

COVIVIS(コビビス, COVID-19 Virus – infection surveillance tools)は 総合研究大学院大学・統合進化科学研究センター(教授・佐々木顕)が開発・提供する 環境水中のウイルス濃度から流域の感染者数を推定する解析手法 およびウェブツールの総称です。

このPowerPointファイルまたはその一部について、COVIVISユーザー様が自由に 転載し、報告書やプレゼンにご使用頂くことができます.

ver.1.41 updated! 2024.4.15.

COVIVIS解析ツール Rコード

GitHubにて 公開中

) Product ∽ Solutions ∽ Open So	urce 🗸 Pricing	(Q Search or jump to	. 🧷 Sign in Sign up		
aoi-phage / COVIVIS Public			🗘 Notific	eations 😵 Fork 0 🛱 Star 0 👻		
> Code () Issues () Pull requests) Security 🗠 Insights				
💱 main 👻 🐉 1 Branch 🚫 0 Tags		Q Go to file	<> Code •	About		
1 aoi-phage Update README.md		4885236 · 2 weeks as	go 🕚 23 Commits	No description, website, or topics provided.		
COVIVIS-Functions.R	Rename COVIVISFunction	. 2 weeks ago	C Readme			
	Initial commit		2 weeks ago	কা GPL-3.0 license -∕r Activity		
README.md	ADME.md Update README.md 2 weeks ago			☆ 0 stars		
다 README 전 GPL-3.0 license			E	 1 watching 0 forks Report repository 		
COVIVIS functions	on R			Releases		
화 license GPL 3.0 GR COVIVIS v1.0				No releases published		
Overview				Packages		
<u>COVIVIS</u> is an online tool that predicts the number of infectious from time-series data of the virus concentrations in waste water. It is developed and provided by Pf. Akira Sasaki at RCIES, SOKENDAI. This script provides functions for estimating and predicting the number of disease cases, and it is integrated into COVIVIS. The				Languages		
simulation results may not perfectly match the output from COVIVIS due to the use of random numbers and updates in parameters, but they are qualitatively identical. In addition, codes for data format are not included.				• R 100.0%		
Functions						
find me from sd(m.sd)						



https://github.com/aoi-phage/COVIVIS

COVIVISの元となったR(統計ソフト) コードでの解析手法をGitHubにて掲 載しております.オープンソースとし て誰でもご利用頂けます.まずはそ ちらをご参照ください.

COVIVIS解析ツール ウェブアプリ版





https://covivis.soken.ac.jp

2024年4月からβ版を限定公開

- NIJIs (New Integrated Japanese Sewage Investigation for COVID-19)
- ・RCIES(総研大統合進化科学研究コース)

COVIVIS解析ツールの目的

ウイルス濃度データ 双方のデータが十分にある期間 に依存する期間 ※架空のデモ用データ使用 1000000 100000 下水中 ウイルス濃度 10000 1000 100000 10000 流域の ここを 疫学データ 1000 予測したい 100 20125122 12/25/22 22/25/22 1/25/23 2125123 time 10 1/1/22 2/1/22 3/1/22 4/1/22 5/1/22 8/1/22 9/1/22 10/1/22 6/1/22 モデルのパラメータ推定に使える期間 モデル予測する期間

COVIVIS解析ツールとは?

COVIVIS解析ツールでは以下のことを行います.

- 1. 過去のある期間における、<u>下水中ウイルス濃度</u>とその流 域の<u>感染報告数</u>を基に、双方の数値を変換できる数理モ デルのパラメータを推定する.
- 2. さらにこのモデルに、<u>推定したパラメータ</u>と予測したい 期間の<u>下水中ウイルス濃度</u>を入力し、その期間の<mark>発症者</mark> 数の予測を行う.

パラメータ推定と発症者数予測とは?



COVIVIS では、 パラメータ推定と 発症者数予測の 2つの計算フォーム

パラメータ推定と 発症者数予測の解析 結果を**保存と共有** パラメータ推定と発症者数予測とは?



パラメータ推定と発症者数予測とは?





多くの下処理が必要

- ・移動平均や欠損日の補間
- ・1週間の集計データを日次データに変換
- ・報告日データから発症日データを推定

入力データ

- ・.csvもしくは.tsvのファイル入力 とコピー&ペーストのテキスト入力 (ExcelでOK)
- ・日付データと数値データの2カラム
- 1行目や1列目に項目名などが
 入っていても自動で除去
- ・ウイルス濃度と疫学データの 日付が一致していなくても自動で処理

