■ Original article

パラメータ分布を基にした離散型感染伝播モデルによるパンデミックのシミュレーション
― 接触頻度のバラツキが与える影響について ―

佐伯 康弘[1, 2]

[1] 東京医療保健大学大学院医療保健学研究科

[2] 医療法人きぼう　徳田病院

Simulation of pandemics by parameter distribution based discrete transmission models: Effect of variation in contact frequency

Yasuhiro Saeki[1, 2]

[1] Tokyo Healthcare University Postgraduate School

[2] Tokuda Hospital

背景：感染伝播の数理モデルを用いたシミュレーションでは主要パラメータを変化させた報告が多く、パラメータのバラツキに注目した報告はほとんどない。

目的：本研究では各感染伝播パラメータ分布を基にした離散型モデルを考案し、分布のバラツキ度合が感染伝播にどう影響するか検討した。

方法：COVID-19 のパンデミックを想定した閉鎖エリア上の 10,000 人を対象に、距離に依存した接触と感染確率により感染成立するプログラムを作成した。接触頻度（*c*）の分布が対数正規分布と仮定し平均 3 回 / 日、標準偏差を 0.4 〜 1.2 に変えて比較した。また、免疫獲得率 0%の N エリア中に同 50%の M エリア（1600 人）が局在する条件で収束時感染率を比較した。シミュレーションは各 20 回ずつ行った。

結果：感染者のピーク時及び収束時日数は *c* の標準偏差が大きいほど短くなった。ピーク時の実効再生産数はどの標準偏差条件でも約 1.6 前後であった。その時の未感染者内の平均 *c* は全平均から 5 〜 56%低下し、標準偏差が大きいほどその低下は大きかった。N エリアと M エリアの収束時感染率の比は 0.15 〜 0.56 となり、*c* の標準偏差が小さいほど M エリア内での感染伝播抑制効果は大きかった。

結論：本離散型モデルによる検討から、パンデミック全体の進展や局在する高免疫率地域内の感染伝播抑制に対し *c* のバラツキ度合が影響要因であること、また一部の高い接触頻度を持つ人々の行動が、感染拡大全体の動向を左右する可能性が示された。

Key words：感染伝播シミュレーション、離散型モデル、接触頻度、標準偏差の影響、COVID-19

1．はじめに

感染伝播の数理モデルには Compartment モデル（以下、微分型モデル）がよく使われ、感染伝播の予測や理解またその対策に応用されてきた。一方、離散的現象である感染伝播を連続的関数で表現することや感受性者と感染者の一様混合仮定等を前提とした解析方法は現実にそぐわないのではないかという問題点があった[1)]。近年、このような問題点を改善する現実的な解析方法とし

て一人一人の行動特性を組み込んだ個体ベースモデル（Individual Based model: IBM）が提唱され、実際のパンデミック解析や予測に利用されるようになってきた[2, 3]。しかしながら、IBM による解析には膨大な個人の行動特性や地理的社会的特性の情報集積、さらにそれらデータを解析するための高性能コンピュータやプログラムソフトが必要であり、多大な労力、時間、設備、資金が必要となる。

そこで今回 IBM の簡易型モデルとして、各パラメータを一定の分布からのサンプリングとして割り付け、離散的感染成立を前提するモデル（以下、離散型モデル）を作成した。本モデルを使いパンデミック進展について接触頻度のバラツキ要素がどのように影響するか微分型モデルとの比較とともに検討した。

2．方　法

2.1　離散型モデル

本モデルのシミュレーションは Microsoft 社製 Excel® 上の Visual Basic Application により、以下のような機能を持つプログラムを作成し実施した。

2.1.1　感染伝播のプロセス

感染伝播過程は**図 1** に示す SEIR モデルに準じて未感染期、潜伏期、感染期、非伝播期（死亡者を含む）のプロセスで進み、感染伝播の成立は離散的確率過程とする感染伝播モデルとした。ここで潜伏期は感染後他への感染伝播はしない期間であり、感染期は他へ伝播する期間を意味し、臨床的な症状を基にした分類とは異なる。また、非伝播期者は再感染しない条件とした。

2.1.2　領域と対象人数

対象となる仮想領域は人口流入がなく辺縁を持たない閉鎖エリアとしてドーナツ状の表面（以下、トーラス面という）上を想定した。トーラス面は方形平面に展開できるので、縦 100、横 100 区分けし 10,000 名分の仮想住所として対象人数とした（**図 2**）。トーラス面上個々の感染状態を表した図を番地図と呼ぶこととする。

2.1.3　感染伝播パラメータと実効再生産数

感染伝播のパラメータとして、1 日の平均接触頻度を c（回 / 日），1 回の接触による感染確率を p（1/ 回）、潜伏期における平均潜伏期間を Ed（日）、感染期における

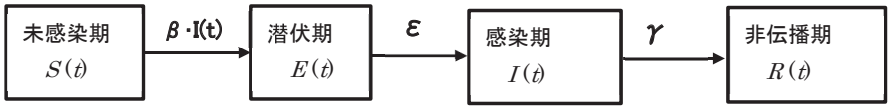

図 1　感染のプロセス（SEIR モデル）

$S(t)$ は未感染期の人数、$E(t)$ は潜伏期（他への感染伝播はしない）の人数、$I(t)$ は感染期（感染伝播可能）の人数、$R(t)$ は非伝播期（感染後治癒した者、死亡者、免疫獲得者）の人数。これらは定義上再感染しない。
離散型モデル、微分型モデルともに $S \Rightarrow E \Rightarrow I \Rightarrow R$ のプロセスをたどる。
β、ε、γは微分モデルにおける各コンパートメント間の速度パラメータ。

