口蹄疫の最適伝染リスク抑止モデル

阿部 真育¹・小林 潔司²

¹正会員 (株) パスコ中央事業部技術センター (〒 227-0062 横浜市青葉区青葉台 2-6-17)

E-mail: meabia2624@pasco.co.jp

²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

本研究では口蹄疫の発生・伝染による資産価値の喪失を災害リスクとして位置づけ、家畜の殺処分による期待被害額を最小にするような口蹄疫の空間的伝染抑止戦略を分析するための方法論を提案する。その際、口蹄疫の発生・伝染過程を空間的マルコフ連鎖過程としてモデル化し、期待被害額を最小にするような最適予防的殺処分を求める最適伝染リスク抑止モデルを定式化する。最適伝染リスク抑止モデルは膨大な状態変数を含むため、状態変数のすべてを列挙することが不可能である。本研究では、準モンテカルロシミュレーションを用いて望ましい抑止戦略を求める近似解法を提案する。さらに、2010年の宮崎県における口蹄疫発生・伝染事例を対象として、本研究で提案した方法論の有効性について検証する。

Key Words : optimal infection deterrence, foot-and-mouth disease, quasi Monte Carlo, Markov chain

1. はじめに

口蹄疫は家畜の伝染によってもたらされる災害リスクであり、世界各国において農家に甚大な被害を及ぼしている。たとえば、1997年台湾において、主に養豚が口蹄疫に伝染し、約380万頭の豚が殺処分され、約70億USドルの被害をもたらした。また、2001年英国において発生した口蹄疫被害では羊、牛をはじめとする家畜が英国だけで約650万頭処分されており、その被害額は80億ポンドに上っている。わが国においても、2010年宮崎県を中心に口蹄疫被害が発生し、同年8月27日に終息宣言が発表されたが、感染確認から4ヶ月にわたり約28万9千頭の家畜が処分された。

口蹄疫による家畜の伝染拡大を抑止するために、口蹄疫の発症が確認された農場だけでなく、感染の可能性がある農場で飼育されている家畜に対しても予防的殺処分が実施される。その際、予防的殺処分を実施する空間的範囲の設定が課題となる。伝染拡大を抑止するためには予防的殺処分の対象となる空間的範囲を拡大することが望ましいが、空間的範囲が拡大すれば殺処分による損失が増加する。本研究では、口蹄疫の伝染過程を空間的マルコフ過程としてモデル化するとともに、期待被害額を最小とするような口蹄疫の拡大抑止戦略を求めるためのマルコフ決定モデル(最適伝染リスク抑止モデル)を提案する。

口蹄疫の進行過程は、発症数の発生期、増加期、減少期、終息期というパターンを有しており、必然的に非定常なマルコフ連鎖モデルを取り扱う必要がある。さらに、各個体の口蹄疫の感染状態の推移パターンには

空間的依存性が存在する。口蹄疫の発症が確認されれば、直ちに近隣地域全体に対して疫学的措置が講じられる。そのため、口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程をマルコフ連鎖モデルとして表現する場合、各農場の感染状態の組み合わせによりマルコフ連鎖モデルの状態変数が定義されるため、状態変数が膨大になるという問題が発生する。したがって、膨大な状態変数を含む非定常マルコフ決定モデルの効率的解法を開発することが必要となる。

以上の問題意識の下に、本研究では口蹄疫の伝染により生じる期待被害額の最小化を達成できるような伝染抑止戦略を求めるための最適伝染リスク抑止モデルを提案する。さらに、宮崎県を対象とした適用事例を通じてモデルの有用性について実証的に検証する。以下、2. では本研究における基本的な考え方を述べる。3. においてモデルを定式化し、4. でモデルの解法を提案する。5. 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 McKendrick¹⁾により提起された伝染症流行モデルは、その後の研究の蓄積^{2)~8)}を経て数理疫学モデルとして体系化^{9)~14)}された。Kermack-McKendrick モデルは、局地的な封鎖人口における伝染病の流行過程を表現したモデルである。その後、ワクチンの接種効果^{15)~17)}や再感染^{18)~20)}を考慮するなどモデルの拡張が試みられている。さらに、Kendall は、Kermack-McKendrick モデルに基づいて決定論的空間

伝搬モデル²¹⁾を提案している。また、空間的伝染メカニズムを内包した積分方程式²²⁾、反応拡散方程式を応用したモデル^{23)–25)}も提案されている。しかし、これらは決定論的モデルであり、空間的伝染リスクを評価できない。その後、インフルエンザを対象としたシミュレーション型空間伝染モデル^{26)–28)}、伝染病の空間的伝染性を考慮した確率モデル^{29),30)}が提案されているが、地域に存在する個別農場が直面するミクロな感染リスクを計量化する分析枠組みを有していない。一方、これらの既往研究に対し、阿部ら³¹⁾は、口蹄疫の時空間的伝染過程を、Keelingら³²⁾による空間的伝染モデル(以下、Keelingモデルと呼ぶ)に基づいて非定常マルコフ連鎖モデル(以下、空間伝染モデルと呼ぶ)を用いて表現している。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、ワクチン接種の効果や予防的殺処分実施の効果を分析するために応用されている^{33),34)}。空間伝染モデルを用いることにより、各農場、並びに地域全体における総殺処分数、口蹄疫感染の終息時間や口蹄疫感染の空間的範囲等に関するリスクを定量的に評価することが可能となる。本研究では、阿部らが提案した空間伝染モデル³¹⁾を部分モデルとして位置づけ、口蹄疫に関する地域防疫計画を策定する上で重要な評価基準となるリスク評価指標を定式化する。その上で、期待被害額を可能な限り抑制するような予防的殺処分等に代表される最適空間的伝染抑止策を求めるためのマルコフ決定モデルを定式化する。この場合、各農場の感染確率が地域全体における口蹄疫感染状態に依存する。さらに、予防的殺処分策は、発症が確認された農場だけでなく、空間的に近接している農場においても殺処分を実施する方策である。したがって、口蹄疫の空間的感染状態は、地域全体における各農場の感染状態の組み合わせとして定義される。このように定義される状態変数の数は膨大な量に及ぶため、状態変数をすべて列挙することが不可能である。このため、膨大な状態変数を含む非定常マルコフ決定過程の効率的解法を開発することが必要となる。本研究では、準モンテカルロシミュレーションを用いて最適伝染リスク抑止モデルの解を求める方法論を提案する。

(2) 口蹄疫の伝染リスク評価

本研究で対象にしている口蹄疫リスクのリスク評価に際しては、口蹄疫の伝染過程の時空間特性を考慮することが必要となる。さらに、予防的殺処分等の伝染拡大抑止戦略の効果を明示的に評価できるリスク指標を定式化することが必要となる。口蹄疫の伝染リスクに関しては、すでにいくつかの研究成果が蓄積されており、実務でも利用されている。動物およびその関連製品の輸出入から口蹄疫ウィルスが進入した事例が多い

ことから、動物や製品の輸出入に伴う口蹄疫ウィルス進入の定量的リスク評価に関する研究が行われている。例えば、Yuら³⁵⁾は、骨抜き肉の輸入から口蹄疫ウィルスが国内に侵入するリスク評価枠組みについて示している。また、Martinez-Lópezら³⁶⁾は、国内への生きた動物の輸入を通じた口蹄疫の発症リスクに関して、定量的に導出する枠組みを提示すると共に、スペインを対象に実際に口蹄疫が発症するリスクの評価を行っている。Morley³⁷⁾も、動物と関連製品の輸入に伴うリスク評価を牛、豚のそれぞれの部位からの感染確率を用いて行っている。他にも、水を通じた口蹄疫の定量的な伝染確率³⁸⁾や、大気中に浮遊している微小粒子(塵)を通じた伝染確率³⁹⁾の導出などが試みられている。これらの研究は、空間的に限定されたミクロなレベルでの口蹄疫の伝染リスクを評価したものであり、地域全体を対象とした口蹄疫の時空間的伝染リスクを評価するものではない。口蹄疫の感染要因は、既往研究が指摘するような動物や関連製品への接触や大気、水など多様な要因が挙げられるが、地域における防疫計画を策定するためには、個別要因に関するリスク評価だけではなく、地域内の各農家やコミュニティが直面する口蹄疫伝染リスクを、地域全体における時空間的伝染確率を用いて評価することが重要である。さらに、口蹄疫の伝染リスクに関する情報を農家の間で共有化し、地域全体としての防疫対策に対する住民の合意を事前に形成しておくことが求められる。また、各農家が直面する口蹄疫感染リスクは、地域全体の口蹄疫感染状態と対応して時間とともに変動する。口蹄疫の防疫計画や危機管理システムを構築するためには、口蹄疫伝染過程の進行に伴って、リアルタイムに口蹄疫の伝染リスクを評価できる分析枠組みが必要である。以上の問題意識の下に、本研究では、地域全体における口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程を非定常マルコフ連鎖モデルを用いて表現するとともに、準モンテカルロシミュレーション法を用いて定量的にリスク評価を実施する方法論を提案する。筆者らの知る限り、口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程を明示的に考慮し、ミクロな立場から個別の農場における感染リスクやマクロな立場から地域全体の被害額、空間的伝染範囲、発生期間に関するリスク評価指標を提案した研究事例は見当たらない。

(3) 本研究の位置づけ

口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針⁴¹⁾(平成16年)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。すなわち、我が国では、口蹄疫を発症した家畜に対しては、殺処分を行うことが基本対策として位置づけられており、原則としては口蹄疫の発症が発覚した翌日までに、発症した家畜を飼育している農場の家畜全てを殺処分することが求められている。さらに、鹿児島県の防疫計画によれば⁴²⁾、殺処分後に、埋却を行うまでは伝染力を有するため、72時間以内に埋却を完了させることを求めている。現実には、口蹄疫の伝染拡大が進行した場合、殺処分を実施する専門家の欠如、殺処分後の埋没地の選定、埋没地整備のための業者や重器機が不十分であるなどの理由から、口蹄疫を発症したにも関わらずそのまま農場に放置される家畜も少なくない。

