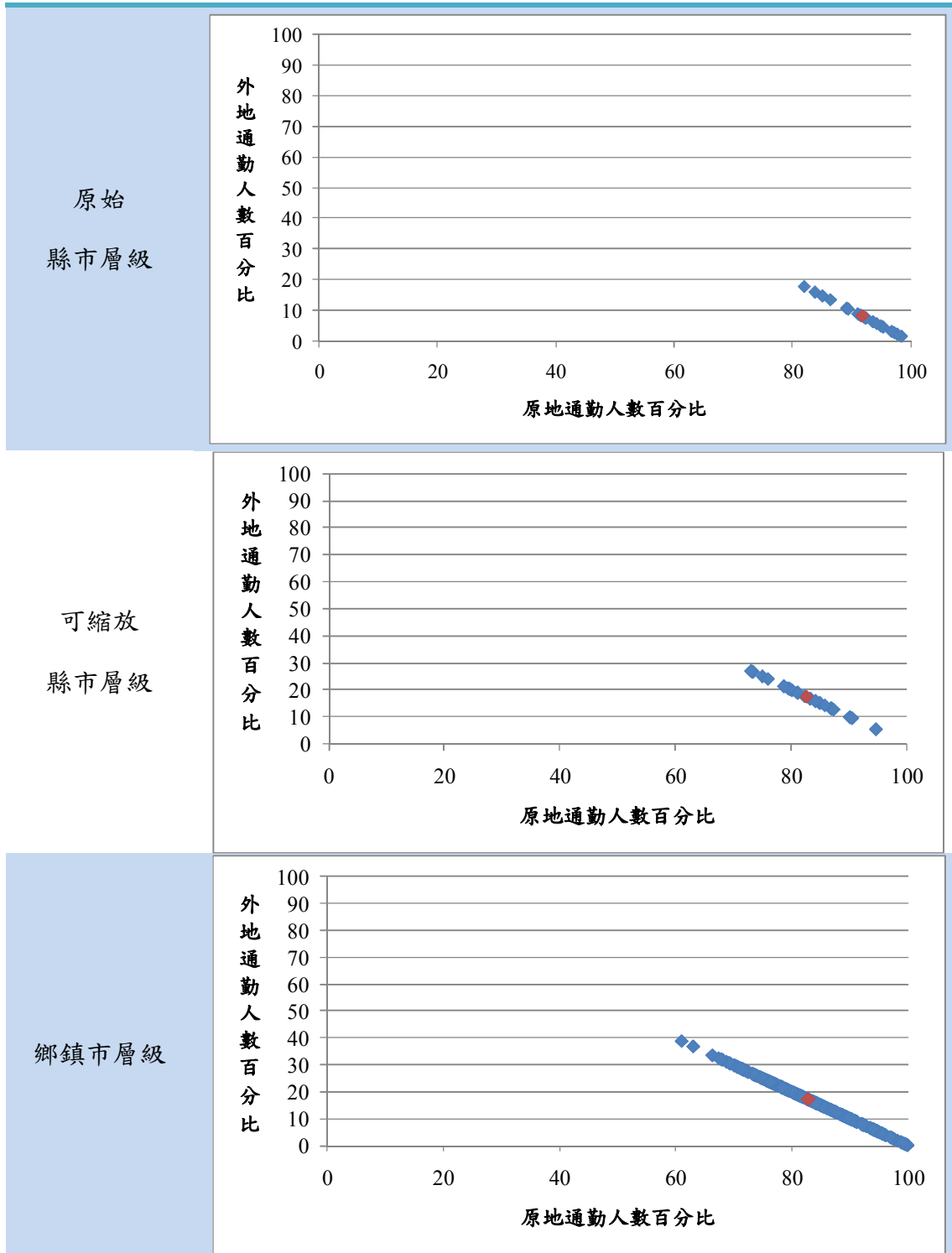


圖 5-12 通勤結構與各層級檢定圖表(藍點代表行政區的百分比,紅點為平均值)

在表 5-9 及圖 5-12 呈現的是本文將各層級旅運網路中，各行政區原地工作人數百分比與各行政區人口數所做的獨立性檢定以及各行政區外地、原地通勤人數百分比分佈圖。表 5-9 呈現出原始縣市層級的旅運網路中各行政區原地通勤人數與各行政區人口數的檢定不為獨立，搭配圖 5-12 來看意即所使用的旅運網路架構大多只包含了原地通勤的人口資料，忽略了不同行政區間通勤往來的人口流動。

同時藉由表 5-9 以及圖 5-12 本研究也可看出可縮放縣市層級與鄉鎮市層級的旅運網路與人口數檢定獨立，可縮放縣市層級不僅能夠保留住通勤結構，且通勤旅運網路中各行政區的原地通勤人數百分比分佈也佔有相當高的比例。而在鄉鎮市層級則可以更為完整的保留住不同行政區間通勤造成的人口流動特性，其中可縮放縣市層級在此進行檢定的方式為先採用鄉鎮市層級的通勤網路計算出各行政區原地通勤人數百分比後再把各行政區根據其所在縣市加總，如此即為可縮放縣市層級計算原地通勤人數方式。

在檢視過總交通旅運網路的組成後，接下來要檢視的是流行病資料的組成，基於表 5-1 中所陳列的幾點 H1N1-A 型流感與 71 型腸病毒特性，本研究想進一步了解在於不同層級下 H1N1-A 型流感與 71 型腸病毒與人口數分佈及人口密度的關係，因此底下本研究分別在鄉鎮市及縣市規模下，將 H1N1-A 型流感與 71 型腸病毒的各行政區染病人數排序與各行政區人口密度排序、人口數排序做相關性檢定。

圖 5-13 及 5-14 即為本研究所做檢定結果，如圖 5-13 本研究發現 H1N1-A 型流感的染病人數排序與鄉鎮市層級的人口密度呈現高度正相關 (0.919)，配合表 5-1 恰符合本研究推論 H1N1-A 型流感在人口密度高的地方經飛沫、接觸傳染的特性，在縣市層級時人口密度被稀釋，與 H1N1-A 型流感染應人數排序檢定無法顯現出 H1N1-A 型流感於高密度人口區傳染的特性。而在圖 5-14 人口數分佈方面，71 型腸病毒的染病人數排序與人口數檢定於縣市層級時成高度正相關 (0.84)，

而 H1N1-A 型流感染病人數排序與人口數檢定於各層級相關性皆沒有明顯的差別。有鑑於本小節所做分析，接下來將使用可縮放縣市層級觀察方式來進行實驗，接著以本節分析所得結論來解釋整體實驗結果。

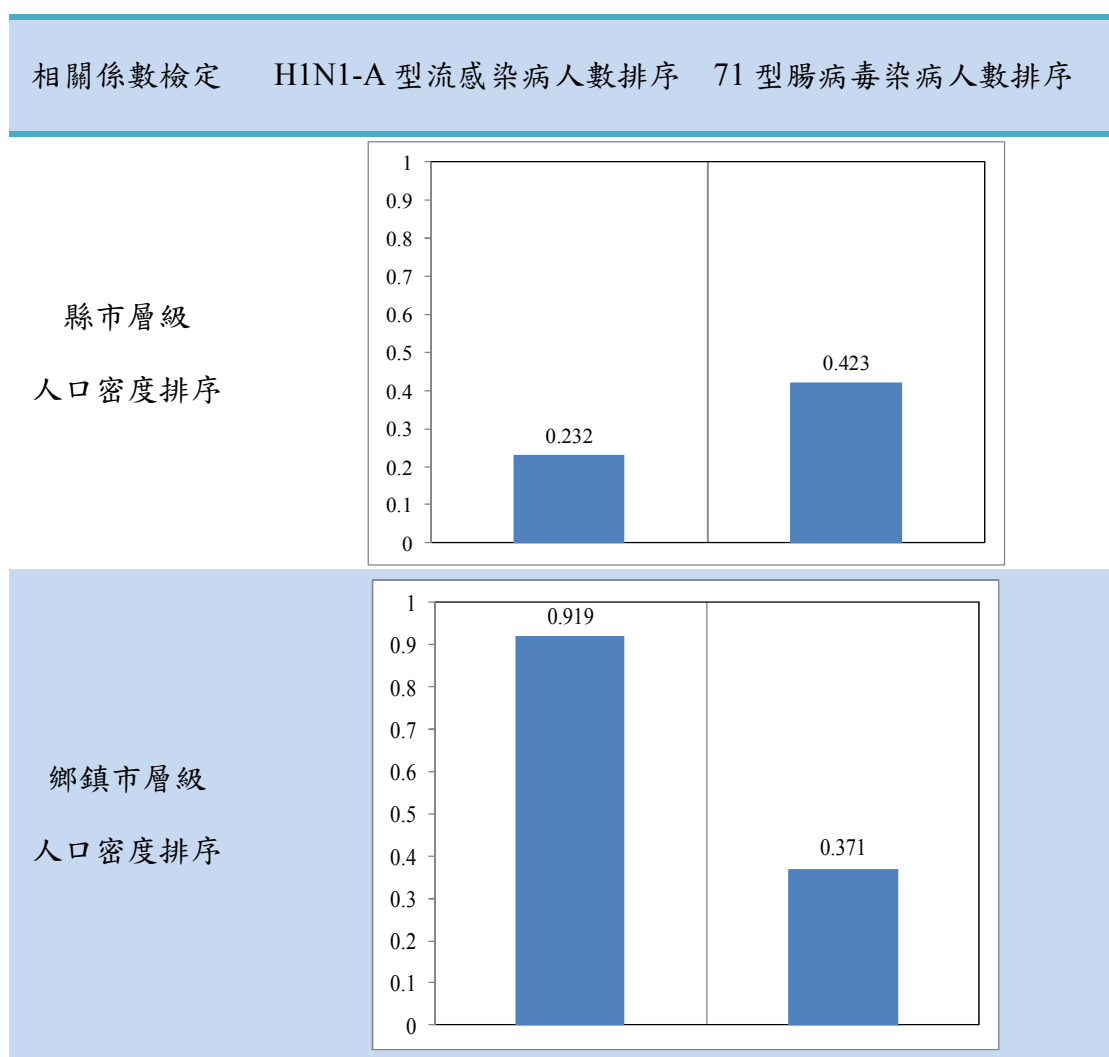


圖 5-13 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒各行政區染病人數與各行政區人口密度相關係數檢定

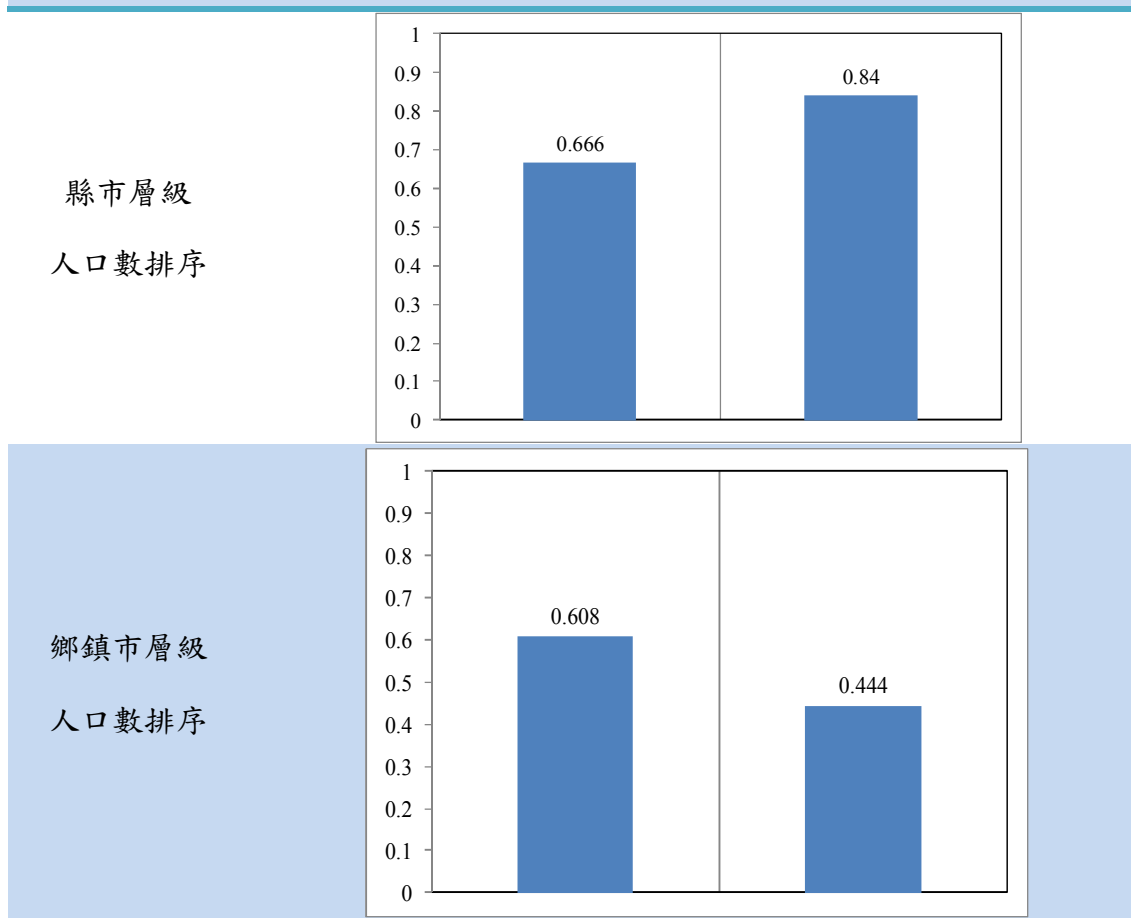


圖 5-14 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒於各行政區染病人數與各行政區人口數相關係數檢定

5.2.1.4 可縮放縣市層級實驗結果

依據本文在 5.2.1.3 節對於通勤架構與流行病資料所做的分析，本節將利用可縮放縣市層級的方式並搭配基因演算法進行搜尋，結果如表 5-10，以 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒的相關係數來看，本研究使用可縮放縣市層級進行實驗的成果相較於原始縣市層級能夠計算出更準確、相關係數更高的結果。

行政區命中率及染病人數命中率方面如表 5-11 所列，無論是危險程度於前 17.5%組距內的四個行政區，還是次危險的 32.5%組距內總數七個的行政區，本

模型計算的行政區命中率以及染病人數命中率驗證相較於原始縣市層級的預測命中率大部分都有提升。

對比前述的實驗結果，本研究同樣將可縮放縣市規模的模型計算結果與真實流行病資料，以圖 5-15 及圖 5-16 著色的方式呈現比較。從圖 5-15 可以明顯看出可縮放縣市規模的計算結果與圖 5-16 的不同，相較於原始縣市規模的計算方式更能夠顯現出西半部交通旅運發達的縣市所可能造成的染病風險程度，能夠與實際病例資料具有較高的相關性。

最後比較表 5-10 所得的可縮放縣市規模所搜尋出相關係數，得到模型計算結果與 71 型腸病毒相關係數大於 H1N1-A 型流感相關係數的結論，回顧本研究於 5.2.1.3 節所做的分析，可縮放縣市規模所使用的交通旅運網路不僅保留了通勤的特性結構也和人口數分佈具有相關，而 71 型腸病毒的真實病例在縣市層級與人口數分佈具有高度正相關 (0.84)。因此計算結果與 71 型腸病毒的相關性大於 H1N1-A 型流感，也符合本研究所做出的分析。

H1N1	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.919	0.8701	1	0.9961

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.634**

71 型腸 病毒	參數			
	旅運 影響比例	日間旅運 影響比例	短程 網路權重	台鐵 網路權重
搜尋結果	0.9932	0.999	1	0.697

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.783**

表 5-10 實驗二-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年			
H1N1- A 型流感	行政區		
	命中率	0%	55.6%
	染病人數		
	命中率	0%	65.1%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年			
71 型腸病毒	行政區		
	命中率	14.3%	40%
	染病人數		
	命中率	18.2%	58.7%

