

- mendations". *AIDS Educ Prev* 2004;16(3 Suppl A):27-42.
- [8] Nishiura H. "Lessons from previous predictions of HIV/AIDS in the United States and Japan: epidemiologic models and policy formulation". *Epidemiol Perspect Innov* 2007;4:3.
- [9] Cui J, Becker NG. "Estimating HIV incidence using dates of both HIV and AIDS diagnoses". *Stat Med* 2000;19(9):1165-77.
- [10] Nishiura H, Kakehashi M. "Interpreting the trend of bovine spongiform encephalopathy in Japan: Application of the backcalculation method to analyze case records". *J Vet Epidemiol* 2004;8(2):65-76.
- [11] Nishiura H, Eichner M. "Infectiousness of smallpox relative to disease age: estimates based on transmission network and incubation period". *Epidemiol Infect* 2007;135(7):1145-50.

[にしうら ひろし]

©この連載は隔月連載です。次回は5月号に掲載予定です。



Estimate of HIV prevalence in Japan

2014年 エイズ学会
大阪国際会議場

西浦博

東京大学大学院医学系研究科
nishiurah@m.u-tokyo.ac.jp

研究背景と目的、日本の観察データの問題点

国際標準を満たした研究手法に伴う公式推定が必要。

日本におけるHIV感染者数の推定手法を提案し、感染経路別の流行動態の理解と流行対策の考案に役立てること。

問題点

1. Revision in the reported # of AIDS

AIDS = with or without previous HIV diagnosis for $t < 1999+4/12$

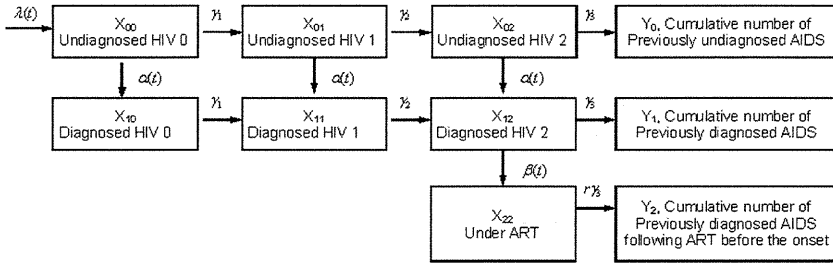
AIDS = without previous HIV diagnosis for $t \geq 1999+4/12$

2. ART (anti-retroviral therapy) was instituted since 1997, extending the incubation period

3. Revision in the reporting interval

bimonthly for $t < 2001$, *quarterly* for $t \geq 2001$

HIV/AIDSの多状態モデル



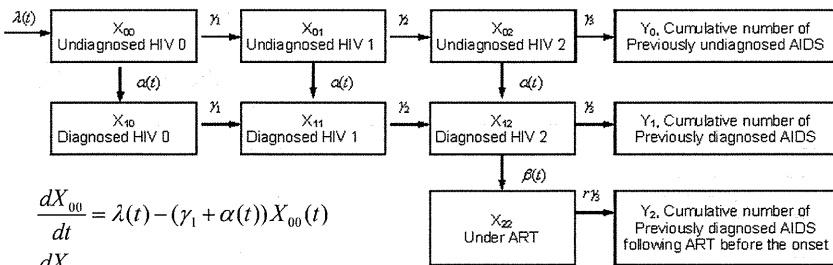
$X_{ij}(t)$: Number of HIV infections with i diagnosis/treatment status and j clinical stage at time t

$Y_i(t)$: Cumulative number of AIDS cases with i previous diagnosis/treatment status of HIV

Transitions: γ_1 , γ_2 and γ_3 (assumed known)

We want to estimate $\lambda(t)$, $\alpha(t)$, $\beta(t)$ and r .

多状態モデル(Cont')



$$\frac{dX_{00}}{dt} = \lambda(t) - (\gamma_1 + \alpha(t))X_{00}(t)$$

$$\frac{dX_{01}}{dt} = \gamma_1 X_{00}(t) - (\gamma_2 + \alpha(t))X_{01}(t)$$

$$\frac{dX_{02}}{dt} = \gamma_2 X_{01}(t) - (\gamma_3 + \alpha(t))X_{02}(t)$$

$$\frac{dX_{10}}{dt} = \alpha(t)X_{00}(t) - \gamma_1 X_{10}$$

$$\frac{dX_{11}}{dt} = \gamma_1 X_{10} + \alpha(t)X_{01}(t) - \gamma_2 X_{11}$$

$$\frac{dX_{12}}{dt} = \gamma_2 X_{11} + \alpha(t)X_{02}(t) - (\gamma_3 + \beta(t))X_{12}$$

