

原 著

野生イノシシ集団での豚熱発生初期における
基本再生産数の推定

蒔田浩平^{1)†} 磯田典和²⁾ 伊藤 聡³⁾ 福元風夏¹⁾
伊藤 貢⁴⁾ 桑田桂輔⁵⁾

- 1) 酪農学園大学獣医学群獣医学類獣医学ユニット (〒069-8501 江別市文京台緑町 582)
- 2) 北海道大学大学院獣医学研究院微生物学教室 (〒060-0818 札幌市北区北 18 条西 9 丁目)
- 3) VISAVET Health Surveillance Center and Animal Health Department, University Complutense of Madrid (Av. Puerta de Hierro, 28040, Madrid, Spain)
- 4) (有)あかばね動物クリニック (〒441-3502 田原市赤羽根町石添 55)
- 5) 岐阜県中央家畜保健衛生所 (〒501-1112 岐阜市柳戸 1-1)

(2021 年 6 月 14 日受付・2021 年 10 月 6 日受理)

要 約

豚熱は 2018 年 9 月、わが国で 26 年ぶりに発生し、野生イノシシ集団に感染拡大した。本研究は、野生動物であるがゆえに正確な発生数が計測できない悪条件を克服し、野生イノシシ集団における豚熱ウイルスの伝達性を把握するために実施された。2018 年 9 月～2019 年 2 月の野生イノシシ豚熱 PCR 検査結果を岐阜県、愛知県、三重県のホームページから入手した。記述疫学では、調査 3 県にまたがる豚熱の地理的拡大と岐阜県における PCR 検査陽性率の推移を観察した。感受性(*S*)—感染性待ち期間(*E*)—感染性(*I*)—回復期(*R*) モデルにより、岐阜県における週ごとの検査陽性率がベータ分布に則ることを仮定し、マルコフ連鎖モンテカルロシミュレーションによりモデルのパラメータを導出し、基本再生産数 (R_0) を計算した。解析の結果、感染性期間は 100～145 日間と長く、 R_0 は 4.2～5.1 と推定された。本解析には死亡と出生を含む個体群動態と生息密度が考慮されておらず、今後野生イノシシのフィールドデータに基づく詳細な解析が望まれる。——キーワード：基本再生産数、豚熱、数理モデル、野生イノシシ。

-----日獣会誌 74, 819～825 (2021)

豚熱 (Classical swine fever : CSF) はフラビウイルス科ペスチウイルス属ペスチウイルス C に分類される豚熱ウイルス (CSFV) の感染によって引き起こされる感染症であり [1], その被害の大きさから家畜伝染病予防法にて伝播力が特に強い特定の家畜伝染病に定められている。豚熱ウイルス感染後の豚の転帰は急性型、慢性型、不顕性型に分けられることが知られており、それらはウイルスの病原性や豚の種類、年齢、接種ウイルス量などに影響される [2]。古くは世界で流行していた豚熱ウイルスの病原性はその多くが高病原性のものがほとんどであったが、2000 年以降の流行株の病原性は中程度でそれほど高くないことも知られており [3], それらが野外で豚に感染すると大半が急性型と慢性型の中間の病態をたどることとなる。また、CSF の基本対策は摘発

淘汰ではあるが、欧州にて CSF が流行拡大した際には、豚のみならず CSFV の保有動物となったイノシシに対する緊急ワクチンが実施された [4, 5]。

2018 年 9 月、日本では 26 年ぶりに岐阜県にて豚熱の発生が報告された [6]。初発報告直後から野生イノシシ群から CSFV 検出も報告され、野生イノシシでの CSFV 感染拡大が豚農場での CSF 発生に関与していることが示唆されている [7, 8]。それゆえ、イノシシでの豚熱発生を封じ込めることが、本邦における豚熱制圧には必須であり、関係行政機関によって 2019 年 3 月から CSF 発生報告県近傍にて野生イノシシに対する予防的ペイトワクチンの散布が定期的に行われている。しかしながら、農林水産省の『国内における豚熱の発生状況について』 (<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/csf/>)

† 連絡責任者：蒔田浩平 (酪農学園大学獣医学群獣医学類予防獣医学分野獣医学ユニット)

〒069-8501 江別市文京台緑町 582 ☎・FAX 011-388-4761 E-mail : kmakita@rakuno.ac.jp

domestic.html), (参照日 2021-5-11) によれば, 2021 年 5 月 11 日現在, 13 県にて 68 の豚熱発生が報告されており, いまだ本邦における CSF に終息の兆しは見えていない。

