

口蹄疫伝染パターンと変形SIRモデル

松島, 弘典
同志社大学大学院工学研究科数理環境科学専攻

大宮, 眞弓
同志社大学大学院工学研究科数理環境科学専攻

<https://doi.org/10.15017/23474>

出版情報：応用力学研究所研究集会報告. 23A0-S7 (28), pp.186-188, 2012-03. 九州大学応用力学研究所
バージョン：
権利関係：



応用力学研究所研究集会報告 No.23AO-S7

「非線形波動研究の進展 — 現象と数理の相互作用 —」 (研究代表者 笥 三郎)

共催 九州大学グローバル COE プログラム

「マス・フォア・インダストリ教育研究拠点」

Reports of RIAM Symposium No.23AO-S7

Progress in nonlinear waves — interaction between experimental and mathematical aspects

Proceedings of a symposium held at Chikushi Campus, Kyushu University,
Kasuga, Fukuoka, Japan, October 27 - 29, 2011

Co-organized by

Kyushu University Global COE Program

Education and Research Hub for Mathematics - for - Industry

Article No. 28 (pp. 186 - 188)

口蹄疫伝染パターンと変形SIRモデル

松島 弘典 (MATSUSHIMA Hironori), 大宮 眞弓
(OHMIYA Mayumi)

(Received 15 January 2012; accepted 7 February 2012)



Research Institute for Applied Mechanics
Kyushu University
March, 2012

口蹄疫伝染パターンと変形SIRモデル

松島弘典、大宮眞弓

(同志社大学大学院工学研究科数理環境科学専攻)

1. はじめに

本論稿では、インフルエンザの流行の数理モデル(微分方程式)として定評があり、かつ長い歴史を有するSIRモデルを改良することにより、口蹄疫の伝染パターンの数理モデルとして、2010年に宮崎県内で流行した口蹄疫の実際のデータに出来る限り近い変形SIRモデルを提唱する。

ところで、このような感染症の伝染パターンを微分方程式で表す方法には一長一短があると思われる。まず長所としては、数少ない方程式で記述するため、方程式を詳細に解かずとも伝染の様子を読み取ることが可能で、さらに、ある程度の実データを参照することにより、自分達はその時点でどのような状態にあるのかを概略知ることができ、殺処分等の対策も打ちやすくなることが挙げられる。他方、短所と言うよりは、根本的な疑問と言ったほうがより適切であるが、不確定要素を多く含む感染症蔓延の様子を、決定論的な数個の微分方程式で記述できるのは余りにも楽観的過ぎるのではないかと言う観点である。これらの疑問に著者としてここで答えることは差し控え、読者の率直な意見を承りたい。

2. 口蹄疫の概要

口蹄疫とは、周知のように、口蹄疫ウイルスにより、牛・豚などの偶蹄類が感染する伝染病である。

口蹄疫は感染力・伝播力が非常に強く、また非常に長い生存期間(数週間~数か月)を持つ。さらには、残念ながら、有効な治療法がないというのが口蹄疫の現状である。発症すると、致死率は成畜で数%だが、残念ながら産業動物の生産性が著しく低下する。このため、感染した家畜の摘発・淘汰が、本病の清浄化のための国際的原則であり、日本でも家畜伝染病予防法において「法定伝染病」に指定し、患者・疑似患者は殺処分を義務付けている。

3. 宮崎県における口蹄疫の流行

2010年4月20日、宮崎県において我が国で10年ぶりに口蹄疫が発生したことは記憶に新しい。実際に292戸、211,608頭で発生し、宮崎県東部において局地的に感染が急速に拡大し、このことより、発生農

場等においてすべての家畜を処分しなければならなかったり、新たな家畜が導入できなかったりなど、発生農場等に加え周辺の畜産農家の経営や畜産物の輸出にも多大な影響を与えた。この様に、口蹄疫は感染力等からも、狂牛病以上に畜産にとって脅威となっている。その為、対策は、あらゆる観点から行うべきであり、本論稿、門外漢にも拘らず、数理的側面からの考察も不可欠と思ひ、敢えて執筆した次第である。

4. 疑似患者の頭数および殺処分頭数の推移

農水省発表の宮崎県内での口蹄疫による疑似患者の頭数および殺処分頭数推移の実データのうち、牛のもののグラフを図1に、また豚のものを図2に示す。なお、疑似患者頭数を $I(t)$ としたとき三日平均を

$$\hat{I} = \frac{1}{3}(I(t-1) + I(t) + I(t+1))$$

で表す。それは、疑似患者頭数そのもののグラフよりも、それをある程度平滑化したものと考えられる。変動を微分方程式の解で表す際には、得られるデータは微分可能な関数なので、必然的に滑らかなものになり、離散的な現実のデータからはかけ離れたものになる為、このような操作を行ってグラフにしている(図1, 2参照)

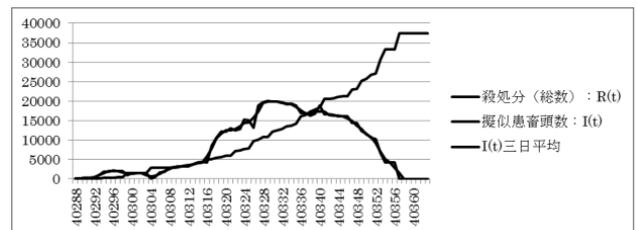


図1 疑似患者の頭数および殺処分頭数の推移(牛)

