

# COVID-19 のコンパートメントモデル

## —コロナ対策の評価のために—

小田垣 孝 (科学教育総合研究所, 物性基礎・社会物理学)

[t.odagaki@kb4.so-net.ne.jp](mailto:t.odagaki@kb4.so-net.ne.jp)

COVID-19 の感染の拡大・収束を理解するために提案されているコンパートメントモデルを概観し、日本で行われてきた対策の定性的評価を行う。

### 1. はじめに

2019年11月に中国武漢で初めて確認された新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) は、世界中に伝播し、3年半の間の感染者数は7.67億人以上、死亡者数は694万人以上になっているが、今年に入ってから収束傾向にあり、WHOは5月5日に「新型コロナ緊急事態宣言」を終了した。一方、日本は7月上旬には第9波の初期の段階にあると見られている。本年3月に刊行された「令和4年度地域保健総合推進事業 新型コロナウイルス感染症対応記録」<sup>(1)</sup>の序文に尾身氏が書いているように、日本の感染症専門家の多くは、「日本では感染者数をなるべく抑えて、医療へのアクセスを確保し、死亡者数をなるべく抑える“感染抑制”を目的とした対策が行われ、さらにワクチン接種についても非常に早く多くの方を対象とできたことから、人口10万人当たりの死亡者数は諸外国に比べて比較的強く抑えられてきた」と認識されているようである。しかし、表1に示すように、人口100万人当たりで累積数を比較すると、日本のコロナによる死亡者数は世界の15位で世界平均の0.69倍であるが、感染者数は世界の8位、世界の平均の2.8倍である。感染者数に比べて

表1 人口100万人当たりの感染者数と死亡者数の世界の上位15カ国

順位	感染者数		死亡者数	
1	韓国	617771.3	イギリス	3372.3
2	フランス	605315.1	アメリカ	3339.7
3	ドイツ	460694.5	ブラジル	3274.3
4	オーストラリア	440671.3	イタリア	3225.8
5	イタリア	437884.1	アルゼンチン	2874.5
6	イギリス	363096.8	ロシア	2759.8
7	アメリカ	306480.0	メキシコ	2631.6
8	日本	271999.0	フランス	2538.0
9	アルゼンチン	221303.6	ドイツ	2093.9
10	トルコ	199839.6	南アフリカ	1720.0
11	ブラジル	175209.4	カナダ	1379.0
12	ロシア	168591.9	トルコ	1191.9
13	カナダ	122401.8	オーストラリア	825.8
14	中国	69628.6	韓国	674.5
15	南アフリカ	68277.5	日本	601.0
	世界平均	96728.7	世界平均	874.6

札幌医科大学医学部 附属フロンティア医学研究所 ゲノム医科学部門のホーム

ページ(2023年6月21日)より<sup>(2)</sup>.

死亡者数が少ないのは、アジアやオセアニアの多くの国で見られるから、日本の対策の成果であるとは断定できない。また、6月27日時点でのワクチン接種率は、日本は100人当たり308.8回と世界1位であり、253.2回の2位カナダよりかなり多い。日本の100万人当たり死亡者数はカナダの44%である一方、100万人当たりの感染者数はカナダの2.2倍にもなっているため、ワクチンの効果を一概に評価できない。

感染症の対策の評価を行うためには、対策を表すパラメータを含み、日々観測されるデータを予測できるモデルが必要である。

本稿では、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の伝播を理解するために提案されている感染症モデルを紹介する。1918-1920年に世界的に流行したスペイン風邪に対して提案された感染症モデルを出発点として、新型コロナウイルス感染症の特徴を含めるために改良された二つのモデルを紹介する。これらのモデルの考え方に基づいて日本の対策の定性的な評価を行う。

## 2. 感染症のコンパートメントモデル

インフルエンザなどの感染症では、図1に示すように未感染者 (S: Susceptible) が感染し、潜伏期間後に発症した感染者 (I: Infected) となり、ある期間後に免疫をもつ回復者となるか死亡する (R: Recovered または Removed)。感染者が感染力をもつのは、発症期間と考えられる。

