

# PT調査データを用いたインフルエンザの時空間伝染モデルの構築

吉田 護<sup>1</sup>・円山琢也<sup>2</sup>・柿本竜治<sup>3</sup>

<sup>1</sup>正会員 熊本大学大学院自然科学研究科附属減災型社会システム実践研究教育センター (〒 860-8555 熊本市黒髪 2-39-1)

E-mail: yoshidam@kumamoto-u.ac.jp

<sup>2</sup>正会員 熊本大学政策創造研究教育センター (〒 860-8555 熊本市黒髪 2-39-1)

E-mail: takumaru@kumamoto-u.ac.jp

<sup>3</sup>正会員 熊本大学大学院自然科学研究科 (〒 860-8555 熊本市黒髪 2-39-1)

E-mail: kakimoto@kumamoto-u.ac.jp

飛沫感染による感染症の伝染過程は、住民の移動や近接空間の滞在と密接に関わりがある。パーソントリップ調査データは、当該地域の住民の移動や滞在を表すデータであり、感染症の伝染過程との親和性は高い。このような観点から、本稿では、パーソントリップ調査データに基づく感染症の時空間伝染モデルの開発を行う。なお、感染症としては、データが豊富にあるインフルエンザを対象にする。感染症の流行を抑えるためには、住民の行動を適切に制御する必要がある。こうしたモデル開発を行うことにより、学級閉鎖や公共交通機関の停止などの種々の対策を定量的に評価することが可能となる。

**Key Words :** *influenza, spatio-temporal infectious model, person-trip data, risk assessment, policy evaluation*

## 1. はじめに

季節性インフルエンザは、毎年定期的に発生する感染症リスクであり、適切な対応措置を行うことにより、その人的、経済的被害を軽減することが可能である。インフルエンザの感染経路は、飛沫感染、空気感染、接触感染の三つの経路があるが、飛沫感染によるところが大きいとされる<sup>1)-3)</sup>。すなわち、感染者の堰やくしゃみなどにより、インフルエンザウイルスが空气中に浮遊し、それを吸い込むことにより新たな感染者が生まれる。ウイルスの浮遊する範囲は、1~1.5mと言われており、学校や職場、家庭、電車やバスなど、個人が近接する空間においてその伝染が生じる。そのため、感染症の流行を制御するためには、個々の住民の移動や施設滞在の動態を把握し、その行動を制限する対応措置を取る必要がある。本稿では、このような観点から、インフルエンザの時空間伝染過程を定式化し、PT調査データ等を用いて、実際のインフルエンザの地域内の感染を再現するためのモデル構築を行う。このようなモデル構築を行うことにより、定性的な議論に留まらない精緻な政策分析が可能となる。

以下、**2.**では、本研究の基本的枠組みを述べる。**3.**では、基本モデルの構造を説明する。**4.**では、観測可能なデータに基づいて尤度関数を定式化する。最後に、**5.**において、今後の研究の方向性について説明する。

## 2. 本研究の基本的枠組み

感染症の数理モデルについて、Kermack and McKendrick<sup>4)</sup>が開発したSIRモデルが広く知られている。地理空間を含めた拡張<sup>5)6)</sup>もなされており、感染症流行の全体像を捉える上で有効な分析ツールとなっている。一方で、各個人の対策・対応や学級閉鎖など種々の対応措置の効果を定量的に分析するには適さない。これは、SIRモデルが人口動態に基づくモデルであり、個人の行動や都市・地域の特性の考慮することが容易でないことによる。個々の行動や都市・地域の特性を感染症の伝染過程を表現するためには、個人間の感染過程に基づくモデルの開発が必要となる。

このような観点から、本研究では、日本の各都市で広く調査が実施されているパーソントリップ調査データ(以下、PTデータ)を用いて感染症の時空間伝染モデルの構築を行う。PTデータは、ある個人の1日の移動行動を調査したデータであり、交通目的、利用交通手段、移動回数、移動開始時間・終了時間(時間・分)などの情報を含んでいる。PTデータを用いた既往研究には、交通需要予測<sup>7)8)</sup>や路線バス網の計画などの交通計画分野はもとより、交通手段別のCO<sub>2</sub>排出量の予測<sup>9)</sup>や地震発生時の帰宅困難者の予測<sup>10)</sup>など多岐に渡っている。PT調査の歴史は古く、日本で初の本格的なPT調査は1967年までさかのぼる<sup>11)</sup>。現在では、

PT 調査は海外都市<sup>12)</sup>においても実施されており、都市構造や社会環境の変化によって個人の移動行動は大きく変化しているものの、膨大なデータの蓄積がある。

