# A Simple Stochastic Model for Epidemic Transmission among

Heterogeneously Distributed Susceptible Sites

2000

## Shinko KOSHIBA

Department of Information and Computer Science Faculty of Science Nara Women's University Kita-uoya-nishi-machi, Nara 630-8506 JAPAN

and

## Hiromi SENO

Department of Mathematical and Life Sciences Graduate School of Science Hiroshima University Kagamiyama 1-3-1, Higashi-hiroshima 739-8526 JAPAN

## 論文概要

# 未感染媒介体の不均一分布下における 伝染病流行様式に関する 確率過程モデル解析

小柴 新子(奈良女子大学理学部情報科学科) 瀬野 裕美(広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻)

我々に最も身近な伝染病としてインフルエンザがある。このインフルエンザを 例にとってみても明らかであるが、地域、または国によって被害状況が異なる[1]。 なぜこのような相違が生まれてくるのだろうか。例えば、伝染経路や病原体の潜 伏期間に地域依存性など様々な要因が考えられるが、本研究では伝染病を媒介す る単位(以後、伝染媒介体と称する)が空間にどのように分布しているかによっ て伝染病の拡がり方に違いがあらわれてくる可能性を考え、伝染媒介体の空間分 布と伝染病の拡がり方との間の関係について考察する。

媒介体を未感染媒介体、感染媒介体、回復媒介体の3種類に分類し、回復した 媒介体は二度と感染することはないと仮定する。伝染病はある感染係数βをもっ て感染し、ある回復係数 γ をもって回復する。また、感染、回復は媒介体自体の 大きさには無関係であると仮定し、感染、回復のそれぞれの事象は独立したもの として扱う。以上の仮定の下で、感染する確率、回復する確率を構成する。本論 文において、現在感染しており、病気の伝染を起こしうる媒介体数と既に回復し た媒介体数との和 k を考える。この k を「累積感染媒介体数」と称し、現在感染 している媒介体数 h を「現存感染媒介体数」と称する。ここで、まず、1つの伝 染媒介体が感染する確率を式 (1) で表す。この式の意味するところは感染係数 etaでかつ現存感染媒介体数が h 個である場合、1 つの任意の伝染媒介体が感染する 確率である。実際には感染は伝染経路によって異り、例えば空気感染のように、 感染している媒介体の近くに存在する伝染媒介体に感染が起こる場合が多い。本 論文の仮定においては、このことを無視し、感染している伝染媒介体からの距離 に関係なく感染が起こるとする。また、1つの伝染媒介体が回復する確率につい ては式(3)で表されている。一般に早く感染した伝染媒介体の方があとで感染し たものより早く回復すると考えられるが、本論文の仮定においては、感染期間を 無視し、任意の現存感染媒介体の1つが回復する確率を与える。

媒介体間感染ダイナミックスの数理モデルを構築するために、時刻 t において 感染した媒介体の延べ数が k 個、現在感染している媒介体数が h 個である確率 P(k,h,t) を考える。この P(k,h,t) の時間変動を表す微分方程式を求めるために、 時間  $\Delta t$  間で可能な (k,h) の遷移を考え、本論文中の式 (9)、(10)、(11) を得るこ とができた。初期条件としては、感染媒介体が存在しないと感染はおこらないの で k = h = 1 とする。

次に、媒介体の空間分布と伝染病の拡がり方との関係についての数理モデリン グを考える。伝染病は媒介体を介して伝染が拡まっていくものであるから媒介体 がどのように空間に分布しているかは伝染病の拡がり方の特徴に反映されること が予想される。空間分布は、均一であったり、一次元的であったり、様々な空間 配置のパターンが存在する。本論文においては、媒介体の空間分布様式を特徴づける指数として「フラクタル次元」を用いる[2]。フラクタルとは部分と全体が自己相似性をもつ構造(図形など)の特性を指す概念である。これを原義として、完全な自己相似形でなくても特徴的な尺度をもたない構造、現象、分布もフラクタルであると考えられる。

フラクタル次元は特徴的な尺度をもたない構造、変動、分布の複雑さの度合い を表現する [3]。フラクタル次元は半端な数の次元である。例えば、コッホ曲線 と呼ばれる平面曲線は位相次元は1であるが、フラクタル次元としては小数次元 log 4/log 3 ≈ 1.262 をもつ。この曲線が二次元平面内の曲線でありながら一次元 をはみ出して、二次元ににじみ出た特徴を有していることを表現している。

本論文では、上記のフラクタル次元の性質を利用して、Fig. 1 が示すように、 伝染媒介体の空間配置の特性をフラクタル次元 d を使って表す。フラクタル次元 d の範囲は  $1 \le d \le 2$  であり、d が 1 に近いほど、伝染媒介体は空間に 1 次元的に (例えば、ある曲線に沿うように)配置し、反対に d が 2 に近いほど、伝染媒介体 は空間に等方的均一に配置している特徴を有していると考える。d が 1 < d < 2の場合の伝染媒介体の空間配置の具体的な様式は無限に存在するが、本論文では、 あらゆる伝染媒介体の空間配置の特性をこのフラクタル次元 d で特徴づけること にする [4]。

さて、伝染病の拡がり方の特徴を考えていくために、感染媒介体が存在する地 域の広さ、すなわち感染レンジを定義する。感染レンジとは現存感染媒介体 h を 全て含む地域の広さである。それは、現存感染媒介体を全て含む最小の円の直径 によって特徴づけることができる。この直径を我々は感染レンジの直径あるいは 単に感染レンジと呼ぶことにしよう。このとき、伝染病の拡がる速度を求めるた めには感染レンジの直径の時間微分 (17) を計算すればよい。

解析において、本論文では母関数 (18) を利用する [5]。この母関数と P(k,h,t)の微分方程式 (9)、(10)、(11) より、累積感染媒介体数 k の式 (28) と現存感染媒 介体数 h の式 (25) を求めそれぞれの時間変化を調べると、それらは感染係数  $\beta$ と回復係数  $\gamma$  の大小関係によって異なる特徴を示す。Fig. 3 が示すように、まず、 感染係数  $\beta$  が回復係数  $\gamma$  よりも大きい場合は、累積および現存の媒介体数は、単 調増加を示し、感染が拡大していく。一方、回復係数  $\gamma$  が感染係数  $\beta$  よりも大き い場合は、累積感染媒介体数 k は有限な上界値に向かって単調増加し、現存媒介 体数 h は 0 に向かって単調減少し、正味の感染確率は低下する。後者の場合、累 積感染媒介体数 k が漸近する値は式 (30) で与えられ、Fig. 4 が示すように感染係 数  $\beta$  が大きくなるほど漸近する値も大きくなり、回復係数  $\gamma$  が大きくなるほど漸 近する値は小さくなる。Fig. 4 からわかるように、感染係数  $\beta$  と回復係数  $\gamma$  の 2 つの値が近いほど、累積感染媒介体数 k の上界値は極端に大きくなる。これは、 感染係数  $\beta$  が回復係数  $\gamma$  より小さいという条件下において、感染係数  $\beta$  がより大 きい場合に感染が盛んにおこるということを反映した結果である。

