

國立臺灣大學理學院地理環境資源學系



碩士論文

Department of Geography

College of Science

National Taiwan University

Master Thesis

利用國際旅客量與境外移入病例推估疾病來源國的

疫情趨勢：以東南亞登革熱疫情為例

Estimating epidemic trends of source countries through
international travel and imported cases: a case study of
dengue in Southeast Asia

杜承軒

Chen-Hsuan Tu

指導教授：溫在弘 博士

Advisor: Tzai-Hung Wen, Ph.D.

中華民國 110 年 8 月

August, 2021

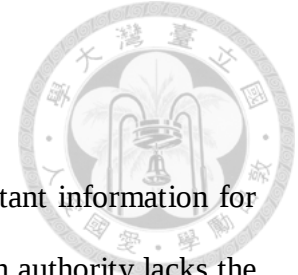
中文摘要



目標：完整疫情資訊對防治跨國傳染病相當重要，但衛生機關對於跨國的境外疫情即時掌握能力有其侷限性。本研究目標透過境外移入病例及國際間移動量，探索疫情傳播輸出國及輸入國之間的量化關係，推估疾病來源國的疫情趨勢，以提高對於境外疫情資訊的掌握。**方法：**本研究以登革熱在東南亞國家傳播至臺灣為案例，透過流行病學數理模式與機率分配之假設，建立來源疫情回推模型 (REDOS)，分析星馬兩國 2014 年至 2017 年實際疫情進行驗證。**結果：**研究結果說明境外移入病例數量與來源國疫情與國家之間移動量呈現正比之關係。透過驗證結果顯示，利用境外移入病例及國際旅客量能有效地捕捉來源國的疫情趨勢，以餘弦相似性及混淆矩陣等指標評估推估疫情與真實疫情，大多都能達到 0.8 以上的相似性及較高的準確度。並藉此能進一步評估疫情潛在移入國之未來境外移入風險，作為疫情爆發的早期預警。本研究亦開發網頁平台，提供互動式操作及雲端計算，呈現視覺化回推結果及風險評估。**結論：**本研究從疾病移入國家受到境外病例的角度，理解疫情資料不開放之疫情移出國家的真實疫情趨勢，研究成果強調主動蒐集，對於較困難掌握疫情情報、非 WHO 會員國的臺灣有重要意義，亦能提供對於境外疫情資料不完整的情況下，在當地進行疫情的早期預警與提前因應。

關鍵字：登革熱、疫情分析、境外移入、移動率、風險評估

Abstract



Objectives. Capturing the overseas disease outbreaks is important information for epidemic early warning and disease prevention. However, the health authority lacks the effective platform for monitoring global epidemic information in time and space. The objective of the study is to propose a new method for estimating the epidemic trends in the foreign countries through international travels and imported cases.

Methods. Dengue fever in Southeast Asian countries was used as a case study. Integrating the imported cases in Taiwan and international travels from Southeast Asia, the mathematical model called “Reverse Estimation for Dengue Outbreaks in Source Countries (REDOS)” was built for estimating dengue incidence in Malaysia and Singapore from 2014 to 2017.

Results. Our results show that the model using international travels and imported cases can capture the epidemic trends of source countries. It can also further estimate the epidemic importation risk for destination countries. Cloud-based interactive dashboard is also established as the prototype of the epidemic early-warning system to visualize effectively disease outbreaks in time and space.

Conclusion. Our study demonstrates the feasibility of estimating epidemic trends of foreign countries through international travels and imported cases. In our dengue fever case study, the model framework provides insights on how dengue epidemics import to Taiwan and also how the epidemics export to other East Asian regions, and even whole world.

Keywords: dengue fever, epidemic analysis, disease importations, imported cases, international mobility, risk evaluation

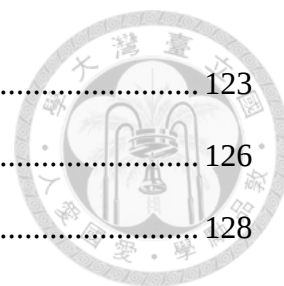
目錄



中文摘要.....	i
Abstract	ii
目錄.....	iii
圖目錄.....	vi
表目錄.....	ix
第一章 緒論	1
第一節 研究動機.....	1
第二節 研究目的.....	7
第三節 研究架構.....	8
第二章 文獻回顧.....	10
第一節 登革熱全球擴張與移動.....	10
第二節 登革熱境外移入風險評估	18
第三節 小結.....	23
第三章 研究方法與資料	24
第一節 研究流程.....	24
第二節 研究區與資料來源	27
一、研究區選定.....	27
二、資料來源.....	36
第三節 研究方法.....	40
一、來源國與目標國的傳播關係	41
二、REDOS 模型.....	43
三、驗證方法.....	50
四、境外移入風險預測	59

第四章 研究結果.....	60
第一節 資料描述.....	60
一、國際移動資料	60
二、臺灣登革熱境外移入病例	64
三、新加坡與馬來西亞當地登革熱疫情資料	66
第二節 假設性疫情推估	68
第三節 境外移入病例推估真實疫情	72
一、正規化疫情比較	75
二、時間序列的形態之相似性	77
三、疫情爆發時間偵測之正確性	79
第四節 時間窗格敏感性分析.....	86
一、REDOS 回推曲線	86
二、時間序列形態之相似性.....	89
三、疫情爆發時間偵測之正確性	91
第五節 未來境外移入風險評估.....	94
一、境外移入風險評估	95
二、未來移入病例時間預測.....	96
第六節 REDOS 網頁平台建置.....	100
一、臺灣與東南亞疫情	101
二、使用者自訂	106
三、SEIR 模擬	109
第五章 討論	113
第一節 REDOS 回推疫情的意義.....	113
第二節 假設性疫情與真實疫情推估比較	115
第三節 真實疫情推估差異	117

第四節 研究限制與建議	123
第六章 結論	126
參考文獻.....	128
附錄.....	132
附錄一、機率密度公式推導	132
附錄二、時間窗格敏感性分析之相似性表格.....	133



圖目錄



圖 1 亞洲地區新型流感 (H1N1) 移入病例之日期	2
圖 2 研究流程圖	8
圖 3 全球登革熱發生位置地圖	11
圖 4 通報至 WHO 的登革熱病例數 (1990 年~2015 年)	12
圖 5 最冷月月均溫 10°C 等溫線與近十年新爆發疫情地區之地圖	12
圖 6 推估適合斑蚊生存的地區	13
圖 7 登革熱發生地區與風險推估.....	14
圖 8 影響埃及斑蚊與白線斑蚊最主要的三個因子指標.....	15
圖 9 研究方法架構圖.....	24
圖 10 研究流程圖.....	26
圖 11 臺灣 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖	29
圖 12 日本 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖	29
圖 13 南韓 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖	30
圖 14 臺、日、韓三國 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖	31
圖 15 臺、日、韓三國 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家之長條圖	31
圖 16 東南亞國家 2014 年~2017 年之來臺人次依居住地統計	32
圖 17 臺灣登革熱疫情趨勢圖 (2014 年~2017 年)	34
圖 18 原始網絡架構示意圖	42
圖 19 本研究之簡化網絡架構示意圖.....	42
圖 20 REDOS 模型示意圖。	43
圖 21 來源國家到目標國家的傳播模式。	43
圖 22 透過來源國疫情和移動率得到疾病境外移入時間分布	45
圖 23 透過境外移入時間和移動率反推來源國疫情.....	46
圖 24 滾動式回推估計示意圖	47
圖 25 傳染病 SEIR 模型示意圖.....	51
圖 26 星馬兩國至臺灣的每日班次數量 (2014 年~2017 年)	61
圖 27 星馬兩國至臺灣的每週班次數量 (2014 年~2017 年)	61
圖 28 星馬兩國至臺灣的每月來臺人次數量 (2014 年~2017 年)	63
圖 29 星馬兩國至臺灣的每日估計移動人次 (2014 年~2017 年)	63
圖 30 感染來源為新加坡的境外移入病例數 (2014 年~2017 年)	65
圖 31 感染來源為馬來西亞的境外移入病例數 (2014 年~2017 年)	65
圖 32 星馬兩國當地官方登革熱病例數 (2014 年~2017 年)	67
圖 33 透過 SEIR 模型與 NPP 過程得到之當地疫情與境外移出時間.....	68
圖 34 利用境外移入時間回推假設性疫情與驗證.....	69

圖 35 回推三種情境的假設性疫情與驗證	71
圖 36 透過臺灣移入病例回推星馬兩來源國當地疫情	73
圖 37 臺灣境外病例推估之當地疫情加總至以週為單位	74
圖 38 臺灣推估新加坡疫情與官方真實疫情比較	76
圖 39 臺灣推估馬來西亞疫情與官方真實疫情比較	76
圖 40 新加坡疫情爆發期偵測——以平均為閾值	80
圖 41 馬來西亞疫情爆發期偵測——以平均為閾值	80
圖 42 新加坡疫情爆發期偵測指標散布圖	83
圖 43 馬來西亞疫情爆發期偵測指標散布圖	83
圖 44 新加坡 2014~2017 疫情偵測指標比較	84
圖 45 馬來西亞 2014~2017 疫情偵測指標比較	85
圖 46 不同時間窗格之 REDOS 推估日結果	87
圖 47 不同時間窗格之 REDOS 推估週結果	88
圖 48 時間序列相似性受時間窗格變化折線圖	90
圖 49 隨時間窗格之新加坡疫情偵測折線圖	92
圖 50 隨時間窗格之馬來西亞疫情偵測折線圖	92
圖 51 回推特定日期疫情及移入強度	94
圖 52 七天內發生兩起移入病例的機率分配	95
圖 53 七天內發生多起移入病例之機率	96
圖 54 發生第三起病例的預測時間區間	97
圖 55 REDOS 回推 2014 年馬來西亞移入強度	98
圖 56 三個案例分別發生前三起病例的預測時間區間	99
圖 57 REDOS 平台首頁	100
圖 58 REDOS 臺灣與東南亞頁面：使用者介面	101
圖 59 臺灣與東南亞頁面：資料輸入	102
圖 60 臺灣與東南亞頁面：境外移入呈現	102
圖 61 臺灣與東南亞頁面：REDOS 回推結果	103
圖 62 臺灣與東南亞頁面：移入強度指標	103
圖 63 臺灣與東南亞頁面：未來移入風險評估	104
圖 64 臺灣與東南亞頁面：未來移入風險時間預測	105
圖 65 REDOS 使用者自訂頁面	106
圖 66 使用者自訂頁面：資料下載與上傳	107
圖 67 使用者自訂頁面：REDOS 回推結果	108
圖 68 使用者自訂頁面：REDOS 當地疫情驗證	108
圖 69 REDOS SEIR 模擬頁面	109
圖 70 SEIR 模擬頁面：SEIR 模擬	110
圖 71 SEIR 模擬頁面：境外移入模擬	111

圖 72 SEIR 模擬頁面：REDOS 回推結果與風險評估	112
圖 73 新加坡每週推估疫情、真實疫情與境外移入折線圖	119
圖 74 馬來西亞每週推估疫情、真實疫情與境外移入折線圖	120



表目錄



表 1 網路服務的傳染病監測系統.....	4
表 2 東南亞國家人均 GDP	33
表 3 東南亞國家資料開放程度排名.....	33
表 4 航空資料庫 Innovata 之原始資料（節錄）	37
表 5 整理後之國際航班資料表（節錄）	37
表 6 混淆矩陣示意表.....	57
表 7 星馬兩國來臺航班數量（2014 年～2017 年）	60
表 8 星馬兩國來臺人次數量（2014 年～2017 年）	62
表 9 臺灣登革熱由星馬兩國移入之病例數（2014 年～2017 年）	64
表 10 星馬兩國 2014 年～2017 年當地疫情統計之描述統計表	66
表 11 進行假設性疫情驗證之三種情境	70
表 12 推估曲線與真實曲線之餘弦相似性	77
表 13 推估曲線與真實曲線之距離函數值	78
表 14 推估曲線與真實曲線之 DTW 距離	78
表 15 疫情爆發期偵測量化指標——以平均為閾值.....	81
表 16 新加坡疫情爆發期偵測指標表.....	82
表 17 馬來西亞疫情爆發期偵測指標表	82
表 18 隨時間窗格之新加坡疫情偵測指標	91
表 19 隨時間窗格之馬來西亞疫情偵測指標	92
表 20 三個案例分別發生前三起病例的預測時間表.....	99
表 21 新加坡 2014 年～2017 年推估值驗證指標.....	117
表 22 馬來西亞 2014 年～2017 年推估值驗證指標.....	117

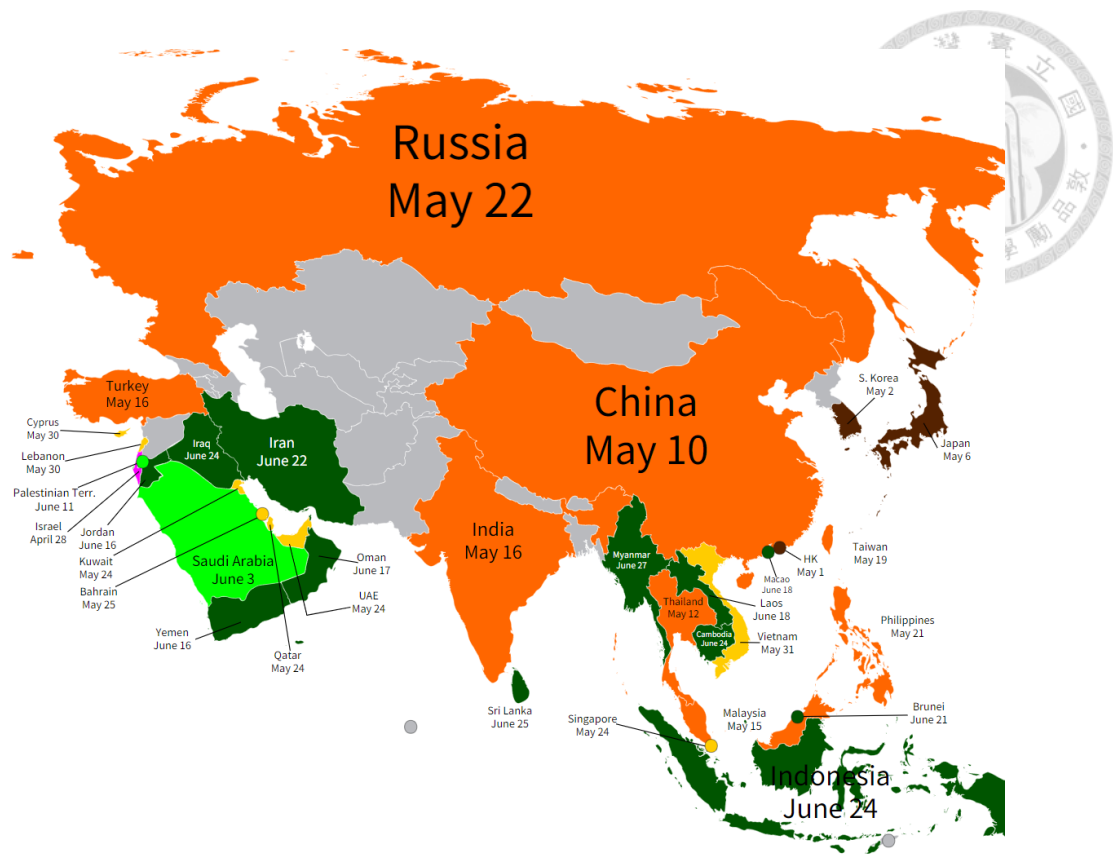


第一章 緒論

第一節 研究動機

全球化使國際間的交流更為頻繁，同時，傳染病隨著人為活動的興盛而蔓延的更加快速。國際之間往來密切使得各個國家都有被傳染的可能性，除了對健康造成危害之外，傳染病的爆發也可能嚴重衝擊經濟發展，或是造成日常生活型態的劇變。日漸緊密的交通網絡帶來更頻繁的接觸，成為國際間旅客傳播的關鍵，因此當鄰近地區或接觸頻繁的國家出現感染病例後，則會使本地的居民會更加擔心何時將會出現境外移入的個案，以及何時會出現本土疫情的流行。

二十一世紀以來，近二十年間全球發生許多嚴重的大規模流行傳染病，如 2002 年底從中國廣東開始蔓延的嚴重急性呼吸道症候群 (SARS)，在隔年二月造成香港爆發疫情後，隨即透過國際旅客散布全球，臺灣在 2003 年 3 月出現發現第一個 SARS 境外移入病例，而後在四個月內發生 346 例，並造成 73 人死亡 (衛生福利部疾病管制署 2018a)；2009 年新型 A 型流感 (H1N1) 的東亞疫情從五月初開始蔓延 (圖 1)，5 月 1 日香港出現確診病例，香港作為亞太轉運的樞紐之一，隨即成為東亞地區疾病擴散的熱區，而隔一週後在日本、韓國亦出現境外移入個案，進而在當月月底之前，中國、泰國、馬來西亞、臺灣、菲律賓等東亞、東南亞國家皆受到新型流感的威脅 (衛生福利部疾病管制署 2010)。因此對於區域防疫而言，周遭相關國家的病例狀況，對於區域內的境外移入風險是個警訊。



資料來源：JZTess (2009)

圖 1 亞洲地區新型流感 (H1N1) 移入病例之日期

回顧這兩、三年間的全球傳染病疫情，從 2018 年開始非洲豬瘟在亞洲地區迅速的擴張，從 2018 年在中國各省爆發與傳播，並擴張至亞太地區各國，在 2019 年 8 月以前，中國、蒙古、越南、柬埔寨、北韓、寮國、緬甸此七國已成為非洲豬瘟疫區，隨後同年 9 月，菲律賓、南韓及東帝汶則成為下一波受感染的三個國家（行政院農業委員會動植物防疫檢疫局 2019），而臺灣因應非洲豬瘟疫情，在各個機場、港口實施檢疫措施，而至今仍尚未出現病例。因此對於全球性傳染病，若能先得知境外移入時間與風險，則可儘早在機場、港口等出口實施檢疫措施，才有機會發生當地疫情之前加以攔截。除了非洲豬瘟之外，從 2019 年 12 月開始於中國武漢爆發的新型冠狀病毒肺炎 (COVID-19)，2020 年 1 月下旬時首次在中國以外的國家出現確診案例，而後三個月內全球累積確診病例數便已超過一百萬例，並被宣布為



國際公共衛生緊急事件，在不達半年的時間全球已經超過一千萬人感染，並在 2020 年年底達到八千萬人感染，且疫情仍然持續成長中 (WHO 2020)。新冠肺炎疫情使得世界各地都受到許多影響，如許多國家停止實體上班上課，只能在家進行線上活動，甚至有些嚴重城市實施封城措施。各國政府也頒布了許多減少人為接觸的政策，包括居家檢疫、限制出入境以及旅遊禁令等，造成世界經濟的嚴重創傷，也導致日常生活方式的改變，如大型集會或跨國會議的取消或改為線上舉行，旅遊型態也受限於國內旅遊，甚至影響到許多產業被迫轉型、產生失業問題等等。透過新冠肺炎疫情的嚴重性，也凸顯世界各國疫情資料整合或公開的重要性，如果存在即時公開的疫情資料平台，便能在疫情發生時讓各國更快速應變，來減緩疫情對人類的危害。

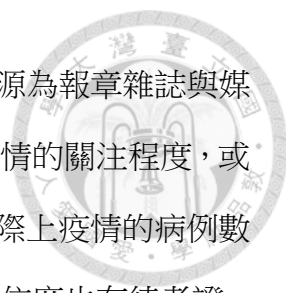
全球性的疾病監測系統並非近期才提出的想法，新興傳染病的出現與追蹤本來就是公共衛生關注的焦點，能夠早期發現並即時反應是對於疾病控制相當重要的，因此建立公開、全球性的疾病監測系統便是公衛學者的目標之一。Choi et al. (2016) 針對傳染病監測系統進行回顧研究，整理出許多網路疾病監測系統 (表 1)，然而觀察表 1 之各個監測系統，能發現資料取得並非都是公開的，若是非成員國則資料取用將受到限制，且各系統的服務區也不是皆涵蓋到全世界，再加上網路平台系統維護不易，在 2020 年時便有許多系統已經無法使用，如 BioCaster 及 EpiSPIDER 等已沒有持續營運。如以臺灣想取得國際疫情資料為例，受到地域範圍、資料取用限制以及系統維護等因素，目前只剩下 ProMED-Mail 及 Health Map 兩個平台能夠選擇，說明了維持全球疫情監測系統的困難與其諸多限制。

表 1 網路服務的傳染病監測系統

資料來源：改寫自 Choi et al. (2016)

疾病監測系統	主導國家	啟用年份	服務範圍	語言	資料開放程度	持續營運中(2020)
ProMED-Mail	美國	1994	全球	7 種	公開	是
GPHIN	加拿大	1997	全球	8 種	非公開	是
GOARN	多國聯合	2000	全球	英語等多國語言	非公開	是
MedISys	歐盟	2004	歐盟國家	43 種	非公開	是
EpiSimS	美國	2005	美國	英語	非公開	是
BioCaster	日本	2006	亞太地區優先	8 種	公開	否
EpiSPIDER	美國	2006	北美洲、歐洲、澳洲、亞洲	英語	公開	否
Health Map	美國	2006	全球	5 種	公開	是
Google Flu Trends	美國	2008	28 個國家	39 種	公開	否
GET WELL	瑞士	2010	瑞士	瑞士語	非公開	是
Influenzanet	歐洲	2008	荷蘭、比利時等 11 個歐洲國家	10 種	公開	是

然而現存的全球性疾病監測系統仍有其不足，以現仍運作中的疾病監測系統為例，ProMED (Program for Monitoring Emerging Diseases) 作為資料開放的世界性新興傳染病監控計畫，透過網路來大量蒐集世界疾病案例，來捕捉傳染病的發生 (International Society for Infectious Diseases 2019)，但在理解完整疫情的面貌上，仍然存在其缺陷。ProMED 目的在於整合世界各地之疫情資料，即時發布傳染病爆發的位置與相關文章，能初步得知世界疫情爆發時間，然而疾病監測系統多只能得知有疫情的發生，雖能夠明確捕捉到疫情初發的時間，達到即時告知的作用，但對於疫情長期的監測的資料較為缺乏，也無法得知疫情的持續時間與強度，疫情期間內每日有多少新增病例數等，且資料呈現為疫調文本的形式，較無系統性的表格式資



料，也導致資料運算與介接較為不便。另外，ProMED 的資料來源為報章雜誌與媒體，並非較正式的疾管單位，反映出來的資訊較代表當地對於疫情的關注程度，或許能夠作為疫情的預警作用，而在推估真實疫情的目的上，與實際上疫情的病例數是否成正比的關係則有待商榷，對於資料來源作為疫情資料的可信度也有待考證。

由上述可知，傳染病疫情的特徵，如疫情在當地的盛行率等流行病學的重要指標，較難以直接從開放疾病監測資料取得，因此對於流行地區疫情嚴重程度仍須透過國家官方的疾管單位取得，便會牽涉到疫情流行國的疾病調查水準，以及各國之間疫情資料是否公開透明之狀況的限制。如 2020 年新冠肺炎疫情，雖然各國在政策上即迅速控制航班與禁止入境，但在時間上仍然不及疾病傳染的速度，因此仍造成許多國家本土傳播的發生。此事件也反映出疾病流行國如果不能即時掌握當地疫情狀況，對於鄰近國家甚至是全世界都會造成疾病傳播的威脅。

對於疾病流行國周遭的其他國家來說，知道疾病流行國的疫情現況，能夠預先擬定相關政策，在疫情期間使兩地區人民的交流減少，達到傳染病的防治。然而各個國家的疾管單位，受到國家資源的差異，對於傳染病監測和防治有能力上是不均等的，因此即時蒐集全國各地疾病通報資料，可能對於某些國家較有難度，便可能導致全球疫情資料的缺乏與不完整。另外，亦可能面臨到兩國之間沒有合作關係，缺少分享各自的疫情情報，也會導致無法得知疾病流行國的疫情現況。

不過，境外移入的病例數量能夠反映出疾病移出國的疫情動態變化 (Nakamura et al. 2012; Yuan & Nishiura 2018)，因此如果能從疾病移入國的境外移入病例數量來反推疾病流行國的疫情狀況，在疫情調查而言，將會簡化許多。對於傳染病監測能力較好的國家，透過對境外移入病例的調查，便能一次針對多個國家進行疫情的推估，而在疫情追蹤方面，透過機場等關口檢疫及入境後續資料掌握等



方式來追蹤旅外歸國遊客，比起調查全國各級醫療衛生單位來說，應該能降低更多成本，且能不受到國際間資料合作的限制，可以主動掌握各國疫情大致的趨勢，也能釐清移出國當地疫情與境外移入數量的量化關係。因此本研究期望透過觀察境外移入病例數，來推估疾病流行國的疫情狀況。

登革熱作為一熱帶疾病，在熱帶國家如東南亞、中南美洲等地區已經成為地方流行疾病 (endemic) (衛生福利部疾病管制署 2018b)，然而透過全球旅客的移動，將登革熱病毒傳播到世界各地，產生各國的境外移入病例。由於登革熱傳播的方向性明確，非地方流行地區的移入病例的來源大多是地方流行的熱帶地區，在研究上能便於捕捉起訖關係，且許多研究指出，許多非登革熱地方性流行地區爆發本土疫情，是被往返熱帶國家的旅客將登革熱病毒帶入，而造成當地的傳染 (CDC 2019a; ECDC 2018; Semenza et al. 2014; Yuan & Nishiura 2018)。如能釐清登革熱在國際間傳播的量化關係，對於登革熱移入風險也能有所理解，進而預防本土傳染疾病爆發的發生。

因此本研究選擇登革熱作為疾病的研究的對象，觀察登革熱在地方流行的來源國家與有移入風險的目標國家之間之傳播關係，透過量化的方式來評估登革熱在來源國家的疫情狀況，及目標國家未來的移入風險。

第二節 研究目的

境外移入對於非地方流行地區扮演驅動本土疫情的重要角色，而境外移入病例數也與來源國家疫情嚴重程度及來源國與目標國兩者之間的互動程度有關，然而現有的開放疫情監測資料無法捕捉疾病盛行率等疫情資訊。

本研究目標利用疾病管制署對登革熱境外移入的病例數，整合各個地方性流行國家的疫情發生時間，並透過航空網絡建立國與國之間的接觸率，首先推算地方性流行國家的疫情嚴重性，繪製出來源國家的本土疫情狀況，來補足詳細疫情資料缺乏的問題。進而預測非地方性流行地區的可能境外移入時間，作為區域防疫資源整體的決策參考，以即時制定有效的防疫措施。

第三節 研究架構

此研究整體之研究架構如圖 2。

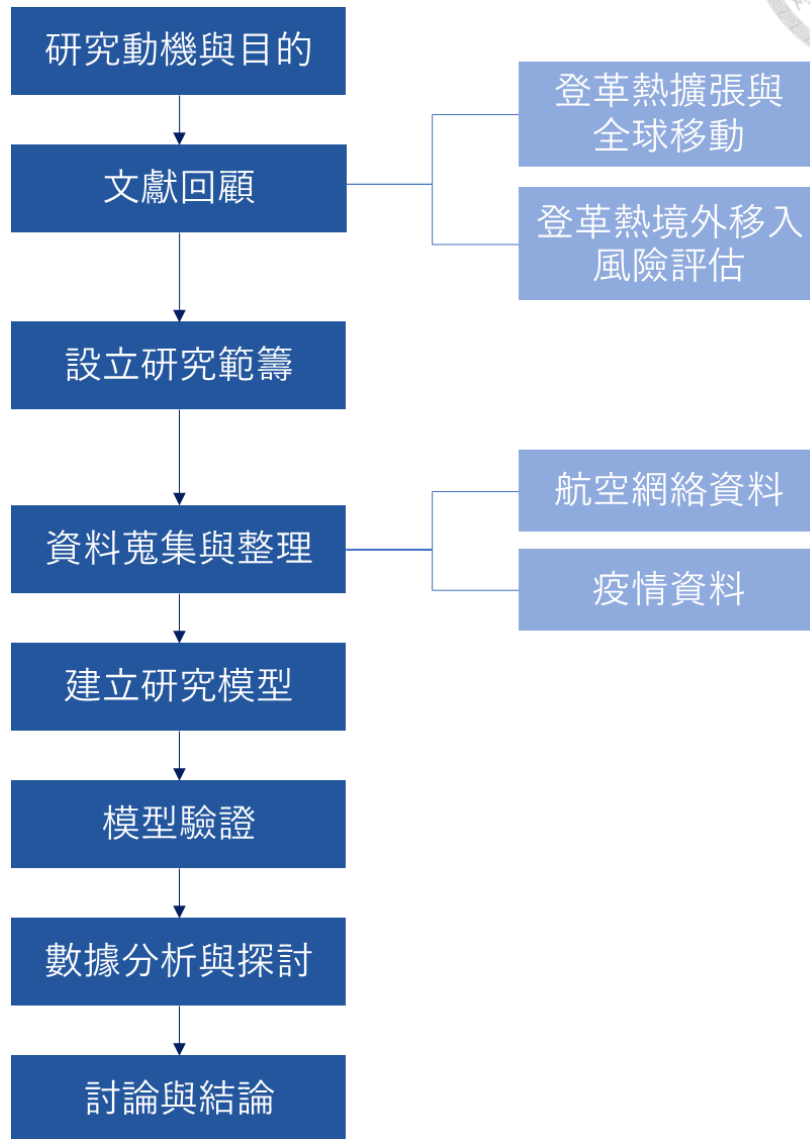


圖 2 研究流程圖

一、研究動機與目的

針對本研究題目，介紹全球疫情現況趨勢、疾病監測系統的不足，以及選擇登革熱為研究案例的理由，說明進行此研究之動機，以及預期達成的目的，同時也闡述本研究之重要性。



二、文獻回顧

回顧過去與本研究相關之文獻，整理具參考價值或是啟發性之過往文獻，以作為後續分析時的基礎及參考。主要涵蓋兩大類主題——「登革熱全球擴張與移動」與「登革熱境外移入風險評估」。

三、設立研究範疇

設立此研究之對象與範圍。定義此研究進行時的研究標的，以及研究區域的空間與時間範疇，並說明選取此研究範疇的重要性其代表性。

四、資料蒐集與整理

蒐集並整理臺灣衛生福利部疾病管制署的登革熱境外移入之資料、Innovata 國際航班資料、交通部觀光局來臺旅客資料，選定 2014 ～ 2017 年期間的資料進行篩選，並整理新加坡與馬來西亞兩國的疫情開放資料，以進行模式建立和驗證。

五、建立研究模型

發展研究假設，探討疫情從地方性流行區傳播至非流行區的關係，建立研究模型，並將前述資料整合進模式，來推估國際疫情與境外移入時間的關係。

六、模型驗證

建立模型之後，透過外部驗證資料，使用不同國家、不同年份的資料來進行驗證，來檢視模型對於境外移入時間的結果是否吻合。

七、數據分析與探討

若模型驗證無問題，則可以理解當地疫情與航空網路傳播之關係，進一步透過即時國際疫情資料，來進行東亞地區境外移入的預警。

八、討論與結論

經由最終的研究結果，提出本研究在實務上、學術上所具有的貢獻，並討論研究限制，提供未來相關領域研究缺口之參考依據。

第二章 文獻回顧

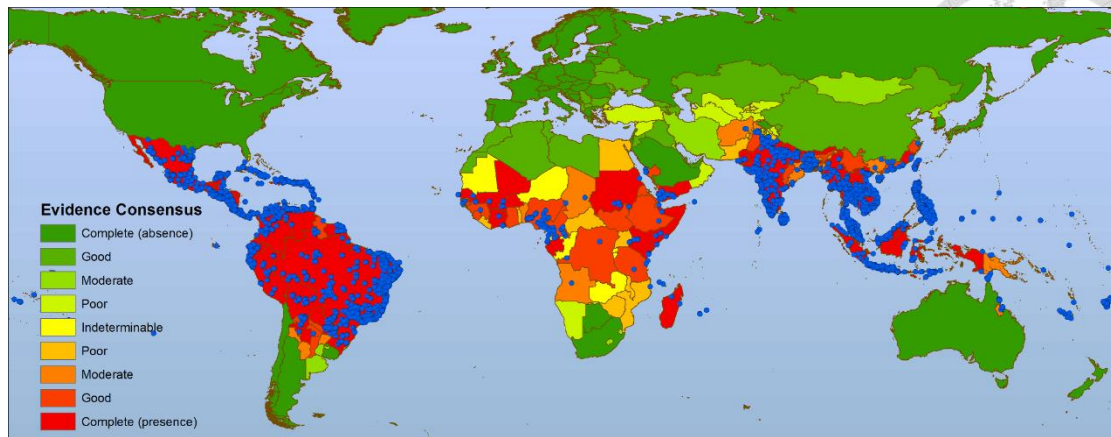


本研究欲探討登革熱在國家之間傳播的模式，透過人口在航空網絡的移動中，串連國家與國家之間的交流程度，進而推估境外移入的風險及時間。因此，在此文獻回顧的部分，主要會針對「登革熱全球擴張與移動」以及「登革熱境外移入風險評估」兩大主題的文獻，分別進行分段回顧。

第一節 登革熱全球擴張與移動

本節首先針對登革熱此疾病進行初步的理解，透過過去研究來捕捉登革熱在全球分布及擴張的現象，並探究造成登革熱分布的成因及傳播狀況。

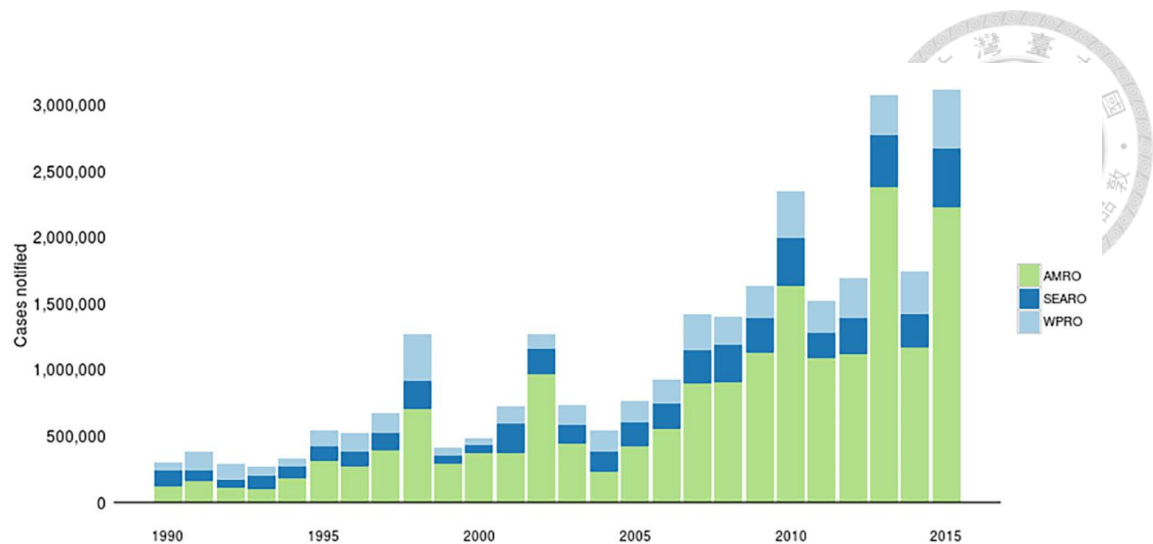
登革熱是透過蚊媒傳播的全球性傳染病，主要傳播媒介為埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*) 與白線斑蚊 (*Aedes albopictus*) (WHO 2019)。全球發生登革熱疫情的地區，主要分布在熱帶與亞熱帶地區，包括東南亞、南亞、中南美洲、非洲及大洋洲等地區 (衛生福利部疾病管制署 2018b; WHO 2019)。在部分東南亞及中南美洲國家，登革熱已成為地方性流行病 (endemic) (衛生福利部疾病管制署 2018b)。Brady et al. (2012) 整理並評估過去各國疫情資料，產生以國家為單位的全球登革熱地圖，研究呈現出世界上有 128 個國家有曾出現登革熱的證據 (圖 3)，圖 3 中地區著色是依照過去登革熱報告的證據，顏色傾向紅色代表有登革熱存在的證據，反之，顏色傾向綠色代表現今證據認為該地目前仍無登革熱疫情，同時也表示有 39 億人——約為世界人口的一半——面臨登革熱感染的風險。



資料來源：擷取自 Brady et al. (2012)。

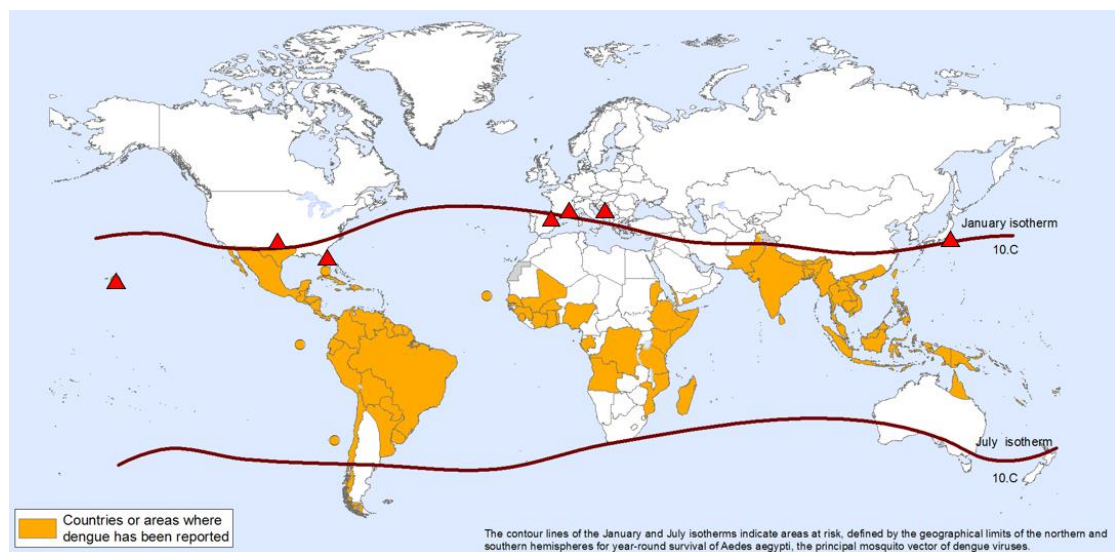
圖 3 全球登革熱發生位置地圖

近幾十年來，登革熱在全球的發病率急遽上升 (圖 4)(WHO 2019)，圖 4 中數值高低代表通報病例數，不同顏色為不同地區。在 Brady et al. (2012) 的研究中，美國、歐洲全境與日本境內原為無本土疫情地區，然而，在美國境內，從 2013 年開始，先後在德州 (2013 年)、佛羅里達州 (2013 年)、夏威夷州 (2015 年) 等地爆發本土登革熱疫情 (CDC 2019b)；在歐洲地區，近十年以前極少發生當地傳染，最近期一次是出現在 1920 年代的希臘 (Semenza et al. 2014)，然而，2010 年在法國南部及克羅埃西亞發現本土病例，是近年以來歐洲境內首次出現當地傳播，隨後幾年之間，法國南部在 2013 年至 2015 年以及 2018 年陸陸續續發生本地傳播疫情，而鄰近的西班牙也在 2018 年發現本土病例 (ECDC 2018)；東北亞在近十年間亦有新的疫情發生，日本境內在 2014 年也在發生近七十年以來首次的當地傳播 (Yuan & Nishiura 2018)，造成東京都內共 160 人感染登革熱 (Ministry of Health, Labour and Welfare, Japan 2016)。由上述新爆發疫情的地區，能觀察到登革熱在近十年間，疫情逐漸從熱帶、亞熱帶地區，擴張到美國南方、南歐地中海沿岸地區與東北亞等地。在北美洲、歐洲、東亞三個區域逐漸往北推進。將新爆發疫情繪製在地圖上也能發現，新疫情的區域與一月月均溫攝氏 10 度的等溫線能夠相互擬合 (圖 5)，說明北半球的疫情逐漸往北擴張中。



