

科技部補助
大專學生研究計畫研究成果報告

計 畫 名 稱	： 依據傳輸動態模型預測入境人口對於A型禽流感 (H7N9)之感染風險
------------	--

執行計畫學生： 賴柏儒

學生計畫編號： MOST 107-2813-C-040-089-B

研究期間： 107年07月01日至108年02月28日止，計8個月

指導教授： 陳詩潔

處理方式： 本計畫可公開查詢

執行單位： 中山醫學大學公共衛生學系（所）

中華民國 108年03月31日

摘要

世界衛生組織2017年資料顯示，2013年以來中國大陸新型A型禽流感H7N9報告病例總數為1564例，死亡人數為610人，死亡率為39%，且於中國大陸的確定病例曾進出活禽市場的禽鳥及環境中檢測出新型A型禽流感H7N9病毒，為新型A型禽流感H7N9重要疫情區，大陸地區人民入境人口2013年到2017年間平均占14.8%，因地理位置相近，境外移入個案的可能性不容小覷，並且臺灣於2009, 11, 14, 15年在野鳥監測結果(行政院農業委員會家畜衛生試驗所)中，有分離出新型A型禽流感H7N9的病毒株。

因此本研究以臺灣族群易感-感染-復原(Susceptible-Infectious-Recovered, SIR)及臺灣禽類易感-感染-復原(Susceptible-Infectious-Recovered, SIR) 雙宿主模式評估大陸入境族群對於新型A型禽流感H7N9風險之傳輸動態，模擬大陸境外移入族群增量10%、無增減量、減量10%。當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_P 隻數下降， I_P 、 R_P 隻數增加。當大陸境外移入人口為 $2,695,721 \pm 10\%$ 人數時，結果趨勢相同；當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_L 人數下降， I_L 、 R_L 人數增加。當大陸境外移入人口為 $2,695,721 \pm 10\%$ 人數時，結果趨勢相同；當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_M 人數下降， I_M 、 R_M 人數增加。當大陸境外移入人口為 $2,695,721 \pm 10\%$ 人數時，結果趨勢相同，結果顯示大大陸境外移入人數的多寡對於臺灣族群感染新型A型禽流感H7N9無明顯的影響。未來建議於衛生政策面上仍要呼籲民眾少前往疫區，並加強港埠檢疫。

Keywords: 新型A型禽流感、H7N9、人畜共通疾病、傳輸動態模式

目錄

摘要

目錄

第一章、前言

1.1 研究動機

1.2 研究目的

第二章、文獻回顧

2.1 新型A型禽流感H7N9

2.2 傳染途徑

2.2.1 禽類間傳染途徑

2.2.2 禽類人類間傳染途徑

2.2.3 人類間傳染途徑

2.3 傳輸動態模式

第三章、材料與方法

3.1 易感-感染-復原 模式

3.2 易感-感染-復原 模式假設

3.3 模式參數推求

第四張、結果與討論

4.1 大陸入境人口對臺灣H7N9之影響

第五章、結論與建議

5.1 結論

5.2 建議

參考文獻

第一章、前言

1.1 研究動機

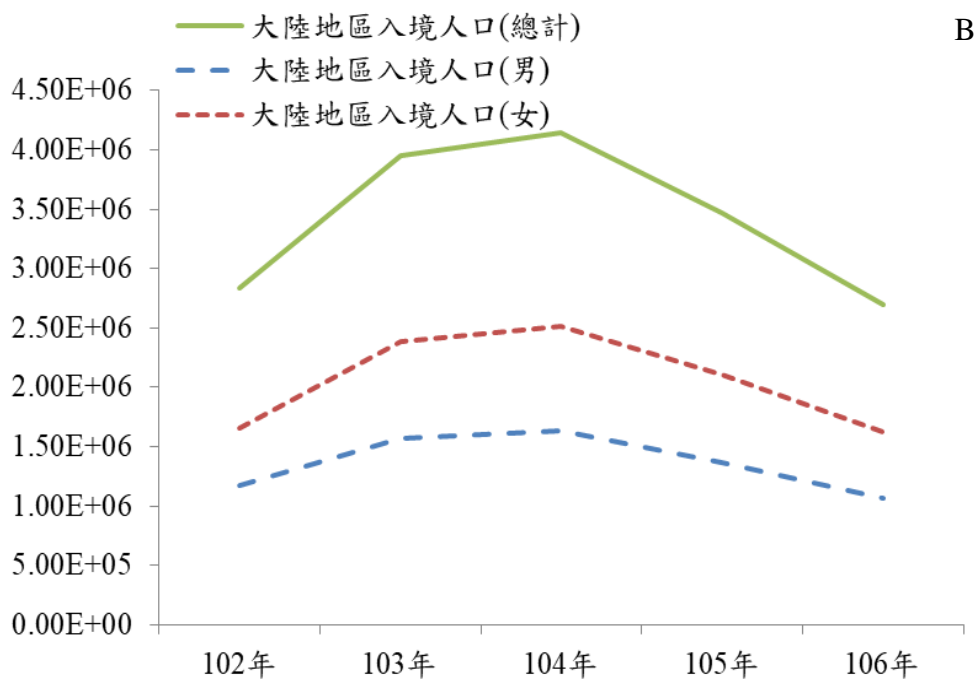
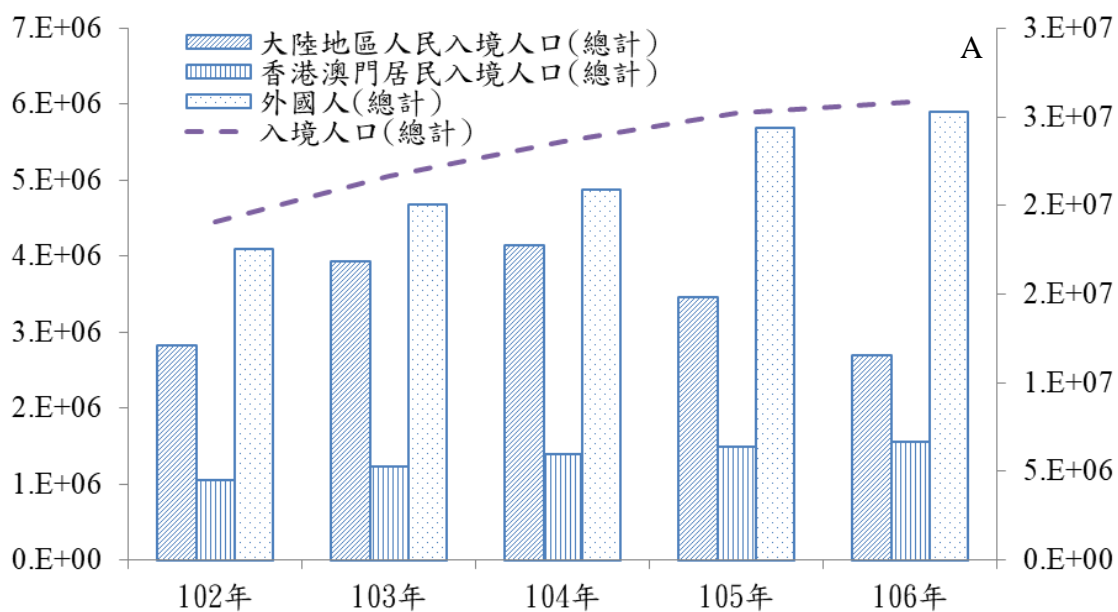
中國大陸自2013年3月31日起公佈全球首例人類H7N9流感確定病例，個案數目前仍在持續增加中，病例初期症狀包含發燒、咳嗽及呼吸短促等，多數病例後期發展為嚴重肺炎甚至死亡(衛生福利部疾病管制署，2013)。

