

2021年7月8日(木) 全学講義「感染症と免疫」

データ科学を駆使した新型コロナウイルス感染症対策

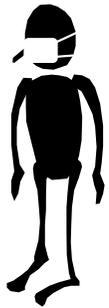
北海道大学人獣共通感染症国際共同研究所

バイオインフォマティクス部門

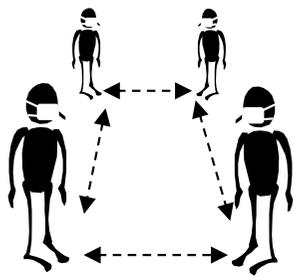
伊藤公人

感染症から身を守るための武器

マスク



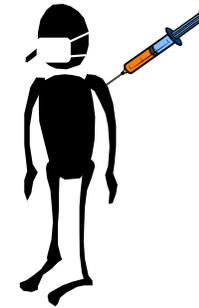
距離



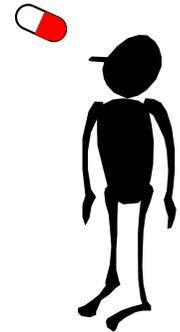
消毒



ワクチン

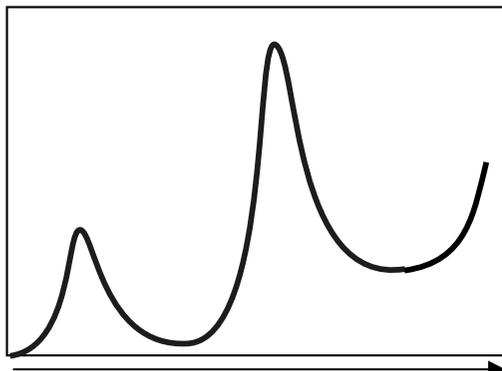


治療薬



情報

新規感染者数



時刻



数式

$$q_{A_i}(t) = \frac{\sum_{j=1}^l g(j) (1 + s_i) q_{A_i}(t - j)}{1 + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l s_i g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

$$\lambda(a, t) = \int_0^{\infty} \beta(a, a') Y(a', t) da'$$

博士(工学) 伊藤公人



[~1999年]

北海道大学工学研究科(山本章博先生)
データから規則性を発見する技術

[~2005年]

北海道大学知識メディアラボラトリー(田中譲先生)
Web上のデータやツールの連携手法の研究

[~現在]

北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター
ウイルスの変異と流行の予測

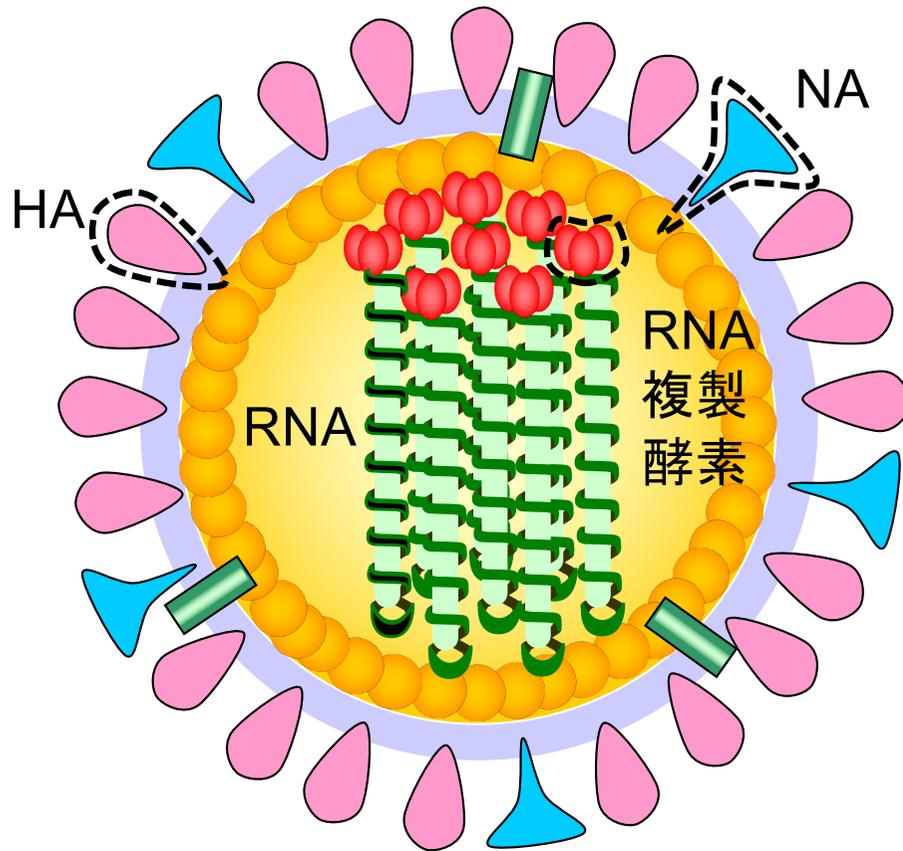
本日の講義内容

1. ウイルスとその進化
2. 感染症のビッグデータ解析
3. デルタ株の流行予測

RNAウイルスの構造

(A型インフルエンザウイルス)

粒子表面のHAタンパクとNAタンパク:
主要抗原(抗体のターゲット)



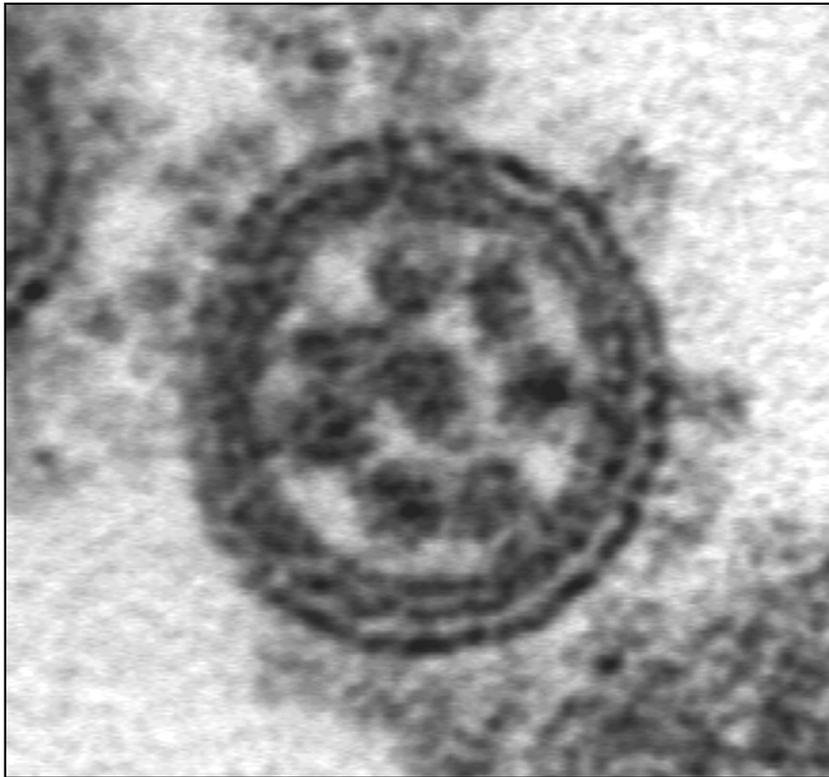
粒子内部にRNA遺伝子がある



[Noda T., *Nature* (2006)]

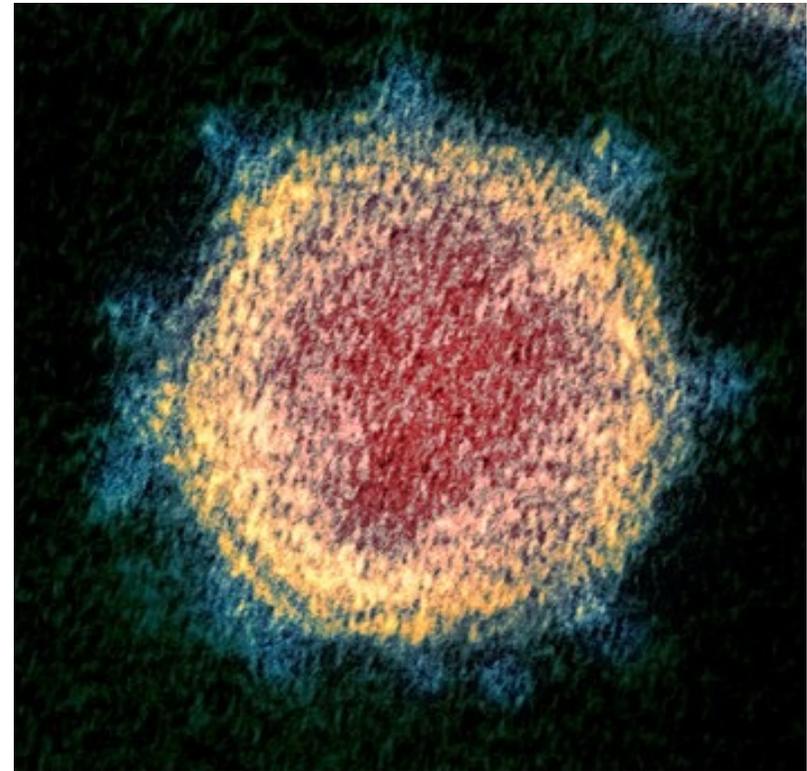
電子顕微鏡写真

インフルエンザウイルス



Noda et al, Nature (2006)

SARS-CoV-2



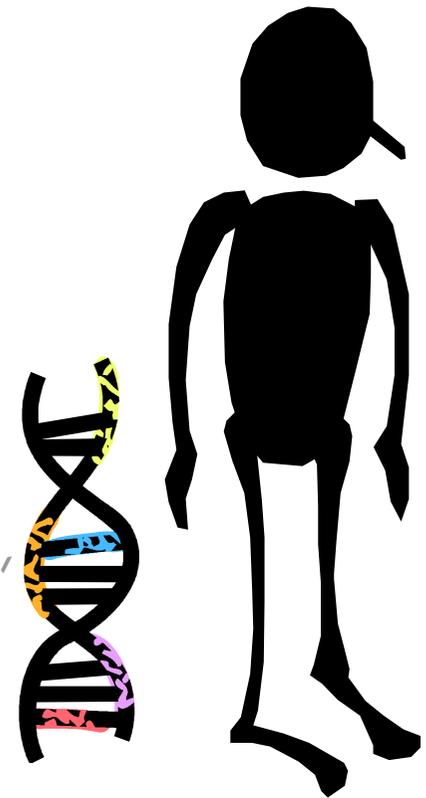
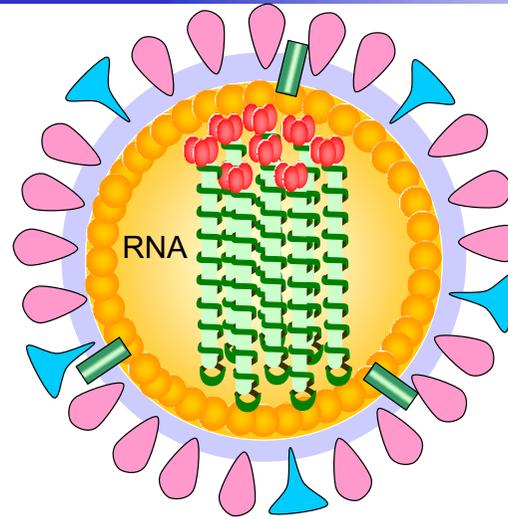
NIAID-RML