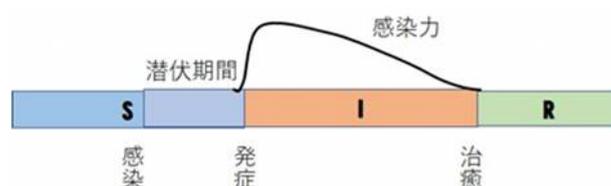


図1 インフルエンザなどの感染症における感染、発症、回復および感染期間の概念図。患者が感染力をもつのは発症期間である。

スペイン風邪の流行が収まった数年後、Kermack と McKendrick<sup>(3)</sup>は、人口を図1のように未感染者、感染者、回復者のコンパートメント (区画) に分け、感染の伝播は未感染者と感染者の接触によって起こるとして、各コンパートメントに属する人の全人口に対する割合 (濃度) の時間変化を化学反応方程式と同様の式

$$\frac{ds}{dt} = -\beta s i \quad (1)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta s i - \gamma i \quad (2)$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i \quad (3)$$

で表した。ここで、 $s, i, r$ は、各コンパートメント S, I, R に属する人の割合を表し、 $\beta$  は未感染者が感染者と接触することによる感染者の増加率、 $\gamma$  は感染者の治癒（死亡を含む）率を表す。連立微分方程式 (1)~(3)は、人口が増減しない条件  $s+i+r=1$  を満たしている。この考え方は、一般にコンパートメントモデルとよばれており、S, I, R のコンパートメントのみを考えるモデルは、SIR モデルとよばれる<sup>(4)</sup>。(1)~(3)の連立微分方程式は厳密に解くことができ<sup>(5)</sup>、インフルエンザなどの感染症の時間経過をよく説明できる<sup>(4)</sup>。特に、(1), (2) 式から時間変数を消去することにより、感染者数を未感染者数の関数として、

$$i = 1 - s + \frac{\gamma}{\beta} \ln s \quad (4)$$

と表すことができる。感染者数は  $s = \gamma/\beta$  のときに最大となり、最大値は

$$i^* = 1 - \frac{\gamma}{\beta} + \frac{\gamma}{\beta} \ln \frac{\gamma}{\beta} \quad (5)$$

で与えられる。感染者数の未感染者数依存性 ((4)式) および最大感染者数のパラメータ  $\gamma/\beta$  依存性 ((5)式) を図 2 に示す。感染者数の最大値は、よい治療薬で早く治癒できて（あるいは高い死亡率で） $\gamma$  が大きい場合や行動自粛などによって  $\beta$  を小さくすると小さくなる。

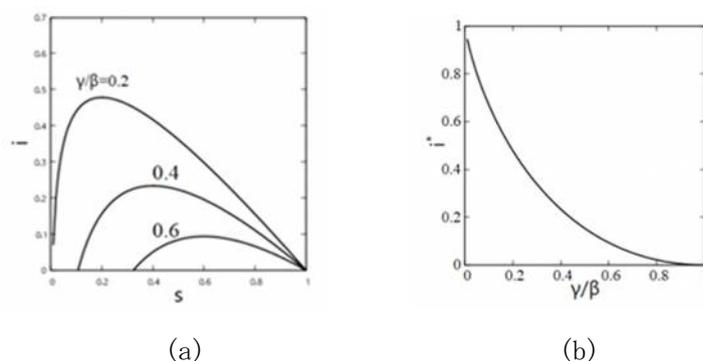


図 2 (a) SIR モデルによる感染者数の変化。時刻ゼロにおいて  $s = 1, i = 0$  の状態から出発すると、 $s$  が減少し  $s = \gamma/\beta$  のときに  $i$  が最大となった後感染が収束する。(b) 最大感染者数  $i^*$  のパラメータ  $\gamma/\beta$  依存性。

潜伏期間の感染者を別のコンパートメント (E: Exposed) とする SEIR モデルも提案されているが、感染状況の時間発展を見るだけであれば、E を S に含めてよい。

