

## **Development of Waterborne Disease Transmission Model based on Multi Agent Simulation Technique**

\*Hideaki NAGARE and Hiroshi TSUNO

*Department of Urban and Environmental Engineering,  
Graduate school of Engineering, Kyoto University, Japan*

### **ABSTRACT**

Despite the construction of water and wastewater systems in modern society, waterborne disease is still one of the biggest issues to be coped with in the field of public sanitation. In this paper, a prototype of novel model to evaluate microbial health risk is to be presented. The model is based on multi agent simulation technique, which simulates the movement of each agent that represents individual or small group of individuals. The prototype imitates the movement of individual and transmission of disease in an imaginary small area.

### **KEYWORDS**

Waterborne disease, transmission model, multi agent simulation

### **INTRODUCTION**

Construction of water and wastewater systems significantly decreased the occurrence of waterborne disease, which, however, is still one of the threats to our society. In 1993, the largest *Cryptosporidium* outbreak in the USA occurred in Milwaukee, WI where 400,000 people were ill and 100 died (Rose et al., 2002). Such outbreak of *Cryptosporidium* also struck a small town Ogose, Japan in 1996 (Suwa and Suzuki, 2001).

As a tool for microbial risk assessment, Chick et al. (2001) proposed a model which simulates infection transmission systems of waterborne disease. The model had four state variables; three concerning with human beings (the number of individuals who are susceptible, infected or recovered from the disease) and one which represents the concentration of microbial organisms in the environment. The relationship between those variables is illustrated in Fig. 1. The susceptible individuals is fine and don't have immunity to the disease. With some probability, the susceptible are infected due to the contact with infectious microbial organisms in the environment or infectious individuals. The infected increase the concentration of microbes in the environment through excretion, and make the susceptible to be infected due to direct infection. The infected individuals recover af-

ter some time. The individuals with the status of recovered have resistance to the disease, which is to be lost with time though.

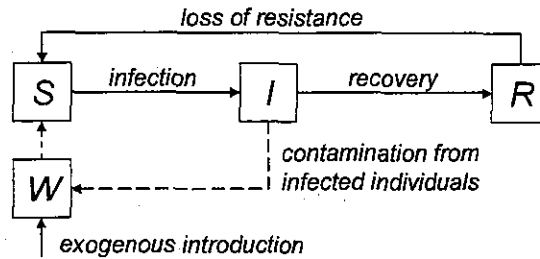


Fig. 1 The scheme of infection transmission model proposed by Chick et al. (2001). The letters  $S$ ,  $I$ , and  $R$  are the number of individuals who are susceptible, infected or recovered from the disease, respectively, while  $W$  denotes the concentration of microbial organisms in the environment.

The model is of great availability in the real society, but has one limitation: it cannot predict the spread of infected area. As the model only concerns the change in numbers of individuals or concentration of microbes in an area within imaginable but concrete border, modification of the model is required to predict such expansion of the area.

In this paper, a new disease transmission model is proposed. In the model, the expansion of infected area can be simulated as well as the change in numbers of individuals and concentration of microbes.

## MODEL DESCRIPTION

### 1. Multi agent simulation

In the new model, multi agent simulation technique was applied. Within the calculation area located many representatives called *agent*, each of them represents individual or small group of individuals, and moves autonomously within the area. Multi agent simulation originates in the work of Schelling (1969) who simulated the separation of residential area in a city.

### 2. Calculation conditions and movement rule of agent

An imaginary area was set for the simulation: the size of the area was 4 x 4 km in north to south, and in east to west. In the area, four offices were located, and 300 agents lived. Figure 2 illustrates the initial condition of the calculation world.

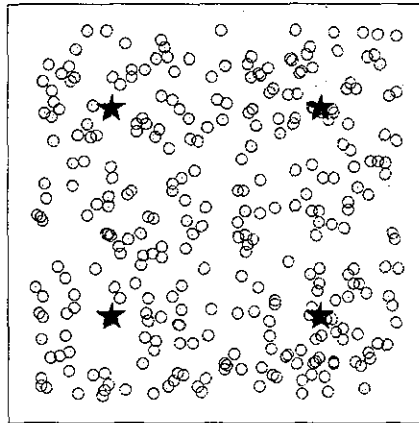


Fig. 2 The initial condition of the agent simulation. Each of the small circles is the agent, and four stars ("★") are the offices, to one of which agent goes to work. The numbers of agent was 300 in this case.

In the prototype model, only one kind of agent was made. The agent imitates the movement of office worker, leaving home for office in the morning, working in the office or sometimes traveling to another office during daytime and going back to home in the evening. Each agent has its own house and office which is chosen one from four offices randomly at the beginning of the simulation.

The time of departure from and return to home is set randomly within two hours from 7 to 9 o'clock (departure), or 17 to 19 o'clock (return home) for each agent. Every agent leaves home to his/her office at the scheduled time with a speed of 4 km/hr. During the work time, some of the agents in an office are chosen randomly with a probability of 0.5% to take trip to another office, which is also selected randomly from the other three offices. When it is the time to go back to home, the agent starts returning to home by walk.

### 3. Disease transmission

The concept of the model made by Chick et al. (2001) was introduced in this multi agent model. But, for the simplification, transmission from microbial organisms to human being was ignored, while human-to-human infection was considered instead. The status of agents who live in the southwestern part of the area is set to *infected* at the initial condition. Those infected agents move around the area as well as those who are not infected.

