

Mathematical Modeling of Disease Transmission Dynamics with Data Generating Processes

その他のタイトル	データ生成過程を伴う疾病伝播ダイナミクスの数理モデリング
学位授与年月日	2014-03-24
URL	http://doi.org/10.15083/00007167

審査の結果の要旨

論文提出者氏名 江島 啓介

人類の歴史上、感染症は常に死因の多くを占めてきた。様々な対応策が考えられ、多くの感染症は根絶もしくは制御されるようになってきている。しかし、現代においてもHIV/AIDS、MERS-CoV、SARS、新型インフルエンザなどの新興（再興）感染症が世界中で流行を引き起こしている。それゆえ、ワクチン、学級閉鎖等の感染症対策を定量的に評価する研究が求められている。1920年代にケルマック・マッケンドリックにより提案されたSIRモデルは、感染症の流行を記述するもっとも有名なモデルとして広く認知されており、その後の人口学との関連で多岐に発展してきた。一方で、感染症の公衆衛生的課題は未だ全てが解決されたわけではない。本論文は、感染症のダイナミクスを理解と公衆衛生的課題の解決のための数理モデル構築手法の開発を目的としている。

本論文は「Mathematical Modeling of Disease Transmission Dynamics with Data Generating Processes」（データ生成過程を伴う疾病伝播ダイナミクスの数理モデリング）と題し、7章からなる。

第1章「Introduction」（序論）では、感染症の数理モデルの歴史的背景と代表的モデルであるSIRモデルの解説、簡単な定性的解析を通じ、感染症対策の実践的課題に対して数理モデルが重要であることを示した。特に観察データを説明するようなモデル構築にはデータの生成過程が重要であることを強調した。最後に、後の章の概要と関連性を説明した。

第2章「The Time Required to Estimate the Case Fatality Ratio of Influenza」（インフルエンザのCFR推定のために必要な期間の検討）では、インフルエンザ流行の初期におけるCFR(Case Fatality Ratio)と感染者数の増加率を同時に推定する手法を提案した。インフルエンザ流行初期において得られる情報は確定患者数と死亡者数の限られたデータだけである。そこでまずインフルエンザ流行モデルと観察モデルを構築し、米国での政策に関わるCFRの基準値と推定されたCFRの値を比較するのに必要な最短期間の検討を行った。現実的なパラメータ条件下では、流行の始まりから2-3か月の期間が必要であることを明らかにした。

第3章「Real-time Investigation of Measles Epidemics」（はしか流行のリアルタイム研究）では、はしかワクチンの効果を推定しながら同時にはしか流行のダイナミクスを支配するパラメータである R_0 を推定する手法を提案した。本モデルを使うことで、部分的なワクチン接種履歴を含んだ疫学調査データのみを用いた推定が可能になった。本研究により、日本国内でのさらなる流行を抑えるためには、5-19歳の人口に対してワクチンの（再）接種が必要であることが明らかになった。

第4章「Chance-adjusted Agreement Statistic for the Assortative Transmission」（近縁伝播のためのchance-adjusted一致度統計量）では、感染症の伝播過程に影響する近縁性に着目し、この近縁性を測るためにchance-adjusted一致度統計量が適用可能かどうかを議論した。まず、Newmanがネットワーク科学の文脈で定義した近縁性が、Hethcoteが感染症モデルの文脈で提案したpreferential mixingにおけ

る近縁性と一致することを数理的に明らかにした。その後、接触の近縁性とは別に伝播の近縁性を明確に定義しその計量にはKappa統計量よりもACI統計量のほうがバイアスを受けにくいことを数値的に示した。

第5章「The Impact of Model Building on the Transmission Dynamics」(感染伝播ダイナミクス of モデル構築方法の影響)では、これまで提案されてきたモデルの問題点を明らかにすることを目的とした。従来は感染性という観察不可能なものを基準にしたモデル構築がされてきたが、実際には症状のみが観測可能であり、実際のデータとの適合性を考えると症状を基準としたモデルが重要であることは明らかである。そこでまず症状を基準としたモデルを提案した。さらに、症状を基準にしたモデルに複数の仮定を置くことで感染性を基準としたモデルを模倣したモデルを構築し、模倣モデルと感染性を基準とした従来のモデルを比較した。これにより従来モデルにある不自然な仮定(発症前の感染性を無視している)が明らかになった。その上でワクチンの効果評価において従来モデルではどのようなバイアスを受けるのかを数値的に示した。

第6章「Modeling the Obesity Epidemic」(肥満流行の数理モデリング)では、これまでの章で扱ってきた感染症の流行モデルを他の伝播する健康問題に応用することを目的とした。特に、社会ネットワークを通じて伝播することが知られている肥満の流行モデルを構築した。その上でいくつかの予防治療介入を定性的に評価した。その結果、伝播の強さによって肥満流行の抑制のための最適な介入方法が異なることが明らかになり、また伝播の強さの定量化の重要性が示された。

最後に第7章「Conclusion」(結論)では、本論文の成果を簡潔に纏めると共に、今後の研究課題を提示している。

以上を要するに、本論文はこれまで構築されてきた感染症モデルを、感染症の流行動態を表す伝播過程、感染から報告されるまでの観察過程に分け、それぞれに関して観察データに適合するようにモデルを構築し、数々の予防・治療介入の効果を定量的に明らかにする土台を作った。これは公衆衛生学分野と数理情報学分野の研究に貢献するところが大きい。

よって本論文は博士(情報理工学)の学位請求論文として合格と認められる。