

告 報 Ⅲ

時系列分析による感染症の発生予測に関する研究

笹嶋 肇 高階 光榮

インフルエンザ、水痘、手足口病、流行性耳下腺炎の4疾患について、過去17年間の感染症サーベイランス事業で得られた秋田県の定点当りの平均患者発生報告数を基に、時系列分析手法を用いて予測モデルの作成について検討した。その結果、対象とした4疾患についての発生予測が可能であり、数期先までは高い精度の予測値が得られることが判明した。なお、インフルエンザについては、病原体ウイルス検出数を説明変数とした多変量 ARIMA 分析でモデル投入効果を検討したが明確な効果は見いだせなかった。

キーワード：感染症、予測、時系列分析、ARIMA

I はじめに

1976年に秋田県において全国に先駆けて実施した「微生物定点観測」と「患者発生情報収集システム」を柱とする微生物監視体制は、1987年からの国の感染症サーベイランス事業に継承され全国的な情報収集還元体制が開始された。また、1987年1月からのコンピュータオンライン化により情報の迅速化が図られた。1999年には「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」の施行によって、感染症発生動向調査事業の法定化が行われた。その後、2003年11月には狂牛病、SARS、炭疽菌、トリインフルエンザなどの発生への対応を含めた法律が一部改正され、新たな感染症の発生に伴う法律上の整備が行われている。この中で、小児科疾患やインフルエンザ、性感染症などの5類感染症については、蔓延防止のため常に動向を把握し科学的根拠に基づいた適切な情報提供が求められており、法律では「国の感染症発生動向調査の結果等に基づいて、必要な情報を一般国民や医療関係者に提供・公開していくことによって、発生・まん延を防止すべき感染症」に分類されている。

このように、感染症発生動向調査では、患者情報や病原体検出情報を基に流行状況を収集解析し、関係機関に対して適切に提供することが基本的な機能である。加えて、今後の流行状況について科学的根拠を伴った情報を確保することも感染症危機管理を含めた予防対策に関連する重要な機能の一つである。

そこで本研究では、現行の5類感染症定点把握対象疾患の予防対策支援のために、これまで蓄積されたデータを基にして秋田県の患者発生を予測するための方法について検討した。

II 対象と方法

1. 患者データ

対象疾患は、インフルエンザ、水痘、手足口病、流行性耳下腺炎の4疾患とした。

秋田県内の患者データは、コンピュータオンラインが開始された1987年第1週から2003年第52週までの17年間に指定医療機関（以下、定点）から週別に報告された患者データを1定点当たりの患者報告数（報告数/定点）として集計し、これを「患者発生規模」とした。ただし、1987年第1週～1999年12週の患者データは当初の登録定点数が分母のため、報告例のない医療機関がある場合には実際のデータより小さい値であった。そこで、秋田県感染症情報センターに報告された定点数（以下、実定点数）を分母として再集計し、保健所別・疾病別・週別の時系列データに再構築した。なお、1999年13週以降の患者発生規模については、国の感染症発生動向調査システムは実定点に対応しているためそのまま用いた。

2. 病原体検出データ

インフルエンザについて、1997年～2003年までの秋田県内の病原体のウイルス検出データを用いた。

3. 解析方法

時系列データは独立でないため通常の回帰分析法の仮定条件を満たさない場合が多い。このため、時間軸上の構造的・周期的変動を考慮した手法が必要であるが、本研究では時系列分析として広く用いられている ARIMA モデル（自己回帰和分移動平均モデル）を用いて検討した。

ARIMAは線形時系列モデルで一般式は次のように表わされる。

$$\phi(B)\Phi(Bs)\omega_t = \theta(B)\Theta(Bs)a_t \quad (1)$$

ここで、各演算子は

$$\begin{aligned}\phi(B) &= 1 - \phi_1 B - \phi_2 B^2 - \dots - \phi_p B^p \\ \Phi(B) &= 1 - \Phi_1 B^s - \Phi_2 B^{2s} - \dots - \Phi_P B^{Ps} \\ \theta(B) &= 1 - \theta_1 B - \theta_2 B^2 - \dots - \theta_q B^q \\ \Theta(B) &= 1 - \Theta_1 B^s - \Theta_2 B^{2s} - \dots - \Theta_Q B^{Qs}\end{aligned}$$

また、 $\omega_t = \nabla_s^D \nabla^d Z_t$ Z_t : 確率過程 a_t : 誤差項 (ホワイトノイズ) ∇ : 差分演算子

であるが、(1) 式を要約して次のような表示方法が使用されている。

ARIMA (p, d, q) (P, D, Q) s

ここで、パラメータ p, d, q, P, D, Q は次のような意味をもつ。

p: 自己回帰過程の階数 P: 季節変動自己回帰過程の階数
d: 定常化のための差分階数 D: 季節階差の数
q: 移動平均過程の階数次数 Q: 季節移動平均過程の階数
s: 季節変動の期間

最も単純なモデルは 1 階の自己回帰モデル AR(1) と 1 階の移動平均モデル MA(1) であり、ARMA(1, 1) は AR(1) と MA(1) の混合モデルである。また対象データは定常化されている必要がある。定常とは期待値と分散が一定でデータ間で相関をもつことを意味し、これら 3 つの条件が満たされていなければならない。このため一般的には差分法が適用されている。

また、ARIMA(1, 1, 1) は原時系列に差分 1 (非季節階差 1) を施した ARMA を示し、ARIMA(1, 1, 1) (1, 1, 1) 52 は、原時系列に差分 1 (非季節階差 1) と季節差分 1 (季節差分階差 1) を施した ARMA(1, 1)(1, 1) モデルを示す。なお、各モデルの確率過程の一般項は次のとおりである。

・AR モデルの一般項

$$Z_t = \phi_1 Z_{t-1} + \phi_2 Z_{t-2} + \dots + \phi_p Z_{t-p} + a_t \quad (2)$$

・ARMA モデルの一般項

$$Z_t = \phi_1 Z_{t-1} + \phi_2 Z_{t-2} + \dots + \phi_p Z_{t-p} + a_t - \theta_1 a_{t-1} - \theta_2 a_{t-2} - \dots - \theta_q a_{t-q} \quad (3)$$

ARIMA モデルの解析は、SPSS 12.0J for windows Trends、及び Decision Time 1.0J (以下、DT) を用い、①定常化と周期分析、②モデル同定、③モデル診断、④予測モデルの手順で行った。

Ⅲ 結 果

1. 患者データ

図 1-1 から図 1-4 に、実定点データで再集計した秋田県の週別患者発生規模のデータを折れ線グラフで示した。

2. 病原体検出データ

表 1 に、1997 年 1 月～2003 年 12 月までの、インフルエンザウイルス月別検出数を示した。

3. 時系列解析結果

1) インフルエンザ

(1) 定常化と周期分析

インフルエンザの 1987 年から 2003 年の患者発生データは、図 1-1 に示したように毎年冬季に発生規模が増加するパターンを示したが明確な長期トレンドは確認できなかった。周期分析の結果は、図 2-1 に示したように 52 週のピリオドグラムが最大で、次いで 26 週であった。つまり、現時系列の周期は 52 週 (1 年) であった。

(2) モデルの同定

原時系列の自己相関関数 (以下 ACF) と偏自己相関関数 (以下 PACF) は、図 2-2 と図 2-3 に示したように、共に指数減衰パターンが観察された。これらの結果を基に DT を用いてパラメータを分析した結果、表 2-1 に示したとおり最終モデルとして ARIMA (1, 0, 2)(1, 0, 1) 52 が得られた。

(3) モデルの診断

モデル診断のための適合度統計量としては、Trends で計算される赤池情報量基準 (以下、AIC)、Schwartz の Bayesian 基準 (以下、SBC) を用い、モデル診断指標としては Box-Ljung 統計量の P 値が 0.05 以上であること (残差がホワイトノイズである仮説が棄却されないこと) を指標とした。

Ljung-Box 統計量の P 値は、表 2-2 に示したようにラグ 16 までが 0.05 以上で、この期間までのモデル残差がホワイトノイズである仮説は棄却されなかった。

(4) 予測モデル

これらの結果から、予測モデルは次のとおりであった。

$$(1 - 0.631B)(1 - 0.996B^{52})Z_t = (1 + 0.531B + 0.217B^2)(1 - 0.959B^{52})a_t$$

図 2-4 に観測値と適合値をプロットしたグラフを、図 2-5 に 1993 年 13 週～2004 年 52 週までの予測値を加えたものをプロットしたグラフを示した。予測期間は 1 周期の 52 週分としたが、ARIMA の特性から予測期間が長いほど予測値の信頼幅が大きくなるため、4 期先くらいまでが実用的な予測値であった。

(5) 病原体ウイルス検出データによる多変量 ARIMA

インフルエンザの主な原因ウイルスは A ソ連型、A 香港型、B 型の 3 種類に分類される。そこで、これらのウイルス検出データを用いた多変量 ARIMA

モデルについて検討した。

前段として各ウイルスの検出数の周期について分析したところ、3種類のウイルス検出数の周期は、図2-6、図2-7、図2-8に示したとおりいずれも52週であった。表2-3には1997年から2003年までの期間についてのこれまでと同様のARIMA(単変量ARIMA)分析をした結果を、表2-4にはウイルス検出数を説明変数とした多変量ARIMA分析結果を示した。AICとSBCを比較すると、共に単変量ARIMAに比べて多変量ARIMAの値が小さく、ウイルス検出数を独立変数に導入することでわずかに予測精度が向上したものの、実用的効果が期待できる程ではなかった。

2) 水痘

(1) 定常化と周期分析

水痘の1987年から2003年の患者発生データは、図1-2に示したように1987年から1988年にかけて長期減少トレンドが観察された。これは、水痘の主な罹患年齢である0～5歳人口の減少を反映しているものと推測された。また、年変動が著しくスペクトル分析の結果、図3-1に示したように26週と52週の周期が認められたが、これをグラフで観察すると第1週から第26週間でのAパターンと27週以降52週までのBのパターンに分類された。そこで、周期26週と周期52週の2つのパターンについて分析を行った。また、図3-2と図3-3に示したように、原時系列のACFは直線的減衰パターンで、PACFはラグ2まで大きな値で、その後ラグ6までStandard error(標準誤差)範囲を超えた。ACFパターンは季節変動が考えられることを示したため季節階差1に非季節性階差1を追加して分析した。結果は図3-4と図3-5に示すようにACFはラグ3まで大きな値を示した。

(2) モデルの同定

原時系列の周期を26としてDTによりARIMA(0, 1, 3)(1, 0, 1)26が選択された。この結果に基づいて、Trendsで分析した結果は表3-1に示したように、AICは1626、SBCは1654であった。また、原時系列の周期を52とした結果ARIMA(0, 1, 3)(0, 1, 1)52が選択され、AICは1545、SBCは1568であった。モデルはAIC、SBCが小さい方が優れたモデルであることから、これらを基にDTでパラメータを分析した結果、表3-2に示したように最終モデルとしては、ARIMA(0, 1, 3)(0, 1, 1)52が選択された。

(3) モデルの診断結果

ARIMA(0, 1, 3)(0, 1, 1)52母自己相関係数の

検定のためのBox-Ljung統計量のP値は、図3-6に示したようにラグ10までが0.05以上で、この期間までのモデル残差がホワイトノイズである仮説は棄却されなかった。

(4) 予測モデル

以上の結果より予測モデルは次のとおりであった。 $\nabla \nabla_{52} Z_t = (1 - 0.713B + 0.277B^2 - 0.198B^3)(1 - 0.803B^{52})$ at

図3-7に1987年～2003年までの観測値に対するモデルの適合値、図3-8に1993年13週～2004年52週までの予測値を含めたグラフを示した。

3) 手足口病

(1) 定常化と周期分析

手足口病の1987年から2003年の患者発生データは、図1-3に示したように年別の発生規模に差がみられた。スペクトル分析によって、図4-1に示したように最大周期は52週であった。

(2) モデルの同定

図4-2と図4-3に示したACF及びPACFの結果を参考にモデルの階差と次数を決定した。PACFがラグ1で切れているがACFが直線的に減少しているためデータが定常化されていないと判断された。定常化した非季節階差1のデータを図4-4と図4-5に示した。それらの結果を基にDTによりパラメータを分析した結果、表4-1に示したようにARIMA(0, 1, 5)(1, 0, 1)52が選択された。

(3) モデルの診断

Trendsでモデル診断の結果は、図4-6に示したように、Box-Ljung統計量のP値はラグ16まで0.05以上で、この期間までのモデル残差がホワイトノイズである仮説は棄却されなかった。

(4) 予測モデル

以上の結果から表4-1の同定結果が採用され、予測モデルは次のとおりであった。

$(1 - 0.982B_{52}) \nabla Z_t = (1 + 0.019B + 0.125B^2 + 0.130B^3 + 0.097B^4 - 0.122B^5)(1 - 0.945B^{52})$ at

図4-7に1987年～2003年までの観測値に対するモデルの適合値を、図4-8に1993年13週～2004年52週までの予測値を含めたグラフを示した。

4) 流行性耳下腺炎

(1) 定常化と周期分析

流行性耳下腺炎の1987年から2003年の患者発生規模は、図1-4に示したように年変動が明確でなかったが、スペクトル分析の結果、図5-1に示したように最大のピリオドグラムを示す期間は104週、次いで52週、26週の順であった。そこで、周期26週、52週、104週について分析した。