本稿では、この PT 調査データに基づいた感染症の都市内時空間感染モデルの構築を行う。PT 調査データを用いた感染症シミュレーションについて、Okusa ら<sup>14)</sup>は、東京都市圏の PT データを用いて、空間としてのゾーン、学校、家庭、電車内における住民の接触数を推定した上で、新型インフルエンザが発生した場合の感染シミュレーションを行っている。さらに、PT データに加えて航空ネットワークデータを用いて、東京を感染の初期地点とした 9 都市の感染シミュレーションを実施している<sup>15)</sup>。また他にも、東京都市圏を対象に電車内の感染過程に着目した研究が幾つか行われている<sup>16)–18)</sup>。これらの研究は、人々の近接空間として電車に着目している点の特徴的である。一方で、本研究では、人々の近接空間として家庭と学校に着目する。勿論、電車内は、多数の人々が近接する空間であるが、今回分析の対象とする熊本都市圏はもとより、多くの地方都市の移動分担率に占める公共交通機関の割合は東京都市圏と比較して低い。そのため、本研究では、人々が長期間滞在する学校と家庭に焦点を絞り、時空間の伝染過程との関係性について分析する。なお、本モデル構築にあたっては、阿倍ら<sup>19)</sup>の研究を参考にしている。彼らのモデルでは、口蹄疫を対象にその時空間感染過程のモデル化を行っており、感染源(豚や牛)の移動は考慮されない。一方で、本研究では、感染源(人)の移動を前提としたモデル構築を行っており、この点も過去の研究に見られない本モデルの特徴的なところである。感染症の種類や取得可能なデータに応じて構築するモデル構築が異なる点は留意されたい。

### 3. 基本モデル

#### (1) モデルの前提条件

離散的な時間軸  $t (= 1, \dots, T)$  を仮定する。いま、時点  $t$  における個人  $i (i \in \mathcal{I} \equiv \{1, \dots, N\})$  の滞在地点を  $l_i^t (l_i^t \in \mathcal{J} \equiv \{1, \dots, J\})$  と表す。このとき、時点  $t$  において地点  $j$  に滞在している個人の集合  $\mathcal{I}_j^t$  は  $\mathcal{I}_j^t \equiv \{i | i \in \mathcal{N}, l_i^t = j\}$  のように表される。また、時点  $t$  において個人  $i$  と同一地点に滞在している個人の集合  $\mathcal{I}_{-i}^t$  は  $\mathcal{I}_{-i}^t \equiv \{i' | i' \in \mathcal{N} \setminus i, l_{i'}^t = l_i^t = j\}$  のように表される。

時点  $t$ , 個人  $i$  の感染・発症状態  $s_i(t)$  を

$$s_i(t) =$$

$$\begin{cases} 0 & : \text{未感染状態} \\ 1 & : \text{時点 } t \text{ に感染・未発症状態} \\ \vdots & : \vdots \\ \iota & : \text{時点 } t - \iota + 1 \text{ に感染・未発症状態(1)} \\ \iota + 1 & : \text{時点 } t - \iota \text{ に発症} \\ \vdots & : \vdots \\ \iota + r + 1 & : \text{回復状態} \end{cases}$$

とおく。なお、 $\iota$  は感染から発症までの潜伏期間、 $r$  は発症から回復までの回復期間を表し、外生変数とする。また、地域全体の感染・発症状態を個人  $i$  の感染・発症状態の集合として  $\mathbf{S}(t) = (s_1(t), \dots, s_N(t))$  を定義する。 $\mathbf{S}(t) = (s_1(t), \dots, s_N(t)) = \mathbf{S}_h = (s_1^h, \dots, s_N^h)$ ,  $\mathbf{S}(t+1) = (s_1(t+1), \dots, s_N(t+1)) = \mathbf{S}_g = (s_1^g, \dots, s_N^g)$  とおくとき、個人  $i$  の状態  $s_i^h$  から  $s_i^g$  に推移する確率  $\pi_{s_i^h s_i^g}$  は、

$$\pi_{s_i^h s_i^g} = \begin{cases} q_i^t & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ のとき} \\ \rho_i^t & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ のとき} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k + 1 \text{ のとき} \\ & (k = 1, \dots, \iota + r) \\ 1 & s_i^h = \iota + r + 1, s_i^g = \iota + r + 1 \text{ のとき} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (2)$$

のように定義する。なお、時点  $t$  において未感染の個人  $i (i \in \mathcal{N})$  が時点  $t+1$  までにインフルエンザに感染する確率を  $\rho_i^t$  について、 $\rho_i^t$  は性別や年齢といった個人属性  $A_i (i \in \mathcal{N})$ , 学校や職場などの滞在地点特性  $B_j (j \in \mathcal{J})$ , さらに、同一滞在地点における人口数と滞在時間に依存すると仮定する。個人  $i$  の時点  $t$  における滞在地点を表すダミー変数ベクトル  $\mathbf{b}_i^t = (b_{i1}^t, \dots, b_{iJ}^t)$  を

$$b_{ij}^t = \begin{cases} 1 & l_i^t = j \text{ のとき} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (3)$$

のように定義する。また、時点  $t$  において個人  $i$  と同一地点にいるインフルエンザの感染・発症者の集合を  $\tilde{\mathcal{I}}_{-i}^t \equiv \{i' | i' \in \mathcal{I}_{-i}^t, s_{i'}(t) \neq 0 \text{ または } s_{i'}(t) \neq \iota + r + 1\}$  とし、その数を  $\tilde{N}_{-i}^t = \#\tilde{\mathcal{I}}_{-i}^t$  のように表す。以上を用いて、個人  $i$  が時点  $t$  において未感染状態にあり、時点  $t+1$  において感染する確率  $\rho_i^t$  を

$$\rho_i^t = \begin{cases} 1 - \exp \left[ - \left\{ \boldsymbol{\alpha} \mathbf{a}_i + \boldsymbol{\beta} \mathbf{b}_i^t + \kappa \tilde{N}_{-i}^t \right\} \right] & : \tilde{N}_{-i}^t > 0 \\ 0 & : \tilde{N}_{-i}^t = 0 \end{cases} \quad (4)$$

