

伝染病の格子モデルにおける蔓延シミュレーション

岩本侑也 泰中啓一 吉村仁 杉浦康二 横山典侑

静岡大学創造科学技術大学院[†] 工学部システム工学科[‡]

1. はじめに

伝染病には、風邪などといった症状の比較的軽いものから黒死病や SARS などといった大規模かつ致死性のものまで、様々な種類のものが存在する。これらの伝染病は、世界各地において人類に対する脅威となりつづけている。本研究では伝染病の蔓延のシミュレーションを行う。特にワクチンの接種が蔓延にどのような効果を及ぼすかを、SI モデルと SIR モデルの 2 つのモデルを用いて考察する。

2. モデルの説明

SI モデルと SIR モデルを適用し[1]、ワクチンの影響を調べる。SI モデルの各格子点は、伝染病に感染していない非感染者 S、感染者 I、ワクチン接種者 V のいずれかとする。SI モデルは以下のような式で表せる。

$$S + I \rightarrow I + I \quad (a: \text{感染率}) \quad (1)$$

この反応は、非感染者 S と感染者 I が感染率 a の確率で相互作用を起こして非感染者 S が感染者 I になるといった感染プロセスである。ワクチン接種者には感染しない。

次に SIR モデルの各格子点は、S、I、V と回復者 R のいずれかとし、以下のように反応する。

$$S + I \rightarrow I + I \quad (a: \text{感染率}) \quad (1)$$

$$I \rightarrow R \quad (b: \text{回復率}) \quad (2)$$

このモデルには、感染者 I が回復率 b の確率で回復者 R になるといった反応が加わっている。

3. シミュレーション方法

100×100 マスの格子空間上に非感染者 S または感染者 I が配置される。感染者の初期配置は（1）ランダム配置、（2）中央に集中して配置する中央配置、（3）縦一列に配置する一列配置の 3 パターンとする。ワクチン接種者 V は一定密度 V でランダムに配置される。

シミュレーション方法は、ローカル相互作用とグローバル相互作用で行った（Fig1）。Fig1 左はローカル相互作用で、4 近傍の中からランダム

に一つの格子点を選択して相互作用するものである。右側のグローバル相互作用では、ランダムに 2 つの格子点を選択して、その間で相互作用する。シミュレーションにおいて、感染者によって感染することのないワクチン接種者 V の密度は固定している。

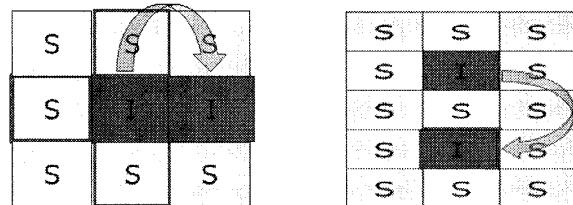


Fig1:ローカル相互作用とグローバル相互作用

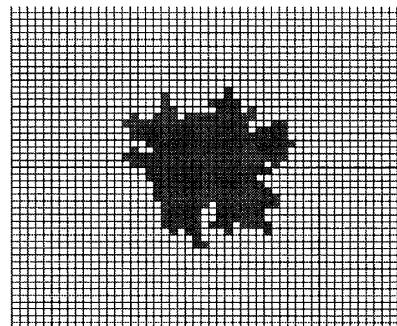


Fig2:中央配置における蔓延の様子

4. 結果

1) SI モデル

感染率 $a=0.1$ 、回復率 $b=0.01$ 、感染者 I の初期密度を 0.01 としてシミュレーションを実行した。3 通りの初期条件において SI モデルのシミュレーションを各相互作用で行った。シミュレーションの実行時の図を Fig2 に示す。 $V=0$ のとき、最終的にすべての S は I に変化する。ワクチン接種者が増加すると、感染がストップした（Fig. 3）。縦軸は $I/(I+S)$ 。最終的にどの程度感染が起きたかを Fig. 4 に示す。この図から、ローカル相互作用の場合、ワクチン接種者が 40% 付近で、感染が急激に減少している。他方、グローバル相互作用においてはどの初期条件においても感染者の割合は 100% になっている。

