ISBN 978-89-6211-665-6

2010 정보분석보고서

조류인플루엔자(AI) 전염확산 조기경보를 위한 복잡계 시뮬레이션 모형개발

A Complex System Simulation Model for Prevention of Avian Influenza

원동규

한국과학기술정보연구원

< 목 차 >

제 1 장. 연구개요----------1

제 2 장. 방역생태계의 인식론적 관점----------2
제 1 절. 방역 생태계의 개념
제 2 절. 방역 생태계의 특징
제 3 절. 복잡적응체제의 시스템화

제 3 장. 우리나라 조류인플루엔자 전파특성----------6
제 1 절. AI예찰모형 프레임 워크
제 2 절. 발생부문 모형

제 4 장. 전파모형---------- 12
제 1 절. 농장내 전파모델
제 2 절. 농장간 전파모델

제 5 장. 대응모델 ----------25
제 1 절. 방역대 설정모델
제 2 절. 경제적 손실모델

제 6 장. 모형 시뮬레이션 결과----------34
제 1 절. 예찰클러스터링 모델적용 시뮬레이션
제 2 절. 전파모형시뮬레이션 결과
제 3 절. 대응 모형

제 7 장. 결론 및 정책적 제언 ----------40

참고문헌----------42

< 요약 >

미래지향적인 국가가축방역정보체계를 구축하기 위한 핵심사항으로 과학적이고 합리적인 분석 및 예측모형을 통해 예방중심의 가축질병 예찰모형개발이 필수적이다. 본 연구에서는 조류 인플루엔자(AI)를 사례로 국가차원의 능동적 예찰모형의 프레임워크를 구성하였고, 최소한의 기존 데이터를 활용하여 프로토타입으로 개발된 모델을 실증적으로 확인하였다.

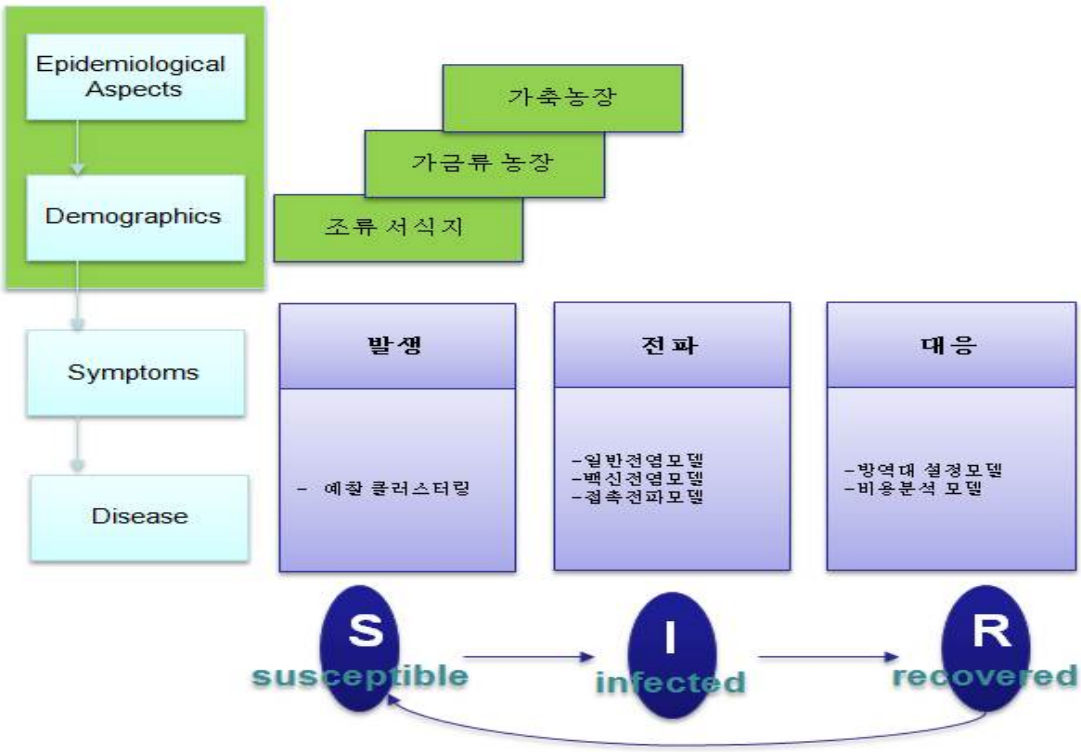
일반적인 가축 질병의 전염확산단계를 발생단계, 전파단계, 대응단계로 구분하여 각 단계별로 시공간 클러스터링 기법을 활용한 예찰클러스터링 모형, ABM(Agent Based Model)모형을 활용한 농장내 일반전염 전파모형, 농장내 백신전염전파모형, 농장간 일반전파모델, 방역대 설정 모델 등을 구성하였으며, 최종적으로는 시스템 다이내믹스를 활용한 경제적 손실 모델을 제시하였다. 특히 개발된 모형을 활용하여 2008년 전북 김제에서 발생한 고병원성 AI의 최초 유입경로와 발생지역 전파속도, 손실비용 산정 등을 시뮬레이션 해 본 결과 모형의 타당성을 확인할 수 있었다.

즉 기존의 수동적 예찰 활동대신에 예측모형 등을 활용하여 적극적으로 예찰활동에 집중하는 능동적 예찰활동에 복잡계 기반의 모형의 적용가능성을 실증하였으며, 이를 확장하여 타 가축질병의 전염확산에 적용할 시에도 본 연구의 가축질병방역 모델 프레임워크가 유용할 것으로 사료된다.

제 1 장. 연구개요

조류 인플루엔자 및 구제역 등 바이러스 감염으로 인한 재해는 전 세계적으로 꾸준히 발생하고 있다. 이러한 가축전염병 발생으로 축산물 수출이 중단되고, 축산농가의 사육의욕의 저하 및 청정국 지위회복에 오랜 시간이 걸리고 있다. 특히 인수공통전염병의 증가로 이러한 가축전염병에 대한 대응 시스템 및 발병시에 효과적인 전염확산 방지의 국가적 대응 체계구축이 긴요한 시점이다.

이러한 미래지향적인 국가가축방역정보체계를 구축하기 위한 핵심사항으로 과학적이고 합리적인 분석 및 예측모형을 통해 예방중심의 가축위생관리체계를 지원하고 가축방역에 대한 국가적인 역량을 향상시키기 위한 가축질병 예찰모형개발이 필수적이다. 그럼에도 불구하고 사실상 방대한 데이터의 필요와 가축생태계, 사회생태계와 조류생태계 등 다양한 생태계를 포괄적으로 모델화하고 생태계간의 관계를 설정한다는 것은 거의 불가능하다고 할 수 있다. 따라서 본 연구는 이러한 한계점을 인식하면서 AI 질병의 징후를 조기에 탐지하고 질병의 전염력 및 피해 예측과 조기경보를 통하여 질병확산과 피해를 최소화하기 위한 복잡계 시뮬레이션 모형개발의 틀을 제시하고자 한다.



<그림1> 모형의 전체개념도

제 2 장. 방역생태계의 인식론적 관점

제 1 절. 방역 생태계의 개념

일반적으로 방역생태계를 유지하고 발전시키는 원동력은 방역생태계를 구성하는 모든 구성요소들 간의 상호작용의 결과 탄생한 창발성에 기인한다. 즉 창발적 예찰은 생태계 구성원들의 생명성과 지속가능성을 담보해주는 원동력이며, 방역생태계는 창발적 예찰을 내재적 창조 메카니즘에 따라 생산하기도 하지만 이를 근간으로 또 다른 학습활동을 전개하는 동인으로 작용하기도 하는 것이다.

따라서 기존 개체 중심의 치유와 방역의 개념으로서의 가축방역체계에서의 접근방식과는 다른 생태중심의 접근 방식이 시도되어야 하며, 분석 방법론 역시 기존의 방법론과는 매우 다르다.

즉, 생태계를 구성하는 요소들이 요소들 간 역동적인 상호작용을 통해서 성장과 발전을 거듭하듯이 방역 생태계속의 창발적 예찰도 지식관리시스템이나 데이터베이스와 같은 지식창고에 저장되거나 축적되는 정적인 물건이 아니다. 창발적 예찰은 창조·활용·소멸되는 환경적 특수성을 반영하고 주어진 상황적 맥락성을 근간으로 부단히 자기 갱생적 노력을 통해 변신을 거듭하는 동적인 개념으로서, 방역 생태계는 이러한 흐름으로서의 창발적 예찰 지식을 창출하고 다른 지식체계와 통합하며, 공유하고 활용하는 과정에서 필요한 구성원들간의 관계, 도구, 그리고 실천적 노하우를 육성하는 **적응적 복잡계(複雜系)(Complex Adaptive Systems)라고 할 수 있다.**

일반적으로 '생태학적'이라는 말은 "살아있는 것들의 환경 또는 살아있는 것들과 그것들을 둘러싼 환경 사이의 관계의 유형 또는 유기체들의 상호의존성에 관계하는 과학"을 지칭하며, 브라운(2000;19)은"생태계는 역동적이고(dynamic) 상호의존적인(interdependent) 구성요소들로 이루어진 개방적이고(open) 복잡하며(complex), 적응적인(adaptive) 시스템이다"이라고 하였다. 즉 생태계를 구성하는 핵심단어, 예컨대 '역동적', '상호의존적', '개방적', '복잡한', '적응적'이라는 형용사에 비추어 볼 때 생태계는 지속적인 성장·발전을 추구하기 위해 외부 환경과의 개방적인 상태에서 에너지를 주고받으며, 이러한 에너지가 생태계 내부로 유입되면 생태계를 구성하는 요소들 간에는 복잡하고 상호의존적인 관계에서 역동적인 상호작용을 하면서 내외적인 변화에 유연하게 적응해나가는 시스템이라고 할 수 있다.

따라서 기본적으로 전염확산을 방지하는 예찰활동을 복잡계의 관점에서 고찰하는 것이 방역생태의 기본적 입장이며, 방역생태라는 복잡계는 다른 복잡계, 특히 물리학 등에서 연구되고 있는 복잡계와 비교하면 연구대상에 있어서 복잡함의 의미가 다르다고 할 수 있다. 즉 물리학에서의 복잡함은 분석자에게 있어서 복잡한 것이고 대상의 구성요소에 있

어서 실재의 조건은 아님에 비해 방역활동과 같은 일반적으로 인간, 동물, 등의 인지와 행동에 관계된 학문에서의 복잡함은 대상이 되는 인지나 행동의 주체에 있어서 실재의 조건이다. 바꾸어 말하면 사태가 복잡한가 아닌가에 따라 행동양식이 바뀌게 되는 것이며, 이처럼 방역생태학의 기초단위가 동물, 사람내지는 그 집단이어서 동물, 사람과 그 행동을 문제삼지 않을 수 없다는 점에서 방역생태학의 특징이 나타난다.

제 2 절. 방역 생태계의 특징

방역생태가 이처럼 복잡계를 화두로 삼고 있는 것은 방역 활동이 다음과 같은 세 가지 양상의 복잡함이 존재하고 있고, 이것이 상호작용을 통해 복잡계를 형성하고 있기 때문이다.

첫째, 대상의 복잡함이다. 연구의 대상 그 자체가 복잡하다는 것으로 일반적으로 복잡함은 이런 의미로, 예를 들면 뇌의 복잡함, 경제의 복잡함 등을 말할 때 그것은 시스템 자체가 대규모여서 전체적으로 어떻게 되어 있는지를 분석하는 것이 곤란하다는 의미이다.

둘째, 주체에 있어서의 복잡함이다. 이것은 시스템의 구성단위가 외계의 상황을 판단하여 행동할 때 문제가 되는 복잡함이며, 여기서 문제가 되는 것은 일단 상황의 복잡함이지만 그 복잡함은 실은 판단주체의 정보처리능력과의 관계에서 결정되는 것으로 물리과학에서는 이러한 복잡함은 문제가 되지 않는다.