※詳しくは操作マニュアル参照

下水中ウイルス濃度



疫学データ

	••	E 日 い・び =
7	ホーム 挿	入 ページ レイアウト
~	-⊼⊦ ≪	 游ゴシック (本文) B I <u>U</u> マ 「」
D2	3 🔺	$\times \checkmark f_x$
1	A	B C
1	date	reported_demo
2	2022/1/1	8
3	2022/1/2	12
4	2022/1/3	17
5	2022/1/4	19
6	2022/1/5	23
7	2022/1/6	27
8	2022/1/7	74
9	2022/1/8	131
10	2022/1/9	458
11	2022/1/10	234
12	2022/1/11	233
13	2022/1/12	175
14	2022/1/13	191
15	2022/1/14	403
16	2022/1/15	841
17	2022/1/16	959
18	2022/1/17	1294
19	2022/1/18	1125
20	2022/1/19	1092
21	2022/1/20	2081
22	2022/1/21	838
23	2022/1/22	2015
24	2022/1/23	2812
25	2022/1/24	4752
26	2022/1/25	2409
27	2022/1/26	3141
28	2022/1/27	3761
29	2022/1/28	4280
30	2022/1/29	8272
1	▶ est	imation-reported-data

COVIVIS解析ツールでの実際の画像出力

パラメータ推定

発症者数予測



モデル予測発症者数の出力結果の一例

モデル予測発症者数



× 補間後報告数

95%信頼区間

モデル予測された曲線が 95% 収まる信頼区間

95%予測区間 基になったデータのプロット が95% 収まる予測区間

95

COVIVIS操作マニュアル (※解らないことがある時にみる)

手順1. ログインする

手順2. モデルパラメータの推定

手順 3. モデルパラメータ推定結果の確認・保存

手順4.発症者数の予測

手順 5. 発症者数予測結果の確認・保存

手順 6. 保存結果の読み出し・編集・削除

手順1. COVIVIS解析ツールへのログイン

はじめにログインフォームが出ます.



ログイン用メールアドレスと パスワードを入力してください.

アカウント発行はCOVIVIS運営まで メールでご連絡ください.

covivis@ml.soken.ac.jp

地衛研、自治体、政府所轄機関、大学等の教育機関を中心に、利用者を募っております.アカウント発行の審査基準はCOVIVIS基本方針をご参照ください.

手順 2-1~2-2. 推定モデルの選択

※これら図は解析ツールでは非表示です

・「疫学モデル(推奨)」と「回帰モデル」のどちらかを選択します.



線形回帰モデル



実データを基にした発症者数とウイルス濃度の関係 を両対数プロットした散布図. これを直線で回帰し、 その傾き(b)と切片(a)をパラメータとして推定する. 手順 2-3. 実測ウイルス濃度データ(fitting期間)の入力



モデルパラメータの推定 → をクリック



手順 2-3. 実測ウイルス濃度データ(fitting期間)の入力

パラメータ推定



・fitting期間実測ウイルス濃度データを入力します.

手順 2-3. 実測ウイルス濃度データ(fitting期間)の入力

パラメータ推定



- ・fitting期間実測ウイルス濃度データを入力します.
- ・ 推定に使うウイルス濃度の下限値を設定します.
 - → 下限値以下のデータは除去されます.

手順 2-4. 実測ウイルス濃度データ(fitting期間)に移動平均を適用

パラメータ推定



- ・fitting期間実測ウイルス濃度データを入力します.
- ・推定に使うウイルス濃度の下限値を設定します.
 → 下限値以下のデータは除去されます.
- 入力された実測ウイルス濃度データに移動平均を 適用するか選択できます。
 - → 適用しない、3項移動平均、5項移動平均
 - → 移動平均を掛けると両端のデータは消えます

手順 2-5. 疫学データ(fitting期間)を入力



・報告数データ(公表日ベース)の場合は、 陽性報告数タグから入力します.

・旧Her-sysなどの<mark>発症日データ</mark>がある場合は、 発症者数タグから入力してください. 手順 2-5. 疫学データ(fitting期間)を入力



・集計入力モードの選択

OFFの場合 → 入力データはそのまま入力され、データ間 のブランクは**線形補間**されます.

補足.集計入力モードOFFの場合



日付にブランクがある場合、集計入力 モードを切ると、入力データの間のブラ ンクを前後の数値で線形補間してブラン クを埋める入力となります.



手順 2-5. 疫学データ(fitting期間)を入力



・集計入力モードの選択

OFFの場合 → 入力データはそのまま入力され、データ間 のブランクは線形補間されます.

ONの場合

 →入力値を集計データとみなしてデータ後方
 (過去)のブランクを含む日数で均等割されます.
 →例えば1週間分の報告数をまとめた
 週次データは日次データ(1/7の値)に変換.
 →ブランクが等間隔のインターバルである必要はありません.

補足.集計入力モード ON の場合



日付にブランクがある場合、集計入力 モードを使うと、データのブランクを含 む日数で数値を均等割にし、直前のブラ ンクを埋める入力をすることができます.



