様　式　C－19、F－19－1、Z－19　（共通）

科学研究費助成事業　　研究成果報告書

令和　５ 年　５ 月 １０ 日現在

機関番号：１１３０１
研究種目：基盤研究(C)（一般）
研究期間：2018～2022
課題番号：１８Ｋ０３４０７

研究課題名（和文）異なる時間スケールをもつ過程から成る生物現象のモデリングの数理

研究課題名（英文）Mathematical modeling for the biological phenomenon involving some processes with different time scales

研究代表者
瀬野　裕美（Seno, Hiromi）

東北大学・情報科学研究科・教授

研究者番号：５０２２１３３８

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費）　　3,100,000円

研究成果の概要（和文）：本研究課題は，異なる時間スケールをもつ複数のプロセスの関係により現れる生物個体群ダイナミクスの特性を理論的に議論するための数理モデルの構造について検討し，従来の数理モデルによる理論に新しい見方を提示することを目的とするものである。現代，感染症の伝染ダイナミクスの時間スケールと感染症蔓延状況についての情報伝搬の時間スケールは後者の方が短い，すなわち，後者の過程の方が速いと考えることができる。基礎的な数理モデルのこれまでの解析により，そのような情報伝搬による社会応答が感染症蔓延における衰退と再興の繰り返し現象の機序として重要な役割を果たしている可能性が示唆される結果が得られた。

研究成果の学術的意義や社会的意義
本研究課題において実施した研究においては，ヒト集団における感染症の伝染ダイナミクスがヒト集団の集団行動に依存する特性をもつことに焦点を当て，新しい数理モデリング，数理モデルによる理論研究の課題を提示することができた。感染症の伝染ダイナミクスは，時間スケールの異なる過程が複合的に構成する典型的なダイナミクスであり，コロナ禍を経て，このような分野横断的な研究課題が重要な科学的意味をもつことも改めて認識されている。今後の感染症伝染ダイナミクスの理論的基礎研究の発展の一助となる研究成果が得られたと考えている。

研究成果の概要（英文）：The purpose of this research project is to present a novel perspective to the theoretical research with the mathematical modeling about the nature of biological population dynamics which consists of processes with different time scales. In today's society the time scale of the dynamics of information transmission on a disease spread is faster than that of the dynamics of disease transmission itself. With analyses on some fundamental mathematical models, we have obtained theoretical results to imply that the social response (a sort of collective behavior in human society) induced by such an information spread could be an important factor to cause a repetitive outbreaks of spreading disease.

