

2010/2011년도 한국 발생 구제역 확산에 관한 연구[†]

황지현¹ · 오창혁²

^{1,2}영남대학교 통계학과

접수 2014년 2월 15일, 수정 2014년 3월 3일, 게재확정 2014년 3월 8일

요약

구제역은 전염성이 높고 치명적 결과를 유발하는 우제류 전염병이며, 2010/2011년도에 국내에서 발생한 구제역 (2010/2011 구제역)은 사회 및 경제적으로 국가에 재난 수준의 손실을 끼쳤다. 따라서 국가적 차원에서 구제역의 예방과, 발병 시 피해를 줄이려는 많은 노력을 하고 있다. 이러한 노력의 하나로 구제역의 전염 현상을 확률적으로 모형화하고 이해하려는 노력이 필요하다. 영국에서 발생한 2001년 구제역은 그 규모와 피해가 막대하여, 영국에서는 다양한 확률적 모형으로 구제역 전파 현상에 대한 이해를 통하여 미래의 발생에 대비하려는 연구가 이루어져 왔다. 그러나 2010/2011 구제역에 대하여는 확률적 모형을 활용한 연구가 미미한 편이다. 따라서 본 연구에서는 2010/2011 구제역에 대하여 시간-공간 확률 SIR 확률모형을 가정하고 시간과 공간에 따르는 전파 현상에 대하여 고찰한다. 농림수산검역검사본부에서 발표한 구제역 감염데이터와 통계청의 전국농가센서스 자료의 일부인 전체 우제류 농가의 데이터가 본 연구의 분석에 필요한 정도로 상세하지 않으므로 추정 및 보정 작업을 통하여 데이터를 보완하였다. 감염데이터를 이용하여 커널함수를 추정하고, 전국 우제류 농장 데이터를 이용하여 시뮬레이션을 통하여 모형의 모수를 추정하였다.

주요용어: 구제역, 민감성, 시간-공간 확률 일반전염병 모형, 시뮬레이션, 전염성벡터.

1. 서론

우제류 동물에 발생하는 제 1종 바이러스성 가축전염병인 구제역은 전염성이 매우 높고 치명적 피해를 유발하여 국가적으로 큰 문제가 된다. 세계동물보건기구는 구제역을 가축전염병 가운데 가장 위험한 바이러스성 전염병으로 분류하며, 국제교역 상 최대의 규제 대상으로 지정하고 있다.

구제역 바이러스는 전염 범위가 육지에서는 50km, 바다를 통해서는 250km 이상까지인 것으로 알려져 있으며 전염 경로는 감염된 동물의 직접 접촉, 오염된 매개물에 의한 간접 접촉, 공기 등이 있다. 세계동물보건기구에서는 구제역의 잠복기간을 14일로 정하고 있다. 그러나 실제로는 잠복 기간은 3~8일에 불과하며, 심급성의 경우, 구제역 바이러스 감염 후 18시간 내에 증상이 나타날 수 있는 것으로 보고되어 있다. 구제역에 걸린 가축들의 치사율은 5~55%의 수준이지만, 회복된 가축은 건강 약화, 축산물의 생산 감소 등의 이유로 사육은 의미가 없어지게 된다. 현재 구제역의 치료법은 없으며, 구제역이 발생되면 감염된 가축 및 감염된 가축에 접촉된 모든 가축을 도살처분 또는 매장하는 제도가 시행되고 있다. 구제역은 백신을 통한 예방이 가능하며, 우리나라는 2010/2011년 구제역 발생 이후 모든 우제류 가축을 대상으로 구제역 백신을 상시 접종하고 있다.

[†] 본 연구는 영남대학교 2012년 연구비에 의해 조성되었음.

¹ (712-749) 경북 경산시 대학로 280, 영남대학교 통계학과, 석사과정 수료.

² 교신저자: (712-749) 경북 경산시 대학로 280, 영남대학교 통계학과, 교수. E-mail: choh@yu.ac.kr

구제역은 프랑스, 미국, 아일랜드, 중국, 베트남, 대만, 일본 등 여러 나라에서 발생하였는데, 영국에서는 2001년 2월 20일 Essex 지방의 한 도축장에서 구제역이 발생하여 2001년 9월 구제역이 사라질 때까지 600만 두 이상의 가축들이 도살되었다. 구제역 방역사업에 따른 공공부문의 직접 비용 지출은 약 30억 파운드 (5조 4000억 원) 이상이고, 민간부문의 비용 지출은 약 50억 파운드 (9조 원) 이상에 달하는 것으로 알려져 있다.

우리나라에서 발생한 구제역은 2000년 이후 2000년 3월 말에서 4월 중순까지, 2002년 5월 초에서 6월 말까지, 2010년 1월 초에서 1월 말까지, 2010년 4월 초에서 5월 초까지, 2010년 11월 말에서 2011년 4월 말까지 총 5번 발생하였다. 역학조사 결과 국내 유입원인은 수입건초, 해외여행객, 바람, 황사 등인 것으로 추정되었다.