At the point in which an infected agent stays and many susceptible agents gather like work place infection occurs with a probability of  $\beta$ . The occurrence of infection is decided for each susceptible agent with a random number. If the infection occurs to an agent, the infection status of the agent is changed from *susceptible* to *infected*, getting an ability to cause other infection. After some time defined by a parameter  $\tau_1$ , the infected agent recovers from the disease and gains the resistance to it. But, this resistance is to be lost after some time defined by a parameter  $\tau_2$ .

## MODEL RESULTS

### 1. Simulation result of agent movement

Figure 3 illustrates the movement of an agent in one day. It left home to office, took two trips in daytime, and returned to home. This is the typical movement of agent, but some didn't take any trips between offices.

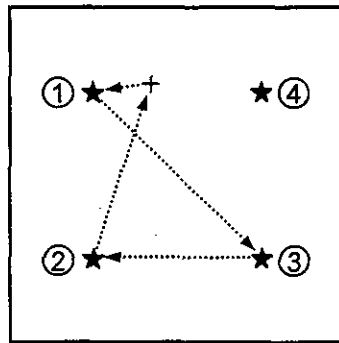


Fig. 3 The movement of an agent in one day. The agent left his/her home ("+") to the office in upper left ("★"①) in the morning. During the work time, the agent made two trips; the one from ① to ③, and another one from ③ to ②. In the evening it went back to the home.

Figure 4 shows pictures of the world at 8 and 14 o'clock. In the morning (8 o'clock), some had already left his/her home to office, but some still stayed in home. During the work time (14 o'clock), most of the agent stayed in offices, but some were on his/her way to one of the other offices.

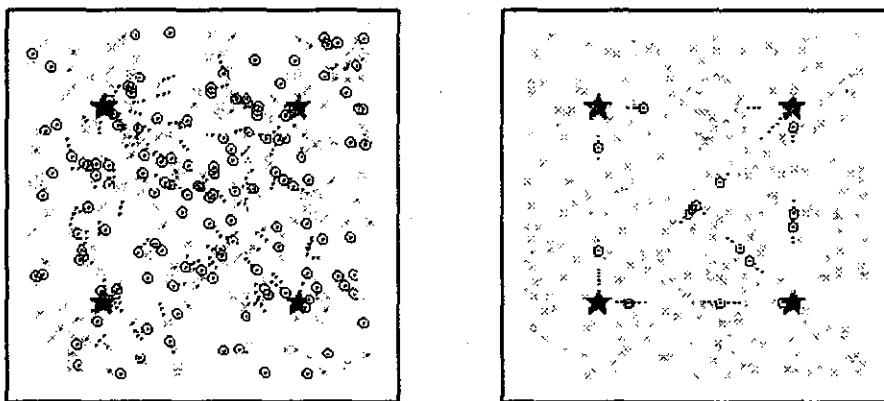


Fig. 4 Location of the entire agent at 8 o'clock (left) and 14 o'clock (right).

## 2. Simulation result of disease transmission

In order to demonstrate the availability of the model, a disease transmission simulation was conducted. In the simulation, the parameter values of infection probability ( $\beta$ ), the time required to be recovered ( $\tau_1$ ), the time to lose resistance to the disease ( $\tau_2$ ) were assumed to be  $0.24 \text{ day}^{-1}$ , 3 hrs, and 3hrs, respectively, although those values seem unrealistic indeed: the probability is too high to cause other infection, the time for recovery and losing resistance is too fast (c.f.  $\beta=0.01\sim 0.1 \text{ day}^{-1}$ ,  $\tau_1$  and  $\tau_2 =0.5\sim 5$  days in case of enterovirus (Eisenberg et al., 2004)).

At the beginning of the day, the infection status of five agents stayed around lower left corner was made to be *infected*. Those infected agents moved around as usual, transmitting the disease to the agents encountered. The changes in numbers of each infection status were shown in Fig. 6. As time elapsed, the number of *infected* increased, followed by the *recovered*. At the end of the day at 20 o'clock, infected or recovered agents were found not only in the lower left corner but in entire area as shown in Fig. 5 (left). This result indicates the disease transmission was simulated successfully in the multi agent model.

The one fact we found in the simulation was that the maximum number of the infected were different in every simulation even though the same parameter values were used. This was due to the difference in movement and location of residence of agents; those were designed randomly at the beginning of every simulation. This fact points out that the rate and magnitude of disease transmission depends on not only the infection probability but also the movement pattern of individuals in the area, or in other words the infection probability should reflect the movement pattern of individuals.

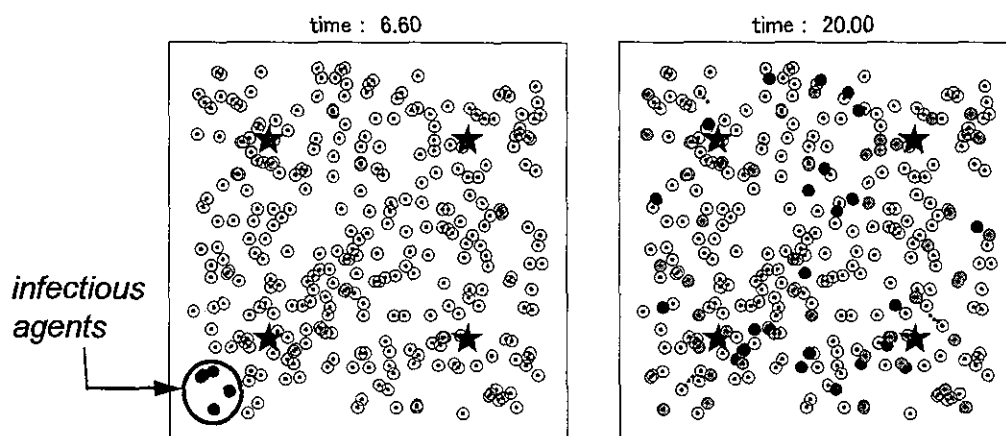


Fig. 5 The initial condition (left) and the result at 20 o'clock (left). The colored circle indicates the agent who is infected or recovered.

