口蹄疫の空間伝染モデリング

阿部真育¹・吉田護²・小林潔司³・紅谷昇平⁴

¹正会員 京都大学経営管理大学院 (〒 606-8501 京都市左京区吉田本町)

E-mail: abe.maiku.72e@kyoto-u.ac.jp

²正会員 京都大学大学院工学研究科都市社会工学専攻 (〒 611-8540 京都市西京区桂 4 京都大学桂 C1)

E-mail: yoshida@hse.gcoe.kyoto-u.ac.jp

³正会員 京都大学経営管理大学院 (〒 606-8501 京都市左京区吉田本町)

E-mail: kobayashi.kiyoshi.6n@kyoto-u.ac.jp

⁴正会員 人と防災未来センター (〒 651-0073 神戸市中央区脇浜海岸通 1-5-2)

E-mail: beniyas@dri.ne.jp

本研究では、口蹄疫の空間伝染過程をマルコフ連鎖過程としてモデル化し、口蹄疫の空間伝染確率を予測するモデル(空間伝染モデルと呼ぶ)を推計するための方法論を提案する。その際、現実に観測される口蹄疫の発症実績データには、1) 潜伏期間における感染可能性、2) 予防的殺処分等の人為的政策による影響が介在する。その結果、口蹄疫の感染・伝染過程においては、口蹄疫の発症状態のみが観測可能であり、地域における家畜の感染状態を完全には把握できないという問題が発生する。本研究では、このような特性を有する口蹄疫の空間伝染モデルをMCMC(Markov Chain Monte Carlo)法を用いて推計する方法論を提案する。さらに、2010年に発生した宮崎県における口蹄疫災害を対象として、本研究で提案した方法論の有効性を実証的に検証する。

Key Words : *spatial infection model, foot-and-mouth disease, partial observability, MCMC method*

1. はじめに

口蹄疫(foot-and-mouth disease)は、伝染力が極めて強い家畜伝染病である。ある農家の家畜が口蹄疫に感染すれば、周辺農家の家畜に空気伝染する可能性が極めて大きい。このため、口蹄疫の発症が確認された農場では、直ちにすべての家畜が殺処分される。さらに、近隣の農場においても、感染の有無に関わらず家畜の予防的殺処分が求められる。口蹄疫の発生は畜産・酪農業を営む家計や地域経済に甚大な被害をもたらす災害であり、口蹄疫の感染・伝染による被害を軽減するための地域防疫計画を事前に策定しておく必要がある。

口蹄疫の地域防疫計画を策定するためには、地域における畜産・酪農業を営む農家が口蹄疫の潜在的な伝染リスクを把握・理解すると同時に、家畜が口蹄疫を発症したときの対応を地域全体のルールとして事前に合意形成しておくことが重要である。本研究では口蹄疫の空間伝染リスクを評価することを目的として、口蹄疫の空間伝染過程をマルコフ連鎖過程としてモデル化するとともに、現実の口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測結果から、口蹄疫の空間伝染確率を予測するモデル(以下、空間伝染モデルと呼ぶ)を推計するための方法論を提案する。口蹄疫の空間伝染モデルを観測データに基づいて推計する際には、1) 潜伏期間における感染可能性、2) 予防的殺処分等による人為的政策による影響を考慮することが必要である。口蹄疫は、家畜感染症の中でも潜伏期間が長く、潜伏期間中であつて

も強い感染力を有していることが知られている。家畜の口蹄疫への感染は、疫学検査を通してはじめて確認される。一方、潜伏期間中における感染の事実を確認することは容易ではないため、予防的に殺処分された家畜の感染の有無を確認することは困難である。このように口蹄疫の感染・伝染過程においては、口蹄疫の発症状態のみが観測可能であり、地域における家畜の感染状態を完全には把握できないという問題が発生する。本研究では、このような特性を有する口蹄疫の空間伝染モデルをMCMC(Markov Chain Monte Carlo)法^{1),2)}を用いて推計する方法論を提案する。

以上の問題意識に基づいて、潜伏期間を考慮した口蹄疫の空間伝染モデルを定式化するとともに、口蹄疫の感染・伝染過程の部分的観測可能性を明示的に考慮した推計方法を提案する。さらに、2010年に発生した宮崎県の口蹄疫災害を対象として、空間伝染モデルを推計することとする。以下、**2.**では本研究における基本的な考え方を述べる。**3.**において口蹄疫の空間伝染過程について定式化し、**4.**で発症データの観測過程を記述する。**5.**でMCMC法を用いた推計アルゴリズムを提案し、**6.**で適用事例について述べる。

2. 本研究の基本的な考え方

(1) 従来の研究概要

Kermack and McKendrick³⁾により提起された感染症流行モデルは、その後の研究の蓄積^{4)–10)}を経て数理

疫学モデルとして体系化^{11)~14)}されるに至っている。Kermack and McKendrick モデルは、局地的な封鎖人口における伝染病の急速かつ短期的な流行過程を表現したモデルである。封鎖地域における個体の状態を、感受性（免疫を持たず、感染もしていない）状態 S 、感染性（感染中で他の個体へのさらなる感染を起こす）状態 I 、回復または隔離（免疫を持つか隔離されて他の個体からの感染も他の個体への感染も起こさない）状態 R に分類し、各状態における個体数の動学的変化を微分方程式で表したものである。個体の状態を S, I, R という 3 つの状態に分類することより SIR モデルと呼ばれる。さらに、インフルエンザのような潜伏期をもつ感染症に対しては、潜伏期状態 E を考慮した SEIR モデルへの拡張が行われている。これらの研究は、封鎖人口における状態遷移をマクロな状態変数を用いた微分方程式、あるいは積分方程式等を用いた数理モデルで表現する点に特徴がある。さらに、これらの微分方程式を用いてワクチン等の接種効果を理論的に解析している。感染症流行モデルは、その後多方面へ拡張が試みられている。1 つの方向性は、個体レベルでの感染状態の推移過程を詳細に記述する状態遷移モデル^{15), 16)}への拡張である。いま 1 つの方向性は、感染症流行の空間拡大過程を表現する空間伝染モデルの発展である。空間伝染モデルに関しては、研究の緒についたばかりであり、研究成果が十分に蓄積されているとは言えないのが実情である。解析的に空間伝染過程をモデル化することが難しいため、シミュレーションモデル^{17)~20)}を用いた空間伝染モデルが提案されている。その中で、江島等²⁰⁾は、個人レベルでの感染状態を状態遷移モデルで表現するとともに、首都圏を対象として個人間接触によるインフルエンザの伝染過程をパーソントリップ調査結果に基づいてシミュレートし、インフルエンザ感染の抑止政策の効果を分析している。

口蹄疫に関しては、Keeling 等²¹⁾が 2001 年の英国における口蹄疫の伝染事例に基づいて、口蹄疫の空間伝染モデル（以下、Keeling モデルと呼ぶ）を提案している。Keeling モデルは農場単位の口蹄疫の感染確率をモデル化したものであり、ワクチンの接種効果や予防的殺処分の効果を分析するために応用されている^{22), 23)}。各農場の感染リスクを評価することに適していることから、本研究においても Keeling モデルを応用して口蹄疫の感染・伝染過程をモデル化する。ただし、家畜の種類や飼育形態の異なるわが国において、Keeling モデルをそのまま適用することは出来ない。英国の事例では、牛と羊が主な患畜であったのに対し、2010 年の宮崎の事例では牛と豚である。また、Keeling モデルでは、英国政府（DEFRA/MAFF）が収集、蓄積した各地域の家畜同士の接触履歴データベースから、農場間の

距離が感染確率に及ぼす関数を導出している。これは、放牧が主な家畜の飼育形態である英国において、共通の敷地で異なる農場主が家畜を飼育している状況を考慮するためである。一方で、宮崎県ではこのような飼育形態はほとんど見られない。さらに、Keeling モデルでは、部分的観測可能性の問題を明示的に考慮していない。宮崎県の事例では、多くの家畜が発症を確認することなく予防的に殺処分されているため、各種パラメータを推計する際にはこの問題を明示的に定式化する必要がある。

本研究ではこのような観点から、Keeling モデルを応用して単位期間中における空間伝染確率を表現するとともに、口蹄疫の時空間感染・伝染過程をマルコフ連鎖モデルを用いて表現する。さらに、口蹄疫の感染・伝染過程の部分的観測可能性を明示的に考慮したような空間伝染モデルの推計方法を提案する。筆者らの知限り、口蹄疫の時空間感染・伝染過程を推計する方法論を提案した研究事例は見当たらない。本研究で提案する空間伝染モデルは、口蹄疫をはじめとする家畜感染症の伝染過程に応用可能であるが、以下では口蹄疫の感染・伝染過程に絞って議論を進める。

(2) 口蹄疫伝染リスク

口蹄疫は、口蹄疫ウイルスの空気感染によって起こる急性熱性伝染病で、牛、めん羊、山羊、豚等の家畜を始め、ほとんどの偶蹄類動物が感染する家畜伝染病である。本病は、極めて伝染力が強く、発病に伴う発育障害、運動障害及び泌乳障害により、莫大な経済的被害をもたらす。流行時には、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。このため、国際的にも最も警戒すべき家畜の伝染性疾病の 1 つとして、その制圧と感染拡大防止が図られている²⁴⁾。わが国では、1908 年に感染されて以降、2000 年に 92 年ぶりとなる発生が確認され、家畜伝染病予防法（昭和 26 年法律第 166 号。以下「法」という。）の制定以来初めて、その発生に伴うまん延防止措置が実施された。

口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針（平成 16 年）²⁴⁾によれば、「本病の防疫対策は、第 1 に本病の発生国からの病原体の侵入を防止すること、第 2 に本病が発生した場合にはその被害を最小限に食い止めることが基本となる。このため、国内で発生した際には、国際的な本病清浄国の防疫原則に則り、殺処分により本病の撲滅を図り、常在化を防止する対策を実施することが重要である」としている。口蹄疫の防疫対策は、法第 16 条の規定に基づく患畜及び疑似患畜のと殺が基本対策として位置づけられ、法第 21 条の規定に基づく患畜等の死体の焼却等、法第 23 条の規定に基づく汚染物

品の焼却等、法第 25 条の規定に基づく畜舎の消毒等のまん延防止措置の早急な実施が要請されている。しかし、同指針においては、法第 16 条の規定に基づく患畜、及び疑似患畜を判断するための明確な規定がない。このため、感染事例が発見された箇所から一定程度の近接地域内で飼育されている家畜を疑似患畜とみなして、口蹄疫の拡大を抑止することを目的とした予防的殺処分を実施しているのが実情である。

患畜及び疑似患畜の殺処分は、原則として家畜又はその死体等の所有者（管理者を含む）が行うとしているが、現実には殺処分能力には限界があるため、まん延防止のため一時的にワクチン接種が実施される。しかし、ワクチン接種された家畜は患畜及び疑似患畜と認定されたことにほかならず、殺処分能力の制約が解消された場合には殺処分の対象となる。このため、ワクチン接種の対象となる家畜を決定することは、将来時点における殺処分の対象を決定したことに他ならない。同指針には、ワクチン接種の対象となる家畜を決定するための明確な規定がない。患畜及び疑似患畜の殺処分を実施するためには、所有者の同意が必要となるが、予防的殺処分の対象となる農場の選定に任意性が介在することは否定できず、予防的殺処分の実施に対して関係農家に対して合意形成が困難となる場合も少なくない。伝染リスクマネジメントの視点に立って適切な予防的殺処分対策を実施するために、口蹄疫の伝染リスクを客観的に評価するための空間伝染モデルの作成が急務となっている。

(3) 口蹄疫リスクにおける土木計画的課題

土木計画学の分野では、若干の研究事例²⁰⁾を除いて、感染症の社会・経済的リスクに関する研究の蓄積が乏しい。感染症の流行・拡大は、自然災害と同様に、短期間のうちに膨大な資産が喪失したり、不特定多数の人間が健康を損ねたり人命を損失する危険性が存在するカストロフリスクである。政府や地方自治体等、関係機関による対応が不十分であれば、感染症による社会・経済的被害が拡大するという人的、制度的リスクが介在する。感染症の伝染リスクを抑制するためには、ワクチン接種、感染症発生のモニタリング、感染した家畜や患者に対する対応といった疫学的政策が重要な役割を果たす。しかし、疫学的政策を実施するためには、人や家畜の移動制限、必要なモニタリング機器、医薬品の調達や運送、人的資源の確保と配置、患畜や疑似患畜の隔離や殺処分、患者の搬送・隔離等、疫学的政策の実施を支援するための行政的措置が不可避である。さらに、感染症の伝染・流行抑制のために移動・交通制限や必要な物資調達計画を事前に策定しておくことが必要であり、土木計画学の分野における研究成果の蓄

