

## 국내 쯤쯤가무시증의 감염자 분포와 유병자수 추정

이정희<sup>1</sup> · Md. Sharwar Murshed<sup>2</sup> · 박정수<sup>3</sup>

<sup>123</sup> 전남대학교 통계학과

접수 2008년 10월 30일, 수정 2008년 12월 20일, 게재확정 2009년 1월 3일

### 요약

쯤쯤가무시증은 가을철 유행성 출혈열 중 80% 이상을 차지하는 질병으로 1주에서 2주의 잠복기를 가지는 것으로 알려져 있다. 우리는 그 잠복기간의 확률분포가 감마분포라 가정하고 후향연산식을 이용하여,  $\hat{\mu} = 309.92$ ,  $\hat{\sigma} = 14.154$ 인 정규분포를 따르는 감염자 분포를 추정하였다. 감염자는 10월에 집중적으로 분포하는 것으로 나타났다. 이러한 감염자 분포형태는 발병자 수가 11월동안 급격하게 증가하는 것에 기인한다. 본 연구에서 추정된 감염확률에 의해 미래의 유병자수를 계산한 결과 최대 1200명이었고 이는 매년 증가하는 발병자 수의 경향을 반영하지 못한 한계가 있다. 또한 우리는 전염병 모형으로 잘 알려져 있고 전염발진 단계간의 상호작용을 고려하는 SIRS 모형을 적용해 보았다. 모수는 초기값으로부터 잘 근사되어 수렴하는 값으로 추정하였다.

주요용어: 생존함수, 잠복기간, 최소제곱법, 후향연산법, SIRS 모형.

### 1. 서론

쯤쯤가무시증은 제 3군에 속하는 법정전염병으로 신증후 출혈열과 램토스피라증과 함께 가을철 유행하는 발열성질환으로 분류되어 예방관리 되고 있다. *Orientia tsutsugamushi* 에 의해 발생하며, 이 균을 매개하는 것은 털진드기과 (Trombiculidae) 진드기 유충인 chigger mite 중 *Leptotrombidium* 속 털진드기이다. 쯤쯤가무시증을 매개하는 털진드기는 땅속에 서식하면서 곤충의 알을 먹고 살고있으나 유충에서 성충으로 탈바꿈할 때 반드시 동물의 조직액을 섭취하여야 함으로 이 시기에 야생동물, 주로 들쥐, 다람쥐 등에 일시적으로 기생하게 된다. 2-3일간 동물의 조직액을 빨아먹은 털진드기는 다시 자연계에서 생활하게 되나 인체감염은 이 시기에 우연히 유충이 사람에게 옮겨져서 조직액을 섭취할 때 병원체가 피부를 통해 침입함으로써 발병하게 된다 (장우현 등, 1994). 증상으로는 심한 두통에 이은 39°C 이상의 고열과 오한이 나고 대개 병감과 복부통, 심한 발한이 동반되며 매개체에 폭로 된 후 6~21일에 기침을 수반하는 경우가 있다. 대개 2주일 후에 해열이 되며 좀진드기가 문 자리에는 가피 (eschar)가 형성된다. 가피는 신체의 어느 부위에나 생길 수 있으나 특히 액와부, 서혜부, 하복부와 목에서 흔히 볼 수 있다. 피부에는 발진이 생기고 드물지만 적절한 치료를 받지 않는 경우 사망하는 환자도 있다 (질병관리본부 홈페이지).

쯤쯤가무시증의 발병자 수는 1994년 277명에서 1998년 1,140명으로 급증하기 시작하면서 최근에는 2006년 6,480명 그리고 2007년 6,022명으로 가을철 발열성전염병 중 가장 큰 비중을 차지하고 있다. 지역별로는 최근 7년 간 (2001년~2007년) 총 발병 신고자 수 29,951명 중 전북이 4,077명 (13.6%), 경

<sup>1</sup> (500-757) 광주광역시 북구 용봉동 300, 전남대학교 통계학과 석사과정.

<sup>2</sup> (500-757) 광주광역시 북구 용봉동 300, 전남대학교 통계학과 박사과정.

<sup>3</sup> 교신저자: (500-757) 광주광역시 북구 용봉동 300, 전남대학교 통계학과 교수. E-mail : jspark@jnu.ac.kr.

