

新型(コロナ)ウイルス拡散モデル試論

2020.4.12

石黒真木夫@統計数理研究所名誉教授

はじめに

新型コロナウイルスに対する免疫を遺伝的に備えている人は少ない。
Covid-19 ウイルスの特徴は無症状ウイルス拡散源が多いことのように思われる。

これをふまえて「それらしい」モデルでウイルス感染の発生から終息までの過程をシミュレートしてみた。

<http://hdl.handle.net/10787/120> にある論文「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」を参考にしたが、その内容を忠実に追いかけたものではないことを断っておく。

シミュレーションモデルの骨格と基本的な考え方と

ある人口集団を未感染者、ウイルス感染源、免疫獲得者、死亡者に分類し、未感染者がウイルス感染源の一員と接触したときにある感染確率で未感染者が感染してウイルス感染源となるものとする。

ウイルス感染源のウイルス拡散は14日間つづき、14日目に「死亡率」に従って死亡者と免疫獲得者に分かれ、免疫獲得者はもはやウイルスを拡散することも再感染することもなくなる。

このモデルでは時間の経過とともに未感染者は単調減少、免疫獲得者は単調増加するので、感染の流行はかならず止まる。しかしそれは集団全員が感染した後である。

感染確率と死亡確率を適当に与えればシミュレーションは簡単である。いまの計算機をもってすれば人口集団の各個人の命運をたどるシミュレーションもさして難しくないが、以下で紹介するのは未感染者やウイルス感染源集団の大きさの変化を追跡するマクロシミュレーションである。確率的な現象の「期待値の動き」を追いかける決定的なダイナミクスを採用する。シミュレーションをして、算術平均の変化を見るとマクロシミュレーションの結果に「誤差」が乗ったような動きになるだろうと考えられる。

感染確率の計算

ある日 t の感染源人口を n_t^a とする。肩に a をつけたのはウイルス拡散能力が active になっている人たちの数だからである。この日の全人口を n_t とすると、ある人が接触した相手がウイルス感染源である確率は、感染源率 $r_t^a = n_t^a/n_t$ で与えられる。接触した相手が感染源であったときに感染する確率を感染率 γ_1 とすると、未感染者が「だれか」と接触したときに感染する確率は $\gamma_1 r_t^a$ で与えられる。誰かと接触して感染しない確率は

未感染者が一日に s 人と接触すると仮定すると、ある一日に感染しない確率は

$$1 - \gamma_1 r_t^a$$
$$(1 - \gamma_1 r_t^a)^s$$

従って、未感染者がある一日に感染する確率は

$$1 - (1 - \gamma_1 r_t^a)^s$$

ある日の未感染者人口を n_t^b とすると、その日に感染して新たにウイルス感染源となる人数の期待値は

$$(1 - (1 - \gamma_1 r_t^a)^s) \times n_t^b$$

となる、ある日 t が感染 1 日目となる感染源者の数を m_t^1 で表すこととすれば

$$m_t^1 = (1 - (1 - \gamma_1 r_{t-1}^a)^s) \times n_{t-1}^b$$

なんらかの方法で未感染者の一日の接触回数を ss_t に変えることができれば

$$m_t^1 = (1 - (1 - \gamma_1 r_{t-1}^a)^{ss_t}) \times n_{t-1}^b$$

となる。

ウイルス感染からの治癒

ある日 t が感染後 14 日目となる感染源者の数を m_t^{14} で表すこととする。新型コロナウイルス病の病態の詳細はよく分らないが、ここでは感染後 13 日目までだれも目立った症状は表さず、 m_t^{14} に属する人たちが確率 γ_2 で発症し、発症した人たちが確率 γ_3 で死亡するものと仮定する。ある日の発症者数の期待値は

$$n_t^e = \gamma_2 m_t^{14}$$

となり、その日の死亡者数は

$$\gamma_3 n_t^e$$

となる。

$m_t^{14} \times (1 - \gamma_2)$ 人はひっそりと感染して感染源となりひっそりと治癒して免疫獲得者となるわけである。

前スライドの「感染確率の計算」と、このスライドの「治癒」をつなぎ合わせることによってシミュレーションモデルが完成する。

次のスライドにモデルの全貌を示す。

ウイルス感染シミュレーションモデル

独立変数	記号	暫定値
感染率	γ_1	0.01
発症率	γ_2	0.1
発症者死亡率	γ_3	0.5
接触回数	s	50
調査範囲	β	20
初期人口	n_0	1000000
日付	t	0,1,2,...,600
接触係数	S_t	1,1,1,...,1