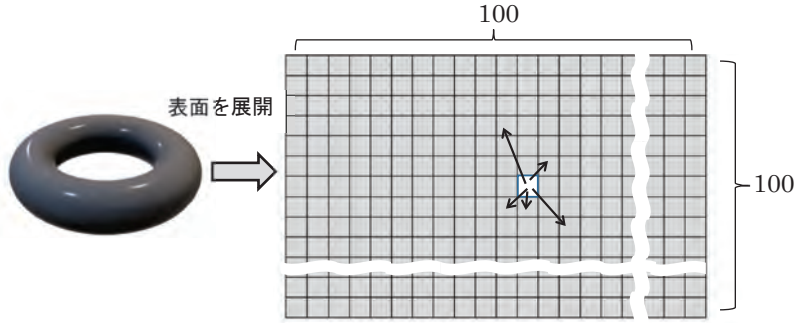

図 2　領域の構造と感染の成立

図右のドーナツ状表面を展開し、縦 100 列、横 100 行 10000 個の区画（番地）に区切り、仮想的な住人の位置とした。各番地にはそれぞれ基本接触値、感染確率を設定し、日々の接触は近接した住人同士から順に遠くへ接触（→）するようにした。互いの接触回数の残りが 1 回以上で接触成立とした。接触成立後、非感染期と感染期の組み合わせの場合に未感染者の感染確率に従った確率で感染成立とした。

感染可能な平均感染伝播日数を D（日）とした。接触頻度の分布は幾何平均 c、標準偏差（σ_c）を持つ対数正規分布とし、そこからのランダムな選択値として逆関数を使い住人個々に割り付けた。それぞれに割り付けた接触頻度を基本接触値と呼ぶこととする。個人の接触回数は一定ではないが、基本接触値をその平均値とし個人内標準偏差（σ_{cs}）をバラツキ値とした対数正規分布をなすものとした。1日毎のシミュレーション時には個人それぞれの対数正規分布から逆関数を使いランダムに取り出した値（実数）を四捨五入し当日の接触回数とした。基本接触値として高い値を割り付けられた者は平均的に高い接触回数で、逆に低い値の者は平均的に低い接触回数が割り当てられることになる。

このように一人一人の接触頻度については2段階の割り付けにより計算を行った。対数正規分布の標準偏差を変化させる場合には、幾何平均値が一定となるように補正計算[4]した。割り付け例として c の値が3、σ_c の値が0.4，0.8、1.2における基本接触値のヒストグラムと基本接触値が5.1（回/日）に割り付けられた個人内接触回数のヒストグラムを**図3**に示す。

感染確率は平均感染確率 p、変動係数 CVp の正規分布に従って住人個々に割り付け、1回のシミュレーションを通して個々の値は一定とした。潜伏期間、感染伝播日数は感染成立時に Ed 、D とそれぞれ変動係数 CV_{Ed}、CV_D に従った正規分布からのランダムな選択値として割り付けた。ここで、基本再生産数を R_0、経過時間 t 日目における実効再生産数を $Re(t)$、未感染期人数を $S(t)$、潜伏期人数を $E(t)$、感染伝播期人数を $I(t)$、そして非伝播期人数（初期からの免疫獲得者数、回復者数、死亡者数の合算数）を $R(t)$、モデル内全体の人数を Np とすると、R_0、$Re(t)$ はそれぞれ次式のように表される[5]。

$$R_0 = c \cdot p \cdot D \quad \cdots\cdots (1)$$

$$Np = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$$

$$R_e(t) = c \cdot p \cdot D \cdot \frac{S(t)}{Np} \quad \cdots\cdots (2)$$

本論での実効再生産数は（2）式により算出した。

2.1.4 感染成立条件

接触は番地図上の近さを優先して組み合わせ、当日の互いの接触回数が1回以上残っている場合に接触が成立し、シミュレーション計算上1回分の接触が実施されたこととした。接触成立後、非感染期と感染期の組み合わ

