

伝染病の流行に伴う個体数変動の微分方程式モデル — 狂牛病発症データへのコンパートメントモデルの適用 —

中桐 裕子

(慶應義塾大学大学院理工学研究科開放環境科学専攻 現所属・同大学院理工学研究科後期博士課程開放環境科学専攻)
指導教員 栗田 治 教授

1. はじめに

人や物は他に影響されて、あるいは時間の経過と共に次第にその姿や性質を変化させていく。この研究では、各個人や物体が特性を変化させることで系全体の状態が変動あるいは成長して行くさまを、単純な微分方程式モデルで記述することを試みた。特に伝染病流行という現象に着目したモデルを作成して、その解析手法や状態の解釈の方法等について考察を行う。

本研究では、複雑な環境に潜む最も単純で根本的であると思われる構造を想定して、この基本構造が生み出す大局的な流れをあぶり出すことに主眼とし、モデルによって現実を詳細に到るまで忠実に再現することを第一の目的とはしない。むしろ多くの図や指標、(他分野からヒントを得た) 諸概念を活用してモデル化した現象をできる限り多角的に眺め、数学の手法や考え方の、社会現象への適用可能性を探った。

2. 個体数変動の微分方程式モデル

本文で扱ういずれのモデルにおいても、現象に次の様な構造の存在を仮定する：

- 現象はいくつかの段階(状態)に分割される。
- ある段階にある個体数の変化量が、ある特定の段階(その個体が属する段階又は他の段階)にある個体数のみに依存して決まる(一次成長則、指数成長則、ロジスティック成長則を採用)。

本研究では特に伝染病の流行現象に着目して、免疫の有無なども考慮した伝染病モデルや、これの応用として商品購入系モデル、人口動態モデル[1]、狂牛病モデル[2]などを提案した。また、微分方程式モデルを解釈する際に有効な概念や指標：状態変化の活性化/抑制の概念、各状態の粘性(留まりやすさ)などを、化学反応速度論や薬理学各論を参考にして様々に提案し、それぞれを作成したモデルに適用してみた。

3. 伝染病の微分方程式モデル

Lotka-Volterra(捕食-被捕食系)モデルを応用して以下のような伝染病のモデルを作成、解析した：

基本モデル 発病したら必ず死亡する伝染病のモデル

対応する推移図を図1に示す。これを元にモデルを定式化すると次のような系を得る：

$$\begin{cases} y_1'(t) = b(y_1(t) + y_2(t)) - dy_1(t) - \gamma y_1(t)y_2(t), \\ y_2'(t) = \gamma y_1(t)y_2(t) - dy_2(t) - cy_2(t), \\ y_3'(t) = cy_2(t) - d^*y_3(t). \end{cases} \dots (*)$$

$y_1(t), y_2(t), y_3(t)$: 未感染, 感染, 発病人口。 b : 出生率, d [d^*] : 死亡率[発病時], c : 感染者発病割合, γ : 感染の強さ。

上記の基本モデルに「治癒」した状態を追加して、「治癒するが免疫が付かない伝染病のモデル」や「治癒すると免疫が付く伝染病のモデル」なども作成した。いずれのモデルにおいても、出生率と、死亡率や発病率、治癒率との大小関係によって、図2に示すような