感染症の伝染リスクを抑止するためには、まずワクチン接種、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戦略が重要な役割を果たす。しかし、このような疫学的戦略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、疫学的戦略の実施を支援するための行政的措置が不可欠である。行政的措置を効率的に実施するためには、あらかじめ感染症の伝染・流行抑止のために移動・交通制限や必要な物資調達のための対策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。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) 期待被害額を最小にするような最適抑止戦略(予防的殺処分戦略)の決定、3) 最適抑止戦略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。すでに、筆者らは、口蹄疫の伝染リスクを評価するために空間伝染モデルを提案している。本研究は筆者らによる空間伝染モデルを用いて期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求める最適伝染リスク抑止モデルを提案することを目的とする。本研究の目的は、特定家畜伝染病防疫指針の基本的考え方に従って、口蹄疫の伝染拡大を抑止するために予防的殺処分を実施する空間的範囲を事前に決定するための方法論を目的とする。その際、予防的殺処分の対象となる空間的範囲を大きくとれば、伝染リスクを低減することができるが、逆に殺処分による被

害額が増加する。本研究では伝染リスクの拡大による被害と殺処分による被害の双方を同時に考慮し、期待被害額を最小にするような最適抑止戦略(予防的殺処分の空間的範囲)を決定する問題を取りあげる。

なお、本研究は、あくまでも規範的な視点から期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求めることを目的としており、最適抑止計画を実現するための調達計画の内容に関しては考慮しない。このことは、口蹄疫の空間的伝染を抑止するための予防的殺処分対象の決定問題と、予防的殺処分を決定するための人材、資材の調達問題の間には、意思決定上の階層性が存在するという判断に基づいている。地域に口蹄疫が発生すれば、最適抑止戦略(予防的殺処分)を実施する空間的範囲と執行期間が決定される。このような最適抑止戦略(上位戦略)の決定を受けて、最適抑止戦略を執行するために必要となる人材、資材の調達量が明らかとなる。最適抑止戦略の実行可能性を担保するためには、地域内で即時に調達可能な人材、資材量(地域キャパシティ)を明確にするとともに、必要調達量が地域キャパシティを超過するリスクが大きくなれば、必要なタイミングで、より広域的な行政主体(国)に対して支援を依頼することが不可欠となる。さらに、調達資源量の制約が顕在化した場合を想定し、資源を配分する優先順位を決定することも必要となる。このような物資調達戦略に関する議論は、本研究で明らかにした最適抑止戦略を与件として議論すべき課題であり、その成果はつぎの機会に発表することとする。

3. 最適伝染リスク抑止モデル

(1) モデルの概要

口蹄疫の感染・発症とその終息に至るまでの過程を図-1に示すような離散的な時間過程として把握する。時点 $x = 0$ に感染第一事例が発生し、カレンダー時間上の時刻 t_0 に、ある農場において口蹄疫の発症が確認される。口蹄疫の潜伏期間は l であり、感染から l 期後に発症する。潜伏期間 l は確定値であり与件とする。観測者にとって、同図における発症状態が直接観測可能である。感染状態は、現実に進行している口蹄疫の感染、発症過程を表しているが、潜伏期(図中の黄色い三角記号)の状態は直接観察できない。口蹄疫の発症が確認された時点で、事後的に感染していたことを知ることができるが、未発症状態で予防的殺処分を実施した場合、感染の有無は不確実なままである。ここで、図-1に示すように、カレンダー時刻 t_0 を始点とする離散時間軸 $y = 0, 1, \dots$ 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。最初の発症事例が観察されて、発症が終息するまでの期間を、1) 初期対応準

図-1 離散的時間軸

備期間と、2) 計画的対応期間という2つの期間に分類する。疫学的検査を行うことなく、口蹄疫の感染状態を確認することは出来ない。したがって、口蹄疫の発病を確認するための疫学的検査が実施される。発症が発見されたのち、時点 $y = \tau$ に初動体制が整う。 $y = \tau$ において最初の殺処分が実施され、対象地域全体において、口蹄疫が終息するまで家畜の移動が全面的に禁止される。離散時間軸上の期間 $[0, \tau)$ を初期対応準備期間と呼ぶ。初期対応準備期間に口蹄疫の抑止計画が策定される。つぎに、時点 $y = \tau$ から、口蹄疫の空間的伝染を抑止するための対応が実施される。期間 $[\tau, \tau + T]$ を計画的対応期間と呼ぶ。 T は計画的対応期間長であり、当該期間内に口蹄疫リスクが終息する。終息時点は口蹄疫伝染過程と対応して内生的に決定されるが、ここでは計画期間長 T を十分大きい整数で与える。記述の便宜を図るため、離散時刻 $y = \tau$ を $t = 0$ 、終息時点 $y = \tau + T$ を $t = T$ とする局所的離散軸 $t = 0, \dots, T$ を新たに導入する。計画的対応期間では、口蹄疫を発症、または感染の見込みが高い家畜に対して殺処分を行う。なお、殺処分能力に限界がある場合、感染の可能性がある農場の家畜に対してワクチンを投与することにより、一時的に口蹄疫の発生リスクを抑止することが必要となる。一般に、ワクチン投与は口蹄疫の再感染を軽減するために実施されるものであり、殺処分能力に余裕が生まれれば、逐次殺処分されることになる。このように殺処分能力に制約が存在する場合、各時点において、1) ワクチン投与の対象となる農場、および、2) 殺処分を行使する農場を選択することが課題となる。以上のような問題意識の下に、以下では期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求める最適伝染リスク抑止モデルを定式化する。その際、口蹄疫伝染による被害として、家畜の殺処分による資産価値の喪失、および殺処分費用を計上する。口蹄疫感染地域においては移動禁止措置が講じられるが、移動禁止による社会的費用は考慮しない。期待被害額を最小にするように口蹄疫の伝染を抑止することにより、結果的に口蹄疫の発生期間を可能な限り短くすることに貢

献できると考える。

(2) 初期対応準備期間

ある閉鎖的地域における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ連鎖モデルを用いて表現する。対象とする地域に N 箇所の農場が立地しており、各農場は1種類の家畜のみを飼育していることとする。時点 $y = 0$ において、単一もしくは複数農場に最初の口蹄疫の感染事例が発生した場合を想定する。

いま、初期時点 t_0 から初動対応体制が完了するまでの初期対応準備期間 $[t_0, t_0 + \tau)$ に着目する。初期時点において、対象とする地域に N 箇所の農場が立地している。最初に発症が確認された農場を初期感染農場と呼び、 i と定義する。農場において飼育している家畜の種類が異なる。家畜によって潜伏期間が異なるため、農場 i の潜伏期間を l_i と表記する。初期感染農場は、時刻 $t_0 - l_i + 1$ から時刻 t_0 にかけて口蹄疫の空気感染を進行させる。そのため、 t_0 において口蹄疫に感染している農場は、初期感染農場以外にも存在しうる。さらに、初期対応準備期間では、口蹄疫を発症した家畜の殺処分は実施されない。そのため、初期対応準備期間 $[t_0, t_0 + \tau)$ では、口蹄疫の伝染は進行し、時間が経過するにつれて口蹄疫の発症が確認される。口蹄疫の感染状態 $s_i(y)$ を

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

と表す。時点 y における地域全体における口蹄疫の感染状態を表す状態変数（以下、感染システム状態変数と呼ぶ）を各農場の感染状態の変数 $s_i(y)$ の組 $\mathbf{S}(y) = \{s_1(y), \dots, s_N(y)\}$ を用いて定義する。感染状態変数に関して、 $s_i(y) = 0, \dots, l_i + 1$ という $l_i + 2$ 種類の状態を取りえる。感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h =$

$(s_1^h, \dots, s_N^h)$ ($h = 1, \dots, K$) は, $K = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 2)$ 組の感染状態ベクトル $\mathbf{S}_h = (0, 0, \dots, 0), (1, 0, \dots, 0), \dots, (0, 1, 0, \dots, 0), \dots, (\iota_i + 1, \iota_i + 1, \dots, \iota_i + 1)$ で表現できる.

時点 y ($y = -\iota_i, \dots, \tau$) において, 感染システム状態 $\mathbf{S}_h$ である時に, 未感染状態であった農場 i に, 時点 $y + 1$ において口蹄疫に感染する確率 $\rho_i(\mathbf{S}_h)$ (以下, 伝染モデルと呼ぶ) を Keeling モデル³²⁾を用いて

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

と表現する. ただし, $J(\mathbf{S}_h)$ は感染システム状態 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり, $J(\mathbf{S}_h) = \{j | s_j^h = 1, \dots, \iota_i + 1; j = 1, \dots, N\}$ 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. なお, 感染システム状態 $\mathbf{S}_h$ 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

$$q_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \rho_i(\mathbf{S}_h) \quad (4)$$

が成立する. このとき, 推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h)$ は

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k + 1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 1, s_i^g = \iota_i + 1 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5)$$

と表される. ここで, $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(y+1) = s_i^g | \mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h\}$ は, 時点 y において地域全体の感染システム状態が $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ の場合に, 農場 i のミクロ状態 $s_i(y) = s_i^h$ ($s_i^h = 0, \dots, \iota_i + 1$) が時点 $y + 1$ に状態 $s_i(y+1) = s_i^g$ ($s_i^g \geq s_i^h$) に推移する確率である. この時, 感染システム状態 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(y+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 Π_{hg} は

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

と定義できる. このとき, y 期の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y)$ から $y + 1$ 期 (次期) の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y+1)$ への推移確率を表すマルコフ

推移確率行列 Π は

$$\Pi = \begin{pmatrix} \Pi_{11} & \cdots & \Pi_{1g} & \cdots & \Pi_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{h1} & \cdots & \Pi_{hg} & \cdots & \Pi_{hK} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{K1} & \cdots & \Pi_{Kg} & \cdots & \Pi_{KK} \end{pmatrix} \quad (7)$$

と表される. 感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $P_h(y)$ ($h = 1, \dots, K$) と表し, 感染システム状態の生起確率ベクトル $\mathbf{P}(y) = \{P_1(y), \dots, P_K(y)\}$ と表記する. このとき, 地域全体における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\mathbf{P}(y+1) = \mathbf{P}(y)\Pi \quad (8)$$

と表すことができる. 時点 $y = \tau$ において初期対応準備期間が終了し, 計画的対応期間が開始する. 初期対応準備期間の終了時点における感染システム状態の生起確率は $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ と表される.

