

高校数学で理解する感染症の数理

(2021年1月4日版)

愛媛大学理学部理学科 数学・数理情報コース

教授 松浦 真也

<http://www.math.sci.ehime-u.ac.jp/~matsuura/>

「人と人との接触機会を減らす」「マスクをする」「手洗いをする」「PCR検査を的確に行う」「治療薬を開発する」「ワクチンを開発する」などの感染症対策について、数学的に考えてみましょう！

1 はじめに

1.1 本稿執筆の経緯

2011年に中学・高校の数学・情報の先生方に向けて、本稿の元となる原稿を執筆しました。当時の原稿では、その2年前の2009年に世界的に流行した新型インフルエンザA(H1N1)などを例示する形で、感染症の数理モデルについて解説していました。この度、新型コロナウイルス感染症(COVID-19)の流行を受け、高校などの教育現場での活用を念頭に、10年ぶりに原稿を加筆修正しました。数学の本質的な部分は当時のままですが、例示の部分などを、昨今の状況に合わせて書き換えています。

本稿は教育現場において、課題研究の資料などとして、ご自由に配布していただいても構いません。また、出張講義や講演会という形で、スライド資料等を用いて、本稿よりももっと直感的に解説させていただくことも可能です(状況によっては、オンラインでの対応となる場合もあります)。なお、本稿のご利用にあたっては、以下の点にご留意ください。

- 本稿は、数学的にも医学的にも、厳密で専門的な知識を提供することを目的とはしていません。感染症の数理モデルの本質的な部分の「雰囲気」を残し

つつ、厳密さは犠牲にして、話を単純化しています。正確な知識を身に付けるためには、専門的な文献をご参照ください。また、本稿の内容が不正確であるが故に生じたいかなる損害や不都合についても、その責任を負いかねますので、ご了承ください。

- 本稿の一部のみを抜き出して解釈したり説明したりすると、大きな誤解に繋がる恐れがあります。本稿をご活用いただきます際は、必ず全体の話の流れを損なわないように注意してください。
- 一般に、「数理モデルについての数学的事実」と「感染症に関する科学的な事実」とは必ずしも一致するとは限りません。本稿では、「感染症の数理モデルについての数学的事実」を（厳密ではなく大雑把に）解説し、感染症対策への応用の「可能性」について言及しています。直接的に「感染症に関する科学的な事実」を解説しているわけではありませんので、混同しないようご注意ください。
- 予告なく本稿を書き換えたり、置き場所（URL）を変更したり、公開を終了したりする場合があります。

1.2 本稿の目的

本稿の目的は、数学が社会の中で役立っている例として、感染症の数理モデルを紹介することです。感染症の数理モデルを取り上げる理由は、「身近である」「理解しやすい」「役に立っている」の3つです。

第1に、感染症は従来より、中学校や高校などの学校教育現場においても、極めて身近な存在でした。毎年、冬になるとインフルエンザが流行し、学級閉鎖などの措置が取られてきました。加えて、改めて言及するまでもなく、新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、教育現場も含め、我々の日常生活に大きな影響をもたらしました。

第2に、感染症の基本モデルである^{ケル マック マッケンドリック エスアイアール}Kermack- McKendrickの SIR モデル（の最も単純なもの）は比較的シンプルで理解しやすく、トピックとして取り上げるのに好都合です。ただし、もともとのモデルは微分方程式で記述されているため、

そのままの形で理解するには、大学レベルの数学の知識を必要とします。しかし、それを少しアレンジする（具体的には、時間を離散化する）と、高校生でも理解できる内容になります。中学生でも、数学が苦手であれば、話の大筋は十分に理解できるものと思われます。

そして、なんと言っても第3の理由は、このモデルが世の中で役に立っていることです（厳密には、SIRモデルの「発展形」が実用的に用いられていますが、本質的な部分は、単純なSIRモデルと共通です。）。実際、平成21年（2009年）8月28日付で、厚生労働省新型インフルエンザ対策推進本部が、地方自治体の衛生主管部に宛てた「新型インフルエンザ患者数の増加に向けた医療提供体制の確保等について」と題する事務連絡 [6] の中でも、「感染症の数理モデル（ケルマック・マッケンドリック型）等を参考とし、図1のように新型インフルエンザの流行動態を想定した。」と記されています（[6]とは、本稿の末尾の参考文献リストの番号に対応しています。）。さらに、新型コロナウイルス感染症に関しては、人と人との接触機会の多さが、感染者数の推移にどう影響するかについて、数理的な分析がなされ、大きな話題になりましたが、こうした分析にも、SIRモデル（の発展形）が用いられています。

1.3 ケルマック マッケンドリック エスアイアール Kermack- McKendrickの SIR モデル

感染症の患者数の推移を表す数理モデルで、最も基本的なものの1つがKermack-McKendrickのSIRモデルです。このモデルは、以下のように微分方程式の形で記述されます（本稿では、このモデルをそのまま扱うことはしませんので、「微分方程式」と聞いて、読むのを諦めないでください。）。

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), & (1) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), & (2) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). & (3) \end{cases}$$

一応、モデルの解釈について簡単に記しておきますが、あまり気にしないでください。変数 t は時刻を表しており、関数 $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ は、時刻 t における次