積が必要である。

口蹄疫の流行が危惧されても、社会・経済システムを完全に機能停止させる必要があるわけではない。とりわけ、移動や活動の制限等、流行時における社会経済活動の抑制政策の実施は、多大な社会・経済的損失をもたらすため、慎重な対応が必要となる。通常、口蹄疫の発生・伝染の空間範囲や拡大速度や、口蹄疫の伝染強度と対応して、段階的な疫学的対応策が講じられる。口蹄疫の発生・伝染が確認されれば、口蹄疫の伝染・流行状態を常にモニタリングするとともに、疫学的措置を実施する適切なタイミングと空間範囲を決定することが重要な課題となる。しかしながら、現実には、口蹄疫の発生を確認したり初動体制を構築するまでに、一定程度の時間が必要となる場合が少なくない。不幸にして、感染地域の空間範囲が広域化した場合、口蹄疫拡大の抑制措置に必要となる人材や資材の調達に限界が発生し、さらに感染範囲を拡大する結果となる可能性がある。口蹄疫の伝染リスクを抑制するために、1) 初期段階における対応速度や、2) 人材や資材の調達能力が重要な政策変数となる。したがって、口蹄疫による災害リスクを効率的に抑制するためには、これらの政策変数の内容に関して、実現可能であり、かつ口蹄疫の流行により発生する期待被害額の低減に資するようなシナリオを準備しておく必要がある。

広域レベルにおいて口蹄疫の地域防疫計画を事前に策定するためには、1) 口蹄疫の伝染リスクを記述するための空間伝染モデルの作成、2) 資源制約の下で、期待被害額を最小にするような最適抑止政策（予防的殺処分政策）の決定、3) 最適抑止政策を実行するための資源調達計画の作成を支援するような方法論を開発することが必要である。しかしながら、口蹄疫リスクの地域マネジメント方策に関する研究は緒についたばかりであり、ほとんど研究の蓄積がないのが実情である。本研究では、以上で言及したような口蹄疫リスクマネジメントのための方法論を開発することを目的としているが、本論文においては上述の 3 つの課題のうち、口蹄疫の感染・伝染過程を記述するための空間伝染モデルを提案することとする。

(4) 口蹄疫サンプルの発生過程

口蹄疫の感染・伝染過程をモデル化する場合、1. で言及したように、1) 潜伏期間における感染可能性、2) 予防的殺処分等の人為的政策による影響を考慮することが必要である。家畜が口蹄疫に感染すると潜伏期間中であっても感染力が強く、発症事例が観察されないうちに空間伝染が進行する。このため、政策的判断により発症が確認されない家畜が予防的に殺処分されることがあるが、殺処分された家畜が口蹄疫に感染してい

図-1 完備情報下でのシステム状態

たかどろかを確認することは不可能である。ある時点において各農場において観察可能な事象は、1) 発症していない状態、2) 発症しているが殺処分が実施されていない状態、3) 過去、もしくは現時点で発症が観察され殺処分された状態、4) 過去、または現時点で未発症であるが予防的に殺処分された状態のいずれかである。

いま、議論の見通しをよくするため、仮に予防的殺処分が実施されない場合を考える。対象としているタイプの家畜が口蹄疫に感染した場合、発症するまでの潜伏期間長が l であるとする。 l は確定値とし、不確実性は考慮しない。この時、「時点 t に発症した」という情報から、感染時点 $t-l$ を特定することができる。さらに、対象地域のすべての農場の感染状態に関する情報が獲得されるため、地域全体における感染状態(システム状態と呼ぶ)を図-1に示すように特定できる。すなわち、対象地域の農場における一連の発症状態の情報から、任意の時点におけるシステム状態を特定することができる。図-2は、隣接する2つの時点におけるシステム状態の推移パターンを表現している。このように各期において実現するシステム状態とその推移パターンがすべて観察できる場合、観察されるデータ構造は完備情報であると呼ぶ。ある時点 t におけるシステム状態を起因としてから時点 $t+1$ には複数のシステム状態へ推移することが可能であるが、現実にはその中の1つのシステム状態(青丸)に推移する。完備情報下では、各期で実現したシステム状態がすべて観測できる。一方、未発症状態の家畜に対して予防的殺処分が実施される場合には、殺処分された家畜が口蹄疫に感染したかどうかを確認できない。ただし、予防的殺処分を実施した農場に関して、「口蹄疫を発症していない」という情報は獲得できる。未感染、潜伏状態のいずれの場合も、未発症というカテゴリーに分類されるため、図-3に示すように、口蹄疫の発症状態から決定される任意の時点のシステム状態は複数個存在する。口蹄疫の感染・伝染過程はある時点のシステム状態の集合から、次の時点におけるシステム状態の集合への対応関係として記述される。このように、口蹄疫の感染・

図-2 システム状態の推移パターン (完備情報)

図-3 システム状態の推移パターン (不完備情報)

伝染過程が部分的に観測可能な情報で記述される場合、不完備情報であると呼ぶ。

3. 空間伝染モデル

(1) モデル化の前提条件

口蹄疫の発生・伝染とその終息に至るまでの時空間過程を離散的時間軸で展開するマルコフ連鎖モデルとして記述する。対象地域では口蹄疫に感染する可能性のある R 種類の家畜が飼育されている。家畜のタイプ r ($r = 1, \dots, R$) により潜伏期間 l^r が異なる。口蹄疫が発症した家畜だけでなく潜伏期間中の家畜も口蹄疫の感染源となる。記述の便宜上、1箇所の農場には1つのタイプの家畜のみが飼育されていると仮定する。複数のタイプの家畜が飼育されている場合、それぞれのタイプの家畜が飼育されている複数の農場に分割する。カレンダー時間上の時刻 t_0 に、最初の口蹄疫の感染事例が現れる。口蹄疫の潜伏期間は l^r であり、感染から l^r 期後に発症する。カレンダー時刻 t_0 を始点とする離散時間軸 $t = 0, 1, \dots, T$ を考える。離散時間軸上の時刻を時点と呼び、カレンダー時刻と区別する。時点 T に口蹄疫の伝染過程が収束する。空間伝染モデルの定

式化にあたり、対象期間中に口蹄疫が発症した農場においては、当該期の期末に家畜の殺処分が実施されると仮定する。なお、現実には、感染を確認するための疫学的検査が実施するまでに時間を要したり、殺処分を実施する人員や資材の制約から殺処分実施に遅延が生じる。また、発症が確認されていない農場において予防的殺処分が実施される場合もある。現実を観察される口蹄疫の発症データは、口蹄疫の抑止政策の影響を受けており、抑止政策の実施を明示的に考慮にいった感染・伝染過程をモデル化することが必要となる。抑止政策を考慮にいった空間伝染モデルに関しては、のちに4.で議論する。なお、口蹄疫の感染から発症に至るまでの間にタイムラグ(潜伏期間)が存在する。一般に、状態変数の推移確率がタイムラグを有する過去の状態変数に影響を受ける場合、状態変数の推移過程はタイムラグを考慮した多重マルコフ連鎖モデルを用いて表現される。しかし、口蹄疫の感染、発症過程は、状態変数間の推移が不可逆的に進行するため、口蹄疫の感染、発症過程を単純マルコフ連鎖モデルで表現することが可能である。離散時間軸上の初期時点 $t = 0$ において、単一もしくは複数農場に最初の口蹄疫が発生する場合を想定する。ある農場における家畜が口蹄疫に感染しているか否かは、発症しない限り観測できないが、ここでは、ひとまず口蹄疫に感染したかどうかを観察可能であると仮定して議論を進める。

(2) モデル化

対象とする地域に N 箇所の農場が家畜を飼育している。時点 $t = 0$ を初期時点とする期間 $[0, T]$ を対象とする。農場 i においてタイプ r_i の家畜が飼育されていることより、表記の簡便化のため農場 i における家畜が口蹄疫に感染した場合の潜伏期間を $\iota_i = \iota^{r_i}$ と表す。時点 $t = 0, \dots, T$ における農場 $i (i = 1, \dots, N)$ の口蹄疫感染状態(以下、マイクロ状態と呼ぶ)を

$$s_i(t) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した場合} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_i & \iota_i - 1 \text{期前に感染した状態} \\ \iota_i + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \\ \iota_i + 2 & \text{殺処分された状態} \end{cases} \quad (1)$$

と表す。時点 t の期首における地域全体における口蹄疫伝染状態を表す状態変数(以下、システム状態変数と呼ぶ)を、 $\mathbf{S}(t) = \{s_1(t), \dots, s_N(t)\}$ を用いて定義する。農家 i に対してマイクロ状態変数 $s_i(t) = s_i$ は $s_i = 0, 1, 2, \dots, \iota_i + 2$ という $\iota_i + 3$ 種類の状態をとりえる。システム状態変数 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h = (s_1^h, \dots, s_N^h) (h = 1, \dots, K)$ は、各農場のマイクロ状態 $s_i^h (i = 1, \dots, N)$ の

組として定義する。 s_i^h はシステム状態 h における農場 i のマイクロ状態を表す。各農場に対して $\iota_i + 3$ 個のマイクロ状態が存在するため、システム状態は $K = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 3)$ 組の状態ベクトルを用いて表現できる。 K 個のシステム状態の集合を $\mathcal{S}$ と表記する。

時点 $t (t = 0, \dots, T)$ において、システム状態 $\mathbf{S}_h$ が未感染状態であった農場が、時点 $t + 1$ に口蹄疫に感染する確率 $\rho_i(\mathbf{S}_h)$ (以下、空間伝染モデルと呼ぶ)を Keeling モデル²¹⁾を応用して

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \kappa(d_{ij}) \right\} \quad (2)$$

と表現する。ただし、 $J(\mathbf{S}_h)$ はシステム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり、 $J(\mathbf{S}_h) = \{j | s_j^h = 1, \dots, \iota_j + 1; j = 1, \dots, N\}$ と定義できる。 ζ^r はタイプ $r (r = 1, \dots, R)$ の家畜の感染の感受性(susceptibility)パラメータであり、 m_i^r は農場 i のタイプ r の家畜飼育頭数を表す。該当する家畜が飼育されていない場合は $m_i^r = 0$ である。農場 j から i への感染カーネル(infection kernel)

$$\kappa(d_{ij}) = d_{ij}^{-\gamma} \quad (3)$$

は、農家 i と j の距離 d_{ij} の関数であり、 $\gamma (> 0)$ は距離抵抗パラメータである。Keeling モデルでは式(3)で表される感染カーネルに農場の規模を表す変数(例えば、飼育されている家畜数)が付加されている。しかし、放牧を主体とする英国とは異なり、わが国では家畜が屋内で飼育されている場合が多く、農場間の空間規模の違いはそれほど大きくない。さらに、感染カーネルに飼育家畜数を付加することは、口蹄疫の発生農場においてすべての家畜が潜在的に感染していることを想定することにほかならない。空間伝染モデル(2)は、予防的殺処分を実施する潜在的感染農場を特定化するために用いられる。飼育家畜数を含めて感染カーネルを定義する場合、未発症の家畜も含めて周辺農家の感染確率を推計するため、予防的殺処分に対する周辺農家の心理的抵抗は大きくなる。合意形成の問題を考慮すれば、確認可能な情報のみを用いて空間伝染モデルを作成することが望ましい。以上の判断により、感染カーネルには発症農場の規模を表す変数を導入していない。なお、システム状態 $\mathbf{S}_h$ の下で未感染状態にあった農場 i が、つぎの時点においても未感染状態のままとどまる確率を $q_i(\mathbf{S}_h)$ とすると

$$\begin{aligned} q_i(\mathbf{S}_h) &= 1 - \rho_i(\mathbf{S}_h) \\ &= \prod_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \kappa(d_{ij}) \right\} \end{aligned} \quad (4)$$

が成立する。

式(2)に示すように, ある農場が時点 $t+1$ に口蹄疫が発生するかどうかは, 時点 t の地域全体におけるシステム状態 $\mathbf{S}_h$ に依存する. 時点 $t+1$ にシステム状態 $\mathbf{S}(t+1) = (s_1^g, \dots, s_N^g) (= \mathbf{S}_g)$ が実現したと考える. ミクロ状態変数 $s_i(t)$ ($i = 1, \dots, N$) に関して「未感染」→「感染」→「潜伏期間」→「発症」→「殺処分」と推移するため, 時点 t と時点 $t+1$ のシステム状態の間に

$$\begin{cases} s_i^g \leq 1 & s_i^h = 0 \text{ の時} \\ s_i^g = s_i^h + 1 & \iota_i + 1 \geq s_i^h \geq 1 \text{ の時} \\ s_i^g = s_i^h & s_i^h = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (5)$$

という関係が成立する. したがって, システム状態 $\mathbf{S}_h$ ($h = 1, \dots, K$) に対して, $\mathbf{S}_h$ から到達可能なシステム状態 $\mathbf{S}_g = (s_1^g, \dots, s_N^g)$ を表す添え字 g の集合 (reachability set) $\mathcal{R}(\mathbf{S}_h)$ を

$$\mathcal{R}(\mathbf{S}_h) = \{\mathbf{S}_g \in \mathcal{S} \mid \text{すべての } i \text{ に対して} \\ \text{式(5)が成立する}\} \quad (6)$$

と定義する. 到達可能性関係(6)を用いて, システム状態間に半順序関係 $\mathcal{R}$ を定義できる. ここで, $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(t+1) = s_i^g \mid \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は, 時点 t において地域全体のシステム状態が $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の場合に, 農場 i のミクロ状態 $s_i(t) = s_i^h$ ($s_i^h = 0, \dots, \iota_i + 2$) が時点 $t+1$ に状態 $s_i(t+1) = s_i^g$ ($s_i^g \geq s_i^h$) に推移する確率である. したがって, 推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h)$ は

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i + 1) \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 2, s_i^g = \iota_i + 2 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (7)$$

と表される. ミクロ状態 $s_i^h = \iota_i + 1$ は口蹄疫が発症した状態を表すが, 口蹄疫の発症が確認された農場では当該期の期末に家畜が殺処分されると仮定しているため, 次の時点にはミクロ状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ に移行する. 殺処分された状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ は吸収状態である. 一方, 家畜が口蹄疫に感染した農場では, 一定の潜伏期間を経たのちに口蹄疫の発症が確認される. ミクロ状態 $s_i^h = k$ ($k = 1, \dots, \iota_i$) から $s_i^g = k+1$ への推移確率 $\pi_{k, k+1} = 1$ は, 潜伏期間が確率1で継続していることを表す. この時, システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 Π_{hg} は

$$\begin{aligned} \Pi_{hg} &= \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g \mid \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ &= \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) \end{aligned} \quad (8)$$

と定義できる.

