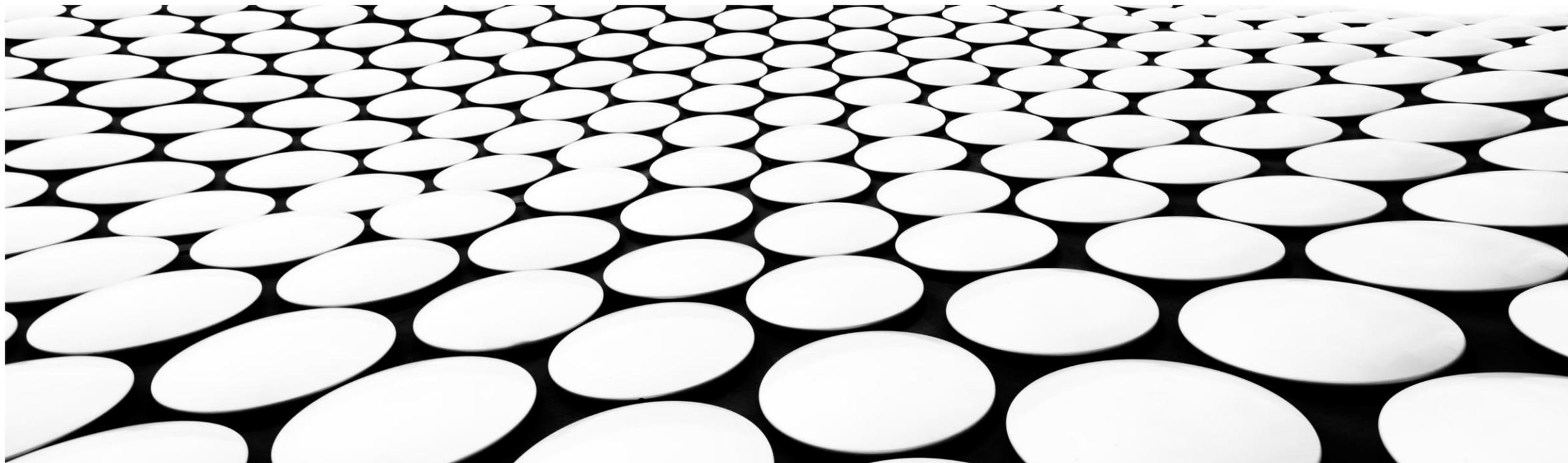


新型コロナウイルス感染症 にかかわる諸問題の数理. 1

1. 行動制限と感染症モデル 2. 家計・産業等への影響を考える



【お断り】

今回のプレゼンテーションの内容は、発表者の個人的な意見に基づくものであり、発表者の属する組織の見解とは必ずしも同じではないことにご注意下さい。

簡単な自己紹介

(略歴)

1953年7月 広島県生まれ

77年3月 東京大学理学部数学科卒業

4月 日本興業銀行入行 (経理部、広島支店)

計量システム開発室、金融商品開発部、

フィナンシャルエンジニアリング部、総合リスク管理部

2000年9月 みずほホールディングス (株) 総合リスク管理部

02年4月 みずほ第一フィナンシャルテクノロジー (株) 取締役

07年1月 同社 代表取締役社長

13年4月 同社社長退任、同社顧問、一橋大学大学院商学研究科特任教授

18年3月 同社顧問退任、一橋大学大学院特任教授退任

18年4月 ロボット投信株式会社顧問 →2020年3月 退任

18年7月 統計数理研究所統計思考院特命教授

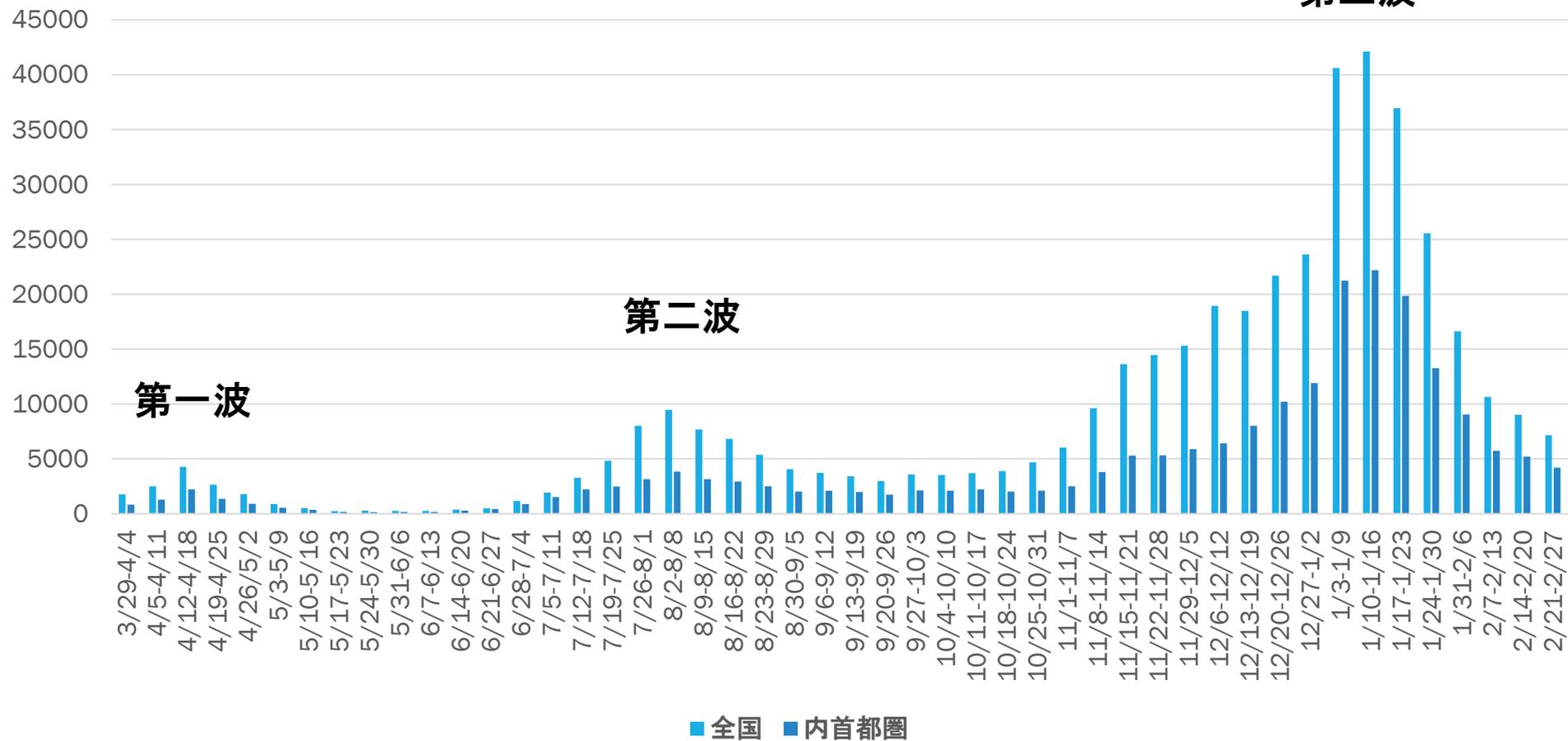
20年11月 東京大学医学部附属病院届出研究員

現在に至る

数理を使った
金融技術開発
を担当

問題提起

国内の新型コロナ新規感染者数の推移



第三波

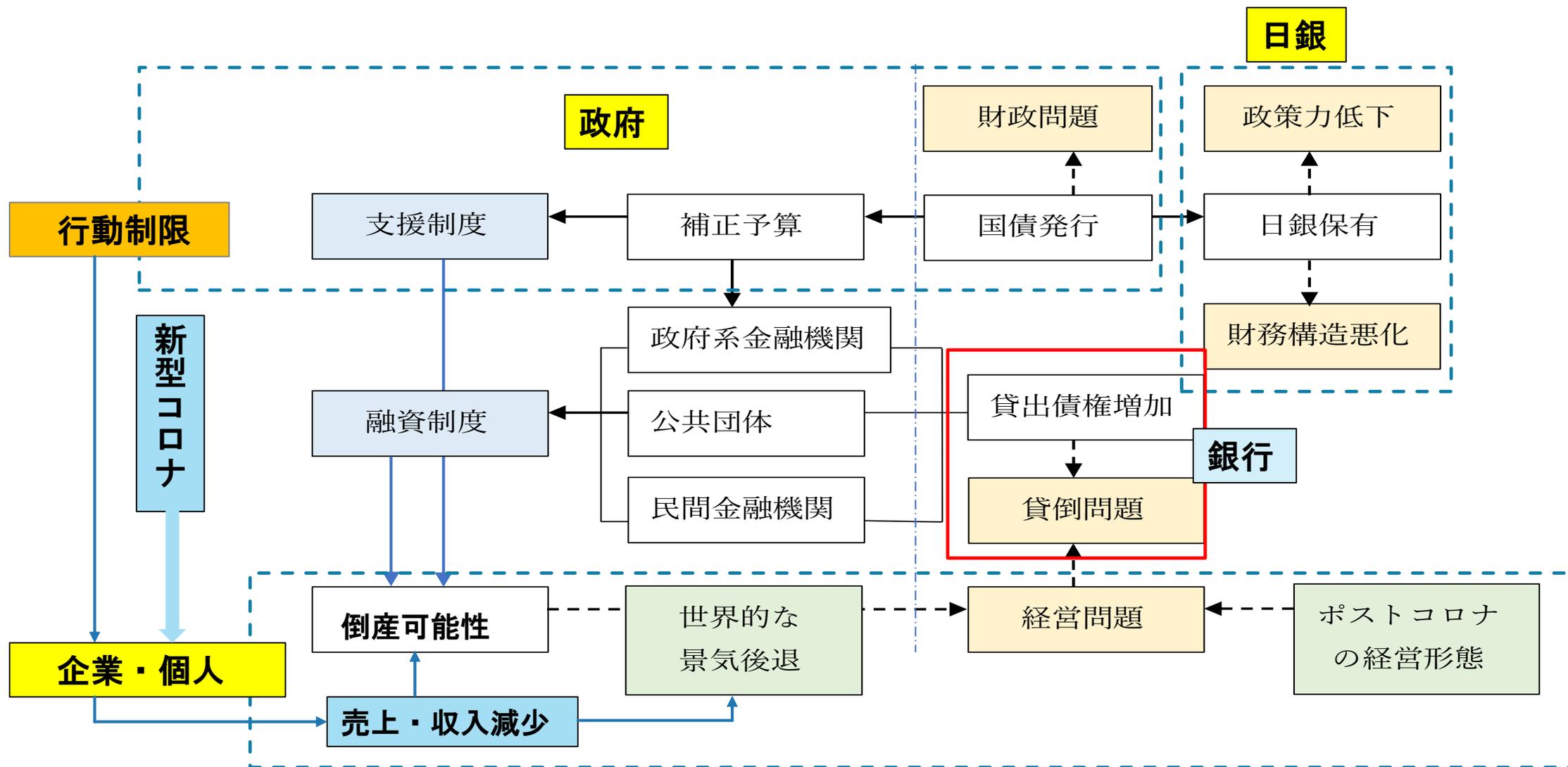
第二波

第一波

<経緯>

- 2020年2月初 新型コロナは、まだ「中国固有の問題」
2月3日 ダイヤモンド・プリンセス号
- 2020年3月上旬 新規感染者が増加 **(第一波)**
段階的に海外からの**入国制限・入国拒否** →観光業・留学生・労働力に影響
- 2020年4月 **緊急事態宣言** (最初は首都圏ほか、4月16日に全国に) →商業施設等が休業
- 2020年5月 **解除** (日本モデルー新型コロナの封じ込めをアピール (安倍首相))
- 2020年6月中旬 **第二波**の立ち上がり
- 2020年7月22日 **Go-To-Travel キャンペーン開始**
- 2020年8月上旬 第二波ピーク、以下、新規感染者数は下降
- 2020年9月後半 東京都の**「時短制限」が解除**、10月からは**その他のGo-To キャンペーン開始**
(9/20-9/26の週に第二波の新規感染者数の下降が反転、増加に = **第三波の開始**)
- 2020年12月後半 **Go-To-Travel キャンペーンを一時停止** (5都市→全国一斉に) →**第三波が拡大**
- 2021年1月 首都圏ほかにも再度**緊急事態宣言**
- 2021年3月 **解除** (首都圏を除き)

<問題の構図>



<本講座の構成>

■ 新型コロナ問題では、相容れない次の「**3つの連立方程式**」へのソリューションが必要になる。

(1) 国民の安全を確保すること

(2) わが国の産業構造を維持・保全すること

(3) 国家財政の破綻を防ぐこと（含む、中央銀行の財務構造・政策能力）

この講座では、主として(1),(2)を中心に、数理的アプローチを試みる。

■ 2回の講座を以下のように構成する。

第1回 行動制限と感染症モデル

第2回 家計・産業への影響を考える

1. 行動制限と感染症モデル

1. 1 第一波の発生と終息（古典的SIRモデル）

(1)古典的SIRモデル

(3)古典的SIRモデルの修正解釈

(2)非感染者数 (x)と感染力保有者数(y)の関係

(4)緊急事態宣言の諸施策の意味

1. 2 SIRモデルの応用・修正適用

(1)感染終息時期の予測

(3)確率モデル – SIR + Cramer/Lundbergモデル

(2)移動制限解除の影響 – 2 地域モデル

(4)感染力保有者がコロニーを形成するモデル

1. 3 感染再拡大の可能性

(1)古典的風土病モデル (Endemic model)

