

感染症の伝播と気候変動

林 克磨, 西浦 博

新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の世界的流行にあたり、感染者数や死者数を抑えるために、世界中でロックダウンをはじめとする接触削減政策が行われた。これは人類史上初めて行われたものである。世界規模での人為的な経済の停滞は、CO₂ 排出量の変化をはじめとした環境への影響を少なからず与えた。本稿では感染症と気候変動という 21 世紀に人類が直面する二つの問題に対して、感染症数理モデルが果たすべき役割について論考する。

キーワード：数理モデル、気候変動、新興感染症

1. はじめに

新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の世界的なパンデミックは、2020 年の最初の数ヶ月間に急速に世界的な広がりを確立した。先進国の大多数は、感染を大幅に減少させ、少ない死亡者数で抑えつつ限られた医療資源が枯渇しないように、COVID-19 のいわゆる「抑制」戦略を採用せざるを得なかった。この抑制戦略には、人と人の接触率の大幅な低下が必要であり、そのためには、都市部のいわゆる「ロックダウン」政策などの法的拘束力のある対策が必要とされてきた [1]。このような対策が実施されると、人の移動率が激減する。対策の結果、在宅勤務（いわゆるリモートワーク）政策によって通勤が激減し、それに伴って国内・海外への移動やその他の移動手段が瞬く間に激減した。具体的な予防（ワクチン接種など）と治療が普及し始めるまでにはそう時間はかからないだろうが、少なくとも 2021/22 年の冬も感染症と戦うことになりそうである。

このような抜本的で人為的な社会の変化は、科学界に気候変動を研究する貴重な機会を提供している。大気汚染や二酸化炭素 (CO₂) の排出量が一定期間、瞬間的に削減されることは [2]、一般の人々にとって、世界がどのようにして大気質の改善と CO₂ 排出量の削減を実現できるのかを実感する非常に重要な機会となった。

多くの感染症は発生数に季節性の変動を伴うことが知られている。また Dengue 熱などの一部の感染症に関

しては、気温そのものが感染性に深く関わっていることが知られている。同一の感染症が、気温の異なるさまざまなところで、同時に流行を起こすという現象はなかなか観測されるものでもなく、そういう意味でも COVID-19 の世界的な流行は、感染症の伝播と気温の関係についての研究を深める一つの機会にもなった。

本稿では、感染症の伝播についてそもそもどのように測定されるものであるのか、感染症の伝播の強さが気候と関係することがなぜ重要であるのかという点について、感染症の疫学の立ち位置から振り返って論考する。

2. 感染症疫学

2.1 感染症疫学の立ち位置

医学におけるオペレーションズ・リサーチとは、狭義には疫学という学問分野に集約される（看護師の勤務スケジュール問題などの個別課題を除く）。疫学とは「明確に規定された人間集団の中で出現する健康関連のいろいろな事象の頻度と分布、およびそれらに影響を与える要因を明らかにして、健康関連の諸問題に対する有効な対策樹立に役立てるための科学」と定義される [3]。その関心の中心は、かつてコレラや天然痘といった感染症であり、現在では癌や生活習慣病とその予防に教科書の多くのページが割かれている。

COVID-19 の世界的な流行において、感染症研究の重要性が再認識された。人類はこれまでに多くの命を感染症によって失ってきたが、手指消毒の普及、抗菌薬やワクチンといった薬物療法により、多くの感染症を制御下に置いてきた。1969 年、当時米国の Surgeon General であった William T. Stewart 氏は、「感染症の教科書を閉じるときがきた」と議会で宣言した。事実、天然痘の根絶に人類は成功し、近い将来にはポリオも根絶に向かうだろうことが予測されている。しか

はやし かつま, にしうら ひろし
 京都大学大学院医学研究科社会健康医学系専攻環境衛生学分野
 〒 606-8501 京都市左京区吉田近衛町
 hayashi.katsuma.7w@kyoto-u.ac.jp
 nishiura.hiroshi.5r@kyoto-u.ac.jp

しながら、昨今 SARS や MERS, HIV といった新興・再興感染症に定期的・継続的に人類は悩まされており、COVID-19 の世界的大流行のように、感染症対策において解決すべき課題は未だ山のようにあり、当分感染症の教科書が閉じられることはなさそうである。

2.2 基本再生産数

人類が感染症に悩まされてきた一番の原因は当然のことながら、それは感染性をもったホストから次のホストへと伝播するという点であり、癌や糖尿病のようなほかの疾患と感染症とを分ける定義の一つでもある。感染症の制御がうまくいっているのかどうかを理解するためには、何かしらの感染症の強さに関する指標が必要である。

感染症の伝播の強さを表す指標の一つとして R_0 (基本再生産数) という概念がある。 R_0 とは、なんらかの病原体に対してすべてが感受性を有する個体からなるホスト集団において典型的な一人の感染者が、その全感染期間において生み出す二次感染者の平均値を指す。

