

数理生物学演習

第5回 疫学モデル

岩波翔也 (Iwanami, Shoya)

✉ iwanamishoya@gmail.com

🏠 <https://shoyaiwanami.com>

システム生命科学府 数理生物学研究室

資料は <https://koji.noshita.net>

第5回：疫学モデル

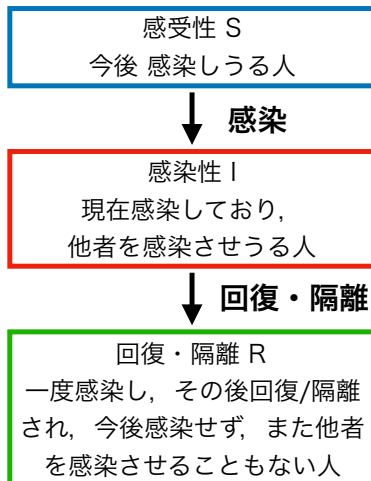
本日の目標

- SIRモデルの解析
- 基本再生産数
- ウイルス感染動態のモデルを知る

Kermack-McKendricのSIRモデル

仮定

- 人々を感受性(susceptible, S), 感染性(infectious, I), 回復・隔離(recovered/removed, R)の3状態のいずれかにある
- 感染症は感染している人と未感染の人が接触したとき, ある確率でうつる
- 感染から回復すると免疫をもち, 再び感染することはない
- 移入・移出, 出生・死亡などによる“人口の増減”はない



$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t) \end{cases}$$

β : 伝達係数
 γ : 回復率・隔離率

“人口の増減なし”

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \quad \text{とすると} \quad \frac{dN}{dt} = 0$$

基本再生産数

- 1人の感染者が, 感染期間中に再生産する2次感染者の期待値のこと
- 基本再生産数を r_0 とすれば, もし $r_0 > 1$ ならば感染症の流行が起こる

SIRモデルを仮定して, 感染初期について基本再生産数を考えてみる

初期条件を $I(0)=I_0, S(0)=S_0, R(0)=R_0$ とする。
感染症が出現したごく初期において全人口のほとんどは感受性Sで占められているとすれば, 感染性Iのダイナミクスは

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S_0 - \gamma)I(t)$$

となる。

これを解くと

$$I(t) = I_0 e^{\lambda_0 t}$$

ただし, $\lambda_0 = \beta S_0 - \gamma$

よって, $\lambda_0 > 0$ の場合に感染症の流行が起こる。

整理すると $\frac{\beta S_0}{\gamma} > 1$

つまり, この左辺が基本再生産数 r_0 .

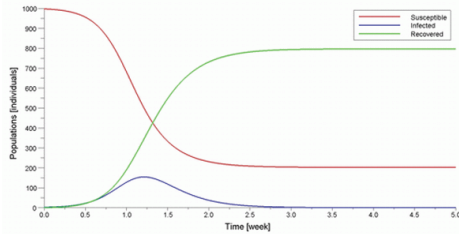
別の表現もできる。例えば, γ は回復・隔離率なので逆数 $T=1/\gamma$ は回復・隔離までの期間の期待値になる。これを使って書き直すと

$$r_0 = 1 + \lambda_0 T$$

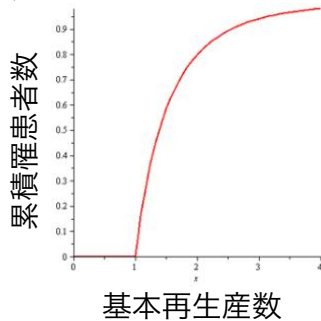
となる。
 λ_0 と T は実際のデータから推定しやすいケースが多いので, 便利かも知れない。

最終規模方程式 (final size equation)

感染症の流行が起きた場合でも全ての人
が罹患するわけではなく、流行は自然
に収束する



基本再生産数の関数として、累積罹患者
数 $R(\infty)$ を計算すると以下ようになる。



$(S(0), I(0), R(0)) = (S_0, 0, 0)$ として
最終規模 $z = \frac{R(\infty)}{S_0}$ と基本再生産数 R_0 の
関係を考える

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases} \longrightarrow I(t) = \frac{1}{\gamma} \frac{dR(t)}{dt}$$

代入して

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t) \frac{1}{\gamma} \frac{dR(t)}{dt}$$

$$\frac{1}{S(t)} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta}{\gamma} \frac{dR(t)}{dt}$$

両辺を0から ∞ まで積分して

$$\ln(S(\infty)) - \ln(S(0)) = -\frac{\beta}{\gamma} (R(\infty) - R(0))$$

$S(0) = S_0, R(0) = 0, S(\infty) = (1-z)S_0, R(\infty) = zS_0, \frac{\beta S_0}{\gamma} = R_0$ とすると