図5-2と図5-3に示したように、原時系列のACFは直線的減少を示しPACFはラグ3まで大きい値を示した。周期26系列の非季節階差1のACFとPACFを図5-4と図5-5に、周期52系列の非季節階差1のACFとPACFを図5-6と図5-7に示したが、周期による違いはみられなかった

(2) モデルの同定

これらの結果を基にDTを用いてパラメータ分析を行った結果、非季節階差1で周期26系列と周期52系列、周期104系列の3種類が得られた。このうち、周期26系列と周期52系列及び周期104系列についてのモデル同定結果を表5-1、表5-2、表5-3に示した。適合度統計量のAICとSBCは周期52系列の値が最小のため、モデルとしてARIMA(2, 2, 1)(1, 0, 1)₅₂が選択された。

(3) モデルの診断

Ljung-Box 統計量のP値は、図5-8に示したようにラグ16までが0.05以上で、この期間までのモデル残差がホワイトノイズである仮説は棄却されなかった。

(4) 予測モデル

以上の結果から予測モデルは次のとおりであった。
$$(1 + 0.959B + 0.383B^2)(1 - 0.969B^{52})\nabla^2 Z_t = (1 + 0.317B)(1 - 0.917B^{52})a_t$$

図4-9に1987年～2003年までの観測値に対するモデルの適合値を、図4-10に1993年13週～2004年52週までの予測値を含めたグラフを示した。

IV 考 察

感染症の患者データ解析についての幾つかの報告^{1)～3)}が見られるものの、スペクトル分析を用いたものが多い。感染症は、一般に感染源、感染経路、感受性保有者の要因等により発生し、呼吸器系感染症においては感受性保有者が感染源と間接触により感染する⁴⁾。このことから、一部の施設などの感受性保有率がわかっている局在的流行に関してはReed-Frostモデルなどが適しているが、広域的発生に拡張するためには非決定論的モデルを確立する必要がある。このようなことから、観測データによるスペクトル分析などが用いられていると考えられる。

予測モデルに関して、沖ら³⁾は気象データを用いた対数線形モデルを検討している。また、長谷川ら²⁾は過去データにスペクトル解析結果を当てはめて長期的傾向を求めているが、基本理論はCDCで採用し当所で運用してきたCPEG(Current-Past Experience Graph)と同様である。しかし、CPEGは過去の同時期の平均、標準偏差、標準化変数を指標としていることから、長期ト

レンドや異常値の扱いに検討の余地が残されている。

本研究で用いたARIMA時系列モデルは、BoxとJenkinsによって構築され³⁾、自己回帰と移動平均の理論を基礎としている。Allard Rら^{6)～9)}は感染症の予測解析にARIMAやSARIMA(季節変動を考慮したARIMA)が有効であることを報告している。本研究では、5類感染症の定点把握対象疾患のうち、①広域的流行が毎年繰り返され複数の病原体が検出される疾患としてインフルエンザ、②年間を通して発生がみられ季節的な変動パターンを示す水痘、③比較的狭い地域に限られ複数の病原体が検出される疾患として手足口病、④比較的狭い地域に限られ病原体が1種類の疾患として流行性耳下腺炎、の4疾患についての発生予測モデルについて検討した。その結果、4疾患についてARIMAモデルを適用によって秋田県の週別平均患者発生規模の予測が可能であると考えられた。

インフルエンザについては、Aソ連型・A香港型・B型のウイルス検出データが多く収集されていることから、独立変数に組み込んで多変量ARIMAモデルを試みた。しかし、用いたデータでは患者発生モデルに対する効果は充分ではなかった。これは、各シーズンにおいて単独ウイルスによる発生はほとんどみられず、複数のウイルスによる発生の多いことが原因と推察された。予測モデルの評価としては、ARIMAモデルで決定されたパラメータによって1周期までは予測が可能である。しかし予測値の信頼限界は予測期間が長ければ大きくなるため、実用的な精度の比較的高い期間はモデルの自己回帰や移動平均の次数を考慮して3週から5週先までである。ただし、県内の平均患者発生規模データが得られた時点でモデルに追加する逐次予測法によって、その時点からの予測が可能となる。

また、本研究で採用したモデルは線形時系列モデルであり、データ内部構造を自己回帰と移動平均によって解析し適合させる理論である。非線形時系列モデルとの比較検討については、今後の課題としたい。

V ま と め

インフルエンザ、水痘、手足口病、流行性耳下腺炎の4疾患について、線形時系列モデルの一つであるARIMAモデルを用いて患者発生予測モデルの作成を検討し、いずれの疾患についてもARIMAモデルによる発生予測が可能であることを明らかにした。ただし、インフルエンザウイルス検出データのモデルへの組込効果を検討したが明確な効果は見いだせなかった。

ARIMAモデルでは、自己回帰や移動平均の次数が1～3であるため、現時点から数期先までは精度高く予測できることが明らかになった。今回作成したモデルに

よって、3～5期先まで精度の高い予測データが求められるので、感染症情報センターにおける患者の発生予測解析においてもその目的を十分に達成できると考えられた。

文 献

- 1) 沖 典男, 他. スペクトル解析による感染症流行の周期特性, 兵庫県衛生研究所研究報告, 29; 1994: 1-7.
- 2) 長谷川信作, 他. 感染症発生動向調査情報の迅速還元と流行予測, 情報処理学会論文誌, 1999; 40: 132-140.
- 3) 沖 典男, 他. 感染症サーベイランス患者発生予測の検討, 兵庫県衛生研究所研究報告, 33; 1998: 81-86.
- 4) 坂本州弘, 疫学と疫学モデル. 金芳堂, 1985; 255-289.
- 5) W. Vandeer著 (藁谷千風彦・他訳). 時系列入門-ボックス-ジェンキンスモデルの応用. 東京都. 多賀

出版. 1988.

- 6) Allard R. Use of time-series analysis in infectious disease surveillance. Bulletin of the World Health Organization 1998; 76: 327-333.
- 7) G. David Williamson Ginner, Weatherby Hudson. A monitoring system for detecting aberrations in public health surveillance reports. Statistics in Medicine 1999; 18: 3283-3298.
- 8) Flavio Fonseca Nobre, Ana Beatriz Soares Monterio, Paulo Roberto Tellers, and G. David Williamson. Dynamic linear model and SARIMA: a comparison of their forecasting performance in epidemiology. Statistics in Medicine 2001; 20: 3051-3069.
- 9) Maarten J. Postma, Dirk Ruwaard, and Hans(J.) C. Jager. Projecting utilization of hospital in-patient days in The Netherlands: A time series analysis. Journal of Mathematics Applied in Medicine & Biology 12, 185-202.

図 1 - 1 インフルエンザ患者発生規模（1987年～2003年）

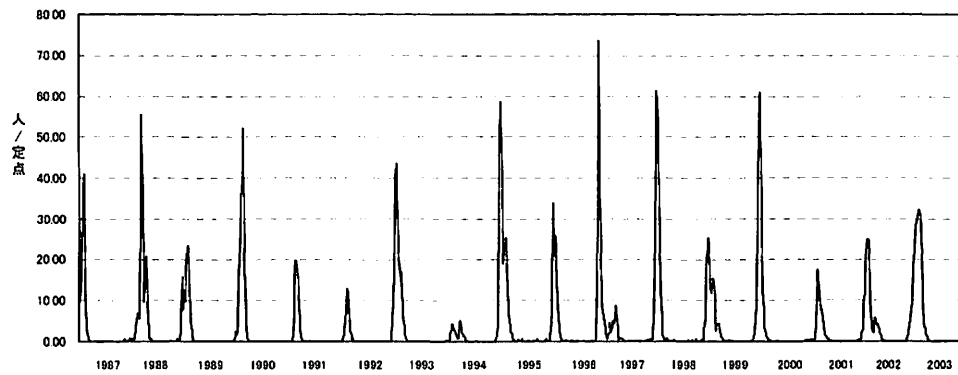


図 1 - 2 水痘患者発生規模（1987年～2003年）

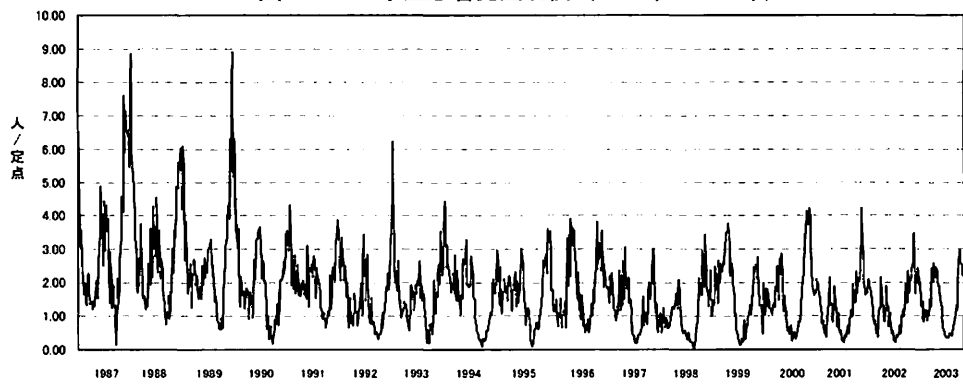


図 1 - 3 手足口病患者発生規模（1987年～2003年）

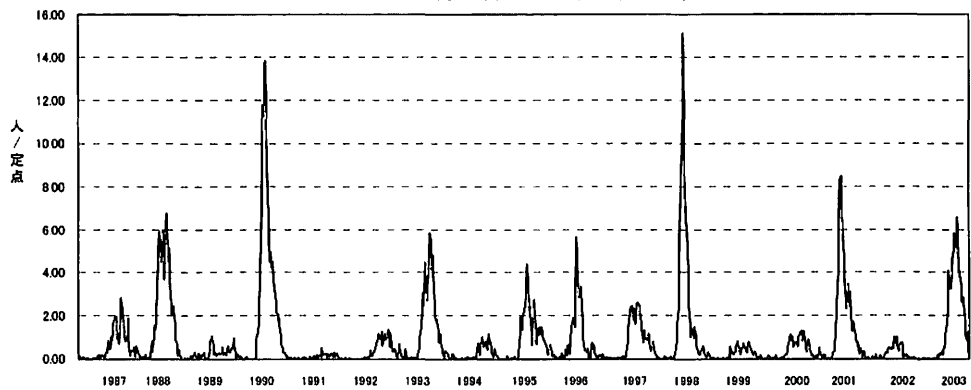


図 1 - 4 流行性耳下腺炎患者発生規模（1987年～2003年）

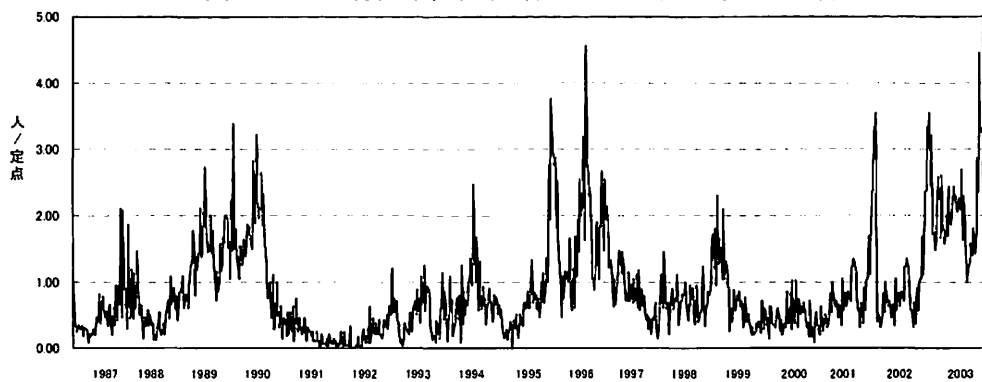


表1 インフルエンザウイルス月別検出数（秋田県：1997年～2003年）

年	月	FluA H1	FluA H3	FluB	総計	年	月	FluA H1	FluA H3	FluB	総計
1997	1		34		34	2000	7				0
1997	2		4	6	10	2000	8				0
1997	3		2	22	24	2000	9				0
1997	4		1	36	37	2000	10				0
1997	5			13	13	2000	11				0
1997	6			1	1	2000	12				0
1997	7				0	2001	1				0
1997	8				0	2001	2	5	4	7	16
1997	9				0	2001	3	2		6	8
1997	10				0	2001	4	6	6	19	31
1997	11				0	2001	5	1		1	2
1997	12				0	2001	6				0
1998	1	2	47		49	2001	7				0
1998	2		49		49	2001	8				0
1998	3		2		2	2001	9				0
1998	4			1	1	2001	10				0
1998	5				0	2001	11				0
1998	6				0	2001	12				0
1998	7				0	2002	1	15	17		32
1998	8				0	2002	2	29	35		64
1998	9				0	2002	3	12	33	2	47
1998	10				0	2002	4		1	15	16
1998	11				0	2002	5		1	6	7
1998	12		1	1	2	2002	6				0
1999	1		107		107	2002	7				0
1999	2		55	15	70	2002	8				0
1999	3		7	46	53	2002	9				0
1999	4				0	2002	10				0
1999	5				0	2002	11				0
1999	6				0	2002	12		2	1	3
1999	7				0	2003	1		15	7	22
1999	8				0	2003	2		13	18	31
1999	9				0	2003	3		2	13	15
1999	10				0	2003	4				0
1999	11				0	2003	5				0
1999	12				0	2003	6				0
2000	1	10	55		65	2003	7				0
2000	2	12	8		20	2003	8				0
2000	3	11	1		12	2003	9				0
2000	4	1	1		2	2003	10				0
2000	5	1			1	2003	11				0
2000	6				0	2003	12				0