数的に R_0 を考える際には、感染症数理モデルの基本ともいえるコンパートメントモデルから導出することができる。ケルマック (Kermack) とマッケンドリック (McKendric) らによって定式化された SIR モデルではすべての人口を三つのコンパートメントに分けて考える。具体的には、未感染かつワクチンなどで免疫をもっていない感受性人口 $S(t)$ 、感染性を有している人口 $I(t)$ 、回復後やワクチンによって感染症に免疫をもち、感染性を有している個体と接しても感染をしない人口 $R(t)$ に分けて考える。人口を $N(= S + I + R)$ で一定として、 β を感染者一人あたりが単位時間あたりに感受性人口に感染させるリスクと、 γ を単位時間内に一人の感染性を有した個体が R に移る確率と定義すれば、以下三つの微分方程式で表すことができる。

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \quad \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \quad \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

ここから、感染症が流行する条件は、継続的に感染者が増え続けることを意味することであるから

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I = (\beta S - \gamma)I > 0$$

と表すことができる。 $I > 0$ であり、感染症の初期において $S \approx N$ と置き換えることができるので、その条件は

$$(\beta N - \gamma) > 0$$

となる。これを式変形して

$$\frac{\beta}{\gamma} N > 1$$

としたときの左辺は、「一人の感染者が起こす二次感染者の総数」にほかならず、これを R_0 と定義することができる。

対して R_t (実効再生産数) とは、さまざまな介入やホスト集団の免疫状態を加味したうえで、あるカレンダー時刻 t で起こっている二次感染者数の平均値と解釈されるもので、流行対策や時刻に対する変化にも対応した指標である。いずれにせよこれらの指標の利便な点は、再生産数が 1 を下回っている場合、感染症は必ず収束することが確約されることであり、特に R_t は流行の現状分析に有効である。

3. 環境と感染症

3.1 COVID-19 の伝播経路と伝播の場

さて、感染症は、媒介動物がない場合は、人から人へと感染する。ここで重要であるのは感染の経路である。一般的にある病原体の感染の経路は、接触感染・飛沫感染・空気感染の三つに分類される。COVID-19 の主たる感染経路は飛沫感染で一部接触感染だと考えられている [4]。したがって、感染を発生させないためには人と接触をしないことが一番の感染対策である。

日本では新型コロナウイルス感染症が広まった初期の頃から、盛んに「三密」を避けるように行政からの注意喚起が行われていた。三密とは、初期の国内のクラスターが生じた場所の情報から判明した、感染が起りやすい場の特徴であり、密集・密閉・密接をまとめて表した用語である。厚生労働省クラスター対策班を中心に考えられた標語であるが、要するに、締め切った部屋の中で、人との距離が近く、大勢の人が集まる場所では感染の伝播が起きやすいということを端的に現しており、後に WHO も Avoid The Three Cs (Crowded places, Close-contact settings, Confined and enclosed spaces) として活用するに至った [5]。図 1 は三密を生み出すきっかけとなった研究の一部であり、最も初期の国内のクラスターでは閉鎖された場において多数の二次感染者が生じていたことを示す [6]。

3.2 気温と COVID-19 再生産数

気候変動が COVID-19 に与える影響については、二つの問題が議論される必要がある。第一に、気温が COVID-19 の人から人への感染に直接影響を与えるかどうか、たとえば、寒冷が COVID-19 の二次感染を促進するかどうか、ということについてはすでに理解され始めている。現時点では、寒さが COVID-19 の感染

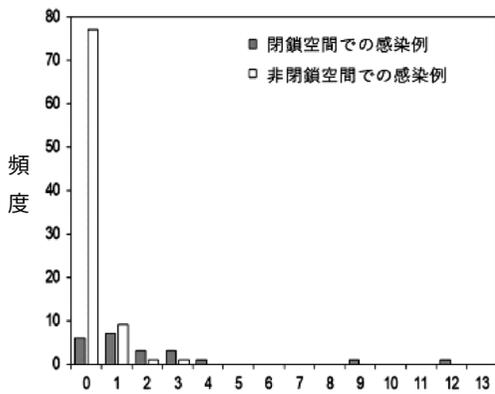


図1 一人の感染者から生じた二次感染者数の分布

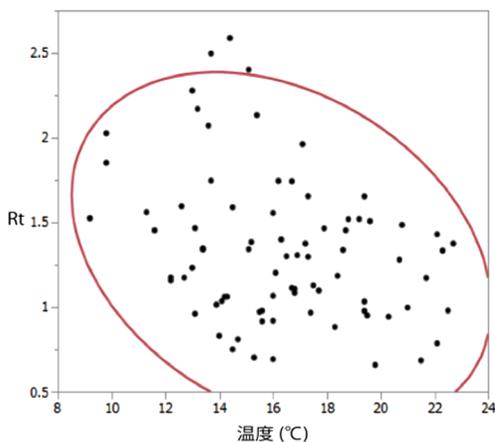


図2 北海道・宮城・東京・大阪での2020年10月における実効再生産数と日平均気温の関係

性を高める可能性は非常に高いと考えられている [7]. この疫学的知見は、温暖で湿度の高い環境では伝播性が低いことを示す実験的証拠の現代的な理解と一致している [8]. 温帯地域では夏季に第二波が進行したが、新型コロナウイルスに感染しやすい個体が相当数存在していた。対策が施されていない条件下において、北海道、宮城、東京、大阪の4都市の秋のデータを解析し、介入を行わなかった場合の実効再生産数（1回の一次感染で発生した二次感染者の平均数）を推定したところ、実効再生産数と日平均気温との間には明らかな負の相関が見られた ($r = -0.31$, $p < 0.01$, 図2).

