

感染症のシミュレーションと新型コロナウイルスへの対応策

井田 喜明*, **, ***

Numerical Simulation of Infections and Risk Management of COVID-19

Yoshiaki Ida*, **, ***

感染症のシミュレーションをテーマに解析方法と主な計算結果をまとめ、新型コロナウイルス COVID-19 への対応策を議論する。感染症は感染力が回復力を上回るときに流行し、流行はねずみ算的に拡大する。感染症は流行するかどうか条件のわずかな違いや偶発的な要素に左右されるので、制御がなかなか意図通りに進まない。人間同士の接触を抑制することなどの対応策は、効果がシミュレーションで評価でき、過度の抑制が感染の第2波を招くことなどが示される。感染症の流行を防ぐ有力な対応策に検査で陽性者を見つけて隔離する方法があるが、その有効性はシミュレーションからも強く示唆される。

Keywords: 感染症、新型コロナウイルス、シミュレーション、SIR モデル、実効再生産数、検査と隔離

1. はじめに

天然痘、コレラ、チフスなどの感染症は人類の歴史を通して大きな脅威であり、文明の発達にも大きな影響を及ぼしてきた。たとえば、14～18 世紀に流行したペストは黒死病と恐れられ、ヨーロッパの人口のほぼ半数を死亡させたという。21 世紀に入っても感染症の脅威は消滅せず、インフルエンザが毎年流行し、新たに見つかったコロナウイルスは SARS (2002～2004 年) や MERS (2012 年) の流行をもたらした。

世界中をまきこむさらに大規模な感染症の流行 (パンデミック) が、新型コロナウイルス COVID-19 によって 2019 年暮れ頃から始まった。流行は中国の武漢市を起源に広がり、2020 年に入ると数か月の間に中国全土からアジア、ヨーロッパ、南北アメリカ、アフリカへと次々に拡大した。

* アドバンスソフト株式会社 研究開発センター
Research and Development Center, AdvanceSoft Corporation

** 東京大学 名誉教授

Professor Emeritus, The University of Tokyo

*** 兵庫県立大学 名誉教授

Professor Emeritus, University of Hyogo

感染を抑制するために、日本でも 4 月から 5 月にかけて緊急事態宣言が出され、人々の生活や社会経済活動に大きな制約を課した。

歴史上の感染症は、多くが集団の大半が感染して抗体を得てから終息し (集団免疫)、その過程で多くの犠牲者を出した。新型コロナウイルスをめぐっては、対応策の効果を予測するためのシミュレーションが社会でよく取り上げられる。そこで、感染症のシミュレーションについて概要をまとめ、感染症と戦う上でシミュレーションがどんな役割を果たせるかを考えたい。

感染症の数値的なシミュレーション手法としては、感染者数などの時間的な推移を現象論的な関係式に基づいて計算する SIR モデル[1]がよく使われる。SIR モデルは自然な仮定に基づいて定式化されており、感染症の性質をうまく捉えているように見える。ウイルスの感染力の強さ、発症者の回復のし易さなどはモデルの定数として組み込まれるので、モデルの適用は特定の感染症に限定されないが、逆にいえば定数の設定には任意性が残る。

本稿は SIR モデルについて計算方法や主な計算結果をまとめる。また、SIR モデルを拡張して対応策の効果を評価する機能を高める。さらに、

集団内の個々の人間の行動と相互作用を考慮する簡単なモデルをたてて、感染の具体的な拡大過程を計算する。これらのシミュレーション結果に基づいて、感染症の性質や対応策を議論する。

2. SIR モデル

感染症のシミュレーションによく使われるのは、20 世紀初期に提案された SIR モデル[1]である。このモデルは、歴史上で度々発生した実際の感染症などを題材に、感染症の解析、理解、予測のためにしばしば使われてきた。最近も 2008 年のデング熱[2]や 2014 年のエボラ出血熱[3]などの解析に用いられた。現在流行中の新型コロナウイルス (COVID-19) にも適用が試みられている[4]。

SIR モデルは、集団内の人間を感染する恐れのある無免疫者 S (susceptible)、現在感染中の発症者 I (infectious)、すでに回復した回復者 R (recover)に分け、その人数の時間的な推移を計算する。ここで、回復者は免疫を得て 2 度と発症しないものとする。なお、感染しても発症しない人も感染源になりうるので、以下の扱いではそれも I に含める。その意味で、 I は発症者よりも感染者とよぶ方が適切である。

数式を用いれば SIR モデルは次のように表現される。

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

ここで、 S 、 I 、 R は時間 t における無免疫者、感染者、回復者の人数であるが、ここではそれぞれの人数が集団に占める割合を表すものとする。

この関係式では、ウィルスへの感染は感染源となる感染者が増えても、感染を受ける非免疫者が増えても広がるから、(1)は感染による無免疫者の減少がこの両方に比例すると仮定する。回復者の数は感染者の数に比例するとして、(3)のように書く。比例定数の β と γ は経験的に決まる定数である。

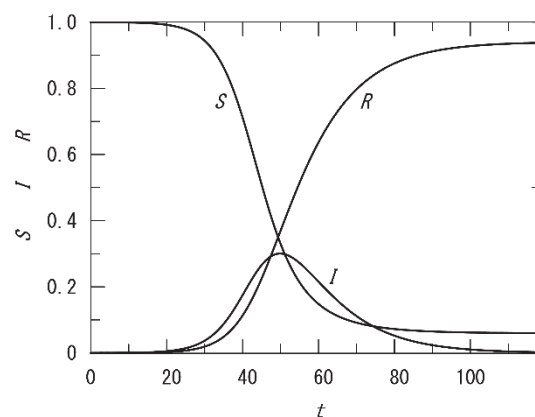


図 1 SIR モデル(1)～(3)の典型的な計算結果。無免疫者の割合 S 、感染者の割合 I 、回復者の割合 R が時間 t とともにどう変化するかを示す。定数は $\beta = 0.3$ 、 $\gamma = 0.1$ とし、初期条件は $t = 0$ で $S = 0.9999$ 、 $I = 0.0001$ 、 $R = 0$ とする。時間 t の単位を日 (day) とすれば、 β と γ の単位は 1/day となる。