ウイルスの遺伝子の例

Segment	Length (nucleotides)	Encoded Protein	Length (polypeptide)
1	2,313	PB2	759
2	2,341	PB1	757
3	2,209	PA	716
4	1,736	HA	566
5	1,520	NP	498
6	1,467	NA	469
7	1,002	M1 M2	252 97
8	890	NS1 NS2	230 121

インフルエンザウイルス
13,000塩基=13KB

400字詰原稿用紙で32枚

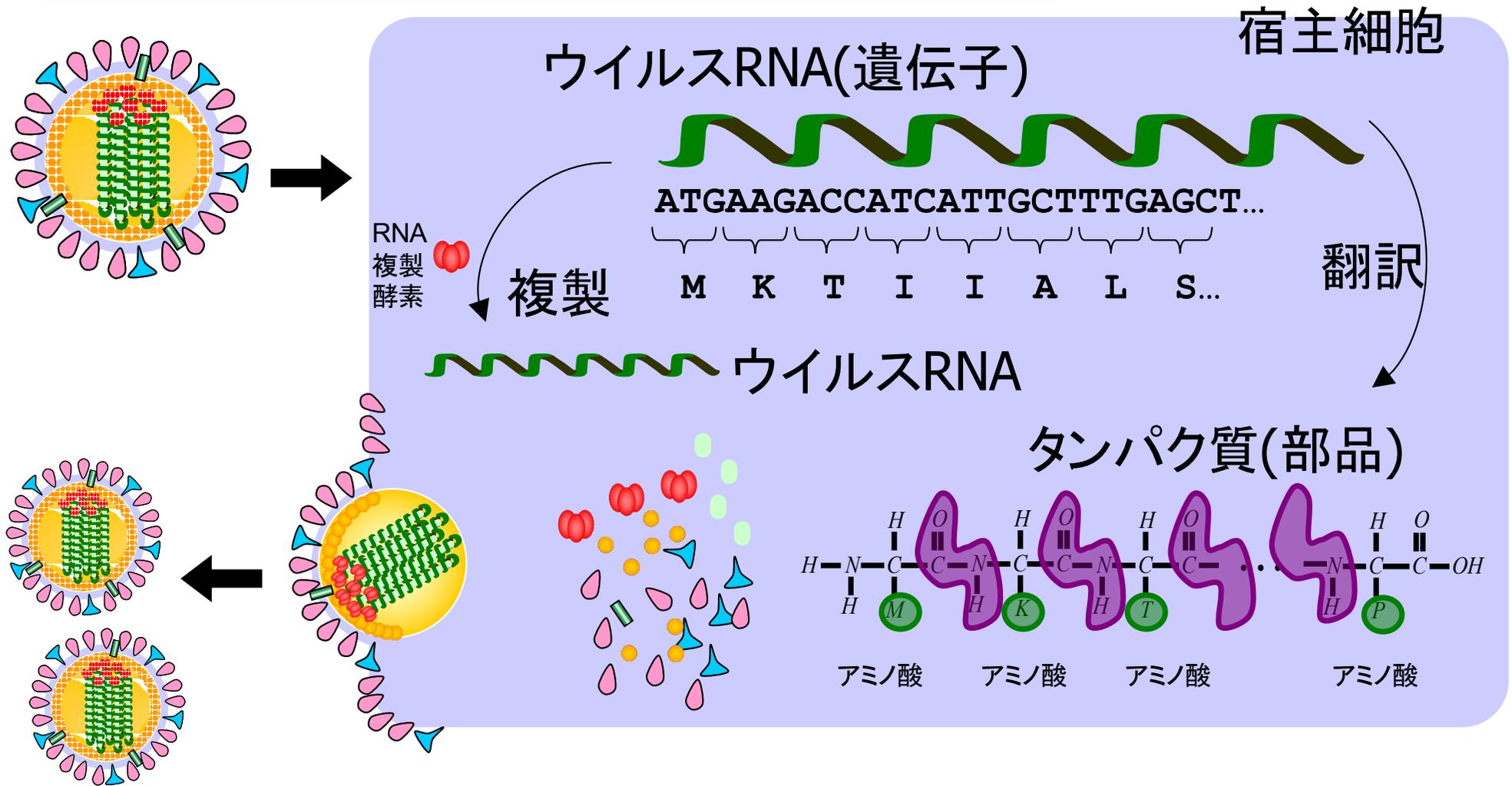


ヒトゲノム

3,000,000,000塩基=3GB

DVDで1枚

RNAウイルスの複製



- RNA(遺伝子)は、タンパク質の設計図

チェーンメール

「幸福の手紙」

WITH LOVE ALL THINGS ARE POSSIBLE

This paper has been sent to you for good luck. The original copy is in New England. It has been around the world nine times. The luck has now been sent to you. You will receive good luck within four days of receiving this letter, providing, you in turn send it on. This is no joke. You will receive it in the mail. Send copies to people you think need good luck. Don't send money as fate has no price. Do not keep this letter. It must leave your hands within 96 hours. An RAF officer received \$70,000. Joe Elliot received \$40,000 and lost it because he broke the chain. While in the Philippines, Gene Walsh lost his wife six days after receiving the letter. He failed to circulate the letter. However, before her death he received \$7,755,000. Please send 20 copies of the letter and see what happens in four days. The chain comes from Venezuela and was written by Saul Anthony Decroup, a missionary from South America. Since the copy must make a tour around the world, you must make 20 copies and send them to friends and associates. After a few days you will get a surprise. This is true even if you aren't superstitious. Do note the following: Constantion Dias received the chain in 1953. He asked his secretary to make 20 copies and send them out. A few days later he won the lottery of two million dollars. Carle Dadditt, an office employee, received the letter and forgot it had to leave his hands within 96 hours. He lost his job. Later, after finding the letter again, he mailed out the 20 copies. A few days later he got a better job. Dalan Fairchild received the letter and not believing, threw the letter away. Nine days later he died. Remember, send no money, and please don't ignore this.

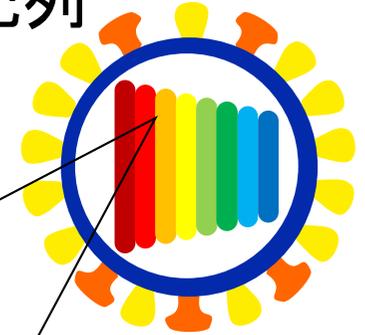
IT WORKS

- 受信者に手紙のコピーを作るよう指示している。
- 写し手が文言・言い回しを変え、手紙が効果的な「ころし文句」を獲得することがある。
- 手紙の内容がチェーンメールだと世の中に認識されると、流通量は激減する。

1968年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの遺伝子

1968年の株: A/Aichi/2/1968(H3N2) HAの遺伝子配列

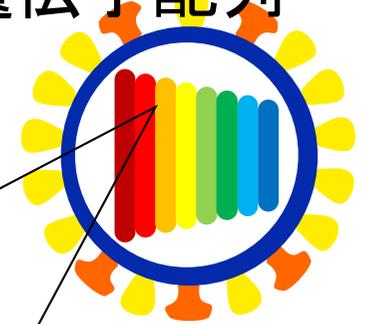
```
ATGAAGACCATCATTGCTTTGAGCTACATTTTCTGTCTGGCTCTCGGCCAAGACCTTCCAGGAAATGACA
ACAGCACAGCAACGCTGTGCCTGGGACATCATGCGGTGCCAAACGGAACACTAGTGAAAACAATCACAGA
TGATCAGATTGAAGTGACTAATGCTACTGAGCTAGTTCAGAGCTCCTCAACGGGGAAAATATGCAACAAT
CCTCATCGAATCCTTGATGGAATAGACTGCACACTGATAGATGCTCTATTGGGGGACCCTCATTGTGATG
TTTTTCAAATGAGACATGGGACCTTTTCGTTGAACGCAGCAAAGCTTTCAGCAACTGTTACCCTTATGA
TGTGCCAGATTATGCCTCCCTTAGGTCACTAGTTGCCTCGTCAGGCACTCTGGAGTTTATCACTGAGGGT
TTCACTTGGACTGGGGTCACTCAGAATGGGGGAAGCAATGCTTGCAAAGGGGACCTGGTAGCGGTTTTT
TCAGTAGACTGAACTGGTTGACCAAATCAGGAAGCACATATCCAGTGCTGAACGTGACTATGCCAAACAA
TGACAATTTTGACAACTATACATTTGGGGGATTCACCACCCGAGCACGAACCAAGAACAACCAGCCTG
TATGTTCAAGCATCAGGGAGAGTCACAGTCTCTACCAGGAGAAGCCAGCAAACATAATCCCGAATATCG
GGTCCAGACCCTGGGTAAGGGGTCTGTCTAGTAGAATAAGCATCTATTGGACAATAGTTAAGCCGGGAGA
CGTACTGGTAATTAATAGTAATGGGAACCTAATCGCTCCTCGGGGTTATTTCAAATGCGCACTGGGAAA
AGCTCAATAATGAGGTCAGATGCACCTATTGATACCTGTATTTCTGAATGCATCACTCCAAATGGAAGCA
TTCCCAATGACAAGCCCTTTCAAACGTAACAAGATCACATATGGAGCATGCCCAAGTATGTTAAGCA
AAACACCCTGAAGTTGGCAACAGGGATGCGGAATGTACCAGAGAAACAACACTAGAGGCCTATTCGGCGCA
ATAGCAGGTTTCATAGAAAATGGTTGGGAGGGAATGATAGACGGTTGGTACGGTTTCAGGCATCAAATTT
CTGAGGGCACAGGACAAGCAGCAGATCTTAAAAGCACTCAAGCAGCCATCGACCAAATCAATGGGAAATT
GAACAGGGTAATCGAGAAGACGAACGAGAAATTCCATCAAATCGAAAAGGAATTCTCAGAAGTAGAAGGG
AGAATTCAGGACCTCGAGAAATACGTTGAAGACACTAAAATAGATCTCTGGTCTTACAATGCGGAGCTTC
TTGTGCTCTGGAGAATCAACATACAATTGACCTGACTGACTCGGAAATGAACAAGCTGTTTGAAAAAC
AAGGAGGCAACTGAGGGAAAATGCTGAAGAGATGGGCAATGGTTGCTTCAAATATAACCACAAATGTGAC
AACGCTTGCATAGAGTCAATCAGAAATGGTACTTATGACCATGATGTATACAGAGACGAAGCATTAAACA
ACCGGTTTCAGATCAAAGGTGTTGAACTGAAGTCTGGATACAAAGACTGGATCCTGTGGATTTCCCTTTGC
CATATCATGCTTTTTGCTTTGTGTTGTTTTGCTGGGGTTCATCATGTGGGCCTGCCAGAGAGGCAACATT
AGGTGCAACATTTGCATTTGAGTGTATTA
```