資料來源：擷取自 WHO (2016)。

圖 4 通報至 WHO 的登革熱病例數（1990 年～2015 年）

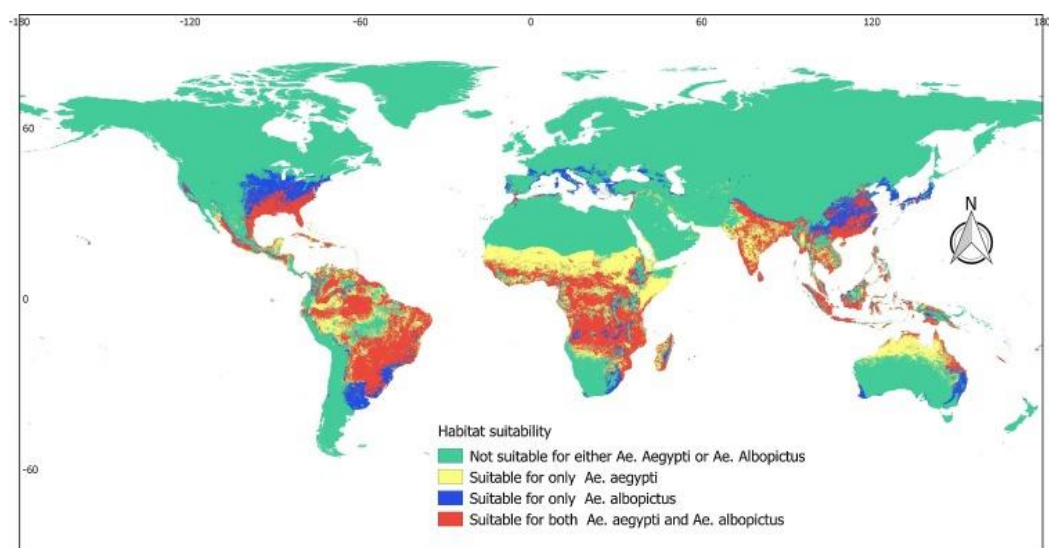


資料來源：底圖擷取自 WHO (2014)。紅色三角形為近十年新爆發疫情地區。

圖 5 最冷月月均溫 10°C 等溫線與近十年新爆發疫情地區之地圖

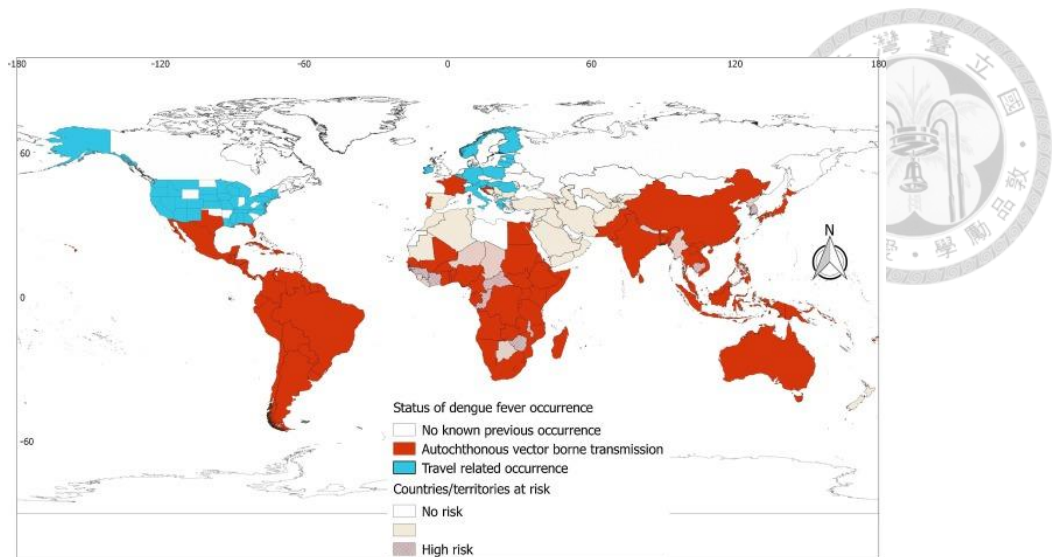
面對全球登革熱疫情的升溫與擴張，越來越多的研究想理解登革熱在全球傳播的風險分布。Leta et al. (2018) 繪製埃及斑蚊與白線斑蚊為媒介之疾病的全球風險地圖，整合斑蚊棲地與疾病分布的資料，透過地理運算定義出各國風險指標，先

推估適合斑蚊的棲地，再透過各個蚊媒疾病資料來推估感染風險。從適合斑蚊分存的地圖（圖 6）來觀察，紅色部分為同時適合埃及斑蚊與白線斑蚊生存之地區，藍色、黃色則分別代表適合白線斑蚊、埃及斑蚊之地區，綠色部分則皆不適合斑蚊生存。能發現美國東部、南歐地中海區域以及東北亞如日本與韓國，以及中國長江流域，皆是適合埃及斑蚊或白線斑蚊的棲地，相較埃及斑蚊，白線斑蚊又更能深入至更北方的地區，適合棲息的範圍更廣。由 Leta et al. (2018) 推估的各國登革熱感染風險地圖（圖 7），紅色地區代表曾有本地傳播的本土疫情，藍色則是曾出現旅行導致的境外移入病例，對於無資料或無證據地區則推估登革熱境內感染的風險。可觀察到美國境內的德州與佛羅里達州與歐洲內的法國、克羅埃西亞、葡萄牙已經建立了當地的媒介傳播，說明登革熱可能在未來在美國與歐洲繼續傳播，由蚊媒資料加上過去旅行相關的登革熱病例，美國東半部以及與地中海接壤的南歐國家對於未來發生登革熱本土疫情的可能性相對較高。而韓國尚未出現本地疫情，卻也是未來有可能發生當地疫情的高風險國家，從種種跡象都能觀察到登革熱疫情從熱帶、亞熱帶地區逐漸向北擴張。



資料來源：擷取自 Leta et al. (2018)

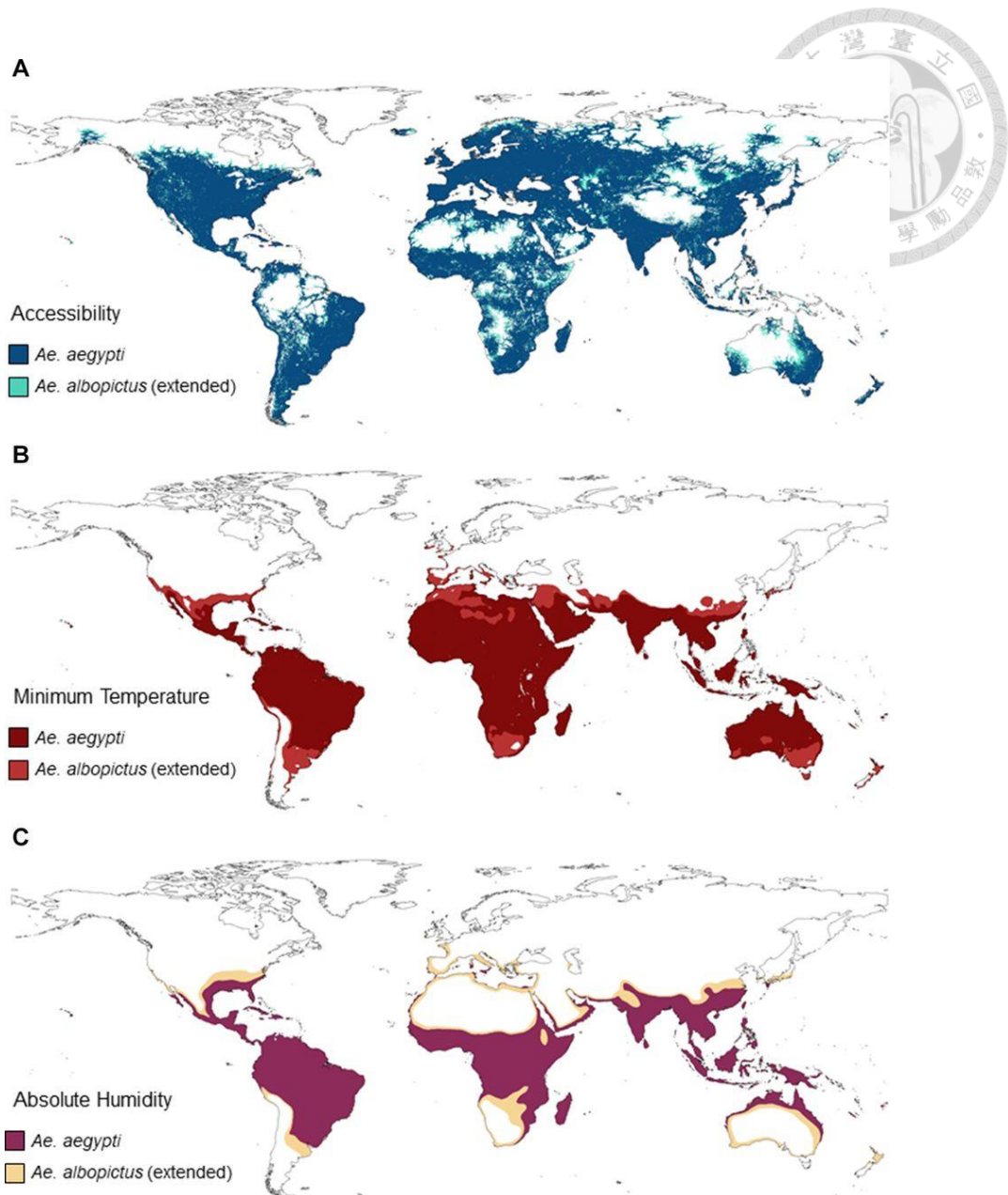
圖 6 推估適合斑蚊生存的地區



資料來源：擷取自 Leta et al. (2018)

圖 7 登革熱發生地區與風險推估

除了理解登革熱在全球各國的風險之外，亦有研究欲探討蚊媒棲地分布的成因。Dickens et al. (2018) 透過機器學習的方法，來探究埃及斑蚊與白線斑蚊在全球分佈的環境和人為因素，建模找出各項因子與斑蚊分布的關係。此研究發現可達性 (accessibility)、年最低溫度 (annual minimum temperature) 和絕對濕度 (absolute humidity) 是三個最強的預測因子 (圖 8)。三張地圖分別代表三個因子的分布範圍：首先是「可達性」——除了人口較稀少與交通難以到達的地區，如加拿大與俄羅斯北方、新疆與西藏、撒哈拉地區、亞馬遜盆地與澳洲中部，其他地方幾乎都滿足可達性的條件；「年最低氣溫」——最北界約落在北緯 30 度線之內，與最冷月均溫攝氏 10 度等溫線互相契合；「絕對溼度」——排除內陸及乾燥區域，沿海地區較適合斑蚊生存。



資料來源：擷取自 Dickens et al. (2018)。

圖 8 影響埃及斑蚊與白線斑蚊最主要的三個因子指標

(A: 可達性/B:年最低氣溫/C:絕對溼度)

綜合以上所述，可達性受到全球旅行或貿易，更加促進蚊媒移入的可能性；絕對濕度則限制了乾燥區域分佈，亦表示在沿海地區或水分充足的地區較適合此兩種斑蚊生存；而年最低溫度亦是重要的生物學指標，耐寒性能抑制斑蚊向北的分佈。

前者是人為因子，後兩者則是環境因子，透過這些因子找出斑蚊的棲地，就能進而理解登革熱或其他由斑蚊作為傳媒的疾病發生的風險。也說明全球各地旅行或貿易流動的流量增加，或氣候環境因子的改變，如全球暖化的趨勢等，都會造成斑蚊能適應的棲地擴大，提高各地登革熱發生的風險。

透過 Dickens et al. (2018)之研究，能夠理解人為的活動對於登革熱的擴張有推進的作用，且 Nunes et al. (2014) 及 Tian et al. (2017) 等探討登革熱傳播研究，也支持人類的航空移動是造成病毒傳播的因素之一。近幾十年來，全球航空旅行網絡大量擴張，交通量亦迅速地增加 (Tatem et al. 2012)。登革熱的全球分布擴大，一部分原因是全球化的交通和貿易所促成，頻繁的國際旅行會促進登革熱的全球蔓延 (Dickens et al. 2018; Semenza et al. 2014; Yuan & Nishiura 2018)。而造成非地方性流行地區出現本土疫情傳染的因素，和旅客國際間頻繁的往來，造成境外移入有關。從中南美洲和東南亞等地方病流行地區返回的旅行者，為登革熱境外移入的主要來源 (CDC 2019a)。近期發生的法國、美國、日本與西班牙的本土疫情，皆被認為病毒是從地方性流行地區，藉由已被感染旅客引入這些地區，進而造成登革熱病毒在這些國家內的當地傳播 (CDC 2019a; ECDC 2018; Semenza et al. 2014; Yuan & Nishiura 2018)。

境外移入對於本土傳染所扮演重要的角色，在當地環境適宜的情況，境外移入的病例會驅動本土的疫情的爆發 (Semenza et al. 2014; Shang et al. 2010; Wen, Tsai, & Chin 2016)。進一步考慮境外移入與本土傳染的時空關係，能發現考慮時間延遲效果後，境外移入可能是本土疫情流行的早期預警指標 (Wen et al. 2016)。因此，隨著全球人口頻繁流動，各地可達性提高，使得境外移入更容易產生，而登革熱境外移入在本土疫情甚至預警扮演重要的意義。而受登革熱病毒感染的旅客或感染的蚊子的移入，是傳播的必要因素，但非充分原因，還必須將病毒引入適合適當蚊

媒棲息的區域，除了境外移入的病例數量外，造成本地疫情爆發也和當地環境狀況等因素有關 (Semenza et al. 2014; Shang et al. 2010; Wen et al. 2016)。



因此在理解登革熱在全球的分布狀況及擴張的成因後，便開始進一步探究過去研究對於登革熱境外移入所關心的焦點與研究方法，來釐清航空旅行的數量或是全球航空網絡，與登革熱傳播之間的量化關係。



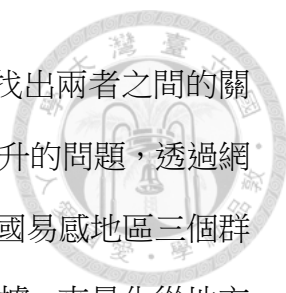
第二節 登革熱境外移入風險評估

本節對於登革熱境外移入的研究進行相關文獻的回顧，包括境外移入病例和本土疫情的關係，找出境外移入病例與旅行人次的相關性等研究，以及透過航空網絡來理解疾病的傳播模式。

帶有登革熱病毒的感染者，透過移動將疾病傳播到新地區，是常見疾病擴散的方式，然而過去仍未知受感旅客、氣候、病媒與當地登革熱的交互作用。Shang et al. (2010) 試圖研究登革熱境外移入與當地氣象，和臺灣本土登革熱的關係。透過迴歸模型，來確定不同時期，受不同的氣象因素影響之境外移入病例和本土疫情的關係。而研究發現，當地登革熱疫情的發生，與登革熱境外移入的時間之延遲有顯著的相關，以及溫度較高、相對濕度較低的氣象因子亦有關且也有時間延遲的作用。研究表明在適當的天氣條件下，境外移入的登革熱病例能夠引發本地疫情。因此若能盡早得知登革熱境外移入的狀況，則能對本地疫情的防疫做及早的準備。

而除了找出氣象因子之外，Wen et al. (2016) 進而去理解境外移入與本土疫情流行的時空關聯，以及當地不同社會人口狀況的關聯，透過建立擴散的起訖關係來捕捉擴散風險、傳播速度兩個概念。研究結果顯示，考量時間延遲，春季末期和初夏的境外移入，和當地疫情之間存在顯著的關係，且都市化水準也會影響傳播速度。因此，春末夏初的境外移入可能是當地登革熱流行的預警指標。

受到來自地方性登革熱地區的國際旅客空中交通量的增加，導致在地方病流行地區和其他地區登革熱病例的增加。因此研究開始關注境外移入病例數量與旅行人次的關係。



探討境外移入與旅客關係的研究，一部分研究使用迴歸來找出兩者之間的關係。Gardner et al. (2012) 研究歐美地區近十年來旅客感染數量提升的問題，透過網絡迴歸模型的方法，定義出地方性流行地區、歐洲易感地區與美國易感地區三個群體，使用國際旅客旅行量、旅行距離、推估的蚊媒分佈及感染數據，來量化從地方流行地區到歐洲、美國易感地區境外移入的風險，其重要性在於發現登革熱傳播的空間意義，能找出登革熱監控的最佳位置，如起源城市、目的地等，此概念能進而推估境外移入風險。

除了空間層面之外，時間層面上分析對於疾病管控及預警扮演重要的角色。Semenza et al. (2014) 欲理解歐洲登革熱境外移入數與航空旅客的關係，透過歐洲病例及各國逐月的航運旅客數量的資料，以境外移入的病例數作為應變數，每月從地方流行區域的旅客數量作為自變數，利用多層次混合效應迴歸 (multilevel mixed-effects regression)，以國家為層級，來分析歐洲各國不同時空下的境外移入風險。然而對於時間的理解僅停留在時間序列的前後關係，較於考慮季節性在一年之中的變化。

Yuan and Nishiura (2018) 亦考量境外移入與旅客之間的關係，但並非從迴歸的方法直接找出兩者的關聯性，而是透過流行病學的特徵，建立數學模型，來推估流行病學參數。此研究目的是找出登革熱無顯性感染的特徵，進而得知真正受登革熱感染的旅客數量，因登革熱病毒約有 80% 感染是無症狀的，然而未被偵測的感染者，亦可能造成疫情的風險。利用境外移入通報數、國際旅客統計與旅遊平均天數，以及血清陽性率等資料，來推估來源國家當地的感染風險，以及通報率，進而推算每趟旅程的感染風險。此研究指出，通報人數往往只是感染人數的冰山一角，因此在推估本地疫情時，未被偵測的感染者比例很重要。

除了考量單一國家的疾病移入與旅客流量關係之外，不斷擴大的全球航空網絡，在世界各地提供了快速而廣泛的聯繫，隨著近年航空旅行網絡的規模和複雜性急遽地增加，影響了人類的活動方式，從而導致了社會經濟，環境和流行病學的影響。

航空網絡的迅速擴展，使得越來越多將地方病媒介傳播的疾病與世界其他地區聯繫起來。航空網絡進而使透過媒介傳播的病原體移入和病媒入侵事件，對全球衛生系統造成威脅 (Huang et al. 2012; Tatem et al. 2012)。而對於直接傳播感染的疾病，在過去的文獻已有許多的研究，然對於航空接觸在媒介傳播疾病的動態過程作用，則相對較少。但隨著病媒傳播疾病的監測越來越廣泛，我們對病媒如斑蚊的全球分布，及其所攜帶疾病的分布或風險的空間地圖繪製能力也隨之提高，因此對於日益增加的航空旅行與病媒傳染病的關係能更進一步了解。

透過 Web GIS 的工具，能夠理解全球航空網絡與疾病傳播的關係，甚至能更容易視覺化展示。Huang et al. (2012) 建立一套網際網路地理資訊系統工具——透過媒介之傳染病在航空路線的移入風險 (VBD-AIR)，目標是幫助釐清機場和航班對於媒介傳播疾病在傳播時扮演的作用。透過蒐集全球疾病和媒介分佈的空間相關資料庫，以及氣象資料與航空網路資料，整合這些資料，來獲得透過航空旅行的境外移入等風險，並使用網際網路發布，讓使用者可以查詢動態查詢數據。

借助 VBD-AIR 工具，可以補足不同的資料庫，並將結果產生至網路地圖來呈現，以評估航空旅行網絡上媒介傳播的疾病擴散和現象，此工具能幫助決策者提供視覺化的航空旅行媒介傳播疾病風險的證據基礎 (Huang et al. 2012)。Tatem et al. (2012) 研究航空運輸持續擴展的全球趨勢及其對流行病學的影響，以蚊媒傳染病當作例子，透過迴歸預測病例數與空間資訊的方法，將地理空間訊息與空中交通資

訊相結合，來預測媒介傳播疾病移入和在當地建立疫情的風險。此研究最後整合至 VBD-AIR 之中，結合網絡運輸與疾病的空間訊息，能量化從流行地區移入至非傳染性地區的風險，提供了媒介傳播疾病監測與航空網絡的即時管理有初步的進展。

上述對於航空路線的研究，多討論航線來源與目的地的起訖關係，來建立傳染病傳播的空間分布資訊，而對於全球航運資料，受限於較缺乏整體航運流動的資訊，只能依靠小樣本或是對固定路線進行乘客乘載量的分析，對於全球國際間的旅客流量較難捕捉到詳細的樣貌。Huang et al. (2013) 建構國際間超過十萬人口的主要城市之機場之間的流動矩陣，在一般重力模型框架中，透過節點和路線特徵、城市人口、當地 GDP 等來估計航空運輸流量。進行驗證後，研究結果的預測範圍和真實資料的觀測值，有多數的樣本足以驗證的。因此對於機場與機場之間的流動量，對於缺少旅客數量資訊的資料，可以透過模型來估計出可能存在的客流。

國際航線除了出發機場與目的地機場之外，遠程的移動往往會包含轉機的行為，因此除了關心起訖之間的傳播關係，中間停留機場也有傳染登革熱的風險，Gardner and Sarkar (2013)，使用國際旅客旅行量、旅行路線、旅行距離、區域人口和埃及斑蚊和白線斑蚊分佈預測，基於航空網絡的連接關係，進行風險評估模型的結果，以機場為節點，來量化每個機場造成的旅客受登革熱感染的相對風險，評估交通流量對於中途停留（轉機）機場的造成的風險，以及入境旅客到達每個目的地機場的風險。

然而，過去對於航空網絡與全球傳染病疫情的關係，多直接找出疾病分布因子與流動的關係，且在意目標國家與來源地區的關聯性，較少討論到網絡傳播的特性，也較少從流行病學數理模式的角度出發來理解全球性的傳播。且過去對於全球的登革熱風險評估，在全球尺度的研究上，受限於各國疾病對於疾病通報資料品質的

限制，往往無法取得細緻的疫情資料，導致時間解析度多以年為單位呈現，忽略一年之中季節性、週期性的因素，但航空網絡的移動程度也會隨著時間如不同的假期，在一年之中產生不同的流動頻率。登革熱的興盛期間以及跨國旅行的頻率皆會受到季節交替而有很程度的差異 (Yuan & Nishiura 2018)，因此過去全球性研究多對於已發生的疫情或病例統計資料進行分析討論。



第三節 小結

本章首先回顧登革熱在全球的分布及移動狀況，理解登革熱疫情在病例數量及空間擴張的狀況，並探討其成因，能發現與人類的跨國移動數量的增加有相當大的關係，且境外移入對於本地傳染及爆發有很強的關聯，因此理解境外移入的風險實為重要的議題。

而第二節則探討登革熱境外移入的相關研究，例如透過時間序列及環境因子的相關性來觀察境外病例和本地病例的連結，以及利用迴歸模型及傳染病模型理解移入病例與旅行人次的相關性，或是透過 Web GIS 作為工具來理解航空網絡與疾病分布、傳播之間的關係。

然而，過去研究對於航空網絡與全球傳染病疫情，探討來源國家與目標國家的關係，也較少從流行病學數理模式的角度出發來理解全球性的傳播，且受限疾病通報資料品質，導致時間解析度多以年為單位呈現，因此過去全球性研究多對於已發生的疫情或病例統計資料進行分析討論。

因此本研究欲利用流行病學的數理模式之概念，透過即時境外移入資料的捕捉，來動態推估來源國疫情的嚴重性，進而對於疫情移入國對於傳染病的預警，來捕捉研究的缺口。

第三章 研究方法與資料

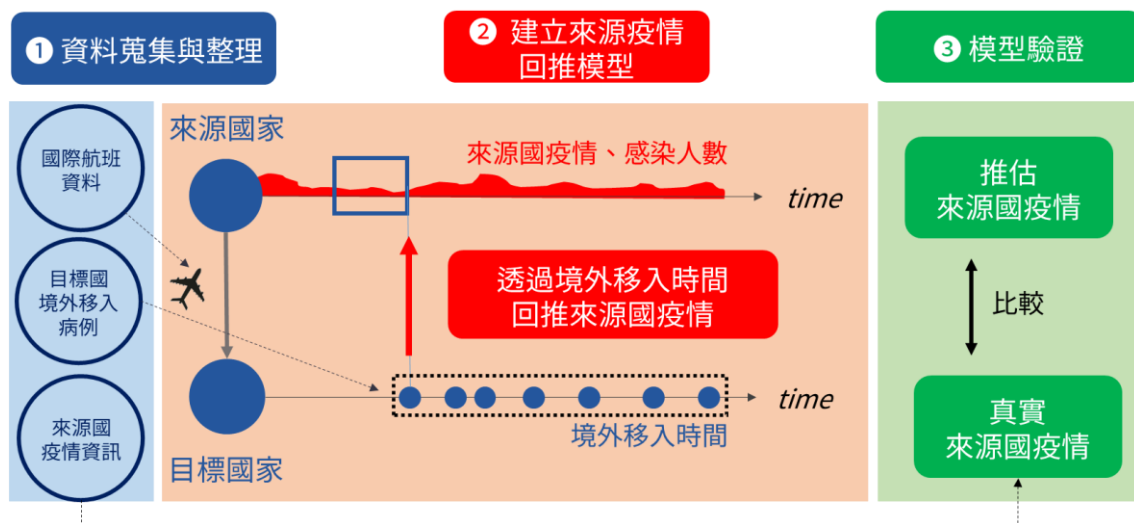


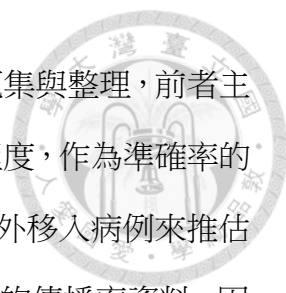
第一節 研究流程

本研究預計透過即時境外移入資料的捕捉，以動態式滾動推估來源國疫情的嚴重性，進而對於疫情移入國對於傳染病的預警，來捕捉研究的缺口。

在此研究中目的為建立來源疫情回推模型，稱之為 REDOS 模型 (Reverse Estimation for Dengue Outbreaks in Source Countries)，透過輸入境外移入資料，以及航空網絡與人口移動資料代表國與國之間的接觸率，利用這兩者的關係捕捉兩國之間的傳播強度，首先，先反推地方流行疫區的登革熱疫情強度，若是能成功推估來源國的疫情，便能進一步預測各個有境外移入風險之國家未來的境外移入時間。

為了理解國際疫情資料如何搭配國際移動資訊如航空網絡來建立來源疫情回推及境外移入風險模型，本研究在方法上主要分成會進行資料蒐集與整理、建立來源疫情回推之傳播模型，以及外部驗證。研究方法架構如圖 9。





首先，先針對登革熱來源國與目標國的疫情資訊進行資料蒐集與整理，前者主要用於後續驗證時，比對推估的來源國疫情與真實疫情的相似程度，作為準確率的判斷；後者為 REDOS 模型所必需之資料，需要輸入目標國的境外移入病例來推估來源國疫情。除了目標國之境外移入時間之外，也需要兩國之間的傳播率資料，因此需要兩國之間的航班數量及人口移動資料來進行推估。而對於來源國與目標國的選擇，則會在下一節中進行討論。

第二部分則是建立來源疫情回推之傳播模型，預計透過輸入之目標國境外移入病例及兩國的傳播率，能透過滾動式的方式進行反推，得到來源國的感染狀況。

第三部分，在建立模型後則需要進行驗證，透過推估值與真實值進行比較，來判斷模型推估的準確率。其中來源疫情回推方法及驗證方法則會在本章第三節中進行討論。

詳細研究流程圖如圖 10。需要收集之資料為境外移入時間序列資料、來源國與目標國移動資料，以及用於驗證的當地真實疫情統計資料。REDOS 模型中，需要輸入境外移入時間及移動資料之外，由於是以滾動式推估，需要設定資料推估的時間窗格，經過 REDOS 模型後可能到當地疫情推估值，如感染強度及移出強度。後續可搭配當地真實疫情資料進行模型，需先經過資料正規化，驗證方法則又分成整個時間序列形態之相似性及偵測疫情爆發時間正確度。得到當地疫情推估值後，便可以進行未來境外移入風險評估及時間預測。

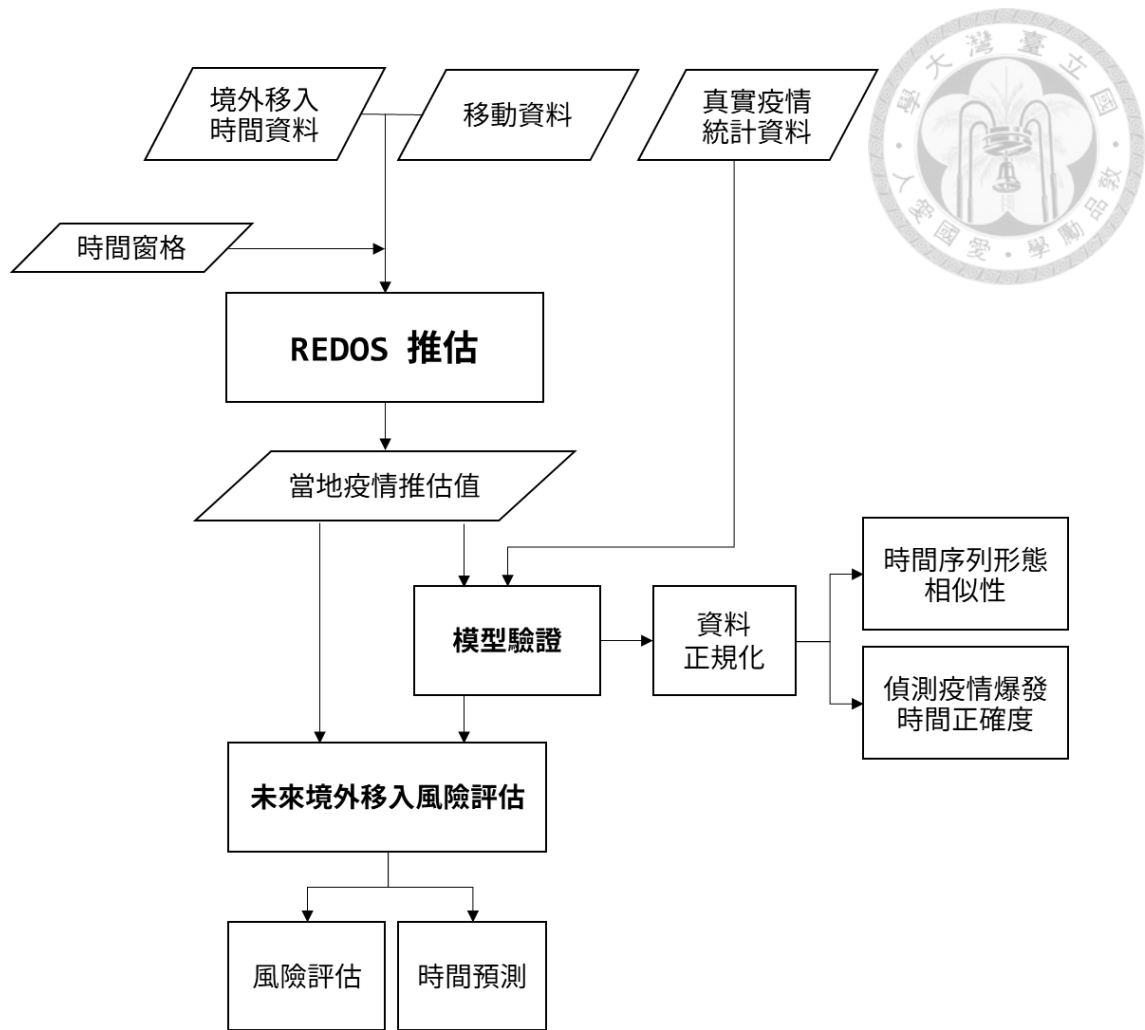


圖 10 研究流程圖



第二節 研究區與資料來源

一、研究區選定

(一) 空間範圍

前一章之文獻回顧中，探討全球登革熱分布的擴張，能觀察到近年間在空間分布上有逐漸向北移的趨勢，在東北亞地區，近十年間有新疫情發生的現象，甚至造成難得的本土爆發，代表亞太地區也面臨到登革熱疫區逐漸向北擴張的衝擊。而臺灣介於東南亞——登革熱地方流行，與東北亞——登革熱新興爆發之兩地區間，地理位置作為地方性流行國家與未來潛在感染國家之間，在整個亞太地區的登革熱傳播中，臺灣扮演重要的角色，處在疾病傳輸的中介位置。

臺灣在氣候帶上亦介於熱帶與亞熱帶的交界地區，亦是埃及斑蚊及白線斑蚊的良好棲地，因此若能得知境外移入風險，其意義能夠使臺灣爆發本土疫情的機率降低，或讓疾管單位能夠盡早防治，而使登革熱不會在臺灣成為地方性流行病。

臺灣在 2002 年、2014 年、2015 年爆發嚴重本土登革熱疫情，甚至在 2015 年爆發了超過 43,000 例登革熱病例，導致其中 228 人死亡（衛生福利部疾病管制署 2018c），而同緯度地區的香港、廣州近幾年也發生嚴重登革熱疫情。近年來，東南亞登革熱的嚴重程度，導致臺灣的移入病例增加，過去爆發嚴重本土疫情，亦是受到境外移入病例所驅動（衛生福利部疾病管制署 2018c）。因此理解臺灣境外移入是個重要的課題，亦能從臺灣從東南亞國家之間的傳遞關係，推廣至東亞其他非地方流行地區的境外移入風險。

而觀察臺灣近十年來法定傳染病之中，從 2011 年至 2019 年境外移入病例數目最多的傳染病，就是登革熱（衛生福利部疾病管制署 2019）。且臺灣疾病管制署

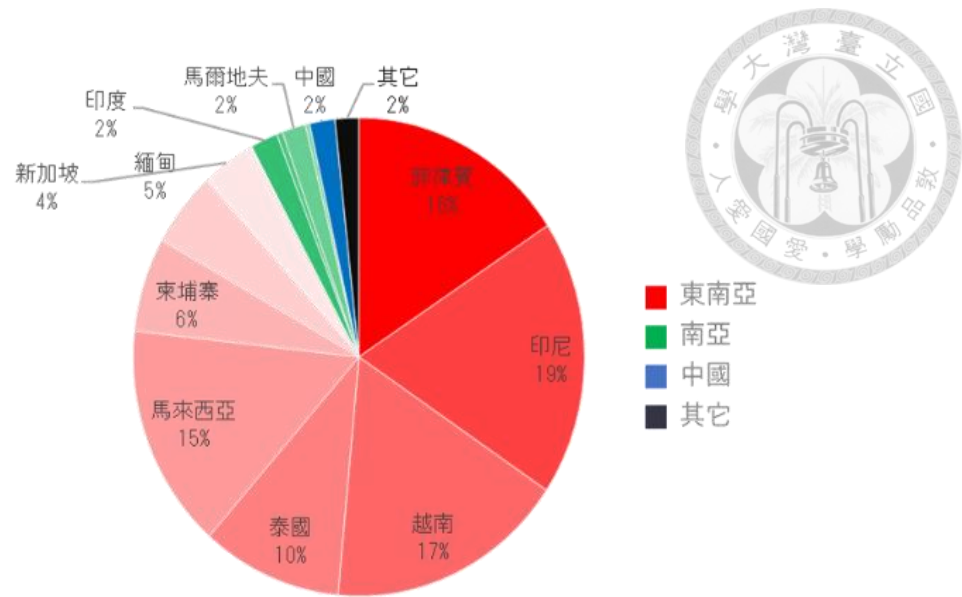
有詳細且公開的登革熱病例資料，能提供世界各國疾管單位或學術單位進行研究和分析，也有利於此研究進行分析，從臺灣的境外移入病例出發，來了解亞太地區登革熱的傳播，進一步評估東南亞傳播到東北亞的移出風險。



因此鑒於臺灣位處於地方性流行國家與未來潛在感染國家的中介地帶，能透過臺灣理解亞太地區疾病傳播關係，且臺灣每年皆受到許多境外病例的移入，甚至在某些年份可能發展成為本土爆發的狀況，表示臺灣的境外移入之數量上進行研究是有意義的。再加上臺灣疾管署有豐富的境外移入病例資料，因此，本研究則選定臺灣為登革熱傳播的目標國家，探討臺灣與亞太地區各國之間，登革熱境外移入的關係，來進行對來源國疫情的推估。

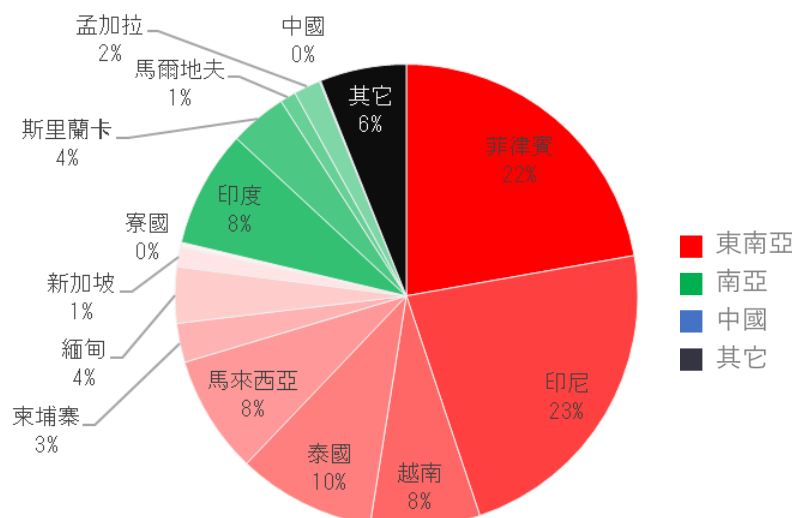
為了理解臺灣及東北亞潛在移入風險等地區，主要受到哪些地區的境外移入風險最高，因此統計臺灣、日本、南韓這三國的境外移入病例資料。為了切齊這三國的統計資料，以下圖表及統計數據考慮 2014 年至 2018 年這五年間的資料。

統計臺灣從 2014 年至 2018 年境外移入數及來源國家 (圖 11)，能發現這五年的境外移入病例，共 1651 筆移入病例中，超過 90% 的來源是東南亞國家 (92.1%)，以及大約 5% 來自南亞國家 (4.3%) (衛生福利部疾病管制署 2019)。而日本 2014 年至 2018 年境外移入的來源國家 (圖 12)，五年來 1175 筆資料中，來自東南亞國家約 72.1%，南亞國家約 15.2% (National Institute of Infectious Diseases, Japan 2019)；南韓 2014 年至 2018 年境外移入的來源國家 (圖 13)，共 1060 筆資料中，來自東南亞國家約 89.6%，南亞國家約 8.4% (KCDC 2019)。