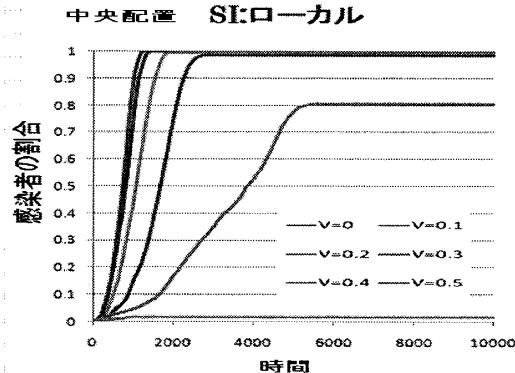


Fig3: SI モデルにおける感染者の時間的推移。

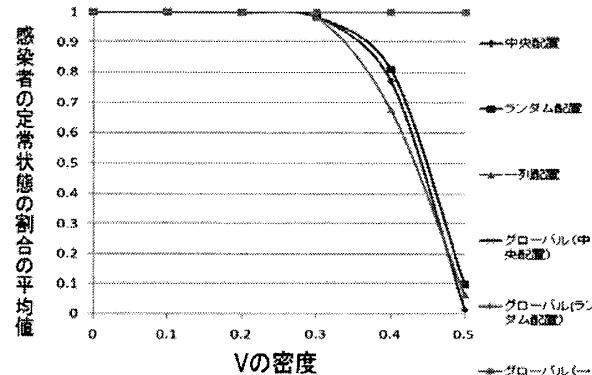


Fig.4: SI モデルの最終状態における感染者の比率。横軸はワクチン密度 (V)。

2) SIR モデル

SIR モデルでも同様の結果が得られた (Fig5)。ワクチン接種者が 40% 付近で、感染が急激に減少している。ただし、最終的には感染者はすべて回復者になる。また SIS モデルもおこなった。基本再生産数が適当なスケーリングによって簡単に表現できることがわかった。

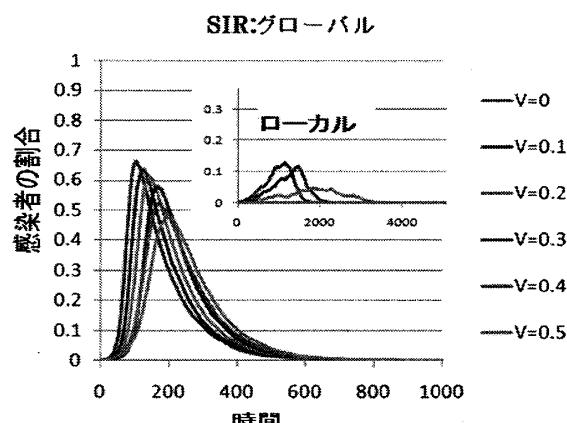


Fig5:SIR モデルにおける感染者の時間変化。

5. 非感染者 S とワクチン接種者 V の移動

非感染者 S とワクチン接種者 V を、隣り合った他の非感染者もしくはワクチン接種者と位置を入れ替えることによって、移動する場合を考える (Fig6)。この図から、移動率が高い時、V をどの密度にしても感染者の割合は 1 になるということがわかる。

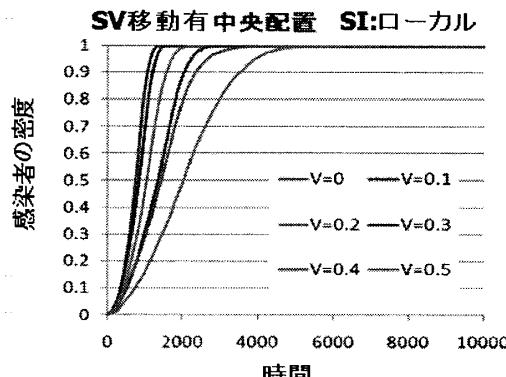


Fig6: 移動の有る場合の結果。

6. 考察

ローカル相互作用においてはワクチン接種者が 40% 付近で、感染者 I の割合が急激に下がる。これは格子空間内において感染者がワクチン接種者によって包囲されることによって伝染病の蔓延が抑えられたためと思われる。このような効果をパーコレーション転移によって説明できる [2]。ワクチン接種者が 40% 付近で、非ワクチン接種者の分断化が起きるためである。

この結果から、ローカル相互作用においては基本再生産数がワクチン接種者の密度に強く依存するということがわかった。また移動率が上昇するとグローバルの結果に近づく。これは移動によってパーコレーション効果が崩れてしまったためと考えられる。

Propagation of infectious disease on lattice space†
Yuya IWAMOTO, Keichi TAINAKA, Jin YOSHIMURA
Kouji SUGIURA, Noriyuki YOKOYAMA

†Department of Systems Engineering, Faculty of Engineering,
Shizuoka University, 3-5-1 Johoku, Hamamatsu Shizuoka 432-8561, Japan

(参考文献)

- [1] W. O. Kermack, A. G. McKendrick (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. A 115. 700-721
- [2] 小田垣 (2000). つながりの科学. 裳華房.