次に、累積感染媒介体 k が存在する感染レンジの期待値 (31) を求め、感染係数  $\beta$  と回復係数  $\gamma$  およびフラクタル次元 d への依存性を解析した。その結果、Fig. 5 が示すように、あらゆる感染係数  $\beta$ 、回復係数  $\gamma$  において、時間の経過に伴って、 感染期待レンジは単調増加をするが、その単調増加性において、 2 つの類型が存 在することがわかった。回復係数  $\gamma$  が感染係数  $\beta$  より大きい場合、感染期待レン ジが時間の経過ともに単調増加をしつつ、ある有限値に漸近していく。反対に、 感染係数  $\beta$  が回復係数  $\gamma$  より大きい場合、感染期待レンジは有限値に収束するこ となく無限大に単調増加する。感染期待レンジのフラクタル次元依存性について は、感染係数  $\beta$ 、回復係数  $\gamma$  について、 $\beta/\gamma < 1/2$  の場合、感染期待レンジはフ ラクタル次元が大きくなるほど広くなる。つまり、伝染媒介体の空間配置が均一 なほど感染が起こるレンジは広くなる。 $\beta/\gamma \ge 1/2$  の場合、逆に感染期待レンジ はフラクタル次元が大きくなるほど狭くなる。この場合は、伝染媒介体の空間配 置が均一なほど感染期待レンジは狭くなる。実際、Fig. 5 の (a) の変化を示す場 合は、(31) より累積感染媒介体数 k が 2 より小さい。累積感染媒介数 k の初期値 は 1 であるため、Fig. 5 の (a) の変化を示すのは感染初期に限る。

さらに、感染レンジの拡がる期待速度 (17) を求め、感染係数  $\beta$  と回復係数  $\gamma$  お よび、フラクタル次元 d への依存性を解析した。その結果、Fig. 7 が示すように、 感染係数  $\beta$  と回復係数  $\gamma$  の大小関係によって、3 パターンの時間変化を得ること ができた。フラクタル次元がd ( $1 \le d \le 2$ )の場合、 $0 < \beta/\gamma \le 1$ 、つまり、回復 係数  $\gamma$  が感染係数  $\beta$  より大きいならば、フラクタル次元 d によらず、感染レンジ の拡がる期待速度は時間が経つにつれて単調減少する。一方、 $1 < \beta/\gamma < d$ 、つ まり、感染係数 eta が回復係数  $\gamma$  より大きいが 2 つの値が比較的近く、フラクタル 次元 d が相対的に大きいならば、感染レンジの拡がる期待速度は一旦単調減少す るがある時刻に至ると単調増加に変わり、その後は単調増加しつづける。感染レ ンジの拡がる期待速度が減少から増加に変わる時刻 tc は式 (33) よって与えられ、 この時刻は感染係数 $\beta$ 、回復係数 $\gamma$ 、そしてフラクタル次元dの値によって決ま る。Fig. 7 の (b) の変化を示す場合は、1 < β/γ < d < 2 の条件下である。この ような時間変化の解釈として、感染の起こり始めは現存感染媒介体数 h が小さく 正味の感染力が極めて小さいために感染が拡がる速さは単調減少するが、徐々に 現存感染媒介体数 h も大きくなり、感染媒介体全体がなす感染力も十分大きくな るために感染の拡がる速さは単調増加に転ずると考えられる。最後に、 $\beta/\gamma \geq d$ 、 つまり、フラクタル次元 d の倍率以上で、感染係数 eta が回復係数  $\gamma$  より十分に大 きい場合には、感染レンジの拡がる期待速度は時間が経つにつれて単調増加し続 ける。また、あらゆる感染係数 $\beta$ 、回復係数 $\gamma$ についてこの期待速度はフラクタ ル次元 d が大きくなるほど遅くなる。つまり、伝染媒介体の空間配置が等方的に 均一なほど感染レンジの拡がる期待速度は遅くなる。

本論文の数理モデリングでは、感染媒介体数の時間変動は、媒介体の空間配置 の特性(すなわち、フラクタル次元)に依存していない。従って、感染係数 タと 回復係数 7が与えられれば、任意のフラクタル次元 dに対して、感染媒介体数の 時間変動は同一である。ところが、空間配置が等方的で均一なほど各時刻におけ る感染期待レンジが狭くなり、感染レンジの拡大速度が小さくなるのは、同じレ ンジ内に存在する媒介体数が、等方的均一な媒介体の空間配置であるほうがより 大きいということを意味している。

これらの結果について、本論文の数理モデリングにおける注意すべき仮定がある。それは、Fig. 2 で示す最近接の 2 媒介体の間の平均距離  $\overline{R}_{(2)}$  が、媒介体の空間配置によらず同一のものとして扱われているという点である。このことは、フラクタル次元 d が小さいほど、感染レンジ内の媒介体密度が小さいということを意味する。従って、同数の感染媒介体数 k に対する感染レンジの大きさは、フラクタル次元 d が小さいほど大きい、すなわち、空間配置が等方的で均一なほど各時刻における感染期待レンジが狭くなり、感染媒介体数の時間変化はフラクタル 次元 d によらないから、同じ感染媒介体数 k が感染している(同一の時刻における)感染レンジの拡大速度も小さくなるのである。

よって、異なる空間配置がどのように感染レンジのサイズや拡大速度に影響を 与えるかを比較するためには、少なくとも、最近接媒介体間の平均距離も考慮に 入れる必要がある。本論文での比較は、最近接媒介体間の平均距離が等しい場合 に限ってのことである点に注意する必要がある。

以上の解析結果をまとめると、感染が衰退するような伝染病の場合、現存感染 媒介体数が小さくなるにともなって、感染の拡がる速度は、時間とともに遅くな る。また、この時、伝染媒介体の空間配置が等方的均一なほど、感染停止時の被 害レンジは小さくなる。一方、感染が進行する伝染病の場合には、感染のしやす さの程度が回復のしやすさの程度より十分に大きいならば、現存感染媒介体数は 時間とともに増大し、感染の拡がる速度も加速する。しかし、感染のしやすさの 程度が回復のしやすさの程度よりは大きいが、十分に大きくない場合には、時間 とともに現存感染媒介体数は大きくなるが、感染初期では、十分な感染力がない ために感染の拡がる速度が、一旦遅くなり、十分に時間が経つと速度が加速に転 ずる場合がありえる。

