

# ネットワーク上の感染症伝播

水野 佳菜子 (指導教員：工藤和恵)

## 1 はじめに

感染症の流行は古くから人類が幾度となく直面してきた課題であり、古いものではヨーロッパでのペストの流行やスペイン風邪、新しいものでは SARS や新型インフルエンザの流行などその種類も多岐に渡る。この感染症の流行という現象は、複雑ネットワークという観点から考察することができる。感染症は人を介して人から人へと伝播するものであり、ネットワークの頂点を人、辺を人と人との繋がりとみなせば、ネットワーク上で現実で起きる感染症の流行という現象をシミュレーションすることができる。

## 2 SIR モデル

ネットワーク上での感染症伝播を考える上でのモデルのひとつに、SIR モデルがある。SIR モデルでは、ネットワーク上の頂点を一人の人間とみなし、各頂点は S、I、R の三つの状態 (S=健康な状態、I=感染症にかかっている状態、R=一度感染症にかかった後治癒した状態) のいずれかであるとする。S の頂点は隣接する I から一定の確率で感染し I となる。I の頂点は一定の確率で感染症が治癒し、免疫を獲得して R となり、以降他の S を感染させることはない。一度 R となった頂点は免疫を持ち、二度と感染症にかからなくなる (R は二度と I や S にはならない)。以上の条件のもとで、全ての人間の中から一人を選んで I とし、時間経過させて感染症の広がりを見る。

この SIR モデルでは、十分に時間が経過した後は各頂点の状態は S か R のいずれかになる。この最終的な状態での全頂点に対する R の割合をみることにより、感染症がどの程度広がったかを判断することができる。このとき R がそれなりの割合で広がっていれば感染症の流行が起こったとし、R があまり広がっていなければ感染症の流行は起こらなかったとする。最終的な状態での全頂点に対する R の割合を attack ratio と呼ぶ。

SIR モデルにおいては、感染症の流行が起きるには満たさなければならない条件が存在する。S が隣接する I から感染症に感染する確率を  $\alpha$ 、感染している状態である I が治癒する確率を  $\beta$  とする。この  $\alpha$  と  $\beta$  の値の比が、感染症の大規模な流行が起きるかどうかを左右する。一般にその大流行が起こるかどうかの境目は  $\alpha = \beta$  であることが知られており、 $\alpha > \beta$  のとき感染症は大流行を起こしやすく、 $\alpha < \beta$  のときは大流行を起こさずに収束する [1]。

## 3 メタ個体群 SIR モデル

前述の SIR モデルは、ネットワークの各頂点を一人のひとみなしていた。しかしこの SIR モデルでは、人が移動して感染症を運んだり、都市ごとに感染症が広がったりするようなことを再現できないため、現実に近い感染症伝播のシミュレーションができていない。そこでより現実に即した感染症伝播を再現するため、メタ個体群での SIR モデルを考える。

メタ個体群での SIR モデルでは、ネットワークの各頂点に一人の人間ではなく複数の人間を配置し、頂点を一つの個体群、辺を個体群を結ぶ交通網とみなして SIR モデルでのシミュレーションを行う。基本的には前述の SIR モデルと同様であり、個体群内の人間はそれぞれ S、I、R いずれかの状態を取る。また前述の SIR モデルと違う点として、各個体群間を個人が移動することがある点が挙げられる。個人は辺で繋がれた隣の個体群に移動することとし、移動する確率を mobility rate とする [2, 3, 4]。

このメタ個体群 SIR モデルで感染症の大流行が起こる条件は、前述の SIR モデルでの大流行が起こる条件に加え、mobility rate がある程度大きいことが条件となる。mobility rate が 0 だった場合、感染症は最初に配置された I が存在する個体群の中でしか広がらず、ネットワーク全体には伝播しないためである。本研究ではこのメタ個体群 SIR モデルを用いてシミュレーションを行う。

## 4 シミュレーション内容

本研究では、前述のメタ個体群 SIR モデルでのシミュレーションを正方格子状、複雑ネットワーク上の 2 つの場合で行う。どちらも頂点数を 900、各頂点の人口を 100 人とする。メタ個体群でない SIR モデルでは、S は隣接する I から感染するとし、その確率を  $\alpha$  としていたが、メタ個体群での SIR モデルでは個人間のネットワークは記述されておらず、隣接するかどうかの判断もできない。そのためここでは S が I になる確率を  $\alpha \times (\text{個体群内での I の数}) / (\text{個体群内の全ての個体の数})$  とすることで、S は同じ個体群内の I の数に比例して感染するように設定する。I が S になる確率は他人の状態や個体群内の S や I の数といった外的な要因には左右されないため、メタ個体群でない SIR モデルの時と同様に  $\beta$  とする。また、個人が個体群間を移動する確率 mobility rate を  $w$  とする。本研究では  $\beta = 0.5$  とし、 $\alpha$  と  $w$  を 0.0 から 1.0 まで推移させ、I が存在しなくなった状態での attack ratio を記録し感染の広がりを観察する。

正方格子状のシミュレーションでは、S が感染して I になる場合、I が治癒して R になる場合、個人が個体群間を移動する場合の全てに関して乱数を振るのではなく、各個体群中の S、I、R を実数値として扱った反応拡散方程式を用いる。

また複雑ネットワークでは、S が感染して I になる場合、I が治癒して R になる場合、個人が個体群間を移動する場合の全てに関して乱数を振って上記の確率に従い判定し、I が存在しなくなった状態での attack ratio の 1000 回分の平均を  $\alpha$  と  $w$  の推移ごとに計算および記録する。またネットワークは、コンフィギュレーションモデルを使用してスケールフリー・ネットワークを作成する。スケールフリー・ネットワークとは、次数分布  $p(k)$  がべき則になっているようなネットワークのことである。べき則とは、 $p(k) \propto k^{-\gamma}$  を指す。ここで  $k$  は次数、 $\gamma$  は指数である ( $\gamma = 2.5$  とする)。ス