### 3. 新型コロナウイルスの特徴

これまでの症例の報告から新型コロナウイルスが従来の感染症とは異なる次のような特徴をもつことが分かっている。

- (1) 潜伏期間が長く、発症前の感染者が感染力をもつ<sup>(6)</sup>。

- (2) 感染力をもつ無症状の感染者がいる<sup>(7)</sup>.
- (3) 感染経路不明者が多い<sup>(8)</sup>.
- (4) 発症者は、隔離施設あるいは自宅で隔離される.
- (5) 症状がなくても PCR 検査で感染者を特定できる.

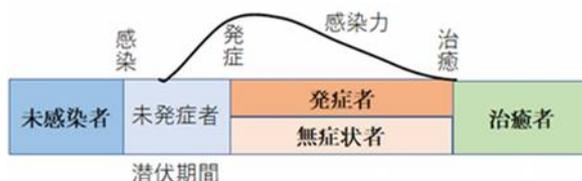


図3 新型コロナ感染症では、発症前の感染者も感染力をもち、発症しないが感染力をもつ感染者もいる.

図3に、新型コロナ感染症の感染の進行を模式的に示す。これらの特徴はSIRモデルでは捉えられないから、感染の時間経過を解析するためには、適切なコンパートメントを用いた新しいモデルが必要であることは明白である。

#### 4. SIQRモデル

COVID-19では、その感染力の強さから世界的に発症者を隔離する対策がとられた。そこで、発症あるいはPCR検査で感染が確認された感染者は未感染者と接触しなくなることを考慮して、(1), (2)式の感染者を、隔離された感染者 (Q: Quarantined) と市中にいて感染力をもつ感染者 (I: Infectious) の二つのコンパートメントに分け、(1)式はそのままにして、(2), (3)式を

$$\frac{di}{dt} = \beta si - \delta i - \gamma i \tag{6}$$

$$\frac{dq}{dt} = \delta i - \gamma' q \tag{7}$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i + \gamma' q \tag{8}$$

に改める。ここで、 $q$ は隔離されている感染者数を全人口で割った量、 $\delta$ は市中の感染者がPCR検査で陽性が判明して隔離される割合、 $\gamma'$ は隔離されている感染者が回復する割合である。このコンパートメントモデルはSIQRモデルとよばれる<sup>(9)</sup>。図4にSIQRモデルのコンパートメントと種々のパラメータとの関係を示す。

注目すべき点は、5類に移行するまでは報告されていた日ごと陽性者数は上式の $\delta i$ で与えられ、したがって、感染曲線を上記の微分方程式の解と合わせてパラメータ $\delta$ を決定できれば、日ごと陽性者の数から市中感染者数が見積もれることである。実際、日本の第1波では

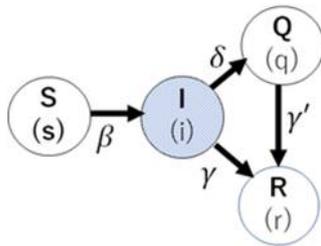


図4 SIQR モデルの概念図.

$\delta \sim 0.1$  と見積もられ、市中感染者数は日ごと陽性者の 10 倍程度であったことが示されている<sup>(9)</sup>。図5に、SIQR モデルでの感染者数の最大値のパラメータ  $\beta, \delta$  依存性を示す。コロナ対策は、主に人と人との接触を制限（ロックダウンや外出制限）することと PCR 検査で感染者を見つけて隔離することである。前者は  $\beta$  を小さくし、後者は  $\delta$  を大きくすることに対応する。図5に示すように、後者の対策の方が感染ピークを抑えるのに効果的であることがわかる。また、積極的な PCR 検査により感染者を見つける対策は、行動制限を行うよりも効果的に感染者数を減少させることが示されている<sup>(9)</sup>。

