

出國報告（出國類別：研究）

參加熱帶醫學相關之傳染病流行病學
及疾病防制訓練課程
出國報告

服務機關：衛生署疾病管制局

姓名職稱：吳智文 薦任技正

王恩慈 薦任技正

派赴國家：英國

出國期間：民國 97 年 8 月 30 日 至 9 月 13 日

報告日期：民國 97 年 12 月 2 日

目 次

壹、摘要	2
貳、前言	3
參、目的	5
肆、過程	6
伍、心得及建議	15
陸、附件	17

壹、摘要

儘管醫學與公共衛生水準日益提升，但人類仍然無法完全預知，甚至完全預防傳染病的來襲，以致於無可避免地，必須為此付出龐大的社會成本，甚至寶貴的生命代價。近年來接踵而至的 SARS、新型流感等傳染性疾病，陸續為全球帶來了不可估計之巨大衝擊，也直接且深刻喚醒了大眾對新興及再浮現傳染病的認知與警覺。故在現有的監視系統之外，亟需具備完整的偵測系統與資料收集系統，並透過建立數學模式，將傳染病的傳染動力學以量化方式處理，以便實際應用於傳染病流行趨勢與防治成本效益評估，協助傳染病防治政策的建立、評估與修正。

鑑於我國亦面臨多種傳染病的潛在威脅，運用數理模式分析將有助於疫情研判、分析與因應，本年疾病管制局茲派職等兩員，參與英國倫敦帝國理工學院傳染病流行病學研究所開辦的熱帶醫學相關之傳染病流行病學及疾病防制訓練課程，與其他來自六大洲 23 國的 50 名學員共同切磋學習。本次研習課程內容多元，除各項基本理論的講授外，同時安排實務操作，將學理與應用合而為一，加強學習效果。此外，學員間也彼此交換傳染病監視防治心得與經驗的機會，在充實相關能力之外，也建立未來合作關係的空間。

貳、前言

臺灣地處亞熱帶，蘊含多種傳染性病原體，再加上天然災害發生頻繁，極易造成重大傳染病的流行，而日益嚴重的全球暖化問題，使地球的氣候呈現極端的氣候型態，造成各類傳染病病原日益活躍，嚴重威脅人類的健康。

雖然醫學與公共衛生水準日益提升，但人類仍然無法完全預知，甚至完全預防傳染病的來襲，以致於無可避免地，必須為此付出龐大的社會成本，甚至寶貴的生命代價。如國內幾乎每年都會發生的腸病毒疫情，由於無法預測病毒型別流行週期，難以及早確切掌握疫情趨勢與流行幅度，而在南臺灣，也因為鄰近東南亞國家登革熱疫情環伺，以及在地環境條件適合病媒蚊活動，使得登革熱，甚至登革出血熱疫情，隨時可能一觸即發。此外，近年來接踵而至的禽流感、瘧疾、肺結核、愛滋病、庫賈氏症、西尼羅腦炎等傳染性疾病，都為全球帶來了不可估計之巨大衝擊，也直接且深刻喚醒了大眾對新興及再浮現傳染病的認知與警覺。

有鑑於此，全球流行病學家與統計學家，莫不致力於在現有的監視系統之外，進一步開發完整的偵測系統與資料收集系統，並透過建立數學模式，將傳染病的傳染動力學以量化方式處理，以便實際應用於傳染病流行趨勢與防治成本效益評估，協助傳染病防治政策的建立、評估與修正。

開辦本研習課程的英國倫敦帝國理工學院，成立於 1907 年，曾是隸屬於倫敦大學的一個加盟學院，甫於 2007 年 7 月正式脫離倫敦大學成為一所獨立大學，該校專精於科學技術和醫學，研究水平名列英國國內大學三甲之列，在全球大學排名第五。負責課程設計的傳染病流行病學研究所，長年投入大量的研究人力，致力於計量流行病學(Quantitative Epidemiology)、分子流行病學(Molecular epidemiology)以及田野流行病學(Field epidemiology)等領域，堪稱全球陣容最完整之流行病學研究團隊，本研習課程源自 1988 年，由該校現任副校長 Roy Anderson 帶領的研究團隊主導策劃，在 2003 年，再精簡課程內容，並更切合現