남 3,662명 (12.2%), 충남 3,477명 (11.6%) 순으로 나타났고 2007년 한해에만 인구 10만 명당 전복이 44.6명, 전남 33.6명, 충남 30.1명 순으로 발생하였다. 질병의 다 발생지역이 특징적으로 존재함에 따라 이러한 지역을 예방관리사업 시범지역으로 선정하여 예산을 집중하는 등의 적극적인 노력을 기울이고 있다. 이러한 예방관리사업이 실질적인 성과를 거두기 위해 질병의 역학적 특성에 기초한 사업계획이 필요하며 잠복기를 가지는 질병의 특성상 질병의 발병시기와 감염시기에 차이가 발생하므로 정확한 감염시기에 대한 연구가 있어야 한다.

본 연구에서는 잠복기를 가지는 찌꺼기무시증의 실제 발병자 수 자료로부터 잠복기 분포를 가정하고 감염시기에 대한 분포를 추정하였다. 잠복기는 감마분포를, 감염분포는 정규분포를 가정하고 후향연산식과 최소제곱법에 의하여 모수를 추정하였다. 이러한 감염자 분포와 잠복기 분포로부터 향후 유병자 수를 예측하여 질병의 감염시기와 주기, 감염자 수의 추이 등을 살펴보았다. 또한 전염병의 각 진행단계별 상호작용을 인정한 전염병확산모형 중 SIRS모형을 적합시켜 질병의 주기와 발병자 수의 확산형태를 확인해 보았다.

## 2. 국내 찌꺼기무시증의 감염분포 추정

### 2.1. 발병자 분포

찌꺼기무시증의 발병은 세계적으로 명확한 지역적 특성을 보이는 것으로 알려져 있는데 주로 북부 일본과 극동의 러시아 남으로는 북부 오스트레일리아, 서쪽으로는 파키스탄과 아프가니스탄을 연결하는 삼각형 지역 내에 다발적으로 발생한다. 우리나라는 그 삼각형 지역 안에 위치하여 충청권, 전라권, 경상도 지역의 농촌을 중심으로 다발하고 최근에는 도시에서도 발병이 증가하고 있다. 시간적인 발병 특징으로는 9월 말부터 발생이 증가하여 주로 가을철에 발생하는 뚜렷한 계절적 경향을 보이고 있다. 그림 2.1을 통해 발병자 수는 2001년 2,637명에서 2004년 4,698명으로 급증한 이후 2005년 6,780명 2006년 6,480명, 2007년 6,022명으로 지속적으로 높은 발병자 수를 보이고 있음을 확인 할 수 있다. 또한 발병시기는 주기적으로 9월부터 시작하여 10월과 11월에 정점을 이루다 12월부터 감소하는 것을 확인할 수 있다 (질병관리본부 전염병웹통계).

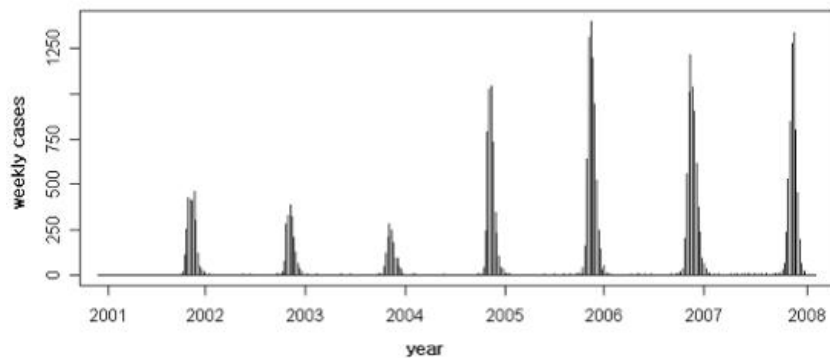


그림 2.1 국내 찌꺼기무시증의 7년 간 주별 발병자 수

2.2. 잠복기 분포

질병의 잠복기란 인체 내에 병원균이 침입하여 임상적인 증상이 나타나기 시작할 때까지의 기간을 말한다. 잠복기간을 나타내는 확률변수를  $U$ 로 정의할 때  $U$ 에 대한 누적분포함수  $F(t) = P[U \leq t]$ 는 병원균에 감염되어  $t$ 기간 동안 잠복하고  $t$ 시점에 발병할 확률을 의미한다. 대표적으로 사용되는 잠복기 분포로는 수명에 대한 생존분포로 많이 사용되는 감마분포와 와이블 분포 등을 들 수 있다 (이주영 등, 2002).