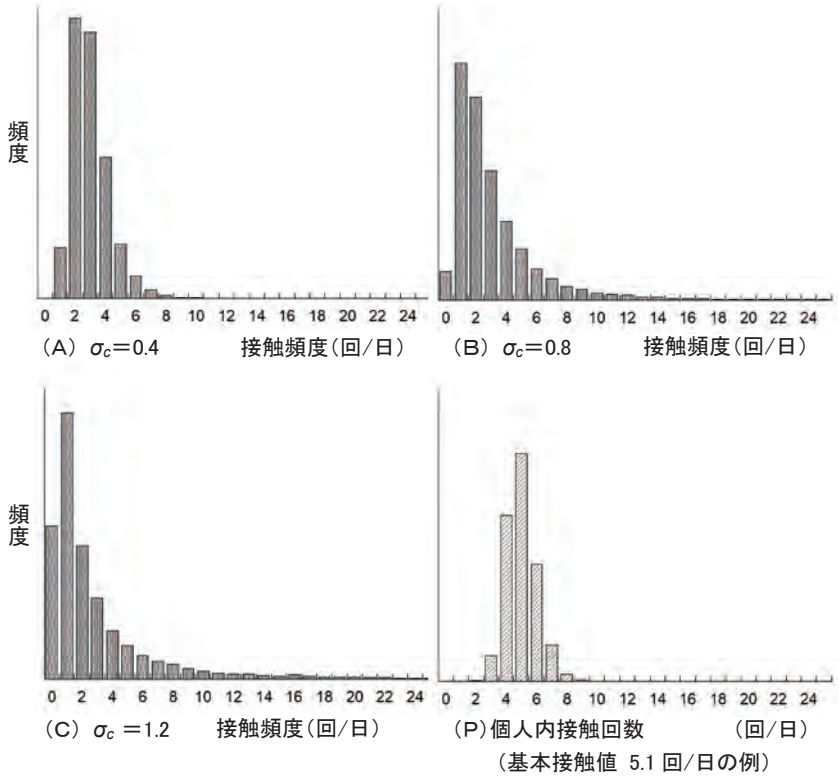

図3 接触頻度のヒストグラムと個人内接触回数ヒストグラム

せの場合に未感染者の感染確率に従った確率で感染成立の成否を決めた。

2.2　SEIR モデル

離散型モデルとの比較として同様のプロセス（図1）である未感染期、潜伏期、感染期、非伝播期を持つSEIR 型のコンパートメントモデル（以下､微分型モデル）を用いた。図 1 における β、ε、γ はコンパートメント間の移動速度パラメータである。この微分型モデルは以下の常微分方程式によってあらわされる [6-8]。

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \quad \cdots\cdots (3)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \varepsilon \cdot E(t) \quad \cdots\cdots (4)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \varepsilon \cdot E(t) - \gamma \cdot I(t) \quad \cdots\cdots (5)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) \quad \cdots\cdots (6)$$

微分型モデルのパラメータ β、ε、γ は離散型モデルのパラメータ平均接触頻度 c、平均感染確率 p、平均潜伏期間 Ed、平均感染日数 D、全体の人数 Np から以下の式により求めた。

$$\beta = \frac{c \cdot p}{Np} \quad \cdots\cdots (7)$$

$$\varepsilon = \frac{1}{Ed} \quad \cdots\cdots (8)$$

$$\gamma = \frac{1}{D} \quad \cdots\cdots (9)$$

これにより、離散型モデルと微分型モデルが同等のパラメータを持つことになる。

2.3　シミュレーション試験

閉鎖環境にある 10,000 人の集団で新型コロナウイルス感染症（COVID-19）を模したパンデミックを想定し、シミュレーションを行った。COVID-19 の基本再生産数 R_0 を 2.79、平均潜伏期間を 4.3 日間、平均感染伝播期間を 7.5 日間に設定した [9-11]。これらパラメータから逆算して平均接触頻度を 3 回 / 日、平均感染確率を 0.124 に設定した。各パラメータの詳細は**表 1** に示す通りである。これらの想定パラメータに基づき､以下のシミュレーション試験を行った。

2.3.1　離散型モデル接触頻度バラツキの影響と微分型モデルとの比較

離散型モデルにおいて免疫獲得率 0%、平均接触頻度の σ_c を 0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2 に変えた 5 パターンで、初期感染者を 5 名としてそれぞれ 20 回のシミュレーションを行った。さらに (7)、(8)、(9) 式により同等の感染伝播パラメータを設定し、微分型モデルでのシミュレーションを行った。各条件での、感染者数（潜伏期および感染期の人数）がピークとなる日数（以下､ピーク日数）､ピーク時の実効再生産数、未感染者と未感染者以外を別々に集計した平均接触頻度､平均感染確率を比較した。なお､離散型モデルでの収束は感染者数が 0 人となった時点、微分型モデルでは感染者数が 0.5 人未満となった時点とした。

表 1　感染伝播パラメーター覧

項目	パラメータ値		バラツキパラメータ値			分布型 ※
全体の人数	Np	10,000 人				
平均接触頻度（全体）	c	3.0 回/日	σ_c	0.4 ～ 1.2	標準偏差	Log
平均接触頻度（個人）	基本接触値	回/日	σ_{cs}	0.3	個人内標準偏差	Log
平均感染確率（全体）	p	0.124	CVp	20	変動係数（%）	norm
平均潜伏期間	Ed	4.3 日	CV_{Ed}	15	変動係数（%）	norm
平均感染伝播期間	D	7.5 日	CV_D	10	変動係数（%）	norm
基本再生産数	R_0	2.79				
微分型モデル	β	0.0000372	day^{-1}			
	ε	0.233	day^{-1}			
	γ	0.133	day^{-1}			

※　norm：正規分布、Log：対数正規分布

2.3.2 免疫獲得者が偏在する場合のシミュレーション

離散型モデルにおいて1600名・免疫獲得率50%の地域（Mエリア）と隣接する周辺の8400名・免疫獲得率0%の地域（Nエリア）とを設定し、初期の感染がNエリア内の4名とMエリア内の1名から発生を想定した。平均接触頻度のσ_cを0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2に変えた5パターンでそれぞれ20回のシミュレーションを行い、収束時におけるMエリアとNエリアの最終感染率および感染率比（M/N）を比較した。

3．結　果

3.1 離散型モデル接触頻度バラツキの影響と微分型モデルとの比較

感染者の経時変化について離散型モデルでの各σ_c条件で行った代表的シミュレーション例と微分型モデルでの結果を**図4**に示した。代表例ではあるが、接触頻度のσ_c値が大きくなるにしたがって、ピークまでの日数が短くなっていくのが観察された。

番地図上のシミュレーション経過を図4に選んだσ_cが0.4および1.2の代表的例について**図5**に示した。σ_cの値により、0.4の例では感染拡大している部分が狭い範囲のまま進行していき、1.2の例では散発的な広がり方が強くみられた。接触頻度のバラツキが異なることで感染伝播が拡散していく様子が大きく異なることが示された。