FluA H1 : インフルエンザウイルス Aソ連型

FluA H3 : インフルエンザウイルス A香港型

FluB : インフルエンザウイルス B型

図 2 - 1 ピリオドグラム (インフルエンザ)

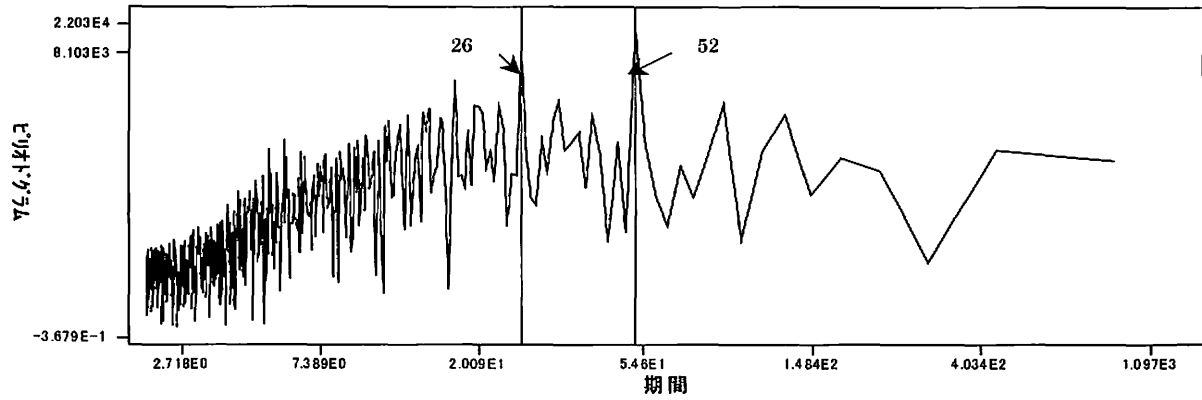


図 2 - 2 ACF (インフルエンザ)

Lag	Corr.	Err.	-1	-.75	-.5	-.25	0	.25	.5	.75	1	Box-Ljung	Prob.
1	.869	.034					.	*****				670.308	.000
2	.658	.034					.	*****				1054.786	.000
3	.464	.034					.	*****				1246.217	.000
4	.322	.034					.	*****				1338.337	.000
5	.212	.034					.	***				1378.209	.000
6	.117	.033					.	*				1390.401	.000
7	.034	.033					.	*				1391.406	.000
8	-.027	.033					*	.				1392.038	.000
9	-.063	.033					*	.				1395.617	.000
10	-.086	.033					*	.				1402.234	.000
11	-.101	.033					*	.				1411.391	.000
12	-.114	.033					*	.				1422.972	.000
13	-.122	.033					*	.				1436.281	.000
14	-.127	.033					**	.				1450.738	.000
15	-.130	.033					**	.				1465.926	.000
16	-.131	.033					**	.				1481.334	.000

Plot Symbols: Autocorrelations * Two Standard Error Limits .

図 2 - 3 P A C F (インフルエンザ)

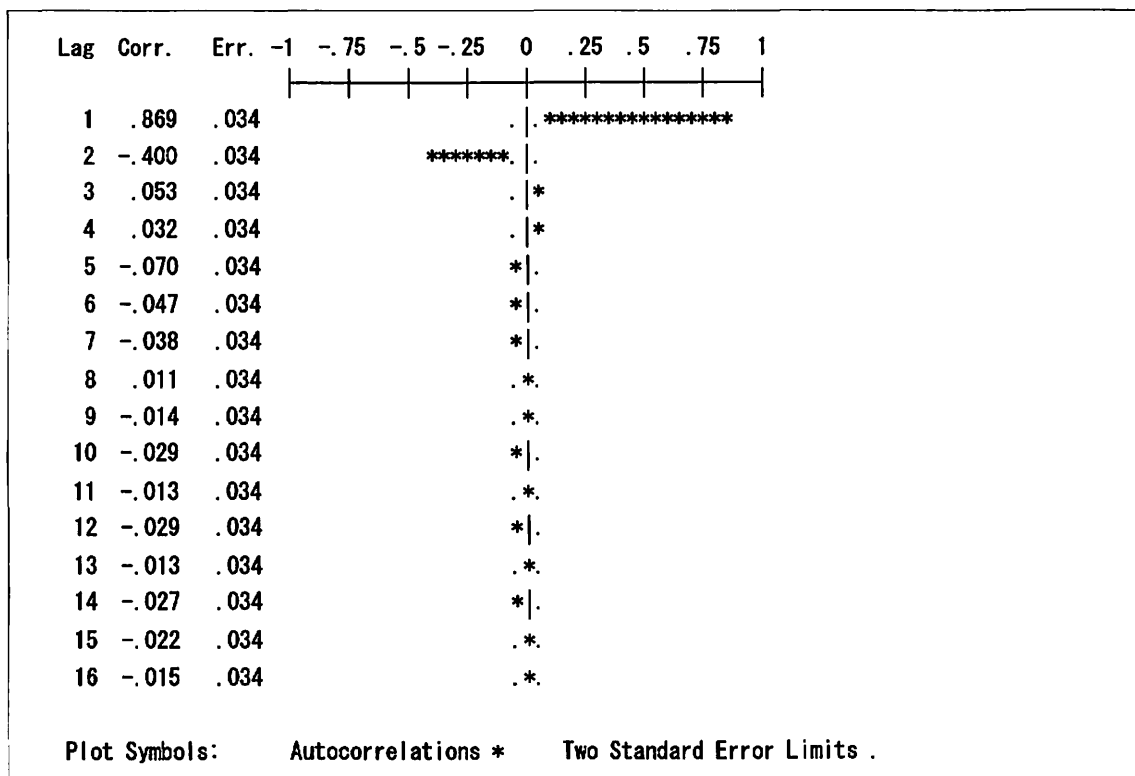


表 2 - 1 ARIMA モデル同定結果 (インフルエンザ)

FINAL PARAMETERS:				
Standard error	3.9489649			
Log likelihood	-2489.6842			
AIC	4991.3683			
SBC	5020.075			
Analysis of Variance:				
	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	878	14446.882	15.594324	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
AR1	.6313721	.0382741	16.496063	.00000000
MA1	-.5307369	.0457902	-11.590629	.00000000
MA2	-.2168111	.0421564	-5.143024	.00000033
SAR1	.9955605	.0194255	51.250197	.00000000
SMA1	.9591153	.0904095	10.608564	.00000000
CONSTANT	3.6555867	1.2672757	2.884602	.00401496

表 2 - 2 モデル診断結果 (インフルエンザ)

ARIMA (1,0,2) (1,0,1)52の残差 A C F

Autocorrelations: ERR_1 Error for Flu_pref from ARIMA

Auto- Stand.

Lag	Corr.	Err.	-1	-.75	-.5	-.25	0	.25	.5	.75	1	Box-Ljung	Prob.

1	.006	.034					.*					.037	.847
2	.006	.034					.*					.065	.968
3	.017	.034					.*					.331	.954
4	-.023	.034					.*					.791	.940
5	-.017	.034					.*					1.051	.958
6	-.011	.033					.*					1.156	.979
7	-.051	.033					*					3.448	.841
8	-.031	.033					*					4.316	.828
9	-.010	.033					.*					4.412	.882
10	-.017	.033					.*					4.665	.912
11	-.024	.033					.*					5.184	.922
12	-.025	.033					.*					5.728	.929
13	-.005	.033					.*					5.752	.955
14	.002	.033					.*					5.755	.972
15	-.011	.033					.*					5.866	.982
16	-.020	.033					.*					6.220	.986

Plot Symbols: Autocorrelations * Two Standard Error Limits .