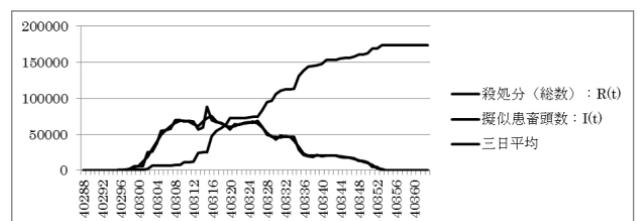


図2 疑似患者の頭数および殺処分頭数の推移(豚)

5. SIRモデル

感染症の蔓延パターンをある種の力学系＝微分方程式で記述しようとする試みは、多々知られている（例えば[STKY,pp253-276]の梯氏の解説を参照）。

本論稿では、身近な感染症であるインフルエンザの感染パターンを力学系（微分方程式）で表現した、1927年にKermackとMcKendrickによって導入されたSIRモデルを取り上げる（例えば[HSD]参照）。これは、時刻を t として、

$S(t)$ ＝非免疫感染可能者数（Susceptible）、

$I(t)$ ＝感染人口（Infectious）、

$R(t)$ ＝感染後死亡、もしくは免疫を獲得して感染系から排除された人数（Removed）

とにおいて、これらの増減を記述した微分方程式である。一人一人の健康人は病人数 $I(t)$ に比例する確率で感染して病人になる。人口全体としては、病人の増加速度は健康人の数 $S(t)$ にも比例する。それに対して治癒は、病人の周りに健康人や治った人が多くいるかどうかには関係なく、自分自身の治癒力にのみかかっている。よって、各病人は一定の速度 μ で病気から回復して免疫を得るとするのが妥当であろう。これらの要素を取り入れると、SIRモデルは

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\lambda I(t)S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \lambda I(t)S(t) - \mu I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \mu I(t)\end{aligned}$$

という極めて単純な微分方程式系で表わされる。ただし、 λ は健康人と病人が1対1で接しているときの感染率である。

まず、この微分方程式の両辺を足し合すと

$$\frac{d}{dt}(S(t) + I(t) + R(t)) = 0$$

なので、全体の人数 $S(t) + I(t) + R(t)$ は変化しない。即ち、SIRモデルは、総人口保存型モデルである。それに対して、口蹄疫等の家畜感染症は、周知のように、殺処分を伴うため、口蹄疫感染数理モデルは、この条件は満たさないモデル＝総人口減少型モデルでなければならない。しかし、インフルエンザ感染モデルとしてのSIRモデルのシンプルさは捨て難いものがあり（だからこそ80年余を経た今も力学系の教科書、例えば[HSD]、にもとり上げられ続けている）、本報告でも、このSIRモデルを踏襲しつつ、現実の口蹄疫の感染パターンを再現できるモデルを構築することにする。

6. 変形SIRモデル

研究の経緯としては、まず、宮崎県口蹄疫についてそのままSIRモデルを使用してみた。 $S(t)$ は健康な牛の頭数、 $I(t)$ は擬似患畜頭数、 $R(t)$ は殺処分総数とする。結果は、予想通りと言えるが、通常のSIRモデルでは、宮崎県における口蹄疫感染の実データのグラフと比較したところ、未知変数 $S(t)$ 、 $I(t)$ 、 $R(t)$ のうち、口蹄疫に感染した数 $I(t)$ だけ近似させることしかできなかった。この理由として、感染から殺処分までの日数の遅れや、口蹄疫は殺処分やワクチン接種等を行っていることなどが原因であり、このことを考慮してモデルの作成を試みた。ただし、今回の研究では元のSIRモデルの式になるべく近い形の式で作成する目的で試みたため、日数の遅れは考えずそれを無視して試みた。まず、口蹄疫にSIRモデルを目的に応じて変形するには次のようなことを考える必要があった。すなわち、元のSIRモデルと現実の口蹄疫感染数の変動を比較すると、感染可能者数 $S(t)$ の減少の度合いを減らし、除外数 $R(t)$ の増加を防ぐことを考えねばならない。そこで、SIRモデルの右辺に定数 α という制御パラメータを取り入れて、次のモデルを作成してみた。

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\alpha\lambda I(t)S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \lambda I(t)S(t) - \mu I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha\mu I(t)\end{aligned}$$

ここで制御パラメータ α は罹患率調整定数と見なした。

また、擬似患畜である $I(t)$ を減らす必要があり、次に $I(t)$ を減らすということにより $R(t)$ も減少させることが必要である。また、これがとても重要なのだが、 $S(t)$ の減少度を減らすことにより擬似患畜数 $I(t)$ の増加を防ぐことができる。

以上のような考察をもとに微分方程式系

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\alpha\lambda I(t)S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \lambda I(t)S(t) - \mu I(t) - \beta I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha\mu I(t)\end{aligned}$$

