

口蹄疫流行の数理モデルに関する研究

東京理科大学
工学部
経営工学科
板倉豊

-発表内容-

1. 研究背景
2. 研究目的
3. 数理モデル
4. 結果
5. 考察・まとめ
6. 参考文献
7. Appendix

はじめに

▶ 流行とは

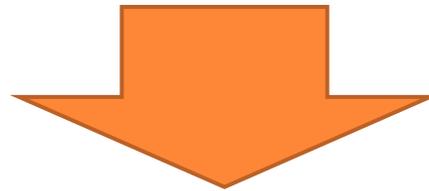
- ▶ ある時点で、衣服、化粧、思想、病気などの様式が広く伝播、普及すること. [1]
- ▶ 特に感染症に関しては・・・
 - ▶ 特定の集団や地域で比較的限定された期間内に通常期待される頻度を超えて同一疾患が多発すること. [2]

口蹄疫とは

- ▶ 偶蹄類の動物に感染し、ウイルスの伝播力が非常に強い.
- ▶ 子牛や子豚では死亡することもあるが、成長した家畜では死亡率が数%程度と言われている.
- ▶ 感染した場合は治療は行わず、殺処分する.
- ▶ 殺処分は感染した動物だけでなく、ともに飼育されていた偶蹄類の動物に対しても行われる. [3]

口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針

口蹄疫は「極めて伝染力が強く、また、発病に伴う発育障害、運動障害及び泌乳障害により、莫大な経済的被害が生じるほか、国あるいは地域ごとに家畜、畜産物等に厳しい移動制限が課され、国際流通にも大きな影響を及ぼす」
[4]



家畜伝染病予防法により、家畜の伝染性疾病（伝染病）の発生の予防や蔓延の防止をする必要がある。

2010年における口蹄疫の被害状況

- ▶ 2010年4～7月，宮崎県南部で牛，水牛，豚，羊，山羊の口蹄疫が発生した.
- ▶ 2010年8月27日に「口蹄疫」終息宣言が発表され，現在は鎮静化している.
- ▶ 殺処分頭数は288,643頭，畜産関連の損失は1,400億円，関連損失を950億円とされている. [5]

経済的損失が大きいと言える.

研究目的

- ▶ 口蹄疫は畜産を主とし、様々なことに大きな影響を与える。



- ▶ 数理モデルを用いることで、口蹄疫の流行を拡大しないようにするにはどのようなことが有効かを考える。

口蹄疫の伝播状況を数理モデル化

- 既存の数理モデルの改良, 新たな数理モデルの作成

感染症の数理モデル

▶ SIRモデル

- ▶ 1927年にKermack and McKendrickが提唱した基本的な感染症の数理モデル. [6]

▶ SEIRモデル

- ▶ SIRモデルを拡張した感染症の数理モデルで, SIRモデルのIの状態をEとIの2つに分けたもの.

- ▶ S(Susceptible):感染する可能性があるものの数.
- ▶ E(Exposed):感染しているが, 感染させる能力がないものの数.
- ▶ I(Infectious):感染していて, かつ, 感染させる能力があるものの数.
- ▶ R(Recovered):感染後に回復して免疫を獲得したもの, 死亡したもの, 隔離されたものの数.

SIRモデル

各区画間の時間当たりの変化

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (2)$$

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

- ▶ β : 伝達係数
- ▶ $\beta I(t)$: 時間 t における感染力
- ▶ γ : 回復率や隔離率や死亡率
- ▶ γ^{-1} : 感染性期間(症候性期間)の平均値

SEIRモデル

各区画間の時間当たりの変化

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \quad (4)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \varepsilon E(t) \quad (5)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \varepsilon E(t) - \gamma I(t) \quad (6)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (7)$$