實發展與趨勢，數年來，全球相關領域人員參與踴躍，以本年為例，計有來自六大洲，23 國，共 52 名學員參加，包含亞太地區的臺灣（2 人）、中國大陸（含香港，2 人）、泰國（1 人）、馬來西亞（1 人）、越南（1 人）、澳大利亞（3 人）等國，亦有 10 人參與。課程內容多元，除各項基本理論的講授外，同時安排實務操作，將學理與應用合而為一，加強學習效果，而課餘的交流活動，也提供交換傳染病監視防治心得的機會，建立合作關係的空間。

參、目的

- 一、研習「傳染病數學模式基本概念」。
- 二、研習「建立理想熱帶醫學相關傳染病數學模式之方法」。
- 三、透過互動方式，建立數學模式之資訊工具基本操作概念。
- 四、研習如何運用數學模式，評估熱帶醫學相關之傳染病疫情趨勢，疫情可能造成的衝擊，以及防治效益。
- 五、透過以上課程學習，進而藉由數學模式評估疫病傳播趨勢，提供疫情發生時之因應作為規劃，以及作為研擬熱帶醫學相關之傳染病防治策略之參考。

肆、過程

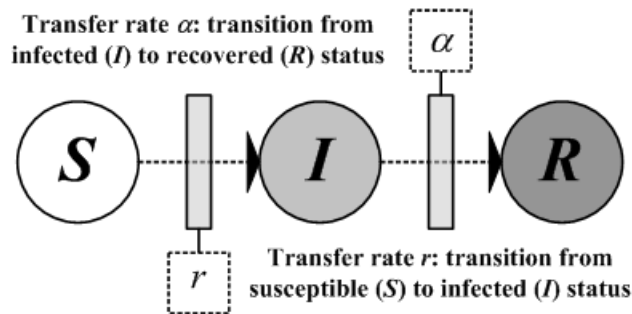
日期	地點	行程內容
97年8月30日	抵達倫敦	啓程
97年8月31日	倫敦帝國理工學院	基本數理與資訊課程
97年9月1日 至 97年9月12日	倫敦帝國理工學院	正式課程 (課程表如附件一)
97年9月13日	返抵臺灣	返程

本次研習課程內容主要分為兩大類，分別為基本理論講授，以及實務操作，兩類課程穿插進行，茲摘錄簡介如下：

一、基本理論講授：含「統計學與數學模式分析概念」、「運用數理模式，對於英國本土重要傳染病(病媒傳染病、飛沫傳染病、性與接觸傳染病、寄生蟲病、人畜共通傳染病等)進行傳染模式與控制成效分析」、「有效再生數(effective reproductive number, R_0)的運用(預防接種規劃與效益評估)」、「運用數學模式於生物戰劑與新興傳染病之研究」、「跨領域整合的傳染流行病學」、「計量傳染流行病學及其在防疫與衛生政策之運用」、「傳染流行病學新知」等。

(一)傳染病數理模式概論：在人類歷史上，流行性傳染病曾多次帶來巨大的威脅，因此對流行性傳染病的傳播動態描述與預測相關的研究議題，長久以來一直受到重視，以針對具有威脅性的流行性傳染病做出其傳播動態的預測與推估，並提出因應之道。在早期，最常被使用的研究方法是統計分析，從1840年開始，有數學家開始嘗試運用簡單的數學模型來推估流行性傳染病的傳播動態，並進行預測，直到1940年代之後，以微分方程為主的數學模型，就是利用微分方程式來建模與模擬的方法，才開始受到重視，並逐漸成為流行病學領域的主流模