ケールフリー・ネットワークは、次数が大きい(辺の数が多い)頂点が存在するという特徴を持つ(このような頂点のことをハブという)。

## 5 シミュレーション結果と考察

前述のシミュレーション結果を、 $\alpha$ 、 $w$ 、attack ratio のグラフに表したものが図1である。上が正方格子での結果、下が複雑ネットワークでの結果である。

まず  $\alpha$  の推移と感染の広がり注目する。通常の SIR モデルでは  $\alpha = \beta$  の時を境に大流行が大幅に起きやすくなるが、メタ個体群での SIR モデルでも通常の SIR モデルと同様に  $\alpha = \beta$  を境に大流行が起り始める様子が確認できる。正方格子と複雑ネットワークで多少様相の違いが見られるが、これは正方格子上では反応拡散系のモデルを使ったためと思われる。

次に、 $w$  の推移と感染の広がり注目する。正方格子でもスケールフリー・ネットワークでも、 $w$  はかなり小さい値で大きな影響を及ぼすことが分かる。 $\alpha$  が大流行を引き起こすのに十分な大きさである場合、 $w$  が少しでも大きくなると急激に attack ratio が上昇することがグラフから読み取れる。 $w$  の影響の及ぼし方は正方格子とスケールフリー・ネットワークで少し違い、正方格子の方がより小さな値の  $w$  から大きな影響を受けていることが分かる。また正方格子では  $w$  が大きいときは attack ratio が連続的に立ち上がっているのに対し、 $w$  が小さいときには飛びが見られる。これは、 $\alpha$  が大きくても  $w$  が小さいと、I の個体が移動して他の個体群に感染を広げる前に治癒してしまうためだと考えられる。

以上のことから、メタ個体群での SIR モデルにおいて、感染症が大流行を引き起こすには、通常の SIR モデルの時と同様  $\alpha > \beta$  であることに加え、 $w$  がある程度大きな値であることが条件となることが確認できた。ただし  $w$  は  $\alpha$  に比べ、かなり小さい値でも attack ratio に対して大きな影響を与える。

## 6 今後の課題

メタ個体群での SIR モデルは概ねうまくいったように思うので、より多くの種類のネットワークでもシミュレーションを行い、ネットワークによる特徴があるかどうかなどを観察したい。今回は正方格子とスケールフリー・ネットワークだけだったが、スモールワールド・ネットワークや完全なランダム・ネットワーク、次数相関の有無など、シミュレーションに多くの要素を取り入れたい。

また、メタ個体群での SIR モデルは、通常の SIR モデルよりは大幅に現実の感染症伝播の様子に近づいているが、SIR モデルと同じく感染症を防ぐための取り組みは実装されていない。そのため、ワクチンを打つ(初期状態の個体のうち何人かを R とする)、一定以上感染者が増えた個体群は他の個体群との個体の行き来を制限する(決められた数以上 I がいる個体群とつながる辺を一時的に取り除く)など、感染症の大流行を阻止するために現実で取られうる対策を実装し、感染症の広がりに対してどのような影響が出るかを調べたい。

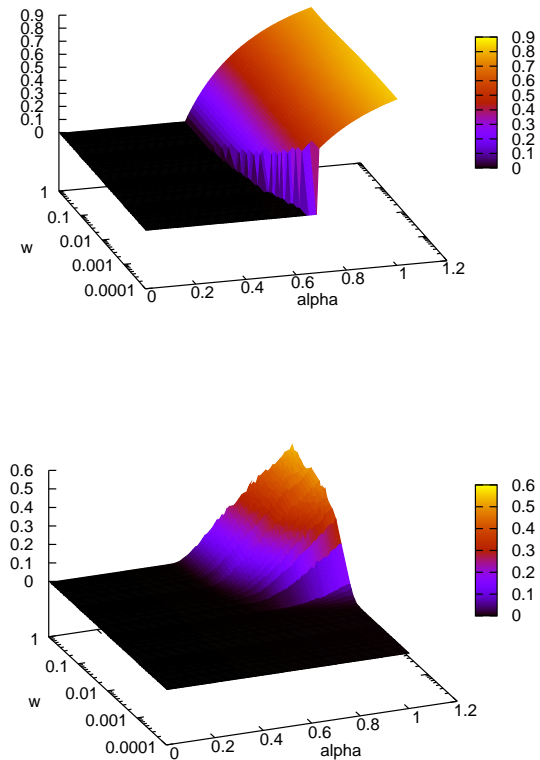


図1: シミュレーション結果のグラフ。上が正方格子での結果、下がスケールフリー・ネットワークでの結果。上下とも、alpha は感染の確率にかかる定数  $\alpha$ 、 $w$  は mobility rate、縦軸は attack ratio である。 $w$  (mobility rate) の目盛りは logscale である。

## 参考文献

- [1] 増田直樹, 今野紀雄「複雑ネットワーク 基礎から応用まで」近代科学社 (2010)
- [2] V.Belik, T.Geisel, D.Brockmann, *Natural Human Mobility Patterns and Spatial Spread of Infectious Diseases*. Phys. Rev. X **1**, 011001 (2011)
- [3] V.Colizza, A.Vespignani, *Invasion Threshold in Heterogeneous Metapopulation Networks*. Phys. Rev. Lett. **99**, 148701 (2007)
- [4] P.C.Cross, J.O.Lloyd-Smith, P.L.F.Johnson, W.M.Getz, *Duelling timescales of host movement and disease recovery determine invasion of disease in structured populations*. Ecol. Lett. **8**, 587 (2005)