쯔쯔가무시증은 최소 5일에서 최대 21일 사이에서 평균적으로 1~2주의 잠복기를 가지는 것으로 알려져 있으나 그 감염시기와 질병에 대한 정보가 부족하므로 대표적으로 사용되는 잠복기 분포 중 감마분포를 가정하였다. 잠복기간은 경험적으로 평균  $\approx 11$ 일과 정규분포에서처럼 범위를 약  $5\sigma$ 로 가정하여 표준편차 ( $=\text{범위}/5 = (21-5)/5 \approx 3$ 일)를 계산하였다.  $E(U) = \alpha\beta = 11$ 와  $Var(U) = \alpha \times \beta^2 = 3^2$ 로부터 감마분포의  $\alpha = 13.44$ ,  $\beta = 0.8182$ 를 얻었다 (이상복, 1991). 최대일을 365라고 할 때 가정한 잠복기 확률변수는 그림 2.2와 같은 감마분포 형태로 평균 11일을 중심으로 매우 좁게 분포하며, 잠복기간이 약 21일 이상일 확률은 거의 없다고 하겠다.

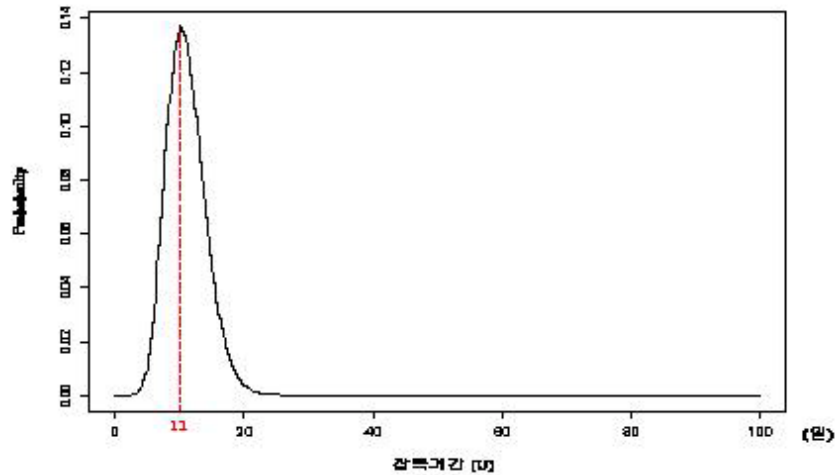


그림 2.2 잠복기간  $U$  (일)에 대한 감마 확률분포

2.3. 후향연산식

앞에서 추정한 잠복기 분포와 감염확률을 가정하면 발병자수 분포에 대한 합성곱 방정식을 정의할 수 있다. 즉, 잠복기의 최대기일을 365일 이라고 할 때  $y$ 년도  $d$ 날의 발병자 수는  $y - 1$ 년도  $d$ 날부터 365일의 기간 중 특정일 ( $k$ 날)의 감염자 수와  $(365 - k)$ 일의 잠복기간을 갖는 확률  $f_{365-k}$ 의 곱으로 표현된다. 이러한 합성곱 방정식으로 부터 감염확률을 역으로 계산해 내는 방법을 후향연산법 (back-calculation method; Bacchetti 등, 1993; De Angelis 등, 2004)이라 하고 후향연산식의 유도과정은 장현갑 등 (2008)의 논문에 자세히 기술되어 있다. 장현갑 등 (2008)의 논문에서 기술한 후향연산식에서 잠복기의 최대기일과 잠복기 분포의 추정된 모수만 다를 뿐 그 유도방식은 동일하다.

매년의 감염확률과 발병자수가 일정하다는 가정에 의해  $Y$ 년 동안 매년  $d$ 날의 발병자 수를 누적한 값

을  $B_d$ 라고 하고 이를 식으로 표현하면 다음과 같다 (장현갑 등, 2008).

$$B_d = T \sum_{k=0}^{364} f_{365-k} g_{d+k} \quad (2.1)$$

여기서  $g_{d+k}$ 는  $d+k$ 일의 감염확률로서 정규분포  $(\mu, \sigma^2)$ 의 확률 값을 표시하고,  $T$ 는  $Y$ 년 동안의 총 발병자 수를 의미한다. 본 연구에서 사용한 2001년~2007년까지 7년 간 실제 발병자 자료에 의하여  $Y = 7$ 이고  $T = 29,951$ 명이다.  $d$ 날의 실제 누적발병자 수는 발병자 수의 추정량  $\hat{B}_d$ 으로 표현한다.