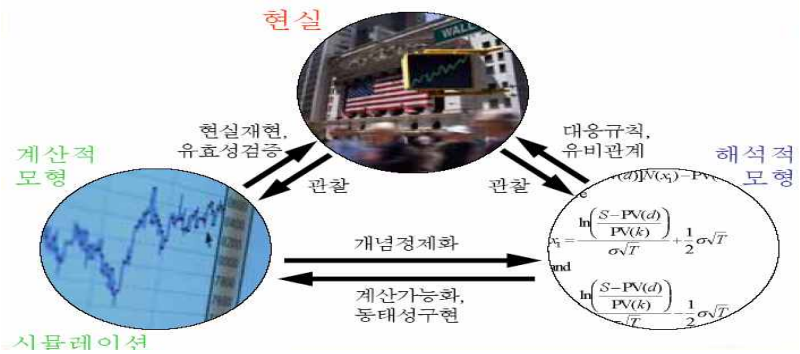
셋째, 인식에 있어서의 복잡함이다. 이것은 우리들의 이해능력과 관련되어 문제가 되는 복잡함을 의미하며, 논리적 사고의 한계 내지는 학문의 한계라는 점에서 본 대상분석의 곤란함을 의미한다.

즉 전염확산 과정에는 카오스적 요소를 포함한 다양한 인과관계가 뒤섞여 있는 복잡계이기 때문에 방역생태계를 구성하는 하나의 작은 요소에 작은 변동이 생길 경우 그것이 다른 요소에 확대되어 전달될 수 있다. 이는 결과적으로 아주 약한 인과연쇄가 커다란 차이를 초래할 수 있으므로 각 구성요소들은 서로 유리되어 있다고 볼 수 없다. 결국 복잡함도 그 근본을 파고 들어가면 단순한 계들의 무한한 조합이나, 그 조합방법의 미세한 차이와 반복성이 복잡한 현실을 만들어 내고 있는 것이다. 방역생태는 이러한 요소간의 상호작용, 복잡한 인과관계를 다루고 있기 때문에, 기존 정보학에서는 전체적으로 다루기 어려운 제도와 시간(역사)의 개념이 중요한 분석 틀로 자리잡을 수 있게 되는 것이다.

제 3 절. 복잡적응체제의 시스템화

일반적으로 IThink나 Vensim과 같은 시스템 다이나믹스 프로그램을 통해서 100명의 개체가 존재하는 시스템의 진화과정을 모델링을 하려고 하면, 최소한 100개의 변수가 정의되어야 하고 이러한 개체들 중에서 서로 상호작용을 하는 개체들도 있게 되고 그렇지 않은 개체들도 있게 되는데 이러한 관계를 묘사하려면 연결고리가 2^{100}개의 가능한 상태가 존재하는 매우 복잡한 형태가 된다. 따라서 이러한 복잡적응시스템을 묘사하기 위해서는 최소한 다음과 같은 조건을 갖춘 시뮬레이션 기법이 요구된다. 첫째로는 개체들을 통한 시스템의 모형화가 가능해야하며, 둘째로는 동태적 과정을 살펴볼 수 있도록 반복이 가능한 기법이 제공되어야 하는데 이러한 반복과정에서 나타나는 자료를 체계적으로 가공할 수 있는 기술이 요구된다. 셋째로는 거시적 시뮬레이션을 보충적으로 활용할 수 있는 기법이 요구된다. 넷째 민감도 분석이 수행되어질 수 있도록 설계가 되어져야 한다.

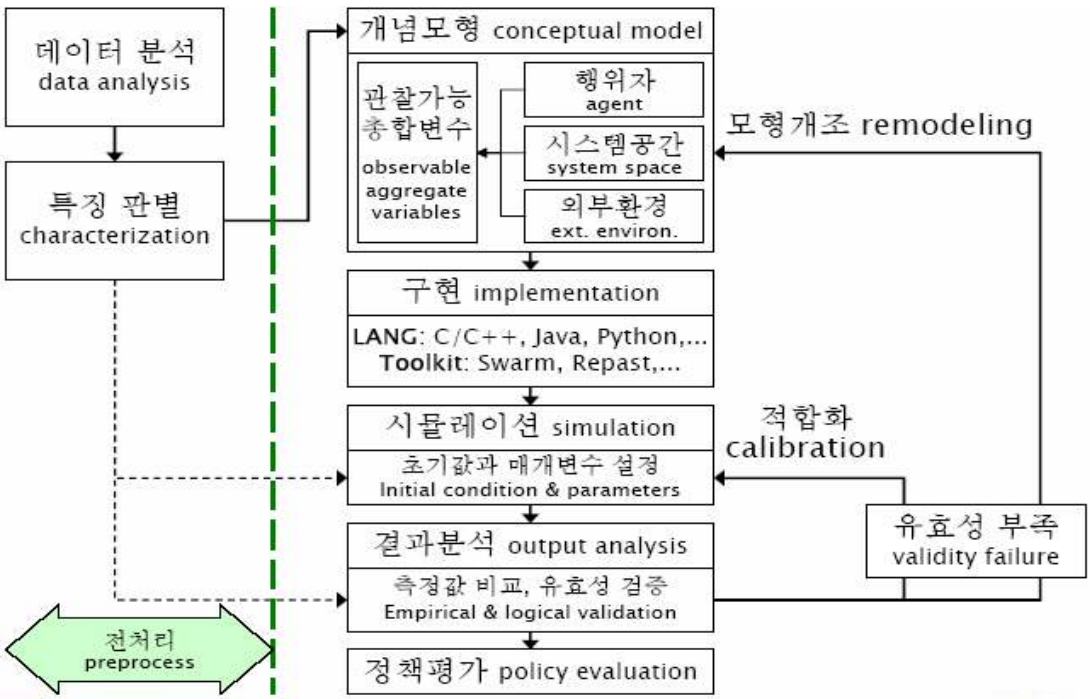
이러한 접근 방식의 핵심에는 바로 복잡적응시스템의 본질이 시스템을 구성하는 에이전트(Agent)들의 행동이 상호작용을 통해 확률적인 과정속에서 진화가 이루어진다는 점에 집중을 하고 있다. 이러한 점에서 거시적 시뮬레이션을 통한 접근 방식은 점차 Agent-Based 시뮬레이션 기법을 통해 보완이 되어야 비로서 시스템과 환경의 관계를 좀 더 정확하게 파악을 할 수 있는 것이며, 본 연구에서도 이러한 관점에서 Netlogo 프로그램을 활용하고자 한다. 즉 Agent-Based 시뮬레이션 기법은 컴퓨터 등의 발달에 따른 계산능력의 향상을 통하여 복잡계 전반을 전체주의 관점에서 접근하는 적응적 복잡계 기반의 새로운 접근 기법으로 계산모형이라 한다. 계산모형을 이용한 시뮬레이션은 해석모형보다 현실의 복잡성을 더 잘 잡아낼 수 있다. 즉 해석모형은 많은 경우 무한한 수의 요소들, 무한한 시간의 가정 하에서만 정확히 풀리지만 해석모형은 보통 과도현상(transient behavior)을 기술하는 능력이 떨어지지만 계산모형을 이용한 시뮬레이션은 제어된 모의환경을 제공함으로써 현실재현 및 유효성 검증에 적합하다.



<그림2> 계산모형의 현실적용의 개념도

행위자 기반모형(ABM)에서는 에이전트끼리의 상호작용에 의해, 시스템 전체의 흐름과 같은 것이 창발 되어(보텀 업), 그 흐름이 이번에는 반대로 에이전트에 피드백되고, 또 개개의 에이전트의 행동을 결정해 가는 순환체계를 이룬다. 시스템 설계자도 예상하지 않았던 결과를 가져오는, 그 놀라움이 멀티 에이전트 시뮬레이터의 묘미라고 할 수 있으며, 폭넓은 분야에 적응할 수 있는 멀티 에이전트 시뮬레이터로서는, SWARM과 Netlogo 등이 있다. 일반적인 행위자기반 모형 구축의 절차는 다음과 같다.

- 현실시스템에서 의미 있는 창발현상을 판별
- 시스템의 본질이 남아있는 한도에서 문제를 최대한 간략화
- 정해진 상호작용과 행동규칙을 따르는 개별 행위자들을 모사하는 프로그램 작성
- 시스템 모형을 구동
- 모형에서 나타나는 패턴을 관찰 여러 차례의 시뮬레이션을 통해 현상의 통계와 패턴을 잡아냄
- 실제 시스템의 현상을 기술하는 이론 개발
- 모형을 수정하고 매개변수들을 바꿔가며 현상 변화의 원인을 포착. 모형을 더 간략화할 수 있는지를 모색.
- 4~7단계를 반복 수행

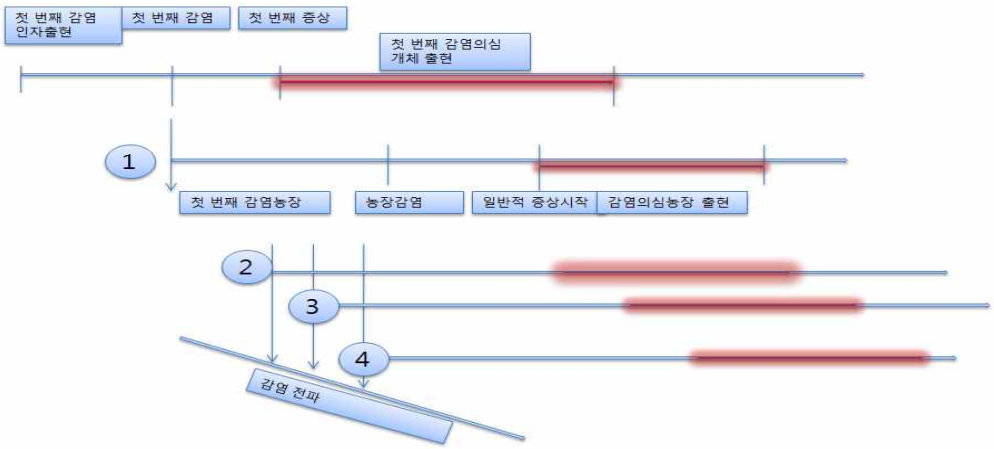


<그림3> 행위자 기반 모형 구축 절차도

제 3 장. 우리나라 조류인플루엔자 전파특성

조류인플루엔자(Avian Influenza, AI)는 조류인플루엔자 바이러스 감염에 의하여 발생하는 조류의 급성 전염병으로 닭·칠면조·오리 등 가금류에서 피해가 심하게 나타나며, 바이러스의 병원성 정도에 따라 저병원성과 고병원성조류인플루엔자로 크게 구분하고 있다. 이중에서 고병원성조류인플루엔자(Highly Pathogenic Avian Influenza, HPAI)는 국제수역사무국(OIE)에서도 위험도가 높아 관리대상 질병으로 지정하고 있으며, 발생시 OIE에 의무적으로 보고 하도록 되어있다.

조류인플루엔자는 주로 직접접촉에 의해서 전파되며, 감염된 닭의 분변 1그램에는 십만 내지 백만 마리의 닭을 감염시킬 수 있는 고농도의 바이러스가 들어있으며, 이러한 분변이 오염된 차량(특히 분뇨차량)이나 사람, 사료, 사양 관리기구 등을 통해 전염이 일어나며, 가까운 거리는 오염된 쥐나 야생조류에 의하여도 전파될 수 있다. 계사 내의 아주 근접한 거리에서는 오염된 물·사료, 기침시의 비말 등에 의해서도 전염될 수 있으며, 바로 인접한 농가간에는 바이러스에 오염된 공기중의 부유물이 바람에 의해 이동됨으로써 전파가 일어나는 것도 가능한 것으로 알려져 있다[1].



<그림4> AI감염의 전파경로

1) 국제보건기구(WHO)의 발표에 의하면, 고병원성조류인플루엔자에 감염된 사람에서 다른 사람으로 전파된 예는 없었다. 그러나 인체 독감과 조류인플루엔자에 동시에 감염되었을 경우, 서로 다른 인플루엔자 바이러스의 유전자가 교환되어 재편성됨으로써 사람간에도 전염되는 새로운 변종이 나타날 가능성을 배제할 수 없기 때문에 WHO에서는 발생국가에 대하여 철저한 방역에 임하도록 경고하고 있다.