の各量を表しています。

$$\left\{ \begin{array}{l} S(t) : \text{未感染者数 (今後, 感染する可能性のある人の数)} \\ I(t) : \text{感染者数 (今感染していて, かつ他の人を感染させる可能性のある人の数)} \\ R(t) : \text{回復者数 (免疫保持者, 入院患者などの数)} \end{array} \right.$$

さらに, 定数 β は「伝達係数」と呼ばれ, 感染者と未感染者が接触した際に, 病気が感染する可能性がどの程度高いかを表す指標です. また, γ は回復率 (隔離率) を表し, 感染者が回復したり, 入院したりすることで, 他人を感染させる可能性が消滅する確率に相当します. このとき, (2) 式は次のように解釈できます.

$$\underbrace{\frac{dI(t)}{dt}}_{\text{感染者の増減}} = \underbrace{\beta S(t)I(t)}_{\text{新規感染}} - \underbrace{\gamma I(t)}_{\text{回復}}.$$

つまり, SIR モデルでは

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{新規感染者数は, 未感染者数 } S(t) \text{ に比例する,} \\ \text{新規感染者数は, 感染者数 } I(t) \text{ にも比例する,} \\ \text{新規回復者数は, 感染者数 } I(t) \text{ に比例する,} \end{array} \right.$$

と考えているわけです. なお, SIR モデルについては, 例えば文献 [5] に詳細な解説があります.

1.4 離散版 SIR モデルの導出

この項では, SIR モデルを高校生でも理解できる話として整理するために, 時間を離散化した「離散版 SIR モデル」を導出します. この項の説明内容が理解できなければ読み飛ばしても, 第2節以降を理解する上で支障はありません.

これ以降, 時刻は h ずつの間隔を空けて考えます. つまり, 時刻は $0, h, 2h, 3h, \dots$ と推移していくことにします. 例えば, h が 24 時間に相当すれば, 時刻として, 0 日目, 1 日目, 2 日目, 3 日目, \dots を考えていることになります. ここで, $S(nh)$, $I(nh)$, $R(nh)$ のことを, s_n, i_n, r_n と書くことにします (単に記号を簡単にただけです.).

このとき, $t = nh$ における $S(t)$ の微分は,

$$\frac{dS(t)}{dt} \approx \frac{S(t+h) - S(t)}{h} = \frac{S((n+1)h) - S(nh)}{h} = \frac{s_{n+1} - s_n}{h}$$

と近似できます (\approx は「近似」を意味する記号です.) . 正確には,

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{S(t+h) - S(t)}{h}$$

ですが, $h \rightarrow 0$ の極限をとる前の状態で近似したわけです. 同様に,

$$\frac{dI(t)}{dt} \approx \frac{i_{n+1} - i_n}{h}, \quad \frac{dR(t)}{dt} \approx \frac{r_{n+1} - r_n}{h}$$

と近似できます. したがって, (1), (2), (3) 式を近似すると

$$\begin{cases} \frac{s_{n+1} - s_n}{h} \approx -\beta s_n i_n, \\ \frac{i_{n+1} - i_n}{h} \approx \beta s_n i_n - \gamma i_n, \\ \frac{r_{n+1} - r_n}{h} \approx \gamma i_n \end{cases}$$

となります. さらに, これらの式の両辺に h をかけると,

$$\begin{cases} s_{n+1} - s_n \approx -\beta h s_n i_n, \\ i_{n+1} - i_n \approx \beta h s_n i_n - \gamma h i_n, \\ r_{n+1} - r_n \approx \gamma h i_n \end{cases}$$

となります. 以下では, h をいちいち書くのは煩わしいので, $\beta h, \gamma h$ のことを a, b と書くことにします. また, 厳密には「近似式」ですが, 以後, 等式と見なして議論をすることにします. つまり, 感染症のモデルとして, 次の関係式を考えることにします.

$$\begin{cases} s_{n+1} - s_n = -a s_n i_n, \\ i_{n+1} - i_n = a s_n i_n - b i_n, \\ r_{n+1} - r_n = b i_n. \end{cases}$$

なお, この項では微分方程式を用いたモデルが先に与えられているという立場で, 時間を離散化して離散時間のモデルを導きました. しかし, 逆に離散時間のモデルが先に与えられているという立場で, $h \rightarrow 0$ の極限をとることで, 微分方程式を用いたモデルを導くこともできます. 肝心なことは, どちらが先かではなく, 両者は本質的には同じと見なせるということです. そこで本稿ではこれ以降, 微分を用いずに議論できる離散時間のモデルを扱います.