- ▶ β : 伝達係数
- ▶ $\beta I(t)$: 時間 t における感染力
- ▶ ε : 感染後に感染性を得る率
- ▶ ε^{-1} : 感染待ち期間(潜伏期間)の平均値
- ▶ γ : 回復率や隔離率や死亡率
- ▶ γ^{-1} : 感染性期間(症候性期間)の平均値

パラメータの定義

症状が現れる期間と感染させる能力を持っている期間は厳密には異なるが、感染性について判断することは難しいため、感染待ち期間を潜伏期間、感染性期間を症候性期間とする。

- ▶ 潜伏期間
 - ▶ 感染してから症状が現れるまでの期間
- ▶ 症候性期間
 - ▶ 症状が現れている期間
- ▶ 感染待ち期間
 - ▶ 感染してから感染させる能力を得るまでの期間
- ▶ 感染性期間
 - ▶ 感染させる能力を持っている期間

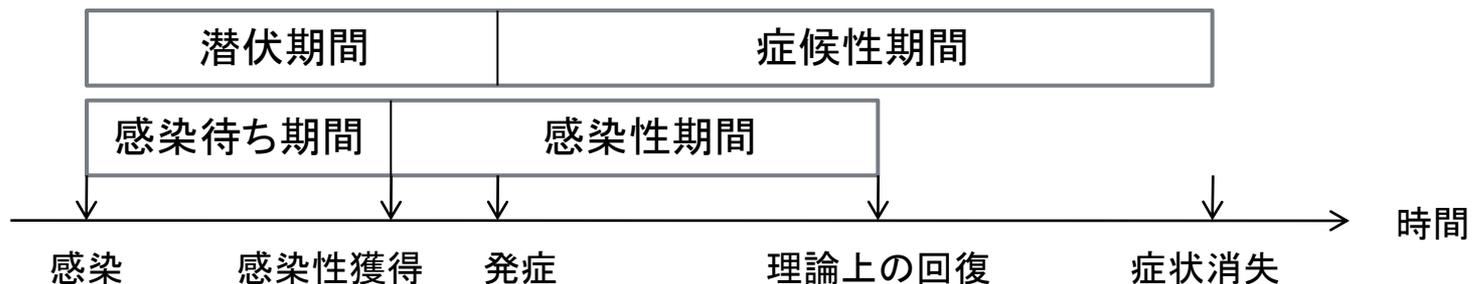


図1. 症状と感染性を根拠にしたパラメータの定義[6]

基本再生産数

- ▶ 基本再生産数(R_0)とは
 - ▶ 全感染期間において1人の感染者が生み出す2次感染者数の期待値.
 - ▶ $R_0 > 1$ の時, 流行し, $R_0 < 1$ の時, 流行はしない.

(2)式より, 時刻 $t = 0$ の時, 感染者の動態は次式のように表わされる.

$$\frac{dI(t)}{dt} = \{\beta S(0) - \gamma\}I(t) \quad (8)$$

$$\Rightarrow I(t) = e^{\{\beta S(0) - \gamma\}t} I(0) \quad (9)$$

(9)式より, 流行が発生する条件は次式となる.

$$\beta S(0) - \gamma > 0 \quad (10)$$

$$\Rightarrow \frac{\beta S(0)}{\gamma} > 1 \quad (11)$$

よって, 基本再生産数は次式のように表わされる.

$$R_0 = \frac{\beta S(0)}{\gamma} \quad (12)$$

提案モデル

口蹄疫は牛や豚など複数の動物に感染する。
⇒動物によって潜伏期間などが異なる。



SIRモデル, SEIRモデルは単一の動物の
感染状況しか表現できない。



新しい感染の数理モデルの提案

提案モデル

- ▶ 基本はSEIRモデル.
- ▶ 牛, 豚以外に殺処分された動物は数頭のみ.
 - ▶ ⇒対象は牛と豚.
- ▶ 口蹄疫は治療せずに殺処分を行うので, 感染期間は感染が判明してから殺処分されるまでの期間とする.
 - ▶ ⇒牛と豚の間に差がないとみなすため, 分けずに考える.