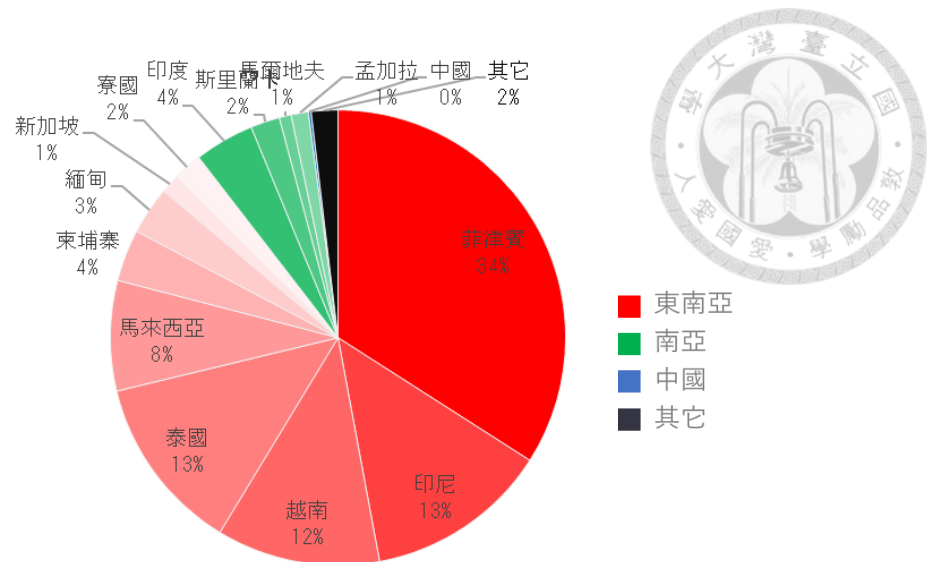
資料來源：衛生福利部疾病管制署 (2019)

圖 11 臺灣 2014 年～2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖



資料來源：National Institute of Infectious Diseases, Japan (2019)

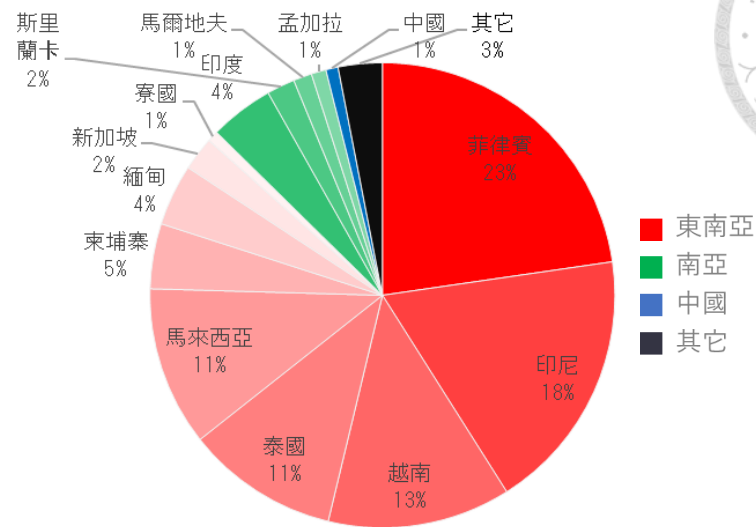
圖 12 日本 2014 年～2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖



資料來源：KCDC (2019)

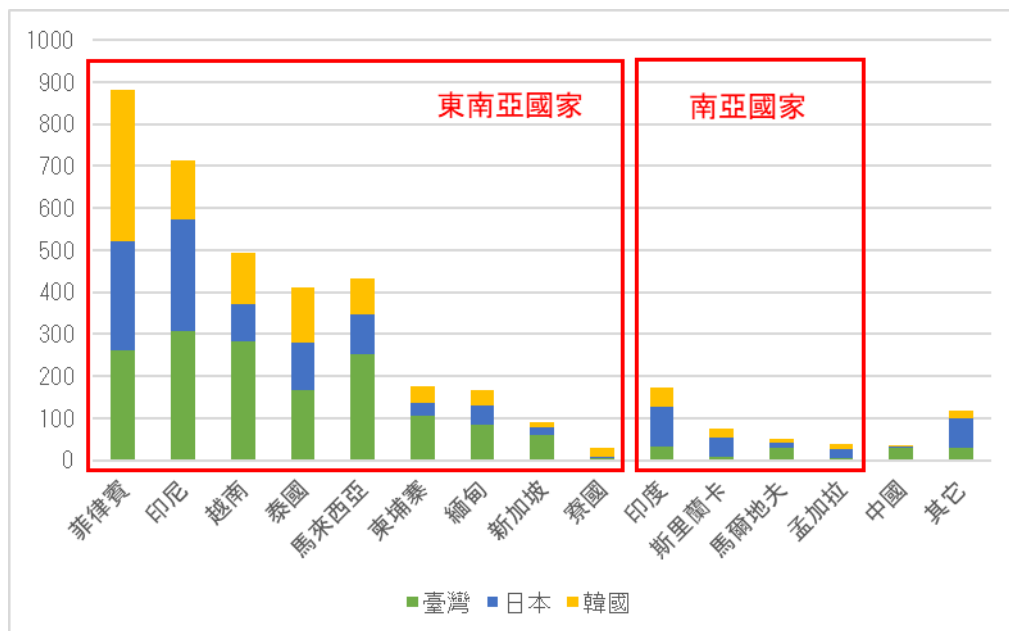
圖 13 南韓 2014 年～2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖

綜合以上三個國家統計資料，由臺灣、日本、南韓三個國家近五年的登革熱境外移入來源圖 (圖 14、圖 15)，可發現影響臺灣及東北亞地區境外移入的主要來源，是受到東南亞的地方性流行國家主導，及少部分南亞地區疫情的影響。因此本研究欲理解臺灣及東亞地區境外移入的風險評估，因此便以東南亞地區作為東亞、東北亞區域的疫情來源，而忽略其他地區如中南美洲或非洲等地方性流行國家。



資料來源：衛生福利部疾病管制署 (2019)、National Institute of Infectious Diseases, Japan (2019)、KCDC (2019)

圖 14 臺、日、韓三國 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家圓餅圖

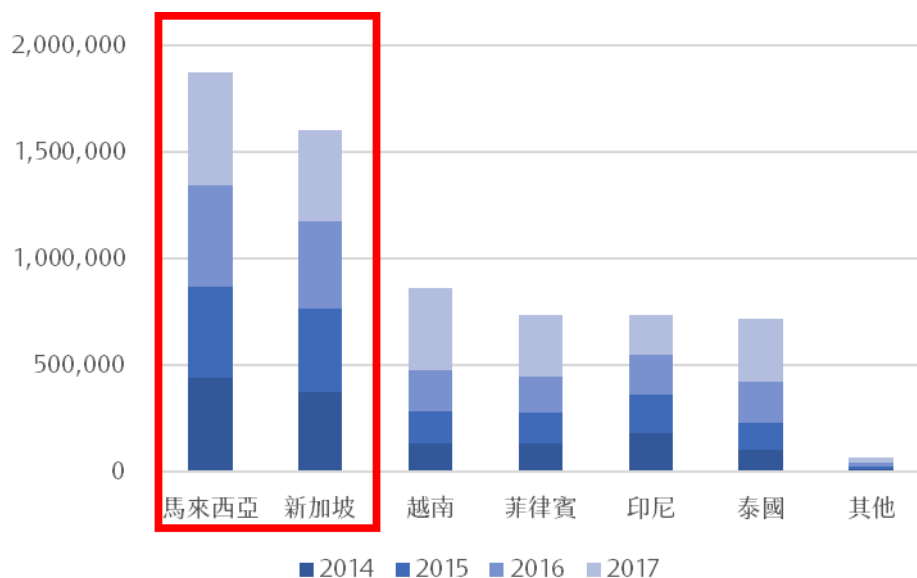


資料來源：衛生福利部疾病管制署 (2019)、National Institute of Infectious Diseases, Japan (2019)、KCDC (2019)

圖 15 臺、日、韓三國 2014 年~2018 年境外移入數及來源國家之長條圖



透過上述的境外移入來源之統計，本研究選定之來源國家為東南亞國家。且本研究認為來源國到目標國之間的移動率越強，則兩者之間影響的強度則會越顯著。因此本研究欲選定來臺人次數量最多的國家作為研究之來源國家。統計 2014 年至 2017 年間，東南亞國家之來臺人次最多者為馬來西亞，其次是新加坡 (交通部觀光局 2020)，表示此兩國與臺灣關係密切。且新加坡與馬來西亞這兩個國家在東南亞國家中，經濟水準較高 (表 2) (CIA 2020)，因此可能在疫情調查的資源與經費較為充足，另外，開放資料水準上，兩國的程度也較高 (表 3) (World Wide Web Foundation 2020)，對於資料的取得可能較不易受到限制，能夠掌握疫情資料公開資料，可以進行模型驗證。



資料來源：交通部觀光局 (2020)

圖 16 東南亞國家 2014 年～2017 年之來臺人次依居住地統計

表 2 東南亞國家人均 GDP

資料來源：改寫自 CIA (2020)



國家	人均 GDP(PPP) 2017 年推估
新加坡	\$94,100
汶萊	\$78,900
馬來西亞	\$29,100
泰國	\$17,900
印尼	\$12,400
菲律賓	\$8,400
寮國	\$7,400
越南	\$6,900
緬甸	\$6,300
東帝汶	\$6,000
柬埔寨	\$4,000

表 3 東南亞國家資料開放程度排名

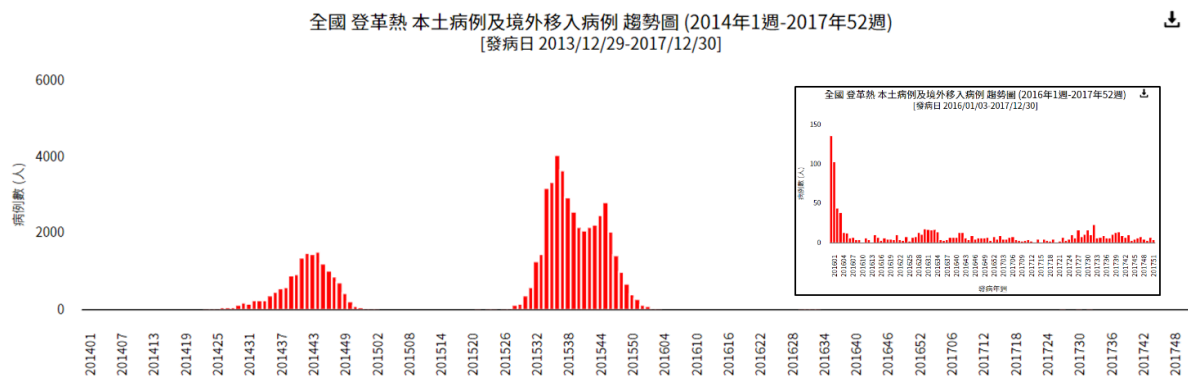
資料來源：改寫自 World Wide Web Foundation (2020)

國家	世界排名	開放程度分數
新加坡	29	46.06
印度尼西亞	36	36.18
馬來西亞	41	30.76
菲律賓	53	23.19
越南	57	18.23
泰國	57	18.19
緬甸	86	0

綜合上述所言，本研究以新加坡與馬來西亞作為登革熱疫情來源國家，將臺灣視為境外移入的目標國家，來探討星馬兩國到臺灣的病例移動關係。而在空間尺度上，本研究考慮傳染病之跨國境的傳播，是以防疫機關多為國家級機構，以國境作為邊界來監控境外與境內的疫情，因此則以國家為空間單位來進行研究，因而不考慮來源國或目標國國家內的疫情空間分布差異。

（二）時間範圍

本研究之時間範圍，選擇 2014 年至 2017 年此四年間的登革熱移入病例作為研究，此時間區間不但包含 2014 年至 2015 年在臺灣發生大規模登革熱疫情的爆發年，相對也有 2016 年至 2017 年臺灣本土病例較少的年份，可以作為研究結果的比較 (圖 17)。且此時間區間能配合新加坡與馬來西亞兩國所提供之登革熱疫情開放資料，能夠進行資料驗證。



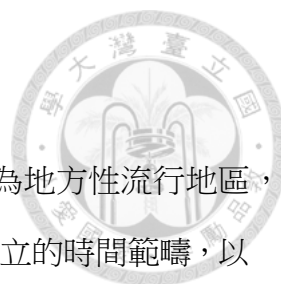
資料來源：衛生福利部疾病管制署 (2020)

圖 17 臺灣登革熱疫情趨勢圖 (2014 年~2017 年)

本研究之時間尺度上，最細將資料細分為以天做計算，來觀察每天境外移入與航班、人口數量的關係。在與疫情資料進行比較時，則加總至每週資料來進行計算與比較。在本研究中，使用的時間週之單位為疫情週 (MMWR week)，為流行病學



年中的一週，由美國疾管署之國家法定傳染病監測系統報告 (NNDSS) 所訂定，疫情週在一年中可能有 52 週～53 週。透過疫情週的定義，將資料進行相同時間的分割與計算，以免導致時間對齊上的缺失。在研究的時間範圍中，2014 年則有 53 週，其餘 2015 年～2017 年則皆為 52 週，因此本研究的时间區間為四年，共計 209 週。以疫情週為單位，能來觀察一年之內，航運流量及病歷資料的季節變化性，進而影響境外移入的風險。



二、資料來源

本研究空間範疇以新加坡與馬來西亞這兩個東南亞國家作為地方性流行地區，即來源國家，以臺灣作為境外移入風險的評估目標國家，模型建立的時間範疇，以 2014 年～2017 年全年共 209 週為研究區間。所需之資料分成三大部分：國際移動資料、目標國境外移入病例，以及來源國疫情病例資訊。前兩者是用來推估來源國疫情，後者是用來比對與驗證模型的正確性。以下則分成三個部分來討論：

（一）國際移動資料

如果能直接取得政府機關蒐集的出入境資訊，國家之間的每日移動人口數量將能更加精準，然而，本研究基於利用開放資料來推算疫情的目標，因此本研究的移動資料，將透過開放資料的人口移動資料，搭配每日國際航班移動資料，進行資料推估，來補足每日移動資料的缺失。

1. 國際航班資料

國際航班資料是用來推算來源國到目標國的移動關係，作為兩國的傳播、連結強度之指標。而國際移動資料利用全球航空網絡來推算，本研究使用 Innovata 資料庫之全球飛行航班資料，提供 2014 年～2017 年各個航線營運的狀況。然而航空網絡資料相當龐大，需要進行資料整理，在空間上加總至國家單位，在時間上該資料庫提供航空公司對於不同航線銷售時程，但資料格式不符合研究之需求，需將其先行轉換成合適的時間單位，進而計算國家之間隨時間的移動率。

Innovata 資料庫中的一筆資料，代表某一航班在此年特定時間的飛行狀況，通常和航空公司營運計畫有關，如表 4，例如從中國出發抵達臺灣的 AE-964 航班，

在 2014 年 1 月 4 日到 2 月 1 日固定每週六會有一班航班；而觀察 AE-994 航班，由於航班眾多且不固定，在資料的劃分上則被分在多筆資料中，造成資料表的冗長。因此在原始資料中，同一個航班因為銷售計劃的差異被分成很多筆資料，也較難透過此資料表進行時間的推算，因此本研究初步將資料進行整理，將每個航班整併為一筆資料，並將一年中每一天有多少航班數量用更直觀的方式記錄。

表 4 航空資料庫 Innovata 之原始資料（節錄）

航班	來源國	目的國	開始時間	結束時間	週一	週二	週三	週四	週五	週六	週日
AE-964	中國	臺灣	2014/1/4	2014/2/1	0	0	0	0	0	1	0
AE-964	中國	臺灣	2014/2/8	2014/3/22	0	0	0	0	0	1	0
AE-964	中國	臺灣	2014/3/29	2015/4/3	0	0	0	0	0	1	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/1	2014/1/1	0	0	1	0	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/2	2014/1/2	0	0	0	1	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/6	2014/1/6	1	0	0	0	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/8	2014/1/9	0	0	1	1	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/13	2014/1/13	1	0	0	0	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/15	2014/1/22	0	0	1	1	0	0	0
AE-994	中國	臺灣	2014/1/20	2014/1/20	1	0	0	0	0	0	0

資料整理後如表 5，資料則以一個航班為一筆資料，便方便進行資料篩選，以本研究為例，關注來源國為新加坡與馬來西亞，目的國為臺灣的航班，因此可以透過資料篩選與加總，獲得時間解析度為一日之航班起訖的資料。

表 5 整理後之國際航班資料表（節錄）

航班	來源國	目的國	1/1	1/2	1/3	1/4	1/5	1/6	1/7	1/8
AE-991	臺灣	中國	1	1	1	1	1	1	1	1
AE-992	中國	臺灣	1	1	1	1	1	1	1	1
AE-993	臺灣	中國	1	1	0	0	0	1	0	1
AE-994	中國	臺灣	1	1	0	0	0	1	0	1
AE-995	臺灣	中國	0	0	1	0	0	1	0	1



2. 來臺人次統計

國際航班資料提供每日的班次數量，能夠有限的捕捉兩國之間的交通量，然而實際上的移動人次仍然需間接的推估，但開放資料中來臺人次統計的時間解析度都較長，因此需要進行資料推估。本研究使用交通部觀光局的來臺人次資料，以居住的進行分類，最細緻的時間解析度為月。因此綜合來臺人次統計及國際航班資料的優點，進行移動資料歸估。將每個月的人口，隨著一個月內班次高低的變化，依照比例分配至一個月中的每一天，因此以月尺度資料來觀察是以來臺人次統計為主，而更細緻的日資料變化趨勢則是和國際航班資料的變動趨勢一樣。

(二) 目標國境外移入病例

疾病移入之目標國以臺灣作為研究案例，因此使用臺灣衛生福利部疾病管制署資料開放平台中「登革熱 1998 年起每日確定病例統計」，篩選出 2014 年～2107 年登革熱境外移入病例，來進行模式的擬和與參數估計。其中，確定病例是指不僅僅達到臨床條件及流行病學條件，更有符合檢驗結果陽性定義，如臨床檢體鑑定出病毒，或核酸檢測、血清學抗原成陽性等（衛生福利部疾病管制署 2017）。因此較通報病例僅符合臨床條件及流行病學條件來說，是更加嚴格的判斷標準。

疾管署的資料集提供境外移入感染國家作為篩選，因此能將移入資料透過感染地的區分，抓出新加坡及馬來西亞兩個來源國家，以便於分別地輸入進模型來進行推估。且疾管署提供之病例資料為每日資料，因此在來源疫情推估模型中，輸入資料（境外移入病例及國際航班）皆為以天為時間解析度，最終的結果也將以天為單位做呈現，能更清楚觀察疾病傳播的細緻動態關係。另外，本研究以病例統計資料之發病日作為境外移入之時間。

(三) 來源國疫情資訊

疾病移出之來源國以新加坡與馬來西亞兩國作為研究案例，因此蒐集這兩國的登革熱統計資料，用來進行來源疫情推估模型的外部驗證。



新加坡的登革熱疫情資料，擷取自新加坡開放資料平台，為新加坡衛生部提供之資料，從 2012 年開始更新至 2020 年，以疫情週的時間單位作呈現，整合傳染性疾病公告之資料進行發布，來理解有關當地傳染病情況的統計數據。本研究篩選此資料庫中的登革熱當地疫情，來獲得每週確診病例數，其中，此處之確定病例與臺灣的認定之標準相同，是需要經過實驗室確診病例 (laboratory confirmed cases) 才被視為確認病例 (Ministry of Health, Singapore 2020)。

馬來西亞的登革熱疫情資料，擷取自馬來西亞開放資料平台，為馬來西亞衛生部提供之資料，資料庫的時間範圍由 2010 年開始至 2017 年，以馬來西亞各個一級州 (state) 進行統計資料，並以疫情週的時間解析度來發布資料。本研究加總各州之資料，作為馬來西亞整個國家的登革熱當地疫情。而馬來西亞在登革熱疫情的調查中，主要是以醫生臨床診斷 (clinical diagnosis) 來進行判定 (Ministry of Health, Malaysia 2018)，因此與臺灣及新加坡的判定標準不同，臨床診斷的病例數會明顯高於實驗室確診的病例數量。

綜合本節所述，本研究利用 Innovata 國際航班資料及交通部觀光局人口統計作為衡量來源國到目標國（星馬兩國至臺灣）之移動量，以及臺灣疾管署境外移入統計，輸入至來源疫情推估模型。進一步透過新加坡、馬來西亞兩位衛生部之當地疫情統計，進行此模型的驗證。



第三節 研究方法

本研究考量登革熱在國家之間傳播特性，試圖從已知的境外移入時間，搭配兩國之間的移動資料，反推來源地的疾病狀況，再進而推導至各個境外移入目標國的移入風險。

在理解來源地區與目標地區的傳播的關聯性，Wang and Wu (2018) 透過流行病學數理模式的角度出發來理解全球性的傳播。Wang and Wu (2018) 透過流行病學模式，來捕捉人口群之間疾病傳播的特性，來回答傳染病如何透過全球航空網絡擴散，並以此來計算各地境外移入的時間，利用起源地的疫情狀況，以及透過航運量計算的移動率，從單一起源地來推估全世界疫情的移入狀況。

不過，該研究案例是單一起源地點之快速傳播的人傳人感染疾病，如流行性感冒、伊波拉病毒等，假設一地接受到感染後即會造成本土感染，進一步對其他未感染地區進行傳播，然而與登革熱的疾病特徵不符，如前章文獻回顧有提及，境外移入不一定會直接導致當地疫情，即使觸發也有相當長的時間間隔 (Shang et al. 2010; Wen et al. 2016)。

方法上該研究是從來源地區的疫情資訊出發，透過已知的來源疫情進一步計算其他尚未感染地區的移入風險，與本研究的研究目的——從已知境外移入資訊反推來源國疫情不同。雖然有許多諸多流行病學及方法上的差異，但該研究對於疾病跨國傳播的概念上，對於傳染性在全球傳播的特性的理解，仍有相當大的參考價值，可以幫助理解傳染病透過跨國移動傳播的，因此本研究會利用此傳播概念，再進一步推廣。



一、來源國與目標國的傳播關係

在本研究中，航空網絡扮演的角色，為串聯亞太地區疫情來源國家與移入高風險國家的橋樑（圖 18、圖 19）。本來的航空網絡架構應如圖 18 所示，每個國家皆為一個節點，且兩兩節點之間都會被連結線所串連起來形成網絡，兩國之間的流動方向也是雙向的。

然而考慮登革熱的疾病因素，能明顯區分出地方流行地區與非地方流行地區，而地方流行地區才有向外傳播的能力。且登革熱的境外移入後，不像流感等人傳人疾病會快速產生當地疫情並繼續傳播到下一個國家，其中還需要造成本土疫情，故本研究則不考慮透過航空網絡直接產生連續性傳播，也就是說，本研究認為從獲得境外移入到產生移出的病例，中間的過程會經歷到當地有疫情爆發，然而在地方流行地區則不會區分境外感染或是本地傳播，因此在來源國家的疫情調查中或能捕捉到疫情發生，便可以補足跨國傳播之連續性的問題，因此也能簡化地方流行地區之間複雜的傳播關係。

因此，此研究主要關心來源國家與目標國家之間直接的連結關係，方向則由地方性流行之疫情來源國家傳遞到非地方流行之移入風險目標國，本研究對於登革熱的傳播模式進行模型上的簡化。，故網絡會呈現星狀網絡的樣態（圖 19）。

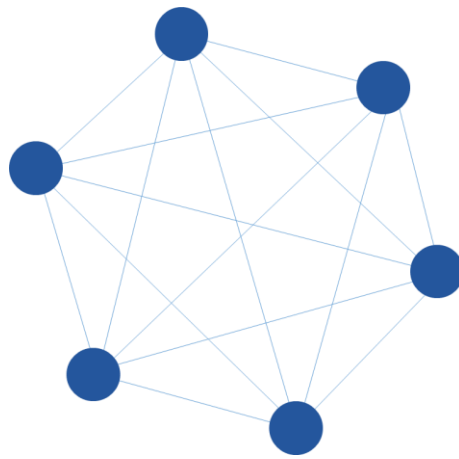


圖 18 原始網絡架構示意圖

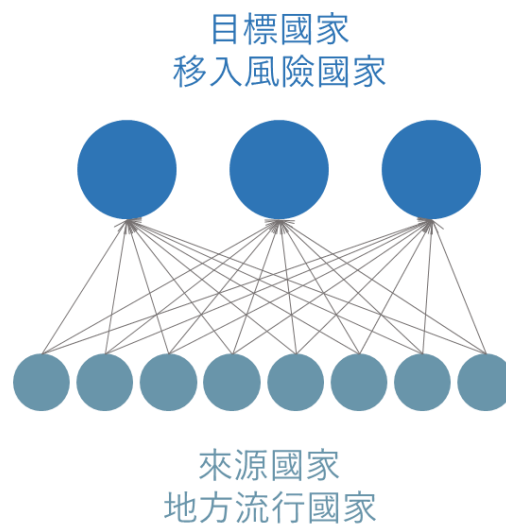


圖 19 本研究之簡化網絡架構示意圖



二、REDOS 模型

REDOS 模型利用目標國家境外移入資料，搭配國際間的移動資料，來推估來源國家的疫情狀況。此模型的方法示意圖如所呈現 (圖 20)。

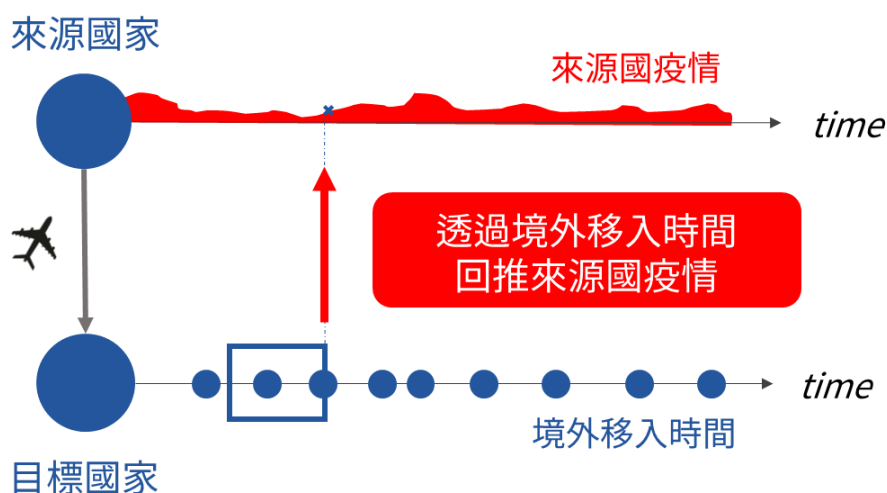


圖 20 REDOS 模型示意圖。

抽取上一段航空網絡中其中一條來源國與目標國之連結線，即變成兩個人口群的傳播關係，為最簡單的傳播模式 (圖 21)。由來源國家 (i 國) 傳到目標國家 (j 國) 的過程，目標國家的境外移入時間之機率分配，則會受到來源國疫情感染強度及從 i 國到 j 國的移動率決定。

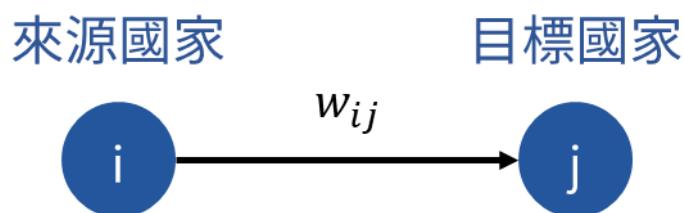


圖 21 來源國家到目標國家的傳播模式。



(一) 模型假設

以兩國之間的傳播做初步探討，若 i 國為登革熱移出國家， j 國登革熱移入國家，由於以日為單位，登革熱境外移入為計數資料 (count data)，每日發生的機率很低，故為符合波以松過程的假設，再加上每日發生境外移入的機率不同，波以松過程的平均值並不會呈現為定值，因此假設從 i 國到 j 國病例移出的過程為一非同質性波以松過程 (nonhomogeneous Poisson process)，簡稱為 NPP 過程，設定其密度函數為 $m(t)$ 。則可以用數學式 Eq. 1 表示之，其中 $X_{ij}(t)$ 代表在 t 時間以前境外移入的個數， $m(t)$ 為密度函數。

$$X_{ij}(t) \sim \text{Poisson} \left(\int_0^t m(s) ds \right) \dots \dots \dots \text{Eq. 1}$$

進一步，假設 NPP 過程中，在 t 時間的 NPP 的密度函數 $m(t)$ 和來源國 i 國到目標國 j 國的移動率 w_{ij} ，以及來源國感染人數 $I_i(t)$ 成正比，則此隨機過程可表示為數學式 Eq. 2，其中 $w_{ij}(t)$ 在 t 時間從 i 國到 j 國的移動率，利用每月人口移動資料搭配每天從 i 國到 j 國的航班數量來估計，而 $I_i(t)$ 則代表 t 時間時，來源國 i 國的感染人數。

$$m(t) = w_{ij}(t) \times I_i(t) \dots \dots \dots \text{Eq. 2}$$

在上述的公式中，隱含來源國與當地國之間，疾病的移出效果與當地感染人口數量是時間上同步相關的，說明感染到發病的時間延遲效果是相同的，代表在統計病例反映出時間與回推過程中，時間延遲效果會互相抵消，其中時間延遲效果可能包含兩個概念，一是潛伏期，二是就醫時間間隔。潛伏期在相同的疾病下會有相同特徵，延遲效果也會相似，因此相互抵消下則可以忽略，而就醫時間間隔可能會受到國家的醫療資源而有所差異，但登革熱為急性傳染病，相距時間的差異並不會有太顯著的落差，此部分的差異在本研究中亦省略。另外，相同地，



移動率及來源國當地感染亦需考慮時間間隔效果，但無法得知感染病例會在感染後的哪一天進行移動，又因登革熱為急性傳染病的特徵，時間間隔效果較小，再加上平均的效果，因此短時間的時間延遲在此研究中也忽略不計。

(二) 境外移入機率分布

在建立模型的假設後，透過來源國疫情 $I_i(t)$ 和來源國到目標國的移動率 $w_{ij}(t)$ ，可得到 NPP 過程的密度函數 $m(t)$ ，因此能夠掌握疾病移出的動態過程，來計算境外移入時間的機率分布 (圖 22)。



圖 22 透過來源國疫情和移動率得到疾病境外移入時間分布

因此，在定義兩國家之間疫情傳播的機率過程後，給定來源國疫情狀況 $I_i(t)$ 和兩國之間的移動率 $w_{ij}(t)$ 後，透過機率過程的計算，則可以得到疾病目標國之境外移入時間的機率分布。在 Eq. 1 中得知一段時間內出現的境外移入個數會呈現 Poisson 分配，若換個角度思考，想知道境外移入病例的間隔時間，透過機率分配的計算，境外移入病例到下一次境外移入病例發生的間隔時間會呈現指數分配 (exponential distribution)，參數為單位時間發生移入病例的次數，與 Poisson 分配相同；而到持續到接續第 n 次境外移入的間隔時間的和，便為多個指數分配的加成，故為 Gamma 分配，可表示為數學式 Eq. 3、Eq. 4 以及 Eq. 5。其中 $M(t)$ 則為密度函數 $m(t)$ 的積分，可理解為累計至 t 時間的密度函數總和；下標 n 則代表第 n 次境外移入， $F_n(t)$ 代表累積機率分布函數 (c.d.f.)，代表 n 次境外移入在



t 時間以前發生的的機率和， $f_n(t)$ 代表境外移入時間的機率分布函數 (p.d.f.)，是透過 $F_n(t)$ 對時間 t 進行微分後得到的結果。詳細統計推倒公式可參閱附錄一內的 Eq. S1、Eq. S2、Eq. S3。

$$M(t) = \int_0^t m(s) ds \dots\dots\dots \text{Eq. 3}$$

$$F_n(t|I_i, w_{ij}) = \Gamma(n, M(t)) \dots\dots\dots \text{Eq. 4}$$

$$f_n(t|I_i, w_{ij}) = \frac{M(t)^{n-1}}{(n-1)!} e^{-M(t)} \times m(t) \dots\dots\dots \text{Eq. 5}$$

(三) 來源疫情回推

本研究預計從已知的境外移入時間 T_n ，以及來源國到目標國的移動率 $w_{ij}(t)$ ，反推回去來源國的疫情 $I_i(t)$ ，因此需要透過最大概似估計法 (MLE, maximum likelihood estimation) 來反推來源國疫情 (圖 23)。



圖 23 透過境外移入時間和移動率反推來源國疫情

從上一段落的機率密度公式 (Eq. 5)，得知如果是先理解來源國的疫情強度及

移動率的前提下，就能捕捉到境外移入時間的機率分配。然而本研究處理來源國疫情未知，而境外移入時間的情形，因此機率密度的參數中的 I_i 為待解參數，反而是出象 (outcome)——即試驗的結果 T_n 已知。因此，能透過最大概似法，可以估計出來源國疫情。

概似函數為統計模型中的參數 (parameter) 的函數，簡單來說，概似函數關心的是在已知機率發生後的結果時，關於模型參數之可能性的訊息。實作上，將模型的參數設為概似函數的變數，將每個出象的機率密度相乘得到的結果，便是概似函數，而當概似函數越大，代表相應的參數最能夠使得統計模型能被合理解釋，因此使用最大概似估計法，來得到來源地的疫情 I_i 的結果。由已知的移動率 $w_{ij}(t)$ 及境外移入時間 T_{ij} ，來回推估計來源地的疫情 I_i 。如數學式 Eq. 6，其中 $L(I_i)$ 為似然函數，目標為計算使 $L(I_i)$ 得到最大值的 I_i 便是估計的當地疫情狀況。

$$L(I_i) = \prod_{n=1}^{X_{ij}(t)} f_1(t|I_i, w_{ij}) \dots \dots \dots \text{Eq. 6}$$

然而，本研究希望在回推的過程，是能夠滾動式動態推估，因此設定一個固定的時間窗格 (time window)，只選用在時間窗格內的境外移入病例，來回推來源國當地疫情，如圖 24 中的橘色框線為時間窗格，只使用被橘色框線包圍的境外移入病例，來推估紅色時間上來源國的疫情。

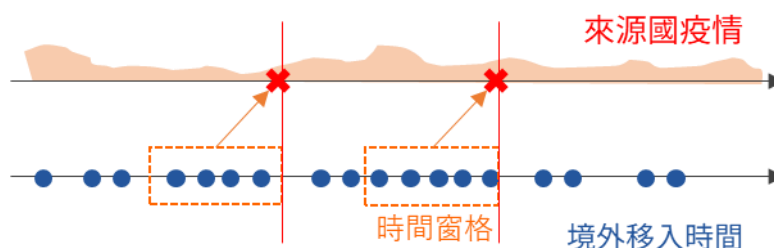
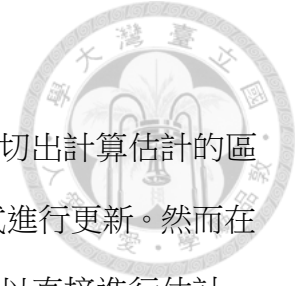


圖 24 滾動式回推估計示意圖



在回推估計當地疫情時，首先會透過設定好的時間窗格來切出計算估計的區間，從區間內的境外移入病例來動態推估疫情，以滾動式的方式進行更新。然而在實際計算疫情狀況時，由於來源國疫情 $I_i(t)$ 為連續的數值，難以直接進行估計，因此設定在一個區間內的疫情變化，為一指數模型，因此將每次對 $I_i(t)$ 滾動式的估計，簡化成估計指數模型的參數的運算，在每一個時間 t 中都估計出一組指數模型的 β_0 與 β_1 ，如數學式 Eq. 7，因此能將估計連續數值 $I_i(t)$ ，轉變成估計 β_0 與 β_1 ，這兩個係數也代表了疫情在時間窗格之間，即估計區間中的走向與趨勢。在估計 t 時間的參數時，設定搜尋的時間窗格為 T_w ，符號 $\vec{\beta}$ 為向量 $\vec{\beta} = (\beta_0, \beta_1)$ ，假設在時間窗格內搜尋到的境外移入個數 N_t 個病例，如 Eq. 8，進一步能將概似函數 Eq. 6 可改寫為 Eq. 9。而最大概似法實際上常常取概似函數的對數評估的標準，進而求出作為求最大值的函數，如 Eq. 10。而在本研究中，找尋 Eq. 10 中對數似然函數 (log likelihood function) 的最大值，是透過 R 語言的 NHPoisson 套件中的 fitPP.fun 函數來求解，其背後的概念是運用牛頓法 (Newton-Raphson method) 演算法來進行迭代，求解對數似然函數微分為 0 的值，代表對數似然函數有極大值，來找尋最佳化的解，找到滿足函數最大值的 $\vec{\beta}$ 。在本研究中，透過不同初始值代入的方式，進行最佳化的求解，來避免局部最佳解的疑問，而發現初始值對於求解的數值影響差異極為細微，因此透過牛頓法能得到穩定的數值解。最後得到 t 時間的當地疫情狀況為 $\hat{I}_i(t)$ ，如 Eq. 11

$$I_i(t) = \beta_0 e^{\beta_1 t} \dots \dots \dots \text{Eq. 7}$$

$$N(X_{ij} \in [t - T_w, t]) = N_t \dots \dots \dots \text{Eq. 8}$$

$$L(\vec{\beta}) = \prod_{n=1}^{N_t} f_1(t) = \prod_{n=1}^{N_t} m(t)e^{-M(t)} \dots \dots \dots \text{Eq. 9}$$



$$LL(\vec{\beta}) = \log L(\vec{\beta}) = \log \prod_{n=1}^{N_t} f_1(t) = - \sum_{n=1}^{N_t} M(t) + \sum_{n=1}^{N_t} \log m(t) \dots \dots \dots \text{Eq. 10}$$

$$\hat{I}_i(t) = \hat{\beta}_0 e^{\hat{\beta}_1 t} \dots \dots \dots \text{Eq. 11}$$

而設定不同的時間窗格，代表輸入進 REDOS 模型的資料範圍不同，因此有可能會造成推估結果的差異，影響到最終的推估結果，因此本研究亦對於時間窗格進行敏感性分析，觀察設定不同時間窗格下，對於推估結果的影響是什麼。

總結 REDOS 模型之方法，能從流行病學模式概念的模型推估公式，透過已知境外移入時間資料，以及來源國家與目標國家的移動人口與班次數代表移動率，利用反向推估的方法，估計出各個來源國家之當地疫情。



三、驗證方法

模型建立後，需要評估模型的準確性，因此本研究在利用真實資料推估之前，先進行推估假設性疫情，利用 SEIR 模型來假定疫情先行做驗證，透過 MLE 的信賴區間包絡，來確認模型效果。進一步使用真實疫情資料後，也搭配新加坡與馬來西亞的當地疫情統計，來確認反推疫情的狀況，利用時間序列的形態之相似性及偵測出疫情爆發正確性兩個面向，來討論推估曲線與真實曲線的關係。

(一) 假設性疫情推估

本研究初步利用假設性疫情進行模型的確認，首先透過 SEIR 模型，設定流行病學參數後，計算來源國家的疫情狀況，當作來源國家的真實疫情資料。並透過已知的移動率及 NPP 過程，模擬出目標國家的境外移入時間。

來源疫情推估模型則使用此模擬的目標國家境外移入時間，以天為單位，透過滾動式推估，來產生估計的來源國家疫情狀況，再與前者透過 SEIR 模型產生的疫情資料進行比對，來觀察模型是否得以適用。

1. SEIR 模型

第一步透過流行病學參數，計算來源國家的疫情狀況，作為真實疫情資料。SEIR 傳染病模型則是將人群分成四個不同階段，分別為易感 (susceptible)、潛伏 (exposed)、感染 (infectious)、復原 (recovered)，英文所寫則對應到 S、E、I、R，故稱為 SEIR 模型 (圖 25)。