無免疫者と回復者の変化を相殺する形で、感染者は(2)のように変化する。3 式を加えると $S + I + R$ は不変 (この扱いでは 1) に保たれ、集団の人数は保存される。

(1)～(3)は 3 変数 S 、 I 、 R の時間 t に関する連立 1 次常微分方程式なので、定数 β 、 γ と 3 変数の初期値が設定されれば解が定まる。本稿では常微分方程式の解はルンゲ・クッタ法で計算する。

典型的な計算結果を図 1 に示す。この計算例は定数を $\beta = 0.3$ 、 $\gamma = 0.1$ とし、初期条件を $t = 0$ で $S = 0.9999$ 、 $I = 0.0001$ 、 $R = 0$ とする。最初に存在する 0.01% (1 万人に 1 人) の感染者が種になって、感染がどう広がるかを計算したのである。

SIR モデルの定数 β は感染のし易さを、 γ は回復のし易さを表す。その値を見積もる目的もかねて、感染症が拡大するかどうかを判断するときによく用いられる実効再生産数 (effective reproduction number) を取り上げる。実効再生産数とは、ひとりの感染者が感染してから回復 (または死亡) するまでに他人を感染させる平均的な人数である。

実効再生産数を R_0 、感染してから回復 (または死亡) するまでにかかる平均的な時間を t_0 、集団の人数を N として、実効再生産数を SIR モデル

と関係づける。時間 t_0 の間の変化は、感染者数について $R_0 NI = \beta NS I t_0$ 、また回復者数について $NI = \gamma NI t_0$ となる。そこで、この 2 式から $R_0 = (\beta/\gamma)S$ が得られる。感染の初期にはほぼ $S = 1$ であるから、実効再生産数は β と γ の比に等しくなる。

ウイルスに対する実際の実効再生産数は 2~5 人と見積もられるから [5]、 $R_0 = \beta/\gamma = 3$ と仮定して定数のおおまかな見積もりを試みよう。回復者数の関係式から $\gamma = 1/t_0$ となるが、感染から回復までにかかる時間は 1~3 週間と見積もられるから、仮に $t_0 = 10$ day (10 日) とすれば、 $\gamma = 0.1$ /day となる。そこで、 R_0 の見積もりから $\beta = 0.3$ /day が得られる。実は、図 1 は日 (day) を時間の単位とみなして、定数をこのように見積もったときの計算結果である。

さて、図 1 は最初にごくわずかな感染者がいると、感染が急速に (指数関数的に) 拡大することを示す。感染者が無免疫者の間に新たな感染者を生み、その感染者がさらに別の感染者を生み出して、感染がねずみ算式に広がるのである。

しかし、感染者の増加とともに回復する人数も増え、感染の対象となる無免疫者も減って、感染者の人数はやがてピークに達する。最終的には感染者が順次回復して (このモデルでは死者は考えていない) 感染は終息する。 S の最終値、すなわち 1 と R の最終値との差は、終息までに感染せずに済んだ人の割合である。

ただし、感染が図 1 のように拡大するのは、感染力の強さに対応する定数 β が回復力を表す定数 γ より大きいときである。 β が γ より小さいときは感染が拡大せず、(1)~(3)を用いた計算でも感染者の割合は初期値から減少して 0 に収束する。この場合には、感染しても他人にうつして感染者を増やす前に治ってしまうので、感染が広がらないのである。

感染の拡大が定数 β や γ につれてどう変わるかを、感染者のピークの位置 t_p 、ピークの高さ I_p 、最終的な感染の広がり範囲 R_f について図 2 に示す。方程式 (1)~(3) はそれぞれを γ で割り、時間に γ をかけて規格化すれば、独立な変数は β と γ の比だけに

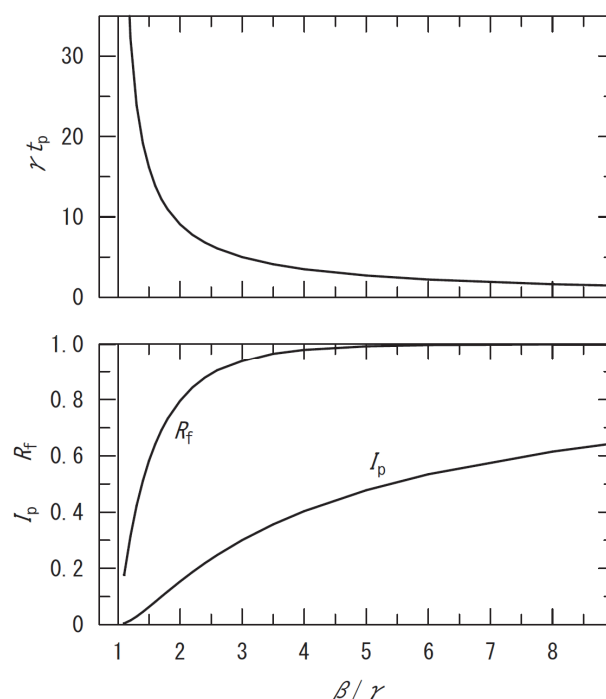


図 2 感染者数のピークの位置 t_p 、ピークの高さ I_p 、感染の最終的な広がり範囲 R_f の変化。定数比 β/γ (実効再生産数) への依存性を示す。初期条件は $I = 0.0001$ (図 1 と同じ) とした。初期条件に t_p は多少依存して上下するが、 I_p と R_f は余り影響されない。なお、 β/γ が 1 より小さいときは、 I はすぐに減少して 0 に収束し、感染は拡大しない。