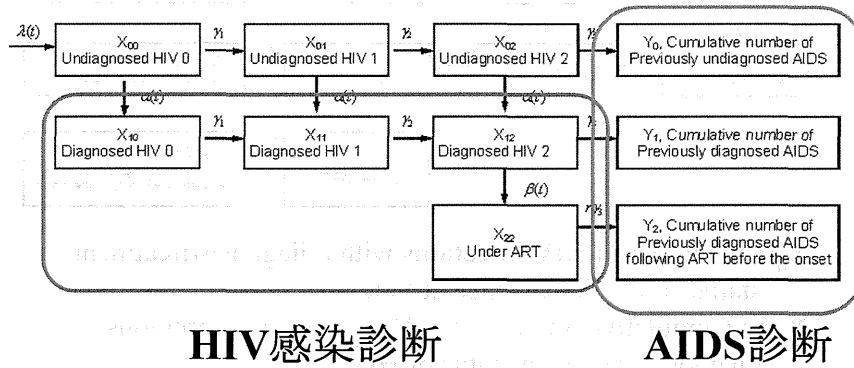
$$\frac{dX_{22}}{dt} = \beta(t)X_{12}(t) - r\gamma_3 X_{22}$$

$$\frac{dY_0}{dt} = \gamma_3 X_{02}$$

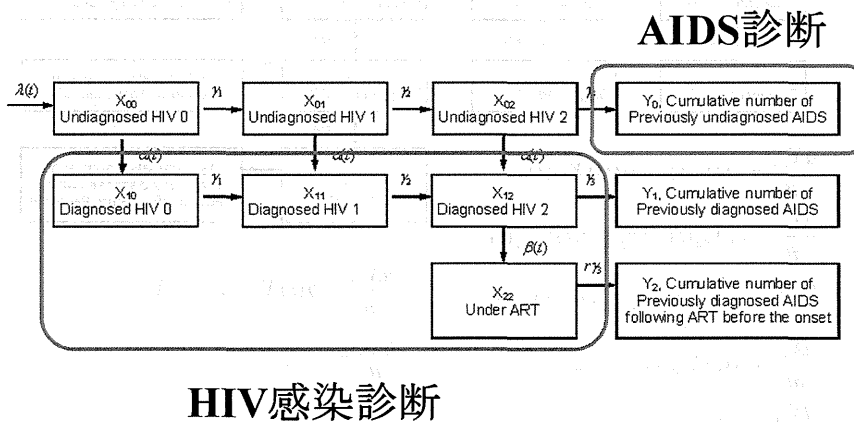
$$\frac{dY_1}{dt} = \gamma_3 X_{12}$$

$$\frac{dY_2}{dt} = r\gamma_3 X_{22}$$

1999年4月より前の報告



1999年4月以降の報告



報告間隔に対応

報告感覚を Δt として任意の長さで扱い可能に。

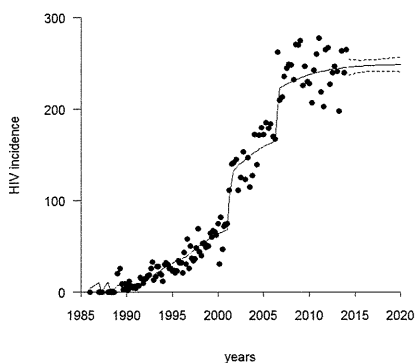
$$E(A_t) = \begin{cases} [Y_0(t + \Delta t) + Y_1(t + \Delta t) + Y_2(t + \Delta t)] - [Y_0(t) + Y_1(t) + Y_2(t)] & \text{for } t < 1999.33 \\ Y_0(t + \Delta t) - Y_0(t) & \text{for } t \geq 1999.33 \end{cases}$$

$$\frac{dK}{dt} = \alpha(t)(X_{00}(t) + X_{01}(t) + X_{02}(t))$$

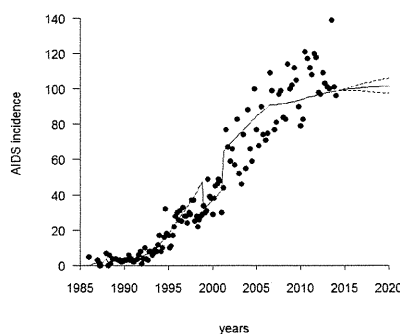
$$E(H_t) = K(t + \Delta t) - K(t)$$

報告数フィットと近未来予測

HIV新規感染者報告数



AIDS患者数

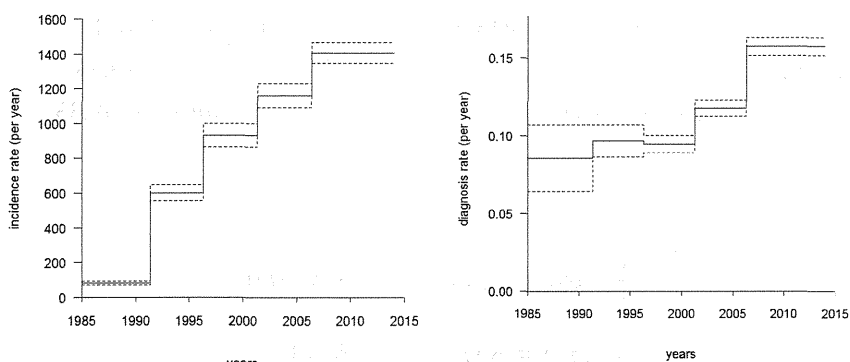


People living with HIV/AIDS were estimated at 28,249 (95% CI: 27,550-30,142) persons in October 2014.

