

Kermack-McKendrick モデルの数値計算

Kermack と McKendrick は、集団を 3 種類に分類したモデルを提唱した [1]。その 3 種類とは、未だ感染していない者、感染している者、死亡・免疫獲得・治癒・隔離措置などで除かれた者である。

いま、集団の大きさを N として、

未感染者の数 : $S(t)$ (*susceptibles*),

感染者の数 : $I(t)$ (*infectives*),

隔離された人数 : $R(t)$ (*removed*)

とすると、これらの間には、

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (1)$$

の関係が成り立つ。これらの時間発展は、次の微分方程式で表される。

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (3)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (4)$$

ここで、 β は感染率、 γ は隔離率である。このモデルは、3 つの変数を並べて、 SIR モデルと呼ばれている [2]。

初期条件は、

$$R(0) = 0$$

とする。

流行初期においては、

$$\frac{dI(0)}{dt} = (\beta S(0) - \gamma)I(0) \quad (5)$$

だから、 $\beta S(0) > \gamma$ でないと感染は拡大しない。を

ここで、変数を減らすために、 S, I, R を N で規格化する。すなわち、

$$x(t) = \frac{S(t)}{N} \quad (6)$$

$$y(t) = \frac{I(t)}{N} \quad (7)$$

$$z(t) = \frac{R(t)}{N} \quad (8)$$

すると、 $x(t) + y(t) + z(t) = 1$ である。さらに、 γt をあらためて t と置き直し基本再生産数

$$R_0 = \frac{\beta N}{\gamma} \quad (9)$$

を導入すると、(2), (3), (4) 式は、

$$\frac{dx(t)}{dt} = -R_0 x(t) y(t) \quad (10)$$

$$\frac{dy(t)}{dt} = (R_0 x(t) - 1) y(t) \quad (11)$$

$$\frac{dz(t)}{dt} = y(t) \quad (12)$$

を得る。

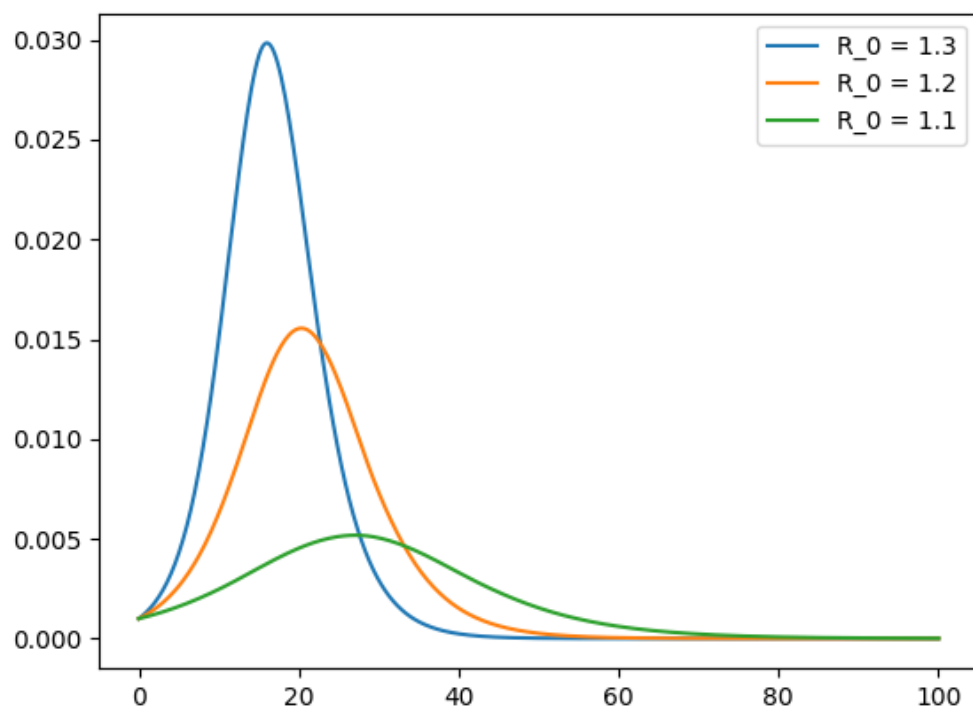
この微分方程式を Python で解く。

微分方程式の解法

```
# Kermac & MacKendric equations
import scipy
from scipy.integrate import solve_ivp
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
# S/N=y[0], I/N=y[1], R/N=y[2]
# R0 = \beta N/\gamma
R0=1.3
def func (t, y):
    dydt = np.zeros_like(y)
    dydt[0] = -R0*y[0]*y[1]
    dydt[1] = (R0*y[0]-1)*y[1]
    dydt[2] = y[1]
    return dydt
t_span=[0,100]
y0 = [0.999,0.001,0] # 初期条件
t = np.linspace(t_span[0], t_span[1], 400)
sol = scipy.integrate.solve_ivp(func, t_span, y0, t_eval=t)
t1 = sol.t
y0 = sol.y[0,:]
y1 = sol.y[1,:]
y2 = sol.y[2,:]
t2 = np.linspace(0, 10, 400)
plt.plot(t1, y1, label="R_0 = 1.3")

plt.legend() # 凡例を表示
plt.show()
```

$R_0 = 1.1, 1.2, 1.3$ の場合の感染者の割合の時間変化のグラフは、以下のである。



参考文献

- [1] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, *Proc. R. Soc. Lond.* **A 115**, 700-721 (1927).
- [2] 稲葉 寿：微分方程式と感染症数理疫学，数理科学 (2008), No.538, pp. 19-25.