

感染症コンパートメントモデルのメカニズム

守田 智

今日、感染症拡散を解析するため数理モデルを用いた研究が盛んに行われている。そこで用いられるモデルの多くは、人を感染状況に応じてグループに分けるコンパートメントモデルである。本稿では、SIS モデルの枠組み内でコンパートメントモデルのメカニズムを検証する。まず有限集団の場合の連続時間マルコフ連鎖である正確 SIS モデルを定式化し、そこからよく用いられる種々のタイプの SIS モデルを導出していく。さらに、これらの導出されたモデルにおける基本再生産数を求める。このようにモデル間の関係性を精査することは、コンパートメントモデルの意味を深く理解するための一助となる。

キーワード：感染症拡散モデル、SIS モデル、基本再生産数

1. はじめに

新型コロナウイルス感染症 COVID-19 が全世界にパンデミックを引起し、われわれの生活に大きな影響を与えている。これにともない、感染症の数理モデルがニュースなどでも頻繁に取り上げられ、基本再生産数あるいは実効再生産数といった専門用語も一般社会にも知られるようになっていく [1, 2]。また、学術界においても COVID-19 に関する感染症拡散モデルを扱った研究論文も多く発表され、いまだに感染症を扱っていなかった分野の研究者たちも参入しているように見える [3, 4]。このような状況を踏まえ、本稿では感染症拡散モデルの基礎ともいえるコンパートメントモデルについて再考したい。コンパートメントモデルとは、感染症に関する状態で人をいくつかのコンパートメントと呼ばれるグループに分類して、コンパートメント間の遷移によって感染症状をモデル化する手法である [5-7]。

おそらく最もよく知られたコンパートメントモデルは SIR モデルであろう [8]。SIR モデルでは、感受性状態 (Susceptible)、感染状態 (Infected)、免疫保持状態 (Recovered) の三つに分ける。それぞれの状態にいる個体数を $S(t), I(t), R(t)$ とおき、総個体数の $S(t) + I(t) + R(t) = N$ は一定に保たれているとすると、その時間変化は

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\lambda S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \lambda S(t)I(t) - I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= I(t)\end{aligned}\quad (1)$$

という常微分方程式で与えられる。ここで λ は集団内のペアの時間あたりの接触率と 1 回の接触で感染する確率の積で与えられ、治癒率が 1 となるよう時間単位を採用している。このような常微分方程式モデルでは、状態遷移にかかる時間の分布は指数分布で与えられることになる。SIR モデルでは、治癒して免疫保持状態になった個体は再び感染することはないと仮定する。

式 (1) の場合、感受性個体で占められた状況 ($S \rightarrow N$) での 1 人の感染者が生む 2 次感染者の平均数として定義される基本再生産数 R_0 は

$$R_0 = \lambda N \quad (2)$$

となる¹。 $R_0 > 1$ なら感染症の流行は拡大していくが、 $R_0 < 1$ なら感染症は流行せず収束する。総人口 N が大きい場合は、 R_0 は N よりずっと小さいはずなので、 $\lambda \ll 1$ が暗黙に仮定されている。式 (1) において感染を表す項 $\lambda S(t)I(t)$ を N で割ったモデルもよく用いられ、その場合は $R_0 = \lambda$ となる²。

一方、免疫保持状態がなく、治癒するとそのまま感受性状態に戻ると仮定できる場合は、SIS モデル

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\lambda S(t)I(t) + I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \lambda S(t)I(t) - I(t)\end{aligned}\quad (3)$$

が得られる [5, 6]。免疫保持状態の個体はいないので

¹ 式 (1) のような決定論的モデルにおける基本再生産数の導出法についてはほかにいろいろ紹介されているので割愛する。たとえば稲葉 [9] などを参照されたい。

² この形式では 1 人あたり接触率が人口に反比例しているが、本稿で用いる形式では 1 人あたり接触率が不変として仮定する。モデルの展開を単純にするため後者の記述を採用しただけで、 λ の N 依存性なども考慮すればどちらを採用しても本稿の結論は変わらない。

$S(t) + I(t) = N$ である。感染状態の割合を $x(t) = I(t)/N$ とおけば、1 変数の常微分方程式

$$\frac{d}{dt}x(t) = x(t) + \lambda N x(t)(1 - x(t)) \quad (4)$$

と書け、SIS モデルがロジスティック方程式と本質的に同じであることがわかる。基本再生産数は SIR モデルと変わらず式 (2) で与えられ、 $R_0 > 1$ ならば

$$x_* = 1 - \frac{1}{R_0} \quad (5)$$

で与えられる正の定常解に収束する。SIR モデルや SIS モデル以外に潜伏期間を設けた SEIR モデルや R 状態を経て S 状態に戻る SIRS モデルなどさまざまな形式のコンパートメントモデルが考えられるが、本稿ではコンパートメントの原理を見るために最も単純な SIS モデルに限って議論を進める。