2 感染者数の推移

2.1 数理モデル

改めて本稿の主旨を確認すると、ある1つの感染症（例えば新型コロナウイルス感染症）を対象とし、その感染症の患者数の推移を分析するための数理モデルについて、数学的に議論します。我々が扱う数理モデル（離散版 ^{エスアイアール} SIR モデル）をもう一度記すと、

$$\begin{cases} s_{n+1} - s_n = -as_n i_n, & (4) \\ i_{n+1} - i_n = as_n i_n - bi_n, & (5) \\ r_{n+1} - r_n = bi_n & (6) \end{cases}$$

です。ここで、 n は時刻を表すパラメータで、 $n = 0, 1, 2, \dots$ と、非負の整数の値をとります。実際には、時刻というよりは日数（0日目、1日目、2日目、...）と考えた方が実感が湧くと思いますので、以後、 $n = k$ のことを「 k 日目」と表現します。0日目は、感染症の最初の患者が発生した日を表します。

今我々が考察の対象としている地域の総人口を N 人とします。例えば、特定の都道府県だけで感染が起こっているケースでは、 N はその都道府県の総人口を表します。そうではなく、日本全国に感染が広がっているが、出入国制限をされていて、外国との人の往来はほとんどない場合では、 N は日本の総人口を表します。

この N 人は、感染症との関わりにおいて、次の3つのグループに分類されます。

- (ア) まだ感染しておらず、今後感染する可能性のある人たち（以下、「未感染者」と呼ぶ）
- (イ) 今感染していて、他人に感染症をうつす可能性のある人たち（以下、「感染者」と呼ぶ）
- (ウ) 感染したが、もう既に回復した（その結果、免疫を獲得したので再び感染することはない）か、まだ回復していないが、入院するなどしているため、他人にうつす可能性はない人たち（以下、「回復者」と呼ぶ）

この分類をもとに、数理モデルで用いる記号について説明します。 s_n は n 日目において (ア) に属する人の数を表します。同様に、 i_n, r_n は n 日目において (イ)、

(ウ)に属する人の数を表します。

$$\begin{cases} s_n : \text{未感染者数 (今後, 感染する可能性のある人の数)} \\ i_n : \text{感染者数 (今感染していて, かつ他の人を感染させる可能性のある人の数)} \\ r_n : \text{回復者数 (免疫保持者, 入院患者などの数)} \end{cases}$$

なお, 未感染者数, 感染者数, 回復者数を表すアルファベット s, i, r は, それぞれ susceptible (感染しやすい), infectious (感染力のある), recovered (回復した) の頭文字に由来します. また, SIR モデルという名称も, この3文字を繋げたものです.

話を数学的なことに戻すと, s_n, i_n, r_n は数列の第 n 項であり, 初項 s_0, i_0, r_0 が与えられると, 漸化式 (4), (5), (6) に従って, その後の値が順番に定まります.

漸化式に現れる a, b は正の定数です. a は病気の感染力を反映する定数で, $as_n i_n$ が n 日目から $n+1$ 日目の間に, 感染症に新たに感染する人の数です. 新型コロナウイルスに関して, 日々, 「今日の新規感染者数」として発表されるのは, この値に相当します. この数は s_n および i_n に比例しているのです. 未感染者が多ければ多いほど, また, 感染者が多ければ多いほど, 新規の感染者も多くなることを想定しているわけです. このことは, 「未感染者と感染者の人数が増えれば, その分, 未感染者と感染者が接触する機会が増え, それに伴い感染する事例が増える」という事実に対応しています. b は1日の間に, 感染者が回復者に移行する確率を表します. したがって, $0 < b \leq 1$ です.

以上のことを踏まえると, (4), (5), (6) の各式は, 次のように解釈できます.

$$\underbrace{s_{n+1} - s_n}_{\text{未感染者数の変化}} = - \underbrace{as_n i_n}_{\text{新規感染者数}}, \quad (4)$$

$$\underbrace{i_{n+1} - i_n}_{\text{感染者数の変化}} = \underbrace{as_n i_n}_{\text{新規感染者数}} - \underbrace{bi_n}_{\text{新規回復者数}}, \quad (5)$$

$$\underbrace{r_{n+1} - r_n}_{\text{回復者数の変化}} = \underbrace{bi_n}_{\text{新規回復者数}}. \quad (6)$$

なお, (4), (5), (6) 式の辺々を足し合わせると,

$$(s_{n+1} - s_n) + (i_{n+1} - i_n) + (r_{n+1} - r_n) = 0,$$

すなわち,

$$s_{n+1} + i_{n+1} + r_{n+1} = s_n + i_n + r_n$$

となります。つまり、このモデルでは、未感染者数、感染者数、回復者数の和、言い換えれば、考察の対象としている地域の総人口が、時間（日数）の経過に依存せず、一定（ N 人）に保たれることとなります。もちろん、現実の世界では、感染が起こっている最中も、新しい赤ちゃんが生まれたり、感染症やその他の理由で亡くなる人もいるため、総人口は変動します。しかし、本稿ではできるだけ議論を簡素化するため、総人口の変動は加味しないことにします。

2.2 数値例

この項では、離散版 SIR モデル (4), (5), (6) に対して、パラメータや初期値を具体的に与え、 s_n, i_n, r_n を求めてみます。例えば、 $a = 0.01, b = 0.5$ とし、 $s_0 = 148, i_0 = 2, r_0 = 0$ (したがって、 $N = 150$) とします。総人口が 150 人というのは、いかにも少な過ぎますが、ここでは手で計算を行うため、計算が難しくならないよう、小さい値にしています。実際には、万や億の単位の数値になります。