手順 2-5. 疫学データ(fitting期間)を入力

パラメータ推定



 ・報告数→発症者数の逆進推定パラメータの入力
 → 感染者の発症日から報告日への遅れ平均日数と その標準偏差を入力します。

ワイブル分布に従って逆進推定を行い、 発症者数の時系列データが生成されます. 補足.ワイブル分布を用いた逆進推定

公表日ベースの報告数データから発症日ベースの疫学データを 得るために、**ワイブル分布**を用いた**逆進推定**を行います.

発症から報告までの**遅れ平均日数**と**標準偏差**を逆進推定パラ メータとして、そのワイブル分布の確率密度に従うモンテカル ロシミュレーションを行い、報告数を逆進方向へばらします.

連続したデータの場合、遅れ平均日数分だけプロットが逆進方 向に並行移動して見えます.孤立した報告数データでは、逆進 推定発症者数が(左右反転した)ワイブル分布の形状となります.



遅れ平均日数(標準偏差) 3.2 (2.7)



補足. 遅れ平均日数の算出について

右はエクセルで下処理する場合の一例です。

発症日(B列)から公表日(C列)を引き算し、遅れ 日数(D列)を出します.

D列をコピー → 形式を選択してペースト → 数値 を選択して**昇降順に並べ替え**たものが**E列**です.

発症日が「調査中」や「空欄」の場合は下部に "#VALUE!"として弾かれ、上部に数値だけが昇降 順に並びます.さらに、マイナスの数値や明らか に大きな**外れ値**は使用範囲から外します.

平均値と標準偏差の関数を使い、その引数として 遅れ日数(E列)の適切な数値のみ範囲指定します.

オープンデータを用いて遅れ日数(**E列**)を0~100 の範囲で集計した例が次のスライドになります.

\sim	А	В	С	D	E	F
1	No	公表_年月日	発症_年月日	遅れ日数	sorted	_
2	888779	9月4日	調査中	#VALUE!	1	
3	888780	9月4日	調査中	#VALUE!	1	
4	888781	9月4日	調査中	#VALUE!	1	
5	888782	9月4日	9月3日	1	1	
6	888783	9月4日	9月2日	2	1	
7	888784	9月4日	9月3日	1	1	
8	888785	9月4日	9月3日	1	1	
9	888786	9月4日	9月3日	1	2	
10	888787	9月5日	調査中	#VALUE!	2	
11	888788	9月5日	調査中	#VALUE!	2	
12	888789	9月5日	調査中	#VALUE!	2	
13	888790	9月5日	9月2日	3	2	
14	888791	9月5日	9月4日	1	2	
15	888792	9月5日	9月2日	3	3	
16	888793	9月5日	9月3日	2	3	
17	888794	9月5日	9月1日	4	3	
18	888795	9月6日	8月27日	10	4	
19	888796	9月6日	9月5日	1	4	
20	888797	9月6日	9月4日	2	5	
21	888798	9月6日	調査中	#VALUE!	10	
22	888799	9月6日	8月22日	15	15	
23	888800	9月6日	9月2日	4	#VALUE!	
24	888801	9月6日	9月4日	2	#VALUE!	
25	888802	9月6日	9月1日	5	#VALUE!	
26	888803	9月6日	調査中	#VALUE!	#VALUE!	
27	888804	9月6日	9月5日	1	#VALUE!	
28	888805	9月6日	9月3日	3	#VALUE!	
29	888806	9月6日	9月4日	2	#VALUE!	
30	888807	9月6日	9月4日	2	#VALUE!	110
						110

補足.県ごとの遅れ平均日数と標準偏差

都県のオープンデータを基にした流行波ごとの遅れ平均日数(標準偏差日数)



第3波 2020-11-01 ~ 2021-02-28 第4波 2021-03-01 ~ 2021-06-30 第5波 2021-07-01 ~ 2021-12-31 第6波 2022-01-01 ~ 2022-06-30 第7波 2022-07-01 ~ 2022-09-30 第8波 2022-10-01 ~

県や流行波ごとに固有の遅れ日数となっております. 波を追うごとに遅れ日数が縮小する傾向はありますが、 全国的な標準値があるわけではないようです.

補足. 逆進推定発症者数データの末端の扱い

≒ 6日分の右側末尾データを除外



逆進推定の原理上、データの新しい側の末端では、 発症者数を**正確に推定できません**.

(まだ報告されていない発症者が多くなるため)

左図のように、右端のデータ領域(橙色部分)は明ら かに**少ない値**となっており、正しく逆進推定されて いる発症者数のデータ領域は全体的に報告数のおお よそ真左にずれています.

COVIVISでは、この右側末尾は自動的に除外されま すのでご注意ください.除外範囲は「遅れ平均+標 準偏差の2倍」を整数で繰り上げた日数となります.

ウイルス濃度データが除外範囲にならないように、 **報告数データは長い目**に入力してしてください.