上記のような古典的なコンパートメントモデルでは、人口が無限大であり、人の接触は完全に混合された (well-mixed) 状況を仮定している。つまり、集団内の人にコンパートメント以外の区別はなく、誰もがすべての人と同等に接触していることになっている。しかし、現実の有限数の人々から構成される社会では、ほとんどの場合決まった相手としか接触せず、人によって接触する相手の数にも大きな違いがある³ [10–12]。このような接触関係を表現する単純な方法は、ネットワークの概念を導入することである [13–15]。N 人からなる集団内の接触ネットワークは $N \times N$ の隣接行列 A を用いて表現できる。接触頻度を表現するために重みを導入することもできるが、ここでは隣接行列の成分は i 番目の人と j 番目の人がつながっていたら $A_{ij} = 1$ 、つながっていなければ $A_{ij} = 0$ とおく⁴。対称な場合 ($A_{ij} = A_{ji}$) のみを考え、対角要素は $A_{ii} = 0$ とする。

本稿では、N 人有限集団で接触関係が隣接行列 A_{ij} で表される場合の SIS モデルに焦点をおく。ここで扱うモデル間の関係性を図 1 にまとめた。まず 2 節では、N 人集団で各個人が 2 状態の連続時間マルコフ連鎖で表現される正確 SIS モデルを定式化する。この正確 SIS モデルを基礎として他のモデルを導くことになる。3 節では、正確 SIS モデルが完全グラフ (すべての異なる i, j に対して $A_{ij} = 1$) の場合の確率 SIS モデルと呼ばれる表現を紹介する。確率 SIS モデルの場合の基本再生産数から何がいえるかも紹介する。4 節以

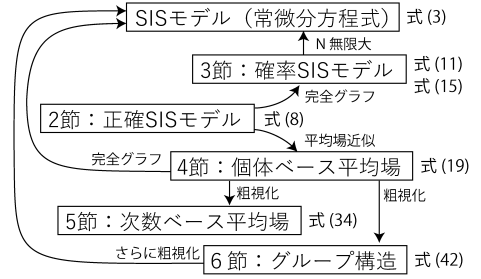


図 1 本稿で扱うモデルの関係性

降では、正確モデルから平均場近似で導出されるレート方程式を用いたモデルを取り上げ、そのときの基本再生産数の計算を紹介する。4 節では個体ベース平均場モデルと呼ばれるモデルを扱う。5 節では個体ベース平均場モデルから次数ごとに人をグループ分けした平均場モデルを導出する。上記二つの平均場モデルは物理系の専門誌でよく研究されているものである [15]。さらに 6 節では集団が個体の属性などでグループ分けされたモデルについて紹介する。7 節では、まとめと展望を与える。

2. 正確 SIS モデル

ここでは、N 人からなる有限集団を考える。式 (3) の場合と同様に比較的短い時間スケールの現象を想定し、人の出生や死亡、集団への流入や流出といった人口動態は無視する。SIS モデルの枠組みでは、個体は二つの状態 (S と I) しか取りえないとしたので、N 人からなる有限集団の取りうる状態数は 2^N となる⁵。

i 番目の個体の状態を

$$s_i = \begin{cases} 1 & (\text{感染状態}) \\ 0 & (\text{感受性状態}) \end{cases} \quad (6)$$

のように表すと、集団の状態は N ビットの 2 進数表記で

$$(s_1, \dots, s_i, \dots, s_N) \quad (7)$$

と書ける。状態の遷移は、 2^N 状態の連続時間マルコフ連鎖として与えられ、 $2^N \times 2^N$ の推移速度行列を定式化すれば時間変化を記述できる [16, 17]。図 2 にその状態遷移図の一部を例示した。マルコフ性を仮定することは、感染にかかる時間や感染症の感染期間の分布が指数分布に従うと近似していることになる。実際の感染症の感染期間 (感染してから治癒するまでの時

