

潜伏期間のある感染症伝播の数理モデル

理学専攻・情報科学コース 水野 佳菜子

1 はじめに

感染症の流行は古くから人類が幾度となく直面してきた課題であり、古いものではヨーロッパでのペストの蔓延やスペイン風邪、新しいものでは2014年のエボラ出血熱の流行などその種類も多岐に渡る。この感染症の流行という現象は、複雑ネットワークという観点から考察することができる。感染症は人を介して人から人へと伝播するものであり、人の繋がりを再現したネットワーク上で数理モデルを使うことで感染の広がりをシミュレーションすることができる。

2 SIR モデル

よく知られている数理モデルの一つに SIR モデルがある。通常のネットワーク上の SIR モデルでは、頂点を一人の人間とみなし、各頂点は S, I, R の三つの状態 (S=健康な状態、I=感染症にかかっている状態、R=一度感染症にかかった後治癒した状態) のいずれかであるとす。S の頂点は隣接する I から一定のレートで感染し I となる。I の頂点は一定のレートで感染症が治癒し R となり、以降他の S を感染させることはない。また一度 R となった頂点は免疫を持ち、二度と感染症にかからなくなる。

このネットワーク上での SIR モデルによるシミュレーションを、メタ個体群ネットワークで行う手法も存在する。メタ個体群ネットワークでは、ネットワークの各頂点を多数の個体が存在する一つの個体群、辺を個体群を結ぶ交通網とみなす。基本的には前述の SIR モデルと同様であり、個体群内の個体はそれぞれ S, I, R いずれかの状態を取る。また前述の SIR モデルと違う点として、各個体群間を個体が移動することがある点が挙げられる。個体は辺で繋がれた隣の個体群に移動することとし、移動するレートを w とする [1, 2]。

SIR モデルでは、十分に時間が経過した後は各個体の状態は S か R のいずれかになる。この最終的な状態での全個体に対する R の割合をみることにより、感染症がどの程度広がったかを判断することができる。このとき R がそれなりの割合で広がっていれば感染症の流行が起こったとし、R があまり広がっていなければ感染症の流行は起こらなかったとみなす。このときの R の割合を final size とする。

3 SHIR モデル

ここで本研究では新たに SHIR モデルを提案する。SHIR モデルとは、前述の SIR モデルに潜伏期間 (あるいはごく軽症な期間) である H を追加したものである。

前述のメタ個体群での SIR モデルでは、多数の人間が住む都市、その都市間を結ぶ交通路を再現し、人が交通路に従って都市間を行き来することにより感染症が広がっていく様子をシミュレーションできているように思える。しかし、感染症にかかり体調の悪い人が都市間を移動するというのは現実的に考えると少し不自然である。そのため新たに提案した SHIR モデルでは、I の個体を既に感染症にかかり症状のある個体と

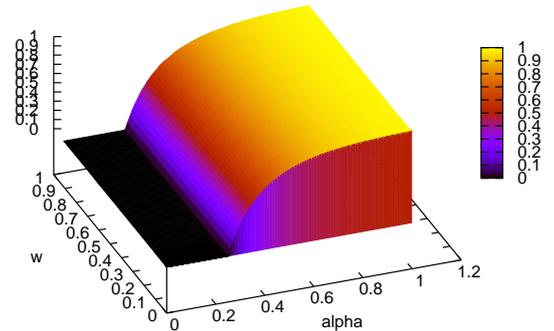


図 1: SHIR モデルのシミュレーション結果のグラフ。alpha は感染の確率にかかる定数 α 、 w は各個体が移動するレート、縦軸は final size である。

みなし、この I の個体は移動を行わないものとした。代わりに、H の個体を感染症にかかっている、他人に感染症を移すがまだ症状があまりない個体とみなし、この H の個体は S や R の個体と同様に個体群間を移動するとした。本研究では、S の個体が H になるレートを α 、H の個体が I になるレートを μ 、I の個体が R になるレートを β 、I 以外の個体が個体群間を移動するレートを w とする。このとき各個体群での S, H, I, R の各状態の個体数の時間毎の推移は以下の式で表される。式中の n, m は各個体群のラベルである。

$$\begin{aligned}\partial_t S_n &= -\frac{\alpha S_n (H_n + I_n)}{N_n} + w \sum_m (S_m - S_n) \\ \partial_t H_n &= \frac{\alpha S_n (H_n + I_n)}{N_n} - \mu H_n + w \sum_m (H_m - H_n) \\ \partial_t I_n &= \mu H_n - \beta I_n \\ \partial_t R_n &= \beta I_n + w \sum_m (R_m - R_n)\end{aligned}$$

ここで S_n, H_n, I_n, R_n はそれぞれ n 番目の個体群の S, H, I, R の個体数であり、 $N_n = S_n + H_n + I_n + R_n$ である。 \sum_m は、 n に隣接する m についての和を表す。このモデルでのシミュレーションの結果を図 1 に示す。これは $\beta = 0.5, \mu = 0.5$ とし、 α と w を 0.0 から 1.0 まで推移させ、各パラメータ毎の final size の値をグラフにしたものである。

4 SHIR モデルの解析

前述の SHIR モデルの性質をより詳しく考察する。本研究では簡単のため 2 頂点のネットワークでの SHIR モデルを考え、それぞれの頂点での各パラメータを $\alpha_1, \mu_1, \beta_1, \alpha_2, \mu_2, \beta_2$ とする。個体の移動のレートである w は両個体群で等しいものとする。この各パラメータが流行の広がり方に与える影響を見るため、モデルの式の係数行列の固有方程式を解いて線形成長率 λ を求めた (λ の詳細については式が非常に煩雑であるた