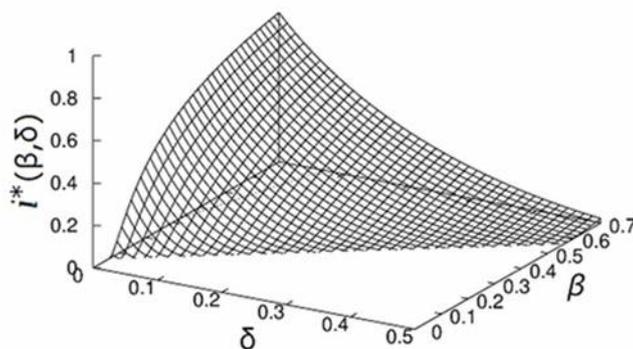


図5 SIQR モデルによる感染者数の最大値のパラメータ  $\beta, \delta$  依存性。ただし、 $\gamma = 0.06$ 。

SIQR モデルは厳密に解かれており<sup>(10)</sup>、隔離感染者は感染者数がピークになる時より遅れて最大になることや、期待効用理論を用いることにより、目的に応じて最適な感染対策を導く理論的枠組みが示されている<sup>(10)</sup>。さらに、行動自粛率や PCR 検査の提供数の変動により、振動する感染曲線が自己組織化されることが示されている<sup>(11)</sup>。

## 5. SPAQR モデル

COVID-19 の初期から日本では発症者の感染経路を特定する取り組みが行われた。その中で、単に忘れたということではなく、感染経路が分からない感染者がかなりの数いることが分かった<sup>(8)</sup>。感染経路が不明な感染者は、全く発症しない感染者から感染したと見なすのが妥当な仮定となる。感染した人は一定の（潜伏）期間を経たのち、発症するか無症状のままになるかに分かれるので、感染者を発症前の感染力をもつ感染者（P: Pre-symptomatic）と無症状感染者（A: Asymptomatic）の二つのコンパートメントに分けるこ

とができる。つまり、SIQR モデルのコンパートメント I を P と A に分けたことになる。このコンパートメントモデルを SPAQR モデルとよぶ<sup>(12)</sup>。時間発展を記述する微分方程式は煩雑になるので省略し、SPAQR モデルのコンパートメントの間の関係を図 6 に示す。パラメータ  $\beta, \gamma, \gamma', \delta$  の意味は SIQR モデルのものと同じである。パラメータ  $\varepsilon, \alpha$  は、それぞれ潜伏期間にいる感染者が発症するか無症状感染者になる割合と発症率を表す。なお、発症しても市中に留まる感染者は A コンパートメントに分類される。感染の伝播は、S

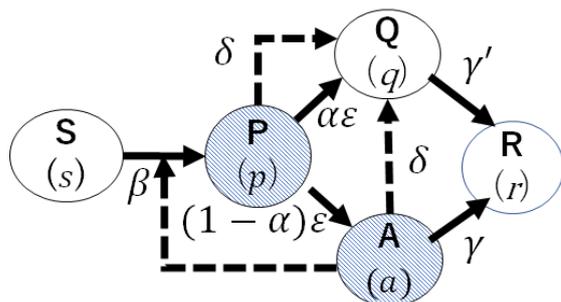


図 6 SPAQR モデルの概念図.

が P または A と接触して起こり、その中で A および P の中で将来 A となる部分との接触による感染者が感染経路不明者となる。したがって、日ごと陽性者の中の感染経路不明者の割合  $f$  は、 $f = ((1-\alpha)p + a) / (p + a)$  で与えられる。また、日ごと隔離される感染者数の割合  $\Delta Q/N$  は  $\Delta Q/N = \alpha\varepsilon p + \delta p + \delta a$  で与えられる。市中の感染力を持つ感染者を  $\mathfrak{I}$  とするとその割合  $\mathfrak{I}/N$  は  $(p + a)$  であるから、 $\mathfrak{I}/\Delta Q$  は、 $\mathfrak{I}/\Delta Q = (p + a) / (\alpha\varepsilon p + \delta p + \delta a)$  で与えられる。SPAQR モデルの数値計算による解から求められたこれらの量を図 7 に示す。検査による隔離がない  $q = 0$  の場合、前者は 30~70%、後者は 7~20 倍程度になる<sup>(12)</sup>。