研究分野：数理生物学

キーワード：数理生物学　population dynamics　数理モデル　時間スケール　感染症　ヒト集団　情報伝搬　社会応答

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様 式 C－１９、F－１９－１、Z－１９（共通）

１．研究開始当初の背景

21 世紀に入って，生態学や疫学において，数理モデルを用いた研究が急増している。数理モデルを応用した研究の有意義性がより強く認識されてきたこと，数理モデルの解析がコンピュータを用いてより手軽にできるようになったことがそれを後押ししていると考えられる。疫学の問題については，将来的に問題となりうる可能性のある疫病（たとえば，新興感染症）やバイオテロリズムなどに関する多様な課題が数理モデルを用いた基礎研究のテーマとして取り上げられている。国際的にも，たとえば，疫病に関しての深刻な問題を抱える発展途上国において，その研究レベルの高度化に伴い，疫病問題に関わる数理モデル研究が応用数理分野として，その国の若手研究者によって盛んになってきた。そのような状況において，常に議論となるのは，研究対象とする生命現象に対してどのような数理モデルが適切であるか，という問題である。数理モデル研究が盛んになるにつれ，残念ながら，その意味で合理的とはいえない構造をもつ「数理モデル」による理論研究も多くなる可能性が否めない。この数理モデリングの合理性を直に扱う数理的研究は未だ多くはないが，近年の数理生物学に関連する国際会議や出版物における，数理モデルの構造の意味や解釈の合理性に関する議論はますます重要性を高めており，本研究課題は，この議論に直接に関わるものである。たとえば，人間集団における感染症の伝染ダイナミクスについての数理モデル研究においても，感染症の伝染過程，発症過程のもつ時間スケールと，着目している集団の人口変動の時間スケールの間に差異がある（前者の時間変動は後者に比べて速い）場合が多い。マラリアやデング熱などの蚊を媒介昆虫とした感染症の伝染ダイナミクスに関する数理モデル研究の多くでは，蚊の繁殖・増殖過程と宿主としての人間集団の人口変動過程が同じ時間スケールとして扱われていることも少なくない。しかし，現実的には，媒介昆虫の繁殖・増殖過程の時間スケールは人口変動過程の時間スケールに比べると相当に小さい（すなわち，時間的に速い）。また，長い理論研究の歴史のあるインフルエンザの伝染ダイナミクスの数理モデルについては，ウイルスの増殖過程とその分散過程の時間スケールについて考慮したものは皆無といってよく，大抵の場合，実際の飛沫感染の過程は暗に数学的に近似されることによって，ブラックボックスとして数理モデルに組み込まれていると考えられる。O-157 などによるウイルス感染性胃腸炎の伝染ダイナミクスに関しても，感染者と感受性者の直接接触による伝染ではなく，感染者の吐瀉物・分泌物への感受性者の接触が感染を引き起こすことはよく知られている。この理由で，衛生状態に問題のある共同体（たとえば，発展途上国の特定地域や，難民キャンプなど）におけるそのような感染症の伝染ダイナミクスについては，従来の感染者密度と感受性者密度のみを考える数理モデリングによる数理モデルに基づいた議論に加えて，内在する時間スケールの異なる過程の感染症伝染ダイナミクスへの寄与を考えるために，時間スケールの違いがどのように特性に反映されるかについての理論的研究が必要である。

２．研究の目的

異なる時間スケールをもつ複数の過程を含む数理モデルは新しいものではない。生物個体群ダイナミクスを含む生物現象に関する数理モデルについても同様である。しかしながら，従来の数理モデル解析においては，特異摂動理論（singular perturbation theory）をその数理モデルの解析に応用することによる数理モデルの特性の議論に尽きており，数理モデルのモデリングの合理性に関する議論にまで展開されたものは稀有である。本研究課題では，たとえば，特異摂動理論も応用するが，その応用は数理モデル解析に限らず，それぞれの異なる時間スケールにおける個体群ダイナミクスの特性を表現する数理モデルの構造を明らかにする目的をもつ。

現代の生物個体群ダイナミクスの数理モデル解析では，古典的な数理モデルを基礎・基盤として発展した数理モデルを扱ったものが多い。しかし，生物現象が内在的に異なる時間スケールをもつ複数の過程から成る場合には，古典的な数理モデルからの発展版における新しい数学的構造がそれらの異なる時間スケールをもつ構成過程の間の相関と合理的な整合性をもつかどうかについては全く議論されない場合がほとんどである。実際，本研究課題研究代表者自身によるメタ個体群ダイナミクスの数理モデルに関する研究においては，パッチ状に空間分布する局所的生息域間での生物個体の分散過程の時間スケールと各生息域の状態遷移の時間スケールの間の明白な違いに着目して数理モデリングの検討を行なった結果，メタ個体群ダイナミクスに関する古典的な Levins モデルについての発展性についての限界が明確に示され，メタ個体群ダイナミクスにおける Levins モデルからの発展による理論研究には再検討も要されるものがあり得ることがわかっている。また，飛沫感染による感染症の伝染ダイナミクスに関しては，飛沫への接触過程による感染と，感染者体内での病原体の増殖との間の時間スケールの違いに着目した数理モデリングを検討した結果，時間スケールの違いによる準定常状態近似（quasi-stationary state approximation; QSSA）の適用により導出される縮約モデルは，感染症の伝染ダイナミクスの基本モデルとしてよく知られる Kermack-McKendrick SIR モデルと数学的には同等ながら，そこから導かれる（疫学でも重要な指標として扱われる）基本再生産数 R_0 の表式には，生物学・疫学的に重大な相違点が現れる結果が得られた。

