

SIR感染方程式の拡張

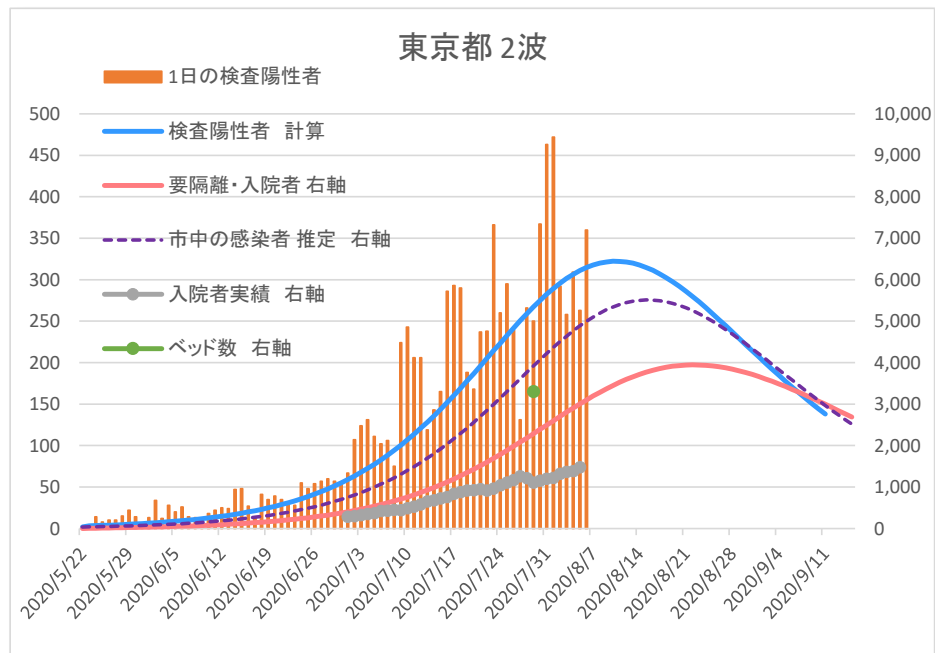
2020.09.04 SAPT研究発表会

一色 浩 (有)数理解析研究所

木下 健 東大名誉教授

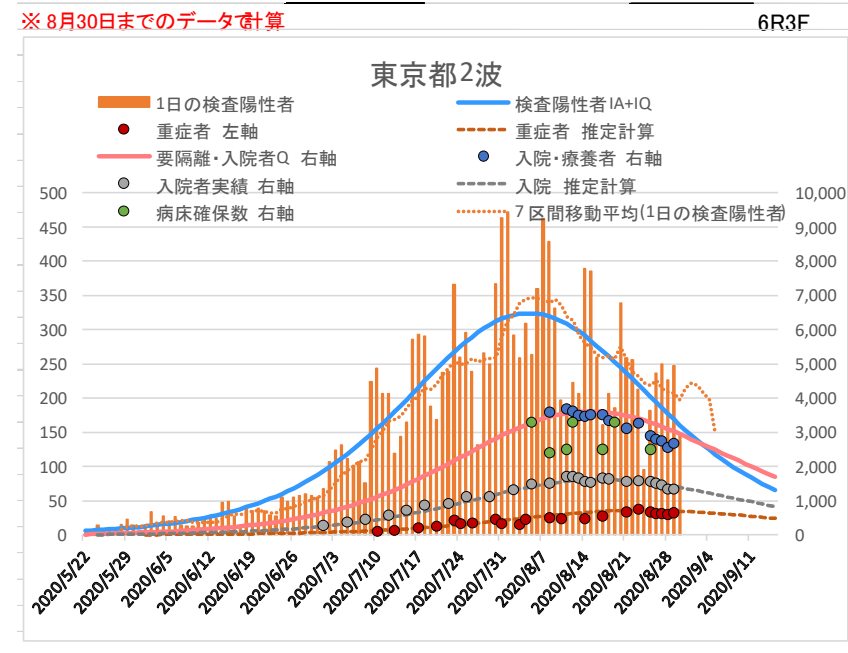
1. はじめに

- ・ SAPTオンラインサロンで4回新型コロナウイルス感染症の話をした。
- ・ その後、新型コロナウイルス感染症数理モデル研究会を結成し、活動している。<https://note.com/antivirus>
- ・ 会員の一人がコロナ予報を出している（→次ページ）。
- ・ 第3波は必ず到来するであろう。第1波、第2波の経験を活かすべし。
- ・ ワクチンの開発が目前（10月に高齢者に接種？）。
- ・ スペイン風邪の世界全体の推定感染者数は世界人口（20億人）の25-30%（WHO）、死亡者は全世界で1700万人から1億人と推定。