の係数を多変量解析の手法で係数を決定し、数値実験の結果、口蹄疫感染モデルとして作成することができた。この方程式を変形SIRモデルとよぶ。ここで α は罹患率調整定数、 β は $I(t)$ の殺処分定数と仮定し表した。これらの要因を考えることによって、まず横軸の時間 t をかなり正確に実際のデータと近似させることができた。また、治癒率や感染率に関しては現実の値

と一致、またはそうである可能性が高い値を使用することができた。さらに、全体の総数を表すため、この式を全て足すと、次のようになる。

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt}(S(t) + I(t) + R(t)) &= -\alpha\lambda I(t)S(t) + \lambda I(t)S(t) - \mu I(t) - \beta I(t) + \alpha\mu I(t) \\ &= (1 - \alpha)\lambda I(t)S(t) - (1 - \alpha)\mu I(t) - \beta I(t) \\ &= ((1 - \alpha)(\lambda S(t) - \mu) - \beta)I(t) \end{aligned}$$

また、4パラメータ α 、 β 、 λ 、 μ が条件

$$(1 - \alpha)(\lambda - \mu) < \beta$$

を満たすならば総数 $S(t) + I(t) + R(t)$ は減少するので、これを総数減少条件と呼ぶことにする。ここで、 $S(t) < 1$ であるから、

$$(1 - \alpha)(\lambda S(t) - \mu) < \beta$$

となる。したがって総数 $S(t) + I(t) + R(t)$ は単調減少する。

7. グラフの近似

最小二乗法を用いることにより、変形SIRモデルを、宮崎県でおきた口蹄疫の実データによるグラフに近似させた。

具体的には、変形SIRモデルの $S(t)$ (健康な牛の頭数)、 $I(t)$ (疑似患畜頭数)、 $R(t)$ (殺処分総数)を数式処理システムMapleを用いて $t = 1 \sim 75$ を代入して解いた各々の値と、実データとの残差の二乗を足し合わせ比較した。その中で、最も小さい値を示したものを選び、変形SIRモデルの精度を高めた。

豚に関する変形SIRモデルを数式処理システムMapleで解き、グラフで表したものと実データを図3~4に示す。

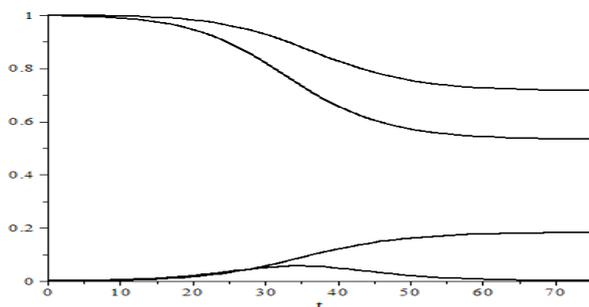


図3 変形SIRモデル $\alpha = 0.6, \beta = 0.28, \lambda = 0.6, \mu = 0.18$

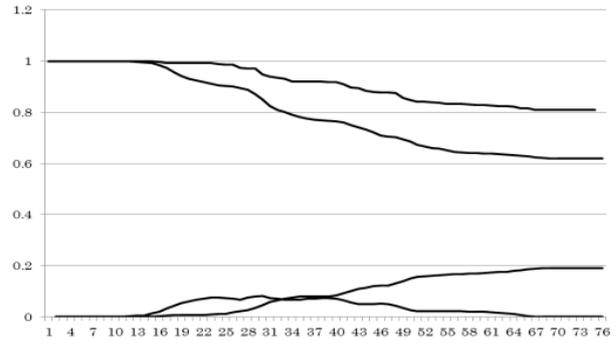


図4 豚の実データ

得られた結果を比較してみると、驚くほど現実データと類似した変動を示しているように見える。しかし、疑似患畜頭数が殺処分頭数を大きく上回る13日目から30日目にかけての様子が、かなり現実とは異なっている。この理由は簡単で、現実には、殺処分が開始されたのは25日目あたりからであるのに対して、変形SIRモデルでは、疑似患畜発生と同時に殺処分を行うように設定しているからである。このようなことを考慮して近似モデルを考えると、それは「遅れ」を伴う方程式になり、近似解法もかなり厄介なものとなる。そうすると、現場の畜産業者達が多くを学ばなくても、手軽に扱える上の述べた数式処理システムMapleで簡単に解くというような訳には行かなくなり、我々の研究の本来の目的とはかけ離れたものになるので、望ましくない。その様な観点から、取り扱いやすいシンプルな形式で、かつ殺処分の遅れを含みこんだ数理モデルは他日を期したい。

参考文献

- [HSD]M. W. Hirsch, S. Smale, R. L. Devaney : Differential Equations, Dynamical Systems & An Introduction to Chaos, Elsevier, 2004
- [I]稲葉寿：感染症の数理モデル（培風館、2008）
- [M]農林水産省/平成22年4~7月の宮崎県における発生に関する情報：
http://www.maff.go.jp/j/syuan/douei/katiku_yobo/k_fmd/22fmd.html
- [STKY]関村利朗、竹内康博、梯正之、山村則男：理論生物学入門（現代図書、2007）