(3) 計画的対応期間

時点 $y = \tau$ ($t = 0$) において, 口蹄疫の殺処分体制が整う. 計画的対応期間 t ($t = 0, \dots, T$) においては, 各期の期首にある農場において口蹄疫の発症状態が確認されると, 直ちに当該農場で飼育されているすべての家畜が殺処分される. それと同時に, 口蹄疫の発症が確認された近傍の農場においても, 口蹄疫の空間的伝染を抑止するために, 口蹄疫の発症が確認されていなくても家畜の予防的殺処分が実施される. 過去の口蹄疫伝染事例では, 該当する農家との交渉に時間を要し, 殺処分の実施に遅延が生じた. 本研究では, 行政と農家の間で予防的殺処分実施に関する取り決めを事前に締結しており, 殺処分に必要となる人材, 資材の調達に制約がない場合, 殺処分は直ちに終了すると仮定する. ただし, 殺処分能力に上限があるために, 必ずしもすべての農場において直ちに殺処分の実施が可能なわけではない. ある時点における殺処分需要が処理能力を超過した場合, 殺処分工程の開始に遅延が生じることになる. 殺処分工程に遅延が生じた場合, 殺処分されないまま放置される家畜が存在する. 本研究では殺処分に着手できない家畜に関しては, 直ちにワクチンが接種されると考える. なお, ワクチンはウイルス株毎に開発されるため, 接種されるワクチンは家畜種別に依らず同一のものとする. ワクチンを接種しても口蹄疫の感染, 発症を完全には抑止できないため, 殺処分能力に余裕が生じた場合にはワクチンを接種された家畜も殺処分されることになる. 発症が観察された農場で殺処分が延期される場合は, 殺処分が終了するまでの期間は口蹄疫が発症した状態が継続すると考える. 一方, 予防的殺処分が決定した農場で殺処分が延

期される場合は、現在のところワクチン接種の有効性に不確実性が存在するため、安全側に立ちワクチン接種の効果が存在しないと仮定する。すなわち、殺処分が終了するまでの期間は、マルコフ推移確率行列 $\mathbf{\Pi}$ に従って感染状態が推移していくと考える。殺処分の対象となる家畜数が殺処分能力を超過する場合、殺処分の優先順位を決定することが必要となる。この問題に関しては、改めて 5. (3) で議論することとする。

計画的対応期間における農場 i ($i = 1, \dots, N$) における口蹄疫の感染状態 $\tilde{s}_i(t)$ を

$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した状態} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_i & \iota_i - 1 \text{ 期に感染した状態} \\ \iota_i + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \\ \iota_i + 2 & \text{ワクチンを接種した状態} \\ \iota_i + 3 & \text{殺処分が終了した状態} \end{cases} \quad (9)$$

と表す。時点 t の地域全体における口蹄疫の感染状態を表す感染システム状態変数を各農家の感染状態の変数 $\tilde{s}_i(t)$ の組 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \{\tilde{s}_1(t), \dots, \tilde{s}_N(t)\}$ を用いて定義する。感染状態変数 $\tilde{s}_i(t)$ ($i = 1, \dots, N$) に関して、 $\tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i$ という $\iota_i + 4$ 種類の状態を取りえる。感染システム状態変数 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) は、 $\tilde{K} = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 4)$ 組の感染状態ベクトルを用いて表現できる。口蹄疫の伝染抑止戦略は、1) 殺処分の対象となる農場を決定するルール、2) 実際に殺処分を実施する農場の順位を決定するルールにより構成される。

いま、ある時点において、感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が観測された場合を考える。今後の議論のため感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ に基づいて 3 種類の農場集合

$$U(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i + 1\} \quad (10a)$$

$$I(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i + 2\} \quad (10b)$$

$$H(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = \iota_i + 3\} \quad (10c)$$

を定義する。 $U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は、過去に口蹄疫の伝染抑止戦略(殺処分、ワクチン接種)を行使していない農場集合、 $I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は殺処分の検討対象となる農場集合、 $H(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ はすでに殺処分が執行された農場の集合である。この時、感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ を与件とする条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) をダミー変数ベクトル $\xi^h = \{(v_1^{\xi^h}, \delta_1^{\xi^h}), \dots, (v_N^{\xi^h}, \delta_N^{\xi^h})\}$ を用いて定義する。ただし、 Ξ^h は、システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ の場合に適用可能な条件付き伝染抑止戦略集合である。当該時点において、条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ の下で農場 $i \in U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ を新たに殺処分の対象にするかどうかを表すダミー変数

$v_i^{\xi^h}$ を

$$v_i^{\xi^h} = \begin{cases} 1 & \text{殺処分対象に決定する} \\ 0 & \text{殺処分の対象としない} \end{cases} \quad (11)$$

と定義する。農場 $i \notin U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ に対しては $v_i^{\xi^h} = 0$ が成立する。殺処分能力に制約が存在するため、農場集合 $I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ の中から、実際に殺処分が実施される農場が選択される。そこで、感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ の下で、当該時点において農場 $i \in I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ において伝染抑止戦略 ξ^h に基づいて殺処分を執行するかどうかを表すダミー変数 $\delta_i^{\xi^h}$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}, i = 1, \dots, N$) を

$$\delta_i^{\xi^h} = \begin{cases} 1 & \text{殺処分を執行する} \\ 0 & \text{殺処分を執行しない} \end{cases} \quad (12)$$

と定義する。なお、すでに殺処分を実施した農場 $i \in H(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ に関しては $\delta_i^{\xi^h} = 0$ が成立する。当然のことながら、ダミー変数 $\delta_i^{\xi^h}$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}, i = 1, \dots, N$) は

$$\sum_{i=1}^N \delta_i^{\xi^h} m_i^r \leq L \quad (13)$$

を満足しなければならない。ただし、 L は殺処分能力の上限値を表す。条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) を適用した場合、ミクロ状態 $\tilde{s}_i^h, \tilde{s}_i^g$ ($i = 1, \dots, N$) 間の推移確率 $\tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \begin{cases} \tilde{q}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_i^h = 0, \tilde{s}_i^g = 0, v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ \tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_i^h = 0, \tilde{s}_i^g = 1, v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = k, \tilde{s}_i^g = k + 1, v_i^{\xi^h} = 0, \\ & \delta_i^{\xi^h} = 0 \ (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & \tilde{s}_i^h = 0, \dots, \iota_i + 1, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 2, \\ & v_i^{\xi^h} = 1, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = 0, \dots, \iota_i + 1, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3, \\ & v_i^{\xi^h} = 1, \delta_i^{\xi^h} = 1 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 2, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 2, \\ & v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 2, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3, \\ & v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 1 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 3, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3 \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (14)$$

と定義される。ただし、 $\tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \sum_{j \in \tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)} \kappa(d_{ij}) \right\} \quad (15)$$

であり、 $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり、 $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{j | \tilde{s}_j^h = 1, \dots, \iota_i + 2; j = 1, \dots, N\}$ と定義できる。また、

$$\tilde{q}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (16)$$

が成立する.

式 (14) は式 (5) に示した推移確率に, 殺処分実施に関する状態変数を付加した内容になっている. 推移確率 (14) を用いて, 条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ 下における計画的対応期間中の感染システム状態 $\tilde{S}(t) = \tilde{S}_h$ から状態 $\tilde{S}(t+1) = \tilde{S}_g$ への推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h}$ は

$$\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} = \prod_{i=1}^N \tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{S}_h) \quad (17)$$

と表現できる. ここで, 条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ が, 感染システム状態 $\tilde{S}_h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) のそれぞれに対して定義されることに着目すれば, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を条件付き伝染抑止戦略ベクトル $\xi = (\xi^1, \dots, \xi^{\tilde{K}})$ を用いて定義することができる. Ξ は感染伝染戦略集合である. さらに, $\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h}$ を (h, g) 要素とする推移確率行列を $\tilde{\Pi}^\xi = \{\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} : h, g = 1, \dots, \tilde{K}\}$ と表す. 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を実施した時に実現する状態変数ベクトル $\tilde{S}(t)$ から $\tilde{S}(t+1)$ の間の推移確率を表すマルコフ推移確率行列を

$$\tilde{\Pi}^\xi = \begin{pmatrix} \tilde{\Pi}_{11}^{\xi^1} & \dots & \tilde{\Pi}_{1\tilde{K}}^{\xi^1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{\Pi}_{\tilde{K}1}^{\xi^{\tilde{K}}} & \dots & \tilde{\Pi}_{\tilde{K}\tilde{K}}^{\xi^{\tilde{K}}} \end{pmatrix} \quad (18)$$

と定義する. さらに, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を適用した場合に実現する感染システム状態変数 $\tilde{S}(t) = \tilde{S}_k$ の生起確率を $\tilde{P}_k^\xi(t)$ ($k = 1, \dots, \tilde{K}$) と表し, 感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}^\xi(t) = \{\tilde{P}_1^\xi(t), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}^\xi(t)\}'$ と表記する. この時, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\tilde{\mathbf{P}}^\xi(t+1) = \tilde{\Pi}^\xi \tilde{\mathbf{P}}^\xi(t) \quad (19)$$

と表すことができる. ただし, 計画的対応開始時点 $t = 0$ における感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}(0) = \{\tilde{P}_1(0), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}(0)\}$ は, 初期対応の準備完了時点の感染システム状態生起ベクトル $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_{k'}(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ を用いて

$$\tilde{P}_k(0) = \begin{cases} P_{k'}(\tau) & \tilde{S}_k = \mathbf{S}_{k'} \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (20)$$

と定義される.

(4) 最適伝染リスク抑止モデルの定式化

条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ は, 当該の戦略が適用される時点に関わらず, 感染システム状態 $\tilde{S}_h$ に依存して定義される. したがって, 感染システム状態 $\tilde{S}_h$ が生起したことを与件として, それ以降, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を行使することにより実現する期待被害額を $V^\xi(\tilde{S}_h)$ と表す. 期待被害額の当該期割引現在価値は, 感染システム状態 $\tilde{S}_h$ が生起する時点に依存しない. そ

こで, 期待被害額の当該期割引現在価値を, 状態変数に関して再帰的に定義することを考える.