これらの疫学研究は気温がCOVID-19の伝播に関係していることを示唆するが、そのメカニズムについて推し量ることは難しい。現在のところ、COVID-19の感染経路は大半が屋内であることから、寒い日に伝播が激化するメカニズムとして、寒い日には室内で過ごす時間が増えることを明らかにした労働経済学の時間配

分研究がある [9]. 寒い環境下での行動変化に加えて、因果関係を裏付ける物理的なメカニズムも考えられる。上記のような事実が科学的根拠として徐々に明らかになってきたとはいえ、天候の変化がCOVID-19の感染にどのような影響を与えるのかについては、まだよくわかっていないと考えるのが妥当かもしれない。気温の変化だけにCOVID-19の流行制御を頼ることはできないだろう。

3.3 気候変動がCOVID-19へ与えた影響

第二に、COVID-19の世界的な流行は、新興感染症の頻度が時間の経過とともに増加している理由を調査する研究機会を提供している [10]. ヒトへの新規病原体は常に動物、特に野生動物からもたらされ、出現のリスクはヒトと動物の接点でのヒト曝露の頻度に依存することが知られている。これまでに、新規病原体の出現頻度の増加については、(i) 世界中を移動する機会の増加、(ii) 新規病原体を保有している可能性の高い野生動物との接触機会の増加、(iii) 農地利用の拡大や一部砂漠化による野生動物の生息地の喪失、などの説明がなされてきた。また、気候変動は、種の絶滅、生息地の変化、野生動物の移動、すなわち、暑さから逃れるために極地に向かう動物の移動を引き起こす可能性があるため、感染症出現の原因となる可能性がある。しかし、このような記述はほとんどが理論的な議論のみにとどまっており、ボトムアップでの客観的な実証には至っていない。その関連性が科学的に証明されれば、次のパンデミック株の出現の可能性を減らすための適応策を考えることもできるのではないだろうか。

3.4 COVID-19が気候変動へ与えた影響

COVID-19パンデミック後の気候変動への影響など、逆の因果関係はどうだろうか。正の影響と負の影響の両方がある。わかりやすい重要な正の影響は、2020年のCO₂排出量の削減レベルが達成されることであり、気候変動の緩和対策の突破口となりうる。CO₂排出量が削減され、大気の質が改善された世界がどのように見えるのかを、世界中の視聴者が直に感じることができる可能性がある。COVID-19パンデミックによるCO₂排出量の減少は、計画された削減目標のごく一部に過ぎず [11]、人々の見方は抜本的な対策へと発展する可能性がある。そして、温暖化問題がいかに深刻なものであったかを認識し、気候変動の悪影響への備えを強化することができる。

COVID-19が気候変動に与える負の影響は数え切れないほどある。重要なことは、COVID-19と気候変動の両方の影響を受けているのは、基礎疾患をもってい

る人や低所得の人々であるということを忘れてはならない。したがって、COVID-19と気候変動の両方の物理的影響は、社会的に困窮している国や人々の間でより強くなる可能性が高い。グローバル社会は、異なる国の間で連帯感を保ちながら、脆弱な人々を二重の負担から守るべきである。COVID-19が気候変動に与える経済的影響は大きく、世界経済の回復力が低いことが観察されている。これは、再生可能エネルギーへのエネルギー転換、交通システムの電化、その他のクリーン技術など、高コストな対策が含まれているため、気候変動への対応を継続したり、追加的に実施したりすることにはさらにコストがかかる。少なくとも先進国の政策指導者は、すでにCOVID-19からの気候変動に強い復興のための行動を目指している。

また、COVID-19による社会の変化が適応の複雑化を招くことも忘れてはならない。たとえば、限られた空間での不必要な密着を避けるために、高齢者介護職員が高齢者と一緒過ごす時間や頻度が大幅に減少した。しかし、飲料水を与える、エアコンを使用するなど、熱中症を避けるための高齢者へのケアやモニタリングの程度も低下してしまう可能性がある。このような臨界点は、パンデミックの過程でしっかりと探っていかなければならない。

4. 感染症と気候の関係を理解した後に

4.1 デング熱

さて、以上のようにCOVID-19と気温の関係について随分と疫学上の知見は集まってきている。ここでは、このような気温と感染症の関係の理解が深まることで、どのように感染対策に役立てることができるとかという点について、気温と感染症についての先行研究が盛んであるデング熱を例にとりて説明しよう。

デング熱は熱帯・亜熱帯地域における最も主要な疾病・死亡原因の一つであり、フラビウイルス属に分類された4種類の血清型デングウイルスに人が感染することで生じるウイルス感染症である。*Aedes albopictus*や*Aedes aegypti*などのいわゆるヤブ蚊によって媒介されることが確認されている。症状は無症候から致死的なデング出血熱やデングショック症候群に至るまで幅がある。世界中で現在128カ国・約40億人が感染の危険に晒されており、毎年1億人の感染者と2万人の死者を出している。