(3) マルコフ連鎖モデル

本研究では, 対象とする地域における口蹄疫の感染・伝染過程を, 単純マルコフ連鎖モデルとして表現する. システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ の間の推移確率 Π_{hg} が式(8)で表現できることに留意すれば, 時点 t と $t+1$ の間におけるマルコフ推移確率行列は

$$\mathbf{\Pi} = \begin{pmatrix} \Pi_{11} & \cdots & \Pi_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{K1} & \cdots & \Pi_{KK} \end{pmatrix} \quad (9)$$

と表すことができる. システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $P_h(t)$ ($h = 1, \dots, K$) と表し, システム状態の生起確率ベクトルを $\mathbf{P}(t) = \{P_1(t), \dots, P_K(t)\}$ と表記する. 地域全体における口蹄疫の感染・伝染過程を

$$\mathbf{P}(t) = \mathbf{P}(0)\{\mathbf{\Pi}\}^t \quad (10)$$

と表すことができる. 初期時点におけるシステム状態の生起確率 $\mathbf{P}(0)$ は外生的に与えられる.

4. 口蹄疫の観測過程

(1) データの観測可能性

本研究では, 地域全体の口蹄疫の発症状態に関する時系列データを用いて, システム状態の推移確率の未知パラメータ $\boldsymbol{\theta} = \{\theta_0, \dots, \theta_R \mid \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ を推計する方法論を提案する. 3. で定式化した空間伝染モデルでは, 口蹄疫が発症した農場における家畜は, 当該期のうちに殺処分されることを想定していた. しかし, 現実に観測される口蹄疫の感染・伝染過程においては, 殺処分の実施に遅延が生じたり, 予防的殺処分が実施されることがある. 予防的殺処分が実施される場合には, 予防的殺処分が実施された農場の家畜が口蹄疫に感染したかどうかを確認することができない. したがって, 個々の農場のミクロ状態に関しては, 「口蹄疫を発症していない」という状態のみが観測されるだけであり, それ以外のミクロ状態を特定することは不可能である.

予防的殺処分が実施されない場合, 各時点における各農場のミクロ状態がすべて確定された完備情報を獲得できる. 一方, 予防的殺処分が実施される場合, 農場のミクロ状態が部分的にのみ観測可能であるような不完備情報しか得られない. 以下, 4. (2) においては, 完備情報に基づいて, 口蹄疫発症事例の生起確率(尤度)を定式化する. ついで, 4. (3) では, 不完備情報の下で口蹄疫の発症過程の生起確率を定式化する.

(2) 完備情報下における観測過程

予防的殺処分が実施されない場合に着目する. 対象期間中 $t \in [0, T]$ にわたり農場 i ($i = 1, \dots, N$) の口蹄

疫の発症状態が観測値として獲得できる．時点 t において観測される農場 i の発症状態を

$$\bar{u}_i^t = \begin{cases} 0 & \text{発症していない状態} \\ 1 & \text{発症している状態} \\ 2 & \text{殺処分された状態} \end{cases} \quad (11)$$

で表す．記号「 $\bar{\cdot}$ 」は完備情報下における観測値を意味する．時点 t における全ての農場 i の発症状態（以下，発症システム状態）を $\bar{\mathbf{u}}^t = (\bar{u}_1^t, \dots, \bar{u}_N^t)$ で表す．発症状態が観測された農場の家畜は殺処分されるが，現実の感染・伝染過程においては殺処分の実施に時間遅れが生じている場合がある．このため，以下の議論においてはミクロ状態 $\iota_i + 1$ が複数時点にわたって継続することを認めることとする．

いま，時点 $t = 0, \dots, T$ における発症状態に関するデータ $\bar{\mathbf{u}} = (\bar{\mathbf{u}}^0, \dots, \bar{\mathbf{u}}^T)$ が観測できたと考える．農場 i の時点 t のミクロ状態の観測値 $\bar{s}_i(t)$ を

$$\bar{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \bar{u}_i^t = 2 \text{ の時} \\ \iota_i + 1 & \bar{u}_i^t = 1 \text{ の時} \\ \iota_i - j & \bar{u}_i^t = 0, \bar{u}_i^{t+j} = 0 \text{ かつ} \\ & \bar{u}_i^{t+j+1} = 1 \text{ の時} \\ & (j = 0, \dots, \iota_i) \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (12)$$

と定義することができる．当該農場が感染した時点は，発症状態がはじめて観測された時点から ι_i 期を差し引いた時点となる．完備情報の場合，観測期間中の任意の時点 $t \in [0, T]$ におけるミクロ状態ベクトル $\bar{\mathbf{s}}(t) = \{\bar{s}_1(t), \dots, \bar{s}_N(t)\}$ が観測できる．さらに，時点 t のシステム状態 $\mathbf{S}(t) = (s_1^h, \dots, s_N^h)$ ($= \mathbf{S}_h$) も観測可能であり，その観測値を $\bar{\mathbf{S}}_h = (\bar{s}_1^h, \dots, \bar{s}_N^h)$ と表記する．

ここで，観測期間中の任意の隣接する2つの時点 $t, t+1$ におけるシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$, $\bar{\mathbf{S}}(t+1) = \bar{\mathbf{S}}_g$ が与えられたと考える．この時，時点 t においてシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$ が観測されたという条件の下で，時点 $t+1$ において農場 i のミクロ状態 $\bar{s}_i(t+1) = \bar{s}_i^g$ が観測される条件付き確率 $\pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h) = \begin{cases} q_i(\bar{\mathbf{S}}_h) & \bar{s}_i^h = 0, \bar{s}_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\bar{\mathbf{S}}_h) & \bar{s}_i^h = 0, \bar{s}_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = k, \bar{s}_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 1, \bar{s}_i^g = \iota_i + 1 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 1, \bar{s}_i^g = \iota_i + 2 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 2, \bar{s}_i^g = \iota_i + 2 \text{ の時} \end{cases} \quad (13)$$

と定義される．この時，時点 t にシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$ が観測され，時点 $t+1$ にシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t+1) = \bar{\mathbf{S}}_g$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ は，

$$\ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h) \quad (14)$$

と表される．したがって，対象期間 $[0, T]$ におけるシステム状態の観測値ベクトル $\bar{\mathbf{V}} = \{\bar{\mathbf{S}}(0), \dots, \bar{\mathbf{S}}(T)\}$ が観測される同時生起確率（尤度） $\mathcal{L}(\bar{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta})$ は，

$$\mathcal{L}(\bar{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=0}^T \ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) \quad (15)$$

で与えられる．この時，システム状態の観測値ベクトル $\bar{\mathbf{V}}$ を所与とすると，空間伝染モデル (2) の未知パラメータ $\boldsymbol{\theta} = \{\theta_0, \dots, \theta_R | \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ の最尤推定量は，尤度 (15) を最大にするようなパラメータベクトル $\boldsymbol{\theta}^*$ として定義される．

(3) 不完備情報下における観測過程

対象期間中に，予防的殺処分が実施される場合を考える．ワクチンが接種された場合，接種時点において殺処分が実施されたとみなすことにする．対象期間中 $t \in [0, T]$ にわたり農場 i ($i = 1, \dots, N$) の口蹄疫の発症状態が観測値として獲得できる．時点 t において観測される農場 i の発症状態を

$$\tilde{u}_i^t = \begin{cases} 0 & \text{発症していない状態} \\ 1 & \text{発症後，殺処分されていない状態} \\ 2 & \text{発症後殺処分された状態} \\ 3 & \text{現時点（以前）に予防的殺処分した状態} \end{cases} \quad (16)$$

で表す．記号「 $\tilde{\cdot}$ 」は観測値を意味する．時点 t におけるすべての農場の発症状態（以下，発症システム状態）を $\tilde{\mathbf{u}}^t = (\tilde{u}_1^t, \dots, \tilde{u}_N^t)$ で表す．発症状態が観測された農場の家畜は殺処分されるが，殺処分の実施に時間遅れが生じている場合があるため，ミクロ状態 $\iota_i + 1$ が複数時点にわたって継続することがありうる．

ある農場において口蹄疫の発症が確認されていない段階で予防的殺処分が実施された場合には，当該農場が未感染の状態か，潜伏期間中であつたかを判別できない．そこで，農場 i が時点 $\tilde{y}_i^-$ において未発症状態であり，かつ同時点において家畜が予防的殺処分された（時点 $\tilde{y}_i^-$ において，はじめて $\tilde{u}_i^t = 3$ が観測され）場合を考える．記号 $-$ は時点 $\tilde{y}_i^-$ において予防的殺処分が実施される直前の時点であることを意味する．この時，時点 $\tilde{y}_i^- - \iota_i + 1$ から時点 $\tilde{y}_i^-$ までの間の農場 i のミクロ状態を確定的に特定できない．しかし，時点 $\tilde{y}_i^-$ において未発症であるという情報より，時点 t ($t = \tilde{y}_i^- - \iota_i + 1, \dots, \tilde{y}_i^- - 1, \tilde{y}_i^-$) においてミクロ状態変数 $s_i(t)$ が集合

$$\xi_i^t = \begin{cases} \{0, 1\} & t = \tilde{y}_i^- - \iota_i + 1 \text{ の時} \\ \{0, 1, 2\} & t = \tilde{y}_i^- - \iota_i + 2 \text{ の時} \\ \vdots & \vdots \\ \{0, 1, \dots, \iota_i\} & t = \tilde{y}_i^- \text{ の時} \end{cases} \quad (17)$$

の中のいずれかの値をとりえることは推測できる．すなわち，ミクロ状態集合 ξ_i^t は

$$\xi_i^t = \{0, \dots, -\tilde{y}_i^- + \iota_i + t\} \quad (18)$$

注) 本事例では $i = 3, N - 1$ を除きマイクロ状態 $s_i(t)$ が確定している。 $\xi_3^t = \{0, 1, 2\}$, $\xi_{N-1}^t = \{0, 1\}$ であり、その中からマイクロ状態を 1 つずつ選択し、残りの農場のマイクロ状態と組み合わせ潜在システム状態変数を定義する。さらに、集合 ξ_3^t , ξ_{N-1}^t に含まれるマイクロ状態を網羅的に組み合わせることにより潜在システム状態集合を得る。農場により飼育している家畜の種類が異なるため、潜伏期間 ι_i に農場を表す添字 i が付加されている。

図-4 潜在システム状態変数の作成例

と定義できる。マイクロ状態集合 ξ_i^t は、農場 i において時点 $\tilde{y}_i$ に予防的殺処分が実施されたことを与件として、時点 t ($t = \tilde{y}_i - \iota_i + 1, \dots, \tilde{y}_i - 1, \tilde{y}_i^-$) において当該農場のマイクロ状態が取りえる値の集合を表している。