本論文では、さらに、感染停止について数理的に考察し、次のような結果を得 ることができた。まず、感染停止確率は、式 (35)より、Fig. 8 が示すように、感 染係数  $\beta$  が回復係数  $\gamma$ より大きい場合は、感染係数  $\beta$  を大きくするにつれて感染 係数  $\beta$  に反比例して低くなることがわかる。また、回復係数  $\gamma$  を大きくするにつ れて、感染停止確率は回復係数  $\gamma$  に比例して高くなり、ある閾値を超えると1と なる。さらに、回復係数  $\gamma$  が感染係数  $\beta$ より大きい場合は必ず感染が止まること (停止確率 = 1)が証明できる。感染停止期待時刻については式 (36)より、感染 係数  $\beta$  が回復係数  $\gamma$ より大きい場合、無限大となり、感染が停止することはない と期待できることを意味している。ただし、これはあくまでも期待時刻について の考察であり、任意の有限時刻において感染が停止する確率は正である。Fig. 9 が示すように、回復係数  $\gamma$  が感染係数  $\beta$ より大きい場合、感染係数  $\beta$  が大きいほ ど感染停止期待時刻は遅く、また回復係数  $\gamma$  が大きいほど早い。感染停止時の期 待累積感染媒介体数は式 (37)になる。この値 (37)は時間が無限大経過した時の 期待累積媒介体数 (30)に等しい。

伝染媒介体の空間配置が等方的均一なほど、伝染病の拡がる速度は遅くなると いう本論文の解析結果より、例えば、比較する2つの地域の家屋間の距離が等し い場合、川沿いに連なるように家屋が配置している地域の方が、平野に団子状に 密集して集落を成して家屋が配置している地域より、伝染病の汚染域の拡がる速 度が速く、感染被害レンジも大きくなる可能性があると考えられる。さらに、感 染停止についての本論文の数理モデリングの解析結果では、感染停止確率、感染 停止時刻、感染停止時の期待累積感染媒介体数はいずれも、伝染媒介体の空間配 置の特性とは関係なく、感染係数 $\beta$ 、回復係数 $\gamma$ の関係によってのみ決まる。こ の解析結果をそのままあてはめるならば、川沿いに連なるように家屋が配置して いる地域の方が、密集して団子状に集落を成して家屋が配置してにる地域より伝 染病の拡がる速度は速いが、感染停止時の被害家屋数が多くなるとは言えない。 感染停止時の被害家屋数が、伝染病のもつ感染や回復の程度によってのみ決まる 場合もあるだろう。

また、本論文の解析結果では、感染の拡がる速度が一旦減少して、十分に時間 が経つと増加に転ずるような時間変化を示す場合があることが示された。従って、 感染初期の感染の拡がる速度が減少しているからといって、感染が衰退していく ものとは断言できないといえよう。つまり、感染初期の段階の感染の拡がる速度 のみを見て、伝染病が衰退するのか進行し続けるのかという判断をするのは危険 である。

さらに、本論文の数理モデリング解析の結果より、本来は進行性の伝染病であっ

ても、治療や予防の効果があがれば、累積感染媒介体数は感染初期には指数関数 的に大きくなるが、十分に時間が経つと、治療や予防の効果によって、有限値に 収束していくというS字形の時間変化を示すと考えられる。その場合、感染レン ジも累積感染媒介体数の変化と同様に、十分に時間が経つと有限値に収束してい くS字形の時間変化を示すと考えられる。また、現存感染媒介体数は、治療や予 防の効果が十分にあがる場合には、感染初期には、時間とともに増加するが、あ る時点で最大値をとり、その後、減少に転ずる変化を示すと考えられる。そして、 感染レンジの拡がる速度も遅くなり、最終的には感染が衰退する。一方、治療や 予防の効果が十分にあがらない場合には、感染が衰退せずに、現存感染媒介体数、 感染レンジ、感染の拡がる速度はいずれも指数関数的に増加しつつ進行をし続け ると考えられる。

実際の感染拡大の場合、例えば、町を媒介体として考えられる場合、町それぞれは大きさをもっているために、その大きさの効果についての考慮も必要となってくるだろう。例えば、「町が感染し、感染力をもつ」という状態をどのように数理モデリングにおいて定義するかは数理モデリング上の要点の一つである。町の中に存在する1個体に感染が起こした段階を「町が感染し、感染力をもつ」と定義すれば、本論文の数理モデルにおける感染過程に対応づけられるかも知れない。しかし、町に中に存在するある一定の個体数が感染を起こした段階を「町が感染し、感染力をもつ」こととするならば、1つの町が感染力を持つまでに時間がかかることになり、時間の遅れが生じ、このような時間遅れを陽に数理モデリングに導入するためには、本論文の数理モデリングを大幅に修正する必要があるだろう。また、本論文の数理モデリングには、感染過程と伝染媒介体の空間配置の特性との間の関係、つまり、単位時間あたりの感染確率がどのように伝染媒介体の空間配置の特性に依存するかということが考慮はされていない。

## **1 ASSUMPTIONS AND MODELING**

### 1.1 Assumptions

In our modeling, we assume that the unit of infection and recovery is immobile, as town, plant, etc. we call the unit by *the site*. We classify the sites into three classes, depending on the state of site in terms of the epidemics: *susceptible*, *infective* and *recovered*. In our modeling, we assume the followings:

- We ignore any time delay about the epidemic dynamics, including the latent period.
- Infection rate depends only on the total number of infective sites.
- Only susceptible site could be infected. Recovered site is never infected again.
- Infection of susceptible site is independent of any recovery of infective one.
- Infection and recovery of a site is independent of that of any other ones.

In this paper, we consider the number of *infective* sites, h, and that of *infected* sites which consists of infective and recovered, k.

## 1.2 Modeling

With the assumptions described in the previous section, in case of h infective sites, we define the following probabilities for the events occurred in sufficiently short time interval  $(t, t + \Delta t]$ .