シミュレーション全体の詳細結果は**表2**にまとめた。ピーク時における実効再生産数、接触頻度は微分型モデルの結果と合わせて**図6**にまとめた。微分型モデルでは66.8日目に感染者数のピークに達し、その時の実効再生産数は約1であった。離散型モデルではどのσ_c条件でも実効再生産数の平均が1.56～1.68でピークに達していた。感染者ピーク時における全体の平均接触頻度は2.99～3.02であり、σ_c値の条件により大きな変化は見られなかった。さらに全体の平均接触頻度は全期間を通して概ね一定であった。しかしながら、図6に示すように未感染者と未感染者以外を別々に集計した感染者ピーク時の平均接触頻度には互いに大きな乖離が起き、σ_cが大きい条件ほど大きな乖離となった。全体の平均接触頻度からの未感染者の低下率はσ_c値の条件0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2に対してそれぞれ5.0, 17.3, 31.7, 44.7, 56.0%であった。一方、感染確率についてみると、ピーク時においてσ_cの値に関係なく未感染者が0.122、それ以外の平均で0.126と全体の0.124からの乖離傾向はみられるものの僅かなものであった（表2）。

収束時における比較を見ると、σ_cが大きい条件ほど収束日数は短く、最終感染率は低い傾向にあった。また、微分型モデルでの最終感染率が最も高い値となり92.4%であった。

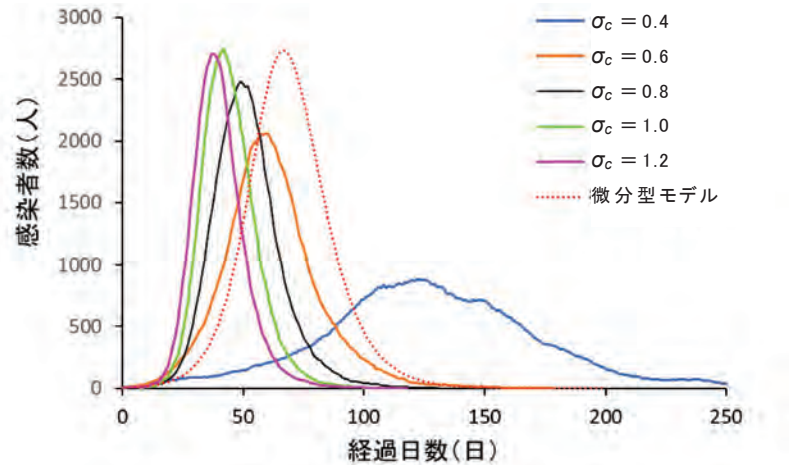

図4　離散型モデルσ_cの違いおよび微分型モデルによる感染者数の経時変化例

離散型モデルにおいて接触頻度のバラツキパラメータσ_cを変えた（0.4～1.2）シミュレーションから、各条件の代表例について感染者数の経時変化を示した。合わせて微分型モデル（点線）によるシミュレーション曲線を併記した。