従属変数	記号	$t > 0$ の場合	$t = 0$ の場合
発症者数	n_t^e	$\gamma_2 m_t^{14}$	0
感染源人口	n_t^a	$m_t^1 + m_t^2 + m_t^3 + \dots + m_t^{14}$	1
死亡者数	n_t^d	$n_{t-1}^d + \gamma_3 n_t^e$	0
免疫獲得人口	n_t^c	$n_{t-1}^c + m_t^{14} - \gamma_3 n_t^e$	0
未感染人口	n_t^b	$n_{t-1}^b - m_t^1$	$n_0 - 1$
人口	n_t	$n_t^a + n_t^b + n_t^c$	n_0
感染源率	r_t^a	n_t^a / n_t	$1/n_0$
未感染率	r_t^b	n_t^b / n_t	$(1 - n_0) / n_0$
感染1日目	m_t^1	$(1 - (1 - \gamma_1 r_{t-1}^a)^{sst}) \times n_{t-1}^b$	1
感染k日目	m_t^k	m_{t-1}^{k-1}	0 ($k > 1$)

epidemic.xls マニュアル

- 前スライドに記述したモデルに従って数値計算するepidemic.xls というソフトを作った。次スライドにその構造を示す。
- epidemic.xls の A 列から Z 列までは前スライドで示された形で作られている。
- その右側の AC~AX 列は C~X 列のコピーである。
- B 列と AB 列を違うものにすることによって、「接触係数」に違う値を与えることによるウイルス感染進展の違いを見ることができる。
- 「独立変数」の変更は即座にシート全体に反映するので、さまざまなパラメータの値が社会とウイルスの命運にどう影響するか簡単に見ることができる。
- 数式が置かれたセルを不用意に変更すると計算できなくなるかもしれないが、元ファイルを保存しておけばダメになったファイルは捨ててしまえばいい。
- あまり使いこなしてないソフトなので、各所に不具合や間違いが残っていると思われる。適宜改良しながら遊んでみていただきたい。
- 次スライド以降に私が遊んでみた結果を紹介する。
- このモデルを拡張して、年齢による死亡率の差、社会的行動の違いを組み入れるのはさして難しくない。試してみただけであれば幸いである。

