

伝染病の伝播と集団絶滅

～空間構造の効果～

九大理、生物 佐藤 一憲 (Kazunori Satō)

九大理、生物 松田 博嗣 (Hirotosugu Matsuda)

病気の伝染が最近接格子点間に限って行われるような格子模型を用いて、コンピューター・シミュレーションを行った。格子模型は、個体間の相互作用が個体間の距離に依らず全空間に及ぶような従来モデル（これを以後、非構造模型とよぶことにする）とは異なる挙動を示し、現実の病気の伝播に対するよりよい近似になっていると考えられる。ここでは、格子模型と非構造模型のおのののに対して、主に一次元空間および二次元空間における病気の伝播について得られた結果を述べる。

まず、格子模型について簡単に述べておく。各格子はそれぞれ (+), (-), (0) の3状態のいずれかを持つものとする。以後、(+)は非感染者を、(-)は感染者を、(0)は空き地を表現することとする。各格子の単位時間当りの状態変化を次のように定める。(+)及び(-)は、それぞれ α_+ , α_- の確率で(0)に変化する（非感染者及び感染者の死亡）。(+)は最近接

格子点が(-)の時 m_- の確率で(-)に変化する(感染)。

(0)は最近接格子点が(+)の時 m_+ の確率で(+)に変化する(非感染者の増殖、隣に空き地がないときには増殖できない)。ここでは簡単のため、いったん感染すれば病気は直らず感染者は増殖能力を失うものと考えている。

いま、全格子点を一直線上に配置し各格子点がおのおの2つずつの最近接格子点をもつもの(一次元格子模型、ここでは、左端の格子点と右端の格子点とは相互に最近接格子点であると仮定した)、及び、全格子点を正方格子状に配置し各格子点がおのおの4つずつの最近接格子点をもつもの(二次元正方格子模型、ここでは、左端の格子点と右端の格子点、上端の格子点と下端の格子点とは互いに最近接格子点であると設定する)を考えている。

ところで、最終時間 T を固定し格子点数を無限大の極限にもっていったときの最終状況として、本質的に次の3つのタイプが考えられる。

(0) 全格子点が空き地となるか、空き地でない格子点が感染者だけで占められる場合。この場合は究極的に生物は絶滅してしまう。(生物絶滅型)

(I) 空き地でない格子点が非感染者だけで占められる場合。(病気根絶型)

(II) 空き地でない格子点が非感染者と感染者の両者で
占められる場合。 (共存型)

$T=1000$ としてシミュレーションを行ったところ一次元格子
模型での結果は次のようになった。

全格子点数 = 100

全格子の初期状態: 非感染者数 = 99, 感染者数 = 1

非感染者の死亡率 $\alpha_+ = 0.1$

感染者の死亡率 $\alpha_- = 0.1$

非感染者の増殖率 $m_+ = 0.1$

(隣が空き地であるときそこへ子を産みつける確率)

非感染者の感染率 $m_- = 0.1 \sim 1.0$

(隣が感染者であるときそれから病気がうつる確率)

の条件でシミュレーションを100回繰り返して行くと、感染率
に関わらず100回とも病気根絶型になった(図1)。そこで、
感染が極めて起こりやすいように、非感染者の死亡率(α_+)
を0.0に変えた場合についても同様なシミュレーションを行う
と、この場合には感染者の侵入が起こった。これは、非感染
者が高密度になるため病気が広がりやすくなると解釈できる。
しかし、格子サイズを増すに従い感染者の侵入は起こりにく
くなるので、一次元格子模型に関する限り十分大きい格子で
は、パラメタに依らず病気根絶型になることが予想される(