表 5-11 實驗二-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣市規模



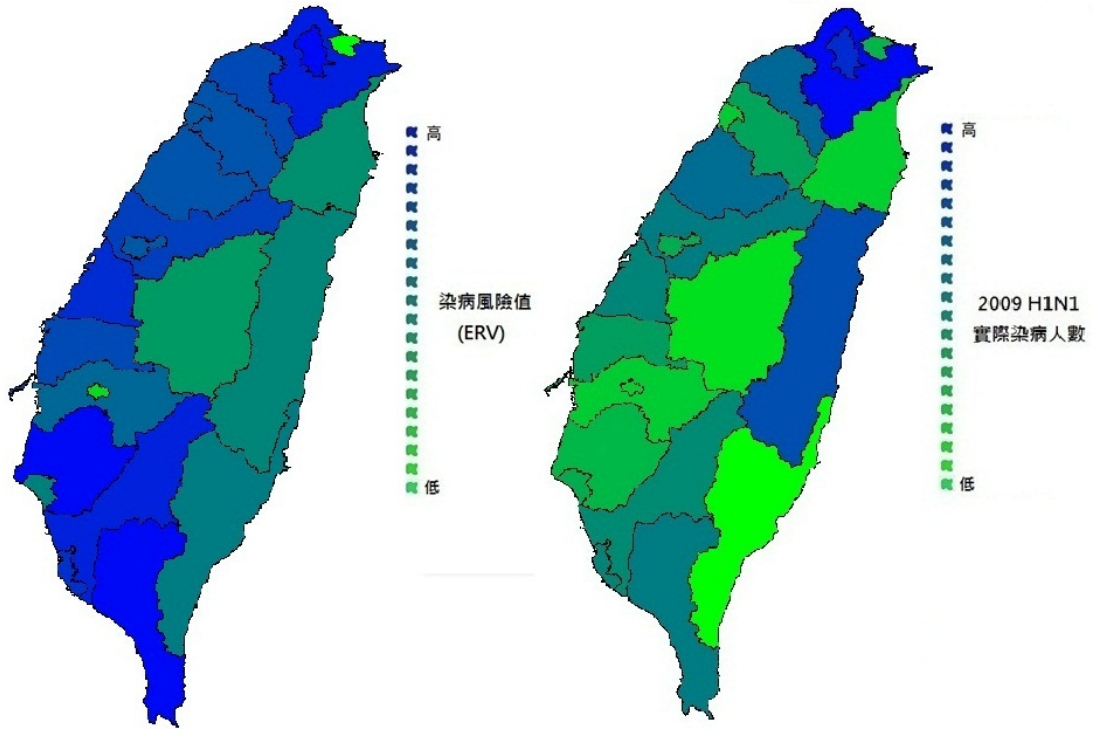


圖 5-15 實驗二- ERV 與 2009 年 H1N1-A 型流感對照比較圖_可縮放縣市規模

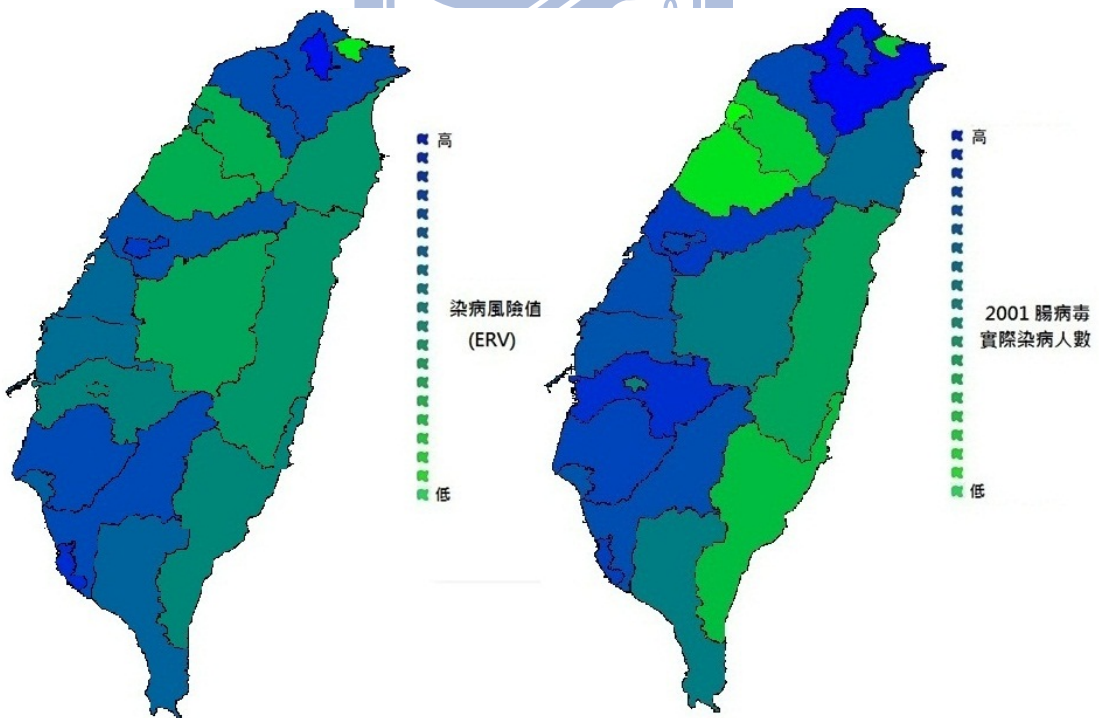


圖 5-16 實驗二- ERV 與 2001 年 71 型腸病毒對照比較圖_可縮放縣市規模

5.2.1.5 實驗二結果總結

最後本節將總結實驗二於各種地理規模所得相關係數檢定結果並且進行分析，圖 5-17 即為實驗二檢定結果總結比較。

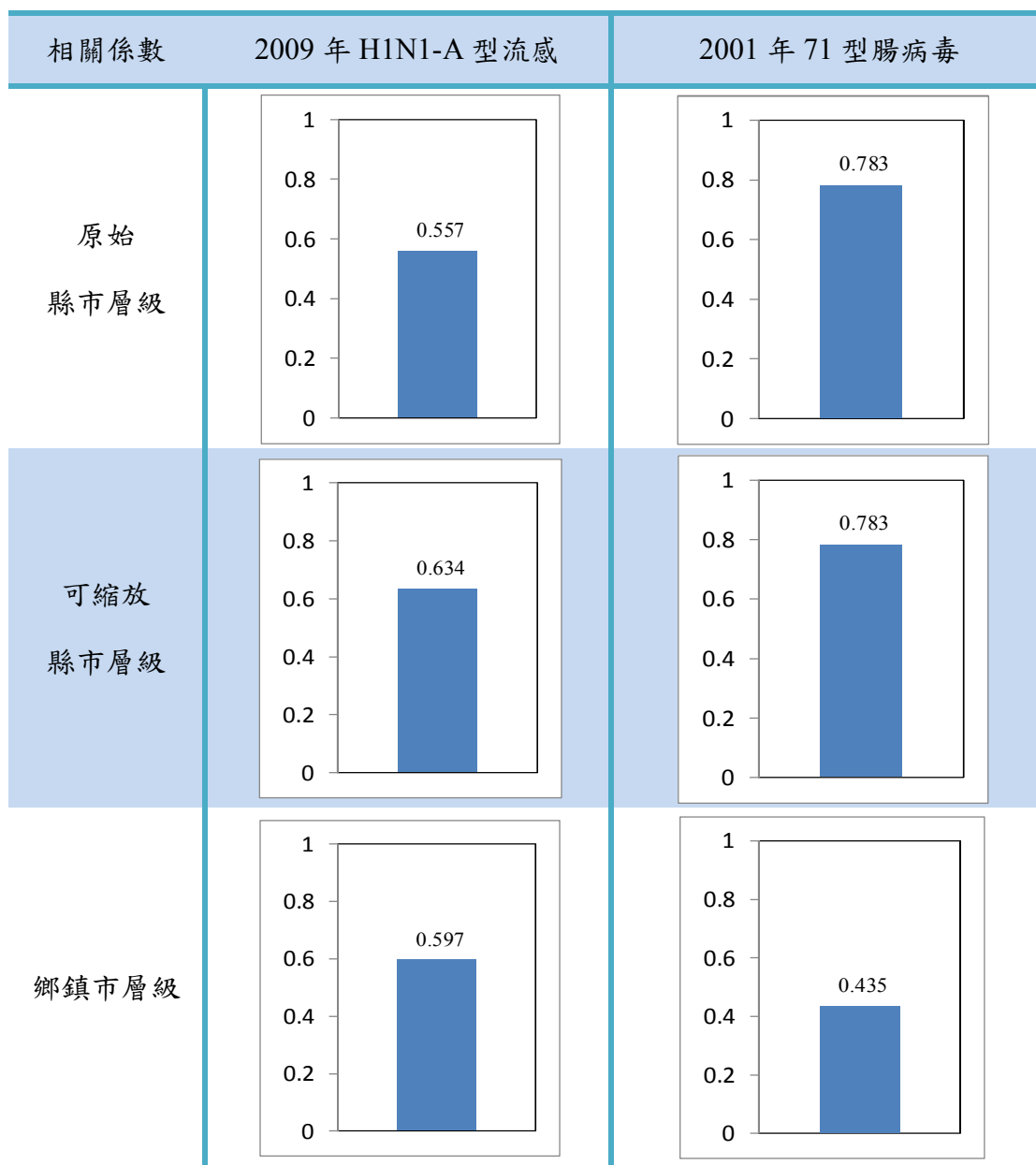


圖 5-17 實驗二相關係數結果比較

如同本文第一章所提及，為能使研究結果有價值可提供給衛生單位有用的參考資訊，在計算規模方面採取 22 縣市及 353 鄉鎮市兩種完整的地理尺度層級提供中央及地方政府參考。在鄉鎮市的層級方面，本研究得到了計算結果與 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值大於 71 型腸病毒的實驗結果，這項結果也完全符合本研究期望。因為本研究將觀察網路遞移性的方法以病原體的傳播為案例研究來呈現，模型中採用交通旅運資料建構網路並以經由飛沫、接觸傳染等受到交通影響傳播的 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒來驗證模型正確性，而如同本文 5.1.1 節所述 H1N1-A 型流感與通勤人口的相關性理應大過 71 型腸病毒與通勤人口的關係，所以在本研究以通勤因素計算病原體的傳播方式，得到 H1N1-A 型流感相關係數大於 71 型腸病毒也為本研究所預期結果。

接著在原始縣市層級方面，本研究得到了不符合期望的結果，也就是計算結果與 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值小於 71 型腸病毒，因此做出本文 5.2.1.3 節對於交通旅運網路結構與流行病資料的分析，發現本研究所使用的交通旅運網路結構在縣市層級時未保留住完整的通勤特性，也發現 71 型腸病毒與人口數分佈呈現高度相關。因此才會得到計算結果與 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值小於 71 型腸病毒的實驗結果。因此本研究發展出可縮放縣市層級的計算方式，雖然可縮放縣市層級所使用交通旅運網路也和人口數分佈具有相關，但其也能保留通勤的特性結構。因此也能夠有效的提升本研究於縣市層級的計算結果與 H1N1-A 型流感的相關性。

5.2.2 實驗三：使用短程網路為架構搭配總交通網路搜尋解集合

在實驗二中，本研究加入基因演算法搜尋最佳參數解，並藉由對於旅運網路及流行病病例資料的分析發展出可縮放縣市層級的計算方式能夠觀察鄉鎮市層級以及縣市層級的危險程度變化。在本實驗三中，將承襲實驗二設定使用短程網路為主體架構並加入台鐵、高鐵、航空網路構成更完整的旅運網路來進行實驗，此實驗根據表 5-12 設定參數以及地理尺度等規模來進行。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	由 0~1 分佈 使用基因演算法搜尋					
規模：	原始 22 縣市 可縮放 22 縣市 353 鄉鎮市		流行病： 2009 年 H1N1-A 型流感 2001 年 71 型腸病毒			

表 5-12 實驗三基因演算法搜尋參數

在此實驗中設定短程網路權重為百分之百，以短程網路為基本架構搭配台鐵、高鐵、航空網路來進行實驗，設定計算規模為前述實驗所使用的原始縣市規模、可縮放縣市規模及鄉鎮市規模進行運算。使用的流行病年度資料同樣採用 2009 年 H1N1-A 型流感以及 2001 年 71 型腸病毒，同時本實驗將以鄉鎮市規模、原始縣市規模、可縮放縣市規模為順序依序呈現參數及解搜尋結果。

5.2.2.1 鄉鎮市層級實驗結果

在鄉鎮市層級方面的實驗搜尋結果如表 5-13，在加入了高鐵網路與航空網路之後，由於此兩項網路所帶有的人口流動資料遠小於短程通勤與台鐵網路的內容，因此在結果方面相較於實驗二並沒有明顯差別。而在 H1N1-A 型流感對於 71 型腸病毒的相關係數比較，則是保持本研究利用交通旅運建構網路所假設的方向，計算結果與 H1N1-A 型流感的相關性大於 71 型腸病毒，行政區及染病人數命中率則如表 5-14 所列。

此外在前述實驗所利用模型計算結果與真實流行病資料以著色方式呈現的圖形，由於在此實驗結果在加入影響網路流量較小的高鐵網路與航空網路之後並未有明顯改變，在此選擇並不加以呈現。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.995	0.953	1	0.952	0.245	0.646

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.598**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.998	0.98	1	0.305	0.211	0.548

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.435**

表 5-13 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2009 年			
H1N1-A 型流感	行政區	25%	25.4%
	染病人數	34.3%	42.9%
	命中率		
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2001 年			
71 型腸病毒	行政區	22.45%	27.3%
	染病人數	34.96%	44.4%
	命中率		

表 5-14 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_鄉鎮市規

5.2.2.2 原始縣市層級實驗結果

在原始縣市層級方面搜尋結果如表 5-15，同樣的高鐵網路與航空網路的加入，相較於實驗二的結果並未有明顯的差異，而 H1N1-A 型流感與 71 型腸病毒的相關係數檢定值比較方面，如同 5.2.1.3 節所做分析原始縣市層級的旅運網路中各行政區原地通勤人數與各行政區人口數的檢定不為獨立，所使用的旅運網路架構主要包含原地通勤的人口流動資料，因此而忽略了不同行政區間通勤往來的人口流動。以至於在原始縣市層級使用的旅運網路中包含了錯誤的資訊導致計算結果與 71 型腸病毒的相關性大於 H1N1-A 型流感，在此原始縣市層級實驗檢定結果比較與實驗二相差不大，而行政區及染病人數命中率則如表 5-16 所列。在此實驗結果中，同樣於前述實驗以著色方式呈現的圖形，在此實驗結果並未有明顯改變，所以並未呈現。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.992	0.884	1	0.99	0.599	0.638

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.555**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.996	0.995	1	0.996	0.329	0.734

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.783**

表 5-15 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年	行政區		
H1N1- A 型流感	命中率	14.3%	27.3%
	染病人數		
	命中率	10.8%	42.3%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年	行政區		
71 型腸病毒	命中率	14.3%	55.6%
	染病人數		
	命中率	18.2%	71.6%

表 5-16 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模

5.2.2.3 可縮放縣市層級實驗結果

由於本研究於 5.2.1.3 節對於通勤架構與流行病資料的分析，為了能保留完整通勤旅運帶來的人口流動計算各行政區重要性，因此發展出可縮放縣市層級的方式並搭配基因演算法進行搜尋。在此實驗三加入了高鐵網路與航空網路，基因演算法搜尋結果如表 5-17，比較 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒的相關係數檢定值，因高鐵網路與航空網路包含人口流動資料遠低於短程及台鐵網路資料，因此實驗結果相較於實驗二同樣並未有顯著差異。行政區命中率及染病人數命中率方面如表 5-18 所列，H1N1-A 型流感所呈現出來的命中率在使用了更為完整的通勤網路架構後，則是有所提升，顯示在預估行政區命中率及染病人數命中率方面，更為完整的網路架構能夠帶來較佳的結果。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.91	0.85	1	0.883	0.999	0.735

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.654**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.972	0.996	1	0.866	0.234	0.561

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.734**

表 5-17 實驗三-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年 H1N1 -A 型流感	行政區		
	命中率	14.3%	75%
	染病人數		
	命中率	27.5%	84.5.1%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年 71 型腸病毒	行政區		
	命中率	14.3%	40%
	染病人數		
	命中率	18.2%	56.8%

表 5-18 實驗三-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣

市規模

5.2.3 實驗四：使用長程交通網路搜尋解集合

在本實驗將使用高鐵與航空兩種長程交通旅運網路構成底層網路架構，針對長程交通旅運網路對於流行病的影響進行分析與實驗，在本實驗中將根據表 5-19 設定模型參數以及地理尺度規模來進行實驗。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	由 0~1 分佈 使用基因 演算法搜尋		0	0	由 0~1 分佈 使用基因 演算法搜尋	
規模：	原始 22 縣市 可縮放 22 縣市 353 鄉鎮市		流行病： 2009 年 H1N1-A 型流感 2001 年 71 型腸病毒			

表 5-19 實驗三基因演算法搜尋參數

此實驗設定代表中短程旅運網路的短程網路權重以及台鐵網路權重為 0，計算規模則沿用實驗二與實驗三的原則縣市規模、可縮放縣市規模及鄉鎮市規模進行模型運算。而在流行病資料方面則採用 2009 年 H1N1-A 型流感以及 2001 年 71 型腸病毒做比較，配合上述三種規模本實驗底下將以鄉鎮市規模、原始縣市規模、可縮放縣市規模為順序來描述經基因演算法所搜尋參數及解結果。

5.2.3.1 鄉鎮市層級實驗結果

在鄉鎮市層級方面的實驗搜尋結果如表 5-20，在使用只包含高鐵於航空的總交通旅運網路架構下，H1N1-A 型流感對於 71 型腸病毒的相關係數大小比較則是和實驗二與實驗三所預期的結果相同並沒有太大差別，都得到 H1N1-A 型流感的相關性大於 71 型腸病毒的計算結果，表 5-21 則為行政區及染病人數命中率。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.03	0.72	0	0	0.019	0.93

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.53**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.954	0.913	0	0	0.287	0.319

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.338**

表 5-20 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2009 年			
H1N1- A 型流感	行政區	45.5%	22.3%
	命中率		
	染病人數	64.2%	38.7%
	命中率		
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 40 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 74 個)
2001 年			
71 型腸病毒	行政區	27.7%	17.9%
	命中率		
	染病人數	42.9%	30.8%
	命中率		

表 5-21 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒
命中率_鄉鎮市規模

5.2.3.2 原始縣市層級實驗結果

原始縣市層級方面搜尋結果如表 5-22，在計算結果與 H1N1-A 型流感的檢定值方面則小於計算結果與腸病毒的相關係數，符合本文於 5.2.1.3 節對於原始縣市層級旅運網路無法完整保留各行政區間人口流動資料的分析，在忽略不同行政區間通勤人口流動的情形下，造成在原始縣市層級使用的旅運網路中資訊的不完整使計算結果與 71 型腸病毒的相關性大於 H1N1-A 型流感，而行政區及染病人數命中率則如表 5-23 所列。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.08	0.87	0	0	0.07	0.611

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.52**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.91	0.72	0	0	0.672	0.963

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.553**

表 5-22 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年	行政區		
H1N1- A 型流感	命中率	60%	16.7%
	染病人數		
	命中率	84.7%	28.7%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年	行政區		
71 型腸病毒	命中率	33.3%	27.3%
	染病人數		
	命中率	58%	42.6%

表 5-23 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_縣市規模

5.2.3.3 可縮放縣市層級實驗結果

同樣在此實驗中，利用可縮放縣市層級來彌補對於原始縣市層級所無法保留的完整通勤旅運人口流動資料，計算出各縣市的重要性，其中基因演算法搜尋結果如表 5-24，結果與實驗二、實驗三並無明顯差異。行政區命中率級染病人數命中率方面則如表 5-25 所列，相較於實驗二與實驗三，使用遠程旅運網路對於腸病毒的命中率則有顯著提升。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.696	0.757	0	0	0.02	0.37

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.655**

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.76	0.98	0	0	0.725	0.869

計算結果與 2001 年 71 型腸病毒相關係數檢定值：**0.75**

表 5-24 實驗四-基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模

		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2009 年 H1N1 -A 型流感	行政區		
	命中率	33.3%	27.3%
	染病人數		
	命中率	73.9%	42.3%
		危險程度前 17.5%行政區 (總數 4 個)	危險程度次 32.5%行政區 (總數 7 個)
2001 年 71 型腸病毒	行政區		
	命中率	33.3%	40%
	染病人數		
	命中率	58%	58.7%

表 5-25 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感與 2001 年 71 型腸病毒命中率_可縮放縣

市規模

5.2.4 實驗五：使用總交通旅運網路搜尋解集合

在本實驗將簡單的描述採完整交通旅運網路並且未以短程旅運網路為主體架構後所搜尋出各層級與真實病例資料產生最佳相關係數檢定的最佳解，並且做結果總結的討論。因此本實驗以描述所搜尋到的最佳解以及案例研究的比較為主，不多加贅述其餘部分，並對本模型結果再進行驗證，底下將根據三種不同的計算層級依序進行呈現及分析。實驗以表 5-26 的方式來進行研究設定，並將本實驗所有層級搜尋出的參數分佈及最佳相關係數檢定解結果呈現於表 5-27。

設定	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	由 0~1 分佈 使用基因演算法搜尋					
規模：	原始 22 縣市 可縮放 22 縣市 353 鄉鎮市	流行病：	2009 年 H1N1-A 型流感 2001 年 71 型腸病毒			

表 5-26 實驗五基因演算法搜尋參數

本實驗網路架構中除了加入了航空網路、高鐵網路來對於病原體的傳染擴散進行模擬計算，也將短程旅運網路設定為使用基因演算法搜尋，經由表 5-27 可以很明顯的發現各個層級的計算結果與傳染病的相關係數檢定值都有明顯的提升，經由更為完整的交通旅運網路也能夠進一步證實本模型的方法正確性。

圖 5-18 為各層級相關係數結果比較圖表，在鄉鎮市層級的結果方面，如同前述實驗結果所預期得到了計算結果與 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值大於 71 型腸病毒的實驗結果，同時對於與本模型使用通勤資料相關程度較大的 H1N1-A 型流感則得到更佳的相关係數檢定值。在原始縣市層級方面，由於使用的交通旅運網路架構無法保留住完整的通勤特性而與行政區人口數分佈相關，所

以得到了計算結果與 H1N1-A 型流感的相關係數檢定值小於 71 型腸病毒不符預期的實驗結果。

另外經由檢視可縮放縣市層級的實驗結果，本研究發現了 H1N1-A 型流感的相關係數大於 71 型腸病毒檢定值的預期結果，顯示本研究所發展出的可縮放縣市層級計算方式能夠保留通勤結構，計算結果符合驗證可反映真實情況。

此外以鄉鎮市規模的 H1N1-A 型流感為例，經由基因演算法和實際資料做驗證後所得參數，本研究可以得到一張網絡其計算出來的各行政區危險程度最能夠搭配真實 H1N1-A 型流感實際染病人數排序。其背後的意義在於，將這些搜尋出來的各種長短程旅運網路參數乘上相對應旅運網路後所獲得的旅運網路，不僅可以換算各種網路於傳染時所佔的百分比比重，也能夠細看行政區之間傳染的機率為何。以圖 5-18 為例，本研究將短程網路比例參數 w_1 、台鐵網路比例參數 w_2 、高鐵網路比例參數 w_3 、航空網路比例參數 w_4 分別設定為 0.006、0.15、0.21、0.95 並乘上各自網路比例得出行政區間人口流動量後再綜合為總交通旅運網路取出台北市兩個分區做對比，以圖中資訊來說將每個個別的旅運網路除以總交通旅運網路即能夠獲得各個旅運網路於此流行病傳染時所佔有的影響比重，藉由行政區間所換算出來的人口流動資料也可換算行政區間互相流動傳播的比例。