臺灣入境人口總計自2013年到2017年有明顯增加的趨勢如圖一(A)，五年間入境人口總計平均為23,091,932人，且五年間大陸地區人民入境人口占臺灣入境總計人口平均百分比為14.8%、香港澳門居民入境人口占臺灣入境總計人口平均百分比為5.9%、外國人入境人口占臺灣入境總計人口平均百分比為21.9%，中國大陸入秋後H7N9流感病例多集中於浙江省及廣東省，不排除中國大陸南方疫情有擴大趨勢，國人自中國大陸往返人數明顯增加，預期境外移入個案出現風險亦隨之上升(衛生福利部疾病管制署，2014)。

大陸地區人民入境人口統計圖如圖一(B)，大陸地區人民入境人口於2015年達到最高峰，2013年到2017年大陸地區人民入境人口總計平均為3,419,581人，其中男性平均占39.8%、女性平均占60.2%，因地理位置相近，本計畫因此探討入境人口對於國內新型A型禽流感H7N9傳輸動態影響是有其必要性。

1.2 研究目的

本計畫書的研究目的為建立傳染病傳輸動態模式(Transmission Dynamic Model)，以探討大陸入境人口對於台灣感染新型A型禽流感H7N9傳輸動態的影響。



圖一、(A)臺灣入境人口(B)大陸地區入境人口(移民署，2018)

第二章、文獻回顧

2.1 新型A型禽流感H7N9

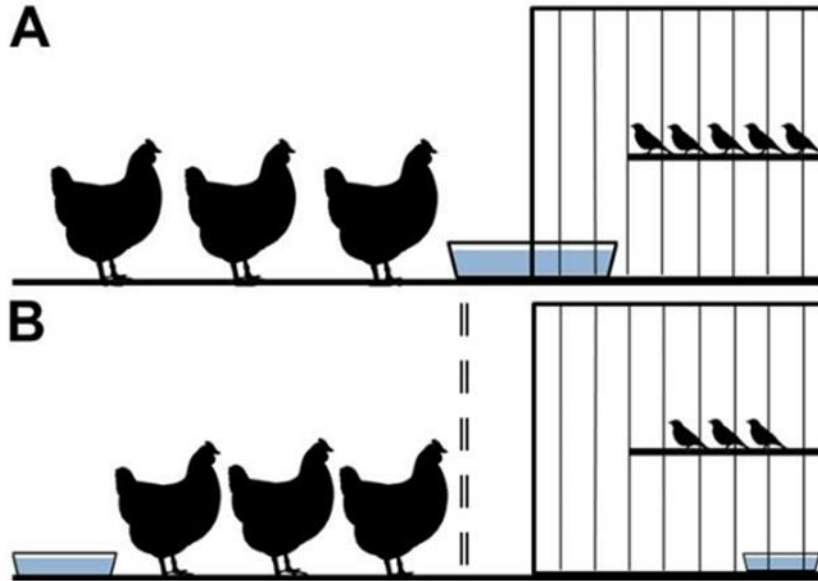
在2013年春天，中國大陸東部地區出現新型A型禽流感H7N9。H7N9病毒是來自野鳥和家禽的H7亞型和H9N2的重新分配，並在人類身上和隨後於鳥類市場的雞，鴨，鴿子，水和土壤中檢測到(Jones et al., 2015)。最常見的臨床表現是發燒，咳嗽，痰和呼吸急促。超過80%的病例涉及接觸活禽，感染這種H7N9病毒往往嚴重的威脅人類生命。相較之下，住種新型病毒在家禽中具有非常低的致病性(Liu et al., 2015)。最近證據顯示活禽市場可能為禽類傳染新型A型禽流感H7N9病毒給人類的重要場所(Wu et al., 2013)。活禽市場在中國和其它國家很普遍，主要在於城市地區，如果禽類感染了禽流感病毒，活禽市場則因此構成重要的潛在人畜共同傳染病風險(Yu et al., 2014)。

臺灣是個達到新型A型流感H7N9病毒潛在人與人之間傳播的理想地區，因為在環境背景下臺灣指診斷出一個病例，並且沒有其它確定病例或動物感染(衛生福利部疾病管制署，2013)。於2017年2月4日，衛生福利部疾病管制署通報今天首例確診新型A型禽流感H7N9病毒的病例(Yang et al., 2017)，大陸地區2013年以來報告的病例總數為1564例，死亡人數為610人，死亡率為39%(WHO, 2017)。

2.2 傳染途徑

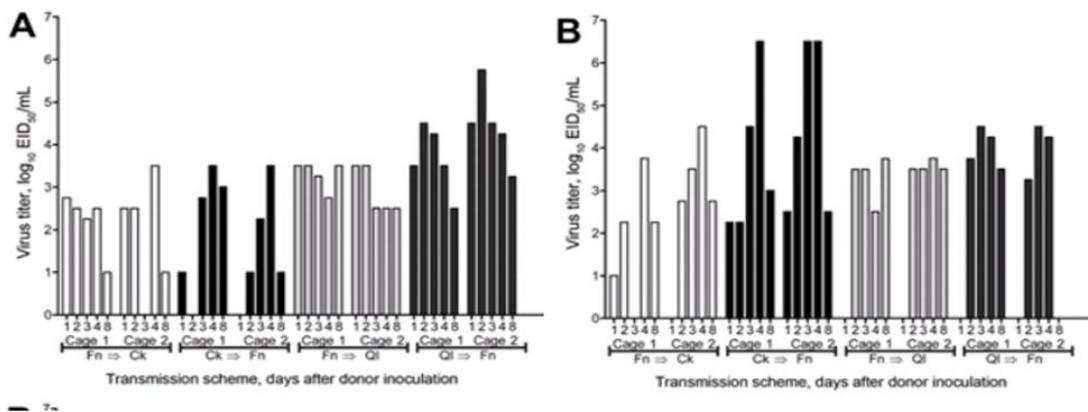
2.2.1 禽類間傳染途徑

為了確立禽類跨物種間新型A型禽流感H7N9的傳播途徑，Jones等(2015)將禽類關在97cm×58cm×53cm的大籠子，並將雀類關在30cm×41cm×41cm的小籠子後放置於禽類大籠子內，並分為A、B兩組進行研究(圖二)，A組為於禽類、雀類間放置15cm×25cm的一公升的共用水盤，且禽類、雀類無法接觸的條件下，探討以水為傳染途徑；B組為於禽類、雀類間放置透氣屏蔽，水盤、飼料不共用且禽類、雀類無法接觸的條件下探討以空氣為傳染途徑。