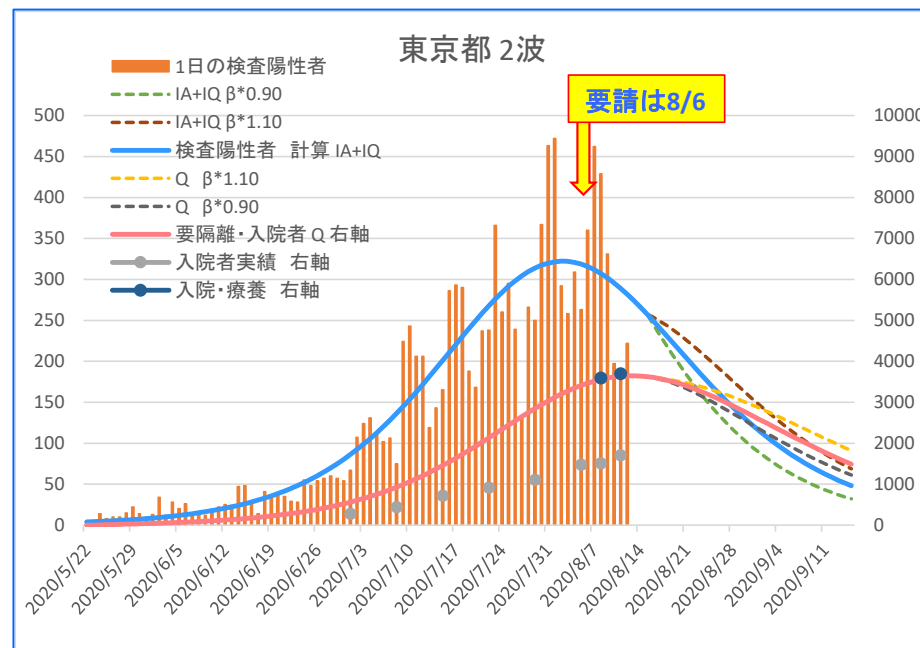


8月6日の予報↑

8月16日の予報↓



8月30日の予報↑



2. SIR感染症方程式とその拡張

Kermack-Mckendrickの方程式 (1927)

$$\begin{aligned} N &= S(t) + I(t) + R(t) & N : \text{全人口} \\ \frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\beta(t)}{N} S(t)I(t) & S : \text{未感染者} \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta(t)}{N} S(t)I(t) - \gamma(t)I(t) & I : \text{感染者} \quad R : \text{回復者} \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma(t)I(t) & \beta : \text{感染力係数} \quad \gamma : \text{回復率} \end{aligned}$$

2020年2月よりコロナは指定感染症になったので、下記のように解釈を変更すべき(小野、菊池)

I : 市中感染者 R : PCR陽性者+直接入院者
 $\gamma \rightarrow q + \gamma$: PCR陽性者率+直接入院者率

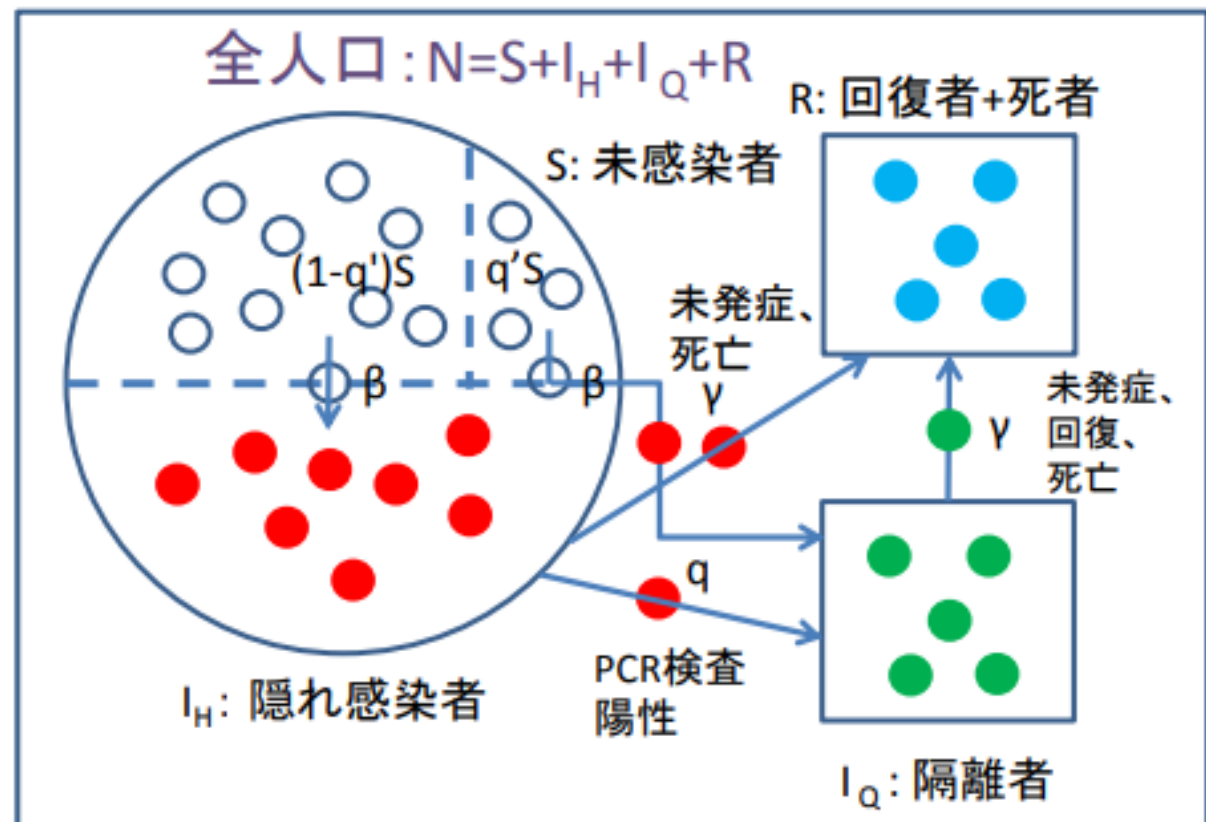
隠れ感染者の導入(小田垣のSIQR方程式)