図 2)。

さて、格子模型は従来の非構造模型に対してどのような相違がみられるかを比較する。格子点数が十分大きく推移確率が十分小さいとき、格子模型における非感染者の頻度と感染者の頻度 (ρ_+^1, ρ_-^1) は、単位時間当り、

$$\Delta \rho_+^1 = \{-\alpha_+ - z_{m-} \rho_-^1 + z_{m+} (1 - \rho_+^1 - \rho_-^1)\} \rho_+^1 \quad (1a)$$

$$\Delta \rho_-^1 = (-\alpha_- + z_{m-} \rho_+^1) \rho_-^1 \quad (1b)$$

$\rho_{\sigma\sigma'}$: ランダムに選んだ格子点が σ' のとき、最近接格子点が σ である確率

z : 各格子の最近接格子点数

で与えられる増分に従って変化する。これに対応した非構造模型での非感染者の頻度と感染者の頻度 (ρ_+^n, ρ_-^n) の変化は、

$$\Delta \rho_+^n = \{-\alpha_+ - z_{m-} \rho_-^n + z_{m+} (1 - \rho_+^n - \rho_-^n)\} \rho_+^n \quad (2a)$$

$$\Delta \rho_-^n = (-\alpha_- + z_{m-} \rho_+^n) \rho_-^n \quad (2b)$$

の増分で表される。即ち、格子模型と非構造模型とでは、非感染者と感染者の頻度変化が最近接格子点の状態に依存するかどうかという点で異なっている。

非構造模型では無限の格子サイズに対し、平衡状態における非感染者の頻度と感染者の頻度が(2a), (2b)式から求められ、

$$z > \frac{\alpha_+}{\mu_+} + \frac{\alpha_-}{\mu_-} \quad (3)$$

なるときには理論上共存型が現れ、そうでないときには病氣根絶型となり、病氣の存在の故に生物絶滅型が起こることはない。ただし、有限の格子サイズについてはコンピューター・シミュレーションを行うと、有限効果による浮動のため生物絶滅型がかなりの頻度で生じることがわかる(図3)。

さて、一次元格子に対するシミュレーションの結果を格子模型と非構造模型とで比較してみると、格子模型では十分大きい格子に対して感染者は常に侵入できず病氣根絶型となるのに対して、非構造模型では感染率が大きいときには感染者は侵入できて生物絶滅型となる。格子模型でみられるこのような特異な性質に対する理由としては、一次元では単位時間当り病氣がうつるのはたかだか感染者を含む区間の両端の2格子点であり、感染者数は時間とともに発散しないので、結局浮動によって絶滅してしまうためと考えられる。

一方、二次元格子においては、非構造模型の方が格子模型

よりも共存型が現れやすいものの、格子模型と非構造模型との相違は顕著ではなかった。これは格子点数がまだ十分大きくないためかも知れない（図4、図5）。

種々の生物に対する応用としては、一次元格子模型に対しては、並木道に生えている植物（青木氏による提言）や海岸線に沿って分布する生物などが挙げられると思われるが、実際にこのような生物群が伝染性の病気にかかりにくいかどうかについては、現在、比較検討中である。

以上述べてきたように、一次元では格子模型と非構造模型との顕著な相違がみられ、二次元では両者の差異はほとんどみられなかった。従って、一次元様の生物集団を構成している場合には、非構造模型をそのまま適用することはあまり好ましくないことが示唆される。さらに、集団の絶滅や侵入という最終状態もさることながら、そこに至るまでの構造変化の違いにも注意を向ける必要があると思われる。すなわち、格子模型に従えば、非感染者だけ、あるいは感染者だけの集団をつくりやすいという傾向があるのである。

今後の課題としては、格子点数を増やして、二次元における格子模型と非構造模型との違いの有無や共存型の成立条件を詳細に求めたい。また、感染者についても、生殖能力をもつものや、病気が治癒し免疫力をもつようになるものなどを

考えていきたい。さらには種分化の問題にも、この格子模型が適用できるのではないかと思う。

終わりに本研究に対して助言を下された荻田直史、石井一成、巖佐庸、田町信雄、犬塚裕樹、佐々木顕、青木健一の各氏に感謝する。生物集団の格子模型については下記の文献を参照されたい。

H.Matsuda : Prog.Theor.Phys. 66(1981),1078-1080.

