

# 感染症および情報伝搬ネットワークの相違が 自発的ワクチン接種行動に与える影響

福田枝里子<sup>1</sup>, 谷本潤<sup>2</sup>, 萩島理<sup>2</sup>, 池谷直樹<sup>2</sup>

<sup>1</sup>九州大学大学院 総合理工学府 環境エネルギー工学専攻

<sup>2</sup>九州大学大学院 総合理工学研究院 エネルギー環境共生工学部門

## 概要

本稿では、感染症の脅威に晒されている集団での個人個人のワクチン接種の意思決定に関する社会ジレンマについて考究するため、感染症伝搬過程と進化ゲームを融合したモデルを解析する。感染症伝搬ネットワークと情報伝搬ネットワークがそれぞれ存在するという状況を想定し、両ネットワークの一致/不一致が、ワクチン接種を行うか否かという各個人の戦略学習（社会的模倣）行動および感染症の蔓延にどのような影響をもたらすのかを報告する。

## Influence of Difference between Disease Transmission and Information Propagation Networks on Voluntary Vaccination Behavior

Eriko Fukuda<sup>1</sup>, Jun Tanimoto<sup>1</sup>, Aya Hagishima<sup>1</sup>, Naoki Ikegaya<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Interdisciplinary Graduate School of Engineering Sciences, Kyushu University

## Abstract

We investigate the decision-making process with social dilemma of individual vaccination, namely whether or not to be vaccinated, by means of the model of dynamics for epidemic spreading on a social network applied to evolutionary game theory. In this study, we consider the case where disease transmission network and information propagation network are distinct from each other. We report what effect in the epidemic spreading and voluntary vaccination behavior are brought if there is a difference between these networks.

## 1 緒論

先制的ワクチン接種による感受性人口の免疫化は、感染症の蔓延を防止する公衆衛生上最も強力な手段の一つである[1]。しかしながら、自主的なワクチン接種政策を採用している社会では、個人個人にとって最適な接種行動と社会全体にとって最適な接種レベルの間に乖離（いわゆるワクチン接種ジレンマ）が生じてしまう[2,3]。もし社会全体のワクチン接種率がある値を超えれば、社会に集団免疫がもたらされる。この集団免疫は公共財的性質を持っており、集団免疫が達成されている社会においては、ワクチン未接種者が感染症に罹患する可能性は非常に低くなる[1,4]。そのため、この公共財の恩恵にただ乗りしてワクチン接種を行わないというインセンティブが増大する。その結果、多くの人々が自己利益を追求すると今度は集団免疫が維持できなくなり、感染症の再蔓延を招くため、ワクチン接種により予防可能な感染症の根絶は困難となる。

このようなワクチン接種ジレンマを特徴づけるために、感染症の伝搬過程とゲーム理論を融合した研究がいくつかなされている。Fuらは、感染症が直接伝搬する“感染症伝搬ネットワーク”と、各エージェントが互いに直接的あるいはメールや携帯電話などの情報機器から間接的に情報を交換しワクチン接種を行うか否かの戦略適応を行う“情報伝搬ネットワーク”は同一であると仮定し、進化ゲーム理論的アプローチを適用した[5]。文献[5]において、あるエージェントのワクチン接種を行うか否かの模倣（学習）行動は、感染症伝搬ネットワーク上の隣人の中からランダムに選ばれた隣人と自身の利得差に基づいて行われる。しかし現実には、ある個人が持つネットワークは単一ではなく、またそれぞれのネットワークが同一の構造を持っているとは限らない。すなわ

ち、あるエージェントにとって、感染症伝搬ネットワークと、戦略模倣を行う際に依拠する情報伝搬ネットワークが異なり、かつそれぞれの構造や数も異なる、という状況は現実社会において十分にあり得る。このようなゲーム対戦と戦略適応の隣人関係が異なるという状況は進化ゲーム理論においても研究されている[6,7]。文献[6,7]では、典型的な2×2ゲームであるネットワーク上の四人のジレンマゲームにおいて、両隣人関係の不一致がエージェントの協調行動にどのような影響をもたらすのかが検討されている。

これらの研究に動機づけられ、実際の感染ルートとなり得る隣人のみを模倣相手として選択する従来型の枠組みに対し、本稿では実際の感染ルートにとどまらない他の知人（隣人）を模倣相手として選択する枠組みを提示する。加えて、単一のネットワークにとどまらない情報伝搬の影響を検討するため、複数の情報伝搬ネットワークが存在し、情報を参照するネットワークを選択した上で、模倣相手を選択する状況を考える。これらの結果を比較することにより、個人のワクチン接種に関する意思決定について、模倣相手とする隣人が属するネットワークの違いが、社会全体の感染症の蔓延にどのような影響をもたらすのかを明らかにする。