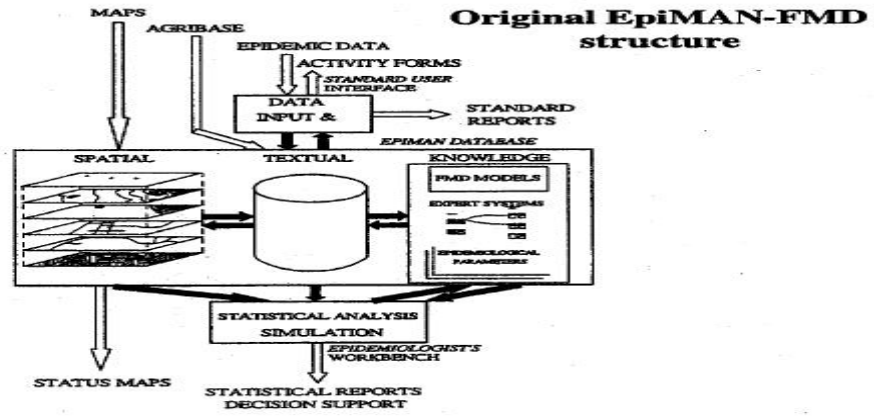
장거리 전파는 주로 야생철새의 이동에 따라 일어나는 것으로 보고된 바 있으며, 또한 중국, 동남아 등 HPAI 발생국으로부터 오염된 냉동 닭고기나 오리고기, 생계란 등에 의해서 유입될 수도 있으며, 해외방문자 등 사람에 의하여 유입될 위험성도 간과할 수 없는 중요한 요인 중 하나이다.

닭에서의 HPAI 잠복기는 수 시간에서 3일 정도이며, OIE에서는 최대잠복기를 21일로 정하고 있다.닭이나 칠면조는 HPAI에 감염되면 70 - 80% 이상 폐사할 정도로 감수성이 높으며, 메추리, 타조 등도 AI 바이러스 종류에 따라 증상이 다양하게 나타날 수 있으며, 특히 오리, 거위, 메추리 등은 야외 AI 바이러스의 변이나 가금류에 대한 감염에 있어 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다.

우리나라의 경우 AI바이러스 유입은 철새에 의한 가능성이 가장 크며, 발생 농장으로의 질병 유입은 오염된 철새 분변 등이 사람, 차량을 통한 전파 가능성이 높다. 하지만 현재의 방역체계는 각 지역의 예찰요원에 의한 철새와 텃새, 오리 등 야생조류에 대한 예찰활동에 의한 수동적 방역활동에 의존하고 있는 실정이다.

제 1 절. AI예찰모형 프레임 워크

기존의 국가 차원의 가축질병 역학모델시스템으로는 뉴질랜드의 역학정보관리시스템(EpiMAN)이 대표적이다[2]. EpiMAN은 악성전염병을 관리하기 위해 개발된 종합적 질병관리 시스템으로 처음에는 뉴질랜드에서의 구제역 발생조치에 대한 도움을 주기 위해 개발하였으나 지금은 주요가축전염병의 국가관리를 위한 정책결정지원시스템(Decision support system)으로 이용되고 있다.



<그림5> EpiMan 시스템도

2) 1988년도 Massey대학교에서 계획을 수립하여 1991년도에 MAF의 승인을 얻었으며, 현재까지 지속적으로 보완해 오고 있다.

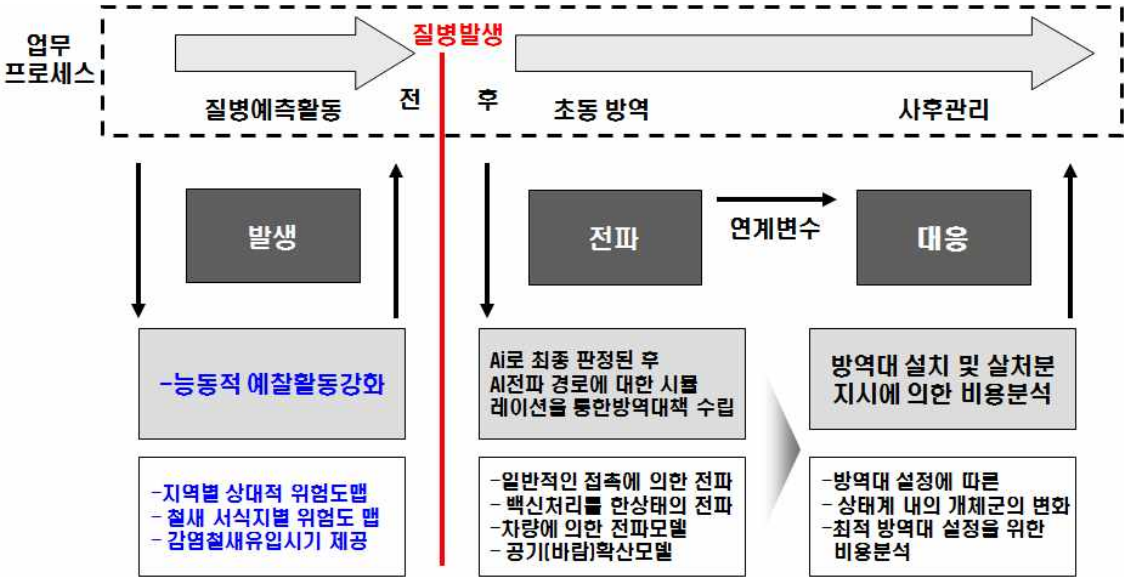
EpiMAN은 모델링 및 모의실험 (Modelling and Simulation)이 가능하며, 확률론적 방법과 인공지능의 기술을 조합하는 모델링 방식을 채택하고 있으며, 뉴질랜드 가축특성상 주로 구제역 전염확산에 관한 대응시스템이다. 구제역 모델은 두개의 부분으로 나눌 수 있는데, 첫 번째 모델은 바이러스에 발생농장이 최초로 폭로된 시점과 진단시점, 그리고 동물들이 살처분된 시점 등을 근거로 바이러스의 확산에 대한 모의실험을 수행하는 것으로, 모의 실험 수행 결과로 매일 감염된 동물의 수, 매 3시간마다의 바이러스 생성량, 유우 농장의 경우 우유에서 배출되는 바이러스의 농도 등을 시뮬레이션 할 수 있다. 두 번째 부분은 농장사이에 바이러스가 전파될 수 있는 다양한 기전에 대한 모의실험으로 GIS와 개체 지향적 표현 방식을 이용하여 축산농가 사이의 지리적 관련성을 나타내는 방식을 이용한 시뮬레이션이 가능하다.

하지만 현재로서는 AI에 관한 국가차원의 대응 모델 및 시뮬레이션 시스템을 활용하고 있는 국가는 전 세계적으로 전무한 상태이다. 이는 전술한 바와 같이 국경을 벗어나는 전염확산 및 조류를 비롯한 다양한 생태계간의 관계를 설정해야 한다는 부담이 있기 때문이다.

<표1> 각국의 기구 및 시스템 사례

국가명	기구/시스템	사이트 주소
일본	Infectious Disease Surveillance Center	http://idsc.nih.go.jp
미국	Animal and Plant Health Inspection Service	http://www.aphis.usda.gov
EU	Animal Disease Notification System	http://ec.europa.eu
호주	Animal Health Information System	http://www.animalhealthaustralia.com.au
국제기구	FAO	http://www.fao.org

본 연구에서는 AI 질병의 징후를 조기에 탐지하고 질병의 전염력 및 피해 예측과 조기경보를 통하여 질병확산과 피해를 최소화하기 위한 모형을 설정하였다. 세분화된 AI 예찰모형 프레임 워크는 다음과 같다.



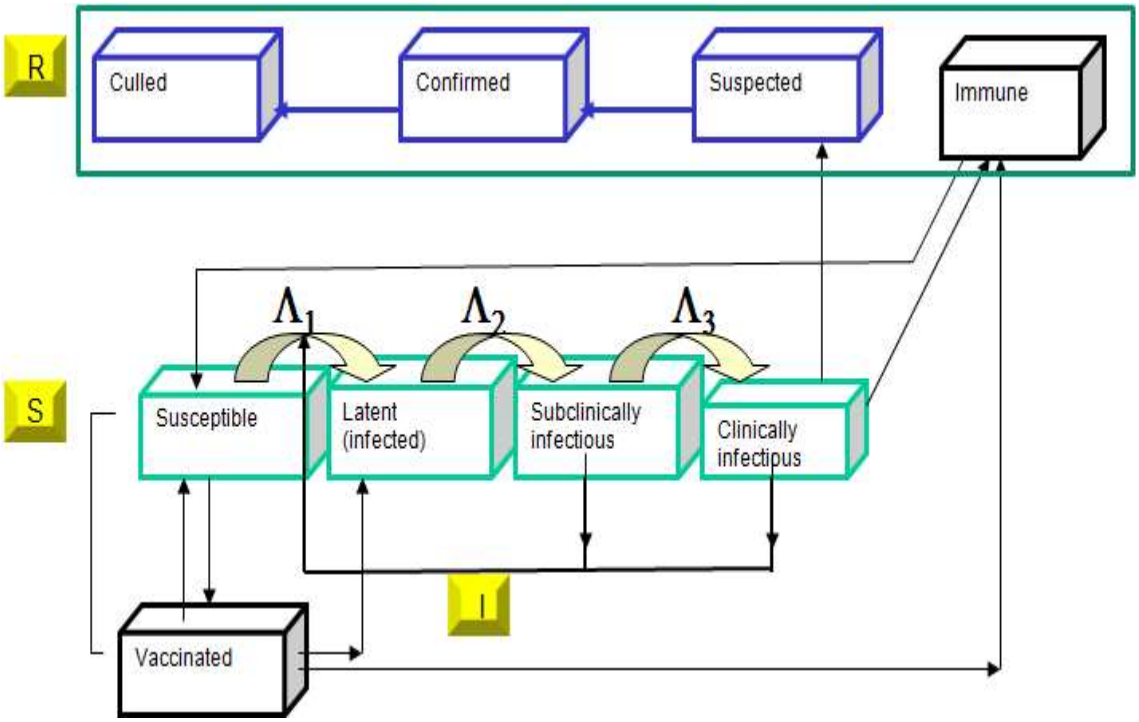
<그림6> 예찰모형 프레임워크

일반적인 가축 질병의 전염확산은 발생단계, 전파단계, 대응단계로 구분할 수 있으며, 이에 따른 방역활동은 크게 질병예측활동, 초동방역, 사후관리로 구분할 수 있다. 즉 기존의 수동적 예찰 활동대신에 예측모형 등을 활용하여 적극적으로 예찰활동에 집중하는 능동적 예찰활동을 강화해야하며, AI로 최종 판정된 후에는 AI의 전파 경로에 대한 시뮬레이션을 통한 방역대책을 수립해야 한다. 최종적으로는 방역대 설치 및 살처분에 대한 비용분석을 통해서 적정 방역대 및 살처분 수를 설정해 낼 수 있는 모델구성이 필요하다.

전통적인 전염병학(Epidemiology)은 주로 의학이나 생물학 쪽에서 연구가 되어오던 주제이다. 이것을 시뮬레이션 하기 위해서는 각 노드가 다음의 상태들을 가질 수 있다고 가정한다. 가능한 상태로 크게 전염병에 걸릴 수 있는 상태(S: Susceptible), 전염병에 걸린 상태(I: Infected)[3], 전염병에 걸려서 제거된 상태(R: Removed) 혹은 병에서 회복되고 있으며 전염시키지도 전염되지도 않는 상태(R: recovered) 를 가정하여 상황에 따라 적절한 모델을 구성한다. 전염병에 걸렸다가 다시 회복되어 다시 전염병에 걸릴 수 있는 상태를 모사하기 위해서는 SIS 모델[4]을 사용한다. 본 연구에서는 S-I-R모델을 통해서 다음과 같은 상황을 구성하였다. 여기서 I는 L(잠재보균상태:Latent)을 포함하는 것으로 가정하였다.