Total cases: 884 Computable first lags: 883

図 2 - 4 観測値とモデル適合値の比較グラフ（インフルエンザ）

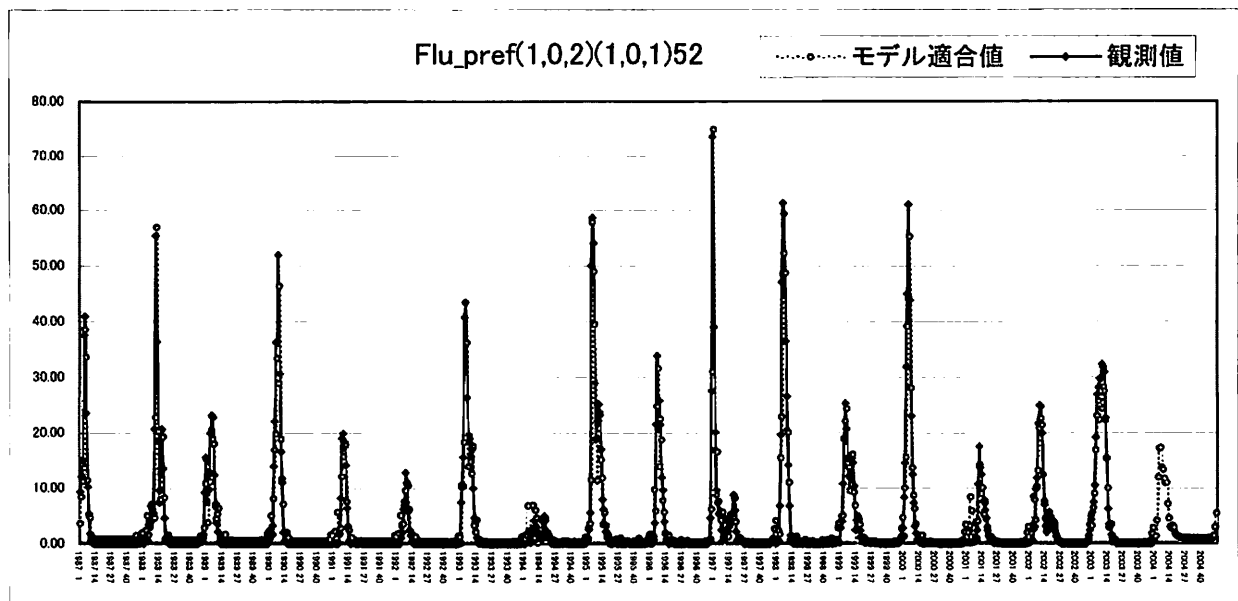


図 2 - 5 観測値・モデル適合値・52週先までの予測値（インフルエンザ）

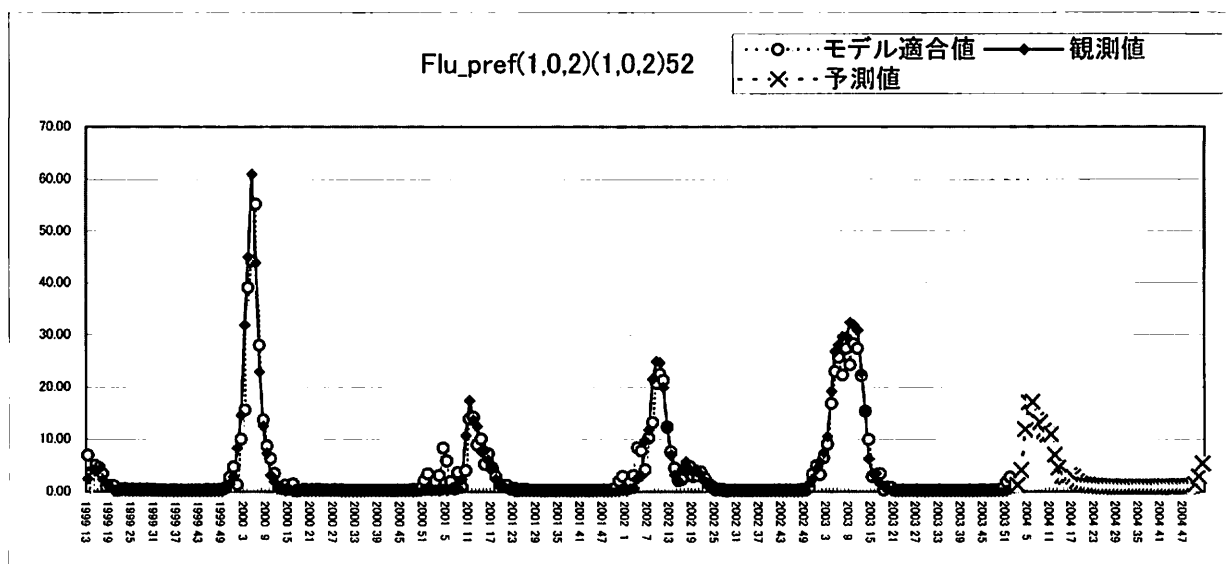
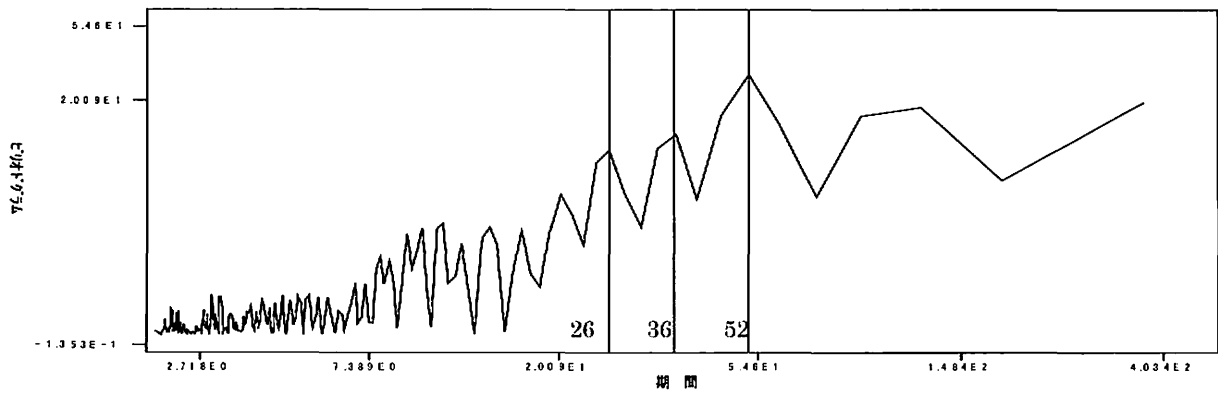
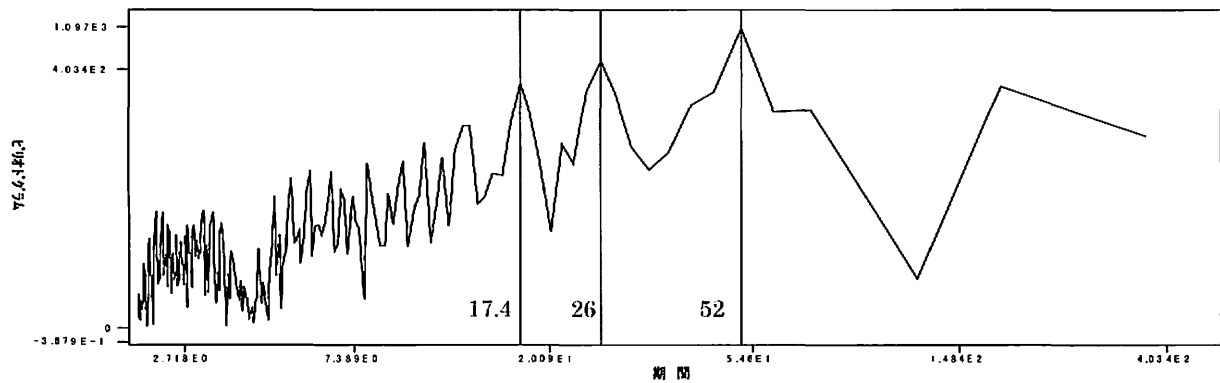


図 2-6 インフルエンザウイルスAソ連型検出データ周期分析結果



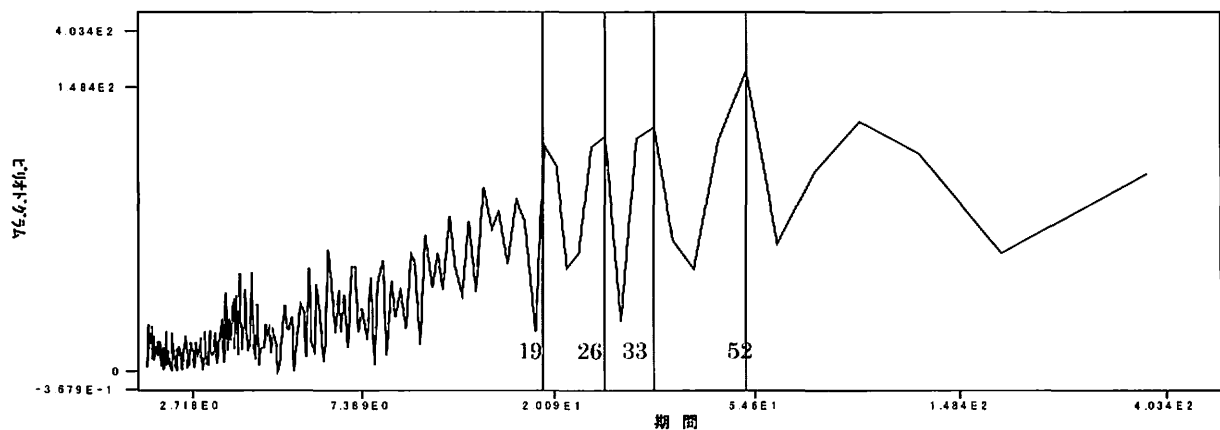
インフルエンザウイルスAソ連型のピリオドグラムは52週が最大で、以下36週、26週の順であった。

図 2-7 インフルエンザウイルスA香港型検出データ周期分析結果



インフルエンザウイルスA香港型のピリオドグラムは52週が最大で、以下26週、17.4週の順であった。

図 2-8 インフルエンザウイルスB型検出データ周期分析結果



インフルエンザウイルスB型のピリオドグラムは52週が最大で、以下33週、26週、19週の順であった。

表 2 - 3 単変量 ARIMA (インフルエンザ)

FINAL PARAMETERS:			
Number of residuals	364		
Standard error	2.7191028		
Log likelihood	-880.05065		
AIC	1772.1013		
SBC	1795.4842		
	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance
Residuals	358	2683.0658	7.3935199
Variables in the Model:			
	B	SEB	T-RATIO APPROX. PROB.
AR1	.8012052	.0361443	22.166835 .00000000
MA1	-.8431835	.0470905	-17.905587 .00000000
MA2	-.5562727	.0475287	-11.703938 .00000000
SAR1	.6053040	.3030081	1.997650 .04651095
SMA1	.4903341	.3293815	1.488651 .13745959
CONSTANT	4.7649236	2.0370485	2.339131 .01987803

- 1) 独立変数：週別定点当り平均患者発生報告数
 2) 分析期間：1997年から2003年

表 2 - 4 多変量 ARIMA (インフルエンザ)

FINAL PARAMETERS:				
Number of residuals	363			
Standard error	2.6718407			
Log likelihood	-870.8473			
AIC	1759.6946			
SBC	1794.7442			
	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	354	2577.4819	7.1387325	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
AR1	.7964157	.0365320	21.800467	.00000000
MA1	-.8735450	.0471876	-18.512176	.00000000
MA2	-.5693470	.0470706	-12.095592	.00000000
SAR1	.5357578	.2681855	1.997713	.04651256
SMA1	.3876733	.2913275	1.330713	.18413987
Aソ連型	.4357429	.2197946	1.982501	.04819599
A香港型	.0977759	.0423891	2.306626	.02165251
B型	-.2438453	.1159564	-2.102905	.03617961
CONSTANT	4.7021982	2.0475441	2.296506	.02223040

- 1) 独立変数：週別定点当り平均患者発生報告数、インフルエンザウイルスAソ連型検出数、同A香港型検出数、同B型検出数
 2) 分析期間：1997年から2003年

Auto- Lag	Stand. Corr.	Err.		Box-Ljung	Prob.
1	.808	.034	*****	578.417	.000
2	.802	.034	*****	1149.486	.000
3	.685	.034	*****	1566.873	.000
4	.603	.034	*****	1891.003	.000
5	.491	.034	*****	2106.053	.000
6	.387	.033	*****	2239.737	.000
7	.292	.033	*****	2315.799	.000
8	.168	.033	**	2340.999	.000
9	.082	.033	*	2346.992	.000
10	-.001	.033	*	2346.993	.000
11	-.064	.033	*	2350.622	.000
12	-.119	.033	*	2363.260	.000
13	-.130	.033	**	2378.436	.000
14	-.152	.033	**	2399.138	.000
15	-.140	.033	**	2416.825	.000
16	-.123	.033	*	2430.528	.000

Plot Symbols: Autocorrelations * Two Standard Error Limits .

図 3 - 3 P A C F (水痘)

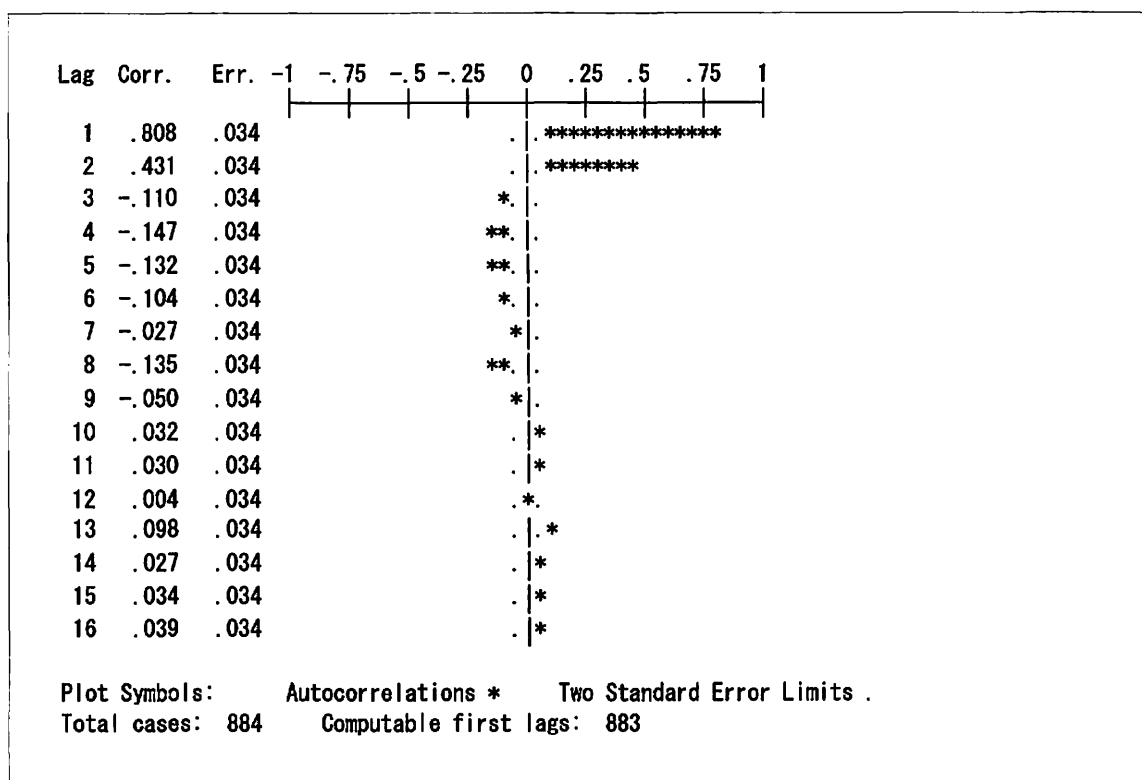


図 3 - 4 非季節階差 1 + 季節階差 1 の A C F (水痘)

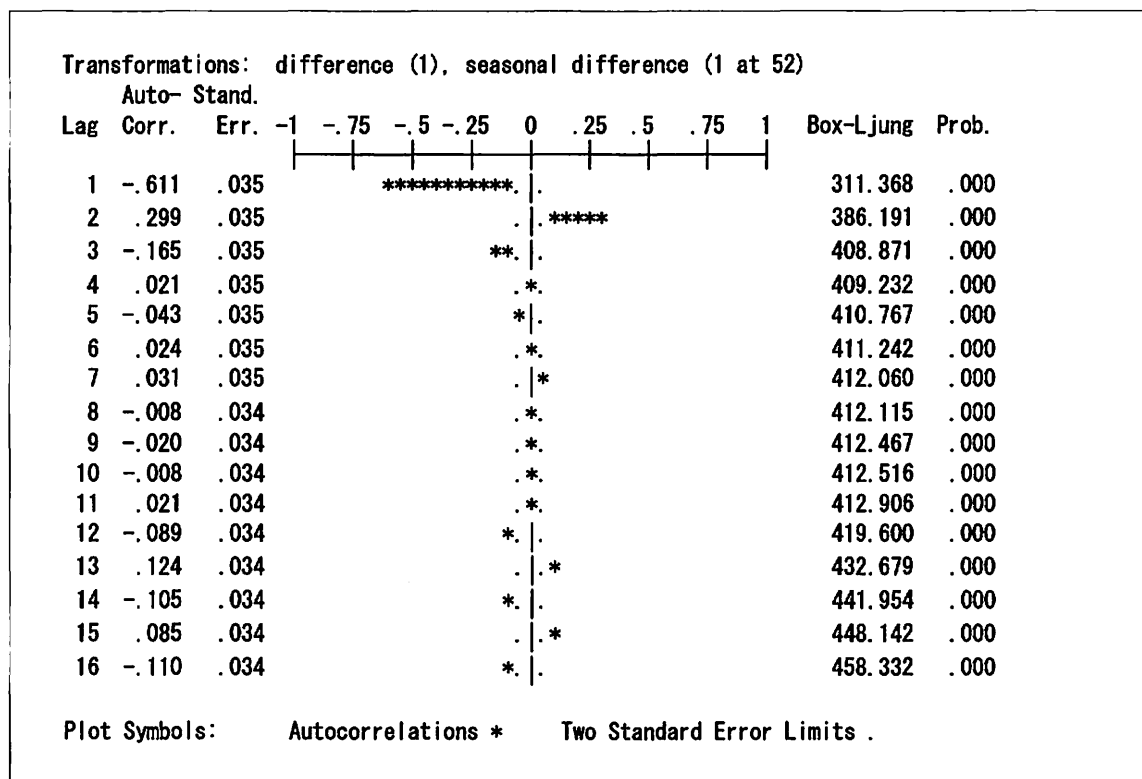


図 3 - 5 非季節階差 1 + 季節階差 1 の P A C F (水痘)