## 2 モデル

### 2.1 感染症および情報伝搬ネットワーク

緒論で述べたように、文献[5]の枠組みでは感染症伝搬（Disease Transmission: 以下 DT）および情報伝搬（Information Propagation: 以下 IP）ネットワークは同一である。本稿ではこの従来型の枠組みを Real network（以下 RN）モデルと呼ぶことにする。一方、本稿では DT および IP は同一とは限らず、加えて IP は単一であるとも限らない状況を想定する。これは従来型の枠組みとは異なり、“メタ的な意思決定”を

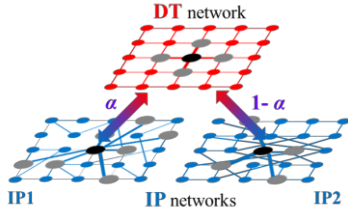


図1: Social network (SN) モデルの概念図。上図: 感染症伝搬 (DT) ネットワーク, 下図: 情報伝搬 (IP) ネットワーク。各エージェントは  $\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ) の値に従って確率的にどちらかの IP を選択する。 $\alpha=0$  か  $1$  の場合, SN モデルは従来の Real network (RN) モデル (DT=IP) か, もしくは単一の IP しか存在しない SN モデル (DT≠IP) に一致する。

取り入れた枠組みであると言える。本稿では, 2 種類存在する IP から, 各エージェントはどちらかの IP を確率  $\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ) に従って選択した上で, 情報の伝搬ルートとなり得るネットワーク上の隣人 (知人) との相互作用を考える。以上, 新たに提示する枠組みを Social network (以下 SN) モデルと呼ぶことにする。図1は RN モデルと SN モデルの枠組みの概略図である。図1において, 集団が持つ  $\alpha$  の値が等しく, かつ  $0$  もしくは  $1$  の場合, これは単一の IP 上で各エージェントが意思決定を行う場合に等しい。よって, DT とその IP が同一の場合, SN モデルは従来の RN モデルに一致する。一方, DT とその IP が異なる場合, 単一の IP しか存在しない SN モデルに一致する。

## 2.2 ネットワーク上のワクチン接種ゲーム

季節的かつ周期的に流行する感染症を想定する。さらに, このような感染症においてはワクチン接種による免疫獲得の効果は永続的なものではないため, 本稿における免疫は1シーズン中のみ有効であると仮定する。以上より, 取り扱うモデルのダイナミクスは, ネットワーク上の各エージェントが毎シーズン始めにワクチン接種を行うか否かの意思決定を行うワクチン接種キャンペーンおよび流行期の2ステージから成る[5]。

第1ステージ (ワクチン接種キャンペーン) では, 各エージェントは流行株への感染者が現れる前に IP ネットワーク上でワクチン接種を行うか否かの意思決定を行う。接種を行ったエージェントにはワクチン接種コスト (金銭的損失や副作用等の複合的なリスクが含まれる)  $C_v$  が生じる。簡単のため, 接種者はその1シーズン中において完璧な免疫を獲得すると仮定する。

第2ステージ (流行期) では, 第1ステージで接種しない戦略を選択したエージェントの中から初期感染者がランダムに  $I_0$  人発生し, SIR ダイナミクスに従って DT ネットワーク上で感染が拡大する。感染症の伝搬過程をシミュレーションするにあたり, Gillespie アルゴリズムを用いた[5,8]。このモデルでは, 集団  $N$  は感受性エージェント  $S$ , 感染性エージェント  $I$ , 回復エージェント (免疫獲得エージェント)  $R$  の3つの群に分けられる。1日当たり, 1人当たりの感染率を  $\beta$  [ $\text{day}^{-1} \text{person}^{-1}$ ], 1日当たり感染状態から回復する回復率を  $\gamma$  [ $\text{day}^{-1}$ ] とする。

疾病の伝搬様相は, 想定する感染症の種類や社会構造などに大きく依存し, 感染経路のネットワーク構造が特定可能であるとは限らない。よって, 本稿では DT および IP として, 典型的なネットワーク構造である正方格子, Random Regular Graph (以下 RRG) [9] および Barabási-Albert scale-free (BA-SF) [10] の3つを想定した。また, あるエージェント  $i$  は, DT および IP の両方に所属している (例えば, DT=IP ならば任意のエージェントが持つ隣人は両ネットワークにおいて共通

表1: 流行期終了後の戦略および疾病状況に応じた利得。

Strategy \ State	Healthy	Infected
Vaccination (C)	$-C_v$	-
Non-vaccination (D)	0	-1

である)。疾病の伝搬様相はネットワーク構造に依存するため[11], 特性の相互比較ためには各ネットワークにおける感染リスクが等しい必要がある。本稿では, インフルエンザの平均的な感染力を想定し[5],  $S$  のみからなる集団の最終感染者の割合が約9割になるような感染率  $\beta$  の値を用いる。正方格子では  $\beta = 0.46$ , RRG では  $\beta = 0.37$ , BA-SF では  $\beta = 0.55$  とした。回復率は  $\gamma = 1/3$  とした。