一方、逆進推定発症者数データの**左側末端(最も過 去)**は、**報告数データの先頭日**を境に除外されます.

手順 2-6~3-1. モデルパラメータ推定の実行



手順 2-6~3-1. モデルパラメータ推定の実行



・ウイルス濃度と発症者数を最もフィッティング させるモデルパラメータを推定します.

合わせて出力されます.

 逆進推定発症者数
 報告数をワイブル分布に従って 逆進させたもの
 レパラメータ
 ・ウイルス濃度と推定したモデルパラメータから モデル予測された発症者数の時系列データも



発症者数の予測→ をクリック





・推定と同じモデルを選択し、 モデルパラメータを入力します.





・推定と同じモデルを選択し、 モデルパラメータを入力します.

- ・実測ウイルス濃度データを入力し、 ウイルス濃度下限値、移動平均の設定をします.
- ・モデル予測発症者数(予測期間)を出力します.



・推定と同じモデルを選択し、 モデルパラメータを入力します.

- ・実測ウイルス濃度データを入力し、 ウイルス濃度下限値、移動平均の設定をします.
- ・モデル予測発症者数(予測期間)を出力します.
- ・モデル予測と実際の発症者数を比較したい時は、 追加で予測期間報告数/発症者数データを入力可能.

(※詳細は手順2を参照)

補足.報告数データの扱いについて

上記のように、COVIVISでは採水日ベースの下 水中ウイルス濃度データと<mark>発症日</mark>ベースの疫 学データをフィッティングします.



COVIVISでは、報告数データに発症日から公表 日までの<mark>遅れ平均日数</mark>とその標準偏差を設定 することで、その地域、その流行時期ごとの 発症日ベースの疫学データとして解析に使用 することができます. 感染者数に関連する日付は多く、定義が曖昧 なデータも散見されます.使用する疫学デー タの日付が何を指し示しているのかご留意く ださい.ほとんどの疫学データは、公表日を ベースに陽性報告数を集計しています.

旧Her-sys等のデータを利用する際には、発症 日で集計したデータが十分なサンプルサイズ であれば、発症日データを**直接入力**すれば良 いです.操作マニュアル2-5)参照

ただし、旧Her-sysにおいて発症日が判明して いるデータは全体の半分程度です.期間に よっては発症日がほぼ空欄の場合もあります. また、定点報告データには発症日の属性デー タはありません.

これらの場合、報告数データから発症日を逆 進推定する必要があります。

補足.全数データと定点データについて

	2022	.9. 2023	.5.	
	全数報告期間		定点報告	のみ
入力 (fitting用)	全数 データ	データが 混在	定点 合計	定点 あたり
出力 (予測結果)	全数 データ	\mathbf{x}	定点 合計	定点 あたり
		データ期間		現在

データの時期によって全数報告 か定点報告か種類が異なります.

COVIVISでは、**どのデータの種類 でも使用可能**です.同じように 入力してください.

ただし、全数データで推定した モデルパラメータで予測すると、 全数換算での発症者数が出ます. 定点あたりデータで推定したパ ラメータでは定点あたり換算の 発症者数の予測となります.

また、**全数期間と定点期間を跨 ぐデータ**を使用する場合はデー タの統一か変換が必要 Q.13, Q.14を参照 補足. 週次集計の定点データの扱い

_									
	定点	氯報告数			定点	氣報告数		定点	氯報告数
実際の日次データ				公司	長デ ータ		集計	入力モ-	
	月曜日	70			月曜日			月曜日	10
	火曜日	90			火曜日			火曜日	10
_	水曜日	100			水曜日	1 \		水曜日	10
	木曜日	110	E	付を	木曜日	上近	到間分	木曜日	100
	金曜日	130	付	1+麸ラ	金曜日	を比	习等割	金曜日	100
	土曜日	110	L.)	り日へ	土曜日			土曜日	100
	日曜日	90		報告日	日曜日	700		日曜日	100
	月曜日				月曜日			月曜日	
	火曜日				火曜日			火曜日	
	水曜日			公表日	水曜日	700		水曜日	
	木曜日				木曜日			木曜日	
	金曜日				金曜日			金曜日	
	土曜日				土曜日			土曜日	
	日曜日	1週間の	合言	十数が	日曜日			日曜日	
	> 次	ての週に分	、表	される					

定点報告データは、公表日の前の 週の1週間分の報告数の合計と なっています.(これをここでは週 次集計データと呼びます)

つまり公表日ベースでは数日以上 遅れた日付として紐づいています. そのため、週次集計データの報告 日の代表日として公表日の前の週 の最終日(日曜日)の日付に付け直し てデータを整理してください.

このような日付設定をしておくと、 **集計入力モード**(操作マニュアル手 順2-5参照)が正しく処理されます.