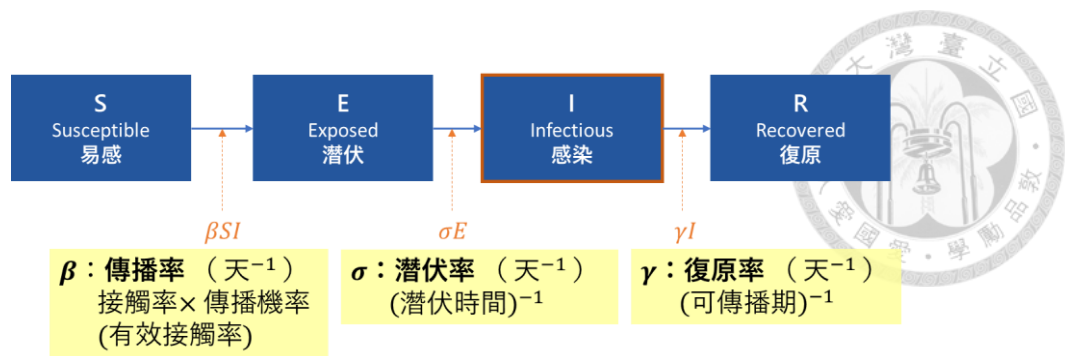
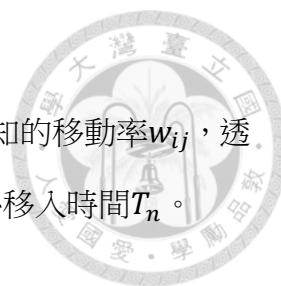


圖 25 傳染病 SEIR 模型示意圖

易感染者為尚未感染的人，潛伏者為已感染但尚未發病、尚未有傳染性的人，已感染者為人口中感染疫情但還未康復的人，康復人數則為染病後痊癒並不會重複感染的人。在 SEIR 模型中，傳播率則是使用 β 表示，可細分成接觸率跟感染機率兩個概念，接觸頻率與感染機率乘積代表病毒能傳染的比率，即發生有效的接觸。簡單來說，若要使一位易感染者發生感染，那易感染者必須和已感染者接觸，以及在接觸過程中被病毒所感染，因此從易感染者離開的速率，為傳播率乘上易感染比例與感染比例的乘積（即 βSI ），且 β 會隨著人的互動頻率或病毒種類的不同而改變。而使用 ρ 和 γ 代表潛伏率和康復率，能代表每天發病及康復的比例，其倒數則分別代表潛伏時間及可傳播期。SEIR 模型四階段的成長變化可以方程組 Eq. 12 來呈現，代表四個階段比例隨時間的增減量。

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - \rho E \\ \frac{dI}{dt} = \rho E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \dots\dots\dots \text{Eq. 12}$$

透過 SEIR 模型的計算，再給定一組流行病學參數後，便能產生出一地的疫情感染人數。



2. 模擬境外移入時間

利用上一步 SEIR 的結果，得到感染人數 $I_i(t)$ ，搭配假設已知的移動率 w_{ij} ，透過數學式 Eq. 5，便能利用 NPP 隨機過程模擬出目標國家的境外移入時間 T_n 。

3. 反推假設性疫情與驗證

利用上一步驟之境外移入時間 T_n 與已知的移動率 w_{ij} ，期望能成功回推到感染人數 $I_i(t)$ 。因此利用境外移入時間及移動率，利用來源疫情回推之滾動式推估方法，透過最大概似估計，得到每天的推估疫情 $\hat{I}_i(t)$ ，以及推估的信賴區間。

透過推估的感染人口 $\hat{I}_i(t)$ 與第一步 SEIR 模擬出的感染人數 $I_i(t)$ 進行比較，使用最大概似估計的推估區間，觀察真實值（即 SEIR 模擬）的感染人數是否落在信賴區間之中。若落在信賴區間中，則代表從初步推估結果成功，表示以 REDOS 回推方法是可能是可行的方法。

（二）真實疫情驗證

前一部分透過假設性疫情確認模式的可行性後，則套用至真實資料，透過前述之來源疫情回推方法來進行計算，理解來源國家每天的疫情強度。然而由於真實疫情統計是以感染人數為值，且不同國家在登革熱感染病例的評判上，標準可能不同，如實驗室確診或是臨床症狀判斷等，而計算出來的疫情強度同樣是感染比例的概念，但是以相對值來呈現，比對前需要轉化資料，再加上推估結果的時間解析度為日尺度，而驗證資料為週資料，此兩個因素無法直接和當地官方統計資料進行比對，因此需要進行資料處理。

因此，本研究先將資料的時間解析度統一，將推估的日資料加總為週資料，進而能夠進行比對。對於感染比例為相對值的部分，本研究將 2014 年至 2017 年四



個年度分別進行討論，來觀察每一年中的趨勢變化，將每一年最高那一週之數值為基準，以除法的方式將資料正規化 (normalization)，將各週數值除以基準值，讓兩者的相對關係都落在 0~1 之間，因此便能透過相對值來比較推估值與真實值。

然而在正規化的效果下，MLE 的信賴區間之意義會受到正規化的影響，因而較難以解釋，因此在真實疫情的驗證下，信賴區間只做為附加參考依據，而主要透過比較整個時間序列的形態之相似性，以及偵測出疫情爆發時間的正確度來當作衡量標準。

1. 時間序列的形態之相似性

常見的時間序列相似性的度量方法如距離函數、餘弦相似性等方法 (Senin 2008; Wang et al. 2013; McKenziea, Adams 2020)，其目的是衡量兩個時間序列的差異大小，本研究利用餘弦相似性、距離函數、動態時間規整演算法三個常用的基礎時間序列相似性比較準則，來評估推估值與真實值兩條曲線的差異。

(1) 餘弦相似性 (cosine similarity)

餘弦相似性是觀察兩個向量的方向趨勢，透過計算向量夾角關係來衡量相似程度。若兩個向量關係越相向，則兩者的角度越小，其餘弦值 (cosine) 則會越接近 1；反之，兩個向量呈現相反的關係，則餘弦值會越接近 -1。定義 $|A|$ 為 A 向量之長度，又已知兩向量內積與兩向量長度與夾角的餘弦值有關，如數學式 Eq. 13，其中 θ 為 A 、 B 兩向量之夾角，因此餘弦相似性則可由數學式 Eq. 14 來計算，其中 A_i 代表 A 向量中各個維度的分量。

$$A \cdot B = |A||B|\cos\theta \cdots \cdots \cdots \text{Eq. 13}$$

$$\text{similarity}(A, B) = \cos\theta = \frac{A \cdot B}{|A||B|} = \frac{\sum A_i \times B_i}{\sqrt{\sum(A_i)^2} \times \sqrt{\sum(B_i)^2}} \dots\dots \text{Eq. 14}$$



餘弦相似性的指標越高，則代表兩段時間序列的相似性越高，因此可以藉由推估值與真實值兩條曲線的餘弦相似性之高低，來判斷模型推估數值的趨勢，與真實疫情走向的相似程度。

(2) 距離函數 (distance function)

距離函數是透過兩序列相對的距離來計算，用於評估兩段時間序列在同一時間下，兩者的差距量，因設定時間相同下一一對應的值進行差值的計算，故為一種固定度量方法 (lock-step measure)。距離越相近則代表兩段時間序列越相近，定義 L-p 距離函數為兩時間序列每個時間下數值差值的 n 次方和，再開 n 次方根，如 Eq. 15 (Wang et al. 2013)。

$$D_{L-p}(x, y) = \left(\sum |x_i - y_i|^p \right)^{\frac{1}{p}} \dots\dots\dots \text{Eq. 15}$$

而 L-2 距離函數是最被常用的距離函數，在意義上為兩個序列之間的歐式距離，且進行正交變換後仍然會保留其性質，其公式如 Eq. 16。

$$D_{L-2}(x, y) = \left(\sum (x_i - y_i)^2 \right)^{\frac{1}{2}} \dots\dots\dots \text{Eq. 16}$$

因此本研究將使用 L-2 距離函數進行時間序列相似性評估，當距離函數值越低，則代表兩條時間序列在相同的時間下越為相近。

(3) 動態時間規整演算法 (DTW, dynamic time warping)

上述是歐式距離的優點是基礎且直觀，然而其缺點也很明顯，當兩段時

間序列長度不相等則無法使用，另外歐式距離是對離群值相當敏感，當有一個偏離很遠的離群值出現，可能會嚴重影響相似性的判斷結果。或是，兩段時間序列，可能存在一些時間間隔上的位移，當考慮時間延遲的效果下，兩個時間序列是相似，然而在這樣的狀況下，使用歐式距離來衡量，較無法準確的評估兩時間序列之相似性。

DTW 則能解決上述這些問題，DTW 是用於衡量兩個時間序列之間的相似度的方法，來評估時間序列整體形狀的相似度，因考慮兩段時間序列的長度可能並不相等，是使用彈性差異度量之方法 (elastic dissimilarity measure)，以調整後的距離作為評斷標準，當距離越相近、數值越小，則代表兩段時間序列越相像。

DTW 藉由將時間序列進行延伸和縮短，透過動態的變化時間配對兩時間序列，計算歸整路徑距離 (warp path distance) 之和，用來理解兩個時間序列性之間的相似性。假設有兩時間序列 $\mathbf{x}$ 與 $\mathbf{y}$ ，其長度分別為 m 和 n 。定義 DTW 函數為 $D_{i,j} = D(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_j)$ ，代表 $\mathbf{x}$ 前 i 項序列 $\mathbf{x}_i$ 與 $\mathbf{y}$ 前 j 項序列 $\mathbf{y}_j$ 的歸整路徑距離，即 DTW 距離，DTW 函數的目標是找到 DTW 距離最小的路徑。首先定義開始的端點 $D_{1,1}$ 的 DTW 距離為兩時間序列首項數值的歐式距離，如 Eq. 17。下一步則是找出 DTW 函數的遞迴關係，基於動態規劃的概念，對於兩個時間序列 $\mathbf{x}_i$ 與 $\mathbf{y}_j$ 來說，兩序列之間的 DTW 的距離為自身序列末項點 $(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_j)$ 的歐式距離，再加上前一路徑的 DTW 的距離，便為 $D(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_j)$ 的數值。而可以到達 $\mathbf{x}$ 序列第 i 項及 $\mathbf{y}$ 序列的 j 項的前一路徑，為 $(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ 序列分別在第 $(i-1, j)$ 、 $(i, j-1)$ 、 $(i-1, j-1)$ 項三種組合，其中對角路徑成本須以兩倍計算，而 DTW 函數的目標是找到一組路徑中點對點的距離最小，作為最佳的對應關係，因此選擇最短的路徑，代表兩序列最相像的樣態，如 Eq. 18。透過遞迴



迭代地計算，最後得到 $D_{m,n} = D(\mathbf{x}_m, \mathbf{y}_n)$ 的結果，便是最終兩序列之 DTW 距離 (Senin 2008)。

$$D_{1,1} = D(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1) = |\mathbf{x}_1 - \mathbf{y}_1| \cdots \cdots \cdots \text{Eq. 17}$$

$$D_{i,j} = D(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_j) = |\mathbf{x}_i - \mathbf{y}_j| + \min\{D_{i,j-1}, D_{i-1,j}, 2 \times D_{i-1,j-1}\} \cdots \cdots \text{Eq. 18}$$

本研究亦使用 DTW 距離進行兩序列型態的相似性評估，當 DTW 距離越低，則代表兩條時間序列整體的型態更加相似。

2. 偵測出疫情爆發時間之正確度

除了衡量整段時間序列的相似性之外，對於疫情的時間序列而言，更在乎的是關心疾病爆發的狀況，因此透過偵測出疫情爆發時間，對比推估疫情與真實疫情的正確性，來評估推估的效果。

在衡量推估值與真實值分類的比例狀況，如是否為疫情爆發期此類問題，常使用混淆矩陣 (confusion matrix) 來進行分類的評估 (Hossin & Sulaiman 2015)。首先，須建立一套閾值的標準，來衡量是否為疫情爆發或高危險期間。在本研究中，使用兩種定義的閾值，來判斷是否爆發的分界線，第一種是透過每年的推估值和真實值各自的平均值來衡量，當該時的感染狀況高於全年的平均值，則表示是疫情爆發的時間，在此分類下，由於推估值和真實值的平均不會相同，因此為觀察相對定義下的爆發狀況；第二種分類方法，由於推估值和真實值都已經進行正規化，因此數值都會落在 0 到 1 之間，因此可以設定 0 到 1 的各個數值作為閾值，作為是否為疫情爆發的評判標準，優點是可透過不同閾值的調整，進行敏感性分析。



設定閾值後便可對資料進行分類，高於閾值者則視為疫情爆發期，或稱之為危險期，當作陽性，而低於閾值者則為陰性。綜合推估值和真實值，能製作混淆矩陣如下表 6，區分出真陽性、偽陰性、偽陽性、真陰性這四大結果。真陽性代表推估為爆發期，而實際上也是為爆發期的狀況，偽陽性則代表推估為爆發期，然實際上卻沒有疫情爆發，造成誤判；同樣的，真陰性與偽陰性為推估為非爆發期，前者實際值為非爆發，然而後者實際疫情為爆發的狀況。

表 6 混淆矩陣示意表

		推估疫情	
		高於閾值	低於閾值
真實 疫情	高於 閾值	真陽性 (TP)	偽陰性 (FN)
	低於 閾值	偽陽性 (FP)	真陰性 (TN)

研究中常用特定的指標，來判斷推估值與真實值的判斷結果好壞，例如準確度 (accuracy)、敏感度 (sensitivity)、特異度 (specificity)。準確率是用來判斷模型整體能夠準確預測的能力，公式為真陽性加上真陰性後，再除以總樣本數；敏感度又被稱為真陽性率 (true positive rate)，是指實際上為陽性的樣本中，成功推估為陽性的比例，公式上為真陽性除以實際上為高於閾值（即真陽性加上假陰性）的比例，此指標代表在真實發生疫情時，有多少的比例可以被模型中正確的辨識出來，因此對於疫情的監控有重要意義。特異度又稱為真陰性率 (true negative rate) 是指實際上為陰性的樣本中，成功推估為陰性的比例，為真陰性除以實際上為低於閾值的比

例，三個指標的公式如 Eq. 19 ~ Eq. 21。



$$\text{準確度 accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + FP + FN + TN} \dots\dots \text{Eq. 19}$$

$$\text{敏感性 sensitivity} = \frac{TP}{TP + FN} \dots\dots\dots \text{Eq. 20}$$

$$\text{特異性 specificity} = \frac{TN}{TN + FP} \dots\dots\dots \text{Eq. 21}$$

因此本研究會透過平均值的閾值判斷準確度、敏感性、特異性三個指標，再透過正規化後的數值，以閾值的敏感性分析繪製出三個指標的折線圖，來觀察閾值設定對於三個指標的變化程度，來判斷利用 REDOS 推估的正確性。



四、境外移入風險預測

透過 REDOS 模型計算出當地疫情，並經過驗證之後，便能對境外移入風險國進行未來風險的評估。透過推估的當地疫情 $\hat{I}_l(t)$ 及來源國到某個目標國家 k 國的移動資料 $w_{ik}(t)$ ，如同 Eq. 2、Eq. 3 及 Eq. 5 的概念，若是理解來源國疫情強度及移動率的前提下，就能捕捉到境外移入時間的機率分配，便能得知 k 國未來的境外移入風險，如數學式 Eq. 22 ~ Eq. 24，得以推估移入潛在地區的境外移入時間分配，可以計算從推估時間的一段時間之內，發生多起境外移入的機率值作為警戒，或是透過預測來推估境外移入發生的時間區間，來了解疾病移入的風險。

$$\hat{m}(t) = w_{ik}(t) \times \hat{I}_l(t) \dots \dots \dots \text{Eq. 22}$$

$$\hat{M}(t) = \int_0^t \hat{m}(s) ds \dots \dots \dots \text{Eq. 23}$$

$$f_n(t|\hat{I}_l, w_{ik}) = \frac{\hat{M}(t)^{n-1}}{(n-1)!} e^{-\hat{M}(t)} \times \hat{m}(t) \dots \dots \dots \text{Eq. 24}$$

第四章 研究結果



第一節 資料描述

一、國際移動資料

1. 國際航班資料

本研究取用 Innovata 資料庫中，2014 年至 2017 年間，從新加坡、馬來西亞兩國飛往臺灣的航班。因為航班資料庫是每年分開計算，表 7 則統計星馬兩國來臺航班數量在這四年間的變化，能觀察新加坡飛往臺灣此航線之航班選擇，在這四年間皆較馬來西亞多。

表 7 星馬兩國來臺航班數量（2014 年～2017 年）

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	22	26	27	29
馬來西亞	19	17	16	27

航班數量只能代表航線對於不同航空公司及航班計畫的選擇，實際上仍需考慮不同航班的飛行頻率，真正能代表兩國之間移動關係的是班次數量。圖 26 代表星馬兩國至臺灣的每日班次數量，其中紅色是來源為新加坡的航班，藍色是馬來西亞起飛之航班。從每日班次數量能發現在同一週之間班次數量回有些許的起伏，可能是平日與假日班次數量的區別，以及每年的年初則會有突然飆高的現象。將圖 26 的時間尺度加總到以週為單位（圖 27），能觀察到各州之間起伏較不大，除了星馬兩國在年末都有下降，在隔年年初爬升的現象，以及新加坡班次數量在第一季都相較其他時間還要高，可能是受到新年及華人過年的時間所導致。

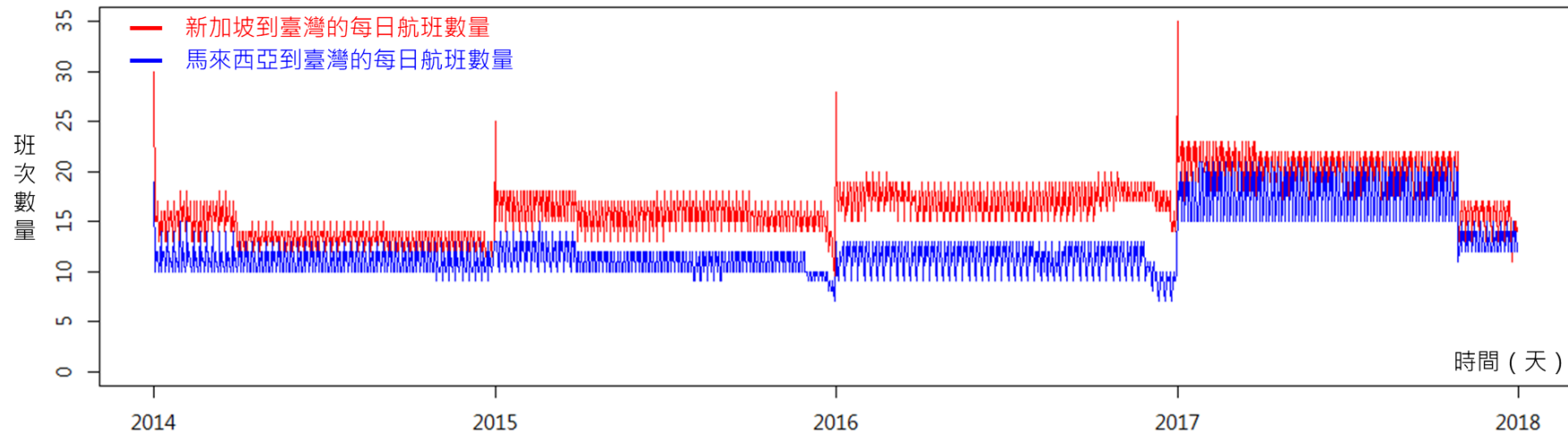


圖 26 星馬兩國至臺灣的每日班次數量（2014 年～2017 年）

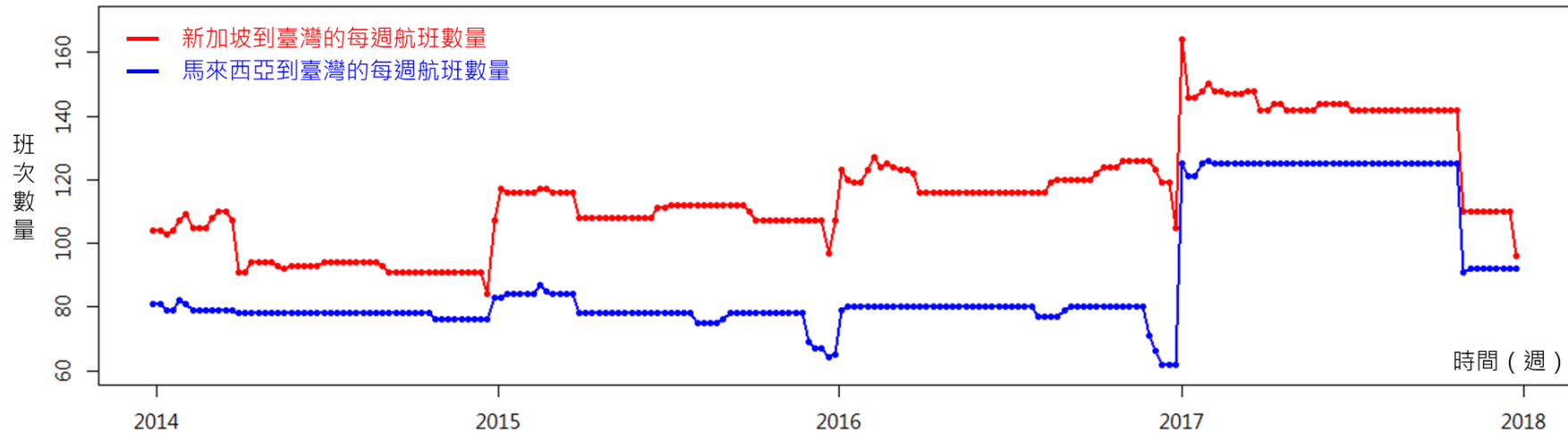


圖 27 星馬兩國至臺灣的每週班次數量（2014 年～2017 年）



2. 來臺人次統計

由上述航班與班次資料可以了解到，以交通的航運頻率來說，新加坡至臺灣的航班密度都較馬來西亞至臺灣的還更加密切，然而觀察星馬兩國來臺人次(表 8)，便會發現來自馬來西亞的人數都較高，因此實際上的交流與接觸應該更加頻繁，如果透過單純航運數量計算的話，可能會低估馬來西亞的移動率。

表 8 星馬兩國來臺人次數量 (2014 年~2017 年)

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	376235	393037	407267	425577
馬來西亞	439240	431481	474420	528019

交通部觀光局觀光統計資料庫提供來臺人次數據，如圖 28，紅藍兩色分別代表自新加坡與馬來西亞兩個居住地，從 2014 年至 2017 年逐月的來臺人次，能發現大部分時間都是馬來西亞較高。然而使用每月來臺人次則無法捕捉一個月中日間的變化，因此本研究將人次月資料的解析度擴充至日資料，透過班次數量的變動性來捕捉月內的變化，進行插值計算。

計算每日移動人次結果如圖 29，以整體尺度來觀察，每個月之間的相對值滿足實際上來臺人次的趨勢，而在一個月之內的變化則透過航班的移動資料來捕捉。因此本研究將透過計算每日移動人次，作為星馬兩國到臺灣的每日移動率。



圖 28 星馬兩國至臺灣的每月來臺人次數量（2014 年～2017 年）

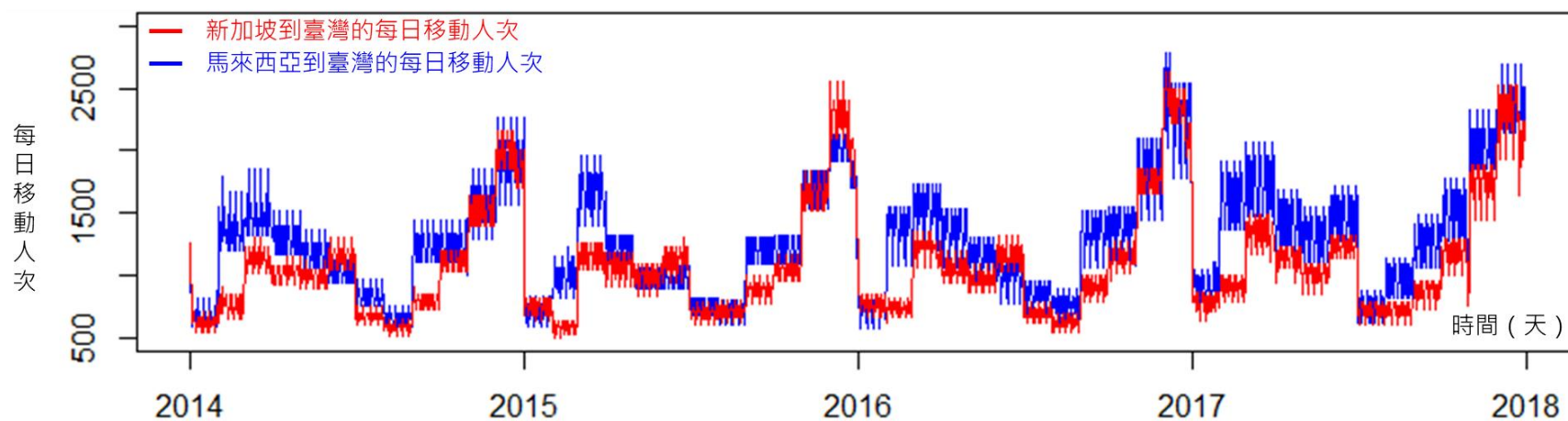


圖 29 星馬兩國至臺灣的每日估計移動人次（2014 年～2017 年）



二、臺灣登革熱境外移入病例

臺灣在 2014 年～2017 年受到來自新加坡與馬來西亞登革熱移入之病例數如表 9。此四年之間，臺灣登革熱的境外移入總病例數分別為 240 例、365 例、363 例、333 例，因此來自星馬兩國的境外移入數量約為 15%～35%之間。

表 9 臺灣登革熱由星馬兩國移入之病例數（2014 年～2017 年）

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	12	14	17	10
馬來西亞	71	58	44	42

觀察臺灣境外移入的時間分布，如圖 31 及圖 32，能觀察從新加坡的境外移入數量每週最多為 2 例，而從來源自馬來西亞的登革熱移入數量，最高可到達 6 例，且平均每週也超過 1 例，在境外移入數量來說，馬來西亞對臺灣的影響則較強，也和其本身來源國的疫情、感染人數較多亦有關。

由於來自新加坡的境外移入病例數較少，在進行來源模型推估時，時間窗格則會選擇較長日期的回推範圍，以確保能捕捉到足夠數量的境外移入病例，使得推估結果會更加準確。

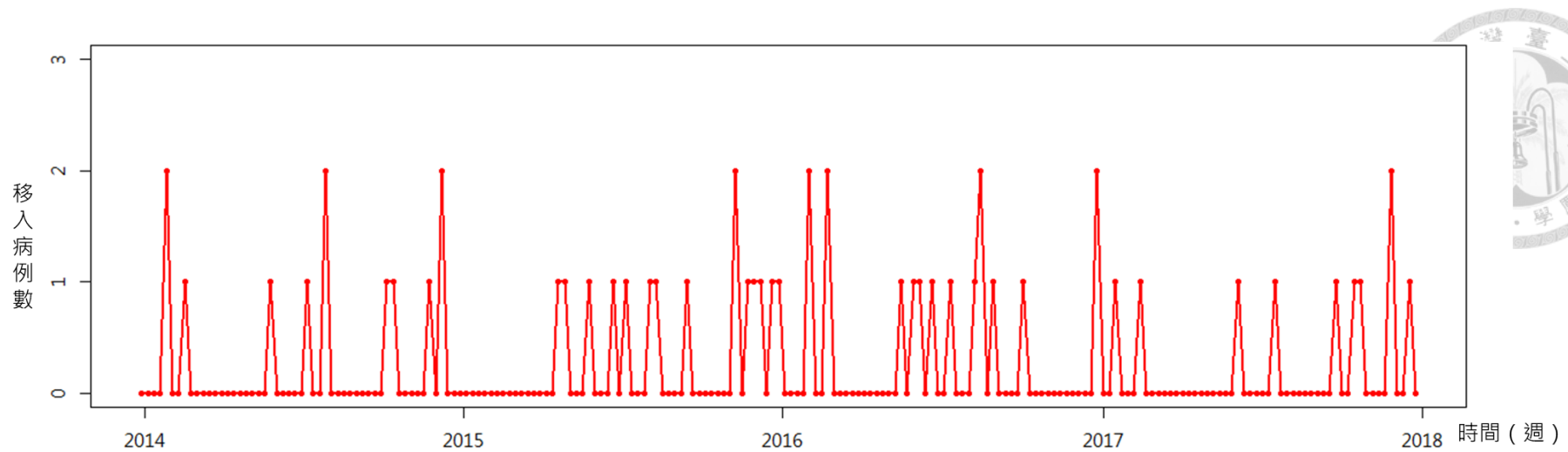


圖 30 感染來源為新加坡的境外移入病例數 (2014 年~2017 年)

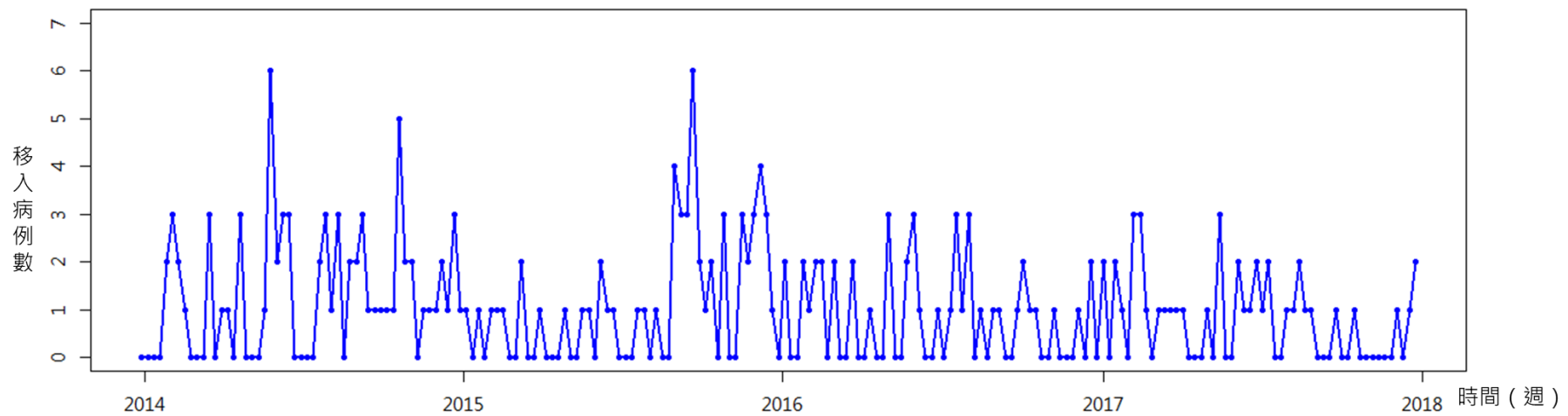


圖 31 感染來源為馬來西亞的境外移入病例數 (2014 年~2017 年)



三、新加坡與馬來西亞當地登革熱疫情資料

新加坡及馬來西亞的當地登革熱疫情病例統計皆來自該國衛生部，在 2014 年～2017 年間的病例數之描述統計如表 7。馬來西亞當地疫情在各週都明顯的高於新加坡 (圖 32)，在此四年間，新加坡總感染病例數為 45,509 例，馬來西亞則為 414,740 例，相差將近十倍。

造成感染病例差異的原因，可能是受到兩因素影響，一個是本身國內人口數的差異，一個是資料在計算病例的定義不同。根據美國中央情報局之人口統計，新加坡國內人口約為 620 萬人，而馬來西亞國內人口約為 3260 萬人 (CIA 2020)。人口基數相差五倍，在人口基數差異的情況下，造成馬來西亞總感染人數較多。然而依照比例計算，馬來西亞病例數量仍明顯高於新加坡，則可能是兩者在界定感染病例時的標準有差異，如前一章提到，新加坡與臺灣一樣採用實驗室確診標準，而馬來西亞是透過醫生臨床症狀診斷作為標準，而前者較為嚴格，後者較為寬鬆、不精確，也因此導致馬來西亞的登革熱感染人數會較高。

表 10 星馬兩國 2014 年～2017 年當地疫情統計之描述統計表

年份		2014	2015	2016	2017
新加坡	年總和(例)	18306	11291	13153	2759
	週病例平均(例)	345	217	253	53
	週病例最大值(例)	888	458	635	90
馬來西亞	年總和(例)	108698	120836	101357	83849
	週病例平均(例)	2051	2324	1949	1612
	週病例最大週值(例)	3142	3500	3645	2302

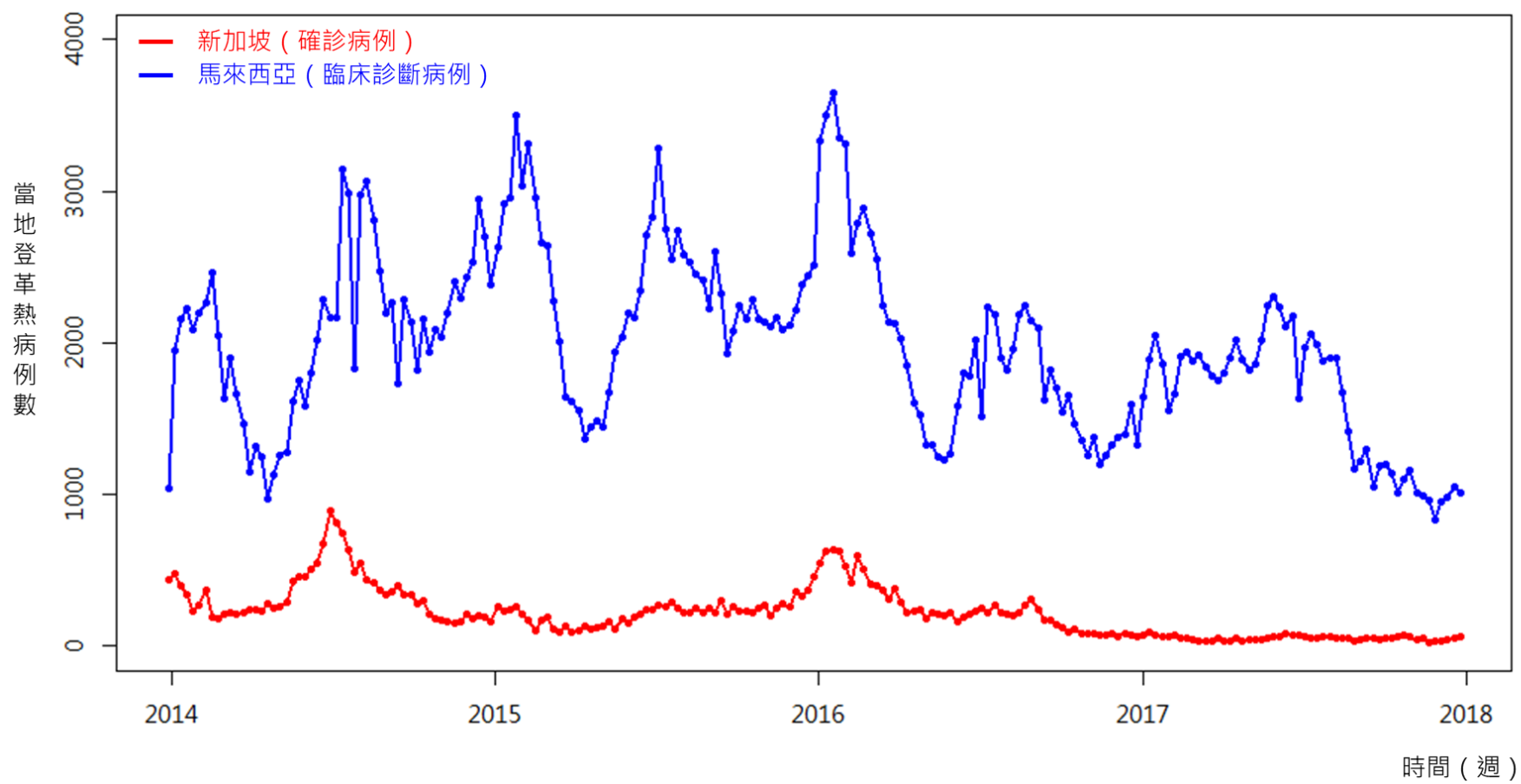


圖 32 星馬兩國當地官方登革熱病例數 (2014 年 ~ 2017 年)



第二節 假設性疫情推估

利用 SEIR 模型來產生一組資料，作為來源國的感染狀況。首先設定來源地區的總人口為 1000 人，在疫情初始值的康復人口為 0 人，而在此地有 1 個人已經受到感染，1 個人正在潛伏期中，其餘的人皆為尚未感染的易感族群。設定此及病的傳播率（有效接觸率）為 0.8，潛伏率與復原率皆為 1/7，表示平均潛伏期與可傳播期（處在感染的期間）皆為 7 天。利用符號表式則如下式。

$$\beta = 0.8, \sigma = \frac{1}{7}, \gamma = \frac{1}{7}, S_0 = \frac{998}{1000}, E_0 = \frac{1}{1000}, I_0 = \frac{1}{1000}, R_0 = 0$$

觀察疫情初始值到 100 天內的疫情趨勢，重點聚焦在感染人數 (I) 的數量變化，透過 SEIR 模型能夠計算出感染人數，如圖 33 (a)，作為某地的假設性疫情。下一步則搭配已知的移動率 w_{ij} ，透過 NPP 過程，模擬出從此地傳播另一個國家的境外移出病例時間，如圖 33 (b)，就代表當地境外移出之時間。本研究此處假設移動率 w_{ij} 設定為一符合常態分配的隨機變量。

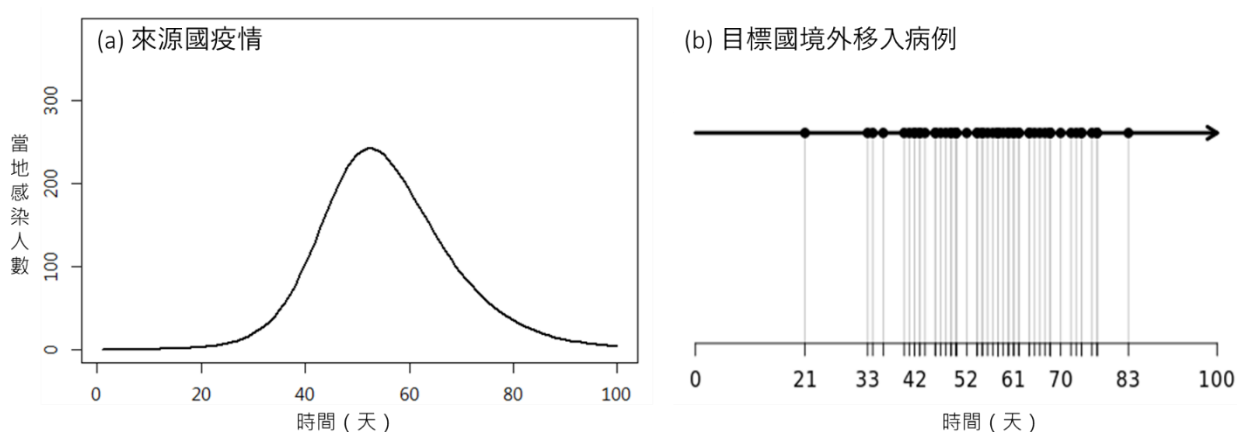


圖 33 透過 SEIR 模型與 NPP 過程得到之當地疫情與境外移出時間

取得目標國家的境外移入時間後，即圖 33 (b) ，試圖透過境外移入與移動率這兩種資訊來回推出來源國的疫情。利用上述這兩種資料，透過 REDOS 模型，設定動態推估的時間窗格設定為 30 天，得到回推的疫情值與 95%信賴區間包絡，如圖 34，而由於在疫情發生之 40 天以前，時間窗格中的移入病例數太少，則無法進行推估。在回推假設性疫情之信賴包絡中套疊上原先 SEIR 計算出的結果，如圖中的黑色曲線，能觀察到當地感染的真實值皆有落在 95%信賴區間中，顯示出此方法的可行性。