推定された新規感染者数と診断率 の時間変化

HIV新規感染者数(/年)

診断率(/年)

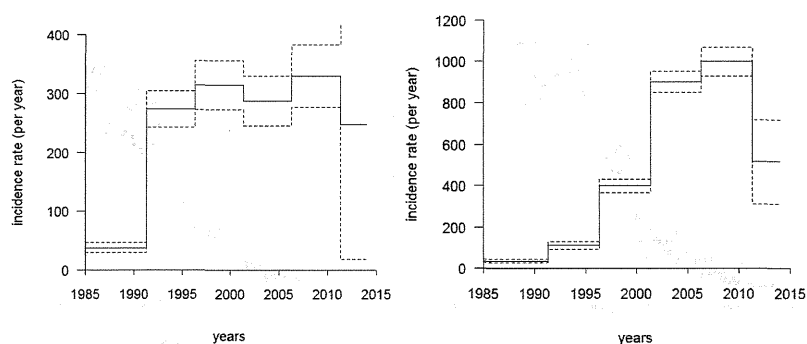


the diagnosis rate from 1986-1990 at 0.073 (95% CI: 0.055, 0.091) has doubled to 0.154 (95% CI: 0.148, 0.160) from 2006 to 2011.

推定された新規感染者数(感染経路別)

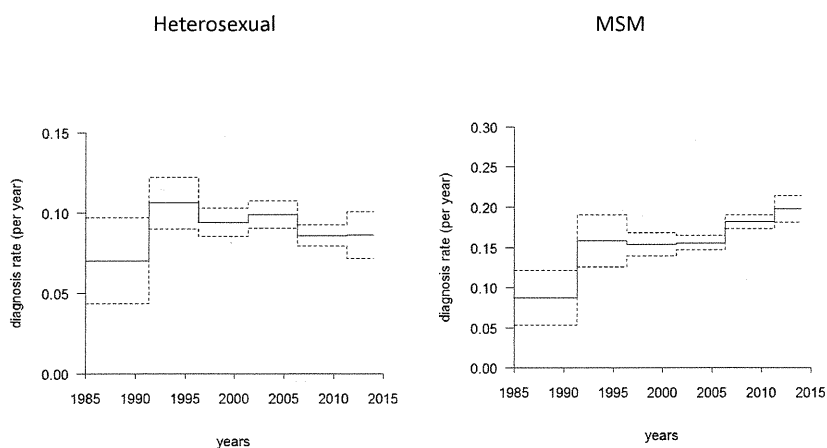
Heterosexual

MSM



Estimated HIV incidence rates by transmission route from 1985 to 2015. The Heterosexual route shows a steady increase from near zero to approximately 400 cases per year. The MSM route shows a sharp increase starting around 1990, reaching approximately 1000 cases per year by 2010.

推定された診断率(感染経路別)

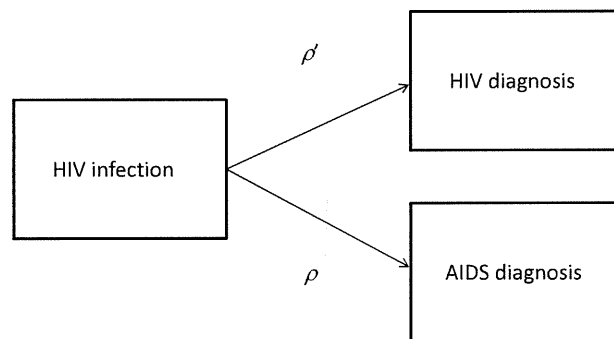


結果まとめ

1. 日本の最新のPLWHAは2014年10月で27500-30000人と推定された。
2. MSMの新規HIV感染者数は減少に転じていると推定された。
3. Heterosexualの新規感染は依然として増加している可能性大。日本全体として増加傾向。
4. MSMの診断率はHeterosexualの倍以上。
Heterosexualの診断啓発とリスクグループ特定が重要と考えられる。