このように，現象を構成する複数の過程における時間スケールの差の効果をブラックボックス化した古典的な数理モデル，また，それを基盤とする発展的な数理モデルにおける構造の数理モデリングの観点からの合理性の検討に関して，現象を構成する複数の過程の時間スケールの違いに着目した数理モデリングの理論が有意義であることは明白であり，その研究において，たとえば，特異摂動理論が応用できる。つまり，その応用においては，数理モデル解析の手法としての特異摂動法（singular perturbation method）の利用ではなく，数理モデリングの考え方として特異摂動理論が活用される点で特徴的であるといえる。そして，上記の通り，複数の時間スケールを導入した数理モデリングから縮約して導かれる数理モデルと，従前の数理モデルとの対比による議論によって提出される，新しい数理モデリング，数理モデルの新奇な構造は，数理モデルを活用した理論研究の水平をさらに広げ，今後の様々な数理モデル研究の新しい契機を提供できると期待される。

３．研究の方法

感染症の伝染ダイナミクスを成す過程として，時間スケールの異なる重要な過程要素には，感染者数の時間変動，感染者の状態変化，感染経路に関わる分散病原体の密度変動が挙げられる。病原体の媒介者を要する感染過程を考える場合には，媒介者個体群の密度変動も重要である。感染症の伝染ダイナミクスを成すこれらの過程それぞれに関する代表的な時間スケールは一般的に異なる。一方，感染症の伝染ダイナミクスの議論において最も重要なのは感染者数の時間変動であり，理論研究においても，その時間スケールにおける感染者数の時間変動ダイナミクスの特性についての考察が主題である。よって，感染者数の時間変動の時間スケールに対する他の過程の時間スケールの違いをどのように合理的に数理モデリングに組み込むかが重要である。インフルエンザのような飛沫感染の場合には，病原体の増殖は感染者の体内に限定されるので，病原体を含む飛沫の分散の時間スケールが感染過程にとっては重要であり，それは一般的に，感染者の状態変化の時間スケールに比べて短い（分散は相対的に速い）と仮定できる。このような仮定の下で，すべての時間スケールにおけるダイナミクスを有する full model の構築には，特異摂動法の応用に供されてきた従来の数学的な方針を適用できる。その上で，平均場近似や QSSA などの特異摂動法的手法を応用して，数理モデルを感染者数の時間変動の時間スケールのみの系に縮約することで，古典的な（あるいは，現在において慣用の）数理モデルの構造との比較が可能である。飛沫感染の場合については，感染症の伝染ダイナミクスの基本モデルとしてよく知られる Kermack-McKendrick SIR モデルとの対比により，そのような数理モデリングにより構築される数理モデルの構造の特性について考察することが可能であることはこれまでの研究成果によって明らかになっている（未発表）。一方，マラリアやデング熱のような媒介動物を介しての感染症伝染においては，媒介動物の繁殖・増殖の時間スケールが重要である。蚊が媒介動物である場合については，蚊個体群の繁殖・増殖の時間スケールは人口変動の時間スケールよりも相当に短い（相対的にかなり速い）と仮定できるので，やはり，特異摂動法的手法を適用することが可能であると考えられる。また，感染症の伝染ダイナミクスの制御は，新興感染症の勃興に対する抑制施策に関わる理論研究において，現代，最も注目を集めている課題の一つであり，本研究課題は，その理論研究の基盤となる数理的研究成果を提供できるものとも考えられる。なお，本研究課題では，必ずしも，数学的に精緻な証明が目標とはならないため，数理モデルの数学的な解析において困難が生じる場合には，積極的にコンピュータによる数値計算を適切に利用して，数理モデルの特性を議論するための情報を得る手法も活用した。