³ そのため多くの人と接触するような人がスーパースプレッダーとして感染症を広める一因となっていると考えられる。

⁴ 簡単のためそうしたが、5 節を除けば重みありの場合でも、本稿の内容は成り立つ。

⁵ SIR モデルの場合は 3^N 状態となり複雑で扱いにくくなるが、ここで SIS モデルに着目した理由である。

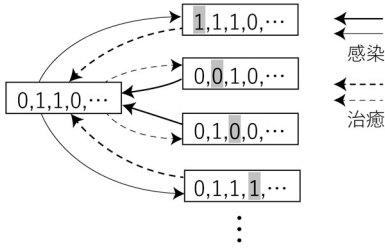


図2 正確 SIS モデルの状態遷移図の一部

状態数は 2^N であり、感染状態 I を 1、感受性状態 S を 0 において 2 進数表記する。一例として $(0, 1, 1, 0, \dots)$ に着目してその周辺の状態遷移図を切り出したものである。着目した状態に入る遷移を太線で、出る遷移を細線で表している。実線は感染 ($S \rightarrow I$)、破線は治癒 ($I \rightarrow S$) に対応している。着目した状態とリンクする矢印は $2n$ 本あり (図では省略している)、感染が生じない場合 ($\sum_{j=1}^N A_{ij} = 0$) も含めると全部で $2^n n$ 本ある。グレーで強調された箇所での遷移が生じる。

間) の分布などを考えれば、これは必ずしも現実的ではないことには注意が必要である。しかし、マルコフ性は前節の常微分方程式モデルでも仮定されており、本稿では非マルコフ的な場合には踏み込まないことにする。

時間あたりの治癒率や接触ごとの感染確率が個体やペアに依存しないと仮定すると、状態確率 $\rho(s_1, \dots, s_i, \dots, s_N; t)$ の時間変化は、

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \rho(s_1, \dots, s_i, \dots, s_N; t) &= \sum_{i=1}^N \left\{ \rho(s_1, \dots, 1 - s_i, \dots, s_N; t) \right. \\ &\quad \times \left[(1 - s_i) + s_i \lambda \sum_{j=1}^N A_{ij} s_j \right] \Big\} \\ &\quad - \rho(s_1, \dots, s_i, \dots, s_N; t) \\ &\quad \times \sum_{i=1}^N \left[s_i + (1 - s_i) \lambda \sum_{j=1}^N A_{ij} s_j \right] \end{aligned} \quad (8)$$

のようなマスター方程式で定式化される。マスター方程式とは、連続時間マルコフ連鎖の確率の時間変化を決める式であり、コルモゴロフの前向き方程式とも呼ばれる。式 (8) の 2~3 行目は状態 $(s_1, \dots, s_i, \dots, s_N)$ に入ってくる遷移に、4~5 行目は出ていく遷移に対応している。2 行目の $\rho(s_1, \dots, 1 - s_i, \dots, s_N; t)$ は i 番目の変数だけが入れ替わっていることを表しており、3 行目は $s_i = 0$ のときに治癒、 $s_i = 1$ のときには感染に対応した項のみが残る (図2に示した例のように $\rho(0, 1, 1, 0, \dots; t)$ の時間微分の場合では、それぞれの太い破線と実線に対応する)。一方、5 行目は逆に $s_i = 1$ のときに治癒、 $s_i = 0$ ときには感染に対応し

た項のみが残る (それぞれ図2の細い破線と実線に対応)。感染は、感染者と隣接している場合のみ生じるので、 $\sum_{j=1}^N A_{ij} s_j = 0$ の場合は生じない。

感染者がいなくなった状態 $(0, \dots, 0)$ が唯一の吸収状態となるので、有限系 ($N < \infty$) では初期条件によらず

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \rho(0, \dots, 0; t) = 1 \quad (9)$$

となり、感染症は最終的に絶滅する。 $\mathcal{R}_0 > 1$ の場合には、絶滅までにかかる時間が大きくなると考えられるが、その時間を正確に評価することは難しい。次節で完全グラフという単純なケースについて考えてみる。

3. 確率 SIS モデル

完全グラフの場合 ($A_{ij} = 1$ for $i \neq j$) では、感染者の総数が n となる場合 (つまり $\sum_{i=1}^N s_i = n$ が成り立つ場合) の確率をまとめて

$$\rho(n; t) \equiv \sum_{\{s_1, \dots, s_N \mid \sum_{i=1}^N s_i = n\}} \rho(s_1, \dots, s_N; t) \quad (10)$$

のように書いて式 (8) を変形すると、 $(N+1)$ 変数の常微分方程式系

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \rho(0; t) &= \rho(1; t) \\ \frac{d}{dt} \rho(n; t) &= (n+1) \rho(n+1; t) + \lambda_{n-1} \rho(n-1; t) \\ &\quad - (n + \lambda_n) \rho(n; t) \quad (1 \leq n \leq N-1) \\ \frac{d}{dt} \rho(N; t) &= \lambda_{N-1} \rho(N-1; t) - N \rho(N; t) \end{aligned} \quad (11)$$