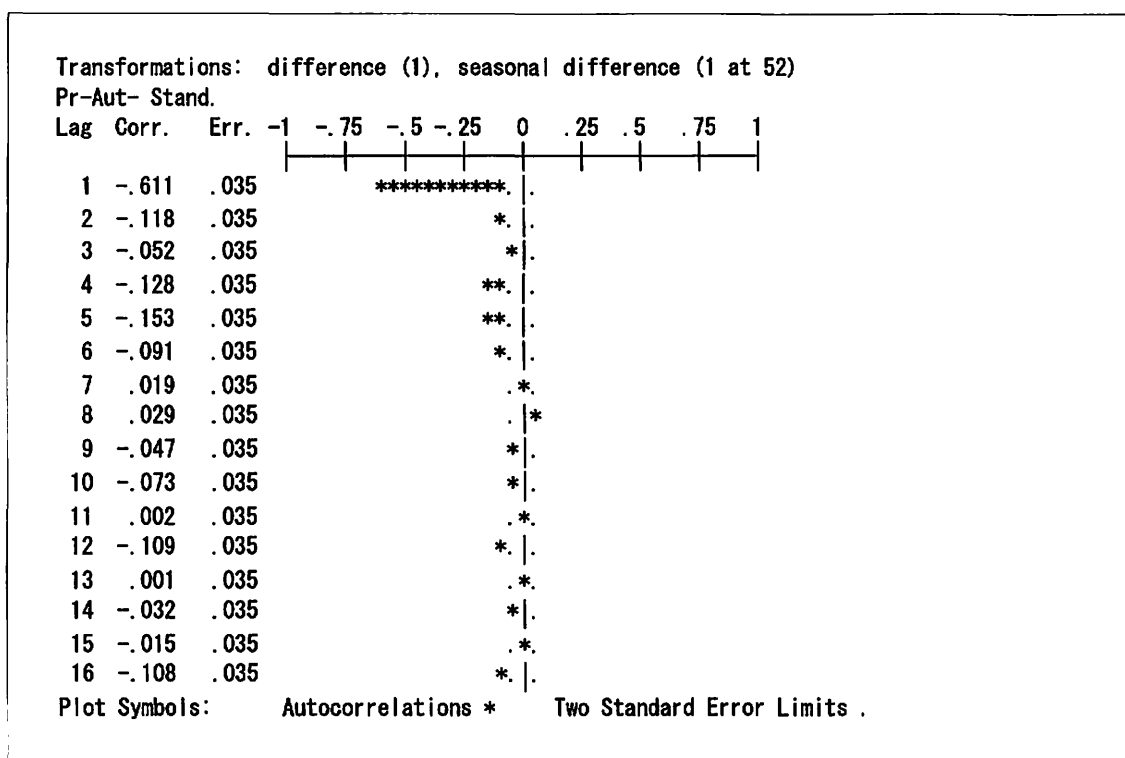


表 3 - 1 周期26の ARIMA モデル同定結果 (水痘)

FINAL PARAMETERS:				
Standard error	.59598339			
Log likelihood	-807.01869			
AIC	1626.0374			
SBC	1654.7373			
Analysis of Variance:				
	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	877	321.51366	.35519620	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
MA1	.63193101	.03300221	19.14814	.00000000
MA2	-.29659486	.03787103	-7.83171	.00000000
MA3	.14317867	.03303262	4.33446	.00001630
SAR1	.99120350	.00500613	197.99787	.00000000
SMA1	.92000594	.02405107	38.25218	.00000000
CONSTANT	-.00127569	.03624764	-.03519	.97193337

表 3 - 2 周期52の ARIMA モデル同定結果 (水痘)

FINAL PARAMETERS:				
Number of residuals	831			
Standard error	.59099707			
Log likelihood	-767.52751			
AIC	1545.055			
SBC	1568.6682			
Analysis of Variance:				
	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	826	308.02734	.34927753	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
MA1	.71284506	.03327908	21.420218	.00000000
MA2	-.27712723	.04014684	-6.902840	.00000000
MA3	.19752125	.03321348	5.947021	.00000000
SMA1	.80306407	.02967219	27.064540	.00000000
CONSTANT	-.00025871	.00206897	-.125045	.90051847

図 3 - 6 モデル診断結果 (水痘)

ARIMA (0, 1, 3) (0, 1, 1) 52の残差 ACF (水痘)											
Auto-Stand.											
Lag	Corr.	Err.	-1	-.75	-.5	-.25	0	.25	.5	.75	1
1	-.011	.035					.*			.098	.754
2	.007	.035					.*			.144	.931
3	-.008	.035					.*			.202	.977
4	.016	.035					.*			.408	.982
5	-.032	.035					*			1.284	.937
6	-.002	.035					.*			1.286	.972
7	.087	.035					.*			7.603	.369
8	-.071	.034					*			11.897	.156
9	-.040	.034					*			13.262	.151
10	-.045	.034					*			14.953	.134
11	-.076	.034					*			19.815	.048
12	-.111	.034					*			30.314	.003
13	.035	.034					.*			31.342	.003
14	-.032	.034					*			32.211	.004
15	-.072	.034					*			36.661	.001
16	-.083	.034					*			42.503	.000
Plot Symbols: Autocorrelations * Two Standard Error Limits .											
Total cases: 884 Computable first lags: 830											

図 3 - 7 観測値とモデル適合値のグラフ表示（水痘：1987年 1 週～2003年52週）

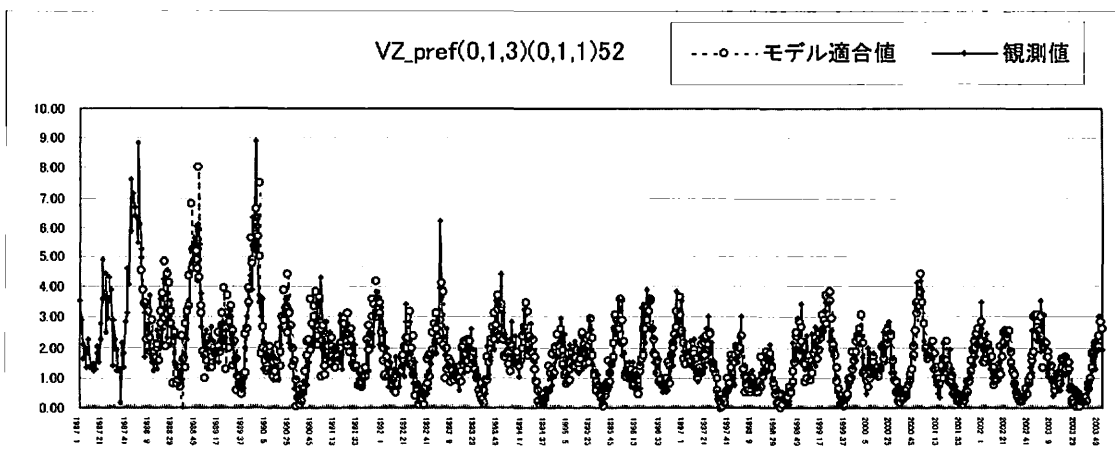


図 3 - 8 観測値・モデル適合値・52週先までの予測値（水痘）

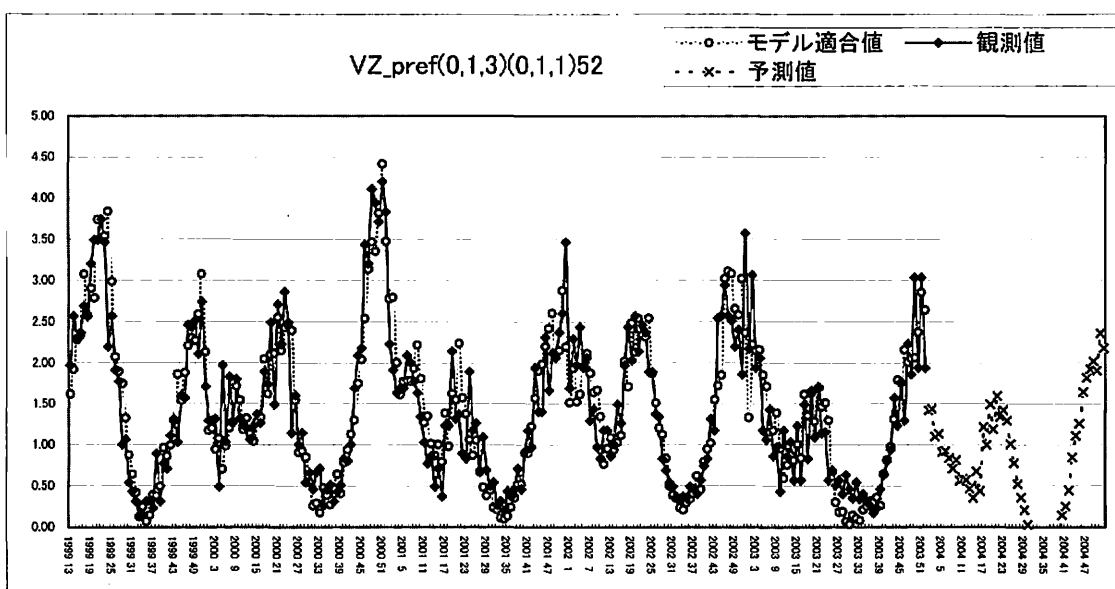


図 4 - 1 ピリオドグラム（手足口病）

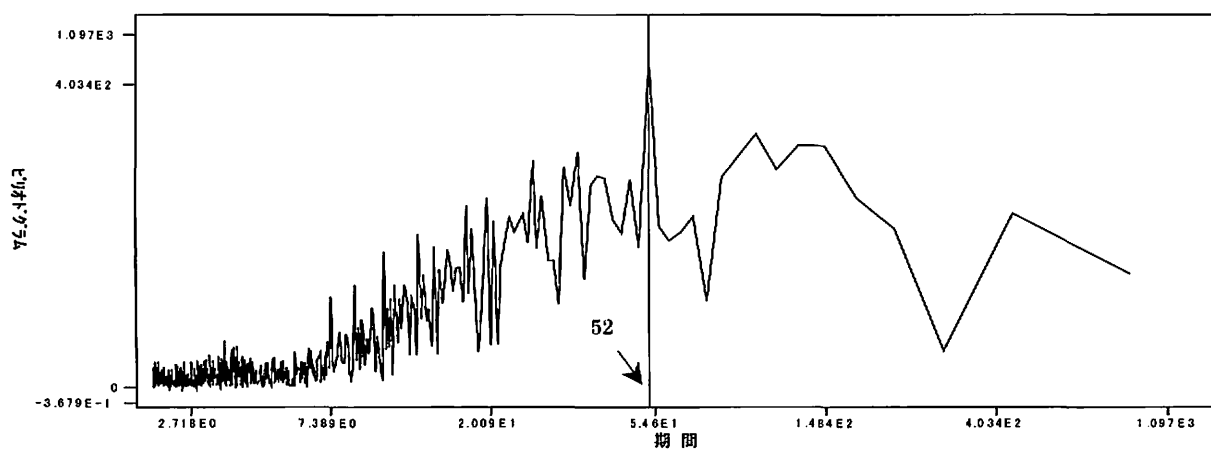


图 4-2 ACF (手足口病)