(2)免疫解消による再拡大、新種ウイルスによる再拡大

1. 4 感染拡大第二波・第三波の発生

(1)第三波の特徴

(3)地域別新規感染者の因子分析

(4)第三波の因子分析の背景（推測）

(2)感染拡大の地域間の連動性

(3-1)第一波・第二波の因子分析

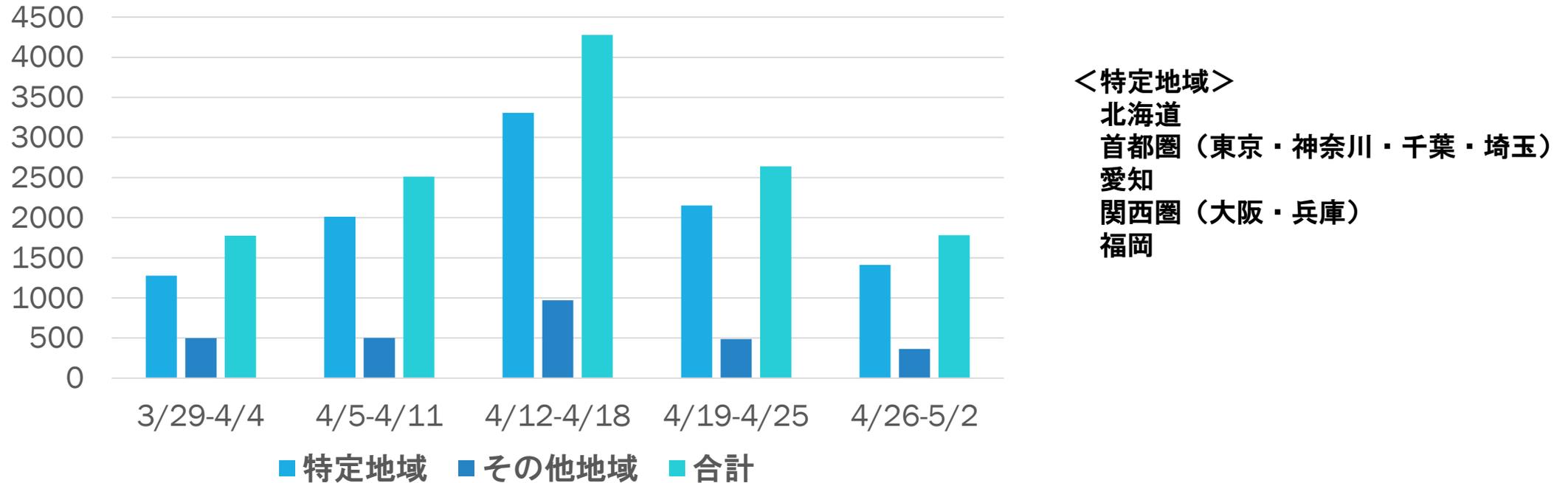
(3-2)第三波の因子分析

1. 5 新型コロナの終息に向けて

1. 1 第一波の発生と終息（古典的SIRモデル）

■ 感染拡大第一波は、5月中旬には終息し、政府は「日本型モデル」の成功をアピールした。

1 週間毎の新規感染者数



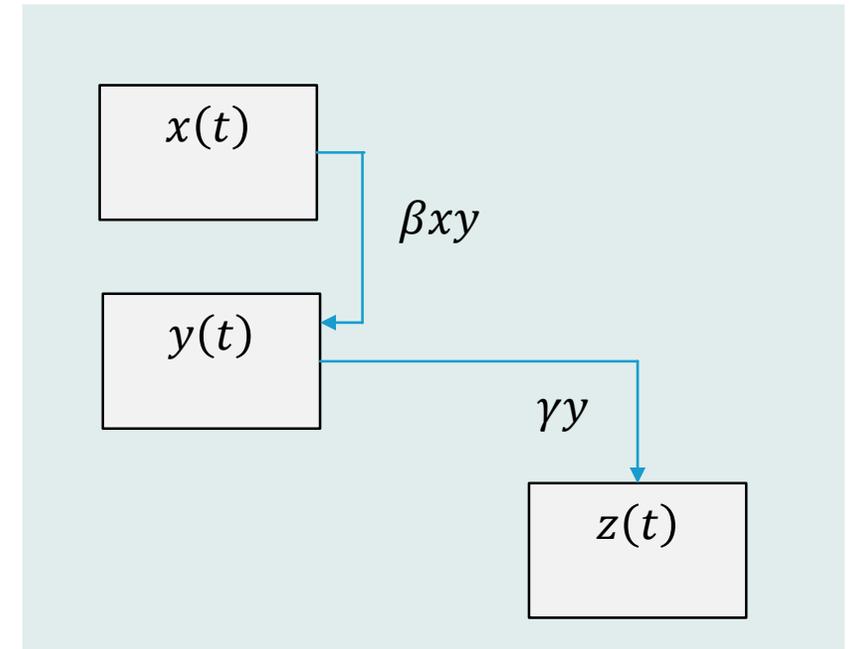
(1) 古典的SIRモデル

(注) Kermack-McKendric Model と呼ばれる

- 古典的SIRモデル (Susceptible-Infective-Recovered Model (注)) では、感染症への感染メカニズムを次のような連立微分方程式で考える。

時点 t における、非感染者数 $x(t)$, 感染力保有者数 $y(t)$, 発見され隔離された人数 $z(t)$, 総人口 N とするとき、

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dx}{dt} = -\beta xy \quad (1) \\ \frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y = \beta y(x - \rho), \quad \rho = \frac{\gamma}{\beta} \quad (2) \\ \frac{dz}{dt} = \gamma y \quad (3) \\ x(t) + y(t) + z(t) = N \quad (4) \end{array} \right.$$



■ 流行曲線 (dz/dt) を求める。

以下、[2] 佐藤總夫 による。

第(1)式を第(3)式で割って次式を得る

$$\frac{dx}{dz} = -\frac{\beta}{\gamma}x = -\rho x$$

x を z の関数と見ると、解けて、

$$x(z) = x_0 e^{-\frac{z}{\rho}} \quad (5)$$

一方で、(4)式から得られる $y = N - z - x$ と上式 (5) を、モデルの連立方程式系の (3)式に代入すると、

$$\frac{dz}{dt} = \gamma \left(N - z - x_0 e^{-\frac{z}{\rho}} \right) \quad (6)$$

感染者数の閾値となる ρ と比較して、感染判明者数 z は相対的に小さく、 z/ρ は小さな値と考えられ、Taylor展開近似すると、

$$e^{-\frac{z}{\rho}} = 1 - \frac{z}{\rho} + \frac{1}{2} \left(-\frac{z}{\rho} \right)^2 + o(3)$$

これを (6)式に代入すると、

(注) 公式 $\tanh^{-1}x = \frac{1}{2} \log \frac{1+x}{1-x}$ を用いる

$$\begin{aligned} \frac{dz}{dt} &= \gamma \left(N - z - x_0 \left(1 - \frac{z}{\rho} + \frac{1}{2} \left(-\frac{z}{\rho} \right)^2 \right) \right) \\ &= \gamma \left((N - x_0) + \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) z - \frac{x_0}{2\rho^2} z^2 \right) \\ &= \frac{\gamma x_0}{2\rho^2} (A^2 - (z - B)^2) \end{aligned} \quad (7)$$

$$\begin{aligned} A &= \frac{\rho^2}{x_0} \sqrt{\left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)^2 + \frac{2x_0(N - x_0)}{\rho^2}} \\ B &= \frac{\rho^2}{x_0} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \end{aligned}$$

微分方程式 (7) は、次のように変数分離して解くことができる。

$$\frac{dz}{A^2 - (z - B)^2} = \frac{1}{2A} \left(\frac{dz}{A - (z - B)} - \frac{dz}{A + (z - B)} \right) = \frac{\gamma x_0}{2\rho^2} dt$$

これを解き、 $z(0) = 0$ を考慮すると、(注)

$$z(t) = \frac{\rho^2}{x_0} \left(\left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) + \lambda \cdot \tanh \left(\frac{\gamma \lambda}{2} t - \mu \right) \right) \quad (8)$$

$$\begin{aligned} \lambda &= \sqrt{\left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)^2 + \frac{2x_0(N - x_0)}{\rho^2}} \\ \mu &= \tanh^{-1} \frac{1}{\lambda} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right) \end{aligned}$$

■ 流行曲線（新規感染者数） dz/dt を計算する。（注）

$$\frac{dz}{dt} = \frac{\gamma\rho^2\lambda^2}{2x_0} \operatorname{sech}^2\left(\frac{\gamma\lambda}{2}t - \mu\right) \quad (9)$$

（注）公式 $\frac{d}{dx}(\tanh x) = \operatorname{sech}^2 x = 4/(e^x + e^{-x})^2$ を利用

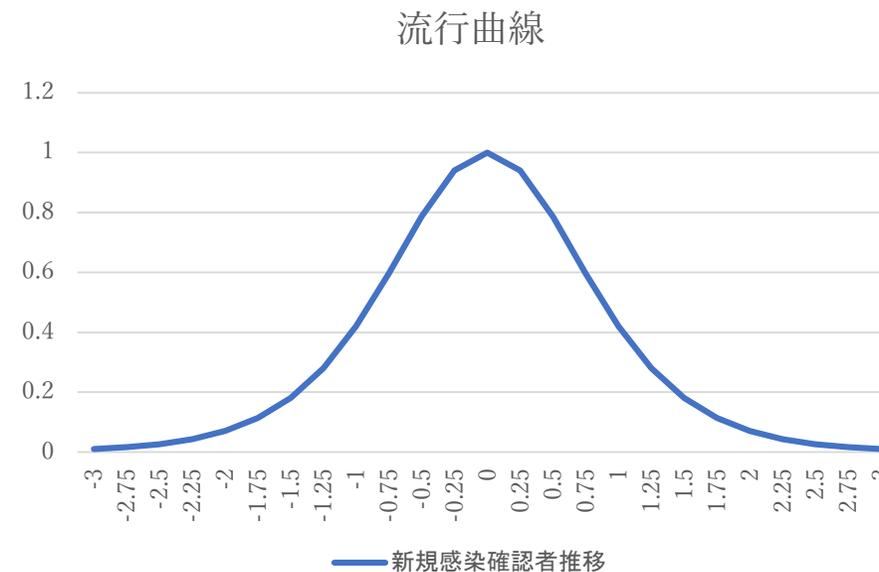
■ 流行曲線 dz/dt は次のような性質をもつ。

1. $t = 2\mu/\gamma\lambda$ に対して左右対称である。
2. $t < 2\mu/\gamma\lambda$ で単調増加、 $t > 2\mu/\gamma\lambda$ で単調減少である。
3. $t = 2\mu/\gamma\lambda$ で最大値 $\frac{\gamma\rho^2\lambda^2}{2x_0}$ をとる。

■ 1週間毎の新規感染者数推移と比較すると、

ピーク $a = \frac{\gamma\rho^2\lambda^2}{2x_0}$ 、 時点 $t = \frac{2\mu}{\gamma\lambda}$ 、 時間尺度 $\frac{\gamma\lambda}{2}$

などを推定することができる。



(2)非感染者数 $(x(t))$ と感染力保有者数 $(y(t))$ の関係

■ 古典的SIRモデル ((1)~(4)) において、 $x(t)$ と $y(t)$ の関係を見てみよう。

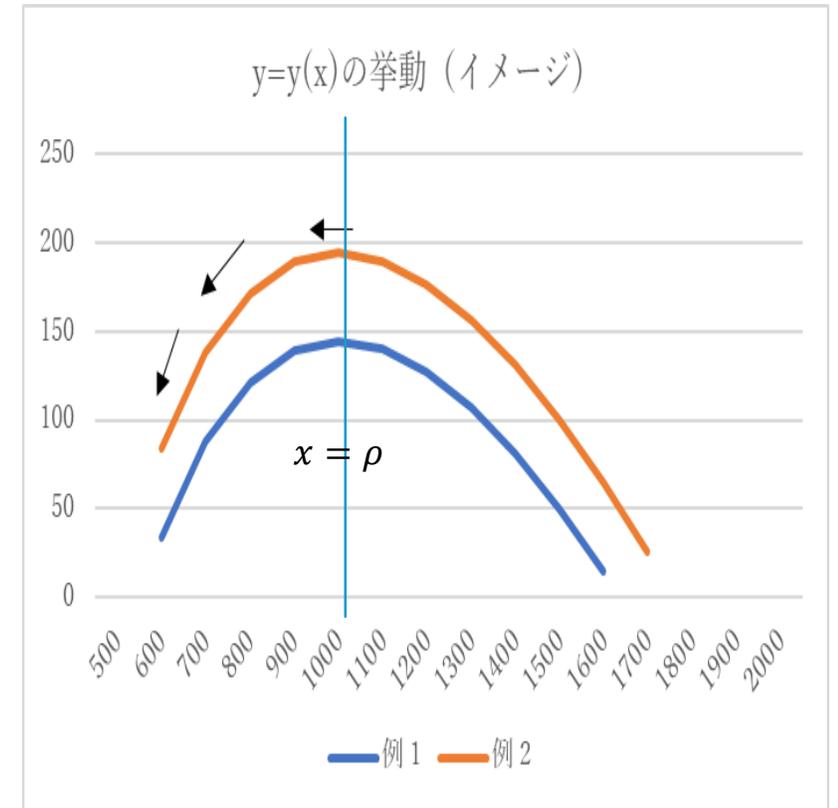
(2)式を(1)式で割れば次式が得られる。

$$\frac{dy}{dx} = \frac{\beta xy - \gamma y}{-\beta xy} = \frac{\rho}{x} - 1, \quad \rho = \frac{\gamma}{\beta} \quad (10)$$