#### 1.2.1 Probability for infection

Probability that a susceptible site is infected by a infective site is assumed to be given by  $\beta \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)$  independently of the distance between them, where  $\beta$  is a positive constant, the infection rate. Hence, since we assume that the infection of a susceptible group by an infective site is independent of that by any other infective one, the probability that a susceptible site is infected by h infective ones becomes

$$\beta h \Delta t + o(\{\Delta t\}^2). \tag{1}$$

Probability that more than one susceptible sites are infected during sufficiently small period  $\Delta t$  is assumed to be  $o({\{\Delta t\}}^2)$ . Hence, probability that none of susceptible sites is infected during sufficiently small period  $\Delta t$  is given by

$$1 - [\beta h \Delta t + o(\{\Delta t\}^2) + o(\{\Delta t\}^2)] = 1 - \beta h \Delta t - o(\{\Delta t\}^2).$$
(2)

#### 1.2.2 Probability for recovery

Probability that an infective site recovers during sufficiently small period  $\Delta t$  is assumed to be given by

$$\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2),\tag{3}$$

where  $\gamma$  is a positive constant, the recovery rate.

When there are h infective sites, probability that only one infective site recovers is given by hte probability for the recovery of an infective site and that for the non-recovery of the other h - 1 infective ones. The former probability is given by (3). The latter is given by  $[1 - \{\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\}]^{h-1}$ , because the probability for the non-recovery of an infective site is  $1 - \{\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\}$ , and the epidemic state of each site is assumed to be independent of that of any other one. Hence, taking account of which infective group of h recovers, it is lastly obtained as follows:

$$h \cdot \{\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\} \cdot [1 - \{\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\}]^{h-1} = h \cdot \{\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\}\{1 - (h-1)\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)\} = \gamma h \Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$$
(4)

Probability that more than one infective sites recover is assumed to be  $o(\{\Delta t\}^2)$ . Thus, from (4) the probability that none of infective sites recovers during sufficiently small period  $\Delta t$  is given by

$$1 - \gamma h \Delta t - o(\{\Delta t\}^2). \tag{5}$$

From the assumption of independence between infection and recovery, the probability that both infection and recovery occur during the time period  $\Delta t$  is given by  $o({\{\Delta t\}}^2)$ , because the probability of each of them has the order  $\Delta t$  at least.

#### 1.2.3 Transition probability of epidemic state

We donote by P(k, h, t) the probability for the state such as k infected sites and h infective sites at time t. To determine the probability P(k, h, t), we consider the transition of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ .

 $(k, h, t) \rightarrow (k, h, t + \Delta t)$ : In this case, since there is no change of the number of infected sites and infective ones, neither infection nor recovery occurs during time period  $\Delta t$ . Therefore, from (2) and (5), the transition probability is given by

$$[1 - \beta h \Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [1 - \gamma h \Delta t - o(\{\Delta t\}^2)]$$
  
= 1 - (\beta + \gamma) h \Delta t + o(\{\Delta t\}^2). (6)

 $(k-1,h,t) \rightarrow (k,h,t+\Delta t)$ : Since only the number of infected sites increases by one in this case, one infection and one recovery should occur during time period  $\Delta t$ . To increase the infected sites by one, the number of infective sites increases by one. Hence, in order that the number of infective sites at  $t+\Delta t$  is h, the number of infective sites decreases by one during  $\Delta t$ . From the assumption given in the previous section, both infection and recovery occur during  $\Delta t$  with probability  $o({\{\Delta t\}}^2)$ , so that the considered transition probability is  $o({\{\Delta t\}}^2)$ , too.

 $(k, h + 1, t) \rightarrow (k, h, t + \Delta t)$ : In this case, only one recovery occurs during time period  $\Delta t$  with no change of the number of infected sites, when any new infection does not occur. Therefore, from (2) and (4), the transition probability is given by

$$[1 - \beta(h+1)\Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [\gamma(h+1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)]$$
  
=  $\gamma(h+1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$  (7)

 $(k-1, h-1, t) \rightarrow (k, h, t + \Delta t)$ : In this case, one infection occurs without any recovery during time period  $\Delta t$ . Therefore, from (1) and (5), the transition probability is given by

$$[\beta(h-1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [1 - \gamma h\Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] = (h-1)\beta\Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$$
(8)

 $(k-l, h-l, t) \to (k, h, t + \Delta t)$   $(l \ge 2)$ : In this case, only infection occurs l times without any recovery during time period  $\Delta t$ . Since more than one infection occur during  $\Delta t$ , the transition probability is  $o({\{\Delta t\}}^2)$ .

 $(k, h + m, t) \rightarrow (k, h, t + \Delta t)$   $(m \ge 2)$ : In this case, only recovery occurs m times without any infection during  $\Delta t$ . Since more than one recovery occur during  $\Delta t$ , the transition probability is  $o({\{\Delta t\}}^2)$ .

 $(k-l, h+n, t) \rightarrow (k, h, t+\Delta t)$   $(n \ge 0; 1 \le l \le k-1)$ : In this case, infection and recovery occur l and n+l times respectively during  $\Delta t$ . Since more than one infection and recovery occur during  $\Delta t$ , the transition probability is again  $o({\{\Delta t\}}^2)$ .

#### 1.2.4 Probability distribution for epidemic state

For the possible transitions of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ as derived in the previous section, we can get the following differential equation for P(k, h, t) (Appendix A):

$$\frac{dP(k,h,t)}{dt} = -(\beta + \gamma)hP(k,h,t)$$

$$+\gamma(h+1)P(k,h+1,t) +\beta(h-1)P(k-1,h-1,t),$$
(9)

for  $k \ge 2, \ h \ge 1, \ k \ge h+1$ , and the following additional two:

$$\frac{dP(k,0,t)}{dt} = \gamma P(k,1,t), \tag{10}$$

$$\frac{dP(k,k,t)}{dt} = -k(\beta + \gamma)P(k,k,t) + (k-1)\beta P(k-1,k-1,t)$$
(11)

for  $k \ge 1$  (see Appendix B and C).

#### 1.2.5 Initial condition

We assume that the epidemics begins with a site at time 0, so that the initial condition is given by

$$P(k,h,0) = \begin{cases} 1 & \text{if } k = h = 1, \\ 0 & \text{otherwise.} \end{cases}$$
(12)

#### 1.2.6 Expansion of infected range

Next, we consider the range expanded by infected sites, say, the *infected range*. We characterize the infected range at time t by the minimal diameter R which includes all infected sites at t.