時点 $t = 0, \dots, T$ における発症状態データ $\tilde{u} = (\tilde{u}^0, \dots, \tilde{u}^T)$ を与件とする。離散時点 t ($t = 0, 1, \dots, T$) の中で、いずれかの農場において予防的殺処分が実施された時点を $\tilde{y}_m$ ($m = 1, \dots, M$) と表す。 M は対象期間中に予防的殺処分が実施された時点の数を表す。対象期間を予防的殺処分が実施された時点 $\tilde{y}_m$ ($m = 1, \dots, M$) に着目して $M + 1$ 個の排他的な期間 $[0, \tilde{y}_1^-], [\tilde{y}_1, \tilde{y}_2^-], \dots, [\tilde{y}_M, T]$ に分割し、期間 m ($m = 1, \dots, M + 1$) を $\Delta_m = [\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m^-]$ と表す。なお、 $\tilde{y}_0 = 0, \tilde{y}_{M+1} = T$ を満たす。対象期間を通じて予防的殺処分が実施された農場の集合を Ξ と表す。対象期間を通じて予防的殺処分が実施されなかった農場 $i \notin \Xi$ の時点 t におけるマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t)$ を、

$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^t = 2 \text{ の時} \\ \iota_i + 1 & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ \iota_i - j & \tilde{u}_i^t = 0, \tilde{u}_i^{t+j} = 0 \text{ かつ} \\ & \tilde{u}_i^{t+j+1} = 1 \text{ の時} \\ & (j = 0, \dots, \iota_i) \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (19)$$

と定義する。一方、農場 $i \in \Xi$ において、殺処分が実施された時点 $\tilde{y}_i$ においては、予防的殺処分を実施する直前のマイクロ状態 $\tilde{s}_i(\tilde{y}_i^-)$ が観測できる。一方、予防的殺処分が実施された直後のマイクロ状態を $\tilde{s}_i(\tilde{y}_i)$ と表記する。再び、期間 Δ_m に着目する。農場 $i \in \Xi$ の時点

$t \in \Delta_m$ のマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t)$ を

$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^t = 3 \text{ の時} \\ \xi_i^t & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ & (t \geq \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \\ 0 & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ & (t < \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \end{cases} \quad (20)$$

と定義する。ただし、集合 ξ_i^t ($i \in \Xi^t$) は式 (18) で定義されるマイクロ状態集合、 Ξ^t は時点 t において、マイクロ状態を一意的に決定できない農場の集合である。

時点 $\tilde{y}_m$ においては、いずれかの農場で予防的殺処分が実施される。予防的殺処分が実施される直前の時点における農場 $i \in \Xi$ のマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-)$ を

$$\tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 3 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_i < \tilde{y}_m) \\ \xi_i^{\tilde{y}_m} & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 3 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_i = \tilde{y}_m) \\ \xi_i^{\tilde{y}_m} & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 0 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_m \geq \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \\ 0 & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 0 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_m < \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \end{cases} \quad (21)$$

と表す。農場 i で時点 $\tilde{y}_m$ に予防的殺処分が実施されない場合、 $\tilde{s}_i(\tilde{y}_m) = \tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-)$ が成立する。時点 $t \in \Delta_m$ のシステム状態を $\tilde{S}(t) = \{\tilde{s}_1(t), \dots, \tilde{s}_N(t)\}$ と表す。期間 Δ_m におけるシステム状態ベクトルを $\tilde{S}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m} = \{\tilde{S}(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{S}(\tilde{y}_m^-)\}$ と表記する。ただし、 $\tilde{s}_i(t) = \xi_i^t$ が成立する農場 $i \in \Xi^t$ では、マイクロ状態 $\tilde{s}_i(t)$ がマイクロ状態集合 ξ_i^t ($i \in \Xi^t$) に属する状態変数値をとりうる。

図-4 に例示するように、時点 t でマイクロ状態を一意的に決定できない農場 $i \in \Xi^t$ に関しては、マイクロ状態集合 ξ_i^t の中からマイクロ状態 $s_i^{h_t} \in \xi_i^t$ を 1 つ選択するとともに、選択されたマイクロ状態をすべての $i \in \Xi^t$ に対して網羅的に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 (以下、潜在システム状態と呼ぶ) S_{h_t} ($h_t \in \eta^t$) を定義する。ここに、 h_t は時点 t における潜在システム状態の添字、 η^t は潜在システム状態の添字集合 (以下、潜在システム状態集合と呼ぶ) であるマイクロ状態集合 ξ_i^t の中からマイクロ状態 $s_i^{h_t} \in \xi_i^t$ を 1 つずつ選択することにより潜在システム状態 $S_{h_t} = (s_1^{h_t}, \dots, s_N^{h_t})$ ($h_t \in \eta^t$) を作成する。さらに、期間 Δ_m における潜在システム状態ベクトルを $S_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m} = (S_{h_{\tilde{y}_{m-1}}}, \dots, S_{h_{\tilde{y}_m^-}})$ と表記する。

再び、期間 Δ_m に着目する。潜在システム状態集合 η^t ($t \in \Delta_m$) は時点 t に応じて変動する。期間 Δ_m 中の任意の隣接する 2 つの時点 $t, t + 1$ におけるシステム状態の推移状態を推移確率を用いて表現する。時点 t において潜在システム状態が $S(t) = S_h$ ($h \in \eta^t$) の場合に、時点 $t + 1$ にシステム状態が $S(t + 1) = S_g$ ($g \in \eta^{t+1}$)

に推移すると考える. ただし, $t+1 = \tilde{y}_m$ の場合は, 時点 $\tilde{y}_m$ の予防的殺処分が実施される直前のシステム状態 $\mathbf{S}(\tilde{y}_m^-) = \mathbf{S}_g$ ($g \in \eta^{\tilde{y}_m}$) への推移状態を考える. この時, 時点 t におけるシステム状態の実現値が $\mathbf{S}_h$ の時に, 農場 i のミクロ状態 $s_i(t) = s_i^h$ が時点 $t+1$ に状態 $s_i(t+1) = s_i^g$ に推移する確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(t+1) = s_i^g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は,

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, l_i) \\ 1 & s_i^h = l_i + 1, s_i^g = l_i + 1 \\ 1 & s_i^h = l_i + 1, s_i^g = l_i + 2 \\ 1 & s_i^h = l_i + 2, s_i^g = l_i + 2 \end{cases} \quad (22)$$

となる. この時, 時点 t に潜在システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ が観測され, 時点 $t+1$ に潜在システム状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\mathbf{S}_g | \mathbf{S}_h, \boldsymbol{\theta})$ は

$$\ell^t(\mathbf{S}_g | \mathbf{S}_h, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) \quad (23)$$

と表される. しかし, 口蹄疫の感染・伝染過程は部分的に観測可能であり, 時点 t に生起している潜在システム状態 $\mathbf{S}_h$ ($h \in \eta^t$) を確定できない. 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求めるためには, 時点 t における潜在システム状態の確率分布に関する情報が必要となる.

任意の時点 $t \in \Delta_m$ における潜在システム状態の確率分布を求めるためには, 潜在システム状態間の推移関係をモデル化し, 時点 $t \in \Delta_m$ における潜在システム状態の推移確率を求めることが必要となる. 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全体間の推移関係を任意のシステム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ を用いて定義する. 推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ を

$$\begin{aligned} \tilde{\Pi}_{hg}^t &= \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ &= \begin{cases} \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) & h \in \eta^t, g \in \eta^{t+1} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (24) \end{aligned}$$

と定義する. 推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ は, 時点 t に依存して変化する. システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ の間の推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ が式 (24) で表現できることに留意すれば, 時点 t と $t+1$ の間における推移確率行列は

$$\tilde{\Pi}(t) = \begin{pmatrix} \tilde{\Pi}_{11}^t & \cdots & \tilde{\Pi}_{1K}^t \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{\Pi}_{K1}^t & \cdots & \tilde{\Pi}_{KK}^t \end{pmatrix} \quad (25)$$

と表せる. ただし, 推移確率行列は潜在システム状態間の推移状態を表したものであり, 推移確率行列 $\tilde{\Pi}(t)$ の

行和が 1 となる保証はない. 期間 Δ_m の初期時点 $\tilde{y}_{m-1}$ におけるシステム状態 $\mathbf{S}(\tilde{y}_{m-1}) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})$ ($h = 1, \dots, K$) と表し, システム状態の生起確率ベクトルを $\tilde{\mathbf{P}}(t) = \{\tilde{P}_1(t), \dots, \tilde{P}_K(t)\}$ と表記する. この時, 時点 $t \in \Delta_m$ におけるシステム状態の生起確率は

$$\tilde{\mathbf{P}}(t) = \tilde{\mathbf{p}}(\tilde{y}_{m-1}) \tilde{\Pi}(\tilde{y}_{m-1}) \cdots \tilde{\Pi}(t-1) \tilde{\Pi}(t) \quad (26)$$

と表せる. ただし, $\tilde{\mathbf{P}}(t) = \{\tilde{P}_1(t), \dots, \tilde{P}_K(t)\}$ は, 時点 t における潜在システム状態の生起確率であり, 時点 $\tilde{y}_{m-1}$ におけるシステム状態の出現確率分布 $\tilde{\mathbf{p}}(\tilde{y}_{m-1}) = \{\tilde{p}_1(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{p}_K(\tilde{y}_{m-1})\}$ とシステム状態の観測値 $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ ($t = \tilde{y}_{m-1}, \dots, \tilde{y}_m$) を与件として導出される. 潜在システム状態の生起確率 $\tilde{\mathbf{P}}(t)$ が求まれば, 時点 t における潜在システム状態 $\mathbf{S}_h$ の出現確率 $\tilde{p}_h(t)$ は

$$\tilde{p}_h(t) = \frac{\tilde{P}_h(t)}{\sum_{h' \in \eta^t} \tilde{P}_{h'}(t)} \quad (27)$$

と定義される. 以下, 期間 Δ_m 内の時点 t における潜在システム状態の生起確率 $\tilde{P}_h(t)$ ($h \in \eta^t$) を用いて, 当該の潜在システム状態が出現する確率を正規化して求めた確率を出現確率と呼び, 生起確率と区別する.

期間 Δ_m の初期時点 $\tilde{y}_{m-1}$ における潜在システム状態 $\mathbf{S}_h$ の出現確率分布 $\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1})$ は, 予防的殺処分が実施された直後の時点における潜在システム状態 $\mathbf{S}_h$ の生起確率分布 $\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})$ を用いて

$$\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1}) = \frac{\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})}{\sum_{h' \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}}} \tilde{P}_{h'}(\tilde{y}_{m-1})} \quad (28)$$

と定義される. この時, 時点 t にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ が観測され, 時点 $t+1$ にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t+1)$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1) | \tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ は

$$\begin{aligned} \ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1) | \tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) &= \sum_{g \in \eta^{t+1}} \sum_{h \in \eta^t} \tilde{p}_h(t) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (29) \end{aligned}$$

と表される.

いま, 期間 Δ_m におけるシステム状態観測ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m} = \{\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1), \dots, \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m)\}$ が与えられたと考える. ただし, $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-)$ は時点 $\tilde{y}_m$ における予防的殺処分が実施される直前のシステム状態の観測値である. 期間 Δ_m の初期時点 $\tilde{y}_{m-1}$ において予防的殺処分を実施した直後におけるシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1})$ の出現確率 $\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1})$ を与件とする. 時点 $\tilde{y}_{m-1}+1$ にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1)$ が観測される条件付き確率 $\ell^{\tilde{y}_{m-1}}(\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1) | \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \boldsymbol{\theta})$ を

$$\begin{aligned} \ell^{\tilde{y}_{m-1}}(\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1) | \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \boldsymbol{\theta}) &= \sum_{h \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}}} \sum_{g \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}+1}} \tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1}) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (30) \end{aligned}$$

と表す. この時, 期間 $[\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m]$ におけるシステム状態の観測値ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m} = \{\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m)\}$ が観測される同時生起確率 (尤度) $\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta})$ は, 離散時点 $t = \tilde{y}_{m-1}$ から $t = \tilde{y}_m - 1$ までの条件付き確率 $\ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ の積として

$$\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) \quad (31)$$

で与えられる. したがって, 対象期間全体にわたるシステム状態観測ベクトル $\tilde{\mathbf{V}} = (\tilde{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1}, \dots, \tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_M}^T)$ が観測できる同時生起確率 (尤度) は

$$\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{m=1}^{M+1} \mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta}) \quad (32)$$

と定義される. ただし, 表記の都合上, $\tilde{y}_0$ は初期時点 $t = 0$, $\tilde{y}_{M+1}$ は最終時点 $t = T$ であることを意味する.