경북 안동에서 2010년 11월 28일에 발생한 구제역은 2011년 4월 21일까지 11개 시·도, 74개 시·군에서 3,748건이 발생하였으며 (Yoon 등, 2012), 2010년 12월 중순까지는 최초 발생 농장의 주변지역에만 국한되어 추가적 발생이 이루어졌으나, 그 이후 전라도와 제주 지방을 제외한 전국에서 지속적으로 발생하였다. 2010년 12월 말에서부터 구제역 백신 접종을 시작하여, 2011년 2월 하순경까지 전체 우제류 농장에 대한 백신 접종이 이루어졌다. 초기 발생지인 경북 안동에서 150 km 이상 떨어진 경기 연천 지방의 구제역 감염은 안동 지방의 구제역 발생 농장의 분뇨가 경기 파주로 수송되면서 바이러스가 전파된 것으로 조사되었다 (Animal and Plant Quarantine Agency, 2011; Park과 Bae, 2012). 2010/2011년의 경우 질병의 확산을 막기 위해 발생 농장과 이웃 농장에 대한 살 처분으로 약 340만여 두가 매몰되었으며, 보상금으로 약 18,600여억 원이 지불되었다.

구제역에 효과적으로 대처하기 위해서는 구제역 발생에 대한 역학적 특성과 전염 현상에 대한 정확한 정보를 확보하고 이를 통하여 전염병의 전파 현상에 대한 적절한 확률모형을 파악하는 것이 중요하다. Keeling 등 (2001)은 영국에서 2001년 발생한 구제역에 대하여, 각 농장에 대한 가축의 수와 종류, 민감성, 전염성, 농장의 크기 등을 고려한 시간-공간 확률 SIR 전염모형 (the spatial-temporal stochastic SIR epidemic model)을 가정하고 몬테카를로 시뮬레이션과 보고된 사례 간의 정보로 보정하는 변형된 최우추정법을 통하여 민감성 농장이 감염될 확률을 구하였다. 또한 Chis Ster와 Ferguson (2007)은 2001년 영국 발생 구제역에 대하여 마코프연쇄 몬테카를로 방법을 이용하여 단순전염모형에서의 매개변수를 추정하였다. 또한, 시간에 따르는 전염모수의 변화과정, 이동제한 등의 통제 수단의 영향에 따른 농장간 거리에 대한 커널의 매개변수 등을 추정하였으며, Oh (2014)는 확률전염모형의 우도함수의 유도를 증명하였다.

국내에서 2010/2011년에 발생한 구제역은 사회적으로 큰 문제가 되었으며, 경제적으로 많은 손실을 남겼다. 2010/2011년 구제역에 대하여 Yoon 등 (2011)은 Carpenter 등 (2004)의 DADS의 리드-프로스트 모형 (Reed-Frost model)을 기반으로 하여 시뮬레이션 방법으로 축종에 따른 모형의 모수를 추정하였다. Choi 등 (2012)은 네트워크기법의 최적경로분석 방법을 이용하여 구제역 확산 속도를 분석하였다: 전국 국도의 도로망과 행정구역 경계 등을 이용하여 도로를 통해 차량으로 구제역이 전염되는 것을 가정하고, GIS를 이용한 네트워크 분석을 통해 국도 별 및 행정구역 별로 직선 거리에 따르는 이동속도 및 도로를 따르는 실제 거리에 따르는 이동속도를 산출하여 현재 구제역 방역대 설정 방법에 대한 문제점이 있음을 지적하였다. Park과 Bae (2012)과 Bae 등 (2013)은 공간통계 방법을 사용하여 시간에 따라 변화하는 구제역의 전염에 관한 군집에 대해 알아보았으며, 특정 지역이나 지점에서 발생한 구제역에 대한 방역계획 시 방역 범위에 대하여 논하였다. Kim 등 (2012)는 구제역 기간 동안의 전염의 시간적 패턴에 관한 연구를 하였다. Yoon 등 (2013)은 전염 후 보고되는 기간의 분포에 관한 연구를 하였다. 한편 농림수산검역검사본부 (Animal and Plant Quarantine Agency, 2011)의 “2010~2011 구제역 역학조사보고서”는 국내에서 발생한 2010/2011년의 구제역에 대한 역학조사 결과에 따른 데이터를 담고 있다.