なる。そこで、図 2 は t_p (無次元化して γt_p を示す)、 I_p 、 R_f を β/γ の関数として表示する。

ただし、この関係は $t = 0$ での感染者の割合 (初期条件) に依存する。特に、ピークの位置 t_p (上図) は、初期の感染者の割合が桁で変わると 10% 程度上下する。感染のピークの高さ I_p や感染の広がり R_f は初期条件に余り依存しない。

図 2 で示されるように、感染者のピーク値 I_p は β/γ が増えるにつれて増加する。現実の社会では、このピーク値が医療の受け入れ可能な容量を超えると医療崩壊が起こる。一方、感染が広がる範囲 R_f は β/γ が 1 よりわずかに大きいときは集団の一部にとどまるが、 β/γ が多少増えると感染の範囲は一挙に拡大する。 β/γ が 5 程度を超えると集団の大部分が感染する状態になる。

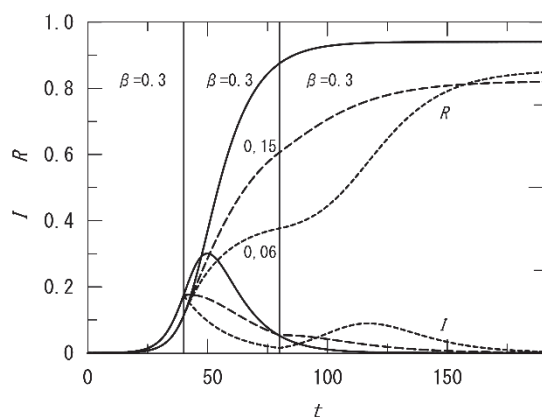


図 3 人間同士の接触の抑制などによって定数 β を途中で減らす対策の効果。 β を初期値 0.3 から $t=40$ で 5 割 ($\beta=0.15$ 、粗い点線) と 8 割 ($\beta=0.06$ 、細かい点線) 減らし、 $t=80$ で元の値に戻す場合の計算結果を、何も対策をとらない場合 (実線) と比較する。 I は感染者の割合、 R は回復者の割合である。 β を 8 割減らす場合には、解除後に感染の第 2 波が生じている。

3. 感染症への対応策の効果

SIR モデルの定数 β や γ は一定値である必要はなく、時間とともに変化する。実際の現象にも定数の変化を表すものがある。ウィルスが感染力の強い形状に変異すれば、それは β の増加を意味する。流行のし易さには季節によって変わる傾向があるが、それは β や γ が気温や湿度などに依存することに対応づけられる。感染者の統計データから見積もった実効再生産数の変動は、 β/γ の変化を表すと理解できる [5]。

感染症への対応策にも定数の変化で表現できるものがある。感染は人間同士の接触で生じるから、外出の自粛などで接触の機会を減らせば β は小さくなる。治療薬が開発されれば γ は増加する。こう理解すれば、対策の効果はシミュレーションで評価できるが、現実に合わせて定数やその変化を適切に設定するのは簡単でない、ここでは簡単な例題を使って評価の方法を定性的に示すにとどめる。

図 3 は人間同士の接触をある期間だけ抑制して β を減らす対策のシミュレーション (点線) で、そ

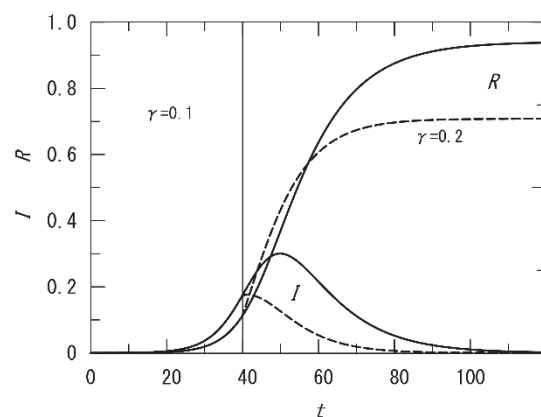


図 4 治療薬の開発などによって定数 γ を途中で増やす対策の効果。 γ が $t=40$ で 0.1 から 0.2 に上がったとして、感染者の割合 I と回復者の割合 R の時間変化 (点線) を示す。実線は対策をとらない場合である。

れを抑制なしの元の計算 (実線、図 1 と同じ計算) と比較する。接触の度合いは定量化が難しいが、ここでは単に β に比例すると仮定する。 β は $t=40$ で 5 割 (粗い点線) と 8 割 (細かい点線) 減らしてから $t=80$ で元の値 (0.3) に戻すものとする。

当然のことながら、接触の抑制による β の減少幅が大きくなるほど感染者の最大値は抑えられる。そこで、感染者数が医療の容量を超えないようにするには接触をどこまで抑制すべきかをシミュレーションで見積もることができる。

興味深いのは制御を解除した後で生ずる感染の推移である。シミュレーションからは接触の抑制が強いほど解除後に影響が長引くことが示される。特に、 β を 8 割抑制する場合には、解除後に感染が再び拡大し、感染の第 2 波が現れる。このことから、接触の抑制は制御直後の効果ばかりでなく、制御を解除した後の余波も考慮すべきであると結論づけられる。