効果的な予防的ワクチンを実施するためには, 野生イノシシで感染拡大している CSFV の感染症学的特徴の正確な把握が必須である。これまで発生初期における野生イノシシを介した CSFV 感染地域の拡大に関する検証は報告されている [8, 9] 一方で, 野生イノシシ個体間の CSFV 伝播に関する知見はいまだに乏しい。疾病の個体間伝播の特徴が判明すれば, 宿主動物の生息密度に合わせて感染地域の感染拡大及び対策効果の予測が可能となる。疾病の伝達性 (transmissibility) を表す指標として, 基本再生産数 (R_0) が広く知られている [10]。 R_0 とは, すべての個体が初期に感受性を有する条件の下, 感染者 1 人当たりが産出する 2 次感染者数の平均を示すものである。感受性 (S) — 感染性 (I) — 回復 (R) モデルでは, R_0 は感染者が一定期間内に感染を伝達させる感染率 β と, 被感染者が感染後回復までに費やす時間の逆数で示される回復率 γ によって決定される [11]。既知の R_0 の下, 感受性集団の一定割合 (η) が非感受性集団になることで感染率は $(1 - \eta) \times \beta$ と減少することから, ある対策を実施した集団における疾病の伝達性 (実行再生産数) は $R_0 \times (1 - \eta)$ とされる。実行再生産数が 1 未満になるように設定すれば, 理論的には感染拡大が継続しないこととなるため, 基本再生産数の算出及び設定は集団免疫を含む感染対策の大きな指標となる。

本研究は, 現在野生イノシシ集団に感染が継続している CSFV が中程度の病原性であり, 実験感染後の長期間にわたる病態に関する知見が十分でなく [12], また野生動物であるがゆえに正確な発生数が計測できない悪条件を抱えながらもそれらを克服し, 野生イノシシ集団における CSFV の伝達性を把握するために実施された。

材料及び方法

データ収集: 2018 年 9 月 ~ 2019 年 2 月の野生イノシシの豚熱公表 PCR 検査結果を, 岐阜県の『野生いのししの豚熱 (CSF) 感染確認検査』 (<https://www.pref.gifu.lg.jp/page/106039.html>), (参照日 2020-4-5), 愛知県の『野生イノシシの豚熱検査結果について』 (<https://www.pref.aichi.jp/soshiki/nogyo-shinko/kensakekka20201023.html>), (参照日 2020-10-25), 三重県の『野生いのししの豚熱検査について』 (http://www.pref.mie.lg.jp/TIKUSAN/HP/p0026900010_00002.htm), (参照日 2020-10-26) から収集した。

記述疫学: 数理モデルに供した岐阜県における捕獲及び死亡野生イノシシ PCR 検査結果を月別に集計した。

次に岐阜県, 愛知県及び三重県の野生イノシシ PCR 検査結果を, 各市町村について月別に集計し, 1 カ月期間有病率の地図を, ArcMap (ESRI ジャパン(株), 東京) を用いて作成した。

数理モデルによる基本再生産数の推定: 2018 年 9 月 ~ 2019 年 2 月の岐阜県における野生イノシシ豚熱 PCR 検査の, 週ごとの期間有病率がベータ分布に則ると仮定して, 感受性期 (S) — 感染性待ち期 (E) — 感染性期 (I) — 回復期 (R) の常微分方程式 SEIR モデル ((1) ~ (4) 式) を作成し, パラメータ推定を試みた。この SEIR モデルでは死亡と出生を考慮していない。一方捕獲イノシシの検査結果のみでは, 週ごとに集計した際に検査数が少ない。このため本研究では死亡イノシシの検査結果も集計に加えて計算に供した。

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \quad \dots(1)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \kappa E \quad \dots(2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \kappa E - \gamma I \quad \dots(3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad \dots(4)$$

ここで, N は S, E, I, R の合計, β は感染率, κ は感染イノシシが発症する率, γ は発症したイノシシの回復率である。岐阜県には約 16,000 頭 (平成 30 年度の推定中央値 16,388 頭) のイノシシがいると報告されており (岐阜県: 第二種特定鳥獣管理計画 (イノシシ) 第 2 期, 令和 2 年 3 月, p7), これを豚熱侵入前の感受性イノシシ頭数 (S_0) とした。潜伏期間 ($1/\kappa$) は報告されている感染実験の結果から 4 日とした [13]。 β と常微分方程式の開始日 (数学的値でありイノシシ集団の初発日ではない) ε を推定対象パラメータセット θ とした。感染性期間 ($1/\gamma$) は感染実験では 10 日間しか実施されておらず, 野外での実情が分からなかったため, 5 日刻みでこれを設定し, それぞれの条件について (5) 式の尤度関数を用いて, マルコフ連鎖モンテカルロシミュレーション (MCMC) により θ を導出した。

$$L(p, n | \theta) = \prod_{i=1}^{24} \frac{\Gamma(p_i + n_i + 2)}{\Gamma(p_i + 1)\Gamma(n_i + 1)} Ppr d_i^{p_i} (1 - Ppr d_i)^{n_i} \quad \dots(5)$$