謝辞 厚生労働科学研究 (H26-エイズ-若手-004)
JST戦略的創造研究推進事業RISTEX「政策のための科学」

現在進行中：別途の推定モデルの1つ



Competing risk modelとしての
Nonparametric back-projection

2015/09/28 作成

RIMS 研究集会 第12回生物数学の理論とその応用 -遷移過程に現れるパターンの解明に向けて-

日程 2015年11月24日(火)～11月27日(金)
会場 京都大学数理解析研究所 420号室
研究代表者 辻川 亨 (宮崎大学工学教育研究部)
研究副代表者 大崎 浩一 (関西学院大学理工学部)
後援 日本数理生物学会

プログラム

11月24日(火)

13:00～13:10 あいさつ

一般講演

13:10～13:30 中桐齊之 (兵庫県立大学環境人間学部)

カシノナガキクイムシのマスアタックがナラ類集団枯損分布拡大に与える影響:格子モデルによる解析

13:30～13:50 木下修一 (武蔵野大学工学部)

出芽酵母の細胞周期に関わる遺伝子ネットワークにおける自己ループの役割

13:50～14:10 中田行彦 (東京大学大学院数理科学研究科)

遅延方程式による感染症モデルの定式化;免疫減衰と再感染

14:10～14:20 **休憩**

14:20～14:40 内田就也 (東北大学大学院理学研究科)

流体力学相互作用による鞭毛と繊毛の集団ダイナミクス

14:40-15:00 森 竜樹 (龍谷大学大学院理工学研究科)

All global bifurcation curves for a cell polarization model

15:00～15:20 関口卓也, 大槻 久 (日本学術振興会, 総合研究大学院大学)

双行列ゲームの戦略の固定確率とその応用

15:20～15:40 **休憩**

15:40～16:00 中山まどか (仙台高等専門学校)

バクテリアの微細な環境の変化に応じた生存戦略について

16:00～16:20 稲葉 寿 (東京大学大学院数理科学研究科)

ケルマック・マッケンドリック再感染モデルの閾値解析

16:20～16:40 辻川 亨 (宮崎大学工学教育研究部)

走化性増殖モデルにおける周期現象について

11月25日(水)

一般講演

- 09:20～09:40 西浦 博 (東京大学大学院医学系研究科)
診断と発病が競合するモデルによる HIV 感染者数の推定
- 09:40～10:00 宮松雄一郎 (東京大学大学院医学系研究科)
日本における梅毒の有病率の推定
- 10:00～10:20 木下 諒 (東京大学大学院医学系研究科)
日本における風疹流行の疫学的・数理的解析
- 10:20～10:40 休憩
- 10:40～11:00 應谷洋二 (岡山大学環境生命科学研究科)
遅れのある複数株感染症モデルのリアプノフ関数
- 11:00～11:20 道工 勇 (埼玉大学教育学部)
環境依存型モデルの腫瘍免疫への応用
- 11:20～11:40 水本憲治 (東京大学大学院総合文化研究科)
季節性インフルエンザの疾病負荷推定

11:40～13:00 昼食・休憩

一般講演

- 13:00～13:20 細野雄三, 武部康平 (京都産業大学理学部, 京都産業大学大学院理学研究科)
侵入過程に現れる餌食・捕食者モデルの進行波解
- 13:20～13:40 中村直俊 (理化学研究所・生命システム研究センター)
真核細胞の走化性を生み出す自己組織化シグナルシステムの分岐解析
- 13:40～13:55 休憩

ミニシンポジウム「群れと行動とその解析」

オーガナイザー：昌子 浩登 (京都府立医科大学・医・物理学教室)

- 13:55～14:00 昌子 浩登 (京都府立医科大学・医・物理学教室)
オープニング
- 14:00～14:30 昌子 浩登 (京都府立医科大学・医・物理学教室)
肝小葉の類洞、毛細胆管ネットワークの数理解にむけて
- 14:30～15:10 中村 亨 (東京大学教育, さきがけ)
日常生活行動にみられる行動制御と精神疾患におけるその破綻
- 15:10～15:20 休憩
- 15:20～16:00 井上康博, 安達泰治 (京都大学再生医科学研究所)
3Dパーテックスモデルによる上皮折り畳みシミュレーション
- 16:00～16:40 太田隆夫 (東京大学理学研究科, 豊田理化学研究所)
自己推進粒子集団の非線形ダイナミクス

11月26日(木)

一般講演

- 09:20～09:40 原田耕治 (豊橋技術科学大学大学院情報・知能工学系)
変異原と抗 HIV 薬の併用による HIV-1 致死性突然変異生成に関する数理的研究
- 09:40～10:00 今 隆助 (宮崎大学工学教育研究部)
宿主・捕食寄生者モデルの超離散化と非有界性
- 10:00～10:20 藤江健太郎 (東京理科大学大学院理学研究科)
癌浸潤現象を記述する走化性モデルの数学解析
- 10:20～10:40 守田 智 (静岡大学工学部)
環境変動と居住地移動のある 2 種競争系モデルの共存条件
- 10:40～11:00 休憩
- 11:00～11:20 黒川 瞬, 井原泰雄 (京都大学大学院農学研究科, 東京大学大学院理学系研究科)
有限集団における社会行動の固定確率
- 11:20～11:40 村上公一 (徳島大学総合科学部)
一般化 Hopf 分岐の標準形の計算公式とその応用
- 11:40～12:00 近藤信太郎 (明治大学先端数理科学インスティテュート)
A reaction-diffusion system and its shadow system describing harmful algal blooms