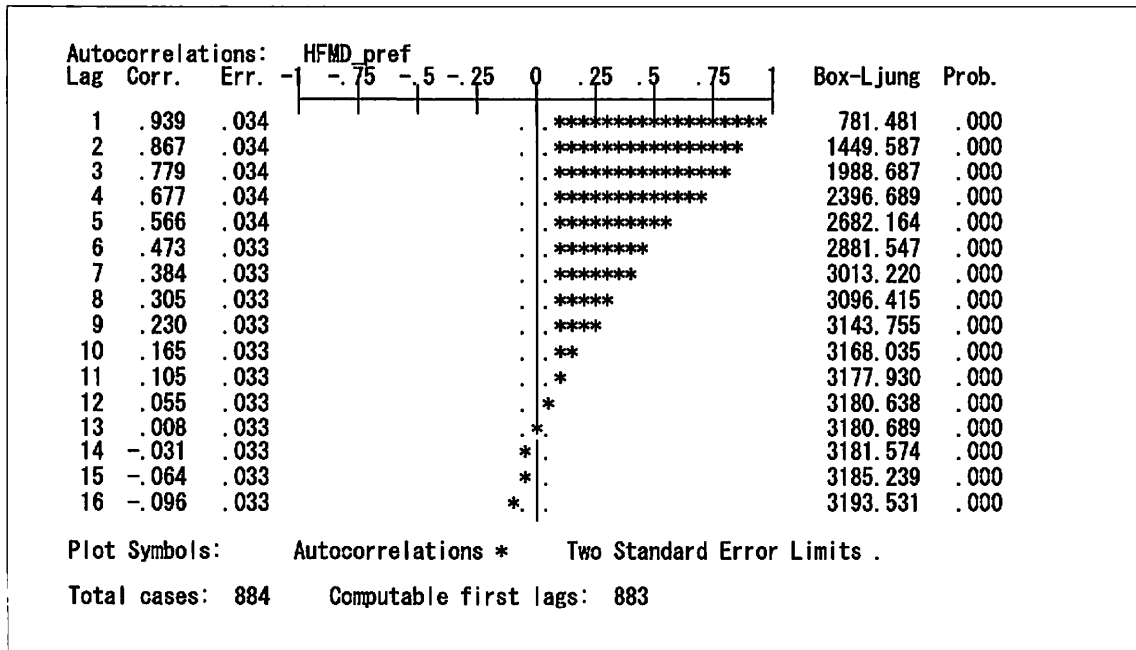


图 4-3 PACF (水痘)

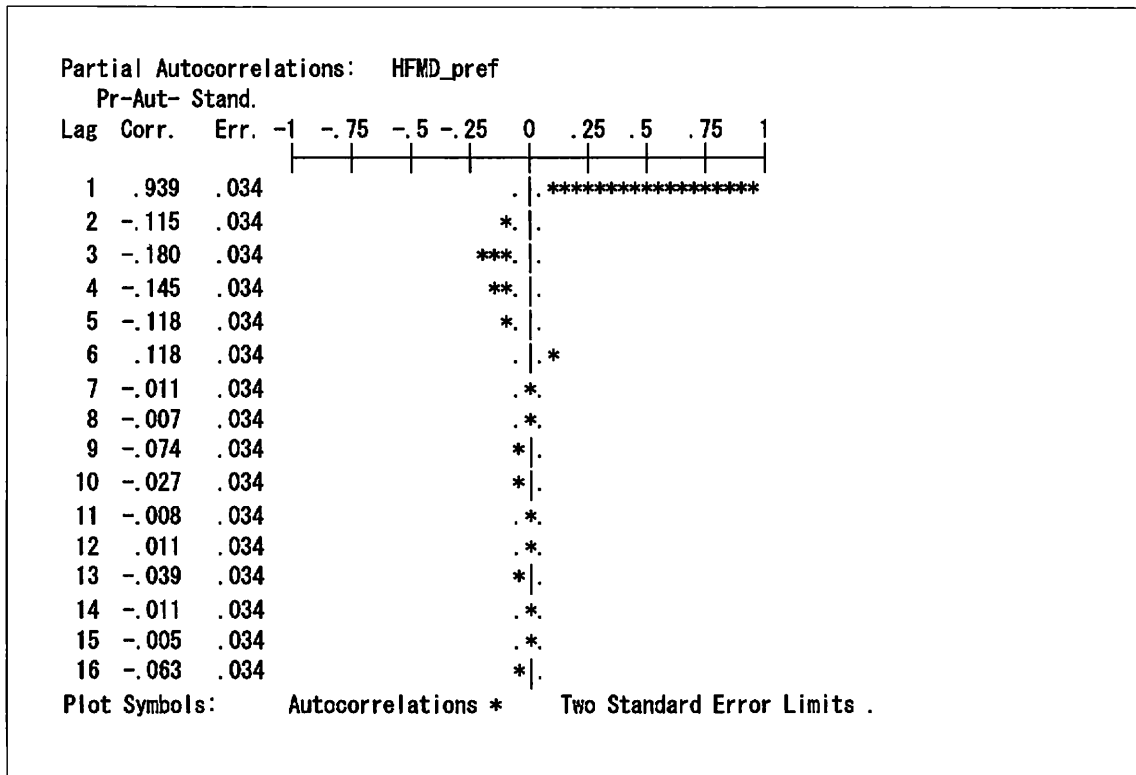


図 4 - 4 非季節階差 1 の A C F (手足口病)

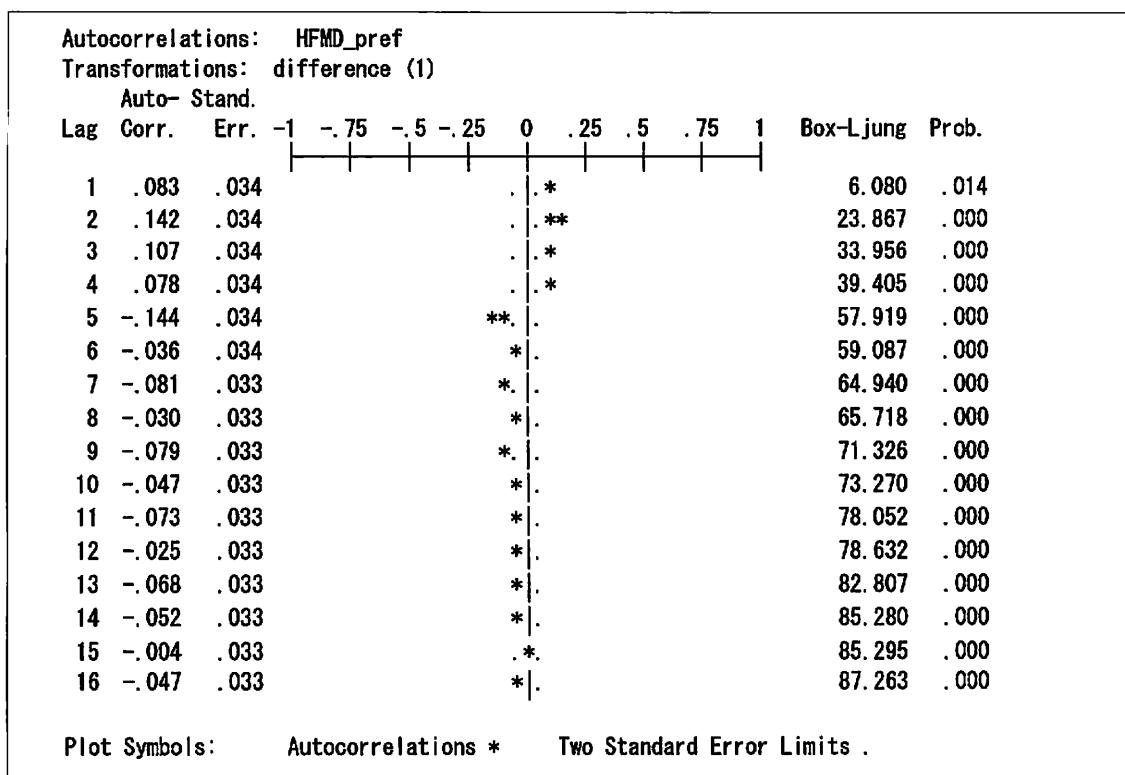


図 4 - 5 非季節階差 1 の P A C F (手足口病)

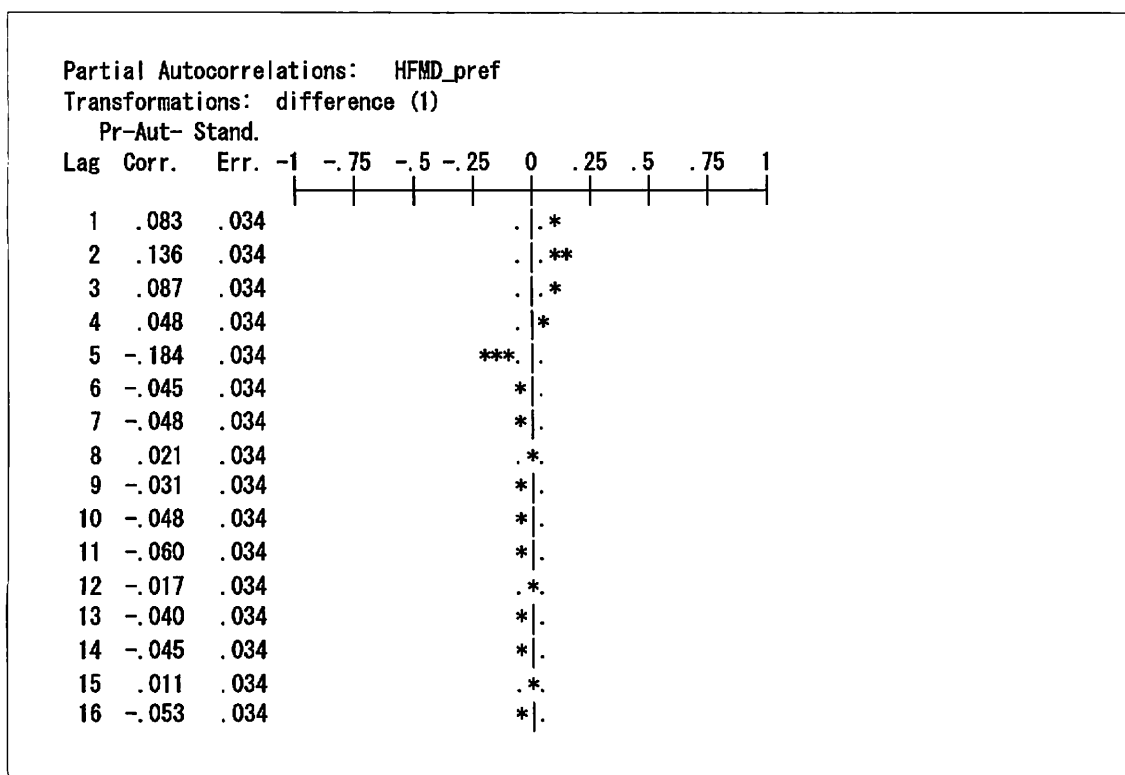


表 4 - 1 モデル同定結果 (手足口病)

FINAL PARAMETERS:

Number of residuals 883
 Standard error .59527985
 Log likelihood -798.38556
 AIC 1610.7711
 SBC 1644.2544

Analysis of Variance:

	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance
Residuals	876	315.37577	.35435810

Variables in the Model:

	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
MA1	-.01926268	.03359789	-.573330	.56656844
MA2	-.12455443	.03331523	-3.738664	.00019701
MA3	-.12993941	.03328329	-3.904044	.00010186
MA4	-.09661151	.03328288	-2.902739	.00379195
MA5	.12159693	.03343723	3.636573	.00029242
SAR1	.98174045	.04682565	20.965868	.00000000
SMA1	.94455053	.08355490	11.304550	.00000000

図 4 - 6 モデル診断結果 (手足口病)

ARIMA (0,1,5) (1,0,1)52の残差 ACF

Autocorrelations:

Lag	Auto-Corr.	Stand. Err.		Box-Ljung	Prob.
1	.002	.034		.005	.946
2	.006	.034		.035	.982
3	-.004	.034		.049	.997
4	-.006	.034		.080	.999
5	-.016	.034		.313	.997
6	-.021	.034		.713	.994
7	-.070	.033	*	5.117	.646
8	-.025	.033	*	5.657	.686
9	-.066	.033	*	9.568	.387
10	-.019	.033	*	9.876	.451
11	-.059	.033	*	13.012	.293
12	-.013	.033	*	13.162	.357
13	-.051	.033	*	15.459	.280
14	-.039	.033	*	16.834	.265
15	.018	.033	*	17.130	.311
16	-.032	.033	*	18.054	.321

図 4 - 7 観測値とモデル適合値のグラフ表示 (手足口病)

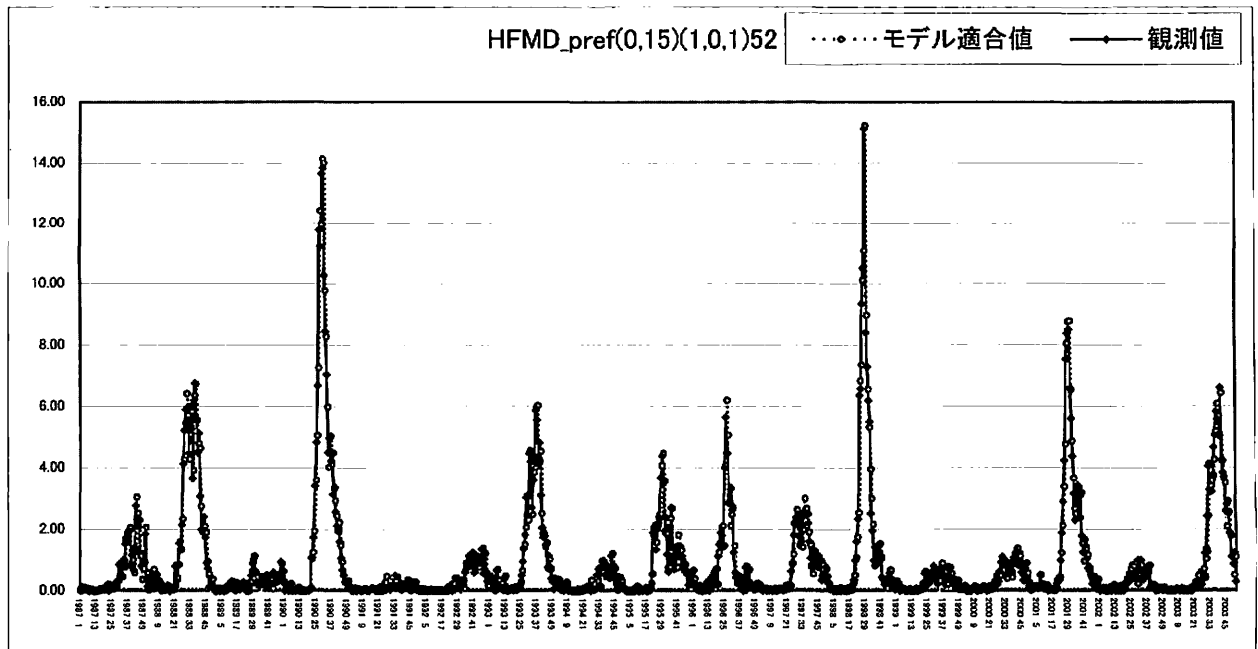


図 4 - 8 観測値・モデル適合値・52週先までの予測値 (手足口病)