デング熱をはじめとする多くの蚊が媒介する病気には、気候的要因が影響を及ぼすことが報告されている。気候は蚊のライフサイクルに影響を与えるだけでなく、

感染確率や潜伏期間にも影響を与える。気候に応じて変化する実効再生産数は、気候要因と咬合率、一咬傷あたりの感染確率などのパラメータを加味するなどして多くの研究者によって研究されてきた[12–16]。基本再生産数をガルトン-ワトソン分岐過程の子孫分布の平均値とすることで、絶滅や病気の発生確率も評価できる[17, 18]。

ここでは、日本の各都道府県におけるデング熱の局所発生リスクを気候要因と輸入感染者数の両方が再生産数に影響することを考慮して分析し、どの都道府県がリスクが高いかを予測する。そうすることで、保健所の防除戦略の実施基盤を提供することができることを示す。

4.2 デング熱の国内輸入状況

上述のように、デング熱の患者数は世界各地で急激に増加しており、アメリカ、東南アジア、西太平洋地域が最も深刻な被害を受けているとWHOから報告されている。2015年にはフィリピンで169,000人、マレーシアでは111,000人のデング熱の疑い患者が報告されている。

日本では1942年から1945年にかけてデング熱が流行し、最近では年間約50–200人の患者が報告されており、これも着実に増加していることが報告されている[19]。しかし、日本はデング熱流行国ではなく、報告された症例は基本的に全例が海外で感染が示唆される症例であった。しかし、2013年に日本から帰国したドイツ人観光客がデング熱患者と診断されたことから、日本における自家伝播によるデング熱のリスクが初めて示唆された。2014年には東京の代々木公園を起点とした、国内感染の初の発生が報告され、8月から10月にかけて160人のデング熱患者が発生した[20]。日本におけるデング熱の旅行者数の増加と輸入の増加に伴い、発生リスクの調査がますます必要となっている。中村らは日本人旅行者におけるデング熱のリスクを調査し、渡航先でのデング熱のハイシーズンに感染リスクが高くなることを示した[21]。また、福住らは日本人旅行者の月別・年別の届出動向を調査し、日本人旅行者のデング熱感染リスクの推定値の傾向は、季節的にも年別にも、現地のデング熱の動向を密接に反映していることを明らかにした[19]。これらのことから、デング熱流行国からの旅行者数がデング熱流行リスクに重要であることが明らかになった。

4.3 デング熱の国内輸入状況リスク評価方法

4.3.1 データ

日本政府観光局 (<http://www.jnto.go.jp/jpn/>)

表 1 年度ごとのデング感染症輸入感染者数

西暦	2013	2014	2015	2016
輸入感染者数	249	178	292	338

statistics/visitor_trends/index.html) から先行文献に合わせてデング熱蔓延地域でかつ日本への渡航数の多いインド、インドネシア、フィリピン、タイ、マレーシアの 5 カ国からの渡航者のデータを調査した。渡航目的地も同情報源から入手することができる。2013 年から 2016 年までの年間の輸入感染者数は、日本の全国感染症サーベイランスシステム (National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases (NESID)) から、表 1 のようなデータを得ることができる。

そして、総輸入感染者数と旅行者の分布を月別・都道府県別に集計して、その頻度に応じて輸入感染者数を配分することで、月別・都道府県別の輸入感染者数を算出することができる。2013 年から 2016 年までの都道府県別の月別平均気温は気象庁ウェブサイト (<http://www.jma.go.jp/jma/index.html>) から入手した。

4.3.2 実効再生産数の定義

蚊の死亡率を μ 、感染からの宿主の回復率を r 、ベクター (媒介生物) の宿主比を m 、ベクターの刺咬率 a [日], 人間からベクターへの伝達係数を b 、ベクターから人間への伝達係数を c とする。そのとき、気温 T に依存する実効再生産数は次のように記述することができる [22–24]。

$$R(T) = \frac{ma^2bc}{r\mu} e^{-\mu EIP}$$

ここで、EIP は蚊の中の寄生虫の外部潜伏期間 (extrinsic incubation period) である。 *Aedes albopictus* は日本の主要なデング熱媒介蚊である。実効再生産数を表す六つの温度関連パラメータのうち、 *Aedes albopictus* の死亡率と咬合率のみが過去の論文 [25, 26] で研究されており、以下の式で算出する。

$$\begin{aligned} \mu(T) &= 1 - \max\{\mu_A, 0.04417 + 0.00217T\}, \\ a(T) &= \max\{-0.004981T^2 + 0.274T - 2.94, 0\}, \end{aligned}$$

ここで、成虫死亡率 $\mu_A = 0.02$ が観察可能な最小値である。ここでは、 *Aedes albopictus* の研究の限界を考慮して、 *Aedes aegypti* と同じ温度依存性の移行確率 [15, 16] と EIP の関係を用いた。また、 *Aedes albopictus* の 1 回の咬傷あたりのヒトへの感染確率 c は、Lambrechts が行った二つのベクターの DENV に