型。目前最廣為運用的方法由 Kermack 與 McKendrick 在 1927 年發展的 SIR 模型（下圖），是一個典型的微分方程式系統，將整個社會的所有個體分成三個的子族群，並訂定一套微分方程式來追蹤子族群間個體移動的動態過程：



SIR 流行病學模型

- 1.S (susceptible) 代表易受感染的族群，表示族群中的個體容易受感染，但尚未患病；
- 2.I (infected) 代表有傳染性的族群，指族群中的個體不僅本身已感染疾病，而且會傳染給其它的易受感染者；
- 3.R (recovery) 表示離去的族群，也就是族群中的個體已痊癒或不再有傳染能力（或已經死亡）。
- 4.以 SIR 模型為基礎，可依不同疾病的特性，延伸成為更複雜的模型，如 SEIR (Exposed)，加入病原潛伏期間的傳播動態，使模式更切合於結核病等潛伏期較長之慢性傳染病，也有的傳染病為 SIRS 或 SEIRS 等更複雜的模式。
- 5.典型的 SIR 或 SEIR 等模型，缺乏人口結構與其它重要的社會特質，如空間性、異質性、局部性、互動性等，也無法深入探討公衛政策、防疫策略等議題。

(二) 運用數理模式，對於英國本土重要傳染病進行傳染模式與控制成效分析：

1.庫賈氏症（CJD）與狂牛病（BSE）：

截至2005年底，英國境內畜牧牛隻感染「牛海綿狀腦病」(BSE)的案例已超過17萬例。為釐清該病是否可透過食用受感染的牛肉製品而傳染給人，故學術界針對該病及CJD的大規模流行病學及實驗室進行許多相關研究。1996年，一種稱為「新類型庫賈氏病」(variant CJD, v-CJD)在英國發生。此病好發於較為年輕的族群（平均死亡年齡為29歲），且其在臨床上的病程較長（v-CJD平均14個月；傳統CJD則平均7個月）。近年來，人與人之間的傳播也引起關注，因為曾有一名受血者在輸血後6年半發生v-CJD，而捐血者在輸血後3年半發病。

由於庫賈氏症患者極少、潛伏期範圍極大、以及族群中的異質性，在在阻礙了研究的統計工作。研究人員經過努力，建立以下之數學模式：

$$c(u, a) = N(a)S(u, a) \int_{u-a}^u f(u-t, a-u+t) I(t, a-u+t) e^{-\int_0^t I(t', a-u+t') dt'}$$

估計vCJD潛伏期約在10到20年間，最高發生率年齡層在10到30歲之間，盛行率約在百萬分之237。

2.蟲媒與寄生蟲傳染病：

蟲媒傳染病的主要傳播媒介有兩種：機械式傳播（未在蟲媒身上進行生命循環，也沒有增殖）與生物性傳播（在蟲媒體內繁殖、體內繁殖且發育、體內發育未繁殖等）。而傳播途徑區分為：水平傳播（經由蟲媒在宿主間傳播）與垂直傳播（在蟲媒體內又可傳給其子代），生活型態極為多樣化。加上複雜的生物因子，如吸血與休息的習性、叮咬型態、叮咬頻率、蟲媒每日存活率、吸食宿主（人或動物）的血液次數、宿主防禦行為與免疫機制等。

目前已有許多運用數學模式進行流行病學的研究，但是尚未普

遍被研究登革熱的流行病學家所運用。其中原因之一，可歸因於在文獻上所發表都是困難和複雜數學方程式。

由於登革出血熱的致病機轉和登革熱病媒蚊之生態特性尚未完全清楚，爲了未來更進一步的研究方向，登革熱專家和理論流行病學家之間的合作是非常重要的。目前已發表的有關登革熱數理模式的文獻中，大部分使用不同的方法和假說，有的學者是利用昆蟲學（entomological）的資料和假說，將數理模式的相關參數量化；部分的研究是以生態學（ecological）爲研究目的，儘管目的不同，這些研究均分享研究族群動力學的方法。