小田垣 孝、新型コロナウイルスの蔓延に関する一考察、物性研究電子版Vol. 8, No. 2 (2020・05), pp. 1-10.

<http://mercury.yukawa.kyoto-u.ac.jp/~bussei.kenkyu/wp/wp-content/uploads/2020-082101v3.pdf>

現在の法律では感染者は全て隔離されるので、感染に関与しないはずである。一方、感染していても発症しないので野放しになっている隠れ感染者がいる。

小田垣の
SIQRモデル



SIQR感染方程式

$$N = S + I + Q + R$$

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N} SI$$

$$\frac{dI}{dt} = (1 - q') \frac{\beta}{N} SI - qI - \gamma I$$

$$\frac{dQ}{dt} = q' \frac{\beta}{N} SI + qI - \gamma' Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \gamma' Q$$

N : 全人口

S : 未感染者

I : 市中感染者 Q : 隔離者 R : 回復者

β : 感染力係数 γ, γ' : 回復率

q' : 院内感染率

SIQR感染方程式の拡張

従来の感染方程式は、一つの人口集団を対象とする平均場理論であるので、複数の人口集団や人口密度の影響を扱えない。

右の図は感染者 $I(t)$ に対する人口 N の影響を示したものであり、人口の増加に比例して感染が拡大することをよく反映している。

しかし、人口空間に一様に感染者が現れることを前提としており、クラスターの感染者が現れる場合を反映していない。

したがって、例えば、都市の一部を部分的にロックダウン（LD）した時の効果を推定できない。

まず、無限の人口空間に一人感染者が現れた場合の感染を明らかにすべきではないのか？

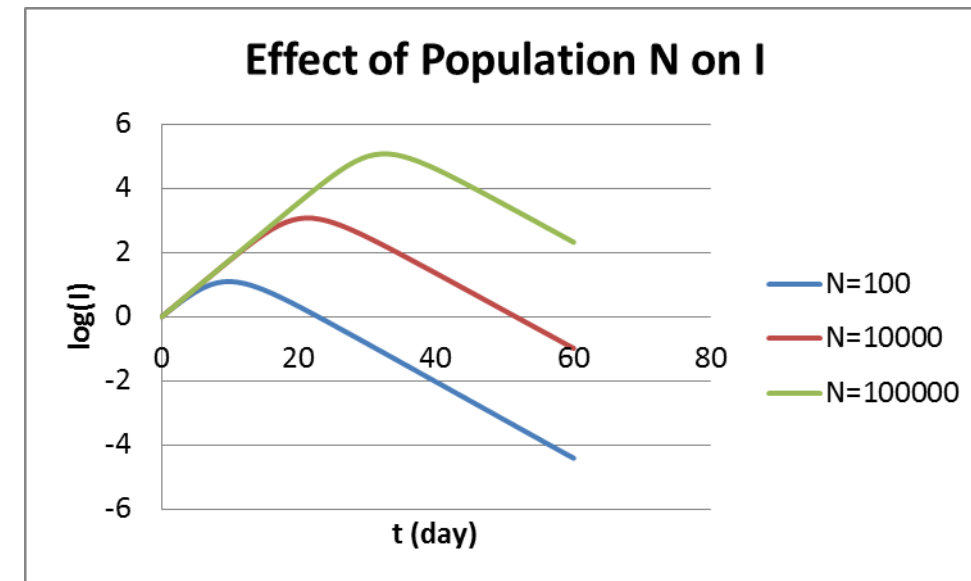


図 人口 N が感染者 I に及ぼす影響（SIQRによる計算結果）

複数の人口集団間の相互影響を考慮できるSIQR感染方程式の拡張

H. Isshiki, T. Kinoshita, Extension of SIR Infection Equation,

<https://note.com/antivirus/n/n45e80a99f6ba>

$$N_i = S_i + I_i + Q_i + R_i$$

$$\frac{dS_i}{dt} = -\frac{\beta_i}{N_i} S_i \sum_{j=1}^I \alpha_{ij} I_j (t - \tau_{ij})$$

$$\frac{dI_i}{dt} = (1 - q'_i) \frac{\beta_i}{N_i} S_i \sum_{j=1}^I \alpha_{ij} I_j (t - \tau_{ij}) - q_i I_i - \gamma_i I_i$$

$$\frac{dQ_i}{dt} = q'_i \frac{\beta_i}{N_i} S_i \sum_{j=1}^I \alpha_{ij} I_j (t - \tau_{ij}) + q_i I_i - \gamma'_i Q_i$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma_i I_i + \gamma'_i Q_i$$