圖二、跨物種間傳播新型A型禽流感H7N9的研究設計(Jones et al., 2015)

共用水盤中的水每四天更換一次，水盤中的病毒量(圖三)於禽類、雀類接種病毒後的第一至第四天即第八天收集，A為禽類、雀類接種A/Anhui/1/2013(H7N9)後在共用水盤中的病毒量，B為禽類、雀類接種A/Chicken/Rizhao/867/2013(H7N9)後在共用水盤中的病毒量，實驗結果顯示水盤於第四天更換後，於第八天仍收集到病毒量，因此推測H7N9病毒於禽類跨物種間的傳播途徑為水，而非空氣。我們顯示新型A型禽流感H7N9病毒跨物種間傳播，容易發生於社會雀及北美鶉，但在雀類和雞僅有零星傳播，因此我們可以想像雀形目鳥類可能為傳播新型A型禽流感H7N9病毒於國內禽類的媒介(Jones et al., 2015)。



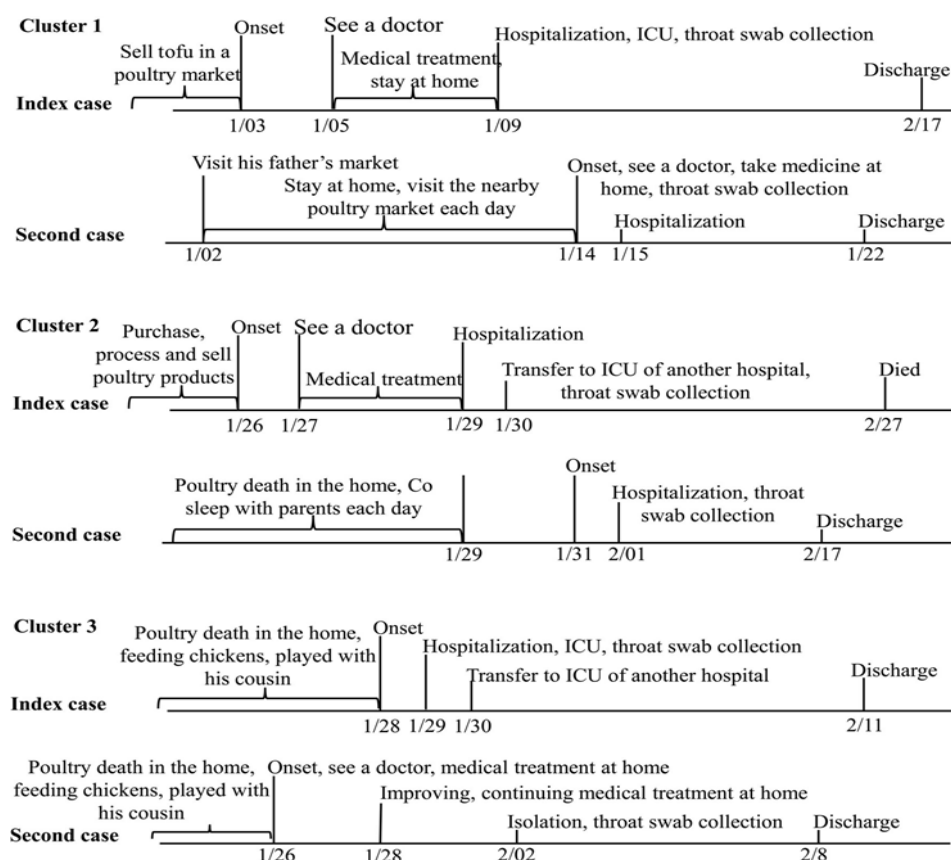
圖三、共用水盤中病毒量(Jones et al., 2015)

2.2.2 禽類人類間傳染途徑

目前尚無足夠證據確定新型A型流感病例透過何種途徑染病。一般來說，動物流感病毒會存在於受感染動物的呼吸道飛沫顆粒及排泄物中，推測人類主要應是透過吸入及接觸病毒顆粒或受污染的物體/環境等途徑而感染(衛生福利部疾病管制署，2018)。

2.2.3 人類間傳染途徑

目前雖然沒有證據支持人與人間病毒的傳播，但有三起因為家庭群聚而確立的病例，因此不能排除有限度的人與人間的傳播(Wu et al., 2013)。廣東省因三起因家庭群聚而感染H7N9的時間軸中(如圖四)，第二個病例雖有家禽接觸史，但於時間軸發病前有與感染H7N9病毒的家屬接觸，因此不排除人與人之間有限度的傳播。



圖四、廣東省三起因家庭群聚感染H7N9病毒的時間軸 (Yi et al., 2015)

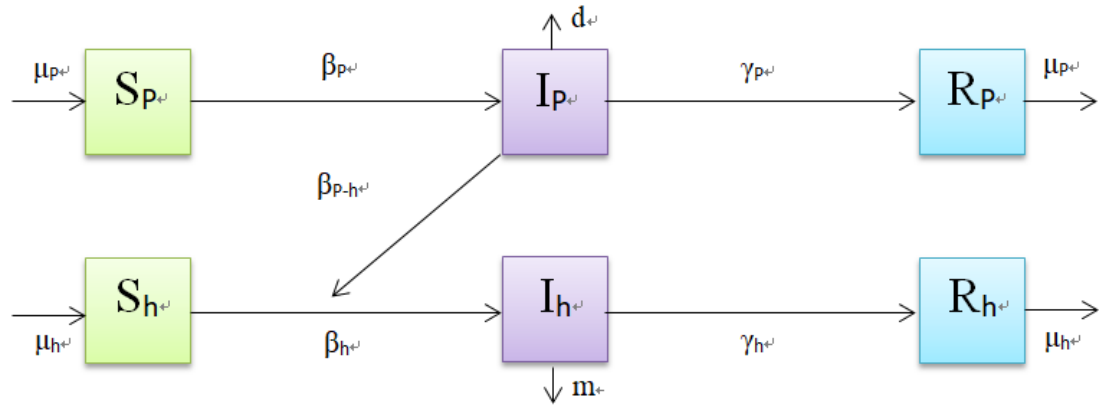
2.3 傳輸動態模式

易感-暴露-感染-復原(Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered, SEIR)模式，依疾病自然發生史將人類族群分為四個階段，藉由一階微分方程式探討傳染病對於人類族群傳輸動態情形。本研究回顧三篇傳輸動態模式，分述如下。