が得られる。ただし、ここで

$$\lambda_n = \lambda n(N-n) \quad (12)$$

とおいた。式 (11) は $N+1$ 状態の連続時間マルコフ連鎖を表しており、式 (8) と同様のマスター方程式である [18]。完全グラフの場合は厳密に成り立ち、確率 SIS モデルと呼ばれることもある [19]。

絶滅していないという条件下での条件付き確率 $\rho(n; t)/(1 - \rho(0; t))$ を考え、その準定常分布を $\tilde{\rho}(n)$ とすると、絶滅にかかる平均時間は

$$\bar{T} \approx \frac{1}{\tilde{\rho}(1)} \quad (13)$$

と見積もられる [20, 21]。なぜなら、治癒率を 1 としているので時間あたりに最後の 1 人の感染者が治癒する率が式 (13) の逆数となるからである。計算過程は省略するが、 $\mathcal{R}_0$ を有限のまま N を大きくした場合には

$$\bar{T} \approx \begin{cases} \sqrt{\frac{2\pi}{N}} \frac{\mathcal{R}_0 e^{N(\log \mathcal{R}_0 - \mathcal{R}_0/(\mathcal{R}_0 - 1))}}{(\mathcal{R}_0 - 1)^2} & (\mathcal{R}_0 > 1) \\ \frac{1}{(1 - \mathcal{R}_0)} & (\mathcal{R}_0 < 1) \end{cases} \quad (14)$$

と近似的に計算される [21]. 絶滅にかかる時間は、 $\mathcal{R}_0 < 1$ で比較的小さいが、 $\mathcal{R}_0 > 1$ で N に対して指数関数的に増大することがわかる。

さらに $N \gg 1$ の状況で、微小な時間間隔 Δt での感染者数の変位 ΔI の期待値が $(\lambda I(N - I) - I)\Delta t$ 、分散が $(\lambda I(N - I) + I)\Delta t$ であることに注意すると、感染状態の割合 $x(t) = I(t)/N$ は、伊藤型の確率微分方程式

$$dx(t) = [-x(t) + \lambda N x(t)(1 - x(t))]dt + \sqrt{\frac{x(t) + \lambda N x(t)(1 - x(t))}{N}} dB \quad (15)$$

で表現することもできる [19]. ここで B はブラウン運動（ウィーナー過程）を表す。式 (2) の $\mathcal{R}_0$ が有限の状況で $N \rightarrow \infty$ の極限（すなわち $\lambda \rightarrow 0$ ）を考えて、 dB の項を無視すると式 (4) と一致する。

4. 個体ベース平均場 SIS モデル

ネットワーク構造を考慮したモデルとして個体ベース平均場近似がよく用いられる [15, 16, 22]. 個体ベース平均場近似では、それぞれの個体が感染状態である確率に注目する。本稿では式 (8) から以下のような独立性を仮定することで個体ベース平均場 SIS モデルを導出する。 i 番目の個体が感染状態である確率は周辺確率として

$$\rho(s_i; t) = \sum_{s_1=0}^1 \cdots \sum_{s_{i-1}=0}^1 \sum_{s_{i+1}=0}^1 \cdots \sum_{s_N=0}^1 \rho(s_1, \dots, s_N; t) \quad (16)$$

と書ける。ここで各個体が感染している確率が互いに独立だとみなして

$$\rho(s_1, \dots, s_N; t) = \rho(s_1; t) \cdots \rho(s_N; t) \quad (17)$$

と近似する。式 (17) を式 (8) の左辺に代入して、 s_i 以外の個体に関しては $\{0, 1\}$ の和を取り、 $\rho(s_i; t) + \rho(1 - s_i; t) = 1$ がすべての $1 \leq i \leq N$ に成り立っていることを用いると

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \rho(s_i; t) \\ = \rho(1 - s_i; t) \left[(1 - s_i) + s_i \lambda \sum_{j=1}^N A_{ij} \rho(s_j; t) \right] \end{aligned} \quad (18)$$

$$- \rho(s_i; t) \left[s_i + (1 - s_i) \lambda \sum_{j=1}^N A_{ij} \rho(s_j; t) \right]$$

が得られる。個体 i が感染している確率（すなわち $s_i = 1$ のときの $\rho(s_i; t)$ ）を $x_i(t)$ と表記すると

$$\frac{d}{dt} x_i(t) = -x_i(t) + \lambda [1 - x_i(t)] \sum_{j=1}^N A_{ij} x_j(t) \quad (19)$$