5. 推計方法

(1) 不完備情報下における推計課題

口蹄疫の感染・伝染過程に関する不完備データに基づいて, 空間伝染モデルを推計する問題を考える. 対象期間 $[0, T]$ にわたって, 口蹄疫の発症状態に関するデータ $\tilde{\mathbf{u}} = (\tilde{\mathbf{u}}^0, \dots, \tilde{\mathbf{u}}^T)$ が観測できたと考える. 発症データに基づいて離散の時点 t ($t = 0, 1, \dots, T$) の中で予防的殺処分が実施された時点を $\tilde{y}_m$ ($m = 1, \dots, M$) と表す. さらに, 対象期間を予防的殺処分が実施された時点 $\tilde{y}_m$ ($m = 1, \dots, M$) に着目して $M+1$ 個の互いに排他的な期間 $[0, \tilde{y}_1], [\tilde{y}_1, \tilde{y}_2], \dots, [\tilde{y}_M, T]$ に分割し, 式 (19)-(21) を用いて潜在システム状態ベクトル $\tilde{\mathbf{V}} = (\tilde{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1}, \dots, \tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_M}^T)$ を作成する. 各期ごとに尤度 (31) を定義し, 観測データ全体を対象として尤度関数 (32) を定義する. したがって, 空間伝染モデルの推計問題は, 尤度関数 (32) を最大にするようなパラメータベクトル $\boldsymbol{\theta}^*$ を求める問題に帰着する. しかし, 尤度関数 (32) は, パラメータに関して高次の非線形多項式となっており, 1 階の最適化条件が (複素数解を含めて) 非常に多くの解を有している²⁵⁾ という問題がある. 潜在システム状態の生起確率 $\tilde{p}_h(t)$, 及び推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ の推計値は実数解でなければならない. さらに, これらの確率の推計値として, 数ある実数解の中から 0 と 1 の間にある意味ある解を選択しなければならない. このため, 伝統的な最尤法を用いて空間伝染モデルのパラメータを推計することが困難であると言わざるを得ない. これに対して, MCMC 法を用いてパラメータのベイズ推計を試みることにより, 非線形多項式の解を求める問題を回避することが可能となる. しかし, MCMC 法を用いた場合でも, 尤度関数 (32) が, 極めて多くの項を含んでおり, 計算量が膨大になってしまう欠点がある²⁶⁾⁻²⁹⁾.

さらに, システム状態変数の数が $K = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 3)$ 個あり, 事実上すべてのシステム状態を列挙することは不可能である. このようなパラメータ推計上の難点を克服するために, 尤度関数の完備化操作が必要となる.

(2) 完備化操作

農場 $i \in \Xi$ で時点 $\tilde{y}_i$ に予防的殺処分が実施される場合, 時点 $\tilde{y}_i - \iota_i + 1$ から時点 $\tilde{y}_i^-$ までの間の農場 i のミクロ状態を確定的に特定できない. しかし, 時点 $\tilde{y}_i^-$ において未発症であるという情報より, 時点 t ($t = \tilde{y}_i - \iota_i + 1, \dots, \tilde{y}_i^-$) においてミクロ状態変数 $s_i(t)$ がミクロ状態集合 ξ_i^t の中のいずれかの値を取りえることは推測できる. 時点 t においてシステム状態を仮想的に設定したシステム状態変数 $\hat{\mathbf{S}}(t) = \{\hat{s}_1(t), \dots, \hat{s}_N(t)\}$ の実現値 (以下, 仮想システム状態と呼ぶ) を $\hat{\mathbf{S}}_h = (\hat{s}_1^h, \dots, \hat{s}_N^h)$ と表記する. 仮想システム状態を構成するミクロ状態 (以下, 仮想ミクロ状態と呼ぶ) $\hat{s}_i^h$ ($i = 1, \dots, N$) の中で, 農場 $i \notin \Xi$ の仮想ミクロ状態は,

$$\hat{s}_i^h = \tilde{s}_i(t) \quad (33)$$

に一意的に確定する. 一方, $i \in \Xi$ の場合には, ミクロ状態 $\tilde{s}_i(t) = \hat{s}_i^h \in \xi_i^t$ ($i \in \Xi$) を想定する必要がある. いま, 任意の隣接する 2 つの時点 $t, t+1$ ($\in \Delta_m$) における仮想システム状態を $\hat{\mathbf{S}}_h, \hat{\mathbf{S}}_g$ ($h \in \eta^t, g \in \eta^{t+1}$) とする. 仮想システム状態を構成する仮想ミクロ状態 $\hat{s}_i^h, \hat{s}_i^g$ は式 (22) に示した推移関係を満足しなければならない. すなわち, 時点 $t \in \Delta_m$ と時点 $t+1 \in \Delta_m$ の仮想ミクロ状態 $\hat{s}_i^h, \hat{s}_i^g$ の間に,

$$\begin{cases} \hat{s}_i^g \leq 1 & \hat{s}_i^h = 0 \text{ の時} \\ \hat{s}_i^g = \hat{s}_i^h + 1 & \iota_i - 1 \geq \hat{s}_i^h \geq 1 \text{ の時} \\ \hat{s}_i^g = \hat{s}_i^h & \hat{s}_i^h = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (34)$$

という関係が成立する. ただし, $i \in \Xi$ であることより, ミクロ状態 $\hat{s}_i^h = \iota_i + 1$ は生起しない. つぎに, 期間 Δ_m と Δ_{m+1} の接続関係を考える. $t = \tilde{y}_m^-$, $t+1 = \tilde{y}_m$ の場合には, $\hat{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-) = \hat{\mathbf{S}}_h$, $\hat{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m) = \hat{\mathbf{S}}_g$ に対して,

$$\begin{cases} \hat{s}_i^g = \hat{s}_i^h & \tilde{y}_m \neq \tilde{y}_i \text{ の時} \\ \hat{s}_i^g = \iota_i + 2 & \tilde{y}_m = \tilde{y}_i \text{ の時} \end{cases} \quad (35)$$

が成立する. このように定義した仮想システム状態の流列 $\hat{\mathbf{S}} = (\hat{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_M}^T)$ に対して尤度関数 (29)-(32) はそれぞれ

$$\ell^t(\hat{\mathbf{S}}_g|\hat{\mathbf{S}}_h, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\hat{\mathbf{S}}_h) \quad (36a)$$

$$\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \ell^t(\hat{\mathbf{S}}_g|\hat{\mathbf{S}}_h, \boldsymbol{\theta}) \quad (36b)$$

$$\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{m=1}^{M+1} \mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta}) \quad (36c)$$

と定義される。以上の操作を完備化 (completion) という。完備化された尤度関数 (以下, 完備化尤度関数を呼ぶ) (36a)-(36c) の中に含まれるシステム状態は, 本来部分的にしか観測できない変数である。不完備情報の下での尤度関数を求めるためには, 完備化されたシステム状態の流列が生起する確率分布を推計することが必要となる。

(3) 全条件付事後分布

完備化尤度関数では, システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}$ は確定的である。ただし, システム状態の生起確率, システム状態の推移確率には未知パラメータ θ が含まれており, システム状態に関する確率分布を先験的に求めることが出来ない。この問題を克服するため, 本研究ではMCMC法を用いて, 反復的に完備化されたシステム状態の流列をランダム発生させ, パラメータ θ をベイズ推計することとする。ベイズ推計の方法については, 5. で議論するが, 以下ではシステム状態の確率分布をベイズ推計する際に用いるミクロ状態の全条件付事後分布 (full conditional posterior distribution) を導出しておく。

いま, 時点 t における仮想システム状態を $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t}$ と表す。このとき, 連続した3つの時点 $t-1, t, t+1$ ($t \in \Delta_m$) において $\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t} = (\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{\tilde{y}_{m-1}}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{\tilde{y}_m}})$, $\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t} = (\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{\tilde{y}_{m-1}}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}, \mathbf{S}_h, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{\tilde{y}_m}})$ を定義する。ここでは, 期間 $\Delta_m = [\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m]$ における仮想システム状態の流列に, 隣接する期間の時点 $\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m$ のシステム状態を含めた期間 $\bar{\Delta}_m = [\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m]$ を対象とした仮想システム状態を用いることを断っておく。さらに, 仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}$ から到達可能なシステム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を表す添え字 $\hat{h}_t$ の集合 $\mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}})$ を

$$\mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) = \{\hat{h}_t \in \eta^t | i \notin \Xi^t \text{ に対して式 (33), } i \in \Xi \text{ に対して式 (34), (35) を満足する} \} \quad (37)$$

と定義する。また, 時点 $t+1$ で $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}$ に到達可能な時点 t におけるシステム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を表す添え字 $\hat{h}_t$ の集合 $\mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})$ を

$$\mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}) = \{\hat{h}_t \in \eta^t | i \notin \Xi^t \text{ に対して式 (33), } i \in \Xi \text{ に対して式 (34), (35) を満足する} \} \quad (38)$$

定義する。このとき $\mathbf{S}_{h_t} = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}} \ (\hat{h} \in \{\mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})\})$ の全条件付事後確率は,

$$\begin{aligned} & \text{Prob}(\mathbf{S}_{h_t} = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}} | \hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}, \theta) \\ &= \frac{\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}, \theta)}{\sum_{h \in \mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})} \mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}, \theta)} \quad (39) \end{aligned}$$

と表される。さらに, 式 (39) を展開すれば, システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を構成する仮想ミクロ状態 $\hat{s}_i \in \xi_i^t \ (i \in \Xi^t)$ の全条件付事後確率は

$$\begin{aligned} & \text{Prob}(s_i(t) = \hat{s}_i | \hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}, \theta) \\ &= \frac{\omega_{\hat{s}_i}^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}}}{\sum_{s_i \in \mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}})} \omega_{\hat{s}_i}^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}}} \quad (40) \end{aligned}$$

と定義できる。ただし,

$$\omega_{\hat{s}_i}^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}} = \begin{cases} \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{\tilde{y}_{m-1}} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{\tilde{y}_{m-1}+1} \hat{s}_i} & t = \tilde{y}_{m-1} \\ \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{t-1} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{t+1} \hat{s}_i} & \tilde{y}_{m-1} < t < \tilde{y}_m \\ \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{\tilde{y}_m-1} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{h}_{\tilde{y}_m} \hat{s}_i} & t = \tilde{y}_m \end{cases} \quad (41)$$

と表される。また, $\mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}})$, $\mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}})$ はそれぞれ,

$$\mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}}) = \{\hat{s}_i \in \xi_i^t | \hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \in \xi_i^{t-1} (i \in \Xi^t) \text{ に対して式 (34), (35) を満足する} \} \quad (42a)$$

$$\mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}) = \{\hat{s}_i \in \xi_i^t | \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}} \in \xi_i^{t+1} (i \in \Xi^t) \text{ に対して式 (34), (35) を満足する} \} \quad (42b)$$

と定義できる。

(4) パラメータの事前分布

空間伝染モデル (2) に含まれるパラメータ $\theta = \{\theta_0, \dots, \theta_R | \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ の事前確率密度関数として正規分布を仮定する。すなわち, パラメータ θ の事前確率密度関数が $\theta \sim \mathcal{N}_{R+1}(\zeta, \Sigma)$ である。ただし, $R+1$ 次元正規分布 $\mathcal{N}_{R+1}(\zeta, \Sigma)$ の確率密度関数は,

$$\begin{aligned} \phi(\theta | \zeta, \Sigma) &= \frac{1}{(2\pi)^{\frac{R+1}{2}} \sqrt{|\Sigma|}} \\ &\exp \left\{ -\frac{1}{2}(\theta - \zeta) \{\Sigma\}^{-1} (\theta - \zeta)' \right\} \quad (43) \end{aligned}$$

となる。ただし, ζ は $\mathcal{N}_{R+1}(\zeta, \Sigma)$ の事前期待値ベクトル, Σ は事前分散共分散行列である。パラメータ値は非負の範囲で定義されるが, パラメータ推計値の有意性を分析するために, 事前分布としてパラメータが負値をとりうるような事前確率密度関数 $\mathcal{N}_{R+1}(\zeta, \Sigma)$ を想定している。完備化事後確率密度関数 $\psi(\theta | \hat{\mathbf{S}})$ は,

$$\begin{aligned} \psi(\theta | \hat{\mathbf{S}}) &\propto \mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}, \theta) \phi(\theta | \zeta, \Sigma) \\ &\propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \prod_{i=1}^N \pi_{\hat{s}_i}^{\hat{s}_i^{\hat{h}_t} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}} (\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t}) \\ &\exp \left\{ -\frac{1}{2}(\theta - \zeta) \{\Sigma\}^{-1} (\theta - \zeta)' \right\} \quad (44) \end{aligned}$$