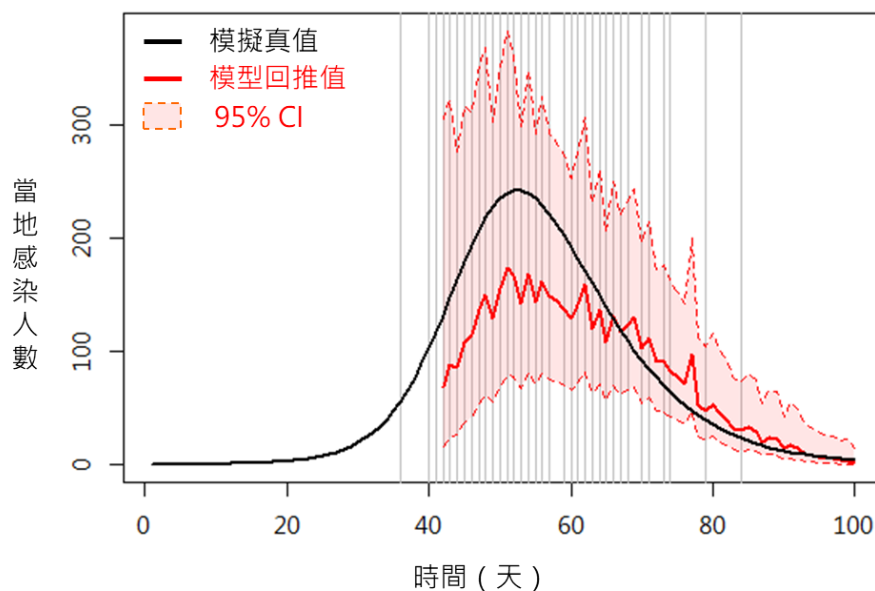


圖 34 利用境外移入時間回推假設性疫情與驗證

本研究進一步搭配不同的疫情情境，來確認疫情回推模型的實用型。將此模擬來源國的總人口 (10000 人)、疫情初始值的康復人口 (0 人)、潛伏率與復原率 (0.15) 固定，並將潛伏人口設為 0 人，易感族群人口數訂為非處於感染期的人口。因此調整傳播率 (β) 及疫情初始的感染人數 (I_0)，來產生不同的情境，加以透過假設性疫情驗證模型。而更多的疫情情境詳見本章的第六節 REDOS 網頁平台與其案例，能讓使用者自行設定不同的疫情模擬參數。



本研究在論文中列出三種情境來進行推估，參數設定如表 11。情境一的傳播率設定為 0.8，疫情初始感染人數為 1 人；情境二的傳播率設定為 0.5，疫情初始感染人數為 50 人；情境三的傳播率設定為 0.3，疫情初始感染人數為 100 人。

表 11 進行假設性疫情驗證之三種情境

符號	意義	情境一	情境二	情境三
β	傳播率	0.8	0.5	0.3
$S_0 \times N$	初始易染人數	9999	9950	9900
$E_0 \times N$	初始潛伏人數	0	0	0
$I_0 \times N$	初始感染人數	1	50	100
$R_0 \times N$	初始康復人數	0	0	0
圖示		圖 35 (a)	圖 35 (b)	圖 35 (c)

由流行病學概念的理解，此三個情境的設定下，情境一的傳播率高，疫情成長速度會最快，也相對應代表境外移入時間會最集中，反之，情境三的傳播率較低，疫情成長速度較緩慢，因此境外移入時間會分布較為平均，而情境二則介於兩者之間。

回推結果與驗證能從圖 35 得到解答，其中紅線代表推估疫情，黑線為實際 SEIR 計算之感染人數，從圖片中能觀察，在三個情境下，回推假設性疫情之信賴區間，皆有包含到 SEIR 計算的真實疫情。因此在本節假設性疫情的結果下，代表來源疫情回推方法，在簡化的 SEIR 疫情狀況下，能夠有效反推回來源國的當地疫情。

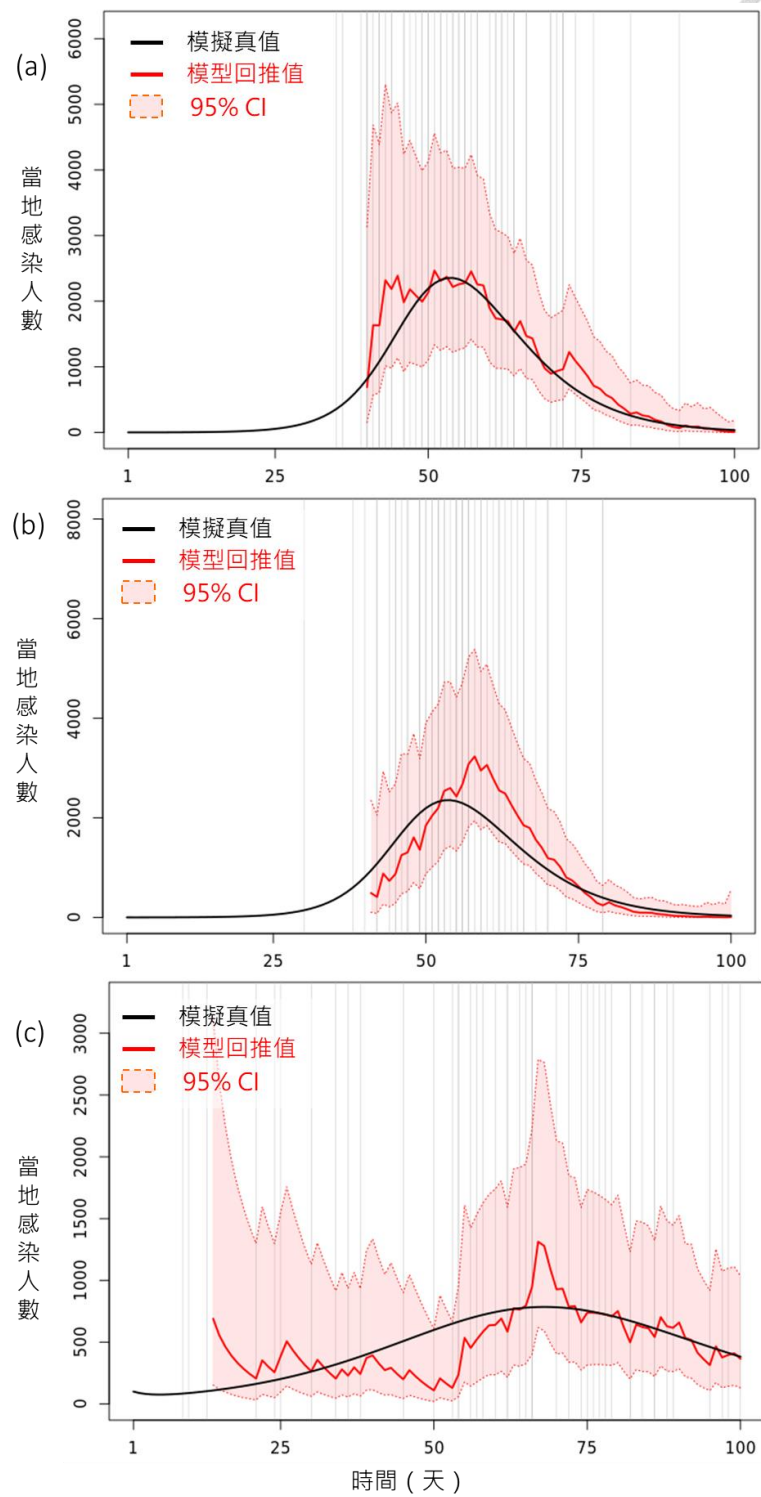


圖 35 回推三種情境的假設性疫情與驗證



第三節 境外移入病例推估真實疫情

前一節透過假設性疫情的回推與驗證，能夠知道在流行病數理模型簡化下的假設性疫情能夠被 REDOS 模型來正確推估，因此進一步則要觀察此回推模型應用到真實疫情資料後，模型推估的效果如何。

由於第一節提到臺灣境外移入病例數來自新加坡的數量較少，為了捕捉到足夠數量的境外移入病例以進行推估，此處的時間窗格則會選擇較長日期的回推範圍，在本節先設定時間窗格為 180 天，即代表觀察半年間的境外移入病例來推估星馬兩國的當地疫情。而時間窗格的長度是否會影響到回推結果，會在下一節中的敏感性分析來進行討論。

將臺灣登革熱境外移入資料與國際航班資訊輸入至來源推估模型之後，能得到圖 36 的回推結果，此結果是以一天作為時間解析度。比較新加坡（紅線）與馬來西亞（藍線）的結果，能發現新加坡的信賴區間都較寬，可能是受到時間窗格所包含到的境外病例數較少，因此推估的準確性較低，使得信賴區間都較寬。且比較兩國家的縱軸數值，馬來西亞的數值相對高於新加坡，符合第一節所呈現當地來源疫情的數量狀況。

推估結果需要與真實疫情進行對比，因此將圖 36 的回推結果，以一週為時間解析度進行加總，得到圖 37 之結果，其趨勢與圖 36 結果相同，只是在小範圍間的數值震盪有隨著解析度加總而平滑化。

進一步則透過時間序列相似性，與爆發時間偵測的正確性，來對推估疫情與真實疫情進行相似性的比較，進行驗證。

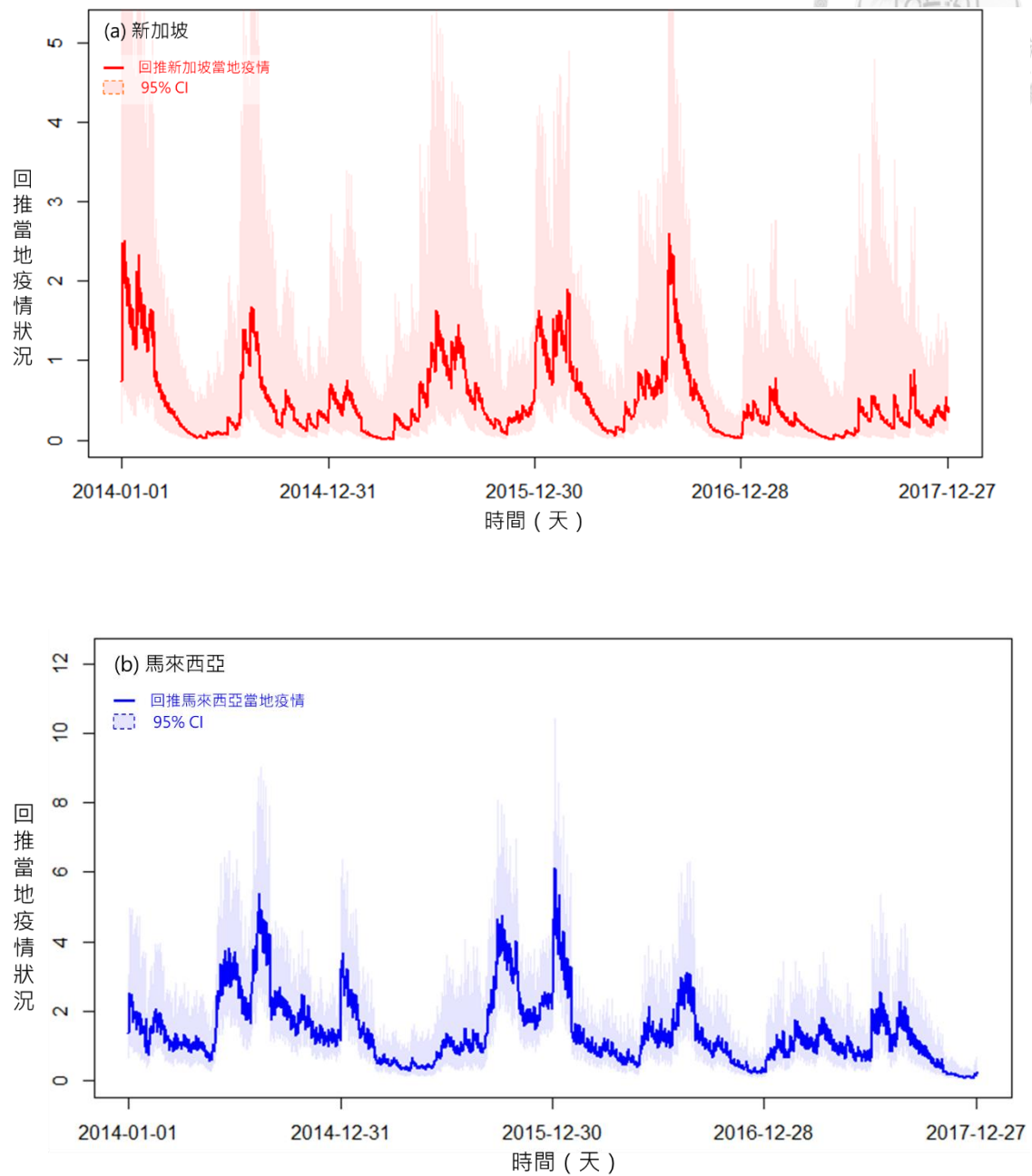


圖 36 透過臺灣移入病例回推星馬兩來源國當地疫情

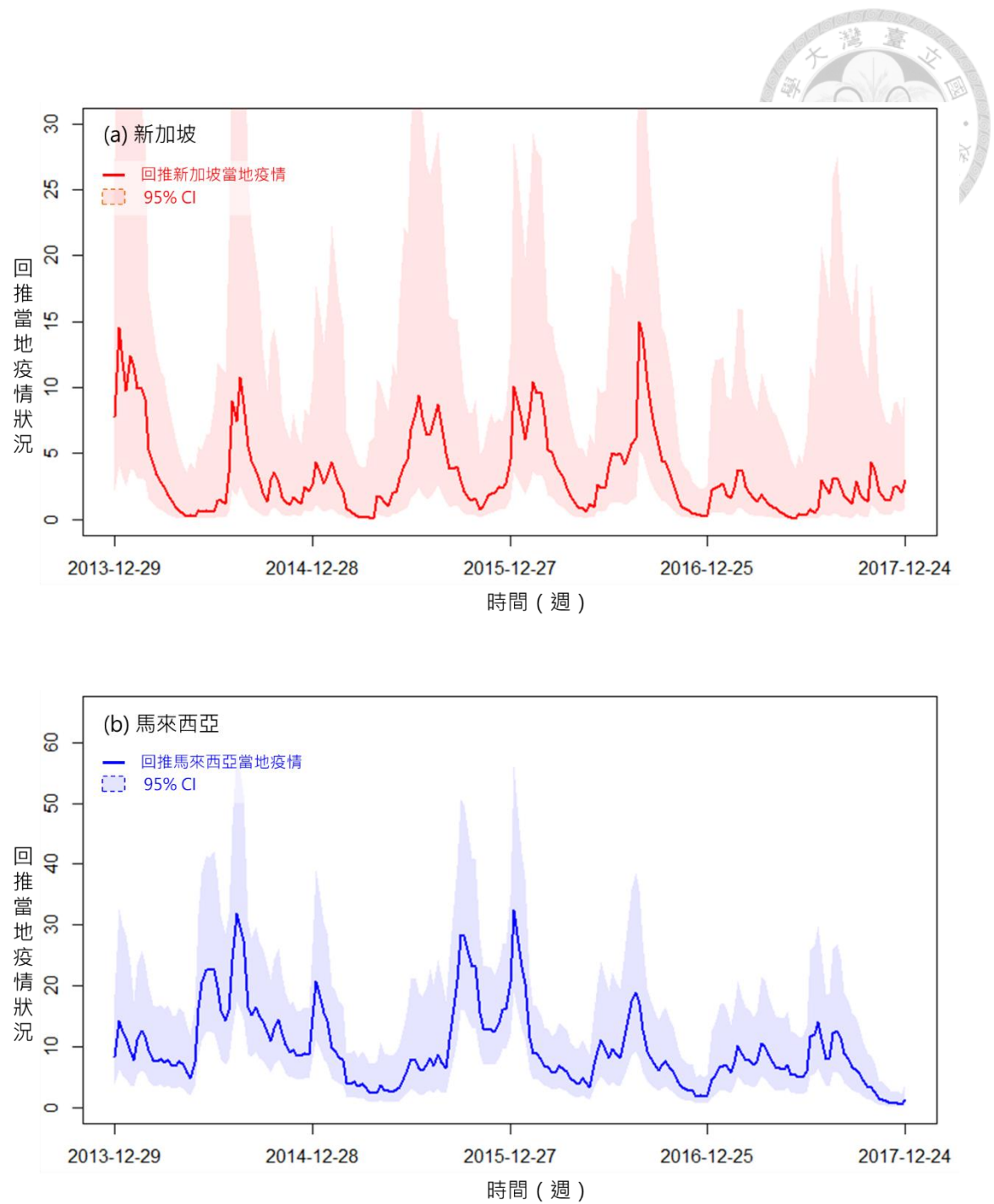


圖 37 臺灣境外病例推估之當地疫情加總至以週為單位



一、正規化疫情比較

由於推估結果和實際資料的數值為相對關係，因此需要透過數值正規化方能進行比較。本研究認為每年的疫情狀況皆會受到該年不同環境因子而改變，因此將逐年資料分開討論，利用除法除以該年度最大值來進行正規化後，再與官方統計疫情比較，因此兩者的相對關係會落在 0 和 1 之間。

新加坡與馬來西亞 2014 年～2017 年的推估疫情分別如圖 38 及圖 39，其中紅色與藍色線段代表正規化後的推估疫情，淺紅與淺藍包絡則代表正規化後的 95%信賴區間，而黑色曲線代表星馬兩國衛生部提供之官方統計疫情經過正規化後的數值。

觀察星馬兩國推估疫情，大多時間都有落在信賴區間中，然而受到境外移入數量差異，導致新加坡的信賴區間較寬，可能會對於估計判斷的標準過為寬鬆，且正規化後難以衡量落在信賴區間中的物理現象之意義，因此信賴區間的分布圖只能作為參考的依據。

透過圖 38 及圖 39，能發現推估值和實際值的趨勢大致上類似，然而在新加坡 2014 年夏季的高峰估計出有延遲，以及 2017 年夏季的疫情走向不同。在馬來西亞推估方面，由於馬來西亞的信賴區間估計較窄，2015 年與 2016 年上半年沒有落在 95%信賴區間內，即使如此疫情上升與下降的趨勢是一致的，整體推估疫情的趨勢也和真實疫情是較為接近的。

後續則會透過時間序列形態相似性及疫情爆發時間偵測正確度等量化指標，來觀察 REDOS 回推的結果。

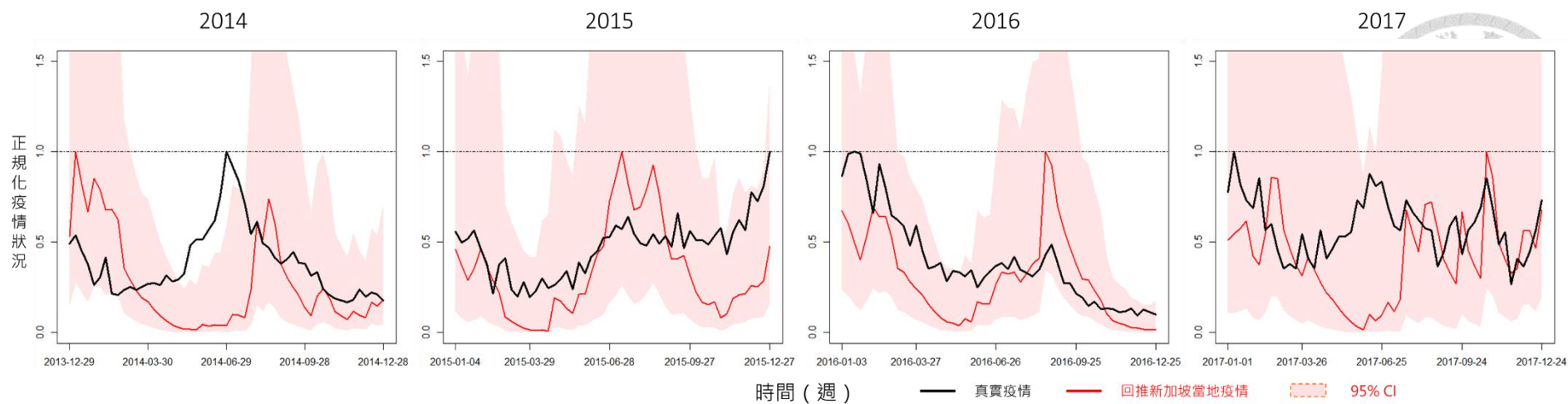


圖 38 臺灣推估新加坡疫情與官方真實疫情比較

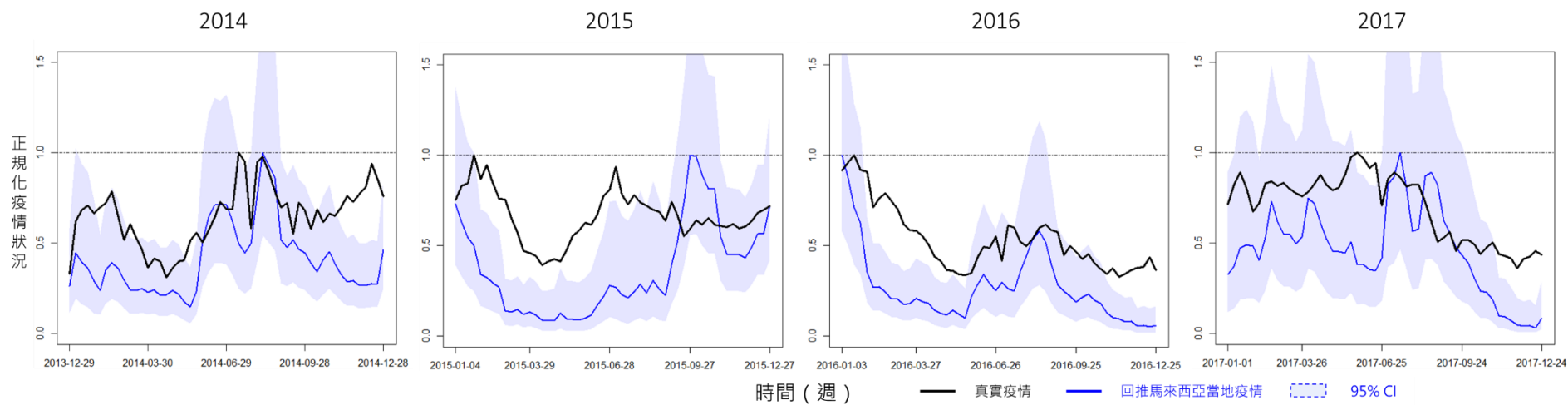


圖 39 臺灣推估馬來西亞疫情與官方真實疫情比較



二、時間序列的形態之相似性

(一) 餘弦相似性

透過餘弦相似性觀察推估曲線與真實曲線兩者趨勢的相似性，尤其是兩條時間序列的整體方向趨勢，計算結果如表 12。

表 12 推估曲線與真實曲線之餘弦相似性

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	0.629	0.841	0.869	0.838
馬來西亞	0.931	0.831	0.903	0.923

餘弦相似性越接近 1 則代表兩條時間序列越相近，如同圖 38 與圖 39 的觀察，新加坡在 2016 年兩條曲線走向最相近，因此餘弦相似性分數最高，而 2014 年因為時間、走勢不同等影響，餘弦相似性分數則較低。

而馬來西亞的推估疫情與真實疫情的趨勢，在圖 38 中能顯示出比起新加坡各年度的推估，馬來西亞兩者的趨勢較接近，雖然信賴區間無法捕捉，但餘弦相似性表現較新加坡好，表示方向性的趨勢來說馬來西亞較佳，因此在 2014 年、2016 年及 2017 年的餘弦相似性分數都超過 0.9，然而 2015 年因為推估差異較大，餘弦相似性分數也較低。

(二) 距離函數

透過距離函數來計算兩段時間序列在相同時間的差值的總和，評估整個時間序列的差距量，計算結果如表 13。

表 13 推估曲線與真實曲線之距離函數值

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	2.585	1.958	1.688	2.417
馬來西亞	2.185	2.850	2.153	2.264

距離函數值越低則代表兩條時間序列越相近，如同上述所說，新加坡 2014 年的延遲，以及 2017 年夏季的走向差異，使得此兩年數值較高，而 2016 年評判標準則是最佳結果。馬來西亞方面，除了 2015 年之外，其他三年的數值較接近，而 2015 年明顯低估的情形發生，也顯示在距離函數值中，為數值最高的一年。

總體而言觀察相同時間下，整體數值之間的差距，與圖 38 與圖 39 的圖表呈現效果是一致的。

(三) DTW 距離

透過動態時間規整演算法，計算 DTW 距離能夠針對兩時間序列形狀相似性進行評估，綜合餘弦相似性的方向上及距離函數在差值距離上的優點，計算結果如表 14。

表 14 推估曲線與真實曲線之 DTW 距離

年份	2014	2015	2016	2017
新加坡	7.757	10.100	6.915	10.273
馬來西亞	11.540	10.685	8.960	11.334

DTW 的距離越小則代表兩者形態越相近。綜合整題的形態來說，新加坡的 DTW 數值與餘弦相似度的關係一致，2016 年皆明顯推估最佳，而 2014 年次之，優於 2015 及 2017 年的推估效果。馬來西亞的 DTW 距離，相比於餘弦相似度而

言，呈現的關係 DTW 值皆較高，代表整體方向可能相近，但正規化後的數值高低可能有相對值的落差。然而在 2015 年的驗證中，以整體兩條時間序列的相似形而言，是較 2014 及 2017 年還好，計算出的 DTW 距離則較近，此關係可能是受到時間延遲效果的影響，代表對於疫情在 2015 年的整體形狀變化上，兩條曲線的關係是更相近的。

對比推估曲線圖及信賴區間，以及量化的時間序列相似性，如餘弦相似性、距離函數及 DTW 距離等比較，能發現圖與表的結果是很相近且能互相對應的。前者的好處是可以透過視覺化觀察該年每一週的推估狀況，而後者能給出多樣的量化指標，包括方向、差值及形狀等。對比量化中的幾個方法中，在不考慮時間延遲的發生，當餘弦相似性落在 0.85 以上，同時距離函數值越低者，在圖形中能觀察出兩條曲線的相似性較高，則代表推估疫情的趨勢也和真實疫情較為接近，能說明 REDOS 模型的適用性。

三、疫情爆發時間偵測之正確性

(一) 平均值作為閾值

此部分透過閾值的設定來評估疫情爆發，來判斷推估效果。首先以推估值與真實值各自設定相對的標準，當疫情數值超過該年的平均，則代表當時間疫情為爆發期，結果如圖 40 與圖 41，由於是各自使用推估值或真實值的平均，因此兩者的閾值會不同，圖片中黑色水平虛線為該年真實值的平均，紅色及藍色水平虛線則為推估值的平均，並將超過閾值的時間點標註圓形符號，代表當時被偵測為疫情爆發的時期。

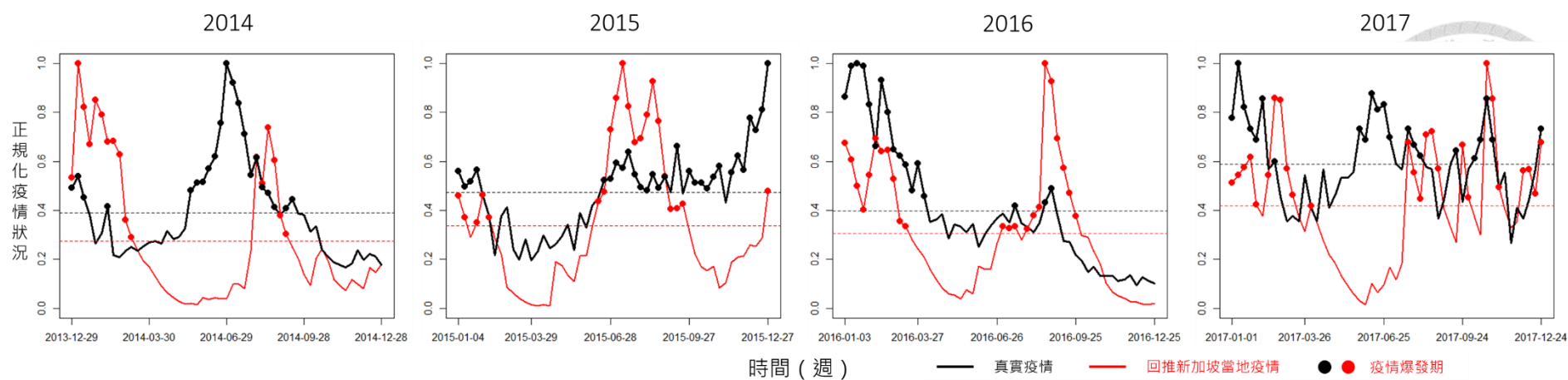


圖 40 新加坡疫情爆發期偵測——以平均為閾值

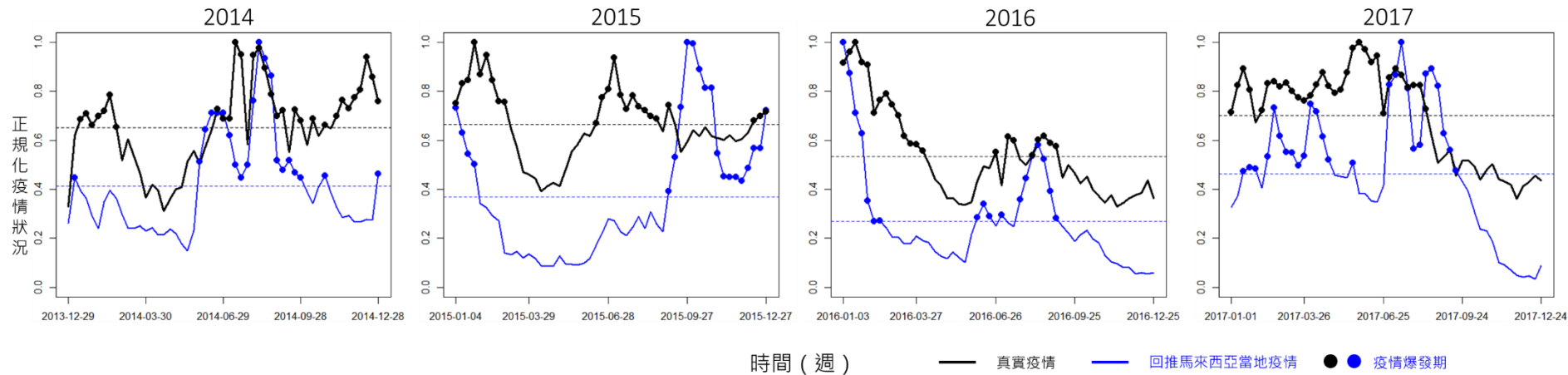


圖 41 馬來西亞疫情爆發期偵測——以平均為閾值

經過分類後，透過混淆矩陣計算後的量化指標，如表 15。首先觀察準確率指標，新加坡的 2016 年推估結果最佳，而馬來西亞 2015 年推估結果最差，甚至小於 50%，而其他年度的準確度落在 50%~70%之間。敏感性指標是用來偵測當實際上疫情發生時，推估值有多少比例能夠偵測到疫情爆發，大部分都落在 50%以上，當中也是以新加坡的 2016 年推估結果最佳，而新加坡 2014 年以及馬來西亞 2015 年的推估值也落在 50%以下，顯示這些年之推估效果較為不佳。而特異度則是觀察疫情誤判的狀況，除整體來說特異度都較高，但疫情偵測來說，更重視疫情發生時是否被正確偵測，因此更看重敏感性的效果。

表 15 疫情爆發期偵測量化指標——以平均為閾值

來源國家	年度	準確率	敏感性	特異度
新加坡	2014	0.623	0.429	0.750
	2015	0.654	0.552	0.783
	2016	0.769	0.824	0.743
	2017	0.538	0.545	0.533
馬來西亞	2014	0.604	0.5	0.739
	2015	0.442	0.333	0.536
	2016	0.692	0.545	0.800
	2017	0.673	0.656	0.700

這些偵測指標也和前者時間序列方法相互呼應，能評判在新加坡 2016 年推估值較好，而馬來西亞 2015 年及新加坡 2014 年的推估效果較差，觀察偵測圖能發現可能是受到走勢差異，以及正規化後相對值差異過大的因素所造成。

(二) 設定閾值之敏感性分析

本研究進一步設定不同閾值，來觀察是否因為閾值設定的差異，造成評估指標產生差異。由於推估值與真實值已經經過正規化處理，因此直接選擇 0 至 1 的數值作為閾值，結果如表 16、表 17 及圖 42、圖 43。



表 16 新加坡疫情爆發期偵測指標表

	2014			2015			2016			2017		
閾值	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度
0	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-
0.1	0.623	0.623	-	0.827	0.827	-	0.750	0.745	1.000	0.885	0.885	-
0.2	0.547	0.489	1.000	0.692	0.680	1.000	0.731	0.718	0.769	0.769	0.769	-
0.3	0.585	0.400	0.826	0.654	0.561	1.000	0.673	0.588	0.833	0.692	0.706	0.000
0.4	0.660	0.381	0.844	0.654	0.500	1.000	0.808	0.647	0.886	0.519	0.533	0.429
0.5	0.604	0.167	0.732	0.615	0.292	0.893	0.827	0.583	0.900	0.442	0.361	0.625
0.6	0.698	0.143	0.783	0.731	0.143	0.822	0.846	0.500	0.929	0.596	0.238	0.839
0.7	0.811	0.000	0.896	0.788	0.000	0.854	0.827	0.000	0.956	0.692	0.083	0.875
0.8	0.887	0.000	0.940	0.885	0.000	0.920	0.846	0.000	0.957	0.827	0.143	0.933
0.9	0.943	0.000	0.980	0.942	0.000	0.961	0.885	0.000	0.958	0.962	0.000	0.980
1	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000

表 17 馬來西亞疫情爆發期偵測指標表

	2014			2015			2016			2017		
閾值	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度
0	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-
0.1	1.000	1.000	-	0.865	0.865	-	0.865	0.865	-	0.865	0.865	-
0.2	0.962	0.962	-	0.692	0.692	-	0.577	0.577	-	0.827	0.827	-
0.3	0.585	0.585	-	0.462	0.462	-	0.231	0.231	-	0.788	0.788	-
0.4	0.528	0.468	1.000	0.404	0.392	1.000	0.423	0.211	1.000	0.654	0.647	1.000
0.5	0.396	0.273	1.000	0.442	0.341	1.000	0.673	0.292	1.000	0.654	0.550	1.000
0.6	0.472	0.229	0.944	0.365	0.184	0.857	0.788	0.267	1.000	0.519	0.324	0.889
0.7	0.698	0.263	0.941	0.558	0.105	0.818	0.865	0.300	1.000	0.500	0.250	0.900
0.8	0.868	0.250	0.978	0.750	0.000	0.886	0.942	0.400	1.000	0.558	0.167	0.893
0.9	0.906	0.200	0.979	0.904	0.000	0.959	0.923	0.200	1.000	0.885	0.000	0.979
1	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000	1.000	-	1.000

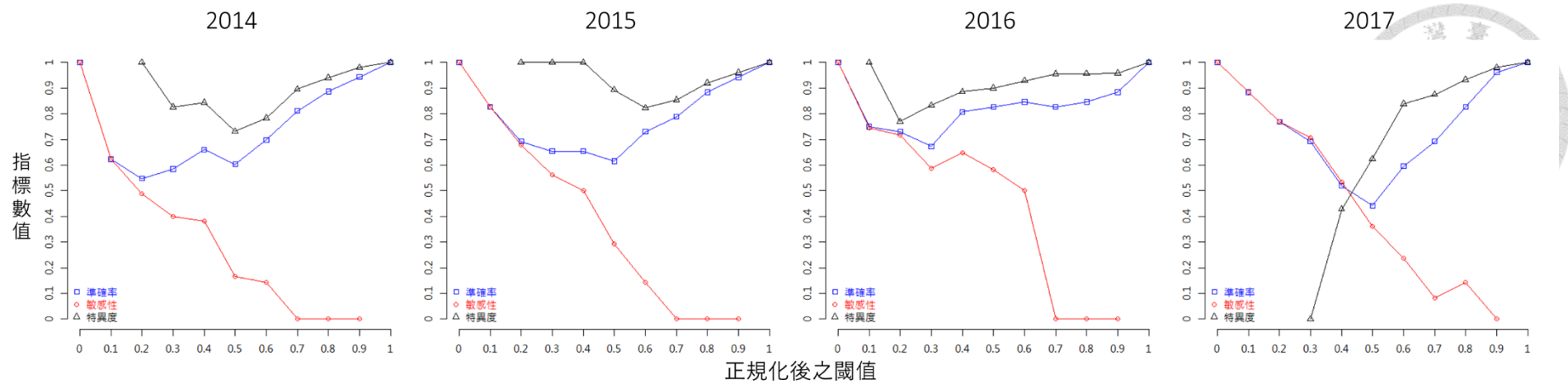


圖 42 新加坡疫情爆發期偵測指標散布圖

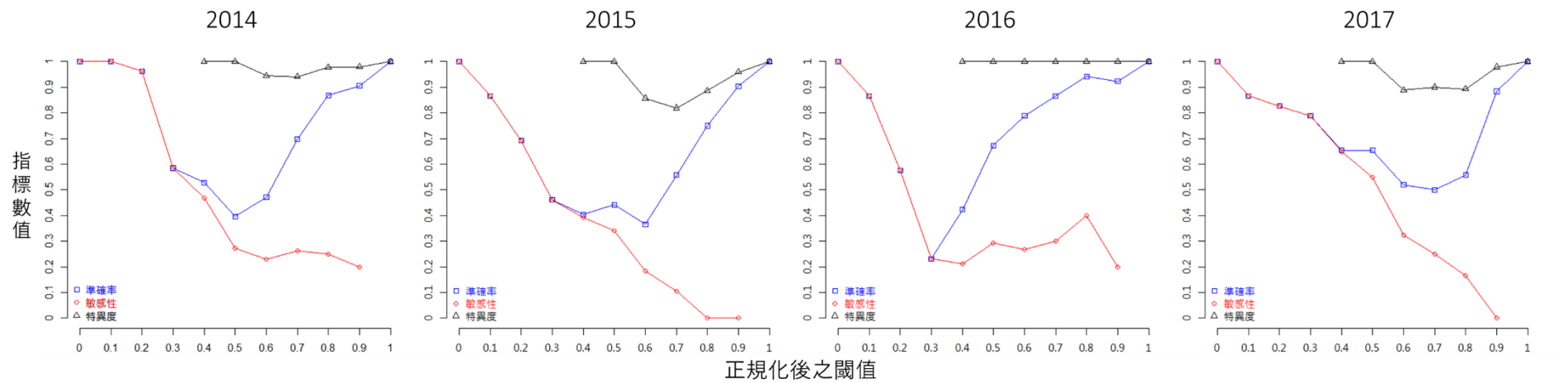


圖 43 馬來西亞疫情爆發期偵測指標散布圖

整體趨勢上，準確度在閾值過高或過低的情況，都會是接近 1 的數值，表示所有時間都被判斷成疫情爆發或疫情緩和，而當閾值並非極端值時，隨著閾值提高，準確度會先下降，而後逐漸上升至 1。敏感性則會因為閾值設定越高，數值會逐漸下降，表示當閾值設定較高時，更精確的真實疫情，其爆發時間透過 REDOS 回推會較難以判斷。而特異度除了新加坡 2017 年外，其他回推值都偏高，變動性也不高，表示實際無疫情時比較不容易造成誤判，能避免造成恐慌。

而比較前段落透過平均值作為閾值來當作標準，能觀察到任意設定閾值的準確度指標，大部分都比設定為平均還高，因此本研究將平均值當作是衡量模形的標準，並沒有造成低估的現象，又能保留模形準確度數值的最低下限，也能作為一個較客觀的基準閾值，來評估敏感性和特異度。

關於不同閾值的設定，如套疊四個年度的資料直接比較，觀察新加坡四年的資料，如圖 44，能發現準確度整體而言 2016 年較佳而 2014 與 2017 年兩年較差，以及敏感性更能捕捉到 2014 年的數值皆比較低，2016 年的評估較佳等結果，滿足前述驗證的樣態。