このとき、0 日目から 1 日目の間の新規感染者数は、

$$as_0i_0 = 0.01 \times 148 \times 2 = 2.96$$

です。モデルに忠実に計算するには、この 2.96 という値をそのまま用いることとなりますが、整数の方が計算が簡単なことと、実際の感染者数は整数であることを考慮して、2.96 の小数点以下を切り捨て、2 とします（切り上げ、または四捨五入でも本質的には変わりありません。）。以下では、この一連の計算を

$$as_0i_0 = 0.01 \times 148 \times 2 = 2.96 \rightarrow 2$$

と書くことにします。

次に、0 日目から 1 日目の間の新規回復者数は、

$$bi_0 = 0.5 \times 2 = 1.0$$

です。この場合は、たまたま計算結果が整数になりましたが、整数にならない場合は、切り上げを行って整数にします（切り捨てや四捨五入にすると、いつまで経っても感染者数が 0 にならない場合があります。）。

$$bi_0 = 0.5 \times 2 = 1.0 \rightarrow 1.$$

以上より、1日目における未感染者数、感染者数、回復者数は次のようになります。

$$\left\{ \begin{array}{l} s_1 = s_0 - 2 = 148 - 2 = 146, \quad (\text{未感染者は, 新規感染者 2 人分が減る}) \\ i_1 = i_0 + 2 - 1 = 2 + 2 - 1 = 3, \\ \quad (\text{感染者は, 新規感染者 2 人分が増え, 新規回復者 1 人分が減る}) \\ r_1 = r_0 + 1 = 0 + 1 = 1. \quad (\text{回復者は, 新規回復者 1 人分が増える}) \end{array} \right.$$

同様にして、1日目から2日目の間の新規感染者数、新規回復者数は

$$as_1i_1 = 0.01 \times 146 \times 3 = 4.38 \rightarrow 4, \quad bi_1 = 0.5 \times 3 = 1.5 \rightarrow 2$$

であり、2日目における未感染者数、感染者数、回復者数は次のようになります。

$$\left\{ \begin{array}{l} s_2 = s_1 - 4 = 146 - 4 = 142, \quad (\text{未感染者は, 新規感染者 4 人分が減る}) \\ i_2 = i_1 + 4 - 2 = 3 + 4 - 2 = 5, \\ \quad (\text{感染者は, 新規感染者 4 人分が増え, 新規回復者 2 人分が減る}) \\ r_2 = r_1 + 2 = 1 + 2 = 3. \quad (\text{回復者は, 新規回復者 2 人分が増える}) \end{array} \right.$$

さらに、2日目から3日目の間の新規感染者数、新規回復者数は

$$as_2i_2 = 0.01 \times 142 \times 5 = 7.1 \rightarrow 7, \quad bi_2 = 0.5 \times 5 = 2.5 \rightarrow 3$$

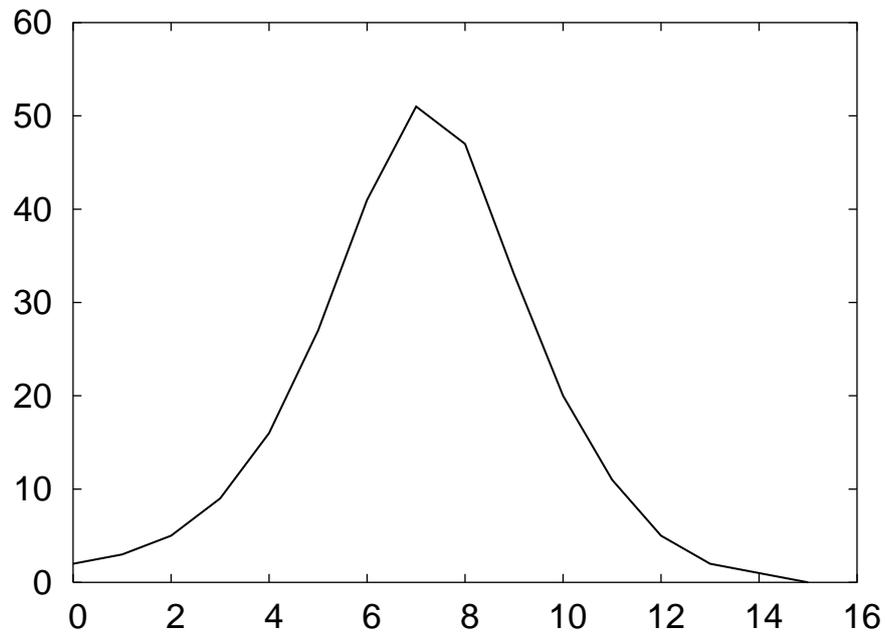
であり、3日目における未感染者数、感染者数、回復者数は次のようになります。

$$\left\{ \begin{array}{l} s_3 = s_2 - 7 = 142 - 7 = 135, \quad (\text{未感染者は, 新規感染者 7 人分が減る}) \\ i_3 = i_2 + 7 - 3 = 5 + 7 - 3 = 9, \\ \quad (\text{感染者は, 新規感染者 7 人分が増え, 新規回復者 3 人分が減る}) \\ r_3 = r_2 + 3 = 3 + 3 = 6. \quad (\text{回復者は, 新規回復者 3 人分が増える}) \end{array} \right.$$

このようにして、感染者数は $i_0 = 2, i_1 = 3, i_2 = 5, i_3 = 9$ と増えていき、感染症が流行していく様子が見てとれます。

しかし、感染者の数は永遠に増加し続けるわけではありません。未感染者の数には限りがあるため、ある時から、新規の感染者が減り始め、流行は収束へと向かいます。そして、ついには新規の感染者が現れなくなります。

実際、上記の計算を頑張って続けると、感染者数は次のグラフのようになります (横軸は日数 n , 縦軸は感染者数 i_n). つまり、7日目が流行のピークで、以後、感染者数は急速に減っていきます.