3) 다른 말로하면 병에 걸려서 이웃들에게 전염시킬 수 있는 상태이다.

4) 이것은 컴퓨터 바이러스의 확산을 모델링하기에 좋은 방법이다. 왜냐하면 대체로 컴퓨터 바이러스에 걸려도 컴퓨터는 백신 프로그램으로 치료하여 원상태로 돌아오지만 계속해서 면역을 지속하지 않기 때문이다.



<그림7> 모형개발 기본 틀

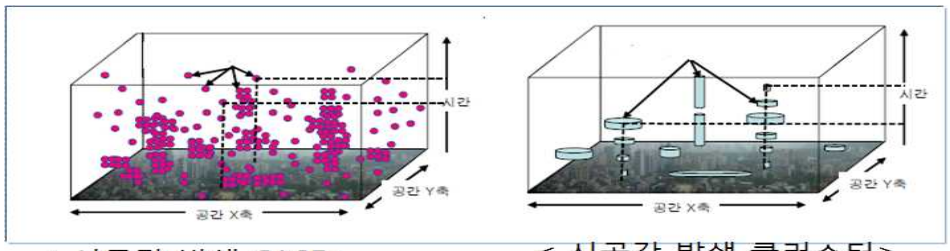
제 2 절. 발생부문 모형

본 연구에서는 Kulldorff의 공간스캔통계량(spatial scan statistics)을 활용하여 발생예상 클러스터로 예상되는 실린더의 AI 발생정도를 실린더 외부의 AI 발생정도와 비교하여 발생가능지역을 예측하였다[5]. 공간역학에서의 일반적인 관심사항은 일련의 점(point)들이 랜덤(random)하게 분포되어 있느냐, 아니면 일정한 군집(cluster)성을 가지고 있느냐 하는 것이다. 이러한 군집의 위치를 찾아내고자 하는 경우에 사용할 수 있는 방법이 바로 공간 검색 통계량(spatial scan statistic)으로, 지도 위에 둥근 원(circular window)으로 정의되며, 우도비(likelihood ratio)에 기초하여 둥근 원이 관심지역을 움직이며 이에 기초한 일련의 통계적 작업을 수행하여 군집(cluster)을 발견하게 된다[6]. 하지만 검

5) 시공간 통계분석을 위해 SatScan 프로그램을 활용하였다.

6) 예컨대 전체지역 G 의 모집단(population)을 n (G)라하고, Z 지역의 모집단을 n (Z)라 하고, 전체지역 G 의 일련의 속성의 개수를 c(G), Z지역의 일련의 속성의 개수를 c (Z) 라고 가정한다. 이때 Z 지역 안에 일련의 점들이 포함될 확률을 p 라하고, 반면에 Z 지역 밖에 있는 점들이 포함될 확률을 q 라 하면, p = c(Z)/n (Z)이고, q = (c(G) - c(Z))/(n (G) - n (Z))이다. 이때 각각의 점들은 서로 독립이라 가정하면, 귀무가설은 H 0 : p = q 이고, 대립 가설은 H 1 : p > q 라고 할 수 있고, 일반적으로 베르누이모형이나 포아송 모형이 사용되며, 본 모델에서는 포아송 모형을 사용하였다.

정통계량을 계산하기 위해서는 우도비를 계산할 수 있는 방법이 필요하지만, 검정통계량의 분포를 찾아내어 계산한다는 것은 현실적으로 불가능하기 때문에, 그 대안으로 몬테카를로 시뮬레이션방법을 사용하였다[7].



< 시공간 발생 CASE>　　< 시공간 발생 클러스터>

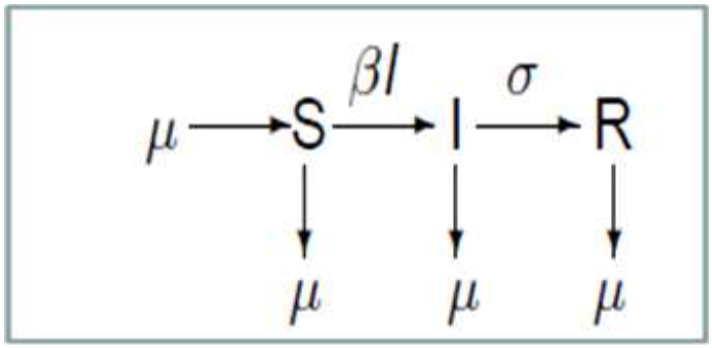
<그림8> 시공간 클러스터의 개념도

7) 본 모형에서는 Kulldorff(1997)이 제안한 시뮬레이션을 사용하였다. ① 실제데이터로부터 검정통계량을 계산 ② 귀무가설 가정하에서 랜덤 데이터셋을 구성 ③ 이러한 각각의 랜덤 반복 데이터셋으로부터 검정통계량을 계산 ④ ①과 ③으로부터 나온 검정통계량을 정렬하여 이것이 상위αG 퍼센트에 랭크(rank)되는 경우에,유의수준α 퍼센트하에서 귀무가설을 기각한다.

제 4 장. 전파모형

제 1 절. 농장내 전파모델

예찰 활동 및 AI 의심 사례로 접수된 후 최종 AI로 판정된 해당 농장을 정점으로 하여 AI 전파 경로에 대한 시뮬레이션을 통한 방역 대책을 수립토록 하는 모델을 행위자 기반모델(ABM)로 구성하였다. 기본적인 모형개념은 S-I-R 모형개념을 활용하였으며, (식1)에서 각 모형 계수는 실험자의 관점에 따라 변동이 가능토록 하였다[8].



(식1)

μ : 출생률(사망률), β : 접촉비율, σ : 회복율

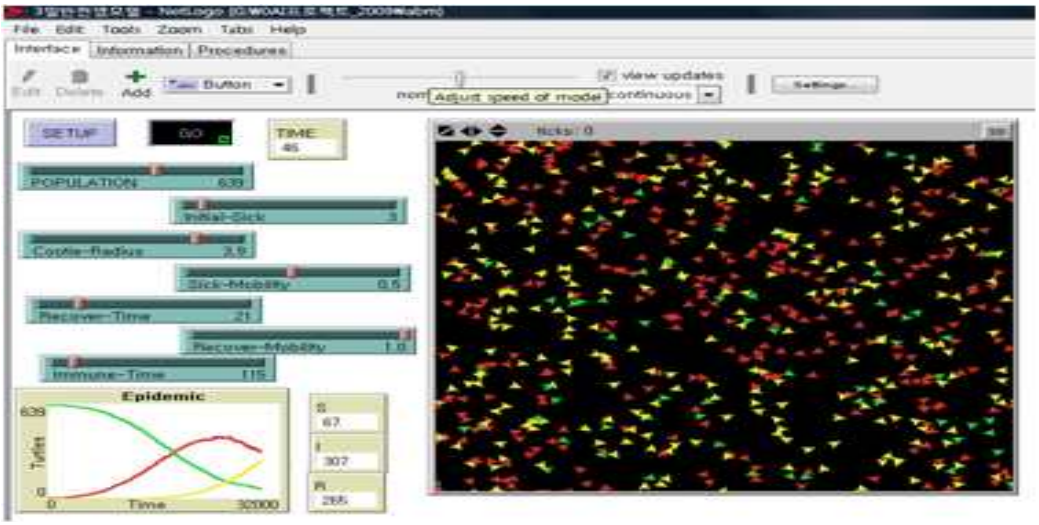
1. 일반전염 모델

백신을 투여하지 않는 상태의 일반전염모델로서 예찰활동 및 AI 의심 사례로 접수된 후 최종 AI로 판정된 해당 농장을 정점으로 하는 AI 전파 경로에 대한 시뮬레이션 이다.

8) SIR모델 방정식의 개별 방정식은 다음과 같으며, 이는 ABM모델의 각각의 에이전트 행태를 구성할 때 활용하였다.

$\frac{dS}{dt} = \mu - \beta IS - \mu S$, $\frac{dI}{dt} = \beta IS - \sigma I - \mu I$, $\frac{dR}{dt} = \sigma I - \mu R$

$S = \frac{\sigma + \mu}{\beta}$, $I = \frac{\mu(\beta - \sigma - \mu)}{\beta(\rho + \mu)}$



<그림9> 일반전염모델의 Netlogo 인터페이스

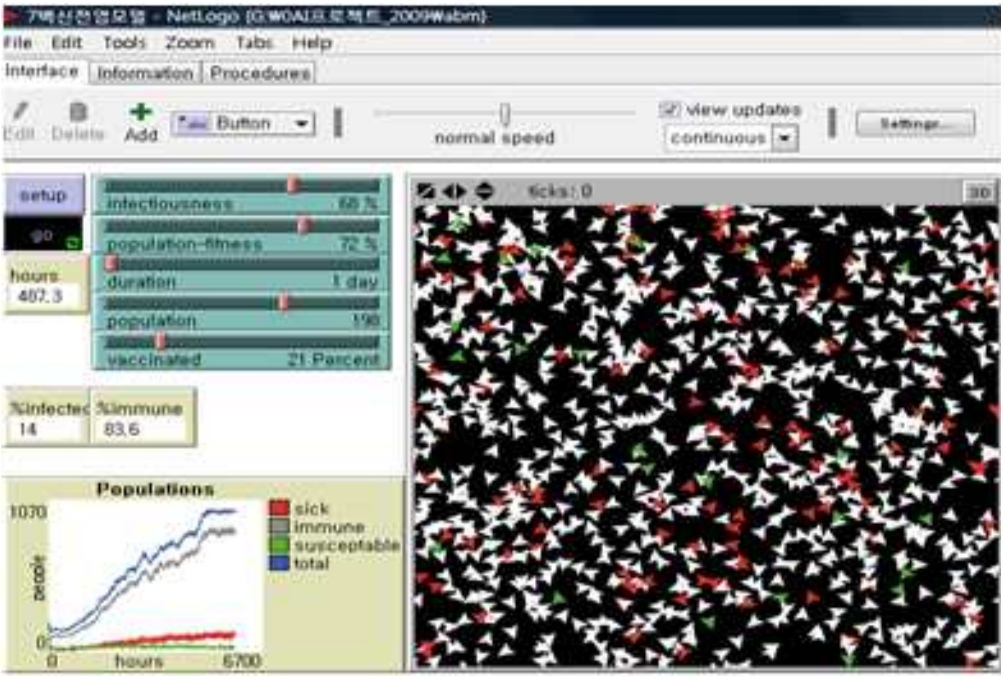
< 일반전염모델(SIR)의 Netlogo 프로그램 >

```
globals [CLOCK S I R ]
turtles-own [ill-t]


to SETUP
ca
crt POPULATION
set CLOCK 0
ask turtles [
     forward random 100
     set color lime
     set heading random 360
     set ill-t 0
     if who < Initial-Sick [set color red]
     set-plot-y-range 0 POPULATION
]
  set I (count turtles with [color = red])
  set S (count turtles with [color = lime])
  set R (count turtles with [color = yellow])
```

```
end

to GO
set CLOCK CLOCK + 1
ask turtles [
  right random 40
  left random 40
  ifelse color = red [forward Sick-Mobility] [ifelse color = yellow [forward
Recover-Mobility][forward 1]]
  if color = red [set ill-t ill-t + 1]
  if color = yellow [set ill-t ill-t + 1]
  if ill-t > recover-time [set color yellow]
  if ill-t > immune-time [set color lime]
  if ill-t > immune-time [set ill-t 0]
  if color = red [set [color] of one-of turtles-here in-radius Cootie-Radius
red]
  set-current-plot-pen "I"
  plot (count turtles with [color = red])
  set-current-plot-pen "S"
  plot (count turtles with [color = lime])
  set-current-plot-pen "R"
  plot (count turtles with [color = yellow])
  set I (count turtles with [color = red])
  set S (count turtles with [color = lime])
  set R (count turtles with [color = yellow])
  if R = 0 [stop]
]
wait .05
end
```

2 백신전염 모델

백신을 투여한 전염모델로서 예찰활동 및 AI 의심 사례로 접수된 후 최종 AI로 판정된 해당 농장을 정점으로 하는 AI 전파 경로에 대한 시뮬레이션 모델을 구성하였다.



