

同一空間内における感染拡大のミクロ・シミュレーションと マクロ数理モデルとの比較

和光 佑紀[†], 有川 正俊[‡], 佐藤 諒[‡], 高橋 秋典[‡]

[†]秋田大学 理工学部, [‡]秋田大学 大学院理工学研究科

1. はじめに

感染症はヒトとヒト同士が接触することにより感染が広がっていく。感染の仕方の例として、飛沫感染や空気感染、接触感染等が挙げられる。つまり、感染の仕方には距離や、接触の時間が大きく関係することが分かる。現在、感染症の拡大に関するシミュレータ[1]は数多く存在する。社会的モデル[2]や空間を格子状に区切りシミュレーションをするもの[3]などさまざまである。これらにはそれぞれ利点・欠点が存在する。さらに、20世紀初頭から感染症の予想を行う数理モデルの研究も多い。

本研究では、同一空間内シミュレーションに数理モデルを組み合わせることについて検討する。このことにより、同一空間内によるシミュレーションは今まで以上に理解しやすく正確なものになると考えられる。発展すれば、現実的な新たなシミュレーションを試作することも可能になると考えられる。しかし感染の仕方や、空間の広さ、空間内におけるヒトの大きさ、ヒトの動きなど課題は多く存在する。本稿では、シミュレーションの結果とモデルを比較し、モデルの再現を行うために必要なパラメータについての提案を行う。そこから新たに必要と考えられるパラメータ、後に感染症に対する対策などについて検討を行うことを目標とする。

2. 感染シミュレーションの数理モデル

今回比較する数理モデルは SEIR モデル[4]であり、これはケルマック・マッケンドリック理論に基づいて作成されたものである。SEIR モデルは式(1)-(4)の連立常微分方程式で表される。

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \dots\dots\dots (1) \\ \frac{dE(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \varepsilon E(t) \dots\dots\dots (2) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \varepsilon E(t) - \gamma I(t) \dots\dots\dots (3) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) \dots\dots\dots (4) \end{aligned}$$

SEIR モデルとは、SIR モデルの感染者の中で感染力を持たない時期 (Exposed:以下感染待機者) と感染力を持つ時期(Infectious:以下感染者)に分けるモデルのことである。ここで感受性者(Susceptible)、

回復者/隔離者(Removed)がそれぞれの S と R に当たる。さらに β は感染率, ε は感染性を得る確率である。 $1/\gamma$ は感染性期間の平均である。遷移の様子は図 1 に示す。本研究で扱うシミュレータもこのモデルのような遷移を行うものとする。



図 1 SEIR モデルの遷移の様子

3. シミュレーションの基本モデル

今回のシミュレータは Python(ver3.7)を使用言語として作成した。使用モジュールは、シミュレーションには pygame, グラフの表示には matplotlib を用いた。実行画面の様子を図 2 に表す。

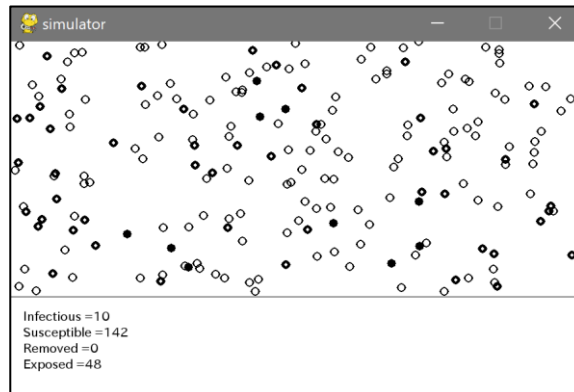


図 2 シミュレータの実行画面

図 2 のシミュレータにおいて、黒い円は感染者、白い円は感受性者、少し縁が太い円は感染しているが感染待機者、灰色の円は回復者/隔離者を表す。

このシミュレータは人数、感染率、感染に必要な時間、感染時間、空間の広さ、年齢分布を設定する。それと同時に値を SEIR モデルの式に代入する。個体の初期位置はランダム、初期感染者数は 10 とした。感染時間、感染に必要な時間は個体によりランダムに幅を与えるものとする。

時間ステップを更新し、個体はランダムに与えられたパラメータに応じた行動をとる。感染個体は、感受性者に接触した際に感染率に応じて感染状態に更新する。接触回数に応じて感染のしやすさは増加するようにした。また壁に当たった際には空間内にとどまるよう反射するようにした。

Comparison of Micro Simulation of Infection Spread in the Same Space and Macro Mathematical Model

Yuki Wako[†], Akita University
Masatoshi Arikawa[‡], Akita University
Akinori Takahashi[‡], Akita University
Ryo Sato[‡], Akita University

同一空間内によるシミュレートのため、時間ステップが更新されるごとに感染率が增加する設定にした。これは換気が十分に行われていない空間を想定しており、その場合感染率が上昇するためである[5]。感染者及び感染待機者が0人になったらシミュレート終了する。

シミュレート後は各値の増減の様子がグラフとして表示される。併せて生成された SEIR モデルのグラフとシミュレート結果のグラフとの比較を行い、相違点について議論していく。