7日目が流行のピークというのは、非現実的ですが、これは総人口が150人であるなど、計算が簡単になるように値を設定したためです。もっと現実に則した値を設定すれば、実際の感染症の感染者数の推移に近い動きを再現できます。例えば、インフルエンザなどの感染症の患者数も、上のグラフと似たような形で推移することが知られています。

課題 1 a, b, s_0, i_0, r_0 の値をいろいろ変えて、感染者数の推移の仕方に、どのような違いが現れるか、観察してみましょう。

課題 2 インターネット上で、全国の都道府県などが発表している毎年のインフルエンザ患者数のグラフを見つけ、離散型 SIR モデルによる計算結果と比較してみましょう。

2.3 感染症が流行する条件

この項では、離散版 SIR モデルに従って感染者数が推移する場合に、感染症が流行するための条件を数学的に求めてみます。(5) 式は

$$i_{n+1} = (as_n - b + 1)i_n$$

とも書けます。ここで、感染症発生直後（日数 n の値が小さいとき）には、 $s_n \approx s_0$ と近似できるものとし（ \approx は近似の記号で、左辺と右辺がほぼ等しいという意味）。このとき、上式は

$$i_{n+1} \approx (as_0 - b + 1)i_n \quad (7)$$

と近似できます。この式を繰り返し使うことにより、

$$i_n \approx (as_0 - b + 1)^n i_0 \quad (8)$$

となります。したがって、 $as_0 - b + 1 > 1$ なら感染者数は $i_0 < i_1 < i_2 < \dots$ とどんどん増加します。つまり、感染が拡大し流行することになります。これに対して、 $as_0 - b + 1 < 1$ なら、感染者数は $i_0 > i_1 > i_2 > \dots$ とどんどん減少します。つまり、感染は自然に収束することになります。ここで、

$$R_0 = \frac{as_0}{b}$$

とおくと、

$$\begin{aligned} as_0 - b + 1 > 1 &\Leftrightarrow as_0 > b \Leftrightarrow \frac{as_0}{b} > 1 \Leftrightarrow R_0 > 1, \\ as_0 - b + 1 < 1 &\Leftrightarrow as_0 < b \Leftrightarrow \frac{as_0}{b} < 1 \Leftrightarrow R_0 < 1 \end{aligned}$$

となります。したがって、感染症が流行するかないかは R_0 の大きさに依存し、

$$\begin{cases} R_0 > 1 \text{ なら流行する,} \\ R_0 < 1 \text{ なら流行しない} \end{cases} \quad (9)$$

となることが分かります。

R_0 は「基本再生産数」と呼ばれています。実は、 R_0 は「感染者 1 人が、回復者になるまでの間に、平均何人の未感染者に感染症をうつすか」を表す量だと解釈

できます（第4節で詳述します.）。そう考えると、1人の感染者が1人より多くの人にうつせば、感染者がどんどん増えていき、感染症が流行するというのは、納得のいく話だと思います。

ちなみに、朝日新聞インターネット版には、「新型インフル、季節性より若者の感染多数 1カ月の分析」と題する記事[1]が2009年5月25日付で掲載されています（[1]とは、本稿の末尾の参考文献リストの番号に対応しています.）。その中で、「WHOなどが米科学誌サイエンス（電子版）に発表した論文では、メキシコの4月末時点での R_0 は『1.4～1.6』。」という記述があります。また、同じく朝日新聞インターネット版の「未成年1人がうつす人数、2.8人に 新型インフル」という2009年6月12日付の記事[2]の中では、「新型の豚インフルエンザの日本国内での流行について、オランダ・ユトレヒト大の西浦博研究員（理論疫学）らが患者1人から二次感染する人数を推計したところ、20歳未満は2.8、全患者の平均は2.3となり」（中略）「国内の5月9日～6月1日の感染361例をもとに、伝染病の感染力の数学的な物差しとなる『基本再生産数（ R_0 （ゼロ））』を調べた。」と書かれています。このように、基本再生産数という言葉は、時に新聞などのメディアにも登場します。

なお、記事中の「西浦博研究員」とは、新型コロナウイルス感染症に関して、人との接触を8割減らすことを呼びかけ、「8割おじさん」として話題となった西浦博教授のことで、当時はユトレヒト大学にいらっしゃいました。それはさておき、上記の記事の中で「20歳未満は2.8」と年齢について言及がある点には、少し留意が必要です。感染力を表す a や回復率を表す b の値は、年齢層によって異なることも珍しくないため、本来は年齢も考慮した解析が必要です。しかし、本稿ではできるだけシンプルにアウトラインを解説することに主眼をおいていますので、年齢に依存する議論は割愛します。

3 感染症対策

3.1 流行を防ぐ手段

第2節で見たように、感染症が流行するかどうかは、基本再生産数 R_0 の値に依存して決まります。つまり、感染症の流行を食い止めるためには、 R_0 の値をできるだけ小さく抑える必要があります。