In the case when the infected range expands in every direction with the same probability, the shape of infected region can be approximated by the disc, and therefore, when the spheric nature of the earth can be negligible and be approximated well by the plane, the range R approximately has the following relation with the number of infected sites  $k: k \propto R^2$ . However, since the expansion of infected range is constrained by the spatial distribution of potential carriers for the considered disease, which could be in general heterogeneous, the shape is possibly inhomogeneous in direction. It is likely that the shape can be characterized by its *fractal* nature (for the concept of "fractal", for instance, see Mandelbrot, 1982). To deal with such case, we assume the generalized relation between the infected range and the total number of infected sites as follows:

$$k \propto R^d \qquad (1 \le d \le 2),\tag{13}$$

where the power d characterizes the spatial pattern of infected region occupied by infected sites (Fig. 1). Power d is called *cluster dimension* or *mass dimension*, which is a sort of *fractal dimension*. When  $d \approx 2$ , the spatial distribution of infected sites can be approximated by a disc. When  $d \approx 1$ , the distribution can be approximately regarded as one dimensional, that is, the infected sites can be regarded to be arrayed along a curve.

For convenience to apply the relation (13) for our modeling, we now define the proportional constant C:

$$k = CR^d \qquad (1 \le d \le 2). \tag{14}$$

Next, we define the mean distance  $\overline{R}_{(2)}$  from one site to the nearest neighbour (Fig. 2). In our modeling,  $\overline{R}_{(2)}$  is assumed to be corresponding to the expected infected range expanded by two infected sites, that is, k = 2. Therefore, from (14), we assume that

$$2 = C\overline{R}^d_{(2)}.\tag{15}$$

Hence, from (14), for the *expected* number of infected sites  $\langle k \rangle_t$  at time t, we assume the following relation for the *expected* infected range  $\overline{r}_t$  at time t:

$$\langle k \rangle_t = 2\overline{r}_t^d \qquad (1 \le d \le 2), \tag{16}$$

where  $\overline{r}_t$  is the expected infected range measured in the mean distance  $\overline{R}_{(2)}$  at time t:  $\overline{r}_t \equiv \overline{R}_t / \overline{R}_{(2)}$ .

Further, we can define the *expected* velocity  $\overline{V_t}$  of expansion of the *infected* range at time t as follows:

$$\overline{V}_t = \frac{d\overline{r}_t}{dt}.$$

So, from (16), we can derive the following relation between the expected velocity  $\overline{V}_t$  and the expected number  $\langle k \rangle_t$  of infected sites at time t:

$$\overline{V}_t = \frac{1}{d} \left(\frac{1}{2}\right)^{1/d} \langle k \rangle_t^{1/d-1} \cdot \frac{d\langle k \rangle_t}{dt}.$$
(17)

## 2 Analysis

### 2.1 Probability generating function

We at first introduce the probability generating function (p.g.f.) defined by

$$f(x, y, t) = \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=0}^{k} P(k, h, t) x^{k} y^{h}.$$
 (18)

From (12), the initial condition for f(x, y, 0) is given by

$$f(x, y, 0) = \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=0}^{k} P(k, h, 0) x^{k} y^{h}$$
  
=  $P(1, 1, 0) x y$   
=  $x y.$  (19)



Figure 1: Illustrative explanation of the relation of the fractal dimension d to the spatial pattern of infected site distribution. Schematic procedure of epidemic expansion is also shown. White disc indicates susceptible site, black infective, and grey recovered. (a)  $d \approx 1$ ; (b) 1 < d < 2; (c)  $d \approx 2$ .



Figure 2: Illustrative explanation of range  $R_{(2)}.$ 

In addition, the following condition can be derived:

$$f(1,1,t) = \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=0}^{k} P(k,h,t) = 1,$$
(20)

because the sum of probability for any possible k and h corresponds to the occurrence of any event.

From (18), the partial derivative of f(x, y, t) in terms of t becomes

$$\frac{\partial f(x,y,t)}{\partial t} = \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=0}^{k} \frac{\partial P(k,h,t)}{\partial t} x^{k} y^{h}$$

$$= \frac{\partial P(1,1,t)}{\partial t} x y$$

$$+ \sum_{k=1}^{\infty} \frac{\partial P(k,0,t)}{\partial t} x^{k}$$

$$+ \sum_{k=2}^{\infty} \frac{\partial P(k,k,t)}{\partial t} x^{k} y^{k}$$

$$+ \sum_{k=2}^{\infty} \sum_{h=1}^{k-1} \frac{\partial P(k,h,t)}{\partial t} x^{k} y^{h}.$$
(21)

Applying (9), (10) and (11) for (21), we can derive, with a cumbersome and careful calculation, the following partial differential equation for f(x, y, t):

$$\frac{\partial f(x,y,t)}{\partial t} = \{-(\beta+\gamma)y + \gamma + \beta x y^2\} \frac{\partial f(x,y,t)}{\partial y}.$$
 (22)

With condition (19) and (20), we can directly solve (22) as follows (for instance, see Bailey, 1957):

$$f(x,y,t) = x \cdot \frac{v_{-}(x)\{v_{+}(x) - y\} + v_{+}(x)\{y - v_{-}(x)\}e^{-\beta x\{v_{+}(x) - v_{-}(x)\}t}}{\{v_{+}(x) - y\} + \{y - v_{-}(x)\}e^{-\beta x\{v_{+}(x) - v_{-}(x)\}t}}, \quad (23)$$

where  $v_+(x)$  and  $v_-(x)$  are functions of x, given by two distinct roots of the following equation in terms of  $\xi$ :

$$-(\beta + \gamma)\xi + \gamma + \beta x\xi^2 = 0.$$

### 2.2 Expected number of infective sites

We denote by  $\langle h \rangle_t$  the *expected* number of infective sites at time t. It is defined by

$$\langle h \rangle_t = \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^k h P(k, h, t).$$
(24)

From (9) and (11), we can obtain the following:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \langle h \rangle_t &= \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^k h \frac{dP(k,h,t)}{dt} \\ &= \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^{k-1} h \frac{dP(k,h,t)}{dt} + \sum_{k=1}^{\infty} k \frac{dP(k,k,t)}{dt} \\ &= (\beta - \gamma) \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^k h P(k,h,t) \\ &= (\beta - \gamma) \langle h \rangle_t. \end{aligned}$$

This ordinary differential equation about  $\langle h \rangle_t$  can be easily solved as follows (Fig. 3):

$$\langle h \rangle_t = e^{(\beta - \gamma)t}, \tag{25}$$

where we used the initial condition (12) for (24) so that  $\langle h \rangle_0 = 1$ . There is another derivation of the explicit form (25) of  $\langle h \rangle_t$  with the p.g.f. (23). From the definitions (18) and (24), we have the following relation between f(x, y, t)and  $\langle h \rangle_t$ :

$$\langle h \rangle_t = \left. \frac{\partial f}{\partial y} \right|_{(1,1,t)}.$$
 (26)

From (23) and (26), we can obtain  $\langle h \rangle_t$  given by (25) again.