ここで, Γ はガンマ関数, t は週単位の時間, p は各週の PCR 検査陽性数, n は陰性数, $Ppr d_i$ は常微分方程式による時間 t における期間有病率 (I/N) [13]。

次にそれぞれの感染性期間の条件について得られた θ を用いて期間有病率がベータ分布に則ると仮定して [13] その尤度を計算した ((5) 式)。最後に, それぞれの感染性期間のシナリオについて R_0 を (6) 式により計算した。

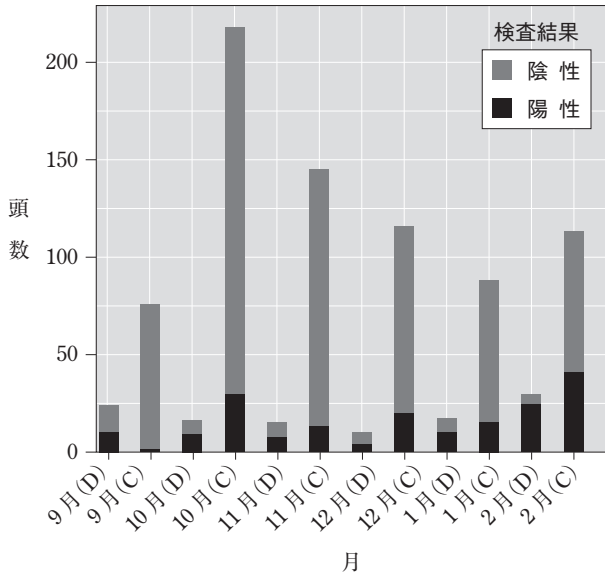


図1 岐阜県における2018年9月～2019年2月の野生イノシシPCR検査頭数の推移。
Dは死亡イノシシ，Cは捕獲イノシシを示す。

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad \dots(6)$$

感染性期間の検討には、対数尤度と有病率の予測線を用いた。

常微分方程式の使用に deSolve パッケージ [14] を、MCMC の使用に MCMCpack パッケージ [15] を用いて、統計ソフト R バージョン 3.6.1 [16] で計算した。MCMC では、Metropolis-Hastings アルゴリズム、最適化方法は L-BFGS-B を選択し、バーンインは 15,000 回とし、その後 30,000 回の反復処理を実施した。

さらに導出された R_0 を用いて、集団免疫の閾値 (Herd immunity threshold : HIT, (7)式 [10]) と最終サイズ (Final size : FS, 最終的に感染する集団の割合, (8)式 [17]) を計算した。最終サイズの計算には rootSolve パッケージ [18] を使用し統計ソフト R で計算した。

$$HIT = 1 - \frac{1}{R_0} \quad \dots(7)$$

$$FS = 1 - s(\infty) = 1 - e^{-R_0(1-s(\infty))} \quad \dots(8)$$

成 績

記述疫学：図1に岐阜県の2018年9月～2019年2月の月ごと野生イノシシ豚熱PCR検査結果の推移を、死亡イノシシ (D) と捕獲イノシシ (C) に分けて示す。岐阜県におけるこの6カ月の総検査数は868頭で、このうち死亡イノシシは12.9% (112頭) であった。観察期間を通して毎月100頭以上のイノシシが検査されていた。6カ月間のPCR陽性率は、捕獲イノシシで19.3% (146/756頭)、死亡イノシシで58.9% (66/112

表 異なる感染性期間の条件でのパラメータ，基本再生産数及び対数尤度

感染性期間	β	ϵ (週)	R_0 (95%信用区間: CI)	対数尤度
11	NA	NA	MCMC 容認率<0.001	NA
90	0.307	31.0	3.95 (95% CI : 3.47~4.54)	5.74
100	0.295	31.6	4.21 (95% CI : 3.70~4.87)	6.66
105	0.281	33.3	4.22 (95% CI : 3.96~4.56)	7.40
110	0.275	34.0	4.32 (95% CI : 3.94~4.75)	7.84
115	0.269	34.3	4.42 (95% CI : 4.05~4.90)	8.22
120	0.258	35.9	4.42 (95% CI : 4.15~4.75)	8.53
125	0.256	35.7	4.57 (95% CI : 4.30~4.98)	8.84
130	0.247	37.4	4.59 (95% CI : 4.35~5.00)	8.99
135	0.262	33.4	5.05 (95% CI : 4.65~5.42)	9.22
140	0.252	35.0	5.04 (95% CI : 4.68~5.82)	9.66
145	0.245	36.2	5.07 (95% CI : 4.79~5.41)	9.84
150	NA	NA	MCMC 容認率=0.023	NA