#### 2.4. 최소제곱법에 의한 감염분포의 추정

잠복기 분포와 발병자 분포로부터 후향연산법을 이용하여 감염분포를 추정하기 위하여 감염에 대한 모수적 분포를 가정하는데 본 논문에서는 정규분포를 가정한다. 즉, (2.1)식의 감염확률  $g_{d+k}$ 가  $N(\mu, \sigma^2)$ 의 확률밀도함수를 의미하고 최소제곱법에 의하여 다음 (2.2)식을 최소로 하는 모수를 결정하였다.

$$Q(\mu, \sigma^2) = \sum_{d=1}^{365} \left\{ \hat{B}_d - T \sum_{k=0}^{364} f_{365-k} g_{d+k}(\mu, \sigma) \right\}^2 \quad (2.2)$$

실제 자료에 대해 의사-뉴턴 (Quasi-Newton)최소화 알고리즘 (IMSL의서브루틴 dbconf)을 적용하여 구한 결과  $\hat{\mu} = 309.92$ 일 (44주),  $\hat{\sigma} = 14.2$ 일 (2주)이다. 이는 감염자가 10월에 집중 발생하는 분포형태를 나타낸다. 쯔쯔가무시증은 9~10월에 유행하는 가을철 전염병으로 발병환자 또한 9월에 증가하기 시작하여 10월에 집중적으로 분포하는 것으로 알려져 있지만 최근 7년 동안의 발병자 수 분포를 살펴보면 발병자 수의 급증과 함께 11월의 집중정도가 갈수록 높아짐을 알 수 있다. 따라서 감염시기 또한 그림 2.3에서와 같이 10월에 집중되는 분포가 추정되었다.

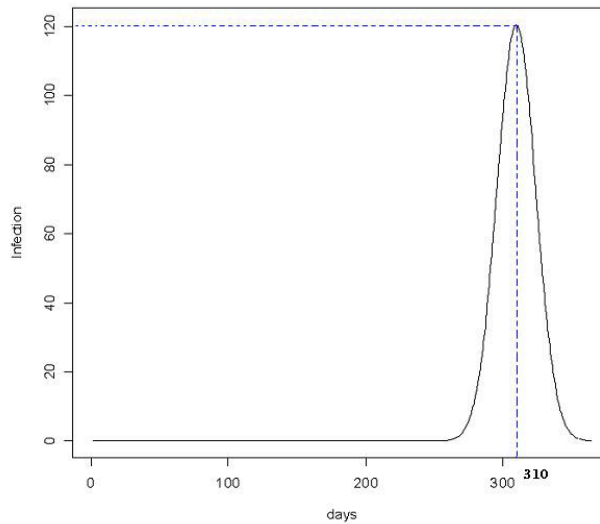


그림 2.3 정규분포를 가정한 경우 일별 감염자 분포

그림 2.4에서는 7년 동안의 연도별 발병자 분포와 정규분포를 가정하여 추정된 감염자 분포를 비교해 보았다. 그 결과 2001년~2003년의 발병자 분포는 10월과 11월에 비교적 고르게 분포하고 2004년부터 발병자 수가 급증하여 갈수록 11월 (44~48주)을 중심으로 뾰족해짐을 볼 수 있다.

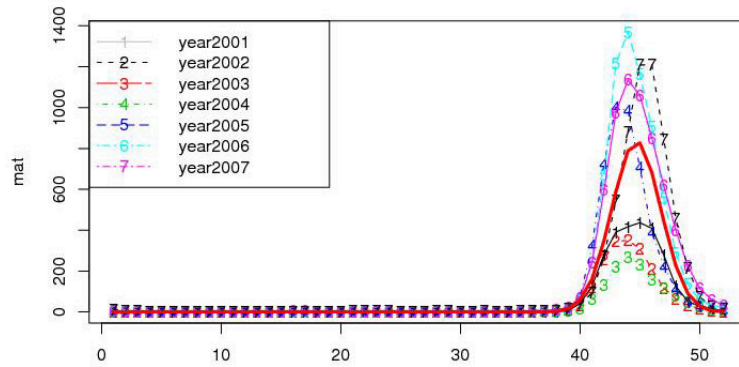


그림 2.4 각 연도별 발병자 분포와 추정된 감염자 분포 비교 (굵은 실선은 정규분포 가정에 의해 추정된 감염자 분포를 나타냄)

### 3. 국내 쯔쯔가무시증의 유병자 수 추정

$P_d$ 를 질병에 감염되어 임상적 증상을 나타내지 않은 상태로 유병하는 사람 수라고 하자. 감염확률과 잠복기간 확률변수  $U$ 에 대한 생존함수  $S(t) = 1 - F(t)$ 를 이용하여 유병자 수를 아래의 (3.1)식과 같이 정의할 수 있다. 즉,  $d = 1, 2, \dots, 365$ 에 대하여

$$P_d = \sum_{t=d}^{365} G_t S_{365-(t-d)} + \sum_{t=1}^{d-1} G_t S_{d-t}. \tag{3.1}$$