感染は拡散ではなくて波動に近い伝搬をする

人口空間を格子状に配置されたセルに分割し、初期感染者が中心部のセルで集中的に発生したとする。

人の移動がないものとし、感染の伝搬は隣接セル間でのみで起こると仮定すると上の方程式は大幅に簡略化される。

このとき、感染が波動的に遠方に伝搬して行く。

このことから、感染は拡散とともに強度が減少する拡散現象というよりも、強度を保持しながら拡散する波動現象に近いといえよう。

3. ローカルロックダウン（LD）の効果

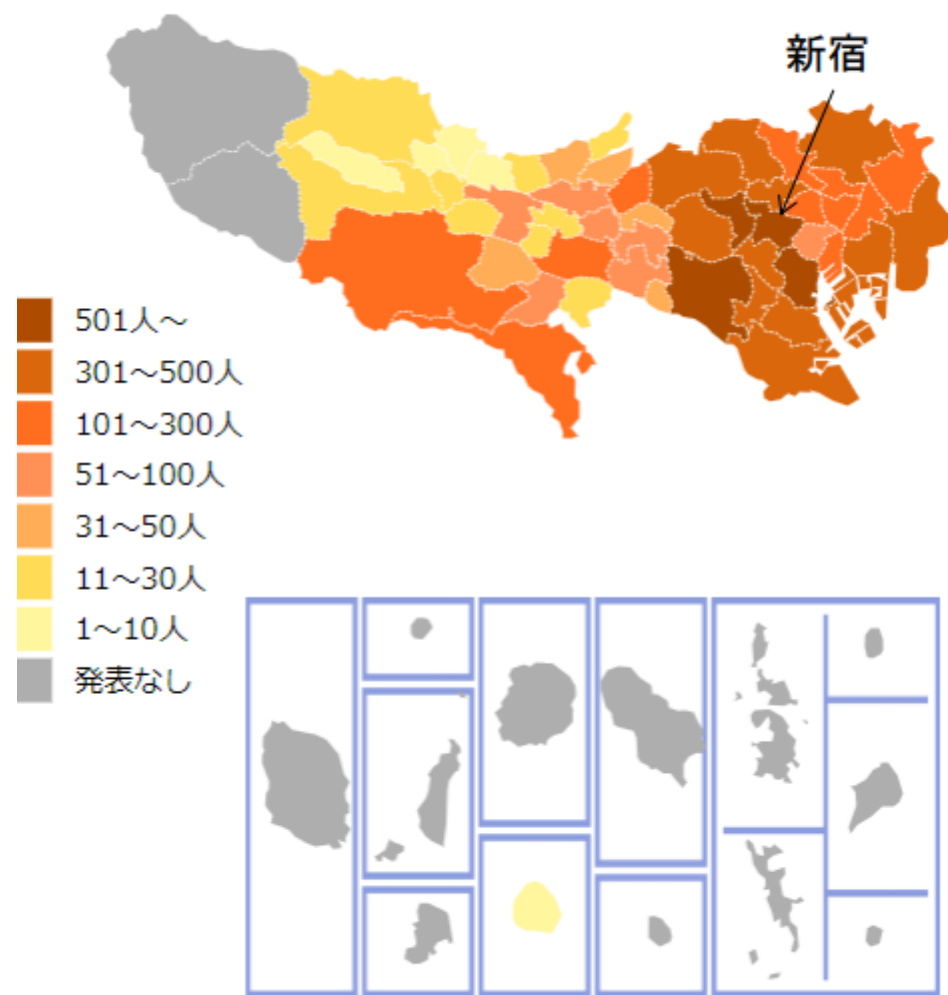
新宿区に感染のエピセンター発生

新宿区の一部をLDすることの効果は？

現在のSIR、SIQR方程式では取り扱えない

新宿区とその周辺6区

[navirus/local-tokyo/](#) ... 2020.07.29まで



感染者数 (前日差)	
新宿区	1762(+13)
世田谷区	921(+39)
中野区	571(+4)
港区	547(+13)
練馬区	499(+7)
杉並区	490(+6)
足立区	489(+6)
板橋区	416(+13)
渋谷区	414(+15)
豊島区	410(+6)
江東区	391(+4)
大田区	389(+8)
品川区	383(+23)
江戸川区	343(+9)
目黒区	334(+7)
台東区	282(+7)
北区	244(+9)
葛飾区	238(+2)
墨田区	236(+2)
文京区	223(+3)
中央区	203(+1)
荒川区	179(+4)

地図: 「国土数値情報」から作成

新宿区とその周辺6区の人口

人口（外国人を含む2020年8月1日）

	新宿1	新宿2	千代田	文京	豊島	中野	渋谷	港
2	346,198 (08.01)	0	66,759 (08.01)	227,465 (08.01)	289,249 (07.01)	336,195 (08.01)	231,430 (08.01)	260,986 (08.01)
3	346,198	0	66,759	227,465	289,249	336,195	231,430	260,986
4-1 (50/50)	173,099	173,099	66,759	227,465	289,249	336,195	231,430	260,986
4-2 (25/75)	86,549	259,649	66,759	227,465	289,249	336,195	231,430	260,986