のように定義する。なお、 $\mathbf{a}_i$  は年齢や性別など個人属性を表す変数ベクトルであり、そのパラメータを  $\boldsymbol{\alpha}$  と表す。また、 $\boldsymbol{\beta}$  は地点属性に関するパラメータ、 $\kappa$  は同一地点に滞在している人数のパラメータを表す。このとき、時点  $t$  において未感染状態の個人  $i$  が時点  $t+1$

においても未感染状態にある確率  $q_i^t$  は

$$q_i^t = 1 - \rho_i^t \quad (5)$$

のように定義される. 以上より,  $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$  から  $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$  に推移する確率  $\Pi_{hg}(t)$  は

$$\begin{aligned} \Pi_{hg}(t) &= \text{Prob}\{S(t+1) = S_g | S(t) = S_h\} \\ &= \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g} \end{aligned} \quad (6)$$

のように表される. また, 時点  $t = 1$  から  $t = T$  において,  $\mathbf{S} = \{\mathbf{S}(1), \dots, \mathbf{S}(T)\}$  の状態が得られる確率  $\Pi_{hg}$  は,

$$\Pi_{hg} = \prod_{t=1}^T \Pi_{hg}(t) \quad (7)$$

のように表される.

#### 4. 発症者の観測過程を考慮した尤度関数の定式化

##### (1) 完備情報下の観測過程

インフルエンザの発症データについて, 全ての小・中・高等学校は, 学内において感染症の流行が懸念され, 学級・学校閉鎖措置を講じた場合には, 各自治体に発症者数を報告することが義務付けられている. また, 地域全体のインフルエンザの流行の度合いを察知するため, 県内にある一定の基準を満たす定点観測病院を設け, その週内に何名のインフルエンザ患者が診察(初診に限る)に訪れたかを報告することを義務付けている. 以下では, 地域のこうした部分観測データを用いた尤度関数を導出する.

はじめに, 全ての個人の逐次的な発症状態が観察可能である場合を仮定する. 発症状態のみ観察可能であり, 未発症状態における感染状態は観察可能ではないことを仮定する. このとき, 観察可能な個人  $i$  の感染・発症状態  $\tilde{u}_i^t$  を

$$\tilde{u}_i^t = \begin{cases} 0 & \text{未発症状態} \\ 1 & \text{時点 } t \text{ に発症} \\ 2 & \text{時点 } t+1 \text{ に発症} \\ \vdots & \vdots \\ r+1 & \text{回復状態} \end{cases} \quad (8)$$

と表す. 時点  $t$  において観察された全ての個人の発症状態  $\tilde{\mathbf{u}}^t$  を  $\tilde{\mathbf{u}}^t = (\tilde{u}_1^t, \dots, \tilde{u}_N^t)$  のように定義する. また, 時点  $t = 1$  から  $t = T$  までの全ての個人の状態を  $\tilde{\mathbf{U}} = (\tilde{\mathbf{u}}^1, \dots, \tilde{\mathbf{u}}^T)$  と表す.  $\tilde{\mathbf{U}}$  が観察されているとき, 個人  $i$  の感染・発症状態を  $\tilde{\mathbf{S}} = (\tilde{s}^1, \dots, \tilde{s}^T)$ ,  $\tilde{s}^t =$

$(\tilde{s}_1^t, \dots, \tilde{s}_N^t)$  について,

$$\tilde{s}_i^t = \begin{cases} 0 & : u_i^{t+\iota} = 0 \text{ かつ } u_i^{t+\iota+1} = 1 \text{ のとき} \\ 1 & : u_i^{t+\iota-1} = 0 \text{ かつ } u_i^{t+\iota} = 1 \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \iota+1 & : u_i^t = 1 \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \iota+r+1 & : u_i^t = r+1 \text{ のとき} \end{cases} \quad (9)$$

が成立する. すなわち, 全ての個人の発症状態を逐次的に観察可能なとき, 全ての個人  $i$  の感染・発症状態が一意に決定される. いま, ダミー変数を

$$\tilde{\delta}_{1i}^t = \begin{cases} 1 & s_i^t = 0 \text{ のとき} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (10a)$$

$$\tilde{\delta}_{2i}^t = \begin{cases} 1 & s_i^t = 0 \text{ かつ } s_i^{t+1} = 1 \text{ のとき} \\ 0 & s_i^t = 0 \text{ かつ } s_i^{t+1} = 0 \text{ のとき} \end{cases} \quad (10b)$$