図 4 は治療薬の開発を想定するシミュレーションで、新しい治療薬によって $t=40$ 以後に γ が 2 倍になると仮定する。この γ の増加が治療薬の効果を適切に表現するかどうかは定かでないが、 γ の増加によって感染の拡大が抑えられ、感染の広がる範囲も狭まることが定性的には示される。

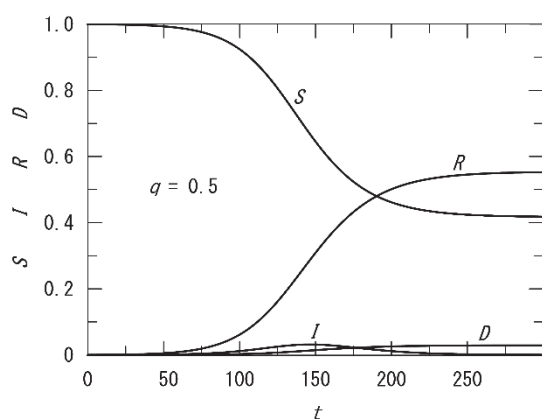


図5 感染者の5割を隔離する対策の効果。無免疫者の割合 S 、感染者の割合 I 、回復者の割合 R 、死者の割合 D の時間変化を拡張 SIR モデル(4)～(7)で計算する。定数は $q = 0.5$ 、 $w = 0$ 、 $f = 0.1$ とする。それ以外の条件は図1と同じで、定数は $\beta = 0.3$ 、 $\gamma = 0.1$ 、初期条件は $t = 0$ で $S = 0.9999$ 、 $I = 0.0001$ 、 $R = 0$ とする。

4. SIR モデルの拡張

SIR モデルは未定の定数を2つしか含まないのに高い予測能力をもつ。しかし、単純なモデルだけに、そこからはみ出る現象も少なくない。SIR モデルを多少拡張したモデルに、無免疫者 S と発症者 I の間に感染者 E (exposed)を加える SEIR モデルが知られている[6]が、応用が SIR モデルより顕著に広がるわけではない。また、SIR モデルとして解析に用いる場合にも、目的に応じてモデルにさまざまな修正が施されることがよくある[7][8]。

感染症に対処する危機管理の立場からは、シミュレーションに次の機能をもたせたい。

- (a) 死亡者数を見積もる。
- (b) ワクチンの効果を評価する。
- (c) 感染者の隔離の効果を評価する。

これらの機能を加えて SIR モデルを拡張してみよう。この内(a)は感染者 I がある割合 f (fatality)で死者 D になり、残りが回復者 R になるとすればよい。(b)は、ワクチンの効果で無免疫者 S がある割合 w で I をスキップして R になることで表現できよう。(c)は、 I の一部を q の割合で隔離し

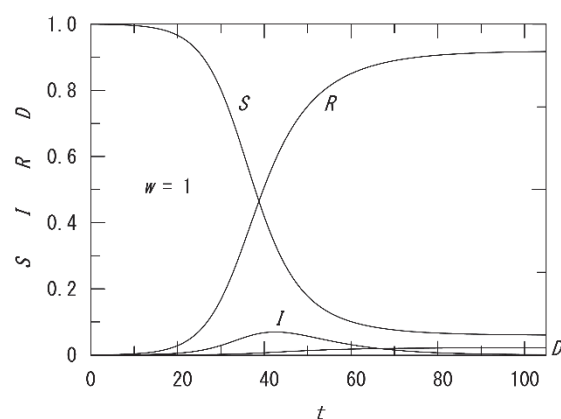


図6 ワクチンの効果。無免疫者の割合 S 、感染者の割合 I 、回復者の割合 R 、死者の割合 D の時間変化を拡張 SIR モデル(4)～(7)で計算する。定数は $w = 1$ 、 $q = 0$ 、 $f = 0.1$ とし、それ以外の条件は図1と同じに保つ。

て(quarantine)、感染の原因から抜き取ればよい。

こう理解して SIR モデルを拡張すると、微分方程式(1)～(3)は次のように書き換えられる。

$$\frac{dS}{dt} = -(\beta + w)SI \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta(1-q)SI - \gamma I \quad (5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma(1-f)I + (w + \beta q)SI \quad (6)$$

$$\frac{dD}{dt} = \gamma f I \quad (7)$$

ここで D は死者の割合である。

常微分方程式(4)～(7)の典型的な解を以下にいくつか示す。いずれも図1の事例 ($\beta = 0.3$ 、 $\gamma = 0.1$ 、 I の初期値が 10^{-4}) を基準にして、それが新しい定数の導入でどう変わるかをみる。これらの計算では、感染者の1割が死亡するとして、 $f = 0.1$ を共通に仮定する。

図5は $q = 0.5$ としたときの計算結果である。感染者を PCR 検査などで素早く発見し、感染者の半分を無免疫者の集団から隔離することを想定するのである。計算結果によれば、隔離が感染者の半分であっても、感染者数のピークは $1/10$ 程度に抑えられ、感染の時期も大幅に遅らされる。隔離をさらに進めて q が 0.7 を超えると、感染は

