

令和 2 年 6 月 30 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16K05507

研究課題名(和文) マスター方程式によるネットワーク上の感染症ダイナミクスの解析

研究課題名(英文) Master equations for epidemic dynamics in networks

研究代表者

根本 幸児 (Nemoto, Koji)

北海道大学・理学研究院・教授

研究者番号：60202248

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,500,000円

研究成果の概要(和文)：レギュラーランダムグラフ上でSWIR感染モデルの有限シード(初期感染者)比率からの振る舞いをAME(近似マスター方程式)の数値解析から分析し二つの臨界感染率の存在を明らかにした。また、レギュラーランダムとスケールフリーネットワーク上のSIR感染モデルに隔離対策を導入したモデルを提示し、ランダムワクチン対策に対する優位性を解明した。さらにSISモデルの拡張であるSWIS, SWSIS両モデルを統一的に取り扱い、有限シード比率を変化させて現れる連続相転移と不連続相転移のメカニズムを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ネットワーク上の感染症ダイナミクス解析手法であるAMEの拡張と様々なモデル計算においてその相転移メカニズムの解明に資する手法の有効性が明らかになり、より正確な感染症ダイナミクスの把握や効果的な隔離対策の有用性を示す解析・研究につながることを期待され、昨今の新型コロナウイルス対策のための数理モデルに対する知見となりうる成果である。合わせて非平衡統計物理学へのフィードバックとして手法の応用を考えることも可能となる。

研究成果の概要(英文)：The behavior of the SWIR infection model with finite seed ratio (initially infected person) was analyzed on a regular random graph by numerical analysis of AME (approximate master equation), and the existence of two critical infection rates was clarified. In addition, a model that introduced quarantine measures to the SIR infection model on regular random and scale-free networks is proposed, and the superiority to random vaccine measures is clarified. Furthermore, both SWIS and SWSIS models, which are extensions of the SIS model, are examined in a unified manner, and the mechanism of continuous phase transition and discontinuous phase transition that appear in the finite seed ratio variation is clarified.

研究分野：統計物理学

キーワード：相転移 感染症ダイナミクス ネットワーク科学

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

近年、新型インフルエンザやエボラ出血熱の話題がメディアに大きく取り上げられている。新興感染症は現代社会における脅威の一つである。その動態把握と有効な対策法の提案が要請される。感染症が人と人の接触を通じて拡がる時、人の繋がり方が感染症の動態把握に重要な要素となる。人の繋がりははじめ、インターネットや WWW、食物網、航空網といった現実世界の様々な場面に登場するネットワーク(グラフ)は複雑ネットワークと総称され、研究が 2000 年前後より活発に行われていた。感染症ダイナミクスについてはネットワーク研究以前より疫学分野の研究があるものの、近年の複雑ネットワークの研究は現実ネットワークの持つスケールフリー性やスモールワールド性といった特徴が感染症ダイナミクスにも多大な及ぼすことを明らかにしてきた。しかし、当初の複雑ネットワーク上の感染症モデル研究には以下の問題点があった。

(1) 現実的な設定の感染症の記述について

複雑ネットワークの感染症解析は heterogeneous mean field (HMF) 近似が用いられていた。HMF 近似ではネットワーク上の感染症ダイナミクスを次数の情報のみを残した平均場近似が行われていた。しかし、近年 HMF 近似は定量的にも定性的にも複雑ネットワーク上の感染症ダイナミクスを正しく捉えていないことが指摘された。最近、approximate master equations (AME) 法が提案された。HMF 近似に比べ隣接頂点の情報まで考慮して、計算機シミュレーションとも良い一致を示す。ただし、現時点では AME 近似は最も単純な設定の場合の解析に限られている。一方、空間構造のない場合だと微分方程式による取り扱いが可能となり、時間遅れのある場合など多様な条件を持つ感染症ダイナミクスが疫学・数理生物学分野で調べられていたが、この二分野の研究を融合させる試みは充分ではなかった。

(2) コミュニティ・ネットワーク上の感染症の記述

人間の繋がりネットワークはコミュニティ構造を持つ。コミュニティ構造とは階層的にサブネットワークに分類できるようなネットワーク構造であるが、様々なスケールにわたる感染症ダイナミクスを知るには、コミュニティ・ネットワークにおける感染症の解析が必要不可欠となる。コミュニティ・ネットワーク上の感染症研究には、メタポピュレーションモデルが使われていた。しかし、メタポピュレーションモデルは普通のネットワーク上の感染症モデル(SIR モデルや SIS モデル)とは数理モデルのルールが異なり、コミュニティ構造が感染症ダイナミクスに与える影響を理解するのが難しかった。限定的な解析を除けば、コミュニティ・ネットワーク上の感染症モデルを記述する理論は充分とはいえなかった。