とおく. このとき, 個人の感染・発症状態  $\tilde{\mathbf{S}}$  が生起する確率(尤度)  $\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}})$  は,

$$\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}) = \prod_{t=1}^T \prod_{i=1}^N (\rho_i^t)^{\tilde{\delta}_{1i}^t \tilde{\delta}_{2i}^t} (q_i^t)^{\tilde{\delta}_{1i}^t (1 - \tilde{\delta}_{2i}^t)} \quad (11)$$

のように表すことができる. また, 両辺の対数をとることにより対数尤度  $\ln \mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}})$  を

$$\ln \mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}) = \sum_{t=1}^T \sum_{i=1}^N \left[ \tilde{\delta}_{1i}^t \tilde{\delta}_{2i}^t \ln \rho_i^t + \tilde{\delta}_{1i}^t (1 - \tilde{\delta}_{2i}^t) \ln q_i^t \right] \quad (12)$$

のように表すことができる. (11) または (12) を最大化することにより, パラメータの最尤推定量  $\gamma^*$  を導出することが可能となる. しかし, 一般には, 全ての個人の逐次的な発症状態に関するデータを入手することは出来ない. 通常, 地域における発症状態は, 学校や各地区といった単位で集計化されたデータのみアクセス可能である場合が多く, 限られたデータの中から, 感染確率に関わるパラメータを推計する必要がある. 以下では, その点を考慮して, 集計データからパラメータを推計する方法について述べる.

##### (2) 不完備情報下における観測過程(時間間隔)

次に, 全ての時点の個人の発症状態を観測できない場合を考えよう. 発症状態を観測した時点  $\tau$  ( $\tau \in \Xi \subset \mathcal{T} \equiv \{1, \dots, T\}$ ) と表す. いま, 時点  $\tau$  において  $\tilde{\mathbf{u}}(\tau) = (\tilde{u}_1^\tau, \dots, \tilde{u}_N^\tau)$  が観測されたとしよう. なお, 発症時点, すなわち,  $s_i(t) = 0$  から  $s_i(t+1) = 1$  に推移した時点  $t$  に関する情報は含まれていない. すなわち, 個人の感染・発症状態に関するデータは

$$\tilde{u}_i^\tau = \begin{cases} 0 & \text{未発症・回復状態} \\ 1 & \text{発症状態} \end{cases} \quad (13)$$

の二値のみ入手可能とする。このとき、時点  $t = \tau$  における個人  $i$  の感染・発症状態  $\xi_i^\tau(u_i^\tau)$  は

$$\xi_i^\tau = \begin{cases} \{0, \dots, \iota\} & \tilde{u}_i^\tau = 1 \text{ のとき} \\ \{\iota + 1, \dots, \iota + r\} & \tilde{u}_i^\tau = 0 \text{ のとき} \end{cases} \quad (14)$$

のように表される。感染・発症状態の推移確率 (2) を考慮すれば、時点  $t = \tau$  における個人  $i$  のとりうる感染・発症状態の集合  $\xi_i^t(\tilde{u}_i^\tau)$  は

$$\xi_i^t(0) = \begin{cases} \{0\} & : t \leq \tau - \iota \text{ のとき} \\ \{0, 1\} & : t = \tau - \iota + 1 \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \{0, \dots, \iota - 1\} & : t = \tau - 1 \text{ のとき} \\ \{0, \dots, \iota\} & : t = \tau \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \{0, \dots, \iota + r + 1\} & : t \geq \tau + r + 1 \text{ のとき} \end{cases} \quad (15a)$$

$$\xi_i^t(1) = \begin{cases} \{0\} & : t \leq \tau - \iota - r \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \{0, \dots, r - 1\} & : t = \tau - \iota - 1 \text{ のとき} \\ \{1, \dots, r\} & : t = \tau - \iota \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \{\iota, \dots, \iota + r - 1\} & : t = \tau - 1 \text{ のとき} \\ \{\iota + 1, \dots, \iota + r\} & : t = \tau \text{ のとき} \\ \{\iota + 2, \dots, \iota + r + 1\} & : t = \tau + 1 \text{ のとき} \\ \vdots & \vdots \\ \{\iota + r + 1\} & : t \geq \tau + r \text{ のとき} \end{cases} \quad (15b)$$

を満たす必要がある。なお、 $\tilde{u}_i^\tau = 0$  のとき、 $t \leq \tau - \iota$  において  $s_i^t = 0$  が確定情報として得られる。一方で、 $\tilde{u}_i^\tau = 1$  のとき、 $t = \tau - \iota - r + 1, \dots, \tau - \iota$  のいずれかの時点においてインフルエンザに感染していることが示唆される。このように部分的な観測情報から、各時点における個人の感染・発症状態の集合を推測することが可能である。

$t = t_1, t = t_2, \dots, t = t_r$  において全ての個人の発症状態  $\tilde{u} = (\tilde{u}^{t_1}, \dots, \tilde{u}^{t_r})$  が観察されたとしよう ( $\Xi = \{t_1, t_2, \dots, t_r\}$ )。このとき、時点  $t$  において個人  $i$  のとりうる感染・発症状態の集合  $\xi_i^t$  は

$$\xi_i^t = \bigcap_{\tau \in \Xi} \xi_i^\tau(\tilde{u}_i^\tau), \quad (\forall i \in \mathcal{N}, \forall t \in \mathcal{T}) \quad (16)$$