12:00～13:10 昼食・休憩

- 13:10～13:30 伊藤悠介 (九州大学理学部)
HIV-1 における局在性重感染の解明
- 13:30～13:50 池田裕宜 (九州大学大学院システム生命科学府)
IFN による抗 HIV-1 効果の定量
- 13:50～14:10 柿添友輔 (九州大学大学院システム生命科学府)
HIV-1 侵入における CCR5 の機能解析
- 14:10～14:20 休憩
- 14:20～14:40 小川軌明 (理化学研究所仁科センター / iTHES)
魚類網膜モザイクの成長による動的パターン選択
- 14:40～15:00 佐々木 徹 (岡山大学大学院環境生命科学研究科)
拡散効果のあるウイルスダイナミクスの漸近挙動

15:00～15:10 休憩

特別講演

- 15:10～15:50 若野友一郎 (明治大学総合数理学部)
空間構造のあるモデルにおける進化的分岐
- 15:50～16:00 休憩
- 16:00～16:40 八木厚志 (大阪大学大学院情報科学研究科)
Forest Growing Patterns and Mathematical Models

11月27日(金)

一般講演

09:30～09:50 小田切健太 (専修大学ネットワーク情報学部)

走化性粒子の準安定状態からの脱出時間

09:50～10:10 松島正知, 中村拓人 (同志社大学生命医科学部, 同志社大学生命医科学研究科)

メダカの集団行動の非対称遷移現象モデル

10:10～10:30 布野孝明 (九州大学理学部)

マラリア流行の数理モデルとそのデータ解析への応用

10:30～10:50 休憩

10:50～11:10 國谷紀良 (神戸大学大学院システム情報学研究科)

空間異質な年齢構造化 SIS 感染症モデルの大域挙動

11:10～11:30 佐々木達矢 (ウイーン大学・数学)

連続型スノードリフトゲームにおける協力とインセンティブ行動の進化

11:30～11:50 梶原 毅 (岡山大学大学院環境生命科学研究科)

体内の感染症年齢構造モデルの大域安定性解析

Resume: Estimation of HIV infected individuals using a model with competing risks of diagnosis and illness onset

Hiroshi Nishiura
Infectious Disease Epidemiology
Department of Global Health Policy
Graduate School of Medicine
The University of Tokyo

Resume of forthcoming article

As an original study is expected to be printed elsewhere, herewith a Resume of the study is provided for this proceedings.

Background

Acquired immunodeficiency syndrome (AIDS) is a disease of immunocompromised host with a number of opportunistic infections, caused the human immunodeficiency virus (HIV). Following infection with HIV, it takes on average 10 years to develop AIDS. Once developing AIDS, its diagnosis is properly made by AIDS expert and certainly reported in industrialized countries including Japan where there are a number of AIDS specialized healthcare facilities. Nevertheless, unless infected individuals undertake voluntary blood testing, the infection status with HIV is unrecognized before developing AIDS.

Since the reported dataset of AIDS cases captures the transmission dynamics of some 10 years ago, we cannot objectively understand if the epidemic is downward or upward trend at present only by looking at AIDS cases. Backcalculation method is a well-known statistical method that has permitted us to estimate HIV incidence using the AIDS case data and the incubation period distribution. Namely, the incidence of AIDS cases is written as a convolution of the HIV incidence (i.e. new infections with HIV) and the probability density function of the incubation period of AIDS, and deconvolution procedure has helped us to estimate HIV incidence from such relationship.

While the backcalculation method has been useful and was widely applied to different settings, the AIDS incidence in Japan has not reflected the entire number of AIDS diagnoses from 1999, due to cessation of reporting previously diagnosed HIV infected individuals that progressed to AIDS. For this reason, all AIDS cases have not been counted in Japan, making it unrealistic to apply the simple convolution equation to

the observed AIDS case data. Moreover, in addition to AIDS cases, there have been reports of diagnosed HIV infection status among blood donors and a statistical method that could offer estimates of HIV incidence using both AIDS cases and HIV diagnoses has been called for.

A multistate model was proposed as ideal method to be applied to the Japan dataset. In addition to such a well parameterized model, the present study aimed to develop a model that captures the data generating process of HIV/AIDS in a simpler yet general manner using a competing risk model. Employing the competing risk model, the interplay between HIV diagnosis and onset of AIDS is captured.