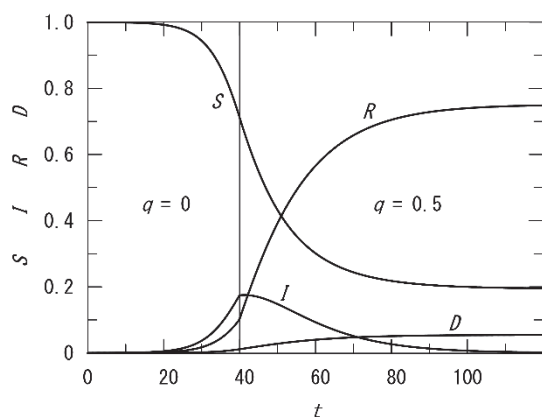


図 7 途中から感染者の 5 割を隔離する対策の効果。拡張 SIR モデルで $t = 40$ から $q = 0.5$ とする。それ以外の定数は一定で $w=0$ 、 $f=0.1$ 、 $\beta=0.3$ 、 $\gamma=0.1$ とする。 $t=0$ での初期条件は $I=0.0001$ である。

完全に止められて流行しなくなる。感染力が隔離によってそがれ、回復力が感染力にまさるようになるのである。

このシミュレーションで示されるように、隔離は絶大な効果をもち、感染の拡大を抑える上でも医療崩壊を防ぐ上でも極めて有効に作用する。隔離によって感染しない無免疫者の割合は大幅に増加する。現実の社会では、隔離が効率的にできるかどうかは、隔離する施設の整備に加えて、検査が人々の間に十分に行きわたるかどうかにかかっている。世界の事例としては、台湾で検査と隔離が早期から適切になされて新型コロナウイルスが鎮圧されたとみられている。

図 6 はワクチンの効果を示す計算例である。定数は仮に $w=1$ と設定したが、この値に根拠はない。計算結果から定性的に分かるように、ワクチンの投与で感染者の数は大幅に減らすことができる。新型コロナウイルスへの対応でもワクチンの早期の開発が望まれるが、SARS や MERS については現在までワクチンの開発に成功していない。

感染者の隔離とワクチンの投与が途中から始まる場合について、計算例を図 7 と図 8 に示す。計算は、 $t=40$ で図 7 では q が 0 から 0.5 に、図 8 では w が 0 から 1 に変化すると仮定している。

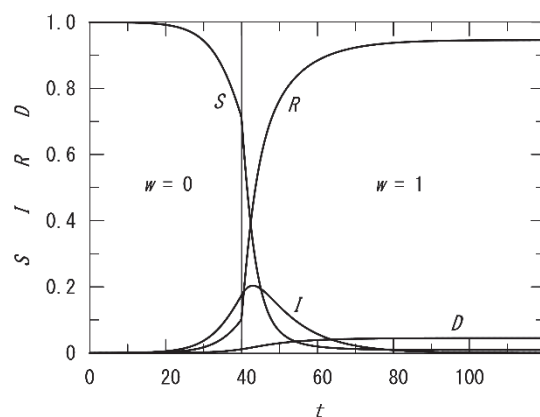


図 8 途中からワクチンを投与する対策の効果。拡張 SIR モデルで $t = 40$ から $w = 1$ とする。それ以外の定数は一定で $q=0$ 、 $f=0.1$ 、 $\beta=0.3$ 、 $\gamma=0.1$ とする。 $t=0$ での初期条件は $I=0.0001$ である。

感染者の隔離やワクチンの投与が感染過程の途中から始まっても、感染者の増加は抑えられる。隔離の場合には、感染が拡大する範囲も抑えられるが、ワクチンの場合には、回復者がやや増加する。

5. 個々の人間の感染過程

SIR モデルはウイルスへの感染の推移を集団全体で表現し、構成メンバーに何が起きているかは語らない。個々の構成メンバーの感染については、集団全員の行動と相互作用を考慮して、もっと大規模な計算をする必要がある。このような計算の枠組みとして MAS (multi-agent system) の扱いが知られている。

MAS は自由な意思で行動して相互作用をし合うエージェントの集団である。エージェントとは集団内で自由な意思をもって行動する単位のこと、個人ばかりでなく、会社などの組織や国家などの巨大集団を想定することもできる。感染症の問題ではエージェントは感染を及ぼし合う個々の人間であり、相互作用は感染者が無免疫者を感染させることである[9]。感染者の症状が変わって回復したり死亡したりすることも計算に含まれる。

現実の社会では人間の行動は複雑であり多様

である。個々の感染過程も詳細は多くの場合不明である。ここでは、人間の行動や感復過程をできるだけ単純化して、感染症の計算を実行してみよう。単純なモデルでも、エージェント間で感染がどう拡大するのか、また個別の感染や回復が集団全体にどう反映するのかについて、基本的な理解が得られる。

モデルは次のように設定する。長さ L の正方形の領域があり、その中で n 人の人間が時間 dt の間に最大速度 v の範囲で速度と方向をランダムに変えて移動する。移動の過程で無免疫者 S が感染者 I から r 以内の距離にくると、感染して I になる。また、 I は感染してから時間が t_0 経過すると、 $1 - f$ の割合で回復者 R に、 f の割合で死者 D になる。 D の位置は死亡したときのまま固定される。

モデルでは、さらに領域の境界の影響を減らすために、正方形の外側にも同じ状態が周期的に繰

り返されていて、相互作用は隣接する領域との間でもはたらき、エージェントは境界を超えて移動できるものとする（周期境界条件）。従って、感染は境界の向こう側にいる感染者からも起こる。また、正方形の右側の境界を超えたエージェントは右に隣接する領域に入るが、それは元の領域の左側の境界から入るのと同様であると理解する。こうみなせば境界は人数を制約するだけの意味をもつ。