となる。

図-5 推計アルゴリズム

(5) ギブスサンプリング

空間伝染モデルでは、事後確率密度関数 $\psi(\theta|\hat{S})$ を直接解析的に求めることができない。そこで、代表的なMCMC法であるギブスサンプリング法³⁰⁾を用いて、パラメータ θ の標本サンプルを事後確率密度関数 (44) から抽出する。また、仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i \in \xi_i^t$ ($i \in \Xi^t$) の全条件付事後分布は式 (40) で表される。ギブスサンプラーを用いたMCMC法により、空間伝染モデルを推計することが可能となる。図-5に、空間伝染モデルをベイズ推計するための具体的手順を整理している。読者の便宜を図るために、同図中には、推計法の詳細を説明する節番号や式番号を明記している。以下では、以上の各ステップの内容を、より詳細に説明する。

a) ステップ1 初期値設定

事前分布 (43) のパラメータベクトル (行列) ζ, Σ の値を任意に設定する。記述の便宜上、 $\tilde{y}_m^-$ ($m = 1, \dots, M$) を考慮した離散的時間軸 $t = 0, \dots, \tilde{y}_m^-, \tilde{y}_m, \dots, T$ を考える。仮想システム状態の初期値 $\hat{S}^{(0)} = (\hat{S}^{t(0)} : t = 0, \dots, T)$ を設定する。ただし、 $\hat{S}^{t(0)} = (\hat{s}_1^{t(0)}, \dots, \hat{s}_N^{t(0)})$ であり、仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t(0)}$ ($i = 1, \dots, N; t = 0, \dots, T$) は推移条件 (33)-(35) を満足する。パラメータ推計量の初期値 $\theta^{(0)}$ を任意に設定する。これらの初期値の影響は、MCMC法によるシミュレーション回数が蓄積されるにつれ、次第に薄れていく。MCMCのサンプル標本回数 v を $v = 1$ とする。

b) ステップ2 パラメータ $\theta^{(v)}$ の標本抽出

仮想システム状態 $\hat{S}^{(v-1)}$ を与件とし、空間伝染モデルのパラメータ $\theta^{(v)} = (\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_R^{(v)})$ に関する標本を獲得する。ステップ2で用いるギブスサンプラーは式 (44) で表される完備化条件付事後密度関数 $\psi(\theta^{(v)}|\hat{S}^{(v-1)})$ を用いて定義できる。仮想システム状態 $\hat{S}^{(v-1)}$ を与件とする $\theta^{(v)}$ の完備化されたギブスサンプラーは

$$\begin{aligned} \psi(\theta^{(v)}|\hat{S}^{(v-1)}) &\propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}^-}^{\tilde{y}_m^- - 1} \prod_{i=1}^N [\rho_i(\hat{S}^{t(v-1)}, \theta^{(v)})^{\bar{\delta}_i^t} \\ &\quad \times \{1 - \rho_i(\hat{S}^{t(v-1)}, \theta^{(v)})\}^{\delta_i^t}] \\ &\quad \times \exp \left\{ -\frac{1}{2}(\theta^{(v)} - \zeta)\{\Sigma\}^{-1}(\theta^{(v)} - \zeta)' \right\} \end{aligned} \quad (45)$$

となる。ただし、 $\rho_i(\hat{S}^{t(v-1)}, \theta)$ は式 (2) で定義される口蹄疫感染確率、 $\delta_i^t, \bar{\delta}_i^t$ は

$$\delta_i^t = \begin{cases} 1 & \hat{s}_i^{t(v-1)} = 0, \hat{s}_i^{t+1(v-1)} = 0 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (46a)$$

$$\bar{\delta}_i^t = \begin{cases} 1 & \hat{s}_i^{t(v-1)} = 0, \hat{s}_i^{t+1(v-1)} = 1 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (46b)$$

となるダミー変数である。さらに、未知パラメータベクトル θ から第 r ($r = 0, \dots, R$) 要素 θ_r を除いた未知パラメータベクトルを θ_{-r} と表す。この時、式 (45) より、 $\theta_{-r}^{(v)} = \{\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_{r-1}^{(v)}, \theta_{r+1}^{(v-1)}, \dots, \theta_R^{(v-1)}\}$ を既知とした時の θ_r のギブスサンプラー $\psi(\theta_r^{(v)}|\theta_{-r}^{(v)}, \hat{S}^{(v-1)})$ は

$$\begin{aligned} \psi(\theta_r^{(v)}|\theta_{-r}^{(v)}, \hat{S}^{(v-1)}) &\propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}^-}^{\tilde{y}_m^- - 1} \prod_{i=1}^N [\rho_i(\hat{S}_h^{t(v-1)}, \theta^{(v)})^{\bar{\delta}_i^t} \\ &\quad \times \{1 - \rho_i(\hat{S}_h^{t(v-1)}, \theta^{(v)})\}^{\delta_i^t}] \\ &\quad \times \exp \left\{ -\frac{\sigma_{rr}}{2}(\theta_r^{(v)} - \hat{\zeta}_r)^2 \right\} \end{aligned} \quad (47)$$

$$\text{ただし、}\hat{\zeta}_r = \zeta_r + \sum_{e=0, e \neq r}^R (\theta_e^{(v)} - \zeta_e) \sigma_{er}$$

と表せる。 ζ_r は事前期待値ベクトル ζ の第 r 要素であり、 σ_{er} は事前分散共分散行列 Σ^{-1} の第 (e, r) 要素である。また、 $\sum_{h=0, h \neq r}^R$ は0から R までの要素のうち r を除いた要素の総和を意味する。この時、 $\theta^{(v)} = (\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_R^{(v)})$ を以下の手順でランダムサンプリングする。

・ステップ2-0 $\psi(\theta_0^{(v)}|\theta_{-0}^{(v)}, \hat{S}^{(v-1)})$ から $\theta_0^{(v)}$ を乱数発生する。

・ステップ2-1 $\psi(\theta_1^{(v)}|\theta_{-1}^{(v)}, \hat{S}^{(v-1)})$ から $\theta_1^{(v)}$ を乱数発生する。

・以下、同様の手順を繰り返す。

・ステップ2-R $\psi(\theta_R^{(v)}|\theta_{-R}^{(v)}, \hat{S}^{(v-1)})$ から $\theta_R^{(v)}$ を乱数発生する。

なお、本研究では、適応的棄却サンプリング³¹⁾を用いて、式(47)からパラメータ θ をサンプリングする。

c) ステップ3 仮想システム状態の更新

記述の便宜上、再び $\tilde{y}_m^-$ ($m = 1, \dots, M$)を考慮した離散的時間軸 $t = 0, \dots, \tilde{y}_m^-, \tilde{y}_m, \dots, T$ を考える。

時点 $t = 0$ より、逐次的に仮想システム状態 $\hat{S}^{t(v)}$ ($t = 0, 1, \dots, T$)を求める。仮想システム状態 $\hat{S}^{0(v)}, \dots, \hat{S}^{t(v)}$ が確定している場合の $\hat{S}^{t+1(v)}$ への推移を考える。仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ ($i \notin \Xi^{t+1}$)に関しては、マイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t+1)$ より

$$\hat{s}_i^{t+1(v)} = \tilde{s}_i(t+1) \quad (48)$$

が成立する。農場 $i \in \Xi^{t+1}$ において、時点 t の仮想マイクロ状態が $\hat{s}_i^{t(v)} = 1, \dots, \iota_i - 1$ である場合、時点 $t+1$ の仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ は、

$$\hat{s}_i^{t+1(v)} = \hat{s}_i^{t(v)} + 1 \quad (49)$$

と表される。一方、 $i \in \Xi^{t+1}$ で、かつ $\hat{s}_i^{t(v)} = 0$ の場合には、 $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ の全条件付事後確率は、

$$\begin{aligned} & \text{Prob}\{\hat{s}_i^{t+1(v)} = 0 | \theta^{(v)}, \hat{S}^{t(v)}\} \\ &= 1 - \rho_i(\hat{S}^{t(v)}, \theta^{(v)}) \end{aligned} \quad (50a)$$

$$\begin{aligned} & \text{Prob}\{\hat{s}_i^{t+1(v)} = 1 | \theta^{(v)}, \hat{S}^{t(v)}\} \\ &= \rho_i(\hat{S}^{t(v)}, \theta^{(v)}) \end{aligned} \quad (50b)$$

と定義できる。式(50a),(50b)に従って $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ をランダムサンプリングする。以上の方法により、 $t = 0$ より逐次、仮想マイクロ状態変数 $\hat{S}^{t(v)}$ を求める。仮想システム状態 $\hat{S}^{(v)}$ を求め、次のステップに進む。

d) ステップ4 アルゴリズムの終了判定

パラメータ推計量の更新値 $\theta^{(v)}$ 、仮想変数の更新値 $\hat{S}^{(v)}$ を記録する。 $v < \bar{v}$ の場合、 $v = v+1$ としステップ2へ戻る。そうでない場合、アルゴリズムを終了する。

(6) 事後分布に関する統計量

MCMC法を用いた場合、パラメータの事後確率密度関数 $\psi(\theta | \hat{S})$ を解析的な関数として表現することはできない。得られた標本を用いてノンパラメトリックに分布関数や密度関数を推計することとなる。いま、ギブスサンプリングから得られた標本を $\theta^{(v)}$ ($v = 1, \dots, \bar{v}$)と表そう。このうち、最初の $\underline{v}$ 個の標本は収束過程からの標本と考え、標本集合から除去する。その上で、パラメータの標本添字集合を $\mathcal{M} = \{\underline{v}+1, \dots, \bar{v}\}$ と定義する。まず、パラメータ θ の同時確率分布関数 $G(\theta)$ は、

$$G(\theta) = \frac{\#(\theta^{(v)} \leq \theta, v \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \quad (51)$$

と表すことができる。ただし、 $\#(\theta^{(v)} \leq \theta, v \in \mathcal{M})$ は論理式 $\theta^{(v)} \leq \theta, n \in \mathcal{M}$ が成立するサンプルの総数である。また、パラメータ θ の事後分布の期待値ベクト

ル $\hat{\zeta}(\theta)$ 、分散・共分散行列 $\hat{\Sigma}(\theta)$ は、それぞれ

$$\begin{aligned} \hat{\zeta}(\theta) &= (\hat{\zeta}(\theta_0), \dots, \hat{\zeta}(\theta_R))' \\ &= \left(\sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\theta_0^{(v)}}{\bar{v} - \underline{v}}, \dots, \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\theta_R^{(v)}}{\bar{v} - \underline{v}} \right)' \end{aligned} \quad (52a)$$

$$\hat{\Sigma}(\theta) = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}^2(\theta_0) & \dots & \hat{\sigma}(\theta_0 \theta_R) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{\sigma}(\theta_R \theta_0) & \dots & \hat{\sigma}^2(\theta_R) \end{pmatrix} \quad (52b)$$

と表される。ただし、

$$\hat{\sigma}^2(\theta_z) = \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\{\theta_z^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_z)\}^2}{\bar{v} - \underline{v}} \quad (53a)$$

$$\begin{aligned} & \hat{\sigma}(\theta_z \theta_r) \\ &= \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\{\theta_z^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_z)\} \{\theta_r^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_r)\}}{\bar{v} - \underline{v}} \end{aligned} \quad (53b)$$

である。また、ギブスサンプリングによる標本を用いて、パラメータ θ の信用区間を定義できる。たとえば、パラメータ θ の $100(1-2\varepsilon)\%$ 信用区間は、標本順序統計量 $(\underline{\theta}_z^\varepsilon, \bar{\theta}_z^\varepsilon)$ ($z = 0, \dots, R$)

$$\begin{aligned} \underline{\theta}_z^\varepsilon &= \arg \max_{\theta_z^*} \\ & \left\{ \frac{\#(\theta_z^{(v)} \leq \theta_z^* \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \leq \varepsilon \right\} \end{aligned} \quad (54a)$$

$$\begin{aligned} \bar{\theta}_z^\varepsilon &= \arg \min_{\theta_z^{**}} \\ & \left\{ \frac{\#(\theta_z^{(v)} \geq \theta_z^{**} \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \leq \varepsilon \right\} \end{aligned} \quad (54b)$$

を用いて $\underline{\theta}_z^\varepsilon < \theta_z < \bar{\theta}_z^\varepsilon$ と定義できる。

MCMC法では、初期パラメータ値 $\theta^{(0)}$ が不変分布である事後分布からの標本である保証はない。ギブスサンプリングで発生させた $\bar{v}$ 個のサンプルのうち、最初の $\underline{v}$ 個の標本 $\theta^{(v)}$ ($v = 1, \dots, \underline{v}$)を事後分布に収束する過程からのサンプリングと考える。その上で、第 $\underline{v}+1$ 回以降の標本をとりあげよう。 $\underline{v}+1$ 以降の標本が、不変分布である事後分布からの標本であるかどうかをGewekeの方法³²⁾を用いて仮説検定を試みる。いま、パラメータのギブス標本 $\theta^{(v)}$ ($v = 1, \dots, \bar{v}$)の中から、最初の v_1 個と最後の v_2 個のデータを取りあげよう。Gewekeは、 $v_1 = 0.1(\bar{v} - \underline{v})$, $v_2 = 0.5(\bar{v} - \underline{v})$ を推奨している³²⁾。この時、パラメータ θ の不変分布への収束を判断するためのGeweke検定統計量は、

$$Z_{\theta_z} = \frac{1\bar{\theta}_z - 2\bar{\theta}_z}{\sqrt{\nu_1^2(\theta_z) + \nu_2^2(\theta_z)}} \sim \mathcal{N}(0, 1) \quad (55)$$

$$1\bar{\theta}_z = \frac{\sum_{v=\underline{v}+1}^{\underline{v}+v_1} \theta_z^{(v)}}{v_1} \quad 2\bar{\theta}_z = \frac{\sum_{v=\bar{v}-v_2+1}^{\bar{v}} \theta_z^{(v)}}{v_2}$$

$$\nu_1^2(\theta_z) = \frac{2\pi \hat{f}_{\theta_z}^1(0)}{v_1} \quad \nu_2^2(\theta_z) = \frac{2\pi \hat{f}_{\theta_z}^2(0)}{v_2}$$