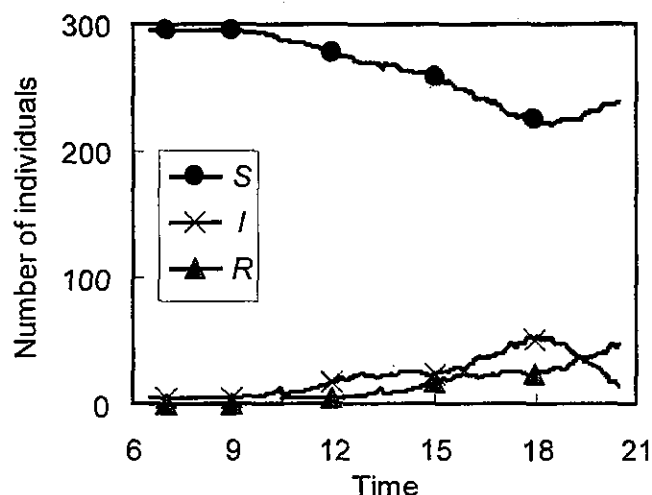


Fig. 6 The changes in number of individuals who is susceptible (S), infected (I) or recovered (R). The initial number of infected was five in the simulation.

### CONCLUSIONS AND PERSPECTIVES

In this paper, a prototype of novel model to evaluate microbial health risk was presented. The model was based on multi agent simulation technique, which simulated the movement of each agent that represented individual or small group of individuals. The prototype imitated the movement of individual and transmission of disease to an acceptable degree, and showed the importance of movement pattern of individuals in the area on transmission rate and scale.

While the model result is acceptable to some degree, the model requires more development indeed especially in the following aspect:

- 1) increasing the number of agent
- 2) increasing the type of agent and introducing more complex movement rules

Needless to say, model validation based on epidemiological survey is indispensable.

### REFERENCES

- Chick, S. E., Koopman, J. S., Soorapanth, S. and Brown, M. E., Infection transmission system models for microbial risk assessment. *The Science of the Total Environment*, 274, 197-207 (2001).
- Eisenberg, J. N., Soller, J. A., Scott, J., Eisenberg, D. M., and Colford Jr., J. M., A Dynamic Model to Assess Microbial Health Risks Associated with Beneficial Uses of Biosolids. *Risk Analysis*, 24(1), 221-236 (2004).
- Rose, J. B., Huffman, D. E., and Gennaccaro, A., Risk and control of waterborne cryptosporidiosis, *FEMS Microbiology Reviews*, 26, 113-123 (2002).
- Schelling, T. C., Models of Segregation, *American Economic Review*, 59(2), 488-493 (1969).
- Suwa, M. and Suzuki, Y., Occurrence of Cryptosporidium in Japan and countermeasures in wastewater treatment plants, *Water Sci. & Tech.*, 43(12), 183-186 (2001).