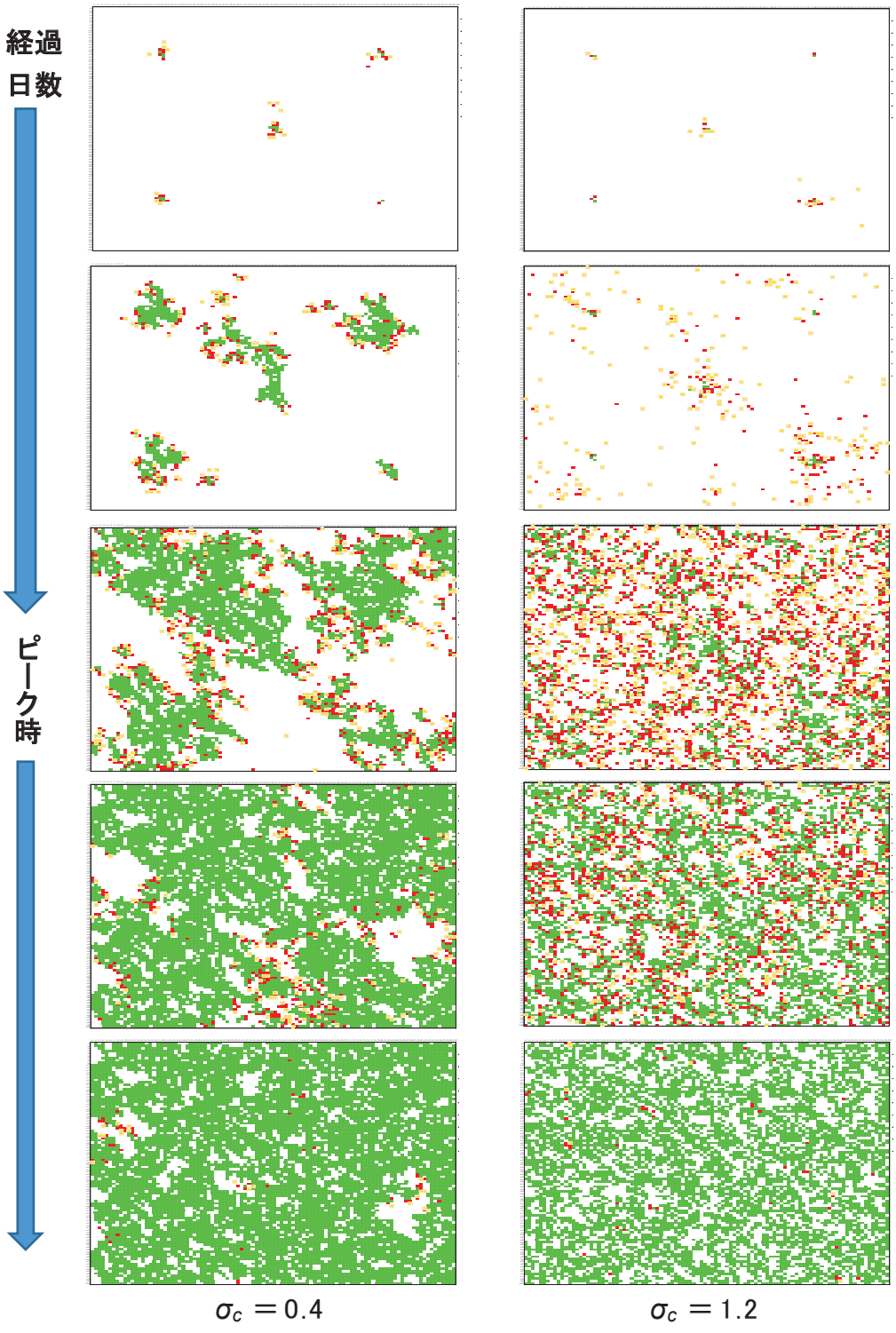

図 5　番地図上の感染状態変化

図 4 であげたシミュレーション例の内、2 例について番地図上の経時的感染状態変化を示した。
左列は σ_c ＝ 0.4 の例で上から、15, 70, 122（ピーク）, 170, 220 日目の状態図。
右列は σ_c ＝ 1.2 の例で上から、12, 21, 38（ピーク）, 47, 77 日目の状態図。
□：未感染期、■：潜伏期、■：感染期、■：非伝播期

表２　接触頻度のバラツキ σ_c の違いによるシミュレーション比較

	項目	離散型モデルでの接触頻度バラツキ σ_c の値					微分型モデル
		0.4	0.6	0.8	1.0	1.2	
ピーク時	ピーク日数（日）	123.8 ±29.1	58.7 ±6.7	49.4 ±7.3	42.1 ±6.0	37.6 ±4.6	66.8
	実効再生産数	1.67 ±0.14	1.56 ±0.08	1.56 ±0.04	1.61 ±0.05	1.68 ±0.05	0.991
	平均接触頻度[全体]（回/日）	3.00 ±0.01	3.01 ±0.02	2.99 ±0.03	3.02 ±0.04	3.01 ±0.05	3.0
	平均接触頻度[未感染者]（回/日）	2.85 ±0.03	2.48 ±0.04	2.05 ±0.04	1.66 ±0.05	1.32 ±0.04	3.0
	平均接触頻度[未感染者以外]（回/日）	3.23 ±0.03	3.69 ±0.05	4.20 ±0.05	4.85 ±0.11	5.55 ±0.15	3.0
	平均感染確率（未感染者）	0.122 ※	0.122 ※	0.122 ※	0.122 ※	0.122 ※	0.124
	平均感染確率（未感染者以外）	0.126 ※	0.126 ※	0.126 ※	0.126 ※	0.126 ※	0.124
収束時	収束日数（日）	312 ±50.3	179 ±16.7	143 ±17.7	116 ±10.6	107 ±10.8	178.5
	最終感染率（%）	80.6 ±0.5	77.8 ±1.1	72.1 ±0.6	66.2 ±0.9	59.5 ±0.8	92.4

平均±S. D.（n=20）　　※ S. D.＜0.0005

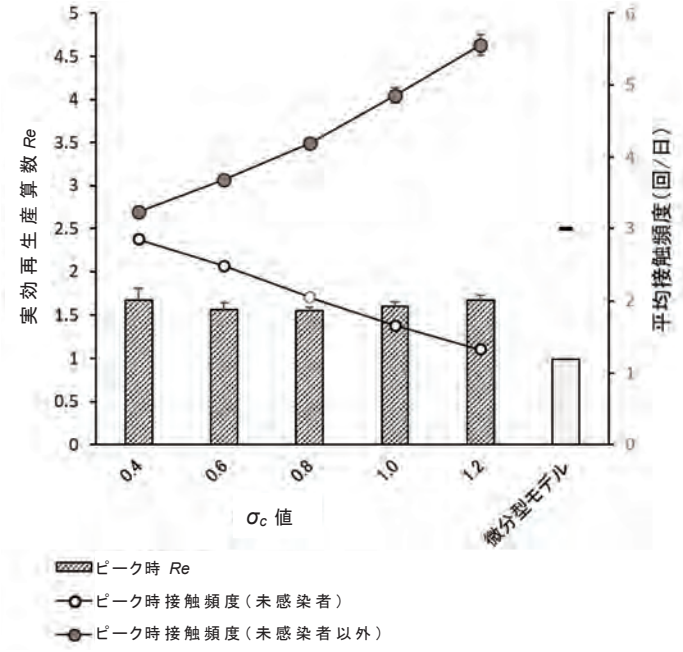

図６　ピーク時の実効再生産数と接触頻度（基本接触値）

離散型モデルで設定した σ_c ごとに感染者数がピークとなった時の実効再生産数（平均± S. D.）を示した。同時にピーク時の未感染者および未感染者以外の平均接触頻度（平均± S. D.）を示した。

微分型モデルではピーク時の実効再生産数は 0.991、接触頻度は 3 回 / 日であった。

3.2　免疫獲得者が偏在する場合のシミュレーション

M エリア、N エリアが共存する条件のシミュレーションにおいて、σ_c が 0.4 および 1.2 の代表的例について番地図上の経過を**図 7** に示した。M エリア内から始まった感染は一定程度で抑えられ、M エリアと N エリアの境界にはあたかも「堤防」が存在するかのような様相がみられた。σ_c が 0.4 の例ではその堤防が高く、1.2 の例ではその堤防が低いかのような印象を受ける経過図で