図-6 患畜数, 殺処分数の経過

と定義できる. ただし, $f_{\theta_z}^l(x)$ ($l = 1, 2$) はスペクトル密度関数であり, $2\pi f_{\theta_z}^l(0)$ の推定値は

$$2\pi \hat{f}_{\theta_z}^l(0) = l\hat{\omega}_0 + 2 \sum_{s=1}^q w(s, q) l\hat{\omega}_z \quad (56)$$

$$1\hat{\omega}_0 = v_1^{-1} \sum_{v=v+1}^{v+v_1} (\theta_z^{(v)} - 1\bar{\theta}_z)^2$$

$$2\hat{\omega}_0 = v_2^{-1} \sum_{v=\bar{v}-v_2+1}^{\bar{v}} (\theta_z^{(v)} - 2\bar{\theta}_z)^2$$

$$1\hat{\omega}_z = v_1^{-1} \sum_{v=v+s+1}^{v+v_1} (\theta_z^{(v)} - 1\bar{\theta}_z)(\theta_z^{(v-s)} - 1\bar{\theta}_z)$$

$$2\hat{\omega}_z = v_2^{-1} \sum_{v=\bar{v}-v_2+s+1}^{\bar{v}} (\theta_z^{(v)} - 2\bar{\theta}_z)(\theta_z^{(v-s)} - 2\bar{\theta}_z)$$

$$w(s, q) = 1 - \frac{s}{q+1}$$

として求まる^{33), 34)}. q はスペクトル密度の近似度を表すパラメータであるが, Geweke に従って 20 を採用する³²⁾. ここで, θ_z の不変分布への収束性に関する帰無仮説 H_0 と対立仮説 H_1 を

$$\begin{cases} H_0 : |Z_{\theta_z}| \leq Z_{\epsilon/2} \\ H_1 : |Z_{\theta_z}| > Z_{\epsilon/2} \end{cases} \quad (57)$$

と設定する. ただし, $Z_{\epsilon/2}$ は帰無仮説を棄却するための臨界的な値である. 有意水準 $\epsilon\%$ で帰無仮説を仮説検定する場合, $Z_{\epsilon/2}$ は $\epsilon/2 \times 0.01 = 1 - \Phi(Z_{\epsilon/2})$ を満足する値として定義できる. ただし, $\Phi(Z)$ は標準正規分布の分布関数である.

6. ケーススタディ

(1) 適用事例

本研究では, 2010 年に宮崎県で発生した口蹄疫の発症事例データを用いて口蹄疫の空間伝染モデルを推計する. 農林水産省は, 口蹄疫の発症農場とその対応実績を HP 上に公開している. これらの情報により, 口蹄疫に感染した家畜頭数, 家畜の種類, 感染発覚日, 殺

処分実施日, ワクチン投入日に関する情報が入手可能である. また, 本研究では, 2005 年度の宮崎県の農林業センサス(集落別) データを用いて, 農場の位置情報に関するデータベースを作成した. ただし, 同センサスでは, 畜産農家に関する情報を集落単位に集計化しており, 各個別の畜産農家に関する情報は入手可能ではない. このため, 発症していない農場の位置や家畜頭数, 家畜の種類に関する情報が得られない. そこで, 口蹄疫に感染していない畜産農家は, 全て集落の面積データの重心位置に立地していると仮定する. 以上の情報に基づいて, 宮崎県内における全ての農場の位置情報, 家畜頭数, 家畜の種類に関するデータベースを作成するとともに, 最初の口蹄疫の感染発覚日を初期時点 $t = 0$ として終息日 $t = T$ に至るまでの対象地域における口蹄疫発症状態に関する時系列データを作成した. なお, 今回対象とする農場総数は $N = 1044$ であり, 終息日は $T = 77$ (日) である. 宮崎県の口蹄疫の発症事例では, 2010 年 3 月 26 日に発症が疑われる家畜が確認された. 4 月 20 日に疫学検査により, 口蹄疫の発症が確認され, 同日, 最初の患者および疑似患者の殺処分が実施された³⁵⁾. 図-6 は, 対象地域において口蹄疫の発症が確認された農場数, 殺処分を実施した農場数(発症が確認された後殺処分された農場数のみ), ワクチン接種を実施した農場数(ワクチン接種後に発症が確認された農場数のみ)の時間的分布及び, 上記農場を対象とした牛・豚それぞれの累積殺処分家畜数を表している. 本適用事例で推計する空間伝染モデルは, 牛と豚の双方の感染確率を同時に求めることが可能であるが, 以下の考察では, 空間的な伝染確率に焦点を絞るため, 飼育農場が宮崎県全域に広がっている牛の感染確率を中心に議論を進めることとする. なお, 図-7 は, 2010 年宮崎県の事例における家畜(牛)数, および発症した家畜(牛)数の空間分布を表している. 口蹄疫の疑似患者の殺処分については, 第 1~第 6 例目までは小規模であり, 迅速な措置が行われたが, 第 7 例目(4/26 確認, 牛 725 頭), 第 8 例目(4/28 確認, 牛 1,019 頭)の大規模農場への感染, 第 10 例目(4/28 確認)の豚への感染が確認された時期以降, 殺処分・埋却に遅れが出てきている. この殺処分の遅れや豚への感染により, 発生地域でのウイルス量は爆発的に増加したと推測され, 更に感染拡大が加速した³⁵⁾. 以上の事態を踏まえ, 5 月 22 日より口蹄疫に感染した危険性のある家畜に対しては, すべてワクチンが接種されることとなった. 2. で述べたように, ワクチンを接種した家畜は, 患者・疑似患者と認定されたことに他ならず, 将来, 殺処分の対象となる. 予防的殺処分を即座に実施できる状態が整っていれば, 感染が疑われる家畜に対してワクチンを接種する必要はない. しかし, 現実には, 1

図-7 対象地域における家畜数, 発症家畜数の空間分布

(2005 年農林業センサス及び農林水産省の HP (http://www.maff.go.jp/j/syoutan/douei/katiku_yobo/k.fmd/) より筆者らが作成)

表-1 パラメータの推計結果

	期待値	信用区間	Geweke 統計量
θ_0	1.07	(0.985,1.157)	0.109
θ_1	0.00601	(0.00422,0.00781)	-0.364
θ_2	0.000801	(0.000619,0.000982)	0.720

日あたりに実施可能な殺処分数に限界があるため, 殺処分の実施に遅れが生じている. このような殺処分の遅延による感染拡大化を阻止するために, ワクチン投与は有効な手段である. ワクチン接種以降, 飛び火的に感染した数例を除くと, 新たな感染はなくなり, 殺処分・埋却の防疫措置が6月30日に終了した. 移動・搬出制限区域は家伝法に基づき順次解除され, 7月27日には県内全域での制限区域が解除されている³⁵⁾.

(2) 推計結果

口蹄疫の潜伏期間長に関して, 牛6.2日, 豚10.6日と報告されている³⁶⁾. モデル推計にあたっては潜伏期間長を日単位としているため, それぞれ7日, 11日に設定した. 以上のデータに基づいて求めた空間伝染モデルのパラメータ推計値を, 一括して表-1に示している. 表-1の第2列は, MCMC過程で発生した各パラメータサンプルの期待値を示している. また, 第3列は, 式

(54a),(54b)を用いて算出した95%信用区間を示している. 各パラメータ値の95%信用区間の中には0が含まれていない. 第4列は, Geweke検定統計量を示している. パラメータサンプリングにおいては, 各パラメータに対して1万個のサンプルを発生させたが, はじめの2000個のサンプルは定常過程への収束段階のサンプルと考え, パラメータの統計量算定の対象から除外した. 同表に示すように, Geweke検定統計量の絶対値はいずれも1.96を下回っており, 有意水準5%で「MCMC法によるパラメータサンプリング過程が定常状態に収束している」という仮説を棄却できない. 図-8には3つのパラメータサンプリングの結果を示している. 空間伝染モデルにはパラメータサンプルの期待値を用いる. 以上のような手順で推計した空間伝染モデルは

$$\rho_i(S_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(0.00601 m_i^1 + 0.000801 m_i^2 \right) \sum_{j \in J(S_h)} d_{ij}^{-1.07} \right\} \quad (58)$$

と表すことができる.

(3) 伝染リスク評価への適用

口蹄疫の空間伝染モデルの適用範囲は多様であるが, 口蹄疫に対する地域防疫計画を策定する場合, 本モデ

図-8 パラメータサンプリングの結果

図-9 第 15 週空間伝染リスク (牛)

ルは口蹄疫の伝染リスクを評価するために重要な役割を果たすことになる。本モデルを用いた地域防疫計画の策定方法に関する議論は、本論文の域を超えているが、以下では本モデルの適用事例として、口蹄疫の空間伝染リスクの評価問題を取りあげる。宮崎県の事例においては、初期対応の遅れが指摘されたが、本モデルを用いて初期対応の迅速性が口蹄疫の空間伝染に及ぼす影響について分析することとする。時点 $t = 0$ において、宮崎県の事例と同一の農場において口蹄疫の初期感染が確認されたと考える。対象期間中の各時点における口蹄疫の空間伝染リスクを評価するために、最初の発症事例が観察されてから、殺処分の実施が実施されるまでの一定期間（以下、初期対応期間と呼ぶ）にわたり未処置のまま時間が経過し、そののち口蹄疫の発症が確認された農場において、直ちに殺処分がされるようなシナリオを考える。ただし、地域の殺処分能

力に制約がなく、予防的殺処分等、口蹄疫の拡大を防止するための政策的措置は講じないと仮定する。

このような口蹄疫の空間伝染過程はマルコフ連鎖モデル (26) を用いて定式化できる。しかし、本適用事例の場合、システム状態変数 S_h の個数は $\prod_{i=1}^{1044} (l_i + 3)$ となり、システム状態変数をすべて列挙することは事実上不可能である。したがって、システム状態の生起確率をマルコフ連鎖モデルを用いて計算することは不可能であると言わざるを得ない。しかしながら、モンテカルロシミュレーションを通じて各農場ごとにマイクロ状態が生起する確率を求めることは可能である。いま、 W 回にわたって、対象地域における感染過程の実現サンプルを表す仮想システム状態をランダム発生させることを考える。 w ($w = 1, \dots, W$) 回目の施行において、時点 $t = 0$ より、逐次、仮想システム状態 $\hat{S}^{t(w)}$ ($t = 0, 1, \dots, T$) を求める。 $\hat{S}^{0(w)}, \dots, \hat{S}^{t(w)}$ が求まったと考

える. 式(48),(49),(50a),(50b)を用いて, 仮想ミクロ状態変数 $\hat{\mathbf{S}}^{t+1(w)} = (\hat{s}_1^{t+1(w)}, \dots, \hat{s}_N^{t+1(w)})$ を求める. 以上の手順により, 仮想システム状態サンプル $\hat{\mathbf{S}}^{(w)} = \{\hat{\mathbf{S}}^{0(w)}, \dots, \hat{\mathbf{S}}^{T(w)}\}$ ($w = 1, \dots, W$) を求めることができる. この時, 時点 t において農場 i が口蹄疫に未感染である確率 $p_i(t)$ は

$$p_i(t) = \frac{\#\{w \in \{1, \dots, W\} | \hat{s}_i^{t(w)} = 0\}}{W} \quad (59)$$

と表すことができる. 一方, 時点 t までに感染した累積確率 $\bar{p}_i(t)$ は

$$\bar{p}_i(t) = 1 - p_i(t) \quad (60)$$

と定義される.