登革熱數理模式的理論，是源自於瘧疾的研究，因爲對於瘧疾的研究已經非常透徹。在登革熱數學模式的方程式中，通常包含下列參數：人死亡率、蚊子的死亡率、人的痊癒率（recovery rate）、蚊子叮咬率（平均每一隻蚊子每一天的叮咬次數）、可供蚊子吸血的宿主數量、病媒新增的數量、病毒從病媒傳播給人的機率、病毒從人傳播給病媒的機率。數學模式的方程式看起來是非常複雜，但是基本的理論可用分室（compartments）的模型簡單的呈現出來。

如果登革病毒維持傳播， R_0 可稱爲threshold parameter， R_0 概括了傳播的可能性，最常用來定量疫情的嚴重程度。利用數學的方法討論 R_0 ，可探討登革熱流行的閾值，並經由分析的過程，了解區域或全球疫情的趨勢。更進一步的運用，可以檢視當疫情發生時，各種防疫措施（例如：病媒防治）的影響。 R_0 的估算取決於蟲媒族群生態學的特徵，在流行（endemic）地區訂定vaccination策略時，登革熱的 R_0 假設爲10。

由於在數學模式和田野研究之間的知識和觀點仍有一些差異，尙缺少有關登革熱之概括性的理論架構，要闡明登革熱數學模

式，必須要有流行病學和昆蟲學的資料做基礎，要用來作為評估登革熱防治的工具，尚必須由各方面領域的學者共同合作。

3.結核病與愛滋病（HIV 感染）：

結核病是當今全球兒童的主要死因，每年約有10餘萬名兒童死於該病，同時也是造成中壯年人口死亡的頭號殺手，尤其在愛滋病問題日益嚴重，與抗藥性結核菌株的出現，使得結核病防治益形困難。如果無法更有效地控制結核病，依據專家的估計，再過20年，全球將有近十億人口遭到感染，其中兩億人口發病，七千萬人死亡，不可不重視並加強結核病的防治。

在考量可能的致病模式，並加入未完成治療、二次感染與卡介苗的影響後，估計其 R_0 與 R_t 分別為：

$$R_t = D \cdot C \cdot \beta \quad R_0 = R_t \cdot x$$

D：平均可傳染期 C：性接觸發生率

β ：經由性接觸而傳染的可能性

x：扣除接種卡介苗後的可感受性宿主比例

由上面公式可以定義「預防接種閥值， P_c 」，求得當預防接種率高於 $P_c = 1 - (1 / R_0)$ 時，若疫苗為百分之百有效，則疫情可以控制。

當 $R_t = D \cdot N \cdot \beta$ ，維持結核桿菌在族群中流行的臨界族群數為： $N_t = 1 / (D \cdot \beta)$ 。

D：平均可感染期 N：宿主族群數

β ：經由性接觸而傳染的可能性

x：扣除接種卡介苗後的可感受性宿主比例

(三) 有效再生數 (effective reproductive number, R_0) 的運用：有效再生數 R_0 ，對於流行病學是一個具有重要參考價值的門檻指標參數， R_0 表

示每一個傳染病患者在康復或死亡前傳染的平均人數。

1. 當 R_0 大於 1 時，傳染病患者的數目持續地增加，傳染速度亦會因為新感染源的加入而大幅增快，最終爆發大流行。
2. 當 R_0 等於 1 時，表示傳染病的擴散趨勢呈現穩定狀態，亦即每一個傳染病患者正好將致病原平均傳染給一個健康的人。
3. 當 R_0 小於 1 時，表示每一個傳染病患者不見得有機會傳染給另一個健康的人，即傳染病患者康復的速度將快於增加的速度，因而患者的數目持續減少，終至消聲匿跡。
4. 如果要避免傳染病爆發大流行，須將 R_0 控制在門檻值 1 以下，即為有效遏止疫情。
5. 運用有效再生數概念，可推估疫苗接種有效預防疾病傳播之涵蓋率—「預防接種閥值 P_c 」。當預防接種涵蓋率高於 $P_c = 1 - (1/R_0)$ 時，若疫苗為百分之百有效，則疫情可以控制。如傳染力強的麻疹，其 R_0 高達 12 到 18，以前述公式推估麻疹相關疫苗之預防接種涵蓋率需達 92%-94% 以上，群體免疫才算足夠。