NA : Not applicable (計算不可能)

頭) であった。捕獲イノシシ，死亡イノシシともに2019年2月にはPCR陽性率が最も高くなり，それぞれ57.5% (65/113頭) 及び83.3% (25/30頭) であった。

図2に2018年9月～2019年2月の野生イノシシPCR検査実施市町村と一カ月地域有病率を示す。2018年9～11月に県内全域でイノシシが捕獲，検査されており，その後冬季の12月～2月には岐阜県南部と愛知県を中心に捕獲・検査されていた。感染イノシシの分布域は初発地点から東に拡がり，感染イノシシの発見地域全体で一カ月有病率の上昇が観察された。岐阜県北部の飛騨地域 (高山市，飛騨市，下呂市，大野郡白川村) では2018年12月以降サンプルされていない地域が多かったが (図2)，サンプル数全体に占めるこの地域の割合は最大で2018年の2.3% (5/217件) と低く，県南部で多く検査されていた。

数理モデルによる解析結果：表に異なる感染性期間の条件におけるパラメータ， R_0 及びその条件下での対数尤度を示す。対数尤度が最も高かった (9.84) のは平均感染性期間が145日の条件であった。この条件での R_0 は5.07 (95% CI : 4.79~5.41) であった。この時のMCMC容認率は27.2%であった。平均感染性期間150日の条件ではMCMC容認率が2.3%と極度に低下し，これより長い感染性期間での推定は実施しなかった。異なる感染性期間 (90日，115日，135日，145日) での有病率の予測線を比較すると，同様な形を示すものの，観察期間の終わりに最も有病率が高くなるのは感染性期間が135日 (R_0 は5.05, 表) のシナリオであった (図3)。このシナリオでも，観察期間後半の有病率実測値の高さには及ばなかった。一方で， R_0 と推定パラメータ ϵ は平均感染性期間が100～120日の間で変動が少なく安定的であった。この時の R_0 は4.21～4.42であった。