これは解けて、初期値を (x_0, y_0) とすると、

$$y(x) = (y_0 + x_0) - x + \rho \cdot \log\left(\frac{x}{x_0}\right) \quad (11)$$

曲線 $y = y(x)$ を (x, y) 平面で考えると、(10)式より $d^2y/dx^2 = -\rho/x^2$ で上に凸、 $x = \rho$ を境に、 $x > \rho$ ならば y は単調減少（このモデルでは時間とともに $x(t)$ が減少するので $y(t)$ は増加）、 $x < \rho$ ならば y は単調増加（同じ理由で時間とともに $y(t)$ は減少）となる。



■したがって、新規感染者数 ($dz/dt = \gamma y$) を減少させるには、 y を減少させること、すなわち $x < \rho = \gamma/\beta$ の状態を作ることが重要である。

■そのためには、パラメータ ρ を実質的にシフトさせる必要がある。

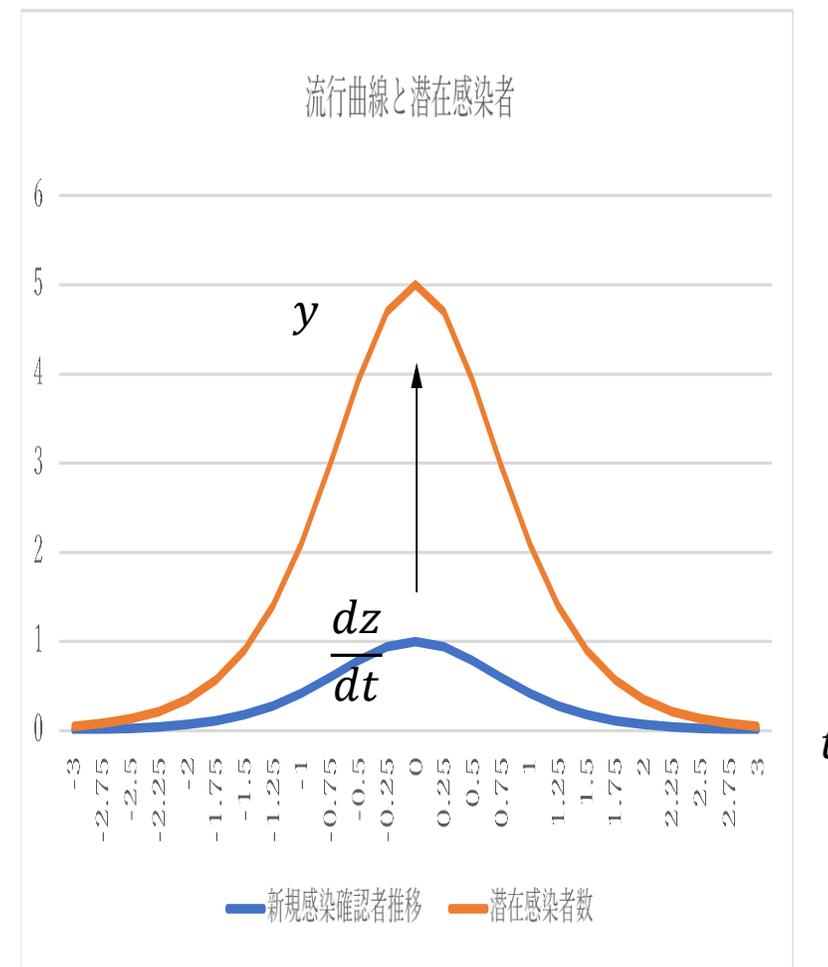
具体的には、

- ・ β を小さくする
- ・ γ を大きくする

ことによって、パラメータ ρ を大きくして、

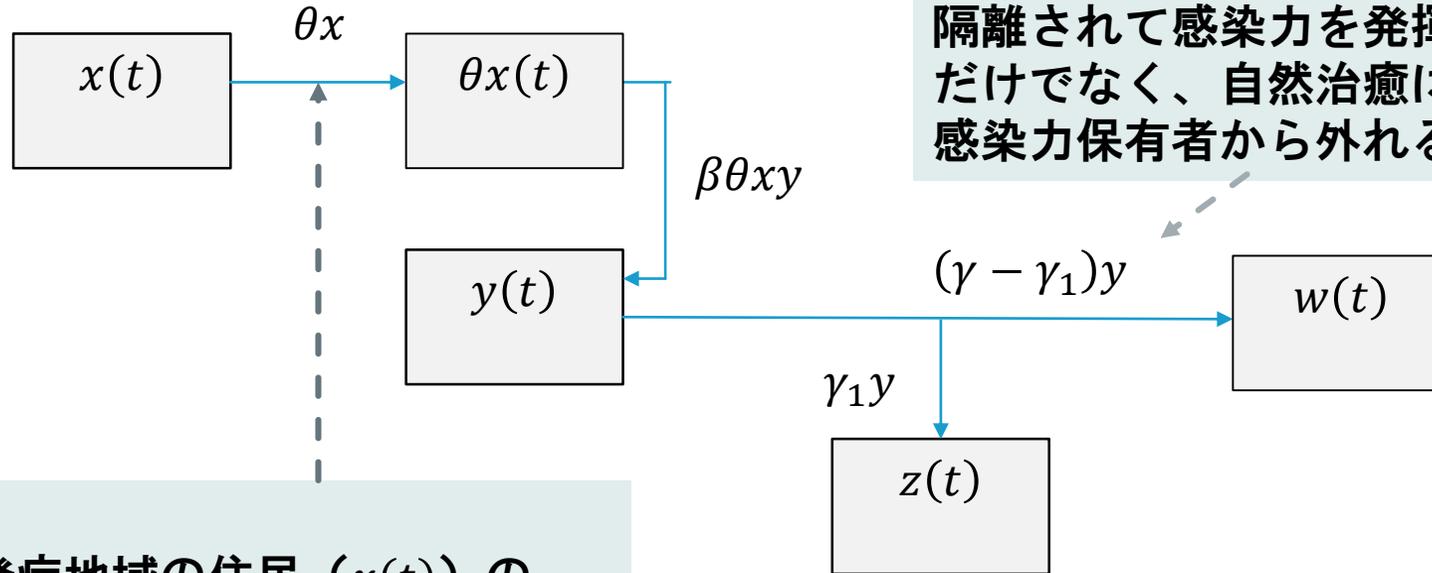
$$x < \rho = \gamma/\beta \quad (12)$$

とすることである。



(3)古典的SIRモデルの修正解釈

■ 古典的SIRモデルを適用するにあたっては、若干の解釈の修正が必要となる。



① 感染症発症地域の住民 ($x(t)$) のうち、比率 θ に当たる人々が感染力保有者 ($y(t)$) と接触する

② 感染力保有者 ($y(t)$) は、感染が発覚して隔離されて感染力を発揮しなくなる ($\gamma_1 y$) だけでなく、自然治癒による免疫獲得で感染力保有者から外れる人々がいる ($(\gamma - \gamma_1)y$)

(注) 実際、気体分子運動論のように地域住民が感染力保有者と均等に接触をするとは考えられない。

(4) 緊急事態宣言の諸施策の意味

- このような要素を考慮すると、パラメータ ρ は次のように修正される。

$$\rho = \frac{\gamma_1 + (\gamma - \gamma_1)}{\theta\beta} \quad (13)$$

- このパラメータ ρ を大きくすることによって、 $x < \rho$ となるようにすればよい。具体的には、

(1) θ を小さくすること

施設閉鎖、イベント中止、移動制限、Stay Home, 在宅勤務など

(2) β を小さくすること

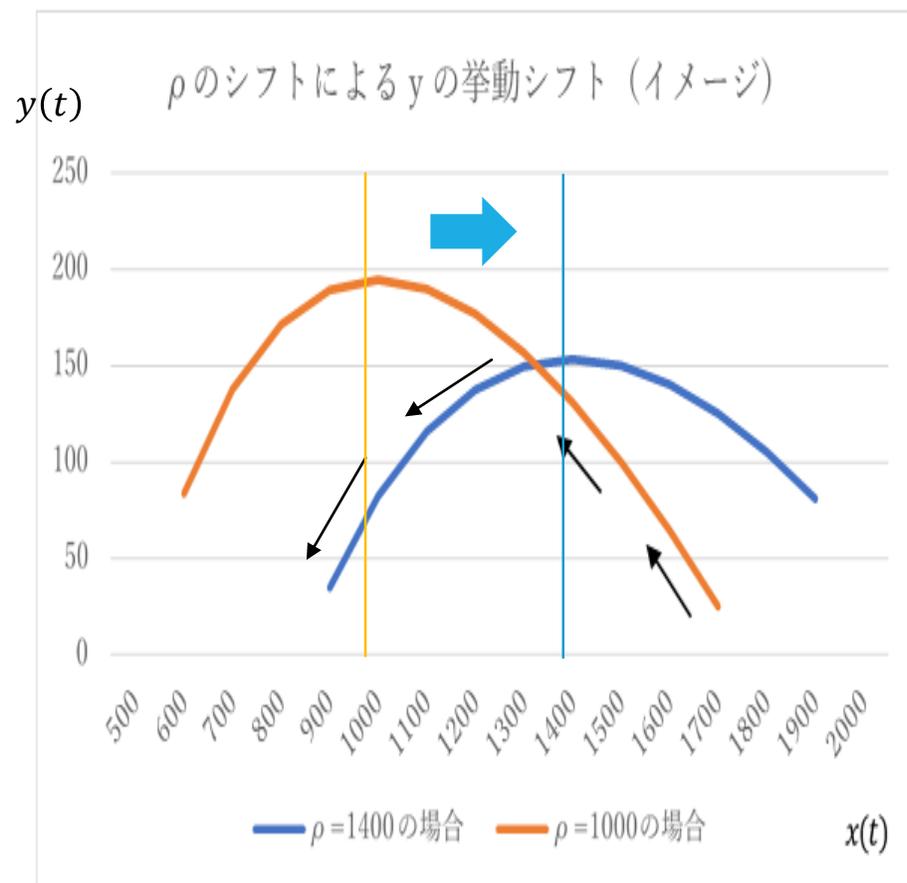
マスク着用、手洗い、うがい、3密回避、時差出勤など

(3) γ を大きくすること (γ_1 を大きくすること)

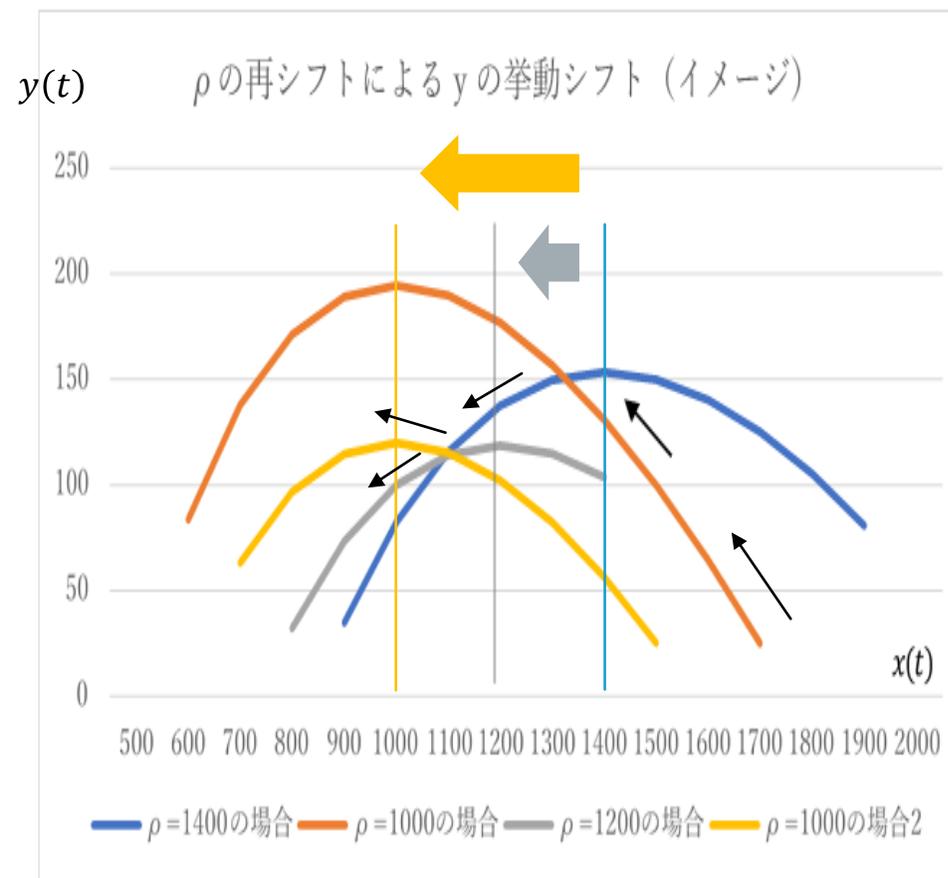
ワクチンの開発 (人為的な感染・免疫獲得)

