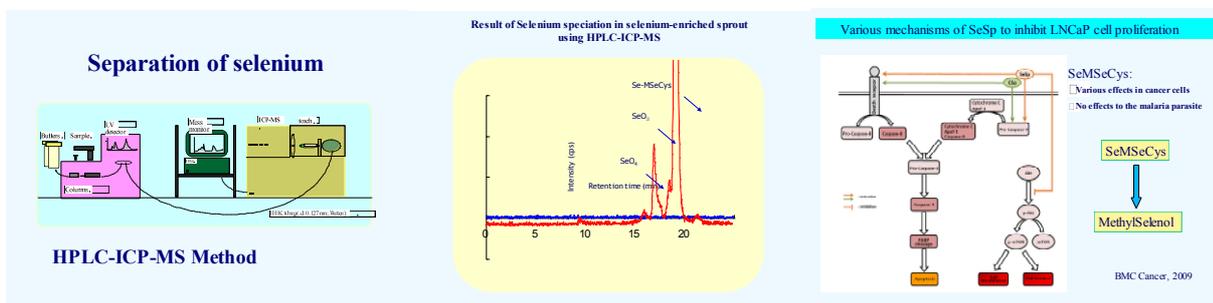


公衆衛生学分野は、人々の健康を生態学的な視点から捉えて健康を支える要因、健康を阻害する要因を明らかにし、社会環境の中で健康を支える要因を増やし、健康を阻害する要因を制限していくことによって、健康に暮らせる社会環境の構築を目指しています。今回のオープンラボでは、特に以下の2つのテーマについて紹介します。

1) 微量元素セレンの分別分析と健康影響に関する研究

液体クロマトグラフィ (HPLC) とICP質量分析装置を組み合わせたHPLC-ICP-MS分析法を用いて生体内セレンの化学形を明らかにしながら、化学形ごとの健康影響、特にがん細胞に対するアポトーシス誘導作用などを研究しています。



HPLC-ICP-MS法

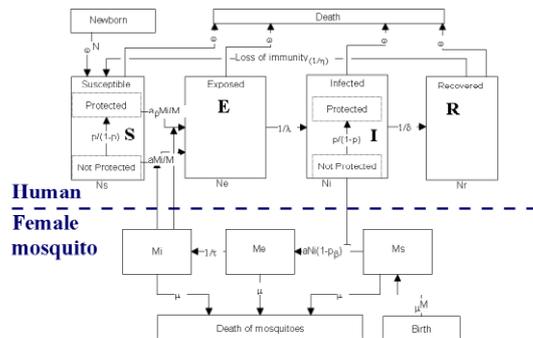
セレンの分別分析

セレンによるアポトーシス経路

2) 統計ソフトRを用いた感染症シミュレーションモデル

Nakazawa's model framework

Nakazawa M, Ohmae H, Ishii A, Leafasia J (1999) Malaria infection and human behavioral factors: A stochastic model analysis for direct observation data in the Solomon Islands, *Am J Human Biol*, 10: 781-788.



Simulation program in R

```

Ner <- 0.016242; Mii <- 0.008238; moadate <- 365*2; PI <- rep(0, moadate)
a <- 5.0; aeta <- 14.0; eta <- 14.0; r <- 3.0; omega <- 0.0091
mu <- 0.2; tau <- 10.0; phi <- 3.0; lambda <- 14.0

simexec <- function(px,beta) {
  ZI <- rep(0, moadate)
  Ns <- 400; Ne <- 200; Ni <- 200; Nr <- 200
  H <- Hs+He+Hi+Hr
  M <- Floor(Ms*(1-px*beta)*a*(1-mu)*phi/mu)
  Me <- Floor(H*Me*r); Mi <- Floor(H*Mi*r); Ms <- H - Me - Mi
  for (j in 1:(moadate-1)) {
    ZI[j] <- Mi/M
    IS <- rhinom(1, rhinom(1, Ms, (1-px*beta)), a*Mi/M)
    IE <- rhinom(1, rhinom(1, Ni, (1-px*beta)), a*Me/M) else {
      EB <- rhinom(1, Ms, (1-px*beta)) else { EB <- 0 }
      dMe <- rhinom(1, Me, omega); dMi <- rhinom(1, Mi, omega); dNr <- rhinom(1, Nr, omega)
      nMs <- dMe + dMi + dNr
      Fever <- rhinom(1, Me, 1/lambda)
      Recover <- rhinom(1, Ni, 1/lambda)
      LI <- rhinom(1, Nr, 1/eta)
      Ms <- Ms - IS + nMs + LI
      Me <- Me + EB - dMe - Fever
      Ni <- Ni - dMi + Fever - Recover
      Nr <- Nr - dNr + Recover - LI
      GI <- rhinom(1, Me, 1/tau)
      dMe <- rhinom(1, Me, mu); dMi <- rhinom(1, Mi, mu)
      nMs <- dMe + dMi
      Ms <- Ms - EB + nMs; Me <- Me + EB - GI - dMe; Mi <- Mi + GI - dMi
    }
    ZI[moadate] <- Ni/M
  }
  ZI
}

PI <- simexec(0.7, 0.8)
plot(1:moadate, PI, type="l", ylim=c(0, 0.4), xlab="days", ylab="parasite rate",
     main="Change of parasite rates as the result of simulation(p=0.7, beta=0.8)")
for (i in 2:50) {
  PI <- simexec(0.7, 0.8)
  lines(1:moadate, PI)
}
    
```

Nakazawa's differential equations

$$\begin{aligned}
 \frac{dN_s}{dt} &= -\frac{M_i}{M} \alpha B(N_s, 1 - p\beta) + \omega(N - N_s) + \frac{1}{\eta} N_r \\
 \frac{dN_e}{dt} &= \frac{M_i}{M} \alpha B(N_s, 1 - p\beta) - \frac{1}{\lambda} N_e - \omega N_e \\
 \frac{dN_i}{dt} &= \frac{1}{\lambda} N_e - \frac{1}{\delta} N_i - \omega N_i \\
 \frac{dN_r}{dt} &= \frac{1}{\delta} N_i - \frac{1}{\eta} N_r - \omega N_r \\
 \frac{dM_s}{dt} &= -\frac{\alpha}{M} B(N_i, 1 - p\beta) M_s + \mu(M - M_s) \\
 \frac{dM_e}{dt} &= \frac{\alpha}{M} B(N_i, 1 - p\beta) M_s - \frac{1}{\tau} M_e - \mu M_e \\
 \frac{dM_i}{dt} &= \frac{1}{\tau} M_e - \mu M_i
 \end{aligned}$$

Major results of Nakazawa's model