Liu等(2015)使用易感-感染-復原(Susceptible-Infectious-Recovered, SIR)模式描述新型A型禽流感H7N9病毒在兩宿主(禽類及人類)間的傳播，並利用參數模擬出心型A型禽流感H7N9的流行病學(表一、圖五)，指出禽類感染族群會感染人類易感階段的人(經由 β_{p-h} 路線)而影響易感族群情形。

Lin等(2016)為了研究季節性變化及環境對新型A型禽流感H7N9傳播的影響，因此使用易感-暴露-感染-復原-易感(Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered-Susceptible, SEIRS)模式並加入環境因子V進行模擬(SEIRVS)(表二、圖六)。

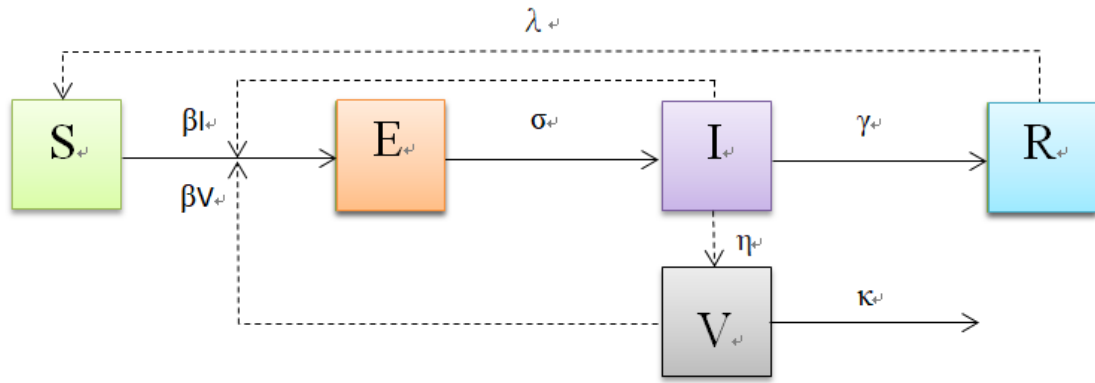
Xiao等(2014)使用易感-感染(Susceptible-Infectious, SI)模式及易感-暴露-感染-復原(Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered, SEIR)模式描述新型A型禽流感H7N9病毒在兩宿主(禽類及人類)間的傳播或人與人之間的傳播，並利用參數模擬出新型A型禽流感H7N9的流行病學(表三、圖七)指出禽類感染族群(經由 β_p 路線)和人類感染族群(經由 β_h 路線)會感染人類易感族群階段的人而影響易感族群情形。



圖五、新型禽流感H7N9傳輸動態模式架構圖(Liu et al., 2015)

表一、傳輸動態模式參數表(Liu et al., 2015)

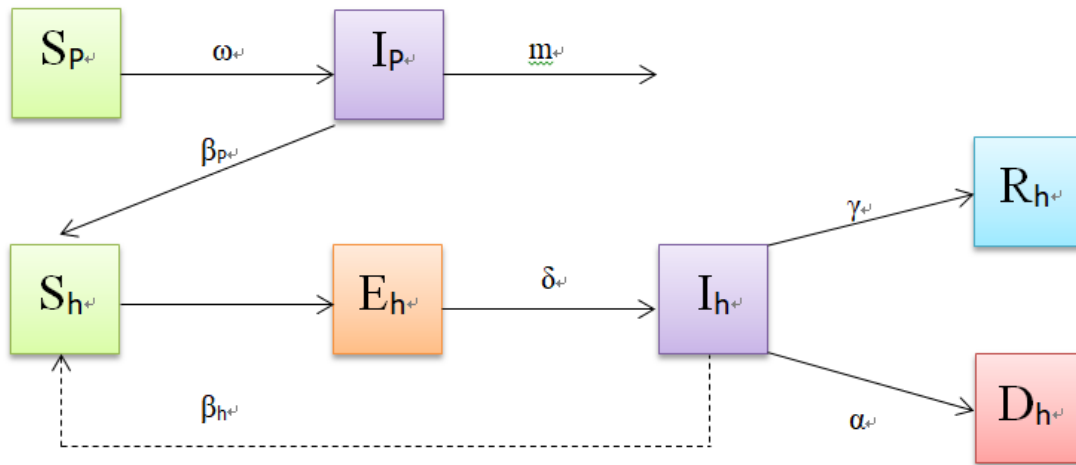
符號	定義	輸入參數	單位
μ_P	禽類出生率或死亡率	1/72	1/週
β_P	禽類對禽類傳播率	1.582	1/週
γ_P	禽類回復率	1	1/週
d	禽類篩檢率及禽類別除率	1/6, 1/1.3	1/週
μ_h	人類出生率或死亡率	0.00025641	1/週
β_h	人類對人類傳播率	0.07	1/週
γ_h	人類回復率	1	1/週
β_{P-h}	禽類對人類傳播率	5.3×10^{-6}	1/週
m	人類受感染後所造成的死亡率	0.563	1/週



圖六、新型禽流感H7N9傳輸動態模式架構圖(Lin et al., 2016)

表二、傳輸動態模式參數表(Lin et al., 2016)

模式	λ^{-1} (年)	η (年 ⁻¹)	κ^{-1} (年)	$\eta\beta$	T
1	2.50	4.94	0.81	7	0.25
2	1.50	3.87	1.01	7	0.27
3	0.50	4.03	0.93	7	0.28
4	1.50	3.88	0.36	9	0.19
5	1.50	3.88	0.36	9	0.19
6	0.50	3.14	0.29	9	0.17
7	2.50	0.98	1.00	9	0.32
8	1.50	0.92	0.67	9	0.31
9	2.50	1.07	0.83	9	0.32



圖七、新型禽流感H7N9傳輸動態模式架構圖(Xiao et al., 2014)

表三、動態傳輸模式參數表(Xiao et al., 2014)

參數	定義	參數推求平均值(95%信賴區間)	參考資料
ω	禽類間傳播率	-	-
m	禽類疾病死亡和剔除率	-	-
β_{p0}	禽類對人類傳播率	0.207(0.0117-0.297)	MCMC
β_h	人類間傳播率	0.078(0.074-0.082)	MCMC
Δ	發展至潛伏期的機率	0.051(0.049-0.053)	MCMC
κ	干預強度	0.102(0.098-0.106)	MCMC
α	人類疾病相關死亡	0.077(0.059-0.091)	KMmethod
γ	感染人類的回復率	0.091(0.067-0.100)	KMmethod
S_{h0}	易感族群的初始大小	1.40×10^5 (79604-200,395)	MCMC
E_{h0}	暴露族群的初始大小	1.725(0-5.182)	MCMC