1971年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの遺伝子

1971年の株: A/Hong Kong/46/1971(H3N2)HAの遺伝子配列

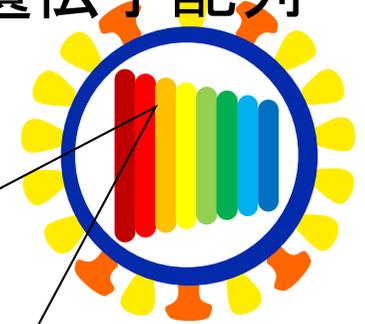
ATGAAGACCATCATTGCTTTGAGCTACATTTTCTGTCTGA^ACTCTCGGCCAAGACCTTCCAGGAAATGACA
ACAGCA^{AG}GCAACGCTGTGCCTGGGACATCATGCGGTGCCAAACGGAACACTAGTGAAAACAATCACAGA
TGATCAGA^CTGAAGTGACTAATGCTACTGAGCTAGTTCA^AAGCTCCTCAACGGGGAAAATATGCAACAAT
CCTCATCGAATCCTTGATGGAAT^GGACTGCACACTGATAGATGCTCTATTGGGGGACCCTCATTGTGATG
TTTTTCAAATGAGACATGGGACCTTTTCGTTGAACGCAGCAAAGCTTTCAGCAACTGTTACCCTTATGA
TGTGCCAGATTATGCCTCCCTTAGGTCACTAG^CTGCCTCGTCAGGCACTCTGGAGTTTATCACTGAGGGT
TTCACTTGGACTGGGGTCACTCAGAATGGGGGAAGCAATGCTTGCAAAGGGGACCTGGTAGCGGTTTTT
TCAGTAGACTGAACTGGTTGACCAAATCAGGAA^ACAC^CTATCCAGTGCTGAACGTGACTATGCCAAACAA
TGACAATTTTGACAACTATACATTTGGGG^GTTTACCACCCGAGCAC^GACCAAGAACAACCAGCCTG
TATGTTCAAGCATCAGGGAGAGTCACAGTCTCTACCAGGAGAAGCCAGCAAATATAATCCCGAATATCG
GA^TTCCAGACCCTGGGTAAGGGGTCTGTCTAGTAGAATAAGCATCTATTGGACAATAGTTAAGCCGGGAGA
CGTACT^TTGTAATTAATAGTAATGGGAACCTAATCGCTCCTCGGGGTTATTTCAAATGCGCACTGGGAAA
AGCTCAATAATGAGGTCAGATGCACCTATTGATACCTGTATTTCTGAATGCATCACTCCAAATGGAAGCA
TTCCCAATGACAA^AACCCTTTCAAAC^ATAAACAAGATCACATATGGAGCATGCCCAAGTATGTTAAGCA
AAACACCCT^AAAAGTTGGCAACAGGGATGCGGAATGTACCAGAGAAACAAC^CCAGAGGCCTATTCGGCGCA
ATAGCAGGTTTCATAGAAAATGGTTGGGAGGGAATGATAGACGGTTGGTACGGTTTCAGGCATCAAATTT
CTGAGGGCACAGGACAA^GCGGCAGATCTTAAAGCACTCAAGCAGCCATCGACCAAATCAATGGGAAATT
GAACAG^ATAATCGAGAAGACGAACGAGAAATTCCATCAAATCGAAAAGGAATTCTCAGAAGTAGAAGGG
AGAATTCAGGACCTCGAGAAATACGTTGAAGACACTAAAATAGATCT^ATGGTCTTACAATGCGGAGCTTC
TTGTGCT^ATGGAGAATCAACATACAATTGAT^TCTGACTGACTCGGAAATGAACAA^ACTGTTTGAAAAAC
AAG^AAGGCAACTGAGGGAAAATGCTGAAGACATGGGCAATGGTTGCTTCAAATATAACCACAAATGTGAC
AACGCTTGCATAGAGTCAATCAGAAATG^GACTTATGACCATGATGTATACAGAGACGAAGCATTAAACA
AC^AAGGTTTCAGATCAAAGGTGTTGAACTGAAGTCTGGATACAAAGACTGGATCCTGTGGATTTCCCTTTGC
CATATCATGCTTTTTGCTTTGTGTTGTTTTGCTGGGGTTCATCATGTGGGCCTGCCAGAGAGGCAACATT
AGGTGCAACATTTGCATTTGAGTGTA^ATA



2005年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの遺伝子

2005年の株: A/New York/191/2005(H3N2) HAの遺伝子配列

```
ATGAAGACTATCATTGCTTTGAGCTACATTCTATGTCTGGTTTCGCTCAAAAACTTCCCGGAAATGACA  
ACAGCACCGGCAACGCTGTGCCTTGGGCACCATGCAGTACCAAACGGAACGATAGTGAAAACAATCACGAA  
TGACCAAAATTGAAGTTACTAATGCTACTGAGCTGGTTCAGAGTTCCTCAACAGGTGGAATATGCGACAGT  
CCTCATCAGATCCTTGATGGAGAAAACTGCACACTAATAGATGCTCTATTGGGAGGACCCTCAGTGTGATG  
GCTTCCAAAATAAGAATGGGACCTTTTTATTGAACGCAGCAAAGCCTACAGCAACTGTTACCCTTATGA  
TGTGCCGGATTATGCCTCCCTTAGGTCACTAGTTGCCTCATCGGCACACTGGAATTTAACAATGAAAGC  
TTCAAATTGGACTGGAGTCACTCAAAATGGAACAAGCTCTGCTTGCAAAAAGGAGATCTAATAACAGTTTCT  
TTAGTAGATTTGAATTGGTTGACCCACTTAAAATTCAAATACCCAGCATTGAACGTGACTATGCCAAACAA  
TGAAAAAATTTGACAAATTGTACATTTGGGGGGTTCACCACCCGGTACGGACAATGACCAAATCAGCCTTA  
TATGCTCAAGCTTCAGGAAAGAATTCACAGTCTCTACCAAAAGAAGCCAACAAACTGTAATCCCGAATATCG  
GATCTAGACCCAGGGTAAGGGATATCCCCAGCAGAATAAGCATCTATTGGACAATAGTAAAACCGGGAGA  
CATACTTTTTGATTAACAGCACAGGGAATCTAATTGCTCCTCGGGGTTACTTCAAAAATACGAAGTGGGAAA  
AGCTCAATAATGAGATTCAGATGCACCCATTGGCAAATGCAATTCTGAATGCATCACTCCAAATGGAAGCA  
TTCCCAATGACAAACCATTTTCAAAATGTAAACAGGATCACATATGGGCCTGTCCCAGATATGTTAAGCA  
AAACACTCTGAAATTGGCAACAGGGATGCGAAATGTACCAGAGAAACAAACTAGAGGCATATTTTGGCGCA  
ATCGCGGGTTTCATAGAAAATGGTTGGGAGGGAAATGGTGGATGGTTGGTACGGTTTCAGGCATCAAAATT  
CTGAGGGAATAGGACAAGCAGCAGATCTCAAAGCACTCAAGCAGCAATCAACCAAATCAATGGGAAGCT  
GAATAGGTTGATCGGGAAACCAACGAGAAATTCCATCAGATTGAAAAGAATTCTCAGAAGTAGAAGGG  
AGAATTCAGGACCTCGAGAAATATGTTGAGGACTAAAATAGATCTCTGGTCATACACGCGGAGCTTC  
TTGTTGCCTGGAGAACCAACATACAATTGATCTAACTGACTCAGAAATGAACAAACTGTTTGAAGGAAC  
AAAGAAGCAACTGAGGGAAAATGCTGAGGATATGGGCAATGGTTGTTTCAAAATATACCACAAATGTGAC  
AATGCCTGCATAGGGTCAATCAGAAATGGAAACTTATGACCATGATGTATACAGAGATGAGGCATTGAACA  
ACCGGGTTCCCAGATCAAAGGTGTTGAGCTGAAGTCAAGGATACAAAGATTGGGATCCTATGGATTTCCTTTGC  
CATATCATGTTTTTTGCTTTGTGTTGCTTTGTTGGGGTTCATCATGTGGGCCTGCCAAAAAGGCAACATT  
AGGTGCAACATTTGCATTTGAGTGCATTA
```



一般の生物ゲノムの進化
速度は、 10^{-9} /site・year

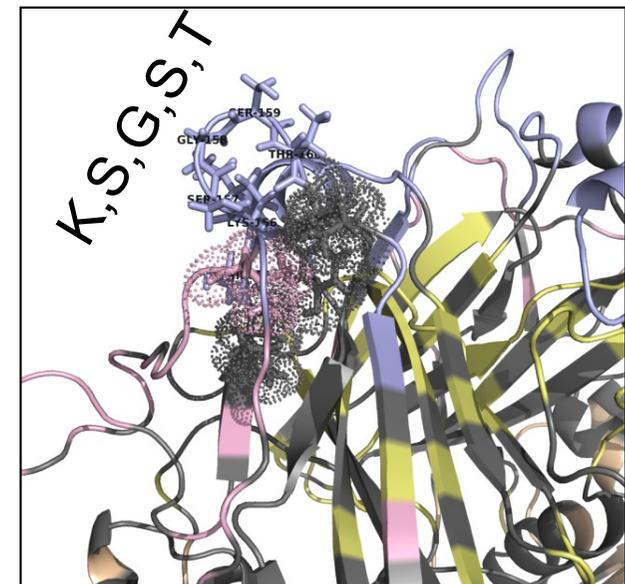
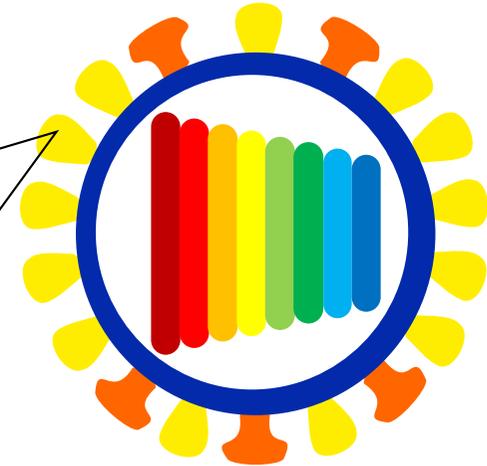
インフルエンザウイルスの
HA タンパクの進化速度は、
 10^{-3} /site・year