H.Matsuda, N.Tamachi, A.Sasaki and N.Ogita : Lecture Notes in Biomathematics 71(1985),154-161.

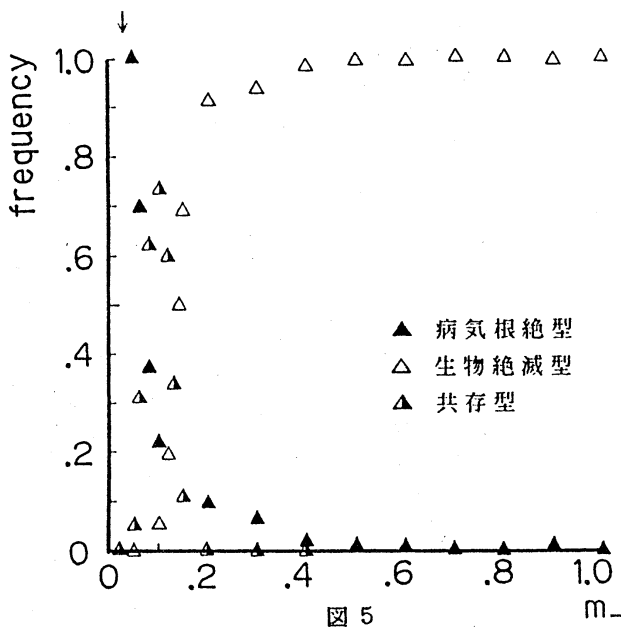
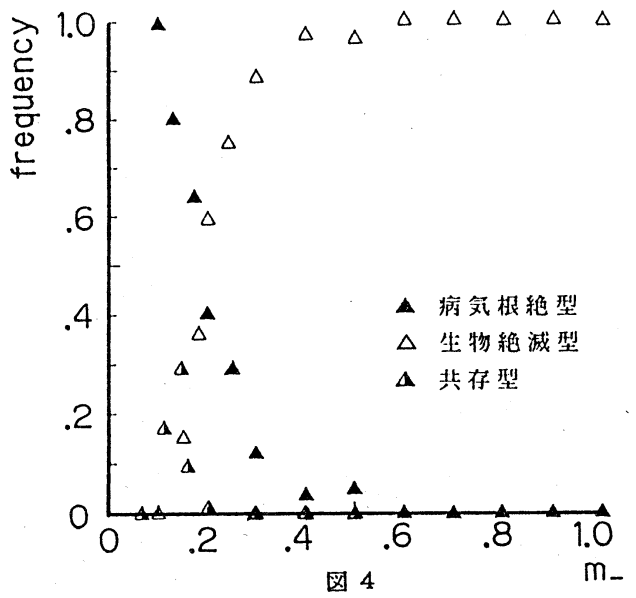
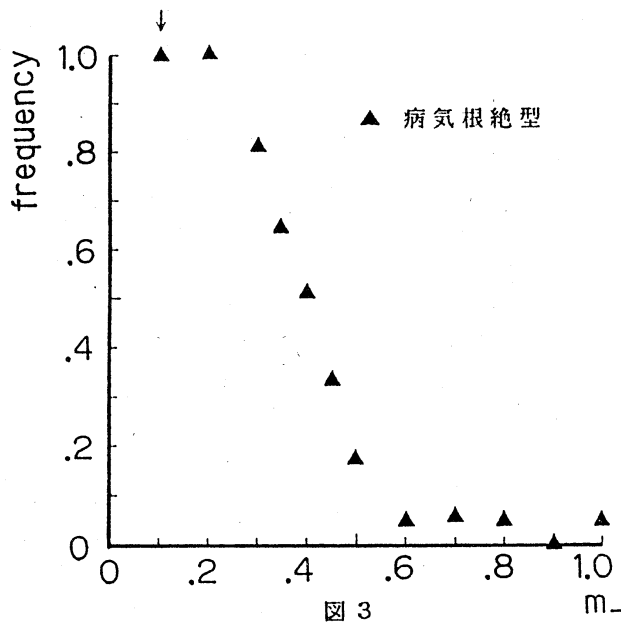
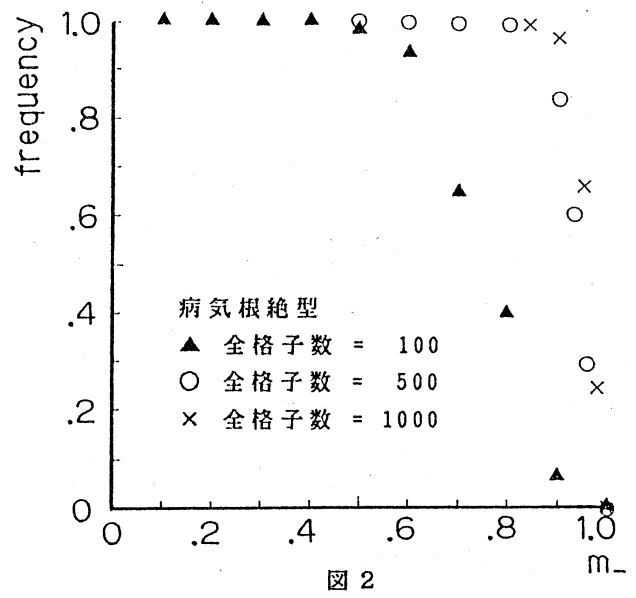
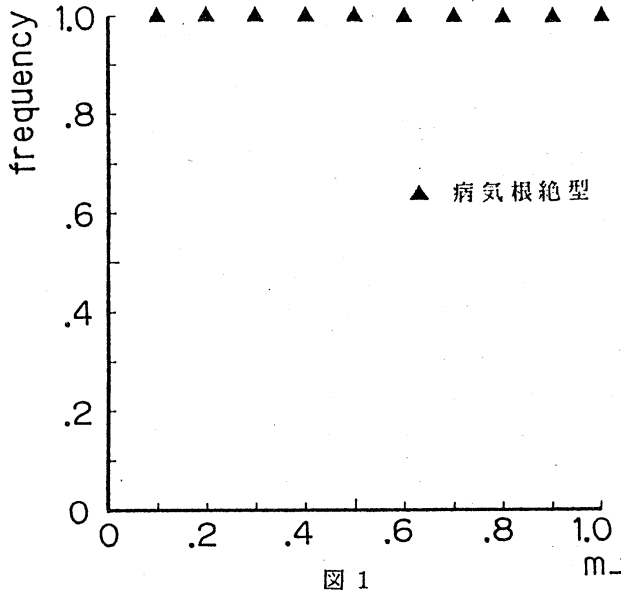


図1: 1次元格子模型、
 α_+ (非感染者の死亡率) = 0.1 ,
 α_- (感染者の死亡率) = 0.1 ,
 m_+ (非感染者の増殖率) = 0.1
 図2: 1次元格子模型、
 $\alpha_+ = 0.0$, $\alpha_- = 0.1$, $m_+ = 0.1$
 図3: 1次元非構造模型、
 $\alpha_+ = 0.1$, $\alpha_- = 0.1$, $m_+ = 0.1$
 図4: 2次元格子模型、
 $\alpha_+ = 0.1$, $\alpha_- = 0.1$, $m_+ = 0.1$
 図5: 2次元非構造模型、
 $\alpha_+ = 0.1$, $\alpha_- = 0.1$, $m_+ = 0.1$
 図2以外は全格子数 = 100
 図3及び図5: ↓は無限の大きさの格子数に対して理論的に得られる病気根絶型と共存型の境界点。感染者数=1、非感染者数=全格子数-1とし、各パラメーターに対してコンピューター・シミュレーションを100回(ただし、図2全格子数=1000に対しては30回)繰り返して行ったときの感染者の侵入の様子を、病気根絶型、生物絶滅型、共存型の3タイプの頻度で表す。なお、図1~図3では共存型は生じなかった。