(3) ボトムアップな感染症対策について

ネットワークの知識を活かした感染症に対するワクチン対策の研究は複雑ネットワーク分野で数多く研究されていた。例えば感染症を防ぐ有効な戦略として次数の大きい頂点から順にワクチンを与える戦略のように、ネットワークにおいて重要度の高い頂点からランク付けしてワクチンを配布する戦略が考案されていた。こちらがネットワークの知識を有し、重要度の高い頂点を定め、スケジュールに則って確実にワクチンを与えるという点で、提案されたワクチン戦略のほとんどはトップダウン型と言える。しかし、実際の人間社会のネットワークを想定した場合、各頂点が意味するものは意志を持った人間である。1970 年代に蟻田功氏が指揮した WHO の天然痘根絶作戦の例が示唆するように、実際には個人の自発的な行動に基づく、ボトムアップ型の感染症対策を検討する必要があった。単純な個人の行動はゲーム理論の数理モデルが広く用いられ、複雑ネットワーク研究でもゲーム理論に基づいたワクチン対策の研究は皆無ではないが、今のところほぼモデル上の現象の分類学に留まっていた。

2. 研究の目的

(1) ネットワーク上の感染症の解析理論の展開：

複雑ネットワーク分野では最近先に述べた AME 法が提案されており、これはネットワーク上の感染症ダイナミクスを次数の情報のみを残した連立微分方程式に近似するにもかかわらず、計算機シミュレーションと良い一致を示す。そこで本研究では

疫学・数理生物学分野の先行理論を AME 法に組み込み、時間遅れや年齢構造など各種の状況を取り込める計算手法を開発する。

手法の有効性を計算機シミュレーションにより検証する。

様々なネットワークの複雑さと時間遅れの効果が感染症ダイナミクスにどのような影響を与えるのかを解析的に調べる。

ことにより様々な条件における感染症動態の定性的な理解へ繋げる。

(2) コミュニティ構造のあるネットワーク上の感染症ダイナミクスの解析：

ネットワーク情報から抽出したコミュニティ構造上の感染症ダイナミクスを立式する。

いくつかのネットワークに適用しコミュニティ構造の影響を解明する。

(3) 動的な感染症対策の立案：

感染症がネットワークに入りこむ「前」に予めワクチンを配布することを前提とする多くの既

存研究とは異なる、感染症がネットワークに入りこんだ「後」に個々が発動する類の感染症対策のモデルを立案する。

感染症ダイナミクスと同時に動く、感染症対策のダイナミクスを取り組むモデルを構築する。

上記の解析理論や計算機シミュレーションなどを用いてその有効性を検証する。

ことを通じて動的な感染症対策の可能性を追究する。

3. 研究の方法

(1) 近似マスター方程式 (approximate master equations; AME) の大規模計算手法の開発：
たとえば SIS モデルの AME 法は S, I 各状態に対してそれぞれ次数 k と隣接する l のノード数 m によってラベルされた変数を割り当て、図のようなプロセスごとに方程式を構成し、それぞれの変化率もまたそれらの変数で与えているので方程式の規模が比較的大きくなる。我々はこの研究でコミュニティ構造や感染症対策の情報のラベルを導入することになるので、そのサイズはさらに大きくなり高速な計算手法が求められる。そこで汎用の微分方程式のアルゴリズムを調整し、この方法に特化した効率的なアルゴリズムを開発する。微分方程式は一階であるが、時間遅れの項を取り込むことができるような拡張性を担保しながら設計する。

(2) AME 法によるネットワーク構造の抽出：

SIS, SIR モデルのような感染症ダイナミクスでは、全体に対する感染者の比率だけでなく、それらがどのようなクラスター構造をネットワークにもっているかを知ることが重要であるが、その情報を抽出することはほとんどなされていない。AME 法にランダムネットワークの仮定を適用することによってパーコレーションの統計物理学手法を用いることができるようになり、感染症ダイナミクスの振る舞いを分析するうえで有用な手掛かりとなることが期待される。

そこで SIS, SIR 可能ならば SIRS や SSIR モデルなどの感染症ダイナミクス上でのクラスターサイズ分布を AME 法によって調べる。具体的には感染率の変化とともに期待される動的相転移の種類によって分布がどのような特徴をもった変化をするか調べ、感染症ダイナミクスとの関係を明らかにする。臨界点などでは当然その分布もスケールフリーとなると予想されるが、その臨界指数の振る舞いは我々がこれまで開発してきたスケールリングの手法が有効であると期待される。

