

感染症の数理モデル

Mathematical models in epidemiology

江夏 洋一（東京理科大学）

Yoichi ENATSU (Tokyo Univ. of Science)

yenatsu@rs.tus.ac.jp

疾病の流行規模を予測することは、感染症の駆逐過程で公衆衛生上の急務課題である。医療技術が高度に発展を遂げる一方、ミクロネシア連邦のヤップ島で発生したネッタイシマ蚊を媒介生物とするジカ熱、デング熱やマラリアなどは高い感染力を持つために、近年まで多数の死者や死畜を数えてきた。ウイルスを取り込んだ宿主の発病、重症化や死亡に寄与する因子を明らかにし、感染媒介生物の多様化に伴う感染症の危機に対抗する駆逐策を講じるために、ワクチン開発を行うことが重要な役割を担ってきた。しかし、次々と毒性を変異させる病原体に対するワクチンが開発・利用されるまで、患者の急増に伴う交通機関の麻痺や医療機関の資金管理等の問題により、すべての医療機関が十分量のワクチンを確保することは一般に難しい。従って、感染症を克服するために医療の技術発展だけが有用であるとは必ずしも言い切れない。上記の諸課題を解決するために、数理モデルと呼ばれる生物個体群動態を表現した方程式系を用いた感染症の流行予測に関する定性的研究が著しい発展を遂げてきた。

よく知られた感染症の数理モデル（以降では、感染症モデルともいう）の一例として、Kermack-McKendrick モデル [1] と呼ばれる方程式系が挙げられる。彼らの研究の土台として、感染症が人口群で流行する様子を調べるために、ある 3 つの特徴を持った人口集団の集まりを考えている。具体的には、感受性をもつ非感染個体（Susceptible）、感染個体（Infected）および感染症を克服して免疫を保持した回復個体（Recovered）から成る 3 つの人口集団を与え、図 1 にあるような流行ダイアグラムを土台とする SIR モデルと呼ばれる、3 つの人口集団に属する個体数の時間変化に伴う増減に着目した方程式系が提案された。ただし、 t は時刻を表す。

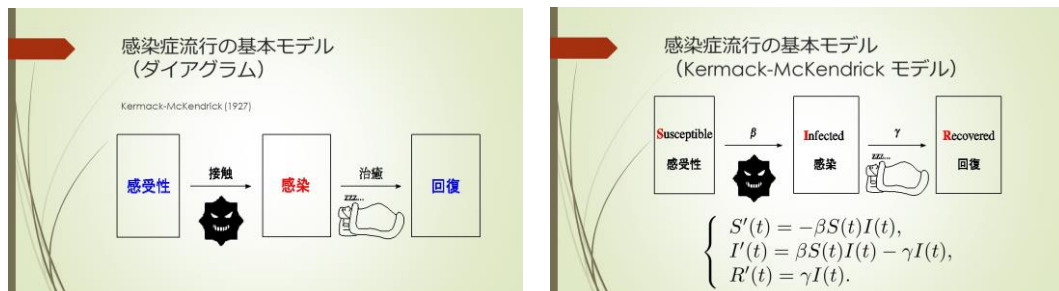


図 1. 左：感染症の流行ダイアグラム，右：感染症モデル [1]

前頁で紹介したモデルにおいて、感染個体数 $I(t)$ の時間経過に伴う増減について、次の2つのうち、いずれか1つの振る舞いが観察される。

1. 感染個体数 $I(t)$ は単調減少かつ 0 に収束する。すなわち、感染症は流行拡大せず、根絶される。
2. 感染個体数 $I(t)$ は初期時刻からの微小時間では単調増加であり、ある時刻で最大値をとる。その後、単調減少かつ 0 に収束する。すなわち、感染症は人口群に風土病として定着する。

上の2つの振る舞いを決定づける閾値を「基本再生産数」といい、1感染個体が感染期間中にもたらす2次感染者数の期待値を表すことが知られている。特に、2つめの振る舞いについては、彼らの研究が1905年から1906年にかけてインドのボンベイにおけるペストの局地的かつ爆発的な流行を定性的に説明したことが独創的な成果の一つとして広く知られている。人口集団をいくつかの特徴をもつ集団に分類して感染個体を新たに生み出すまでの感受性個体等との相互作用を非線形関数により規定するモデリングのアイデアは、現在では、Hethcote [2] をはじめ、新生児の出生や個体の自然死亡率を考慮した多くの感染症の流行予測に役立てられており、数学的観点からも解の挙動に関する興味深い課題を与え続けている。

本講演では、重要な閾値である基本再生産数の具体的な計算方法についても言及しながら、近年の感染症モデルと知られている結果を紹介する。具体的には、Hosono, Ilyas によって提案された時刻および個体の生息領域を考慮した空間構造を含む感染症モデル [3] の応用となるモデルや移動時間を考慮した地域間流行 [4] をはじめとする、より実践的な展開を目指した感染症の数理モデルにみられる定性理論の今後について議論したい。

参考文献

- [1] H.W. Hethcote, The mathematics of infectious diseases, SIAM Review **42** (2000) 599–653.
- [2] W.O. Kermack, A.G. McKendrick, A contribution to the mathematical theory of epidemics, Proc. Roy. Soc. Lond. A **115** (1927) 700–721.
- [3] Y. Hosono, B. Ilyas, Traveling waves for a simple diffusive epidemic model, Math. Models Meth. Appl. Sci. **5** (1995) 935–966.
- [4] Y. Muroya, Y. Enatsu, T. Kuniya, Global analysis of a multi-group SIR epidemic model with nonlinear incidence rates and distributed moving delays between patches, Electron. J. Qual. Theory Differ. Equ., Proc. 10th Coll. Qualitative Theory of Diff. Equ. (2016) No. 16, 1–36.