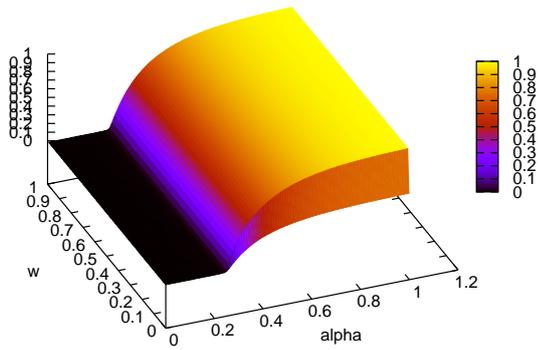


図 2: 両個体群での全てのパラメータがそれぞれ等しいときの final size のグラフ。alpha は感染の確率にかかる定数 α , w は移動率、縦軸は final size である。

めここでは割愛する)。線形成長率 λ は初期の増加率を決めており、この線形成長率の正負が感染拡大の有無を決める。SHIR モデルは I の個体の移動の有無が特徴となるモデルであるため、ここでは特に個体の移動のレートである w に着目して考察を行うこととした。両個体群で w 以外のパラメータが同じときと違うときに w が感染の広がりを与える影響を観察する。

まず両個体群で全てのパラメータがそれぞれ等しいという条件でのシミュレーションで、 α と w を 0.0 から 1.0 まで推移させた時の final size の値をグラフにしたものが図 2 のグラフである。グラフを見ると、final size に対して w が影響を及ぼしていないことがわかる。両個体群の全てのパラメータがそれぞれ等しい場合、求めた線形成長率 λ は w には依存しないことがわっている。そのためこのシミュレーション結果はモデルの式の解析からみても妥当なものであると言える。

同様に $\beta_2 = 1.2\beta_1$ としてシミュレーションを行ったが、全てのパラメータがそれぞれ等しいときの結果とほぼ変わらず、final size に対して w がほぼ影響を及ぼしていないように見えることが確認できた(違いがほとんどグラフでは確認できないため、このときのグラフは割愛する)。線形成長率 λ の観点から全パラメータが等しい場合と比較すると、 w は先ほどとは違い λ に対して全く関係がないわけではない。しかし、この場合でも λ に対して w はほとんど無視できるような非常に小さい影響しか与えないことがわかっている。

次にこの二つの条件でのシミュレーションにおける時間経過による I の個体数の変化を観察する。両個体群で全てのパラメータがそれぞれ等しいときの I の時間変化を w を変えて比較したものが図 3(a) のグラフ、 $\beta_2 = 1.2\beta_1$ としたときのものが図 3(b) のグラフである。グラフの形に多少違いはあるものの、どちらも w の値が極めて小さいときには感染者数のピークが 2 回あることがわかる。これは w が大きいと二つの個体群全体にほぼ均等に感染が広がっていくが、 w が小さいと二つの個体群の間であまり個体が行き来しないため、それぞれの個体群内で感染が広がっていくからだと考えられる。

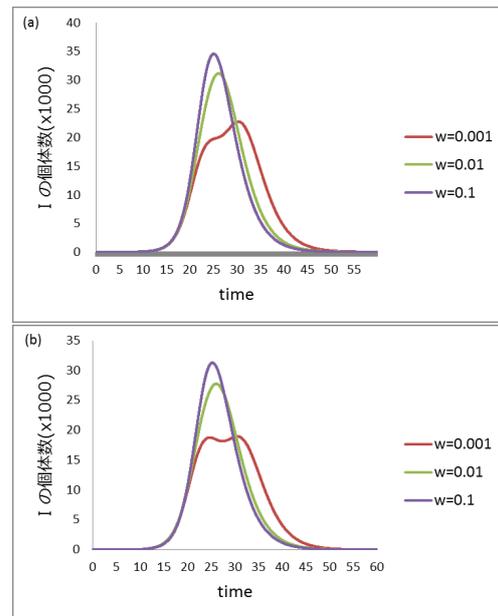


図 3: w の値を変えたときの I の個体数の時間変化の比較。(a) 両個体群で全てのパラメータがそれぞれ等しい。(b) β のみ両個体群で違う値: $\beta_2 = 1.2\beta_1$.

5 まとめ

本研究の SHIR モデルを使用したシミュレーションでは、感染症にかかっている個体の移動が感染の最終規模に対して与える影響を観察した。数理モデルを使った感染症伝播のシミュレーションでは、final size を決定するのに R_0 (基本再生産数。一人の感染者から平均して生み出される二次感染者の数) が重要な値として注目されるが、本研究では R_0 を直接算出することが難しかったため、代わりに線形成長率 λ を求めた。シミュレーションの結果・モデルの解析両面から w は final size に対してあまり影響を及ぼさないことが確認できたが、時間経過に伴う感染の拡大には w はそれなりの影響を与えることがわかった。本研究では感染症の蔓延を防ぐための対策などはシミュレーションに取り入れていないが、時間経過に伴う感染の広がり方を把握して対策を立てることは、現実で感染症伝播を防ぐ取り組みを行う際には非常に重要であるといえる。今後はそうした対策等を取り入れたシミュレーションを行い、どういうときに効果的な対策が取れたといえるのかを考えるなど、SHIR モデルを使ったより複雑なシミュレーションに取り組みたい。

参考文献

- [1] V.Belik, T.Geisel, D.Brockmann, *Natural Human Mobility Patterns and Spatial Spread of Infectious Diseases*. Phys. Rev. X **1**, 011001 (2011)
- [2] V.Colizza, A.Vespignani, *Invasion Threshold in Heterogeneous Metapopulation Networks*. Phys. Rev. Lett. **99**, 148701 (2007)