### 2.3 Expected number of infected sites

As for infected sites, we denote by  $\langle k \rangle_t$  the *expected* number of infected sites at time t. It is defined by

$$\langle k \rangle_t = \sum_{k=1}^{\infty} k \left\{ \sum_{h=0}^k P(k,h,t) \right\}.$$
 (27)

From (9), (10) and (11), we can obtain the following:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \langle k \rangle_t &= \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=0}^k k \frac{dP(k,h,t)}{dt} \\ &= \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^{k-1} k \frac{dP(k,h,t)}{dt} + \sum_{k=1}^{\infty} k \frac{dP(k,0,t)}{dt} + \sum_{k=1}^{\infty} k \frac{dP(k,k,t)}{dt} \\ &= \beta \sum_{k=1}^{\infty} \sum_{h=1}^k h P(k,h,t) \\ &= \beta \langle h \rangle_t. \end{aligned}$$



Figure 3: Temporal development of expected numbers of infective sites  $\langle h \rangle_t$  and infected sites  $\langle k \rangle_t$ . (a)  $\beta > \gamma$ ; (b)  $\beta = \gamma$ ; (c)  $\beta < \gamma$ .



Figure 4: Parameter dependence of the saturated value of  $\langle k \rangle_t$ ,  $\langle k \rangle_{t \to \infty}$ . (a)  $\beta$ -dependence,  $\gamma$ =0.5; (b)  $\gamma$ -dependence,  $\beta$ =0.5.

With (25), we can solve this differential equation and get the following (Fig. 3):

$$\langle k \rangle_t = \frac{\beta}{\beta - \gamma} \{ e^{(\beta - \gamma)t} - 1 \} + 1, \qquad (28)$$

where we used the initial condition (12) for (27) so that  $\langle k \rangle_0 = 1$ . There is another derivation of the explicit form (28) of  $\langle k \rangle_t$  with the p.g.f. (23), making use of the following relation between f(x, y, t) and  $\langle k \rangle_t$ , the same as in case of  $\langle h \rangle_t$ :

$$\langle k \rangle_t = \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{(1,1,t)}.$$
 (29)

Now, we consider the saturated value of  $\langle k \rangle_t$ . From (28), for  $\beta \geq \gamma$  when the infection rate is not less than the recovery rate, the value becomes positively infinite. On the other hand, for  $\beta < \gamma$  when the recovery rate is greater than the infection rate, the saturated value is as follows (Fig. 4):

$$\langle k \rangle_{t \to \infty} = \frac{\gamma}{\gamma - \beta} \tag{30}$$

#### 2.4 Expected infected range

Since, from (16),

$$\overline{r}_t = \left(\frac{\langle k \rangle_t}{2}\right)^{1/d},\tag{31}$$

making use of (28), we can consider how the expected infected range  $\overline{r}_t$  depends on the fractal dimension d for the distribution of susceptible sites. For  $0 < \beta/\gamma < 1/2$ , when the recovery rate is sufficiently greater than the infection rate, the expected infected range  $\overline{r}_t$  gets larger as d is larger (Fig. 5(a)). This means that the infected range is expected to become wider as the susceptible sites are more uniformly distributed. In contrast, for  $\beta/\gamma \ge 1/2$ , the expected infected range gets smaller as d is larger (Fig. 5(b-d)). In this case, the infected range is expected to be narrower as the susceptible sites are more uniformly distributed. Therefore, in our model, only if the infection rate is smaller than half of the recovery rate, the more uniform distribution of susceptible sites causes the wider expected infected range (Fig. 6).

Now, we consider the saturated value of expected infected range as  $t \to \infty$ . From (28) and (31), for  $\beta > \gamma$  when the infection rate is greater than the recovery rate, the value becomes positively infinite as  $t \to \infty$  (Fig. 5(c, d)). On the other hand, for  $\beta < \gamma$  when the recovery rate is greater than the infection rate, it is saturated to the following value as  $t \to \infty$  (Fig. 5(a, b)):

$$\overline{r}_{t \to \infty} = \left(\frac{\langle k \rangle_{t \to \infty}}{2}\right)^{1/d} \\ = \left(\frac{1}{2} \cdot \frac{\gamma}{\gamma - \beta}\right)^{1/d}.$$
(32)

#### 2.5 Expected expansion velocity of infected range

When  $\beta/\gamma \leq 1$ , that is, when the recovery rate is not less than the infection rate, the expected velocity  $\overline{V}_t$  given by (17) monotonically decreases in time (Fig. 7(a)).

When  $1 < \beta/\gamma < d$ , that is, when the infection rate is greater than the recovery rate and small enough so as for  $\beta/\gamma$  to be less than d, the expected velocity  $\overline{V}_t$  decreases in the earlier period and then turns to increase monotonically (Fig. 7(b)). We denote by  $t_c$  the time when the expected velocity turns from decreasing to increasing. From (17), we can get the following:

$$t_c = \frac{1}{\beta - \gamma} \ln \frac{\gamma}{\beta} d \tag{33}$$

From (25), (28) and (33), we can obtain  $\langle h \rangle_{t_c}$  and  $\langle k \rangle_{t_c}$  as follows:

$$\langle h \rangle_{t_c} = \frac{\gamma}{\beta} d$$



Figure 5: Temporal development of the expected infected range. (a)  $0 < \beta/\gamma < 1/2$ , calculated for  $\beta = 0.3$  and  $\gamma = 0.8$ ; (b)  $1/2 \leq \beta/\gamma \leq 1$ , calculated for  $\beta = 0.3$  and  $\gamma = 0.5$ ; (c)  $1 < \beta/\gamma < d$ , calculated for  $\beta = 0.55$  and  $\gamma = 0.5$ ; (d)  $\beta/\gamma \geq d$ , calculated for  $\beta = 0.55$  and  $\gamma = 0.5$ .



Figure 6: d-dependence of the saturated value of expected infected range. (a)  $0 < \beta/\gamma < 1/2$ , calculated for  $\beta = 0.3$  and  $\gamma = 0.8$ ; (b)  $\beta/\gamma \ge 1/2$ , calculated for  $\beta = 0.3$  and  $\gamma = 0.5$ .