計算結果の 1 例を図 9 に示す。この図は、特徴的な 4 つの時間について無免疫者 S 、感染者 I 、回復者 R 、死者 D の分布を記号で分けて表示する。計算で仮定した定数は $L = 100$ 、 $n = 100$ 、 $dt = 0.01$ 、 $v = 70$ 、 $r = 1$ 、 $t_0 = 10$ 、 $f = 0.1$ である。定数の単位は任意であるが、たとえば長さがメートル (m)、時間が日 (day) であると理解してよい。

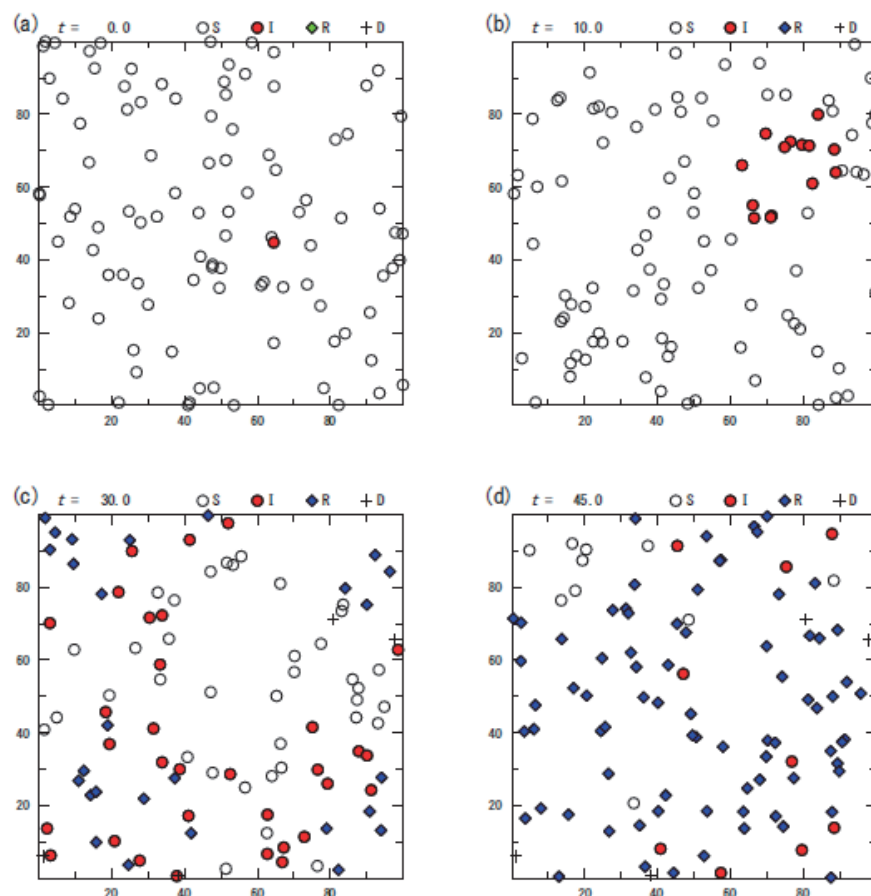


図 9 ランダムに移動する 100 人の人間の感染回復過程。特徴的な 4 つの時間について無免疫者 S 、感染者 I 、回復者 R 、死者 D の分布を記号で分けて示す。最初 ($t = 0$) は 99 人の無免疫者の間に 1 人の感染者がいる(a)。感染はクラスターをつくって始まり(b)、その後領域全体に広がってから(c)、終息に向かう(d)。定数は $L = 100$ 、 $dt = 0.01$ 、 $v = 70$ 、 $r = 1$ 、 $t_0 = 10$ 、 $f = 0.1$ とする。

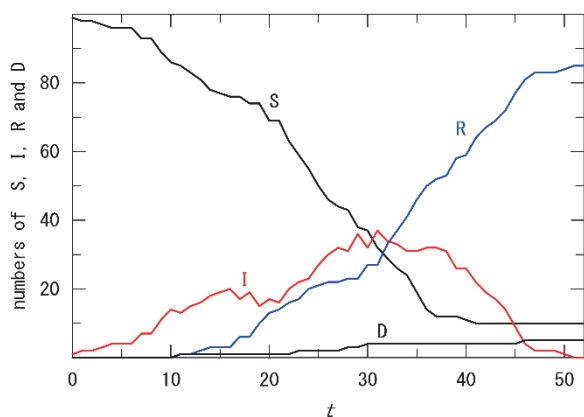


図 10 ランダムに移動する人間の感染回復過程の累積図。図 9 の計算結果を無免疫者 S、感染者 I、回復者 R、死者 D の人数の時間変化にまとめる。定数は $n = 100$ 、 $L = 100$ 、 $dt = 0.01$ 、 $v = 70$ 、 $r = 1$ 、 $t_0 = 10$ 、 $f = 0.1$ である。

図 9 の(a)は 99 人の無免疫者と 1 人の感染者をランダムに配置した初期分布である。(b)は各々が移動を繰り返して時間が 10 になったときの状態である。感染はこのときまでに広がっており、感染者はクラスター（群）をつくって特定の範囲に集まっている。このようなクラスターの形成が感染症の重要な特徴である。感染症への現実の対応では、クラスターを素早く発見して隔離できれば、感染症の流行が食い止められる。

感染がさらに続くと、感染者はやがて領域内に拡散して、感染は集団全体に広がっていく。(c)は流行の最盛期の状態で、感染者の一部が回復したり死亡したりもしている。さらに時間が経過すると、感染者のまわりに回復者や死者が増えて無免疫者が減り、流行は収まっていく。(d)は流行が終息する手前の状態で、回復者や死者に混じって最後まで感染しない無免疫者が残っている。

