

2016 年度桂田研究室卒業研究レポート

伝染症と数理、SIR モデルとは

明治大学 総合数理学部 現象数理学科

中島優太

2017年 2月 14日

目次

第一章 イントロ

第二章 単純モデル

第三章 SIR モデル

第四章 基本生産数 R_0 について

第五章 結び

第六章 参考文献

第1章 イントロ

伝染症の流行の具合を推測する研究が存在する。その分野の資料
佐藤總夫著 自然の数理と社会の数理微分方程式で解析するⅡ 日本評論社
稲葉寿著 感染症の数理モデル 培風館
の内容の一部についてまとめたものを示す

第2章 単純モデル

まずは単純なモデルを考えたい。ある地域に住む人の集団は他の地域と全く交流せず、その地域の中だけでお互いが均等に交流していると仮定する。ここに感染力をもつが、感染したからといって死亡するわけでも隔離する必要もなく、いったん感染しても免疫を持たず再度感染しうるといった感染症が入り込むとする。

この時の全人口を $(n+1)$ とし、時刻 $t=0$ の時一人の感染者が出たとする。

さらに時刻 t における感受性者(感染しうる人)を $x(t)$ 、感染者を $y(t)$ で表し、 x, y 共に時間変量 t で微分可能とする。まず

$$x + y = n + 1$$

が言える。

次に Δt 時間内に生じる感染者の発生は β を感染(接触)率とし

$$\frac{\Delta x}{\Delta t} = -\beta xy$$

と表せる。 x, y は t について微分可能であるから、この式で $\Delta t \rightarrow 0$ の極限をとれば

$$\frac{dx}{dt} = -\beta xy$$

が得られる。ここで式を単純化するために

$$u = \beta t$$

と変換する。

$$\frac{dx}{du} = \frac{dx}{dt} \frac{dt}{du} = \frac{1}{\beta} \frac{dx}{dt} = -xy = -x(n+1-x)$$

と書き換えられる。したがって初期条件

$$x(0) = n$$

を満たす解 $x(t)$ を求めれば、感受性者数 x 、感染者数 y の時間的変化、すなわち伝染病の流行経過がわかる。ここで上記の微分方程式を

$$x' + (n+1)x = x^2$$

とし、両辺を x^2 で割ると

$$x^{-2}x' + (n+1)x^{-1} = 1$$

ここで変数を

$$z = x^{-1}$$

とすると

$$z' = -x^{-2}x'$$

となるので

$$z' - (n+1)z = -1$$

をなる。ここで両辺に $e^{-(n+1)u}$ をかけてまとめると

$$(e^{-(n+1)u}z)' = -e^{-(n+1)u}$$

をえる。よって c を定数とすると

$$e^{-(n+1)u}z = \frac{e^{-(n+1)u}}{n+1} + c$$

が得られるここで $u=0$ のとき

$$z(0) = x(0)^{-1} = n^{-1}$$

よって

$$c = \frac{1}{n(n+1)}$$

したがって

$$z(u) = \frac{1}{n+1} + \frac{e^{(n+1)u}}{n(n+1)}$$

故に

$$x(u) = \frac{n(n+1)}{n + e^{(n+1)u}}$$

よって

$$y(u) = \frac{n+1}{1 + ne^{-(n+1)u}}$$

と求められる。

この過程にもとづくモデルは、単純化されすぎて役に立たないのではないかと
思われるかもしれないが実際は大まかな近似モデルとして活用可能である

第3章 SIR モデル

SIR モデルとは Kermack-McKendrick の流行のモデルとも言われ、感染症がある集団内で発生した時にどのような動きを示すかを予測するものである。

まず、ある地域に住む住人 n 人を想定し、この集団は他の地域と交流しないものとし、人は自然死せず、生まれることもないとするこの時

- S:感受性者(susceptible)
- I:感染者(infectious)
- R:除去者(recovered/removed/immune)
- t:時刻
- n:全人口
- β :感染率及び接触率(正の定数)
- γ :除去率(治り免疫を得る、病死する、隔離する確率をまとめたもの)
(正の定数)