約百万倍も進化が速い。

1968年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの氨基酸配列

1968年の株: A/Aichi/2/1968(H3N2) HAの氨基酸配列

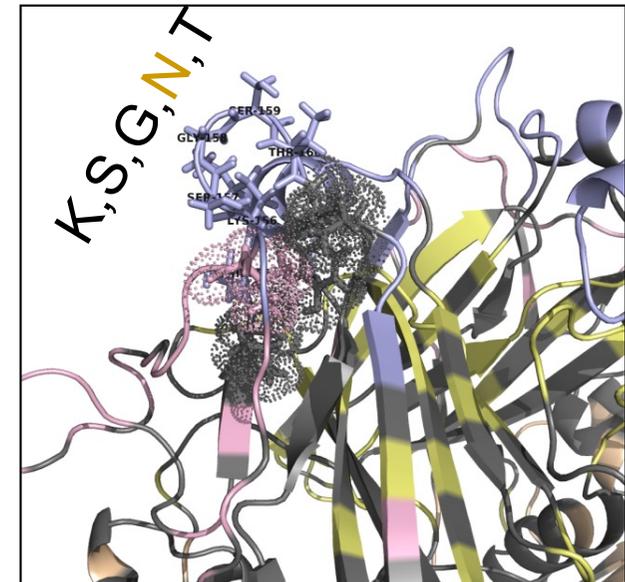
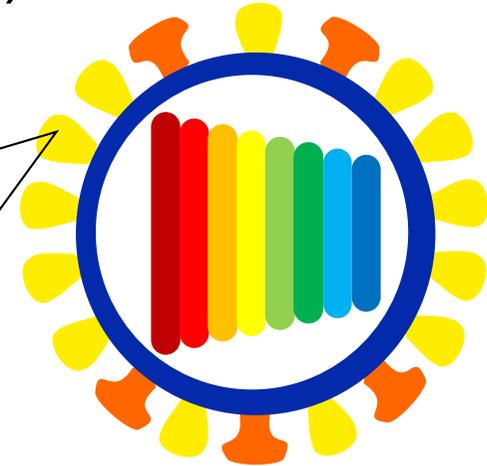
MKTIIALS^YIFCLALGQDLPGNDNSTATLCLGHHA
VPNGTLVKTITDDQIEVTNATELVQSSSTGKICNN
PHRILDGIDCTLIDALLGDPHCDVFQNETWDLFVE
RSKAFSNCYPYDVPDYASLRSLVASSGTLEFITEG
FTWTGVTQNGGSNACKRGP^GSGFFSRLNWLTKSGS
TYPVLNVTMPNNDNFDKLYIWGIHHPSTNQEQTSL
YVQASGRVTVSTRRSQQTIIIPNIGSRPWVRLSSR
ISIIYWTIVKPGDVLVINSNGNLIAPRGYFKMRTGK
SSIMRSDAPIDTCISECITPNGSIPNDKPFQNVNK
ITYGACPKYVKQNTLKLATGMRNVPEKQTRGLFGA
IAGFIENGWEGMIDGWYGFRHQNSEGTGQAADLKS
TQAAIDQINGKLN RVIEKTNEKFHQIEKEFSEVEG
RIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQHTIDL
TDSEM^NKLFEKTRRQLRENAEEMGNGCFKIYHKCD
NACIESIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQIKGVELKS
GYKDWILWISFAISCFLLCVVLLGFIMWACQRGNI
RCNICI



1971年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの amino 酸配列

1971年の株: A/Hong Kong/46/1971(H3N2)HAの amino 酸配列

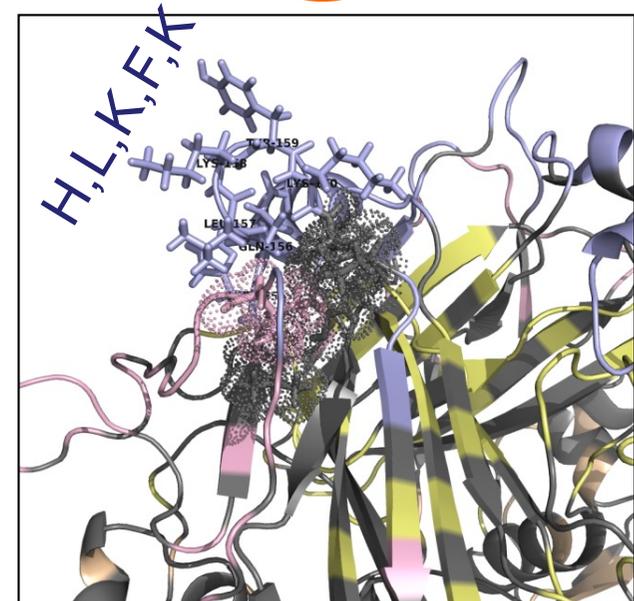
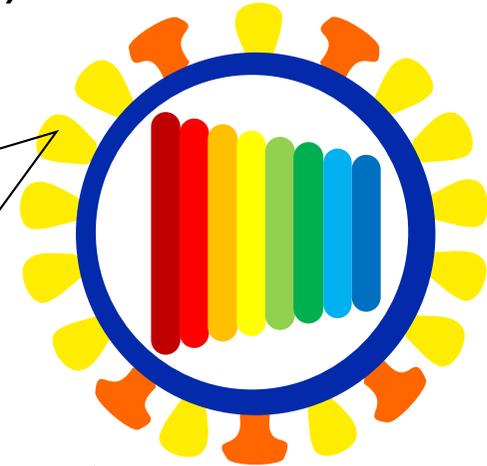
MKTIIALS^YIFCL^TLGQDLPGNDNS^KATLCLGHHA
VPNGTLVKTITDDQ^TEVTNATELVQSSSTGKICNN
PHRILDG^MDCTLI DALLGDPHCDVFQNETWDLFVE
RSKAFSNCYPYDVPDYASLRSL^AASSGTLEFITEG
FTWTGVTQNGGSNACKRGP GSGFFSRLNWLTKSG^N
TYPVLNVTMPNNDNFDKLYIWG^VHHPST^DQEQTSL
YVQASGRVTVSTRRSQQTIIIPNIGSRPWV RGLSSR
ISIIYWTIVKPGDVLVINSNGNLIAPRGYFKMRTGK
SSIMRSDAPIDTCISECITPNGSIPNDKPFQNI^NK
ITYGACPKYVKQNTLKLATGMRNVPEKQTRGLFGA
IAGFIENGWEGMIDGWYGFRHQNSEGTGQAADLKS
TQAAIDQINGKLNRI^IIEKTNEKFHQIEKEFSEVEG
RIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVAM^EENQHTIDL
TDSEMNKLF EKTRRQLRENAE^DMGNGCFKIYHKCD
NACIESIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQIKGVELKS
GYKDWILWISFAISCFLLCVVLLGFIMWACQRGNI
RCNICI



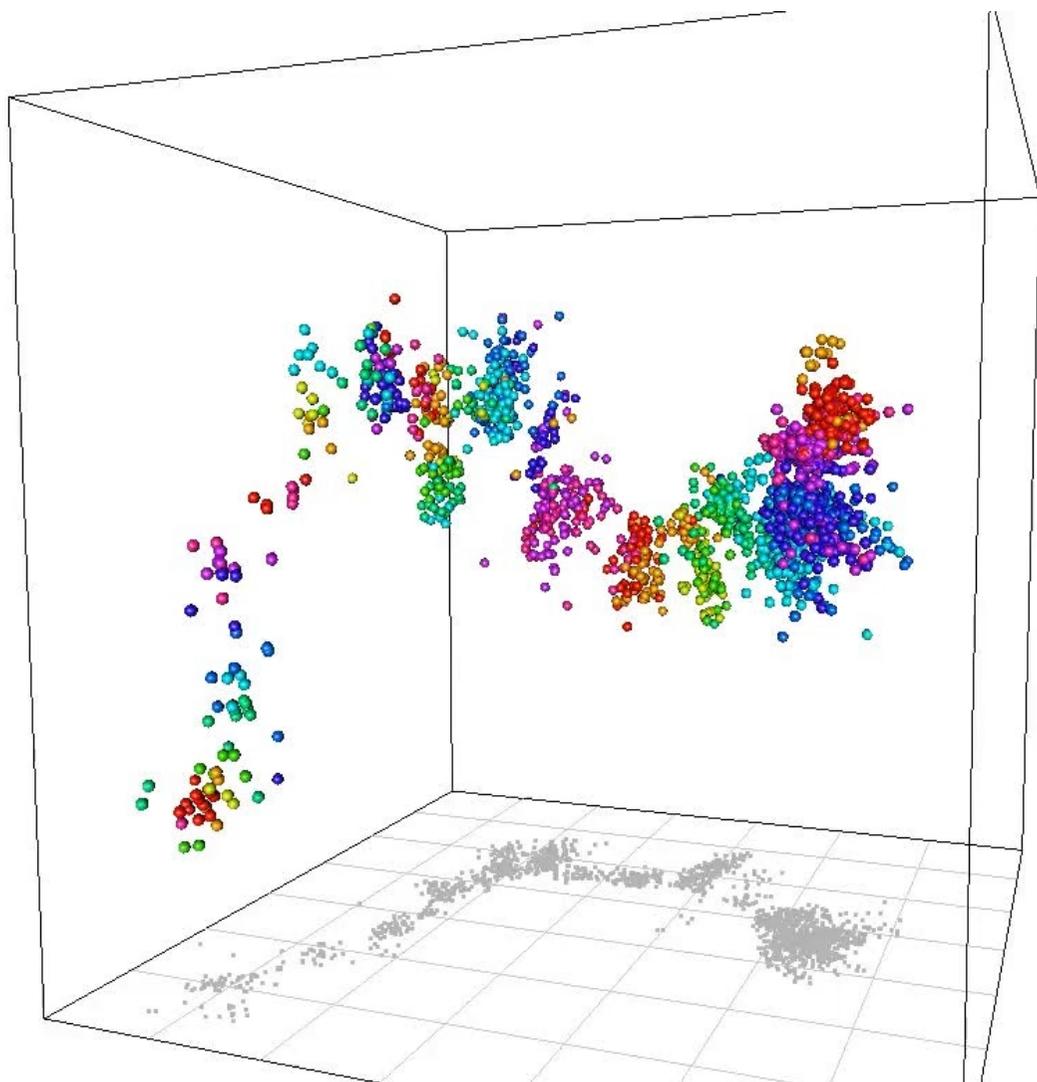
2005年のH3N2亜型の インフルエンザウイルスの amino 酸配列

2005年の株: A/New York/191/2005(H3N2) HAの amino 酸配列

```
MKTIIALSYILCLVFAQKLPGNDNSTATLCLGHHA  
VPNGTIVKTITNDQIEVTNATELVQSSSTGGICDS  
PHQIILDGENCTLIDALLGDPQCDGFQNKKWDLFIE  
RSKAYSNCYPYDVPDYASLRSLVASSGTLEFNNES  
FNWTGVTQNGTSSACKRRSNNSFFSRLNWLTHLKFE  
KYPALNVTMPNNEKFDKLYIWGVHHPGTDNDQISL  
YAQASGRITVSTKRSQQTVIPNIGSRPRVRDIPSR  
ISIYWTIVKPGDILLINSTGNLIAPRGYFKIRSGK  
SSIMRSDAPIGKCNSECITPNGSIPNDKPFQNVNR  
ITYGACPRYVKQNTLKLATGMRNVPEKQTRGIFGA  
IAGFIENGWEGMVDGWYGFRHQNSEGIGQAADLKS  
TQAAINQINGKLNRLIGKTNEKFHQIEKEFSEVEG  
RIQDLEKYVEDTKIDLWSYNAELLVALENQHTIDL  
TDSEMNKLFERTKKQLRENAEDMGNGCFKIYHKCD  
NACIGSIRNGTYDHDVYRDEALNNRFQIKGVLKS  
GYKDWILWISFAISCFLLCVALLGFIMWACQKGNI  
RCNICI
```