４．研究成果

研究課題の初年度，平成 30 年度には，感染症の伝染ダイナミクスにおける異なる時間スケールをもつ複数の過程の数理モデリングにより，感染者数の時間変動ダイナミクスに関する合理的な数理モデルを構築し，感染症の流行，感染規模などについての解析を行いながら，従来の数理モデルとの構造の比較，解析結果の対比を通して，数理モデリングにおける時間スケールの違いの導入がどのように数理モデルの構造に関わるかについて検討した。感染症伝染ダイナミクスを成す過程として，時間スケールの異なる重要な過程要素には，感染者数の時間変動，感染者の状態変化，感染経路に関わる分散病原体の密度変動が挙げられる。病原体媒介者を要する場合には，媒介者個体群の密度変動も重要である。当該年度では，病原体や汚染物質の拡散と感染者数変動の時間スケールの違いを考慮した数理モデルを構築し，その解析を行なった結果を論文にまとめた（未発表）。当該研究では，時間スケールの違いによって，従来の古典的数理モデルでは現れない性質が現れ得ることを理論的に示した[26]。また，この研究に関連する感染症伝染ダイナミクスに関する新しい課題として，人間の行動特性が感染症の伝染拡大に及ぼす影響についての問題の１つである，蚊が媒介する感染症の拡大に対する防虫剤の普及とその効果に関する数理モデルを構築し，解析を進めた。本質的に，蚊の繁殖に係る時間スケールと感染症の拡大のそれとは異なり，数理モデリングにおいては，これらの時間スケールの違いをどのように合理的に数理モデルに組み込むかが重要であり，まさに本研究課題に関わる問題である。

令和元年度には，平成 30 年度に引き続き，感染症の伝染ダイナミクスにおける異なる時間スケールをもつ複数の過程の数理モデリングにより構成された，感染者数の時間変動ダイナミク

スに関する合理的な数理モデルの解析を行いながら，時間スケールの違いの導入がどのように数理モデルの構造に関わるかについて検討してきた。令和元年度については，特に，人間の行動特性が感染症の伝染拡大に及ぼす影響についての問題に関わる数理モデル研究を進めた。その成果として，一時的な訪問者の往来の特性が人口集団における感染症の伝染拡大リスクにどのように関わるかについての数理モデル解析，および，蚊が媒介する感染症の拡大に対する防虫剤の普及とその効果に関する数理モデルの解析による研究成果については，それぞれ，国際学術論文誌に発表した[9,10]。本質的に，数理モデリングにおいては，訪問者の滞在時間と感染症拡大の時間スケール，蚊の繁殖に係る時間スケールと感染症拡大のそれとは異なり，これらの時間スケールの違いをどのように合理的に数理モデルに組み込むかが重要であり，まさに本研究課題に関わる問題として取り組んだ。さらに，日常的な通勤行動の特性が人口集団における感染症の伝染拡大リスクにどのように関わるかについての数理モデル解析結果についても，一連の研究の成果をとりまとめ，国際学術誌に投稿した。

令和２年度には，前年度に引き続き，感染症の伝染ダイナミクスにおける異なる時間スケールをもつ複数の過程の数理モデリングにより構成された，感染者数の時間変動ダイナミクスに関する合理的な数理モデルの解析を行いながら，時間スケールの違いの導入がどのように数理モデルの構造に関わるかについて検討した。令和２年度についても，人間の行動特性が感染症の伝染拡大に及ぼす影響についての問題に関わる数理モデル研究を進めた。特に，日常的な通勤行動の特性が人口集団における感染症の伝染拡大リスクにどのように関わるかについての数理モデル解析結果については，一連の研究の成果が国際学術誌に発表された[8,24]。さらに，感染症に対する感染予防行動の増進や衰退の影響を考察するための数理モデル研究を進めた。一方，感染症の伝染に類似する動態として，オンラインによるゲーム依存症の集団内での増大についての数理モデリングを行い，その成果を論文にまとめ，国際学術誌に発表した[5,14,23]。