とすると次の人組の微分方程式を得る

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I(t) + \beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t)$$

さらに、

$$S + I + R = n$$

$$S(0) > 0$$

$$I(0) > 0$$

$$R(0) = 0$$

とする。この初期条件を満たす微分方程式の解を求めたい。

微分方程式の第一式と第二式は R を含まないため、この二式について解き S, I から R を求めれば良い。そこで $\rho = \gamma / \beta$ とし、以下の微分方程式について考える

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I(t) + \beta S(t)I(t) = \beta I(S - \rho)$$

問題の性質から S, I, R の単位は人なので $S-I$ 平面の第一象限だけを考えれば良い。第二式を第一式で割ると以下が得られる

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\rho}{S}$$

これは変数分離型なのでつぎのようにして解を求めることができる

$$dI = -dS + \rho \frac{dS}{S}$$

$$\int dI = -\int dS + \int \rho \frac{dS}{S}$$

$$I - I(0) = -S + S(0) + \rho(\log S - \log S(0))$$

ゆえに

$$I(S) = S(0) + I(0) - S + \rho \log\left(\frac{S}{S(0)}\right)$$

と言える。さらに

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\rho}{S}$$

であるから $I(S)$ は

$0 < S < \rho$ において S の増加関数
 $\rho < S$ において S の減少関数

である。また、

$$I''(S) = -\frac{\rho}{S^2} < 0$$

であるため $I(S)$ のグラフは上に凸である。また

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI < 0$$

であるため初期時点 $(S(0), I(0))$ の点を出発する $(S(t), I(t))$ は時間経過とともに以下の図一の矢印の方向 (S 軸負の方向) に向かっていく
さらに、

$$S(0) + I(0) = n$$

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = -\gamma I < 0$$

より $S(t) + I(t) < n$ である。以上を踏まえると $S-I$ は以下のように表せる。(時間経過とともに矢印の方向へ進んで行く)