表1. 口蹄疫により殺処分された動物とその頭数[7]

動物	頭数(頭)
牛	37,454
豚	174,132
山羊	14
羊	8



SとEの段階は2つに分け, IとRの段階は1つでまとめて考える.

提案モデル

$$\frac{dS_1(t)}{dt} = -\beta S_1(t)I(t) \quad (13)$$

$$\frac{dS_2(t)}{dt} = -\beta S_2(t)I(t) \quad (14)$$

$$\frac{dE_1(t)}{dt} = \beta S_1(t)I(t) - \varepsilon_1 E_1(t) \quad (15)$$

$$\frac{dE_2(t)}{dt} = \beta S_2(t)I(t) - \varepsilon_2 E_2(t) \quad (16)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \varepsilon_1 E_1(t) + \varepsilon_2 E_2(t) - \gamma I(t) \quad (17)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (18)$$

※添え字の1と2をそれぞれ牛と豚とする

地域の設定

- ▶ 口蹄疫発生の全292例のうち197例が宮崎県児湯郡川南町で発生しているため、それを対象とする。 [7]
- ▶ 1頭でも口蹄疫の感染が確認された場合、牛舎や豚舎内のすべての対象動物が殺処分されるため、単位を頭数ではなく、畜産農家戸数とする。
 - ▶ 川南町の畜産農家戸数[8]
 - ▶ 牛に関する畜産農家297戸(酪農23戸, 和牛繁殖251戸, 肥育牛23戸)
 - ▶ 豚に関する畜産農家83戸(養豚83戸)

値の設定

- 初めて口蹄疫が判明したのが牛に関する畜産農家なので, $S_1(0) = 296$, $S_2(0) = 83$, $E_1(0) = E_2(0) = 0$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$
- 口蹄疫の平均潜伏期間は牛6.2日, 豚10.6日[9]なので, $\varepsilon_1^{-1} = 6.2$, $\varepsilon_2^{-1} = 10.6$
- 口蹄疫の判明日から殺処分されるまでの平均日数は12.09日なので, $\gamma^{-1} = 12.09$

1967年に英国で発生した口蹄疫の基本再生産数[10]

$R_0 = 38.4$ を参考にし, β の値を求める.

(12)式より,

$$38.4 = \beta \times 379 \times 12.09$$

$$\Rightarrow \beta = 0.0084$$

シミュレーションと実状の比較

- ▶ 図2はSEIRモデルのIに当たるものである。
- ▶ 図1, 2によると, 実際に発生した畜産農家数とは異なるが, シミュレーションによる増減の挙動は似たような形となった。

