個人行動履歴を用いた感染モデルについて

南 凜歩 [1], 高橋 大輔 [1]
[1] 早稲田大学大学院 基幹理工学研究科 数学応用数理専攻
e-mail：r.minami@ruri.waseda.jp

1　概要

スペイン風邪，SARS，鳥インフルエンザ，COVID-19 など病原菌やウイルスが引き起こす大規模な感染の流行を，原因を究明したり，予測したり，予防したりすることは社会的にたいへん重要な課題である．古典的な予測モデルとしては，SIR モデルがよく知られている [1].

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) + \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= -\gamma I(t) \end{aligned} \tag{1}$$

このモデルの数値計算例を図 1 に示す．このモデルをベースとして，さまざまな拡張モデルが考案されている [2].

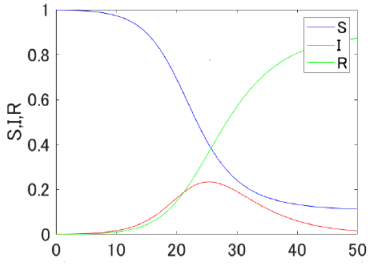


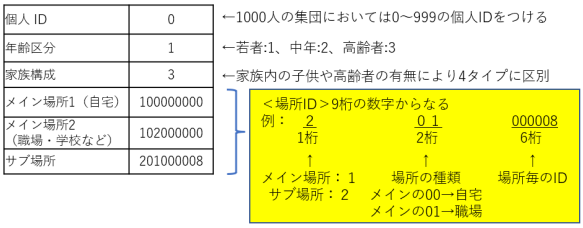
図 1. SIR モデルの数値計算例

本研究では，接触感染が重要な感染プロセスであり，病床使用率が圧迫されることと行動履歴が強く関わるような，最近に世界的な蔓延をもたらしている COVID-19 を題材とし，個人のネットワーク構造を基本とする数理モデルを構築した．このモデルは，(1) のような人口を未感染，感染などに分類したマクロモデルとは異なり，各個人を頂点とする接触ネットワークを用いるミクロモデルである．このようなモデルも従来から研究がなされている [3]．感染の最小単位は個人間の接触であり，マクロモデルでは，状態によって分類した集団間の相互作用を平均場近似によって見積もる必要があり，この精度がモデルの信頼性に結びつく．一方，ミクロモデルでは，個人ベースの接触感染を模擬するので，理想的には，全員の詳細な行動履歴がわかり，接触感染の過程が明らかであれば，マクロモデルのような相互作用の見積もりをする必要がない．また，コンピュータの性能の向上により，このようなモデルを 10 万人や 100 万人規模でシミュレートすることもたやすい．以上のような利点を考慮して，我々はミクロモデルを採用した．本モデルの詳細については次節で述べる．

2　基本モデルの構成

現行のモデルの基本構成は以下の通りである．

- 各個人ごとに，属性を持たせる．属性は，年齢区分（若者，中年，高齢者），時間帯に応じて滞在する場所（メイン場所（自宅・職場・学校など），サブ場所（公共施設・店など））から成り立つ．



- 属性に基づき，全員の行動履歴を時系列の表として作成する．
- 行動履歴は，一日を 3 つの時間帯（分かりやすく朝・昼・晩と名付ける）に分ける．また，一週間を平日（5 日間）と休日（2 日間）に分ける．
- 平日は，全員が朝は自宅，昼はメイン場所，晩はサブ場所か自宅に居るとする．休日は，全員が朝は自宅，昼と晩はサブ場所か自宅に居るとする．
- 自宅は全員が一律の感染率，メイン場所は職場・学校などの種類に応じて感染率を変える．サブ場所は年齢区分に応じて感染率を変える．
- 全員の状態を未感染，感染，感染後回復

 Copyright (C) 2022 一般社団法人日本応用数理学会

の 3 つに分ける．

- 同じ時間帯かつ同じ場所に滞在する人同士で感染プロセスが発生する．未感染者は自身の感染率によって，その場所に居る感染者全員と感染の試行を確率的に行う．すべての試行が終了すると，時間帯が次に進む．