課題3 R_0 の値を小さくするためには、どのような対策が効果的か考えてみましょう。

R_0 の定義を思い出すと

$$R_0 = \frac{as_0}{b}$$

でした。ということは、数学的に言えば、 R_0 の値を小さくするには、

(I) a の値を小さくする (II) b の値を大きくする (III) s_0 の値を小さくする

の3通りが考えられます。まず、(I) に関しては、 $as_n i_n$ が新規感染者数を表していたことを思い出してください。つまり、未感染者と感染者が接触し、なおかつ感染が起こる可能性の大きさを表すのが a です。したがって、この a の値を小さくするには、例えば以下のような対策が考えられます。

- 「不要不急の外出を控える」「学校を休校にする」などして、人と人との接触機会そのものを減らす。
- 「マスクをする」「手洗いをする」「ソーシャル・ディスタンス (social distancing) / フィジカル・ディスタンス (physical distancing) を保つ」「ついでを設置する」などして、人と人との接触しても、感染が起こる可能性を減らす。

(II) に関しては、 b が1日の間に、感染者が回復者に移行する確率を表していたことを思い出してください。したがって、感染者が回復者へ移行するスピードを速めることで、 b の値を大きくできます。ここで、回復者には病気が治った人だけ

でなく、未感染者との接触を絶っている人も含まれていることに注意すると、 b の値を大きくするには、例えば以下のような対策が考えられます。

- 「治療薬を開発する」などして、病気からの回復を早める。
- 「PCR 検査を的確に行い、感染者を早期に発見する」などして、感染者を速やかに隔離状態（数理モデル上では「回復者」の状態）に移行させる。

最後に、(III) について考えてみます。未感染者数 s_0 を減らすというのが (III) ですが、それには、みんながどんどん感染して、自然と未感染者数が減るのを待つしかないのでしょうか？ここで、 s_0 は正確には「今後感染する可能性のある人の数」であったことを思い出してください。ということは、未感染者に対してワクチンを接種することで、 s_0 の値を小さくできます。ワクチンを接種した人は、今後感染する可能性がないと考えると、 s_0 からは除外されることになります（実際には、ワクチンを接種したのに感染するという場合もありますが、ここではそのようなケースは考慮しないことにします。）。つまり、 s_0 を小さくするには、次の対策が考えられます。

- 「ワクチンを開発し、接種する」などして、未感染者を免疫保持者（数理モデル上では「回復者」の状態）に移行させる。

3.2 ワクチン接種率の目標設定

この項では、ワクチンの効果について、具体的な計算をしてみます。未感染者に対するワクチンの接種率を v ($0 \leq v \leq 1$ で、全員に接種する場合は $v = 1$) とおくと、未感染者数 s_0 の実質的な値は $(1 - v)s_0$ へと減少します。ということは、基本再生産数 R_0 も、その定義式の s_0 の部分を $(1 - v)s_0$ に変えることで、実質的には

$$\frac{a\{(1 - v)s_0\}}{b} = \frac{(1 - v)as_0}{b} = (1 - v)R_0$$

へと減少します。したがって、この値が、1 を下回るかどうか、感染症の流行を防げるかどうかの分かれ道となります。つまり、

$$(1 - v)R_0 < 1 \tag{10}$$

を満たすようにワクチンの接種率 v を設定する必要があります。ここで、(10) 式は

$$1 - v < \frac{1}{R_0}$$

と変形でき、さらに

$$v > 1 - \frac{1}{R_0} \quad (11)$$

となります。このように、基本再生産数が分かれば、感染拡大防止のためには、ワクチンの接種率をどの程度に設定すべきかが分かります。例えば、 $R_0 = 2.0$ なら、 $v > 0.5$ 、つまり、総人口の半数以上の人にワクチンを接種しないと、流行を防ぎきれないということになります。以上の議論から分かるように、ワクチンの接種率の目標を策定する上で、基本再生産数の推定が重要な役割を担っています。

なお、基本再生産数に対して、「実効再生産数」という概念もあります。2.3 項で、基本再生産数 R_0 を導入した際、「感染症発生直後」であるという前提で、 $s_n \approx s_0$ と近似し、

$$R_0 = \frac{as_0}{b}$$

と決めました。しかし、時間（日数）の経過とともに、未感染者数 s_n は変化します。また、3.1 項で考察したように、様々な対策を講じることで、 a や b の値も変化します。したがって、感染拡大の指標となる再生産数についても、日々変化します。そこで、 n 日目の再生産数を R_n と書き、 n 日目時点における実効再生産数と呼びます。その特別な場合、つまり、 $n = 0$ で、大半の人が未感染者で、ワクチン接種やその他の感染防止策も施されていない状態での再生産数が、基本再生産数 R_0 です。

ワクチンの接種率の基準や実効再生産数に言及した記事も、新型コロナウイルスに関する報道で、度々目にします。例えば、朝日新聞インターネット版には、「焦点：コロナ「集団免疫」、ワクチンでの獲得期待に潜む落とし穴」と題する記事 [3] が 2020 年 11 月 24 日付で掲載されています。その中で、「ワクチンの有効性を 100% と仮定すれば、集団免疫率の計算は 1 から $1/R_0$ を引き、これに 100 を掛ける。」という記述があります。これは (11) 式について言及したものです（「100 を掛ける」とあるのは、記事では、ワクチンの接種率（集団免疫率）を、%（百分率）で表現しているためです。）。また、同じく朝日新聞インターネット版の「「高止まりの後に増加」 専門家会議、勝負の 3 週間評価」と題する 2020 年