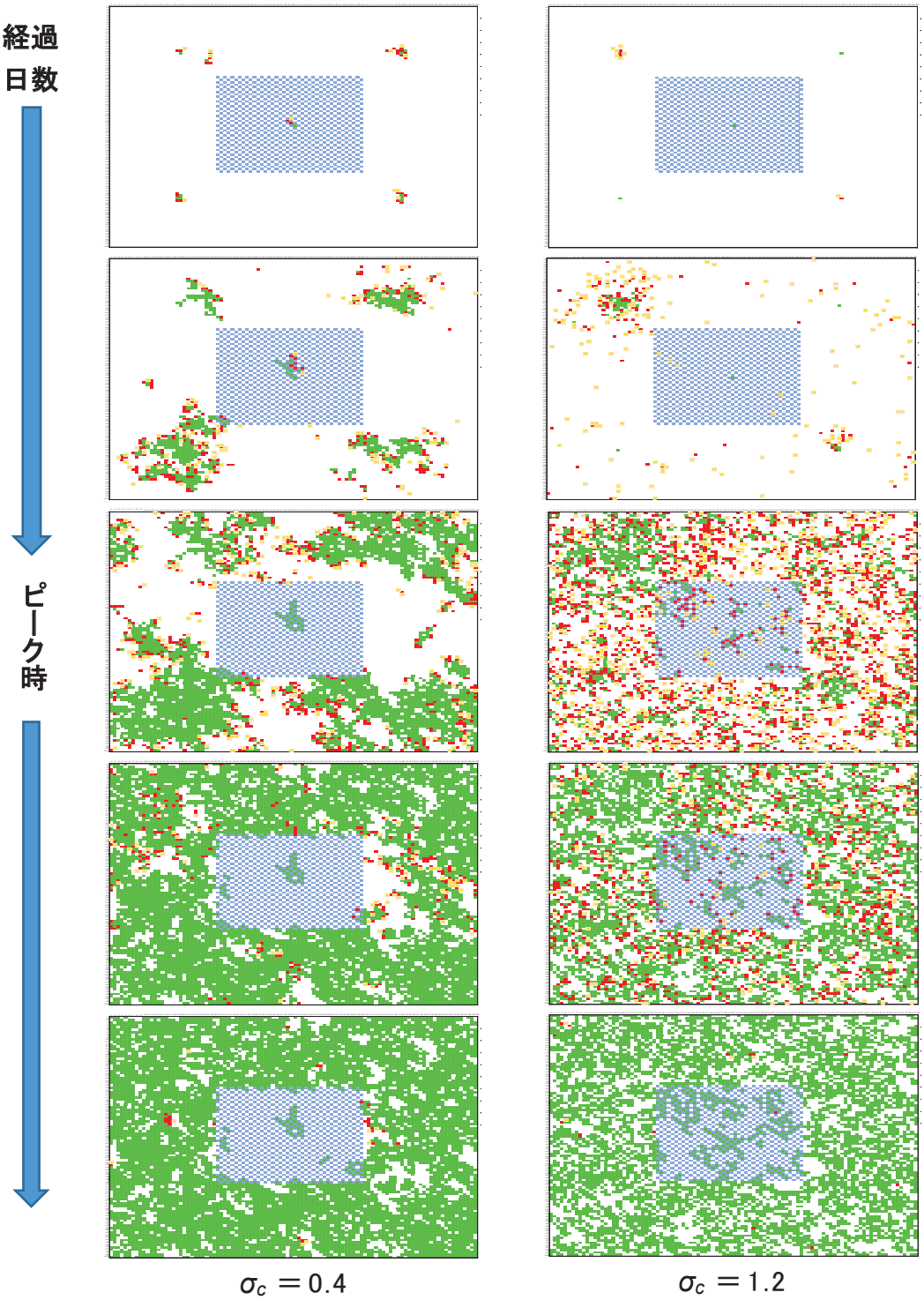

図 7　番地図上の感染状態変化（免疫獲得者が局在する場合）

中央の青色部分が M エリア（免疫獲得率 50%）その周りが N エリア（免疫獲得率 0%）である。免疫獲得者が局在する場合のシミュレーション例の内、標準偏差 σ_c が 0.4 と 1.2 の代表例について番地図上の経時的感染状態変化を示した。

左列は σ_c ＝ 0.4 の例で上から、15, 65, 113（ピーク），170, 220 日目の状態図。

右列は σ_c ＝ 1.2 の例で上から、8, 25, 43（ピーク），55, 85 日目の状態図。

□：未感染期、■：潜伏期、■：感染期、■：非伝播期、■免疫獲得者

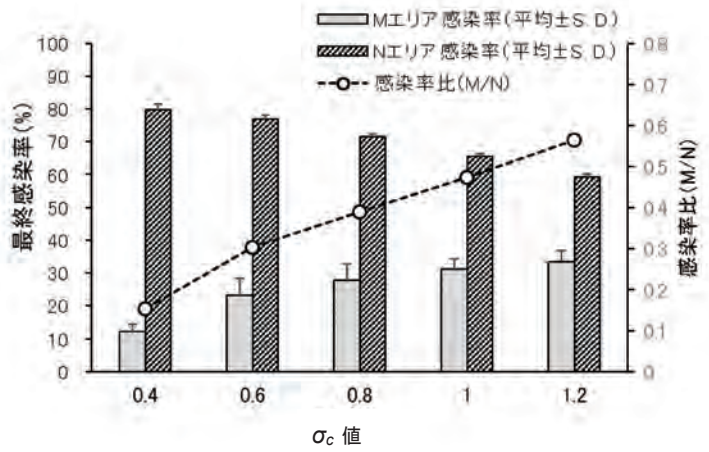

図８　免疫獲得者局在状態でのシミュレーション

Ｍエリア（1600 名）は免疫獲得率 50%（未感染者 800 名）。
Ｎエリア（8400 名）はその他の領域で免疫獲得率 0%。
Ｍエリア､Ｎエリア間には接触上の制限はない｡離散型モデルで σ_c ごとの設定によりシミュレーションを実施し、収束時の最終感染率およびＭエリアとＮエリアの感染率比を示した。