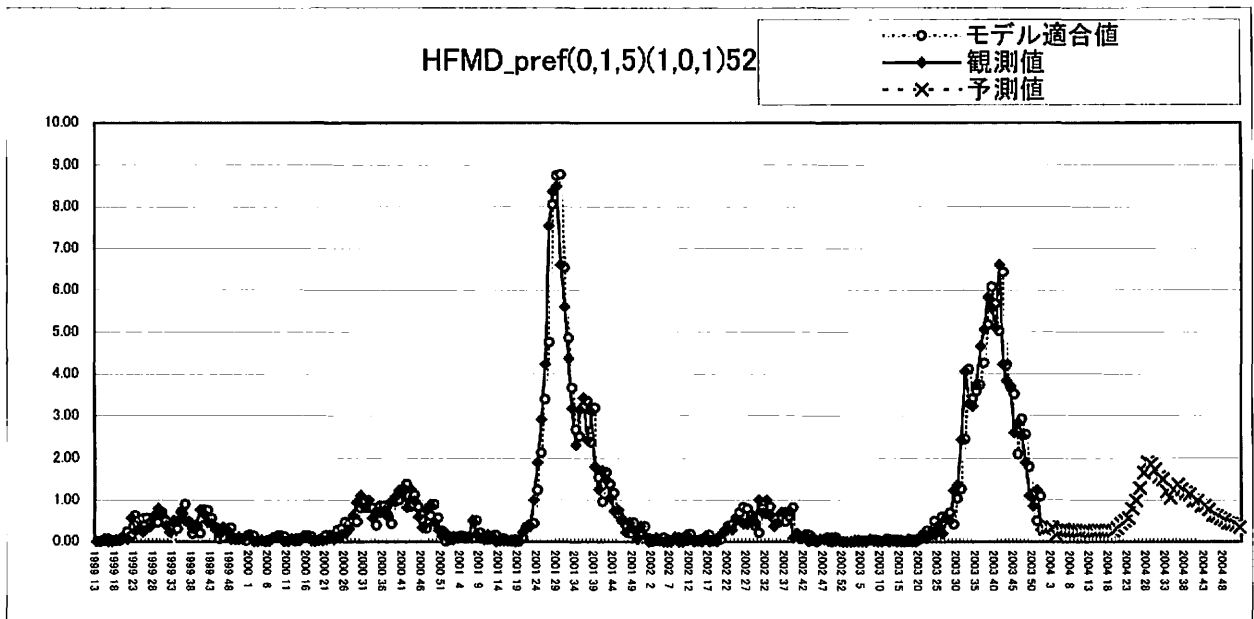


図 5 - 1 ピリオドグラム (流行性耳下腺炎)

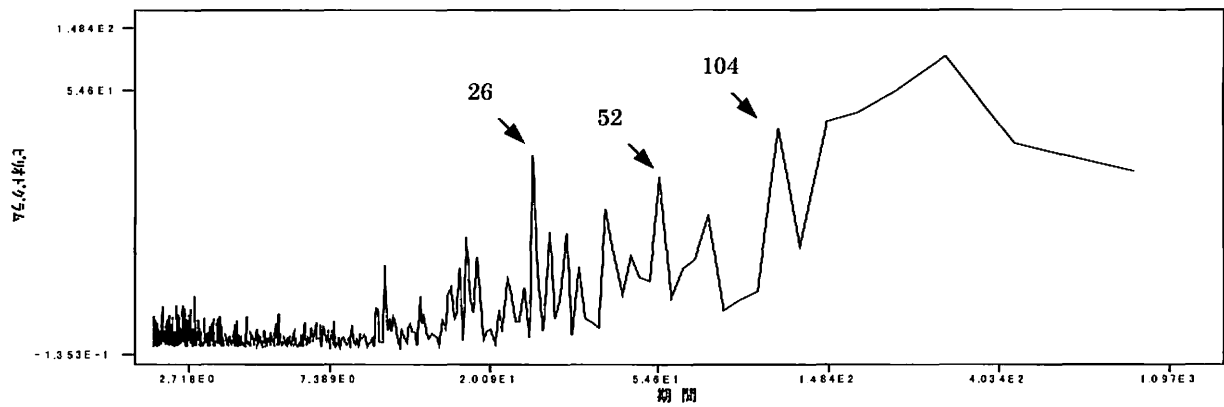


図 5 - 2 A C F (流行性耳下腺炎)

Lag	Corr.	Err.	-1	-.75	-.5	-.25	0	.25	.5	.75	1	Box-Ljung	Prob.
1	.817	.034					.	*****				592.430	.000
2	.825	.034					.	*****				1197.196	.000
3	.785	.034					.	*****				1744.746	.000
4	.719	.034					.	*****				2204.253	.000
5	.703	.034					.	*****				2644.698	.000
6	.647	.033					.	*****				3018.076	.000
7	.615	.033					.	*****				3355.602	.000
8	.583	.033					.	*****				3659.580	.000
9	.552	.033					.	*****				3932.811	.000
10	.537	.033					.	*****				4190.838	.000
11	.515	.033					.	*****				4429.201	.000
12	.491	.033					.	*****				4645.600	.000
13	.485	.033					.	*****				4857.083	.000
14	.470	.033					.	*****				5055.571	.000
15	.453	.033					.	*****				5240.438	.000
16	.446	.033					.	*****				5419.979	.000

Plot Symbols: Autocorrelations * Two Standard Error Limits .

図 5 - 3 P A C F (流行性耳下腺炎)

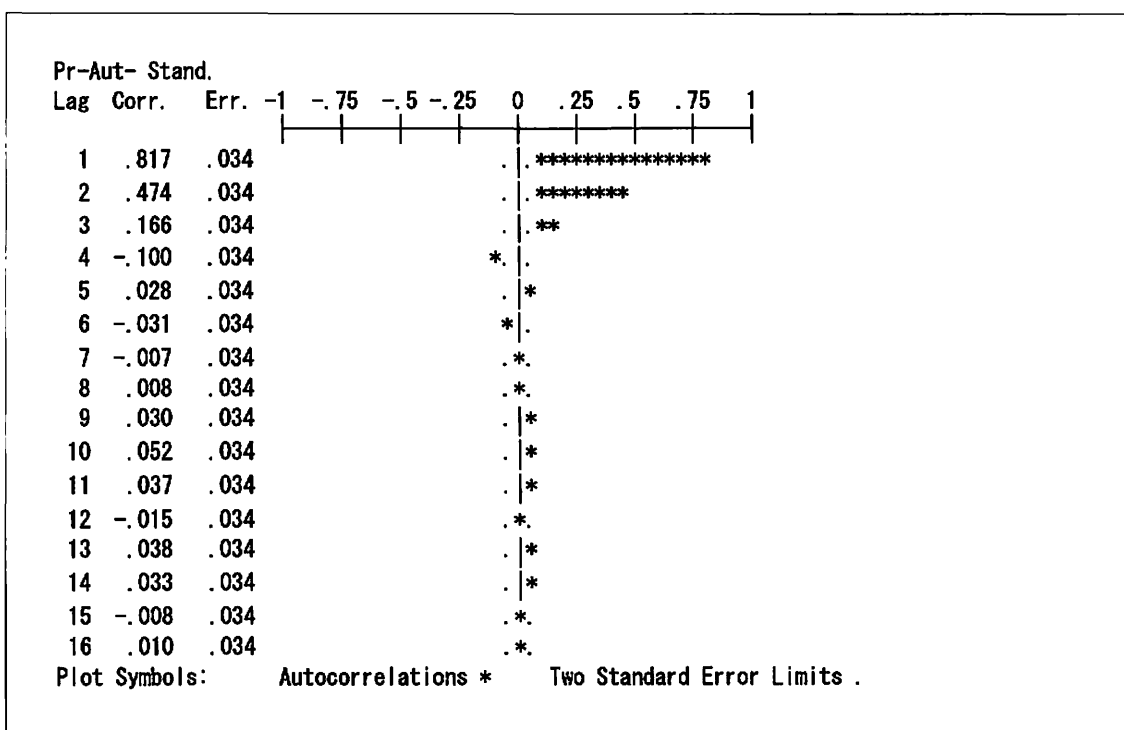


図 5 - 4 非季節性階差 1 周期26の A C F (流行性耳下腺炎)

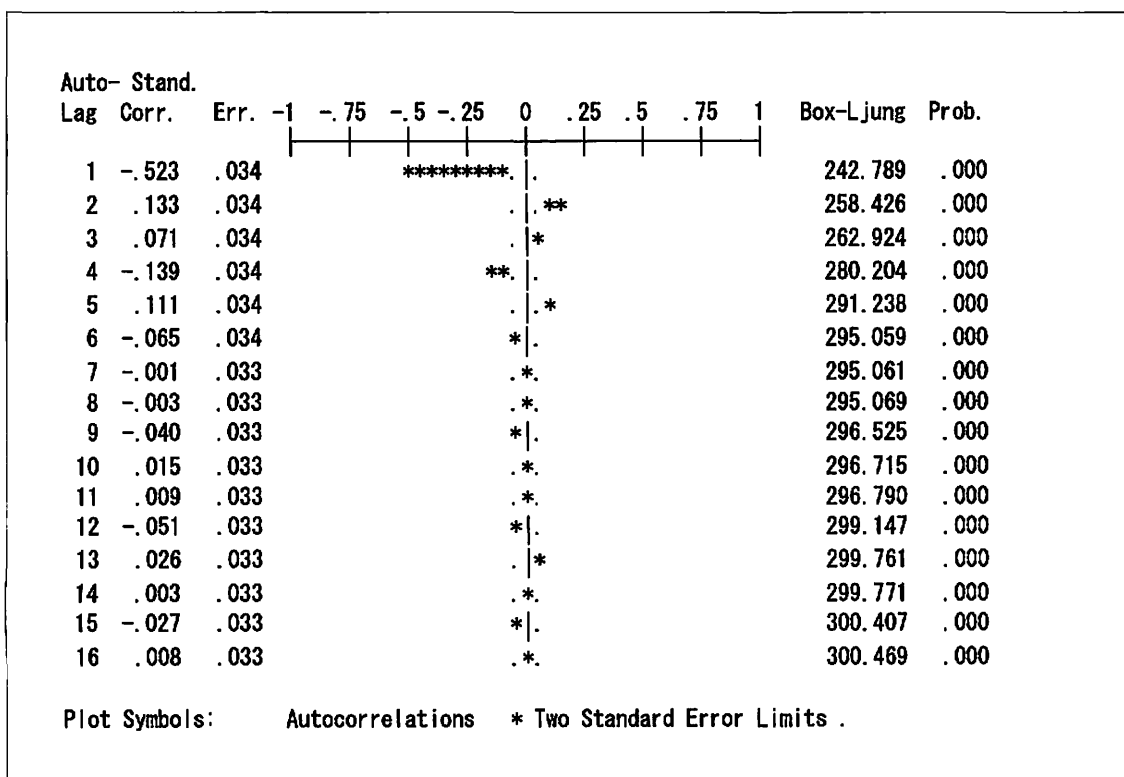


図 5 - 5 非季節性階差 1 周期26の P A C F (流行性耳下腺炎)