Method

Basic model structure

A competing risk model that captures the data generating process of HIV diagnosis and onset of AIDS has been mathematically formulated (Figure). The rate of HIV diagnosis was modeled as a function of calendar time, while the illness onset of AIDS was assumed to be regulated by an independently and identically distributed incubation period distribution.

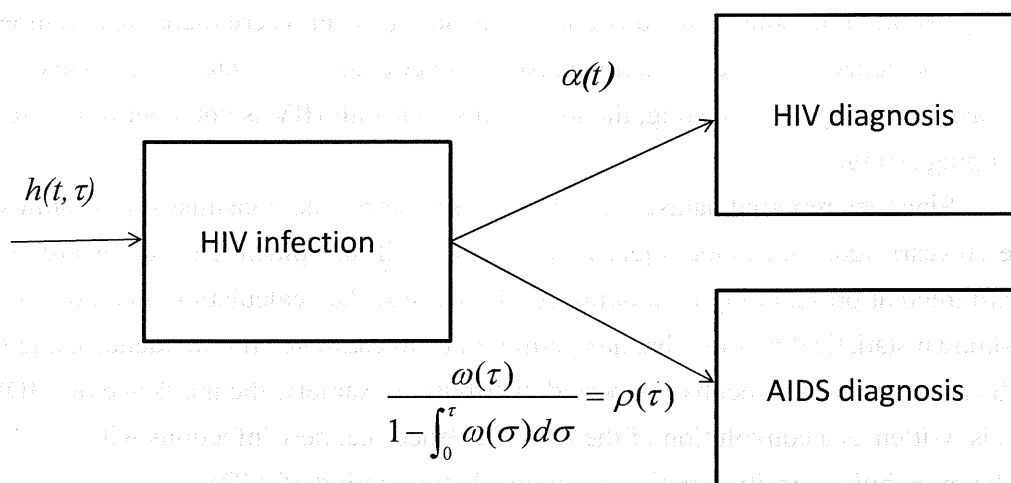


Figure. Competing risk model as applied to HIV/AIDS

Available data

HIV/AIDS surveillance record in Japan: Bimonthly (1984 -2000) or quarterly (2001- present) numbers of HIV infection and AIDS diagnosis are obtained. Among AIDS diagnosis, information with regard to previous HIV diagnosis is not available. Reporting interval in surveillance system is revised due to the different law (AIDS Prevention Law

1989-1999 and the National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases from Mar. 1999). Registration system of AIDS excluded those who were diagnosed as HIV-infected after the revision.

We obtained the maximum likelihood estimates of unknown parameters including the HIV incidence and the rate of diagnosis. Likelihood function was explicitly derived from McKendrick equation system. Assuming that the HIV incidence is characterized by a non-homogeneous Poisson process, both the resulting HIV diagnoses and AIDS incidence were assumed to follow Poisson distributions.

Results/Discussion

Estimated number of people living with HIV/AIDS (PLWHA) was on the order of 26000 as of the end of 2014. The estimates were comparable to those obtained using a three-stage multistate model that was employed in the past. As an advantage of the proposed model, it was shown that the forecast can be obtained in real-time accounting for both parameter uncertainty and demographic stochasticity. As a visual confirmation of the goodness-of-fit, observed and expected cumulative numbers of HIV infections and AIDS cases were compared.

A general representation of HIV/AIDS model in Japan was considered. The proposed competing risk model permits a simpler sensitivity analysis of the model estimates to different incubation periods.

Address for correspondence:

Department of Global Health Policy

Graduate School of Medicine

The University of Tokyo

Tokyo 113-0033

JAPAN

E-mail address: nishiurah@m.u-tokyo.ac.jp

東京大学・大学院医学系研究科 西浦 博

VI章

研究課題：発生動向を理解するためのHIV感染者数の推定手法の開発

課題番号：H27-エイズ-若手-004

研究代表者：西浦 博（東京大学大学院医学系研究科 准教授）

1. 研究目的

日本における感染症数理モデル研究全体の実用化は未だ十分でなく、特に、HIV/AIDSの流行動態の把握が継続的に複数の方法に基づいて実施されている状況にはない。新規感染者数やAIDS患者数の動向が明確に把握できなければ、感染予防プログラムの評価や拠点病院を中心とした臨床医学における服薬治療の継続率・有効性などを具体的に評価することが困難である。他方、国外におけるHIV/AIDS発生動向の検討においては独立グループとして雇用された数理モデル専門家が、国家の公式推定の研究基盤を支えており、日本の感染動向把握のための研究は危機的状況にある。

本研究の目的は、日本におけるHIV感染者数の推定手法を開発し、複数の推定手法の妥当性や推定値の不確実性を比較・評価し、推定値をエイズ発生動向の理解に役立てることである。