## 水環境シミュレーション 水質汚濁機構の解明

京都大学大学院工学研究科  
永禮 英明

### 1. はじめに

本講演では筆者が取り組んできた琵琶湖の水質形成機構解明に関する研究を例に、主に湖における水環境研究とシミュレーションとの関係について紹介する。

### 2. 琵琶湖水質調査

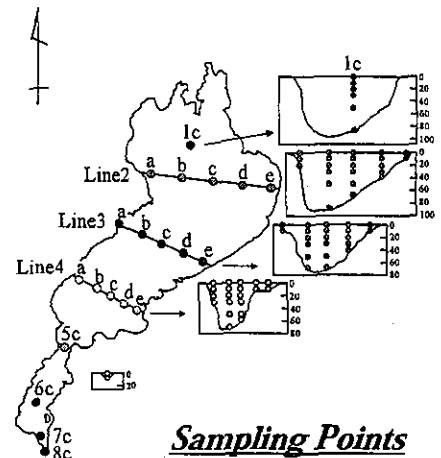
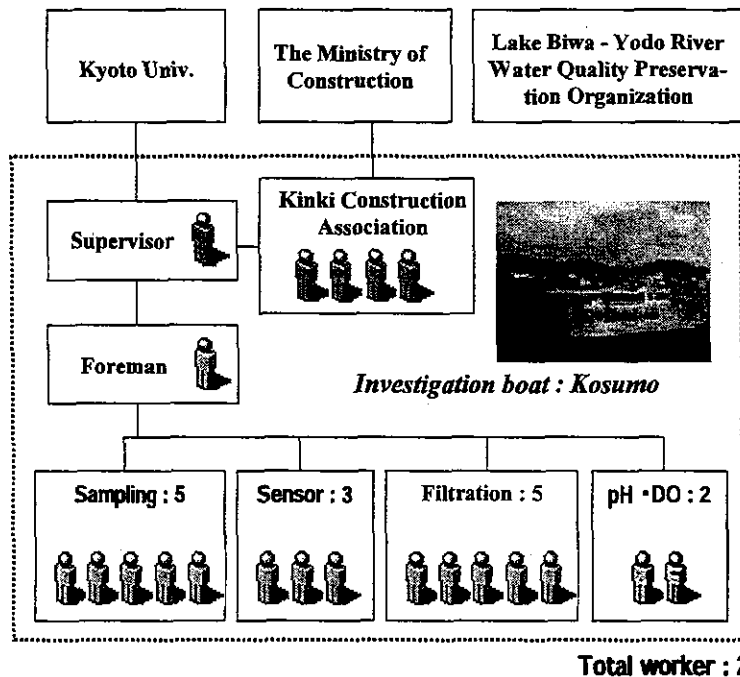
これまでに琵琶湖において非常に多くの水質調査が行われてきたし、現在も行われている。しかし、琵琶湖が非常に大きいということも理由の一つであるが、琵琶湖全域を対象とした調査は1962～1965年に実施された琵琶湖生物資源調査と1992年に実施された水環境現況総合調査の2つしか見あたらない。さらに、季節変動や時間方向での平均的水質を把握するために一定期間継続したものとなると、前者の琵琶湖生物資源調査のみとなる。

琵琶湖のように規模の大きい湖沼でこそ、空間方向での水質分布の違いを把握することが重要なのであり、なおかつ琵琶湖が関西圏1,400万人に各種用水を供給し、農・漁業の場、観光の場としても重要な存在であることから、継続的なモニタリングが実施されてしかるべきであるが、現実にはそのような調査はほとんど行われてこなかった。

これまで比較的清澄な水質を維持してきた琵琶湖北湖において、CODの上昇やアオコの発生など水質悪化を懸念させる現象が報告がなされている。さらにピコプランクトンの大量発生、チオプロローカの発見など生態系の変化を示す報告もあり、琵琶湖の水質がどのような過程を経て形成され、どのような方向に変化しつつあるのかを把握することは非常に重要な課題であると考えた。

そこで、筆者ら京都大学水環境研究室のグループは建設省(当時)、(財)琵琶湖・淀川水質保全機構のご協力のもと、立命館大学と共同で琵琶湖全域を対象とした水質調査を実施した。調査は1995年4月から2000年1月までの約5年間、3ヶ月に1度の頻度で湖内75の地点において測定するというものであった。概要を図1に示す。

このような湖全域を対象とした継続的な調査により、図2に示すような水質の分布特性およびその季節変化が明らかとなった他、後述する湖内物質存在量の推定が可能となるなど、水質形成機構の一部を解明することが可能となった。



- \* Apr. 1995~Jan. 2000
- \* every 3 months
- \* 75 points
- \* more than 50 indices

図1 琵琶湖水質調査の概要

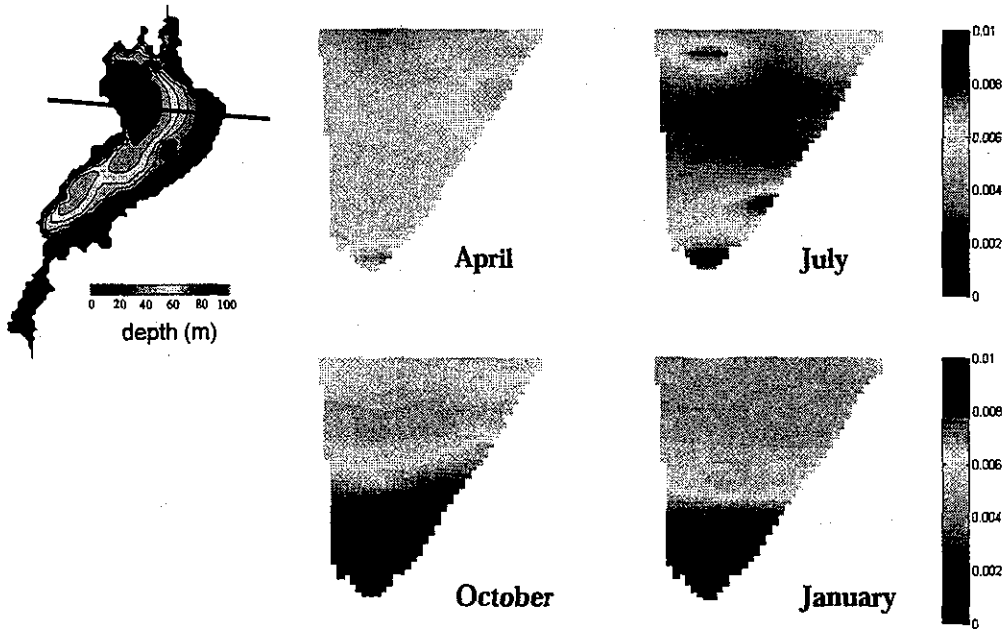


図2 琵琶湖の溶存態窒素濃度分布 (季節平均)

### 3. 琵琶湖内物質収支の評価

湖沼の水質問題を考える際、対象湖沼に関する物質収支を評価することで湖沼水質形成過程に関し多くの知見を得ることができる。そこで、我々は物質収支の観点から琵琶湖の水質形成過程を把握することを目的に、先の水質調査の結果をもとに琵琶湖水中内の物質存在量推定を試みた。