이때 생존함수  $S_t$ 는  $t$ 시점까지 발병하지 않고 잠복하고 있을 확률을 의미하며  $G_t$ 는  $t$ 일의 감염자 수를 뜻한다. (3.1)식의 유도과정은 장현갑 등 (2008)의 논문을 보기 바란다. 식 (3.1)에서  $t$ 시점의 감염자 수는 연간 감염자 수에 감염확률을 곱한 값인  $G_t = ng_t$ 가 되고 이로부터 유병자 수는 10월 초 (316일) 1,224명으로 추정되었다. 이것의 분포는 그림 3.1와 같다. 유병자 수의 분포는 감염자의 집중 분포시기와 유사하고 이는 잠복기 분포로 선택한 감마분포의 형태를 고려해 볼 때 필연적인 결과로 보인다.

### 4. 전염병 확산모형의 적용

#### 4.1. SIRS 모형

전염병 확산모형은 쯔쯔가무시증과 같은 전염성 질병의 원인과의 관계가 항상 직접적이라는 기존의 발상으로부터 각 개체들 사이에 병원체 및 면역체가 복잡한 상호작용하는 복잡계 현상의 하나로 전환하여 전염 확산과정을 설명하는 모형이다 (Bartlett, 1957). 개체들 간의 상호작용 현상들은 직접 연구하

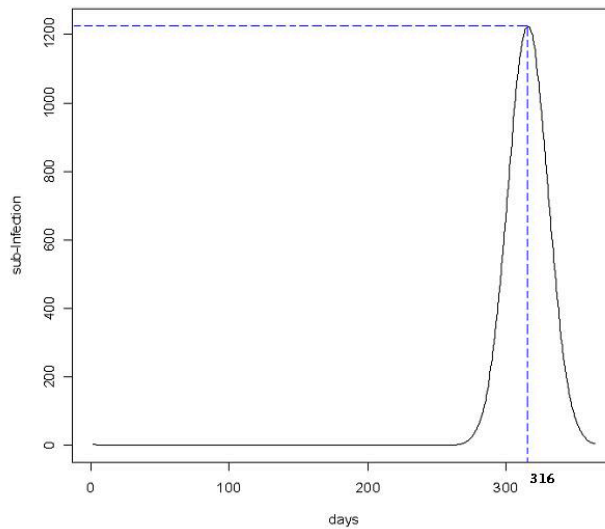


그림 3.1 국내 쯔쯔가무시증의 연중 유행자 분포

기가 어렵고 대부분이 비선형적 이므로 수학적으로 해답을 구하기 어려웠으나 20세기 중반 컴퓨터의 등장으로 계산능력이 비약적으로 발전함에 따라 복잡계 이론을 적용한 모형연구가 활발히 진행되고 있다. 황난아 등 (2007)의 논문에서는 국내 말라리아, 홍역과 같은 질병의 발병 자료에 전염확산모형을 적합시켜 설명하고 장래 추이 등을 예측하고 있다.

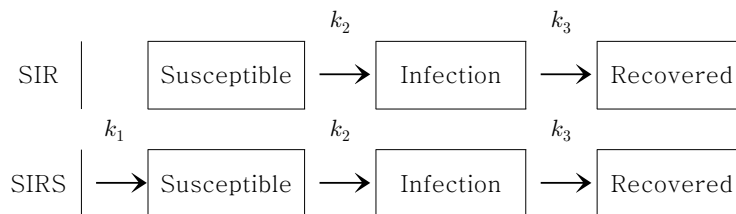


그림 4.1 SIR 모형과 SIRS 모형

전염병의 진행에 따라 각 개체의 상태는 3가지 단계로 분류하여 볼 수 있는데, 현재는 감염되어 있지 않지만 면역이 없어 감염의 가능성이 있는 S (susceptible) 단계, 감염되어 다른 개체를 감염시킬 수 있는 I (infected) 단계, 면역된 건강한 상태를 R (recovered) 단계라고 정의한다. 전염병 확산모형은 이러한 3단계를 어떻게 순환하는가에 따라 구분되고 대표적인 모형으로 SIR 모형과 SIRS 모형이 있다 (Anderson과 May, 1991). 그림4.2와 같이 SIR모형에서는 감염된 개체 (I)가  $k_2$  감염률로 이웃한 건강한 개체 (S)를 감염시키거나  $k_3$ 의 회복률로 면역력을 가진 건강한 상태 (R)가 된다. 이때 R상태의 개체는 더 이상 감염되지도 않고 다른 개체를 전염시킬 수도 없으며 따라서 시간이 충분히 흐른 뒤 감염된 개체는 사라지게 된다. 반면 SIRS모형에서는 감염된 개체 (I)가  $k_2$ 의 감염률로 이웃한 건강한 개체 (S)를 감염시키거나  $k_3$ 의 회복률로 회복되었을 때 면역력을 갖게 되어 탈락하는 것이 아니라 다시 감염이 가능한 S상태가 되어 전염확산에 참여할 수 있게 된다. 따라서 SIR 모형은 질병의 발생을 기술하는