4-1、4-2では初期感染者100人が新宿区内に均等分布、5-1では2%の人口に98%の初期感染者存在を想定

全体と各区の結果には顕著な自己相似性がみられる。

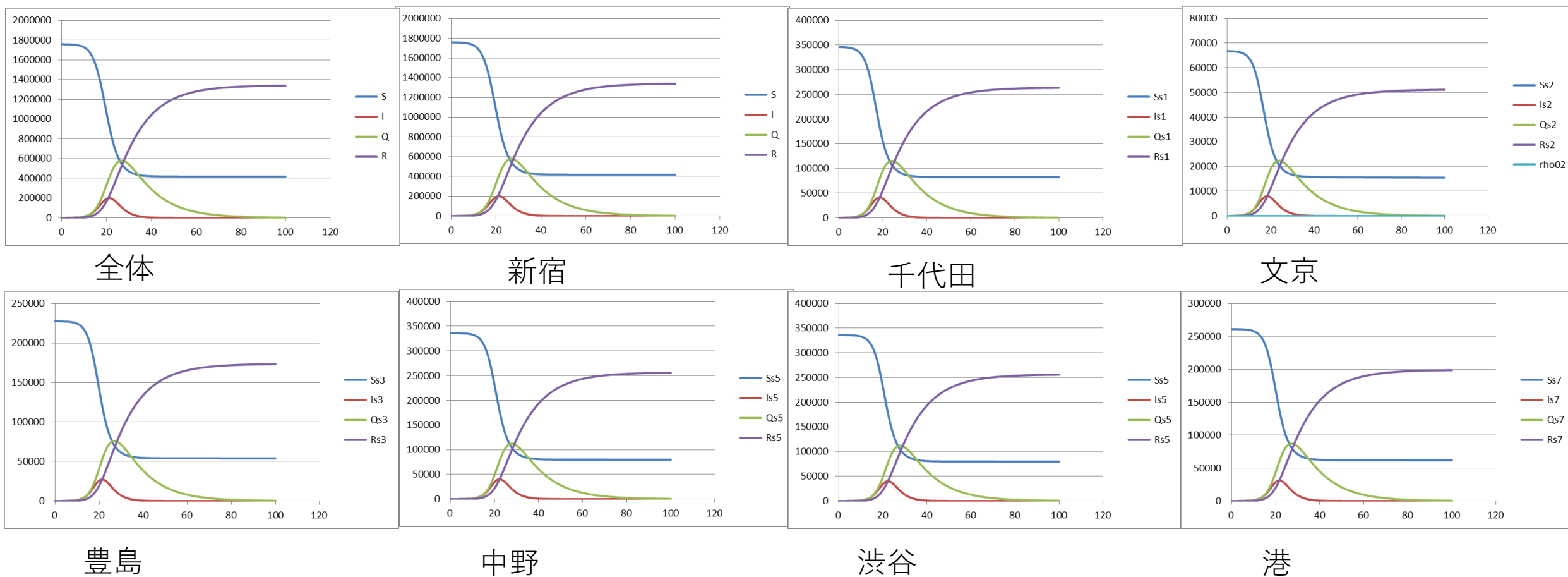


図2 全体と各区の結果にみられる自己相似性（横軸：日数） Z2