湖水中の物質存在量は濃度と水量の積として計算される。しかし、特に琵琶湖のように規模の大きな湖沼においては物質が三次元的に不均一に分布する一方、湖内水質分布を高い空間分解能で観測することが事実上不可能であるため、何らかの方法により、少数の観測データから水質濃度の分布状況を推定することが存在量計算の精度向上に不可欠である。

筆者らは次のような方法により詳細な湖内水質分布を推定した：1) 琵琶湖を500m×500m×1mのメッシュに分割する、2) 調査で得られた75地点の濃度測定値をもとに各メッシュの濃度値をスプライン法により補

間推定する。

このようにして得られた湖内水質分布から湖内存在量を計算すると、調査期間の平均では窒素は約  $11 \times 10^4$  tonN、リンは約 230 tonP 存在していたことが分かった。この量は、文献より推定した1年間の流入負荷量 ( $7.9 \times 10^3$  tonN/yr, 830 tonP/yr) に比較し、1.4倍(窒素)、0.3倍(リン)の大きさである(図3を参照)。琵琶湖においてはリンの回転が速いことが分かる。また、各調査時のリン存在量も大きく変動していた。

### 4. 水質の短期変動成分にと降水との関係

琵琶湖では窒素/リン比が40(gN/gP)程度と高く、リンが一次生産を制限していると考えられる。なおかつ、先に示したように湖内のリン量は時間的に大きく変動していた。では、なぜリン量に変化するのだろうか？また、リン量の短期的な変化は一次生産に影響を及ぼすのだろうか？

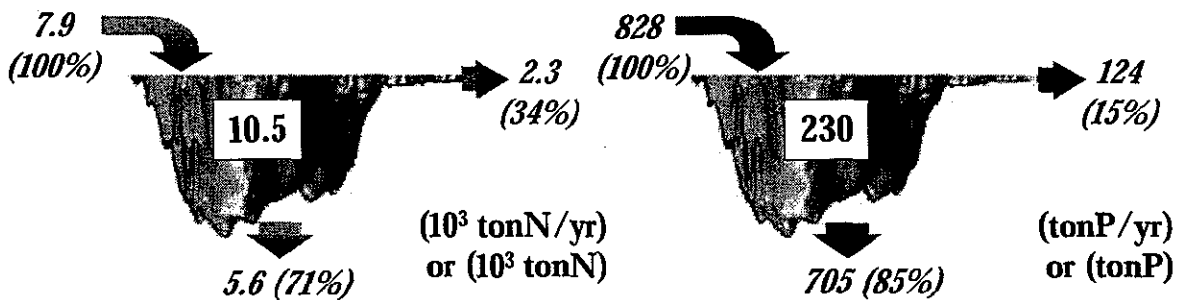


図3 琵琶湖における窒素(左)、リン(右)の収支



先に示した筆者らの水質調査は3ヶ月に1度の頻度で実施していた。全域を対象としており空間的には密な調査であるが、時間的にはそうとも言えない。特に、一次生産のように日～週という時間オーダーで変化が起こる現象を考える上では時間密度が不十分である。

そこで、滋賀県が実施している水深別水質調査の結果をもとに、先の疑問について考察を行った。この調査は月に2回、北湖の最深部付近(今津沖中央)にて実施されているもので、他のものに比べ測定間隔が短いという特長がある。

筆者はまず、この調査で得られた全リン、クロロフィルa、SSの時系列データをフーリエ変換により3つの変動成分に分解した。3つの成分とは、1) 長期成分、2) 周期成分、そして3) 短期成分である。全リンの結果を図4に示す。周期成分とは毎年同じ変化を繰り返す変化を意味している。琵琶湖の場合、表層では1月から6月の間、濃度は徐々に上昇し、その後低下していく。この変化が基本パターンであり、これに長期成分、短期成分が加わったものが実際に観測される変化となる。長期成分とは1年以上の周期を持つ、ゆったりとした変化であり、短期成分はそれ以外のもの、すなわち、1年未満の変動成分である。

次に、ここで得られた短期成分と彦根気象台で観測された降水量との相互相関係数を評価した。湖へ流入するリン負荷の多くは降雨時に流入することが分かっており、筆者はリンの湖内存在量の変動が降雨時の流入によるものではないかと考えたからである。

結果を図5に示す。全体的に相関係数は低い。これは今回用いた水深別水質調査の頻度が月に2回と他の調査に比べればよいものの、今回のような解析においてはまだ時間密度が大きすぎることで、集水域から北湖中央部への到達経路は複数存在し、その各々が異なる

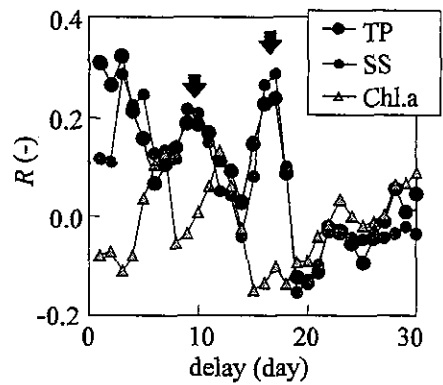


図5 水質の短期変動成分と降水量との相互相関係数

時間遅れを有すること、負荷の流出・輸送が非線形な現象であることによる。

相関係数が小さいながらも、いくつか興味深い結果が得られている。まず、全リン(TP)の結果で10日目および17日目付近においてピークが現れていることである。次に、全リンとSSで傾向がほぼ同じであること。この2点から、集水域に降った雨により、懸濁物質に付着したリンが10～20日程度の後、北湖の中央まで到達していると推定される。