いま, タイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜 1 頭あたりの殺処分に必要な費用を c^r で表す. 家畜が殺処分されることによりタイプ r の家畜 1 頭当たり v^r の損失が発生する. 家畜の損失および殺処分に必要な費用は, 殺処分を決定した時点で発生すると考える. 政府は地域全体において発生する期待被害額を最小化するように最適伝染抑止戦略を決定する. いま, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を適用する場合を考える. 感染システム状態 $\tilde{S}(t) = \tilde{S}_h$ の下で実現する期待被害額 $\tilde{V}^\xi(\tilde{S}_h)$ は再帰的に

$$\begin{aligned} \tilde{V}^\xi(\tilde{S}_h) = & \sum_{i=1}^N \sum_{r=1}^R \left\{ \delta_i^{\xi^h} (c^r + v^r) m_i^r + \gamma_i^{\xi^h} w m_i^r \right\} \\ & + \frac{1}{1+\lambda} \sum_{g \in \mathcal{R}(\tilde{S}_h)} \tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} \tilde{V}^\xi(\tilde{S}_g) \end{aligned} \quad (21)$$

と定式化できる. ただし, $\mathcal{R}(\tilde{S}_h)$ は感染システム状態 $\tilde{S}_h$ から 1 期後に到達可能な感染システム状態を表す. また, w はワクチン投与費用であり, λ は割引率である. $\gamma_i^{\xi^h} = v_i^{\xi^h} (1 - \delta_i^{\xi^h})$ は伝染抑止戦略 ξ^h に基づいてワクチン接種をしたときに 1 を, そうでないときに 0 をとるダミー変数である. 計画的対応期間の初期時点 (計画対応開始時点) $t = 0$ において, 感染システム状態 $\tilde{S}_h$ のときに発生する期待被害額も式 (21) を用いて再帰的に $V^\xi(\tilde{S}_h)$ と表現できる. 式 (20) を用いて, $\tilde{S}_h$ をそれと対応する $\mathbf{S}_k$ に置換すれば, $V^\xi(\mathbf{S}_k) = \tilde{V}^\xi(\tilde{S}_h)$ が成立する. 計画対応開始時点 $t = 0$ の感染システム状態 $\mathbf{S}_k$ に対して, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する期待被害額の割引現在価値 $V_0^\xi(\mathbf{S}_k)$ は, 式 (21) で定義される期待被害額が時点 t に依存せず, 感染システム状態 $\mathbf{S}_k$ のみに依存するため次式が成立する.

$$V_0^\xi(\mathbf{S}_k) = \tilde{V}^\xi(\tilde{S}_k) \quad (22)$$

いま, 初期対応期間の時点 $y = \tau$ において計画的対応期間が開始すると考える. 時点 $t = 0$ の感染システム状態を $\mathbf{S}_0$ と表し, 時点 $y = \tau$ において感染システム状態 $\mathbf{S}_k$ が生起する確率を $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ と表せば最適伝染リスク抑止モデルは

$$\begin{aligned} V_0^{\xi^*} = & \min_{\xi \in \Xi} \tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0) \\ = & \min_{\xi \in \Xi} \sum_{k=1}^K P_k(\tau) V_0^\xi(\mathbf{S}_k) \end{aligned} \quad (23)$$

と定式化できる. ξ^* は最適戦略を表す.

4. モデルの解法

(1) 基本方針

最適伝染リスク抑止モデル (23) は, 感染システム状態に対して再帰的に定義される非定常マルコフ連鎖モ

デルを内包している．再帰的關係は，感染システム状態間に成立する半順序關係に基づいて定義されるという特徴がある．このような半順序關係を用いて，後ろ向きに初期時点における期待被害額を算出することができる．しかし，本モデルの場合，システム変数 $\tilde{S}_h$ の個数は $\prod_{i=1}^N (l_i + 3)$ となる．対象地域における農場数が多くなれば，システム変数の数が膨大になるという問題がある．また，感染システム状態間の半順序關係に基づいて，感染システム状態のツリーネットワークを網羅的に構成することは現実的に不可能である．本研究では，最適伝染リスク抑止モデルの実用化を図るために，準モンテカルロシミュレーションを用いた解法を提案する．

周知のように，モンテカルロ法は，乱数を用いて偶然事象の発生をシミュレートし，対象とする問題の近似値を得る方法の総称であり，多くの分野に応用されている．一方で，モンテカルロ法は計算量が膨大になることから，いかに計算量を減少させ，精度を向上させるかが課題となる．このような課題に対して，計算速度と計算精度を改善した超一様分布列を用いた準モンテカルロ法が考案されている^{43), 44)}．モンテカルロ法では一般に $[0, 1)$ から種を用いて疑似乱数列を発生させてシミュレーションを実施するのに対し，準モンテカルロ法では，乱数の一様性を確保しながら準乱数を発生させる．これらは超一様分布列と呼ばれ，Halton 列や Sobol 列，Faure 列など様々な超一様分布列が考案されている⁴³⁾．超一様分布列を用いたモンテカルロ法は準モンテカルロ法と呼ばれ，本研究では，それらの中から Faure 列に改良を施した一般化 Faure 列を用いることとする．なお，一般化 Faure 列の発生方法については，田村・白川⁴⁵⁾や Shinoda⁴⁶⁾を参照されたい．また，一般化 Faure 列の一様性及び構造物の信頼性解析への応用事例については篠田らの研究^{47), 48)}がある．

準モンテカルロ法の特徴は，モンテカルロ法がランダムな数列を用いるのと異なり，準乱数を用いるところにある．シミュレーションに組み込むに当たっては，田村・白川⁴⁵⁾が提唱している手法を用いる．田村・白川⁴⁵⁾が提案した一般化 Faure 列は，標準的な Faure 列に比べて高い収束性を示すとともに，疑似乱数に近い振る舞いを示すことから，発生が希少な感染システム状態まで含めて，ほぼ網羅的にサンプリングすることが可能となる．一般化 Faure 列の点列 $\mathbf{x}_u = (x_u^{(1)}, \dots, x_u^{(z)}, \dots, x_u^{(\bar{z})})$ を，つぎのように定義する．まず， $\bar{u}$ 以下の整数 u を一様乱数により発生させる． $\bar{z}$ を z の取り得る最大値とし，基数 b を次元 $\bar{z}$ 以上の最小の素数とする．そのうえで，整数 u を基数 b を用いた digit 展開

$$u = a_s b^s + a_{s-1} b^{s-1} + \dots + a_1 b + a_0 \quad (24)$$

により表現する．第 1 次元の $x_u^{(1)}$ を，基数 b による基

底逆関数を用いて定義する．すなわち，一般化 Faure 列の第 1 次元 $x_u^{(1)}$ は

$$x_u^{(1)} = \frac{a_0}{b} + \frac{a_1}{b^2} + \dots + \frac{a_{s-1}}{b^s} + \frac{a_s}{b^{s+1}} \quad (25)$$

と表される．第 $z (\geq 2)$ 次元目の $x_u^{(z)}$ は，

$$x_u^{(z)} = \frac{a_0^{(z)}}{b} + \frac{a_1^{(z)}}{b^2} + \dots + \frac{a_{s-1}^{(z)}}{b^s} + \frac{a_s^{(z)}}{b^{s+1}} \quad (26)$$

となる．ただし，

$$\begin{pmatrix} a_0^{(1)} \\ a_1^{(1)} \\ \vdots \\ a_s^{(1)} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} e_1 & & & \\ & e_1 & & \\ & & e_1 & \\ & & & \ddots \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_0 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_s \end{pmatrix} \quad (27a)$$

$$\begin{pmatrix} a_0^{(z)} \\ a_1^{(z)} \\ \vdots \\ a_s^{(z)} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} e_z & & & \\ & e_z & & \\ & & e_z & \\ & & & \ddots \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} {}_0C_0 & {}_1C_0 & {}_2C_0 & \cdots \\ & {}_1C_1 & {}_2C_1 & \cdots \\ & & {}_2C_2 & \cdots \\ & & & \ddots \end{pmatrix}^{z-1} \begin{pmatrix} a_0 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_s \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} z \\ z \\ \vdots \\ z \end{pmatrix} \quad (27b)$$

(ただし， $a_{\bar{s}}^{(z)} (\bar{s} = 0, \dots, s)$ は $\text{mod } b$ を満足する)

である．ここで， $e_z = (\zeta)^z (\text{mod } b)$ ， ζ は基数 b を法とする原始根である．なお， ζ が基数 (素数) b の原始根とは， ζ を $b-1$ 乗してはじめて b を法とする剰余系で 1 と合同になることを意味する．以上の方法で，点列 $\mathbf{x}_u$ が生成されれば，つぎの整数 $u (\leq \bar{u})$ を一様乱数により発生させ，以上の手順を繰り返す．シミュレーションで準乱数を用いる場合に外生的に与えるパラメータは， $\bar{z}$ ， $\bar{u}$ と b である．これらの値は準乱数の発生周期に密接に関わっており，準乱数の精度と発生速度を最も早くするためには，比較的小さな $\bar{z}$ ， b を選択するのが妥当である．本研究では，Faure 列において $\bar{z}$ ， $\bar{u}$ の感度分析を行った Fox⁴⁹⁾の成果に基づき， $\bar{z} = 4$ ， $\bar{u} = 7000$ ， $b = 5$ として発生させた準乱数 $x_u^{(z)}$ をシミュレーションに用いた．なお，本研究で対象とするマルコフ過程の状態変数の数は膨大であり，準乱数を用いても状態変数のすべてを網羅することは不可能であり，準モンテカルロ法を用いて算定した最適関数値 $\tilde{V}^{\bar{\epsilon}}(\mathbf{S}_0)$ は近似値にとどまらざるを得ない．5. (5) において，最適関数値の近似精度に関して感度分析を試みる．

(2) 解法

初期対応期間, 計画的対応期間を通じて感染システム状態変数の数が膨大になるため, 感染システム状態の時間変化パターンをマルコフ連鎖モデルを用いて明示的に記述することは不可能である. 本研究では, 準モンテカルロ法を用いて, 時間的に展開する感染システム状態の推移パターンを表すサンプルパスを発生させる. 各サンプルパス上では, 感染システム状態は確定値であり, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば, 計画的対応期間における殺処分, ワクチン接種する農場が確定的に求まる. いま, 初期時点 $y = 0$ において口蹄疫を発症する農場を初期条件として与える. 初期時点において, どの農場に口蹄疫が発生するかという事象は確率的事象であり, 初期条件の与え方には任意性が残る. 本研究では, 都道府県レベルにおける口蹄疫伝染抑止計画を策定する上で, 対象地域において最悪のシナリオを想定する方法を採用する. このため, 対象地域における農場の重心にもっとも近い農場を初期発生農場として設定する. 現実には, 口蹄疫の発生を確認した段階では, その農場を初期農場として設定し, 以下で述べるシミュレーションの方法を適用することにより口蹄疫伝染リスクを評価することも可能である.