この感染過程を時間毎に累積すれば、S、I、R、D の人数の変化が図 10 のように描かれる。各々の曲線にはゆらぎがあるが、全体的には時間とともに無免疫者が減り、回復者と死者が増加する。感染者の人数はピークまで増加してから減少する。このような推移は SIR モデルによる予測と同じである（図 1）。SIR モデルとの関係では、感染

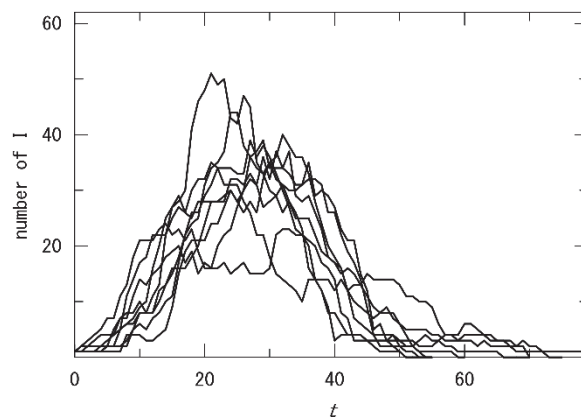


図 11 人間の分布や移動が異なる複数の計算結果。感染者 I の人数の時間変化について重ね合わせる。図 9、図 10 と同じく、定数は $n = 100$ 、 $L = 100$ 、 $dt = 0.01$ 、 $v = 70$ 、 $r = 1$ 、 $t_0 = 10$ 、 $f = 0.1$ とし、 $t = 0$ では 99 人の無免疫者の間に 1 人の感染者がいる。

のし易さを表す β は vdt/r に、回復のし易さを表す γ は $1/t_0$ に対応づけられるが、対応の詳細は究明していない。

SIR モデルでは、定数 β 、 γ と感染者の初期の割合が決まれば、その後の推移は一義的に定まる。しかし、ここで取り上げる個別の感染過程では、エージェントの分布や移動が乱数で決まるので、定数や初期の感染者数が同じでも、感染の推移は同じにならない。

定数や初期の感染者数を図 9 や図 10 と同じにして、エージェントの初期分布やその後の移動が異なる複数の計算を実行し、その結果を感染者数の推移について図 11 に重ね合わせる。感染の推移は大局的には類似な傾向を示すが、感染者数のピークの位置や高さ、感染が最終的に終息する時間などには大きなばらつきがみられる。

類似な環境で起こる実際の感染過程でも、関与する人々の個別の移動や接触の仕方には当然違いがある。図 11 はこのような微細な違いが感染症の推移に大きく影響することを示唆する。このことは SIR モデルのような集団全体の扱いでは無視されるが、個別の感染過程を計算することで拾い上げられる。

当然のことながら、感染の推移は定数の値に依

存する。たとえば、他の定数は図 9～11 と同じ値に保って、 ν を 10 程度まで下げると、最初の感染者は他人に感染させる前に回復し、感染の流行は起こらない。逆に ν を 100 程度まで上げると、感染は集団の全員に広がって、最終的には無免疫者は残らない。

結局、個別の感染過程の計算から感染症の次の性質が導かれる。

- (1) 感染はクラスターをつくって始まり、その後感染者が拡散して集団全体に広がる。
- (2) 感染の拡大は、感染者と無免疫者の接触が回復者の広がりによって遮られると止められる。
- (3) 感染の推移は偶発的な要素に左右され、類似な条件下でも異なる展開をみせる。

ここで考えたモデルは単純化されすぎており、実際の人間活動とかけ離れているようにみえるが、感染過程の基本的な特徴は捉えている。もっと現実的な状況設定として、家庭、学校、会社、交通機関などに対応する複数の領域を設け、エージェントは学生、会社員、主婦などのタイプに応じて領域間を移動するというモデルがある[10][11]。各領域内では、ここで考えたのと類似な移動感染過程が想定されたり、感染の可否が確率で決められたりする。

このようなモデルを用いて、ある地域の全住民をエージェントとするシミュレーションも試みられている。その主な目的は感染がどこでどのよう広がるかを具体的に予測することである。ただ、エージェントの行動はやはり近似的であり、感染過程には偶発的な要素も大きいので、予測と現実の間にはどうしても隔たりが残る。

6. シミュレーションからみる感染症への対応策

以上みてきたように、感染症のシミュレーションは、感染症の性質を見極める上でも、対応策の効果を含めて将来の推移を見通す上でも有効な手段である。新型コロナウイルス COVID-19 への対応には現在まで各国とも苦慮しており、日本の対応にもさまざまな問題点が指摘されている[12]。今後の対応策を決める上でシミュレーションの有効な活用が期待されるので、この視点から

感染症の対応策について議論しよう。

まず、感染症への対応がなぜ難しいのか、ここまでに得られた解析結果に基づいて理由を明確にしておこう。感染症は条件の微妙な差で流行するかどうかが決まり、流行は急速に（指数関数的に）拡大する（図 1、図 10）。また、条件のわずかな違いや偶発的な要素に結果が大きく左右される（図 2、図 11）。そのために制御がなかなか意図通りに進まないのである。

感染を抑制する対応策には、人間同士の接触を減らすこと（図 3）、治療薬を開発すること（図 4）などがある。ワクチンの開発が対応策の決定打だと考えられており、世界中で巨額の資金をかけて開発が進められているが、成功の明確な見通しはたっていない。現時点で確実に実行できる有力な対応策は、感染者を隔離して無免疫者から遠ざけることである（図 5、図 7）。