検査体制整備により自然免疫獲得よりも早期に感染者の保護・隔離を行う

- それによってパラメータ ρ はシフトして、感染は縮小するはず。しかし、再シフトすると再び拡大する可能性も。



$\rho = 1000$



1. 2 SIRモデルの応用・修正適用

以下、基本的には「SIRモデル」を基礎として、次のような内容について見ていく。

- (1) 感染終息時期の予測
- (2) 移動制限解除の影響 – 2 地域モデル
- (3) 確率モデル – S I R + Cramer/Lumdbergモデル
- (4) 感染力保有者がコロニーを形成するモデル

(1) 感染終息時期の予測

■ SIRモデルでは、パラメータがシフトしなければ流行曲線 ($w(t) = dz(t)/dt$) は次のようになった。

$$w(t) = \frac{dz(t)}{dt} = a \cdot \sec^2(bt - c) \quad (9)$$
$$a = \frac{\gamma \rho^2 \lambda^2}{2x_0}, b = \frac{\lambda \gamma}{2}, c = \tanh^{-1} \frac{1}{\lambda} \left(\frac{x_0}{\rho} - 1 \right)$$

ピーク時 (t_0) を起点に時点を s に変換すると、 $bt - c = bs$ 、 $w(s) = a \cdot \sec^2(bs)$ 、 $w(0) = a$

このピーク時の値 a に対して、 $w = \phi a$ ($0 < \phi < 1$) となる時点を $s_\phi = t_\phi - t_0$ とすると、

$$\phi a = a \cdot \sec^2(bs_\phi) = a \cdot \frac{4}{(e^{bs_\phi} + e^{-bs_\phi})^2}$$

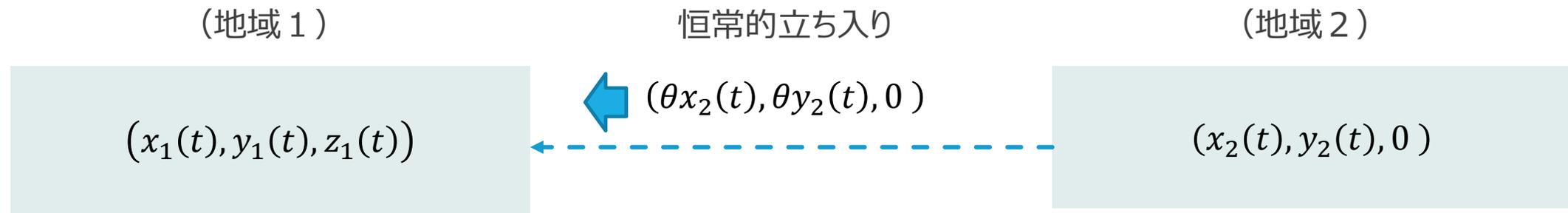
これを解くと、次式が得られる。

感染終息の判定基準を $\phi = \phi_E$ とすると、その時期は、

$$s_\phi = \frac{1}{b} \log \left(\frac{1 + \sqrt{1 - \phi}}{\sqrt{\phi}} \right) \quad s_{\phi_E} = \frac{1}{b} \log \left(\frac{1 + \sqrt{1 - \phi_E}}{\sqrt{\phi_E}} \right) \quad (14)$$

(2) 移動制限解除の影響 – 2 地域モデル

- 古典的SIRモデルは、閉ざされた「単一地域モデル」であるが、ここでは、感染の終息していない（地域1）と、感染が終息した（地域2）を考える。
- （地域2）から（地域1）へ、人口に対して比率 θ の人が恒常的に立ち入るものと仮定する。



- 移動する者には非感染者と感染力保有者が均一に混じり、各地域で非感染者と感染力保有者が均一に接触するとすれば、それぞれの地域では次のような「接触」が発生する。

$$(x_1 + \theta x_2)(y_1 + \theta y_2)$$

$$(1 - \theta)^2 x_2 y_2$$

- この接触に伴って発生する感染を、それぞれの地域別に整理して微分方程式にすると、

(地域 1)

(地域 2)

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = -\beta x_1(y_1 + \theta y_2) \\ \frac{dy_1}{dt} = \beta x_1(y_1 + \theta y_2) - \gamma y_1 \\ \frac{dz_1}{dt} = \gamma_1 y_1 \end{cases} \quad (14)$$

$$\begin{cases} \frac{dx_2}{dt} = -\beta x_2((1 - \theta)^2 y_2 + \theta(y_1 + \theta y_2)) \\ \frac{dy_2}{dt} = \beta x_2((1 - \theta)^2 y_2 + \theta(y_1 + \theta y_2)) - \gamma y_2 \\ \frac{dz_2}{dt} = \gamma_1 y_2 \end{cases} \quad (15)$$

- 例えば、初期値として、

$$(x_1, y_1) = (10700, 665), \quad (x_2, y_2) = (10000, 0)$$

時間間隔を 1 週間とし、パラメータ $\beta, \theta, \gamma, \gamma_1$ をうまく設定すると、

(地域 2) において感染症が再発生する状況をシミュレーションすることができる。

- **緊急事態宣言の解除** (地域的移動制限の解除)、**GoToトラベルキャンペーンの推進**、**出入国規制の解除**などの場合のシミュレーションに使える。

(3) 確率モデル – SIR + Cramer/Lundberg モデル

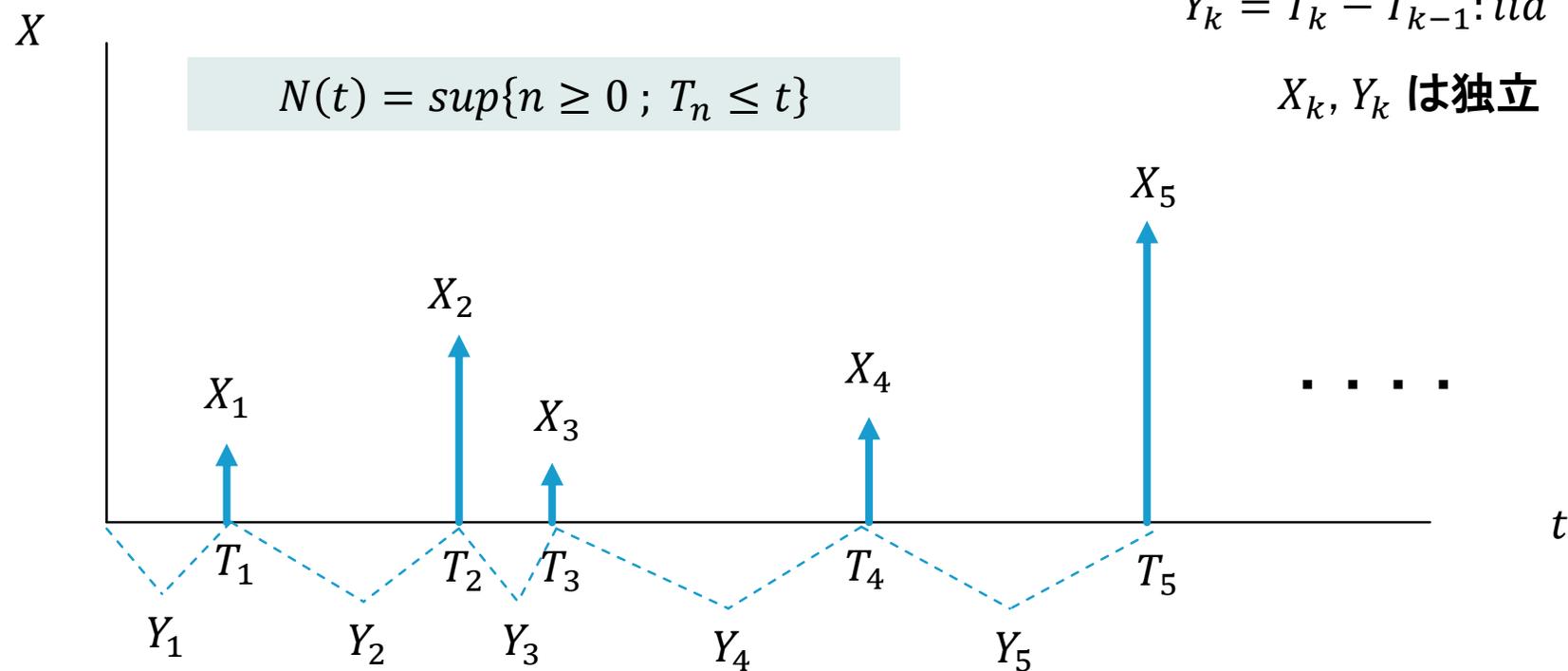
- 連立方程式系のSIRモデルは決定論モデルであるが、このモデルに確率論的要素を加味したらどうなるか。
実際、感染拡大第一波の終息時期（緊急事態宣言解除後）に、北海道、東京、神奈川、福岡などで、比較的多数の「クラスターによる感染者」が発生し、左右対称の流行曲線が乱れた。
- 損害保険や金融のオペレーショナルリスク計量などに使われる「Cramer-Lundberg model」を応用する。

(Cramer-Lundberg model)

1. 発生する感染の感染者数 $(X_k)_{k \in \mathbb{N}}$ は正値の iid 確率変数で共通分布 F に従う。 $E[X_k] = \mu, V[X_k] = \sigma^2 < \infty$
2. 発生する感染時刻 $0 < T_1 < T_2 < \dots$ はランダムとし、発生間隔を $Y_k = X_k - X_{k-1}$ とすると、
 $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ は iid の指数分布で、 $E[Y_k] = 1/\lambda$ とする。
3. 2つの列 $(X_k)_{k \in \mathbb{N}}$ と $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ は相互に独立とする。
4. 期間 $[0, t]$ 中に発生する感染の回数を $N(t)$ とする。 $N(t) = \sup\{n \geq 1; T_n \leq t\}$

(参考) クラスタ発生モデル化

■ クラスタ感染の発生



■これらの（**Cramer-Lundberg model**）の仮定から、

$N(t)$ は「強度（intensity） $\lambda > 0$ の Poisson過程」となり、

$$\mathbb{P}(N(t) = k) = e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^k}{k!}, k = 0, 1, 2, \dots \quad (16)$$

ここで累計感染者数を $S(t)$ とすると、

$$S(t) = \begin{cases} \sum_{k=1}^{N(t)} X_k & N(t) > 0 \\ 0 & N(t) = 0 \end{cases} \quad (17)$$

$S(t)$ の1週間毎の期待値は、

$$E[S(t)] = \mu\lambda(t) \quad (18)$$

となり、1週間ごとの感染者数 $S(t)$ は次のような「確率モデル」によって表すことができる。

$$\frac{dz(t)}{dt} = S(t) - \mu\lambda(t) \quad (19)$$

(4) 感染力保有者がコロニーを形成するモデル

- 古典的SIRモデルは、ある閉ざされた地域内で非感染者 ($x(t)$) と感染力保有者 ($y(t)$) が均一に接触し、その接触に伴って比率 β で「感染」が発生する ($\beta x(t)y(t)$) という設定であった。
- しかし、そのような設定は、軍隊内や大学内の感染やダイヤモンドプリンセス号内の感染には当てはまっても、日本全国やと都道府県内の感染者を分析するには不適當。

<新しいモデル>

- ある考察対象地域の感染力保有者 ($y(t)$) は複数のコロニー (colony) を形成している。

$$y(t) = y_1(t) + \dots + y_n(t) \quad (20)$$

- そこに非感染者のうちの比率 θ の人達が、それぞれ別々にそれに接触して、

$$x(t) = \theta x(t) + (1 - \theta)x(t) = \theta(x_1(t) + \dots + x_n(t)) + (1 - \theta)x(t) \quad (21)$$

接触しない人

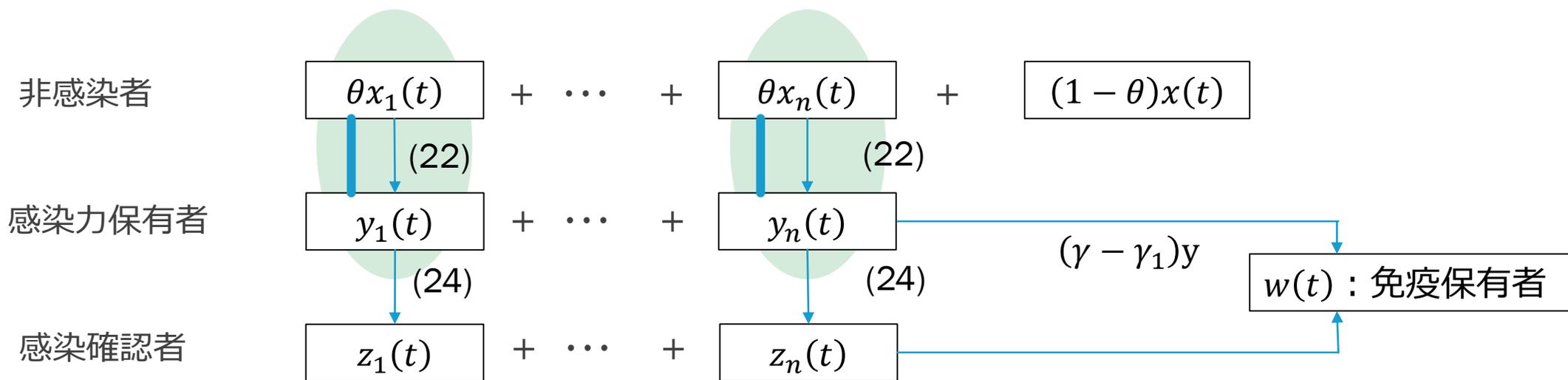
■ 各コロンニー毎に古典的SIRモデルを満たすとする。

$$\frac{dx_i}{dt} = -\beta\theta x_i y_i \quad (22)$$

$$\frac{dy_i}{dt} = \beta\theta x_i y_i - \gamma y_i = \beta\theta y_i (x_i - \rho), \quad \rho = \frac{\gamma}{\beta\theta} \quad (23)$$

$$\frac{dz_i}{dt} = \gamma_1 y_i \quad (24)$$

$$\sum_{i=1}^n x_i(t) + \sum_{i=1}^n y_i(t) + \sum_{i=1}^n z_i(t) + w(t) = N \quad (25)$$