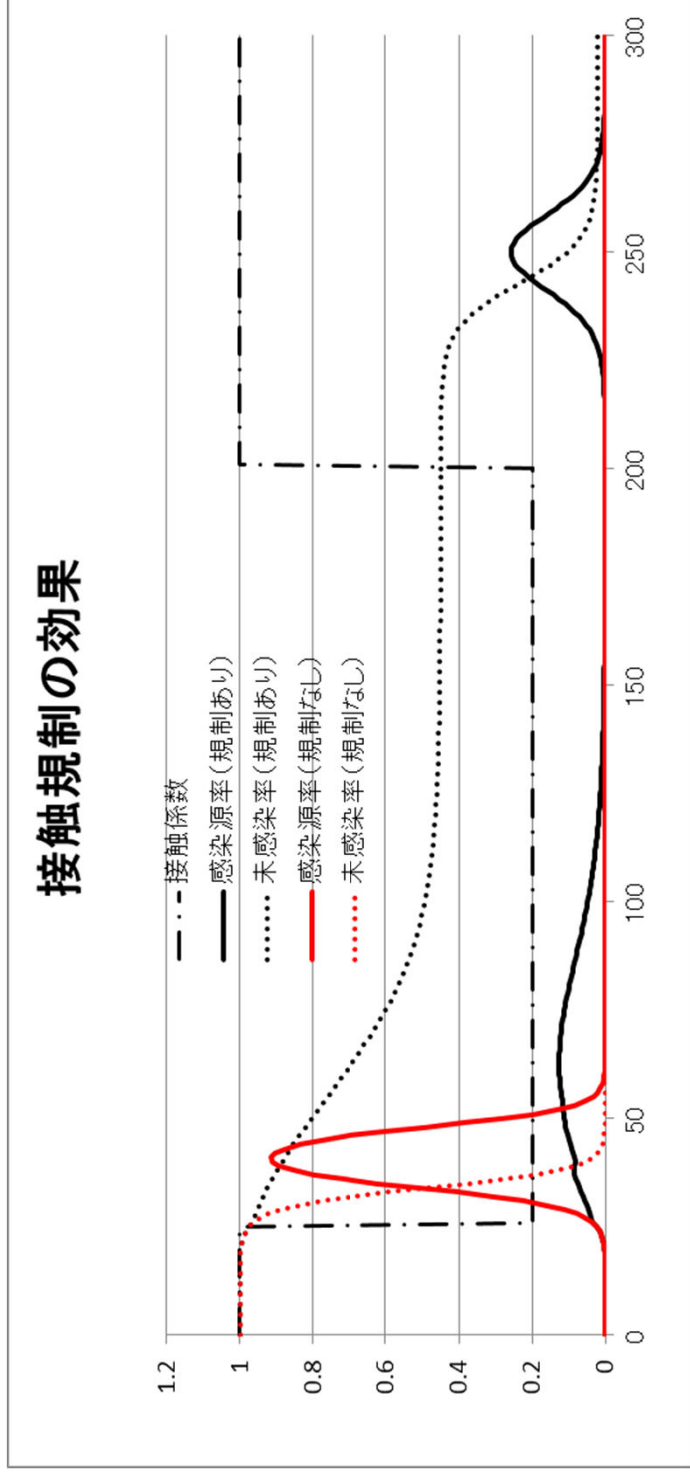
シミュレーション用エクセルシートの構造

独立変数	セル番号	暫定値
感染率 γ_1	Z1	0.01
発症率 γ_2	Z2	0.1
発症者死亡率 γ_3	Z3	0.5
接触回数 s	Z4	50
調査範囲 β	Z5	20
初期人口 n_0	Z6	1000000
日付 t	A2,A3,A4,...,A602	0,1,2,...,600
接触係数 s_t	B2,B3,B4,...,B602	1,1,1,...,1

従属変数	セル番号	数式(j=3)	数式(j=2)
感染源人口 n_t^a	Fj	=SUM(K3:X3)	=SUM(K2:X2)
死亡者数 n_t^d	Cj	=C2+X2*\$Z\$2*\$Z\$3	0
免疫獲得人口 n_t^c	Dj	=D2+X2*(1-\$Z\$2*\$Z\$3)	0
未感染人口 n_t^b	Ej	=E2-K3	=\$Z\$6-1
人口 n_t	Gj	=SUM(D3:F3)	=SUM(D2:F2)
感染源率 r_t^a	Hj	=F3/G3	=F2/G2
未感染率 r_t^b	Ij	=E3/G3	=E2/G2
感染1日目 m_t^1	Kj	= E2 * (1 - (1 - H2 * \$Z\$1) ^ (\$Z\$4 * B2))	1
感染14日目 m_t^{14}	Xj	=W2	0