(四) 數學模式於生物戰劑與新興傳染病之運用：

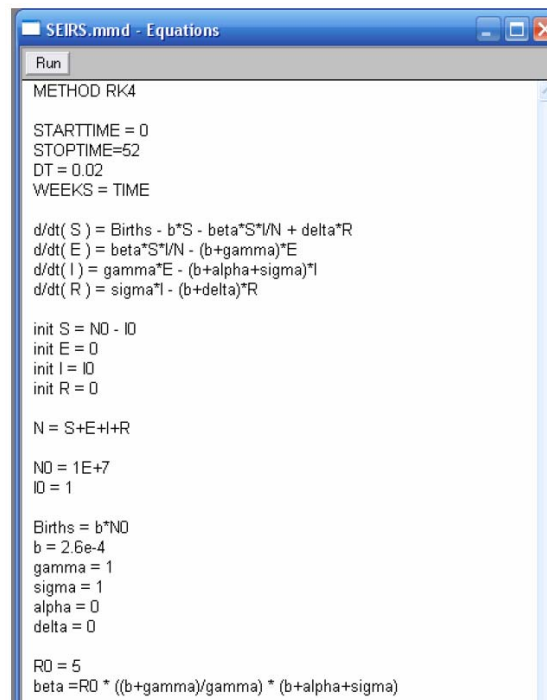
以新型流感為例，現行疫苗之研發與製造需耗時數個月，對於防止全球性流行可說是緩不濟急，藉由數學模式分析發現，當在受感染個案具有傳染力前，視需要對其與其接觸者進行嚴密的隔離或檢疫，有助於降低疾病的傳播，若能減少一半受感染個案，將可以大幅降低死亡率。研究也發現，空間因子中的人口密度、通勤與國際交流都是影響生物戰劑或新興傳染病傳播的重要因子。以上研究可印證，運用數學模式可評估一旦發生生物戰劑攻擊或新興傳染病發生時的傳染模式，有利於及早採取防疫措施，及早有效控制疫情。

二、實務操作：

(一) Berkeley Madonna 軟體簡介與操作：

該軟體是目前最快、最方便的微分方程式求解工具，價格相對便宜，可在Windows系統執行，廣泛運用於學術和商業機構做為建立數學模型的研究和教學的工具。

首先進行動態方程式與參數設定：



```
SEIRS.mmd - Equations
Run
METHOD RK4
STARTTIME = 0
STOPTIME=52
DT = 0.02
WEEKS = TIME

d/dt( S ) = Births - b*S - beta*S*I/N + delta*R
d/dt( E ) = beta*S*I/N - (b+gamma)*E
d/dt( I ) = gamma*E - (b+alpha+sigma)*I
d/dt( R ) = sigma*I - (b+delta)*R

init S = NO - ID
init E = 0
init I = ID
init R = 0

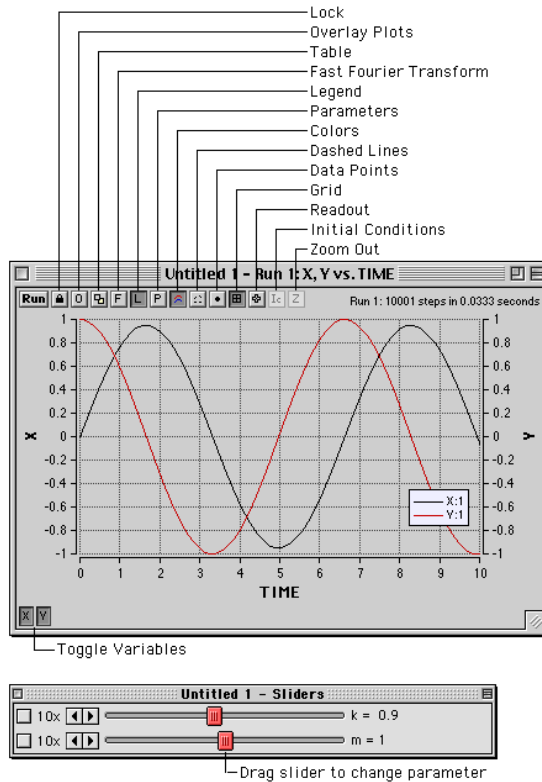
N = S+E+I+R

NO = 1E+7
ID = 1

Births = b*NO
b = 2.6e-4
gamma = 1
sigma = 1
alpha = 0
delta = 0

RO = 5
beta = RO * ((b+gamma)/gamma) * (b+alpha+sigma)
```