初期対応期間中は, 家畜の殺処分を実施せず, 状態推移確率 (5) に基づいて伝染が進行する. したがって, 初期状態の感染システム状態 $S(0) = S_0$ が与えられれば, $y = 1$ 以降の感染システム状態はマルコフ連鎖 (8) によって推移する. また, この間においても, 感染農場は未感染の農場に対して感染能力を有する. いま, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ に対してサンプルパスを合計 M 本発生させる場合を考える. サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$) のそれぞれに対して, 準モンテカルロ法により計画的対応期間の開始時点 $y = \tau$, $t = 0$ における感染システム状態 $\tilde{S}_h$ を求める. 計画的対応期間においては, 伝染抑止戦略が感染システム状態 $\tilde{S}_h$ に依存して決定される. 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば, サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$) のそれぞれに対して, 計画的対応期間の感染システム状態の時間的推移パターン $\tilde{S}_{(k)}^\xi = \{\tilde{S}_{(k)}^\xi(0), \dots, \tilde{S}_{(k)}^\xi(T)\}$ が確定する. ただし, $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t) = \{\tilde{s}_{1(k)}^\xi(t), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^\xi(t)\}$ は伝染抑止戦略 ξ の下で実現したサンプルパス k ($k = 1, \dots, M$) において時点 t に観察される感染システム状態である. さらに, 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する感染システム状態のサンプルパス上で農場 i ($i = 1, \dots, N$) で行使される戦略をダミー変数 $\delta_{i(k)}^{\xi h}, \gamma_{i(k)}^{\xi h}$ と表記する. この時, サンプルパス上で発生する被害 $C_{(k)}^\xi(S_0)$ は

$$C_{(k)}^\xi(S_0) = \sum_{t=0}^T \sum_{i=1}^N \sum_{r=1}^R \left(\frac{1}{1+\lambda} \right)^{t+\tau}$$

図-2 最適戦略を求める手順

$$\left\{ \delta_{i(k)}^{\xi h} (c^r + v^r) m_i^r + \gamma_{i(k)}^{\xi h} w m_i^r \right\} \quad (28)$$

と定式化できる. 準モンテカルロ法を用いて初期時点 $t = 0$ の感染システム状態 S_0 を起点とする M 本のサンプルパスを発生させることにより伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する費用の期待値 $\tilde{V}^\xi(S_0)$ を

$$\tilde{V}^\xi(S_0) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M C_{(k)}^\xi(S_0) \quad (29)$$

と近似できる.

以上の考え方に基づいて最適伝染抑止モデルの最適戦略を求める手順を図-2に示しているが, 以下のようにとりまとめることができる.

- **ステップ0** 初期状態 S_0 を設定する. 期待被害額 V^{min} を十分に大きい値に設定する.
- **ステップ1** 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を設定する. $k = 1$ とする.
- **ステップ2** 準モンテカルロ法を用いて計画的対応期間における開始時点 $t = 0$ における感染システム状態 $\{\tilde{S}(0)_{(k)}^\xi\}$ を求める. $t = 1$ とする.
- **ステップ3** 感染システム状態 $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t)$ に対して伝染抑止戦略 $\delta_{i(k)}^{\xi h}, \gamma_{i(k)}^{\xi h}$ を行使する.

- **ステップ4** マルコフ推移確率 $\hat{\Pi}^\xi$ を用いて、感染システム状態 $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t+1)$ を求める。
- **ステップ5** $t = T$ であれば、**ステップ6**へ進む。そうでない場合は $t = t+1$ として、**ステップ3**へ戻る。
- **ステップ6** 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 $\tilde{V}^\xi(S_0)$ を求める。 $\tilde{V}^\xi(S_0) < V^{min}$ の場合、 $\tilde{V}^\xi(S_0) = V^{min}$ として **ステップ7**へ進む。そうでなければ、そのまま **ステップ7**へ進む。
- **ステップ7** すべての伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 $\tilde{V}^\xi(S_0)$ を求めた場合、アルゴリズムは終了する。そうでない場合、新しい伝染抑止戦略 $\xi' \in \Xi$ を求め、 $k = 1$ として **ステップ2**に戻る。

(3) リスクマネジメント指標

最適伝染リスク抑止モデル(23)は口蹄疫の空間的伝染により発生する期待被害額を最小にするような伝染抑止戦略を求めるモデルである。口蹄疫の伝染抑止計画を策定する際には、地域農家との間で予防的殺処分に関する合意形成を行っておくことが重要である。さらに、口蹄疫の伝染抑止に関わる関係機関、自治体の間で殺処分能力を確保するために必要となる人員、物資調達に関する事前調整を行っておく必要がある。このような合意形成や事前協議を実施するためには、地域全体で発生する期待被害額だけではなく、空間的に拡大する可能性がある口蹄疫伝染リスクに関する情報を関係者に提示することが必要となる。さらに、口蹄疫の発生による家畜資産の損壊という災害リスクマネジメント(以下、口蹄疫リスクマネジメントと呼ぶ)を実施する上で、リスクマネジメントの効率性を評価するための評価指標を開発することが必要となる。本研究では、このようなリスクマネジメント指標として、a)被害額、b)家畜殺処分数、c)感染地域の空間的範囲、d)発生期間長に着目する。いずれも、初期時点において、口蹄疫の発生が確認された時点において、口蹄疫の発生が終息した時点において、それぞれの指標の確率分布を予測することを目的とする。

a) 被害額

口蹄疫伝染過程には不確実性が介在し、初期時点において地域で展開する口蹄疫の伝染・抑止過程を予測することは不可能である。本研究では、準モンテカルロ法を用いて、口蹄疫の伝染・抑止過程を表現するサンプルパスを発生する。このように発生したサンプルは、それぞれ現実に地域で出現する可能性のある伝染・抑止過程を表現している。1つのサンプルパスが発生した場合、このサンプルパス上で発生する被害額 $C_{(k)}^\xi(S_0)$ は式(28)で表される。この情報を用いれば、初期時点において伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を採用した場合に、将来

時点で発生する口蹄疫被害額の確率分布を評価することができる。ここで、ダミー変数 $\chi_{(k)}^\xi(C)$ を

$$\chi_{(k)}^\xi(C) = \begin{cases} 1 & : C_{(k)}^\xi(S_0) \leq C \text{ のとき} \\ 0 & : C_{(k)}^\xi(S_0) > C \text{ のとき} \end{cases} \quad (30)$$

と定義する。このとき、被害額の分布関数 $F^\xi(C)$ は

$$\tilde{F}^\xi(C) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \chi_{(k)}^\xi(C) \quad (31)$$

で近似される。

b) 家畜殺処分数

サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$) において、すべての農場 i ($i = 1, \dots, N$) においてマイクロ状態 $\tilde{s}_{i(k)}^h$ が0もしくは $\iota_i + 3$ の値をとった時点を経過した時点 $T^{(k)}$ と定義する。終息時点 $T^{(k)}$ は内生的に決定される。口蹄疫の終息時点 $T^{(k)}$ で実現した感染システム状態は $\tilde{S}_{(k)}^\xi(T^{(k)}) = \{\tilde{s}_{1(k)}^\xi(T^{(k)}), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^\xi(T^{(k)})\}$ と表せる。ダミー変数 $\nu_{i(k)}^\xi$ を

$$\nu_{i(k)}^\xi = \begin{cases} 1 & : \tilde{s}_{i(k)}^\xi(T^{(k)}) = \iota_i + 3 \text{ のとき} \\ 0 & : \tilde{s}_{i(k)}^\xi(T^{(k)}) = 0 \text{ のとき} \end{cases} \quad (32)$$

と定義する。このとき、家畜総殺処分数の分布関数は

$$\tilde{\sigma}^\xi(n) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \mu_{(k)}^\xi(n) \quad (33)$$

で近似される。なお、 $\mu_{(k)}^\xi(n)$ はダミー変数であり、

$$\mu_{(k)}^\xi(n) = \begin{cases} 1 & : \sum_{i=1}^N \nu_{i(k)}^\xi m_i \leq n \text{ のとき} \\ 0 & : \sum_{i=1}^N \nu_{i(k)}^\xi m_i > n \text{ のとき} \end{cases} \quad (34)$$

と定義される。

c) 空間的範囲

戦略 $\xi \in \Xi$ の下で、最終時点 $t = T$ における感染システム状態 $\tilde{S}_h$ が生起する確率 $\tilde{P}_h^\xi(T)$ を用いて、最終時点において殺処分の対象となる農場の確率分布を求めることができる。分析目的により、多様な空間的範囲を定義できるが、たとえば、終息時点において殺処分の対象となる確率が $\tilde{\pi}$ ($0 \leq \tilde{\pi} \leq 1$) 以上となる農場集合 $\Psi^\xi(\tilde{\pi})$ は

$$\Psi^\xi(\tilde{\pi}) = \left\{ i \mid \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \nu_{i(k)}^\xi \geq \tilde{\pi}, i = 1, \dots, N \right\} \quad (35)$$

で与えられる。

d) 発生期間長

すべての農場 i ($i = 1, \dots, N$) においてマイクロ状態 $\tilde{s}_i^h$ が0もしくは $\iota_i + 3$ の値をとった時点で口蹄疫が終息する。サンプルパス k 上における感染システム状態 $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t) = \{\tilde{s}_{1(k)}^\xi(t), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^\xi(t)\}$ において、農場 i の時点 t のマイクロ状態が0もしくは $\iota_i + 3$ であるかどうか

かを示すダミー変数 $\tilde{o}_{i(k)}^\xi(t)$ ($i = 1, \dots, N$) を

$$\tilde{o}_{i(k)}^\xi(t) = \begin{cases} 1 & \tilde{s}_{i(k)}^\xi(t) = 0 \text{ の時} \\ 1 & \tilde{s}_{i(k)}^\xi(t) = \iota_i + 3 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (36)$$

と定義する. さらに, ダミー変数 $\tilde{O}_{(k)}^\xi(t)$ を

$$\tilde{O}_{(k)}^\xi(t) = \begin{cases} 1 & \sum_i \tilde{o}_{i(k)}^\xi(t) = N \text{ and} \\ & \sum_i \tilde{o}_{i(k)}^\xi(t-1) < N \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (37)$$

と表せば, 戦略 $\xi \in \Xi$ の下で, 時点 t において口蹄疫が終息する確率 $\Lambda^\xi(t)$ ($t = 1, \dots, T$) は

$$\tilde{\Lambda}^\xi(t) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \tilde{O}_{(k)}^\xi(t) \quad (38)$$

で近似される.