となり、先行研究 [15, 16, 22] で用いられている式が得られる。式 (19) は、 N 個の確率の時間変動を記述する常微分方程式系となっているが、式 (8) や式 (11) とは違いマスター方程式ではなくレート方程式と呼ばれるものになっている。式 (19) のヤコビ行列

$$-\delta_{ij} + A_{ij} \quad (20)$$

を考えると、感染症が発生するのはそのヤコビ行列の最大固有値が正になる場合である。すなわち、感染しきい値は

$$\lambda_c = \frac{1}{\Lambda_1} \quad (21)$$

と与えられる。ここで Λ_1 は隣接行列 A_{ij} の最大固有値である。式 (21) からナイーブに考えれば、

$$\mathcal{R}_0 = \lambda \Lambda_1 \quad (22)$$

が得られる⁶。

ここで再び完全グラフの場合 ($A_{ij} = 1$ for $i \neq j$) を確認しておく。この場合は、感染確率の平均値

$$\bar{x}(t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i \quad (23)$$

に注目すると良い。二つの個体 i と j に対する確率の差を $\Delta_{ij}(t) = x_i(t) - x_j(t)$ とすると

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \Delta_{ij}(t) = \\ [-1 - \lambda(N\bar{x}(t) + 1 - x_i(t) - x_j(t))] \Delta_{ij}(t) \end{aligned} \quad (24)$$

に従い、右辺の $\Delta_{ij}(t)$ の前の係数は常に負になるので、 $\Delta_{ij}(t) \rightarrow 0$ となることがわかる。すなわち時間が経過したあとは $x_i(t) = \bar{x}(t)$ となるので、これを式 (19) に代入して展開すると

$$\frac{d}{dt} \bar{x}(t) = \bar{x}(t) + \lambda(N - 1)\bar{x}(t)(1 - \bar{x}(t)) \quad (25)$$

となる。これは、式 (4) の N を $N - 1$ としたものである。基本再生産数に関しても

⁶ より良い近似的計算もありえる [23].

$$\mathcal{R}_0 = \lambda(N-1) \quad (26)$$

となり、式 (22) を計算した場合とも一致する。\$N\$ が十分に大きい場合には伝統的な SIS モデルと本質的に一致している。どの個体も同じ感染確率 (\$x_i(t) = \bar{x}(t)\$) をもつと近似するだけで同じ式が得られるので、式 (25) の形式を単に平均場近似と呼ぶこともある。

5. 次数ベース平均場 SIS モデル

さらに個体を似た者同士でいくつかのグループに分類して、そのグループごとで感染している確率を考えることもできる。まずネットワーク上での次数を用いる。ここでは次数とは各ノードから出るリンクの本数であり、個体 \$i\$ の次数は隣接行列を用いて

$$k_i = \sum_{j=1}^N A_{ij} \quad (27)$$

と書ける。リンクの総数を \$m\$ とすると

$$2m = \sum_{i=1}^N k_i = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N A_{ij} \quad (28)$$

をみだし、平均次数は \$\langle k \rangle = 2m/N\$ である。次数分布は

$$p(k) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \delta_{kk_i} \quad (29)$$

として与えることができる。ここで出てくる \$\delta\$ はクロネッカーのデルタであり、どこかで必ず 1 回だけ 1 になるので、

$$\sum_{k'} \delta_{kk'} = 1 \quad (30)$$

をみだす。ここで \$\sum_{k'}\$ の表記は存在する次数 \$k\$ にわたる和を表す。

リンクの両端の次数が \$k\$ と \$k'\$ である同時確率は

$$p(k, k') = \frac{1}{2m} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N A_{ij} \delta_{kk_i} \delta_{kk_j} \quad (31)$$

と書ける。これは、リンクのあるペア (つまり \$A_{ij} = 1\$ をみだす \$i\$ と \$j\$) に対して次数が \$k\$ と \$k'\$ となる場合を足し合わせ、リンクの総数 \$2m\$ で割ったものである。式 (31) は同時確率分布を与えているが、その周辺確率分布を考えると

$$\begin{aligned} q(k) &= \sum_{k'} p(k, k') \\ &= \frac{1}{2m} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N A_{ij} \delta_{kk_i} \\ &= \frac{1}{2m} \sum_{i=1}^N k_j \delta_{kk_i} \\ &= \frac{k}{2m} \sum_{i=1}^N \delta_{kk_i} \\ &= \frac{k}{\langle k \rangle} p(k) \end{aligned} \quad (32)$$