新宿区全体
LD以外に
は効果なし

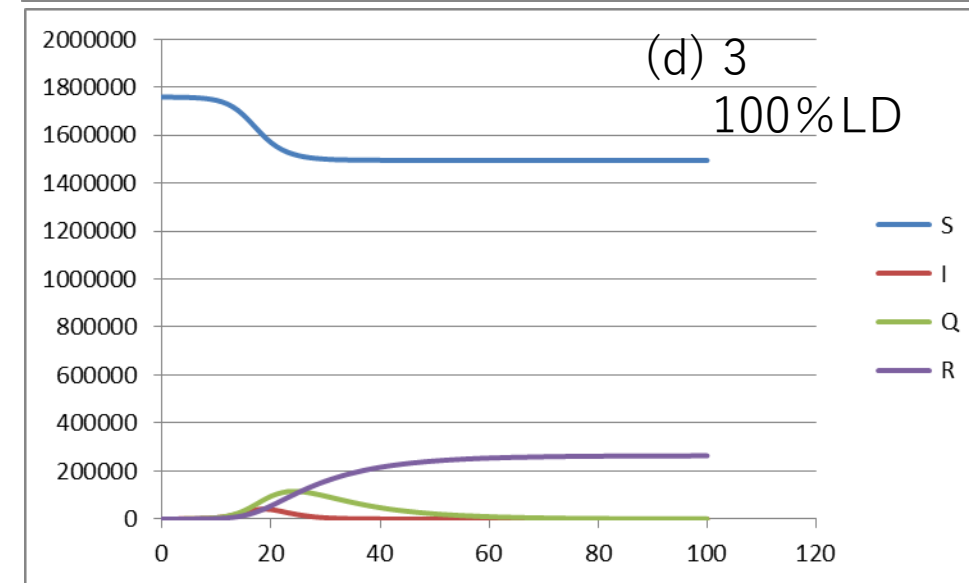
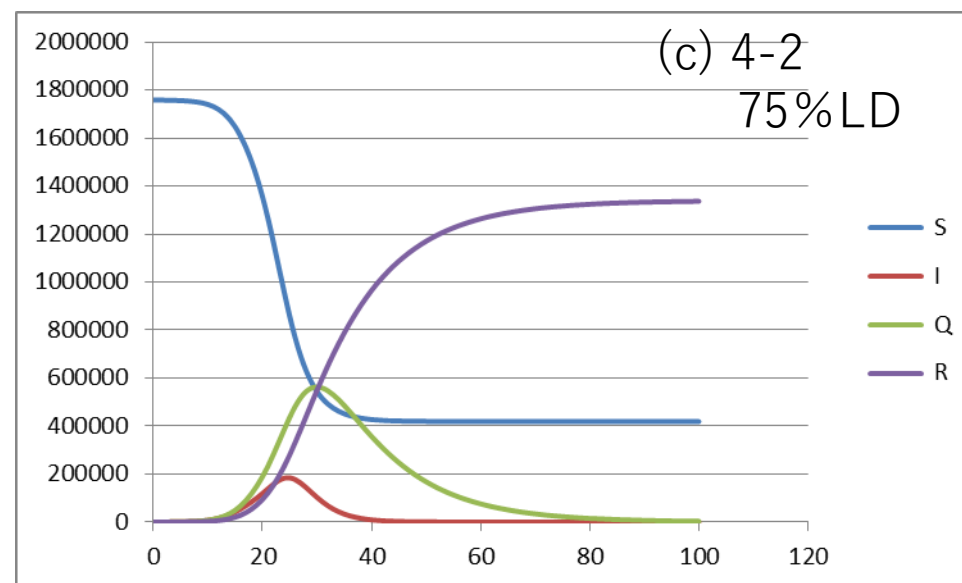
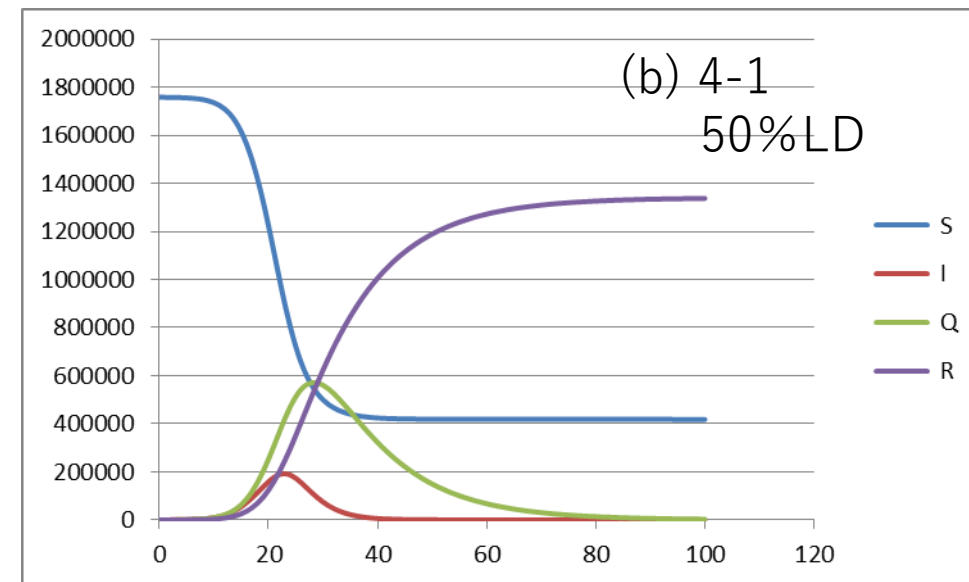