- 微分の線形性から、全体では次の関係を満たす。

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dx}{dt} = \sum_{i=1}^n \frac{dx_i}{dt} = -\beta\theta \sum_{i=1}^n x_i y_i \quad (25) \\ \frac{dy}{dt} = \sum_{i=1}^n \frac{dy_i}{dt} = \beta\theta \sum_{i=1}^n x_i y_i - \gamma y \quad (26) \\ \frac{dz}{dt} = \sum_{i=1}^n \frac{dz_i}{dt} = \gamma y \quad (27) \end{array} \right.$$

- 従来のSIRモデルと異なるのは $\sum_{i=1}^n x_i y_i$ の箇所である。形式的に、

$$\sum_{i=1}^n x_i y_i = xy \cdot \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{xy}$$

と変形すると、(25)式は次のように書くことが出来る。

$$\frac{dx}{dt} = -\beta\theta \cdot \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{xy} \cdot xy = -\bar{\beta}\theta xy \quad \text{但し、} \quad \bar{\beta} = \beta \cdot \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{\sum_{i=1}^n x_i \sum_{i=1}^n y_i} = \beta \cdot \Pi$$

■ Lagrange未定乗数法を使うと、次の関係が示せる。

$$1 \geq \Pi = \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{\sum_{i=1}^n x_i \sum_{i=1}^n y_i} \geq \frac{1}{n} \quad \frac{dx}{dt} = -\beta\theta\Pi \cdot xy$$

(注) $1/n$ は、Colonyが一様分布をする時に実現する。

■ このことは、感染のピーク付近から急速に感染が減少したり、終息局面で感染がなかなか終息しなかったり、という現象に符合している。

■ 感染の終息局面では、

(1) 引き続き活動を自粛して、 θ を小さく保つこと

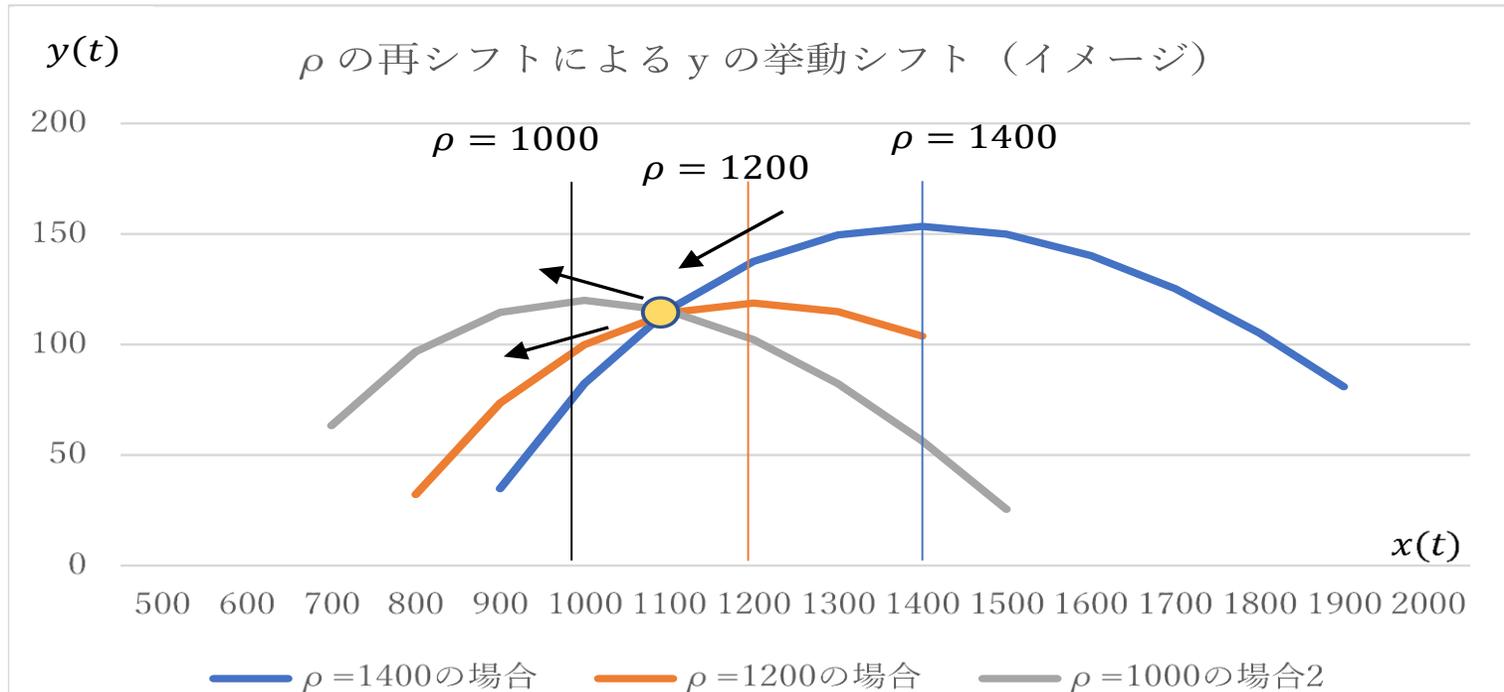
(2) 3密をさけマスク・手洗い・うがい等に気を付けて、 β を小さく保つこと

(3) 同じ n ならば、コロニーを分散化させて（クラスターを作らないで）、 Π を小さくすることが重要になる。

1. 3 感染再拡大の可能性

■ S I Rモデルの閾値 ($\rho = \gamma/\beta$) がシフトすることによって、感染が再拡大する可能性について考えた。

(グラフ5) 閾値シフトによる感染者の挙動のシフト



(1) 古典的な風土病モデル (Endemic model)

■長期間をかけて免疫世代が交代すれば、感染は再拡大する可能性がある。

古典的な風土病モデル (Endemic model) とは、誕生と死亡によって世代が交代することを考慮した SIR (susceptible-infective-recovered) モデルである。

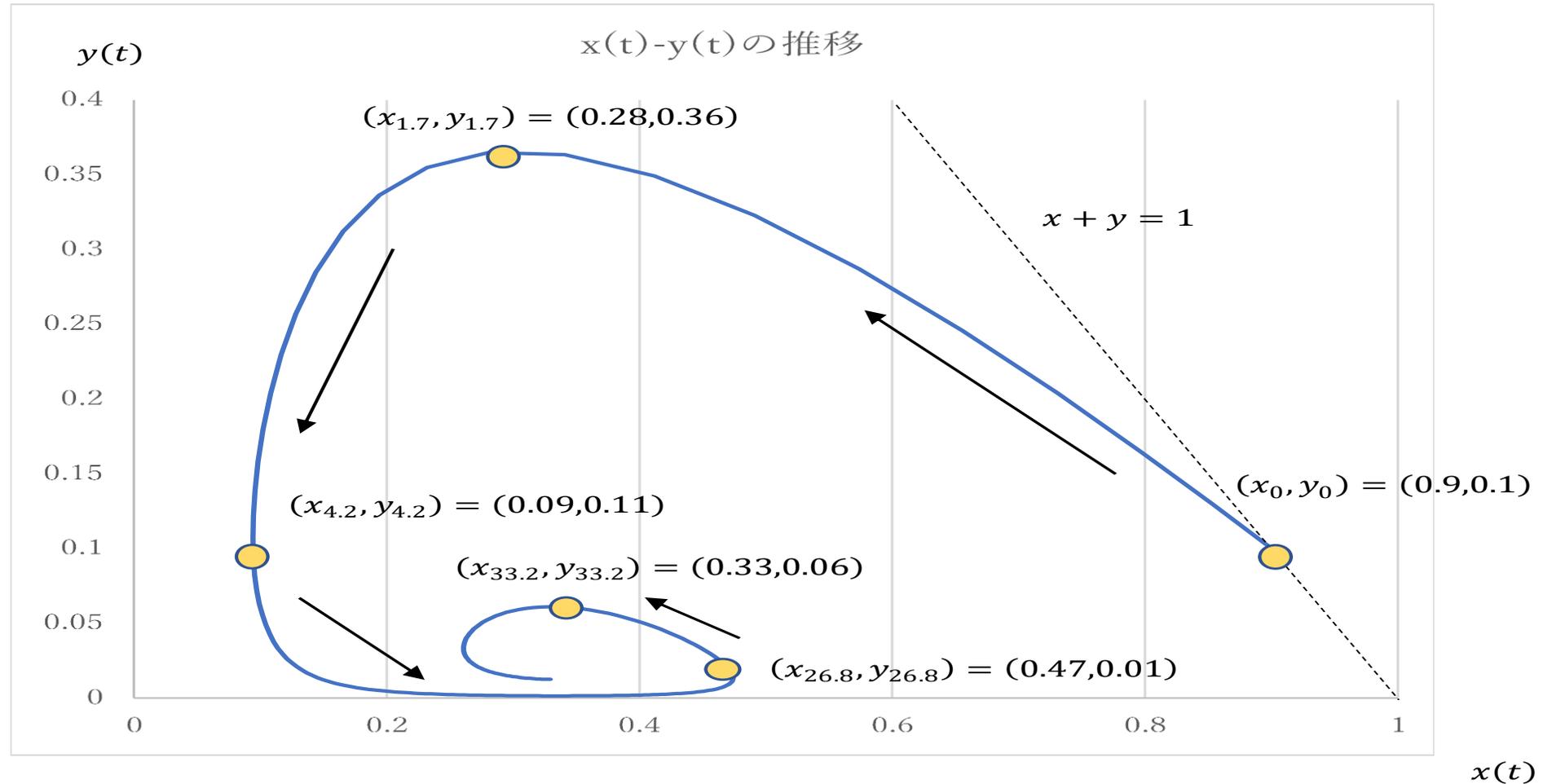
$X(t)$: 非感染者数、 $Y(t)$: 潜在感染者数、 $Z(t)$: 感染確認者数 (= 隔離者数) とし、 $X(t) + Y(t) + Z(t) = N$ とすると、Endemic model は次のような連立式で提示される。

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dX}{dt} = \mu N - \mu X - \beta \frac{Y \cdot X}{N}, \quad X(0) = X_0 \geq 0 \\ \frac{dY}{dt} = \beta \frac{Y \cdot X}{N} - \gamma Y - \mu Y, \quad Y(0) = Y_0 \geq 0 \\ \frac{dZ}{dt} = \gamma Y - \mu Z, \quad Z(0) = Z_0 \geq 0 \end{array} \right. \quad (1)$$

但し、 β : 感染率、 γ : 感染確認率、 μ : 出生率 (= 死亡率) とし、出生者は全員が非感染者に加算され ($\mu N = \mu(X + Y + Z)$)、それぞれの区分者数 $\times \mu$ (右辺) が死亡する。