2. 研究方法

研究プロジェクトの体制：本研究は若手育成枠で採用いただき、研究代表者1名のみで構成した。データ整理のため、一部期間に限定して研究補助員を研究室で短時間雇用して対応してきた。数理モデル研究の基盤を築き、日本のHIV/AIDSに関する疫学的な観察データの特性を捉えたモデル構築を達成するために、海外研究者を含む疫学モデル及びHIV感染症専門家との間で共同研究も視野に入れた相談を進め、プロジェクトを展開してきた。

研究環境：特別な実験設備は必要としないが、既存の研究環境における解析的な数理モデルの定式化と、それに引き続く尤度方程式の導出を行い、統計学的推定や流行の短期予測について、ワークステーションを利用した計算環境で推定研究を展開してきた。今後、年齢群別および都道府県別の感染者推定を計画しており、計算量が大幅に増える場合は他研究計画で獲得したクラスタ（並列計算システム）を使用する予定である。これまでの研究費は、人件費とプログラム開発用の書籍を除けば、主に成果発表に要する論文出版に要する費用と学会旅費（年1回）で構成した。

観察データの整備：HIV感染者数の推定と予測に要するデータ基盤の形成を企みつつ、推定研究を展開してきたため、本研究中では公開された2次データ（サーベイランスデータ）を基に分析を実施した。具体的には、新規HIV

感染者診断数（医療機関や保健所等での検査に基づく）、新規AIDS患者報告数を性・年齢・都道府県および感染経路別で分類して分析してきた。また、適時HIV/AIDS及び疫学専門家の意見を収集しつつ研究を実施するよう、エイズ発生動向委員会での報告も実施してきた。

数理的な研究手法：研究は年度ごとで段階的に課題を分けて、研究の遂行に当たってきた。

初年度（平成26年度）は、基本となる数理モデルを1つ構築し、その妥当性を検討する段階と位置づけた。推定には多状態モデルを利用し、HIV感染の進行を数理的に記述したコンパートメント型モデルを用いた。これは、より単純な数理的メカニズムで記述される逆計算法というAIDSの潜伏期間を利用した畳み込み式によるHIV感染者数の推定に加え、さらにHIV診断者数のデータも追加で加味することによって、新規感染率と診断率を同時推定することが可能なモデルである。同モデルの使用により、全感染者数および感染経路別の感染者数、更に、それぞれの感染経路別の診断率について同時推定を行った。推定には最尤推定法を使用した。また、短期予測を行ったが、統計学的推定に最尤推定法を利用しているため、分散-共分散行列を用いて正規近似の仮定の下でパラメータ不確実性を加味した予測区間の計算を実施した。本件に関する原著論文は現在査読下にある。

2年度目（平成27年度）は、競合リスクモデルを用いて推定モデルを一般化し、より一般的な状況での推定結果を提供するとともに、新規感染者数や時点総感染者数の潜伏期間や診断率の想定に対する感度分析を容易にするモデル化を実施した。というのも、諸外国で報告されてきたように、一部の日本のAIDS患者における潜伏期間が従来知られていたものより顕著に短いことが指摘されている。抗ウイルス療法の選択圧による進化の可能性が疑われ、日本特有のHIV感染症の特性のうちモデル化可能な現象について、出来る限りにモデル内に取り込めるよう、モデルの基本構造を構築した。今後、潜伏期間や診断率の時刻依存性、年齢依存性、地理依存性などを検討する予定である。（倫理面への配慮）

本研究では現時点では個体レベルのデータにアクセスしていない。現状では公表データのみに基づく分析のみで研究が実施されている。

3. 研究結果

多状態モデルを利用することにより、病変報告制度の改訂に対応した尤度方程式が導出された。また、連続時間モデルを積分することによって報告期間の改訂に対応した。これらのことは競合リスクモデルでも実証可能であることを説明した。

2015年10月時点での日本国内の日本国籍の者におけるHIVの累積感染者数は30439人(95%信頼区間:28220-32568人)と推定された。全感染者における診断率は1986-1990年は時間当たり0.073(95%信頼区間:0.055、0.091)だったが、2006-2011年には0.154(95%信頼区間:0.148、0.160)まで改善した。

感染経路別に統計学的推定を実施した結果、診断率の継続的上昇はMSMの間で最も顕著であった。新規感染の頻度はMSMにおいて2006-2011年の区間を最後に最近までに新規感染者数は減少傾向に転じたものと考えられた。

4. 考察

日本におけるHIV感染症の発生動向を理解するための数理モデルを利用した推定研究の第1弾目のモデル化と推定および第2弾目としてのモデルの一般化と感度分析研究を実施した。日本全国で3万人超の日本人感染者が存在することが見込まれ、加えて、感染経路別に分析することで各感染経路別の感染者数および診断率が推定された。その結果、MSMの新規感染者数は既に減少に転じているものと推測され、一方で異性間接触による感染者は依然として増加傾向にあるものと考えられた。

