個体数の変動に関する数理モデル

石渡　恵美子（理学部第一部応用数学科）

「応用」という言葉がつくと，難しそうに思われるかもしれません．高校の演習問題は応用のほうが難しいし，筆者も昔はそう思いました．でも,「応用数学」と聞いたときは難しさよりも，色々な方向に拡がる“ 自由さ”に魅力を感じました．応用数学は，様々な分野と数学を結びつける幅広い学問領域です．今は別の分野から新しい数学の領域が生まれたり，数学を応用できる範囲は自然科学や工学以外にも拡がっており，ますます重要な役割を担うことになりそうです．

1　個体数変動に関する数理モデル

当学科の柱となる 3 分野のうち，計算数学（2023 年度より数理モデリング）分野に関わる筆者から，大学で習う生物の個体数の変化を表す数理モデルを幾つか紹介しましょう．以下，高校生には少し難しい数式が続きますが，今は式の意味がわからなくても「数学で生物の個体数をモデル化できる」ということを感じてもらえれば幸いです．

数理モデルとは，数学によって記述されたモデルのことをいい，自然科学系に限らず，人文科学や社会科学にも広く用いられています．分野によって数理モデルの捉え方が異なることがありますが，時間変化する現象の主な動きを模倣して，微分方程式や差分方程式（漸化式）などの数式で表現する（モデリング）というのが，自然科学系ではわかりやすい解釈かもしれません．現象をモデル化し，方程式の解を解析的に求めるか，数値シミュレーションを用いることで，状況を捉えようとします．2020 年の春以降の新型コロナウィルス感染症の感染拡大により，ニュースなどで見る感染者数の推移や増減予測に関するグラフには，感染症の数理モデルに基づくものがあり，何が起きているかを多くの人が理解する助けになっています．

さて，数理モデル（微分方程式）の例として，まずは次のマルサスモデルをみてみましょう．

$$N'(t) = (a-b)N(t) \tag{1}$$

$N(t)$ を時刻 t での人口（ 1 つの生物の個体数）とし，出生率 $a(>0)$, 死亡率 $b(>0)$ に対し，人口の時間的な変化率 N' は N に比例するとします．ここで，比例定数を $r=a-b$ とおきます．初期時刻 t_0 での人口 $N(t_0)=N_0>0$ を与えると，(1) の解は指数関数を用いて $N(t)=N_0e^{(a-b)(t-t_0)}$ と表され，グラフに描くことで時間経過に伴う人口の変動を具体的に見ることができます．ここで，$r=a-b>0$（出生率が死亡率を上回る）とすると，$N(t)$ は指数的に増大し，無限に増え続けて発散してしまうので，このままでは現実的なモデルとは言いづらいですね．そこで，増加を抑制する項を加えて改良されたのが次のロジスティック方程式です．

$$N'(t) = rN(t)(1-\frac{N(t)}{K}) \tag{2}$$

(1) の増大の場合を想定し，$r(>0)$ を増加率とします．簡単のために初期時刻 $t_0=0$ とすると，初期条件 $N(0)=N_0>0$ に対する解は $N(t)=N_0Ke^{rt}/(K+N_0(e^{rt}-1))$ と表され，時間が経つと人口は一定の値 $K>0$（環境収容力）に近づきます．(1) よりは自然な変化と考えられます．

また，個体の成長時間などを考え，後述の図 1 (左) のように人口が一定の値にならず振動する状況を表現する，時間遅れ $\tau(>0)$ を含む方程式も考えられています．ここでは式を挙げただけなので，方程式の性質やコンピュータによる近似計算（数値計算）の方法は大学で学習しましょう．

$$N'(t) = rN(t)(1-\frac{N(t-\tau)}{K}) \tag{3}$$

上記は単体の生物ですが，複数種の相互関係を表した数理モデルとして，ロトカ・ボルテラ方程式が有名です．以下は 2 種の生物の被食-捕食の関係（例えば，小魚とサメ）を表した例です．

$$\begin{cases} N_1'(t) = N_1(t)(a - bN_2(t)), \\ N_2'(t) = N_2(t)(cN_1(t) - d). \end{cases} \tag{4}$$