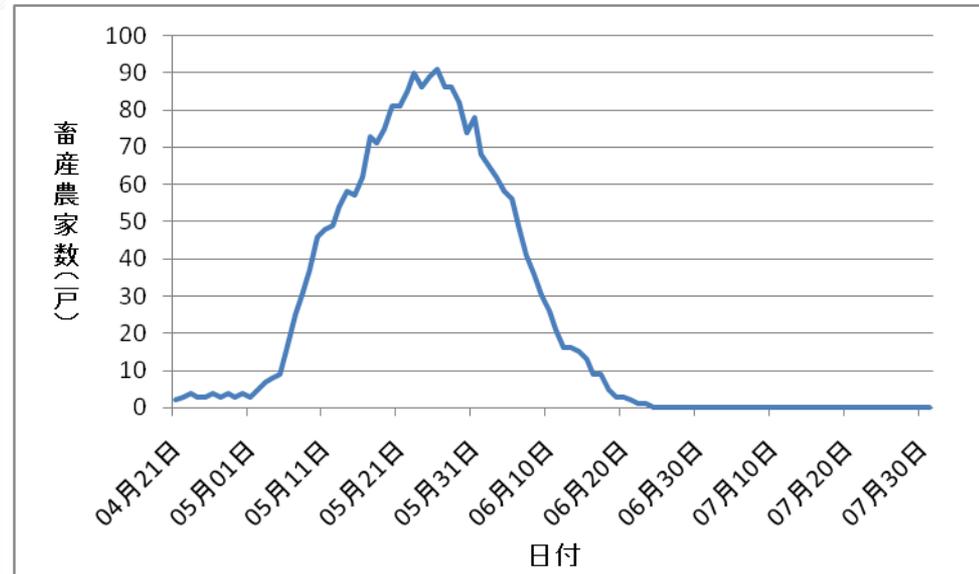
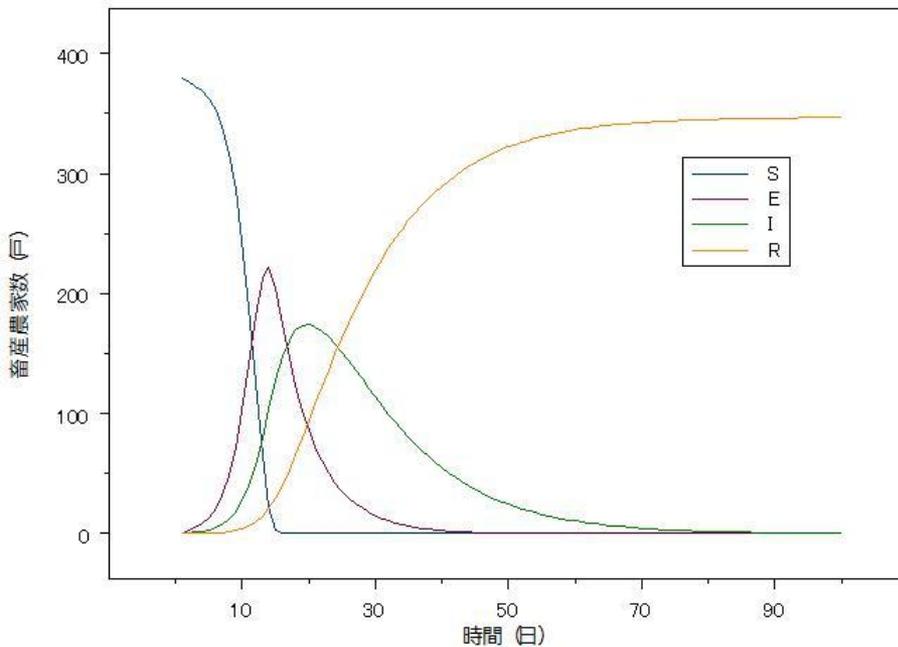


図2. 改良したSEIRモデルによるシミュレーション

図3. 感染が判明したが殺処分されていない畜産農家数

γ^{-1} を変化させたシミュレーション

- ▶ 口蹄疫の感染数は少なくすべきであることから、感染数(I)について考えた。
- ▶ 判明してから殺処分される期間(γ^{-1})を短くし、シミュレーションを行った。
- ▶ 期間を短くすると、感染する畜産農家数が少なくなった。