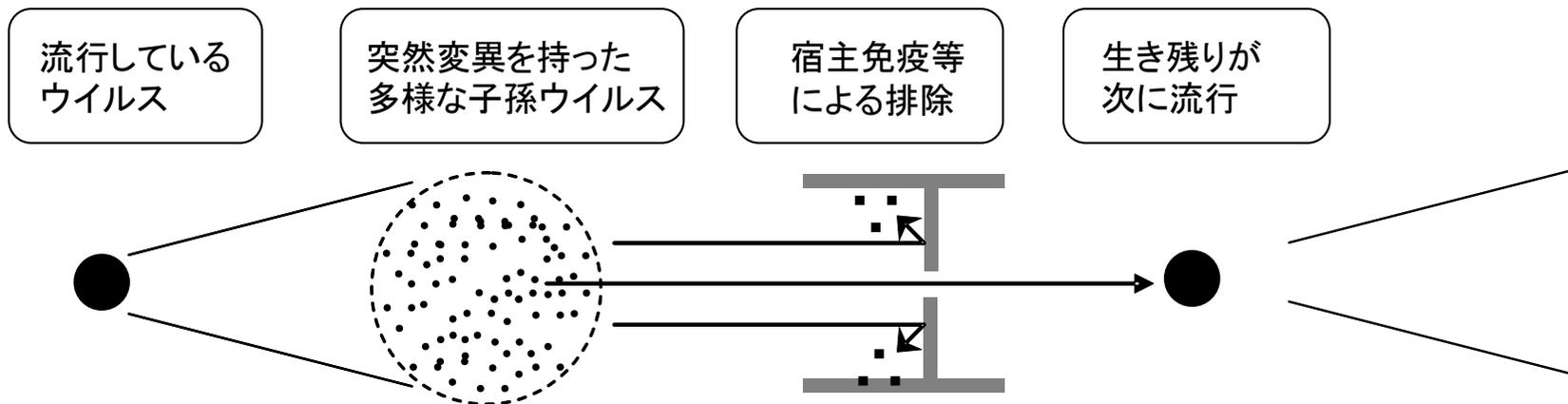
A香港型(H3N2)ウイルスの流行における HA配列の三次元空間での時間発展



各点はウイルス株を表す。
点間の相対距離は、配列間で異なるアミノ酸数を表す。

RNAウイルスの生き残り戦略

- RNAポリメラーゼ(複製酵素)が精度が低い。
 - 遺伝子のコピーミスが起こりやすい。
 - 子孫ウイルスの多様性。
 - 環境に適応したウイルスだけが生き残る。



疫学とゲノムのビッグデータ

■ インフルエンザ

- 毎週の陽性者数を発表 (WHO, 国)
- 342,148株の塩基配列を公開 (GISAID)
(内 H1N1pdm09ウイルス 62,323株)

■ COVID-19

- 毎日の陽性者数と死者数を発表 (WHO, 国)
- 2,249,234株の塩基配列を公開 (GISAID)

2021年7月8日現在

Genomic epidemiology of novel coronavirus - Global subsampling

Built with [nextstrain/ncov](#). Maintained by [the Nextstrain team](#). Enabled by data from [GISAID](#).

Showing 4049 of 4049 genomes sampled between Dec 2019 and Jul 2021.

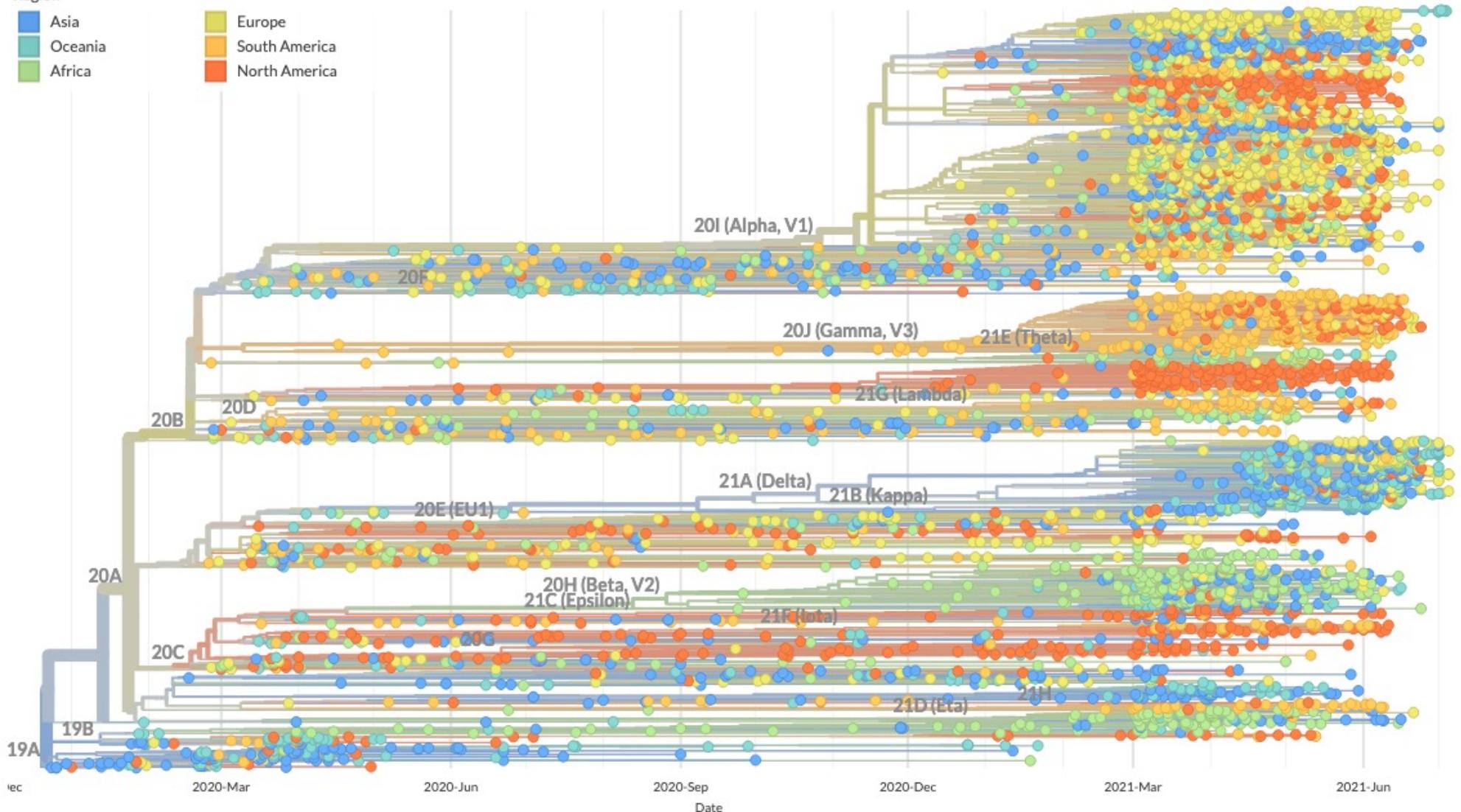
Phylogeny

Region ^

- Asia
- Oceania
- Africa
- Europe
- South America
- North America

ZOOM TO SELECTED

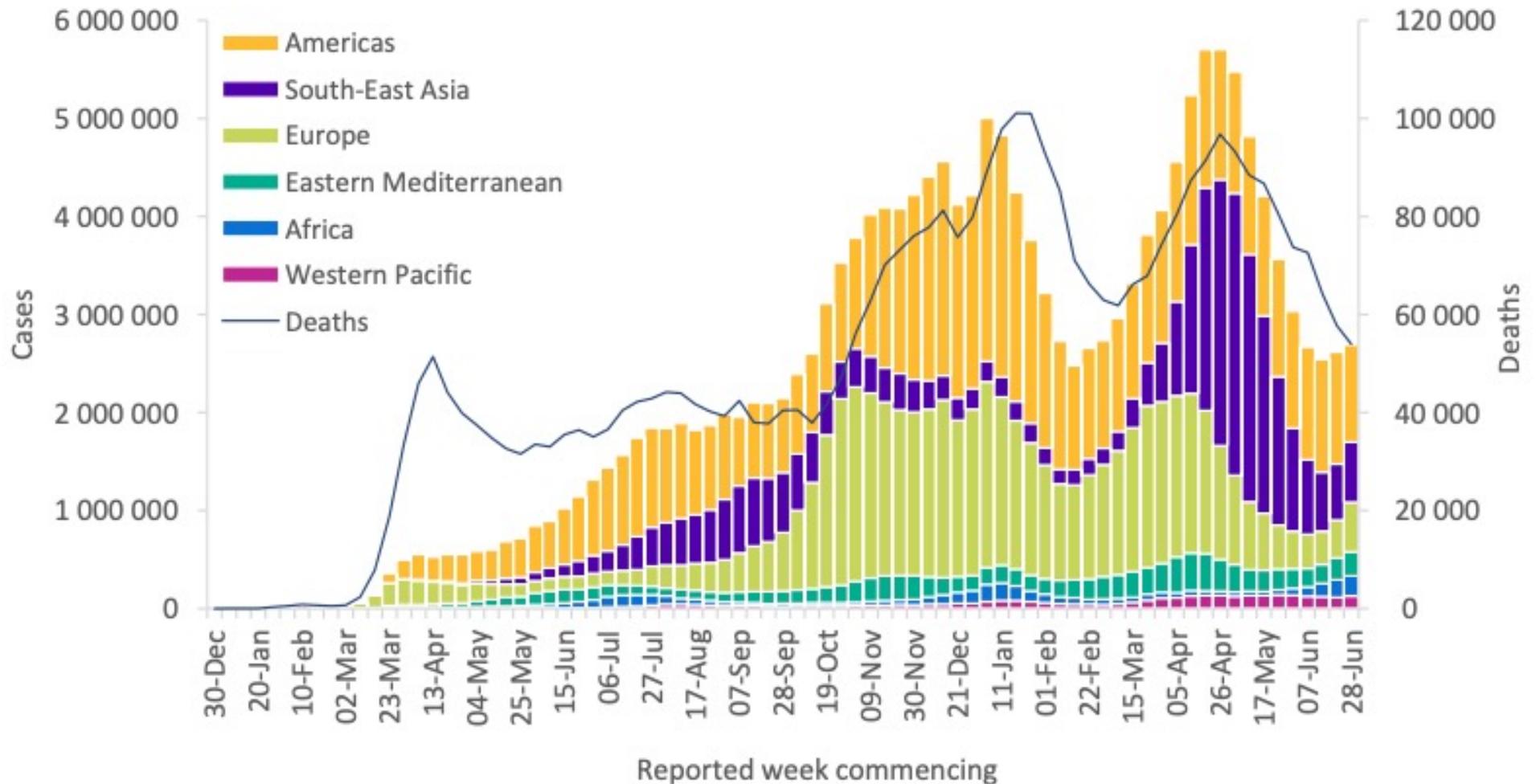
RESET LAYOUT



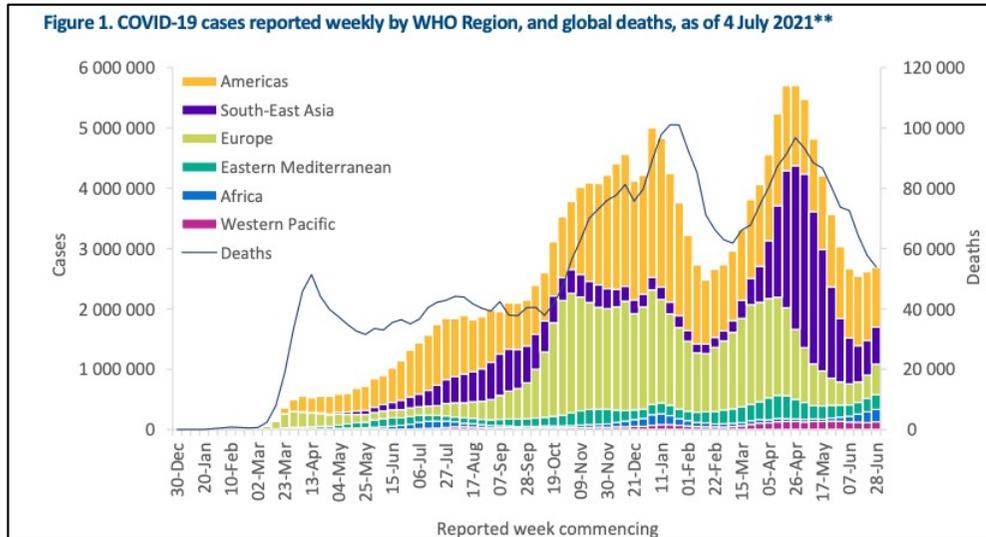
SARS-CoV-2進化のリアルタイム可視化 (<http://nextstrain.org>)