본 연구에서는 2010/2011년에 국내에서 발생한 구제역 자료에 대하여 Keeling 등 (2001)의 시간-공간 확률 SIR 모형을 가정하고, 구제역 감염데이터를 이용한 커널함수를 추정하며, 통계청의 농장 데이터를 기반으로 시뮬레이션을 통하여 모형을 적합한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 제 2절에서는 구제역 전염에 관한 시간-공간 확률 SIR 전염 모형에 대해 설명한다. 3절에서는 분석에 필요한 데이터를 소개한다. 4절에서는 커널함수의 추정과 감염확률의 민감성과 전염성을 추정을 다루며, 마지막 5절에서는 토의와 결론을 다룬다.

2. 구제역 전염 모형

시간-공간 확률 SIR 모형은 전염병의 전파를 모형화하는데 흔히 사용되는 모형 중 하나이다. 시간-공간 확률 SIR 모형에서는 모집단의 구성원을 모두가 민감 (susceptible), 감염 (infectious), 회복 (removed)의 세 가지 상태 중 하나가 되는 것으로 가정한다. 민감상태는 병에 걸리지 않았지만, 병에 걸릴 수 있는 상태이며, 감염상태는 병에 감염되었고 다른 구성원을 감염시킬 수 있는 상태이며, 회복상태는 병을 앓고 난 후에 영구적 면역이 생겨서 다시는 병에 감염되지 않으며 따라서 다른 구성원을 감염시키지도 않는 상태를 나타낸다. 회복상태는 또한 병에 의한 사망, 격리 등도 포함한다. 각 구성원은 상태의 전이는 민감, 감염, 회복의 단계를 차례대로 거치게 되며, 처음에 감염된 구성원을 지표증례 (index case)라고 부른다.

Johnson (2009)은 실제로 시간-공간 확률 SIR 모형을 적용하기 위해서 필요한 조건으로 다음의 5개 조건을 제시하였다. (1) 모집단의 수는 고정되어있다. (2) 민감 상태를 벗어날 수 있는 방법은 감염되는 것이다. 감염 상태를 벗어날 수 있는 방법은 질병에서 회복되는 것이다. 질병에서 회복되었다면, 면역력을 가지게 된다. (3) 나이, 성별, 사회적 지위, 인종은 감염 확률에 영향을 주지 않는다. (4) 선천성 면역은 없다. (5) 모집단의 구성원은 동질적으로 혼합되어 있다 (병의 감염에서 모두 동일한 영향력을 가지고 있다).

구제역의 전염 모형을 생각할 때, 개별 농장을 모집단의 구성원으로 간주하며, 민감농장이 감염농장으로부터 감염되거나 또는 감염농장이 민감농장을 감염시킬 확률은 그 농장에서 사육하는 우제류의 종류와 수에 의존한다고 가정한다. 즉, 민감성 농장의 가축 수가 많을수록 감염될 가능성이 커지고, 전염성 농장의 가축 수가 많을수록 감염시킬 가능성이 높아짐을 가정한다. 이러한 맥락에 따라서, Keeling 등 (2001)은 시점 t 에서 민감성 농장 i 가 감염될 확률을 다음과 같이 정의하였다:

$$P_t(i) = 1 - \exp \left[-S \cdot N(i) \sum_{j \in \mathcal{I}(t-1)} T \cdot N(j) K(d_{ij}) \right]. \quad (2.1)$$

따라서 우도함수는

$$\prod_{i \in \mathcal{I}(t)} P_t(i) = \prod_{i \in \mathcal{I}} \left\{ 1 - \exp \left[-S \times T \times N(i) \times \sum_{j \in \mathcal{I}(t-1)} N(j) K(d_{ij}) \right] \right\} \quad (2.2)$$

로 주어진다. 단, $\mathcal{I}(t)$ 는 시간 t 에서 전염성 농장의 집합이다. S 는 축종 별에 따른 민감성벡터이고, T 는 축종 별 전염성벡터이며, $N(i)$ 는 농장 i 의 종류에 따른 가축 수 벡터, $K(d_{ij})$ 는 농장 i 와 j 간의 거리 d_{ij} 에 따르는 커널함수이다. 한편, Deardon 등 (2010)은 사람 또는 운송수단의 왕래 빈도, 축종 또는 축종 내 품종, 농장 내 가축의 숫자, 환경적 요소, 농장 간의 거리는 직선거리 또는 접근 할 수 있는 도로의 거리와 교통량 등을 고려한 감염확률모형을 제시하였다.

앞서의 식 (2.1)의 감염확률 $P_t(i)$ 에 대한 커널함수로서 Chis Ster과 Ferguson (2007)은

$$K(d_{ij}) = \left(1 + \frac{d_{ij}}{\alpha}\right)^{-\gamma} \quad (2.3)$$

를 제안하였다. 한편, Keeling 등 (2001)은 DEFRA가 추정한 커널함수 $K_0(d_{ij}) = d_{ij}^{c_0}$ (c_0 는 적당한 상수)를 사용하였고, Diggle (2006)과 Deardon (2010)도 각자의 커널함수를 제안하였다.