数値計算をした結果の例が図 2 である．1000 人の集団において，感染率は一定で 5%とする．

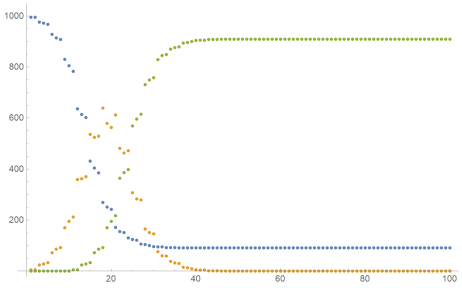


図 2. 基本モデルの数値計算

3　拡張モデル

前節の基本モデルに回復後の再感染と入院による隔離の効果を導入した拡張モデルを考える．まず，回復後再感染のみの拡張を考える．回復者は一定期間の免疫を獲得するが，未感染者と同様のプロセスで再感染することとする．自宅での感染率を 10%，そのほかの場所での感染率を 5%としたとき，結果は図 3 のようになる．

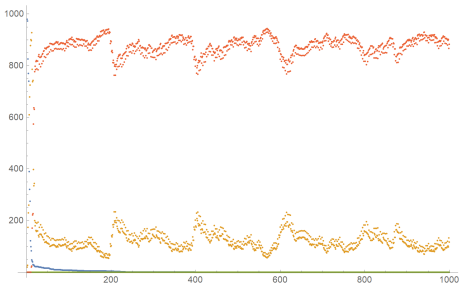


図 3. 回復後再感染を取り入れた場合の数値計算例

次に入院による隔離の効果をさらに取り入れた拡張を考える．(図 4)

- 一定の確率で感染者は病院に一定期間隔離され，隔離期間は未感染者や回復者と接触しない．よって，感染プロセスは発生しない．
- 病院で隔離出来る人数には上限を設ける．それ以上の人数は隔離することができない．

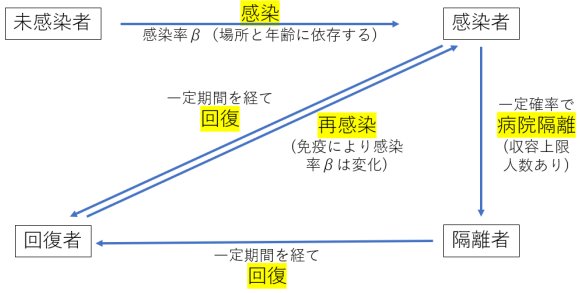


図 4. 拡張モデルの構成

この拡張モデルを用いて数値計算した結果が図 5 である．

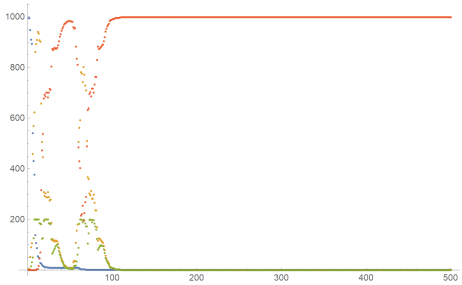


図 5. 再感染，および，入院による隔離の効果を取り入れた場合の数値計算例

本講演では，以上の基本・拡張モデルの構成の詳細および得られた結果の解析について述べる．

参考文献

[1] 西浦博，稲葉寿，“感染症流行の予測：感染症数理モデルにおける定量的課題”，統計数理 (2006)，第 54 巻第 2 号 461480

[2] 土谷隆，“新型コロナウイルス感染症の広がりに関する一考察”, GRIPS Discussion Paper 20-04 (2020.4)

[3] C. Granell, S. Gómez, and A. Arenas, “Dynamical Interplay between Awareness and Epidemic Spreading in Multiplex Networks”. Phys. Rev. Lett. 111:128701 (2013). doi: 10.1103/PhysRevLett.111.128701.

 Copyright (C) 2022 一般社団法人日本応用数理学会