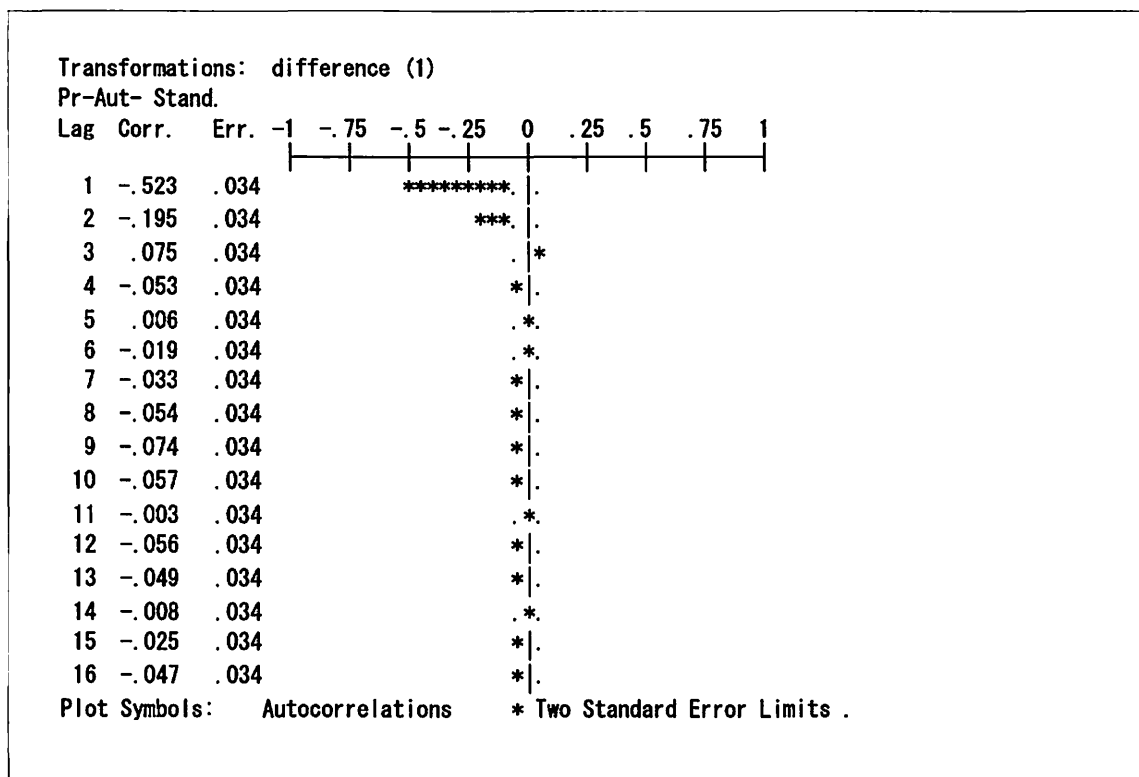


図 5 - 6 非季節性階差 1 周期52の A C F (流行性耳下腺炎)

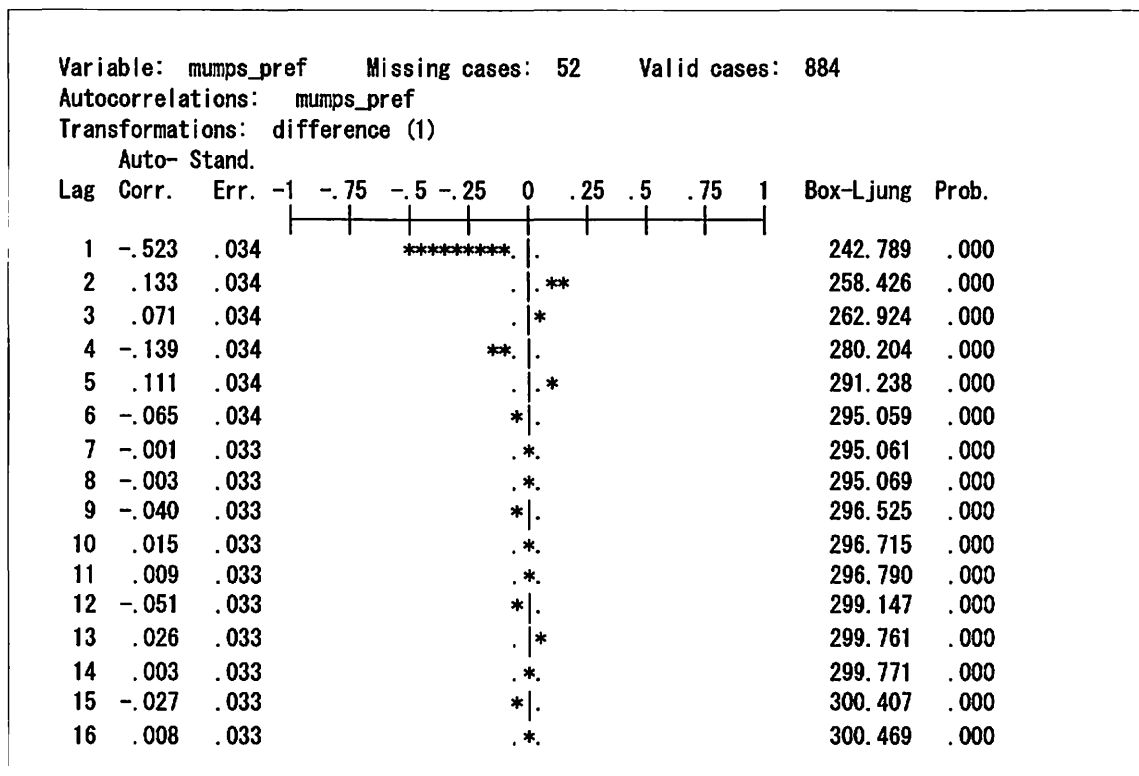


図 5 - 7 非季節性階差 1 周期52の P A C F (流行性耳下腺炎)

Partial Autocorrelations: mumps_pref
Transformations: difference (1)

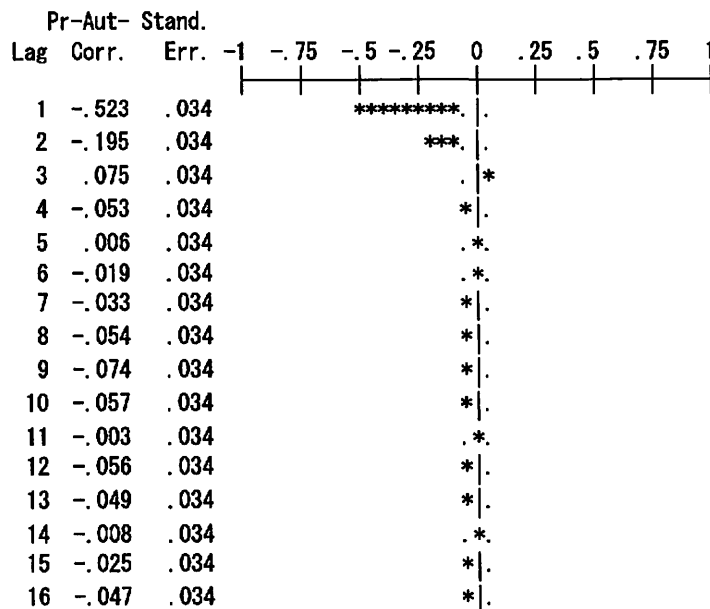


表 5 - 1 モデル同定：周期26 (流行性耳下腺炎)

Split group number: 1 Series length: 884
Melard's algorithm will be used for estimation.

FINAL PARAMETERS:

Number of residuals 883
Standard error .36467419
Log likelihood -363.65251
AIC 739.30503
SBC 768.00498

Analysis of Variance:

	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance
Residuals	877	117.81526	.13298727

Variables in the Model:

	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
AR1	-1.0035574	.12134360	-8.270378	.00000000
AR2	-.3989905	.06263812	-6.369772	.00000000
MA1	-.3795880	.12989946	-2.922168	.00356531
SAR1	.9914737	.03703749	26.769459	.00000000
SMA1	.9705506	.07091077	13.686928	.00000000
CONSTANT	-.0008287	.01098039	-.075471	.93985757

表 5 - 2 モデル同定：周期52（流行性耳下腺炎）

Split group number: 1 Series length: 884
 Number of cases skipped at end because of missing values: 52
 Melard's algorithm will be used for estimation.

FINAL PARAMETERS:

Number of residuals 883
 Standard error .36183128
 Log likelihood -358.53066
 AIC 729.06131
 SBC 757.76126

Analysis of Variance:

	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	877	116.45388	.13092187	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
AR1	-.95906069	.12235447	-7.838379	.00000000
AR2	-.38261036	.06500084	-5.886237	.00000000
MA1	-.31718173	.13077000	-2.425493	.01548851
SAR1	.96894276	.05828986	16.622835	.00000000
SMA1	.91732200	.09223888	9.945069	.00000000
CONSTANT	-.00099128	.01046143	-.094756	.92453068

表 5 - 3 モデル同定：周期104（流行性耳下腺炎）

Split group number: 1 Series length: 884
 Melard's algorithm will be used for estimation.

FINAL PARAMETERS:

Number of residuals 883
 Standard error .3681176
 Log likelihood -368.54866
 AIC 749.09732
 SBC 777.79727

Analysis of Variance:

	DF	Adj. Sum of Squares	Residual Variance	
Residuals	877	119.12856	.13551057	
Variables in the Model:				
	B	SEB	T-RATIO	APPROX. PROB.
AR1	-1.0444064	.11962348	-8.7307814	.00000000
AR2	-.4122545	.05941290	-6.9388042	.00000000
MA1	-.4441338	.12815151	-3.4656929	.00055453
SAR1	-.7167929	.34140350	-2.0995477	.03605388
SMA1	-.7738868	.32380577	-2.3899724	.01705987
CONSTANT	-.0008824	.00751205	-.1174621	.90652077

図5-8 モデル診断結果（流行性耳下腺炎）

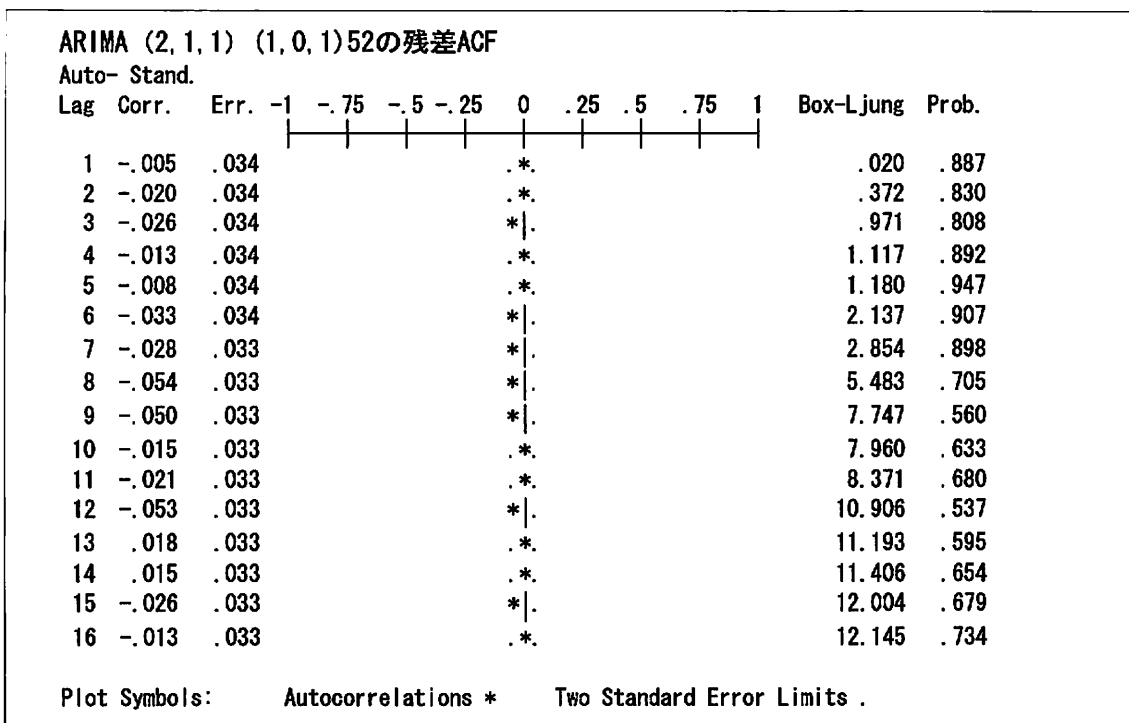


図5-9 観測値とモデル適合値のグラフ（流行性耳下腺炎）

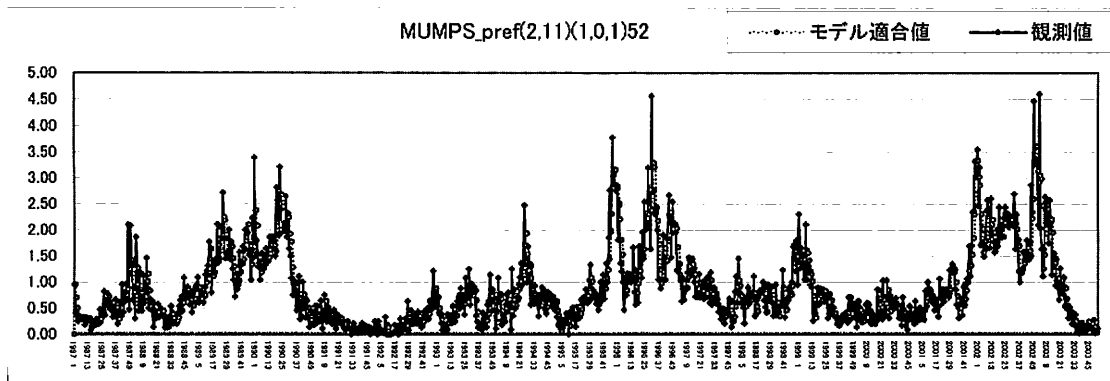


図5-10 観測値とモデル適合値及び52週先までの予測値（流行性耳下腺炎）