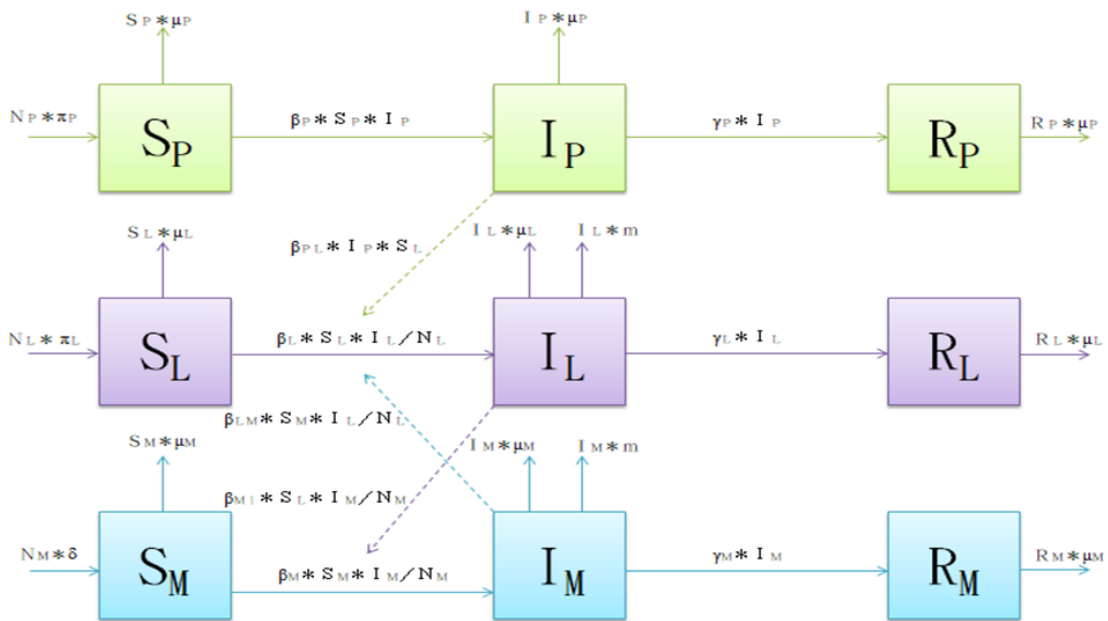
第三章、材料與方法

3.1 易感-感染-復原 模式

本研究所採取模式架構圖如圖八，主要分為三大族群，分別為臺灣禽類族群、臺灣族群、大陸入境族群。其中臺灣禽類族群分為三個區塊：易感者(S_P)、感染者(I_P)、復原者(R_P)；臺灣族群分為三個區塊：易感者(S_L)、感染者(I_L)、復原者(R_L)；大陸入境族群分為三個區塊：易感者(S_M)、感染者(I_M)、復原者(R_M)。

以方程式(1)~(3)表示臺灣禽類族群易感、感染、復原階段在單位時間內變化情形，方程式(4)表示所有臺灣禽類族群三個階段的隻數加總。方程式(5)~(7)表示臺灣族群易感、感染、復原階段在單位時間內變化情形，方程式(8)表示所有臺灣族群三個階段的人數加總。方程式(9)~(11)表示大陸入境族群易感、感染、復原階段在單位時間內變化情形，方程式(12)表示所有大陸入境族群三個階段的人數加總。

本研究使用Berkeley Madonna進行傳輸動態模式模擬，藉由一階微分方程式探討新型A型禽流感H7N9對於人類族群傳輸動態的情形。



圖八、本研究模式架構圖

$$dS_P/dt = \pi_P * N_P - \beta_P * S_P * I_P / N_P - \mu_P * S_P; \quad (1)$$

$$dI_P/dt = \beta_P * S_P * I_P / N_P - \gamma_P * I_P - \mu_P * I_P; \quad (2)$$

$$dR_P/dt = \gamma_P * I_P - \mu_P * R_P; \quad (3)$$

$$N_P = S_P + I_P + R_P; \quad (4)$$

$$dS_L/dt = \pi_L * N_L - \beta_L * S_L * I_L / N_L - \mu_L * S_L - \beta_{PL} * S_L * I_P - \beta_{ML} * S_L * I_M / N_M; \quad (5)$$

$$dI_L/dt = \beta_L * S_L * I_L / N_L - m * I_L - \gamma_L * I_L - \mu_L * I_L + \beta_{PL} * S_L * I_P + \beta_{ML} * S_L * I_M / N_M; \quad (6)$$

$$dR_L/dt = \gamma_L * I_L - \mu_L * R_L; \quad (7)$$

$$N_L = S_L + I_L + R_L; \quad (8)$$

$$dS_M/dt = \omega * N_M - \beta_M * S_M * I_M / N_M - \mu_M * S_M - \beta_{LM} * S_M * I_L / N_L; \quad (9)$$

$$dI_M/dt = \beta_M * S_M * I_M / N_M - m * I_M - \gamma_M * I_M - \mu_M * I_M + \beta_{LM} * S_M * I_L / N_L; \quad (10)$$

$$dR_M/dt = \gamma_M * I_M - \mu_M * R_M; \quad (11)$$

$$N_M = S_M + I_M + R_M; \quad (12)$$

表四、模式參數表

符號	定義	輸入參數	單位	引用年分
N_P	臺灣禽類總數	105,891,084 ^a	隻數	2017
N_L	臺灣總人口數	23,571,227 ^b	人數	2017
N_M	大陸境外移入總人口數	2,695,721 ^c	人數	2017
S_P	臺灣禽類易感族群	105,868,106	隻數	-
S_L	臺灣易感族群	23,571,219	人數	-
S_M	大陸境外移入易感族群	2,695,717	人數	-
I_P	臺灣禽類感染族群	22,978	人數	-
I_L	臺灣感染族群	5 ^d	人數	2018
I_M	大陸境外移入感染族群	3	人數	-
R_P	臺灣禽類回復族群	0	人數	-
R_L	臺灣回復族群	3 ^d	人數	2018
R_M	大陸境外移入回復族群	1	人數	-
π_P	禽類粗出生率	0.00274 ^e	1/年	2015
π_L	臺灣粗出生率	0.00826 ^b	1/年	2018
μ_P	禽類粗死亡率	0.00274 ^e	1/年	2015
μ_L	臺灣粗死亡率	0.00727 ^b	1/年	2018
μ_M	大陸粗死亡率	0.00727	1/年	-
β_P	禽類間傳播率	82.49 ^e	1/年	2015
β_{PL}	禽類族群對人類族群傳播率	0.000276 ^e	1/年	2015
$\beta_L = \beta_M = \beta_{LM}$ $= \beta_{ML}$	人類族群對人類族群傳播率	3.65 ^e	1/年	2015