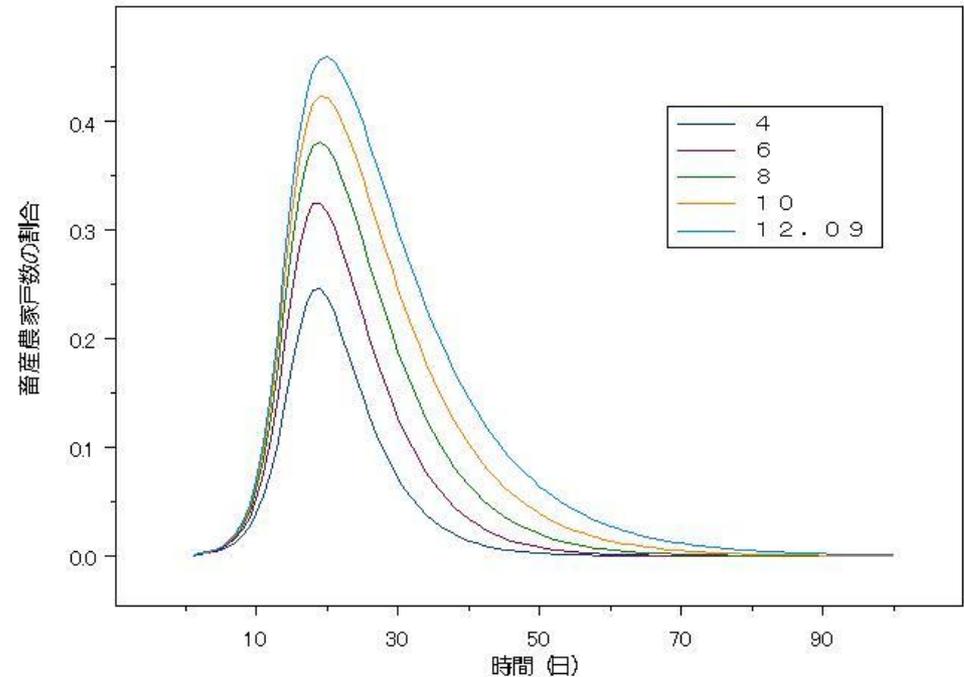


図4. γ^{-1} を変化させた時の I の変化

考察・まとめ

考察

- ▶ シミュレーション結果と実際の値が異なるのは、防疫体制や畜産動物の飼育体制による感染状況が、人間のインフルエンザなどの感染状況とは異なるからだと考えられる。
- ▶ I を小さくすることで、 γ^{-1} も小さくなるのは、感染させる能力のあるものの存在する合計時間が減り、感染させることのできる数が減るからだと考えられる。

まとめ

- ▶ SEIRモデルは単一の動物の個々の間だけでなく、改良することで複数の動物のグループ間でも利用可能であることを示唆している。

参考文献

- [1] 広辞苑 第四版, 岩波書店, 1991
- [2] 医学大事典 第18版, 南山堂, 1998
- [3] 農林水産省「口蹄疫について知りたい方へ」
(http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_fmd/syh_siritai.html)
<最終閲覧日2010/9/10>
- [4] 農林水産省「口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針」
(http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_bousi/pdf/fmdsisin.pdf)
<最終閲覧日2010/9/10>
- [5] 読売新聞「口蹄疫経済損失2350億円, 宮崎県が試算」
(<http://kyushu.yomiuri.co.jp/keizai/detail/20100811-OYS1T00153.htm>)
<最終閲覧日2010/9/10>
- [6] 西浦博・稲葉寿, 「感染症流行の予測: 感染症数理モデルにおける定量的課題 (特集 予測と発見)」, 統計数理, 54(2), 461-480, 2006

参考文献

- [7]農林水産省「口蹄疫の発生事例の防疫措置の状況」
(http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_fmd/pdf/list_0716a.pdf)
<最終閲覧日2010/9/10>
- [8]農林水産省「制限区域内の畜産農家戸数」
(<http://www.pref.miyazaki.lg.jp/parts/000139455.pdf>)<最終閲覧日2010/9/10>
- [9]村上洋介, 「口蹄疫ウイルスと口蹄疫の病性について」, 日本獣医師会雑誌,
53(5), 257-277, 2000-05
- [10]Haydon, D.T., Woolhouse, M.E.J. & Kitching, R.P. :An analysis of foot-and-mouth-disease epidemics in the UK. IMA J. Mathematics Appl. Med. Biol 14, 1-9, 1997.
- [11]農林水産省「口蹄疫の発生状況について」
(http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_fmd/pdf/map0727b.pdf)
<最終閲覧日2010/9/10>

Appendix

殺処分に関して

- ▶ 川南町における殺処分頭数は牛10,170頭，豚144,269頭，山羊7頭.