12月16日付の記事 [4] には、「感染者1人が何人に感染させるかを表す実効再生産数は1を超えると感染が拡大するが、上回る地域が多い。」と記されています。

4 基本再生産数の解釈

この節では、平均や極限の計算に関して、高校数学の範囲を越える内容を含みます。細部まで理解しなくても、大まかな流れを理解してもらえればと思います。ここでの目的は、基本再生産数 R_0 の正体を明らかにすることです。まずは、1人の感染者が回復者に移行するまでに、平均どれだけの日数を要するかを計算します。ある1人の感染者が、1日後に回復者へと移行する確率は b でした。ということは、 n 日後に感染者から回復者に移行する確率を p_n とすると、 $p_1 = b$ であり、一般に

$$p_n = (1 - b)^{n-1}b$$

となります（表が出る確率が b のコインを連続して投げたとき、 n 回目に初めて表が出る確率と同じです）。したがって、感染者としての平均滞在日数（つまり、回復者に移行するまでに、平均でどれだけの日数を要するか）を T とおくと、

$$T = p_1 + 2p_2 + 3p_3 + 4p_4 + \dots = b\{1 + 2(1 - b) + 3(1 - b)^2 + 4(1 - b)^3 + \dots\} \quad (12)$$

となります。この T を具体的に求めるために、 n 日目までの和を T_n とおくことにします。つまり、

$$T_n = b\{1 + 2(1 - b) + 3(1 - b)^2 + 4(1 - b)^3 + \dots + n(1 - b)^{n-1}\} \quad (13)$$

です。この (13) 式の両辺に $(1 - b)$ をかけると、

$$(1 - b)T_n = b\{(1 - b) + 2(1 - b)^2 + 3(1 - b)^3 + 4(1 - b)^4 + \dots + n(1 - b)^n\} \quad (14)$$

となります。ここで、(13) 式の両辺から (14) 式の両辺をそれぞれ引くと、

$$bT_n = b\{1 + (1 - b) + (1 - b)^2 + (1 - b)^3 + \dots + (1 - b)^{n-1} - n(1 - b)^n\}$$

となります。この両辺を b で割ると、

$$T_n = 1 + (1 - b) + (1 - b)^2 + (1 - b)^3 + \dots + (1 - b)^{n-1} - n(1 - b)^n \quad (15)$$

という式が得られます。ここで、等比数列の和の公式を用いると、

$$1 + (1 - b) + (1 - b)^2 + (1 - b)^3 + \dots + (1 - b)^{n-1} = \frac{1 - (1 - b)^n}{1 - (1 - b)} = \frac{1 - (1 - b)^n}{b}$$

であることが分かります。これを (15) 式の右辺に代入すると、

$$T_n = \frac{1 - (1 - b)^n}{b} - n(1 - b)^n = \frac{1 - (1 - b)^n - nb(1 - b)^n}{b} = \frac{1 - (1 + nb)(1 - b)^n}{b} \quad (16)$$

となります。ここで、改めて T および T_n の定義 (12), (13) 式を思い出すと、

$$\lim_{n \rightarrow \infty} T_n = T$$

となっています。ですので、(16) 式より、

$$T = \lim_{n \rightarrow \infty} T_n = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1 - (1 + nb)(1 - b)^n}{b} = \frac{1}{b}$$

であることが分かります。なお、 $0 < b \leq 1$ 、したがって、 $|1 - b| < 1$ に注意して、 $\lim_{n \rightarrow \infty} (1 + nb)(1 - b)^n = 0$ であるという事実を用いました。以上より、感染者は回復までに平均で $\frac{1}{b}$ 日間を要することが分かりました。

ところで、もう一度、離散版 SIR モデルの日ごとの新規感染者数を思い出すと、 $as_n i_n$ 人でした ((4) 式参照)。ここで、感染者数は i_n 人なので、感染者 1 人が、1 日の間に平均で as_n 人に感染症をうつすという計算になります。特に初期のころは、 $s_n \approx s_0$ と近似できるので、感染者 1 人が 1 日の間に平均でうつす人数は、 as_0 と見なせます。一方で、先程計算したように、感染者は回復までに平均で $\frac{1}{b}$ 日間を要するので、この間にうつす人数は

$$as_0 \times \frac{1}{b} = \frac{as_0}{b} = R_0$$

となります。つまり、基本再生産数 R_0 は、「(感染症発生の初期段階において) 感染者 1 人が、回復者になるまでの間に、平均何人の未感染者に感染症をうつすか」を表していることとなります。