한편, 구제역에 감염된 농장의 우제류 가축은 감염 판정이 되는 즉시 살 처분 즉, 도살 또는 매몰되므로 감염된 농장은 일정 기간 후 반드시 회복되는 것으로 가정한다.

3. 분석을 위한 데이터

본 연구의 분석에 사용되는 데이터는 2010/2011년 구제역감염데이터와 전국농장데이터이다. 구제역 감염데이터는 농림수산검역검사본부 (Animal and Plant Quarantine Agency, 2011)에서 발간한 ‘2010/2011 구제역 역학조사보고서’에 제시된 2010년 11월에서 2011년 4월 사이의 한국에서 발생한 11개 시·도의 74개 시·군·구 지역에서 발생한 3,748개의 구제역감염데이터 (감염데이터)를 사용한다. 이 보고서에는 축주명, 시·군, 축종, 사육두수, 발생일자, 확진일자가 게재되어 있다. 전국농장데이터는 통계청 (Statistics Korea, 2011)의 마이크로데이터 서비스시스템에서 제공하는 ‘2011년 농림수산업조사’ 데이터를 사용하였다. 각 농장은 시·도, 시·군·구, 읍·면·동, 가축 중, 동물의 수가 수치형 코드에 의해 구성되어 있다. 전체 농장 데이터에서 구제역 감염이 가능한 우제류 동물 즉, 소, 돼지, 양, Goat, 순록을 사용하는 196,715개의 농장의 데이터를 추출하였다.

한편, 연구에서 필요한 위치 정보는 각 농장의 위도와 경도이므로, 인터넷의 위치 정보 검색 사이트 mygeoposition.com을 이용하여 전국농장데이터와 감염데이터에 대한 각 농장의 위도와 경도를 얻었다. 다만, 전국농장데이터는 각 농장의 읍·면·동의 주소가 제시되어 있으므로, 각 농장이 속한 읍·면·동의 사무소의 주소를 농장의 주소로 사용하였고, 감염데이터는 시·군의 주소까지만 제시되어 있으므로, 시청 또는 군청의 주소를 농장의 주소로 사용하였다. 농림수산검역검사본부 (Animal and Plant Quarantine Agency)의 2010~2011 구제역 역학조사보고서에서 감염된 총 농장의 수는 3,748개로 나타났지만, 경기도 연천과 양주에 소재하는 하나의 농장이 농장주가 같아 하나의 데이터로 묶여 있어서 이를 나눠 3,749개로 하였다.

2010~2011 구제역 역학조사 보고서에서 경상북도 16개 시·군에서 발생한 구제역 669건에 대한 주소, 발생일자, 확진일자 등의 데이터가 결측되어 있으므로, 농림수산검역검사본부의 웹사이트에 게재된 14개 시·군의 64건 목록화 지표농장 (index farm) 데이터를 이용하여 669건의 감염데이터를 생성하였다. 이때, 지표농장 (index farm)이 없는 영덕군과 의성군에서도 구제역이 발생하였으므로 이들 두 개의 시·군을 추가하여 감염데이터를 생성하였다. 각 시·군에서 생성된 감염농장의 수는 지표농장의 비율과 일치되도록 하였다.

생성한 경상북도 데이터를 포함한 구제역이 발생한 3,749개 농장 데이터에 대하여는 시·군의 위치 정보만 있으므로, 각 농장은 해당 시·군청 소재지를 중심으로 반지름 20km, 각 360도 이내의 지역에 배치하였다. 반지름은 0~20, 각은 0~360 사이의 난수를 발생하여 사용하였다. 이때 각은 동쪽을 중심각 0°로 하여 북, 서, 남쪽인 시계 반대 방향으로 회전한다. 따라서 배치된 농장은 위치적으로 그 농장이 속하는 시·군을 벗어난 위치에 배치될 수도 있다. Figure 3.1은 이렇게 하여 배치한 농장의 분포도이며, 전라도와 제주도는 감염 사례가 없고 최초로 발생한 경북 지역보다 경기도와 충청도 지역에 더 밀집된 발병 사례를 나타내고 있음을 볼 수 있다.