5. 適用事例

(1) 適用事例の概要

本研究では, 2010 年に発生した宮崎県における口蹄疫の発生事例⁵⁰⁾のデータを用いて口蹄疫の空間伝染モデルを作成するとともに, 最適伝染リスク抑止モデルを用いて, 最適な予防的殺処分の空間的範囲を求める. 本研究の問題意識は, 口蹄疫の発症が確認される以前の時点に遡り, 口蹄疫が発生した場合に備えた望ましい対応方策を検討することにある. 宮崎県を対象地域としてとりあげるのは, 口蹄疫の発生・伝染過程に関するデータが入手可能であり, それに基づいて口蹄疫伝染モデルを推計することが可能であるためである. 当然のことながら, (口蹄疫が発生していない) 計画策定段階においては, 口蹄疫の発生・伝染過程は不確実であり, 口蹄疫の発生が確認された場合, 空間的伝染による期待被害額を可能な限り小さくするように事前の地域対応計画を策定することが求められる. 本研究では, 2010 年の宮崎県口蹄疫による被害データを用いた分析を試みるが, あくまでも思考実験として望ましい口蹄疫伝染抑止方策について検討するものであり, 2010 年における口蹄疫発生・伝染とそれに対する対応について事後評価することを目的とするものではないことを断わっておく.

農林水産省は, 口蹄疫の発症農場とその対応実績を HP 上に公開しており, 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, 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

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

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. なお, 1 つの農場において複数の家畜種別を飼育している農場に関しては, 同位置に家畜種別だけの農場が存在しているとし, 各農場に 1 種類の家畜種別のみが飼育されるように整理を行った. 今回対象とする農場総数は $N = 1044$ であり, 口蹄疫の終息までに掛かった 77 日分のデータを用いてパラメータ推計を行った. 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, 最初の患畜および擬似患畜の殺処分が実施された⁵⁰⁾. 擬似患畜の発生から口蹄疫の発症が確認されるまで 26 日間を要している. しかし, その後の関係機関の努力により, 口蹄疫の伝染は宮崎県内にはほとんどどまり, 殺処分・埋却の防疫措置は 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⁵⁰⁾. しかし, 口蹄疫の感染確認から 4 ヶ月にわたり約 28 万 9 千頭の家畜が処分されている. なお, 5. (3) 以降の分析にあたっては, 各サンプルパスにおいて口蹄疫の感染過程が収束するまでシミュレーションを実施していることを断っておく.

(2) 空間伝染モデルの推計結果

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⁵¹⁾. 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, マルコフ連鎖モンテカルロ (Markov Chain Monte Carlo: MCMC) 法を用いて空間伝染モデルのパラメータを推計した. MCMC 法を用いた空間伝染モデルの推計に関する詳細は阿部ら³¹⁾を参照して頂きたい. 同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, 標本順序統計量を用いて算出した 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 10,000 個のサンプルを発生させたが, はじめの 2000 個のサン

表-2 ベンチマークケースの条件値

サンプルパス	100,000 回
初期対応準備期間	7 日間
地域の殺処分能力	制約なし
牛の殺処分被害額	47.1 万円
豚の殺処分被害額	3.5 万円

ブ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。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

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(0.00601m_i^1 + 0.000801m_i^2 \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} d_{ij}^{-1.07} \right\} \quad (39)$$

と表すことができる。

(3) 分析結果の考察

口蹄疫は非常に伝染力が強く、潜伏期間中であっても伝染リスクが存在する。一方で、潜伏期間中の家畜に関しては、口蹄疫感染の有無を確認することが困難である。このため、口蹄疫の発症農場の近傍に位置する農場においては、口蹄疫感染の有無に関わらずすべての家畜が予防的殺処分の対象となる⁵²⁾。口蹄疫の空間的伝染リスクを抑制するためには、予防的殺処分の対象とする空間的範囲を大きくすることが望ましい。しかし、空間的範囲を拡大すれば殺処分による経済損失が大きくなる。このため、口蹄疫の空間的伝染リスクを考慮したうえで、期待経済損失が可能な限り小さくなるような予防的殺処分の空間的範囲を決定することが必要となる。しかし、現実には、殺処分を実施するための資源に限界があり、各時点における処理能力に限界がある。予防的殺処分が計画どおりに実施できない場合、殺処分の実施が遅延し、口蹄疫の伝染リスクが増加する可能性がある。殺処分能力に限界がある場合、殺処分の優先順位を設定することが必要となる。さらに、口蹄疫の伝染を抑止するために、予防的殺処分の対象となる農場の中で、殺処分の実施に遅延が生じる農場ではワクチンが接種される。2. (3) で言及したように、現行法の下ではワクチン接種は口蹄疫の伝染を抑止することに一定の効果があるものの、感染を完全を抑止するものではないとし、ワクチン接種された家畜は殺処分の対象とされる。すなわち、ワクチン接種は

殺処分能力の限界に対する一時的措置にすぎず、殺処分能力に余裕が生じた場合には処理が実施される。本研究では予防的殺処分の対象となる農場では、必ずワクチン接種が実施されるものの、伝染リスクを安全側に評価するため、ワクチン接種による伝染抑止効果は存在しないと仮定する。したがって、殺処分能力に限界がある場合、殺処分の優先順位とワクチン接種範囲(接種の優先順位)の決定が重要な戦略変数となる。

本研究では、殺処分の優先順位に関して、以下のルールを設ける。すなわち、1) 口蹄疫の発症が確認された農場においては、ただちに口蹄疫が発症した患畜に対して殺処分を実施する。患畜に関する殺処分能力には制約が存在しないと考える。2) 口蹄疫の発症が確認された農場において未発症の家畜に対する予防的殺処分を優先的に実施する。3) 口蹄疫の発生は観察されていないが、予防的殺処分の対象となる農場においては、発症農場から空間距離が近い農場から、順次殺処分を実施する。ある時点における殺処分数が処理能力の上限 L に到達した農場においては、残りの家畜の殺処分は、つぎの時点に先送られる。なお、殺処分の優先順位を伝染確率 $\hat{\rho}_i(\hat{\mathbf{S}}_{(k)}^{\xi}(t))$ を用いて判断することも可能であるが、現実には口蹄疫の発症が確認され、その伝染抑止のため予防的殺処分が実施される状況においては、可能な限り簡便で、かつ被災者である酪農家に説明が容易なルールの方が望ましい。したがって、予防的殺処分の優先順位は、最寄りの発症農場からの空間距離を用いて判断する。同様の理由により、予防的殺処分の対象となる農場に関しても、最寄りの発症農場からの空間距離を用いて決定する。なお、ワクチン接種に関しては制約が存在せず、新たに予防的殺処分の対象となった家畜にただちにワクチン接種が実施される。

4. (2) で言及したように、最適伝染リスク抑止モデルを構成する感染システム状態変数の数が膨大になるため、感染システム状態の時間変化パターンをマルコフ連鎖モデルを用いて明示的に記述することは不可能である。本研究では、図-2 に示すように準モンテカルロ法を用いて、時間的に展開する感染システム状態の推移パターンを表すサンプルパスを発生させる。各サンプルパス上では、感染システム状態は確定値であり、伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば、計画的対応期間における殺処分、ワクチン接種する農場が確定的に求まる。本研究では感染システム状態の推移サンプルパスを、伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ のそれぞれに対して 100,000 本発生させることにより期待被害額を算定するとともに、伝染抑止戦略を逐次変化させ期待被害額を最小にするような予防的殺処分を実施する空間的範囲を求めることとした。この場合、初期対応準備期間長、および地域の殺処分能力を変化させれば、予防的殺処分の最

図-3 予防的殺処分の対象範囲と期待被害額の関係

図-5 家畜殺処分数の発生確率

図-4 被害額の発生確率

適空間範囲も異なる可能性がある。初期対応準備期間は可能な限り短い方が望ましい。宮崎県が作成して防疫マニュアル⁵³⁾に従えば、発症事例が発見され、防疫体制の確立、殺処分の実行までのプロセスが2日間で完了できることが報告されている。このマニュアルでは、関連主体が事前にスタンバイしており、すべての行動が遅延なく実施された理想的な状況を想定している。現実には、すべての関連主体が防疫に関わる意思決定や行動が遅延なく実施することは非常に困難であると考える。筆者らのヒアリングの結果に基づいて、検体の輸送時間、事務処理、検査時間を考慮すれば、最低限1週間程度必要であると判断した。そこで、ベンチマークケースとして、7日間で初期対応準備期間が終了し、かつ地域の殺処分能力に制約条件が存在しないような状況を想定し、予防的殺処分の最適空間的範囲を求めることとする。もちろん、初期対応準備時間は短い方が望ましいことは明白であり、初期対応時間を変化させたケースに対して感度分析を試みる。また、2010年における口蹄疫の発症事例に基づいて、時点 $y = \tau$ における初期感染状態 $\tilde{S}_{(k)}$ を設定した。なお、感染システム状態のすべてを網羅するようにサンプルパスを発生することは不可能であり、図-2で求めた期待被害額は近似値に過ぎない。期待被害額の近似精度に関しては、のちに5.(5)で議論する。