	2009 年 H1N1-A 型流感						2001 年 71 型腸病毒					
原始 縣市 層級	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
	0.87	0.96	0.04	0.98	0.48	0.35	0.69	0.98	0.05	0.32	0.9	0.01
	相關係數檢定值： 0.72						相關係數檢定值： 0.82					
可縮 放 縣市 層級	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
	0.9	0.65	0.01	0.56	0.69	0.58	0.96	0.95	0.12	0.72	0.46	0.7
	相關係數檢定值： 0.8						相關係數檢定值： 0.73					
鄉鎮 市 層級	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響 比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
	0.98	0.95	0.006	0.15	0.21	0.95	0.99	0.99	0.07	0.02	0.83	0.48
	相關係數檢定值： 0.62						相關係數檢定值： 0.436					

表 5-27 實驗五完整實驗結果

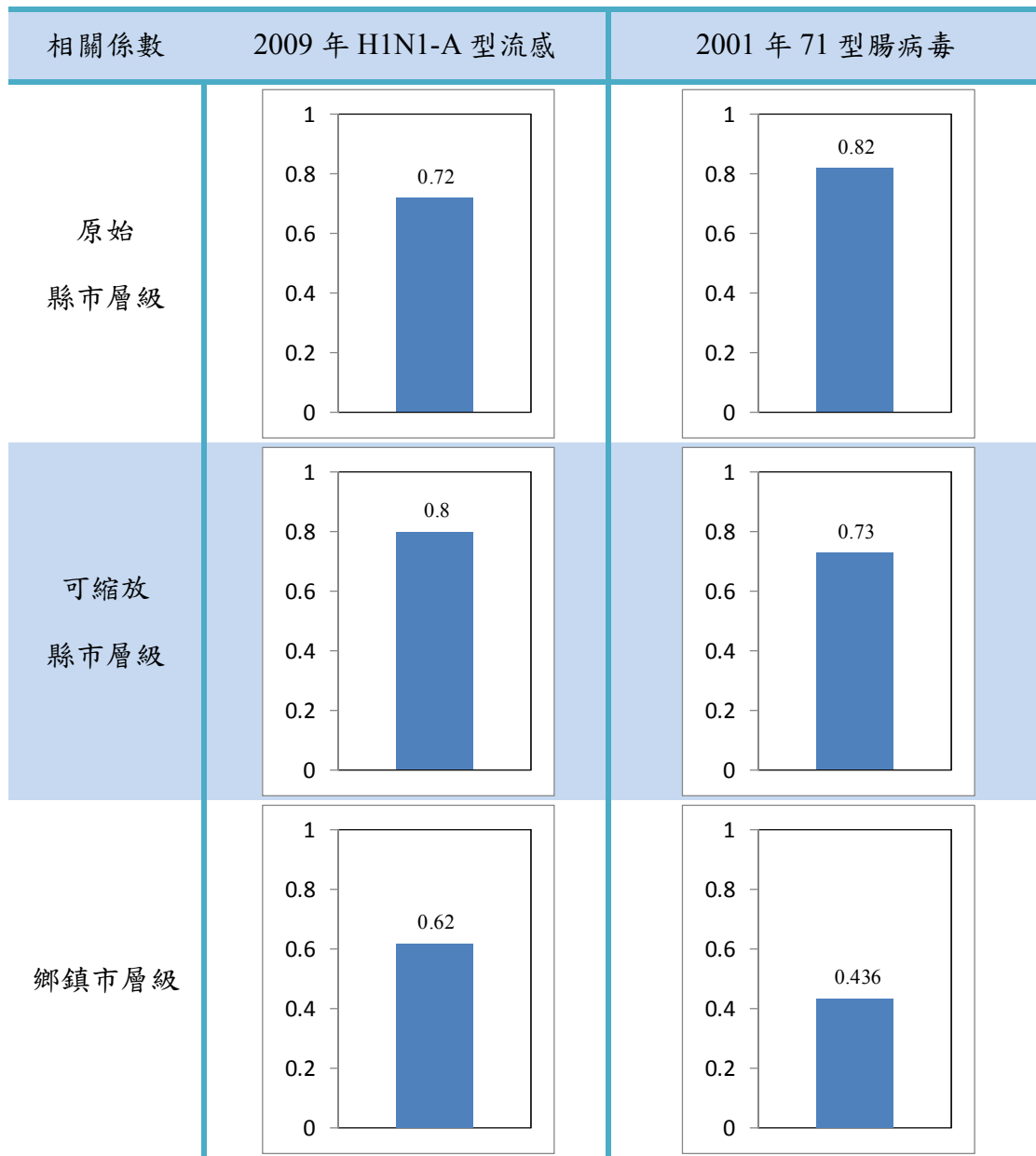


圖 5-18 實驗五相關係數結果比較

短程 旅運網路	台北市 大安區	台北市 萬華區	高鐵 旅運網路	台北市 大安區	台北市 萬華區
台北市 大安區	1476.6	5.9	台北市 大安區	0	0.09
台北市 萬華區	25.8	908.2	台北市 萬華區	0.09	0
台鐵 旅運網路	台北市 大安區	台北市 萬華區	航空 旅運網路	台北市 大安區	台北市 萬華區
台北市 大安區	10	6.4	台北市 大安區	0	0
台北市 萬華區	15.3	9.9	台北市 萬華區	0	0



總交通 旅運網路	台北市 大安區	台北市 萬華區
台北市 大安區	1486.6	12.39
台北市 萬華區	41.19	918.1

圖 5-19 加乘旅運網路概念圖

5.2.5 實驗總結

在實驗一本研究進行了敏感度分析，在 5.1.1 節分析各種底層旅運網路組合變化對於模型計算結果改變的同時也對模型的方法正確性做出初步驗證，並且於 5.1.2 節藉敏感度分析實驗結果決定接下來何種旅運網路組合該使用基因演算法進行搜尋比較的實驗。

在實驗二至實驗四則是進一步使用基因演算法搜尋何種參數組合下所得的模型計算結果，與真實流行病病例資料會產生最佳相關係數檢定解，實驗中分別比較了當計算的地理規模尺度在縣市層級及鄉鎮市層級時，模型計算結果與 H1N1-A 型流感的相關性是否大於 71 型腸病毒藉此對模型方法正確性做為進一步驗證，並且於 5.2.1.3 節將計算地理規模尺度擴充至可縮放縣市層級、原始縣市層級、鄉鎮市層級。因此在實驗二至實驗四中主要著重在三種地理規模尺度下，模型計算結果與 H1N1-A 型流感及 71 型腸病毒的相關係數比較，還有所搜尋出來的染病人數及行政區命中率，來驗證模型正確性。

在實驗五中，本研究則是放寬對所有模型中的參數限制，搜尋本模型方法所能找到最符合真實流行病病例情況的參數解並做進一步討論。而在本章節將把實驗二至實驗五所有地裡尺度下對於 H1N1-A 型流感所搜尋出相關係數值拿出來做進一步歸納討論，如圖 5-20，將實驗二至實驗五共四種總交通旅運網路組合的實驗中所有計算層級下與 H1N1-A 型流感的相關係數皆取出比較。

首先呼應 5.1.2 節以圖 5-21 從中短程交通旅運網路以及長程交通旅運網路的觀點下去分析，本研究發現無論在何種計算層級下，總交通網路 1 與總交通網路 2 在檢定值方面並沒有明顯的差異，換句話說在總交通網路 1 加入長程交通旅運網路構成總交通網路 2 之後，對於流行病的特徵捕捉並沒有明顯的提升準確性；再者以只含中短程旅運資料的總交通網路 1 以及只含長程旅運資料的總交通網路 3 來比較，除了在可縮放縣市規模能夠做出相同的檢定值外，在鄉鎮市規模及原始縣市規模長程交通旅運網路皆無法較中短程交通旅運網路模擬出更貼近真

實流行病傳播的結果，藉由檢視比較各實驗結果也讓本研究發現構成台灣主要交通運輸的短程通勤網路及台鐵網路對於飛沫傳染的流行病傳染進程影響力大於高鐵網路與航空網路。

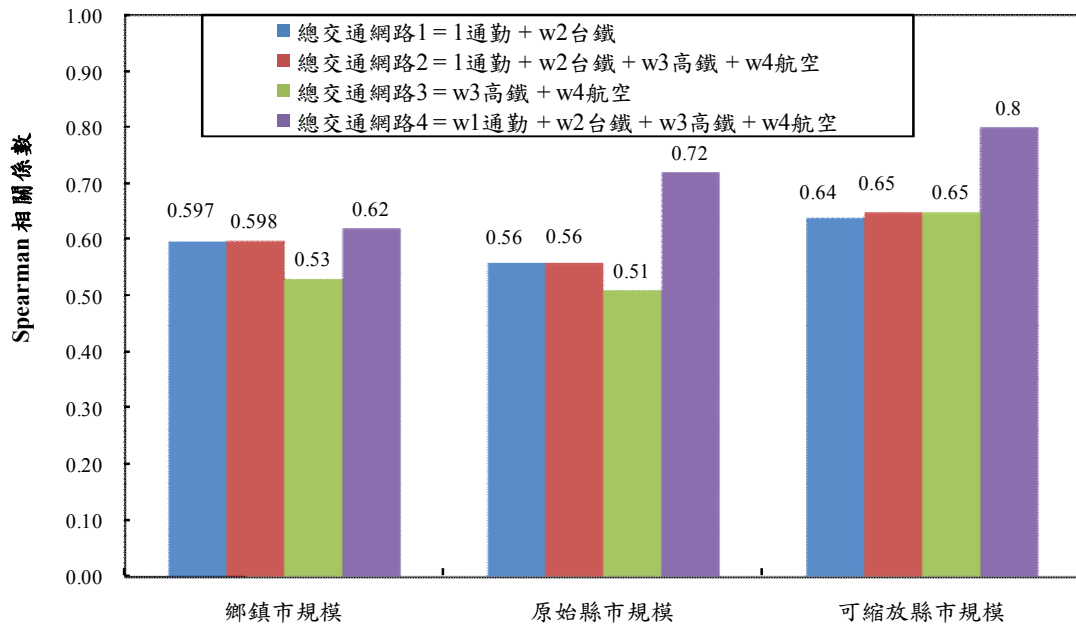


圖 5-20 各交通旅運網路組合於各模型計算層級實驗結果圖

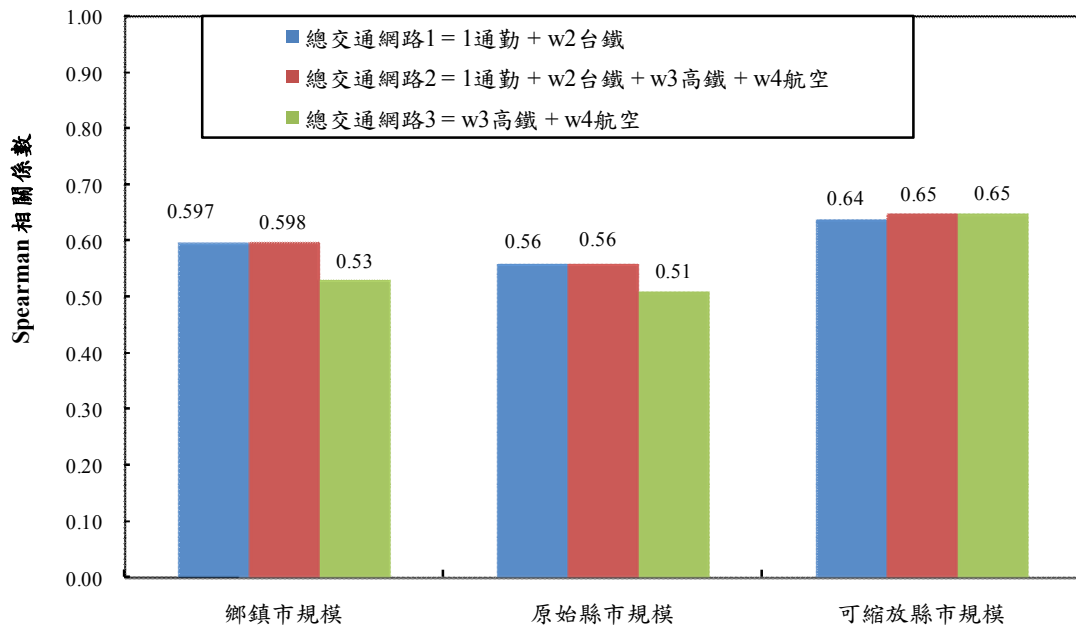


圖 5-21 比較中短程交通旅運與長程交通旅運實驗結果圖

另外若以圖 5-22 比較原始縣市規模以及可縮放縣市規模的觀點來看，無論在何種總交通網路的組合比較下，使用可縮放縣市規模所取得的相關係數檢定值皆優於原始縣市規模。其背後的意義在於，原始縣市規模與可縮放縣市規模使用的總交通旅運網路人口流量相同，同樣也為計算縣市規模的行政區危險程度，但以總交通旅運架構來說，原始縣市規模使用的是 22x22 大小的網路架構，反映的是縣市間的人口流動，可縮放縣市規模使用的是 353x353 大小的網路架構，反映的是鄉鎮間較為細膩的人口流動資料。由此本研究發現掌握鄉鎮之間的人口流動相較於縣市之間的人口流動更可以捕捉到 H1N1-A 型流感傳染特性，得到與現實流行病資料較為相符的計算結果，而鄉鎮間的人口流動反映的也是中短程的交通網路造成的人口流動，同時呼應圖 5-21 所提結論。

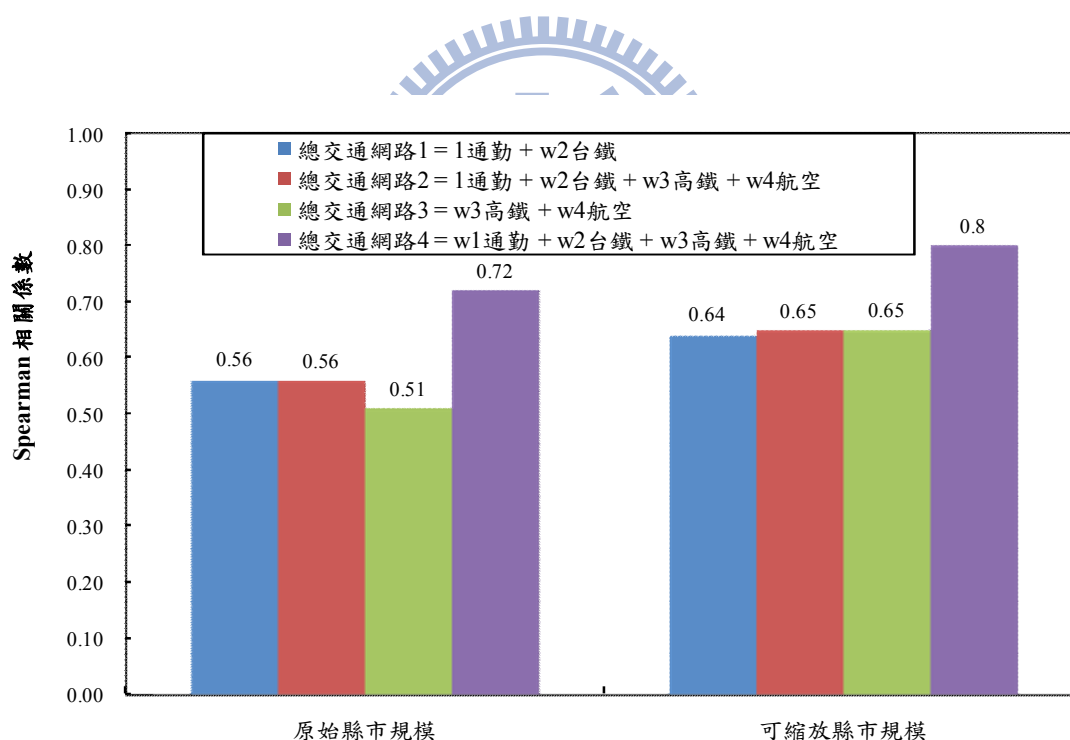


圖 5-22 比較地理尺度實驗結果圖

此外如本文 4.2.1 節所述，在計算結果的驗證方法中是將模型所計算出各行政區的染病風險程度排序數列與真實流行病資料經染病人數與染病週別所排序

的數列，兩數列做斯皮爾曼相關係數來進行驗證。在流行病的傳播方面，藉由觀察一行政區的染病人數與週別資料，能夠提供如病床數、口罩數、疫苗數等醫療資源配置的探討面相，定義出各行政區的危險程度。但是如果再將各行政區染病人數除上該地人口數來定義各行政區的危險程度，相較於本研究做法則是從一行政區的病原體接觸率面相來探討該行政區危險程度。

因此參考本文章節 4.1，在此討論若把本模型驗證方式由原本的 ERR (Epidemic Risk Rank) 與染病人數排序數列經斯皮爾曼相關係數的驗證改為一地的染病危險程度百分比比率 ERI (Epidemic Risk Index) 與病原體接觸率排序數列的斯皮爾曼相關係數驗證，是否會有更貼近真實流行病傳播的模擬結果出現。底下將以本模型所搜尋出與真實流行病資料相關性最高的實驗五來討論，改變模型驗證方式並重新進行實驗五，將所跑出相關係數做進一步討論。

如表 5-28、表 5-29 及表 5-30 所列，分別代表在三種地理尺度規模下改變實驗五驗證方式後，使用基因演算法重新搜尋參數及解集合所得到的實驗結果。結果在各種地理尺度下所搜尋出的最佳相關係數檢定值皆不甚理想，甚至在原始縣市規模下旅運影響比例參數 (d) 的影響比例為 0%，顯示本模型經由人口流動計算的危險程度排序反映的面相不適合由病原體接觸率來探討。而從結果中也証實以本研究所建構出利用人口流動資料來計算各行政區的染病風險程度做法，確實反映的是各行政區可能潛在的感染人數的風險，提供未來在使用本模型計算各行政區危險程度的參考。

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.971	0.181	0.237	0.412	0.188	0.078

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值：**0.385**

表 5-28 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_鄉鎮市規模

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0	0.483	0.917	0.15	0.2	0.079

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值: **-0.085**

表 5-29 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_原始縣市規模

	參數					
	旅運 影響 比例	日間 旅運 影響比例	短程 網路 權重	台鐵 網路 權重	高鐵 網路 權重	航空 網路 權重
設定	0.99	0.14	0.778	0.709	0.065	0.179

計算結果與 2009 年 H1N1-A 型流感相關係數檢定值: **-0.336**

表 5-30 實驗五討論_基因演算法搜尋參數結果_可縮放縣市規模

六、結論

本研究提出一套基於馬可夫鏈與 PageRank 演算法的網路遞移模型，並使用基因演算法做參數最佳化用以分析網路拓樸的遞移性。模型中將 PageRank 演算法公式擴充，考量真實網路中雙向鏈結的回饋，使其能解決現今分析網路遞移性現象普遍遇到無法考慮整體網路中節點互動的問題，同時模型中亦應用可變機率陣列以反應真實網路拓樸的變化。最後利用基因演算法對參數進行優選搜尋最符合實際病例的參數組合，除了進一步觀察遞移性動態也驗證研究方法。

在 PageRank 演算法中，Page (1998) 探討網頁拓樸的遞移現象，並提出分析方法與網頁搜尋應用。本研究將此分析方法擴展至一般網路拓樸中，利用流行病動態傳播為研究案例，並且得出正確的驗證結果。顯示本研究不僅能夠確實提出分析方法使計算結果有提供案例研究參考的價值，更能在 PageRank 演算法的基礎上將遞移性現象的應用與分析延伸推廣。

以往探討交通旅運網路對流行病散播的研究僅利用通勤人口流動量的數據觀察不同行政區間的疫情傳播模式。本研究中則進一步將行政區以及通勤人口流動的關係轉化為網路的概念，分析病原體於網路中遞移傳播造成的影響。實驗結果顯示，本方法不僅能夠進一步由通勤人口流動量分析各行政區在疫情傳播上的重要性，藉由基因演算法亦能夠搜尋出更為貼近現實流行病傳播動態的參數組合得到更高的相關係數值；此外以更由分析實驗結果發現，構成台灣本島主要交通運輸人口流動的短程通勤網路與台鐵網路是呼吸道流行病傳染進程的關鍵，未來在有經呼吸道傳染的新興流行性傳染病來臨時，控制台灣本島的通勤網路與台鐵網路重要性將高於高鐵網路與航空網路。