図4に観察期間最後の予測有病率が最も高かった感染

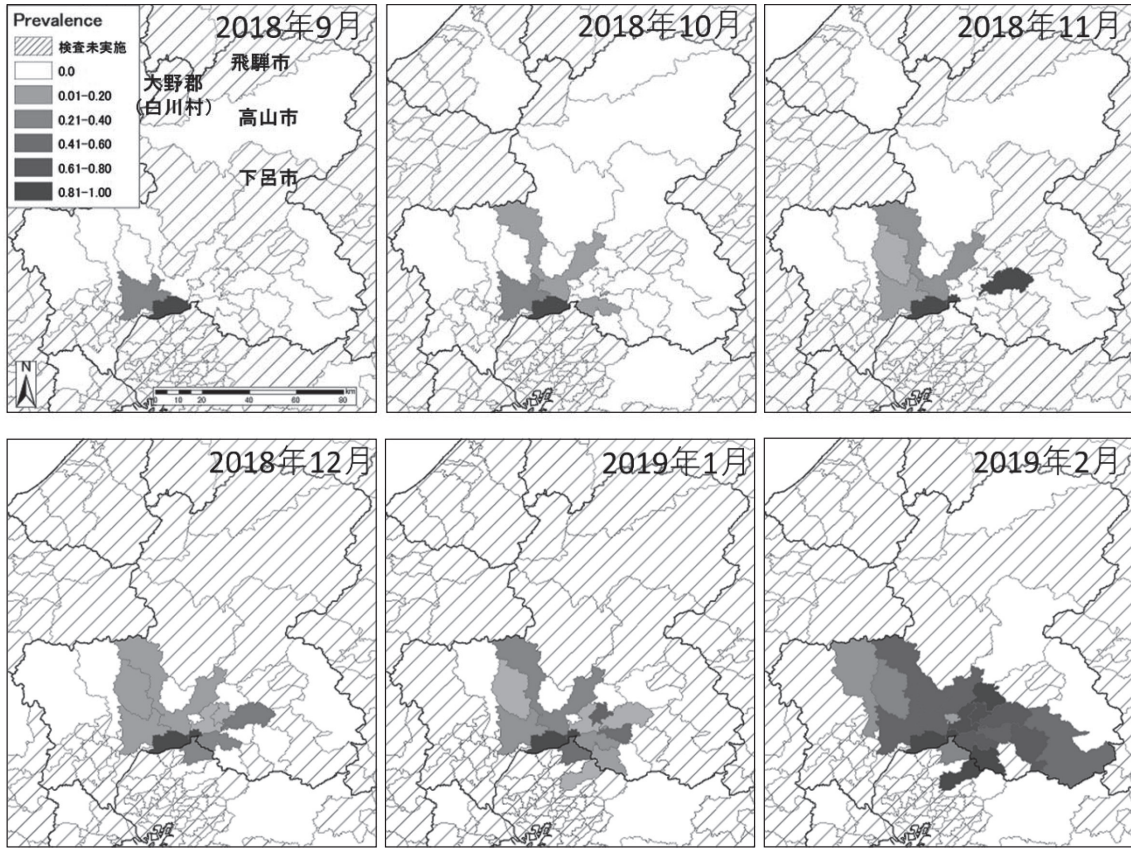


図2 野生イノシシにおける豚熱の1カ月地域有病率の空間的推移。
斜線網掛けの地域は検査未実施の地域、白がすべて陰性、そして色の濃さで月間地域有病率を示してある。

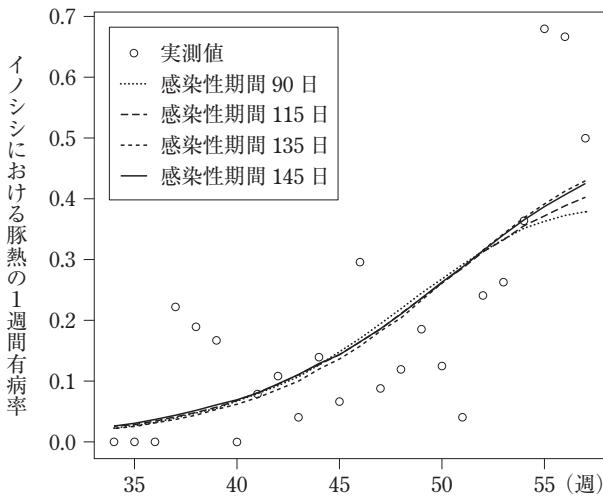


図3 異なる感染性期間のシナリオでの予測有病率変化曲線の比較。

白丸は実際の1週間有病率の推移を示す。X軸の週数は感染性期間135日の時の常微分方程式開始点からの週数。

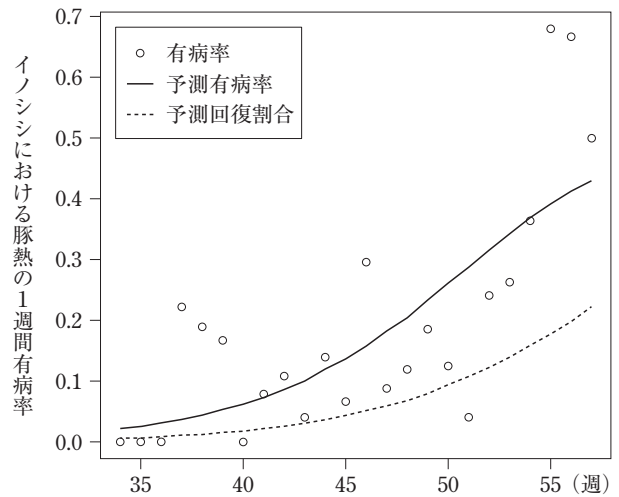


図4 感染性期間を135日とした場合の予測有病率と予測回復割合の推移。

白丸は実際の1週間有病率の推移を示す。X軸の週数は常微分方程式開始点からの週数。

性期間135日の条件での常微分方程式による予測有病率と予測回復割合の推移を示す。予測有病率のカーブは実測週間有病率の範囲を通るように描画された。有病率の上昇に遅れて予測回復割合も上昇し、24週目