世界のCOVID-19の流行状況

Figure 1. COVID-19 cases reported weekly by WHO Region, and global deaths, as of 4 July 2021**

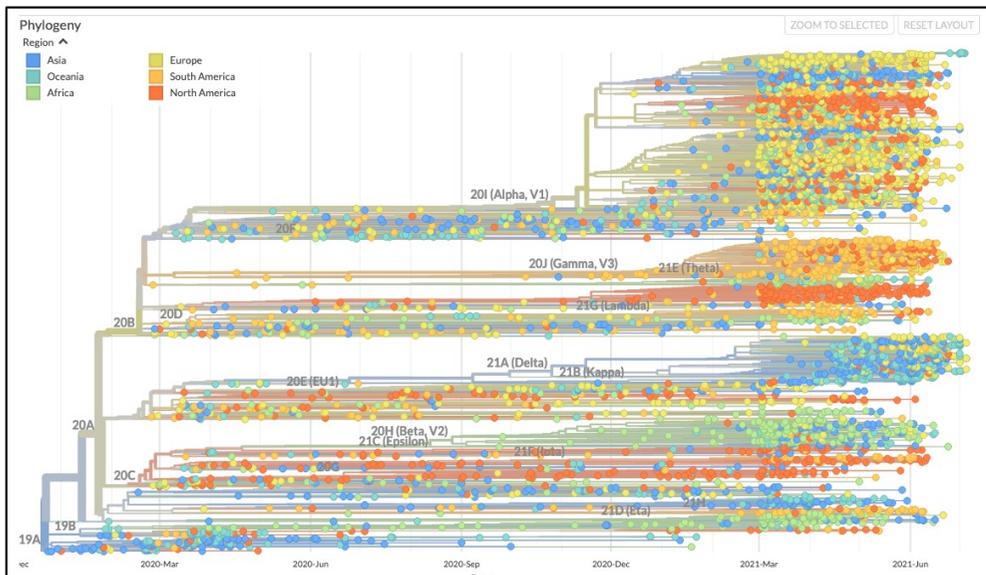


疫学解析と進化生物学解析



■ 疫学解析

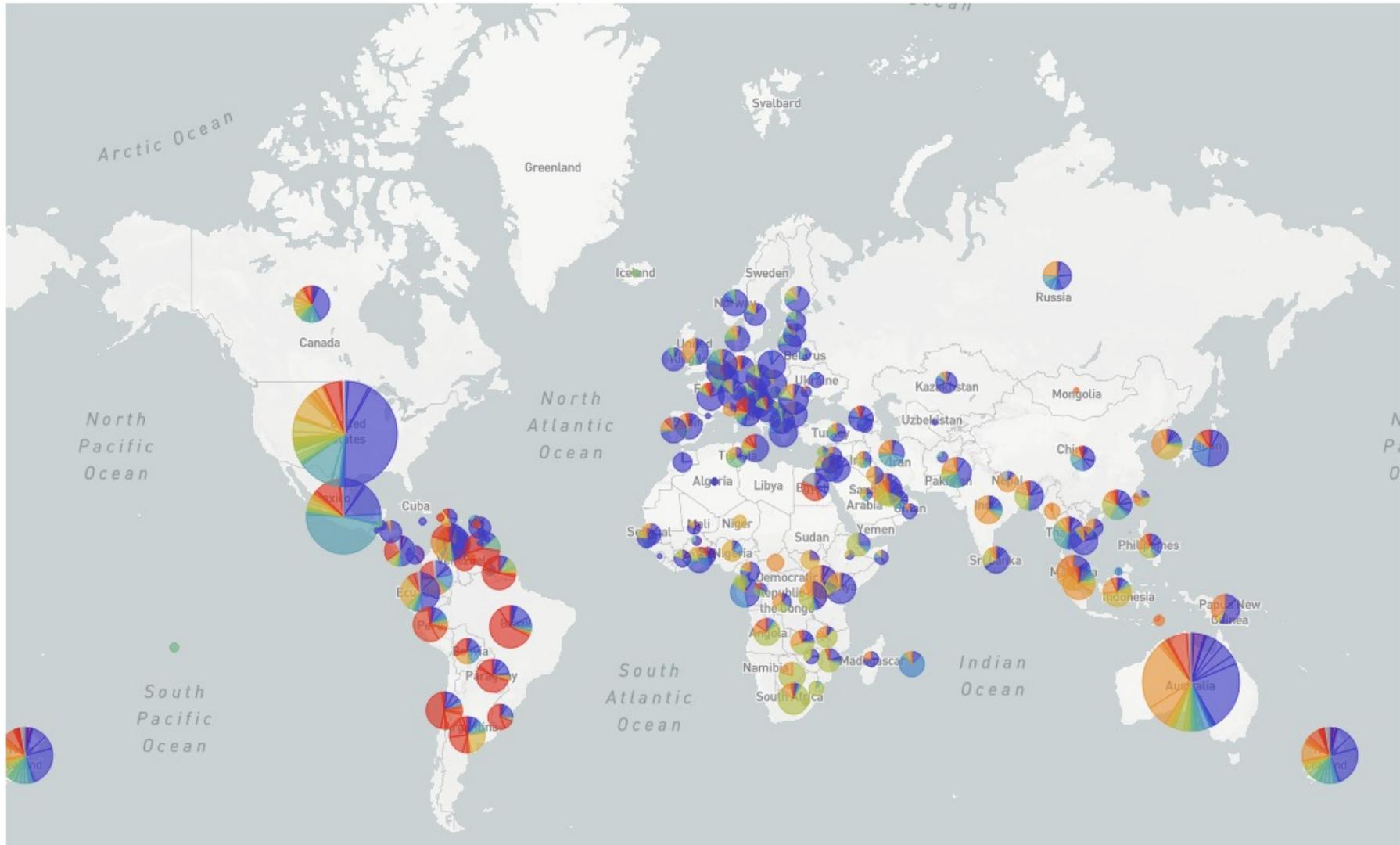
- 基本再生産数(R_0)および実効再生産数(R_t)の推定
- SIRモデルによる R_0 の推定
- 再生方程式による R_t の推定



■ 進化生物学解析

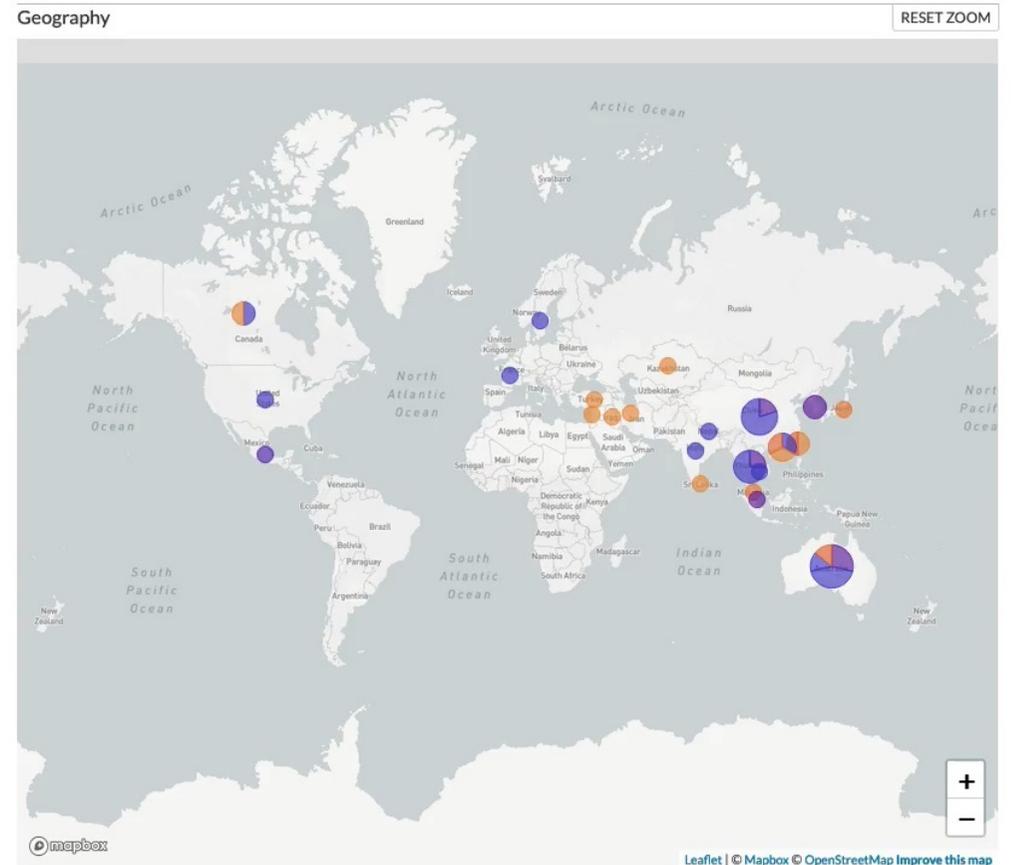
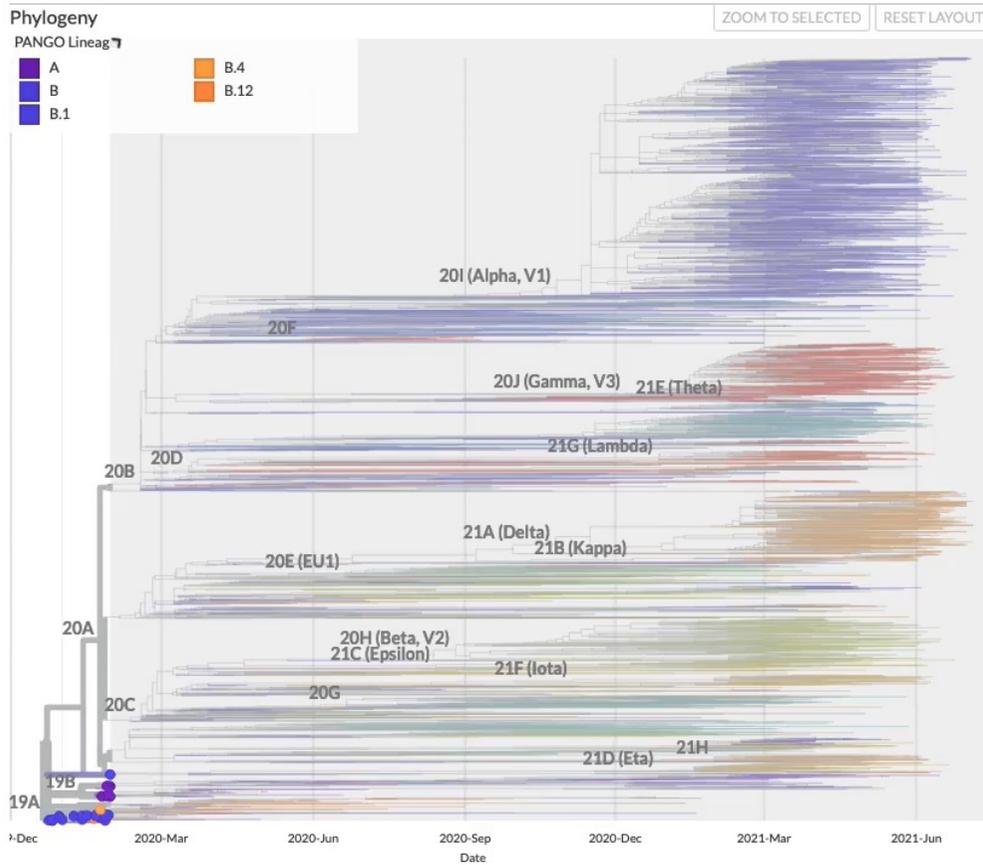
- 進化系統解析
- Coalescent 理論
- Allele頻度の変化の解析
- 自然選択の解析