ところが、同図中に示したクロロフィルa(Chl.a)の結果は他の2つとは変化が異なる。リンが到達して数日の後に一次生産が活発化する場合には、全リンの変化に遅れ、同じような傾向でクロロフィルaの変化が現れるはずである。しかし、今回の結果でははっきりとそのような傾向を読み取ることは出来ない。

以上の結果より、湖内リン存在量の変動は降雨にともなう集水域からの懸濁態リンの流入の寄与が大きいこと、その一方で、北湖中央部では懸濁態リン流入に伴う一次生産の明らかな増加は認められないことが分かった。

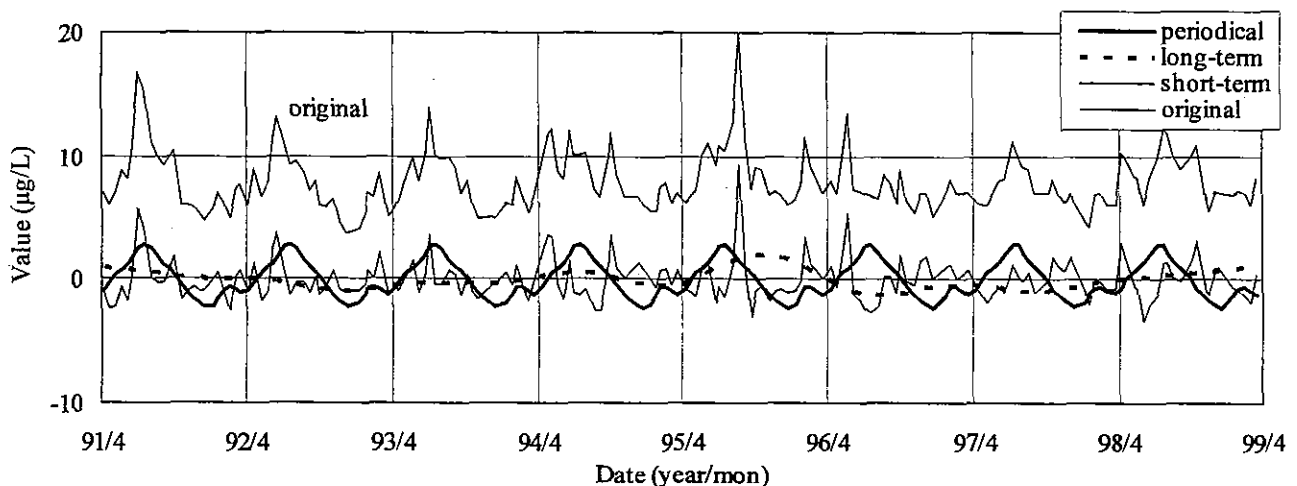


図4 フーリエ変換による水質成分の分解結果(水深10m)

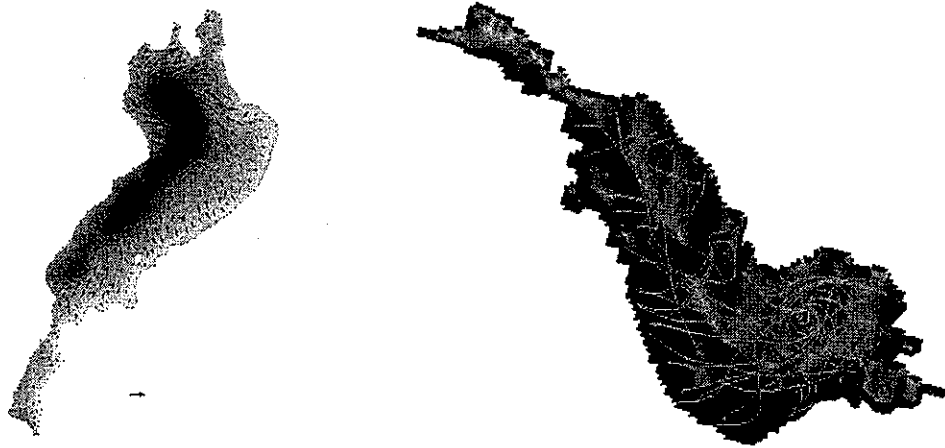


図5 流動モデルの計算結果(左:水面での温度分布と流動状況、右:琵琶湖の北東方向上空から眺めた三次元での流動状況)

## 5. 今後の展開

4. に示した解析では、湖へ入ってから北湖中央部に至る経路については全く無視し、その上で10～20日の遅れがあるなどの議論を行っていた。しかし、現実には起きている現象は非常に複雑であり、その過程を正しく評価していく必要がある。

筆者は、琵琶湖内の水の動きをコンピューター上に再現するモデルを構築し、湖内移動過程における水質の変化過程を把握していこうと考えている。このモデルは琵琶湖を26の層、全9,805のブロックに分割し、水の流向・流速および水温の変化を計算するものである。結果の一例を図5に示す。現在までに、このモデルを用い冬期の気象が融雪期の湖内流動状況に及ぼす影響に関する評価を行った。今後はさらに計算期間を延ばし、かつ対象とする物質を増やし、詳細な水質形成の過程を把握していくつもりである。