(ODE開始から57週目)には20%を超えた。

図5に感染性期間を135日とした条件でのMCMCのトレース結果を示す。推定された2つのパラメータ、 β 、 ε の両方とも広い範囲からまんべんなくサンプリングさ

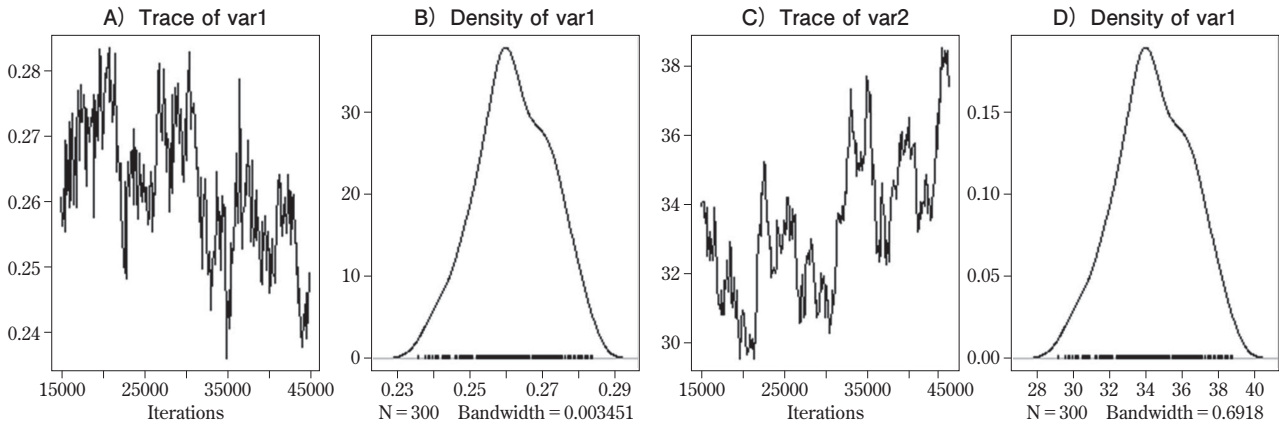


図5 感染性期間 135 日の条件下でのマルコフ連鎖モンテカルロシミュレーションのトレース結果。
A が β のトレースで B がその事後確率分布, C が ϵ のトレースで D がその事後確率分布を示す。

れ, 安定した事後確率分布 (図 4B が β , 図 4D が ϵ) が推定された。

得られた R_0 から算出した集団免疫の閾値は 80.2%, 流行の予測最終サイズは 99.3%であった。

考 察

野生動物における感染症の実態を把握することは非常に難しいが, 本研究では, 感染症対策を考えるうえで重要な指標である R_0 を, 発生県のホームページで公表されている情報を基に導出した。さらに, 感染実験ではさまざまな制約で長期間の感染動物の飼育が困難な中, 数理モデルを用いて感染性期間についても推定した。

コンパートメントモデルでは, コンパートメント間の移動を表すパラメータは集団での平均値であり [11], 集団を形成する個体の感染性待ち期間や感染性期間には変動 (個体差) がある。よって実際には急性感染後死亡あるいは早く回復し, ウイルスが体内から駆逐される個体も存在する。

本方法で計算された R_0 は感染性期間 135 日の時 5.05 と非常に高く, 集団免疫の閾値は 80.2%なので, 圧の高いベイトワクチン散布が感染からの回復による免疫状態の獲得が約 8 割のイノシシ集団に及ばないと流行が収束しないことが示唆された。また最終サイズから, 本州のイノシシ生息地域全体に感染が拡大することが示唆された。

(6)式と推定結果から, 感染性期間が本豚熱ウイルス株では非常に長いことが示唆され, これが高い R_0 となっている一つの理由である。数理モデルの条件としては, 観察期間の制約から MCMC の受容率の限界となる直前の 145 日が最高の対数尤度を示すほど, 感染性期間がさらに長い可能性を示唆していた。これは PCR 陽性率が 70%に届くほどの週があり, それほどの陽性率に到達するには感染した後に回復し PCR 陰性と診断されるまでに長期間を要することを示している。一方で, R_0 は平

均感染性期間が 100~120 日で 4.21~4.42 と安定的であり, 本研究からは尤度が最も高い条件, 観察期間終了時の最高予測有病率に限定せず, R_0 は 4.2~5.1, 感染性期間は 100~145 日間とすることが妥当と考えられた。

もう一つの因子である感染率 β は, ウイルス自体の伝染性と接触しやすさ, すなわち生息密度に影響を受けている。パキスタンの森林で野生イノシシに豚熱ウイルスの野外実験感染を記録した先行研究 [19] では, 野生イノシシにおける豚熱の R_0 は, 感染率 β と回復率 γ の他, イノシシの生息密度 X 及び豚熱ウイルス感染による死亡率 (mortality rate) μ により決定されるとしている ((8)式)。本研究では, イノシシの生息密度は考慮しておらず, また長期間の感染推移を考慮するならば, イノシシの出産により感受性個体は必ず増えるが, 本研究は個体群動態について考慮していない。

$$R_0 = \frac{\beta X}{\mu + \gamma} \quad \dots(8)$$

今回日本に侵入した豚熱のウイルス株は, かつてわが国にまん延していた強毒株 [20] と異なり, 実験感染では観察期間に死亡しないほど感染による死亡率 (あるいは致死率: case fatality rate) は高くない。このため本研究では 24 週間の診断結果をある程度短期間と考え, 死亡を考慮しない SEIR モデルで推定した。野生イノシシは実験室内の豚と異なり環境の影響を受けることから, 前述の岐阜県, 愛知県, 三重県による検査結果の公表のとおり死亡イノシシの発見もみられており, ある程度感染による死亡は起きていた。実際, 死亡イノシシ PCR 検査陽性率は 6 カ月間を通して 58.9%であり, 豚熱有病率が高まった 2019 年 2 月には死亡イノシシの 83.3%が PCR 陽性であった。また解析に供するサンプル数を確保するため, 死亡イノシシと捕獲イノシシを等しく扱っていることについても, 結果の信頼性に制約がある。