데 적합하고 SIRS 모형은 평형상태를 이루는 전염확산과정을 기술하는 데 적합하다 (윤영수, 2005).  
 쯔쯔가무시증은 감염이후 항체보유율이 낮고 면역백신이 개발되지 않은 질병이므로 SIRS모형을 고려하였다. 여기서 다음과 같은 몇 가지 가정을 한다 (Lindsey, 2001).

① 건강한 상태 S에서 감염된 개체가 되는 감염을  $k_2$  는 상태 S와 I의 현재 수에 비례하고 감염상태 I에서 회복하는 비율  $k_3$  는 상태 I의 현재 수에 비례한다.

② 각 상태의 개체군은 잘 혼합되어 있고 모집단은 고정된 크기이다. 이러한 가정으로부터 다음과 같은 SIRS모형의 미분방정식들을 얻을 수 있고,

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= k_1 - k_2S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= k_2S(t)I(t) - k_3I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= k_3I(t) \end{aligned} \tag{4.1}$$

이때 초기상태는  $S(0) = S_0 > 0$ ,  $I(0) = I_0 > 0$ ,  $R(0) = 0$ 이다.

모형으로부터 도달하는 평형상태는 위 (4.1)식들을 0으로 놓고 정리함으로써 얻어지며  $S_\infty = k_3/k_2$ ,  $I_\infty = k_1/k_3$ 가 된다. 본 연구에서는 질병의 발병자 수에 관한 자료만이 이용가능 하므로 감염상태  $I(t)$ 에 초점을 맞추어 정리한 결과 식은 아래 모형식 (4.2)과 같다.

$$I(t) = I_\infty [1 + \kappa e^{-t/(2\sigma)} \cos(\xi t)] \tag{4.2}$$

여기서  $\sigma = k_3/(k_2k_1)$ ,  $\xi = \sqrt{k_2/\sigma - 1/(4\sigma^2)}$ 이고, 모수  $\kappa$ 는 평형 값으로 부터 진폭의 최대크기를 결정한다. 주기는  $2\pi/\xi$ 가 된다.

앞에서 살펴본 쯔쯔가무시증의 발병자 수 분포경향을 생각해 볼 때 시간의 흐름에 따라  $I_\infty$  값을 기준으로 대칭이고 점차 진폭이 감소하여 평형상태에 도달하는 분포보다는 증가추세의 비대칭적인 모형이 적절할 것으로 보인다. 따라서 식 (4.2)을 수정하여 얻은 다음과 같은 모형식 (4.3)을 적합시켰다.

$$I(t) = I_\infty [1 + e^{\kappa \cos(\xi t)}] \tag{4.3}$$

**4.2. SIRS 모형의 모수 추정**

모수의 추정법은 각 단계별 기간에 대한 분포의 가정이 필요한 최우추정법이 아닌 최소제곱법을 사용하였다. 최소제곱법은 실제 발병자 수를  $y_i$ 라 하고 모수집합  $\theta$ 를 가지고 추정된 감염자 수를  $f(\theta, i(t))$ 라고 할 때

$$Q_n(I_\infty, \kappa, \xi) = \sum_{i=1}^n (y_i - f(\theta, i(t)))^2 \tag{4.4}$$

식 (4.4)를 최소로 하는 모수를 추정하는 방법이다. 이러한 비선형 회귀식을 풀기 위해 수학적으로는 해를 구하기 어려워 수치적인 방법으로 SAS의 nlin 프로시저를 사용하였다. 또한 몇 개의 초기 값을 주어 극소값에 도달하는 경우 중 가장 작은 잔차제곱합을 가지는 모수 집합을 최종 추정치로 선택하였다.

그 결과 초기값  $I_\infty = 1000$ ,  $\kappa = 1$ ,  $\xi = 0.52$ 으로부터 수렴한 경우에 잔차제곱합이 15202197.385 으로 가장 작았고 그 때의 추정치는  $\hat{I}_\infty = 4.0376E - 6$ ,  $\hat{\kappa} = 20.58144$ ,  $\hat{\xi} = 0.51933$ 이었다. 이로부터 계산된 질병의 주기는 약 12.1개월이다. 추정된 모형을 실제 발병자 수 자료에 적합 시켜 보고 향후 3년의 발병자 수를 예측하였다.