（コロナ禍による補助期間延長による）最終年度，令和４年度では，とりわけ，感染症の蔓延状況についての情報伝搬が人々の振る舞いに及ぼす影響により，感染症の伝染ダイナミクスが変質し，その結果として，感染症伝染の終息・再興の可能性がどのように変化するかについての基礎的な数理モデル研究を進め，その研究成果をとりまとめた[20,21]。現代，感染症の伝染ダイナミクスの時間スケールと感染症蔓延状況についての情報伝搬の時間スケールは後者の方が短い，すなわち，後者の過程の方が速いと考えることができる。よって，感染症に関する情報伝搬が社会に及ぼす影響は，感染症伝染ダイナミクスの特性を理論的に議論する上で重要な因子である。基礎的な数理モデルのこれまでの解析により，そのような情報伝搬による社会応答が感染症蔓延における衰退と再興の繰り返し現象の機序として重要な役割を果たしている可能性が示唆される結果が得られた[20,21]。さらに，情報伝搬はヒト集団の構造や特性に依存していること[3,11,12,15,16,22,25]から，ヒト集団内の活動性による感染症蔓延リスクについての基本数理モデルの研究も行った[17,18,19]。これらの研究成果には，現在，国際学術誌に投稿中のものが含まれる。研究期間全体を通じて実施した研究においては，ヒト集団における感染症の伝染ダイナミクスがヒト集団の集団行動に依存する特性をもつことに焦点を当て，新しい数理モデリング，数理モデルによる理論研究の課題を提示することができた [2,4]。

【出版論文・著書】

[1] Seno, H., Species extinction in different time scales: Comment on “Knowledge gaps and missing links in understanding mass extinctions: Can mathematical modeling help?” by Ivan Sudakow et al., *Physics of Life Reviews*, 44, 2023, 176-178. https://doi.org/10.1016/j.plrev.2023.01.014

[2] Hiromi Seno, “A Primer on Population Dynamics Modeling: Basic Ideas for Mathematical Formulation”,Springer, Singapore, 2022, pp.462.

[3] Dansu, E.J. and Seno, H., A mathematical model for the dynamics of information spread under the effect of social response, *Interdisciplinary Information Sciences*, 28(1), 2022, 75-93. https://doi.org/10.4036/iis.2022.R.03

[4] 瀬野裕美，共立スマートセレクション【35】巻 ねずみ算からはじめる数理モデリング －漸化式でみる生物個体群ダイナミクス－，共立出版，2021, pp.224.

[5] Seno, H., A mathematical model of population dynamics about the internet gaming addiction, *Nonlinear Analysis: Modelling and Control*, 26(5), 2021, 861-883. https://doi.org/10.15388/namc.2021.26.24177

[6] Seno, H., Schneider, V.P. and Kimura, T., How many preys could coexist with a shared predator in the Lotka-Volterra system?: State transition by species deletion/introduction, *J. Phys. A: Math. Theor.*, 53(41), 2020, 415601. https://doi.org/10.1088/1751-8121/abadb8

[7] Köhnke, M.C., Siekmann, I., Seno, H. and Malchow, H., A type IV functional response with different shapes in a predator-prey model, *J. Theor. Biol.*, 505, 2020, 110419. https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2020.110419

[8] Seno, H., An SIS model for the epidemic dynamics with two phases of the human day-to-day activity, *J. Math. Biol.*, 80(7), 2020, 2109-2140.

https://doi.org/10.1007/s00285-020-01491-0
[9] Aldila, D. and Seno, H., A population dynamics model of mosquito-borne disease transmission, focusing on mosquitoes' biased distribution and mosquito repellent use, *Bull. Math. Biol.*, **81**(12), 2019, 4977-5008. https://doi.org/10.1007/s11538-019-00666-1
[10] Dansu, E.J. and Seno, H., A model for epidemic dynamics in a community with visitor subpopulation, *J. Theor. Biol.*, **478**, 2019, 115-127. https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2019.06.020