のように表される。

時点  $t$  において、個人  $i$  に関する感染・発症状態  $s_i^t$  ( $\in \xi_i^t$ ) としよう。全ての個人の感染・発症状態を組み合わせることにより、時点  $t$  において実現する可能性のあるシステム状態を定義することが出来る。本稿では、このシステム状態を潜在的システム状態と呼び、 $\mathbf{S}_{\bar{h}} = (s_1^{\bar{h}}, \dots, s_N^{\bar{h}})$  とあらわす ( $\bar{h} \in \eta^t$ )。なお、 $\eta^t$  は時点  $t$  に

おいて取りうるシステム状態の添字の集合を表す。また、時点  $t + 1$  におけるシステム状態を  $\mathbf{S}_{\bar{g}}$  ( $\bar{g} \in \eta^{t+1}$ ) と表す。同様に、 $\eta^{t+1}$  は時点  $t + 1$  において取りうるシステム状態の添字の集合を表す。時点  $t$  における個人  $i$  の感染・発症状態の実現値が  $s_i^{\bar{h}}$  のときに、時点  $t + 1$  において個人  $i$  の感染・発症状態  $s_i^{\bar{g}}$  が実現する確率  $\pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}}$  は

$$\pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}}(\mathbf{S}_{\bar{h}}) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_{\bar{h}}) & s_i^{\bar{h}} = 0, s_i^{\bar{g}} = 0 \text{ のとき} \\ \rho_i(\mathbf{S}_{\bar{h}}) & s_i^{\bar{h}} = 0, s_i^{\bar{g}} = 1 \text{ のとき} \\ 1 & s_i^{\bar{h}} = k, s_i^{\bar{g}} = k + 1 \\ & (k = 1, \dots, \iota + r) \\ 1 & s_i^{\bar{h}} = \iota + r + 1, s_i^{\bar{g}} = \iota + r + 1 \text{ のとき} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (17)$$

のように表される。このとき、時点  $t$  において  $\mathbf{S}_{\bar{h}}$  が観察されているという条件のもとで、時点  $t + 1$  において  $\mathbf{S}_{\bar{g}}$  が観測される確率  $l^t(\mathbf{S}_{\bar{g}}|\mathbf{S}_{\bar{h}})$  は、

$$l^t(\mathbf{S}_{\bar{g}}|\mathbf{S}_{\bar{h}}) = \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}}(\mathbf{S}_{\bar{h}}) \quad (18)$$

のように表すことが出来る。

しかし、先に述べたとおり、時点  $t$  において実現しているシステム状態は、潜在的に実現しうるシステム状態を絞ることはできるものの、一意に特定することはできない。したがって、時点  $t + 1$  における潜在システム状態の生起確率を導出するためには、時点  $t$  における潜在システム状態の生起確率に関する情報が必要となる。そこで潜在システム状態間の推移関係を包含したシステム状態の推移関係を任意のシステム状態  $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_{\bar{h}}$  から  $\mathbf{S}(t + 1) = \mathbf{S}_{\bar{g}}$  への推移確率  $\bar{\Pi}_{\bar{h}\bar{g}}(t)$  を

$$\bar{\Pi}_{\bar{h}\bar{g}}(t) = \text{Prob}\{\mathbf{S}(t + 1) = \mathbf{S}_{\bar{g}}|\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_{\bar{h}}\} = \begin{cases} \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}} & \bar{h} \in \eta^t, \bar{g} \in \eta^{t+1} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (19)$$

と表される。推移確率  $\bar{\Pi}_{\bar{h}\bar{g}}(t)$  は時点  $t$  に実現するシステム状態  $\mathbf{S}_{\bar{h}}$  に依存する。システム状態  $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_{\bar{h}}$  から  $\mathbf{S}(t + 1) = \mathbf{S}_{\bar{g}}$  の間の推移確率  $\bar{\Pi}_{\bar{h}\bar{g}}(t)$  が式 (19) で表現できることに留意すれば、時点  $t$  と  $t + 1$  の間におけるシステム状態の推移確率行列は

$$\bar{\Pi}(t) = \begin{pmatrix} \bar{\Pi}_{11}(t) & \dots & \bar{\Pi}_{1K}(t) \\ \vdots & \dots & \vdots \\ \bar{\Pi}_{K1}(t) & \dots & \bar{\Pi}_{KK}(t) \end{pmatrix} \quad (20)$$

と表せる。ただし、各行の加法和が必ずしも 1 にはならない点は留意が必要がある。そこで、潜在システム状態の中のシステム状態が生起する確率を導出する。本稿では、潜在システム状態集合を考慮したシステム状態の生起確率を出現確率として、生起確率として区別して表記する。時点  $t' (< t)$  においてシステム状態  $\mathbf{S}(t') = \mathbf{S}_{\bar{h}}$  が