本研究的研究限制與未來展望如下：1. 模型中所探討的遞移性現象其形成擴散的本質在於當個體擴散影響別的個體之後自己本身還會保留此種特性。例如流行病的傳播，當傳染給其他個體之後自己本身還保有病原體能夠繼續造成傳染影響其他個體的重要性，因此對於網路拓樸中，非經複製概念所產生的遞移性現

象並不在本研究所探討的範圍。2. 由於交通運輸部對於各式交通工具的旅客起訖量資料並非年年都進行調查因此本研究無法完整收集各年旅運網路資料來架構網路拓樸進行分析，因此當所模擬的遞移性現象越趨於複雜時，若能建構更為細膩的網路拓樸架構，將有助於模型達到更加精確的計算。3. 模型中根據行政區與人口流動資料建立網路拓樸架構，因此在分析病原體造成的遞移傳播現象上只考慮人口流動的影響，未來如能把其他諸如溫度、人口數等因素加入分析，對於模型計算準確度的提升將有幫助。



參考文獻

- Andersen, R., Chung, F., & Lang, K. (2006). *Local graph partitioning using pagerank vectors*.
- Back, T., & Schwefel, H. (1993). An overview of evolutionary algorithms for parameter optimization. *Evolutionary computation*, 1(1), 1-23.
- Centola, D. (2010). The spread of behavior in an online social network experiment. *Science*, 329(5996), 1194.
- Goldberg, D. (1989). *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*: Addison-wesley.
- Grais, R., Hugh Ellis, J., & Glass, G. (2003). Assessing the impact of airline travel on the geographic spread of pandemic influenza. *European Journal of Epidemiology*, 18(11), 1065-1072.
- Grais, R., Ellis, J., Kress, A., & Glass, G. (2004). Modeling the spread of annual influenza epidemics in the US: The potential role of air travel. *Health Care Management Science*, 7(2), 127-134.
- Haupt, R., Haupt, S., & Wiley, J. (1998). *Practical genetic algorithms*: Wiley Online Library.
- Hoff, P., Raftery, A., & Handcock, M. (2002). Latent space approaches to social network analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 97(460), 1090-1098.
- Holland, J. (1992). *Adaptation in natural and artificial systems*: MIT Press Cambridge, MA, USA.
- Hufnagel, L., Brockmann, D., & Geisel, T. (2004). Forecast and control of epidemics in a globalized world. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(42), 15124.
- Keeling, M. J., Danon, L., Vernon, M. C., & House, T. A. (2010). Individual identity and movement networks for disease metapopulations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(19), 8866.
- Lee, M., & Takagi, H. (2002). *Integrating design stage of fuzzy systems using genetic algorithms*.
- Lind, P. G., Da Silva, L. R., Andrade Jr, J. S., & Herrmann, H. J. (2007). Spreading gossip in social networks. *Physical Review E*, 76(3), 36117.
- Ma, N., Guan, J., & Zhao, Y. (2008). Bringing PageRank to the citation analysis. *Information Processing & Management*, 44(2), 800-810.
- Man, K., Tang, K., & Kwong, S. (1999). *Genetic algorithms: Concepts and designs*: Springer Verlag.
- Merler, S., & Ajelli, M. (2010). The role of population heterogeneity and human

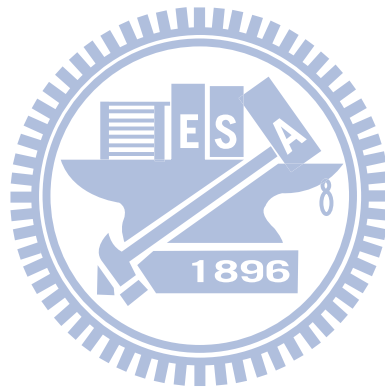
- mobility in the spread of pandemic influenza. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 277(1681), 557.
- Meyn, S. P., Tweedie, R. L., & Hibey, J. (1993). *Markov chains and stochastic stability*: Springer London et al.
- Michalewicz, Z. Genetic algorithms+ data structures= evolution programs. 1992. *New York, Springer Verlag*.
- Moreno, Y., Gomez, J., & Pacheco, A. (2003). Epidemic incidence in correlated complex networks. *Physical Review E*, 68(3), 35103.
- Nekovee, M., Moreno, Y., Bianconi, G., & Marsili, M. (2007). Theory of rumour spreading in complex social networks. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 374(1), 457-470.
- Organization, W. H. (2003). *Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 November 2002 to 31 July 2003*, from http://www.who.int/csr/sars/country/table2004_04_21/en/index.html
- Organization, W. H. (2009). Pandemic (H1N1) 2009 - update 69. from http://www.who.int/csr/don/2009_10_09/en/index.html
- Page, L., Brin, S., Motwani, R., & Winograd, T. (1998). The pagerank citation ranking: Bringing order to the web.
- Sivanandam, S., & Deepa, S. (2007). *Introduction to genetic algorithms*: Springer Verlag.
- Tang, J., Li, Y., Eames, I., Chan, P., & Ridgway, G. (2006). Factors involved in the aerosol transmission of infection and control of ventilation in healthcare premises. *Journal of Hospital Infection*, 64(2), 100-114.
- Viboud, C., Bjornstad, O., Smith, D., Simonsen, L., Miller, M., & Grenfell, B. (2006). Synchrony, waves, and spatial hierarchies in the spread of influenza. *Science*, 312(5772), 447.
- Wasserman, S., & Faust, K. (1994). *Social network analysis: Methods and applications*: Cambridge Univ Pr.
- 王國嫻. (2011). 九十一年十一月份施政報告., 2010, from <http://www.ca.taipei.gov.tw/ct.asp?xitem=1080206&CtNode=38590&mp=102001>.
- 中華民國交通部高速鐵路工程局. (2009). 高鐵 98 年各站起迄旅客量.
- 中華民國交通部運輸研究所. (2008). 第三期台灣地區整體運輸規劃-公路篇. 2010
- 中華民國交通部運輸資訊組. (2009a). 國家永續發展之城際運輸系統需求模式研究(4/4). 2010, from <http://www.iot.gov.tw/ct.asp?xItem=248652&ctNode=1448&mp=1>

中華民國交通部運輸資訊組. (2009b). 運輸研究統計資料彙編. 2010, from <http://www.iot.gov.tw/ct.asp?xItem=235055&ctNode=1448&mp=1>.



附錄

為能使讀者對於本研究基因演算法搜尋結果有全局觀點，並呈現出各項參數與解的變動關係，因此本文附錄收集了實驗結果中使用基因演算法所搜尋出各項參數的一百條染色體最佳解分佈，並皆以圖示的方式收集在附錄中，為了閱讀方便並未統一標示 X 軸與 Y 軸而在此說明。在圖示中 X 軸表示參數數值區間分佈、Y 軸表示染色體數目，以圖 A-1 中旅運影響比例參數 (d) 為例，在 X 軸刻度為 0.9 的地方有長條標示 Y 軸刻度為 90，代表此實驗中搜尋的一百條最佳解染色體中，有其中九十條分佈在 ≥ 0.9 並 < 1.0 之間。其中附錄 A、附錄 B、附錄 C 與附錄 D 分別收集了實驗二、實驗三、實驗四與實驗五中所有一百條染色體於各項參數的分佈狀況圖。