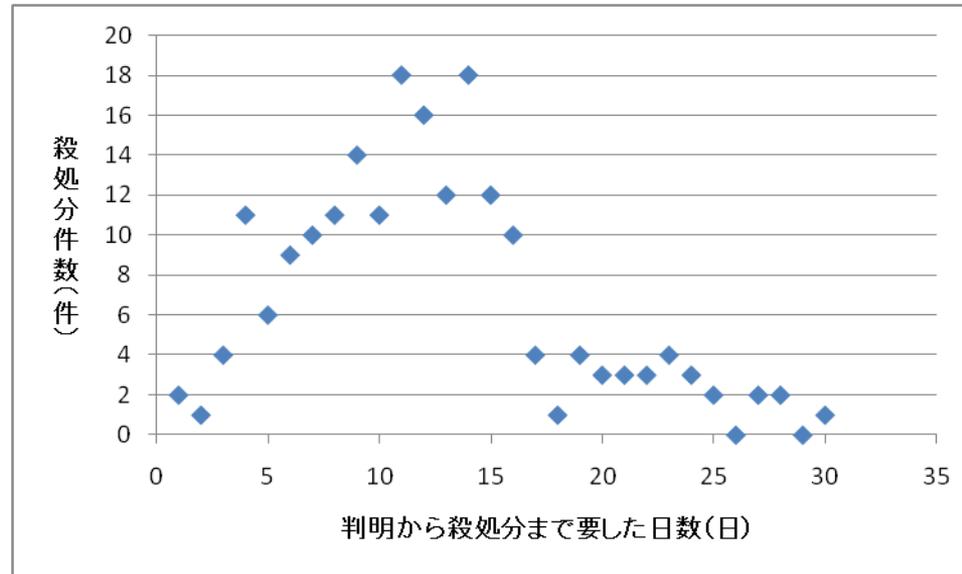


図5. 判明から殺処分まで要した日数とその件数

地理情報

- ▶ 黒色の円状の線は移動制限区域(半径10km以内)と搬出制限区域(半径10km以上20km以下)を表わしている。
- ▶ 赤色の円状の線はワクチン接種地域を表わしている。
- ▶ 全292例のうち川南町を中心とした279例ワクチンが接種された。



図6. 口蹄疫の発生場所[11]

S言語による改良したSEIRモデルのプログラム

```
n=380 #畜産農家の全体数
I0=1 #初期感染者数
days=100 #シミュレーションの期間(日数)
beta=0.008382988 #伝達係数
epsilon1=1/6.2 #牛の潜伏期間の逆数
epsilon2=1/10.3 #豚の潜伏期間の逆数
gamma=1/12.08629442 #感染の判明から殺処分されるまでの期間の逆数
```

```
date=1 #日にち初期値
S=n-I0 #Sの初期値
I=I0 #Iの初期値
E=0 #Eの初期値
R=0 #Rの初期値
```

```
S1=296 #牛のSの初期値
S2=83 #豚のSの初期値
```

```
E1=0 #牛のEの初期値
E2=0 #豚のEの初期値
```

```
S1I=S1*I
S2I=S2*I
```

```
matrixSEIR=matrix(1:(days*5),nrow=100)
SEIR=c(date,S,E,I,R)
matrixSEIR[,1]=SEIR
for(i in 1:(days-1)){
  date=i+1 #日にちの更新
  R=R+gamma*I #(18)式
  I=I+(epsilon1*E1+epsilon2*E2)-gamma*I #(17)式
  E1=E1+beta*S1I-epsilon1*E1 #(15)式
  E2=E2+beta*S2I-epsilon1*E2 #(16)式
  E=E1+E2
  S1=S1-beta*S1I #(13)式
  S2=S2-beta*S2I #(14)式
  S=S1+S2
  S1I=S1*I
  S2I=S2*I
  SEIR=c(date,S,E,I,R)
  matrixSEIR[i+1,]=SEIR
}
```