あった。

全体のシミュレーション結果を**図８**示した。収束時の最終感染率からはＭエリア内の感染拡大がＮエリアと比べ抑制されていることが示された。Ｍエリアとエリアの最終感染率比（M/N）では、σ_c 値の条件 0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2 に対してそれぞれ 0.15, 0.30, 0.39, 0.47, 0.56 となり、σ_c 値が小さい条件ほど大きなＭエリア内の感染伝播抑制効果がみられた。

４．考　察

本試験で使用した離散型モデルは閉鎖エリアとしてトーラス面を用いた。この特徴は外界との境界を持たずに閉鎖エリアを構成していることである。トーラス面上ではすべての位置が相対化できる（中心も縁もない）ので、位置的な環境の違いがない利点がある。本モデルプログラムの大きな特徴は事前のパラメータ分布を基にシミュレーション計算を行うことである。一人一人の行動や様々な特性情報を組み込む IBM とは異なり、少ない情報で計算することを可能としている。本モデルは個々の特性情報はパラメータの分布として表現されてくるという仮説に基づいておりその評価は今後の課題であるものの、簡易版の離散型モデルとして有用性が期待できる。

比較として用いたコンパートメントモデルである微分型モデルは一般に決定論的モデルといわれ、初期条件が同じであれば毎回同じ結果を出す。またパラメータは速度定数として定義され、パラメータ自身のバラツキという概念を持たない。一方、本試験で使った離散型モデルは確率論的モデルといわれ、同じ条件でも異なる結果となる。例えば、前者では半分だけ感染ということが許されるのに対し、後者は感染か未感染かのどちらかを確率的に選択しつつ計算が行われる。したがって、開始時の感染者が 1 人でもいれば微分型モデルでは必ず全体の感染伝播へと拡がるが、離散型モデルでは偶然初期感染者の周辺のみで収束したり、または全領域に広がったりすることが起きる。本試験でのシミュレーションではこの点を考慮し、初期感染者を 5 名として行った結果、全体に広がらず局所伝播のまま収束してしまう例はなかった。

離散型モデルは微分型モデルの問題点、すなわち上述の離散プロセスへ対応できないことやコンパートメント内の一様混合を条件とする不自然さなどを改善している。一方、デメリットとしてモデルのアルゴリズムが複雑になり解析のハード環境にも負担が大きい。さらに離散型モデルに限らず感染数理モデル全般にいえることだが、実際の感染拡大事例における詳細な実測データの蓄積や入手が難しいため、モデルの適用性・妥当性の評価が十分にできない難点もある。

多くの感染伝播のシミュレーション試験では基本再生産数や平均接触頻度といったパラメータそのものを変化させ感染伝播の動向を比較するものがほとんどである。本研究ではパラメータの分布バラツキに注目し、接触頻度の平均値は一定でバラツキの大きさである標準偏差 σ_c だけを変化させて比較した。このことによりパラメータ

のバラツキ値が感染伝播の動向に与える影響を示すことができた。σ_c 値を変えたシミュレーションからはバラツキ要素が感染拡大の動向に大きく影響する要因の一つであることが示された。また、その過程で未感染者の平均接触頻度が低下していくことが示された。接触頻度が高いものは感染し易く、低いものは感染しにくいという状態が続くことで未感染者と未感染者以外の両集団間に差が出て行ったと解釈される結果である。バラツキ要素である σ_c 値が大きいということは高い接触頻度の個体がある程度多いということであり、接触頻度の高い個体が未感染者から感染者へ移行していくことで集団間の接触頻度差が大きくなっていったと推察される。

一人の感染者が何人に平均して感染させているかというのが実効再生産数 *Re* であるので、ピーク時には実測上約 1 となるはずである。ところが離散型モデルにおいて (2) 式から計算された *Re* 値はどの σ_c 値条件でも 1.6 前後であった。これには未感染者の接触頻度の低下が大きく寄与しているであろう。しかし、そのことだけであれば σ_c 値が大きくなるにしたがって *Re* も大きくなるはずであるがそのような相関は見られない。他の要素の相加的または相乗的関与が考えられる。図 5 にみられるように離散型モデルにおける感染拡大の様子は感染流行がおきているエリアとそうでないエリアの局所的な不均一性がみられる。不均一性により感染流行地域において局所的未感染者割合が低下することが考えられる。この不均一性は σ_c 値が小さいほど強くみられる傾向がある。ピーク時における計算上の *Re* を大きくしている要因の一つとして感染流行の局所的不均一性が考えられるのではないか。未感染者の接触頻度の低下と感染流行の不均一性が相まって計算上の *Re* と実際の再生産状態に差が起きているのではないかと想像される。