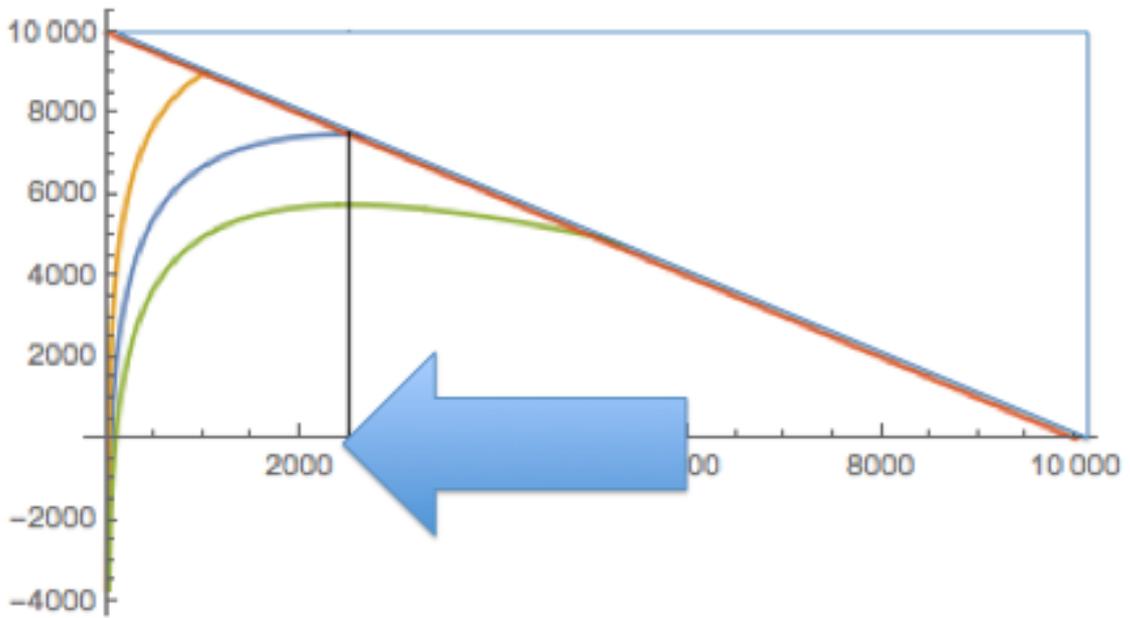


図 1

$\rho=2500, n=10000, S(0)$ は上から 1000, 2500, 5000

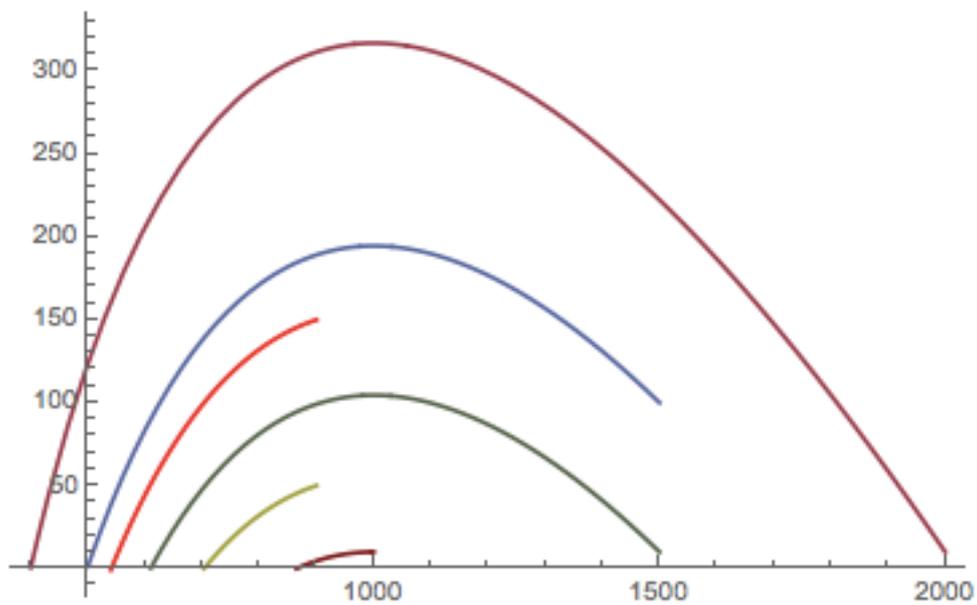


図 2

全て $\rho=1000$ における S-I 平面

上から $(S(0), I(0))=(2000, 10), (1500, 100), (900, 150), (1500, 10), (900, 50), (1000, 10)$

この図2から伝染病の流行はほとんど感染者 $I(0)$ の影響を受けず、感受性者 $S(0)$ からの影響の方が大きい。そして $S(0) < \rho$ ならば、 $I(0)$ がかなり大きな値でも流行は起こらないが、 $\rho < S(0)$ ならば $I(0)$ がかなり小さい値でも流行が起こる。

このことは上に記した $\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\rho}{S}$ から同じことが推測できる。

$S(0)$ が ρ を越すかどうかによって流行する ($I' > 0$ となる時刻 t または S が $S(0)$ より小さい範囲で存在する) かどうかが決まるので ρ は閾値と呼ばれる。