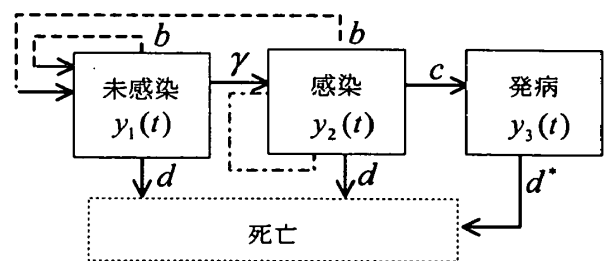


図1 伝染病基本モデル模式図

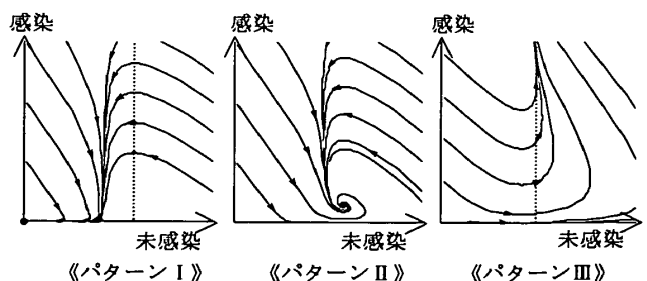


図2 伝染病モデルの3パターンの(相平面上)解軌道

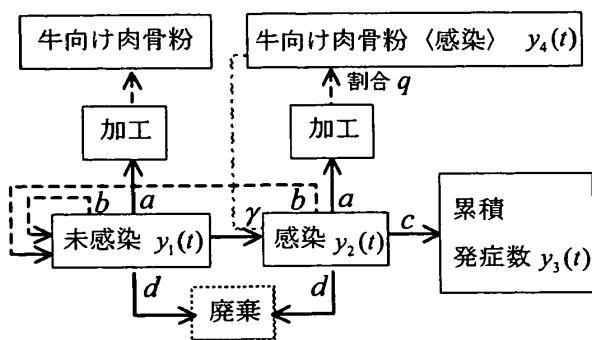


図3 狂牛病モデル概念図

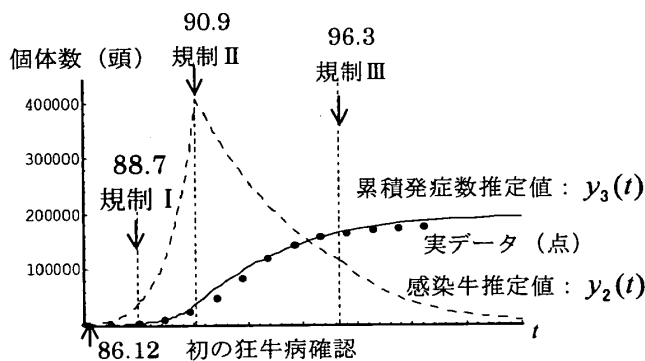


図4 感染牛数と累積発症数の推定及び実データ

三つの状況変動パターンが現れることが示唆された。
パターン I 未感染者数と感染者数の和は減少を続ける。病気の流行（感染者の増減）は高々1回である。
パターン II 未感染者数と感染者数の値が変動しないような平衡点が存在する。即ち病気が系内に定着。
パターン III 感染者数がある時点以降単調増加して、その数が発散する。未感染者の数は一定値に収束する。

4. 英国における狂牛病への適用

図3に従ってモデルを定式化した：

$$\begin{cases} y_1'(t) = b(y_1(t) + y_2(t)) - (a+d)y_1(t) - \gamma y_1(t)y_2'(t), \\ y_2'(t) = \gamma y_1(t)y_2'(t) - (a+d)y_2(t) - cy_2(t), \\ y_3'(t) = cy_2(t), \quad y_4'(t) = aqy_2(t). \quad \dots (**) \end{cases}$$

$y_1(t)$ ：未感染牛数， $y_2(t)$ ：感染牛数， $y_3(t)$ ：累積発症牛数， $y_4(t)$ ：累積肉骨粉量， b ：出生率， a, d ：加工，廃棄用屠畜率， c ：感染牛の発症割合， γ ：感染力の強さ， q ：加工牛が牛向け肉骨粉になる割合，まとめて $\gamma q = \alpha$ ：感染の危険率。

定式化した系(**)を整理すると、狂牛病のモデルは、伝染病の基本モデルと式の構造が全く同等であることが分かる。狂牛病モデルにおける屠畜率 $a+d$ 及び加工割合と危険率の積 $\alpha\alpha (= aq\gamma)$ が基本モデルの死亡率 d ，感染の強さ γ にそれぞれ対応している。

◎モデルの実データへの当てはめ

モデルをイギリス国内の狂牛病発症数データ及び牛の総数データに当てはめてみた。出生率，屠畜率は実データの平均値で与えた（イギリス Department for Environment Food and Rural Affairs ホームページ参考）。発症率 c は、感染してから時間が経過すると、狂牛病以外の理由で死亡する牛の数が增加することを考慮して、一般的な潜伏期間の逆数の半数とした。防疫策の指標 α はイギリス国内で主な防疫策（先から順に規制 I，II，III と命名）が施行されるたびに段階的に減少したと想定すると、モデルによって実データを上手く説明できた（図4）。成果は次の通り：

【成果1】目に見えない感染牛数の動向の可視化

【成果2】狂牛病の発生と終息時期の推定

狂牛病の発生時期は1982年初頭、新規発症推定数が十分小さくなる見かけ上の狂牛病終息時期は2014年前半、狂牛病の根絶時期は2026年末と算出された。

【成果3】防疫策効果の数量化

国内での感染危険率 α の値は、規制の施行ごとに $5.8 \times 10^{-7} \rightarrow 4.2 \times 10^{-7} \rightarrow 0.5 \times 10^{-7} \rightarrow 0$ （比率に直すと $1.00 \rightarrow 0.72 \rightarrow 0.08 \rightarrow 0$ ）と遞減すると推定された。規制 I の効果が小さかったことや、規制 III によって安全がほぼ完全に確保されたことが読み取れる。

【成果4】累積量の推定

モデル式の係数が正の項だけを足し合わせると、ある状態にあった累積牛数を計算できる。2000年迄の累積感染数は約77万頭、感染しているのにも関わらず加工された牛の累積数は約51万頭と推定された。

5. まとめ

本研究の微分方程式モデルは単純ではあるが、適切な現象に関しては記述力も十分であり、簡便で操作性も高い。複雑に絡まり結びつきあった世界を、より豊富な語彙・単純な法則によって記述する方法論の一つとして、反応の活性化や、系内エネルギーなどの概念を有する化学反応論の活用も有効である。

参考文献

- [1] 中桐裕子・栗田治 (2001)：人口動態の微分方程式モデル，日本 OR 学会秋季発表会アブストラクト集，2-F-5，pp. 262-263.
- [2] 中桐裕子・栗田治 (2002)：狂牛病の微分方程式モデル，オペレーションズ・リサーチ，Vol. 47，No. 10，pp. 666-674.