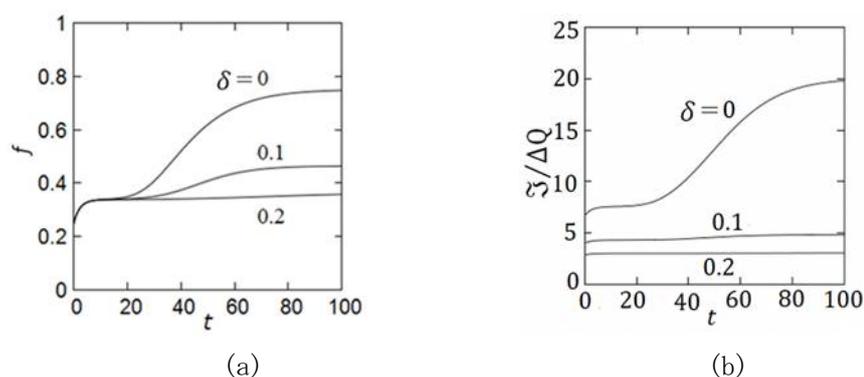


図 7 SPAQR モデルから求まる (a) 感染経路不明者の割合 (b) 市中感染者数と日ごと隔離者数の比.  $\alpha = 0.75, \varepsilon = 0.2, \beta = 0.4, \gamma = 0.13, \gamma' = 0.1$

このモデルの示す感染曲線のパラメータ依存性を見ると、感染ピークを下げる効果や感染収束までの時間を速める効果は、SIQR モデルの場合と同様に行動自粛よりも PCR 検査によって発症前感染者や無症状感染者を隔離する対策の方が大きいことが分かる<sup>(12)</sup>。また、発症率がモデルに含まれるので、観測データをフィットすることにより発症率を推定

することができる。

## 6. 日本の対策へのコメントとまとめ

日本では、新規感染者数（PCR 検査陽性者数）と医療体制のひっ迫度から、4つのステージに分けた感染状況が示され、政府・各自治体はそれに応じた対策を実施してきた。感染者数が増加すると必然的に医療現場の負担が増えるので、感染者を増やさない対策が第1に考えられるべきであるから、感染状況を感染者数と医療ひっ迫度の2次元空間で把握すべきであろう。また、新規感染者数の増減率（増加、定常、減少の程度）の変化から“感染の波”を定義し、その変化の経路により感染状況が9個の状態に分類できることが示されている<sup>(13)</sup>。さらに、感染者数をコントロールする対策を立てるためには、25%ほどいる無症状者を含め市中の感染者を推定することが必要である。これらの量は専門家会議でも当然取り上げられているであろうが、メディアが報じる情報には見当たらない。なお、感染状況の動向が7日間平均によって判断されていたようであるが、コロナの感染曲線のように時間的に大きく変動する量の場合、7日間平均では変化が遅れて現れ、また変動幅が小さくなるので対策が遅れ、不十分になる。

新型コロナ感染症は、発症していなくてもPCR検査により感染を確定することができる。感染の確認を治療の為にやるのか、あるいは感染拡大を防ぐためにやるのかは政策の大きな分岐点であるが、無症状感染者による感染拡大を防ぐためにはPCR検査による感染者の発見が不可欠である。実際、ハーバード大学などアメリカの多くの大学では、PCR検査陰性者のみに入構を認めるという措置が取られ、検査の頻度は入構の頻度に応じて定められていた。また、閉じたコミュニティにおけるPCR検査は、新型コロナ感染症の感染拡大の防止効果が大きいことが報告されている<sup>(14)</sup>。一方、日本では、発症者が本当に感染しているかどうかの判定に検査を用いるべきであるとされ、初期にはインフルエンザの感染と見分けるために発熱後4日間は検査せず、4日以上発熱が続いた事前確率の高い人のみを検査する方針が取られた。つまり、4日間は感染が広がるに任せていたことになる。文献(1)によれば、PCRタスクフォースでは「感染リスクのある無症状の一般市民を対象とした検査ができるように検査数の大幅拡充が必要」という意見もあり、首相が検査の大幅な拡充を指示したが、検査数は増加しなかった。実際、Our World in Data<sup>(15)</sup>のデータに示されている2022年6月時点の1000人当たりの検査数を比較すると、日本は429人であり、アメリカ(7708人)、イギリス(7480人)、フランス(4123人)、ドイツ(1574人)、カナダ(1630人)と比べてもかなり少ないことがわかる。