附錄 A

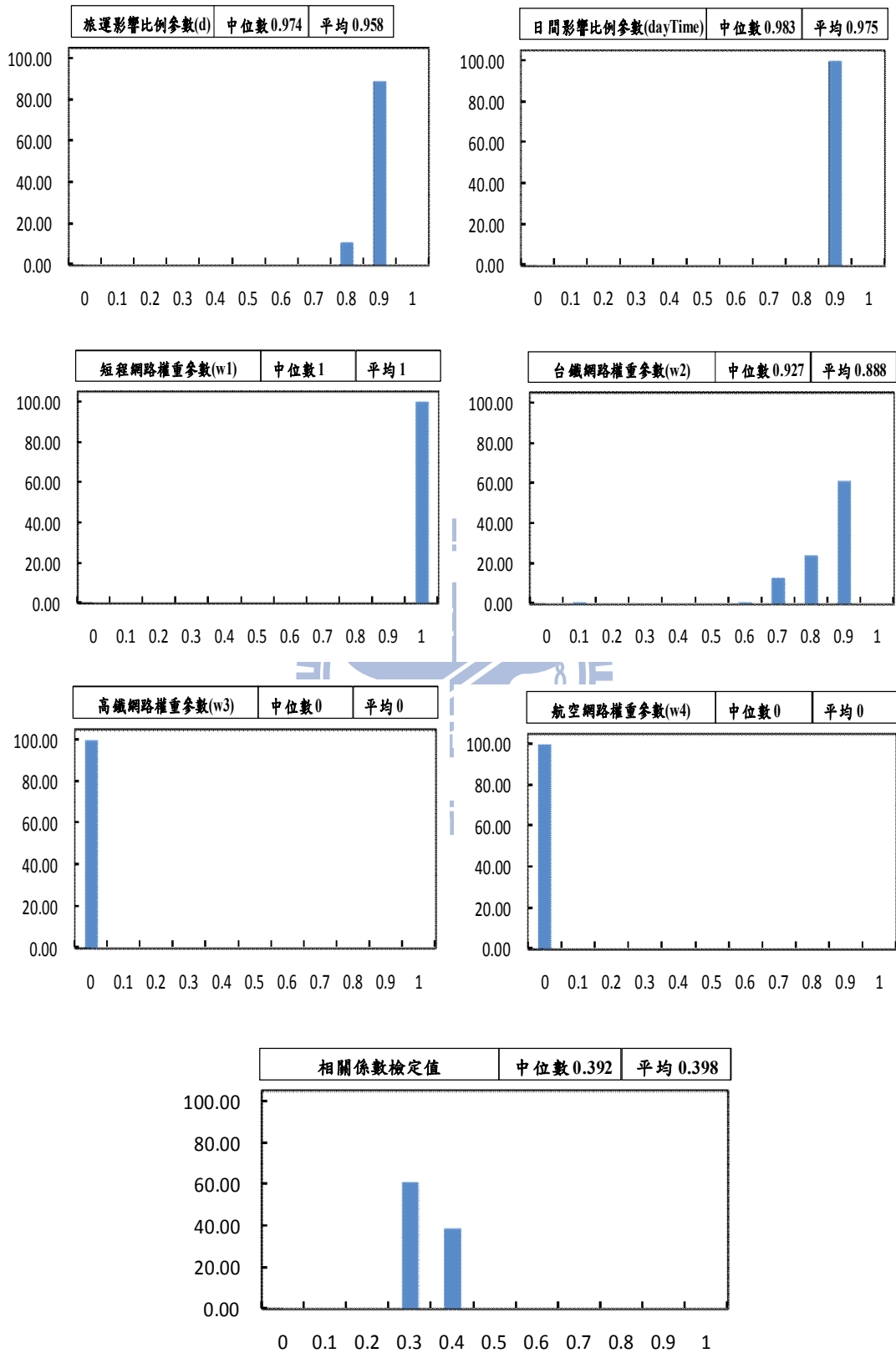


圖 A-1 實驗二-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_鄉鎮市規模

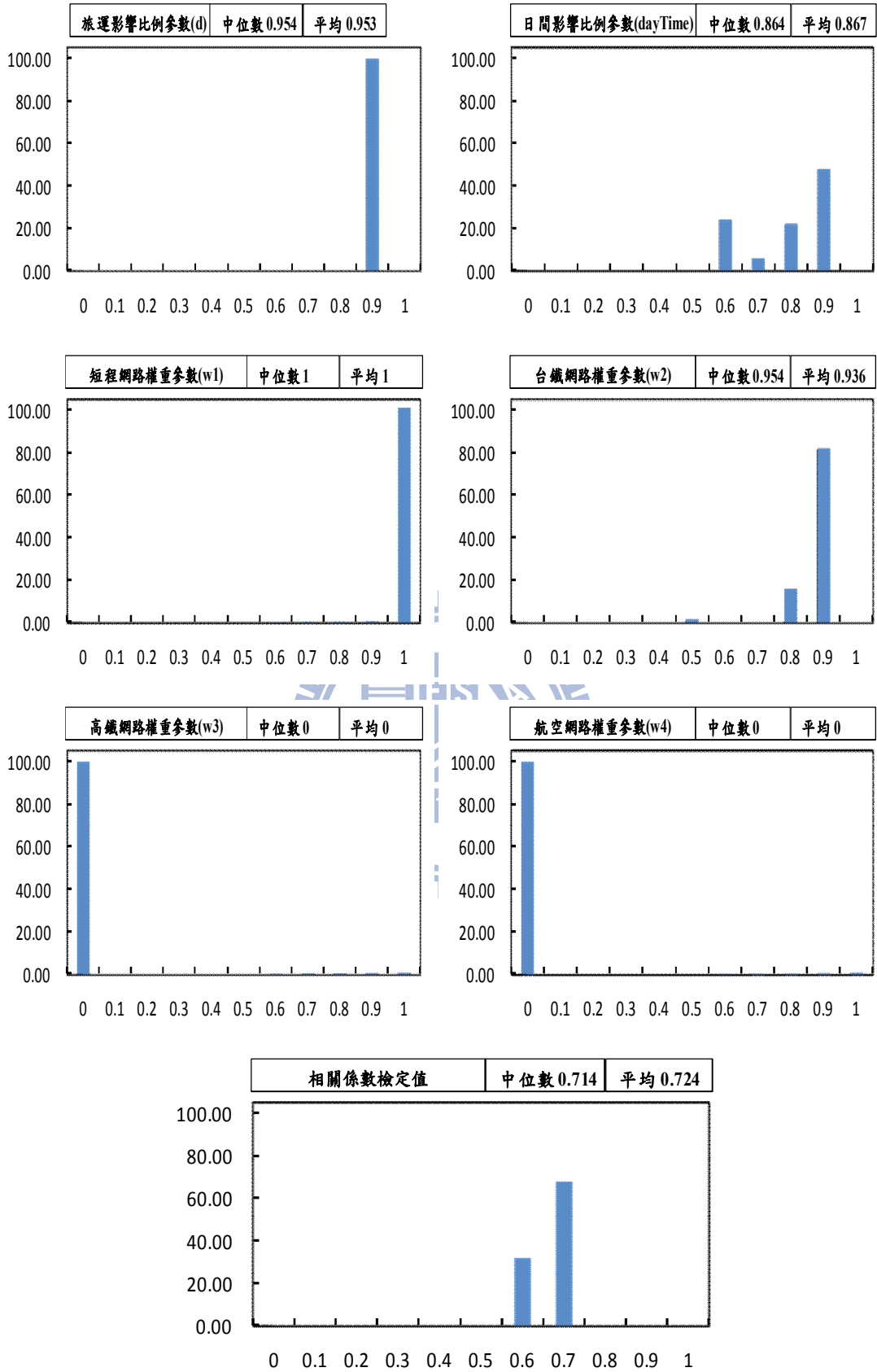


圖 A-2 實驗二- 2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_原始縣市規模

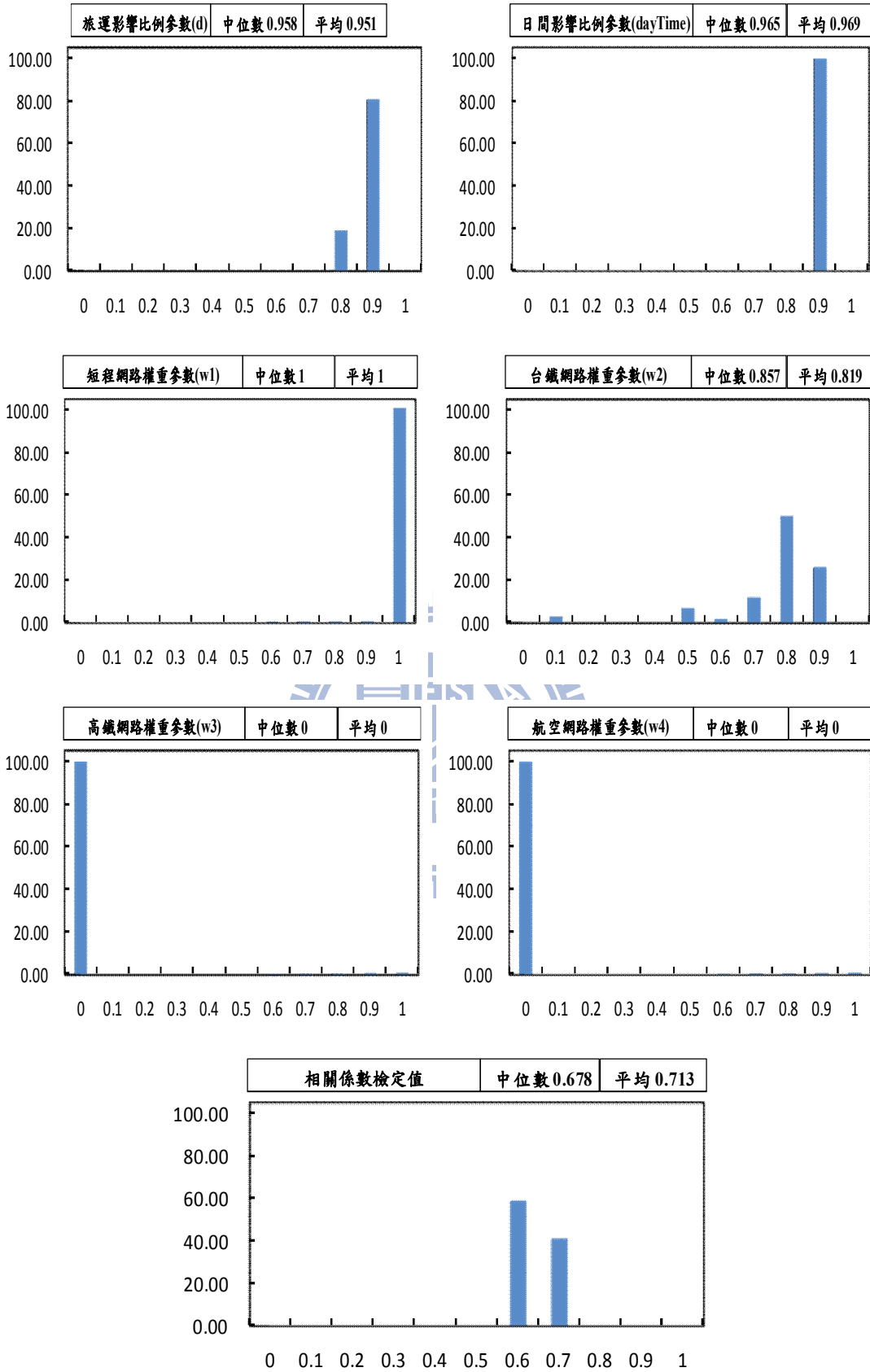


圖 A-3 實驗二-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_可縮放縣市規模

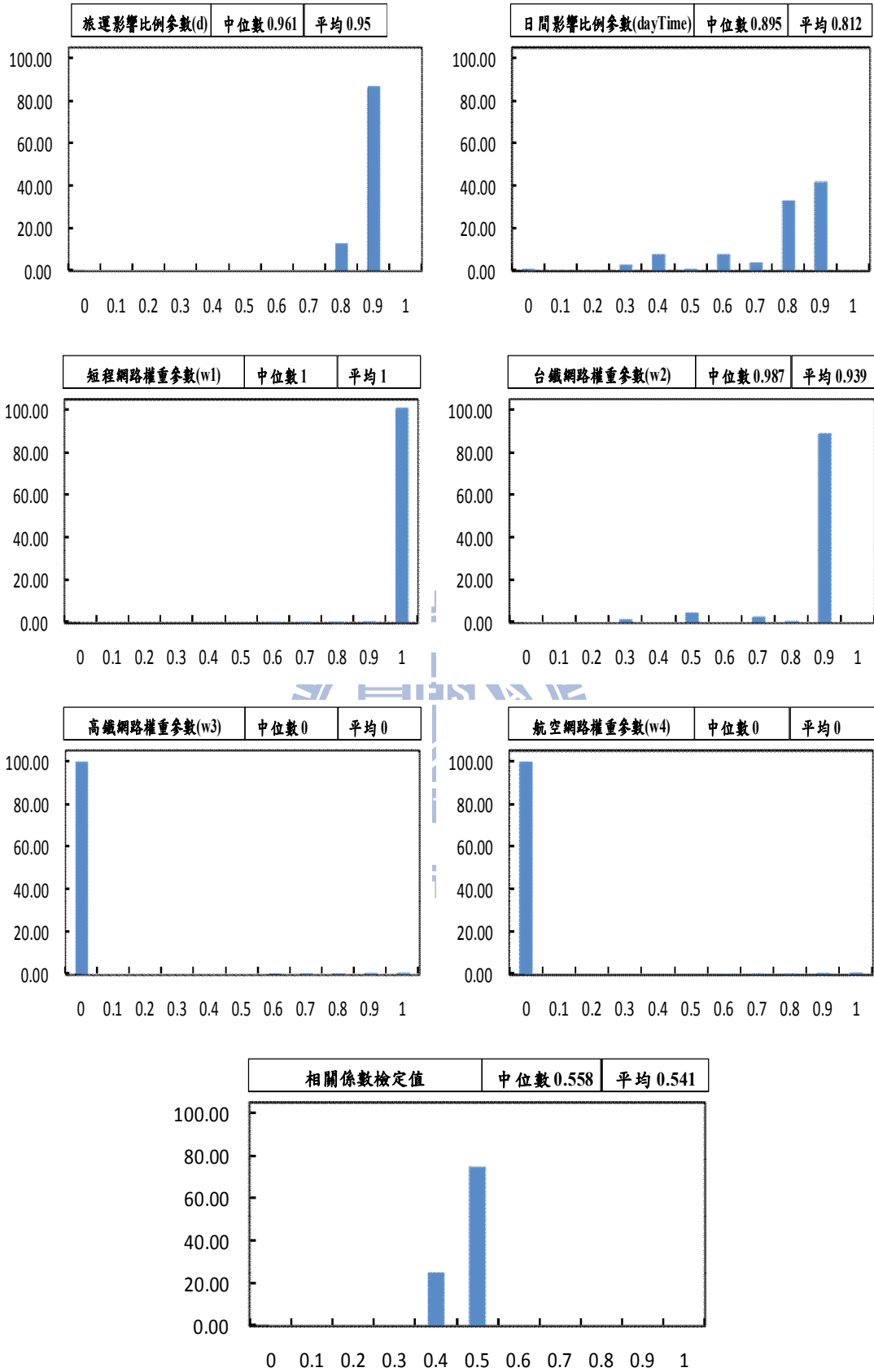


圖 A-4 實驗二- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_鄉鎮市規模

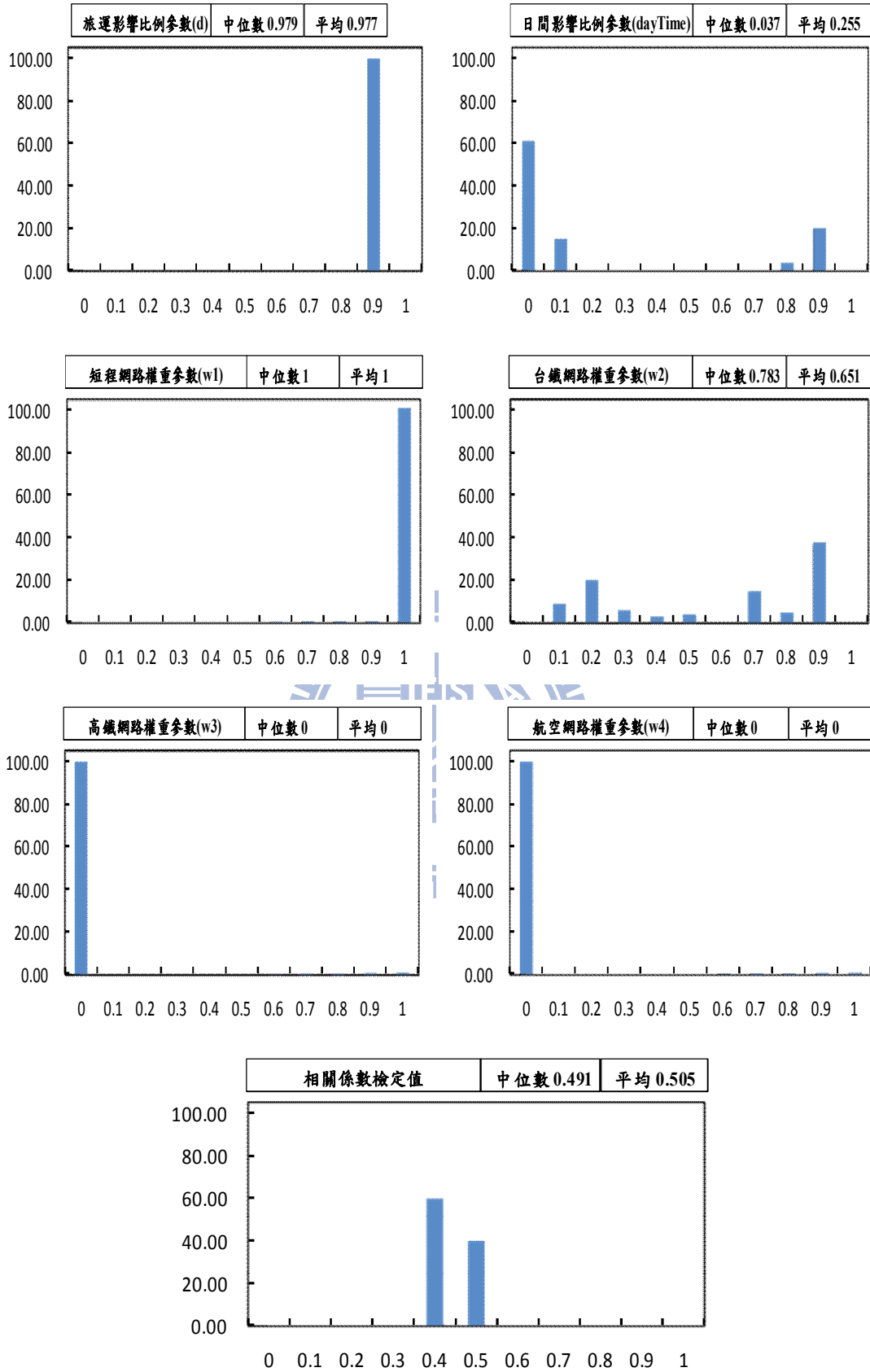


圖 A-5 實驗二- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_原始縣市規模

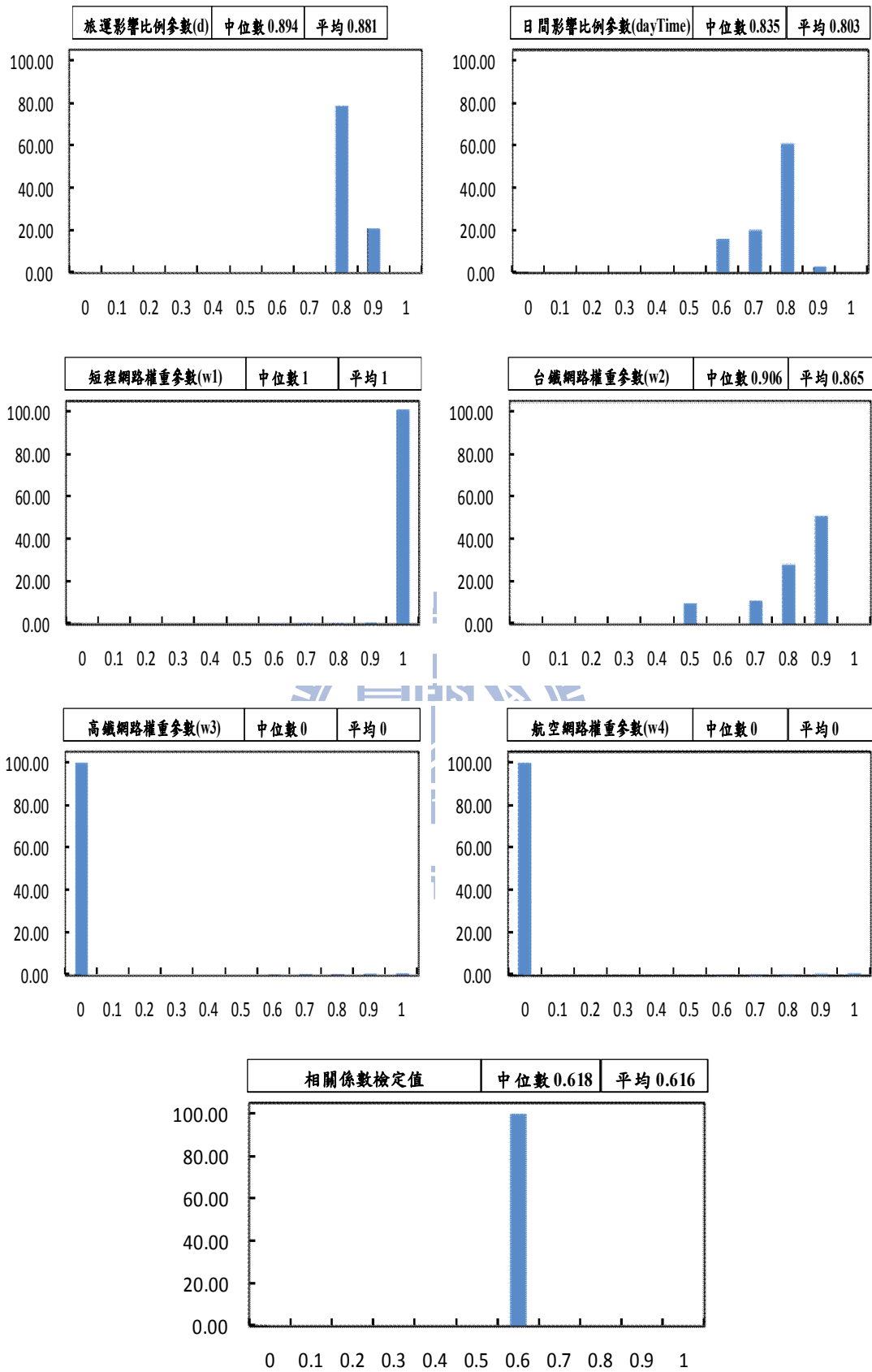


圖 A-6 實驗二- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_原始縣市規模