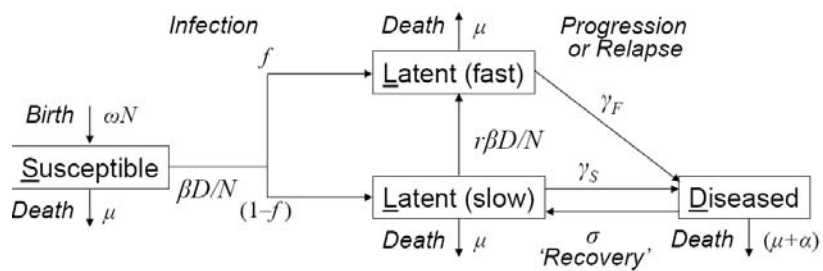
設定完成後，按Run，系統立即計算產生各微分方程式的結果，並畫出以下型式的模式圖：



藉由調整參數大小，還可觀察圖型的變化。

(二) 建立結核病基本動態數理方程式：

1. 依據結核病的疾病特性，先架構傳播流程圖如下：



The rate of exogenous reinfection is $r\beta D/N$
 where r is the relative susceptibility of *Latent(slow)* individuals, compared with *Susceptible* individuals.

If $r > 1$ then *Latent(slow)* individuals are more susceptible,
 if $r = 1$ then *Latent(slow)* individuals are equally susceptible,
 if $r < 1$ then *Latent(slow)* individuals are less susceptible.

(Example r value 0.35)

各項參數意義如下：

'Background' death rate (per-capita): μ (1/60 years = 0.0167 p.a.)

Additional death rate due to disease (per-capita): α (0.25 p.a.)

Birth rate (per-capita): ω (to balance background death rate, 0.0167 p.a.)

Infection rate (per capita): *actually a variable, since depends on the number who are infectious at each moment, but includes transmission coefficient parameter* : β

Progression or relapse rate (per-capita): γ (0.12 p.a.)

Recovery rate (per-capita): σ (0.2 p.a.)

2.即可列出流程中各項動態變化之方程式：

$$dS/dt = \omega N - \mu S - \beta SD/N$$

$$dL_F/dt = \beta S(D/N)f + r\beta L_S(D/N) - \mu L_F - \gamma_F L_F$$

$$dL_S/dt = \beta S(D/N)(1-f) - r\beta L_S(D/N) - \mu L_S - \gamma_S L_S + \sigma D$$

$$dD/dt = \gamma_F L_F + \gamma_S L_S - (\mu + \alpha)D - \sigma D$$

伍、心得及建議

職等這次非常榮幸能夠參與這項研討課程，學習傳染病數學模式、防治策略與風險評估的方法，在現有業務的領域之外，接觸另一種截然不同面向的新知識，同時與來自世界各國，各個領域的傳染病防治相關工作者，共同學習傳染病的數學模式，運用於個人專業領域。