(3) AME の拡張：

AME は手法として変数を丸抱えするという大胆な戦略をとっているが、それだけにその拡張性は高い。我々が計画している拡張の方向性は 感染から発症までに時間遅れがある場合 感染率が時間経過によって変化する場合 リンクが動的に変化する場合などである。これらの拡張を施したときそれぞれのネットワーク構造の特徴がダイナミクスに与える影響を調べる。

また、非常に重要な拡張として、次数相関を取り入れた変数の導入がある。これは とも関連するが、ネットワークのクラスター構造を取り入れる、あるいは自発的に (共進化の形で) 構造が形成される場合の解析には非常に強力な手法となる。

(4) コミュニティ構造のあるネットワーク上の感染症ダイナミクスの記述：

与えられたネットワーク構造からモジュラリティや最小カット、スペクトル法などを用いてコミュニティ構造を抽出する手法はすでに多く開発されている。我々はそれらのいくつかを用いて、AME 変数にその構造を取り込みそのダイナミクスを記述する。例えばコミュニティのラベルを状態変数に加えて拡張し、コミュニティ内外の感染率を制御するような拡張が考えられる。

一般に感染症ダイナミクスでみられる簡単なモデルでは感染率に対して連続相転移のような振る舞いを示すが、ヘテロジニアスなネットワークではしばしばヒステリシスをもつような爆発型相転移 (不連続相転移) がみられる。コミュニティ構造の特徴によるこのような相転移の有無を調べる。

(5) 感染症対策を動的に行うネットワークの記述：

感染症対策を行う個人をゲーム理論のプレイヤーとして取り込むモデルを提案し検証する。たとえば囚人のジレンマルールに基づいたワクチン防衛戦略をとる、あるいはグラフ内の感染者数に応じてワクチンを自発的に受け取る確率が増すという数理モデルなどが考えられる。それらの巨視的な振る舞いを考察するために、大規模数値計算によりネットワーク上のゲーム理論の相転移を数値評価する手法を確立する。そのような手法は非平衡統計力学では非平衡緩和法として確立しており、それを囚人のジレンマの非平衡相転移に適用し dynamic scaling から評価する方法などを検証する。これにより動的な感染症対策の有効性を系統的に調べる。

4. 研究成果

(1) 複数の感染源が引き起こす感染症の爆発的広がり

我々はレギュラーランダムグラフ上で susceptible-weakened-infected-removed (SWIR) 感染モデルの有限シード (初期感染者) 比率からの振る舞いについて調べた。モンテカルロシミュレーションと approximate master equation (AME) の数値計算の計算からこのモデルでは二つの臨

界感染率が存在することが明らかになった。最初は R ノードクラスターのパーコレーション転移であり、二番目はそのクラスターサイズのとびによる一次転移である。AME の結果によりこのような転移はネットワークの次数が大きかつシード比率が小さいときに出現することがわかった。

(2) ネットワーク上の感染症における隔離対策の効果

我々はレギュラーランダムグラフと無相関スケールフリーネットワーク上の susceptible-infected-removed(SIR)モデルを用いて隔離対策がどの程度有効を調べた。ここでの隔離対策は感染者が発生したときある確率 f でその感染者と隣接する感染者をネットワークから切り離すというものである。モンテカルロシミュレーションによりこの対策は事前にワクチンをランダムに配布する対策に比べて優位性を持つことがわかった。また SIR モデルに対し解析的に臨界感染率を導出し理論的にもその優位性を示すことができた。とくに、常に大流行が起こる fat-tailed なスケールフリーネットワークにおいてもわずかに f の値が入るだけである程度大流行を防ぐことが可能であることが明らかになった。また、実際のネットワーク上でもその優位性を示唆する数値的結果も得ることができた。

(3) 複雑な接触伝播モデルの初期状態依存性

感染モデルとしてよく知られているモデルの一つに susceptible-infected-susceptible(SIS)感染モデルがあるが、このモデルでは感染率に対して「死滅-蔓延」転移が連続転移であり、爆発的な感染症の広がりを説明することができない。そこでいくつかのその拡張モデルについて以下のような研究を行った。

レギュラーランダムグラフ上で SIS モデルの一つの拡張である susceptible-weakened-infected-susceptible(SWIS)感染モデルの振る舞いについて調べ、(1)転移点が初期感染者割合 i_0 に依存すること、(2) $i_0 > i_c$ なら連続転移、 $i_0 < i_c$ なら不連続転移になることを示した。まず、平均場方程式よりその転移の定性的なメカニズムを解析し、つぎにモンテカルロシミュレーションで実際にそのような振る舞いを引き起こすことを確かめた。さらに、対応する AME を用いて数値計算を行いそれがシミュレーションと合致する結果を示すこと、およびそこから転移の様子を表す相図を作ることに成功した。このような性質は ER ネットワーク上の SWIS モデルでも実現しているが、スケールフリーネットワーク上では数値計算での評価に困難を伴い、確実なことは結論できず今後の課題として残された。また、コミュニティ構造を持つネットワークとして 2 コミュニティグラフを用いて SWIS モデルの振る舞いを調べたところ、蔓延が起こる感染率と不連続転移を起すそれとが異なるようなパラメータ領域の存在という大変興味深い結果が得られた。