<그림10> 백신전염모델의 Netlogo 인터페이스

< 백신투여 전염모델(SIR)의 Netlogo 프로그램>

```
turtles-own
  [ sick?
    immune?
    sick-count
    age ]

globals
  [ months
    %infected
    %immune
    lifespan
```

```
    average-offspring
    carrying-capacity ]

to setup
  ca
  set months 0
  setup-constants
  setup-turtles
  update-plot
  update-global-variables
end



to setup-turtles
  set-default-shape turtles "default"
  crt population
    [ setxy random-float world-width
            random-float world-height
      set age random lifespan
      set sick-count 0]
ask turtles [
  ifelse (random 100 < 10)
    [ get-sick ]
    [ ifelse (random 100 < (vaccinated * .85) )
    [ become-immune ]
    [ get-healthy ] ]

]
end

to get-sick
  set sick? true
  set immune? false
  set color red
```

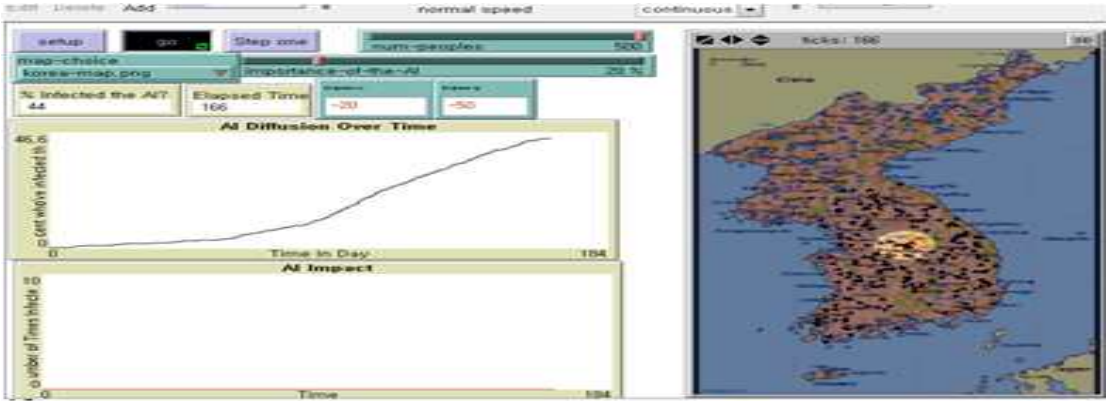
```
end

to get-healthy
  set sick? false
  set immune? false
  set sick-count 0
  set color green
end

to become-immune ;; turtle procedure
  set sick? false
  set sick-count 0
  set immune? true
  set color white
end

to setup-constants
  set lifespan 600
  set carrying-capacity 1000
  set average-offspring 3
end

to go
  set months (months + 1)
  get-older
  move
  infect
  recover
  reproduce
  update-global-variables
  update-plot
  ask turtles [
  if (random 100 < 1)
    [ get-sick ]]
```

```
end

to update-global-variables
  set %infected (count turtles with [sick?]) / (count turtles) * 100
  set %immune (count turtles with [immune?]) / (count turtles) * 100

end

;;Turtle counting variables are advanced.
to get-older
  ask turtles
    [ set age (age + 1)
      if sick?
        [ set sick-count (sick-count + 1) ]

      if age > lifespan
        [ die ] ]
end

;;Turtles move about at random.
to move
  ask turtles
  [ rt random-float 100 - random-float 100
    fd 1 ]
end



to infect
  ask turtles with [sick?]
    [ ask other turtles-here with [ not immune? ]
        [ if (random-float 100) < infectiousness
            [ get-sick ] ] ]
end
```

```
to recover
   ask turtles with [sick?]
     [ if (random sick-count) > (lifespan * (duration / 100))
         [ ifelse ((random-float 100) < population-fitness)
             [ become-immune ]
             [ die ] ] ]
end


to reproduce
  ask turtles with [not sick?]
    [ if (count turtles) < carrying-capacity
          and (random lifespan) < average-offspring
       [ hatch 1
           [ set age 1
             lt 45 fd 1
             ifelse (random 100 < (vaccinated * .85) )
    [ become-immune ]
    [ get-healthy ] ] ] ]
end

to update-plot
  set-current-plot "Populations"
  set-current-plot-pen "sick"
  plot count turtles with [sick?]
  set-current-plot-pen "immune"
  plot count turtles with [immune?]
  set-current-plot-pen "susceptable"
  plot count turtles with [not sick? and not immune?]
  set-current-plot-pen "total"
  plot count turtles
end
```

제 2 절. 농장간 전파모델

통제가능한 (사료차량이동, 유통차량 등) 변수에 의한 전파경로설정을 위한 모형이다. 이를 위해서는 농장일반현황, 사육두수, 종사자 고용현황, 인근(500m) 가축사육현황, 과거 질병 발생상황, 백신접종, 소독상황 , 차량이동이력 정보, 농장출입자현황(약품, 사료, 왕겨, 분뇨처리자, 상하차팀, 백신팀, 수의사, 인공수정사 등) 등이 필요하며, GIS기반의 시뮬레이션 모델 구축이 필수적이다.



<그림11> 농장간 전파모델의 Netlogo 인터페이스

< 농장간 일반전파모델 Netlogo 프로그램>

```
turtles-own
[infected-it?
times-infected-it
]

;;;;;;setup  routines;;;;;

to  setup
ca
  setup-patches
  setup-agents

update-plots
ask  turtle  0  [  set  xcor  new-x   set  ycor  new-y  ]
```

```
watch turtle 0
end

to setup-patches
  file-close-all
  import-pcolors map-choice
end


to setup-agents
  crt number_AI [setup-agent]
    ask turtles [
        set color blue
        set shape "default"
        set infected-it? false
        set times-infected-it 0
              ]

    ask turtle 0  [set infected-it? true
                   set color black]
end

to setup-agent
  set size 5
   while [not on-route?]
    [
    setxy random world-width random world-height
    ]
  end

to-report on-route?
  report (abs (pcolor - red) < 5) or  (abs (pcolor - orange) < 5) or
(abs (pcolor - pink) < 5)
end
```

```
to go-home ; agent proc
  set pcolor green setup-agent
end

;;;Movement;;

to go
tick

  ask turtles
    [
     pass-the-word
     move-forward
    ]
    update-plots

if everyone-infected-it = 100
    [stop]

end

to-report everyone-infected-it
report (((count turtles with [ color = black]) / ( count turtles )) *
100)
end

to move-forward
  let n 0
  let p 0
  let l 0

  set n neighbors with [on-route?]
  ifelse count n = 0 [go-home] [
```

```
        set l []
        ask patch-left-and-ahead  90 3 [if on-route? [set l lput self l]]
        ask patch-right-and-ahead 90 3 [if on-route? [set l lput self l]]
        if (length l != 0) and (0 = random 3) [ set p one-of l ]
        if p = 0        [ set p one-of n with [(heading-angle myself) =
0] ]
        if p = nobody [ set p one-of n with [(heading-angle myself)
<= 45] ]
        if p = nobody [ set p one-of n with [(heading-angle myself)
<= 90] ]
        if p = nobody [ set p min-one-of n [heading-angle myself] ]
        set heading towards p
        forward distance p
      ]

   end

   to-report heading-angle [t] ; patch proc
      let h 0

      ;set h abs (heading-of t - (towards t + 180) mod 360)
      set h (towards t + 180 - [heading] of t) mod 360
      if h > 180 [set h 360 - h]
      report h
   end



   to pass-the-word
   ask turtles with [infected-it?]
        [ ask other turtles-here with [ not infected-it? ]
             [ if (random-float 100) < infection_power
                  [ get-the-ai ] ] ]
   end
```

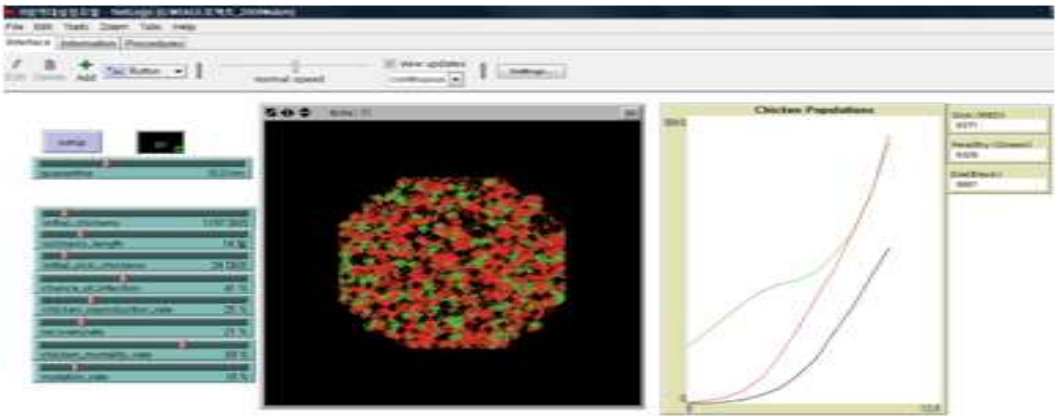
```
to get-the-ai
  set infected-it? true
  set color black
  set times-infected-it times-infected-it + 1
end

;;;;plots;;;;

to update-plots
;update-ai-impact
update-ai-diffusion
end

to update-ai-diffusion
  set-current-plot "ai Diffusion Over Time"
  set-current-plot-pen "%infecting"
  plot ( ((count turtles with [ color = black]) / ( count turtles )) *
100 )
end
```

제 5 장. 대응모델

AI 발생에 대응한 방역 활동에 관하여 다음 세 가지 사항을 시뮬레이션하기 위한 모델구성이다. 첫 번째 감염속도를 시뮬레이션하여 최초 발생 농장의 인지에 따른 방역 활동 시작일의 변동과 관련된 모델, 두 번째, 살처분 범위를 좁히고 백신접종으로 대체할 경우의 방역비용이다. 마지막으로 방역대 범위에 따른 경제적 비용예상을 위한 모델구성이다. 예를 들면 최초 인지한 날과 발생한 날의 차이는 어느 정도인가를 지역간 감염속도에 의하여 예측가능토록 하였다. 한편, 최초 발생농장에서 실제로 발생농장을 인지한 날보다 2일 또는 5일 늦게 발생사실을 인지했다면 살처분 범위 및 경제적 비용은 얼마인가를 시뮬레이션 할 수 있다. 그리고 방역활동을 시작하는 날짜를 실제와 동일하게 하고, 발생농장 반경 3Km내 살처분되지 않은 가금류에 대한 백신접종을 하거나, 백신 접종의 범위를 5Km 까지 확대할 경우 등을 시뮬레이션 할 수 있도록 하였다.

제 1 절. 방역대 설정모델

시뮬레이션을 통한 전파 경로상 방역대 설치(5km, 7km, 10km 등)에 따른 방역대내부의 농장에 대한 생태학적(전염, 비감염, 폐사등) 예측을 위한 모형이며, 경제적 손실 모델의 결과치를 통해 방역대의 범위를 사전에 시뮬레이션 할 수 있다. 또한 최초 발생과 인지 시점과의 차이를 유추해 볼 수 있다.