対する相対的な経口感受性に関する実験 [15, 24, 27] に基づいて、 *Aedes aegypti* のそれと比較して 0.7 の減少を用いた。 *Aedes aegypti* の透過確率と EIP の関係は以下のように示すことができる。

$$\begin{aligned} b(T) &= 0.001044T(T - 12.286)\sqrt{32.461 - T}, \\ & \quad 12.286 \leq T \leq 32.461. \\ \tilde{c}(T) &= \begin{cases} 0.0729T - 0.9037, & 12.24 \leq T \leq 26.1, \\ 1, & 26.1 \leq T \leq 32.5, \end{cases} \end{aligned}$$

予想される EIP の持続は以下のように算出する [24]。

$$EIP(T) = 4 + e^{5.15 - 0.123T}$$

デング熱の感染性期間は 4 日から 12 日とされており、通常は 5 日 [28] とされている。東京の 8 月の再生産数のデフォルト値 (図 3 より) を当てはめると、ベクター宿主比 m は 0.37 となる。

4.3.3 デング熱絶滅モデル

日本におけるデング熱の絶滅確率を評価するための統計モデルを検討した。これまでの多くの論文 [17, 18, 29] で示されているように、分岐過程を用いて多くの病気の絶滅確率を推定するために、基本的な生殖数を分岐過程の子孫分布の平均値と仮定している。ここでは、デング熱の伝播に及ぼす気候要因の影響を考慮するために、再生産数は気温によって変化すると仮定する。そこで、デング熱の絶滅確率を近似するために、時間的に変化する分岐過程を採用した。

ここで、第 n 世代の症例数を Z_n 、第 n 世代の第 1 の症例で発生した 2 次症例数を Y_n とすると、次のようになる。

$$\begin{aligned} Z_1 &= Y_{0,1}, \\ Z_2 &= Y_{1,1} + \dots + Y_{1,Z_1}, \\ & \quad \vdots \\ Z_n &= Y_{n-1,1} + \dots + Y_{n-1,Z_{n-1}}. \end{aligned}$$

となり、分岐過程は

$$\{Z_0, Z_1, Z_2, \dots\} = \{Z_n : n \in N\}$$

となる。

このとき、第 n 世代の子孫分布を R_n を平均とし、 k をばらつきパラメータとした負の二項分布であるとすれば、 $Y_{n,1}$ の確率母関数は

$$G_n(s) = 1/\{1 + R_n k(1 - s)\}^{\frac{1}{k}}$$

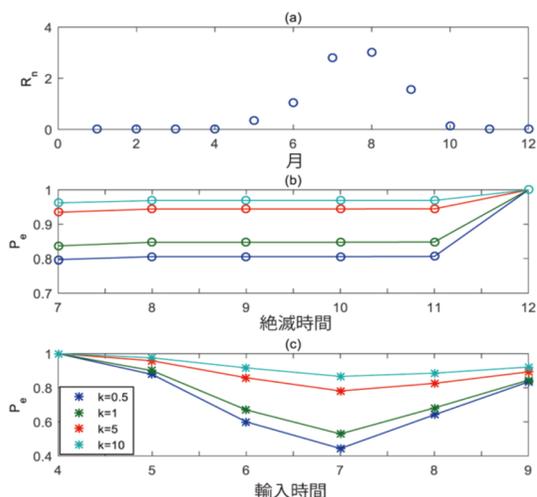


図3 (a) 東京における月ごとの実効再生産数
(b) 6月に一例の輸入感染者が流入したときの絶滅確率
(c) ある月に一例の輸入感染者が流入したときの11月での絶滅確率

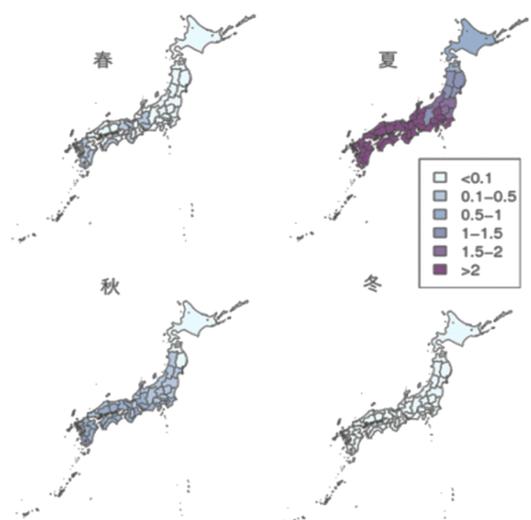


図4 実効再生産数の季節変化
冬(12-2月), 春(3-5月), 夏(6-8月), 秋(9-11月)を示す。

となり (ここで s はダミー変数), 一人の輸入感染者がある都道府県に流入して来た際に, アウトブレイクが起らずに絶滅する確率は

$$G_{Z\infty}(0) = 1/\{1 + R_n k\}^{\frac{1}{k}} \quad (1)$$

となる. そして, 上述の気候を変数として組み入れた再生産数を R_n に代入することにより, 気温変化を加味した絶滅確率が計算できる.