【研究発表講演】

[11] H. Seno, A Population Dynamics Model for the Information Spread in a Community with the Heterogeneity of Individuality, MPDEE 2022: Models in Population Dynamics, Ecology and Evolution (Torino, Italy), 13-17 June, 2022.
[12] 瀬野裕美，集団内での情報流布に関する個体群ダイナミクスモデル: 個性分布への依存性（A population dynamics model for the information spread in a community: Dependence on the heterogeneity of individuality)，日本数理生物学会 2022 年年会，(明治大学；online 開催)，9 月 5--7 日，2022.
[13] Y. Xie, I. Ahmad, T.I.S. Ikpe, E.F. Sofia, H. Seno, An epidemic dynamics model for reinfectious disease: The influence of visitor acceptance（再感染可能な感染症の伝染ダイナミクスモデル：訪問者受け入れの影響)，日本数理生物学会 2022 年年会，(明治大学；online 開催)，9 月 5--7 日，2022.
[14] H. Seno, A Mathematical Model of Population Dynamics about the Internet Gaming Addiction, The 12th Conference on Dynamical Systems Applied to Biology and Natural Sciences, DSABNS 2021 (online), 2-5 February, 2021.
[15] E.J. Dansu and H. Seno, A Population Dynamics Model for Information Spread under the Effect of Social Response, The 12th Conference on Dynamical Systems Applied to Biology and Natural Sciences, DSABNS 2021 (online), 2-5 February, 2021.
[16] 瀬野裕美，集団内での情報流布に関する個体群ダイナミクスモデル（A population dynamics model for the information spread in a community)，日本数理生物学会第 31 回大会，(宮崎大学；online 開催)，9 月 13--15 日，2021.
[17] E.F. Sofia, H. Seno, A mathematical consideration on the disease spread in a community with two activity classes，日本数理生物学会第 31 回大会，(宮崎大学；online 開催)，9 月 13--15 日，2021.
[18] I. Ahmad, H. Seno, A model for the effect of limited isolation capacity on the final epidemic size，日本数理生物学会第 31 回大会，(宮崎大学；online 開催)，9 月 13--15 日，2021.
[19] Z. Fu, H. Seno, A mathematical consideration on the effect of regional lockdown on the final epidemic size，日本数理生物学会第 31 回大会，(宮崎大学；online 開催)，9 月 13--15 日，2021.
[20] Y. Xie, H. Seno, A mathematical model for the influence of the social insensitivity on the SIS epidemic dynamics: Occurrence of oscillatory behavior，日本数理生物学会第 31 回大会，(宮崎大学；online 開催)，9 月 13--15 日，2021.
[21] Y. Xie, H. Seno, A Mathematical Model for The Influence of The Social Insensitivity on The Epidemic Dynamics， 日本数理生物学会第 30 回大会，(名古屋大学；online 開催)，9 月 20--22 日，2020.
[22] E.J. Dansu, H. Seno, A Mathematical Model for The Dynamics of Information Spread under The Effect of Social Response， 日本数理生物学会第 30 回大会，(名古屋大学；online 開催)，9 月 20--22 日，2020.
[23] 瀬野裕美，A Mathematical Model of Population Dynamics about The Internet Gaming Addiction（インターネットゲーム依存症に関する個体群動態の数理モデル)， 日本数理生物学会第 30 回大会，(名古屋大学；online 開催)，9 月 20--22 日，2020.
[24] 瀬野裕美，An SIS model for the epidemic dynamics with two phases of the human day-to-day activity(日次活動 2 相を組み込んだ SIS モデルによる感染症伝染ダイナミクス)，日本数理生物学会第 29 回大会， 東京工業大学 大岡山キャンパス（東京)，9 月，2019.
[25] E.J. Dansu, H. Seno, A population dynamics model for the spread of two competing pieces of information，日本数理生物学会第 29 回大会， 東京工業大学 大岡山キャンパス（東京)，9 月，2019.
[26] H. Seno, An SIR Modeling with the Pathogen Population Dynamics of Disease Transmission, Symposium on Biomathematics, SYMOMATH 2018 (Savero Hotel, Depok, Indonesia), 31 August - 2 September, 2018.