となる。ここで 1 行目から 2 行目へは式 (31) と式 (30) を、2 行目から 3 行目へは式 (27) を、3 行目から 4 行目へはクロネッカーデルタの性質を、4 行目から 5 行目へは式 (29) を用いた。周辺分布 \$q(k)\$ が \$p(k)\$ と異なることに注意が必要である。条件付き確率は

$$p(k|k') = \frac{p(k, k')}{q(k')} \quad (33)$$

と書ける。隣り合うペアの次数に相関がなければ \$p(k|k') = q(k)\$ となり \$k'\$ に依存しないが³、実在のネットワークの多くは \$k'\$ に依存する正または負の相関をもつ [24, 25]。

感染状態である確率が次数が同じ個体に対して等しいと仮定する。つまり \$k_i = k_j\$ となる \$i\$ と \$j\$ に対して \$x_i(t) = x_j(t)\$ として次数 \$k\$ の個体が感染状態である確率を \$x_{\{k\}}(t)\$ と近似すると、式 (19) から

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} x_{\{k\}}(t) &= -x_{\{k\}}(t) \\ &\quad + \lambda k (1 - x_{\{k\}}(t)) \sum_{k'} p(k'|k) x_{\{k'\}}(t) \end{aligned} \quad (34)$$

となり、よく知られた式が得られる [26]。式 (19) の場合と同様にヤコビ行列の最大固有値を計算すると感染しきい値が得られる。ここでヤコビ行列は

$$-\delta_{kk'} + \lambda k p(k'|k) \quad (35)$$

と与えられる。すなわち、隣接行列の最大固有値の代わりに行列 \$k p(k'|k)\$ の最大固有値を式 (21) または式 (22) に当てはめると、感染しきい値や基本再生産数が得られる。

ここで、例として、

$$\begin{aligned} p(k, k') &= q(k) q(k') \\ &\quad + \varepsilon p(k) p(k') (\langle k \rangle / k - 1) (\langle k \rangle / k' - 1) \end{aligned} \quad (36)$$

の場合を考えてみよう。式 (36) では、右辺の第 1 項

は相関がない場合の式であり、右辺の第2項で次数と平均次数の差により相関を導入している。その結果、 $\varepsilon > 0$ で正の次数相関、 $\varepsilon < 0$ で負の次数相関となる。この場合は行列 $kp(k'|k)$ の固有値を解析的に求めることができ、感染しきい値は

$$\lambda_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle} \left[1 - \varepsilon \left(1 - \frac{\langle k \rangle^2}{\langle k^2 \rangle} \right)^2 \right] + O(\varepsilon^2) \quad (37)$$

となり、基本再生産数は

$$\mathcal{R}_0 = \lambda \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \left[1 + \varepsilon \left(1 - \frac{\langle k \rangle^2}{\langle k^2 \rangle} \right)^2 \right] + O(\varepsilon^2) \quad (38)$$

と計算できる [27]。次数分布が同じ場合に正の次数相関 ($\varepsilon > 0$) があると $\mathcal{R}_0$ は大きくなり、負の次数相関 ($\varepsilon < 0$) があると $\mathcal{R}_0$ は小さくなることが確かめられる。

6. その他のグループ構造

前節では次数によってグループ分けを行ったが、そのほか性別、年齢層などの個人の属性でグループに分類できる場合やネットワークがモジュール構造をもっている場合 [28] も考えられる。 L 個のグループ $g(l)$ に分けるとして、各グループ ($l = 1, \dots, L$) の人数を $N_{g(l)}$ とおくと

$$N = \sum_{l=1}^L N_{g(l)} \quad (39)$$

となる。グループ l に属するノードの感染確率の平均値を $x_{(l)}$ とおくと

$$x_{(l)} = \frac{1}{N_{g(l)}} \sum_{i \in g(l)} x_i \quad (40)$$

と書ける。ここで同じグループ内のすべてのノードの感染確率が等しいと仮定して

$$x_i = x_{(l)} \quad (i \in g(l)) \quad (41)$$

と近似すると、式 (19) から

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} x_{(l)}(t) &= -x_{(l)}(t) \\ &+ \lambda(1 - x_{(l)}(t)) \sum_{l'=1}^L \langle k \rangle_{l'l} x_{(l')}(t) \end{aligned} \quad (42)$$

となる。ここで、 $\langle k \rangle_{l'l}$ はグループ l のノードからグループ l' につながるリンクの本数の平均値で

$$\langle k \rangle_{l'l} = \frac{1}{N_{g(l)}} \sum_{i \in g(l)} \sum_{j \in g(l')} A_{ij} \quad (43)$$