生起する確率ベクトルを  $\bar{\mathbf{P}}(t') = (\bar{P}_1(t'), \dots, \bar{P}_K(t'))$  と表し、所与としよう。このとき、時点  $t$  におけるシステム状態の生起確率ベクトルは  $\bar{\mathbf{P}}(t) = (\bar{P}_1(t), \dots, \bar{P}_K(t))$  は、

$$\bar{\mathbf{P}}(t) = \bar{\mathbf{P}}(t') \bar{\mathbf{\Pi}}(t') \bar{\mathbf{\Pi}}(t'+1) \cdots \bar{\mathbf{\Pi}}(t-1) \quad (21)$$

のように表される。潜在システム状態の生起確率  $\bar{\mathbf{P}}(t)$  が求まれば、時点  $t$  における潜在システム状態  $\mathbf{S}_{\bar{h}}$  ( $\bar{h} \in \eta^t$ ) の出現確率  $p_{\bar{h}}(t)$  は、

$$p_{\bar{h}}(t) = \frac{\bar{P}_{\bar{h}}(t)}{\sum_{\bar{h} \in \eta^t} \bar{P}_{\bar{h}}(t)} \quad (22)$$

と定義される。このとき、時点  $t+1$  にシステム状態  $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_{\bar{g}}$  ( $\bar{g} \in \eta^{t+1}$ ) が観測される出現確率  $p_{\bar{g}}(t+1)$  は

$$p_{\bar{g}}(t+1) = \frac{\sum_{\bar{h} \in \eta^t} p_{\bar{h}}(t) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}}(\mathbf{S}_{\bar{h}})}{\sum_{\bar{g} \in \eta^{t+1}} \sum_{\bar{h} \in \eta^t} p_{\bar{h}}(t) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^{\bar{h}} s_i^{\bar{g}}}(\mathbf{S}_{\bar{h}})} \quad (23)$$

と表される。以上より、全ての時点の潜在的システム状態  $\xi_i^t$  を所与とし、初期時点  $t=0$  のシステム状態の出現確率を与えることにより、任意の時点  $t$  における潜在的システム状態の出現確率を逐次的に導出することが可能であることがわかる。

### (3) 不完備情報下における観測過程 (集計データ)

上記においては、各個人の逐次的な発症状態に関して観察可能であることを仮定した。しかし、個人情報等の関係により、各個人の時系列的な発症状態に関する情報の入手は容易ではない。一方で、学校や病院を単位とした個人の発症状態に関する集計情報については比較的入手しやすい。以下では、時系列的な集計データに基づいて尤度関数の定式化を行う。

#### a) 学校データ

学校  $s$  に通う個人を  $i_s \in \mathcal{I}_s$  と表す。また、学校  $s$  に通う学生の総数を  $I_s (= \#\mathcal{I}_s)$  と表す。時点  $\tau$  にある学校  $s (\in \mathcal{S} \equiv \{1, \dots, S\})$  で  $n_s^\tau$  名の発症者が確認されたとしよう。どの個人が発症しているかは観察可能ではない。既に述べたように、時点  $\tau$  で発症状態にある個人は、時点  $t = \tau - \ell - r + 1, \dots, \tau - \ell$  のいずれかの時点においてインフルエンザに感染 (未感染状態から感染状態に推移) していなければならない。いま、時点  $t$ , 個人  $i$  における感染・発症状態  $s_i^t$  である確率を  $p_i^t(s_i^t)$  と表す。このとき、時点  $\tau$  において、個人  $i$  の発症状態が観測される確率  $p_i(u_i^\tau = 1)$  は、時点  $\tau - \ell - r + 1$  から時点  $\tau - \ell$  のいずれかにおいて感染状態がはじめて出現する確率として、

$$\begin{aligned} p_i(u_i^\tau = 1) &= p_i(s_i^{\tau-\ell-r+1} = 1) \\ &\quad + p_i(s_i^{\tau-\ell-r+1} = 0) p_i(s_i^{\tau-\ell-r+2} = 1) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} &\vdots \\ &\quad + p_i(s_i^{\tau-\ell-r+1} = 0) p_i(s_i^{\tau-\ell-r+2} = 0) \cdots p_i(s_i^{\tau-\ell} = 1) \\ &= 1 - \prod_{t=\tau-\ell-r+1}^{\tau-\ell} \bar{p}_i(s_i^t = 1) \end{aligned} \quad (24)$$

のように表される。また、時点  $\tau$  において、個人  $i$  が未発症状態が確認される確率  $p_i(u_i^\tau = 0)$  は、

$$\begin{aligned} p_i(u_i^\tau = 0) &= 1 - p_i(u_i^\tau = 1) \\ &= \prod_{t=\tau-\ell-r+1}^{\tau-\ell} p_i(s_i^t = 0) \end{aligned} \quad (25)$$

のように表される。

しかし、個人の発症状態は観察可能ではない。いま、学校  $s$  に通う個人を時点  $\tau$  において発症が確認されたグループ  $\mathcal{I}_s^\tau(1) = \{i | i \in \mathcal{I}_s, s_i^\tau \in \{\ell+1, \dots, \ell+r\}\}$  と確認されないグループ  $\mathcal{I}_s^\tau(0) = \{i | i \in \mathcal{I}_s, s_i^\tau \in \{0, \dots, \ell\}\}$  に分類しよう。既に発症し回復状態にある個人は含まれていないことを仮定する。このとき、

$$\#\mathcal{I}_s^\tau(1) = n_s^\tau \quad (26a)$$

$$\#\mathcal{I}_s^\tau(0) = I_s - n_s^\tau \quad (26b)$$

が成立しなければならない。時点  $\tau$  に学校  $s$  において  $n_s$  名の発症者が観察された場合の潜在システム状態の添字の集合  $\eta^\tau(n_s^\tau)$  は

$$\eta^\tau(n_s^\tau) \equiv \{\mathbf{S}(\tau) = \mathbf{S}_h, (26) \text{ を満たす} \} \quad (27)$$