５．主な発表論文等

〔雑誌論文〕　計8件（うち査読付論文　8件／うち国際共著　3件／うちオープンアクセス　2件）

１．著者名 Seno Hiromi	４．巻 44
２．論文標題 Species extinction in different time scales: Comment on “Knowledge gaps and missing links in understanding mass extinctions: Can mathematical modeling help?” by Ivan Sudakow et al.	５．発行年 2023年
３．雑誌名 Physics of Life Reviews	６．最初と最後の頁 176-178
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.plrev.2023.01.014	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 Dansu Emmanuel J.、Seno Hiromi	４．巻 28
２．論文標題 A mathematical model for the dynamics of information spread under the effect of social response	５．発行年 2022年
３．雑誌名 Interdisciplinary Information Sciences	６．最初と最後の頁 75-93
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.4036/iis.2022.R.03	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

１．著者名 Seno Hiromi	４．巻 26
２．論文標題 A mathematical model of population dynamics about the internet gaming addiction	５．発行年 2021年
３．雑誌名 Nonlinear Analysis: Modelling and Control	６．最初と最後の頁 861-883
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.15388/namc.2021.26.24177	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

１．著者名 Seno Hiromi、Schneider Victor P、Kimura Toshihiko	４．巻 53
２．論文標題 How many preys could coexist with a shared predator in the Lotka-Volterra system?: State transition by species deletion/introduction	５．発行年 2020年
３．雑誌名 Journal of Physics A: Mathematical and Theoretical	６．最初と最後の頁 415601～415601
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1088/1751-8121/abadb8	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 Koehnke Merlin C.、Siekmann Ivo、Seno Hiromi、Malchow Horst	4．巻 505
2．論文標題 A type IV functional response with different shapes in a predator-prey model	5．発行年 2020年
3．雑誌名 Journal of Theoretical Biology	6．最初と最後の頁 110419～110419
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jtbi.2020.110419	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 該当する

1．著者名 Seno Hiromi	4．巻 80
2．論文標題 An SIS model for the epidemic dynamics with two phases of the human day-to-day activity	5．発行年 2020年
3．雑誌名 Journal of Mathematical Biology	6．最初と最後の頁 2109～2140
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00285-020-01491-0	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 Dansu Emmanuel J.、Seno Hiromi	4．巻 478
2．論文標題 A model for epidemic dynamics in a community with visitor subpopulation	5．発行年 2019年
3．雑誌名 J. Theor. Biol.	6．最初と最後の頁 115-127
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jtbi.2019.06.020	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 Aldila Dipo、Seno Hiromi	4．巻 81(2)
2．論文標題 A population dynamics model of mosquito-borne disease transmission, focusing on mosquitoes' biased distribution and mosquito repellent use	5．発行年 2019年
3．雑誌名 Bull. Math. Biol.	6．最初と最後の頁 4977-5008
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s11538-019-00666-1	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 該当する

〔学会発表〕　計18件（うち招待講演　2件／うち国際学会　6件）

１．発表者名 Hiromi Seno
２．発表標題 A Population Dynamics Model for the Information Spread in a Community with the Heterogeneity of Individuality
３．学会等名 MPDEE 2022: Models in Population Dynamics, Ecology and Evolution（国際学会）
４．発表年 2022年

１．発表者名 瀬野裕美
２．発表標題 集団内での情報流布に関する個体群ダイナミクスモデル: 個性分布への依存性（A population dynamics model for the information spread in a community: Dependence on the heterogeneity of individuality）
３．学会等名 日本数理生物学会2022年年会
４．発表年 2022年

１．発表者名 Y. Xie, I. Ahmad, T.I.S. Ikpe, E.F. Sofia, H. Seno
２．発表標題 An epidemic dynamics model for reinfectious disease: The influence of visitor acceptance（再感染可能な感染症の伝染ダイナミクスモデル：訪問者受け入れの影響）
３．学会等名 日本数理生物学会2022年年会
４．発表年 2022年

１．発表者名 Hiromi Seno
２．発表標題 A Mathematical Model of Population Dynamics about The Internet Gaming Addiction
３．学会等名 The 12th Conference on Dynamical Systems Applied to Biology and Natural Sciences, DSABNS 2021（国際学会）
４．発表年 2021年