5 コンピュータプログラム

参考までに、離散版 SIR モデルの計算を実行し、感染者数の推移のグラフを描画するためのプログラムを、以下に示します。これは、統計解析用の言語である R

言語を用いたものですが、他の言語を用いても、同様に容易に実行可能です。なお、プログラムを掲載する目的は、プログラミングについて解説することではありません。ここで述べたいことは、離散版 SIR モデルの計算が、わずか 8 行のプログラムで実行可能だということです、つまり、高度なプログラミングの技術は必要なく、初歩的な知識を習得すれば、誰でもすぐにコンピュータで SIR モデルを試してみることができます。なお、下記のプログラム中で、各行の#以降の部分はコメント（メモ書き）であり、ここに何を書いてもプログラムの動作に影響はありません。

```
a=0.01; b=0.5; s=148; i=2; r=0      #パラメータ, 初期値の設定
I=i                                  #0 日目の感染者数を保存
while(i>0){                          #感染者数が0になるまで繰り返し
  NI=min(floor(a*s*i),s)             #新規感染者数の計算
  NR=ceiling(b*i)                   #新規回復者数の計算
  s=s-NI; i=i+NI-NR; r=r+NR         #未感染者, 感染者, 回復者数更新
  I=append(I,i)}                   #現在の感染者数を保存
I;plot(0:(length(I)-1),I, type="l") #感染者数の推移の表示
```

このプログラムを実行すると、感染者数のデータが

```
2  3  5  9 16 27 41 51 47 33 20 11  5  2  1  0
```

と数値で表示されるとともに、グラフも表示されます。なお、上記の例では、2.2 項の数値例と全く同じパラメータと初期値を与えていますので、計算結果やグラフも同じになります。プログラムの 1 行目で設定している値を変えれば、いろいろなパラメータや初期値に対して、計算を行うことができます（2 行目以降は、変更する必要はありません。）。

実際にこのプログラムを試してみたい場合は、R のソフトを無料でダウンロードすることが可能です。ダウンロードやインストールの仕方は、インターネットの検索サイトで、「R ダウンロード」などのキーワードで検索すれば、情報が得られます。また、Google のアカウントをお持ちの方は、下記にアクセスすることで、R のプログラムをクラウド上で動かすことも可能です。

Google Colaboratory

<https://colab.research.google.com/#create=true&language=r>

なお、URL の末尾を `&language=r` としていることが重要で、これがないと、デフォルトでは ^{パイソン}Python という言語を用いる設定になります。もちろん、Python でも同じ計算は可能です。以下に Python のプログラムの例を記します。Python では行頭のインデントが重要な意味を持つことに注意が必要です。

```
import math
import matplotlib.pyplot as plt
a=0.01; b=0.5; s=148; i=2; r=0
I=[i]
while i>0:
    NI=min(math.floor(a*s*i),s)
    NR=math.ceil(b*i)
    s=s-NI; i=i+NI-NR; r=r+NR
    I=I+[i]

I;plt.plot(I);plt.show()
```

最初に `import math` や `import matplotlib.pyplot as plt` などのおまじないを書き込む分、R より少し記述が長くなりますが、本体の部分はほぼ同じように記述できます。いずれにしろ、ここで紹介した情報は、あくまで本稿執筆時点のものであり、サービス内容や URL が変更される可能性があります。また R や Python の仕様自体も変更になるかもしれません。

6 まとめ

本稿では、感染症の基本モデルである Kermack-McKendrick の SIR モデルについて、時間を離散化することで、(一部を除き) 高校数学の範囲でも理解できるようにかみ砕いて解説しました。感染症を巡るメディアの報道内容とも絡めて解説することで、より数学の大切さや身近さを感じてもらえるよう試みました。

本稿を踏まえ、さらに感染症の数理モデルについて深く探究したい場合は、例えば下記のような切り口が考えられます。

- 離散版 SIR モデルを数学的にもっと深く厳密に探究する。
- 離散版 SIR モデルについて、パラメータや初期値をいろいろ変えてパソコンで計算を行い、モデルの性質を実験的に明らかにする。
- 感染症の患者数の実際のデータと、離散版 SIR モデルの計算結果を比較する。
- 年齢別にパラメータの値を変えたり、出生・死亡を考慮したりするなど、より現実に即した離散版のモデルを扱う。
- 微積分を勉強し、もともとの微分方程式を用いた SIR モデルについて理解する。

もちろん、これ以外にも様々なアイデアがあり得ると思います。斬新な発想に基づくユニークな研究を期待して、本稿の結びとします。最後までお読みいただき、ありがとうございました。

参考文献

- [1] 朝日新聞社、『新型インフル、季節性より若者の感染多数 1カ月の分析』，2009年5月25日，
<http://www.asahi.com/special/09015/TKY200905250003.html>
- [2] 朝日新聞社、『未成年1人がうつす人数、2.8人に 新型インフル』，2009年6月12日，
<http://www.asahi.com/special/09015/TKY200906120057.html>
- [3] 朝日新聞社、『焦点：コロナ「集団免疫」、ワクチンでの獲得期待に潜む落とし穴』，2020年11月24日，
<http://www.asahi.com/international/reuters/CRWKBN27ZOKF.html>

- [4] 朝日新聞社,『「高止まりの後に増加」 専門家会議、勝負の3週間評価』, 2020年12月26日,
<https://www.asahi.com/articles/ASNDJ6VV9NDJULBJ00P.html>
- [5] 稲葉寿 編著,『感染症の数理モデル』, 培風館, 2008.
- [6] 厚生労働省,『新型インフルエンザ患者数の増加に向けた医療提供体制の確保等について』, 2009年(平成21年)8月28日,
<https://www.mhlw.go.jp/kinkyu/kenkou/influenza/hourei/2009/08/dl/info0828-01.pdf>