4.4 デング熱の国内輸入状況リスクの解釈

4.4.1 月ごとの再生産数とばらつきパラメータとの関係

2013年から2016年の月平均気温をパラメータ式に代入すると, 咬合率, 伝染確率, 潜伏期間, 死亡率の月別変動が得られる. 東京都における実効再生産数の月別変動を図3(a)に示す.

この図から, 実効再生産数は冬から春先(11月から4月)にほぼゼロになり, 7月から8月にピークを迎えることがわかる. 世代間隔は, 平均外界(蚊)潜伏期間(5~15日), 平均内界潜伏期間(4~7日), 平均宿主感染期間(3~7日), 平均成虫寿命(6~15日)の四つの部分から構成されている[30]. そこで, 発生間隔を30日とすると, 1ヶ月に1回の発生があることになる.

式(1)のような分岐過程の絶滅確率の式を用いて, 東京に1匹の感染個体が輸入された場合の絶滅確率を計算することができる. 図3(b)は, 6月に感染個体が輸入された場合の7月から12月までの絶滅確率をばら

つきパラメータの値を変えて示したものである. この図から, 7月から11月までの絶滅確率は似たようなものであり, 12月には気温が低いため, 最終的には1になっていることがわかる. また, ばらつきパラメータが大きいと絶滅確率が大きくなる. そこで, 次に主に11月の絶滅確率を輸入時期の違いを考慮して調べた. 絶滅確率が最も高い輸入時期と最も低い輸入時期を知るために, 1人の感染個体が空港検疫を潜り抜け東京に侵入した場合の11月の絶滅確率を輸入時期を変えた場合の確率を図3(c)に示した. また, ばらつきパラメータの値を変えた場合の絶滅確率への影響も図に示した. 4月のような気温が低いときに感染個体を輸入した場合, 11月の絶滅確率は1に近いことがわかる. 夏に感染個体を輸入した場合は, 絶滅確率はかなり低くなる. また, 7月に感染個体を輸入した場合の絶滅確率が最も低くなる. このように, ばらつきパラメータの値は絶滅確率に大きく影響する.

4.4.2 実効再生産数の地理的分布

都道府県別, 季節別の実効再生産数を比較するために, 図4に示すように, 47都道府県の2013年から2016年の季節別実効再生産数のヒートマップを作成した.

この図から, 夏の実効再生産数がほかの季節に比べて非常に大きいことがわかる. 夏の実効再生産数は, 北海道と青森を除く全都道府県で1を超えており, 秋の実効再生産数は鹿児島と沖縄のみ1を超えている. 春と冬の実効再生産数は全都道府県で1を下回ってお

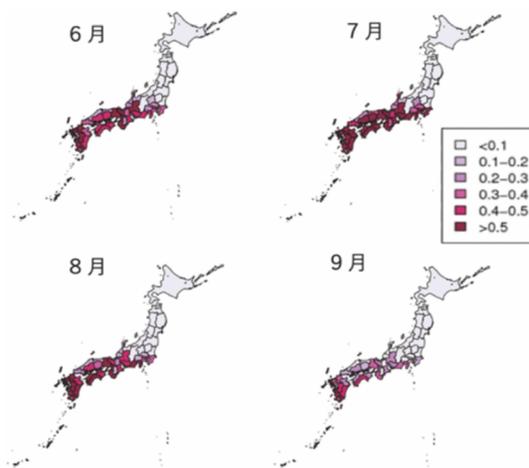


図5 6-9月に感染者が流入してきたときの2013-2016の11月における発生確率の平均値

り、明らかに冬の実効再生産数が最も低く、0.1を下回っている。発生リスクの地理的分布として、いつ、どこで発生リスクが高いかを示すために、2013年から2016年までのデータを用いて、47都道府県の平均発生確率のヒートマップを、ばらつきパラメータ0.5の場合を図5に示す。

図3の結果によると、7月から11月まではほぼ同程度の確率で発生し、12月には低温の影響で0になることがわかった。したがって、本研究では、11月まで Dengue 熱が絶滅しない確率を発生リスクと定義している。図5から、7月に感染者を輸入した場合、発生リスクが最も高いことがわかる。日本の南部、特に沿岸部南部の各県で発生リスクが高いことがわかる。宮崎県、鹿児島県、長崎県、沖縄県は常に発生リスクが最も高い（発生リスク0.4以上）県である。しかし、鳥取県、島根県、福井県などの北部沿岸部では、同じく南部であるにもかかわらず、発生確率が低い（0.3以下）。また、滋賀県や奈良県も、周辺県は危険度が高いものの、発生確率が比較的低いのが興味深い。静岡県、岐阜県、愛知県、神奈川県が高リスク地域と低リスク地域の境界を形成している。この4県のうち、北側の県はすべて発生確率が非常に低くなっている。

また、渡航者数と発生リスクを合わせるために、実際の発生リスクを以下のように評価している。渡航者の地理的分布と月別分布から、表1のように年間の輸入症例数を組み入れると、各月の平均輸入症例数と都道府県別の平均輸入症例数が算出できる。そうすると、発生確率マップは図6のようになる。