ここで、流行の激しさを表す一つの目安として次のような比 I_ρ を考える。

$$I_\rho = \frac{S(0) + I(0) - S(\infty)}{S(0)}$$

これは、初期の感受性者の数で一度でも感染した人数を割ったもので、これが大きいほど流行が激しいと予測できる

また、 $S(\infty)$ は即ち $I(\infty)=0$ なので以下のようにして求める

$$S(0) + I(0) - S(\infty) + \rho \log\left(\frac{S(\infty)}{S(0)}\right) = 0$$

これを解いた時の解のうち $0 < S(\infty) < \rho$ の範囲内にあるものが $S(\infty)$ となる

ρ	S(0)	I(0)	S(∞)	$I\rho$	
1000	1500	1500	10	610	0.60
1000	1500	1500	20	594	0.62
1000	3000	3000	10	995	0.67
2000	1500	1500	10	1471	0.03
2000	1500	1500	20	1444	0.05
2000	3000	3000	10	1235	0.59
3000	1500	1500	10	1490	0.01
3000	1500	1500	20	1480	0.03
3000	3000	3000	10	2762	0.08
4000	1500	1500	10	1494	0.01
4000	1500	1500	20	1488	0.02
4000	3000	3000	10	2971	0.01
5000	5500	5500	10	4444	0.19
4000	4500	4500	10	3468	0.23
3000	3500	3500	10	2497	0.29
2000	2500	2500	10	1537	0.39
1000	1500	1500	10	610	0.60
3000	10	10	3500	3	350.70
3000	2999	2999	1000	1167	0.94
3000	3001	3001	1000	1167	0.94
3000	3200	3200	10	2697	0.16
3000	3100	3100	10	2743	0.12
3000	3000	3000	10	2761	0.08
3000	2900	2900	10	2742	0.06
3000	2800	2800	10	2692	0.04
3000	3203.333333	3203.333333	10	2696	0.16
3000	2803.333333	2803.333333	10	2694	0.04

表 1

表 1 から、概ね先ほど述べたように、 ρ の値が変わらない時、I(0)を二倍するより、S(0)を二倍する方が影響が大きく $\rho=2000$ のデータで特によくわかるように S(0)が ρ を超えるか否か即ち閾値を超えるかどうかで大きく値が変わることがわかった。しかしながら表の後半からわかる通り S(0)I(0)に極端な値を入れる

と $I\rho$ の値は上記した特性を示さないことがあった。また、 $I\rho$ の値の何をもって流行がどの程度の規模か、また、起きるか起きないかの判断ができず、あくまで相対的な目安すぎないと言わざるを得ない。

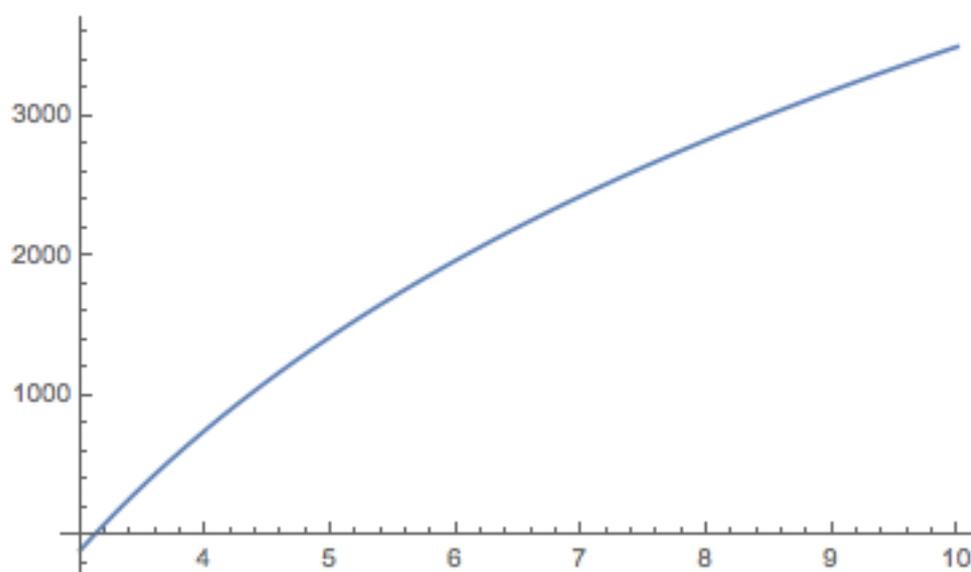


図 3 $\rho=3000, S(0)=10, I(0)=3500$

この図 3 からわかる通り、表 1 の中で $I\rho$ が最も大きな値を示した場合でも I は減少関数であり流行が起きているとは言えない。(最も $t=0$ において感染者がこの規模であるという前提自体がおかしくはある)