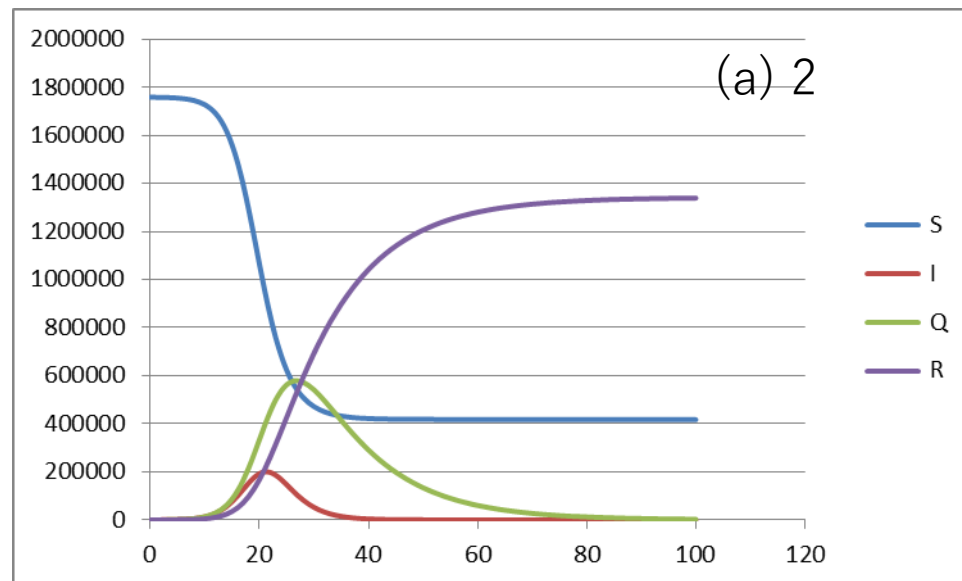
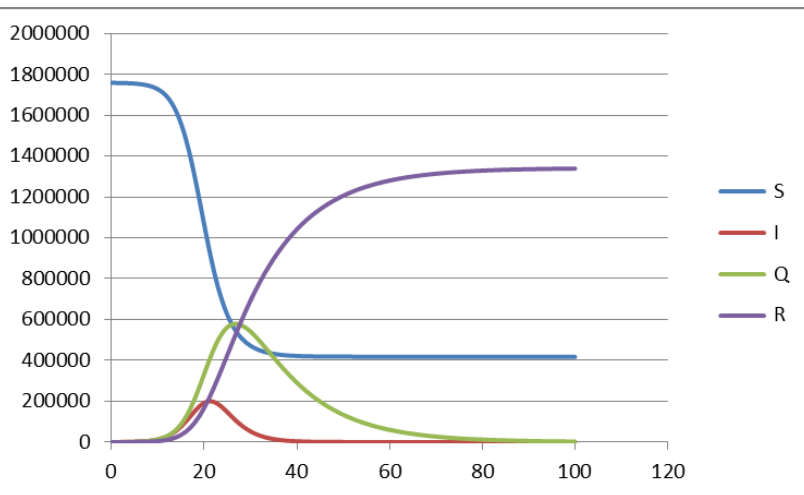
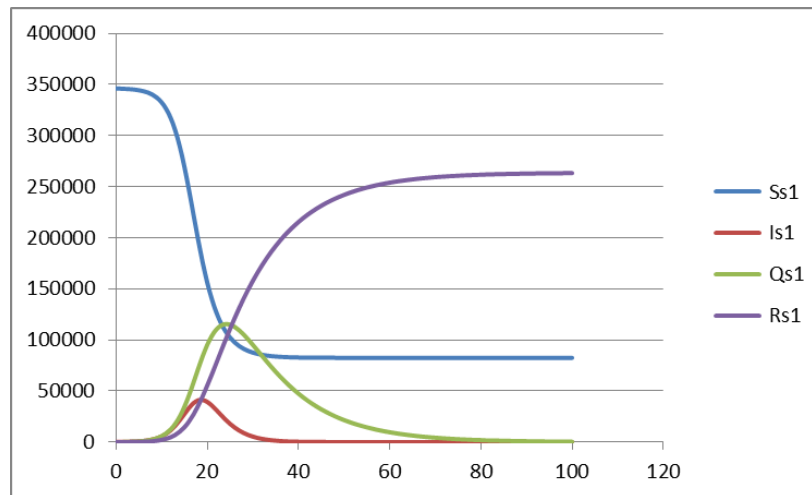