初期対応の速度が口蹄疫の伝染リスクに及ぼす影響を分析するために, 初期対応期間として 1) 時間遅れがない場合, 2) 対応が 4 週間遅延した場合という 2 ケースを想定する. シミュレーションでは, シミュレーション回数 $W = 1000$ 回, シミュレーション期間 $T = 115$ 日 (15 週) に設定した. 宮崎県の事例では, 約 15 週間で口蹄疫の感染が終息しており, 本適用事例においてもシミュレーション期間を 15 週間に設定している. 図-9 は, 初期対応期間を 0 日, あるいは 4 週間に設定したそれぞれの 2 ケース対して, シミュレーション期間の終端時点 $T = 115$ 日目における口蹄疫の空間伝染リスク (感染確率) を評価した結果を示している. 対象とする家畜は牛である. なお, 口蹄疫の発症が観察された農場の家畜は, 直ちに殺処分されると仮定している. 2 つの図を比較することにより, 初期対応期間が長引き殺処分が遅れることにより, 空間伝染リスクが広範囲にわたり増加することが理解できる. 図-9(a) に示すように, 初期時点において, 発症農場における家畜の殺処分を実施したとしても, 口蹄疫の発症が観察された農場に近接する地域 (宮崎県の海岸沿いの中央部に位置する川南町付近) においては, 口蹄疫の伝染確率が 20% 以上の農場が存在している. さらに, 図-9(b) に示すように, 初期対応期間に 4 週間を必要とした場合には, 川南町だけでなく, 高崎町においても 40% 以上の伝染確率を示しており, 初期対応の遅れにより広域にわたって伝染リスクが増加することが理解できる. モンテカルロシミュレーションでは初期発生農場として宮崎県で発生した最初の発症が確認された農場を用いている. 口蹄疫の発生が疑われる事例が発生してから, 口蹄疫の陽性反応が確認された 4 月 20 日までに約 4 週間が経過しており, シミュレーションで示した初期対応期間が 4 週間のケースは現実には発生した状況と類似した条件であり, シミュレーション結果は現実の発症パターンと類似した結果が得られている. このように初期対応の遅れは, 広域にわたって伝染リスクを増加させることとなる. しかしながら, 図-9(a) に示したように, 迅

速に初期対応が実施されたとしても, 口蹄疫の感染を完全に抑止することは不可能であり, 予防的殺処分等による感染拡大を抑止する施策を実施することが不可欠である.

なお, 宮崎県の事例では, 殺処分能力や埋設箇所等の容量に限界があり, 殺処分の実施に遅延が生じ口蹄疫の伝染拡大を招いた. 口蹄疫の伝染を効果的に抑止するためには, 各種の防疫施策や機材, 人的資源の調達, 事前の合意形成等の地域防疫計画を作成しておくことが重要である. 本研究の最終目的な口蹄疫災害リスクマネジメントの方法論を開発することにあるが, 本論文で提案した口蹄疫空間伝染モデルは口蹄疫伝染リスク評価のための重要な役割を果たすことが期待できる.

7. おわりに

本研究では口蹄疫の空間伝染リスクを評価することを目的として, 口蹄疫の感染・伝染過程をマルコフ連鎖過程としてモデル化するとともに, 現実の口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測結果から, 口蹄疫の空間伝染モデルを推計するための方法論を提案した. その際, 口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測データは, 1) 潜伏期間における感染可能性, 2) 予防的殺処分等の人為的政策による影響が含まれるため, 地域における家畜の感染状態を完全には把握できないという問題が発生することを指摘した. その上で, このような口蹄疫の感染・伝染過程の部分的観測可能性を明示的に考慮した空間伝染モデルの推計方法を提案した. さらに, 本研究で提案した空間伝染モデルとその推計方法を, 2010 年に発生した宮崎県における口蹄疫災害に適用することにより, 本研究で提案した方法論の有効性を検証した. しかし, 本研究で提案した空間伝染モデルを用いて口蹄疫リスクの地域防疫計画を策定するためには, いくつかの研究課題が残されている. 第 1 に, 口蹄疫の空間伝染モデルを用いて, 口蹄疫の空間伝染リスクを評価する方法論を開発することが必要である. このようなりリスク評価は, 本研究で提案したマルコフ連鎖モデルを用いて分析することが可能となる. しかし, 現実にはマルコフ連鎖モデルを適用する場合, システム状態の数が膨大となるため, リスク評価を効率的に実施できるような方法論の開発が不可欠である. 第 2 に, 口蹄疫の感染・伝染確率モデルの精緻化が必要である. とりわけ, 口蹄疫に感染した家畜のすべてが口蹄疫を発症したり, 感染が確認されるわけではない. 現実には口蹄疫に感染した一部の家畜のみが, 発症事例として確認されている可能性がある. また, 本研究では口蹄疫の発生期間中, 対象地域内における家畜の移動禁止措置が図られていることを前提とした. 家畜の移動が許容

されているような状況下では、家畜の移動可能性や接触ポテンシャルを考慮にいたした伝染過程のモデル化が必要となる。第3に、本研究では、広域的な口蹄疫の伝染過程をモデル化するため、風や降雨の影響を考慮していない。2001年の英国の事例では、偏西風の影響から空気感染が広まったという研究結果がある³⁷⁾。また、降雨条件下では、防疫処置に遅延が生じ、また汚染した雨水の他地域への流入を通じて感染が拡大しやすいことが指摘されている³⁸⁾。しかし、宮崎県では偏西風のように特定方向に対する恒常的な風は吹いておらず、風の影響は微小であると考えられる。感染拡大に降雨が局地的に関与した可能性は否定できないが、このような降雨による局地的な影響を分析するためには、よりミクロな感染過程をモデル化することが必要となる。第4に、空間伝染モデルの推定結果が、合意形成手段として用いられる場合、モデルで用いられるデータ作成上のアカウンタビリティの問題とモデルの推計精度の関係について分析する必要がある。特に、リスク評価モデルを用いてリスクコミュニケーションを実施する上で、モデルのアカウンタビリティの問題は重要な分析課題である。第5に、口蹄疫による被害額を最小化するような抑止方策について分析するための最適伝染リスク抑止モデルを開発する必要がある。その際、土木計画学的視点からは、初期対応速度や殺処分能力を政策パラメータと考え、パラメータ値と期待被害額の関係进行分析することが必要である。政策パラメータの実行可能性を検討するためには、詳細な口蹄疫伝染・拡大抑制方策を検討することが必要となる。最後に、口蹄疫の伝染・拡大抑制方策を実践していく際には、当該地域が潜在的に抱える口蹄疫リスクに関する情報を利害関係者の間で共有化する必要がある。各自治体は適切な情報公開を通じて、利害関係者間の協力体制を構築する必要がある。情報開示を含めた抑制計画の実施方策に関しては今後の課題としたい。

参考文献

- 1) 和合肇：ベイズ計量経済分析，マルコフ連鎖モンテカルロ法とその応用，東洋経済新報社，2005。
- 2) 伊庭幸人：計算統計学のフロンティアー計算統計II，マルコフ連鎖モンテカルロ法とその周辺，岩波書店，2005。
- 3) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics I, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.115A, pp.700-721, 1927. (reprinted in *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol.53(1/2), pp.33-55, 1991.)
- 4) Diekmann, O., Heesterbeek, J.A.P. and Metz, J.A.J.: On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *Journal of Mathematical Biology*, Vol.28, pp.365-382, 1990.
- 5) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 6) Heesterbeek, J.A.P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 7) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-agedependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 8) May, R.M. and Lloyd, A.L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review, E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.
- 9) Nowak, M.A. and May, R.M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- 10) 西浦博，稲葉寿：感染症の流行：感染症数理モデルにおける定量的課題，統計数理，Vol.54, No.2, pp.461-480, 2006。
- 11) Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, Oxford, 1991.
- 12) Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, Chichester, 2000.
- 13) Thieme, H.R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, Princeton and Oxford, 2003, ホルスト・R・ティエメ：生物集団の数学(上)人口学，生態学，疫学へのアプローチ，日本評論社，2006。
- 14) 稲葉寿（編著）：感染症の数理モデル，培風館，2008。
- 15) Ohkusa, Y. and Sugawara, T.: Simulation model of pandemic influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infection Diseases*, Vol.62, pp.98-106, 2009.
- 16) Halloran, M.E., Longini, I.M., Cowart, D.M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 17) Elveback, L.R. and Fox, J.P., Ackerman, E., Langworthy, A., Boyd, M. and Gatewood, L.: An influenza simulation model for immunization studies, *American Journal of Epidemiology*, Vol.103, pp.152-165, 1976.
- 18) Haber, M.J. and Shay D.K., Davis, X.M., Patel, R., Jin, X., Weintraub, E., Orenstein, E. and Thompson, W.W.: Effectiveness of interventions to reduce contact rates during a simulated influenza pandemic, *Emerging Infectious Diseases Journal*, Vol.13, pp.581-589, 2007.
- 19) Yasuda, H., Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Kawachi, S., Oshima, M., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85, No.4, pp.619-35, 2008.
- 20) 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，土木計画学研究発表会・講演集，Vol.41, CD-ROM, 2010。
- 21) Keeling, M.J., Woolhouse, M.E.J., Shaw, D.J., Louise Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D.T., Cornell, S.J., Kappey, J., Wilesmith, J. and Grenfell, B.T.: Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape, *Science*, Vol.294, No.5543, pp.813-817, 2001.
- 22) Tildesley, M.J., Savill, N.J., Shaw, D.J., Deardon, R., Brooks, S.P., Woolhouse, M.E.J., Grenfell, B.T. and Keeling, M.J.: Optimal reactive vaccination strategies for a foot-and-mouth outbreak in the UK, *Nature*,

- Letters*, pp.83-86, 2006.
- 23) Tildesley, M.J., Bessell, P.R., Keeling, M.J. and Woolhouse, M.E.J.: The role of pre-emptive culling in the control of foot-and-mouth disease, *Proceedings of the Royal Society, B*, Vol.27, pp.3239-3248, 2009.
 - 24) 農林水産省：口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針, 2004.
 - 25) Titterton, D.M., Smithe, A.F.M. and Makov, U.E.: *Statistical Analysis of Finite Mixture Distributions*, John Wiley & Sons, 1985.
 - 26) Robert, C.P.: Mixtures of Distributions: Inference and Estimation, in Gillks, W.R., Richardson, S. and Spiegelhalter, D.J. (eds.): *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, Chapman & Hall, 1996.
 - 27) Robert, C.P., Rydén, T. and Titterton, D.M.: Bayesian inference in hidden Markov models through the reversible jump Markov chain Monte Carlo method, *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, Vol.62, pp.57-75, 2000.
 - 28) Dempster, A.P., Laird, N.M. and Rubin, D.B.: Maximum likelihood from incomplete data via the EM Algorithm, *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, Vol.39, pp.1-38, 1977.
 - 29) Celeux, G., Hurn, M. and Robert, C.P.: Computational and inferential difficulties with mixture posterior distributions, *Journal of the American Statistical Association*, Vol.95, pp.957-970, 2000.
 - 30) Geman, S. and Geman, D.: Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images, *Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol.6, pp.721-741, 1984.
 - 31) Gilks, W.R. and Wild, P.: Adaptive rejection sampling for Gibbs sampling, *Applied Statistics*, Vol.41, pp.337-348, 1992.
 - 32) Geweke, J.: Evaluating the Accuracy of Sampling-based Approaches to the Calculation of Posterior Moments, in: Bernardo, J.M., Berger, J.M., Dawid, A.P. and Smith, A.F.M. (eds.): *Bayesian Statistics 4*, pp.169-193, Oxford University Press, 1996.
 - 33) Chib, S.: Marginal likelihood from Gibbs output, *Journal of the American Statistical Association*, Vol.90, pp.1313-1321, 1995.
 - 34) Newey, W.K. and West, K.D.: A simple, positive semi-definite, heteroskedasticity and autocorrelation consistent covariance matrix, *Econometrica*, Vol.55, pp.703-708, 1987.
 - 35) 宮崎県口蹄疫対策検証委員:2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の対策に関する調査報告書, 2011.
 - 36) 村上洋介：口蹄疫ウイルスと口蹄疫の病性について，日本獣医士会誌，Vol.53, pp.257-277, 2000.
 - 37) Sørensen, J.H., Jensen, C.Ø., Mikkelsen, T., Mackay, D.K.J. and Donaldson, A.I.: Modelling the atmospheric dispersion of foot-and-mouth disease for emergency preparedness, *Physics Chemistry of the Earth, Part B*, Vol.26, Issue 2, pp.93-97, 2001.
 - 38) 農林水産省消費・安全局動物衛生課:口蹄疫に関する防疫作業マニュアル, 2011.

(2012. 2. 8 受付)

SPATIAL INFECTION MODELING OF FOOT-AND-MOUTH DISEASE

Maiku ABE, Mamoru YOSHIDA, Kiyoshi KOBAYASHI and Shohei BENIYA

This paper models a spatial infection process of foot-and-mouth disease as a form of Markov chain process, and proposes the estimation methodology for the spatial infection probabilities. To apply this methodology, it takes into account of the fact that the observed data are affected by 1) the possibility of infection during incubation period and 2) artificial policies such as preventive culling. The observed data is the information about the expression of foot-and-mouth disease of animals, but not the infectious states of animals; as a result, the time-series infection states of animals cannot be grasped perfectly. This paper proposes the methodology using Markov Chain Monte Carlo (MCMC) method to estimate the spatial infection model including such characteristics. In addition, the availability of the proposed methodology is verified using the case of the outbreak of foot-and-mouth disease in Miyazaki prefecture in 2010.