また、微生物量の変化を計算するシミュレーションにおいても、従来のものとは異なるものを検討していきたいと考えている。

従来のモデルは微生物の個体数の変化を計算するものが一般的であった。このモデルでは構造が簡単であり、計算量が少なく、コンピューターにかかる負担も小さかった。しかし、近年のコンピューターの能力向上により、より複雑な計算も可能となっている。

現在考えているモデルで計算された結果の一例を図6に示す。このモデルは、ある空間における植物プランクトン・動物プランクトンの各固体の位置と増殖・死滅を計算するものである。計算結果では時間とともにプランクトンの位置が変化しながら、量が増減している様子が見て取れる。このようなシミュレーションにより従来とは異なる知見を得られるのではないかと期待している。

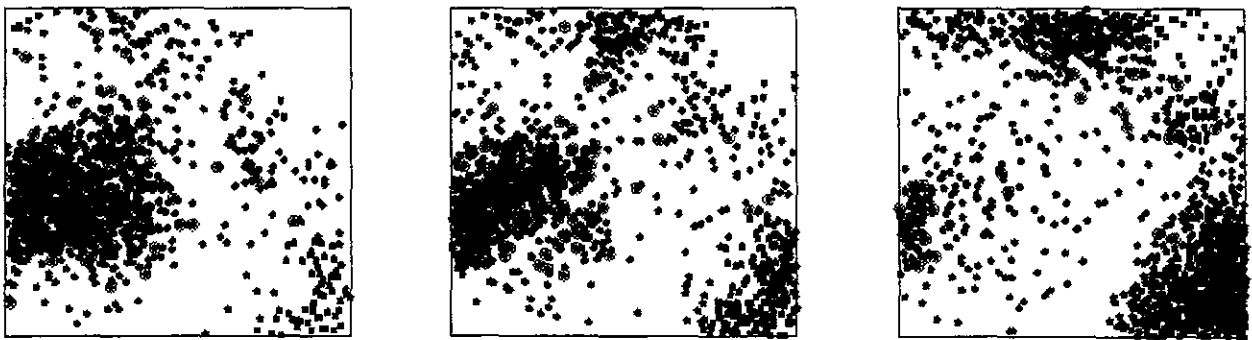


図6 微生物のマルチ・エージェントシミュレーション

四角の枠が計算領域、各点がプランクトン1個体を表す。3つの図は異なる時間におけるプランクトンの分布を表しており、左から右の方向へ時間が進行している。

## (3-8) 水道原水保全における地理情報システム (GIS) の活用

○森 一晃(国立保健医療科学院) 国包 章一(国立保健医療科学院)  
津野 洋(京都大学)

### 1. はじめに

流域の視点で、水循環の状態や管理のあり方を検討する試みが行われてきている。

流域内の多種多様な水に関する情報を統合化し、活用していくためには、地理情報システム (GIS) 機能の利用が有効と考えられる。

また、近年、河川の水質情報の一部が時間データとしてリアルタイムで利用可能となってきたおり、今後とも水環境情報ソースの拡充・強化が図られていくことが期待される。このため、新たに整備された流域環境情報を活用し、どのような取り組みが可能か水道の立場より種々検討することが重要と考えられる。

本稿においては、今後、水道の立場より流域の視点で GIS を用い、どのような取り組みが可能かの検討に資するためケーススタディとして汚濁濃度 (濁度) 予測を行ったので、その概要を紹介する。

### 2. 方法

#### (1) 対象流域及び対象物質

本研究ではケーススタディの対象流域を、埼玉県南部に位置する 1 級河川荒川水系入間川流域とした (図-1)。本流域末端の菅間地点において 2002 年 5 月より水質情報の一部が時間データとしてリアルタイムで公表されている。対象物質としては菅間地点での公表データのの一つである濁度を選んだ。

濁度は浄水処理の基本的な水質指標であるとともに、流域内土地利用や工事状況とも関連する。また、降雨流出に伴う突発的な濁度の上昇の予測と対応は、水質リスク管理方法を検討する上からも示唆に富むと考えられる。

#### (2) 濁度予測

工場、事業場等の点源からの濁度負荷については、原単位法を用い推計した。面源からの降雨流出に伴う濁度負荷については表層タンクモデルからの流量と負荷量関係式から推定した。

調査時点では、菅間地点の 2002 年の日平均流量データが公表されていなかったため、公表されていた 1998 年から 2000 年の日平均流量データと雨量データを用い 4 層複合タンクモデルのパラメータ係数合わせを行った。高い相関性が得られたモデルパラメータを用い、2002 年の雨量から 2002 年の日平均流量を推定し、濁度予測を行った。

### 3. 結果と考察

雨量と流量の相関及び濁度予測結果の一部を図-2 及び図-3 に示す。

タンクモデルを用い、3 ヶ年間の雨量データと流量データのパラメータ係数合わせを行い 0.76~0.93 の相関係数が得られた。0.76 と相関係数の低い年間データには、上流ダムの放流等の雨量と関係しない流量による影響が考えられたので、以下の濁度予測には 0.93 の比較的高い相関係数が得られた 1998 年のモデルパラメータ値を用いることとした。