최근 몇 년간 질병의 발병자 수가 급증한 이유로 모형으로 부터의 발병자 수가 실제 발병자 수보다 적게 나타나고 있지만 그림 4.2을 통해 과거 자료에 잘 적합 됨을 볼 수 있다. 또한 2010년까지 발병자 수는 3410명, 3146명, 2750명으로 점차 감소할 것으로 예측되었다.

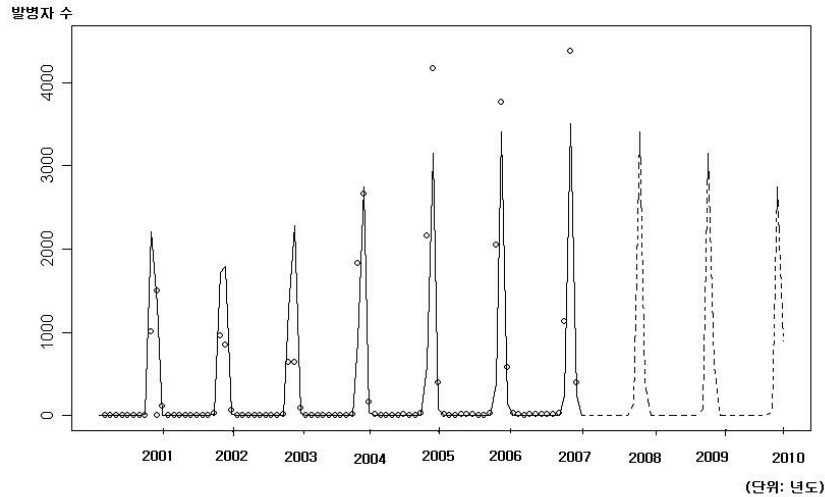


그림 4.2 SIRS모형의 찌쯌가무시증 실제자료에의 적합과 예측

## 5. 결론 및 토의

본 연구에서는 찌쯌가무시증의 발병자 자료와 잠복기 분포의 감마분포 가정으로부터 감염시기에 대한 분포를 추정하여 보았다. 후향연산식을 이용하기 위하여 감염확률의 모수적 분포를 정규분포라 가정하였고 최소제곱법에 의하여 모수를 추정하였다. 최근 발병자의 집중분포 시기가 10월에서 11월로 이동하고 11월의 집중정도가 점점 높아지는 경향으로 인해 추정된 감염시기도 경험적으로 알려진 9월에서 10월로 이동한  $\hat{\mu} = 309.92$ 일 (44주),  $\hat{\sigma} = 14.154$ 일 (2주)의 정규분포 형태를 보였다. 이는 지구온난화 등으로 인한 생태학적 환경변화에 기인한 것으로 여겨진다. 이렇게 추정된 감염분포와 잠복기 분포로부터 향후 유병자 수 분포는 단기잠복기를 가지는 질병의 특성과 잠복기의 감마분포가정으로 인하여 앞서 추정된 감염분포와 유사한 형태를 보였다. 본 연구에서는 잠복기 분포와 감염분포를 각각 감마분포와 정규분포로 가정하였으나 대표적인 잠복기 분포인 와이블 분포와 감마분포를 따르는 감염분포 등 다양한 가정이 가능하다 (이우동, 1996). 그러나 찌쯌가무시증은 1주 2주의 매우 짧은 잠복기간을 나타내므로 분포가정으로 인한 큰 차이는 없을 것으로 생각된다.

본 논문에는 이러한 후향연산식을 활용한 감염자 수 추정 및 유병자 수 예측과 함께 전염병의 각 단계별 상호작용으로 인한 복잡성을 고려한 전염병 확산모형 (SIRS)을 고려하였다. 전염병 확산모형의 추정된 추정치는  $\hat{I}_{\infty} = 4.0376E - 6$ ,  $\hat{\kappa} = 20.58144$ ,  $\hat{\xi} = 0.51933$ 이었고 이로부터 계산된 감염주기는 약 12.1개월이었다. 또한 2010년까지 발병자 수는 3410명, 3146명, 2750명으로 점차 감소할 것으로 예측되었다. 이러한 전염병 확산모형은 시간에 대해 연속적인 모형인데 반해 현실적으로 주어진 자료는 매 시간 단위마다 합산되어진 발병 자료라는 한계점이 있다. 또한 잠복기를 가지는 질병의 특성상 잠복기



상태를 추가한 SEIRS 모형의 적합이 보다 적절할 것으로 생각되며 이를 위해서는 정확한 질병의 각 상태기간별 정보수집이 요구된다.