γ_P	禽類族群回復率	0.000274 ^e	1/年	2015
γ_L	臺灣族群回復率	0.000274 ^e	1/年	2015
γ_M	大陸族群回復率	0.000274 ^e	1/年	2015
m	感染H7N9死亡率	29.36 ^e	1/年	2015
ω	大陸族群遷徙率	0.00039 ^f	1/年	2017

^a行政院農業委員會; ^b內政部戶政司; ^c內政部移民署; ^d衛生福利部疾病管制署;

^eLiu et al., (2015); ^f內政部統計處;

3.2 模式參數初始值推求

- (1) 本研究臺灣禽類感染族群(I_P)的初始值以野鳥監測結果(行政院農委會家畜衛生試驗所, 2018)選取監測結果中分離出H7N9病毒株的年份(2009, 11, 14, 15年)進行臺灣禽類感染族群(I_P)之推估如圖九(A)方程式為22,978隻。
- (2) 在研究模式中臺灣禽類回復族群(R_P)初始值設定為0。
- (3) 臺灣禽類易感族群(S_P)以台灣禽類總數(N_P)扣除臺灣禽類感染族群(I_P)、臺灣禽類回復族群(R_P)推求之。
- (4) 臺灣感染族群(I_L)引用衛生福利部疾病管制署公布本土確定病例數5人(衛生福利部疾病管制署, 2018)設定為初始值。
- (5) 在研究模式中臺灣復原族群(R_L)以3人為初始值(衛生福利部疾病管制署, 2018)。
- (6) 臺灣易感族群(S_L)以臺灣總人口數(N_L)扣除臺灣感染族群(I_L)及臺灣回復族群(R_L)推求之。
- (7) 大陸境外移入感染族群(I_M)以大陸總感染新型A型流感H7N9病例數1,564人占大陸總人口數1,386,000,000人之比例乘以大陸境外移入總人

口數(N_M)推估之如圖九(B)方程式為3人。

- (8) 大陸境外移入回復族群(R_M)的初始值以大陸總感染新型A型流感H7N9復原人數754人占大陸總人口數1,386,000,000人之比例乘以大陸境外移入總人口數(N_M)進行推估如圖九(B)方程式為1人。
- (9) 大陸境外移入易感族群(S_M)以大陸境外移入總人口數(N_M)扣除大陸境外移入感染族群(I_M)及大陸境外移入回復族群(R_M)推求之。

<p>A</p> <p>臺灣禽類感染族群</p> $= \frac{2009, 11, 14, 15 \text{ 年間總分離病毒株數}}{2009, 11, 14, 15 \text{ 年總採集樣本數} \times 2009, 11, 14, 15 \text{ 年間分離病毒亞型}}$
<p>B</p> <p>大陸境外移入感染族群</p> $= \frac{\text{大陸總感染新型 A 型流感 H7N9 病例數} \times \text{大陸境外移入人口數}}{\text{大陸總人口數}}$ <p>大陸境外移入復原族群</p> $= \frac{\text{大陸總感染新型 A 型流感 H7N9 復原人數} \times \text{大陸境外移入人口數}}{\text{大陸總人口數}}$

圖九、(A)臺灣禽類感染族群(I_P)推估之方程式(B)大陸境外移入感染族群(I_M)、復原族群(R_M)推估之方程式

新型A型流感H7N9傳染媒介主要為禽類，本研究模式中假設臺灣禽類感染族群(I_P)能感染臺灣易感族群(S_L)以 $\beta_{PLI_P S_L}$ 路徑指出對臺灣易感族群的影響。

罹患新型A型流感H7N9的患者在人類族群間存在有限度人與人間的傳染，而境外移入族群中以大陸境外移入族群為首，因此由臺灣感染族群(I_L)對大陸境外移入感染族群(I_M)、大陸境外移入感染族群(I_M)對臺灣感染族群(I_L)，分別以 $\beta_{LM}S_M I_L/N_L$ 、 $\beta_{ML}S_L I_M/N_M$ 兩條路徑指出其對大陸境外移入易感族群(S_M)、臺灣易感族群(S_L)的影響。

3.3 模式參數推求

本研究參數設定引用於最新的資料，自2015到2018年不等。禽類粗出生率(π_P)、禽類粗死亡率(μ_P)、禽類間傳播率(β_P)和禽類感染人類傳播率(β_{PL})引用自Liu等人2015年的研究，禽類粗出生率(π_P)、禽類粗死亡率(μ_P)皆為0.00274(1/年)，而禽類間傳播率(β_P)為82.49(1/年)、禽類對人類傳播率(β_{PL})為0.000276(1/年)。

研究之人類感染人類傳播率引用自Liu等人2015年的研究，分別帶入模式之臺灣族群間傳播率(β_L)、大陸境外移入族群間傳播率(β_M)、臺灣族群感染大陸族群傳播率(β_{LM})、大陸族群感染臺灣族群傳播率(β_{ML})，其人類間傳播率皆為 $\beta_L=\beta_M=\beta_{LM}=\beta_{ML}$ 為3.65(1/年)。