4. シミュレーション結果

試作シミュレーションでは個体の数を 200, 個体の大きさを半径 7pixel, 空間の広さ 1100×1100(pixel)で行った。感染時間, 感染にかかる時間はともに 10 秒とし, 感染時間は±5 秒, 感染にかかる時間は±3 秒程度のランダム性を持たせた。また, 感染率は 50%とした。

SEIR モデルの結果を図 3 に, 10 回シミュレートを実行した結果を図 4 に示す。それぞれのグラフは各個体の増減の様子を表示したものである。それぞれのグラフの縦軸は個体の数, 横軸は試行時間である。時間 t はシミュレート時間の合計を試行回数で割った値とした。

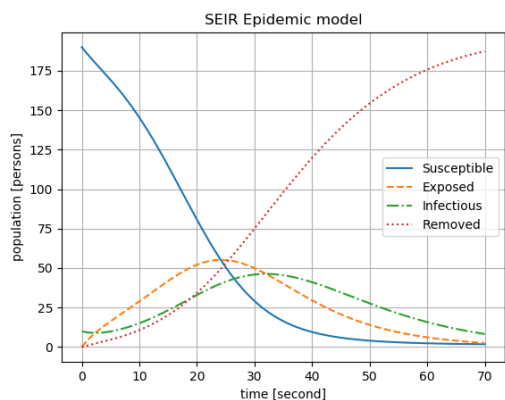


図 3 SEIR モデルによる計算結果

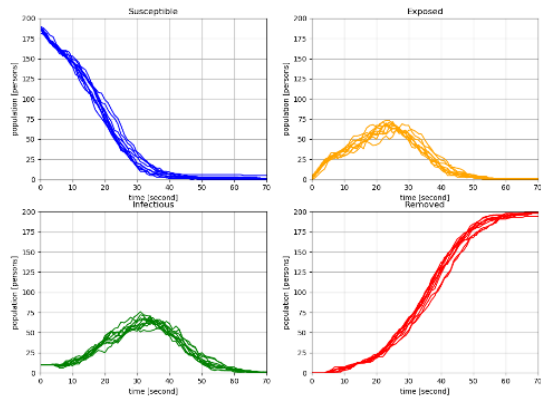


図 4 シミュレーション結果

図 4 では, 左上が感受性者, 右上が感染待機者, 左下が感染者, 右下が回復者/隔離者を示す。

グラフの結果から Exposed はモデルと同様 23 秒付近でピークを迎え, Infectious は 33 秒付近でピークを迎えた。平均試行時間は 70 秒となった。

それぞれの図に注目すると, SEIR モデルのグラフと左下の Infectious のグラフの増加の様子において差が生じていることが分かる。これは個体の感染率の差がその差を生んだのではないかと予想できる。より近づけるためには, 感染率のほかには発症率の部分に新たなパラメータを加える必要がある。

現在, 感染時間と感染にかかる時間にランダムな幅を持たせているが, その時間幅の調整, 移動速度や方向のランダム性についての調整も必要な条件であると考えられた。

5. おわりに

本研究では, 指標として SEIR モデルに基づいて, シミュレータを作成した。そして空間の広さや感染時間の調節を行えば, 数値解析と同様の結果が得られることを確認した。

冒頭で説明した通りこの数理モデルは 20 世紀初頭にデザインされたかなり古いものである。藤永らが提案した感染者が感受性者に戻る可能性を考慮した SEIRS モデルなど, 新たなモデルについて考察する必要がある。

今後の課題として, 何か指標となる感染症を定め, 新たにパラメータを更新する必要があると考えた。個体同士の大きさや空間の広さを調節することにより, 密度による感染のしやすさについても考察できると考えられた。そこから適切なヒト同士の距離を結果から導く出すことも可能になると考えられる。同一空間内の利点を活かしたシミュレータの作成を目標とする。

謝辞

本研究は JSPS 科研費 JP19H04120, JP17H00839, JP16H01830, JP19K20562 の助成を受けたものです。

参考文献

[1] Harry Stevens Why outbreaks like coronavirus spread exponentially, and how to flatten the curve, The Washington Post, available from<<https://www.washingtonpost.com/graphics/2020/world/corona-simulator/>>(accessed 2021-01-06)
 [2] 市川 学, 出口 弘 感染症実用シミュレーションにおける仮想都市構築法の 違いによる結果への影響分析 -日常生活スポット内包セル型仮想都市モデルの必要性-. 計測自動制御学会論文集 Vol. 49, No11, pp1012-1019, 2013
 [3] 藤長 愛一郎, 他 動的解析手法を用いたインフルエンザ対策の検討. 環境技術 Vol. 43, No. 3, pp172-179, 2014
 [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, Vol. 54, No. 2, pp461-480, 2006
 [5] Hiroshi Nishiura, et al. Closed environments facilitate secondary transmission of coronavirus disease 2019 (COVID-19), medRxiv(online), available from<<https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.28.20029272v2>>(accessed 2021-01-06)