<그림12> 방역대 설정모델의 Netlogo 인터페이스

< 방역대 설정모델의 Netlogo 프로그램 >

```
turtles-own [ days-sick virusid ]
globals [ num-sick numchicks ]
breed [chickens chicken]
breed [people person]

to setup
  ca
  ask patches [setup-patches]
   create-chickens initial_chickens [
    set color white
    set shape "bird"
    set size 1
    let chickenspot one-of patches with [pcolor = yellow]
    setxy [pxcor] of chickenspot [pycor] of chickenspot
    if who < initial_sick_chickens [
    set virusid 100
    set color red
      ]
    ]
  end

to setup-patches
  let farmspot one-of patches with [pcolor != yellow]
  if distancexy 0 0 < quarantine
  [
  set pcolor yellow
  ]
 end

to go
  do-plot-chickens

  ask turtles
```

```
  [
    move
    die-from-disease
    chicken-to-chicken

    reproduce
    check-wellness
    countthings
  ]

  set num-sick count(turtles with [color = red])
  tick
end

to recover
  if color = red and
     random 100 < recoveryrate
  [
    ifelse breed = chickens
    [set color white]
    [set color black]
  ]
end

to move
  rt random 90
  lt random 90
  ifelse breed = chickens
   [
    ifelse [pcolor] of patch-ahead 1 = yellow
    [
      fd 1
    ] ;;go forward
```

```
      [
        rt 180
      ]  ;; else turn around
    ]
    [
      ifelse breed = people[ifelse [pcolor] of patch-ahead 1 = black
        [
          fd 1
        ]
        [
          rt 180
        ]
        ]
      [fd 1]
  ]

end




to check-survival
  if virusid > 0
  [
    set days-sick days-sick + 1
  ]

  if days-sick > sickness_length
  [
    set color black
  ]
end

to reproduce
```

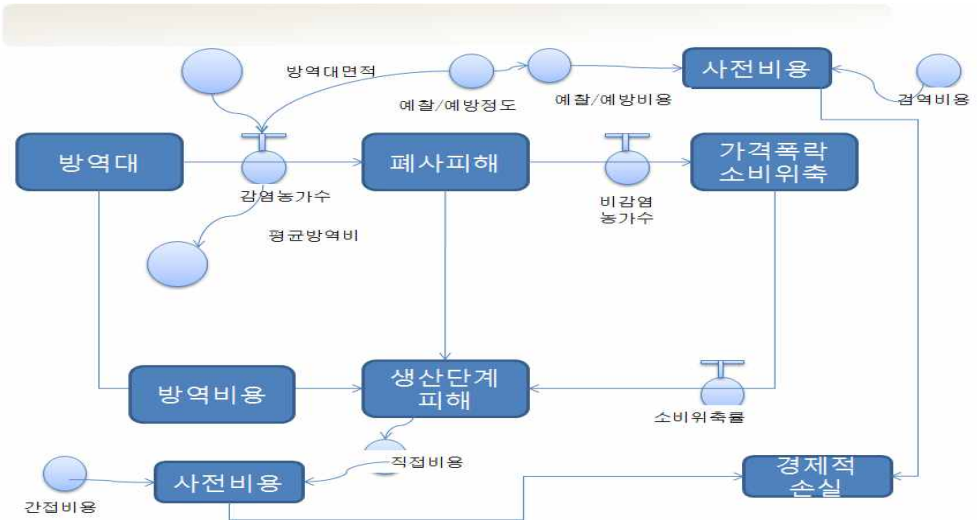
```
  if breed = chickens
    [if
    random 100 < chicken_reproduction_rate
     [
       hatch 1
       set color white
        set virusid 0
      ]
      ]
  end

  to countthings
    set numchicks (count (chickens))

  end

  to chicken-to-chicken

     if color != red
     and random 100 < chance_of_infection [
     if breed = chickens [
     if any? chickens-here with [virusid >= 100 and virusid < 220]
     [let infector one-of chickens-here with [virusid >= 100 and virusid <
220]
     set color red ;
     set virusid [virusid] of infector - (mutation_rate) + random (mutation_rate
* 2)
     ]
     ]
     ]

  end

  to check-wellness
```

```
    ifelse breed = chickens [
      ifelse virusid >= 100 or virusid <= 220 [
        ]
        [
        set virusid 0
        set color white
        ]
    ]
    [
        ifelse virusid >= 200 or virusid <= 250 [
        ]
        [set virusid 0
        set color white
      ]

    ]
  end


  to die-from-disease
  if breed = chickens and
     color = red and
     random 100 < chicken_mortality_rate
    [
    set color black
    ]




  end
  to do-plot-chickens
    set-current-plot "Chicken Populations"

    set-current-plot-pen "healthy"
```

```
    plot (count(chickens with [color = white]))

    set-current-plot-pen "sick"
    plot (count(chickens with [color = red]))
     set-current-plot-pen "die"
    plot (count(chickens with [color = black]))

  end
```

제 2 절. 경제적 손실모델

AI의 발생전후를 기준으로 한 고려인자로는 사전비용(검역비용, 예찰 및 예방비용 등)과 사후비용(생산단계에서의 피해비용, 무역유통단계에서의 피해비용 및 간접비용 등)으로 구분할 수 있으며 이를 종합적으로 고려한 시스템 다이나믹스 모델을 구성하였다.



<그림13> 경제적 손실모델개념도

<표2> 경제손실모형 변수정의

변수명	관계식
방역대	1 ~ 20 km 선택 가능 -감염농가를 기준으로 한 반경(km)
방역대 면적	감염농가를 기준으로 방역대 설정에 따른 방역 면적 방역대 면적 = 3.14*(방역대+(감염 농가/면적당농가수)^(0.5))^2-(감염 농가/면적당농가수)
방역대상농가수	방역대 면적*면적당농가수 ※가금류종별/지역별 사육수 데이터 연계 필요
면적당농가수	단위면적당 농가수: 15가구(가정) ※가금류종별/지역별 사육수 데이터 연계 필요
농가당가금류수	농가당 평균 가금류수: 18,000 수(가정) ※08년 살처분농가 950농가, 846천수=>농가당 9,000수 ※08년 AI발생 site 33개, 760천수 => site당 23,000수 ※가금류종별/지역별 사육수 데이터 연계 필요 -전국오리농가 평균사육수: 약 550수(12천 농가, 05년) -전국닭농가 평균사육수: 약2,000수(81천 농가, 05년)
살처분보상비	방역대상농가수*농가당가금류수*시장가격 ※ 2008년 살처분비용 656억원/950농가 => 7,000만원/농가 => 가금류 1마리당 3,840원 ※도태장려금(5000원/수, 종계기준: 종란폐기) 추가고려 필요
시장가격	가금류 1마리당 4,000원(가정) -대한양계협회 양계속보 산지가격(산란용, 육용) 기준 고려할 필요
생계안정자금	방역대상농가수*농가당가금류수*지원기준금액 -방역대상농가를 대상으로 하는 생계지원금
지원기준금액	가금류 1마리당 11,000원(가정) (2008년: 생계-소득안정자금 14억원, 수매자금 744억원, 일반지역에 대한 입식 및 경영 안정자금 1,413억원, 종계도태-종란폐기 보상금 42억원 등) -닭(산란계종계, 육계): 100마리이상 살처분 농가 대상, 지원한도 1400만원이내(2만수이상) -오리: 산란계 기준 적용
정부방역비	40,000,000원 x 방역대상농가수 (2008년: 정부의 방역관련 활동비 375억원 추정) -방역에 소요되는 제반 비용 -살처분 관련비용(장비,소모품,인건비), 방역비(소독약품,예방약품), 초소운영(설치,인건비), 특별교부세(행안부), 매몰지 사후관리비 등 포함

변수명	관계식
폐사피해	감염 농가*농가당가금류수*시장가격 -AI 발생에 의해 감염농가의 사육 가금류의 폐사에 따른 피해액
생산단계 피해 1차	방역 비용 + 폐사 피해 -감염농가 및 방역대 설정에 따른 방역대상 농가를 대상으로 한 피해액 및 정부 보상액의 총 합계
감염 농가(수)	감염되는 농가수 x 3(가정) -AI 감염 농가수(누적)
비감염 농가(수)	100,000-감염되는 농가수 전체농가수: 100,000 (2005년 오리(1.2만), 닭(8.1만) 통계조사 참조) ※전체농가수: 육종별/지역별 농가수 데이터 연계 필요
감염되는 농가수	감염 농가*SIN(3.14/4*Time)*0.05+exp(1-"예찰-예방정도") ※전파모델에서 감염농가수 데이터 연계 필요 -AI 발생후 전파 감염되는 농가수
예찰-예방정도	"예방/예찰 비용"/500억원 ※ 예방-예찰 예산투입의 정도에 따른 비율 ※ 적정 예방-예찰 예산을 500억원으로 가정
사전 비용	예방/예찰 비용 + 검역 비용 -AI 발생전 또는 발생시 초기 대응시 소요되는 비용
가격 폭락 및 소비 위축	비감염 농가*농가당내수출하량*시장가격*소비위축률*Time ※ 연간 닭, 오리, 계란 등 국내 출하량(내수/수출) 데이터 연계 필요 ※05년 닭 국내생산량 5,300만수(300천톤), 수입량(120천톤), 총수요량(420천톤)(농수산무역정보 2001 참조) -AI발생후 소비위축에 따른 비감염 농가의 손실
소비위축률	85% 감소(가정) ※ 과거 국내 소비위축에 따른 출하량 감소 데이터 연계 필요 -AI에 따른 Market Panic 현상으로 인해 급격한 소비 위축(청정선포 기간까지(약 6개월 소요) 발생전 50% 수준)
농가당내수출하량	55수/월(가정) -월 기준, 닭 내수생산량 5,300만수(05년), 총 닭사육 농가수 81,000농가
수출 감소	비감염 농가*농가당수출액*Time ※ 연간 닭, 오리, 계란 등 국내 출하량(내수/수출) 데이터 연계 필요 -AI발생후 수출중단에 따른 비감염 농가의 손실
농가당수출액	10,000원(가정) ※ 연간 닭, 오리, 계란 등 국내 출하량(내수/수출) 데이터 연계 필요 ※ 07년 수출액: 닭 900만불, 오리 0만불(농수산식품 수출동향, 2008 1/4분기)
생산단계 피해 2차	가격 폭락 및 소비 위축+수출 감소 -비감염 농가를 대상으로 AI 발생후 내수감소 및 수출 중단에 따른 경제적 손실
직접 비용	생산단계 피해 1차 + 생산단계 피해 2차 -가금류 사육 농가(감염농가, 비감염농가)에 직접적으로 미치는 경제적 손실
관련 산업 파급	무역 및 유통단계 피해+사료 공급업 + 사료및가금류운송업 + 동물의약품 -무역 및 유통단계 피해: 육가공공장에서유통단계, 외식업체, 정육점 및 계란 판매업소 피해 등 포함 . 외식업체(삼계탕,치킨,오리 관련 3,210개 외식업체 대상 조사결과 08년 AI발생기간 5-6월 총매출액은 그전 기간과 비교시 약 3,271억원 감소) .08년 총 피해액 3,200억원으로 추정: 육가공유통단계 피해액(58억), 외식업체(2,715억원, 소매업체(427억)
간접 비용	관련 산업 파급 + 인체 영향 + 환경오염 등 -가금류 사육 농가의 직접적 피해외에 타산업에서의 경제적 손실
사후 비용	직접 비용 + 간접 비용 -AI 발생이후 발생하는 직접(가금류 사육농가) 및 간접(가금류 관련 전후방 산업) 비용의 총합계
경제적 손실	사전 비용 + 사후 비용 -AI 발생 이전과 이후에 소요되는 모든 비용

제 6 장. 모형 시뮬레이션 결과

2008년 4월 3일 전북 김제에서 처음으로 확인된 고병원성 AI는 37일 만에 제주를 제외한 전국에서 나타난 AI 발생에 대한 최초 유입경로와 발생지역 전파속도, 손실비용 산정 등을 본 연구에서 개발한 복잡계 모형을 통해 시뮬레이션 해보고자 한다.

제 1 절. 예찰클러스터링 모델적용 시뮬레이션

2008년 이전의 AI 발생데이터를 활용하여 시공간 AI발생 위험도를 평가해보는 시뮬레이션을 실시하였다. 시공간 통계분석을 위해 SatScan 프로그램을 활용하였다. SatScan 프로그램에 들어가는 입력데이터 파일의 필드구성은 다음과 같다.