研究中大陸族群遷徙率為0.00039(1/年)(內政部統計處，2017)，而感染H7N9死亡率為29.36(1/年)(Liu et al., 2015)。

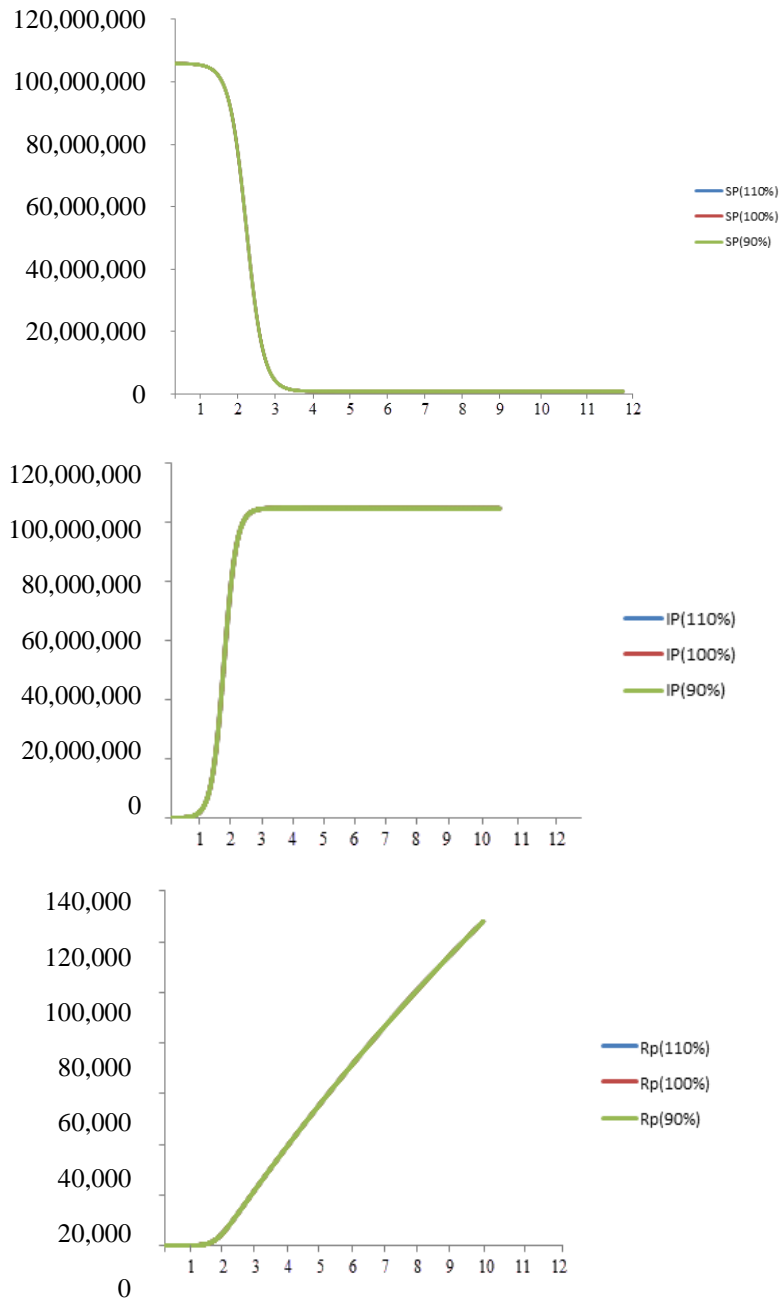
第四章、結果與討論

4.1 大陸境外移入人口對臺灣H7N9之影響

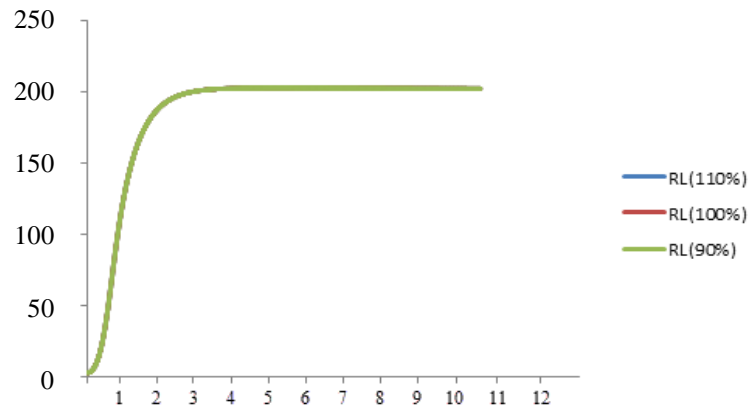
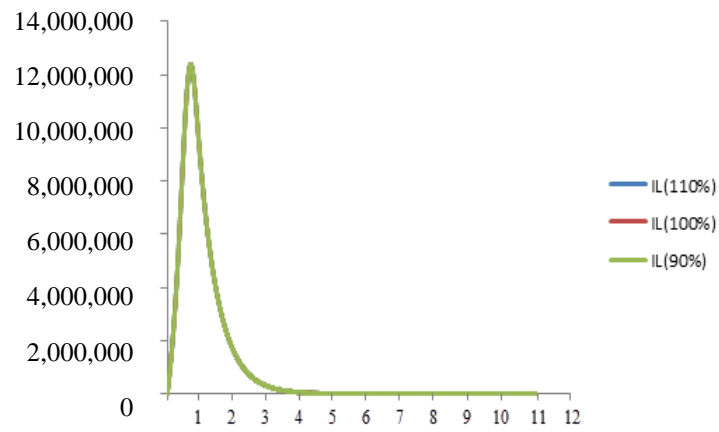
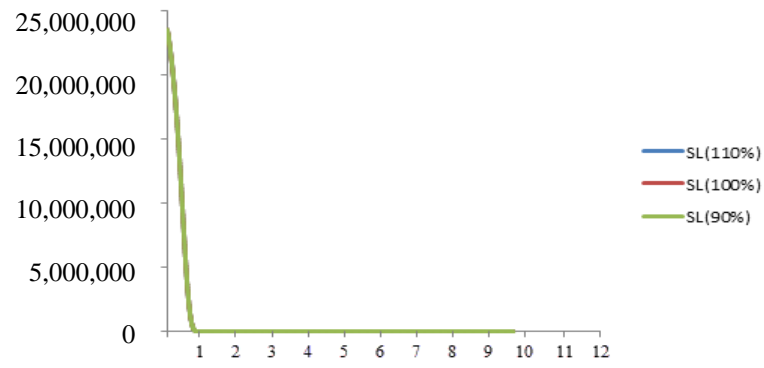
本研究以大陸境外移入人口為2,695,721人(2017年)為基準點，模擬大陸境外移入族群增量10%、無增減量、減量10%，大陸境外移入人口對臺灣H7N9之影響。

圖十結果顯示，當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_P 隻數下降， I_P 、 R_P 隻數增加。當大陸境外移入人口為2,695,721±10%人數時，結果趨勢相同，由此可知道大陸境外移入人口增加、減少時對 I_P 不會造成影響。圖十一結果顯示，當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_L 人數下降， I_L 、 R_L 人數增加。當大陸境外移入人口為2,695,721±10%人數時，結果趨勢相同，由此可知道大陸境外移入人口增加、減少時對 I_L 不會造成影響。