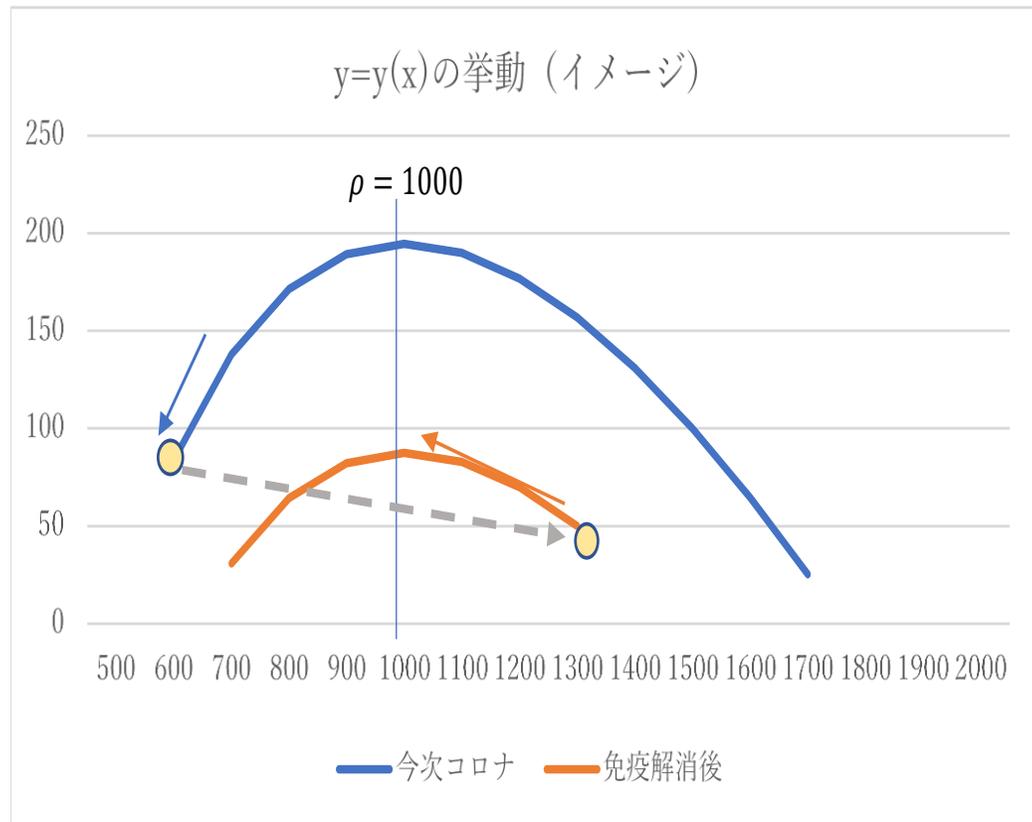
(参考) 古典的 Endemic Model によるシミュレーション例

(グラフ 6) Endemic model による感染拡大の様子

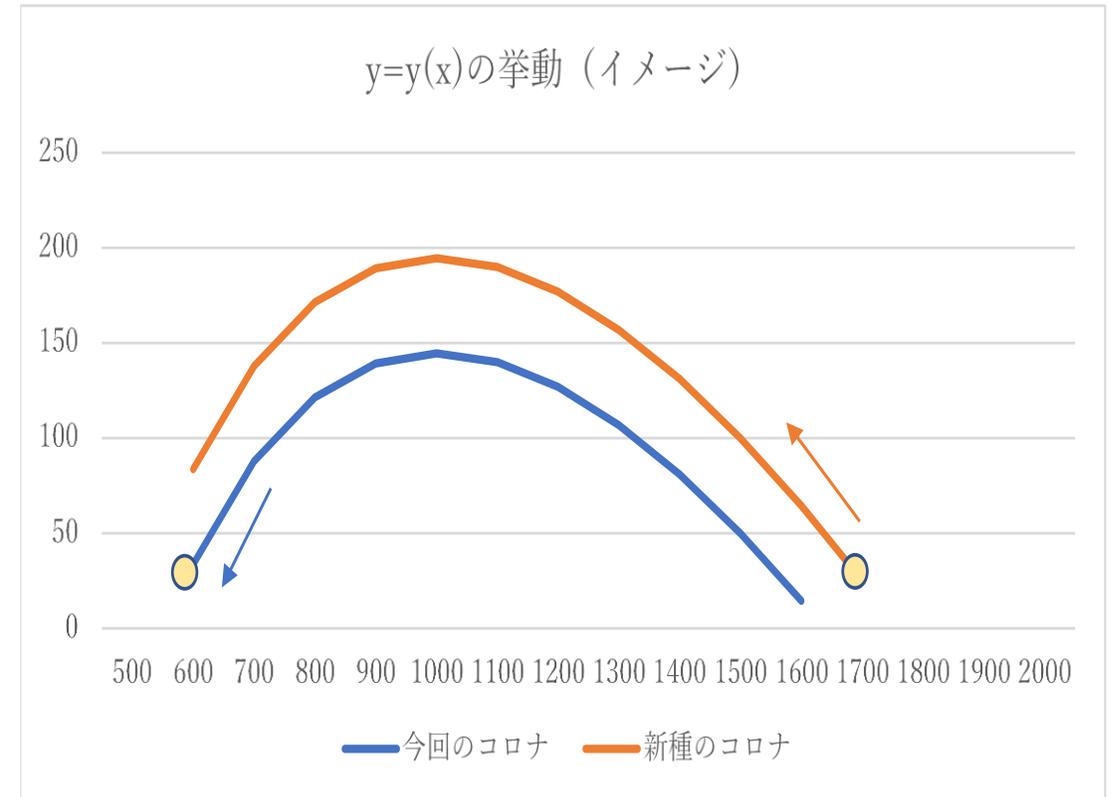


(2)免疫解消による再拡大、新種ウイルスによる再拡大

(グラフ6) 免疫解消による感染再拡大

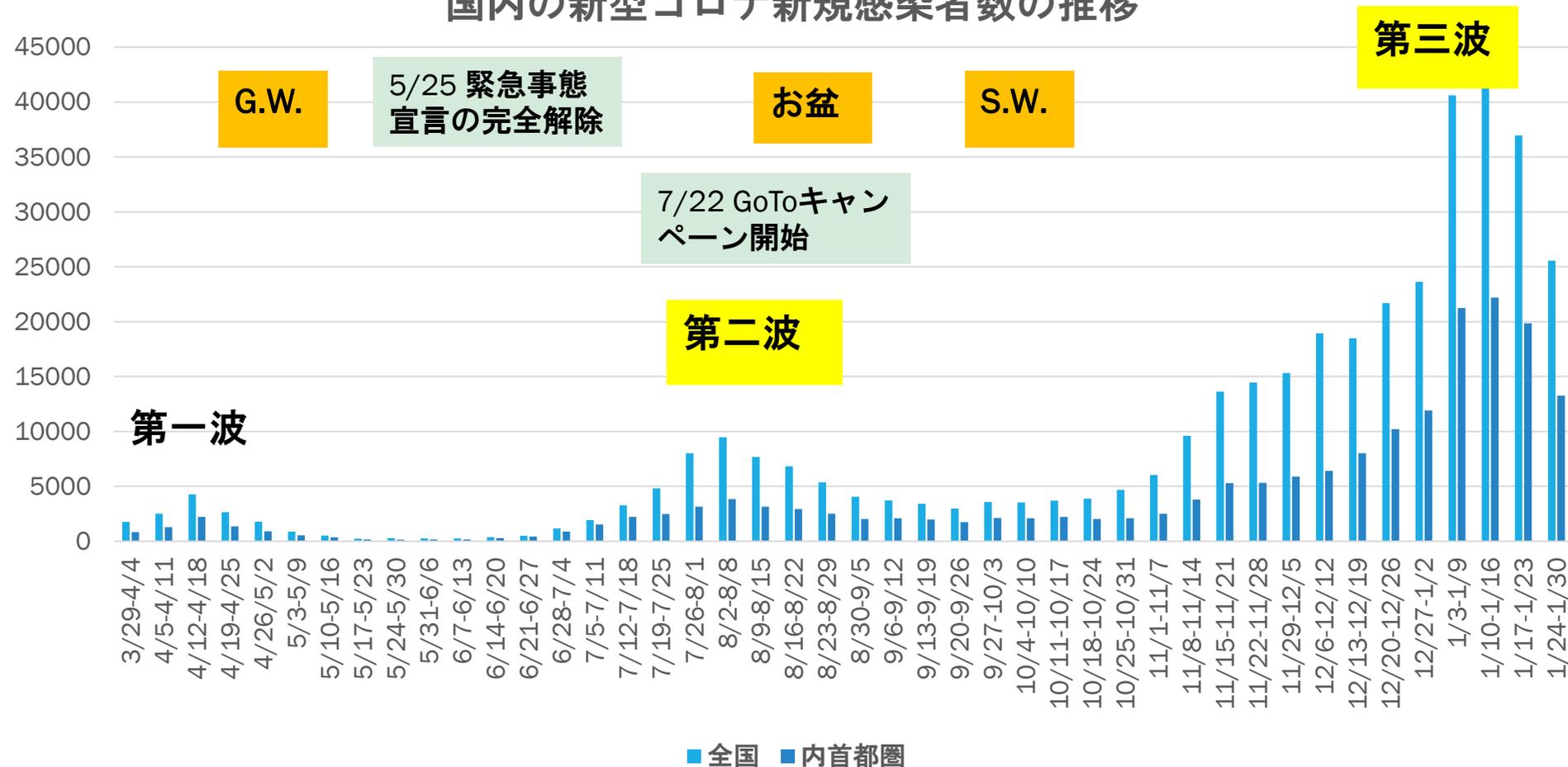


(グラフ7) 新種ウイルス出現による感染再拡大



1. 4 感染拡大第二波・第三波の発生

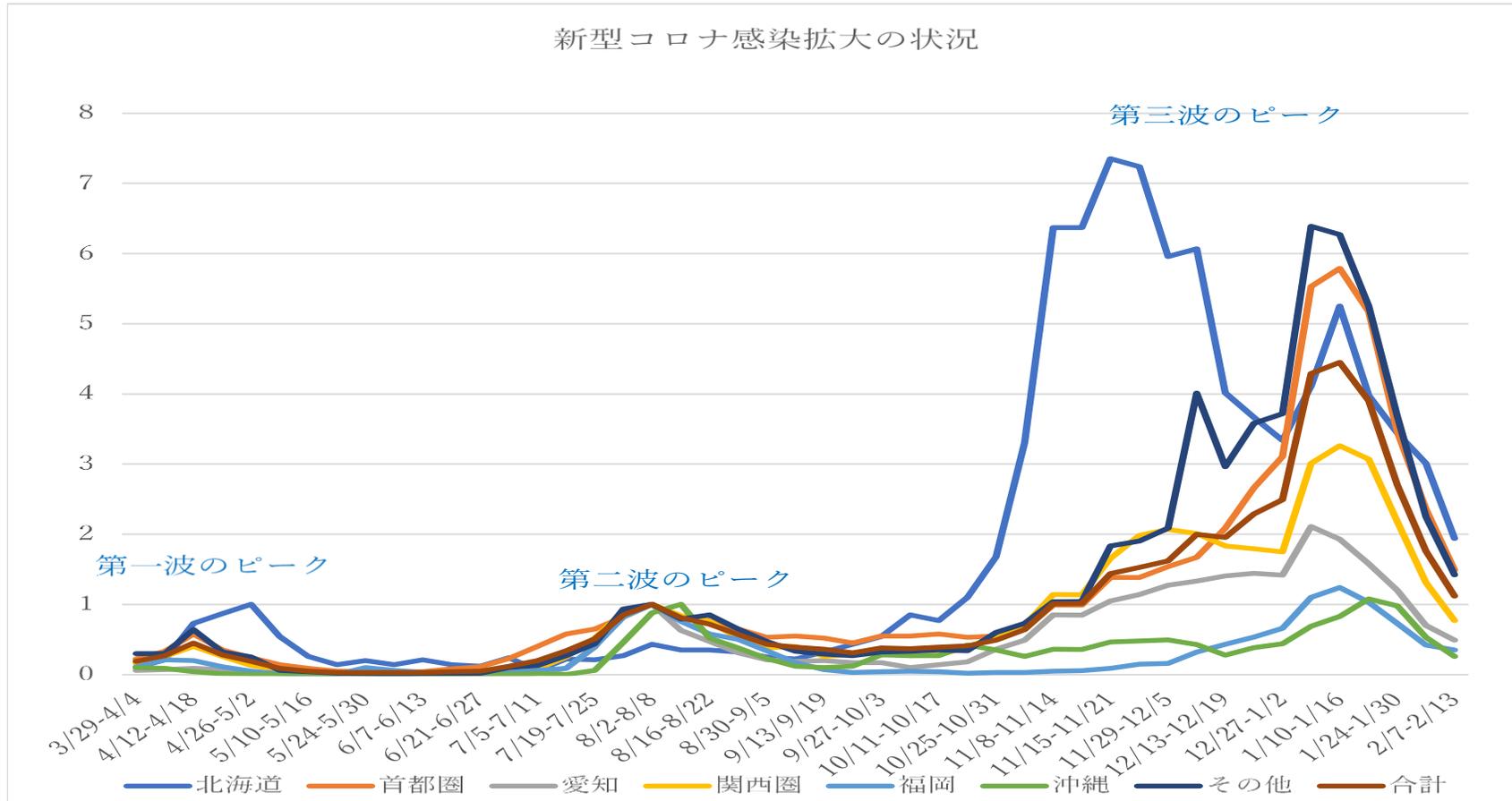
国内の新型コロナ新規感染者数の推移



(1) 第三波の特徴

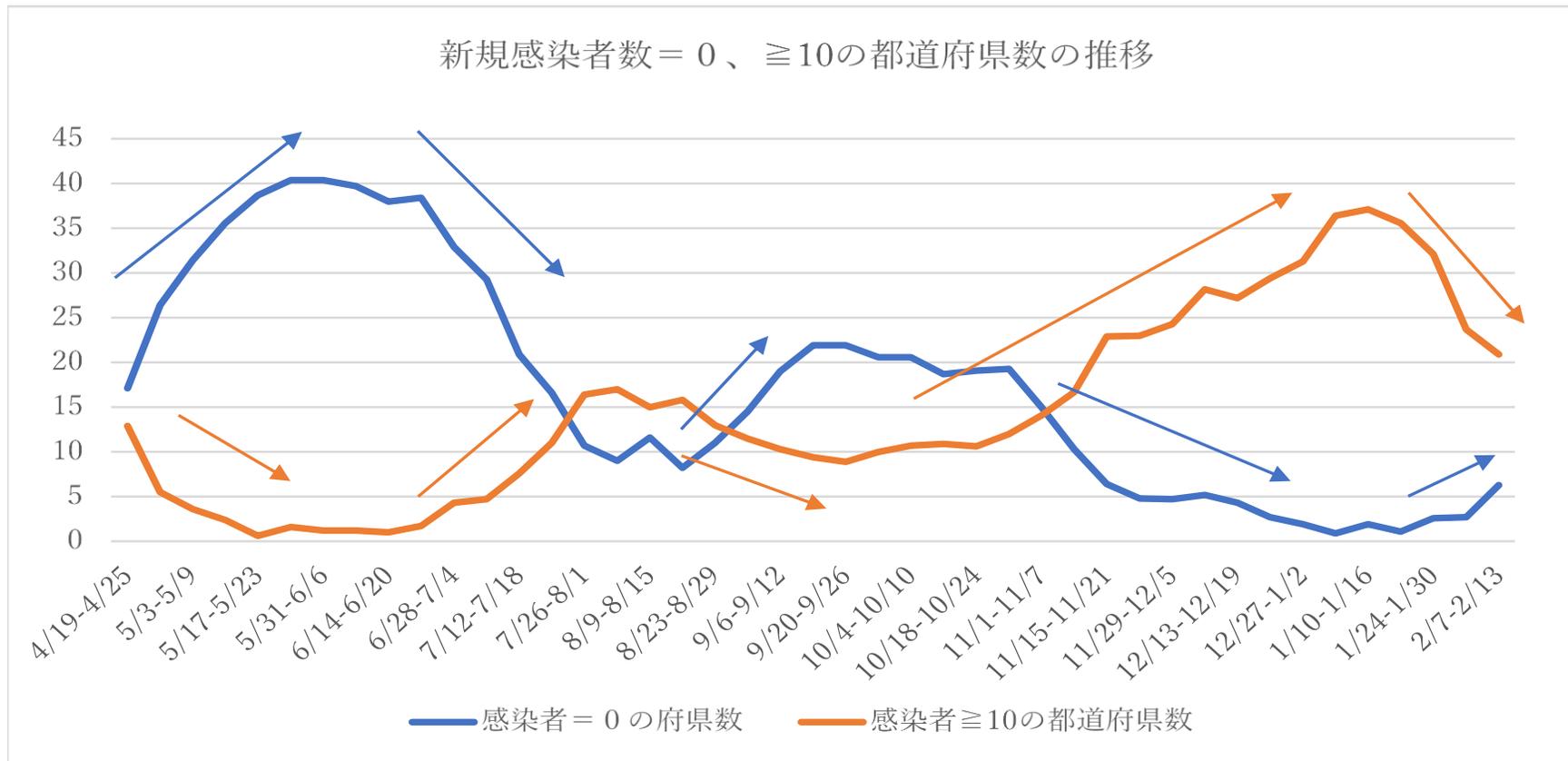
1. ピークが地域によって少しずつ異なったこと

(グラフ4) 地域別の週次新規感染者指数の推移 (8/2-8/8 = 1)



2. 感染が全国各地で大規模に拡大したこと

(グラフ5) 新規感染者数=0、 ≥ 10 の都道府県数の推移



3. 死亡者数が増えていること

期間	退院者数	死亡者数	合計	新規感染	差引
9/20-9/26	3604	44	3648	2979	669
9/27-10/3	3609	52	3661	3588	73
10/4-10/10	3512	29	3541	3540	1
10/11-10/17	3663	43	3706	3690	16
10/17-10/24	3673	43	3720	3891	-171
10/25-10/31	3627	56	3683	4681	-998
11/1-11/7	3988	47	3941	6029	-2088
11/8-11/14	5409	71	5480	9608	-4128
11/15-11/21	7819	93	7912	13629	-5717
11/22-11/28	10290	129	10419	14462	-4043
11/29-12/5	13097	217	13314	15328	-2014

期間	退院者数	死亡者数	合計	新規感染	差引
12/6-12/12	16188	249	16437	18949	-2512
12/13-12/19	15784	305	16089	18505	-2416
12/20-12/26	16880	343	17223	21686	-4463
12/27-1/2	16232	349	16581	23622	-7041
1/3-1/9	20949	440	21389	40611	-19222
1/10-1/16	26604	460	27064	42120	-15056
1/17-1/23	41549	592	42141	36953	5188
1/24-1/30	40070	624	40694	25568	16573
1/31-2/6	33280	688	33968	16636	17332
2/7-2/13	21697	545	22242	10644	11598

(2) 感染拡大の地域間の連動性

1. 第一波＋第二波の相関行列

(表7) 都道府県別新規感染者数（第一波＋第二波）の相関行列

	北海	埼玉	千葉	東京	神奈	愛知	京都	大阪	兵庫	福岡	沖縄	他
北海道	1.00	0.20	0.21	0.15	0.16	0.06	0.11	0.15	0.25	-0.07	0.05	0.37
埼玉		1.00	0.95	0.97	0.85	0.79	0.92	0.90	0.90	0.84	0.72	0.89
千葉			1.00	0.94	0.92	0.82	0.92	0.94	0.95	0.87	0.79	0.92
東京				1.00	0.84	0.87	0.92	0.94	0.92	0.88	0.76	0.87
神奈川					1.00	0.74	0.87	0.89	0.84	0.81	0.81	0.78
愛知						1.00	0.84	0.95	0.91	0.98	0.87	0.77
京都							1.00	0.95	0.89	0.90	0.80	0.86
大阪								1.00	0.97	0.97	0.88	0.97
兵庫									1.00	0.94	0.85	0.91
福岡										1.00	0.92	0.80
沖縄											1.00	0.62
その他												1.00

2. 第三波の相関行列

(表8) 都道府県別新規感染者数(第三波)の相関行列

	北海	埼玉	千葉	東京	神奈	愛知	京都	大阪	兵庫	福岡	沖縄	他
北海道	1.00	0.37	0.29	0.37	0.35	0.70	0.35	0.73	0.59	-0.29	0.42	0.51
埼玉		1.00	0.97	0.95	0.94	0.83	0.96	0.85	0.93	0.97	0.87	0.91
千葉			1.00	0.95	0.97	0.77	0.94	0.81	0.91	0.97	0.88	0.87
東京				1.00	0.98	0.88	0.94	0.87	0.94	0.98	0.79	0.95