各系統の流行状況



SARS-CoV-2系統のリアルタイム可視化 (<http://nextstrain.org>)

地球規模のウイルス進化の様子



第40回新型コロナウイルス感染症対策 アドバイザリーボード(令和3年6月23日)

言語切替 日本語 ? ▶ 点字ダウンロード ▶ サイト閲覧支援ツール起動 (ヘルプ) | 文字サイズの変更 標準 大 特大 ▶ English site



ホーム

本文へ ▶ お問い合わせ窓口 ▶ よくある御質問 ▶ サイトマップ ▶ 国民参加の場

カスタム検索

検索

テーマ別に探す

報道・広報

政策について

厚生労働省について

統計情報・白書

所管の法令等

申請・募集・情報公開

ホーム > 政策について > 分野別の政策一覧 > 健康・医療 > 健康 > 感染症情報 > 新型コロナウイルス感染症について > 新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボードの資料等 (第31回～)

健康・医療

新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボードの資料等 (第31回～)

- 第42回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年7月7日)
- 第41回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年6月30日)
- 第40回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年6月23日)
- 第39回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年6月16日)
- 第38回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年6月9日)
- 第37回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年6月2日)
- 第36回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年5月26日)
- 第35回新型コロナウイルス感染症対策アドバイザリーボード (令和3年5月19日)

政策について

分野別の政策一覧

健康・医療

健康

食品

医療

医療保険

医薬品・医療機器

生活衛生

水道

準備：従来株と変異株

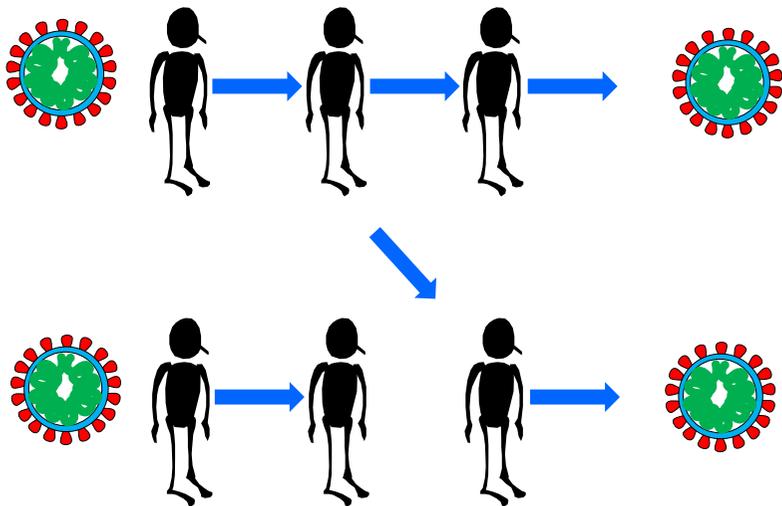
株名	記号	伝播性(相対値)	時刻 t における割合	形
従来株	a	1	$q_a(t)$	
変異株1	A_1	$1 + s_1$	$q_{A_1}(t)$	
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
変異株 n	A_n	$1 + s_n$	$q_{A_n}(t)$	

実効再生産数

今、一人の感染者が平均何人にうつしているか

実効再生産数が1の場合

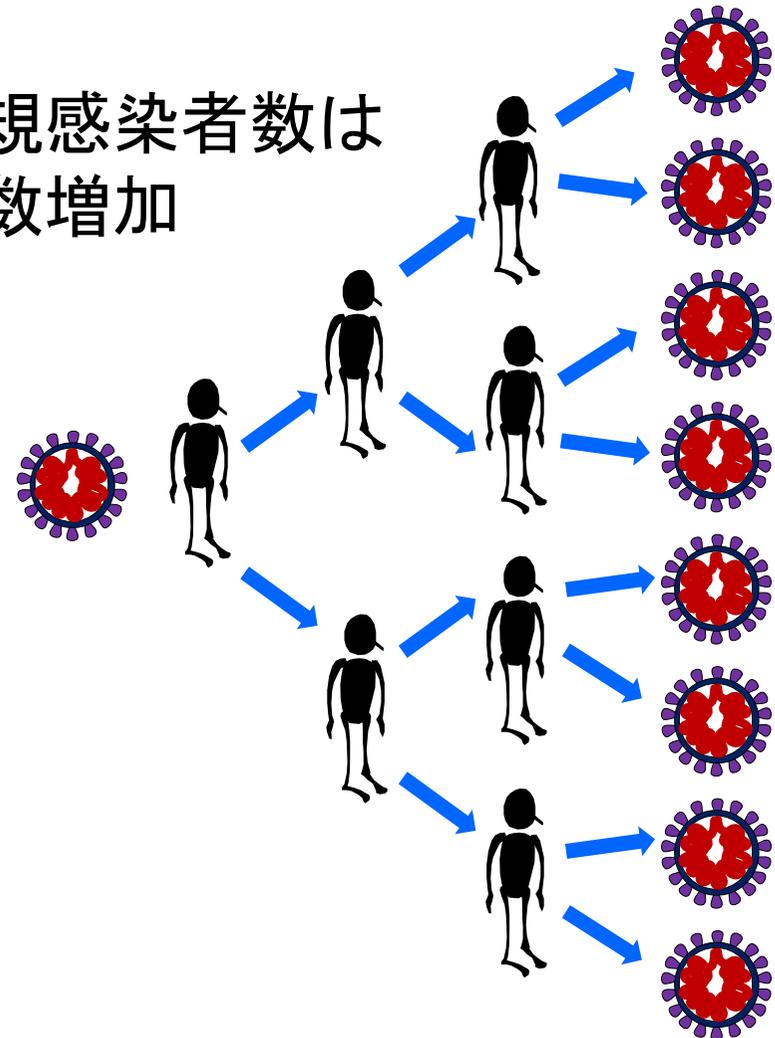
新規感染者数は一定



実効再生産数が1以下の場合は減少

実効再生産数が2の場合

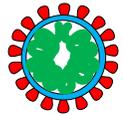
新規感染者数は指数増加



実効再生産数の計算

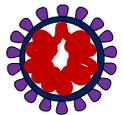
$I(t)$: 時刻 t における新規感染者の数

$g(j)$: 感染者と非感染者の感染時刻の差(または発症時刻の差)



従来株 a の実効再生産数

$$R_a(t) = \frac{q_a(t)I(t)}{\sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j)} \quad (1)$$



変異株 A_i の実効再生産数

$$R_{A_i}(t) = \frac{q_{A_i}(t)I(t)}{\sum_{j=1}^l g(j)q_{A_i}(t-j)I(t-j)} \quad (2)$$

(1) 式と(2)式を変形

$$R_a(t) = \frac{q_a(t)I(t)}{\sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j)} \quad (1)$$

$$q_a(t)I(t) = R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j) \quad (1)'$$

$$R_{A_i}(t) = \frac{q_{A_i}(t)I(t)}{\sum_{j=1}^l g(j)q_{A_i}(t-j)I(t-j)} \quad (2)$$

$$q_{A_i}(t)I(t) = R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_{A_i}(t-j)I(t-j) \quad (2)'$$

変異株と従来株の実効再生産数

- 時刻 t における, 変異株 A_i の実効再生産数が従来株 a の $1 + s_i$ 倍とすると, 次の式が成り立つ。

$$R_{A_i}(t) = (1 + s_i)R_a(t) \quad (3)$$

この $1 + s_i$ の値を a に関する A_i の**相対実効再生産数**(R_{RI})とよぶ

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{q_{A_i}(t)I(t)}{q_a(t)I(t) + \sum_{i=1}^n q_{A_i}(t)I(t)}$$

(1)'の $q_a(t)I(t) = R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j)$ を代入

$$q_{A_i}(t) = \frac{q_{A_i}(t)I(t)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j) + \sum_{i=1}^n q_{A_i}(t)I(t)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{q_{A_i}(t)I(t)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_a(t-j)I(t-j) + \sum_{i=1}^n q_{A_i}(t)I(t)}$$

(2)' の $q_{A_i}(t)I(t) = R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j)q_{A_i}(t-j)I(t-j)$ を代入

$$q_{A_i}(t) = \frac{R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n R_{A_i}(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

(3)の $R_{A_i}(t) = (1 + s_i)R_a(t)$ を代入

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i)R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n (1 + s_i)R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n (1 + s_i) R_a(t) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

$R_a(t)$ で通分

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n (1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) I(t-j) + \sum_i^n (1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j) I(t-j)}$$

$$I(t-1) \approx I(t-2) \approx \dots \approx I(t-l). \quad \text{を仮定 (4)}$$

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t-j) + \sum_i^n (1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t - j) + \sum_i^n (1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

$(1 + s_i)$ を分解

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t - j) + \sum_i^n \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l g(j) q_a(t - j) + \sum_i^n \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

$$\sum_{j=1}^l \quad \text{をまとめる}$$

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l (g(j) q_a(t - j) + \sum_i^n g(j) q_{A_i}(t - j)) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l (g(j) q_a(t - j) + \sum_i^n g(j) q_{A_i}(t - j)) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

$g(j)$ を括り出す

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}{\sum_{j=1}^l g(j) (q_a(t - j) + \sum_i^n q_{A_i}(t - j)) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) (q_a(t-j) + \sum_i^n q_{A_i}(t-j)) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}$$