のように定義される。個人  $i$  が時点  $\tau$  において発症状態が確認される確率が (24) 式で与えられることに留意すれば、時点  $\tau$  に学校  $s$  で  $n_s^\tau$  名の個人の発症状態が確認される確率は、

$$\prod_{i_s \in \mathcal{I}_s} p_{i_s}(u_{i_s}^\tau = 1)^{\delta_{i_s}^\tau} p_{i_s}(u_{i_s}^\tau = 0)^{\bar{\delta}_{i_s}^\tau} \quad (28)$$

のように表される。ただし、 $\delta_{i_s}^\tau$  について、

$$\sum_{i_s \in \mathcal{I}_s} \delta_{i_s}^\tau - n_s^\tau = 0 \quad (29a)$$

$$\delta_{i_s}^\tau \in \{0, 1\} \quad (29b)$$

を満たす必要がある。

#### b) 定点観測病院データ

ゾーン  $z (\in \mathcal{Z})$  に居住する個人の集合を  $\mathcal{I}_z$  と表す。またインフルエンザに感染した個人が診察を受ける病院を  $h (\in \mathcal{H})$  と表す。ゾーン  $z$  に居住する住民がインフルエンザを発症した際に診察を受ける病院  $h$  で診察を受ける確率を  $Pr_z^h (z \in \mathcal{Z}, h \in \mathcal{H})$  と表し、外生変数とする。なお、 $0 \leq Pr_z^h \leq 1 (\forall z \in \mathcal{Z}, \forall h \in \mathcal{H}), \sum_{h \in \mathcal{H}} Pr_z^h = 1 (\forall z \in \mathcal{Z})$  を満たす。個人  $i$  は発症が確認されたらただちに病院の診察を受けることを仮定する。

地域内の病院  $h$  において、時点  $t = t_{w1}^h, \dots, t_{w\Delta}^h$  で合計して  $n_h^w$  名の発症者 (初診に限る) が観測されたとしよう。既に記載した通り、時点  $\tau$  において発症状態が確認

されるためには、時点  $t = t_{w_1}^{h-l-r+1}$  から  $t = t_{w_\Delta}^h$  のいずれかの時点において感染状態に推移している必要がある。個人  $i$  が時点  $t = t_{w_1}^h, \dots, t_{w_\Delta}^h$  のいずれかにおいて発症状態が観察されるためには、時点  $t = t_{w_1}^{h-l-r+1}, \dots, t_{w_\Delta}^h$  のいずれかの時点において感染状態に推移している必要がある。このとき、時点  $t = t_{w_1}^h, \dots, t_{w_\Delta}^h$  の間に個人  $i$  が発症状態が観察される確率を  $p_i(u_i^w = 1)$  と表すと

$$p_i(u_i^w = 1) = 1 - \prod_{t=t_{w_1}^{h-l-r+1}}^{t_{w_\Delta}^h-l} p_i(s_i^t = 0) \quad (30)$$

のように表すことが出来る。また、時点  $t = t_{w_1}^h, \dots, t_{w_\Delta}^h$  のいずれの時点においても発症しない確率  $p_i(u_i^w = 0)$  は

$$\begin{aligned} p_i(u_i^w = 0) &= 1 - p_i(u_i^w = 1) \\ &= \prod_{t=t_{w_1}^{h-l-r+1}}^{t_{w_\Delta}^h-l} p_i(s_i^t = 0) \end{aligned} \quad (31)$$

のように表すことが出来る。いま、ダミー変数  $\delta_i^w$  を

$$\delta_i^w = \begin{cases} 1 & : t = t_{w_1}^h \text{ から } t = t_{w_\Delta}^h \text{ の間に発症} \\ 0 & : t = t_{w_1}^h \text{ から } t = t_{w_\Delta}^h \text{ の間に未発症} \end{cases} \quad (32)$$

のように定義すれば、時点  $t = t_{w_1}^h, \dots, t_{w_\Delta}^h$  で合計して  $n_h^w$  名の発症者（初診に限る）が観測される確率は、

$$\prod_{z \in \mathcal{Z}} \prod_{i_z \in \mathcal{I}_z} p_{i_z}(u_{i_z}^w = 1)^{\delta_{i_z}^w} p_{i_z}(u_{i_z}^w = 0)^{1-\delta_{i_z}^w} \quad (33)$$