神奈川					1.00	0.85	0.96	0.85	0.94	0.98	0.82	0.93
愛知						1.00	0.87	0.96	0.96	0.84	0.68	0.95
京都							1.00	0.84	0.94	0.97	0.80	0.94
大阪								1.00	0.96	0.82	0.80	0.92
兵庫									1.00	0.93	0.83	0.96
福岡										1.00	0.79	0.94
沖縄											1.00	0.73
その他												1.00

(3)地域別新規感染者の因子分析

1. 地域別新規感染者数

$$\tilde{\mathbf{Y}}^T = (\tilde{y}_1, \dots, \tilde{y}_{12}) \xrightarrow{\text{平均値と標準偏差で規格化}} \tilde{\mathbf{X}}^T = (\tilde{x}_1, \dots, \tilde{x}_{12})$$

2. 因子分析モデル

$$\begin{array}{c} \text{因子空間} \qquad \qquad \qquad \text{誤差空間} \\ \left(\begin{array}{c} \tilde{x}_1 \\ \vdots \\ \tilde{x}_{12} \end{array} \right) = \overbrace{\left(\begin{array}{c} a_{1,1} \\ \vdots \\ a_{12,1} \end{array} \right) \tilde{\mathbb{F}}_1 + \dots + \left(\begin{array}{c} a_{1,m} \\ \vdots \\ a_{12,m} \end{array} \right) \tilde{\mathbb{F}}_m}^{\text{因子空間}} + \left(\begin{array}{c} \tilde{\epsilon}_1 \\ \vdots \\ \tilde{\epsilon}_{12} \end{array} \right) \end{array}$$

(注) 直交変換 (回転) で自由に「因子」は変換することができる。

$\tilde{\mathbb{F}}_1, \dots, \tilde{\mathbb{F}}_m \sim N(0,1)$: 互いに直交

$\tilde{\epsilon}_i \sim N(0, \sigma_i^2), (i = 1, \dots, 12)$: $\tilde{\mathbb{F}}_1, \dots, \tilde{\mathbb{F}}_m$ と直交、互いに直交

(主因子法) $\tilde{\mathbb{F}}_1, \dots, \tilde{\mathbb{F}}_m$ を主成分分析から得られる「成分」とする。

(3-1)第一波・第二波の因子分析

1. 因子の変換と因子の情報量

因子番号	固有値	寄与率	累積寄与率
1	9.77	0.814	0.814
2	1.10	0.092	0.906
3	0.48	0.040	0.946
4	0.30	0.025	0.971
5	0.13	0.010	0.981



変換

因子番号	固有値	寄与率	累積寄与率
1*	5.44	0.453	0.453
2*	5.44	0.453	0.906
3	0.48	0.040	0.946

$$\tilde{F}_1^* = \frac{1}{\sqrt{2}}(\tilde{F}_1 + \tilde{F}_2)$$

$$\tilde{F}_2^* = \frac{1}{\sqrt{2}}(\tilde{F}_1 - \tilde{F}_2)$$

2. 因子負荷量

変換前

都道府県	因子 1	因子 2	因子 3
北海道	0.106	0.000	0.820
埼玉県	0.864	0.425	0.125
千葉県	0.776	0.497	0.152
東京都	0.826	0.530	0.077
神奈川県	0.632	0.487	0.097
愛知県	0.512	0.842	0.001
京都府	0.735	0.560	0.029
大阪府	0.656	0.717	0.089
兵庫県	0.651	0.680	0.220
福岡県	0.533	0.827	0.013
沖縄県	0.335	0.841	0.011
その他の県	0.788	0.414	0.340

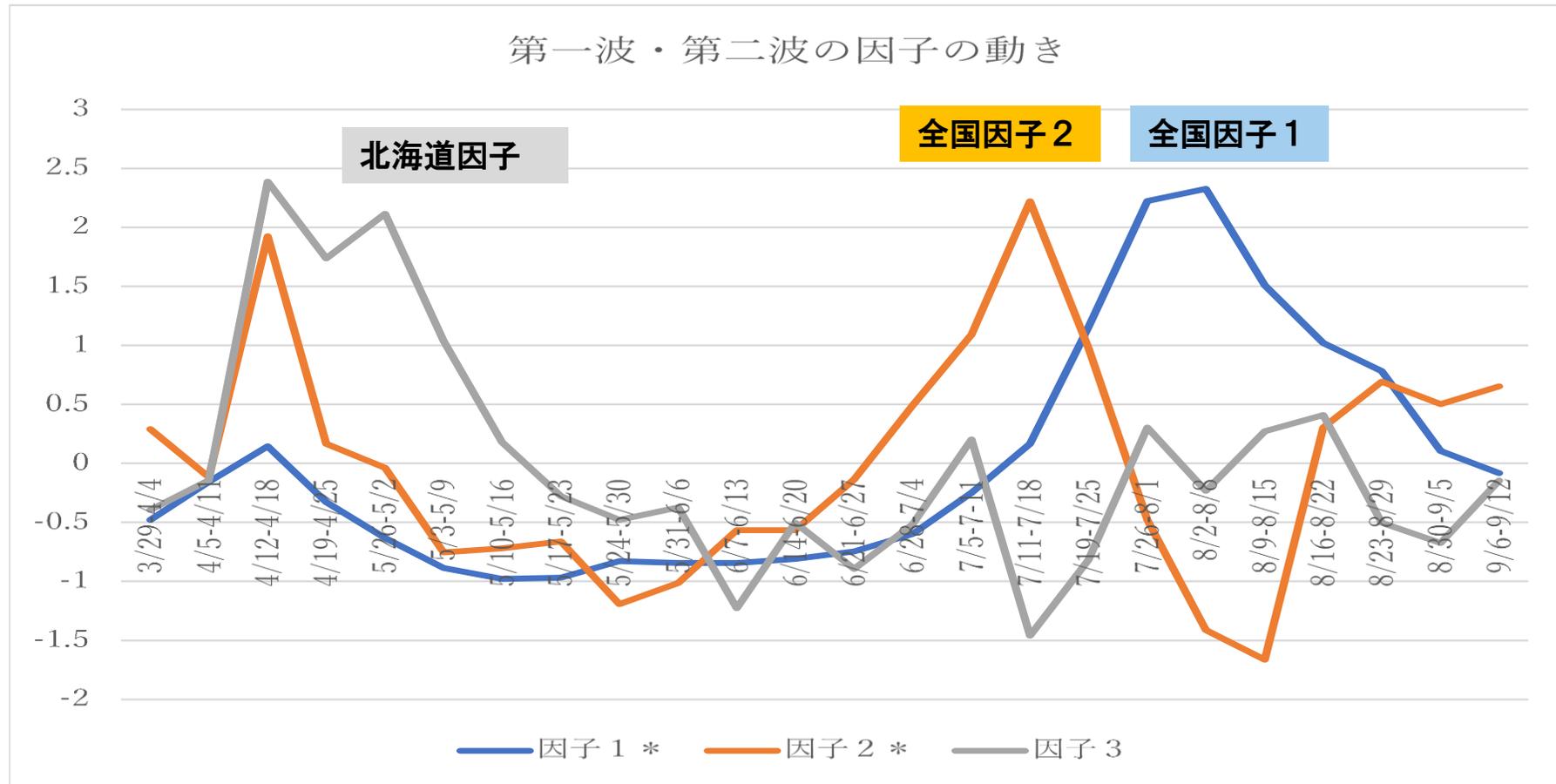


変換後

都道府県	因子 1 *	因子 2 *	因子 3
北海道	0.075	0.075	0.820
埼玉県	0.912	0.310	0.125
千葉県	0.900	0.198	0.152
東京都	0.959	0.209	0.077
神奈川県	0.792	0.103	0.097
愛知県	0.957	-0.233	0.001
京都府	0.916	0.124	0.029
大阪府	0.971	-0.043	0.089
兵庫県	0.941	-0.002	0.220
福岡県	0.962	-0.208	0.013
沖縄県	0.831	-0.358	0.011
その他の県	0.850	0.265	0.340