割合の合計は1 $q_a(t-j) + \sum_i^n q_{A_i}(t-j) = 1$

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}$$

時刻 t における変異株 A_i の割合

- 変異株 A_i の新規感染者 / 全新規感染者

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}{\sum_{j=1}^l g(j) + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}$$

$$\sum_{j=1}^l g(j) = 1$$

$$q_{A_i}(t) = \frac{(1 + s_i) \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)}{1 + \sum_i^n s_i \sum_{j=1}^l g(j) q_{A_i}(t-j)} \quad (5)$$

主結果

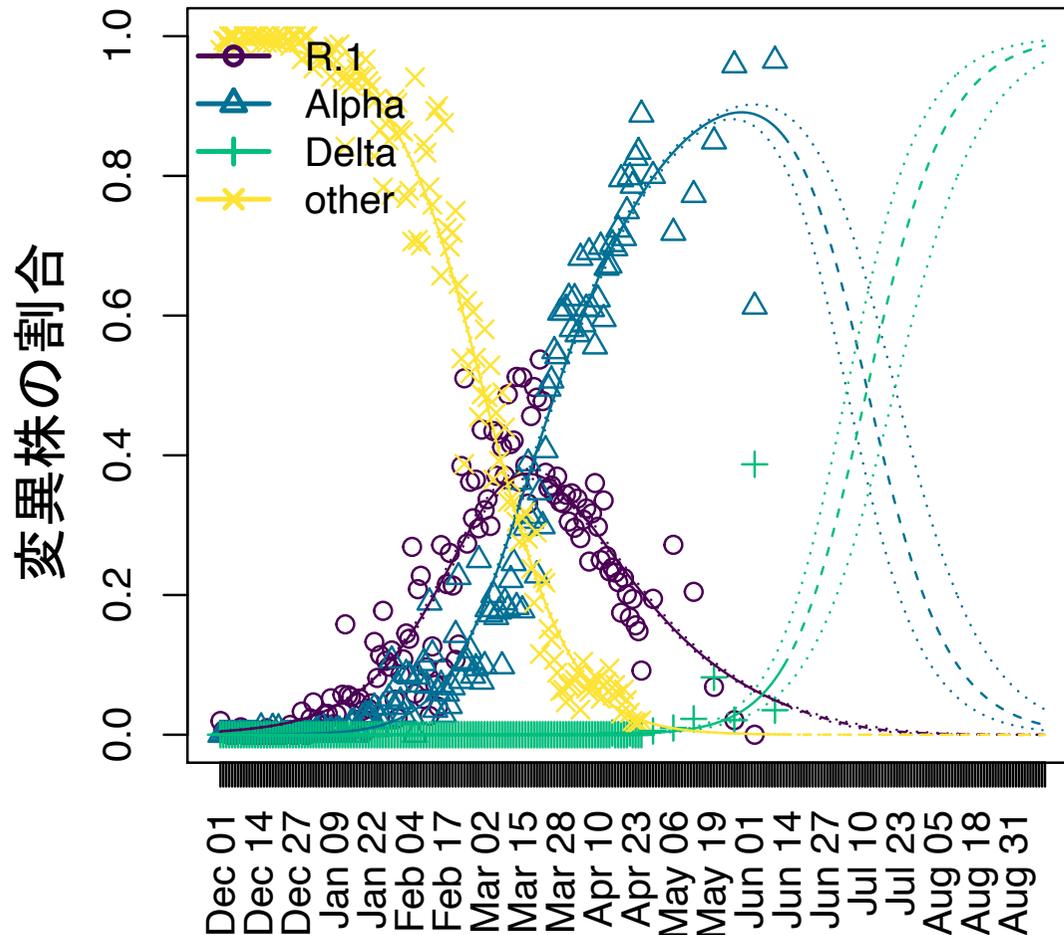
- 時刻 t における変異株 A_i の割合は、従来株 a に対する相対実効再生産数 $(1+s_i)$ を用いて下記のように表される

$$q_{A_i}(t) = \frac{\sum_{j=1}^l g(j) (1 + s_i) q_{A_i}(t - j)}{1 + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l s_i g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

変異株 A_i の割合から従来株 a に対する変異株の相対実効再生産数 $(1+s_i)$ を推定できる。

推定値を用いて将来の割合を予測可能である。

変異株の割合の推移の予測



変異株の再生産数の倍率

株	推定値	範囲
R.1	1.25倍	1.19–1.31倍
Alpha	1.44倍	1.33–1.58倍
Delta	1.95倍	1.70–2.30倍

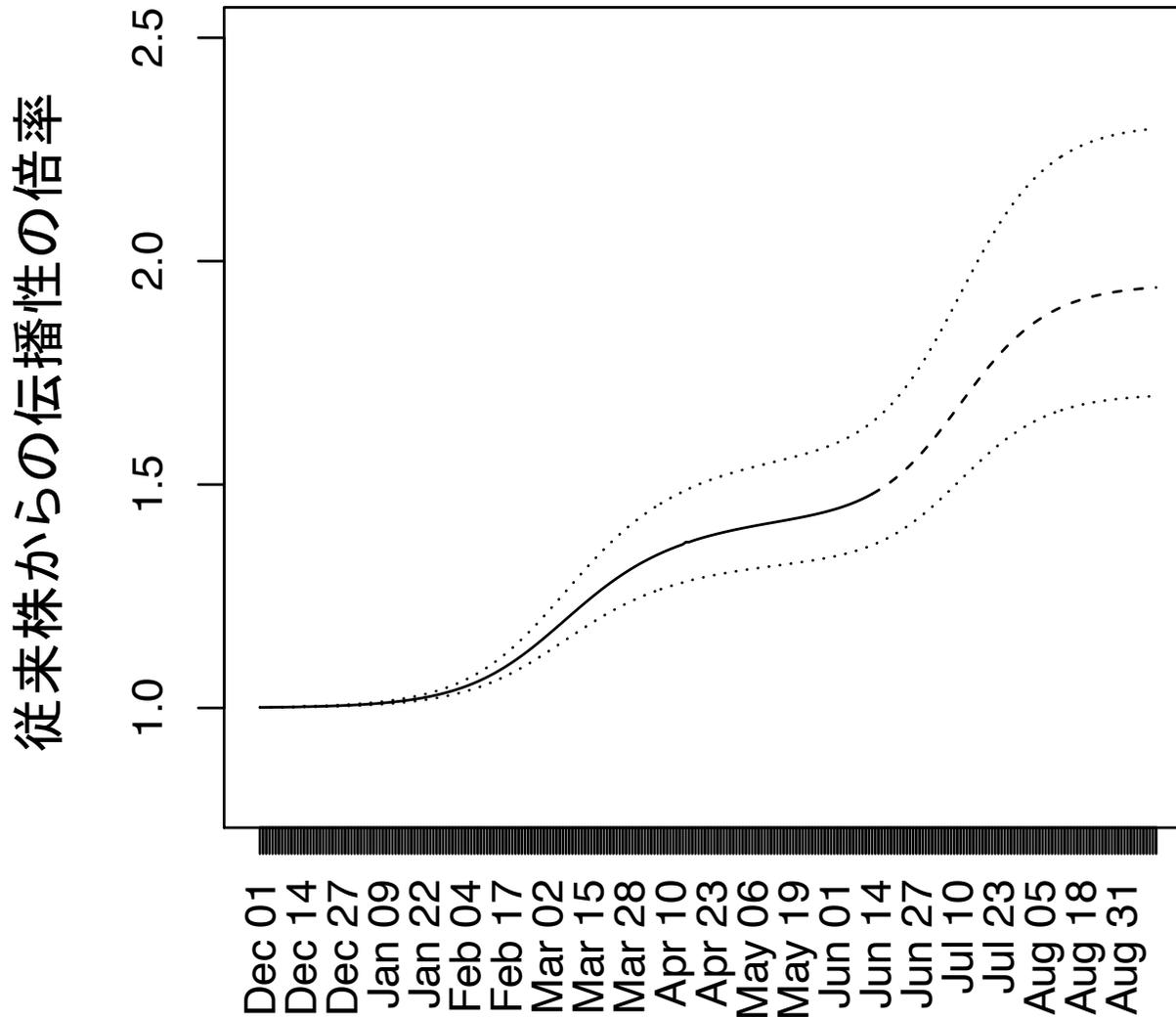
GISAIDの日本(空港検疫を除く)の株(~4/25)及び東京変異株PCR検査データ(4/26~)を解析した結果。

オリンピック開会式までにDelta株が半数を超える。

AMED伊藤班(JP20fk0108535)
京都大学・西浦博教授との共同研究

Ito, Piantham, Nishiura,
***Eurosurveillance*, 2021**

相対的な実効再生産数の予測



Delta株の増加に伴い、国内COVID-19の伝播性は6月下旬から急増する。

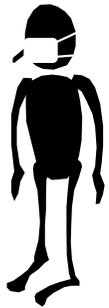
8月12日にDelta株90%を超え、国内COVID-19の伝播性は従来株と比べて1.90倍、アルファ株と比べ、1.32倍となる。

我々が今やるべきこと

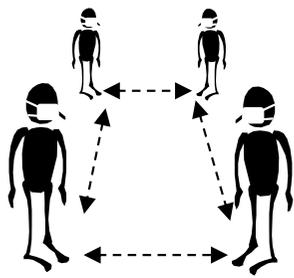
- 日本以外の国でのデルタ株予測
- デルタ株に対するワクチンの効果の解析
- デルタ株と感染年齢の関係の解析

感染症から身を守るための武器

マスク



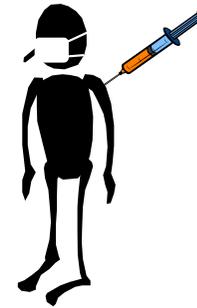
距離



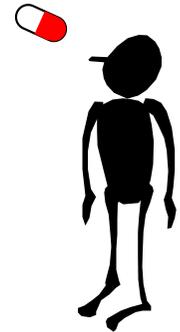
消毒



ワクチン

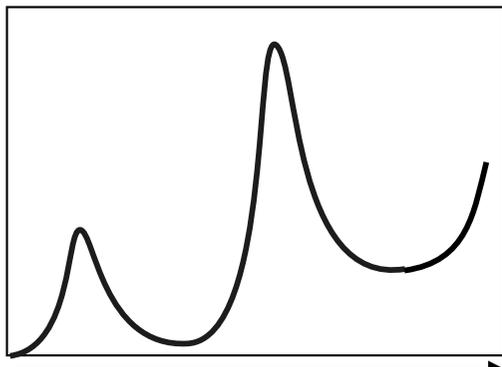


治療薬



情報

新規感染者数



時刻



数式

$$q_{A_i}(t) = \frac{\sum_{j=1}^l g(j) (1 + s_i) q_{A_i}(t - j)}{1 + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^l s_i g(j) q_{A_i}(t - j)}$$

$$\lambda(a, t) = \int_0^{\infty} \beta(a, a') Y(a', t) da'$$

小レポート

- この授業で学んだ事
- 自分が興味をもった事
- あと、感想

解析ボランティアを募集中

- 数学が苦ではない
- パソコンが苦ではない
- 英語が苦ではない
- オンラインのみの対話が苦ではない

(HP参照)