Figure 7: Temporal development of the expected expansion velocity of infected range. (a)  $0 < \beta/\gamma \leq 1$ , calculated for  $\beta = 0.3$  and  $\gamma = 0.5$ ; (b)  $1 < \beta/\gamma < d$ , calculated for  $\beta = 0.5$  and  $\gamma = 0.4$ ; (c)  $\beta/\gamma \geq d$ , calculated for  $\beta = 0.5$  and  $\gamma = 0.4$ .

$$\langle k \rangle_{t_c} = \frac{\gamma(d-1)}{\beta-\gamma}$$

When  $\beta/\gamma \geq d$ , that is, when the infection rate is sufficiently greater than the recovery rate, the expected velocity  $\overline{V}_t$  monotonically increases in time (Fig. 7(c)).

Now, we can see how the expected velocity  $\overline{V}_t$  depends on the fractal dimension d of the distribution of susceptible sites. The expected velocity gets smaller as d is larger (Fig. 7(a-c)) for any value of  $\beta/\gamma$ . Therefore, in our model, the more uniform distribution of susceptible sites causes the slower expansion of infected range.

#### 2.6 Probability of termination of infection

We denote by  $P_{h=0}$  the probability of termination of infection (Fig. 8). Once an infective site disappears in space because of the recovery, the infection can no longer continue and restart. If the infection terminates at time t, the epidemic state at time  $t - \Delta t$  should be with only one infective site for sufficiently small  $\Delta t$ , and it should recover during  $\Delta t$  without causing any new infection. When the number of infected sites is k, from (2) and (3), the probability is given by:

$$P(k,1,t)[1 - \beta\Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [\gamma\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)]$$
  
=  $\gamma P(k,1,t)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$  (34)

Therefore, the probability of termination of infection between  $t - \Delta t$  and t is given by the sum of (34) over any possible k. Hence, we can lastly derive the following definition for the probability of termination of infection (Fig. 8):

$$P_{h=0} = \int_0^\infty \gamma \sum_{k=1}^\infty P(k, 1, t) dt$$
  
$$= \int_0^\infty \gamma \cdot \frac{\partial f}{\partial y} \Big|_{x=1, y=0} dt$$
  
$$= \int_0^\infty \gamma \cdot \frac{e^{-(\beta - \gamma)t} \{(\beta - \gamma)/\beta\}^2}{1 - e^{-(\beta - \gamma)t} \gamma/\beta} dt$$



Figure 8: Parameter dependence of the probability of termination of infection,  $P_{h=0}$ . (a)  $\beta$ -dependence; (b)  $\gamma$ -dependence.

$$= \min\{\frac{\gamma}{\beta}, 1\}. \tag{35}$$

The probability  $P_{h=0}$  is 1 for  $\beta \leq \gamma$  when the recovery rate is greater than the infection rate. This case is when the infection certainly terminates. When the infection rate is greater than the recovery rate, it is proportional to the recovery rate and inversely proportional to the infection rate (Fig. 8).

## 2.7 Expected time at the termination of infection

We denote by  $\langle t \rangle_{h=0}$  the expected time for the termination of infection. From the arguments in the previous section, we can give it as follows:

$$\langle t \rangle_{h=0} = \int_0^\infty t\gamma \sum_{k=1}^\infty P(k, 1, t) dt$$

$$= \begin{cases} +\infty & \text{if } \beta \ge \gamma; \\ \frac{1}{\beta} \ln \frac{\gamma}{\gamma - \beta} & \text{if } \beta < \gamma. \end{cases}$$

$$(36)$$

For  $\beta < \gamma$  when the recovery rate is greater than the infection rate, we can expect the infection terminates at a finite time  $\langle t \rangle_{h=0}$ . In this case, the expected time is longer as the infection rate is greater, and shorter as the recovery rate is greater (Fig. 9).

# 2.8 Expected number of infected sites at the termination of infection

We denote by  $\langle k \rangle_{h=0}$  the expected number of infected sites at the termination of infection.  $\int_0^\infty \gamma P(k, 1, t) dt$  is the probability that the number of infected sites is k at the moment of termination of infection. Therefore, we can get the



Figure 9: Parameter dependence of the expected time of termination of infection  $\langle t \rangle_{h=0}$ . (a)  $\beta$ -dependence; (b)  $\gamma$ -dependence.

following:

$$\langle k \rangle_{h=0} = \sum_{k=1}^{\infty} k \int_{0}^{\infty} \gamma P(k, 1, t) dt$$

$$= \gamma \int_{0}^{\infty} \sum_{k=1}^{\infty} k P(k, 1, t) dt$$

$$= \gamma \int_{0}^{\infty} \frac{\partial}{\partial y} \left( \frac{\partial f}{\partial x} \right) \Big|_{x=1, y=0} dt$$

$$= \gamma \int_{0}^{\infty} \frac{\partial}{\partial x} \left( \frac{\partial f}{\partial y} \Big|_{y=0} \right) \Big|_{x=1} dt$$

$$= \frac{\gamma}{\gamma - \beta}.$$

$$(37)$$

From (30) and (37), we can see that the expected number of infected sites at the moment of termination of infection,  $\langle k \rangle_{h=0}$  is identical to the saturated value of  $\langle k \rangle_t$ ,  $\langle k \rangle_{t\to\infty}$ . Therefore, we can get the following:

$$\langle k \rangle_{h=0} = \langle k \rangle_{t \to \infty}$$

Therefore,  $\langle k \rangle_{h=0}$  has the natures same as shown in Fig. 4 for  $\langle k \rangle_{t\to\infty}$ . Hence, the expected range at of termination of infection is also equal to the saturated range of  $\overline{r}_t$ ,  $\overline{r}_{t\to\infty}$ . From these correspondence, the saturated state indicates when the infection terminates.

## References

- [1] 重定南奈子, 1992. 「侵入と伝播の数理生態学」, UP Biology 92, 東京大学 出版会, 東京.
- [2] 品川嘉也, 瀬野裕美, 1992. 「医学・生物学とフラクタル解析」, 東京書籍, 東京.
- [3] 小川泰, 1989.「フラクタルとは何か」, 岩波書店, 東京.
- [4] Seno, H., 1993. Stochastic Model for Colony Dispersal. Anthropol. Sci. 101: 65-78.
- [5] Bailey, N. T. J., 1957. The Mathematical Theory of Epidemics, Charles Griffin & Co. Ltd., London.
- [6] Bartlett, M. S., 1960. Stochastic Population Models, Spottiswoode, Ballantyne & Co. Ltd., London.
- [7] Goel, N. S. and Richter-Dyn, N., 1974. Stochastic Models in Biology, Academic Press, New York.
- [8] Ludwing, D., 1974. Stochastic Population Theories: Lecture Notes in Biomathematics 3, Springer-Verlag, Berlin.
- [9] Shigesada, N. and Kawasaki, K., 1997. Biological Invasions: Theory and Practice, Oxford University Press, Oxford.