3. 各因子の動き（第一波＋第二波）

（グラフ14）第一波・第二波の因子の変動



(3-2)第三波の因子分析

1. 因子の情報量

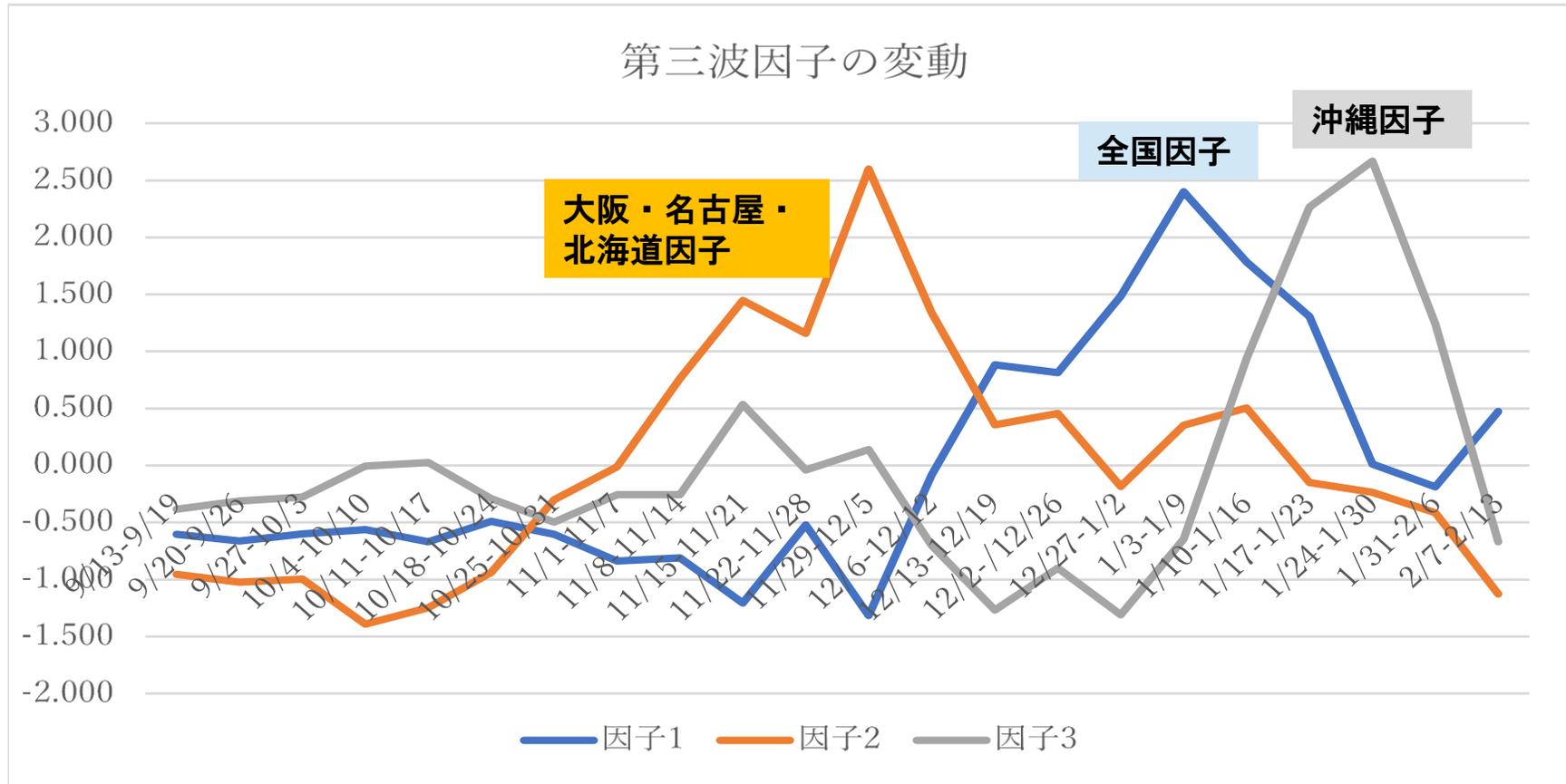
因子番号	固有値	寄与率	累積寄与率
1	10.22	0.852	0.852
2	1.15	0.096	0.947
3	0.39	0.033	0.980

2. 因子負荷量

都道府県	因子 1	因子 2	因子 3
(寄与率)	(0.852)	(0.096)	(0.033)
北海道	0.085	0.929	0.133
埼玉県	0.803	0.250	0.505
千葉県	0.807	0.157	0.561
東京都	0.887	0.274	0.334
神奈川県	0.870	0.237	0.399
愛知県	0.735	0.660	0.138
京都府	0.877	0.245	0.359
大阪府	0.630	0.683	0.351
兵庫県	0.775	0.509	0.362
福岡県	0.918	0.171	0.357
沖縄県	0.514	0.301	0.756
その他の県	0.859	0.436	0.209

3. 各因子の動き（第三波）

(グラフ17) 第三波の因子の変動



(4)第三波の因子の背景（推測）

1. 三大都市圏主要駅の利用状況

（表 1 5）三大都市圏主要駅の利用状況

首都圏		大阪圏		名古屋圏	
駅	指数	駅	指数	駅	指数
東京駅（JR）	51	大阪駅（JR）	70	名古屋駅（市交）	73
日本橋駅（メトロ）	57	梅田駅（メトロ）	72	栄駅（市交）	74
大手町駅（都交）	57	京都駅（市交）	69	金山駅（名鉄）	77
横浜駅（市交）	59	三宮駅（市交）	76		

（出典）国土交通省鉄道局公表資料

- 本年9月第一週の利用者を、昨年同時期を100として指数化したもの。
名古屋圏・大阪圏では、首都圏と比較して、人出が多い。

2. 首都圏・大阪圏の大型連休期間の都府県外への移動

(表 1 6) 首都圏・大阪圏から居住地外への平均移動人口の指数 (%)

連休期間	首都圏	大阪圏
GW (4/25-5/6)	23.5	22.0
お盆 (8/8-8/26)	55.9	62.8
SW (9/19-9/22)	92.3	111.8

(出典) (株) Agoop によるデータ提供

- 今週の連休（GW、お盆、SW）の、首都圏（東京・神奈川・千葉・埼玉）と、大阪圏（大阪、京都、兵庫）から他地域への移動平均人口を、昨年の平均と比較して指数化したもの（(株) Agoopが提供）。
- 感染拡大第一波の記憶が遠のくとともに、徐々に人出が増加。
- 時間の経過とともに、大阪圏が顕著。

3. 国内定期航空路線（主要幹線）月次旅客数（対前年同月比）

（表 1 7）国内定期航空路線（幹線）月次旅客数の対前年同月比推移

	前年同月比（％）				
	7月	8月	9月	10月	11月
東京－新千歳	31.4	31.6	40.6	55.4	49.5
東京－大阪	37.1	33.3	45.5	61.3	66.9
東京－福岡	32.7	30.1	36.8	51.9	57.7
東京－沖縄（那覇）	41.8	28.4	35.7	51.9	63.0
大阪－新千歳	39.2	40.5	55.3	77.1	71.4
大阪－福岡	42.5	49.2	63.0	77.3	89.5
大阪－沖縄（那覇）	57.6	26.9	40.1	59.2	73.5
福岡－新千歳	28.0	42.1	45.6	65.2	58.4
福岡－沖縄（那覇）	51.1	23.1	38.6	52.6	63.1
新千歳－沖縄（那覇）	0.0	20.1	0.0	20.7	77.8

（出典）国土交通省交通統計調査室公表資料より

- 9月頃から、特に大阪が起点・到着点の航空客が増加。
北海道（新千歳）、沖縄（那覇）への移動も増加。

1. 5 新型コロナの終息に向けて

■ 感染症モデル (SIRモデル) に戻ると、感染力保有者 ($y(t)$) を減らすには、

$$\frac{dy}{dt} = \beta\theta \cdot \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{xy} \cdot xy - (\gamma_1 + (\gamma - \gamma_1))y$$

入り口を減少させ、

$$\beta\theta \cdot \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{xy} \cdot xy = \beta(1 - \theta)\Pi \cdot xy$$

$$x(t) = \theta x(t) + (1 - \theta)x(t) \quad \Pi = \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{xy}$$

出口を増やすこと

$$-(\gamma_1 + (\gamma - \gamma_1))y$$

$\theta \rightarrow$ 大 : 在宅、自粛
 $\beta \rightarrow$ 小 : 手洗い、マスク
3密回避等
 $\Pi \rightarrow$ 小 : コロニー分散
(=クラスター潰し)

$\gamma \rightarrow$ 大 : ワクチン接種
 $\gamma_1 \rightarrow$ 大 : PCR検査拡大

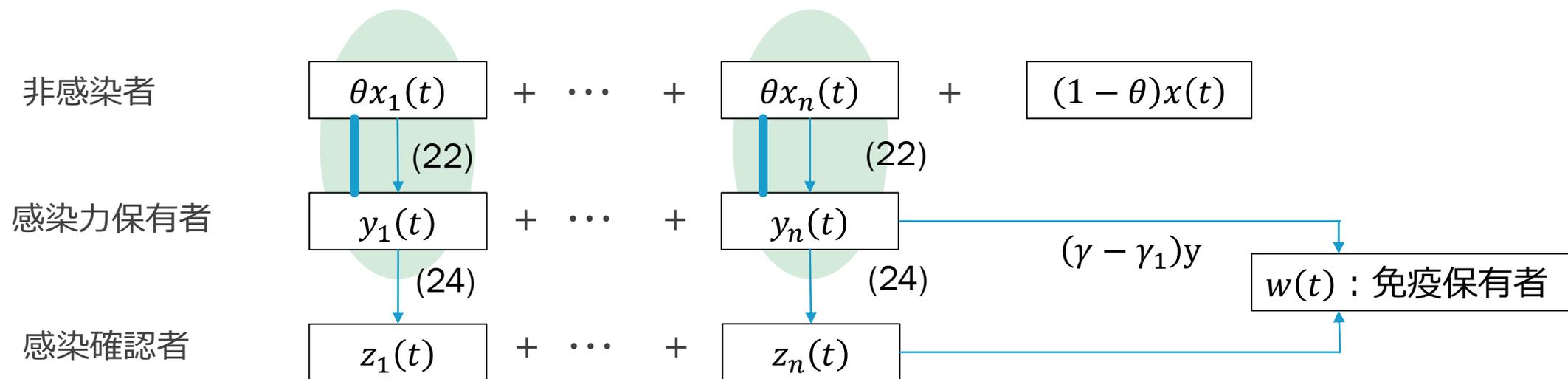
<参考：修正SIRモデル> (再掲)

$$\frac{dx_i}{dt} = -\beta\theta x_i y_i \quad (22)$$

$$\frac{dy_i}{dt} = \beta\theta x_i y_i - \gamma y_i = \beta\theta y_i (x_i - \rho), \quad \rho = \frac{\gamma}{\beta\theta} \quad (23)$$

$$\frac{dz_i}{dt} = \gamma_1 y_i \quad (24)$$

$$\sum_{i=1}^n x_i(t) + \sum_{i=1}^n y_i(t) + \sum_{i=1}^n z_i(t) + w(t) = N \quad (25)$$



【参考文献】

- [1] 稲葉 寿 (2001) 「人口と伝染病の数理」、数理解析研究所講究録、1083巻、75-104
- [2] 佐藤總夫 (1987) 「自然の数理と社会の数理 – 微分方程式で解析する」、日本評論社
- [3] 高橋陽一郎 (1996) 「力学と微分方程式」、岩波講座現代数学への入門 7
- [4] 高木貞治 (1971) 「解析概論 (改訂第3版)」、岩波書店
- [5] 日本数学会 (1985) 「岩波数学辞典 (第3版)」、岩波書店
- [6] ジャレド・ダイヤモンド (2019) 「銃・病原菌・鉄」(上・下)、倉骨彰訳、草思社文庫
- [7] ジャレド・ダイヤモンド (2019) 「文明崩壊」(上・下)、楡井浩一訳、草思社文庫

-
- [8] Embrechts, P. et al (1997) "Modelling Extremal Events", Springer
- [9] Kendall, D.G. (1956) "Deterministic and Stochastic Epidemics in Closed Population",
Proceedings of the Third Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, vol.IV
- [10] Kermack, W.O. and MacKendrick, A.G. (1927) "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics"
Proceedings of Royal Society of London
- [11] Herffernan, J.M.et al (2005) "Perspectives on the basic reproductive ratio", Journal of The Royal
Society Interface, Oct.2005
- [12] Hethcote, H.W. (1989) "Three basic epidemiological models", Applied Mathematical Ecology,
Springer-Verlag, pp.119-144
- [13] Hethcote, H.W. (2000) "The Mathematics of Infectious Diseases", SIAM Review, Vol.42, No.4,
pp599-653