a, b, c, d は正の定数とします．捕食する生物（サメ）の個体数 N_2 が増えると，餌となる小魚の個体数 N_1 が減少します．これにより，N_2 が減り，餌の N_1 が増加していく，といった周期的な動きが見られます（図 1：中，矢印は時間が進む方向）．単純なようでも，大まかに被食-捕食による状況変化を捉えることができます．このモデルをさらに多種の生物の連鎖的な被捕食関係へと拡張し，特有の離散化によって差分方程式（漸化式）を導出すると，ある種の帯行列の固有値の数値計算アルゴリズムへと結びつきます [1]．行列の固有値は 1 年生の線形代数で勉強しますが，実は自然科学や工学，統計など様々な分野に現れる重要な値で，行列の形式によっては固有値の計算手法を見出すことが研究対象になるのです．[1] は珍しい事例ですが，異分野の問題が結びついて新たな研究に発展することもあり，応用数学の面白さの 1 つと思います．

2 感染症の数理モデル

昨今の新型コロナウィルス感染症の世界的大流行により，感染症の数理モデルにも注目が集まっています．感染症による人口の推移を表すモデルとして，以下の SIR モデル（Kermack と McKendrick により提案されたモデルの 1 つ）が知られています．

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t), \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ R'(t) = \gamma I(t). \end{cases} \tag{5}$$

このモデルは全人口を 3 つのグループに分け，時刻 t において，$S(t)$ は感染症にかかっておらず免疫を持たない人の数（感受性個体数），$I(t)$ は感染症にかかった人の数（感染個体数），$R(t)$ は感染症から回復して免疫を獲得した人の数（回復個体数）とします．S', I', R' はそれぞれ S, I, R の時間的な変化率を表します．定数 $\beta > 0$ は感染伝達係数と呼ばれ，感受性個体と感染個体の接触項 $S(t)I(t)$ に比例して，1 日あたりに生み出される新規感染個体数を決める定数で，回復率 $\gamma > 0$ は 1 日あたりに感染個体が回復する割合を表します．例えば，t の単位を 1 日とし，外部からの人口流入や出生・死亡などの人口増減がなく，全人口 $S(t) + I(t) + R(t)$ は t によらない定数とします．第 1 式から，1 日あたりの感受性個体数は $\beta S(t)I(t)$ だけ減り，第 2 式の右辺へと推移します．1 日あたりの感染個体数 $I(t)$ の増分は，$\beta S(t)I(t)$ と感染症から回復する人の数 $\gamma I(t)$ の差で，$\gamma I(t)$ だけ第 3 式の右辺へと推移します．β と γ，初期時刻 t_0 での $S(t), I(t), R(t)$ の値が与えられれば，その後の感染症流行の様子をモデル (5) のシミュレーションにより，簡易的に調べられます．

学内の教養雑誌に共同で寄稿した記事 [2] に沿って，時間発展に伴う感染個体数 $I(t)$ の増減について，少し考察してみましょう．(5) の第 2 式を $I'(t) = (\beta S(t) - \gamma)I(t)$ と変形すると，$\beta S(t) - \gamma > 0$ のとき $I(t)$ は増え，$\beta S(t) - \gamma < 0$ のとき $I(t)$ は減ることがわかります．例えば，初期時刻 t_0 で $S(t_0) = S_0 > 0$, $I(t_0) = I_0 > 0$, $R(t_0) = 0$ とすると，$\frac{\beta S_0}{\gamma} > 1$ のとき $I(t)$ は増え，$\frac{\beta S_0}{\gamma} < 1$ のとき $I(t)$ は減ります．$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma}$ とおくと，$I(t)$ は次の 2 通りの状況が考えられます（図 1：右）．

i) $\mathcal{R}_0 < 1$ のとき, $I(t)$ は単調に減少しながら 0 に収束し，流行は終息する．

ii) $\mathcal{R}_0 > 1$ のとき，$I(t)$ は単調に増加し，感染爆発を起こしながら，ある時刻でピークを迎える．その後，$I(t)$ は単調に減少しながら 0 に収束し，流行は終息する．