附錄 B

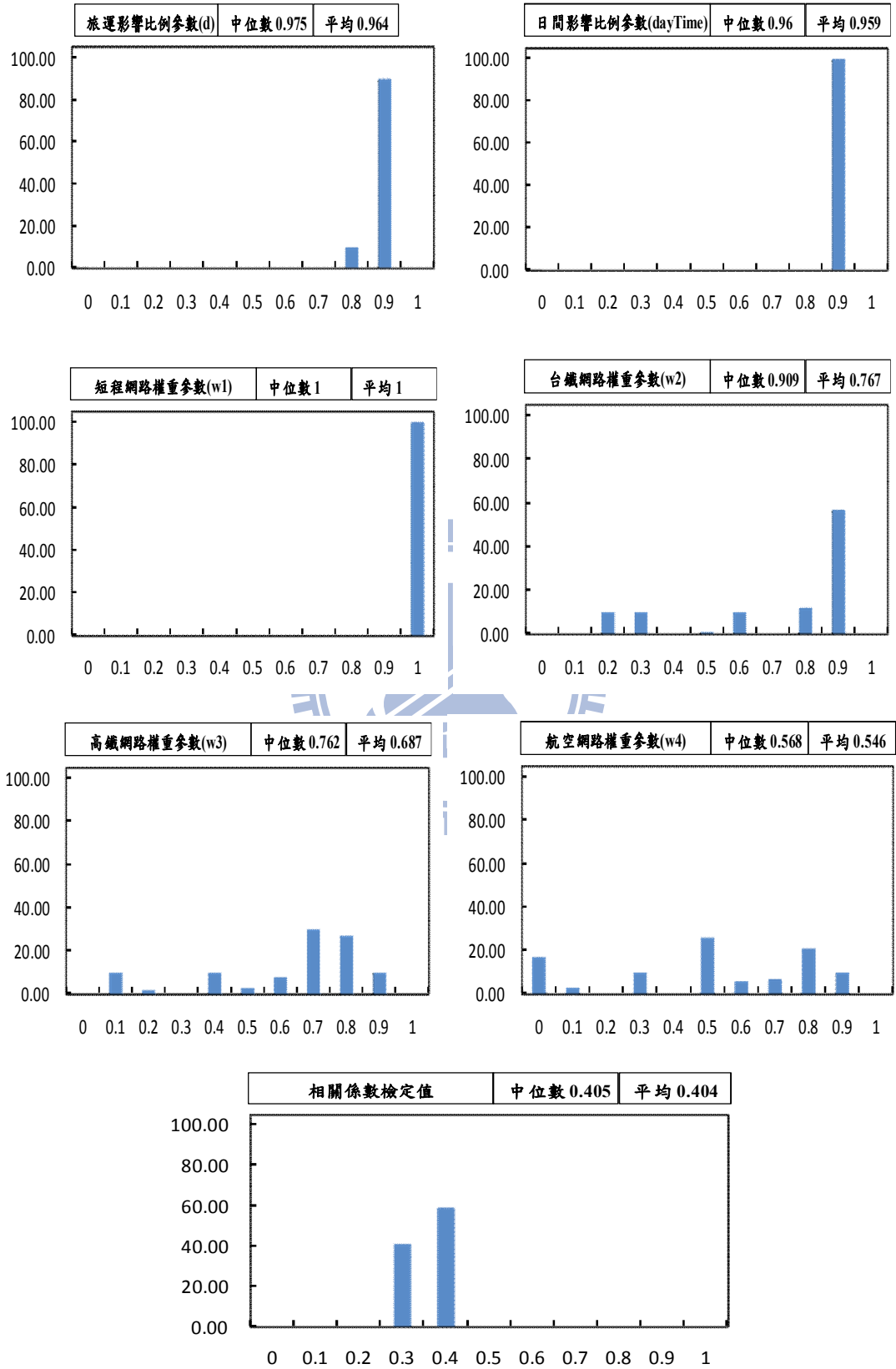


圖 B-1 實驗三- 2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_鄉鎮市規模

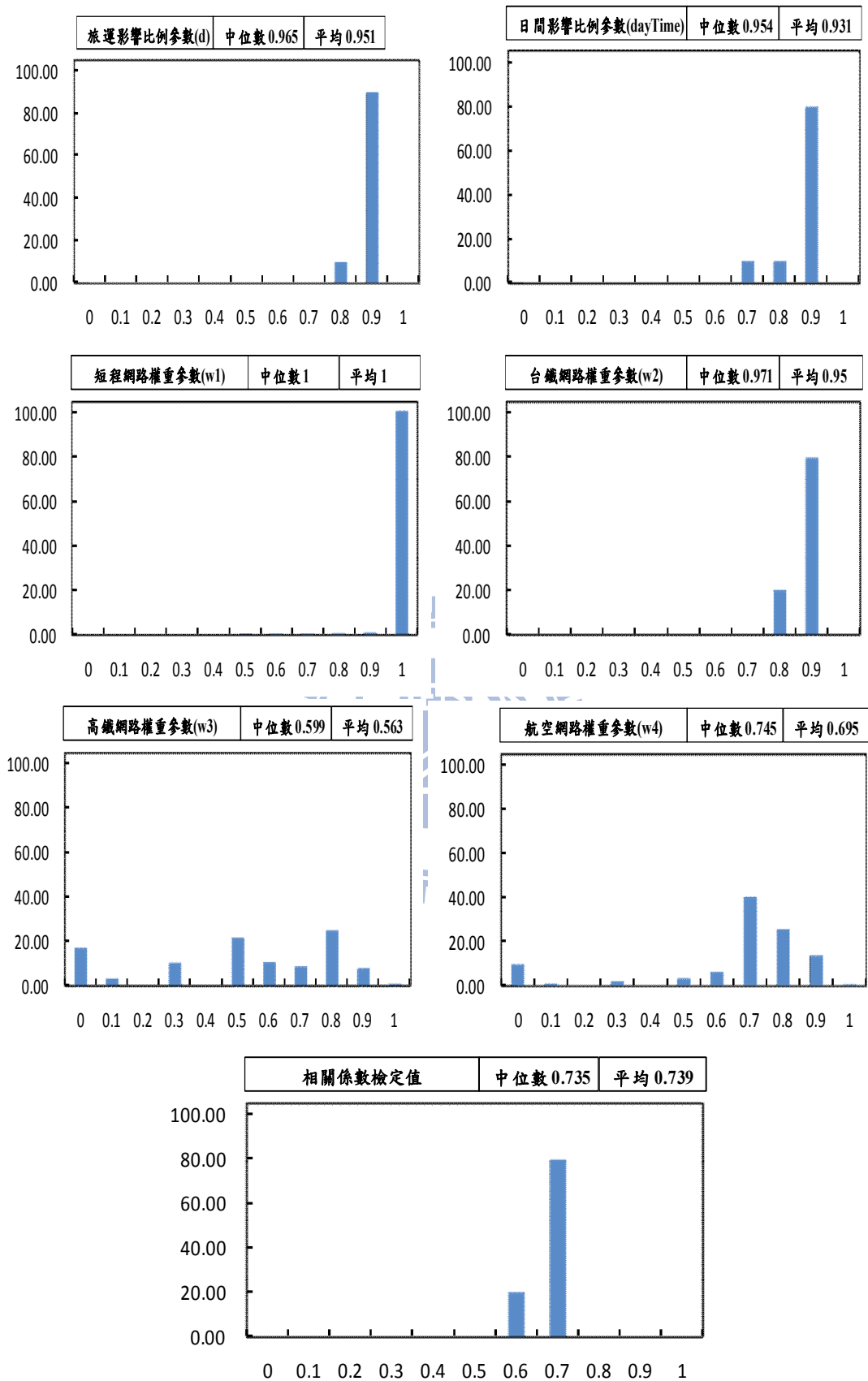


圖 B-2 實驗三-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_原始縣市規模

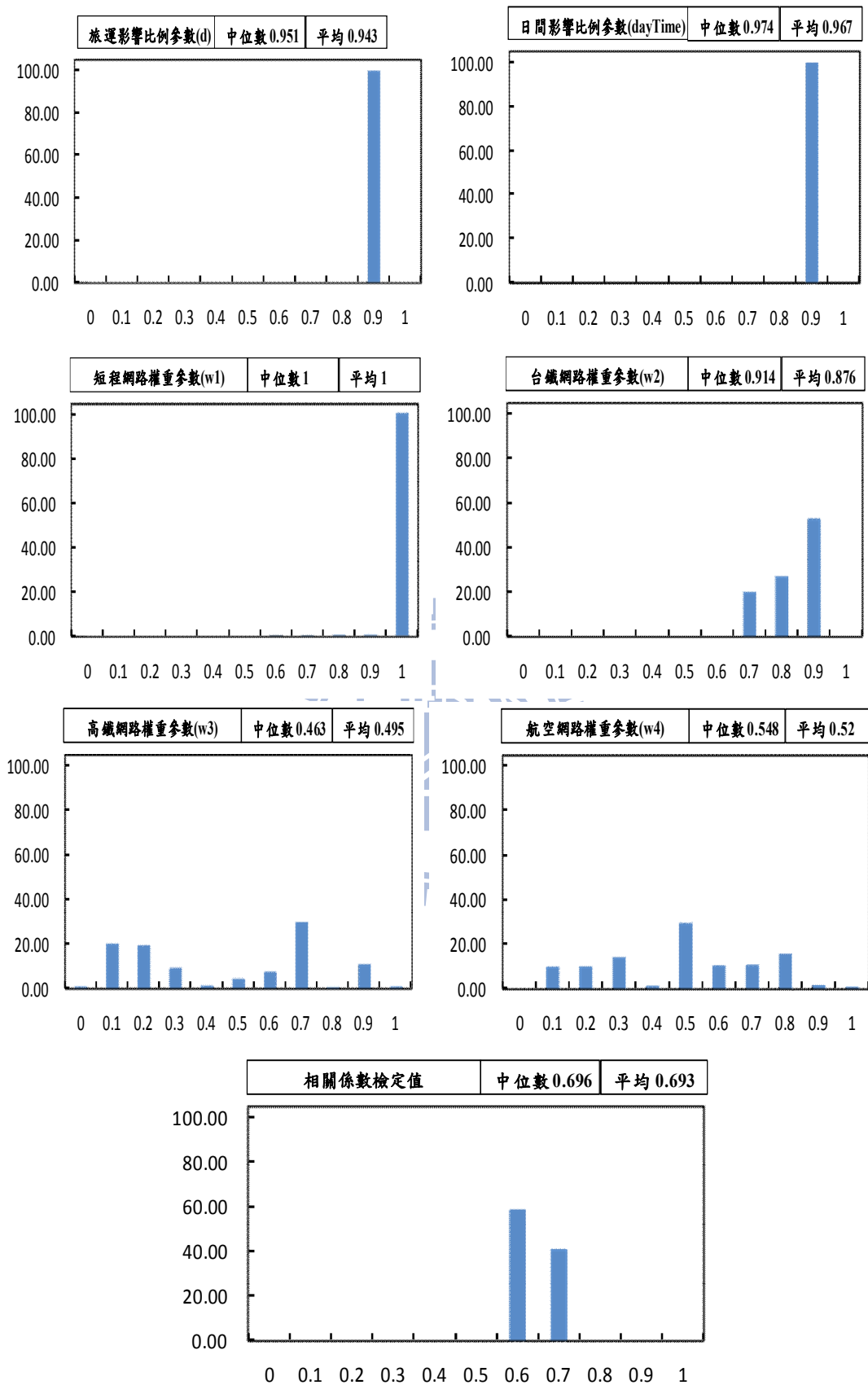


圖 B-3 實驗三-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_可縮放縣市規模

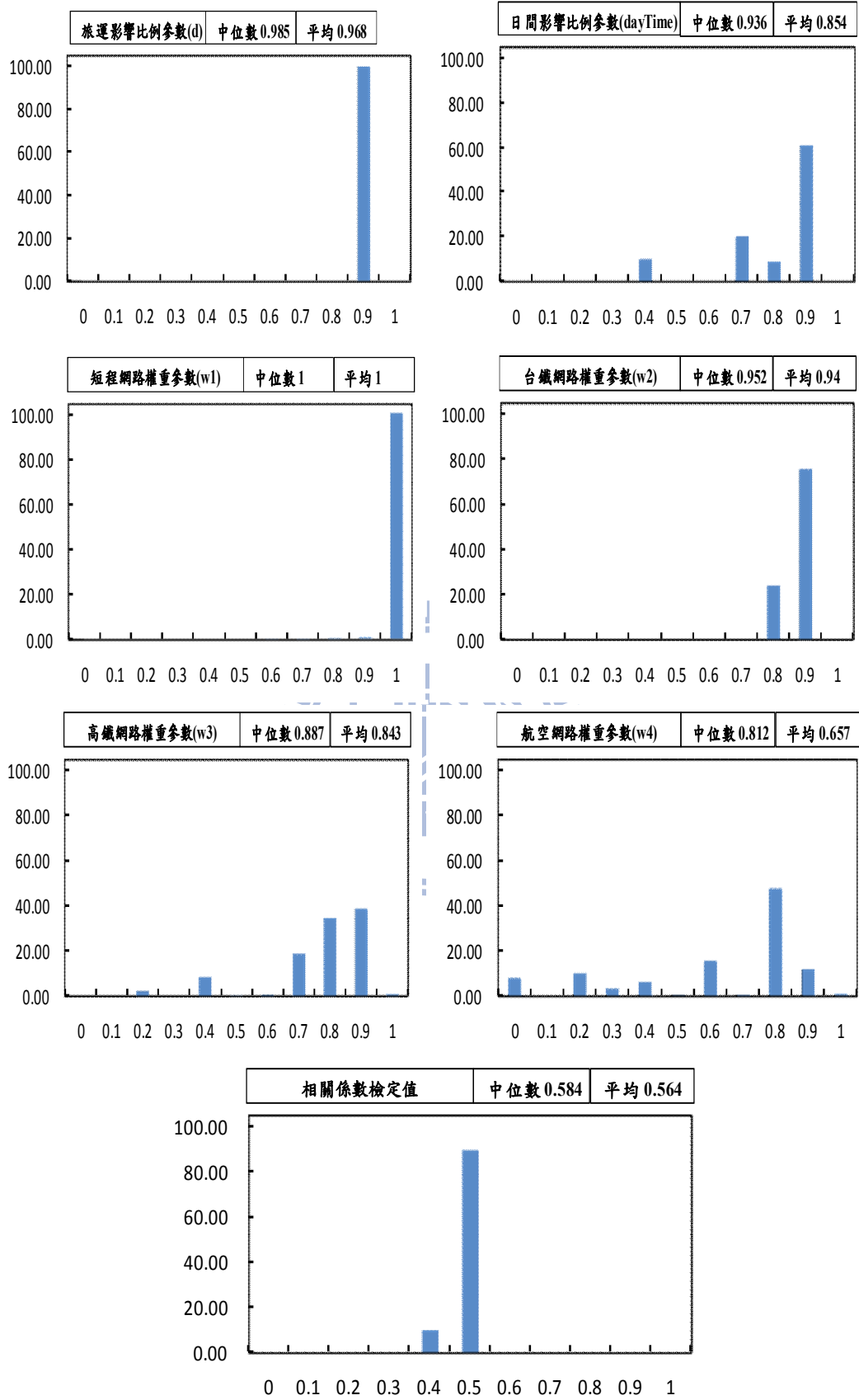


圖 B-4 實驗三- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_鄉鎮市規模

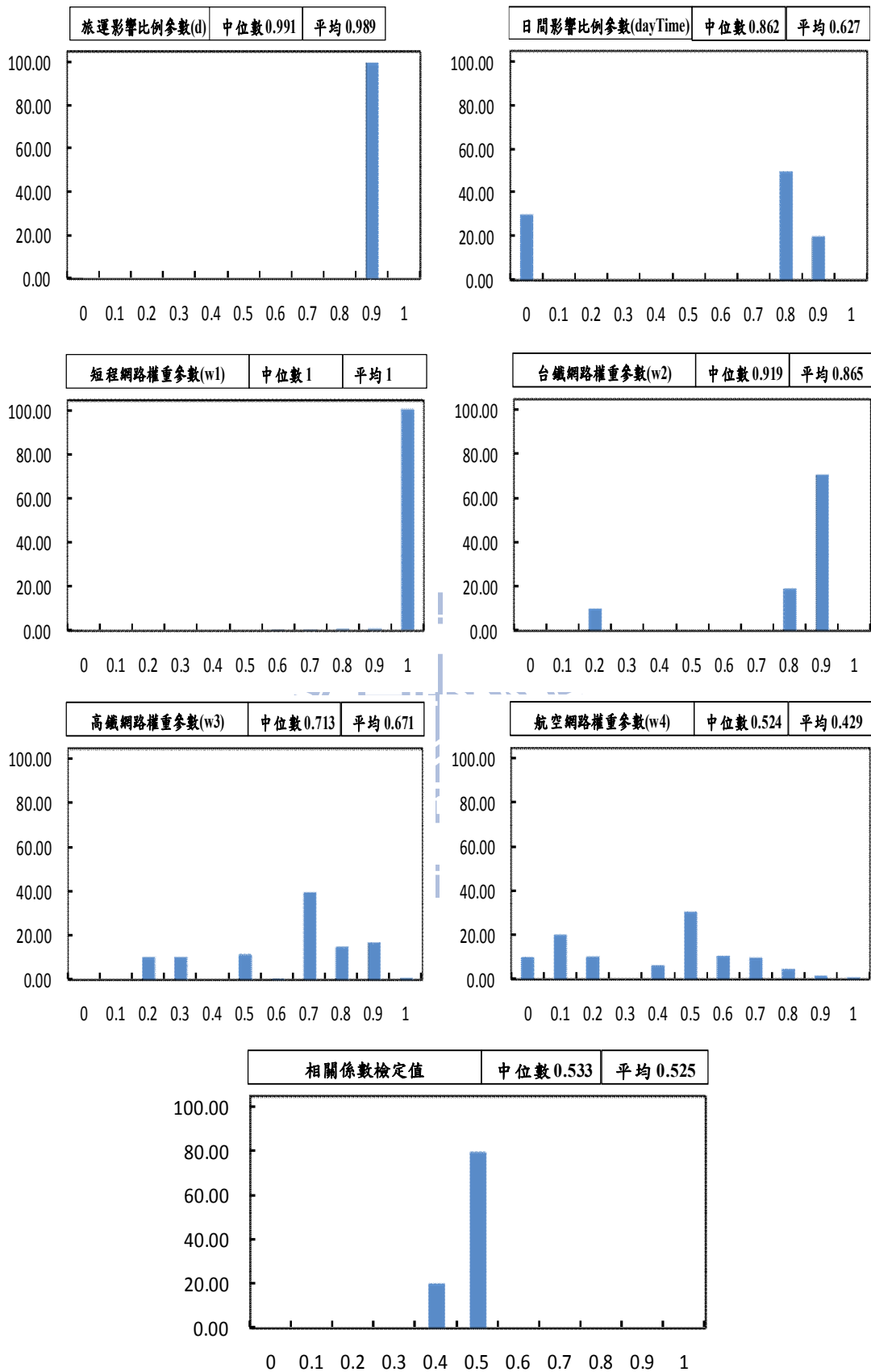


圖 B-5 實驗三- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_原始縣市規模

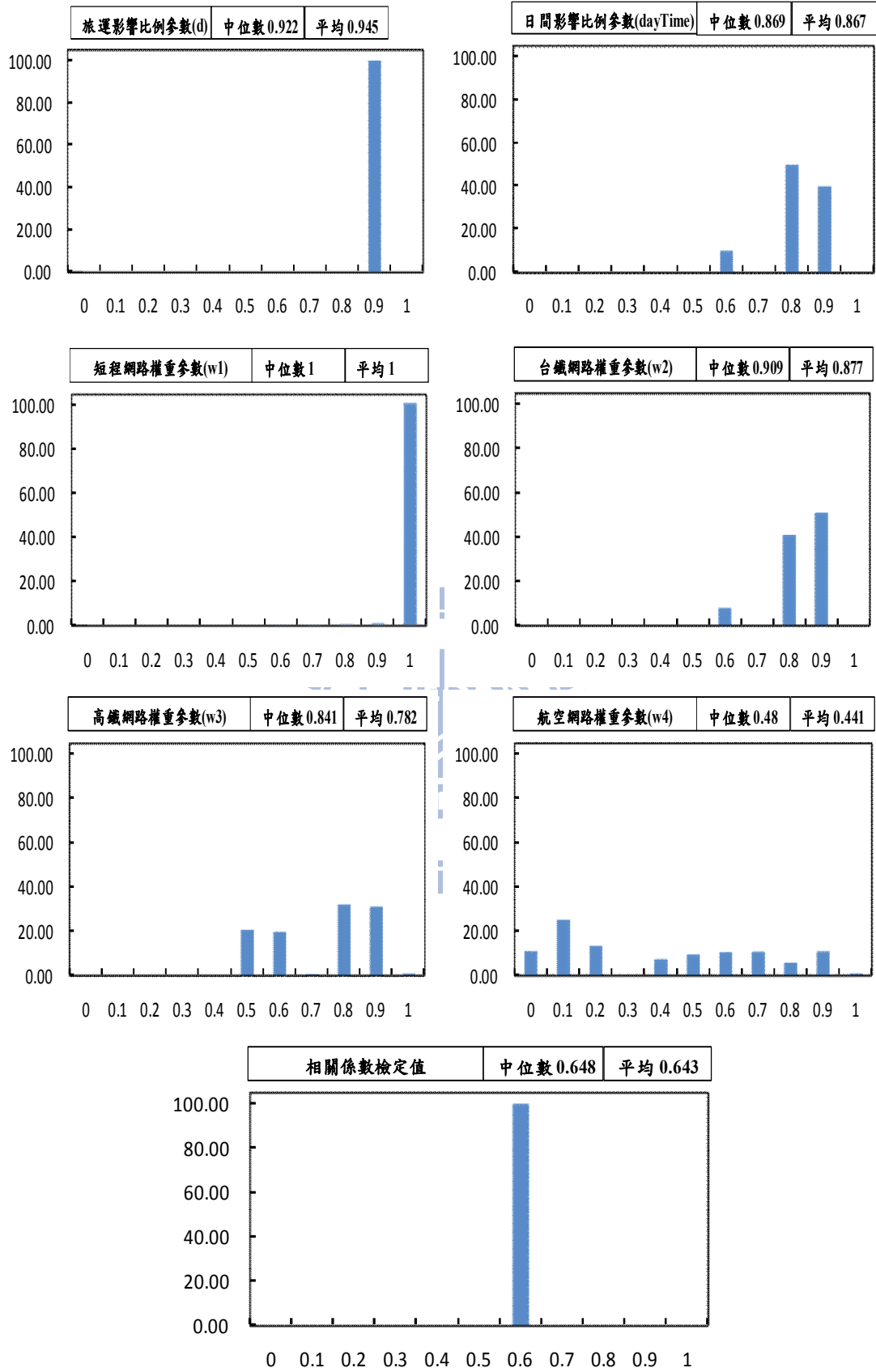