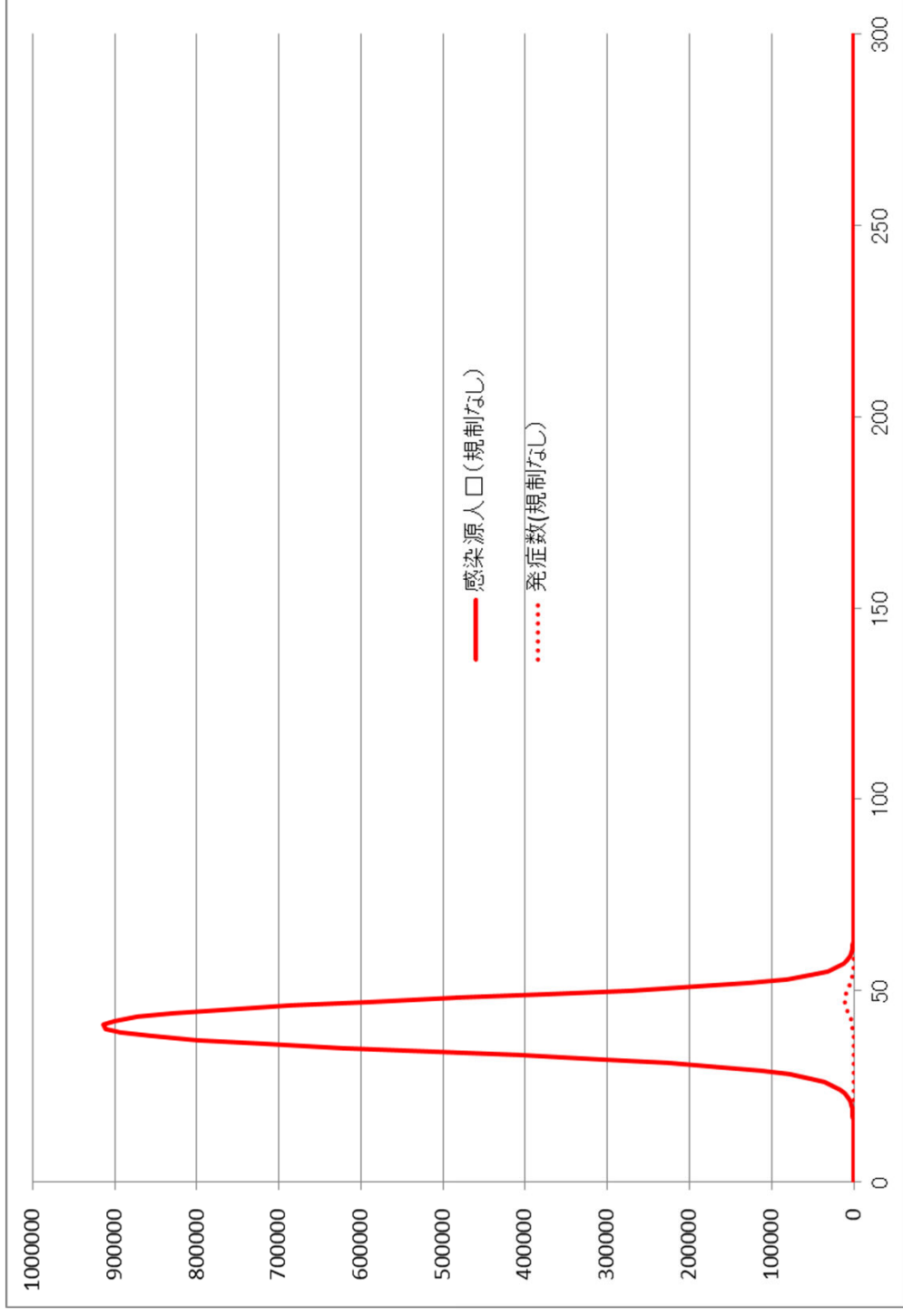
(j>3)の数式は領域「C3:X3」を選択してファイルハンドルをドラッグしてオートファイルで入力。

接触規制の効果と致死率



感染が感染源と未感染者の接触でおきるので、接触規制で感染源率を下げ、「医療崩壊」は防ぐことは可能だが。これは未感染率を「高止まり」させ、規制をはずすと残った未感染者が感染する事態が発生することを示している。接触規制で再流行時期を遅らせて得た時間的余裕を有効に使うことで致死率を下げるのが重要。それができないと、結局は死者の数は減らせないことになる。

感染源人口と発症者数の乖離



ウイルス感染で発症した人数だけを見る方法では、感染源人口がまるで見えてないはずだ。