とおいた。この場合のヤコビ行列は

$$-\delta_{ll'} + \lambda \langle k \rangle_{l'l} \quad (44)$$

である。したがって、行列 $\langle k \rangle_{l'l}$ の最大固有値を式 (21) または式 (22) に当てはめると、最大固有値から感染しきい値が得られる。仮にグループを一つにまとめた場合は ($L = 1$)、式 (3) に帰着する。

複数のグループに分けられる単純な例として、性で集団を二つのグループに分け同性間の接触はない場合 ($\langle k \rangle_{11} = \langle k \rangle_{22} = 0$) を考えると

$$-\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} + \lambda \begin{pmatrix} 0 & \langle k \rangle_{21} \\ \langle k \rangle_{12} & 0 \end{pmatrix} \quad (45)$$

となり、その最大固有値は $-1 + \lambda \sqrt{\langle k \rangle_{21} \langle k \rangle_{12}}$ となり、感染しきい値は

$$\lambda_c = \frac{1}{\sqrt{\langle k \rangle_{21} \langle k \rangle_{12}}} \quad (46)$$

で与えられ、基本再生産数についても

$$\mathcal{R}_0 = \lambda \sqrt{\langle k \rangle_{21} \langle k \rangle_{12}} \quad (47)$$

となる。この例は異性間接触による性感染症のモデルの結果にほかならない [29]。

7. まとめと展望

本稿では、連続時間マルコフ連鎖である正確 SIS モデルを定式化して、そこから他のタイプの SIS モデルを導出していくことで、感染症コンパートメントモデルの全般の枠組みを見直すことを試みた。モデル間の関係を明らかにする一方、各モデルにおける基本再生産数についても考察した。正確 SIS モデルや確率 SIS モデルにおいては、感染症は最終的に絶滅するが、絶滅にかかる時間の平均値の振る舞いが質的に変わる境界を基本再生産数を使って求めることができる。一方、4 節から 6 節で見たようにレート方程式で近似した場合、確率過程であったモデルが決定論的に取り扱われるようになる。そこでは、隣接行列 (A_{ij})、またはそれを粗視化した行列 ($kp(k|k')$ あるいは $\langle k \rangle_{l'l}$) の最大固有値が感染しきい値や基本再生産数を決定する。極端に粗視化した場合は従来の SIS モデルである式 (3) になる。ここでは N が有限な場合の近似式としてレート方程式を導入したが、 N が無限大の極限ではレート方程式 (式 (19)、式 (34)) の解釈が異なってくるので注意が必要である [15, 30]。

ここでは扱わなかったが、マルコフ性を仮定しない

モデルに関する理論研究も少ないがある [31, 32]. また SIS モデルの枠内でも感染が生じる詳細な過程についてさまざまな拡張も検討することもできる [33, 34]. さらに本稿の後半で扱った次数あるいはグループに分かれるような場合では, 基本再生産数だけではなく, それを拡張したタイプ別再生産数も使われるようになっている [35–38]. これらの話題については, また別のところで改めて紹介したい.

謝辞 本稿執筆の機会をいただいた本特集のオーガナイザーの吉村仁先生と伊東啓学兄および朝日弓未先生をはじめとする編集委員の皆様に感謝いたします. 本研究の内容の一部は JSPS 科研費 21K03387 の助成を受けて行われたものです.