免疫獲得者が偏在する場合のシミュレーションではＭエリアとＮエリア間に接触上の制限はない。そういった状況でも高い免疫獲得率の地域は感染率が抑えられ、エリア内の集団免疫効果が観測されている。番地図（図 7）での伝播の様相はあたかもＭエリアとＮエリアとの境界に堤防のようなものがあるかのように見える。このような可視化はコンパートメントを使った微分型モデルには困難であり、離散型モデルによる利点の一つといえる。

今回のシミュレーションで注目すべき結果はパラメータの平均値は変えずに σ_c 値がのみの変化でパンデミックの動向に大きな影響を与えている点である。図 3 の (A) と (C) を比べた時、接触頻度が 9 回 / 日以上の高い値を割り付けられた者の割合がそれぞれ 0.16％と 6.5％になっている。これら多くの接触を持つものが感染するとあたかも感染クラスターの発生ともいえる感染拡大を見せる。全体の中から見れば少数者の行動が感染拡大全体の動向を左右しているようにみえる。今回の結果をあえて現実社会のパンデミック抑制策に当てはめるなら、社会全体の接触行動抑制策は当然として、一部の高い接触頻度を持つ人々に対しより強い自粛を求めることが重要であることを示している。

これまで感染伝播パラメータのバラツキの影響について検討した報告はほとんど見られないが、今後はパラメータの平均値のみならずバラツキ度合についても注目していく必要があると考える。

本研究はパンデミックに関わる文献上のパラメータを用い、構築した離散系モデルの性質を検討することをテーマとしたもので、本モデルによる現実の感染状況予測や検証等については今後の課題である。実際の感染拡大事例における検証可能な詳細データの蓄積と共に、広く研究や実務利用が可能な社会環境の構築を望むものである。

利益相反

利益相反はない。

引用文献

1) ヨハン・ギセック (山本太郎、門司和彦　訳). 感染症疫学 感染性の計測・数学モデル・流行の構造 . 京都 : 昭和堂 2006: 104-7.
2) Ferguson NM, Cummings DT, Fraser C, Cajka JC, Cooley PC, Donald S. Burke DS. Strategies for mitigating an influenza pandemic. *Nature* 2006; **442**: 448-52.
3) Yang Y, Atkinson PM, Ettema D. Analysis of CDC social control measures using an agent-based simulation of an influenza epidemic in a city. *BMC Infectious Diseases* 2011; **11**: 199.
4) 日本数学会編 . 岩波数学辞典　第 3 版 . 東京：岩波書店 1985; 公 22.
5) Anderson RM, May RM. Directly transmitted infectious diseases: Control by vaccination. *Science* 1982; **215**: 1053–60.
6) 西浦 博 , 稲葉 寿 . 感染症流行の予測：感染症数理モデルにおける定量的課題 . 統計数理 2006; **54**: 461-80.
7) Biswas MHA, Paiva LT, Pinho MD. A SEIR Model for Control of Infectious Diseases with Constraints. *Mathematical Biosciences and Engineering* 2014; **11**: 761-84.
8) Lekone PE, Finkenstadt BF (2006) Statistical inference in a stochastic epidemic SEIR model with control intervention: Ebola as a case study. Biometrics 2006; **62**: 1170–07.

9) Kolifarhood G, Aghaali M, Saadati HM, Taherpour N, Rahimi S, Izadi N, *et al*. Epidemiological and Clinical Aspects of COVID-19; a Narrative Review. *Archives of Academic Emergency Medicine* 2020; **8**: e41.
10) Wang X, Yang Pan Y, Zhang D, Chen L, Lei Jia L, Li X, *et al*. Basic epidemiological parameter values from data of real-world in mega-cities: the characteristics of COVID-19 in Beijing, China. *BMC Infectious Diseases* 2020; **20**: 526.
11) Schwartz KL, McGeer AJ, Bogoch II. Rapid antigen screening of asymptomatic people as a public health tool to combat COVID-19. *CMAJ* 2021 March 29; **193**: E449-52.

Simulation of pandemics by parameter distribution based discrete transmission models: Effect of variation in contact frequency

Yasuhiro Saeki[1, 2]

[1] Tokyo Healthcare University Postgraduate School

[2] Tokuda Hospital

Background. In simulations using mathematical models of infection transmission, there are many reports in which the main parameters are changed, but few studies focus on variation in their parameters.

Objective. In this study, I devised a discrete model based on the distribution of each infection transmission parameter and examined how the degree of variation affects the transmission of infection.

Methods. A program was created to simulate the transmission of COVID-19 among 10,000 people in a closed area, based on distance-dependent contact and infection probability. We assumed that the distribution of the contact frequency (c) was a log-normal distribution and that its average value was 3/day. The standard deviation was changed from 0.4 to 1.2 for comparison. In addition, the infection rates at convergence were compared under the condition that the M area, comprising 1600 persons with an immunity rate of 50%, was localized in the N area with an immunity rate of 0%. The simulation was performed 20 times for each set of parameters.

Result. The number of days until the peak and convergence of infected persons became shorter as the standard deviation, σ, of c increased. The effective reproduction number at the peak was approximately 1.6 under all conditions. The average c value among uninfected persons at the peak decreased by 5 to 56% from the overall average, and the larger the value of σ, the greater the decrease the average c value. The ratio of the infection rate of convergence between the N area and the M area ranged from 0.15 to 0.56, and the smaller the value of σ, the greater the effect of suppressing the transmission of infection in the M area.

Conclusion. Based on this discrete model, the degree of variation in c is one of the factors for the progress of the entire pandemic. Variations in the c value also affect the suppression of transmission within the localized high immunity region. It was also shown that the behavior of a small number of people with high contact frequency may influence the pandemic trend.

Keywords: Infection transmission simulation, discrete model, contact frequency, pandemic, COVID-19