第 4 章 基本生産数 R_0

ここで、R nought (R_0)という概念を導入したい。これは一人あたりの感染者がどれだけの二次感染者をもたらすかというもので以下の方法によって導出される。

まずは

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S_0 - \gamma)I(t)$$

を考える。

$$\lambda_0 = \beta S_0 - \gamma$$

とし、Iを変形すると

$$I(t) = e^{\lambda_0 t} I(0)$$

と表せるここで

$\lambda_0 = \beta S_0 - \gamma$ は感染者の初期成長率であり、 $\lambda_0 > 0$ の時に流行が起きると言える。これを書き換えると

$$\frac{\beta S_0}{\gamma} > 1$$

表すことができる。

感染性期間の長さを T とするとある個人の感染からの経過時間を τ において隔

離、回復（除去）される確率密度が $\gamma e^{-\gamma t}$ であるため、

$$T = \frac{1}{\gamma}$$

と表せる。T はある個体が感染してから二次感染を起すまでの平均待機時間これらより

$$R_0 = 1 + \lambda_0 T$$

が、予測できる。また、

$$R_0 = 1 + \lambda_0 T = 1 + \frac{\beta S(0) - \gamma}{\gamma} = \frac{S(0)}{\rho}$$

R_0 の性質上、 $R_0 > 1$ ならば感染者が増えていくため、流行が起こる。

$$R_0 > 1 \Leftrightarrow \frac{S(0)}{\rho} > 1 \Leftrightarrow S(0) > \rho$$

よって、 R_0 は流行の判断基準足り得ると言える。

ここでワクチンについて述べたい。

ある集団内でワクチン接種効果が ε （ ε の確率でワクチンを接種した人は免疫を持つ）、ワクチン接種者の割合が p とする。即ち εp が免疫保持者の割合になる。免疫保持者は即ち除去者であり、感受性者に含まれない。よってこの場合の再

生産数は $(1-\varepsilon p)R_0$ と言えるこの値が1を下回れば流行が押さえられる。この時、それを満たすワクチンの接種割合は

$$p > \frac{1}{\varepsilon} \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)$$

で与えられる。

第5章 結び

以上のように SIR モデルは活用され、現にワクチンの接種割合目標として活

用されている。

現在は研究も進み、SIR モデルを基本として、風土病を記述する非常に単純なモデルで 1970 年代頃から本格的に用いられ始めた病人が治癒したときに全く免疫できないと仮定する SIS モデルや非感染性の潜伏期を想定した SEIR モデルも存在する。また、自然死や出生も考慮したモデルも多く存在し、それぞれにあった予測がなされている。

SEIR モデル

$$\frac{dS}{dt} = b - \mu S(t) - \beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dE}{dt} = -(\mu + \varepsilon)E(t) + \beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = -(\mu + \gamma)I(t) + \varepsilon E(t)$$

$$\frac{dR}{dt} = -\mu R(t) + \gamma I(t)$$

E:非感染性の潜伏期

b:人口に対する出生率

μ :自然死亡率

ε :潜伏期間から感染性期への遷移率

γ :回復率

SIS モデル

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda I(t)S(t) + \mu I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = \lambda I(t)S(t) - \mu I(t)$$

λ :健康人と病人が1対1で接しているときの感染率

μ :回復率

第 6 章 参考文献

佐藤總夫著 (1987) 自然の数理と社会の数理 微分方程式で解析する II
日本評論社

稲葉寿著 (2008) 感染症の数理モデル 培風館