以上の考え方で、予防的殺処分の対象範囲(発症農場からの空間距離)と初期時点において定義される期待被

図-6 空間的範囲の分布

害額の関係を分析した結果を図-3に示す。ここで、牛と豚の被害額は、平成25年4月分食肉流通統計⁵⁴⁾を参考にして、それぞれ47.1万円、3.5万円として被害総額を算出している。この図より、口蹄疫の発症が確認された農場のみを対象として殺処分を実施する場合(同図では半径0kmと記載している)、口蹄疫の他農場への伝染を阻止することが困難であり、結果的に期待被害額が極めて大きな値になる。口蹄疫の発症が確認された農場に近接する農場の家畜も口蹄疫に感染している可能性が大きく、空間的に近接した農場において(口蹄疫の発症が確認されていなくても)、予防的殺処分を実施することが求められる。同図では、発症農場を中心とする空間的半径を予防的殺処分の対象となる農場の範囲を表すパラメータと考え、これらのパラメータと

図-7 発生期間長の発生確率

期待被害額の関係を示している。パラメータ値を 0km から大きくすることにより期待被害額が減少する。しかし、パラメータ値が 5km を超えると、予防的殺処分の対象範囲が広がることにより、伝染確率が小さい家畜も予防的殺処分の対象となる可能性が増加し、その結果期待被害額が増加する。特に、対象範囲の半径を 30km 以上にした場合、期待被害額が急速に増加する。本研究では、計算に用いたパラメータ値の中で期待被害額が最小になった半径 5km を予防的殺処分の最適空間範囲として採用することにした。宮崎県の事例では発症農場から半径 10km 以内にある農場が予防的殺処分対象の対象となっており、本研究で求めた空間的範囲よりも広域的な設定になっている。ただし、本研究で求めた最適範囲は、あくまでも 1 週間で初期対応準備期間が完了し、ただちに予防的殺処分を実施できるという前提で求めた結果である。

さらに、図-4 から図-7 には 3. (5) で定義したリスク評価指標を用いて、ベンチマークケースにおいて最適伝染抑止戦略を採用した場合に実現する口蹄疫伝染リスクを評価した結果を示す。前述したように、ベンチマークケースは初期対応を 7 日間に対応し、最適抑止戦略を採用した場合を想定している。さらに、殺処分能力に制約がなく、初期対応準備期間が終了した時点（計画対応期間の初日）で、直ちに殺処分対象となる農場において殺処分が完了することを想定している。口蹄疫の伝染・抑止過程に関する多くのサンプルパスにおいて、計画的対応期間の初日にすべての予防的殺処分が完了し、口蹄疫の 2 次的伝染を抑止できることが理解できる。図-4, 5, 7 において、赤色で表記している部分は、2 次的伝染が発生せず、初期的殺処分により口蹄疫の伝染を抑止できたケースに該当している。しかし、口蹄疫の伝染力が強いために、予防的殺処分の対象となる範囲の外側（半径 5km 以上）に位置する農場の家畜が、初期対応準備期間中に口蹄疫に感染し、初期的殺処分が終了したのちに、あらためて口蹄疫が発症する事例が存在する。図-7 に示すように、発生期間長が 20 日前後のサンプルが数多く存在する。計画期間初日

に初期的殺処分を実施した後も、初期対応準備期間中に口蹄疫が感染した農場で口蹄疫が発症する可能性がある。口蹄疫発症までに潜伏期間（牛 7 日、豚 11 日）が存在するため、口蹄疫発生期間長が 20 日前後となるサンプルが数多く現れる。しかし、口蹄疫の 2 次伝染の可能性が存在するため、発生期間長が 20 日以上となるサンプルも存在する。このように、2 次的、あるいはそれ以上の追加的伝染により、口蹄疫が伝染拡大していくようなサンプルが存在する。また、図-6 に示すように、初期発症農場から空間的に離れた宮崎県南西部に口蹄疫が伝染する可能性を否定できない。2010 年に生じた宮崎県の口蹄疫伝染災害においても、このように空間的に離れた地域への伝染事例が数多く観察されている。このように口蹄疫伝染においては、初期的殺処分が終了したのちも、2 次伝染、追加伝染により、口蹄疫が空間的に伝染する可能性があるため、最終的に口蹄疫伝染の終息が確認されるまで、広域的な防疫体制を継続的に維持することが不可欠である。以上の分析結果は、理想的な防疫体制により口蹄疫の空間的伝染の抑止に努めても、口蹄疫伝染リスクを完全に抑止することは不可能であることを示唆している。換言すれば、殺処分というリスクコントロール政策だけでは、口蹄疫の伝染による経済損失をゼロにすることは不可能である。対象地域における畜産農家の経済被害をさらに抑止するためには、経済損失の補填、保険制度等、リスクファイナンス手法を導入せざるを得ない。

(4) 感度分析

2010 年の口蹄疫災害の場合、初期対応準備に遅延が発生したり、地域における殺処分能力に限界が存在したため、口蹄疫伝染リスクがさらに拡大することとなった。5. (3) で分析した結果は、理想的な状況の中で、口蹄疫の伝染リスクをどの程度抑止することが可能であるかという 1 つのベンチマーキングを提供するものである。以下では、初期対応準備期間に遅延が生じたり、殺処分能力に制約が存在する場合をとりあげ、これらの状況が口蹄疫伝染リスクに及ぼす影響を分析する。ただし、感度分析のパラメータである初期対応準備期間長、殺処分能力以外の入力パラメータと最適抑止策に関してはベンチマークケースで採用した値を用いていることを断っておく。

a) 初期対応準備期間と伝染リスク

初期対応準備期間は、地域で口蹄疫の発症が観察されてから 1 頭目（1 農場目）の殺処分が行われるまでの期間を表す。迅速な検査、情報の伝達、殺処分の実施体制の事前準備等が影響を及ぼす戦略変数であり、口蹄疫リスクを軽減するためには初期対応準備期間の短縮が望まれる。図-8, 図-9 は、それぞれ横軸に初期対応

図-8 初期対応準備期間と家畜殺処分数の関係

図-10 殺処分能力と家畜殺処分数の関係

図-9 初期対応準備期間と発生期間長の関係

図-11 殺処分能力と発生期間長の関係

準備期間，縦軸に殺処分数，発生期間長を用いた箱ひげ図を表す．折れ線は中央値を示している．箱ひげ図の箱は，対象とする変数ごとに，当該変数値の中央値を含んで上下 25%～75%の範囲に相当する区間を示している．ひげの部分は，シミュレーションによる変数値が存在する範囲を示している．殺処分数においては，初期対応準備期間 14 日を境にして，初期対応準備期間が長くなると殺処分数が急激に増加することが読み取れる．一方，初期対応準備期間が増加すれば，2 次伝染の可能性が増加するため，発生期間長も増加していく．このことから，感染症のリスクマネジメントにおいて，初期対応準備期間が地域の口蹄疫被害を抑止するために戦略的な変数であることが理解できる．宮崎県を対象とした適用事例に関しては，感染の疑いが認められてから，少なくとも 2 週間以内に初期対応を完了させることが望ましいことが理解できる．

b) 殺処分能力と伝染リスク

地域において口蹄疫の感染が発生した初期段階では，地域の殺処分能力が問題となることはない．迅速な殺処分の実施を通じて，口蹄疫被害を軽減することが出来る．しかし，一旦，地域で感染が拡大すれば，地域の殺処分能力は重要な戦略変数となる．単位時間当たり地域で殺処分可能な頭数に上限がある場合，仮に殺処分待ちの家畜数がその上限を上回れば，感染した

家畜は伝染源として，他の家畜に口蹄疫ウィルスを伝搬させる．そのため，各地域においては一定程度の殺処分能力を保有しておくことが必要となる．

図-10，図-11 は，横軸に 1 日当たりの殺処分能力，縦軸に殺処分数，発生期間長を用いた箱ひげ図をそれぞれ表す．折れ線は中央値を示している．図-10，図-11 が示すように，地域の殺処分能力の増加は，結果的に殺処分数を減少させ，発生期間長を短縮させる．例えば，図-11 において，殺処分能力が 100 頭の場合の発生期間長の中央値は 290 日であり，殺処分能力を 1000 頭以上とした場合に比べて約 200 日の差が見られ，殺処分能力の増加は，発生期間長の短縮に対して一定の効果がある．しかし，図-10 において，殺処分能力が 5000 頭以上となると，殺処分頭数に大きな変化が見られない．事前対策の段階で少なくとも 5000 頭の殺処分能力を確保することが重要である．

(5) 分析精度の検討

本研究では最適伝染リスク抑止モデルの状態変数の数が膨大になるため，準モンテカルロシミュレーションを用いて伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する可能性のある口蹄疫の伝染・抑止過程のサンプルパスを発生させる．その上で，初期時点における期待被害額 $\tilde{V}^{\xi}(S_0)$ を式 (40) を用いて近似的に評価する．最適伝染リスク

図-12 サンプルパス本数と相対誤差の関係

抑止モデルの解法の精度を評価する上で、期待被害額の近似精度が重要な課題となる。\$m\$ 本のサンプルパスを用いて評価した期待被害額 \$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m)\$ を

$$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m) = \frac{1}{m} \sum_{k=1}^m C_{(k)}^{\xi}(\mathbf{S}_0) \quad (40)$$

と表記する。最終的に \$M\$ 本のサンプルパスを発生した場合に獲得できる期待被害額を \$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : M)\$ と表す。このとき、\$m\$ 本のサンプルパスを用いて評価した \$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m)\$ と \$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : M)\$ の相対誤差 \$ERR(m, M)\$ を

$$ERR(m, M) = \frac{|\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m) - \tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : M)|}{\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : M)} \quad (41)$$