# Appendix A

With transition probabilities (6), (7) and (8) for possible transitions of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ , we can derive the following equation from the definition of P(k, h, t):

$$\begin{split} P(k,h,t+\Delta t) &= P(k,h,t) \cdot [1 - (\beta + \gamma)h\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \\ &+ P(k,h+1,t) \cdot [\gamma(h+1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \\ &+ P(k-1,h-1,t) \cdot [(h-1)\beta\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \\ &+ \sum_{l=2}^{\infty} P(k-l,h-l,t) \cdot o(\{\Delta t\}^2) \\ &+ \sum_{m=2}^{\infty} P(k,h+m,t) \cdot o(\{\Delta t\}^2) \\ &+ \sum_{l=1}^{k-1} \sum_{n=0}^{\infty} P(k-l,h+n,t) \cdot o(\{\Delta t\}^2), \end{split}$$

for  $k \ge 1, \ h \ge 0, \ k \ge h+1$ . Therefore, we can obtain the following:

$$\frac{P(k,h,t+\Delta t) - P(k,h,t)}{\Delta t} = P(k,h,t) \cdot \left[ -(\beta+\gamma)h + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \right] \\
+ P(k,h+1,t) \cdot \left[ \gamma(h+1) + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \right] \\
+ P(k-1,h-1,t) \cdot \left[ (h-1)\beta + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \right] \\
+ \sum_{l=2}^{\infty} P(k-l,h-l,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \\
+ \sum_{m=2}^{\infty} P(k,h+m,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \\
+ \sum_{l=1}^{\infty} P(k-l,h+n,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t}.$$
(38)

As  $\Delta t \to 0$  for (38), we can get the differential equation (9).

## Appendix B

In order to determine the probability P(k, 0, t), we consider the following transitions of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$  as in case of P(k, h, t).

- $(k, 0, t) \rightarrow (k, 0, t + \Delta t)$ : In this case, since there is no infective site at time t, neither infection nor recovery occurs during time period  $\Delta t$ , that is, the epidemic state never changes. Therefore, the transition probability is 1.
- $(k, 1, t) \rightarrow (k, 0, t + \Delta t)$ : In this case, only one recovery occurs during time period  $\Delta t$  with no change of the number of infected sites, when any new infection does not occur. Therefore, from (2) and (3), the transition probability is given by

$$[1 - \beta \Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] = \gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$$
(39)

- $(k, m, t) \rightarrow (k, 0, t + \Delta t)$   $(m \ge 2)$ : In this case, only recovery occurs m times without any infection during  $\Delta t$ . Since more than one recovery occur during  $\Delta t$ , the transition probability is  $o({\{\Delta t\}}^2)$ .
- $(k-l, n, t) \rightarrow (k, 0, t + \Delta t)$   $(n \ge 0; 1 \le l \le k-1)$ : In this case, infection and recovery occur l and n+l times respectively during  $\Delta t$ . Since more than one infection and recovery occur during  $\Delta t$ , the transition probability is again  $o({\{\Delta t\}}^2)$ .

For these possible transitions of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ , from the definition of P(k, 0, t), we can derive the following equation:

$$\begin{split} P(k,0,t+\Delta t) &= P(k,0,t) \cdot 1 \\ &+ P(k,1,t) \cdot [\gamma \Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \\ &+ \sum_{m=2}^{\infty} P(k,m,t) \cdot o(\{\Delta t\}^2) \\ &+ \sum_{l=1}^{k-1} \sum_{n=0}^{\infty} P(k-l,n,t) \cdot o(\{\Delta t\}^2) \end{split}$$

for  $k \ge 1$ . Therefore, we can obtain the following:

$$\frac{P(k,0,t+\Delta t) - P(k,0,t)}{\Delta t} = P(k,1,t) \cdot \left[\gamma + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t}\right] + \sum_{m=2}^{\infty} P(k,m,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} + \sum_{l=1}^{k-1} \sum_{n=0}^{\infty} P(k-l,n,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t}.$$
 (40)

As  $\Delta t \to 0$  for (40), we can get the differential equation (10) for P(k, 0, t).

# Appendix C

In order to determine the probability P(k, k, t), we consider the transition of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ .

 $(k, k, t) \rightarrow (k, k, t + \Delta t)$ : In this case, since there is no change of the number of infected sites and infective ones, neither infection nor recovery occurs during time period  $\Delta t$ . Therefore, from (2) and (5), the transition probability is given by

$$[1 - \beta k \Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [1 - \gamma k \Delta t - o(\{\Delta t\}^2)]$$
  
= 1 - (\beta + \gamma)k \Delta t + o(\{\Delta t\}^2). (41)

 $(k-1, k-1, t) \rightarrow (k, k, t + \Delta t)$ : In this case, only one infection occurs without any recovery during time period  $\Delta t$ . Therefore, from (1) and (5), the transition probability is given by

$$[\beta(k-1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] \cdot [1 - \gamma(k-1)\Delta t - o(\{\Delta t\}^2)] = \beta(k-1)\Delta t + o(\{\Delta t\}^2).$$
(42)

 $(k-l, k-n, t) \rightarrow (k, k, t + \Delta t)$   $(l \ge 2; n \ge 2; n \ge l)$ : In this case, infection and recovery occur l and n-l times respectively during time period  $\Delta t$ . Since more than one infection and recovery occur during  $\Delta t$ , the transition probability is  $o({\Delta t})^2$ ).

For these possible transitions of state in sufficiently small time interval  $(t, t + \Delta t]$ , with the definition of P(k, k, t), (41) and (42), we can derive the following equation:

$$P(k, k, t + \Delta t) = P(k, k, t) \cdot [1 - (\beta + \gamma)k\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] + P(k - 1, k - 1, t) \cdot [(k - 1)\beta\Delta t + o(\{\Delta t\}^2)] + \sum_{l=2}^{\infty} P(k - l, h - l, t) \cdot o(\{\Delta t\}^2)$$

for  $k \ge 1$ . Therefore, we can obtain the following:

$$\begin{aligned} \frac{P(k,k,t+\Delta t) - P(k,k,t)}{\Delta t} &= P(k,k,t) \cdot \left[ -(\beta + \gamma)k + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \right] \\ &+ P(k-1,k-1,t) \cdot \left[ (k-1)\beta + \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t} \right] \end{aligned}$$

$$+\sum_{l=2}^{\infty} P(k-l,h-l,t) \cdot \frac{o(\{\Delta t\}^2)}{\Delta t}.$$
 (43)

As  $\Delta t \to 0$  for (43), we can get the differential equation (11) for P(k,k,t).