図 LDの効果：(a) 全通, (b) 50%LD, (c) 75%LD, 100%LD…新宿全体の人口と初期感染者をこの割合で新宿2に配分し、新宿2をLD…図は近接区全体（横軸：日

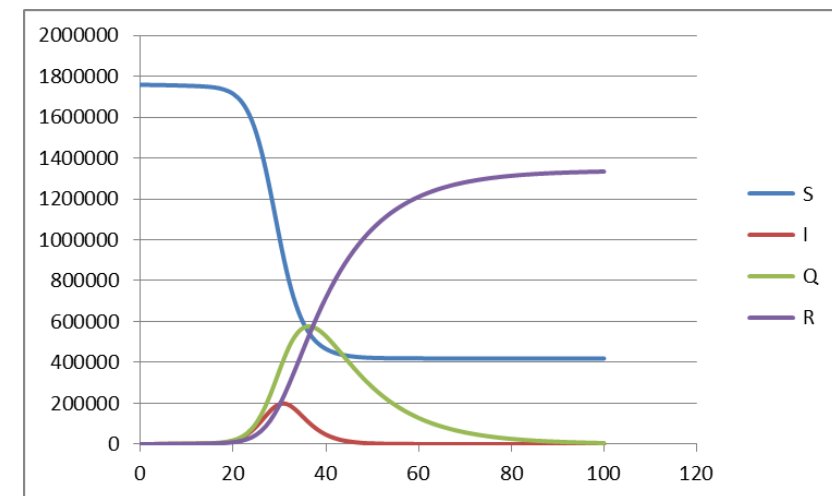


全体

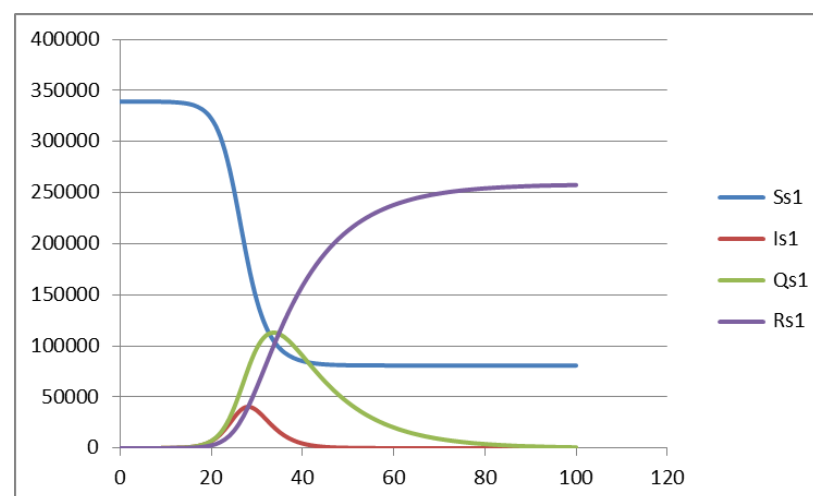


新宿

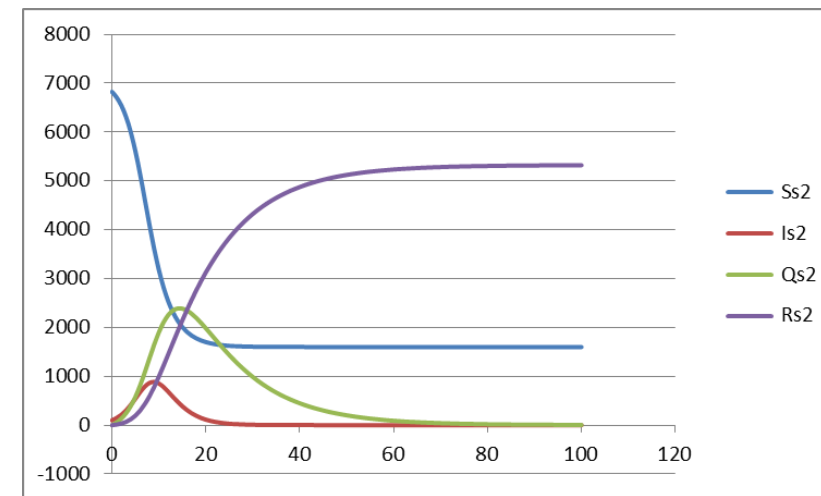
LDは感染者がLD
対象集団内に閉じ
込められている段
階で無いと有効で
ない。



全体



新宿1



新宿2

図 98%の感染者をLDしても変わらない…時間がずれるだけ（横軸：日数）

4. 結言

- ・従来の感染方程式は、一つの人口集団を対象とする平均場理論であるので、複数の人口集団や人口密度の影響を扱えない。複数の人口集団や人口密度の影響を扱えるように感染方程式を拡張した。
- ・新宿区を中心とする隣接7区について、SIQR感染方程式を拡張して使って計算したところ、**顕著な自己相似性**がみられる。人口を分割しても量的変化は見られず、時間的変化が起こる。
- ・**ローカルロックダウン (LD)** の効果を検討したが、未発症者も含む感染者を一網打尽にするようにLDをかけないと効果がない。感染者が少数出た段階の処置が大切である。ただし、LDで生まれる時間的余裕が生かせる。**要するに初動が最重要である。**
- ・本論は定性的な議論に終始したが実現象と合わせるためにSIRやSIQRでパラメーターを同定する際、小野らの「IR理論」や並木の「ISQR理論+実効感染機会人口仮説」が有効である（→研究会アーカイブ）。

参考文献

1. W. O. Kermack and A. G. McKendrick,
A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics,
1927, Proceedings of the Royal Society A.
<https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
2. 稲葉寿、伝染病流行の数理モデル、東大海洋研シンポジウム
2000年12月7-8日「個体群管理の最前線」08
https://www.ms.u-tokyo.ac.jp/~inaba/inaba2000_kaiyouken.pdf
3. 稲葉寿、ケルマック・マッケンドリック伝染病モデルの再検討、2002
https://www.ms.u-tokyo.ac.jp/~inaba/inaba2002_KMmodel.pdf
4. 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 461-480
<https://www.ism.ac.jp/editsec/toukei/pdf/54-2-461.pdf>
- 必読** 5. 稲葉寿、微分方程式と感染症数理疫学、数理科学 NO. 538, APRIL 2008
https://www.ms.u-tokyo.ac.jp/~inaba/inaba_science_2008.pdf
6. 小田垣孝、新型コロナウイルスの蔓延に関する一考察、物性研究電子版Vol. 8, No. 2
(2020・05) , pp. 1-10.
<http://mercury.yukawa.kyoto-u.ac.jp/~bussei.kenkyu/wp/wp-content/uploads/2020-082101v>
7. 小野京右，菊地勝昭、**東京都の新型コロナウイルス感染症流行に関する解析と抑圧対策
について** <https://www.jsme.or.jp/activity-to-covid19/20200810>
8. ウィキペディア（Wikipedia） 、 SIRモデル
<https://ja.wikipedia.org/wiki/SIR%E3%83%A2%E3%83%87%E3%83%AB>