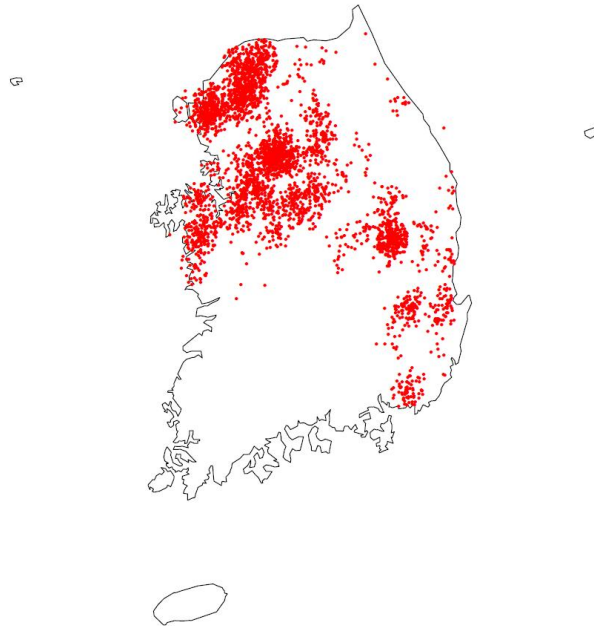


Figure 3.1 3,749 farms placed on a map of Korea

한편 감염된 3,749개 농장에 대하여 감염된 순서에 따른 농장 간의 거리 3,748개를 구하였다. 두 농장 간의 거리는 위도·경도를 도·분·초로 변환한 후 구한 직선 최소거리이다. Figure 4.1에 농장 간 거리에 대한 히스토그램을 제시하였다.

이상치로 보이는 값은 2010년 12월 14일 경기도 연천에서의 구제역 감염에 관한 값으로, 연천은 직전 감염 지역인 경상북도 안동에서 150km 이상 떨어져 있다. 이 감염의 원인에 대하여는 다양한 분석이 이루어졌다. 축분 건조기 개발업체의 인근 왕래, 분뇨의 이동, 대단위 양돈농장으로 구제역 바이러스 배출량이 다른 가축들에 비해 매우 높은 점이 일반적인 공기 전파, 직접 접촉 전파 등과는 다른 형태이므로, 외국에서 감염되어 오는 경우와 같은 것으로 판단하는 것이 타당하다고 판단된다. 즉, 경기도 연천은 별도의 지표농장으로 간주한다.

2011년 농림수산물산업조사에서의 수록된 전체 농장의 수는 4,514,388개이며, 이중 우제류를 사육하고 있는 농장은 196,715개이며, 본 연구에서는 이들 우제류 농장에 대한 데이터를 사용하였다. 우제류 가축은 한우, 젓소 수컷을 포함한 육우, 젓소 암컷, 돼지, 염소, 사슴의 총 6종이며, 우제류에 대한 축종별 농장의 및 가축의 수를 Table 3.1에 나타내었다.

Table 3.1 Number of artiodactyl farms by the type of livestock

Type of livestock	Number of farms (Ratio %)	Number of livestock (Ratio %)
Korean native cattle	157,044 (79.83)	2,681,125 (22.94)
Beef cattle	6,119 (3.11)	188,153 (1.61)
Dairy cattle	6,460 (3.28)	409,257 (3.50)
Swine	7,929 (4.03)	8,094,302 (69.24)
Goat	14,726 (7.49)	257,879 (2.21)
Deer	4,437 (2.26)	58,806 (0.50)
Total	196,715 (100.0)	11,689,522 (100.0)

전체 농장 중에서는 한우 농장의 수가 다른 축종에 비해 최소 10배 이상 되지만, 축종별 가축의 수에서는 돼지의 수가 한우에 비해 3배 이상 됨을 알 수 있다.

4. 커널함수의 추정과 시뮬레이션을 통한 모형의 추정

구제역 전파에 관한 시간-공간 확률 SIR 모형에서 감염확률은 커널함수에 의존한다. 커널함수는 감염데이터의 농장간 거리를 이용하여 추정할 수 있으며, 여기서는 감염된 농장 3,749개의 데이터를 사용하여 Keeling 등 (2001)의 커널함수의 단점을 개선한 Chis Ster과 Ferguson (2007)의 커널함수 (2.3)을 사용한다. 식 (2.3)의 커널함수는 두 개의 매개변수를 가지며, 통계패키지 R에서 최소제곱법으로 비선형 함수를 적합하는 함수 NLS를 사용하여 추정하였다. 추정된 모수는 각각 $\hat{\alpha} = 1.433$, $\hat{\gamma} = 2.270$ 이며, 추정된 커널함수는 다음과 같다.

$$\widehat{K}(d_{ij}) = \left(1 + \frac{d_{ij}}{1.433}\right)^{-2.270} \quad (4.1)$$

Figure 4.1는 추정된 커널함수와 감염농장 간의 거리의 히스토그램 (작은 원으로 상대도수 표시)과 겹쳐 그린 그림이며, 전체적으로 적합이 잘되고 있음을 알 수 있다. 시간-공간 확률 SIR 모형에서의 전파의