同モデルに関するフィードバックを得るために、HIV専門家(エイズ学会)、公衆衛生専門家(公衆衛生学会)、数理科学者(生物数学ワークショップ)で本研究の成果発表を行なった。また、第138回エイズ発生動向委員会に出席して、同研究の成果を報告させていただき、フィードバックをいただいた他、今後もエイズ発生動向委員会で委員として推定の結果更新を報告していく所存である。

5. 自己評価

1) 達成度について

最低限の目標として据えている第1弾目目の数理モデル(多状態モデル)による推定研究を投稿し、その改訂を実施するところまで至った。研究期間内に少なくとも、第1弾目と2弾目の2編の受理と公開が見込まれる。また、同研究成果をHIV専門家や公衆衛生専門家に紹介してフィードバックを得る機会を設けられたことに加え、エイズ発生動向委員会に出席し、研究成果をご紹介する機会をいただいた。研究は計画通り順調に進んでおり、3年度目に

は都道府県別や年齢郡別の推定に着手するとともに、第1弾目の推定研究の実装としてRの推定パッケージの公開を近く実現すべく推定の普及に取り組む予定である。

2) 研究成果の学術的・国際的・社会的意義について

2年度目の終わりまでに2つのモデル(多状態モデルと競合リスクモデル)を活用した研究の投稿と改訂までを達成することができた。インパクトファクターを有する海外専門誌に近く掲載する予定である。今後も国際的批判に耐える論文として報告を続けていく所存である。それにより、国連エイズ基金(UNAIDS)など国連機関等にも参照いただけるような推定値の提供を実現する。

社会的意義:日本エイズ学会で同研究を報告し、発生動向委員会の情報だけでなく、推定に基づく全感染規模を知ることの重要性を共有できた。また、罹患率など動的な推定に加え、感染経路別の診断率の検討が予防に直結することを強調した。

3) 今後の展望について

3年度目—これまでの日本全国の推定に加え、最終年度は地域別・年齢群別の推定に着手する。不確実性の増大程度にもよるが、都道府県別・感染経路別で診断率・報告率の異質性を同時推定する枠組みを考える。その際の推定には地域間の相互作用を明示的に加味することが必要となるため、データ同化の中でも粒子フィルタリングのテクニックを利用した推定モデルを考案する。同様に、年齢群別の特殊モデルを利用した推定にも取り組む予定である。

推定のルーチン化のための統計パッケージの作成と投稿への作業を進めている。上記推定に加えて虚偽の感染経路も加味したモデルを構築する。また、推定プログラムのコード公開も視野に入れ、推定ルーチン化の実装を企画する。発生動向を理解する上で、より頑健な疫学的指標とその解釈に関しても検討したい。

6. 結論

日本におけるHIV感染症の発生動向を理解するための数理モデルを利用した推定研究の第1弾・第2弾目のモデル化と推定を実施した。全国で約3万人超の日本人感染者がいるものと推定され、感染経路別での感染者数および診断率が推定された。最終年度は、これらモデルの原著論文出版の完了に続き、異質性をとらえたより精緻なモデル研究を実施し、妥当性の検証を進めていく所存である。

7. 知的所有権の出願・取得状況(予定を含む)

特になし。

別紙

研究発表

研究代表者

西浦 博

欧文

- 1) Nishiura H, Nakaya T, Inaba H, Kakehashi M. Estimate of HIV prevalence in Japan: Maximizing the utility of epidemiologic data under time-varying changes. Submitted (Under review)
- 2) Nishiura H. Revisiting extended backcalculation method as a competing risk model: An application to HIV/AIDS in Japan. Submitted (Under review)

和文

- 1) 西浦博. 直接に観察できない感染イベント. 数学セミナー. 54(2):72-78, 2015.

口頭発表

国際

- 1) Hiroshi Nishiura, Keisuke Ejima. Estimating the number of HIV-infected individuals in Japan using a mathematical model. Theory of Biomathematics and Its Applications XI, September 16-19, 2014, Kyoto, Japan.
- 2) Hiroshi Nishiura. E Estimation of HIV infected individuals using a model with competing risks of diagnosis and illness onset. Theory of Biomathematics and Its Applications XII, November 24-27, 2015, Kyoto, Japan.

国内

- 1) Hiroshi Nishiura, Tomoki Nakaya, Masayuki Kakehashi. Estimates of HIV-infected individuals with and without antiretroviral treatment in Japan. 第73回日本公衆衛生学会総会、2014年、栃木.
- 2) Hiroshi Nishiura. Estimate of HIV prevalence in Japan. 日本エイズ学会学術総会、2014年、大阪.
- 3) Hiroshi Nishiura. Real-time forecasting of HIV/AIDS epidemic in Japan. 日本エイズ学会学術総会、2015年、東京.