- CAS화일 : 지역 / 사육수 / 발생일자 / case / deaths
- POP화일 : 지역 / 발생일자 / 사육수 / case/ deaths
- GEO화일 : 지역명 / 경도 / 위도

AI예찰 시뮬레이션 결과 AI 발생 위험지역은 아래와 같이 예상되며 이는 2008년 AI 실제 발생 지역과 일치하고 있다.

- 1순위 : 나주, 김제, 익산
- 2순위 : 이천, 안성, 양주
- 3순위 : 경주, 양산, 울주, 음성, 아산, 진천, 천안

<표3> 과거 국내 AI 발생자료 (입력데이터)

번호	발생지역		발생일	축종	좌표		사육두수			
	도	시/군/구		(poultry)	위도 (latitude)	경도 (longitude)	suceptible	cases	deaths	destroyed
1	충북	음성	2003.12.10	닭	36°56′22.84″N	127°41′25.81″E	26000	24000	24000	2000
2	충북	음성	2003.12.14	오리	36°56′22.84″N	127°41′25.81″E	3480	348	320	3160
3	충북	음성	2003.12.16	닭	36°56′22.84″N	127°41′25.81″E	15000	1500	1380	13620
4	충북	음성	2003.12.18	오리	36°56′22.84″N	127°41′25.81″E	8000	800	736	7264
5	충북	음성	2003.12.18	닭	36°56′22.84″N	127°41′25.81″E	7700	770	708	6992
6	충남	천안	2003.12.18	오리	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	4758	476	438	4320
7	충남	천안	2003.12.18	오리	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	8000	800	736	7264
8	경북	경주	2003.12.20	닭	35°51′22.22″N	129°13′29.09″E	10250	1025	943	9307
9	전남	나주	2003.12.20	오리	35° 0′57.82″N	126°42′38.73″E	14900	1490	1371	13529
10	충북	진천	2003.12.21	오리	36°51′19.37″N	127°26′10.00″E	5000	500	460	4540
11	경북	경주	2003.12.24	닭	35°51′22.22″N	129°13′29.09″E	144000	14400	13248	130752
12	경기	이천	2003.12.23	닭	37°16′19.18″N	127°26′5.36″E	43000	4300	3956	39044
13	충남	천안	2003.12.21	닭	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	20000	2000	1840	18160
14	울산	울주	2003.12.27	닭(오리 10)	35°32′1.46″N	129°17′41.50″E	3610	361	332	3278
15	충남	천안	2004. 1. 2	오리	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	8500	850	782	7718
16	경남	양산	2004. 1.11	닭	35°20′6.03″N	129° 2′13.81″E	18000	1800	1656	16344
17	충남	천안	2004. 1.25	닭	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	23000	2300	2116	20884
18	충남	아산	2004. 2. 4	오리	36°47′23.27″N	127° 0′6.66″E	14700	1470	1352	13348
19	경기	양주	2004.3.20	닭	37°47′7.03″N	127° 2′45.04″E	22000	2200	2024	19976
20	전북	익산	2006.11.22	닭	35°56′53.83″N	126°57′27.36″E	13200	6000	6000	7200
21	전북	김제	2006.10.12	메추리	35°48′12.99″N	126°52′51.19″E	295000	3000	3000	292000
22	충남	아산	2006.12.11	오리	36°47′23.27″N	127° 0′6.66″E	9146	1372	1262	7884
23	충남	천안	2007. 3. 7	오리	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	13560	2125	3	13557
24	경기	안성	2007. 2. 9	닭	37° 0′28.69″N	127°16′46.84″E	133000	1188	1188	131812
25	전북	익산	2007.11.27	닭	35°56′53.83″N	126°57′27.36″E	12000	600	600	11400
26	충남	천안	2007. 1.19	닭	36°48′54.46″N	127° 6′50.02″E	30000	157	157	0

<표4> AI 예찰 SatScan 시뮬레이션 결과

```
MOST LIKELY CLUSTER

1.Location IDs included.: 나주, 김제, 익산
  Coordinates / radius..: (35.000000 N, 126.000000 E) /  0.00 km
  Time frame.............: 2006/10/12 - 2009/12/31
  Population.............: 49845
  Number of cases........: 307000
  Expected cases.........: 36025.37
  Annual cases / 100000.: 1910506.4
  Observed / expected....: 8.522
  Relative risk..........: 12.378
  Log likelihood ratio...: 434249.526148
  Monte Carlo rank.......: 1/1000
  P-value................: 0.001
  Recurrence interval....: 2 years 269 days

SECONDARY CLUSTERS

2.Location IDs included.: 이천, 안성, 양주
  Coordinates / radius..: (37.000000 N, 127.000000 E) /  0.00 km
  Time frame.............: 2007/2/9 - 2009/12/31
  Population.............: 2504
  Number of cases........: 133000
  Expected cases.........: 76404.26
  Annual cases / 100000.: 390258.7
  Observed / expected....: 1.741
  Relative risk..........: 1.868
  Log likelihood ratio...: 19104.028702
  Monte Carlo rank.......: 1/1000
  P-value................: 0.001
  Recurrence interval....: 2 years 269 days

3.Location IDs included.: 경주, 양산, 울주, 음성, 아산, 진천,
                          천안
  Coordinates / radius..: (35.000000 N, 129.000000 E) / 212.33 km
  Time frame.............: 2007/1/19 - 2009/12/31
  Population.............: 5363
  Number of cases........: 43560
  Expected cases.........: 24560.00
  Annual cases / 100000.: 397629.0
  Observed / expected....: 1.774
  Relative risk..........: 1.813
  Log likelihood ratio...: 6167.071883
  Monte Carlo rank.......: 1/1000
  P-value................: 0.001
  Recurrence interval....: 2 years 269 days
```

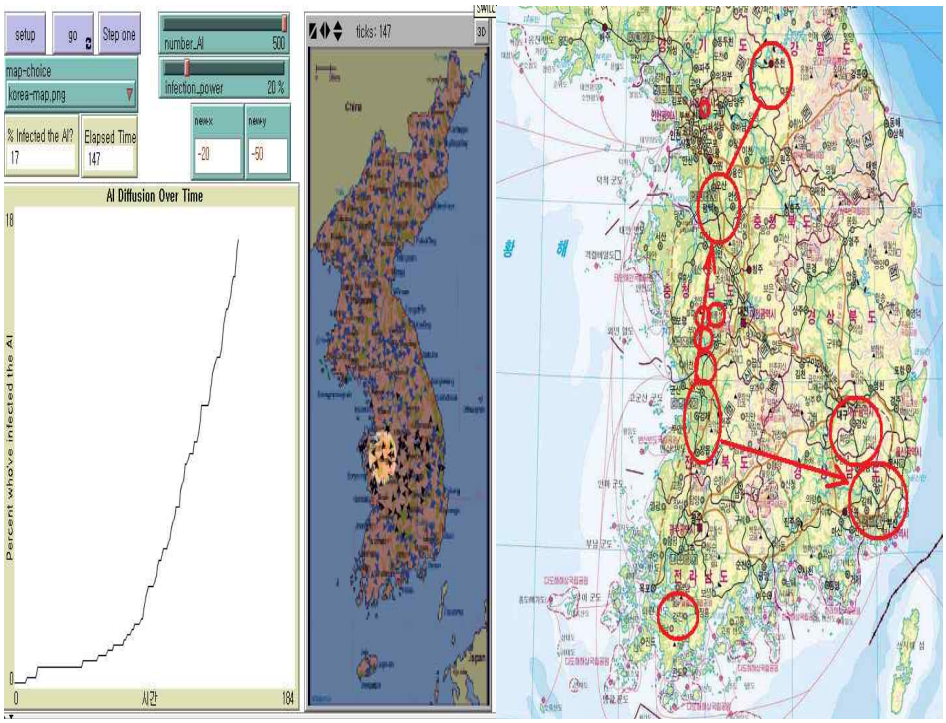
<표5> 2008년도 AI발생 실제 현황자료

발생지역		발생일	축종 (poultry)	좌표		사육두수			
도	시/군/구			위도 (latitude)	경도 (longitude)	suceptible	cases	deaths	destroyed
전북	김제	2008. 4. 1	닭	35°49′48.00″N	126°59′12.00″N	150570	2380	2380	148190
전북	정읍	2008. 4. 3	오리	35°39′22.00″N	126°45′29.00″N	12500	6000	6000	6500
전북	정읍	2008. 4. 6	오리	35°36′59.00″N	126°48′38.00″N	18000	200	200	17800
전북	정읍	2008. 4. 7	오리	35°38′46.89″N	126°43′53.59″N	37000	430	430	36570
전북	김제	2008. 4. 9	닭	35°50′04.64″N	127°00′00.87″N	30900	8	8	30892
전북	김제	2008. 4. 9	닭	35°51′07.55″N	126°59′28.16″N	10500	15	15	10485
전북	김제	2008. 4. 9	닭	35°50′05.84″N	126°59′04.28″N	6100	12	12	6088
전남	영암	2008. 4. 9	닭	35°53′25.66″N	126°38′46.74″N	17775	57	57	17718
전북	김제	2008. 4. 9	닭	35°51′14.09″N	126°59′30.17″N	11400	60	60	11340
전북	김제	2008. 4. 9	닭	35°50′24.11″N	126°58′49.99″N	40000	8	8	39992
전북	김제	2008. 4.12	닭	35°44′42.07″N	127°03′01.14″N	920	395	395	525
전북	순창	2008. 4.14	오리	35°26′27.21″N	127°14′16.27″N	9000	2400	2400	6600
경기	평택	2008. 4.14	닭	36°59′57.15″N	126°53′03.65″N	25716	275	275	25441
전북	김제	2008. 4.16	닭	35°51′58.19″N	126°57′52.54″N	20000	13	13	19987
전북	김제	2008. 4.16	닭	35°52′17.81″N	126°59′38.28″N	15750	15	15	15735
전북	정읍	2008. 4.17	닭	35°34′58.36″N	126°45′24.87″N	22000	66	66	21934
전북	김제	2008. 4.19	닭	35°47′03.24″N	126°59′07.56″N	35000	240	240	34760
전북	익산	2008. 4.21	닭	36°04′48.41″N	127°04′41.63″N	51000	450	450	50550
전북	익산	2008. 4.21	닭	36°05′53.19″N	127°00′37.19″N	10000	2500	2500	7500

제 2 절. 전파모형시뮬레이션 결과

농장간 전파 경로와 속도를 파악하기 위하여 농장간 전파 모형을 시뮬레이션 한 결과, 전북김제에서 25-30km 떨어진 정읍 및 익산으로 전파해 나가는데 대략 20일이 소요되었으며, 거리 30km 적용시에는 40일 이내에 전파가 가능한 것으로 시뮬레이션 결과가 나왔다. 특히 70일 이내에 부산, 경기지역으로 전파가 가능한 것으로 나타났다. 한편, 전북에서 전국 권역별로 전파 시기는 실제 발생현황과 비슷한 한 것으로 나타났으며, 대략 40일 이내에 동부 및 서부권역으로 전파되는 것으로 시뮬레이션 결과가 나왔다. 전북에서 전국 권역별로 전파 시기는 다음과 같은 결과가 도출되었으며, 이는 실제 발생현황과 비슷한 한 것으로 판단되며, 40일 이내에 동부 및 서부권역으로 전파되는 것으로 시뮬레이션 결과가 나왔다.