圖 B-6 實驗三- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_可縮放縣市規模

附錄 C

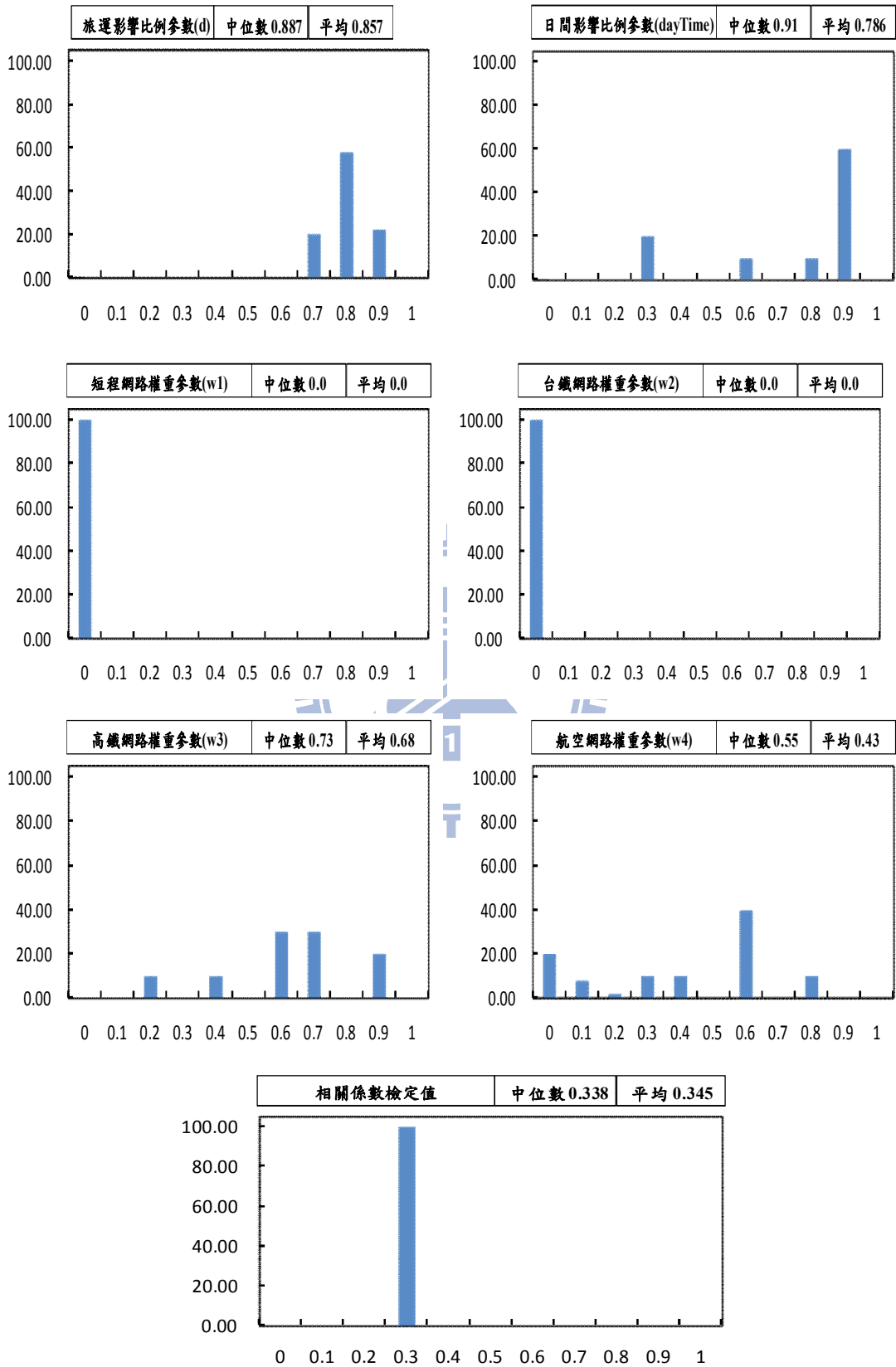


圖 C-1 實驗四-2001年71型腸病毒染色體參數分佈_鄉鎮市規模

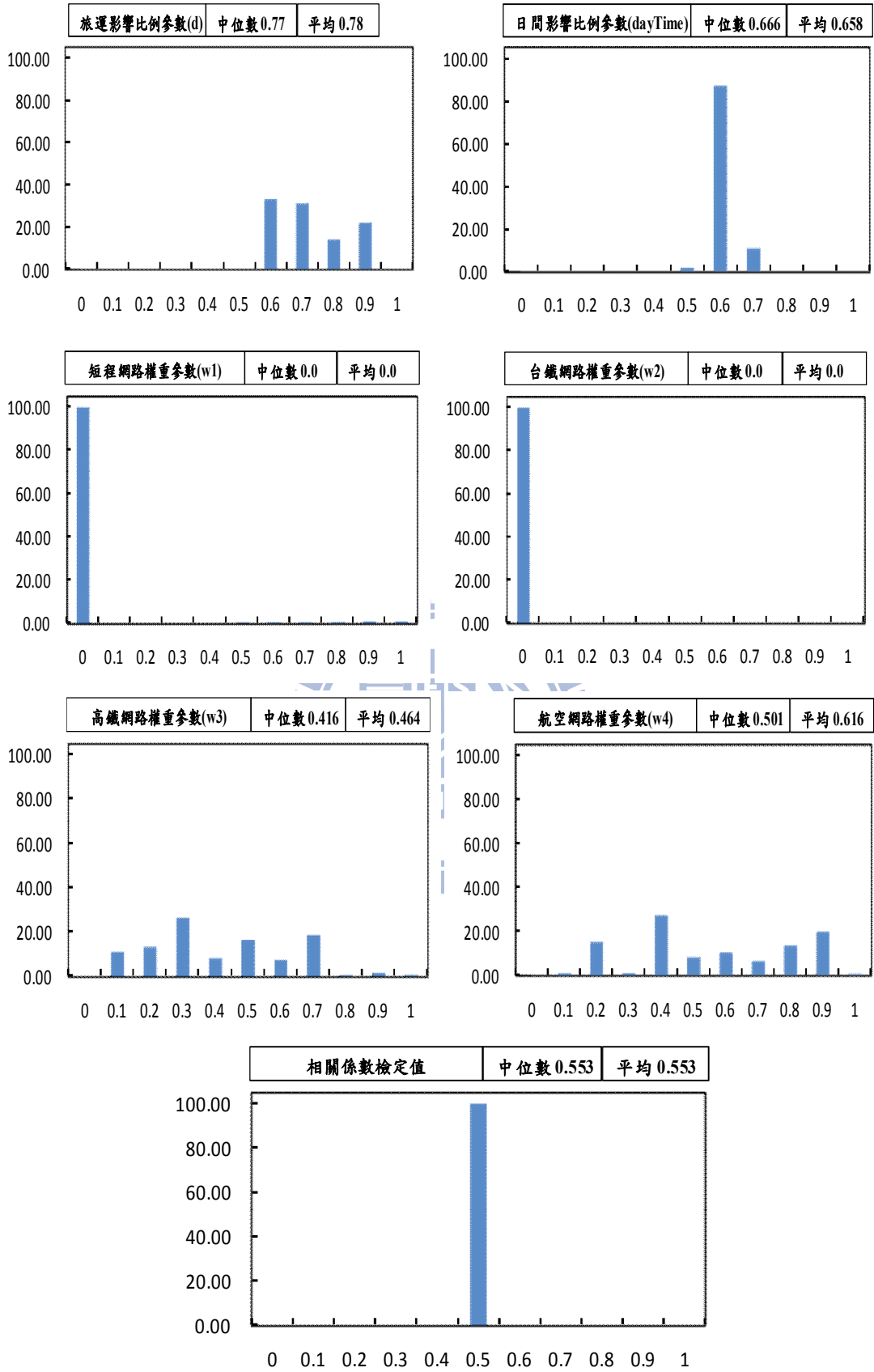


圖 C-2 實驗四-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_原始縣市規模

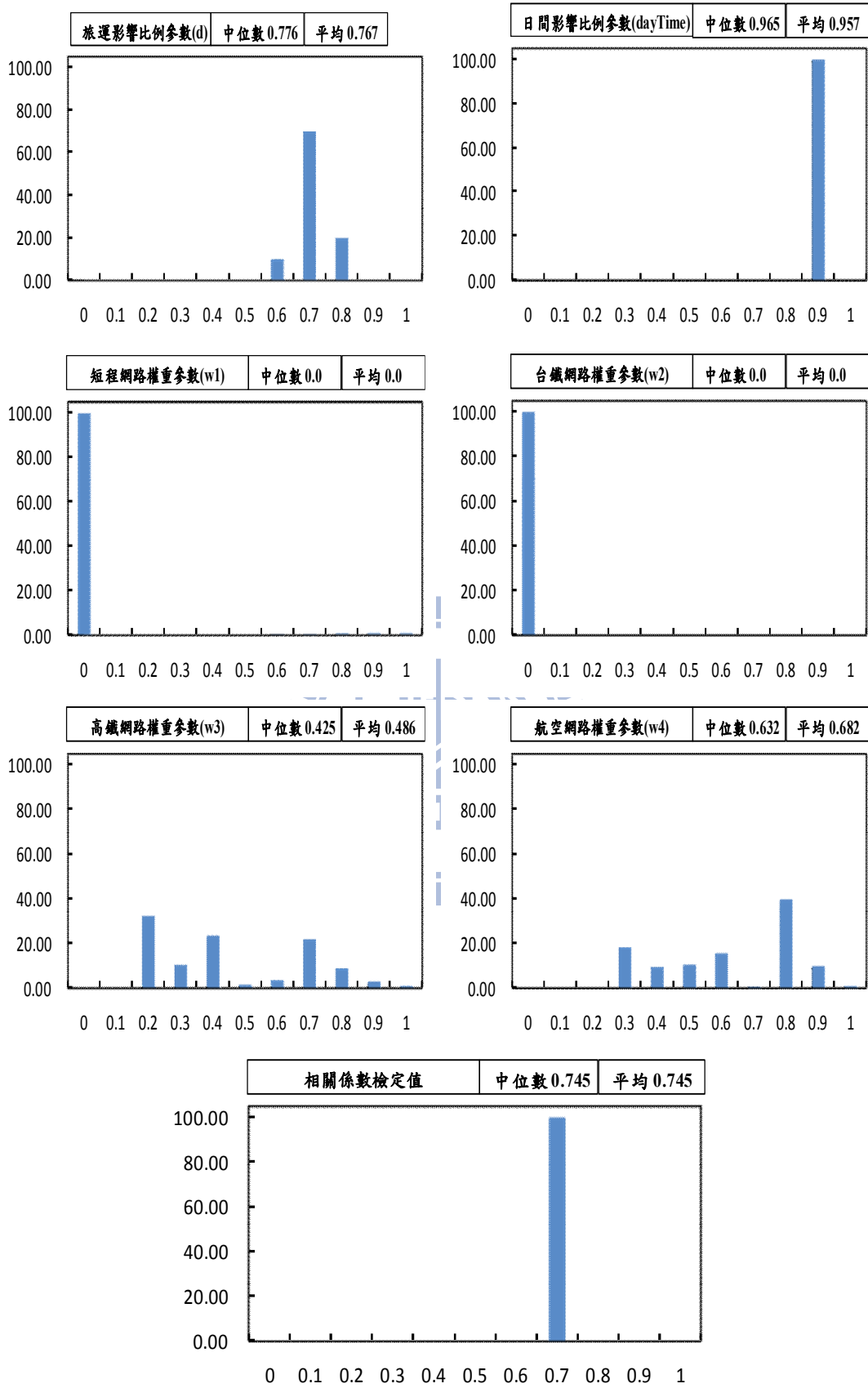


圖 C-3 實驗四-2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_可縮放縣市規模

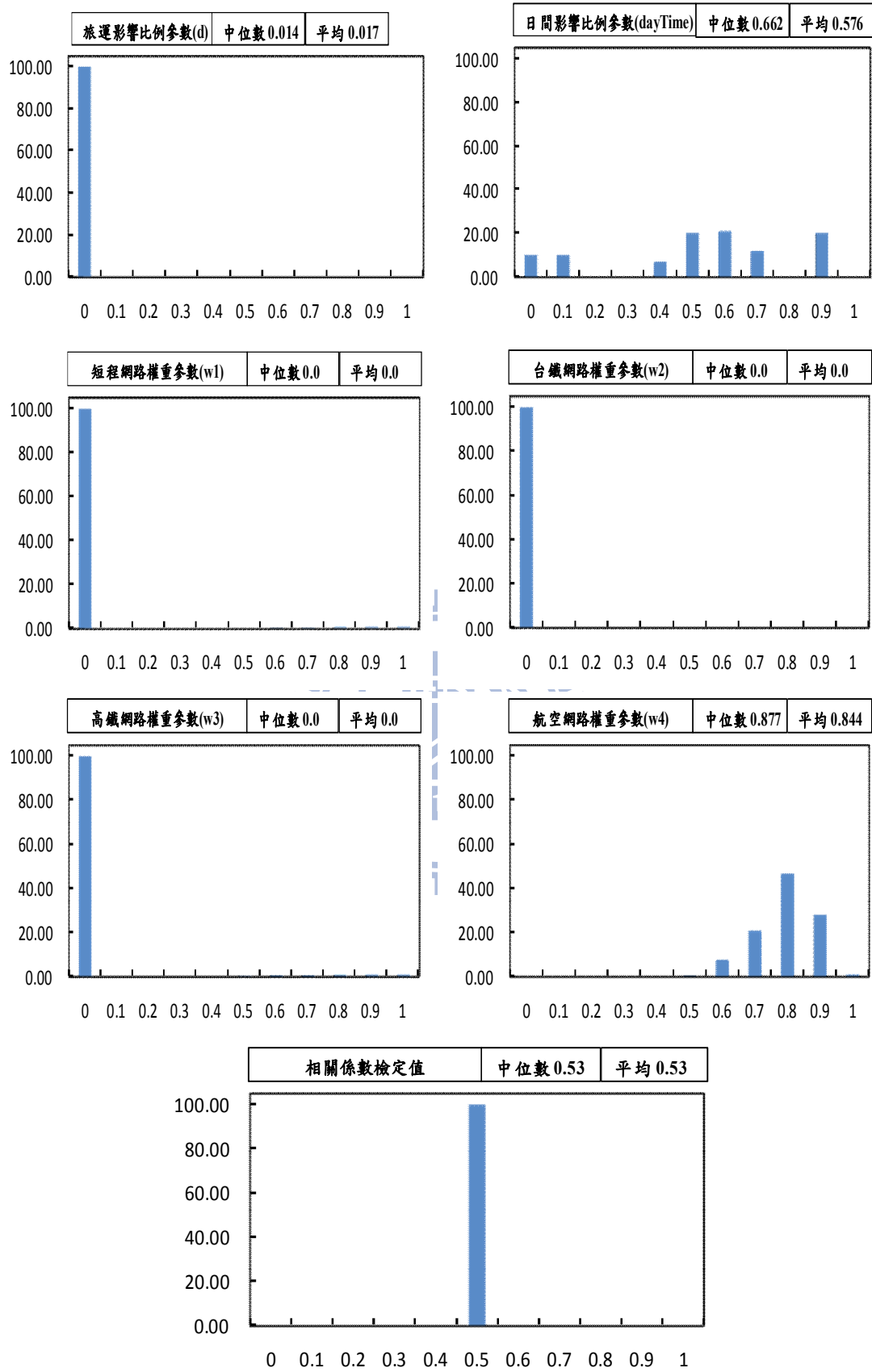


圖 C-4 實驗四- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_鄉鎮市規模

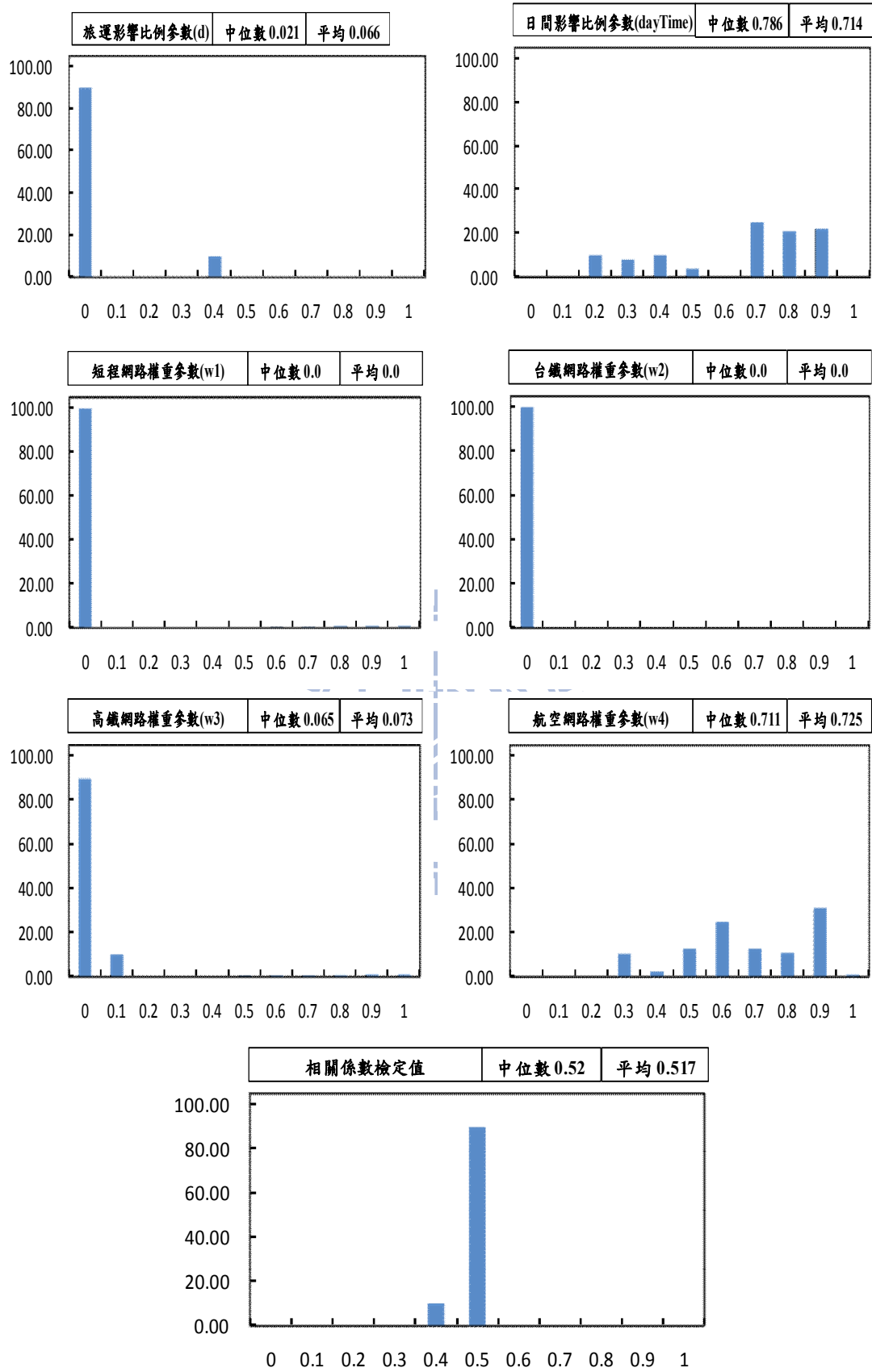


圖 C-5 實驗四-2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_原始縣市規模

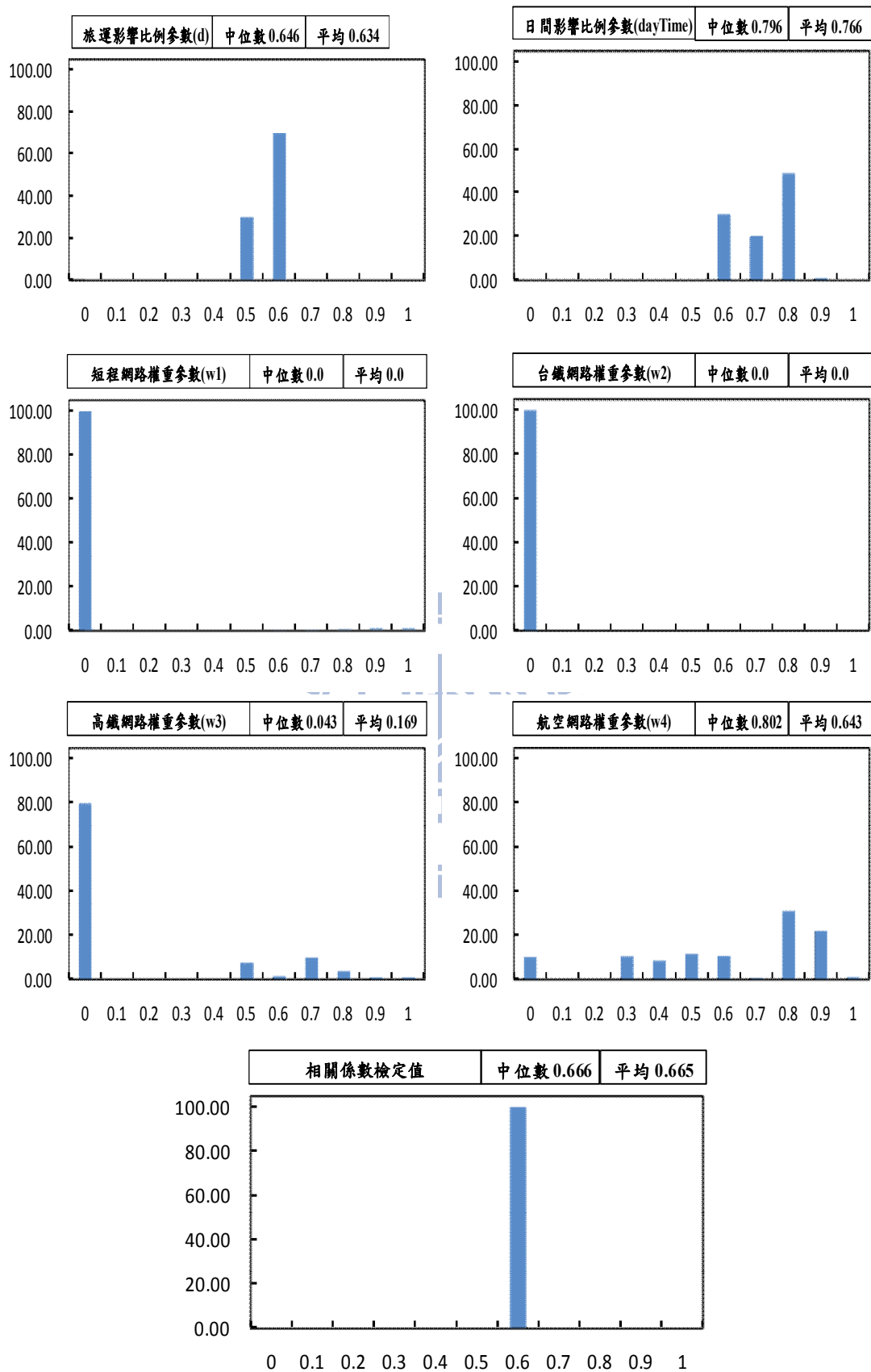


圖 C-6 實驗四- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_可縮放縣市規模