最終規模方程式 $1 - z = \exp(-zR_0)$

実際にプログラムを組んでみよう！

感受性 S
今後 感染しうる人

↓ 感染

感染性 I
現在感染しており、
他者を感染させる人

↓ 回復・隔離

回復・隔離 R
一度感染し、その後回復/隔離
され、今後感染せず、また他者
を感染させることもない人

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t) \end{cases}$$

β : 伝達係数
 γ : 回復率・隔離率

初期値
 $I(0)=I_0$
 $S(0)=S_0$
 $R(0)=R_0$

第3回・第4回の資料をもとに
オイラー法で離散化して、
プログラムを組んでみよう。

完成したら、パラメータを様々に変化させて
モデルの挙動を見てみましょう。

```
# SIRモデル
beta = 0.002
gamma = 1
x0 = 1000
y0 = 1
z0 = 0

r0 = beta*x0/gamma
print("基本再生産数は",r0,"です")

dt = 0.01
t= 0
x = x0
y = y0
z = z0
xList = [x]
yList = [y]
zList = [z]
tList = [t]

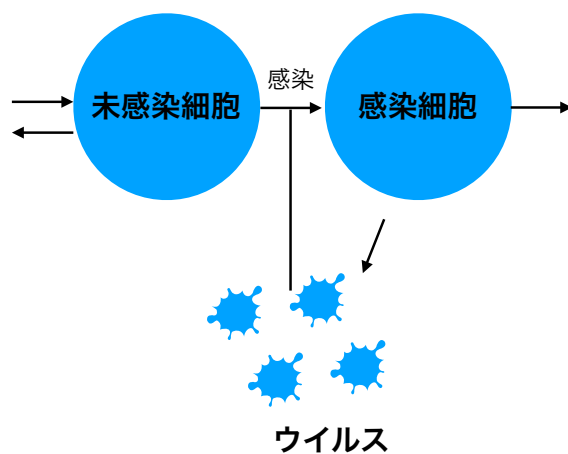
for i in range(5000):
    t = dt*(i+1)
    xx = x + dt*(-beta*x*y)
    yy = y + dt*(beta*x*y-gamma*y)
    zz = z + dt*(gamma*y)

x = xx
y=yy
z=zz
tList.append(t)
xList.append(x)
yList.append(y)
zList.append(z)

plt.plot(tList, xList,
color="#0000ff")
plt.plot(tList, yList,
color="#ff0000")
plt.plot(tList, zList,
color="#00ff00")
```

研究の話

ウイルス感染の数理モデル



$$\begin{cases} \frac{dT(t)}{dt} = \lambda - \beta T(t)V(t) - dT(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta T(t)V(t) - \delta I(t) \\ \frac{dV(t)}{dt} = \rho I(t) - rV(t) \end{cases}$$

$T(t)$: 未感染細胞数

$I(t)$: 感染細胞数

$V(t)$: ウイルス量

本日の課題

注意：氏名，学籍番号，所属を必ず書く！

1. SIRモデルを解析し，どうすれば感染症の流行を防げるか考察せよ.
2. $R_0 > 1$ の場合に解析的に導出される基本再生産数と，SIRモデルの数値計算から十分に時間が経った時の総罹患者数から導出される基本再生産数を比較する図を作成し，最終規模方程式が正しいことを確かめよ.

ハード 3. $R_0 < 1$ の時に期待される総罹患者数を導出せよ.

ハード 4. 3.の結果と，SIRモデルの数値計算の結果を比較せよ.

5. 質問，意見，要望等をどうぞ.

課題をPDFファイルにまとめてMoodleにて提出すること

本日の課題のヒント

1. パラメータについて、感染症が流行する組み合わせと流行しない組み合わせを比較して、その違いがどのような現象を表しているかを考えましょう。
2. 最終規模方程式を R_0 について解くと、十分な時間が経った時の $R(t)$ ($=z$) から R_0 が計算できます。
3. 一人の感染者から始めると、 R_0 人が感染すると期待されます。次の世代で期待される総罹患者数は $1+R_0$ となります。新しい R_0 人の感染者はそれぞれ R_0 人に感染させると期待されるので、次の世代で期待される総罹患者数は $1+R_0+R_0^2$ となります。これを続けて導出します。
4. 3.の結果を使って数値計算から得られる R_0 と解析的に得られる R_0 を比較してください。

次回予告

第6回：

5月27日

復習推奨

宣伝

数理生物学 第6回

かたちの数理モデル (1)

5月23日 2限目 10:30-

W1-D-207

内容

- 理論形態学
 - “巻き”の理論モデル
 - 分岐の理論モデル