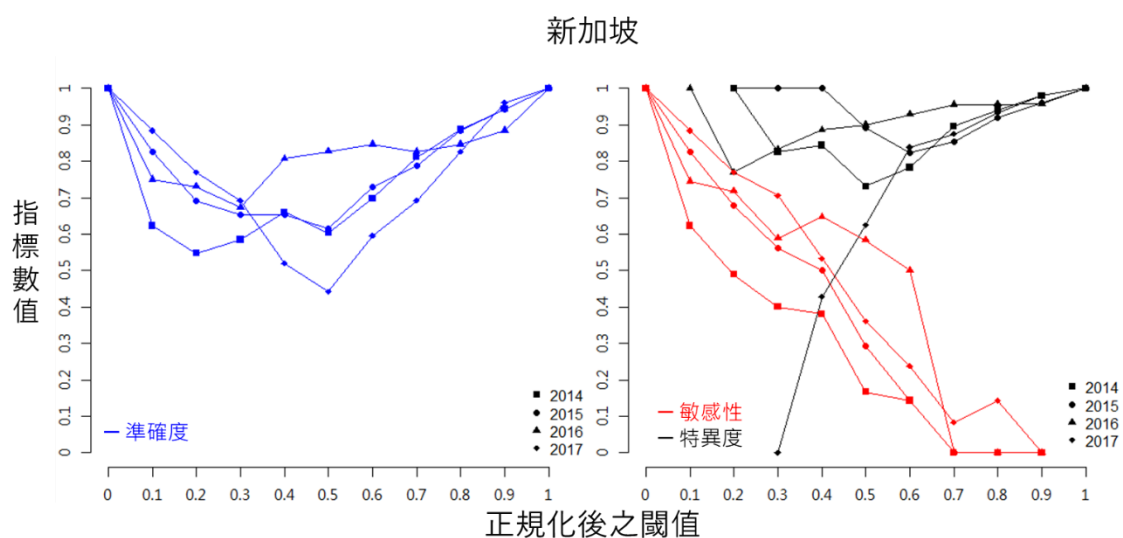


圖 44 新加坡 2014~2017 疫情偵測指標比較

而馬來西亞的部分，2016 年的變動性較大，當閾值較低時模型驗證狀況較差，然而閾值較高時，評估結果則較好，回推到推估值與真實值的比較而言，由於兩者值中間存在相對落差，當閾值落在這個標準之中，便會導致有落差。排除 2016 年資料外，2017 年在準確度與敏感性的表現較好，而 2015 年在準確度、敏感性與特異度三個指標都較差。

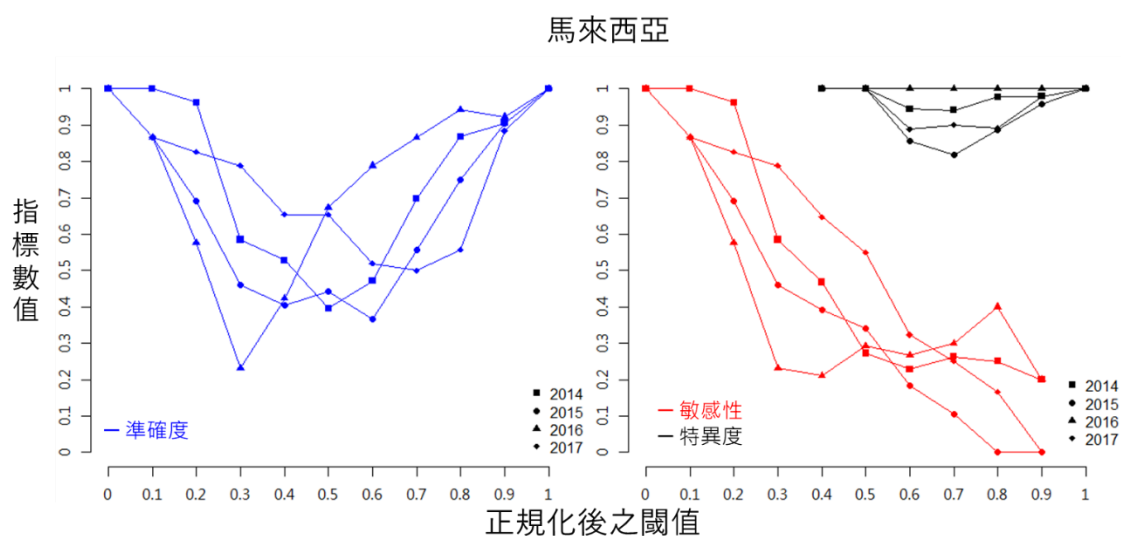


圖 45 馬來西亞 2014~2017 疫情偵測指標比較

本節利用真實境外移入病例資料，透過 REDOS 回推方法，推估 2014 年至 2017 年星馬兩國的真實疫情，並透過多樣的量化指標來評估推估值的優劣。綜合這些驗證結果，觀察到推估值都能趨勢性的描述真實疫情，或進行疫情爆發的偵測，其中馬來西亞的推估值在方向趨勢上較相近，而新加坡則是數值上的差異較小。在推估結果中，也能發現有幾年的推估值明顯較好或較差，如新加坡 2016 年的指標都呈現推估良好，而馬來西亞 2015 年的推估值皆呈現較不準確的因素，造成這部分推估優劣的差異，會在下一章進行討論。



第四節 時間窗格敏感性分析

上一節的 REDOS 回推，皆選用特定回推時間區間，設定時間窗格為 180 天，表示每次回推皆取得半年的境外移入資訊來計算。然而需要考量區間的設定是否會影響結果，當掌握的資訊越少是否會影響推估的結果，因此針對回推時間區間進行敏感性分析。

因此本研究將時間窗格設定從一個月至六個月的時間，即 30 天至 180 天的區間，進行敏感性分析，觀察時間窗格影響回推結果的效果。

一、REDOS 回推曲線

觀察不同時間窗格的 REDOS 回推曲線，如圖 46，能發現每日的推估曲線的變化，在時間區間越短時，疫情的起伏趨勢就越大，時間區間越長，則曲線就會較平滑，但體趨勢的差異沒有受到區間設定有太大的改變。

進一步將資料加總至週資料時 (圖 47)，以利後續模型驗證指標的計算。在週資料的折線圖中，在更大尺度觀察下，比較新加坡不同時間窗格的六條曲線，當時間超過 120 天後，曲線的形狀趨勢基本上是一致的，時間窗格越小變化性仍然很大，而馬來西亞則是 90 天後的曲線就都較相似，為有 30 天與 60 天的曲線起伏較大。相較於新加坡來說，馬來西亞只需要較短的時間窗格就能得到較穩定研究的結果，是因為來自馬來西亞的境外移入值較多，也較平均，不容易受到搜尋區出現缺值或病例太少等因素影響。

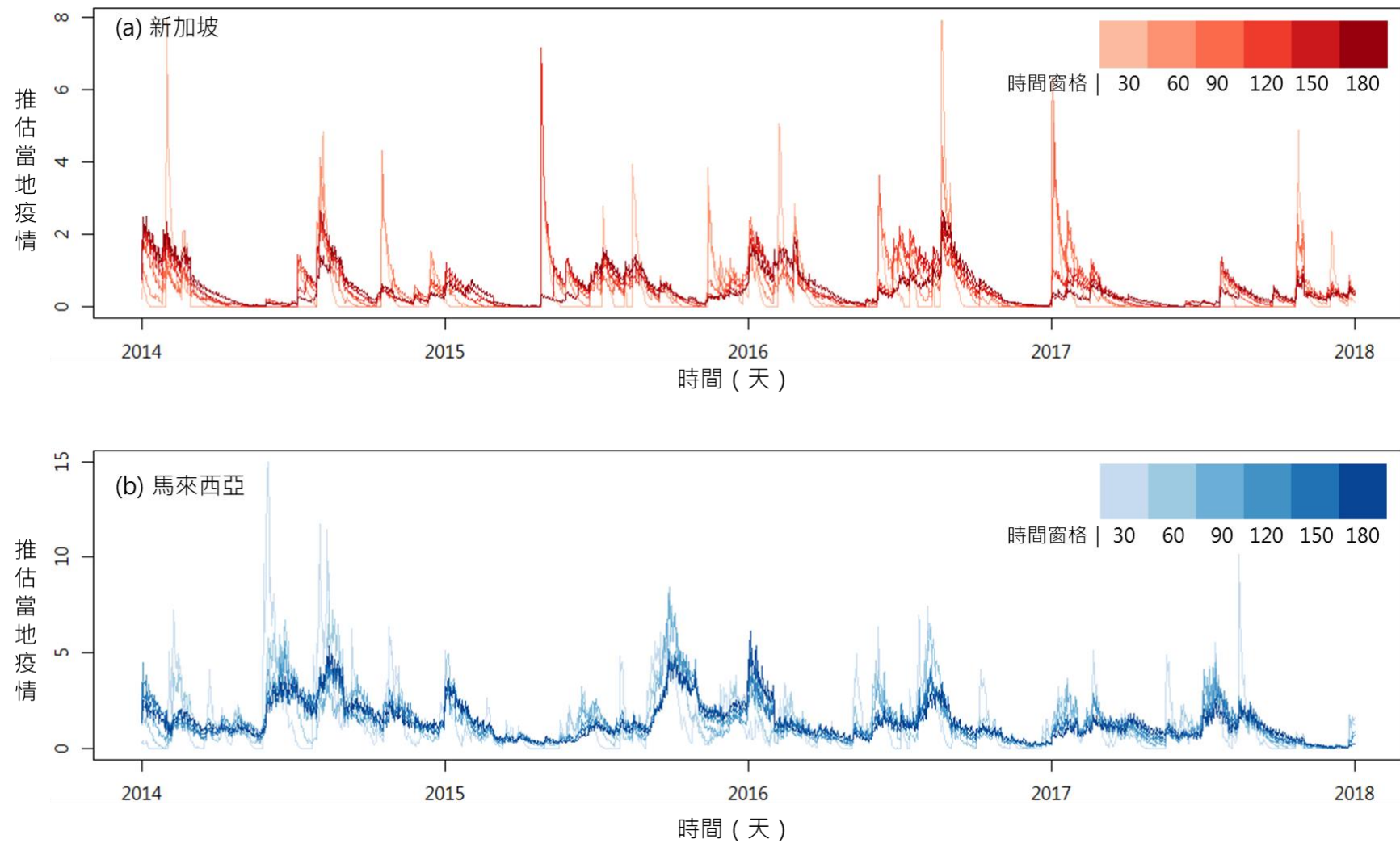


圖 46 不同時間窗格之 REDOS 推估日結果

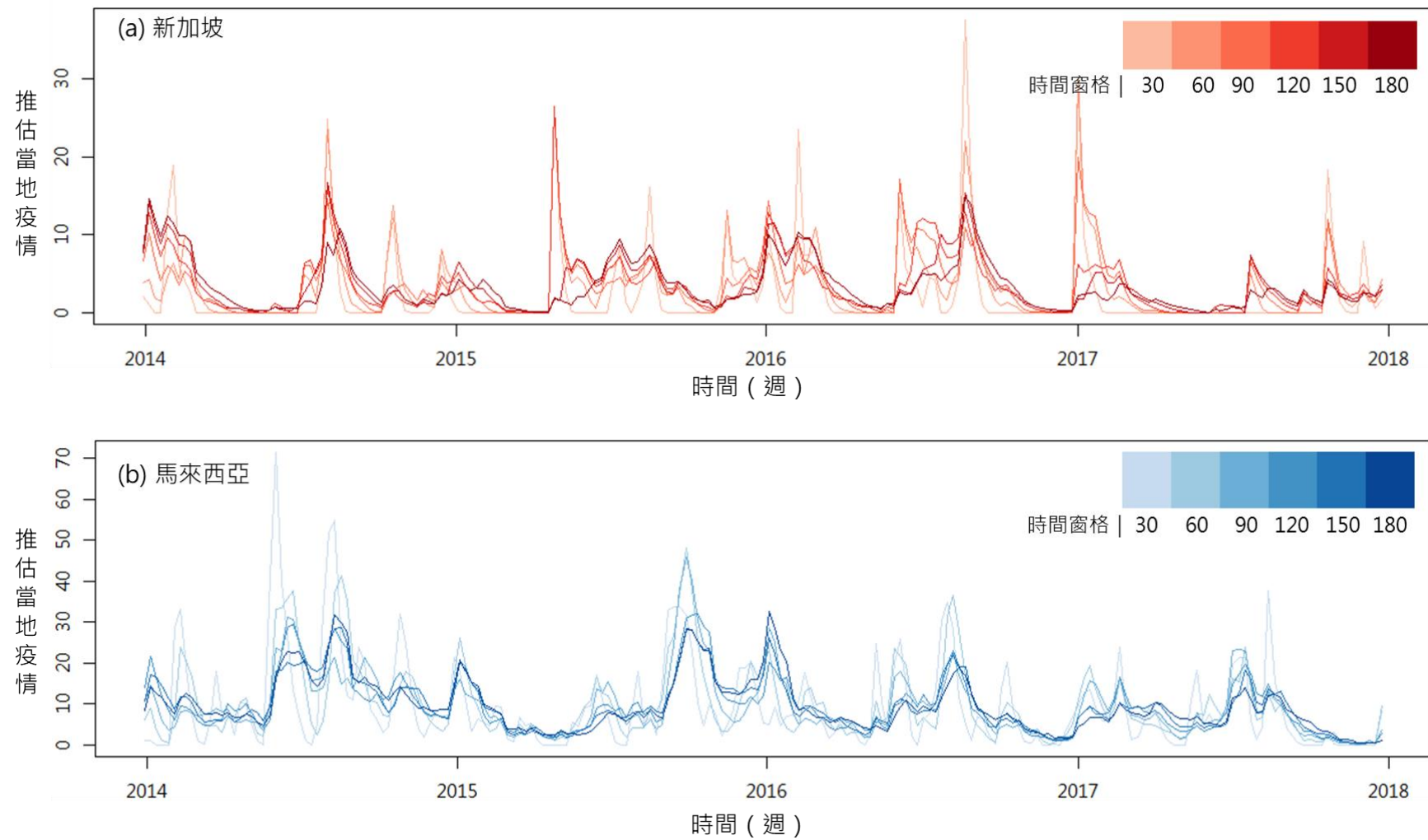


圖 47 不同時間窗格之 REDOS 推估週結果



二、時間序列形態之相似性

除了單純觀察曲線的視覺化結果之外，本研究亦透過量化數據來衡量時間窗格的效果。

餘弦相似性、距離函數值與 DTW 函數隨時間窗格變化的折線圖如圖 48，其中詳細的數值請見附錄二中的表 S1～表 S3。時間窗格越大代表每次回推能掌握到的資訊越多，因此回推值應該會更加準確，而在這三個指標都能發現這樣的現象。上段落提及新加坡在 120 天與馬來西亞 90 後的回推區間，REDOS 曲線的起伏區間便會很類似，觀察餘弦相似性的折線圖，會發現紅色線在 120 天前的上升幅度較高，過了 120 天後則較平緩，同理在馬來西亞 90 天前的餘弦相似性變化斜率較大，90 天後則較平緩，此量化結果說明 REDOS 曲線在一定時間區間值後起伏的變化便會很類似，因此與真實值的方向相似性判定則會很類似。

而透過距離函數值及 DTW 距離，能發現當時間窗格越長，這兩個數值都會降低，代表驗證結果會越好。也就是說當時間窗格越長，REDOS 整體趨勢相近後，改變曲線的差異便是曲線更細緻的數值差異。然而時間窗格提升預測精確度的效果也會慢慢遞減，如距離函數折線圖在 150 天及 180 天的數值差異不大，以及 DTW 距離在 90 天至 120 天後的下降幅度都明顯小很多。

由上述量性結果，能得知如同 REDOS 曲線一樣，時間窗格會影響回推的狀況，時間窗格越長基本上正確度越好，但在某個特定區間之後，效果則差異不大，沒有明顯改善太多。

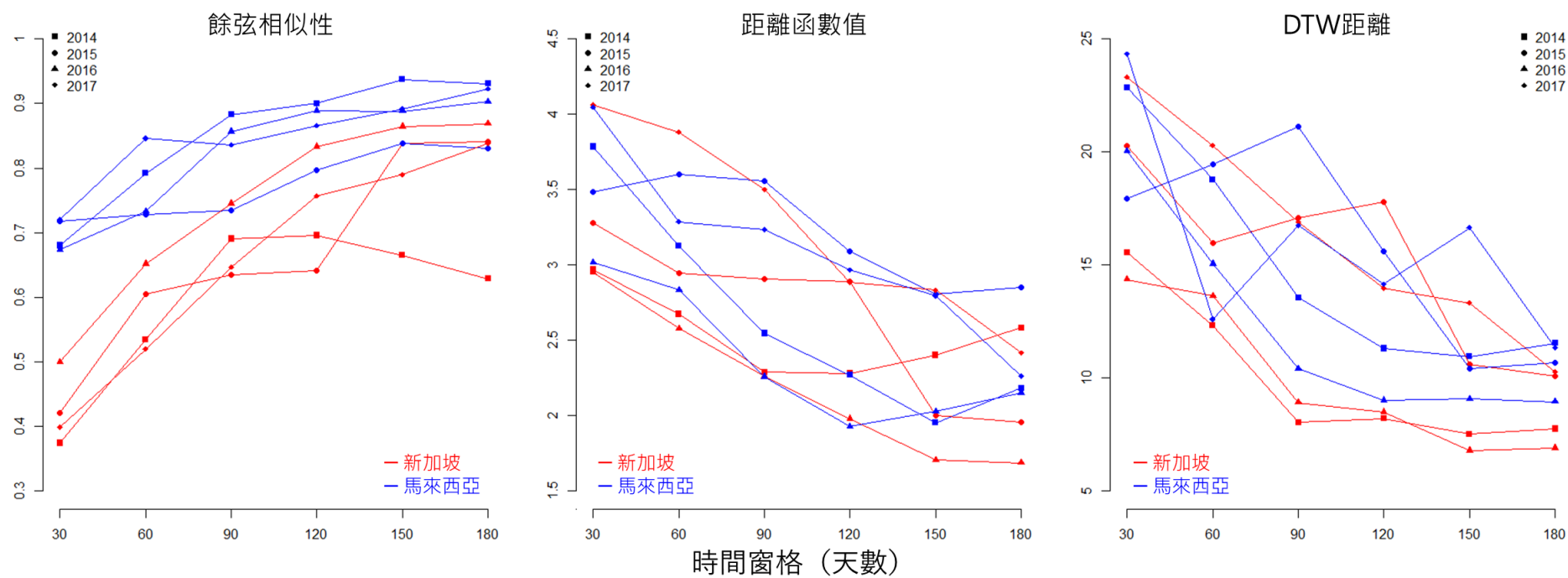


圖 48 時間序列相似性受時間窗格變化折線圖



三、疫情爆發時間偵測之正確性

本研究亦透過疫情爆發時間偵測來觀察時間窗格的效果。如上一章節所言，本研究以推估值與真實值的平均，作為判斷疫情是否為爆發期的結果，作為最有效的判斷值。

星馬兩國隨時間窗格改變的疫情偵測指標如表 18、表 19 及圖 49 圖 50。能觀察到疫情是否爆發的偵測效果，對於時間窗格的影響較弱。準確性在各個時間窗格下，數值都很接近，因此折線圖呈現出較水平的直線；敏感性在新加坡的疫情驗證中有出現隨時間窗格越高而提升的現象，尤其又以 30 天至 90 天的上升幅度較為明顯，120 天後的數值就維持水平直線，而在馬來西亞驗證疫情中，30 天至 90 天亦有上升趨勢，但不如新加坡疫情明顯；而特異度除了新加坡 2017 年疫情樹直有下降之外，其他年度都為水平線。本研究認為在疫情是否爆發的二元判斷時，時間窗格的影響性不大，但實務上最重要的敏感性指標，代表是否正確偵測到疫情爆發而言，當時間窗格的天數過於短，敏感性仍然會受到影響，其數值會較低。

表 18 隨時間窗格之新加坡疫情偵測指標

時間窗格	2014			2015			2016			2017		
	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度
30	0.528	0.238	0.719	0.577	0.379	0.826	0.731	0.588	0.800	0.654	0.273	0.933
60	0.585	0.476	0.656	0.654	0.586	0.739	0.654	0.588	0.686	0.750	0.500	0.933
90	0.660	0.571	0.719	0.596	0.517	0.696	0.692	0.647	0.714	0.731	0.545	0.867
120	0.660	0.571	0.719	0.596	0.552	0.652	0.712	0.706	0.714	0.673	0.591	0.733
150	0.642	0.476	0.750	0.615	0.552	0.696	0.750	0.765	0.743	0.577	0.500	0.633
180	0.623	0.429	0.750	0.654	0.552	0.783	0.769	0.824	0.743	0.538	0.545	0.533

表 19 隨時間窗格之馬來西亞疫情偵測指標

時間窗格	2014			2015			2016			2017		
	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度	準確率	敏感性	特異度
30	0.434	0.300	0.609	0.538	0.417	0.643	0.519	0.318	0.667	0.673	0.563	0.850
60	0.623	0.500	0.783	0.558	0.417	0.679	0.577	0.409	0.700	0.635	0.563	0.750
90	0.604	0.533	0.696	0.615	0.500	0.714	0.673	0.545	0.767	0.673	0.594	0.800
120	0.528	0.433	0.652	0.481	0.333	0.607	0.731	0.682	0.767	0.712	0.656	0.800
150	0.623	0.567	0.696	0.442	0.333	0.536	0.712	0.591	0.800	0.692	0.656	0.750
180	0.604	0.500	0.739	0.442	0.333	0.536	0.692	0.545	0.800	0.673	0.656	0.700

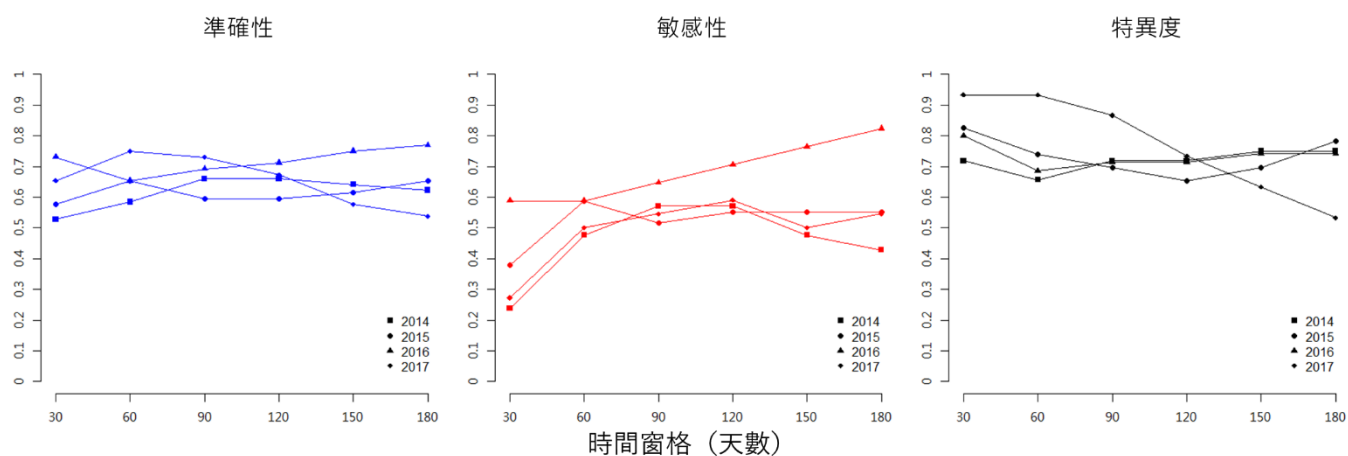


圖 49 隨時間窗格之新加坡疫情偵測折線圖

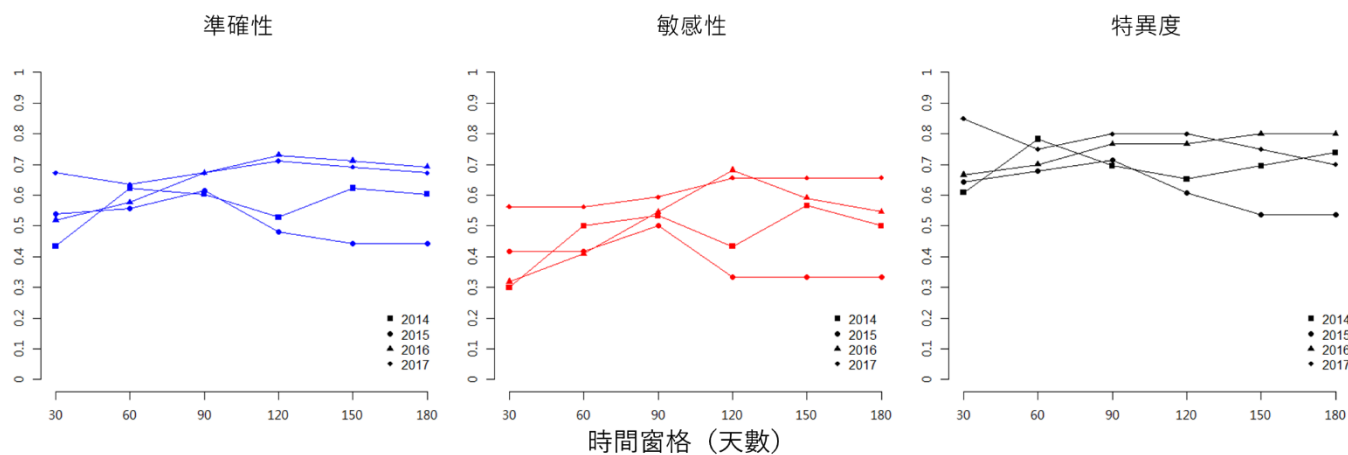


圖 50 隨時間窗格之馬來西亞疫情偵測折線圖



綜合 REDOS 曲線、驗證時間序列相似度及疫情偵測正確性，能得到結論為時間窗格的時間越長，推估的效果會越好，其原因跟資訊量的掌握有關。然而，在達到一定的回推時間之後，造成推估效果成長就會減緩，可能是模型一經掌握到相對應的資訊。也就是說當 REDOS 模型掌握到一定的資訊量後，即時間窗格到達資訊需求的標準區間時，推估效果的差異便不會相差太多。而新加坡和馬來西亞兩者對於回推時間的標準不同，可能是受到境外移入數量有關，新加坡境外移入數量較少且不平均，因此需要更大的時間窗格，才能補足未知的資訊，提升回推疫情的正確性。



第五節 未來境外移入風險評估

透過本章第三節 REDOS 的計算結果，能得到推估的當地疫情，搭配國際移動資料後，便可以進行境外移入的風險評估。本研究以馬來西亞到臺灣的境外移入風險作為示範，設定日期為 2015 年 9 月 15 日，透過 2015 年 9 月 15 日以前的境外移入資訊，推估當日的疫情狀況，並計算未來的移入風險，並分成「風險評估」及「時間預測」兩大面向。更多的風險評估設定，詳見本章的第六節的 REDOS 網頁平台的案例，能讓使用者自行設定不同的日期進行推算。

首先透過 REDOS 模型回推馬來西亞當地疫情，此處設定時間窗格為 100 天，如圖 51 (a)，並透過移動率進行相乘，得到馬來西亞到臺灣的境外移入強度值，如圖 51 (b)。藉由境外移入強度，透過 Eq. 24 的機率分布，便能計算境外移入風險，及預測未來幾起移入病例的發生時間。

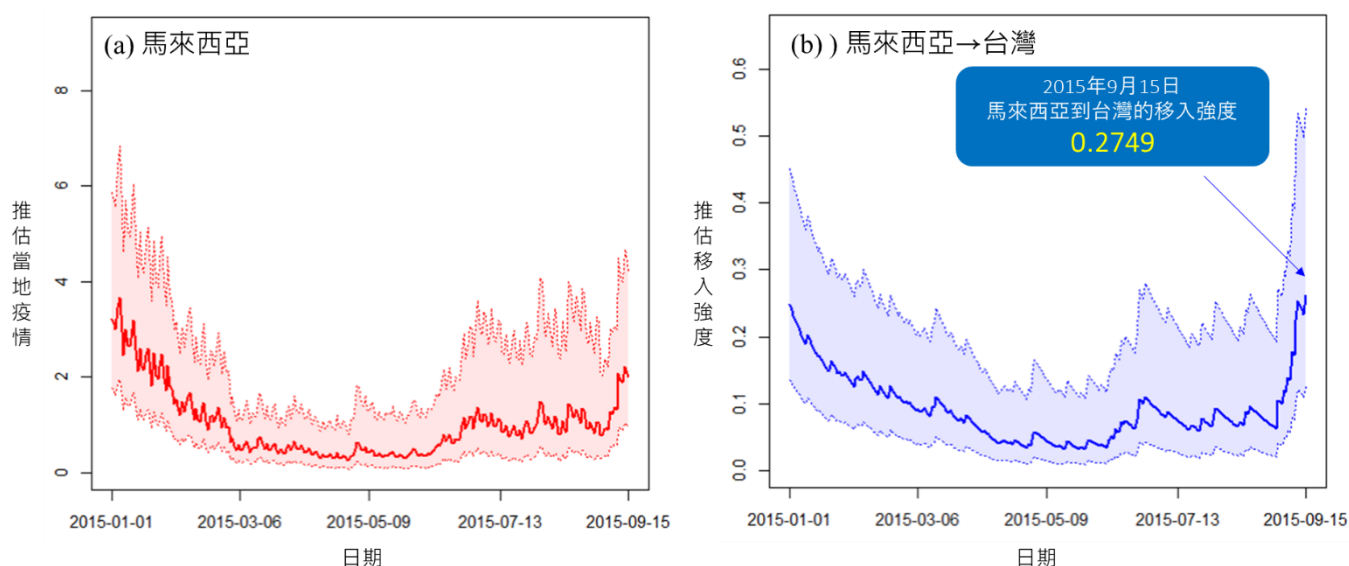


圖 51 回推特定日期疫情及移入強度



一、境外移入風險評估

透過移入強度，便可知道該特定時間的機率分配，故可以計算一段時間內發生境外病例移入的機率。例如想知道一週內發生兩起以上境外移入發生的機率，可透過 Eq. 24 中境外移入數量 n 設定為 2，計算小於七天的機率密度值，如圖 52 (a)；或是直接透過 Eq. 1 的假設，直接計算七天內 Poisson 分配超過 2 起病例的機率值，如圖 52 (b)。兩者的計算結果是一致的，即圖 52 中著色的部分，以本研究設定的時間當範例來說，在 2015 年 9 月 15 日之後，七天內會發生 2 起以上境外移入病例的機率為 57.3%。

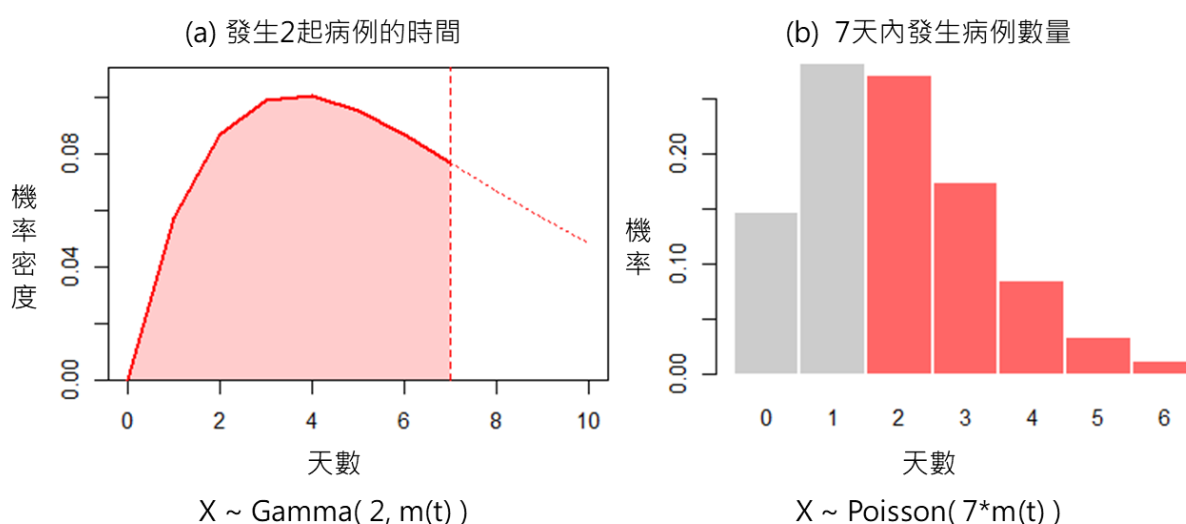


圖 52 七天內發生兩起移入病例的機率分配

因此可以透過特定時間內發生移入病例數量的機率大小，訂定警戒標準，如一週內發生兩起病例的機率超過 70%，或一個月內發生 10 起病例機率超過 80%等標準，來衡量未來境外移入的潛在風險，來提前預防發展成本土傳染，預先進行疾病防治。

對於多起境外移入病例的指標，可以透過累積機率密度的方式更方便的呈現，如圖 53 中曲線為不同 Gamma 函數的累積機率密度，透過日期的設定（如 7 天），便可直接對應到機率值，得知在第 7 天時，發生一起至多起境外移入病例的機率值。以本研究案例來說，七天內發生至少一起移入病例的機率為 85%、兩起以上為 57%，三起以上為 30%，以此類推。

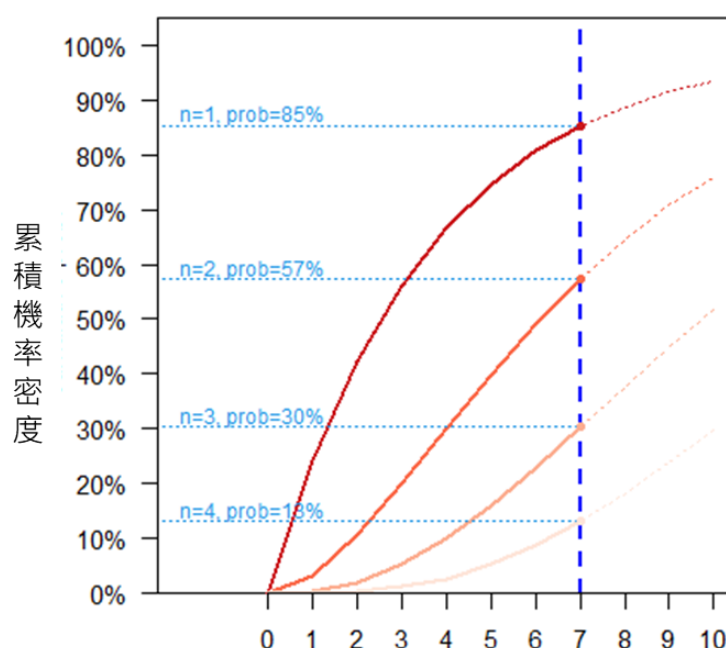


圖 53 七天內發生多起移入病例之機率

二、未來移入病例時間預測

除了進行風險評估之外，REDOS 的回推結果也能針對未來疫情發生時間進行預測，概念與前段落類似，都是透過 Eq. 24 的 Gamma 機率分配來進行區間預測。例如想知道未來第三起境外移入的發生時間區間，便可利用 Eq. 24，將境外移入數量設定為 3，便可得到機率分配，再來選定信心水準及單尾或雙尾，單尾推估表示從推估日當天開始計算，幾天之內會發生第三起境外移入，而雙尾則是進行區間的估計。



以本研究案例進行分析，推測從 2015 年 9 月 15 日，第三起病例未來發生的時間區間，以 95%CI 的信心水準，分別以單尾及雙尾來進行時間預測，結果如圖 54，單尾檢定結果為在 23 天內會發生第三起境外移入病例，雙尾檢定的結果，第三起境外移入病例會發生在第 2 天至的 27 天之間。另外，在未來發生移入病例後，可以放入預測區間中檢視是否推估正確，而由於本研究是利用過去時間的疫情資料進行推估，因此也已經掌握 2015 年 9 月 15 後的移入資料，因此一併放入圖 54，能發現第三起境外移入是發生於 9 月 20 日，即第 5 天，在圖中則以藍色縱線來代表實際移入時間。

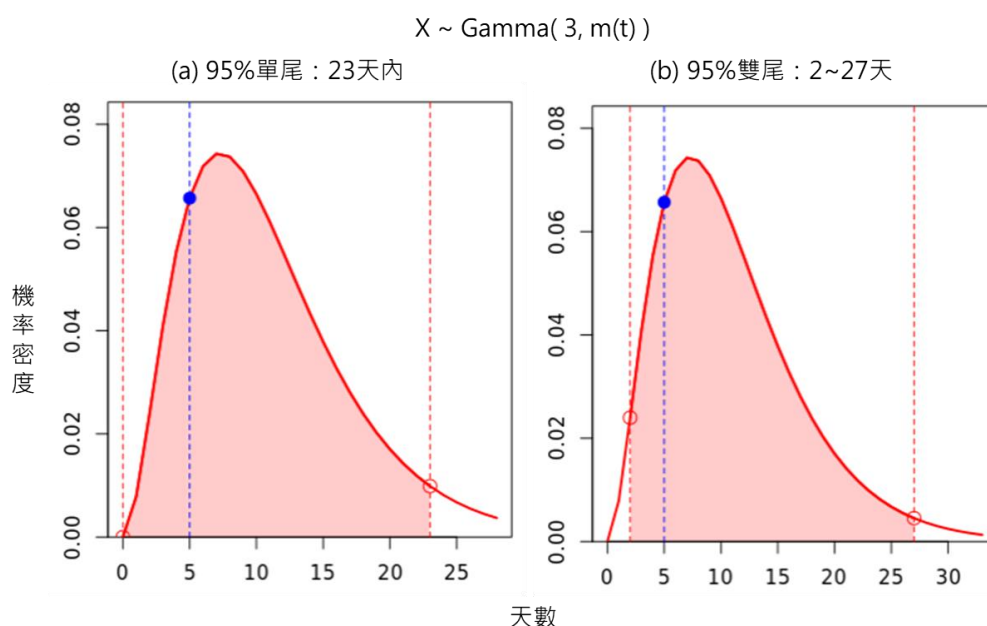


圖 54 發生第三起病例的預測時間區間

除了利用 2015 年 9 月 15 日作為研究案例，本研究比較三個不同移入強度的時間，來觀察時間預測的效果差異。觀察 2014 年 1 月至 9 月的移入曲線圖 (圖 55)，選擇三個時間作為觀察值，4 月 15 日疫情維持在較低的狀態，以及 6 月 1 日

疫情上升期，以及 7 月 15 日疫情趨緩階段。三者的移入強度值分別為 0.139、0.370、0.204。

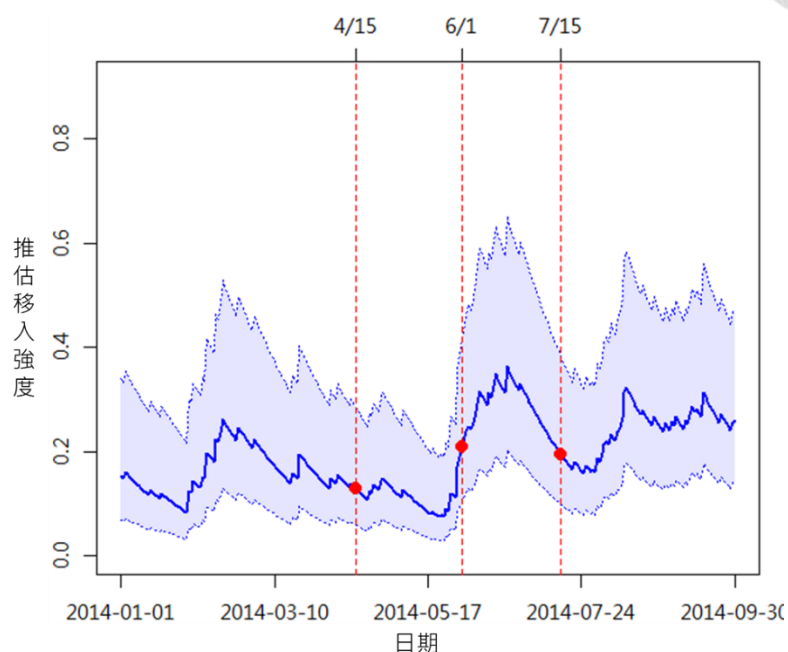


圖 55 REDOS 回推 2014 年馬來西亞移入強度

以這三天作為案例，進行未來三起境外移入的時間預測，皆以 95% 信心水準雙尾估計作為標準。觀察三天的回推結果（圖 56），圖中三條紅色曲線，由深而淺代表第一起至第三起境外移入的預測時間，線段端點則為預測的區間，而垂直的虛線則為實際境外移入發生的日期。透過這三張圖，能發現移入強度較低者，推估將發生的境外移入時間也較長。詳細的結果能參考表 20，對於這三個時間截面，進行前三起境外移入時間的預測，都有符合在預測區間之內。表示可以透過 REDOS 的推估值，進行未來境外移入的風險評估或時間預測。