記述疫学から, 2018 年 12 月以降, おそらく冬季の降

雪の影響で岐阜県北部での野生イノシシ捕獲が減少したことが考えられるが、飛騨地域からのサンプル数が観察期間を通して少なく、この影響が R_0 の推定に与えた影響はそれほど高くない。

感染率 β に寄与するもう一つの要因として、本豚熱ウイルスの環境中での活性があげられる。現在もワクチン接種農場においても豚熱の発生がみられる原因として、感染野生イノシシから環境中に排泄された豚熱ウイルスが鳥類や小型野生動物を介して農場内に侵入している可能性が指摘されている（農林水産省：豚コレラの疫学調査に係る中間取りまとめ、令和元年8月8日、農林水産省拡大豚コレラ疫学調査チーム）。この要因はイノシシ間のウイルス伝播にも寄与しているはずであり、今後の環境中の豚熱ウイルスに関する研究による知見の集積も重要である。

本研究で得られた知見に基づき野生イノシシでの豚熱制御について考える。 R_0 が高いゆえに、感染拡大中にベイトワクチンを散布した際、ワクチンを接種しなかった感受性個体は高い確率で長期間ウイルスを保持・排出する感染個体から感染する。すなわちこれを防ぐには、前に *HIT* で示したとおり、高いワクチン散布密度を保たなければならない。一方、 R_0 が高いゆえに、すべての集団が感染・回復、あるいはワクチンによる免疫が賦与されれば、一時期 PCR 陽性個体は大きく減少すると考えられる。しかし出産により、初乳からの移行抗体が減少した感受性個体が大量に増えるため、再度ベイトワクチンにより野外豚熱ウイルスの感染連鎖を防ぐ必要がある。ワクチンに加えて、(6)式で明らかのように、感染連鎖を防ぐには、個体数を大きく減らして β 、そして R_0 を下げることが有効と考えられる。

本研究は、わが国の野生イノシシ集団に豚熱が侵入した初期における PCR 検査結果を活用し、流行中の豚熱ウイルスの感染症学的特徴について数理モデルを用いて解析した。個体群動態や地理学的影響、地域での生息密度の影響など、現在流行中の地域とは異なる情報であることにも注意が必要であるが、情報のない中での一つの貴重な研究成果であると考えられる。今後野生動物行動学、生態学、疫学などの連携により、さらに詳細な解析結果が公表され、豚熱制御の議論が進むことが期待される。

引用文献

[1] Smith DB, Meyers G, Bukh J, Gould EA, Monath T, Muerhoff AS, Pletnev A, Rico-Hesse R, Stapleton JT, Simmonds P, Becher P : Proposed revision to the taxonomy of the genus Pestivirus, family Flaviviridae, J Gen Virol, 98, 2106–2112 (2017)

[2] Brown VR, Bevins SN : A review of classical swine fever virus and routes of introduction into the United States and the potential for virus establishment, Frontiers in Veterinary Science, 5, 31 (2018)

[3] Blome S, Staubach C, Henke J, Carlson J, Beer M : Classical swine fever-An updated review, Viruses, 9, 86 (2017)

[4] Fritzemeier J, Teuffert J, Greiser-Wilke I, Staubach C, Schlüter H, Moennig V : Epidemiology of classical swine fever in Germany in the 1990s, Vet Microbiol, 77, 29–41 (2000)

[5] Rossi S, Pol F, Forot B, Masse-Provin N, Rigaux S, Bronner A, Le Potier MF : Preventive vaccination contributes to control classical swine fever in wild boar (*Sus scrofa* sp.), Vet Microbiol, 142, 99–107 (2010)

[6] Postel A, Nishi T, Kameyama K, Meyer D, Suckstorff O, Fukai K, Becker P : Reemergence of classical swine fever, Japan, 2018, Emerg Infect Dis, 25, 1228–1231 (2019)

[7] Hayama Y, Shimizu Y, Murato Y, Sawai K, Yamamoto T : Estimation of infection risk on pig farms in infected wild boar areas — Epidemiological analysis for the reemergence of classical swine fever in Japan in 2018, Prev Vet Med 175, 104873 (2020), (online), (doi: 10.1016/j.prevetmed.2019.104873), (accessed 2021-1-10)

[8] Ito S, Jurado C, Bosch J, Ito M, Sánchez-Vizcaíno JM, Isoda N, Sakoda Y : Role of wild boar in the spread of classical swine fever in Japan, Pathogens, 8, 206 (2019)

[9] Isoda N, Baba K, Ito S, Ito M, Sakoda Y, Makita K : Dynamics of classical swine fever spread in wild boar in 2018–2019, Japan, Pathogens, 9, 119 (2020)

[10] Vynnycky E, White RG : An introduction to infectious disease modelling, Oxford University Press, 6, 67 (2010)