この四つの図を比較すると、2015年の発生確率が

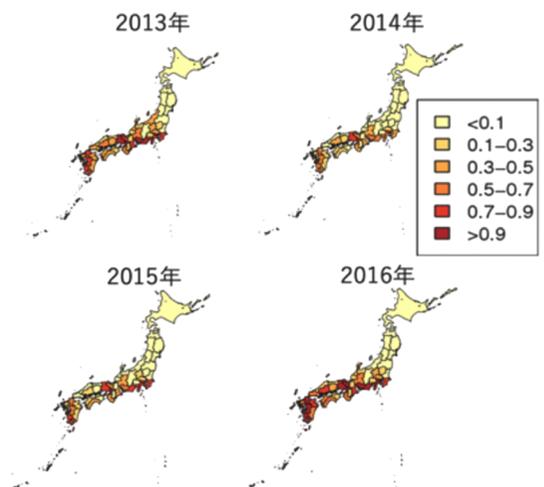


図6 観測された渡航者量を加味したアウトブレイク発生確率

最も低いことがわかる。図6を見ると、最も発生リスクが高い都道府県は東京都、静岡県、大阪府、兵庫県、愛知県、沖縄県で、2013年と2016年の発生リスクは0.9を超えている。そのほか、千葉県、神奈川県、三重県、京都府、福岡県、熊本県、鹿児島県も非常にリスクが高く、2013年と2016年の発生リスクが0.7を超える。

5. おわりに

感染リスクの季節変動要素を数理モデルに落とし込むことで、都道府県ごとのアウトブレイクリスク評価、季節による流行リスクの評価ができることを、Dengue 熱を例にとりあげた。COVID-19に関しては温度の高い地域では再生産数が低下することがわかってきているものの、2020年は、局所で絶滅をさせることは日本国内では難しかった。また、仮に絶滅をさせられたとしても、国土は陸続きであり、世界は航空網によって繋がっているため、容易に持ち込み再流行が発生することは想像される。2021年早くも有望なワクチンが複数開発されており、広義の集団免疫の獲得も遠くない将来可能になるかもしれない。ただし、COVID-19一つとっても、ワクチンの開発を追いかけるように、変異株の出現も既に認められており、一筋縄では行かない。感染症数理モデルという学問のさらなる発展を期待する。