附錄 D

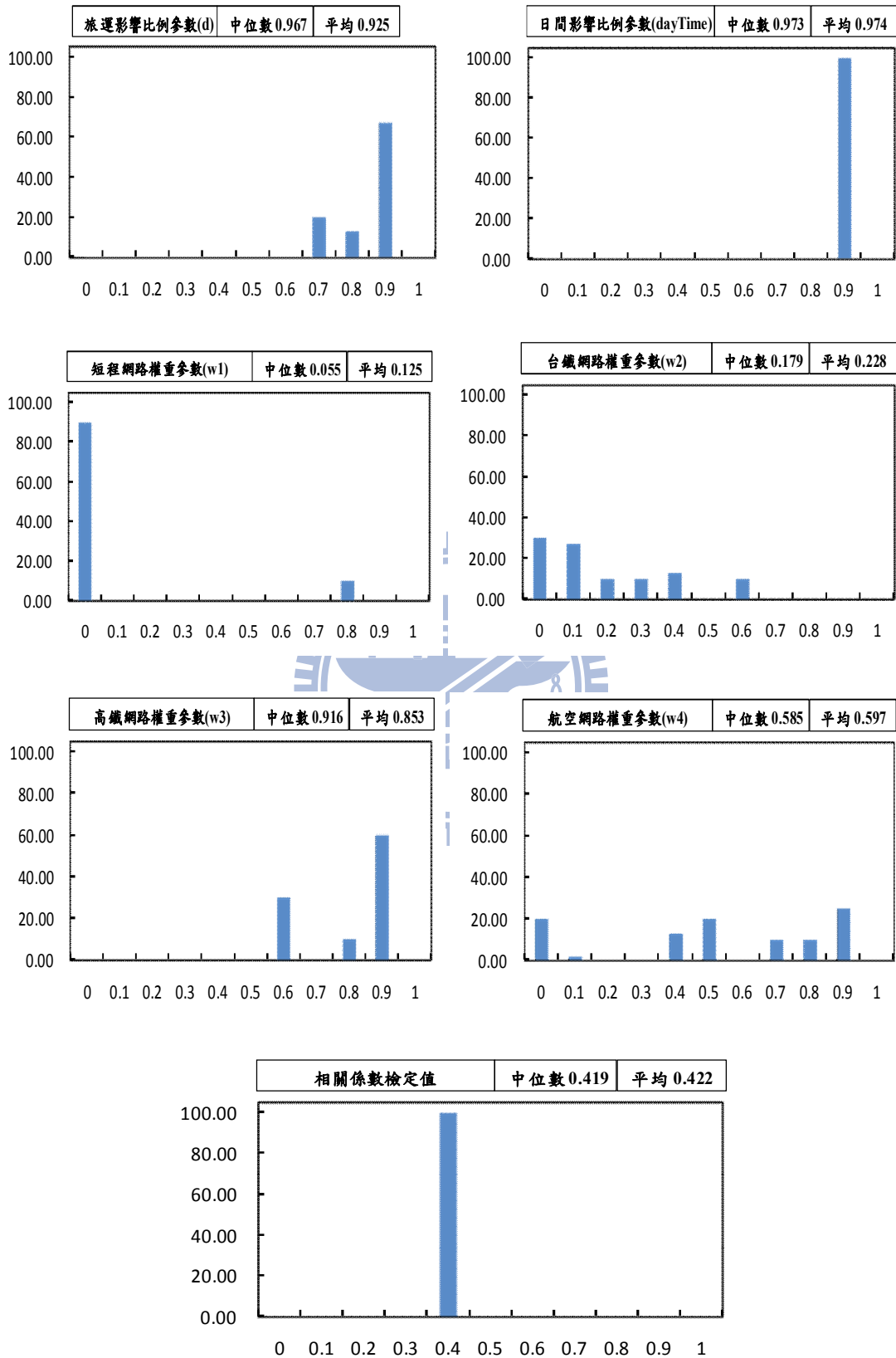


圖 D-1 實驗五- 2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_鄉鎮市規模

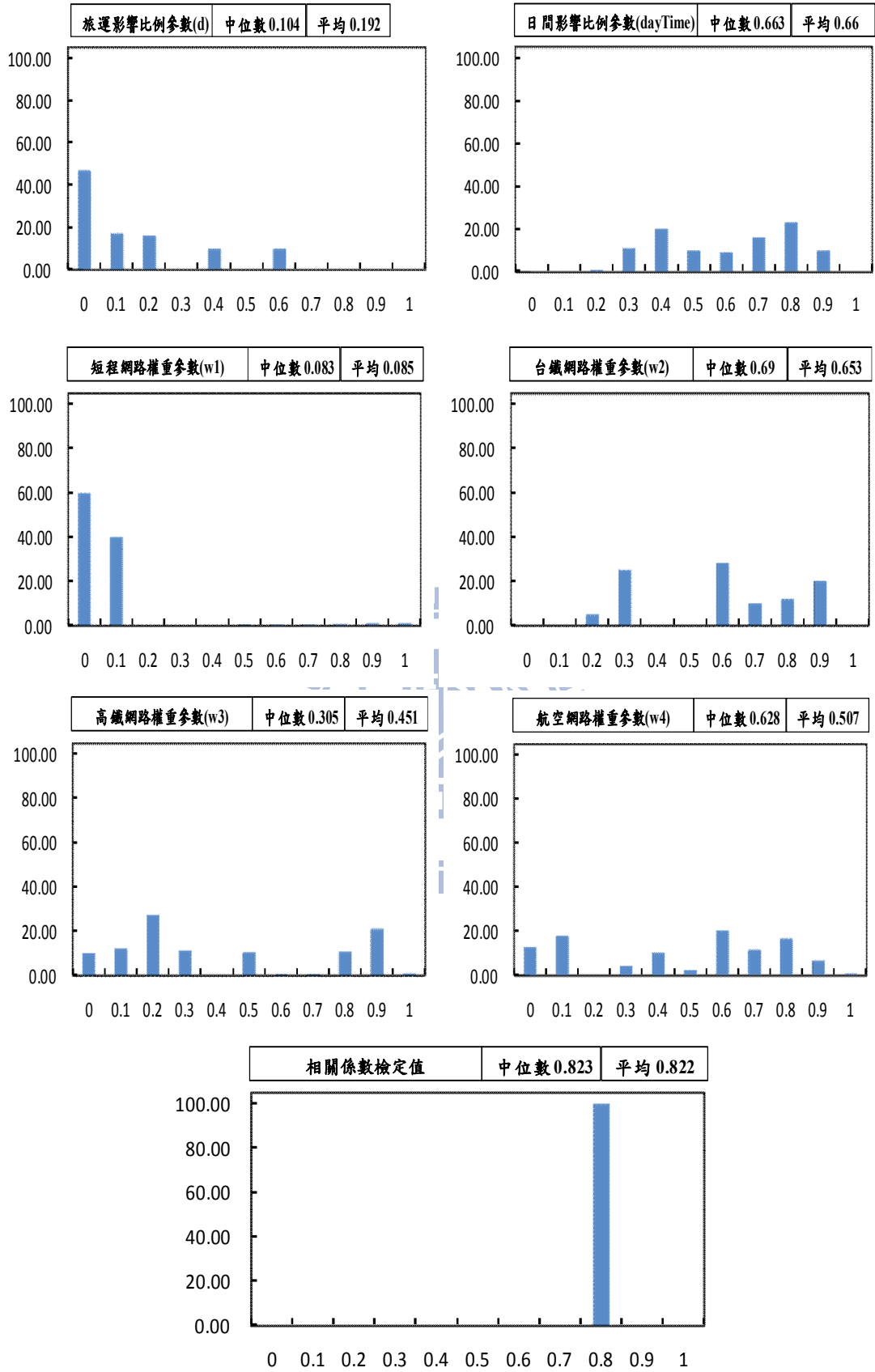


圖 D-2 實驗五- 2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_原始縣市規模

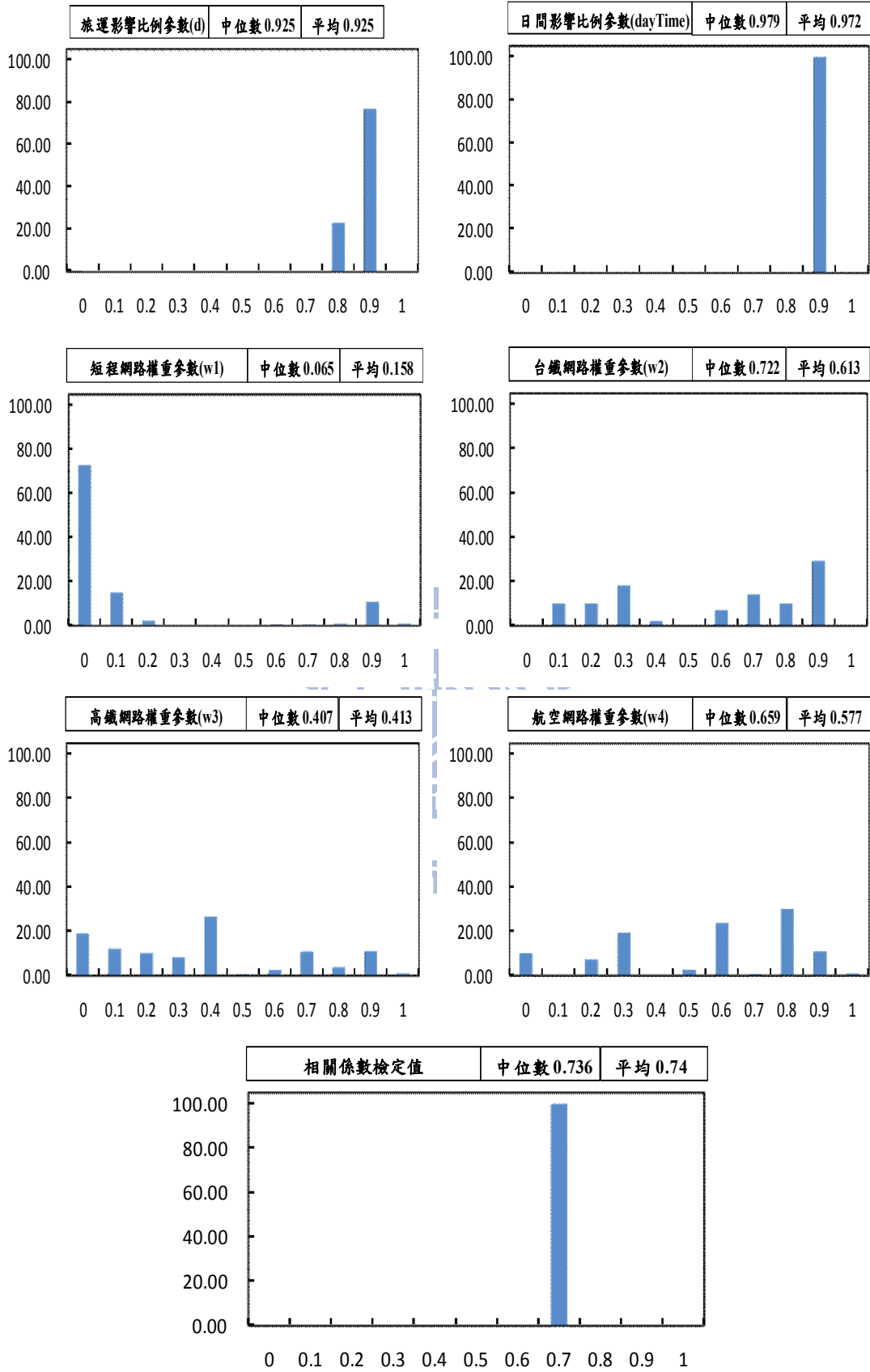


圖 D-3 實驗五- 2001 年 71 型腸病毒染色體參數分佈_可縮放縣市規模

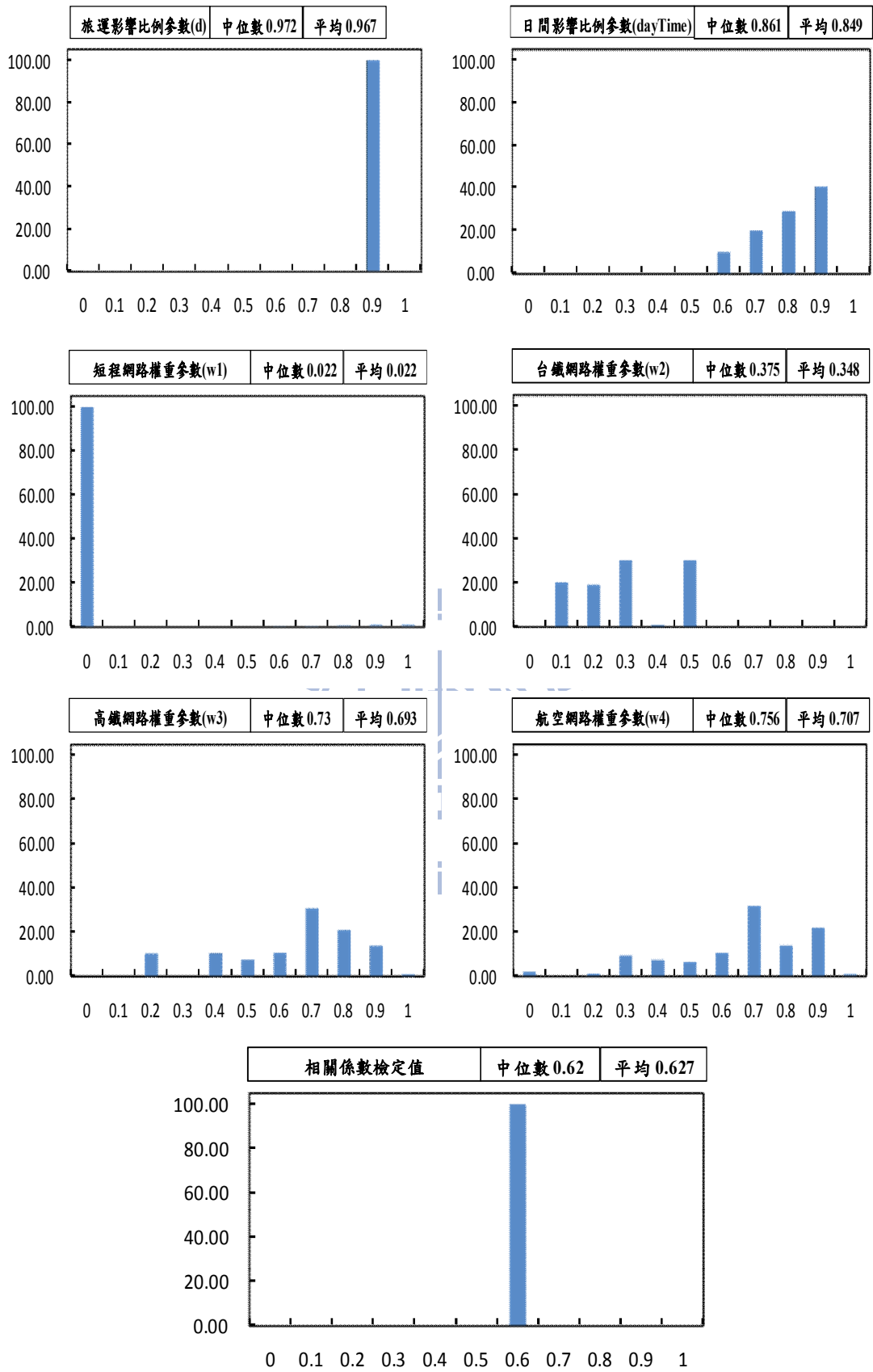


圖 D-4 實驗五- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_鄉鎮市規模

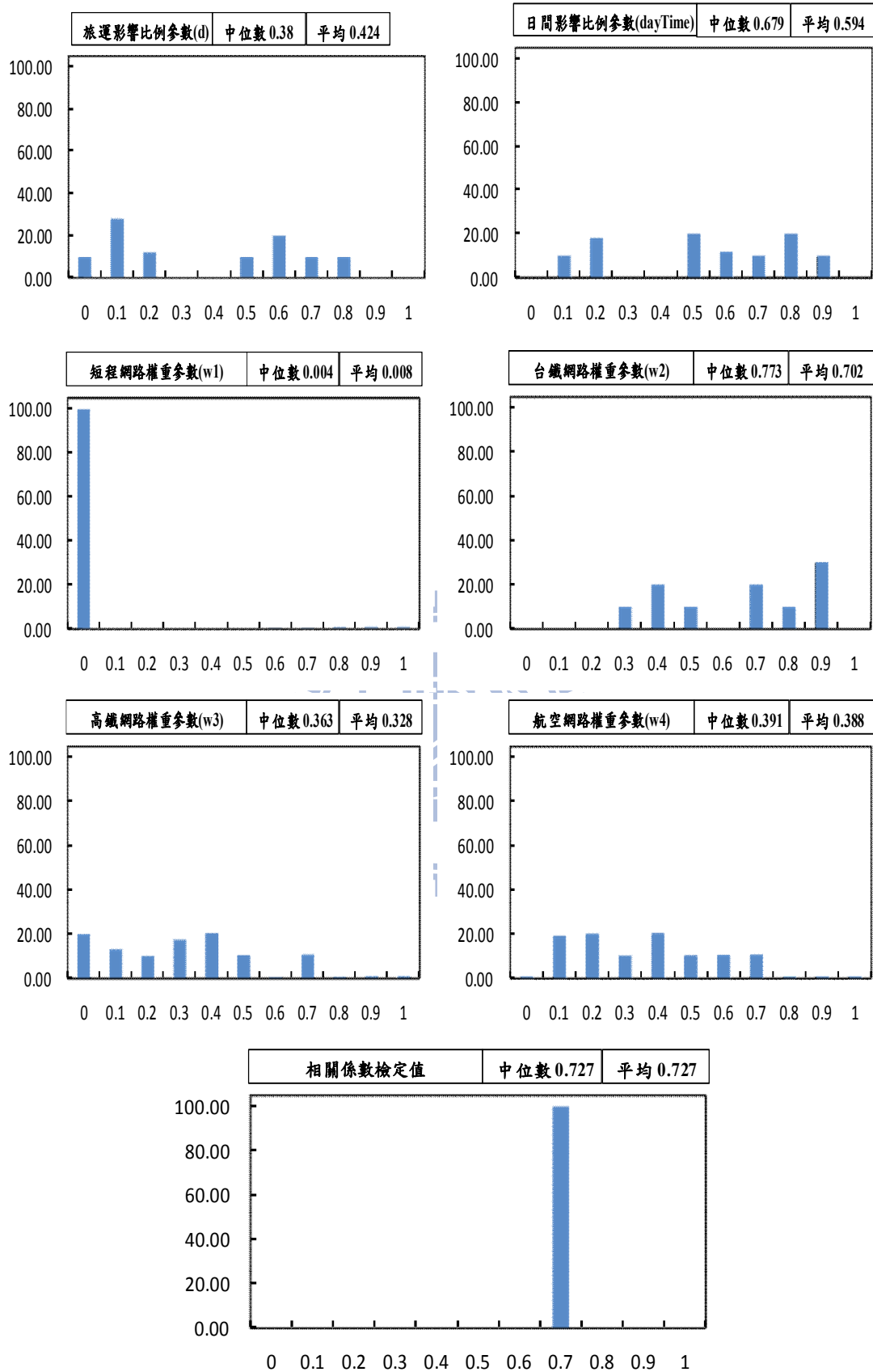


圖 D-5 實驗五- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_原始縣市規模

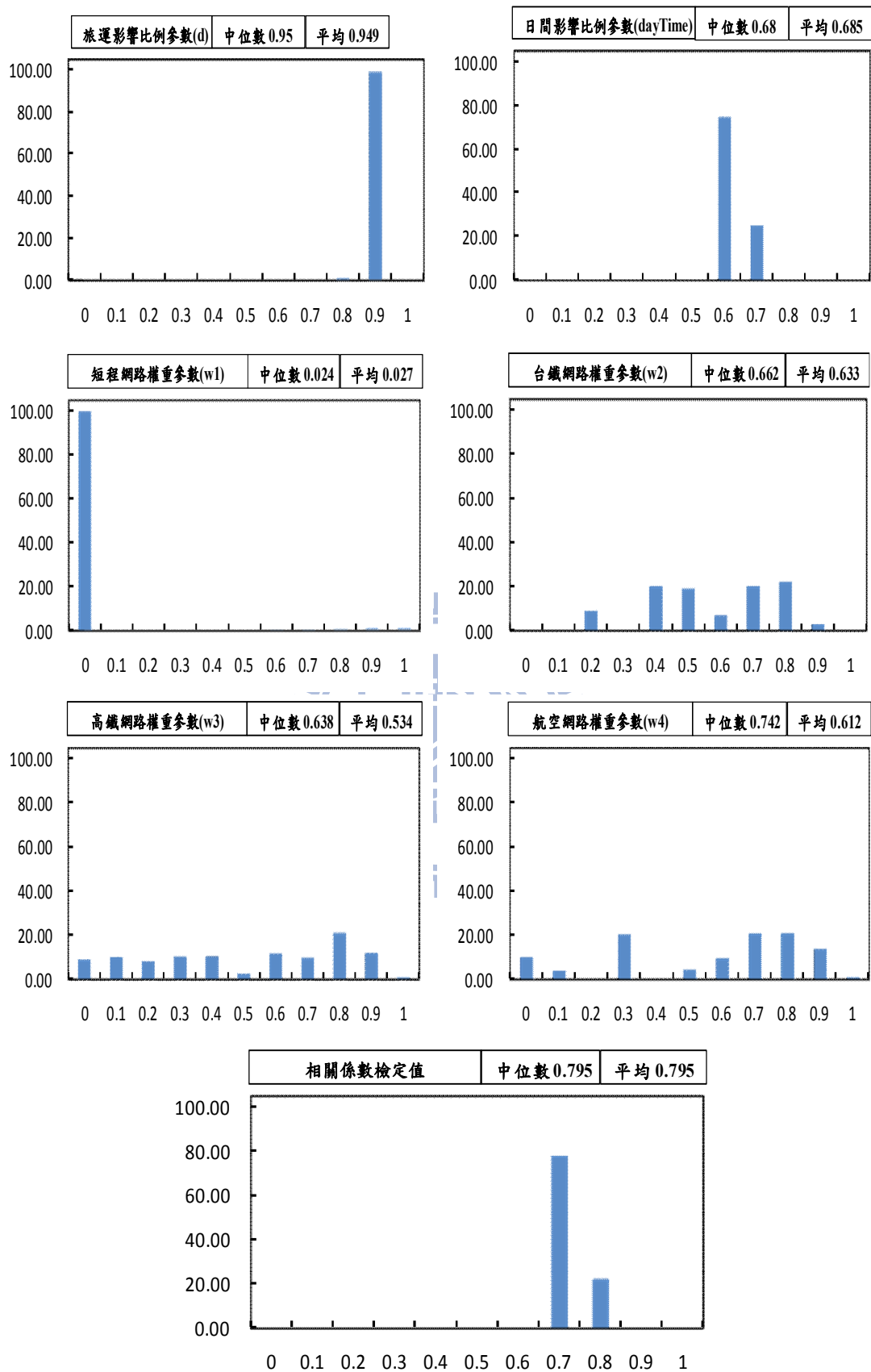


圖 D-6 實驗五- 2009 年 H1N1-A 型流感染色體參數分佈_可縮放縣市規模