１．発表者名
Emmanuel J. Dansu, Hiromi Seno

２．発表標題
A Population Dynamics Model for Information Spread under The Effect of Social Response

３．学会等名
The 12th Conference on Dynamical Systems Applied to Biology and Natural Sciences, DSABNS 2021（国際学会）

４．発表年
2021年

１．発表者名
Ying Xie, Hiromi Seno

２．発表標題
A mathematical model for the influence of the social insensitivity on the SIS epidemic dynamics: Occurrence of oscillatory behavior

３．学会等名
日本数理生物学会第31回大会

４．発表年
2021年

１．発表者名
Zhiqiong Fu, Hiromi Seno

２．発表標題
A mathematical consideration on the effect of regional lockdown on the final epidemic size

３．学会等名
日本数理生物学会第31回大会

４．発表年
2021年

１．発表者名
Ishfaq Ahmad, Hiromi Seno

２．発表標題
A model for the effect of limited isolation capacity on the final epidemic size

３．学会等名
日本数理生物学会第31回大会

４．発表年
2021年

１．発表者名 Elza F. Sofia, Hiromi Seno
２．発表標題 A mathematical consideration on the disease spread in a community with two activity classes
３．学会等名 日本数理生物学会第31回大会
４．発表年 2021年

１．発表者名 瀬野裕美
２．発表標題 集団内での情報流布に関する個体群ダイナミクスモデル
３．学会等名 日本数理生物学会第31回大会
４．発表年 2021年

１．発表者名 Ying XIE and Hiromi SENO
２．発表標題 A Mathematical Model for The Influence of The Social Insensitivity on The Epidemic Dynamics
３．学会等名 日本数理生物学会第30回大会
４．発表年 2020年

１．発表者名 Emmanuel J. DANSU and Hiromi SENO
２．発表標題 A Mathematical Model for The Dynamics of Information Spread under The Effect of Social Response
３．学会等名 日本数理生物学会第30回大会
４．発表年 2020年

1．発表者名 瀬野裕美
2．発表標題 A Mathematical Model of Population Dynamics about The Internet Gaming Addiction
3．学会等名 日本数理生物学会第30回大会
4．発表年 2020年

1．発表者名 瀬野裕美
2．発表標題 An SIS model for the epidemic dynamics with two phases of the human day-to-day activity
3．学会等名 日本数理生物学会第29回大会
4．発表年 2019年

1．発表者名 Emmanuel J. DANSU and Hiromi SENO
2．発表標題 A population dynamics model for the spread of two competing pieces of information
3．学会等名 日本数理生物学会第29回大会
4．発表年 2019年

1．発表者名 Hiromi SENO
2．発表標題 An SIR Modeling with The Pathogen Population Dynamics of Disease Transmission
3．学会等名 Symposium on Biomathematics, SYMOMATH 2018（招待講演）（国際学会）
4．発表年 2018年

〕

1．発表者名 Dipo ALDILA and Hiromi SENO
2．発表標題 Analysis of Vector-Bias and Blood Resource Dependence in Malaria Disease Model with Mosquito Repellent
3．学会等名 The 20th European Conference on Mathematics for Industry（招待講演）（国際学会）
4．発表年 2018年

1．発表者名 Hiromi SENO and Emmanuel DANSU
2．発表標題 A Model for Epidemic Dynamics in A Community with Visitor Subpopulation
3．学会等名 2018 Annual Meeting of the Society for Mathematical Biology & the Japanese Society for Mathematical Biology（国際学会）
4．発表年 2018年

〔図書〕　計2件

1．著者名 Hiromi Seno	4．発行年 2022年
2．出版社 Springer, Singapore	5．総ページ数 462
3．書名 A Primer on Population Dynamics Modeling: Basic Ideas for Mathematical Formulation	

1．著者名 瀬野裕美	4．発行年 2021年
2．出版社 共立出版	5．総ページ数 224
3．書名 ねずみ算からはじめる数理モデリング	

〔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

７．科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕　計0件

８．本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関