謝辞 環境再生保全機構 S-18 (JPMEERF20S1180 4) に深謝する。

参考文献

- [1] S. Flaxman, S. Mishra, A. Gandy, H. J. T. Unwin, T. A. Mellan, H. Coupland, C. Whittaker, H. Zhu, T. Berah, J. W. Eaton, M. Monod, Imperial College COVID-19 Response Team, A. C. Ghani, C. A. Donnelly, S. Riley, M. A. C. Vollmer, N. M. Ferguson, L. C. Okell and S. Bhatt, “Estimating the effects of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 in Europe,” *Nature*, **584**, pp. 257–261, 2020.
- [2] World Meteorological Organization, “United in Science 2020”, 2020. https://public.wmo.int/en/resources/united_in_science (2020年1月15日閲覧)
- [3] T. L. Lash, T. J. Vanderweele, S. Haneuse and K. J. Rothman (eds.), *Modern Epidemiology Fourth edition*, Wolters Kluwer, p. 3, 2020.
- [4] World Health Organization, Modes of transmission of virus causing COVID-19: Implications for IPC precaution recommendations, <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precaution-recommendations> (2020年1月15日閲覧)
- [5] World Health Organization, COVID-19 Avoid the Tress Cs, <https://www.who.int/brunei/news/infographics---english> (2020年1月15日閲覧)
- [6] H. Nishiura, H. Oshitani, T. Kobayashi, T. Saito, T. Sunagawa, T. Matsui, T. Wakita, M. Suzuki and MHLW COVID-19 Response Team, “Closed environments facilitate secondary transmission of coronavirus disease 2019 (COVID-19),” medRxiv 2020; <http://dx.doi.org/10.1101/2020.02.28.20029272>
- [7] T. P. Smith, S. Flaxman, A. S. Gallinat, S. P. Kinoshian, M. Stemkovski, H. Juliette, T. Unwin, O. J. Watson, C. Whittaker, L. Cattarino, I. Dorigatti, M. Tristem and W. D. Pearse, “Environment influences SARS-CoV-2 transmission in the absence of non-pharmaceutical interventions,” medRxiv 2020; <https://doi.org/10.1101/2020.09.12.20193250>
- [8] S. Riddell, S. Goldie, A. Hill, D. Eagles and T. W. Drew, “The effect of temperature on persistence of SARS-CoV-2 on common surfaces,” *Virology Journal*, **17**, p. 145, 2020.
- [9] J. G. Zivin and M. Neidell, “Temperature and the allocation of time: Implications for climate change,” *Journal of Labor Economics*, **32**, pp. 1–26, 2014.
- [10] K. E. Jones, N. G. Patel, M. A. Levy, A. Storeygard, D. Balk, J. L. Gittleman and P. Daszak, “Global trends in emerging infectious diseases,” *Nature*, **451**, pp. 990–993, 2008.
- [11] IEA Global Energy Review 2020, The impacts of the Covid-19 crisis on global energy demand and CO2 emissions, p. 53, 2020. <https://www.iea.org/reports/global-energy-review-2020> (2020年1月15日閲覧)
- [12] D. A. Focks, E. Daniels, D. G. Haile and J. E. Keesling, “A simulation model of the epidemiology of urban dengue fever: Literature analysis, model development, preliminary validation, and samples of simulation results,” *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, **53**, pp. 489–506, 1995.
- [13] O. J. Brady, N. Golding, D. M. Pigott, M. U. G. Kraemer, J. P. Messina, R. C. Reiner Jr, T. W. Scott, D. L. Smith, P. W. Gething and S. I. Hay, “Global temperature constraints on Aedes aegypti and Ae. albopictus persistence and competence for dengue virus transmission,” *Parasites & Vectors*, **7**, p. 338, 2014.
- [14] P. Jia, L. Lu, J. Chen, L. Guo, X. Yu and Q. Liu, “A climate-driven mechanistic population model of Aedes albopictus with diapause,” *Parasites & Vectors*, **9**, p. 175, 2016.
- [15] L. Lambrechts, K. P. Paaijmans, T. Fansiri, L. B. Carrington, L. D. Kramer, M. B. Thomas and T. W. Scott, “Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by Aedes aegypti,” *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108**, pp. 7460–7465, 2011.
- [16] S. Polwiang, “The seasonal reproduction number of dengue fever impacts of climate on transmission,” *PeerJ*, **3**, e1069, 2015.
- [17] C. P. Farrington, M. N. Kanaan and N. J. Gay, “Branching process models for surveillance of infectious diseases controlled by mass vaccination,” *Biostatistics*, **4**, pp. 279–295, 2003.
- [18] H. Nishiura, P. Yan, C. K. Sleeman and C. J. Mode, “Estimating the transmission potential of supercritical processes based on the final size distribution of minor outbreaks,” *Journal of Theoretical Biology*, **294**, pp. 48–55, 2012.
- [19] M. Fukusumi, T. Arashiro, Y. Arima, J. Rocklöv and A. Wilder-Smith, “Dengue sentinel traveler surveillance: Monthly and yearly notification trends among Japanese travelers, 2006–2014,” *PLoS Neglected Tropical Diseases*, **10**, e0004924, 2016.
- [20] M. B. Quam, O. Sessions, U. S. Kamaraj, J. Rocklöv and A. Wilder-Smith, “Dissecting Japan’s dengue outbreak in 2014,” *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, **94**, pp. 409–412, 2016.
- [21] N. Nakamura, Y. Arima, T. Shimada, T. Matsui, Y. Tada and N. Okabe, “Incidence of dengue virus infection among Japanese travellers, 2006 to 2010,” *Western Pacific Surveillance and Response Journal*, **3**, pp. 39–45, 2012.
- [22] J. A. Patz, W. J. Martens D. A. Focks and T. H. Jetten, “Dengue fever epidemic potential as projected by general circulation models of global climate change,” *Environmental Health Perspectives*, **106**, pp. 147–153, 1998.
- [23] S. Hales, N. de Wet, J. Maindonald and A. Woodward, “Potential effect of population and climate changes on global distribution of dengue fever: An empirical model,” *Lancet*, **360**, pp. 830–834, 2002.
- [24] J. Liu-Helmersson, H. Stenlund, A. Wilder-Smith and J. Rocklöv, “Vectorial Capacity of Aedes aegypti: Effects of Temperature and Implications for Global Dengue Epidemic Potential,” *PLoS One*, **9**, e89783, 2014.
- [25] A. Tran, G. L. Ambert, G. Lacour, R. Benoit, M. Demarchi, M. Cros, P. Cailly, M. Aubry-Kientz, T. Balenghien and P. Ezanno, “A rainfall- and temperature-driven abundance model for Aedes albopictus populations,” *International Journal of Environmental Research and Public Health*, **10**, pp. 1698–1719, 2013.
- [26] Q. Cheng, Q. Jing, R. C. Spear, J. M. Marshall, Z. Yang and P. Gong, “Climate and the timing of

imported cases as determinants of the dengue outbreak in Guangzhou, 2014: Evidence from a mathematical model,” *PLoS Neglected Tropical Diseases*, **10**, e0004417, 2016.

[27] J. Liu-Helmersson, M. Quam, A. Wilder-Smith, H. Stenlund, K. Ebi, E. Massad and J. Rocklov, “Climate change and Aedes vectors: 21st century projections for dengue transmission in Europe,” *EBioMedicine*, **7**, pp. 267–277, 2016.

[28] H. Nishiura and S. B. Halstead, “Natural history of dengue virus (DENV)-1 and DENV-4 infections: Re-

analysis of classic studies,” *The Journal of Infectious Diseases*, **195**, pp. 1007–1013, 2007.

[29] H. Nishiura, A. R. Cook and B. J. Cowling, “Assortativity and the probability of epidemic extinction: A case study of pandemic influenza A (H1N1-2009),” *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 194507, 2011.

[30] G. Chowell, B. Cazelles, H. Broutin and C. V. Munayco, “The influence of geographic and climate factors on the timing of dengue epidemics in Perú, 1994–2008,” *BMC Infectious Diseases*, **11**, p. 164, 2011.