この対応策で特に強調したいのは、隔離は不完全でも大きな成果を上げうる点である。感染症は条件のわずかな違いで結果が大きく変わる。感染が拡大するのは実効再生産数 $\beta\gamma$ が 1 より大きいときだけである。そこで、実効再生産数が 1 からはみ出た分を隔離で減らせれば、感染は自然に収束する（4 章）。感染者をすべて隔離できなくても、隔離で実質的な感染力が十分に弱められれば、流行は鎮圧できるのである。

隔離は感染者を見つける検査を伴ってはじめて実行できるから、この対策にとって隔離する施設の準備とならんで重要なのは検査の体制である。新型コロナウイルスは感染者の 4 割程度が無症状のまま他人を感染させるというから、検査の重要性は特に高い。感染者を見つけるには PCR 検査と抗原検査が使える、大人数の検査を効率的に進める方法もある。

ところが、検査は誤差があるから有効な対応策にならないという主張がある。しかし、誤差は検査を繰り返すことで減らすことができる。そればかりでなく、完全な検査で感染者をすべて隔離する必要はなく、不完全な検査と隔離でも感染は鎮圧できる。この点はすでに指摘した通りだが、理解が社会に浸透していないように感じられる。

検査をいきわたらせようとする、対象者は極めて多人数になるので、検査をどう進めるかは実務的には大きな問題である。感染はクラスターの発生で始まるから（図 9）、クラスターを見つけて周辺に検査を広げる方式がよくとられる。この方式は多くの場合に有効であるが、感染者の一部が検査網から漏れて無免疫者の間にまぎれこむと、新たな感染が広がりかねない。

そこで、クラスター対策は完全な検査で感染者全員を隔離できないと失敗する恐れがある。この点は集団全体の検査と隔離が不完全でも流行を鎮圧できることと混同され、誤解されがちである。検査と隔離が感染対策として確実に成功するためには、それが集団全体にいきわたる必要がある。

感染症への対応で安易にとられがちなのは、人間同士の接触を減らして感染を抑えこむ対策である。しかし、この対策は個人の生活や行動に大きな制約を課し、社会活動や経済活動に停滞をもたらすことが多い。経済の停滞は企業の倒産、失業者の増加、生活にいきづまった人々の自殺など、さらに深刻な事態を招きかねない。

ワクチンの開発と実用化が実現しない限り、経済活動や社会活動を続けながら感染症の流行を抑えこむ対策は、集団全体にわたる検査と感染者の隔離を着実に実行するしかないだろう。その実施には政治のリーダーシップと予算の確保、社会全体の理解と協力が不可欠であるが、機運は高まっているとは感じられない。理由のひとつは検査や隔離の意味が社会に十分に理解されていないためだと思えるので、本稿が理解を進める上で多少なりとも役立つことを願っている。

謝辞

本稿は弊社の氏田博士氏、弊社 OB の戸田則夫氏、山口憲氏と議論しながらつくり上げた。ここに記して感謝の意を表したい。

参考文献

[1] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, “A contribution to the mathematical theory of epidemics”, *Proc. Royal Soc. London, Series*

A 115, 700-721, 1927.

- [2] S. Side1 and S. M. Noorani, “A SIR model for spread of dengue fever disease (Simulation for South Sulawesi, Indonesia and Selangor, Malaysia)”, *World J. Model. Simul.* 9, 96-105, 2013.
- [3] A. Rachah and D. F.M. Torres, “Mathematical modelling, simulation, and optimal control of the 2014 Ebola outbreak in West Africa”, *Discrete Dynam. Nature and Society*, vol. 2015, Art. ID 842792, <http://dx.doi.org/10.1155/2015/842792>.
- [4] 牧野淳一郎、「3.11 以後の科学リテラシー (no. 90)」、*科学*、90, 520-526, 2020.
- [5] A. Cori, N. M. Ferguson, C. Fraser and S. Cauchemez, “A new framework and software to estimate time-varying reproduction numbers during epidemics”, *Amer. J. Epidem.*, vol. 178, DOI: 10.1093/aje/kwt133, 2013.
- [6] Wikipedia, 「SEIR モデル」、<https://ja.wikipedia.org/wiki/SEIR%E3%83%A2%E3%83%87%E3%83%AB>
- [7] T. T. Yusuf and F. Benyah, “Optimal control of vaccination and treatment for an SIR epidemiological model”, *World J. Model. Simul.*, 8, 194-204, 2012.
- [8] C. Ji and D. Jiang, “Threshold behaviour of a stochastic SIR model”, *Appl. Math. Model.*, 38, 5067-5079, 2014.
- [9] 応用地質、「新型コロナウイルスの影響」、OYORMS, 2020 年 4 月 20 日、https://www.oyorms.co.jp/reports/20200420_COVID-19_report.pdf
- [10] 石西正幸・市川学・田沼秀樹・出口弘・金谷康宏、「エージェントベースシミュレーションによる高い致死性をもつ感染症対策におけるリスク分析手法の提案」、*システム制御情報学会論文誌*、27, 319-325, 2014.
- [11] 福土雄太・白井英之、「マルチエージェントを用いた並列パンデミックシミュレーション」、

情報処理学会研究報告、2015-ICS-178 No13,
1-7.

- [12] 岸本充生、「エマージングリスクとしての
COVID-19 – 科学と政策のギャップを埋め
るには」、日本リスク研究学会誌、29, 237-242,
2020.

※ 技術情報誌アドバンスシミュレーションは、
アドバンスソフト株式会社ホームページのシ
ミュレーション図書館から、PDF ファイルが
ダウンロードできます。(ダウンロードしてい
ただくには、アドバンス/シミュレーション
フォーラム会員登録が必要です。)