参考文献

- [1] 国立感染症研究所, “新型コロナウイルス感染症の感染性,” *IASR*, **42**, pp. 30–32, 2021.
- [2] 西浦博, 「【特別寄稿】「8 割おじさん」の数理モデルとその根拠」, Newsweek 日本語版, https://www.newsweekjapan.jp/stories/world/2020/06/8-39_1.php (2020 年 6 月 11 日閲覧)
- [3] H. Else, “How a torrent of COVID science changed research publishing—in seven charts,” *Nature*, **588**, p. 553, 2020.
- [4] 小柴等, 伊神正貫, 伊藤裕子, 林和弘, 重茂浩美, “COVID-19 / SARS-CoV-2 に関する研究の概況,” 科学技術・学術政策研究所, DISCUSSION PAPER, 181, 2020.
- [5] R. M. Anderson and R. M. May, *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, 1991.
- [6] H. W. Hethcote, “The Mathematics of Infectious Diseases,” *SIAM Review*, **42**, pp. 599–653, 2000.
- [7] O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Disease*, John Wiley & Son, 2000.
- [8] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, “A contribution to the mathematical theory of epidemics,” *Proceedings of Royal Society A*, **115**, pp. 700–721, 1927.
- [9] 稲葉寿, 『感染症の数理モデル [増補版]』, 培風館, 2020.
- [10] R. Albert and A.-L. Barabási, “Statistical mechanics of complex networks,” *Review of Modern Physics*, **74**, pp. 47–97, 2002.
- [11] M. E. J. Newman, *Networks: An Introduction*, Oxford University Press, 2010.
- [12] A.-L. Barabási, *Network Science*, Cambridge University Press, 2016.
- [13] M. J. Kiss, “Networks and epidemic models,” *Journal of The Royal Society Interface*, **2**, pp. 295–307, 2005.
- [14] A. Barrat, M. Barthélemy and A. Vespignani, *Dynamical Processes on Complex Networks*, Cambridge University Press, 2008.
- [15] R. Pastor-Satorras, C. Castellano, P. V. Mieghem and A. Vespignani, “Epidemic processes in complex networks,” *Reviews of Modern Physics*, **87**, pp. 925–980, 2015.
- [16] P. Van Mieghem, J. Omic and R. E. Kooij, “Virus Spread in Networks,” *IEEE/ACM Transaction on Networking*, **17**, pp. 1–14, 2009.
- [17] P. L. Simon, M. Taylor and I. Z. Kiss, “Exact epidemic models on graphs using graph-automorphism driven lumping,” *Journal of Mathematical Biology*, **62**, pp. 479–508, 2011.
- [18] N. T. J. Bailey, *The Mathematical Theory of Infectious Diseases and Its Applications (second ed.)*, Hafner Press, 1975.
- [19] L. J. S. Allen, *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*, Chapman & Hall, 2010.
- [20] I. Nåsell, “The quasi-stationary distribution of the closed endemic SIS model,” *Advances in Applied Probability*, **28**, pp. 895–932, 1996.
- [21] I. Nåsell, “On the quasi-stationary distribution of the stochastic logistic epidemic,” *Mathematical Biosciences*, **156**, pp. 21–40, 1999.
- [22] H. Hethcote and J. Yorke, *Gonorrhea Transmission Dynamics and Control, Lecture Notes in Biomathematics*, Springer Verlag, 1984.
- [23] S. Morita, 投稿中.
- [24] R. Pastor-Satorras, A. Vázquez and A. Vespignani, “Dynamical and correlation properties of the internet,” *Physical Review Letters*, **87**, 258701, 2001.
- [25] M. E. J. Newman, “Assortative mixing in networks,” *Physical Review Letters*, **89**, 208701, 2002.
- [26] M. Boguñá and R. Pastor-Satorras, “Epidemic spreading in correlated complex networks,” *Physical Review E*, **66**, 047104, 2002.
- [27] S. Morita, “Solvable epidemic model on degree-correlated networks,” *Physica A*, **563**, 125419, 2021.
- [28] M. Girvan and M. E. J. Newman, “Community structure in social and biological networks,” *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **99**, pp. 7821–7826, 2002.
- [29] R. May and R. Anderson, “Transmission dynamics of HIV infection,” *Nature*, **326**, pp. 137–142, 1987.
- [30] M. Boguñá, C. Castellano and R. Pastor-Satorras, “Nature of the epidemic threshold for the susceptible-infected-susceptible dynamics in networks,” *Physical Review Letters*, **111**, 068701, 2013.
- [31] P. Van Mieghem and R. van de Bovenkamp, “Non-Markovian infection spread dramatically alters the susceptible-infected-susceptible epidemic threshold in networks,” *Physical Review Letters*, **110**, 108701, 2013.
- [32] M. Boguñá, L. F. Lafuerza, R. Toral and M. A. Serano, “Simulating non-Markovian stochastic processes,” *Physical Review E*, **90**, 042108, 2014.
- [33] S. Morita, “Six susceptible-infected-susceptible models on scale-free networks,” *Scientific Reports*, **6**, 22506, 2016.
- [34] 守田智, “スケールフリーネットワーク上の拡張 SIS モデル,” 情報処理学会論文誌, **58**, pp. 1219–1225, 2017.
- [35] M. G. Roberts and J. A. P. Heesterbeek, “A new method for estimating the effort required to control an infectious disease,” *Proceedings of Royal Society B*, **270**, pp. 1359–1364, 2003.
- [36] H. Inaba, “On the definition and the computation of the type-reproduction number T for structured populations in heterogeneous environments,” *Journal of*

- Mathematical Biology*, **66**, pp. 1065–1097, 2013.
- [37] S. Morita, “Type reproduction number for epidemic models on heterogeneous networks,” *Physica A*, **587**, 126514, 2022.
- [38] H. Ito, T. Yamamoto and S. Morita, “The type-reproduction number of sexually transmitted infections through heterosexual and vertical transmission,” *Scientific Reports*, **9**, 17408, 2019.