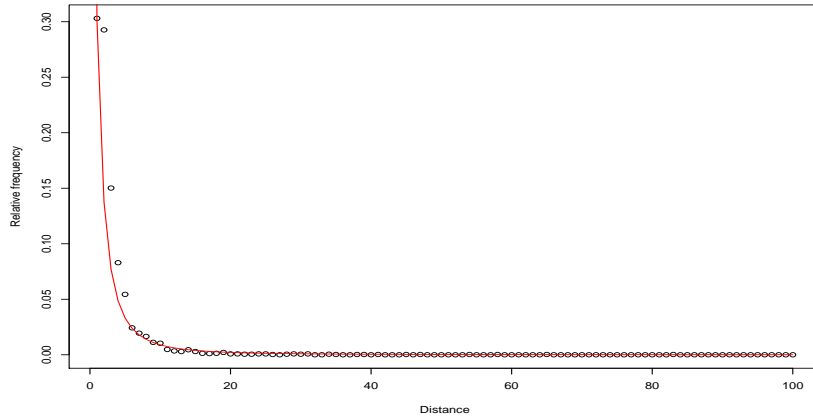


Figure 4.1 The histogram on the distances between farms and the fitted kernel function

형태는 식 (2.1)의 감염확률에 의존한다고 가정한다. 감염확률을 결정하는 요인으로 커널함수 외에 축종에 따른 민감도와 전염율의 벡터인 민감성벡터와 전염성벡터가 있다. 다만, 농림수산검역검사본부의 ‘2011년 구제역 역학조사보고서’에 경상북도 지역에 대한 구제역 감염데이터가 제시되지 않아서 이 지역에 대하여는 감염농장의 위치와 감염 날짜만을 추정한 데이터가 이용됨으로 민감성벡터 S 와 전염성벡터 T 에 대하여 축종에 따라 값을 지정할 수 없으므로, 주어진 6개의 축종에 대하여 민감성이 모두 같고 또한 전염성도 같다고 가정한다. 이러한 가정에 따라 감염확률 (2.1)은

$$\hat{P}_t(i) = 1 - \exp \left[-S \cdot N_i \sum_{j \in \mathcal{I}(t-1)} T \cdot N_j \left(1 + \frac{d_{ij}}{1.433}\right)^{-2.270} \right] \quad (4.2)$$

로 단순화된다.

시뮬레이션에서 전국의 농장데이터 중 우제류를 사육하고 있는 전체 농장을 민감성 농장으로 하였다. 최초 감염농장인 경상북도 안동의 지표농장으로부터 감염이 시작되는 것으로 하고, 경상북도 안동과 150km 이상 떨어진 경기도 연천의 감염농장에 대하여는 16일째에 감염된 지표농장으로 하여 감염을 진행시킨다. 안동의 지표농장은 전국농장데이터에서 특정되지 않으므로 가축의 수와 축종이 비슷한 농장을 선정하였다. 또한, 2010/2011년 구제역은 전라도와 제주도 지역에는 발생하지 않았으므로 이 지역은 감염되지 않는 것으로 제한하여 모두 144,321개의 농장을 대상으로 하였다. 그리고 전염성 농장은 감염된 뒤 3일 뒤에 도살 매물 등의 방법으로 회복되는 것으로 한다. 이는 어떤 농장이 구제역을 의심하는 보고를 하고 나서 양성으로 판단을 받는 기간이 최대 3일 걸리는 것을 반영하였다. 회복된 농장은 다시 구제역에 감염되지 않으며, 다른 동물을 감염시키지도 않는다고 가정하였다. 감염 기간은 10일로 정하였는데, 이는 2010/2011년에 진행된 구제역의 기간을 고려한 것이다. 실제로 구제역은 2010년 11월 28일에 최초로 발병되었으며, 구제역 백신의 접종이 전국적으로 완료되었다고 보고된 날짜가 2011년 2월 26일에 백신접종이 전국적으로 완료되었다고 보도되었다. 그러나 언론에 따르면 3월 초에도 백신접종의 기사가 있으며, 백신접종 후 항체가 생기는 데는 10일 정도의 기간이 필요하다.

감염확률의 모수인 민감성과 전염성의 추정은 시행착오의 방법을 선택하였다. 즉, 감염확률에 여러 가지 모수의 값을 바꾸어 가면서 100일간 감염을 시뮬레이션하여, 총 감염된 농장의 숫자가 감염데이터의 감염농장의 수인 3,749와 비슷한 값이 나오는 모수의 값을 선택하였다. 시뮬레이션은 윈도우 환경의 비주얼스튜디오 2010에서 작성한 C 언어 프로그램을 이용하였다. 식 (4.2)의 감염확률에 대하여 200회씩 시뮬레이션을 한 후 감염된 농장수에 대한 분포를 확인하였다. 이렇게 시행착오의 과정을 거쳐 $S = 1.1$ 와 $T = 2.67 \times 10^{-8}$ 가 2010/2011년 구제역 전파에서 최종 감염농장의 수 3,749와 유사한 것으로 판단하였다. 따라서 민감성과 전염성을 각각 $S = 1.1$ 와 $T = 2.67 \times 10^{-8}$ 로 두고 모두 500번의 시뮬레이션을 하였으며, 각 시뮬레이션에서 얻은 감염된 농장의 수들의 평균과 표준편차는 각각 3751.0과 194.8로 주어지며, Figure 4.2는 감염된 농장의 수에 대한 상대도수분포표이다.