濁度予測については、菅間地点における水質情報の公表が 2002 年 5 月以降であったので、2002 年と 2003 年について、濁度の予測データと実測データの比較を行ったところ、相関関係は 0.35~0.41 であった。

濁度予測にあたり、さらに高い相関を求めるには降雨強度の予測式への反映方法や対象流域内での土木工事等による発生負荷量の把握を行う必要があると考えられる。

以上のように水質データと流量データが同時に必要な場合、タンクモデルを用い流量予測を行い、流量データが欠落している時点の流量データを補完し、濁度予測を行えることが確認できた。

このことにより、観測点の公表データをさらに、上流側にある水道取水点の濁度予測に活用できる可能性が考えられる。

4. おわりに

従来、水環境分野においてはGISの利用事例が少なく、その原因の一つとして、水関係の情報はそれぞれの主体の業務目的に応じ、整備されており、他の主体が活用する上で不便が生じることが指摘されていた。

今後、水環境分野において、GISの利用を発展させていくうえで今回のような予測モデルを利用したデータ補完が有効であると考えられる。

なお、本研究は平成14年度厚生労働科学研究費補助金により行った。また、研究の実施にあたっては、本院特別課程水道工学コース三宅正弘、津田秀樹、横山浩二の各氏に御尽力頂いた。ここにこの場を借りて御礼を申し上げる。

参考文献：

増田貴則等；流域汚濁負荷算定におけるデータ整備の現状とツール開発によるGIS利用の迅速化、地理情報システム学会講演論文集、Vol. 11, 409-412, 2002

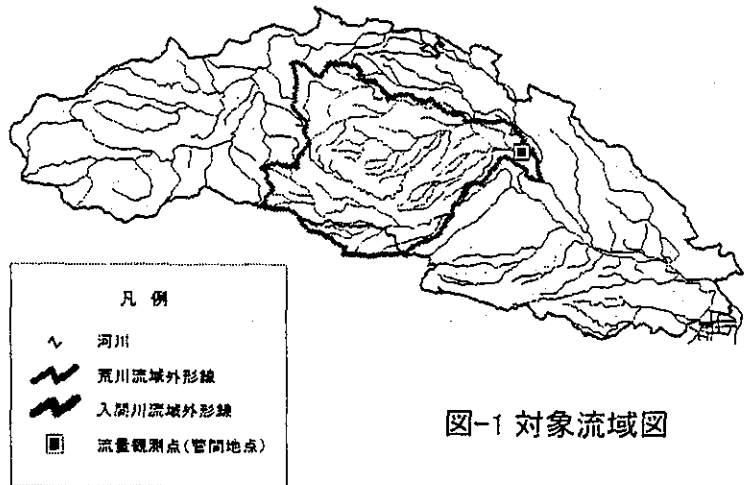


図-1 対象流域図

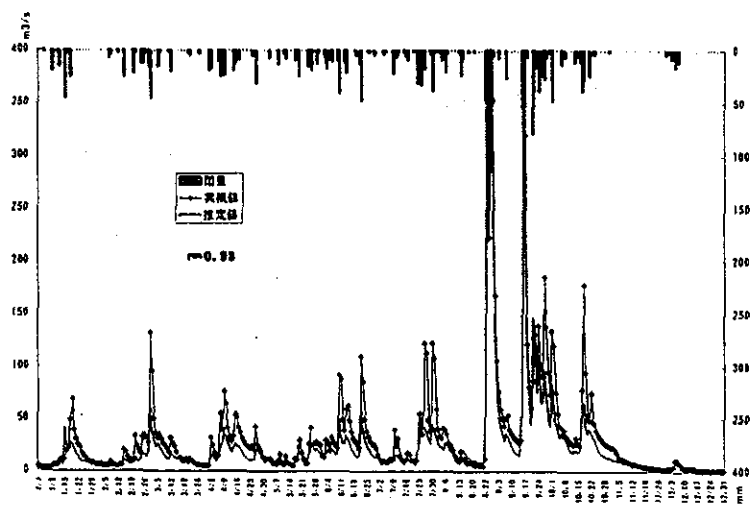


図2 1998年の雨量と流量の相関

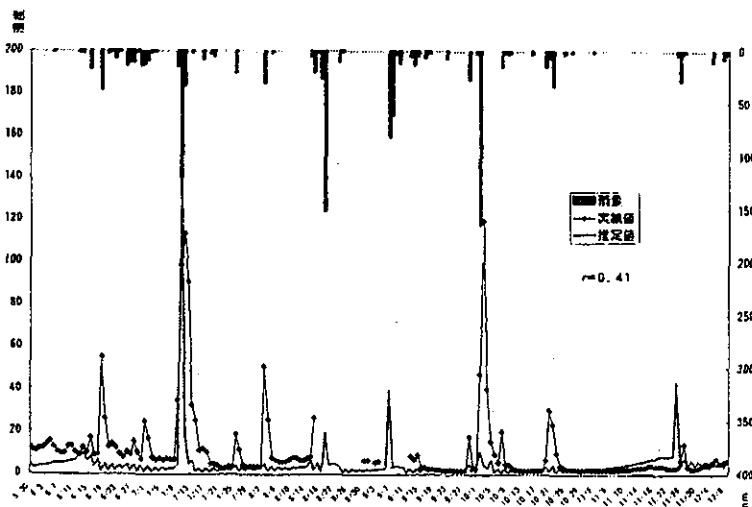


図3 2002年の濁度予測結果