這次的研習課程，內容兼顧理論與實務，除了課堂基本理論的講授，還安排了總時數近三天的實例研究（Projects）課程，間接評估學習成效，分組學員必須合作，從基本資料庫開始，腦力激盪，運用日前課堂所學，透過講師引導及助教於技術上的從旁協助，抽絲剝繭，找出對於衛生政策或防疫措施可能隱含的意義與訊息。隨後各組推派代表發表結論，令人驚喜的是，相同資料庫在不同的思考邏輯與觀點下，往往會有許多意想不到的詮釋。可見傳染病的研究工作，實不應有過度領域之分、甚或派系之別，否則劃地自限的結果，將缺乏創新思維，縱然個別研究能力已具水準，但在研究領域受到侷限下，各項研究成果無法集大成，勢必影響國內整體研究水準，削弱爭取國際領先優勢的競爭力。

這次研習課程中，學員們充分體會了傳染病數理模式的廣泛用途，在防治政策推行過程，或緊急疫情防治措施，可用以隨時評估其是否有效，傳染模式是否因此改變，可感受性宿主佔所有族群的比例，進而分析防治措施之成本效益與風險，對於修正策略，管控防疫成本，都有一定程度的助益。不過任何再精密的數理模式，也無法百分之百預測實際傳染病傳播動態，所以研究人員仍在不斷地努力，設法建立更理想的數理模式。故在進行傳染病防治實務時，不宜單以數理模式分析之結果為依歸，仍須合理權衡社會現況與防治量能，才能達到制敵機先，以及資源有效運用的目標。而本次課程內容主要仍以英國本土重要傳染病為重點，對於我國所處之西太平洋區重要傳染病如登革熱、腸病毒等，則因非屬該團隊研究重點而未有著墨，在課程尾聲時，有學員反映此一問題，也獲得主辦單位的正面回應，未來課程將提高其他傳染病的比重，以更滿足各國學員的需求。

主辦本次研習課程的倫敦帝國理工學院，透過辦理各種進修、研討課程，多年的辛勤耕耘，於國際間打響名聲，學院年收入達 1,200 萬英鎊（約台幣 6.5 億），不止足以支應學院開支，同時也有盈餘擴大研究領域，研究陣容與實力堪稱全球數一數二。透過辦理各類互動式訓練課程，也接收各領域、各種族的不同思維，建立了許多的國際合作管道，而我國數十年來致力於防疫工作，無論在熱帶醫學相關傳染病的偵測、防疫，以及醫療等專業，皆有許多寶貴的經驗與成就，足以成爲其他國家師法的對象。爲達成經驗交流，獲取國際認同，近年來，當鄰近的國家發生重大災難或疫情時，例如 2003 年南亞海嘯、2007 年巴拉圭登革熱疫情等，我國均主動派遣防疫人員前往協助災後或緊急防疫工作，除了善盡國際社會責任，增進國際邦誼，也能夠從中學習，更強化我國的防疫經驗，落實防疫外交，提升我國防疫能力與成就在世界上的能見度。

陸、附件

《 附件一 研習課程表 》

Types : (J)ournal club; (K)eynote lecture; (L)ecture; (P)ractical / (P)roject; (Q)uestion & answer session;
(S)ocial

Monday 1st September

Start	Duration	Type	Session
900	20	-	Registration, coffee
920	15	-	Introduction to course & department
935	15	-	Introductions of staff and participants (I)
950	60	K	Infectious diseases and mathematical models
1050	15	-	Introductions of staff and participants (II)
1130	60	L	Introduction to designing infectious-disease models (I)
1230	15	-	Introductions of staff and participants (III)
1355	60	L	Introduction to designing infectious-disease models (II)
1515	150	P	Designing a model of TB
1745	180	S	Reception

Tuesday 2nd September

Start	Duration	Type	Session
900	150	P	Introducing Berkeley Madonna as a tool for modelling & The SIR model and R_0
1150	50	K	BSE and vCJD: Mad cows and Englishmen
1340	60	L	R_0 for compartmental models with homogeneous mixing
1440	30	L	R_0 from transmission graphs
1540	60	L	The herd effect in infectious disease epidemiology
1700	60	L	Interactions between infectious diseases