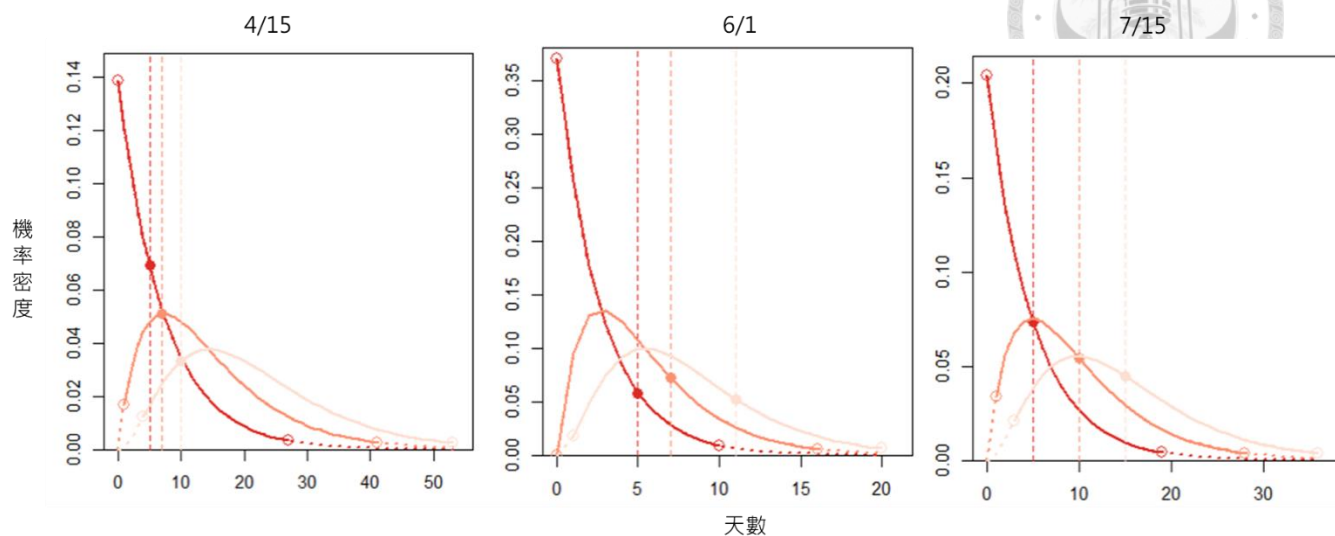


圖 56 三個案例分別發生前三起病例的預測時間區間

表 20 三個案例分別發生前三起病例的預測時間表

	2014 年 4 月 15 日		2014 年 6 月 1 日		2014 年 7 月 15 日	
境外移入	預測區間	實際值	預測區間	實際值	預測區間	實際值
第 1 起	0 天～27 天	第 5 天	0 天～10 天	第 5 天	0 天～19 天	第 5 天
第 2 起	1 天～41 天	第 7 天	0 天～16 天	第 7 天	1 天～28 天	第 10 天
第 3 起	4 天～53 天	第 10 天	1 天～20 天	第 11 天	3 天～36 天	第 15 天



第六節 REDOS 網頁平台建置

本研究透過 R Shiny Dashboard 建置互動式網頁，開發 REDOS 網頁平台 (圖 57 左圖)，供使用者能透過網頁的形式，使用 REDOS 模型，透過境外移入疫情及移動率來推算來源地區的疫情狀況。REDOS 網頁網頁連結如下：
<http://REDOS.igear.tw>，並提供響應式網頁服務，供手機版使用者進行操作 (圖 57 右圖)。(此平台備用網址為：<https://angustu.shinyapps.io/REDOS/>)

REDOS 網頁平台提供三個面向的資料服務，以下將簡單介紹三個頁面的特色。

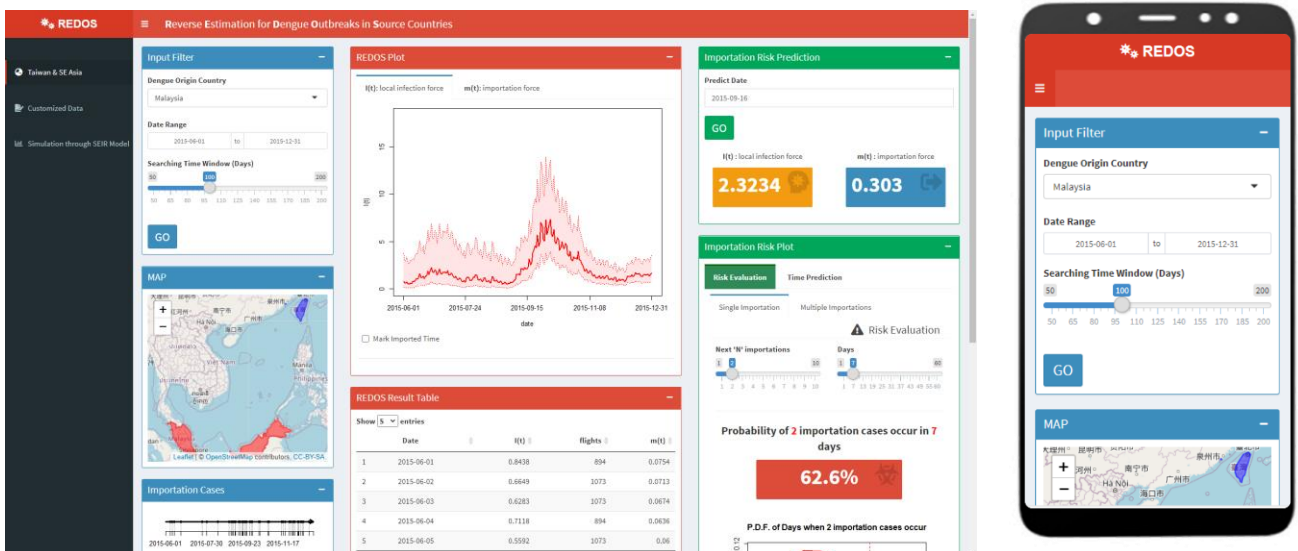


圖 57 REDOS 平台首頁



一、臺灣與東南亞疫情

本研究蒐集 2014 年至 2017 年之間，臺灣衛生福利部疾管署境外移入資料、Innovata 國際航班資料及交通部來臺人次統計，因此可以透過此頁面，來回推這四年間東南亞當地疫情狀況，能得到疫情推估結果與境外移入風險評估（圖 58）。此平台選擇與臺灣較為密切的東南亞國家進行推估的選擇，如馬來西亞、新加坡、泰國、菲律賓、印尼與越南。

在此頁面中，畫面大致上分成三大區塊，分別是左側藍色區塊，為資料篩選與原始資料呈現；中間紅色區塊，會透過圖形與標格的方式來呈現出資料經過 REDOS 方法計算後的結果；右側綠色區塊則會進一步推算境外移入的風險，將上一章節的運算應用到系統中，並與實際值來進行比較。

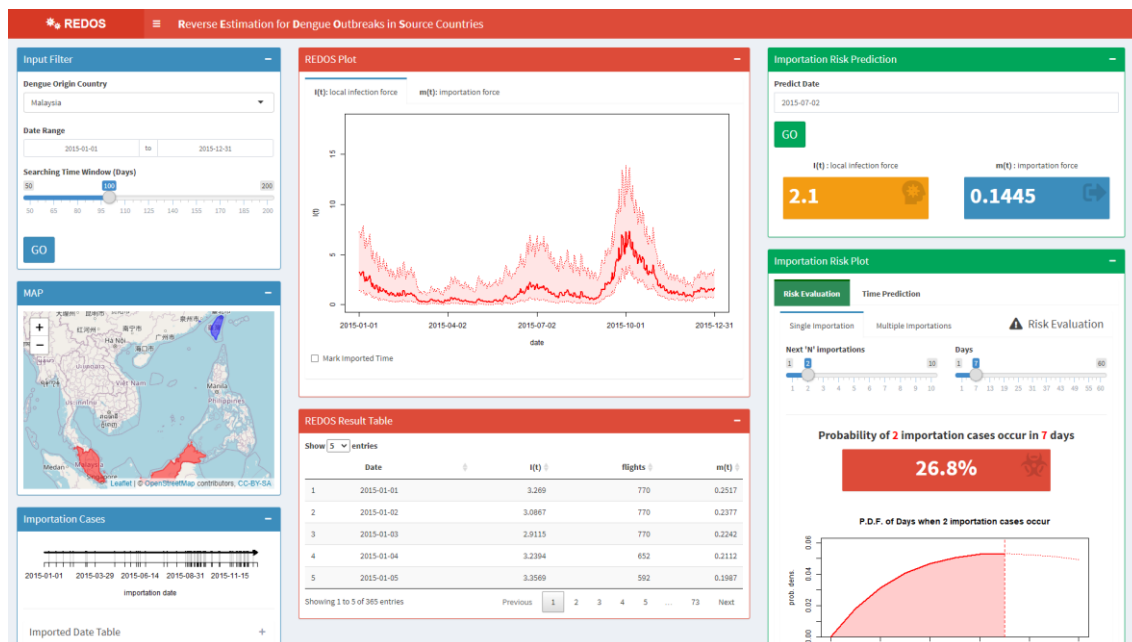


圖 58 REDOS 臺灣與東南亞頁面：使用者介面

在第一個部分，系統已經將臺灣在 2014 年至 2017 之間，由東南亞國家移入之登革熱疫情整理完成，使用者可以透過左上角的選單來選擇「來源國家」、「資料時間區間」、「時間窗格」，將三個參數輸入後確認執行 (圖 59)，系統便會自動呈現地圖與境外移入資訊(圖 60)，及 REDOS 回推結果的圖表 (圖 61)。在第二個部分的呈現 REDOS 回推結果中，利用上一章的公式計算後，提供當地疫情強度 $I(t)$ 及移入強度 $m(t)$ 兩個結果，在折線圖中另外可以選擇將境外移入時間同時套疊在圖表中。

圖 59 臺灣與東南亞頁面：資料輸入

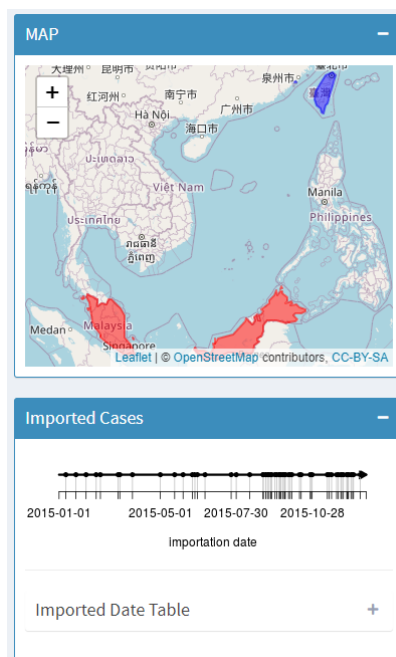


圖 60 臺灣與東南亞頁面：境外移入呈現

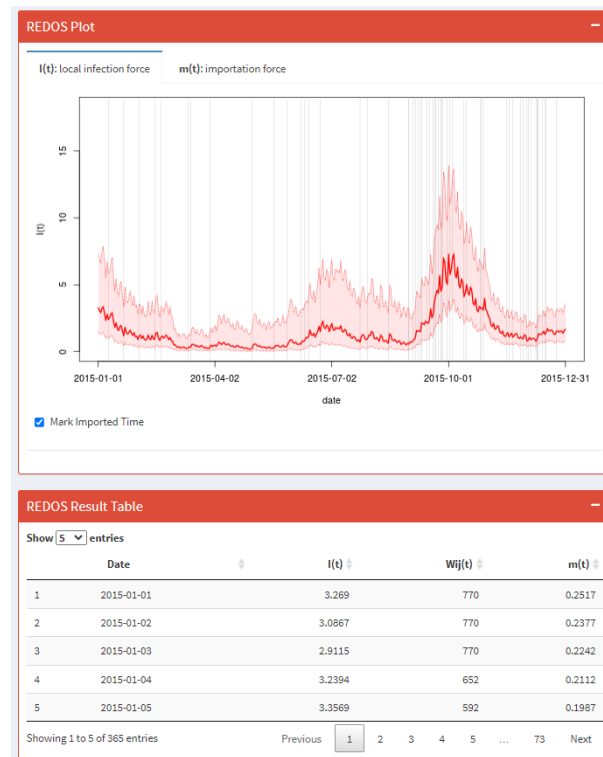


圖 61 臺灣與東南亞頁面：REDOS 回推結果

第三個部分則是將 REDOS 計算後的結果，再進一步進行未來境外移入風險的評估。首先使用者可以在右上角的窗格中，來輸入想要進行未來預測的時間(圖 62)，或是依照系統自動將時間選定在第一部分輸入的時間區間，以最後一天來當作預測時間。輸入後便會得到該時間的當地疫情強度及移入強度兩個數值。

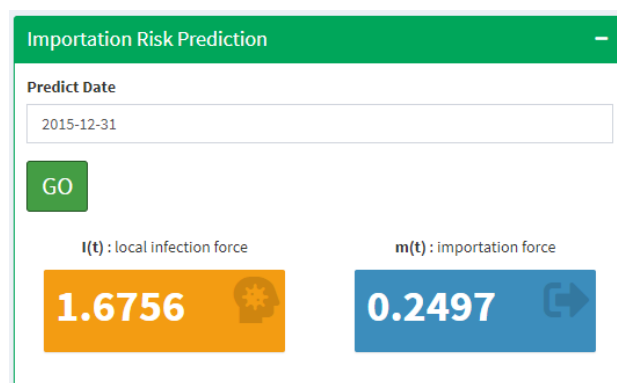


圖 62 臺灣與東南亞頁面：移入強度指標

下一步，則將計算出來的移入強度進行風險評估，帶入到公式中可以得到未來的移入風險。使用者能透過拉桿的方式，來得到某個時間內有境外移入的機率(圖 63)，如圖 63 左圖為七天內有兩筆以上境外移入的機率，得到數值為 52.1%，並列出機率分配圖。若想同時知道多起境外移入的機率，則可參考圖 63 右圖，能一次得到至少一起到四起的境外移入機率。

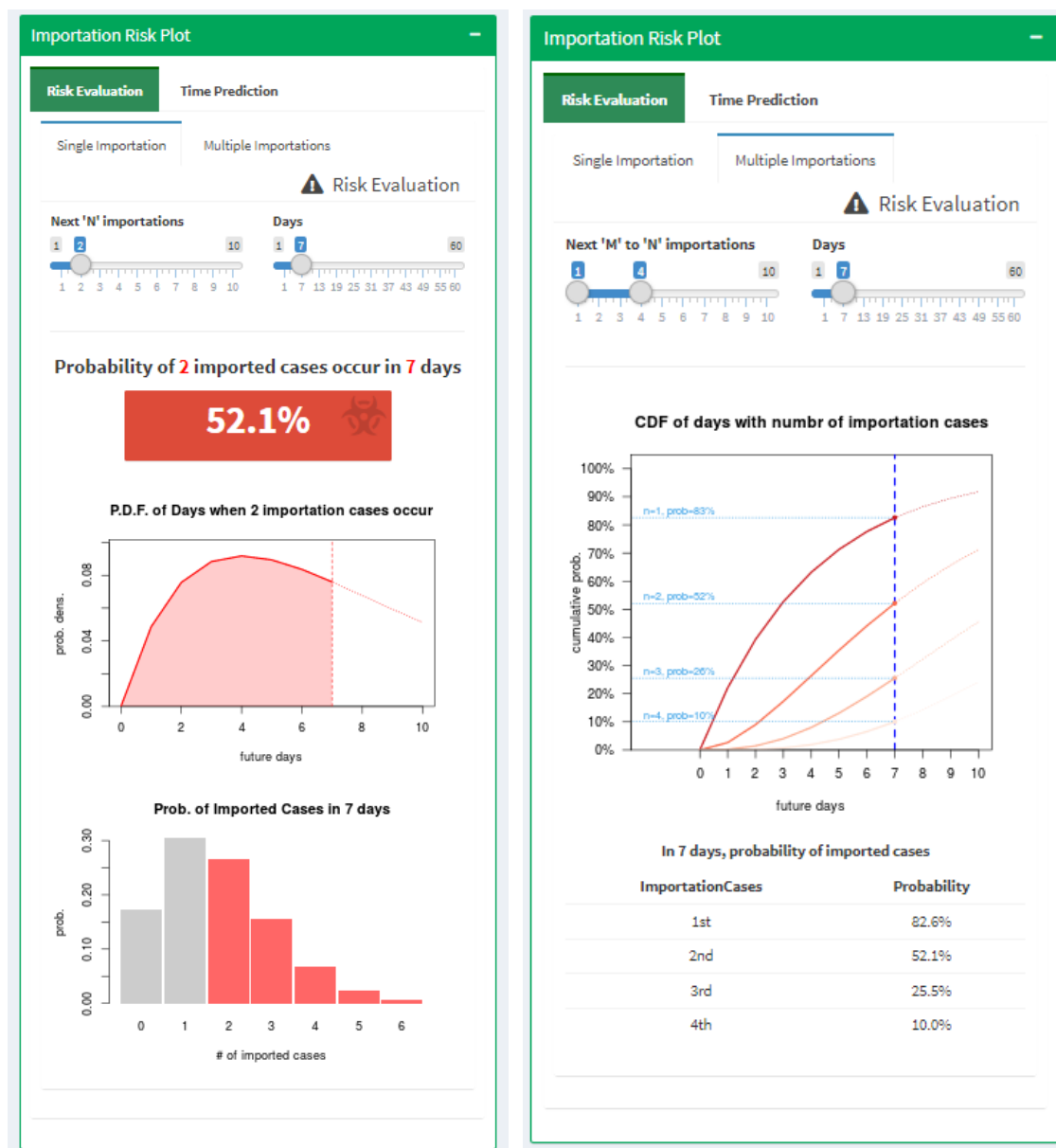


圖 63 臺灣與東南亞頁面：未來移入風險評估

境外移入機率也能換算成時間，對移入時間進行預測。使用者可以自訂來計算第幾次移入，以及信心水準、單雙尾的條件，來計算境外移入可能發生時間（圖 64）。並可以將真實資料中，未來發生移入的真實狀況標記上去，來驗證是否正確。相同地，如果一次想觀察未來多起移入的結果，也能將畫面選至多次移入(multiple importations)，便能一次觀察到多筆移入的時間預測。



圖 64 臺灣與東南亞頁面：未來移入風險時間預測



二、使用者自訂

此頁面提供使用者能上傳自訂的境外移入資訊，上傳後將由雲端來計算，最後產生視覺化結果，再回傳出疫情推估結果，以及境外移入風險評估（圖 65）。

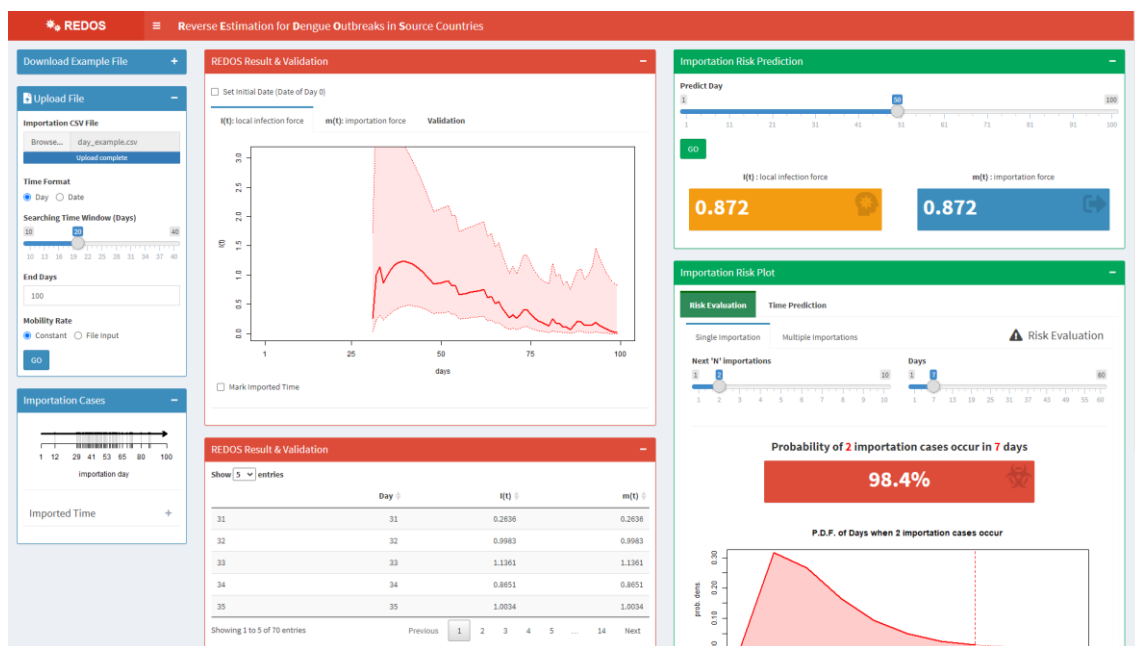


圖 65 REDOS 使用者自訂頁面

「使用者自訂頁面」之操作上與第一個頁面「臺灣與東南亞疫情」相似，能夠進行 REDOS 回推的運算及未來移入風險的推估，唯獨在資料輸入的部分有不同。在使用者自訂頁面中，平台提供範例資料之 csv 檔下載，使用者可以參考檔案中的格式，來上傳個人化的資料（圖 66）。

在檔案的類型中，因考量使用者的資料的時間格式差異，提供以日期（date）與單純天數（day）的兩種資料之下載、上傳，如果使用日期格式則和上述第一個頁面之呈現相同；而如果使用天數資料，系統也提供設定初始天數的日期，能夠依照需求轉變成日期格式，或是直接依照天數資料作呈現（圖 67）。



Download Example File

Imported Cases - CSV File Examples

Day Format

Date Format

Upload File

Imported Cases - CSV File

Browse... day_example.csv

Upload complete

Time Format

Day Date

Searching Time Window (Days)

10 20 40

10 13 16 19 22 25 28 31 34 37 40

End Days

90

Mobility Rate

Constant File Input

GO

圖 66 使用者自訂頁面：資料下載與上傳

除了上傳移入資料之外，如果想要跟當地的疫情直接進行比對，也可以將當地疫情資料進行上傳（圖 68）。如圖 68 中，資料的時間區間為 90 天，則可輸入含有 90 筆數值的 csv 檔中，系統便會將驗證數值套疊至回推結果折線圖（圖 67）中。

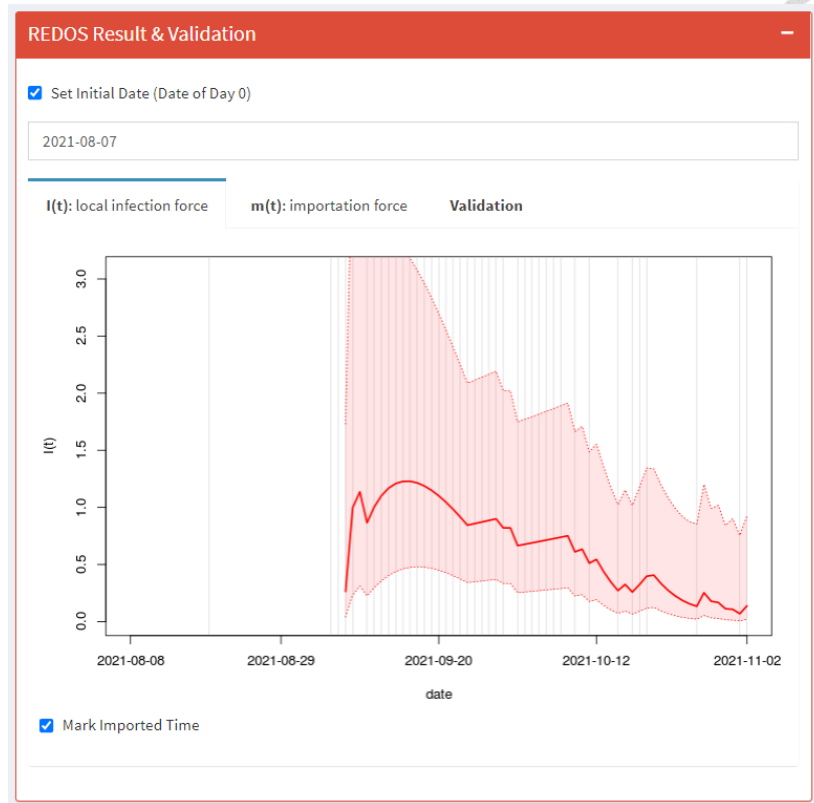


圖 67 使用者自訂頁面：REDOS 回推結果

REDOS Result & Validation

☐ Set Initial Date (Date of Day 0)

I(t): local infection force **m(t): importation force** **Validation**

Real Outbreak CSV File (Validation) - with 90 rows and 1 column (without header)

Browse... No file selected

Please upload a file

☐ Mark Imported Time

圖 68 使用者自訂頁面：REDOS 當地疫情驗證



三、SEIR 模擬

此頁面透過 SEIR 模擬境外移入，即本研究中假設性疫情初步驗證的部分。提供 SEIR 參數調整，並能自由定義移動率等互動式操作，進而透過 REDOS 能得到疫情推估結果，並能加以驗證，以及最後的境外移入風險評估 (圖 69)。

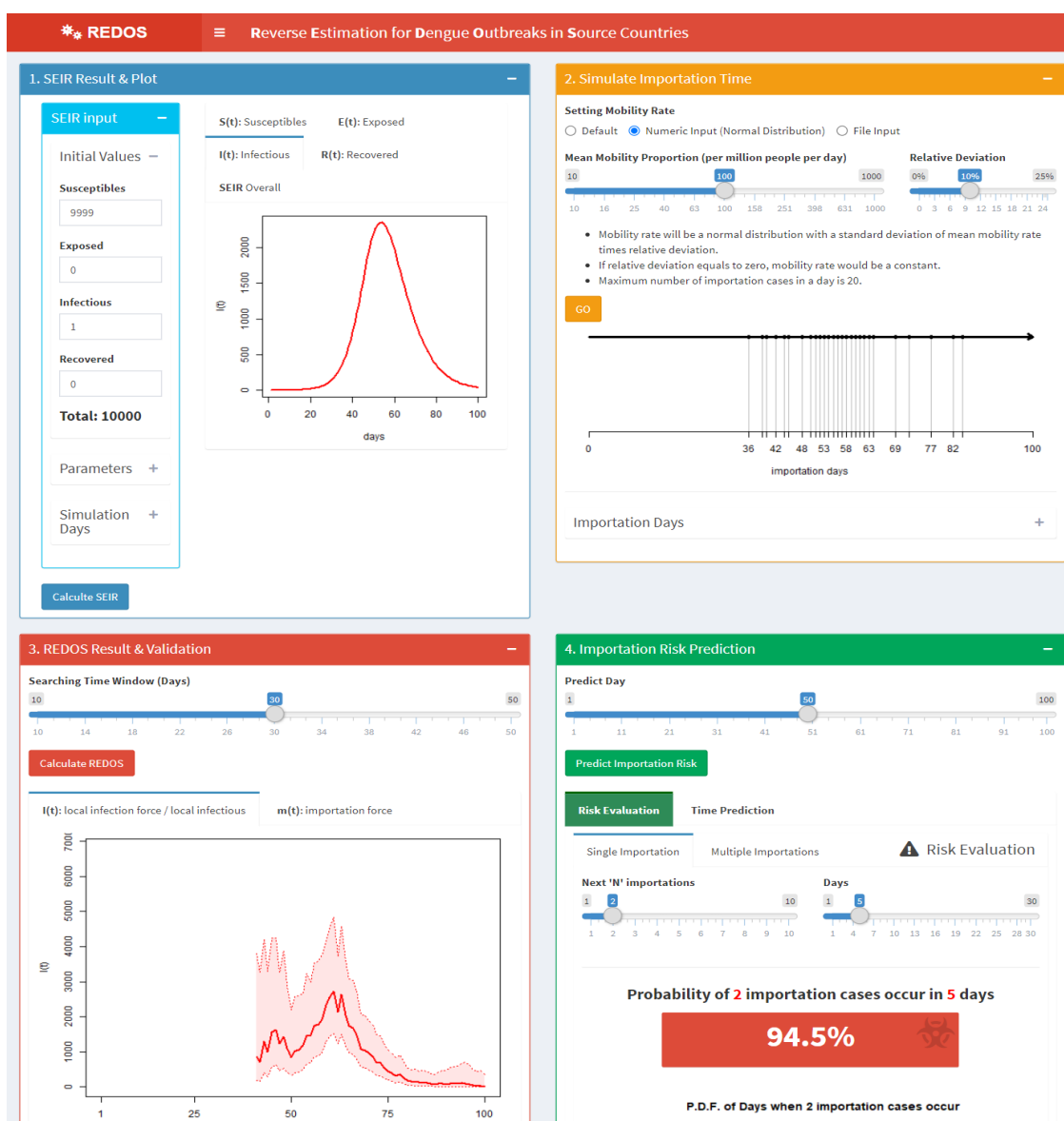


圖 69 REDOS SEIR 模擬頁面

在此頁面中，能分成四大部分來說明：第一部分為左上角藍色區塊，為 **SEIR** 模型參數設定與模擬當地疫情結果的呈現；第二部分為右上角黃色區塊，用來設定兩個國家之間移動率的高低，來模擬出境外移入病例發生的時間；第三部分為左下角紅色區塊，能得到 **REDOS** 回推的結果；第四部分為右下角綠色區塊，可以進一步對未來移入風險進行評估。透過這個頁面的操作，使用者可以自行模擬本章第二節中提到的假設性疫情推估的結果，從設定流行病學參數及移動率等，來定義不同的情境。

第一部分當地疫情模擬，能設定 **SEIR** 流行病學參數，包含 **SEIR** 四個狀態的初始人數、 β, σ, γ 參數及模擬時間。系統會呈現出 **SEIR** 四個狀態的人數變化圖形，其中 $I(t)$ 即是當地感染人數 (圖 70)。

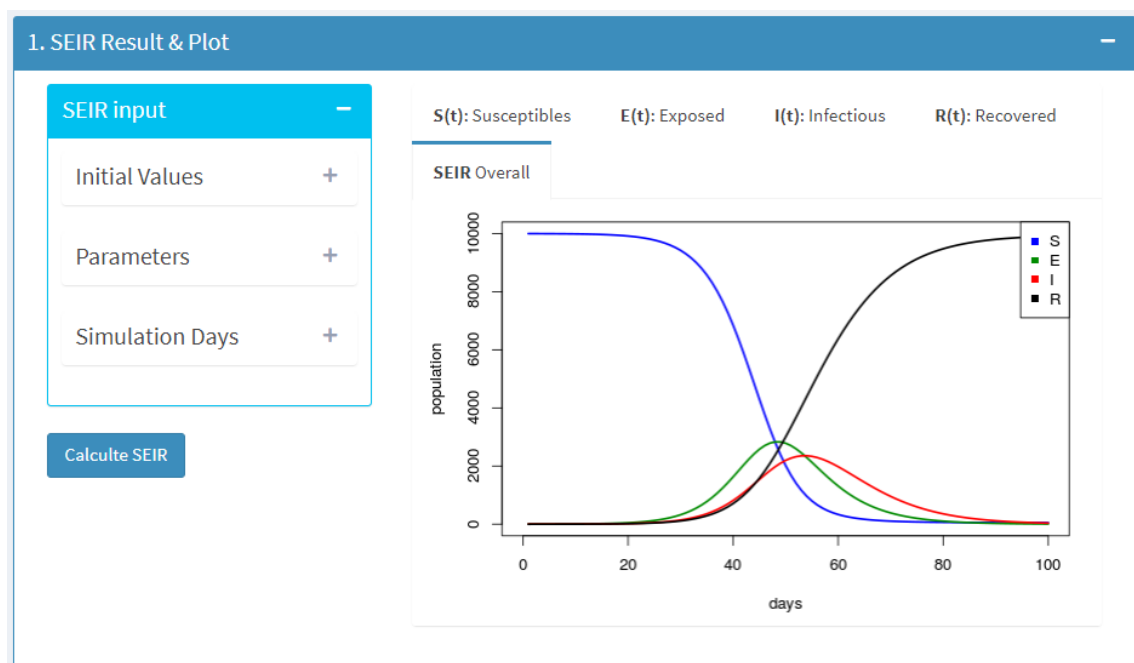


圖 70 SEIR 模擬頁面：SEIR 模擬

第二部分讓使用者可以設定兩地之間的移動頻率，來模擬出境外移入病例的發生時間（圖 71）。移動率可以選擇使用預設設定、透過常態分配的方式來模擬，或是自訂檔案上傳。常態分配模擬的情境能用拉桿來設定平均移動率，並用相對偏差值來模擬每天不同的變異。當移動率設定越小，則有較少的病例跨境移出、移入，反之移動率越大，境外移入病例發生的次數就越多，移入時間也越密集。而自訂檔案上傳則可以搭配第一部分設定的模擬時間區間，上傳含有移動率的 csv 檔案，系統便會依照檔案中移動率數值來進行運算。



圖 71 SEIR 模擬頁面：境外移入模擬

第三部分則是 REDOS 回推，目的在於將第二部分模擬出來的境外移入病例做為輸入資料，來進行回推，使用者在設定時間窗格之後，便能計算 REDOS 回推結果，並以折線圖呈現 (圖 72 左圖)。平台並提供驗證功能，能將第一部分當地感染人數，一同繪製來進行比較，觀察回推結果的合理性。

第四部分為未來移入風險評估，與前兩個頁面的功能與設定皆相同，能知道某個時間下，未來境外移入病例的發生機率與時間預測 (圖 72 右圖)。

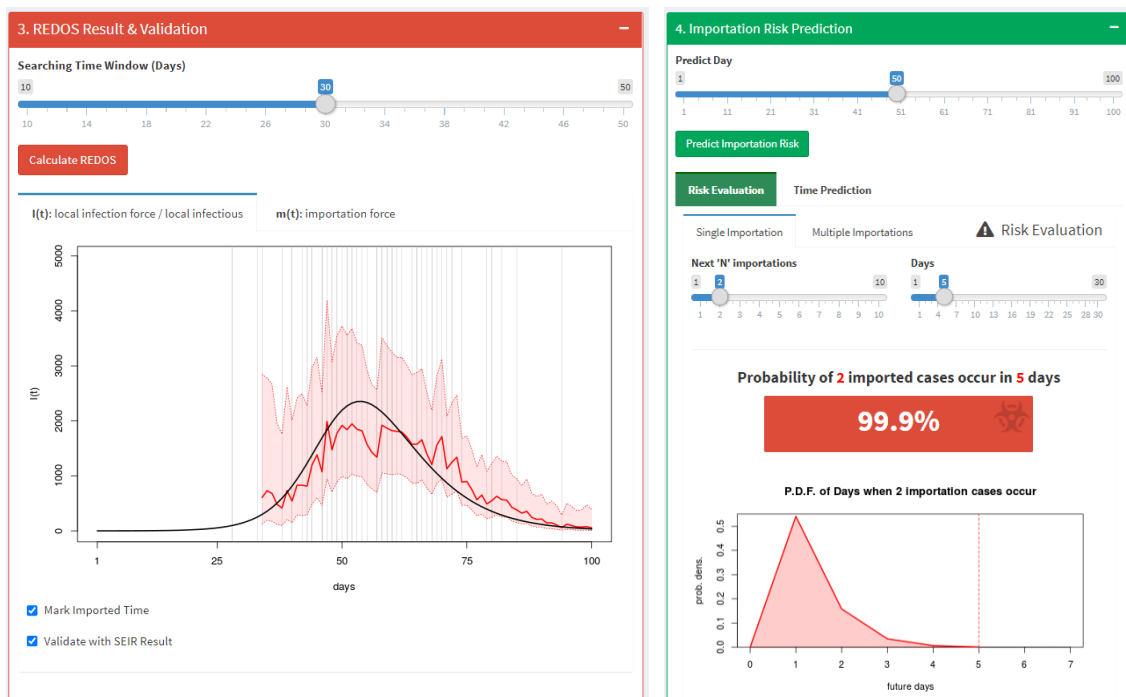


圖 72 SEIR 模擬頁面：REDOS 回推結果與風險評估

第五章 討論



第一節 REDOS 回推疫情的意義

本研究建立 REDOS 回推模型，意義在於透過已知疫情移入國的境外移入時間記錄，結合國際移動資料，來反推疾病移出國當地的本土感染狀況。因此，本研究透過統計模型，探索境外移入數量及移出國當地疫情的量化關係，能夠回應 Nakamura et al. (2012) 及 Yuan and Nishiura (2018) 中提及移入病例及來源疫情的動態變化，Nakamura et al. (2012) 指出移入病例數量和當地疫情來源有相關，Yuan and Nishiura (2018) 亦僅說明移入病例能夠反映出來源疫情的動態變化，而本研究能更進一步說明兩者的關係存在正相關，並且與兩者人口移動的交流也會有影響。

REDOS 的驗證結果說明人口移動的交流會影響此動態關係，與來源國至目標國的移動人次及航運班次頻率有關，呼應 Nunes et al. (2014) 及 Tian et al. (2017) 對登革熱傳播研究，提出航空移動是造成病毒傳播的因素。且本研究的基礎假設，與 Wang and Wu (2018) 相同使用 Poisson 過程假設疾病跨國傳播的過程，Wang and Wu (2018) 僅說明使用此假設的意義，便進行全球疫情傳播的模擬，而本研究透過回推及驗證的方式，進一步說明此過程的假設設定是合理的，亦證實此假設是符合實際疫情跨國傳播關係。

本研究透過境外移入病例，來推估未知的來源國疫情，再進一步評估境外移入風險，例如上一章第六節利用臺灣資料對東南亞疫情的推估，其目的上與 COVID-19 疫情後，出現許多推估疫情風險的論文相似。例如 Sun et al. (2020) 在疫情初期，透過當時的境外移入數量，透過流行病學及移動率等參數，估計出各地實際上的可能的境外移入數量及未來感染風險，即使研究的疾病傳播網絡及流行病學特徵不同，以及研究目的的本質也不一樣，但最後呈現出感染風險的推估，以及過程中對



於疾病傳播的假設，與本研究的發現一致。以及同樣使用移動率，作為疾病傳播或評估風險的參數之一，如 Chinazzi (2020) 欲知道旅行限制對新型冠狀病毒爆發與擴散的影響，亦透過對於移動率進行調整，來改變其傳播關係，進一步來觀察不同移動率的設定下，疫情感染的狀況及風險。

推估未知當地疫情也一直是公共衛生重要的課題，例如缺乏實驗室檢驗確認、疾病檢測能力低落、資料隱匿等問題的出現，造成疫情資料的不完整。因此，如 Wang et al. (2010)、Niehus et al.(2020)、Zhuang et al. (2020) 等研究，分別對於北京 H1N1 疫情，以及武漢 COVID-19 疫情，進行真實感染人數的探究。本研究提供從其他國家受到此國境外移入的角度切入，能夠理解疫情資料不開放國家的真實疫情趨勢。