[11] 西浦 博, 稲葉 寿 : 感染症流行の予測 : 感染症数理モデルにおける定量的課題, 統計数理, 54, 461–480 (2006)

[12] Kameyama K, Nishi T, Yamada M, Masujin K, Morioka K, Kokuho T, Fukai K : Experimental infection of pigs with a classical swine fever virus isolated in Japan for the first time in 26 years, J Vet Med Sci, 81, 1277–1284 (2019)

[13] Crawley M : The beta distribution, The R Book, Crawley M, ed, 2nd ed, 296, John Wiley & Sons, Chichester (2013)

[14] Soetaert K, Petzoldt T, Setzer RW : Solvers for initial value problems of differential equations ('ODE', 'DAE', 'DDE'), Package 'deSolve' version 1.21 (2018)

[15] Martin AD, Quinn KM, Park JH : MCMCpack: Markov Chain Monte Carlo in R, J Stat Softw, 42, 1–21 (2011)

[16] R Core Team : R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, (online), (<http://www.r-project.org/index.html>), (accessed 2020-2-3)

[17] Diekmann O, Heesterbeek H, Britton T : The final size in a finite population, Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics, Diekmann O, Heesterbeek H, Britton T eds, 24–30, Princeton University Press, Princeton (2013)

- [18] Soetaert K : Nonlinear root finding, equilibrium and steady-state analysis of ordinary differential equations, version 1.8.2.3 (2021), (online), (<https://cran.r-project.org/web/packages/rootSolve/rootSolve.pdf>), (accessed 2021-9-29)
- [19] Hone J, Pech R, Yip P : Estimation of the dynamics and rate of transmission of classical swine fever (hog cholera) in wild pigs, *Epidemiol Infect*, 108, 377-386 (1992)
- [20] Sakoda Y, Ozawa S, Damrongwatanapokin S, Sato M, Ishikawa K, Fukusho A : Genetic heterogeneity of porcine and ruminant pestiviruses mainly isolated in Japan, *Vet Microbiol* 65, 75-86 (1999)

Estimation of the Basic Reproduction Number of Classical Swine Fever in Wild Boar During the Early Phase of an Outbreak

Kohei MAKITA^{1)†}, Norikazu ISODA²⁾, Satoshi ITO³⁾, Fuka FUKUMOTO¹⁾, Mitsugu ITO⁴⁾ and Keisuke KUWATA⁵⁾

- 1) *Veterinary Epidemiology Unit, Department of Veterinary Medicine, School of Veterinary Medicine, Rakuno Gakuen University, 582 Bunkyo-dai Midori-machi, Ebetsu, 069-8501, Japan*
- 2) *Laboratory of Microbiology, Graduate School of Veterinary Medicine, Hokkaido University, North 18, West 9, Kita-Ku, Sapporo, 060-0818, Japan*
- 3) *VISAVET Health Surveillance Center and Animal Health Department, Complutense University of Madrid, Av. Puerta de Hierro, 28040, Madrid, Spain*
- 4) *Akabane Clinic, 55 Ishizoe, Akabane, Tahara, 441-3502, Japan*
- 5) *Gifu Prefectural Chuo Livestock Hygiene Health Center, 1-1 Yanagido, Gifu, 501-1112, Japan*

SUMMARY

In Japan, classical swine fever re-emerged in September 2018, after an absence of 26 years, and spread among wild boar populations. This study was conducted to understand the transmissibility of classical swine fever virus in wild boar populations, limited by the impossibility of a correct case count because of the nature of wildlife. Wildlife PCR test results between September 2018 and February 2019 were collected from the homepages of Gifu, Aichi, and Mie Prefectures. In descriptive epidemiology, the geographical spread in the three prefectures, and temporal patterns of PCR test positivity in Gifu Prefecture were observed. Using the Susceptible (*S*) - Exposed (*E*) - Infectious (*I*) - Recovery (*R*) model, assuming the weekly test positivity follows beta distribution, parameters were estimated in a Markov Chain Monte Carlo simulation, and the basic reproduction number (R_0) was calculated. As a result, the mean infectious period was as long as 100 - 145 days, and R_0 was estimated to be 4.2 - 5.1. In this analysis, however, population dynamics considering births and deaths and population density were not considered. In the future, a more detailed study based on wild boar field data is necessary.

— Key words : basic reproduction number, classical swine fever, mathematical modelling, wild boar.

† Correspondence to : Kohei MAKITA (Rakuno Gakuen University)

582 Bunkyo-dai Midori-machi, Ebetsu, 069-8501, Japan

TEL · FAX 011-388-4761 E-mail : kmakita@rakuno.ac.jp

J. Jpn. Vet. Med. Assoc., 74, 819 ~ 825 (2021)