と定義する。本研究の適用事例では \$M = 100,000\$ と設定している。図-12 にサンプルパス本数 \$m\$ と相対誤差 \$ERR(m, M)\$ の関係性を評価した結果を示している。サンプルパス本数が 30,000 本以下の場合には、サンプルパス本数が増加するほど相対誤差 \$ERR(m, M)\$ が増加する。すなわち、サンプルパス本数が少ない場合、サンプリングごとに多様な伝染・抑止過程サンプルが出現し、サンプルパス本数が増加することにより相対誤差が逆に増加する。サンプルパス本数が 30,000 本を超えた段階から、期待被害額は次第に収束する結果となる。相対誤差を 0.01 を収束判定基準と考えれば、30,000 本以上のサンプルパスが必要となる。相対誤差 \$ERR(m, M)\$ を定義するに際して、期待被害額の真値を知ることができないため、\$m\$ 本のサンプルパスを用いて近似した期待被害額の精度を \$M\$ 本のサンプルパスを用いて算定した期待被害額との相対的な誤差で定義している。本研究の適用事例では、サンプルパス本数 \$m\$ が 50,000 本を超えた段階で、相対誤差 \$ERR(m, M)\$ はほぼ 0 に収束している。本適用事例では、最適伝染リスク抑止モデルの伝染・抑止過程のサンプルパス本数を 100,000 本に設定しシミュレーションを行っているが、期待被害額を用いて最適抑止策を求めるためには十分な近似精度が得られていると判断できる。

6. おわりに

本研究では、口蹄疫の発生による期待被害額の発生という災害リスクのマネジメントに資することを目的として、口蹄疫の空間的な伝染・抑止過程を非定常マルコフ連鎖モデルとして定式化するとともに、家畜の殺処分による期待被害額の発生を可能な限り小さく抑止することを目的とした最適伝染リスク抑止モデルを提案した。さらに、適用事例を通じて、その有効性について実証的分析を試みた。

伝染性疾患の空間的伝染によるパンデミックリスクのマネジメントにおいては、対象とする伝染性疾患の特性により多様な特徴が見いだせる。とりわけ、対象とする伝染性疾患の重大性、伝染パターン、潜伏期間の長短により、伝染性疾患の空間的伝染過程のプロセスは多様に異なる。さらに、空間的伝染リスクの拡大を抑止するために実施可能な戦略集合が多様に異なり、それぞれの疾病の大量伝染とその抑止可能性に応じてパンデミックリスクのマネジメント方針が異なる。本研究では主として家畜間の伝染が問題となる口蹄疫を対象としており、伝染抑止戦略を用いた空間的伝染の抑止方法について分析を試みた。しかし、伝染性疾患によるパンデミックリスクの発生やその制御方針に関する研究は緒についたばかりであり、今後多くの研究課題が残されている。

本研究で対象とした口蹄疫に焦点を絞っても、以下のような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 2 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伝染が広まったという研究結果がある⁵⁵⁾。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⁵²⁾。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、よりミクロな伝染過程をモデル化することが必要となる。第 3 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。最後に、口蹄疫の伝染・拡大抑止方策を实践していく際には、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止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) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: A 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, pp.33-55, 1991.)
- 2) 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.
- 3) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 4) Heesterbeek, J.A.P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 5) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-age-dependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 6) May, R.M. and Lloyd, A.L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.
- 7) Nowak, M.A. and May, R.M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- 8) 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.
- 9) Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, 1991.
- 10) Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, 2000.
- 11) Thieme, H.R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, 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.
- 12) 稲葉寿 (編著): 感染症の数理モデル, 培風館, 2008.
- 13) 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.
- 14) Halloran, M.M., Longini, I.M., Cowart, D.M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 15) Gomes, M.G., White, L.J. and Medley, G.F.: Infection, reinfection, and vaccination under suboptimal immune protection: epidemiological perspectives, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.228, Issue 4, pp.539-549, 2004.
- 16) Breban, R. and Blower, S.: Letter to Editor: The reinfection threshold does not exist, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.235, pp.151-152, 2005.
- 17) Gomes, M.G., White, L.J. and Medley, G.F.: The reflection threshold, *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 236, Issue 1, pp.111-113, 2005.
- 18) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. II. The problem of endemicity, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.138A, pp.55-83, 1932.
- 19) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. III. Further studies of the problem, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.141A, pp.94-122, 1933.
- 20) Inaba, H.: Kermack and McKendrick Revisited: The variable susceptibility model for infectious diseases, *Japan Journal of Industrial and Applied Mathematics*, Vol.18, No.2, pp.273-292, 2001.
- 21) Kendall, D.G.: Mathematical models of the spread of infection, *Mathematics of Computer Science in Biology and Medicine*, pp.213-225, Medical Research Council, 1965.
- 22) Diekmann, O.: Run for your life. A note on the asymptotic speed of propagation of an epidemic, *Journal of Differential Equations*, Vol.33, Issue 1, pp.58-73, 1979.
- 23) Källén, A.: Thresholds and travelling waves in an epidemic model for rabies, *Nonlinear Analysis, TMA*, Vol.8, pp.851-856, 1984.
- 24) Langer, W.L.: The black death, *Scientific American*, Vol.210, No.2, 1964.
- 25) Noble, J.V.: Geographic and temporal development of plagues, *Nature*, Vol.250, No.5469, pp.726-772, 1974.
- 26) Elveback, L.R., 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.
- 27) Haber, M.J., 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.
- 28) 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.
- 29) Cox, J.T. and Durrett, R.: Limit theorems for the spread of epidemics and forest fires, *Stochastic Processes and their Applications*, Vol.30, pp.171-191, 1988.
- 30) Grassberger, P.: On the critical behavior of the general epidemic process and dynamical percolation, *Mathematical Biosciences*, Vol.63, Issue 2, pp.157-172, 1983.
- 31) 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.
- 32) Keeling, M.J., Woolhouse, M.E.J., Shaw, D.J., 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.
 - 33) 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.
 - 34) 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.
 - 35) Yu, P., Habtemariam, T., Wilson, S., Oryang, D., Nganwa, D., Obasa, M. and Robnett, V.: A risk-assessment model for foot and mouth disease (FMD) virus introduction through deboned beef importation, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.30, Issue 1, pp.49-59, 1997.
 - 36) Martinez-López, B., Perez, A.M., De la Torre, A. and Sánchez-Vizcaino Rodriguez, J.M.: Quantitative risk assessment of foot-and-mouth disease introduction into Spain via importation of live animals, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.86, pp.43-56, 2008.
 - 37) Morley, R.S.: A model for the assessment of the animal disease risks associated with the importation of animals and animal products, *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.*, Vol.12, No.4, pp.1055-1092, 1993.
 - 38) Schijven, J., Rijs, G.B.J. and de Roda Husman, A.M.: Quantitative risk assessment of FMD virus transmission via water, *Risk Analysis*, Vol.25, No.1, pp.13-21, 2005.
 - 39) Alexandersen, S., Brotherhood, I. and Donaldson, A.I.: Natural aerosol transmission of foot-and-mouth disease virus to pigs: minimal infectious dose for strain O1 Lausanne, *Epidemiology and Infection*, Vol.128, pp.301-312, 2002.
 - 40) 村上洋介: 口蹄疫ウイルスと口蹄疫の病性について, 日本獣医学会誌, Vol.53, pp.257-277, 2000.
 - 41) 農林水産省: 口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針, 2004.
 - 42) 鹿児島県: 鹿児島県口蹄疫防疫対策マニュアル, 2012.
 - 43) Christiane, L.: *Monte Carlo and Quasi-Monte Carlo Sampling*, Springer, 2008.
 - 44) Niederreiter, H.: *Random Number Generation and Quasi-Monte Carlo Methods*, Society for Industrial and Applied Mathematics, 1992.
 - 45) 田村勉, 白川浩: 一般化 Faure 列による準乱数とそのオプション評価への応用, *JAFEE Journal*, pp.95-111, 1999.
 - 46) Shinoda, M.: Quasi-Monte Carlo simulation with low-discrepancy sequence for reinforced soil slopes, *Journal of Geotechnical and Geoenvironmental Engineering*, Vol.133, No.4, pp.393-404, 2007.
 - 47) 篠田昌弘, 佐藤忠信, 米澤豊司: 複数の潜在的すべり線を有する斜面の限界状態超過確率の効率的な算定方法, 土木学会論文集 C, Vol.63, No.3, pp.812-824, 2007.
 - 48) 篠田昌弘, 米澤豊司, 丸山修, 小島謙一: ライフサイクルコストを用いた地震時の補強盛土の経済的評価, 土木学会論文集 C, Vol.65, No.2, pp.506-517, 2009.
 - 49) Fox, B.L.: ACM Algorithm 647: Implementation and relative efficiency of quasirandom sequence generators, *ACM Transactions on Mathematical Software*, Vol.12, pp.362-376, 1986.
 - 50) 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.
 - 51) 村上洋介: 口蹄疫ウイルスと口蹄疫の病性について, 日本獣医学会誌, Vol.53, pp.257-277, 2000.
 - 52) 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.
 - 53) 宮崎県口蹄疫防疫対策本部: 宮崎県口蹄疫防疫マニュアル, 2011.
 - 54) 農林水産省大臣官房統計部: 農林水産統計 食肉流通統計 (平成 25 年 4 月分), 2013.
 - 55) 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.

(2013. 9. 13 受付)

AN OPTIMAL INFECTION DETERRENCE MODEL OF FOOT-AND-MOUTH DISEASE

Maiku ABE and Kiyoshi KOBAYASHI

This paper discusses the disastrous risk of asset loss by the foot-and-mouth disease and presents a methodology to investigate the strategies to deter spatial infection of foot-and-mouth disease to minimize the expected cost driven by asset loss. The spatial infection process of the diseases is formulated by Markov chain models. Since the model is characterized by a large number of state variables, it is impossible to enumerate all state variables in the form of explicit Markov chain models. The paper proposes to calculate approximate values of risk evaluation indices and find out better strategies which may reduce the expected damage as small as possible by use of quasi Monte Carlo simulation. The availability of the proposed methodology is verified using the case of the outbreak of foot-and-mouth disease in Miyazaki prefecture in 2010.