βS_0 は流行初期に 1 人の感染個体が 1 日あたりに感染症をうつす人数，$1/\gamma$ は平均の感染日数とすると，閾値 $\mathcal{R}_0$ は，全員が感受性を持つ流行初期に，1 人の感染個体が生み出す二次感染個体数となる重要なパラメータで「基本再生産数」と呼ばれています．流行が終息するには $\mathcal{R}_0$ を 1 より小さくしたいのです．ものすごく大雑把に，コロナ禍で取り組んでいることと閾値 $\mathcal{R}_0$ との関係をみてみると，マスク装着や外出自粛で感染確率の影響を下げる（β を下げる），特効薬などで回復を早めて感染日数を短くする（γ を上げる），ワクチン接種で免疫を獲得し，感染者と接触する未感染者数を減らす（S_0 を減らす），のように考えることができます．特効薬やワクチンがなければ，このモデルでは β を下げるしかなく，マスク装着や外出自粛などが必要とされます．

ここ 2 年のニュースでは「実効再生産数」（何らかの介入行為がある場合の感染者の再生産数の総称）をよく耳にしますね．新型コロナウィルス感染症では時間依存モデルにおける日々の再生産数として知られています．基本的なモデル (5) には含まれていなかった個体の出生・死亡，潜伏期間，ワクチン投与の影響，再感染の可能性，年齢構造などを考慮した数理モデルが数多く定式化されています．新型コロナウィルス感染症については特に，専門家による数理モデルに基づいた検証が [3] で特集として組まれており，2020 年以降，感染症の数理モデルに関する論文が非常に多く出版されています．数学が現実問題に活用されているとわかる事例だと思います．

3 まとめ

以上，個体数の変動を表す数理モデル（常微分方程式）を挙げましたが，流体力学などの偏微分方程式や，高校でも習うフィボナッチ数列（漸化式），ライフゲームや渋滞の様子を表すセルオートマトンのような離散モデルまで，数理モデルは千差万別です．微分方程式を解析的に解ければ，解（関数）の振る舞いをみて現象を把握できますが，実際には解が求まらない問題が多く，別の解析的手法や近似的な数値計算によって状況を理解しようとします．数値計算による誤差を評価し，離散化や計算手法の改良に関わるのが数値解析です．筆者の研究室は数値解析を軸に，最近では，RS ウイルス感染症などの実際の流行に興味を持った学生が，卒業研究で数値計算を活用し，解析に詳しい先生の助言も受けて，数理モデルの改良や難解な解析に挑戦したりしています．現実の状況と見比べながら，学生は数学が重要だと改めて実感するようです．

数理モデルを起点として，状況を理解・予測・改善するための理論やシミュレーションに関する研究は応用数学の重要なテーマの 1 つです．少しでも興味を持っていただけたら幸いです．

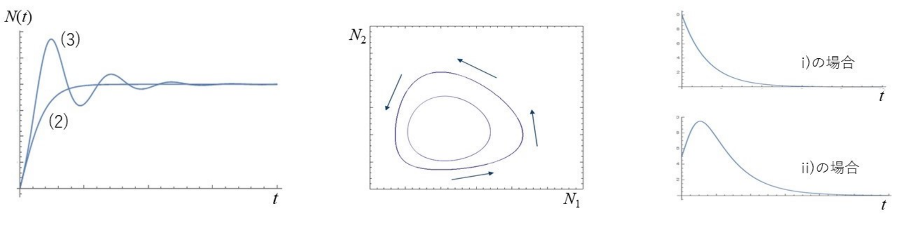

図 1: 左：(2) と (3) の $N(t)$，中：(4) の N_1 と N_2 の相関，右：(5) の $I(t)$（時間経過の例）

参考文献

[1] 福田亜希子, 岩崎雅史, 山本有作, 石渡恵美子, 中村佳正, ハングリー型の離散可積分系と非対称行列の固有値計算 －可積分アルゴリズムにおける最近の発展－, 日本応用数理学会論文誌 23 巻, p.109-181, 2013.

[2] 江夏洋一, 加藤圭一, 牛島健夫, 石渡恵美子, 感染症の数理 －流行現象の理解に向けて－, 東京理科大学 科学教養誌「理大科学フォーラム」 422 号（2021 年 4 月号）, p.6-9.

[3] 西浦博, 稲葉寿, 國谷紀良 他, 「特集：新型コロナウイルスと闘うために数学にできること」, 数学セミナー 2020 年 9 月号, Vol.59 no.9 707, 日本評論社.