본 논문에서 추정된 잠복기와 감염자 분포연구를 바탕으로 현행 시행되는 질병관리체계를 시기적으로 세 단계로 구분하여 즉, 1월~8월을 감염이전 시기, 9월~10월 초를 감염되어 병원균이 잠복하는 시기 그리고 10월~12월을 발병하여 치료에 들어가는 시기로 정의하여 질병관리사업을 단계적으로 구체화 할 수 있을 것이다.

## 참고문헌

- 윤영수, 채승병 (2005). <복잡계 개론>, 삼성경제연구소.
- 이상복 (1991). 평균잔여수명함수의 비모수적 추정. <한국데이터정보과학회지>, **2**, 11-21.
- 이우동 (1996). 임의 중단모형에서 최소제곱법을 이용한 와이블 분포의 모수 추정. <한국데이터정보과학회지>, **7**, 263-272.
- 이주영, 황진수, 고운영, 기미경, 김지연 (2002). 후향연산모형을 이용한 국내 HIV 감염자와 AIDS환자의 추계. <예방의학회지>, **35**, 65-71.
- 장우현, 김익상, 최명식, 박세광, 장원중, 허명숙, 김향래, 한태희 (1994). 1994년도 국내발생 쯔쯔가무시병에 대한 혈청 역학적 연구. <대한미생물학회>, **30**, 593-602.
- 장현갑, 박정수, 전미경, 이정애, 김한메울 (2008). 후향연산법을 활용한 국내 말라리아의 감염분포와 유병자 수 추정. <응용통계연구>, **21**, 901-910.
- 황난아, 정보윤, 임영채, 박정수 (2007). SIR 비선형 회귀모형을 이용한 질병자료분석. <한국데이터정보과학회지>, **9**, 49-59.
- Anderson, R. M. and May, R. M. (1991). *Infectious diseases in humans: Dynamics and control*, Oxford University Press.
- Bacchetti, P., Segal, M. R. and Jewell, N. P. (1993). Backcalculation of HIV infection rate. *Statistical Science*, **8**, 82-119.
- Bartlett, M. S. (1957). Measles periodicity and community size. *Journal of the Royal Statistical Society A*, **120**, 48-70.
- De Angelis, D., Hickman, M. and Yang, S. (2004). Estimating long-term trends in the incidence and prevalence of opiate use/injecting drug use and the number of former users: Back-calculation methods. *American Journal of Epidemiology*, **160**, 994-1004.
- Lindsey, J. K. (2001). *Nonlinear model in medical statistics*, Oxford University Press.
- Yamamoto, S., Kizoe, K., Yoshino, S. and Hagiwara, T (2000). Annual incidence of Tsutsugamushi disease caused by different serotypes of orientia Tsutsugamushi in Miyazaki prefecture in 1991-1999. *Japanese Journal of Infectious Disease*, **53**, 126-127.

## Estimation of infection distribution and prevalence number of Tsutsugamushi fever in Korea

Jung Hee Lee<sup>1</sup>, Md. Sharwar Murshed<sup>2</sup>, Jeong Soo Park<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Department of Statistics, Chonnam National University

Received 30 October 2008, revised 20 December 2008, accepted 3 January 2009

### Abstract

Tsutsugamushi fever occupies more than 80% of total fall epidemic diseases and has an incubation period of 1 or 2 weeks as well. We have assumed that the incubation period distribution is gamma and therefore, reach an agreement that the infected distribution is normal with  $\hat{\mu} = 309.92$ ,  $\hat{\sigma} = 14.154$  by back calculation method. The infection cases are found severely large around the month of October. The infection case distribution demonstrates the incidence number increasing rapidly and progresses fast during the month of November. In this study, we have calculated the future prevalence number of maximum 1,200 people by inferred infection probability and incubation period distribution with some sort of limitation that the trend of increasing incidence number is not taking into an account. We considered the SIRS model which is also known as epidemic model, familiar to interaction between epidemiological classes. Our estimated parameters converged well with the initial parameter values.

*Keywords:* Back-calculation method, incubation period, least squares estimation, SIRS model, survival function.

---

<sup>1</sup> Graduate student, Department of Statistics, Chonnam National University, Gwang-Ju 500-757, Korea.

<sup>2</sup> Ph.D. Student, Department of Statistics, Chonnam National University, Gwang-Ju 500-757, Korea.

<sup>3</sup> Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Chonnam National University, Gwang-Ju 500-757, Korea. E-mail: jspark@jnu.ac.kr.