REDOS 推估除了能夠推估未知來源國家的當地疫情訊息之外，亦可透過這些訊息進行加值，進行可能移入國的未來境外移入時間風險，將 Wen et al. (2016) 觀察境外移入與本土疫情關係時，提及境外移入可能是本土疫情流行的早期預警指標，將境外移入的風險也進行先行評估，能更快速的預警並進行防治。而在取得其他可能移入國的移動率後，如同 Sun et al. (2020) 的推估模式，本研究也能推算目標國的可能境外移入時間，例如透過臺灣境外移入病例推算東南亞國家的來源疫情，並利用東南亞國家與東北亞國家的移動率，評估未來境外移入風險，進行預測，能作為區域防疫的決策參考，分享疫情資訊，能更即時制定有效的防疫措施。



第二節 假設性疫情與真實疫情推估比較

觀察第四章研究結果的第二節假設性疫情推估，以及第三節真實疫情推估，能發現在 REDOS 回推的效果，前者明顯優於後者的結果，以下將討論造成兩者推估差異的結果。

在假設性疫情推估時，REDOS 模型回推曲線都能較接近真實數值 (圖 35)，不管是整體趨勢還是絕對的數值。而利用真實境外移入疫情時，回推結果與真實曲線都有一些落差 (如圖 38、圖 39)，其可能的原因或許受到模擬的方法簡化了許多真實世界的物理運作有關。

本研究中，假設性疫情是藉由 SEIR 模型來假設，因此簡化了真實疫情的感染狀況，雖然無法避免的忽略了許多傳播的因素及隨機性，然而此方法是對於整體的疫情計算的取捨，過去亦有許多研究使用此類的疫情假設來簡化疫情的計算，例如許多研究透過假設疫情處於指數上升期間，因此便可以透過感染率參數的計算，簡化疫情變化的趨勢 (Yuan & Nishiura 2018; Wang & Wu 2018; Sun et al. 2020)。

另外在境外移入的時間上，假設性疫情的移動參數因為是研究者人為設定的，因此能明確的知道移動率，在回推結果上能明確知道每天實際上的交流狀況，並能做定量的回推。然而本研究中真實疫情的移動率，是透過每月的人口數，搭配每日航空班次頻率來做計算，此步驟亦很有可能仍會有移動狀況不精確的問題，且實質上的日交流量可能有更多干擾的變項，例如每日的班次可能在平日、假日之運量可能不同，或是受到假期等短時間移動率瞬間提升因素影響。沒有考慮到細緻短時間的變化因素，也可能是造成真實疫情推估不如假設性疫情推估效果良好的原因。



在真實疫情資料推估時，由於驗證資料受到星馬兩國在登革熱病例驗證標準不同，實驗室判定與臨床症狀判定造成感染病例數的差距，因此驗證推估疫情時，會透過正規化的方式進行比較。然而進行正規化時，實際上難有一個精確的標準來衡量相對後的效果是否正確，或是兩者的比例關係是否合乎到最相近的結果。因此受到真實疫情結果的差異，當真實疫情驗證時，只能透過正規化數值來比較結果，相對於假設性疫情，能夠明確先知道模擬過後，來源國的真實疫情資料，並且在回推時相對之間的比較單位也很明確，因此能夠利用絕對數值來進行比較，在比較上會更加快速且直觀。

另外，從星馬來臺的旅客，是否能代表來源國國家的組成狀況，也是導致誤差可能存在的原因之一。因回推過程是將國家內的人口視為均值的分布，因此進行回推時是將境外移入病例與來臺人數視為本土感染的縮影，而這部分的代表性，便會影響回推的準確程度。

然而即使真實疫情較難以進行驗證，本研究仍透過時間序列相似性及疫情爆發指標來進行驗證，透過星馬兩國各年間的量化數值差異，來觀察推估的效果並討論原因。

總結來說，因為本研究的量性計算，簡化了真實疫情的傳播關係，再加上驗證用的真實疫情統計也可能存在偏誤，而假設性疫情的數值都是透過數學式計算出來，而且所有的結果都是透明且正確，因此相對而言，真實疫情推估結果不如假設性疫情完美，然而透過時間序列等驗證指標，仍然可以說明 REDOS 回推的適用性，也代表簡化的假設是套用在真實疫情處理上是可行的。



第三節 真實疫情推估差異

綜合星馬兩國 2014 年至 2017 年逐年真實疫情的推估結果，如表 21 及表 22。由於新加坡和馬來西亞的真實疫情資料，存在檢驗標準不同的隔閡，因此為了不讓檢驗標準影響推估的判定結果，以下將分別討論新加坡與馬來西亞各自在哪个年度效果較好及較差，並討論其成因。其中表格中推估效果較好者會以藍色標記，推估較差者則以紅色標記。

表 21 新加坡 2014 年～2017 年推估值驗證指標

各項指標括號為正，表示數值愈高推估愈好，反之負號則代表數值越低愈好。

年度	2014	2015	2016	2017
餘弦相似性(+)	0.629	0.841	0.869	0.838
距離函數(-)	2.585	1.958	1.688	2.417
DTW 距離(-)	7.757	10.100	6.915	10.273
準確率(+)	0.623	0.654	0.769	0.538
敏感性(+)	0.429	0.552	0.824	0.545
特異度(+)	0.75	0.783	0.743	0.533

表 22 馬來西亞 2014 年～2017 年推估值驗證指標

各項指標括號為正，表示數值愈高推估愈好，反之負號則代表數值越低愈好。

年度	2014	2015	2016	2017
餘弦相似性(+)	0.931	0.831	0.903	0.923
距離函數(-)	2.185	2.850	2.153	2.264
DTW 距離(-)	11.54	10.685	8.960	11.334
準確率(+)	0.604	0.442	0.692	0.673
敏感性(+)	0.500	0.333	0.545	0.656
特異度(+)	0.739	0.536	0.800	0.700

首先觀察新加坡的推估結果，能發現 2016 年的指標明顯回推的結果較好，而 2014 年及 2017 年的推估結果則相對較差。因此觀察每週境外移入數量、REDOS

回推結果以及真實疫情的關係。



能發現新加坡的境外病例數較少，因此容易造成 REDOS 在進行資料推估時，需掌握到更的長時間，觀察四年間的總境外移入病例，在 2016 年有 17 例為四年最多，而 2014 及 2017 年的病例只有 12 例及 10 例，數量較少，且觀察圖 73，能發現在 2014 年、2015 年、2017 年的上半年，都有持續三個月以上的無境外移入，因此容易造成疫情有被低估的狀況。

因此對於境外病例數較少的國家，進行 REDOS 回推時，即使估計出的疫情較為和緩，也需注意是否是因為沒有捕捉到真實境外病例或是其他偏誤的原因，如 Yuan and Nishiura (2018) 研究顯示出無症狀感染或是境外移入未被偵測及通報的比例，可能高於九成以上，可能會造成模型的偏誤。此現象尤其容易發生在本身感染人口較少（可能受到國家總人口母體較少，或是本土疫情較不嚴重等因素），以及移動率較低的來源國家，可能會影響到的偏誤效果會比較大，需要特別注意。

原因是在轉換連續的當地本土疫情，以及離散的境外移入病例，兩者之間的轉換過程中，會受到連續與離散的隨機效果所影響，其中隨機的效果之不確定性會與病例數的大小成反比，表示若母體較小，存在有一點點偏誤，在回推時誤差可能就較大，而較大的母體中，受到平均的效果，存在相同的偏誤，隨機的效果產生的誤差可能就較不明顯。

此處也說明當來源國的疫情狀況越明顯，且來源國到目標國的移動率越大時，這一類的偏誤問題的變動率可能就沒有這麼大，因此透過 REDOS 回推時，移出強度越強（即當地疫情嚴重且容易傳播）的來源國家，其推估的疫情狀況，應該會更加準確。

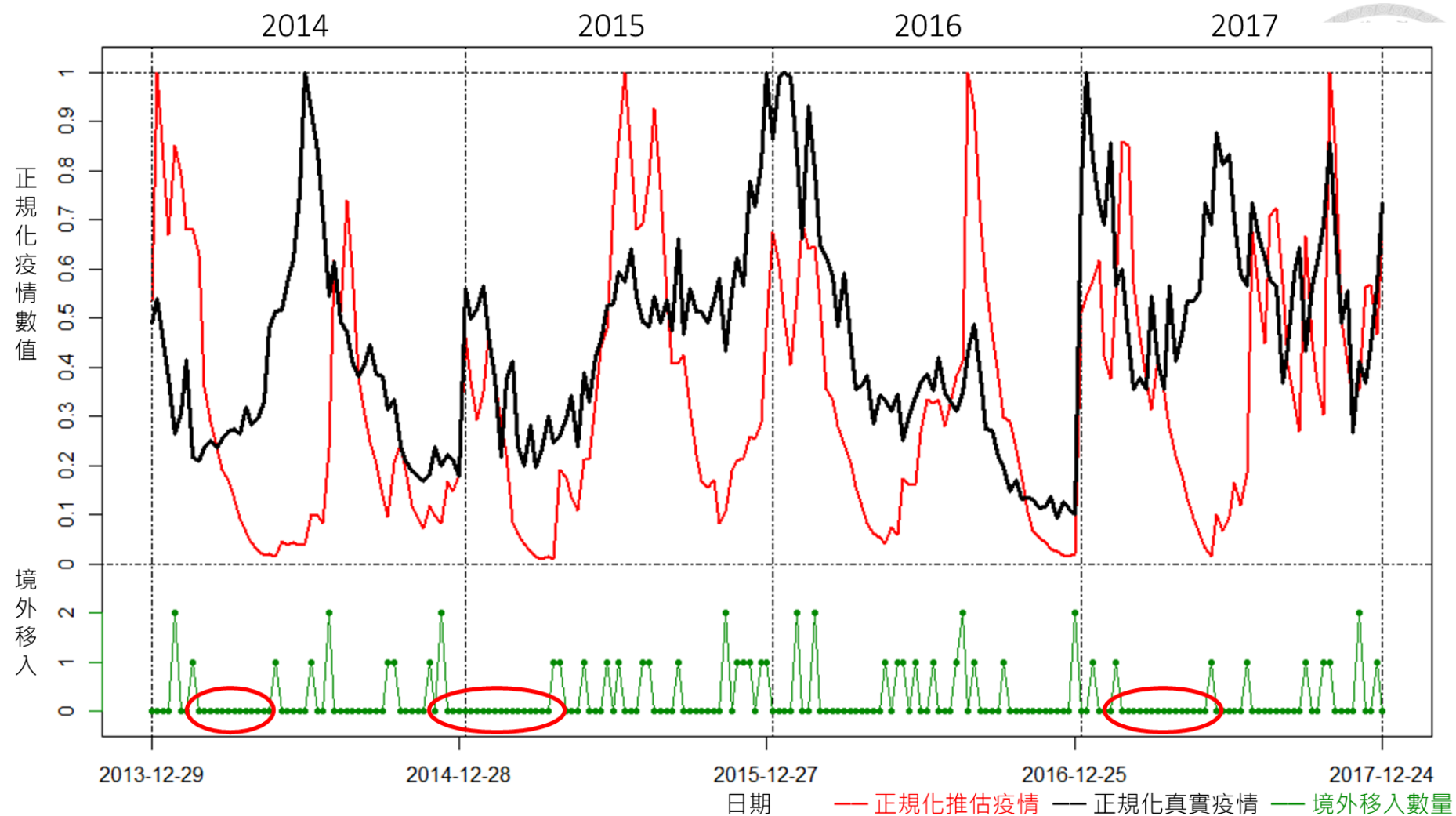


圖 73 新加坡每週推估疫情、真實疫情與境外移入折線圖

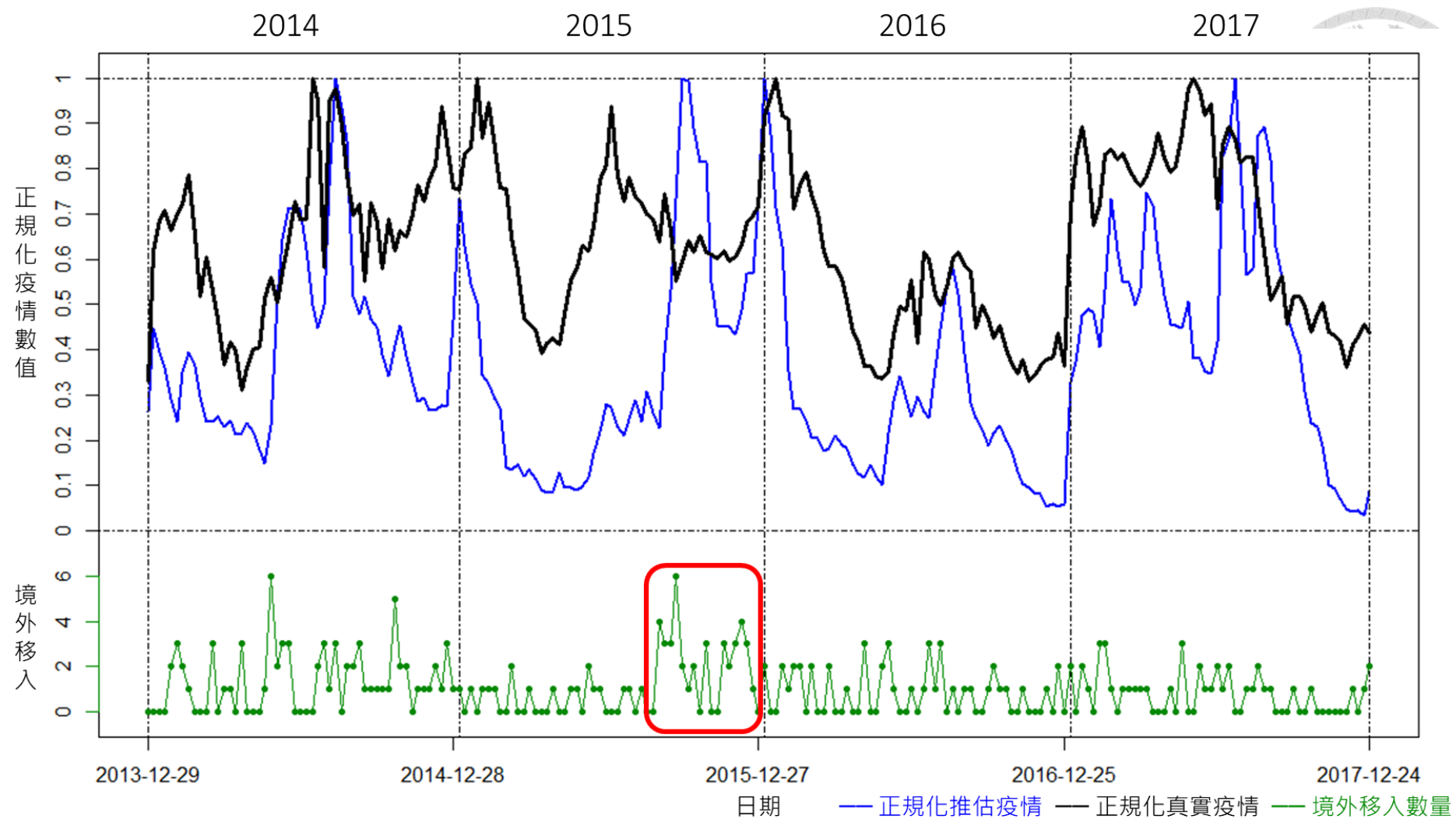


圖 74 馬來西亞每週推估疫情、真實疫情與境外移入折線圖



而觀察馬來西亞的推估疫情，如圖 74，能發現相較新加坡的推估疫情在 2014 年及 2017 年的趨勢走向可能與實際值相反，馬來西亞的疫情差異的變動率沒這麼大，而若回推的目的主要在於觀察當地疫情的相對趨勢變化，來推估對於目標國家的境外移入風險而言，趨勢的正確性比起得知絕對值還更加重要，這個部分藉由餘弦相似度的數值便能理解。

馬來西亞四年間餘弦相似度的數值都較高，除了 2015 年之外都到達了 0.9 以上，說明在於時間序列的方向趨勢來說，馬來西亞推估的狀況較佳，也符合上述所說，當疫情狀況較顯著，且境外移入數量較不容易缺值的國家，疫情回推效果可能較佳。

而比較馬來西亞自身四年的相對值，能發現 2015 年的推估值明顯效果較差，而另外三年的推估效果則差異不大，因此進而觀察馬來西亞每週境外移入數量、REDOS 回推結果以及真實疫情的關係，發現在 2015 年的下半年，境外移入數量集中的出現，導致 2015 年年末及 2016 年年初的推估數值較高 (圖 37)。

若僅觀察推估值的趨勢值，能發現 2015 年前三季的起伏趨勢，以及 2016 年第一季的形狀，和真實疫情的相似度是很高的，然而由於驗證資料是透過正規化的方式進行比較，因此 2015 年及 2016 年需要除以較高的標準數值，因此能發現 2015 年及 2016 年整年的推估值都相對真實疫情值明顯較低，因此這幾週的境外移入會影響到 2015 年及 2016 年的評估標準，導致全年驗證效果變得更不佳。

因此如上一節所說，透過正規化的方式，來比較真實資料中推估值與實際疫情的差異，是為了解決不同國家之間評估病例差異所使用的相對量化數值方法，是一個折衷後的結果，然而亦可能會受到每年標準值的設定而改變驗證值的好壞。

不過，利用餘弦相似度的方法，衡量方向趨勢的差異，由於本身去單位化的特色，能夠忽略正規化所帶來的影響，來評估整體時間序列的趨勢，對於了解連續時間疫情的變化，及進一步評估境外移入風險，會是較好的評量標準。





第四節 研究限制與建議

本研究利用境外移入病例來探討登革熱來源國家的當地疫情，透過建立 REDOS 模型回推疫情，在驗證的部分都能有合理的效果與解釋，然而受限於研究資料的限制、資料解析度及驗證資料效果等因素，仍然存在一定的研究限制。

首先，本研究將登革熱在航空網絡的關係，視為是眾多來源國到目標國的星狀網絡，但真實世界中，來源國之間也會有交通流量的串聯，造成疾病也會在來源國之間傳播。因為網絡關係複雜，且本研究強調地方流行來源國至非地方流行目標國之間的傳遞關係，並認為地方流行來源受到跨國傳播的數值不會顯著的影響到其他地方流行國家的疫情，且在來源國之間傳播的疾病應該也會被當地疾管單位來共同計算為當地的疫情，因此將網絡關係簡化成星狀網絡。

在移動率的部分，由於無法取得人與人的詳細資料，因此透過開放資料中的月統計資料，搭配每日航班資料，來做為移動率的估計。若能透過政府的出入境統計資料或許能得到更精確的每日移動率，來更精確計算每日的推估疫情。但本研究旨在透過開放資料的整合來推算未知來源國的疫情，因此本研究仍透過開放資料來進行實作。另外，在評估交通流量時，由於臺灣為海島型國家，且以空運與國外聯繫為大宗，因此是以航空資料作為移動率當考量，然而對於其他以陸運為主的目標國進行實作的話，則可能須考量到不同種類的運輸方式。

而在航空的運輸之中，本研究只考慮兩地直航的航班，由於轉機行為還難以從資料捕捉到真實的感染地區，以及航空或來臺人次等移動資料難以擷取個體的轉機行為，因此轉機行為是本研究的限制。但在東南亞到臺灣的航運距離較短，以大宗登革熱傳染來源來說，轉機的數量應該沒有長程航班多，因此當作忽略的效果。

如果航運中途有轉機等行為，本研究在判定境外移入的疫情來源地的標準，則依照疾管署統計資料庫的判斷。



對於空間尺度方面，本研究受限於資料限制，疾病管制統計及出入境資訊皆以國家為統計資料，因此將各國內部空間視為均值化。在討論國際移動的狀況下，旅客社經地位、來源社區衛生條件等都會影響到登革熱的發展，但本研究並沒有考慮不同人的特性進行分類，如不同年齡、不同職業等因素可能會有不同旅運需求來推算國際交流的可能性。但在大範圍尺度研究中，如以國家為單位，較多能忽略個體的異質性，因為綜合效果後，個人歧異性就不是很顯著，會有平衡效果，因此本研究之模型將人設定成均值的情形。此部分便需要注意到代表性的問題，由於是由部分來推估全體，因此移動過程的部分在推估當地疫情的全體時，也需要注意代表性的問題，此移動過程的比例是否能夠代表來源國的基本分布，若與來源國的比例越相似，則代表性則會用好，更能說明結果的真實性。

對於時間尺度方面，由於是以登革熱作為研究案例，為一急性傳染病，潛伏期特徵在移入國與移出國差異不大，且不考慮就醫時間間隔的差異，因此本研究中將短時間的時間延遲效果忽略不計，然而在討論不同疾病的傳播及發病過程，由於潛伏期可能較長，個體間的潛伏時間差異較大，或是就醫時間間隔之變異會較大的情況下，則就應該將時間延遲納入成為考量的參數之一。

在回推的運算過程中，本研究假設性疫情在時間窗格區間內是呈現指數的成長或是消退，簡化真實疫情的感染狀況，是對於參數估計的取捨，以掌握大致的增減趨勢，但可能會忽略真實疫情在短時間動態起伏的變因。對於回推的結果而言，當移入強度越強，則回推效果越好，此是受到連續資料與離散資料轉換過程中，資料越少會造成轉換的偏誤就會較高，因此對於疾病來源疫情嚴重，移動率高的國家，

回推效果可能更加準確。也需注意對於移入強度較低的國家進行回推時，需要考量到誤差所可能導致疫情的低估效果。



本研究目標可以從 REDOS 的推估結果，再進一步加值到區域防疫的效果，透過來源國到其他潛在移入國的移動率，來估計境外移入風險，透過公式表示是合理可行的，但由於日本、南韓等國家無完整且公開的境外移入資訊，來進一步執行驗證的步驟，因此難以得知用於區域間防疫的效果。在取得其他國家的境外移入資訊後，期望未來能進一步探究。

另外，關於將 REDOS 模型用於其他疫情的推估，在目前的模型上有兩大針對登革熱進行的調整與假設。第一是來源國與目標國的網絡關係，此疾病必須要是能較明確偵測出是否為境外移入，以及能夠確認疫情來源地的疾病；第二是 REDOS 回推步驟的 NPP 假設，病例數為一 Poisson 過程，以每一天作為研究單位來說，代表每日發生境外移入的機率較低，因此若一天會發生多起境外移入病例的疾病，則較不適用。如果要利用此模型推估其他疫情，則可參考以上的規則，或是修改這兩大準則，增加更多流行病學的假設等，便可以對更多疾病，進行更進一步的研究，理解更多疫情資料不開放國家的真實疫情資訊。

第六章 結論



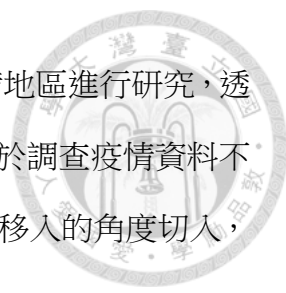
本研究嘗試藉由境外移入資料，利用國際間的移動關係，解決來源國家疫情不公開的問題，建立 REDOS 模型，回推疫情來源國家的本土疫情，量化移出國當地疫情及境外移入的關係，進一步能對潛在移入國評估境外移入風險。

研究結果顯示，當疾病移入強度越強，及該來源國感染人口較多、國家交流率越高的情況，利用 REDOS 模型能更準確的估計出疫情的變化趨勢。且此模型假設建立於來源國與目標國之間的簡化星狀網絡關係，以及疾病移出過程為 Poisson 過程，因此除了登革熱之外，符合相同流行病學假設的疫情也能適用於 REDOS 方法，或是能夠對假設進行改良，發展出針對不同疫情的回推方法，理解更多疫情資料不開放國家的真實疫情資訊。

本研究透過量化證據回答疫情移入國與移出國的互動關係，境外移入數量與移出國當地疫情的有正相關，且此動態關係與國際間人口移動有關。透過非地方性流行國家間對境外移入的監控，透過人口及航空流量來捕捉疾病傳播的特徵。在回推未知來源國疫情後，能對未來登革熱境外移入進行風險評估，亦能對於本土疫情爆發有更早的預警效果。

透過 REDOS 網頁平台的開發，能將 REDOS 的計算功能更加容易被使用，透過預設臺灣與東南亞疫情選項、上傳使用者自訂的資料、內建 SEIR 模擬功能這三者資料之一，便能透過網頁進行互動式操作及雲端計算，以及易懂的視覺化結果，呈現回推結果，並能對於未來境外移入進行風險評估。

此研究成果能更加強調主動蒐集與偵測，對於較困難掌握疫情情報、非 WHO



會員國的臺灣有重要的意義，且此方法亦能提供疫情資料不完備地區進行研究，透過主動蒐集的境外移入資料，來更節省成本地進行疫情調查。對於調查疫情資料不完整、不開放國家的推估，本研究提供從其他國家受到此國境外移入的角度切入，能夠理解疫情資料不開放國家的真實疫情趨勢。

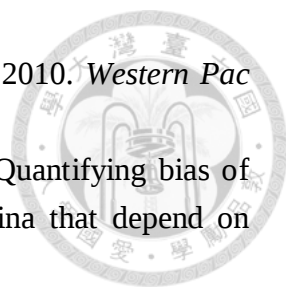
對於境外移入的風險評估，能作為本土疫情流行的早期預警指標。預期能透過 REDOS 建立疫情監測方法，透過國際疫情與移動量變化，對於未來疫情的事先預估，進行預警措施，作為防疫資源的決策參考，制定有效的防疫措施，達到區域防疫的目標。

參考文獻



● 期刊論文

- Brady, O. J., P. W. Gething, S. Bhatt, J. P. Messina, J. S. Brownstein, A. G. Hoen, C. L. Moyes, A. W. Farlow, T. W. Scott, S. I. Hay. 2012. Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus. *PLoS Negl Trop Dis*, 6(8), e1760.
- Chinazzi, M., J. T. Davis, M. Ajelli, C. Gioannini, M. Litvinova, S. Merler, A. P. Piontti, K. Mu, L. Rossi, K. Sun, C. Viboud, X. Xiong, H. Yu, M. E. Halloran, I. M. Longini Jr., A. Vespignani. 2020. The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak. *Science*, 368(6489), 395-400.
- Choi, J., Y. Cho, E. Shim, & H. Woo. 2016. Web-based infectious disease surveillance systems and public health perspectives: a systematic review. *BMC Public Health*, 16(1), 1238.
- Dickens, B. L., H. Sun, M. Jit, A. R. Cook, & L. R. Carrasco. 2018. Determining environmental and anthropogenic factors which explain the global distribution of *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *BMJ Glob Health*, 3(4), e000801.
- Gardner, L., & S. Sarkar. 2013. A global airport-based risk model for the spread of dengue infection via the air transport network. *PLoS One*, 8(8), e72129.
- Gardner, L. M., D. Fajardo, S. T. Waller, O. Wang, & S. Sarkar. 2012. A predictive spatial model to quantify the risk of air-travel-associated dengue importation into the United States and Europe. *J Trop Med*, 2012, 103679.
- Hossin, M., & M. N. Sulaiman. 2015. A review on evaluation metrics for data classification evaluations. *International Journal of Data Mining & Knowledge Management Process*, 5(2), 1.
- Huang, Z., A. Das, Y. Qiu, & A. J. Tatem. 2012. Web-based GIS: the vector-borne disease airline importation risk (VBD-AIR) tool. *International journal of health geographics*, 11(1), 33.
- Huang, Z., X. Wu, A. J. Garcia, T. J. Fik, & A. J. Tatem. 2013. An open-access modeled passenger flow matrix for the global air network in 2010. *PLoS One*, 8(5), e64317.
- Leta, S., T. J. Beyene, E. M. De Clercq, K. Amenu, M. U. G. Kraemer, & C. W. Revie. 2018. Global risk mapping for major diseases transmitted by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Int J Infect Dis*, 67, 25-35.
- McKenzie, G., & B. Adams. 2020. A country comparison of place-based activity response to COVID-19 policies. *Applied Geography*, 125, 102363.
- Nakamura, N., Y. Arima, T. Shimada, T. Matsui, Y. Tada, & N. Okabe. 2012. Incidence

- 
- of dengue virus infection among Japanese travellers, 2006 to 2010. *Western Pac Surveill Response J*, 3(2), 39-45.
- Niehus, R., P. M. De Salazar, A. R. Taylor & M. Lipsitch. 2020. Quantifying bias of COVID-19 prevalence and severity estimates in Wuhan, China that depend on reported cases in international travelers. *medRxiv*.
- Nunes, M. R., G. Palacios, N. R. Faria, E. C. S. Jr, J. A. Pantoja, S. G. Rodrigues, V. L. Carvalho, D. B. A. Medeiros, N. Savji, G. Baele, M. A. Suchard, P. Lemey, P. F. C. Vasconcelos, W. I. Lipkin. 2014. Air travel is associated with intracontinental spread of dengue virus serotypes 1–3 in Brazil. *PLoS Negl Trop Dis*, 8(4), e2769.
- Semenza, J. C., B. Sudre, J. Miniota, M. Rossi, W. Hu, D. Kossowsky, J. E. Suk, W. V. Bortel, K. Khan. 2014. International dispersal of dengue through air travel: importation risk for Europe. *PLoS Negl Trop Dis*, 8(12), e3278.
- Senin, P. 2008. Dynamic time warping algorithm review. *Information and Computer Science Department University of Hawaii at Manoa Honolulu, USA*, 855(1-23), 40.
- Shang, C. S., C. T. Fang, C. M. Liu, T. H. Wen, K. H. Tsai, & C. C. King. 2010. The role of imported cases and favorable meteorological conditions in the onset of dengue epidemics. *PLoS Negl Trop Dis*, 4(8), e775.
- Sun, H., B. L. Dickens, M. Chen, A. R. Cook, & H. E. Clapham. 2020. Estimating number of global importations of COVID-19 from Wuhan, risk of transmission outside mainland China and COVID-19 introduction index between countries outside mainland China. *medRxiv*.
- Tatem, A. J., Z. Huang, A. Das, Q. Qi, J. Roth, & Y. Qiu. 2012. Air travel and vector-borne disease movement. *Parasitology*, 139(14), 1816-1830.
- Tian, H., Z. Sun, N. R. Faria, J. Yang, B. Cazelles, S. Huang, B. Xu, Q. Yang, O. G. Pybus, B. Xu. 2017. Increasing airline travel may facilitate co-circulation of multiple dengue virus serotypes in Asia. *PLoS Negl Trop Dis*, 11(8), e0005694.
- Wang, L., & J. T. Wu. 2018. Characterizing the dynamics underlying global spread of epidemics. *Nat Commun*, 9(1), 218.
- Wang, X., A. Mueen, H. Ding, G. Trajcevski, P. Scheuermann, & E. Keogh. 2013. Experimental comparison of representation methods and distance measures for time series data. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 26(2), 275-309.
- Wang, X., P. Yang, H. Seale, Y. Zhang, Y. Deng, X. Pang, X. He & Q. Wang. 2010. Estimates of the true number of cases of pandemic (H1N1) 2009, Beijing, China. *Emerging infectious diseases*, 16(11), 1786.
- Wen, T.-H., C.-T. Tsai, & W.-C.-B. Chin. 2016. Evaluating the role of disease importation in the spatiotemporal transmission of indigenous dengue outbreak. *Applied Geography*, 76, 137-146.

- Yuan, B., & H. Nishiura. 2018. Estimating the actual importation risk of dengue virus infection among Japanese travelers. *PLoS One*, 13(6), e0198734.
- Zhuang, Z., P. Cao, S. Zhao, Y. Lou, S. Yang, W. Wang, L. Yang & D. He. 2020. Estimation of local novel coronavirus (COVID-19) cases in Wuhan, China from off-site reported cases and population flow data from different sources. *medRxiv*.

● 網頁資料

- 交通部觀光局。2020。交通部觀光局觀光統計資料庫。取自 <https://stat.taiwan.net.tw/>。
- 行政院農業委員會動植物防疫檢疫局。2019。非洲豬瘟資訊專區——國際疫情現況。取自 <https://asf.baphiq.gov.tw/view.php?catid=17888>。
- 衛生福利部疾病管制署。2010。台灣 H1N1 防治上維基百科，歡迎全球網友共襄盛舉。取自 <https://www.cdc.gov.tw/Category/ListContent/AHwuigegBBBmuDcbWkzoGQ?uaid=zbfeEsQt92pobLlQBfvaMA#>。
- 衛生福利部疾病管制署。2017。傳染病病例定義暨防疫檢體採檢送驗事項。取自 https://www.cdc.gov.tw/File/Get/QYKmmi_UZ3UIFZjUY6Md9Q。
- 衛生福利部疾病管制署。2018a。嚴重急性呼吸道症候群疾病介紹。取自 https://www.cdc.gov.tw/Category/Page/Kou_i6ATU8jUnmKlAORhUA。
- 衛生福利部疾病管制署。2018b。登革熱疾病介紹。取自 <https://www.cdc.gov.tw/Category/Page/e6K1xXr0VJQ7FuxsMtMVhw>。
- 衛生福利部疾病管制署。2018c。Dengue Fever。取自 https://www.cdc.gov.tw/En/Category/ListContent/bg0g_VU_Ysrgkes_KRUDgQ?uaid=9_Oq7OYHa-l8B05iUwyVvQ。
- 衛生福利部疾病管制署。2019。境外移入病例。取自 https://www.cdc.gov.tw/Category/ListPage/qtnCyC_hirJA28sABmHuew。
- CIA. 2020. The World Factbook. Retrieved from <https://www.cia.gov/the-world-factbook>.
- CDC. 2019a.Travel-Related Infectious Diseases. Retrieved from <https://wwwnc.cdc.gov/travel/yellowbook/2020/travel-related-infectious-diseases/dengue>.
- CDC. 2019b. Dengue in the US States and Territories.Retrieved from <https://www.cdc.gov/dengue/areaswithrisk/in-the-us.html>.
- ECDC.2018. Rapid risk assessment: Local transmission of dengue fever in France and Spain. Retrieved from <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-local-transmission-dengue-fever-france-and-spain>.

- 
- International Society for Infectious Diseases . 2019. About ProMED-mail. Retrieved from <http://www.promedmail.org/aboutus>.
- KCDC. 2019. Epidemiological characteristics of dengue fever cases in Korea, 2014-2018. Retrieved from http://www.cdc.go.kr/board.es?mid=a30501000000&bid=0031&list_no=364530&act=view.
- Ministry of Health, Labour and Welfare, Japan. 2016. デング熱の国内感染症例について（第三十二報）. Retrieved from <https://www.mhlw.go.jp/stf/houdou/0000061347.html>.
- Ministry of Health, Malaysia 2018. Bilangan Kes Penyakit Denggi Mingguan Mengikut Negeri. Retrieved from https://www.data.gov.my/data/ms_MY/dataset/wabak-denggi.
- Ministry of Health, Singapore 2020. Weekly Infectious Disease Bulletin. Retrieved from https://data.gov.sg/dataset/weekly-infectious-disease-bulletin-cases?view_id=3ca8dd9d-9e88-428e-bb87-252f3ecd28ba&resource_id=ef7e44f1-9b14-4680-a60a-37d2c9dda390.
- National Institute of Infectious Diseases, Japan. 2019. Notification Trends Among Imported Dengue Cases in Japan. Retrieved from <http://www.niid.go.jp/niid/ja/dengue-imported.html>.
- WHO. 2016. Dengue control. Retrieved from <https://www.who.int/denguecontrol/epidemiology/en>.
- WHO. 2019. Dengue and severe dengue. Retrieved from <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>.
- WHO. 2020. Coronavirus disease (COVID-19) Weekly Epidemiological Update and Weekly Operational Update. Retrieved from <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>.
- World Wide Web Foundation. 2020. Open Data Barometer. Retrieved from <https://opendatabarometer.org>.

附錄



附錄一、機率密度公式推導

$X_{ij}(t)$ 代表在 t 時間以前境外移入的個數， n 則代表第 n 次境外移入， T_n 則代表發生 n 次境外移入需要的等待時間，其中 $X_{ij}(t)$ 服從機率密度為 $m(t)$ 的 NPP 過程。

在 t 時間以前發生 n 次境外移入，代表 $X_{ij}(t)$ 需大於或等於次數 n ， T_n 需要小於或等於時間 t ，因此兩者是等價的，如 Eq.S1。

$$X_{ij}(t) \geq n \Leftrightarrow T_n \leq t \dots\dots\dots \text{Eq. S1}$$

T_n 的累積機率分布則可透過 Poisson 過程計算，如 Eq.S2，再將其對時間 t 微分，便可得到 T_n 的機率密度分布，如 Eq.S3，與 Eq. 5 之結果相同。

$$F_{T_n}(t) = P(T_n \leq t) = P(X_{ij}(t) \geq n) = \sum_{j=n}^{\infty} \frac{e^{-M(t)} M(t)^j}{j!} \dots\dots\dots \text{Eq. S2}$$

$$\begin{aligned} f_{T_n}(t) &= \frac{d}{dt} F_{T_n}(t) = - \sum_{j=n}^{\infty} m(t) e^{-M(t)} \frac{M(t)^j}{j!} + \sum_{j=n}^{\infty} e^{-M(t)} \frac{j \times m(t) \times M(t)^{j-1}}{j!} \\ &= - \sum_{j=n}^{\infty} m(t) e^{-M(t)} \frac{M(t)^j}{j!} + \sum_{j=n}^{\infty} m(t) e^{-M(t)} \frac{M(t)^{j-1}}{(j-1)!} \\ &= m(t) e^{-M(t)} \frac{M(t)^{n-1}}{(n-1)!} \dots\dots\dots \text{Eq. S3} \end{aligned}$$

附錄二、時間窗格敏感性分析之相似性表格



表 S1. 不同時間窗格回推之餘弦相似性

時間 窗格	新加坡				馬來西亞			
	2014	2015	2016	2017	2014	2015	2016	2017
30	0.375	0.422	0.500	0.399	0.68	0.718	0.674	0.721
60	0.535	0.605	0.652	0.520	0.792	0.729	0.733	0.846
90	0.691	0.635	0.745	0.647	0.883	0.735	0.857	0.836
120	0.696	0.642	0.834	0.757	0.9000	0.797	0.889	0.866
150	0.665	0.838	0.865	0.79	0.937	0.838	0.888	0.892
180	0.629	0.841	0.869	0.838	0.931	0.831	0.903	0.923

表 S2. 不同時間窗格回推之距離函數

時間 窗格	新加坡				馬來西亞			
	2014	2015	2016	2017	2014	2015	2016	2017
30	2.969	3.280	2.952	4.065	3.786	3.484	3.017	4.048
60	2.675	2.949	2.579	3.882	3.126	3.601	2.833	3.287
90	2.290	2.909	2.264	3.500	2.547	3.559	2.259	3.235
120	2.280	2.891	1.98	2.883	2.271	3.091	1.929	2.968
150	2.402	2.005	1.706	2.834	1.953	2.810	2.028	2.796
180	2.585	1.958	1.688	2.417	2.185	2.850	2.153	2.264

表 S3. 不同時間窗格回推之 DTW 距離

時間 窗格	新加坡				馬來西亞			
	2014	2015	2016	2017	2014	2015	2016	2017
30	15.553	20.275	14.360	23.322	22.850	17.949	20.043	24.330
60	12.316	15.993	13.637	20.283	18.784	19.441	15.061	12.610
90	8.049	17.082	8.922	16.914	13.566	21.108	10.409	16.744
120	8.219	17.799	8.502	13.977	11.313	15.599	9.014	14.147
150	7.524	10.603	6.804	13.320	10.952	10.436	9.075	16.652
180	7.757	10.100	6.915	10.273	11.54	10.685	8.960	11.334