Wednesday 3rd September

Start	Duration	Type	Session
900	40	L	R_0 from first principles: HIV as an example
950	60	K	Planning mass vaccination campaigns
1110	75	P	Estimating key parameters from an outbreak of influenza (I)
1325	60	P	Estimating key parameters from an outbreak of influenza (II)
1445	60	K	Vector-borne diseases: a multi-species ecosystem
1555	60	K	Vector-borne diseases: mathematical models
1715	45	K	HIV, UNAIDS and models for a global pandemic

Thursday 4th September

Start	Duration	Type	Session
900	60	L	Overview of different types of models
1010	60	J	Journal club (group discussion of a paper)
1130	60	Q	Question & answer session
1330	45	L	Compartmental models with heterogeneous mixing
1425	150	P	Exploring heterogeneous behaviour in a model of STDs
1715	45	K	Modelling vaccination for STIs

Friday 5th September

Start	Duration	Type	Session
900	60	L	Introduction to stochasticity
1020	60	K	Health economics of infectious-disease control
1140	60	K	Hospital-acquired infections: where stochasticity rules
1340	165	P	A stochastic model of nosocomial MRSA
1645	60	K	Mathematical models and infectious diseases: successes of the past and challenges for the future

Monday 8th September

Start	Duration	Type	Session
900	40	Q	Round-up of week 1
940	60	K	Space, networks and social context in individual-based models
1055	60	K	Foot-and-mouth disease: models and policy
1205	60	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (I)
1335	45	K	SCI & Control of Neglected Tropical Diseases
1420	80	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (II)
1600	80	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (III)

Tuesday 9th September

Start	Duration	Type	Session
900	105	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (IV)
1105	105	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (V)
1320	45	L	Using models in planning clinical trials
1405	105	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (VI)
1610	60	P	Project 1 - SARS or Vector-borne diseases (VII)
1720	45	L	From outbreaks to emerging infections

Wednesday 10th September

Start	Duration	Type	Session
900	60	K	Bovine TB: science, policy and dogma
1010	45	L	Estimating parameters from data
1115	45	L	Comparing models to data: the iterative process of model acceptance, rejection and refinement
1230	45	K	Monitoring and evaluation in mass-chemotherapy control programmes
1315	135	P	Project 2 - HIV or Avian influenza (I)
1600	120	P	Project 2 - HIV or Avian influenza (II)

Thursday 11th September

Start	Duration	Type	Session
900	60	K	Interventions against HIV
1000	180	P	Project 2 - HIV or Avian influenza (III)
1330	45	K	Macroparasites: the causes and effects of parasite aggregation
1415	65	P	Project 2 - HIV or Avian influenza (IV)
1530	60	J	Journal club (group discussion of a paper)
1700	60	K	Seasonality of infectious diseases

Friday 12th September

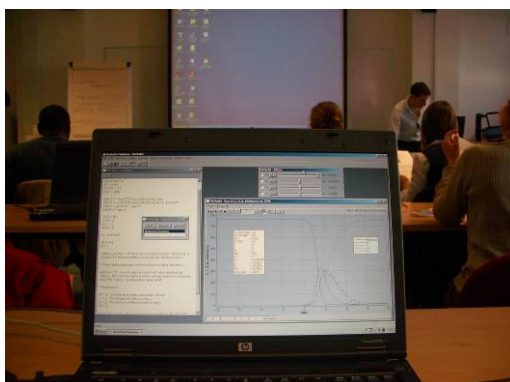
Start	Duration	Type	Session
900	60	K	Pandemic influenza planning
1020	90	P	Project 2 - HIV or Avian influenza (V)
1310	60	K	Bacterial genetics, epidemiology and evolution
1410	60	K	Preparing for future infectious disease threats
1510	20	-	Closing words & feedback

《 附件二 課程活動剪影 》

一、倫敦帝國理工學院 St. Mary 校區



二、上課情形



三、Fleming Museum 參觀行程