レギュラーランダムグラフ上で SIS モデルのまた別の拡張である susceptible-weakened-susceptible-infected-susceptible(SWSIS)感染モデルの振る舞いについて調べた。これは上述の SWIS モデルの拡張でありより新奇な転移の存在が期待されていた。まず、SIS モデルとの類似点として(1)転移点が初期感染者割合 i_0 に依存すること、相違点として(2) i_0 の値に関わらず不連続転移になることを示した。まず、平均場方程式よりその転移の定性的なメカニズムを解析し、つぎにモンテカルロシミュレーションで実際にそのような振る舞いを引き起こすことを確かめた。さらに、対応する AME を用いて数値計算を行いそれがシミュレーションと合致する結果を示すこと、およびそこから転移の様子を表す相図を作ることに成功した。また、コミュニティ構造を持つネットワークとして SIS モデルと SWSIS モデルとのハイブリッドモデルを提案し、その AME 方程式を分析すると、平均場解析を越えた新たな方法として有力であることがわかり、実際にその拡張に成功した。レギュラーランダムグラフでの数値解析も可能なフレームワークとなっているので今後の解析に役立つものと期待される。

上述の SWSIS モデルの $W \rightarrow S$ チャネルの回復率 μ を絞っていく振る舞いから、SWIS モデルを含めたより統一的な理解が得られることがわかりその振る舞いを調べた。まず、平均場方程式よりその転移の定性的なメカニズムを解析したところ、 $\mu = 0$ でフローの縮退が起こることにより不連続転移が連続転移に移行することがわかった。また、臨界指数も通常の $\nu = 1$ となり、この場合だけ特別な値であることを示した。 $\mu > 0$ では $W \rightarrow S$ チャネルが臨界性に寄与していることと対照的である。つぎに RRG 上のモンテカルロシミュレーションで実際にそのような振る舞いを示すことを確かめた。さらに、対応する AME を用いて数値計算を行いそれがシミュレーションと合致する結果を示すこと、および μ 空間を加えた転移の様子を表す相図を作ることに成功した。また、二次元および三次元正方格子での SWSIS モデルでも同様な連続転移 不連続転移の振る舞いを示すことがわかり今後の解析が期待される。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Takehisa Hasegawa and Koji Nemoto	4. 巻 Vol.96
2. 論文標題 Efficiency of prompt quarantine measures on a susceptible-infected-removed model in networks	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Physical Review E	6. 最初と最後の頁 022311;1-8
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1103/PhysRevE.96.022311	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takehisa Hasegawa and Koji Nemoto	4. 巻 Vol.91
2. 論文標題 Sudden spreading of infections in an epidemic model with a finite seed fraction	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The European Physical Journal B	6. 最初と最後の頁 58;1-8
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1140/epjb/e2018-80343-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計7件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 長谷川雄央, 根本幸児
2. 発表標題 複雑な接触伝播モデルの初期状態依存性II
3. 学会等名 日本物理学会2018年秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 長谷川雄央
2. 発表標題 Characterizing and Modeling Weighted Networks
3. 学会等名 水戸数学・情報数理研究会2017
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 長谷川雄央, 根本幸児
2. 発表標題 複雑な接触伝播モデルの初期状態依存性
3. 学会等名 日本物理学会2017年秋季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Takehisa Hasegawa
2. 発表標題 Phase transition of infectious disease models in networks with finite seed fractions
3. 学会等名 Quantum walks and dynamics on networks
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 根本幸児, 長谷川雄央
2. 発表標題 複数の感染源が引き起こす感染症の爆発的拡がり
3. 学会等名 日本物理学会2016年秋季大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 長谷川雄央, 根本幸児
2. 発表標題 ネットワーク上の感染症における隔離対策の効果
3. 学会等名 日本物理学会2016年秋季大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Takehisa Hasegawa
2. 発表標題 Outbreaks in the SIR epidemics with multiple seeds - a statistical physics approach
3. 学会等名 JSMB2016
4. 発表年 2016年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	長谷川 雄央 (Takehisa Hasegawa) (10528425)	茨城大学・理工学研究科(理学野)・准教授 (12101)	