のように表される ( $\bar{\delta}_i^w = 1 - \delta_i^w$ ) を表す。ただし、

$$\sum_{z \in \mathcal{Z}} Pr_z^h \sum_{i_z \in \mathcal{I}_z} \delta_{i_z}^w = n_h^w \quad (34a)$$

$$\delta_{i_z}^w \in \{0, 1\} \quad (34b)$$

を満たす。

## 5. おわりに

本研究では、個人の感染・発症状態を定義した上で個人間の感染過程に基づく時空間感染過程のモデル化を行った。さらにPTデータ等、入手可能なデータに基づく尤度関数の定式化を行った。観測間隔の違う学校及び定点観測病院の観測データをいかに統合するか、またパラメータの推計方法及び感染症の伝染シミュレーションに基づく政策評価については今後の課題としたい。

### 参考文献

- 1) Brankston, G., Gitterman, L., Hirji, Z., Lemieux, C., Gardam, M.: Transmission of influenza A in human beings, *The Lancet Infectious Diseases*, 7(4), pp.257-65, 2007.
- 2) Bridges, C.B., Kuehnert, M.J., Hall, C.B.: Transmission of influenza: implications for control in health care settings *Clinical Infectious Diseases* 37(8), pp.1094-101, 2003.

- 3) Bell, D.M., World Health Organization Writing G. Non-pharmaceutical interventions for pandemic influenza, international measures, *Emerging Infectious Diseases*, 12(1), pp.81-87, 2006.
- 4) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the Mathematical Theory of Epidemics I, *Proceeding of the Royal Society*, Vol.115A, pp.700-721, 1927.
- 5) Rvachev, L.A., Longini, I.M.: A mathematical model for the global spread of influenza, *Mathematical Bioscience*, 75(1), pp.3-22, 1985.
- 6) L. Hufnagel, L., Brockmann, D., Geisel, T., May, R.: Forecast and Control of Epidemics in a Globalized World, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(42), pp.15124-15129, 2004.
- 7) 土木学会土木計画学研究委員会交通需要予測技術検討小委員会: 道路交通需要予測の理論と適用-第1編-利用者均衡配分の適用に向けて, 土木学会, 2003.
- 8) 土木学会土木計画学研究委員会交通需要予測技術検討小委員会: 道路交通需要予測の理論と適用-第2編-利用者均衡配分モデルの展開, 土木学会, 2006.
- 9) 松橋啓介, 工藤祐揮, 上岡直見, 森口祐一: 市区町村の運輸部門 CO<sub>2</sub> 排出量の推計手法に関する比較研究, 環境システム研究論文集, 32, pp.235-242, 2004.
- 10) 秋元伸裕, 和泉範之: パーソントリップ調査データを活用した帰宅困難者分析, IBS Annual Report 研究活動報告 2011, pp.15-20, 2011.
- 11) 黒川洗: 都市圏パーソントリップ調査の歴史, 土木学会誌, 98(10), pp.12-15, 2013.
- 12) Hyodo, T., Cresencio M. Montalbo, Jr., Fujiwara, A., Soehodho, S.: Urban Travel Behavior Characteristics of 13 Cities Based on Household Interview Survey Data, *Journal of the Eastern Asia Society for Transportation Studies*, Vol.6, pp.23-38, 2005.
- 13) Yuxin Chen, Sha Yang: Estimating Disaggregate Models Using Aggregate Data through Augmentation of Individual Choice, *American Marketing Association*, pp.613-621, 2007.
- 14) Ohkusa, Y., Sugawara, T.: Application of an individual-based model with real data for transportation mode and location to pandemic influenza, *Journal of infection and chemotherapy*, 13(6), pp.380-389, 2007.
- 15) Ohkusa, Y., and Sugawara, T.: Simulation Model of Pandemic Influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infectious Disease*, 62, pp.98-106, 2009.
- 16) 大日康史, 菅原民枝: 実際の移動データを用いての individual based model のパンデミックへの応用, 数理解析研究所講究録, 第 1551 巻, 11-15, 2007.
- 17) 江島啓介, 鈴木秀幸, 合原一幸: パーソントリップ調査データに基づくインフルエンザ感染伝播の数理モデリング, 土木計画学研究・講演集, Vol.41, CD-ROM, 2010.
- 18) 江島啓介, 鈴木秀幸, 合原一幸: 東京都市圏パーソントリップ調査データに基づく新型インフルエンザ感染伝播の数理モデリング, 運輸と経済, 70(1), pp.54-62, 2010.
- 19) 阿部真育, 吉田護, 小林潔司, 紅谷昇平: 口蹄疫の空間伝染モデリング, 土木学会論文集 D3(土木計画学), Vol.68, No.4, pp.369-387, 2012.

(2014. 8. 1 受付)

# Spatio-temporal model for influenza infection with person-trip survey data

Mamoru YOSHIDA, Takuya MARUYAMA and Ryuji KAKIMOTO

Infectious process through droplet transmission is highly relevant with residents move and stay. Person-trip survey data is a large amount of data including residents move and stay in a whole day; therefore, it is beneficial for developing a spatio-temporal model to represent spread of infections in a specific area. Focusing on influenza as an infectious disease due to data availability, we develop a spatio-temporal infection model with person-trip survey data. Proper countermeasures including control of human behaviors are necessary to reduce spread of infections. The model development makes us possible to conduct quantitative evaluation of countermeasures including school closures or cancellation of public transportation services.