- 서부권역 : 2008년 4월 1일 - 4월 22일
- 동부권역 : 2008년 4월 28일 - 5월12일
- 수도권역 : 2008년 5월 3일 - 5월 6일

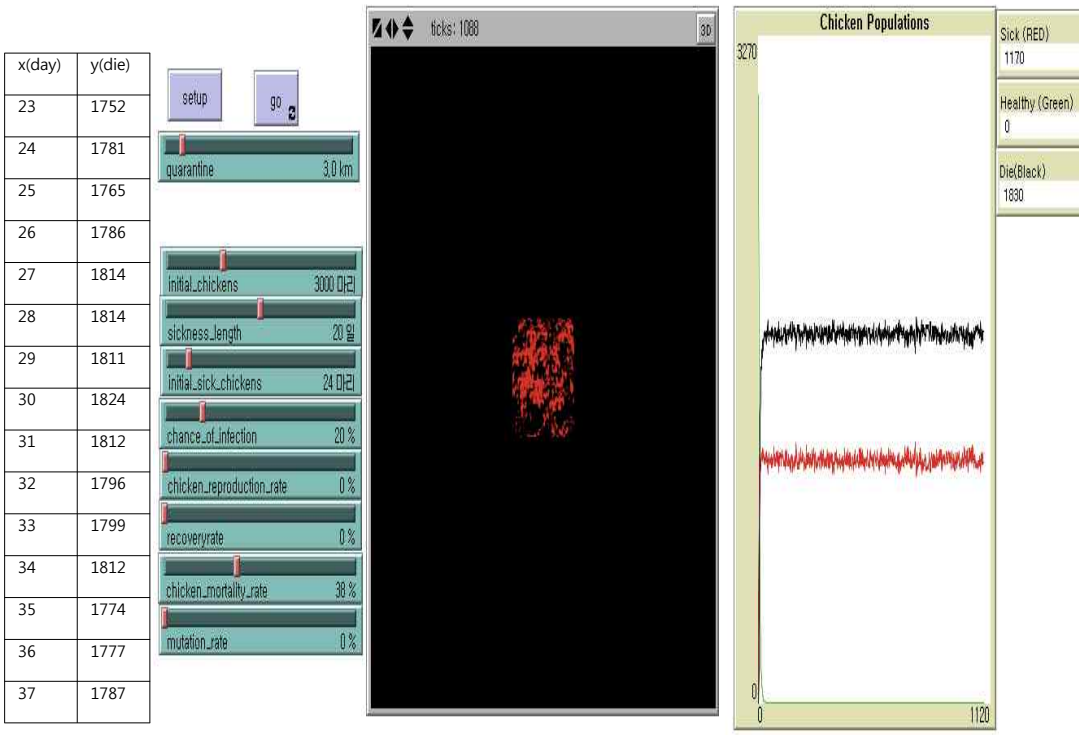


<그림14> 농장간 전파모형 시뮬레이션 결과와 전파경로 시나리오

제 3 절. 대응 모형

1. 방역대 설정 시뮬레이션

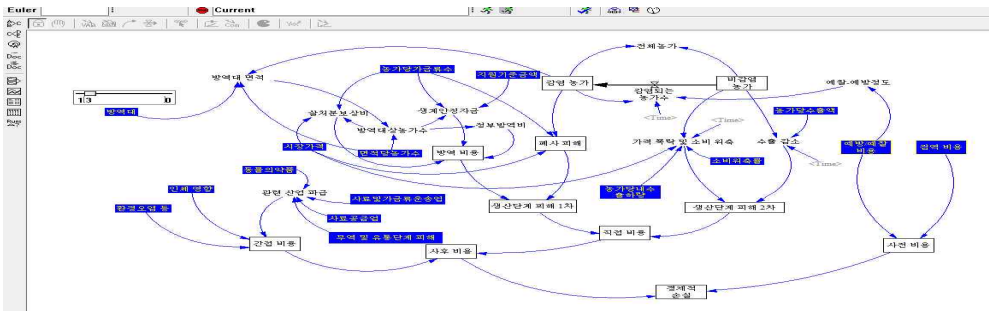
해당 발생농장들(최초 3,000마리/sick 24마리/전염률 20% 가정)로부터 반경 3km를 그려서 방역대 설치에 따른 시간대별 방역대내 질병확산모형을 시뮬레이션을 한 결과, 발생 후 30일 전후로 해서 죽은 개체수가 가장 많은 것으로 나타났다. 한편, AI전파 극소화를 위한 방역대 설치 최적 시간은 대략 0.5km의 경우 1.4일, 3km의 경우 2.5일, 5km의 경우 4.5일, 10km의 경우 12.5일 이었다. 이를 통해 최초 발생 농장의 인지에 따른 방역 활동 시작일의 변동과 관련된 시뮬레이션으로 활용할 수 있을 것으로 판단된다.



<그림15> 방역대 설치 및 질병확산 모형시뮬레이션 예

2. 경제손실 시뮬레이션

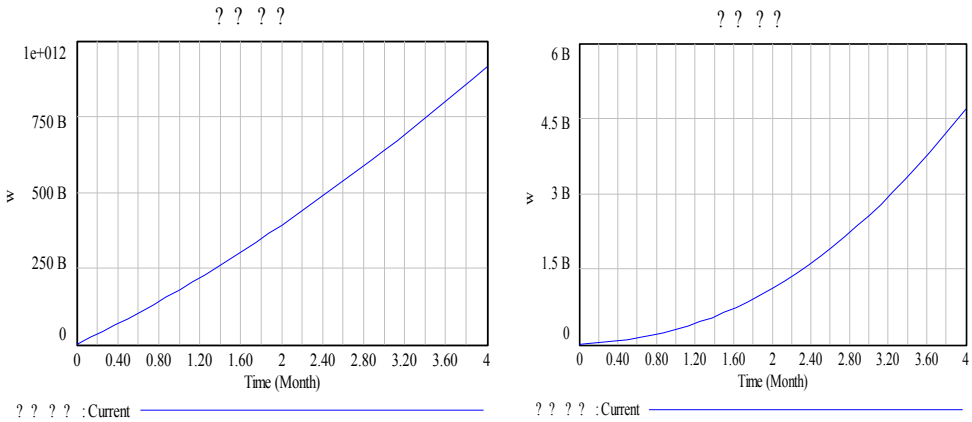
시스템 다이나믹스 모형으로 개발된 손실모형의 경우 방역대 설치 반경을 입력하면 해당 경제손실액이 산출되는 시뮬레이션이 가능하다.



<그림16> 경제적 손실모형시뮬레이션 예

방역대 3km일 경우 경제적 손실(전국 발생 지역 총합 가정)은 다음과 같다[9].

- 폐사 피해 : 43억원
- 방역 비용 : 3,000억원
  - 살처분 보상비 : 700억원
  - 생계안정자금 : 1900억원
  - 정부방역비 : 400억원
- 기타 생산단계 2차 피해액 : 1600억원 추정



<그림17> 경제적 손실모형시뮬레이션 결과

9) 이러한 비용추계는 농촌경제연구원(2008) 추정 2833 억 원과 거의 유사하다고 할 수 있다.

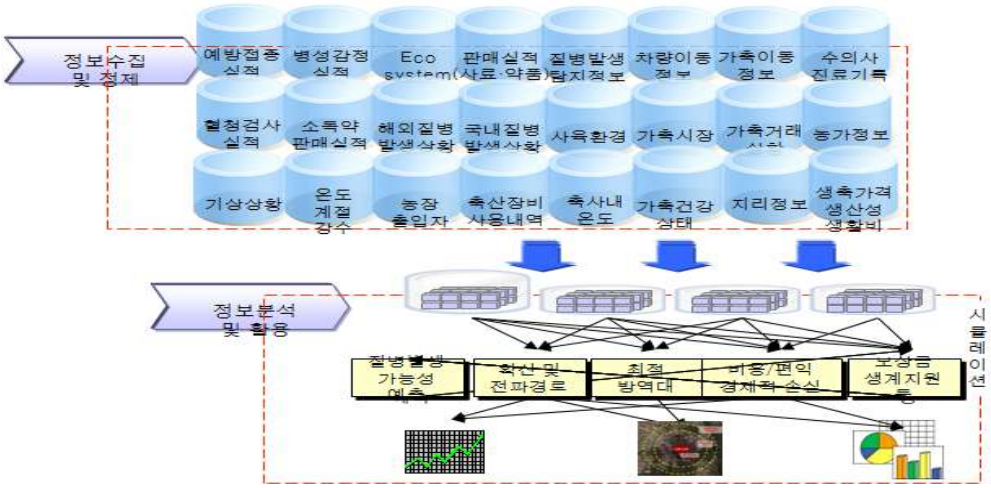
제 7 장. 결론 및 정책적 제언

본 연구에서는 가축질병 방역모형을 AI를 사례로 크게 발생, 전파, 대응모형 등 3단계로 나누어 세부 모형의 적용가능성 및 능동적 예찰활동이 가능한지 여부를 살펴보았다. 이를 확장하여 타 질병에 적용시에도 가축별 생태계 특성에 따라 세부 적용모델은 많은 차이를 보일 수 있으나 전체 프레임 워크는 비슷하다. 유일한 차이는 공기전파의 유무이다.

<표6> 예찰모형 설계 범위

	발생모형	전파모형				대응모형	
	예찰 클러스터링	농장내 일반전염 전파모형	농장내백신 전염전파모형	농장간 일반 전파모델	농장간 공기전파모델	방역대설정 모델	경제적손실 모델
AI	●	●	●	●		●	●
구제역	●	●	●		●	●	●
돼지열병	●	●	●	●		●	●
브루셀라	●	●	●	●	●	●	●
결핵	●	●	●	●	●	●	●

특히 점증하고 있는 AI와 같은 가축전염병 및 인수공통전염병의 확산에 대비하기 위한 미래지향적인 국가가축방역 대응체계가 시급한 상황이다. 이를 위해서는 전염병의 전염·확산 각단계별 특성을 고려한 능동적인 예측 및 시뮬레이션 모형의 구축이 무엇보다도 필요하다. 특히 신종 전염병에 대응하기 위한 국가적인 역량을 향상시키기 위해서는 이러한 모형의 신뢰성 확보를 위한 데이터 확보가 선행되어야 할 것이다. 하지만 데이터 확보의 최소화 상태에서 극대화된 효과를 위해서는 무엇보다도 데이터에 좀 더 유연한 복잡계 모형 개발의 정교성을 통해서 능동적 방역활동이 이루어지도록 해야 할 것이다.



<그림17> 데이터와 예찰모형 설계 범위

참고문헌

국립수의과학검역원, ‘06/’07고병원성 조류인플루엔자 역학조사보고서,농림부,(2007).

국립수의과학검역원, ‘07/’08고병원성 조류인플루엔자 역학조사보고서,농림부,(2008).

국립환경과학원, 겨울철 조류 동시 센서스, 환경부,(2007).

송주호, 우병준, 허덕, 박선일, 가축질병의 경제적 영향 분석, 한국농촌경제연구원,(2006. 11).

우병준, 이형우, 황윤재, 김진년, “고병원성 조류인플루엔자 발생의 경제적 피해 계측”, KREI 농정연구속보, 제50권, pp. 1-19, (2008. 6. 27).

윤하정, 구제역 확산 모델 구축을 위한 역학자료 관리 및 시뮬레이션 기법 연수결과 보고, 국립수의과학검역원 개인 훈련보고서, (2004).

Arjan Stegeman, Annemarie Bouma, Armin R.W., Elbers, Mart C.M. de Jong, Gonnie Nodelijk, Fred de Klerk, Guus Koch, Michiel van Boven, "Avian Influenza A Virus (H7N7) Epidemic in The Netherlands in 2003: Course of the Epidemic and Effectiveness of Control Measures", The Journal of Infectious Diseases(JID), 190, pp.2088-2095, (2004).

Burak Turkgulu, Burak Eskici, Yaman Barlas, "Medeling the Dynamics of Avian Influenza Epidemics and Possible Pandemics", spring, pp.1-53, (2006).

Dorogovtsev, S.N., Mendes, J.F.F., Evolution of networks. Adv. in Phys. 51, 1079–187, (2002).

Edouard Amouroux, Stéphanie Desvaux, and Alexis Drogoul, "Towards Virtual Epidemiology: An Agent-Based Approach to the Modeling of H5N1 Propagation and Persistence in North-Vietnam", PRIMA 2008, LNAI 5357, (2008).

Morens, D. M., and Taubenberger, J. K., 1918 Influenza: the Mother of All Pandemics, Emerging Infectious Diseases Vol. 12, No. 1, January, (2006).

Nielen, M., Stegeman, A., Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1, Thailand, 2004, Emerging Infectious Diseases, Vol. 11, No. 11, November, (2005).