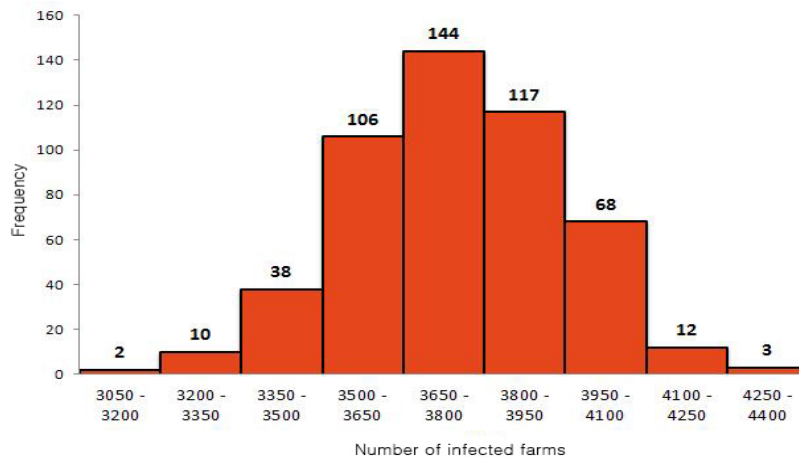


Figure 4.2 Histogram of the number of farms in 500 simulations

5. 토의 및 결론

영국에서 2001년 발생한 구제역에 대하여는 다양한 확률모형이 적합되어 감염현상을 확률적으로 설명하려는 시도가 있어 왔고, 현재도 이 자료에 대한 보다 세련된 모형으로의 분석이 이루어지고 있는

것으로 판단된다. 그러나 우리나라에서 2010/2011년에 발생한 구제역은 많은 축산농가에 많은 손실을 입힌 국가적 재난의 전염병의 발생이었음에도 불구하고, 확률적 전파모형에 대한 연구는 Yoon 등 (2011)의 연구 이외에는 찾아 볼 수 없으며, 본 연구의 확률 모형과는 다른 리드프로스트 모형을 사용하며, 추정하는 정보도 여기서 오는 달라 두 연구를 단순 비교할 수는 없다.

본 연구에서는 Chis Ster와 Ferguson (2007)의 커널함수를 적용한 Keeling 등 (2001)의 시간-공간 확률 SIR 모형에서 시뮬레이션을 통한 민감성과 전염성을 추정하였다. 이러한 방법은 Yoon 등 (2011)이 2010/2011년 구제역 발생에 대하여 리드-프로스트 모형의 추정에서 적용한 방법이기도 하다. 그러나 감염 자료의 확보 등이 이루어지면, 최우추정법이나 베이즈 방법 등에 의한 추정이 시도되어야 할 것으로 판단된다. 본 연구에서는 두 농장 간의 직선거리가 감염에 영향을 미친다고 가정하였으나, 농장 간의 도로망과 통행빈도 등을 고려한 모형으로 분석할 필요가 있다고 본다. 또한, 구제역 감염데이터의 결측자료에 의하여 민감성벡터와 전염성 벡터를 같은 값으로 두었으나, 데이터의 확보를 통한 일반적인 민감성벡터와 전염성벡터를 적용한 분석이 필요하다. 한편, 시뮬레이션에서 전라도 지역을 제외하였는데, 이는 실제로 이 지역에 구제역이 발생하지 않음을 반영한 것이다. Yoon 등 (2011)에서는 이에 대한 언급이 나타나있지 않다.

본 연구에서 적용한 확률모형 이외의 다양한 모형의 적용을 통한 구제역 전염 현상에 대한 분석을 통하여 구제역의 전염에 관한 보다 안정된 지식의 확보가 필요하다고 본다. 이는 다음에 구제역이 발생하게 되는 경우 이에 대한 효과적인 대처 수단으로 사용될 수 있기 때문이다.