感染拡大を防ぐために、世界的にソーシャルディスタンスをとることの重要性が指摘され、日本でもレジで並ぶ時に距離を保つことや旅行やパーティーの自粛が求められた。しかし、「会食はよく知った人と4人以下で」という指針など、分科会から出された合理的とは思えない行動指針が感染拡大に寄与したことは否めない。

COVID-19は、これまでのウィルスとは異なる特徴をもった感染症であり、従来の感染症

で用いられてきた SIR モデルによる感染状況の分析とそれに基づいた対策は不十分であったと言わざるを得ない。今後、COVID-19 に適したモデルを用いて感染状況の時間変化の定量的な分析が行われ、感染症対策に生かされることを期待する。

## 文 献

- (1) 「新型コロナウイルス感染症対応記録」(正林督章, 和田耕治編集, 一般財団法人日本公衆衛生協会, 2023).
- (2) 札幌医科大学医学部 附属フロンティア医学研究所 ゲノム医科学部門のホームページ内の「人口あたりの新型コロナウイルス感染者数・死亡者数の推移」より。  
<https://web.sapmed.ac.jp/canmol/coronavirus/index.html>
- (3) W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Proc. Roy. Soc. A**115**, 700 (1927).  
<https://www.jstor.org/stable/94815>
- (4) 牧野淳一郎, 科学(岩波書店) **90**(5), 428 (2020).
- (5) T. Harko, F. S. N. Francisco and M. K. Mak, Appl. Math. Comp. **236**, 184 (2014).  
<https://doi.org/10.1016/j.amc.2014.03.030>
- (6) C, Rother et al, N. Engl. J. Med. **382**, 970 (2020). <https://doi.org/10.1056/NEJMc2001468>
- (7) T. Suzuki, K. Aizawa, K. Shibuya, S. Yamanaka, Y. Anzai, K. Kurokawa, R. Nagai, JAMA Network Open.**5**(12), e2247704(2022). <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2022.47704>
- (8) 東京都保健医療局新型コロナ保健医療情報ポータル (2022 年 9 月 26 日までの情報)  
<https://stopcovid19.metro.tokyo.lg.jp/en/reference>
- (9) 小田垣孝, 物性研究(電子版), 8, 082101 (2020) <http://mercury.yukawa.kyoto-u.ac.jp/~bussei.kenkyu/wp/wp-content/uploads/2020-082101v5.pdf> ;  
T. Odagaki, Infec. Dis. Mod. **5**, 691 (2020). <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.08.013>
- (10) T. Odagaki, Physica A**564**, 125564 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.physa.2020.125564>
- (11) T. Odagaki, Sci. Rep. **11**, 1936 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-81521> ;  
T. Odagaki, Physica A**573**, 125925 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.physa.2021.125925>
- (12) T. Odagaki, Sci. Rep. **13**, 5409 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-32159-6>
- (13) T. Odagaki and R. Suda, J. Clin. Trials. **11**, 472 (2021). <https://www.longdom.org/open-access/classification-of-the-infection-status-of-covid19-in-190-countries.pdf>
- (14) B. E. McGarry, A. D. Gandhi and M. L. Barnett, N. Engl. J. Med. **388**, 1101 (2023).  
<https://doi.org/10.1056/NEJMoa2210063>
- (15) Our World in Data, <https://ourworldindata.org/coronavirus-testing>