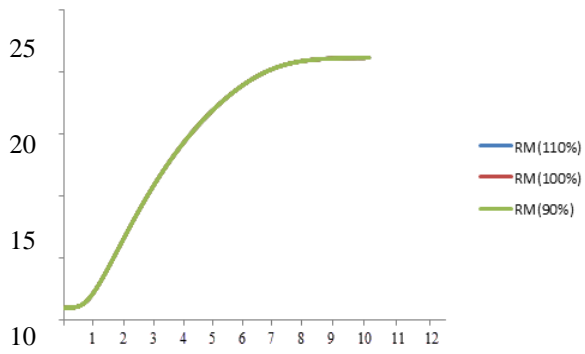
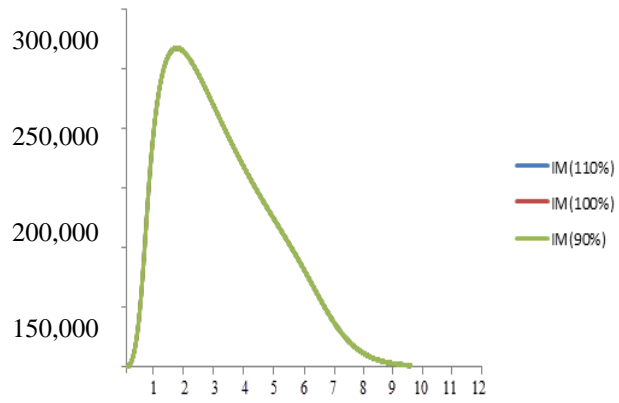
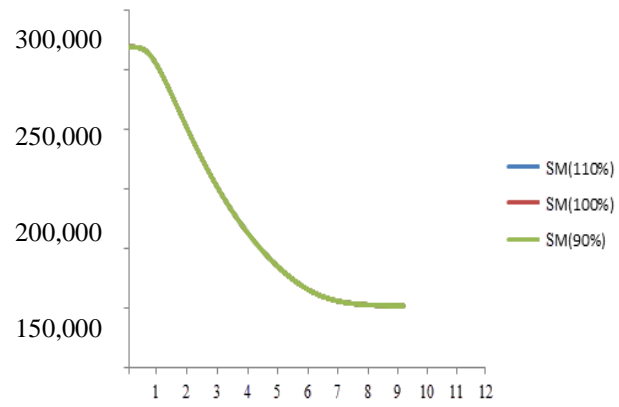
圖十二結果顯示，當大陸境外移入人口為2,695,721人時 S_M 人數下降， I_M 、 R_M 人數增加。當大陸境外移入人口為2,695,721±10%人數時，結果趨勢相同，由此可知道大陸境外移入人口增加、減少時對 I_M 不會造成影響。



圖十、A、B、C分別表示在大陸境為移入人口(N_M)不同時對臺灣禽類易感(S_P)、感染(I_P)、復原(R_P)族群隨時間隻數變化圖



圖十一、A、B、C分別表示在大陸境為移入人口(N_M)不同時對臺灣人類易感(S_L)、
感染(I_L)、復原(R_L)族群隨時間人數變化圖



圖十二、A、B、C分別表示在大陸境為移入人口(N_M)不同時對大陸境外移入族群易感(S_M)、感染(I_M)、復原(R_M)族群隨時間隻數變化圖

第五章、結論與建議

5.1 結論

研究結果顯示大陸境外移入族群人數的增加、減少不會對臺灣感染族群(I_L)造成影響，亦即大陸境外移入人數的多寡對於臺灣族群感染新型A型禽流感H7N9無明顯的影響。目前新型A型流感H7N9雖然只有少數有限度人類感染人類的案例，於衛生政策面上要呼籲民眾少前往疫區，並加強港埠檢疫。

5.2 建議

本研究未考慮暴露族群，因此在模擬時會有高估感染族群的風險，期望日後研究者能匡列新型A型禽流感H7N9暴露族群的人口並加以模擬。由於臺灣易感族群以及大陸境外移入族群易感、感染、復原的人口皆為研究推求，並不能得知群體中的真實情況，期望日後的研究者能引用更確切的數據加以模擬。

參考文獻

1. Jones JC, Sonnberg S, Webby RJ, and Webster RG. 2015. Influenza A(H7N9) virus transmission between finches and poultry. *Emerging Infectious Disease*. 21(4), 619-628.
2. Liu ZF, Fang CT. 2015. A modeling study of human infections with avian influenza A H7N9 virus in mainland China. *International Journal of Infectious Diseases*. 41, 73-78.
3. Wu HS, Chuang JH, Chang FY. 2013. Taiwan faces challenges on the emerging avian influenza A (H7N9) virus in China. *Journal of the Formosan Medical Association*. 112, 299-301.
4. Yu H, Wu JT, Cowling BJ, Liao Q, Fang VJ, Zhou S, Wu P, Zhou H, Lau EHY, Guo D, Ni MY, Peng Z, Feng L, Jiang H, Luo H, Li Q, Feng Z, Wang Y, Yang W, Leung GM. 2014. Effect of closure of live poultry markets on poultry-to-person transmission of avian influenza A H7N9 virus: an ecological study. *The Lancet*. 383, 541-548.
5. Centers of Disease Control, Taiwan. 2013. As one new human infection with avian influenza A(H7N9) virus confirmed in China, CECC revises case definition for human infection with influenza A (H7N9) and updates travel notice to be implemented beginning June 1, 2013 accordingly.
6. Yang JR, Liu MT. 2017. Human infection caused by an avian influenza A (H7N9) virus with a polybasic cleavage site in Taiwan, 2017. *Journal of the Formosan Medical Association*. 116(3), 210-212.
7. Lin Q, Lin Z, Chiu AP, He D. Seasonality of influenza A(H7N9) virus in China—fitting simple epidemic models to human cases. *PLoS*. 11(3):e0151333.
8. Xiao Y, Sun X, Tang S, Wu J. 2014. Transmission potential of the novel avian influenza A(H7N9) infection in mainland China. *Journal of Theoretical Biology*. 352, 1-5.
9. 衛 生 福 利 部 疾 病 管 制 署 2013.
http://www.cdc.gov.tw/downloadfile_url.aspx?url=/Archives/cd9c8d64-f200-4c2e-aa91-29dfa8ad60d7.pdf&filename=H7N9%E6%B5%81%E6%84%9F%E7%96%BE%E7%97%85%E4%BB%8B%E7%B4%B9
10. 衛 生 福 利 部 疾 病 管 制 署 2014.
<http://www.cdc.gov.tw/professional/info.aspx?treeid=22fcc15da1a84cac&nowtr>

[eeid=D45858CAFEF44595&tid=D5FCBBEC82C17D9D](https://www.immigration.gov.tw/lp.asp?CtNode=29701&CtUnit=16435&BaseDSID=7&mp=1&xq_xCat=97)

11. 內 政 部 移 民 署 2018.
https://www.immigration.gov.tw/lp.asp?CtNode=29701&CtUnit=16435&BaseDSID=7&mp=1&xq_xCat=97
12. 世 界 衛 生 組 織 2017.
http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201709_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1&ua=1
13. 內 政 部 戶 政 司 2018.
<https://www.ris.gov.tw/346;jsessionid=628148EBF0B96832B10228FA9F9D>
14. 行 政 院 農 業 委 員 會 家 畜 衛 生 試 驗 所 2018.
<https://www.nvri.gov.tw/Module/PageContent/400/337.aspx?pid=xKbzyqGuH1Y%3d>