References

- Animal and Plant Quarantine Agency (2011). *2010~2011 epidemiological report of the 2010-2011 foot-and-mouth disease epidemic*, Animal and Plant Quarantine Agency, Anyang.
- Bae, S. H., Shin, Y. K., Kim, B. and Pak, S. I. (2013). Temporospatial clustering analysis of foot-and-mouth disease transmission in South Korea, 2010–2011. *Korean Journal of Veterinary Research*, **53**, 49–54.
- Carpenter, T. E., Thurmond, M. C. and Bates, T. W. (2004). A simulation model of intraherd transmission of foot and mouth disease with reference to disease spread before and after clinical diagnosis. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, **16**, 11–16.
- Chis Ster, I. and Ferguson, N. M. (2007). Transmission parameters of the 2001 foot and mouth epidemic in Great Britain. *Public Library of Science PLoS ONE*, **2**, e502.
- Choi, S. K., Song, H. H. and Park, K. S. (2012). Analysis of foot-and-mouth disease diffusion velocity using network tool. *Journal of the Korean Society for Geo-Spatial Information System*, **20**, 101–107.
- Deardon, R., Brooks, S. P., Grenfell, B. T., Keeling, M. J., Tildesley, M. J., Savill, N. J., Shaw, D. J. and Woolhouse, M. E. J. (2010). Inference for individual-level models of infectious diseases in large populations. *Statistica Sinica*, **20**, 239–261.
- Diggle, P. J. (2006). Spatio-temporal point processes, partial likelihood, foot and mouth disease. *Statistical Methods in Medical Research*, **15**, 325–336.
- Johnson, T. (2009). *Mathematical modeling of diseases: Susceptible-infected-recovered (SIR) model*, Senior Seminar, University of Minnesota, Morris.
- Keeling, M. J., Woolhouse, M. E. J., Shaw, D. J., Matthews, L. M., Chase-Topping, M., Haydon, D. T., Cornell, S. J., Kappey, J., Wilesmith, J. and Grenfell, B. T. (2001). Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape. *Science*, **294**, 813–817.
- Kim, H., Yoon, H., Moon, O. K., Yoon, S. S., Kim, Y. J., Wee, S. H. and Kim, B. (2012). The 2010/2011 foot-and-mouth disease epidemic in Republic of Korea: Daily risk of infection and a survival analysis. *The Journal of Preventive Veterinary Medicine*, **36**, 196–201.
- Oh, C. (2014). Derivation of the likelihood function for the counting process. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **25**, 169–176.
- Park, S. L. and Bae, S. H. (2012). A space-time cluster of foot-and-mouth disease outbreaks in South Korea, 2010–2011. *Journal of the Korean Association of Regional Geographers*, **18**, 464–472.
- Statistics Korea (2011). Micro data service system, retrieved from <http://mdss.kostat.go.kr/mdssex/>.

- Yoon, H., Kim, H., Yoon, S. S., Kim, Y. J., Kim, B., Coleman, J. and Carpenter, T. (2011). Epidemiological models on spread of foot-and-mouth disease and application of the Davis animal disease simulation model in the Republic of Korea. *Korean Journal of Veterinary Public Health*, **35**, 199–213.
- Yoon, H., Yoon, S. S., Kim, H., Kim, Y. J., Kim, B. and Wee, S. H. (2013). Estimation of the infection window for the 2010/2011 Korean foot-and-mouth disease outbreak. *Osong Public Health and Research Perspectives*, **4**, 127–132.

A study on the spread of the foot-and-mouth disease in Korea in 2010/2011[†]

Jihyun Hwang¹ · Changhyuck Oh²

¹²Department of Statistics, Yeungnam University

Received 15 February 2014, revised 3 March 2014, accepted 8 March 2014

Abstract

Foot-and-mouth Disease (FMD) is a highly infectious and fatal viral livestock disease that affects cloven-hoofed animals domestic and wild and the FMD outbreak in Korea in 2010/2011 was a disastrous incident for the country and the economy. Thus, efforts at the national level are put to prevent foot-and-mouth disease and to reduce the damage in the case of outbreak. As one of these efforts, it is useful to study the spread of the disease by using probabilistic model. In fact, after the FMD epidemic in the UK occurred in 2001, many studies have been carried on the spread of the disease using a variety of stochastic models as an effort to prepare future outbreak of FMD. However, for the FMD outbreak in Korea occurred in 2010/2011, there are few study by utilizing probabilistic model. This paper assumes a stochastic spatial-temporal susceptible-infectious-removed (SIR) epidemic model for the 2010/2011 FMD outbreak to understand spread of the disease. Since data on infections of FMD disease during 2010/2011 outbreak of Aniaml and Plant Quarantine Agency and on the livestock farms from the nationwide census in 2011 of Statistics Korea do not have detail informations on address or missing values, we generate detail information on address by randomly allocating farms within corresponding Si/Gun area. The kernel function is estimated using the infection data and by using simulations, the susceptibility and transmission of the spatial-temporal stochastic SIR models are determined.

Keywords: Foot-and-mouth disease, simulation, spatial-temporal stochastic SIR epidemic model, susceptibility, transmission.

[†] This research was supported by the 2012 Yeungnam University Reseach Fund.

¹ Master degree, Department of Statistics, Gyeongbuk 712-749, Korea.

² Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Gyeongbuk 712-749, Korea.
E-mail: choh@yu.ac.kr