第2ステージは, 集団中に  $I$  が存在しなくなるまで続く。流行期間に感染したエージェントには感染のコスト  $C_i$  が生じる。一方, 接種を行うことなく感染を免れたエージェント (フリーライダー) のコストは  $0$  である。ここで,  $C_v > C_i$  ならば接種を行うインセンティブが生じないことは自明である。よって, 簡単化のため, これらの利得を相対的ワクチン接種コスト  $C_i = C_v / C_i$  ( $0 \leq C_i \leq 1$ ) を定義してシミュレーションのパラメータとする。流行期終了後の各エージェントの利得は, 戦略および疾病状態の3タイプに応じて表1のように与えられる。

## 2.3 戦略適応方法

以上の2ステージで1シーズンが終了となり, 各エージェントはワクチン接種・非接種戦略のどちらを選択するか再度検討する。戦略適応方法は以下の通りである。あるエージェント  $i$  は, 確率  $\alpha_i$  に従って IP ネットワークを選択する。その後, 選択した IP 上の自身の隣人の中からランダムにエージェント  $j$  を選ぶ。それぞれが表1に基づいて DT ネットワーク上で得た利得を  $\pi_i, \pi_j$  とすると, 戦略  $s_i$  をとっている  $i$  が IP 上での隣人  $j$  の戦略  $s_j$  を模倣する確率  $P(s_i \leftarrow s_j)$  は, Fermi 関数によって両者の利得差  $\pi_i - \pi_j$  を pairwise 比較することで与えられる[12]。

$$P(s_i \leftarrow s_j) = \frac{1}{1 + \exp[(\pi_i - \pi_j) / \kappa]}, \quad (1)$$

ここで,  $\kappa$  は利得差に対する感受度を意味する。本稿では  $\kappa$  の値を多くの先行研究で用いられている  $0.1$  とした。

式(1)は, 自身と相手の戦略が異なる場合に  $i$  が  $j$  の戦略  $s_j$  を模倣する確率を表している。ここで,  $i$  が  $j$  の戦略  $s_j$  だけでなく, IP ネットワーク選択確率  $\alpha_j$  も同時に模倣するとき, 本稿ではこれを「共進化」と呼ぶことにする。すなわち, 共進化がない場合,  $i$  は  $j$  の戦略のみを式(1)の確率に従って模倣するが, IP ネットワーク選択確率は初期に与えられた  $\alpha$  の値を系が均衡に達するまで保持することになる。図2で示すように, 従来の RN モデルの枠組みでは DT および IP が一致しており, 各エージェントの持つ隣人は同一かつ IP は単一であるため, 共進化は存在しない。一方, 本稿で提案した SN モデルでは両ネットワークが一致しているとは限らず, また IP が単一であるとは限らない。したがって, 共進化を起こし得る。

## 2.4 シミュレーション方法

初期状態において, 集団中のワクチン接種者と未接種者は等しい割合で存在し, ネットワーク上でランダムに分布している。上記の2ステージを繰り返すことによって, ワクチン接種率や感染者の割合は更新される。図2,4に示す均衡状態の結果は, 全3000シーズンの繰り返しのうち, 最後の1000シーズンを平均することによって得られ, それぞれのデータ点は独立した100回の試行の平均から得られる。

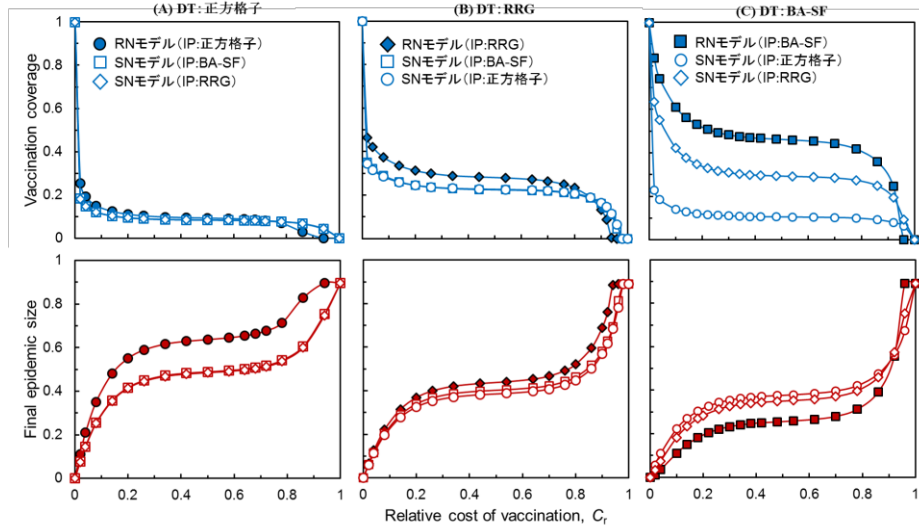


図2: IP ネットワークが単一の場合の均衡時のワクチン接種率 (上図) と最終感染者の割合 (下図). 塗りつぶしのデータ点は従来の RN モデル (DT = IP), 白抜きデータ点は SN モデル (DT ≠ IP) の結果に相当する. (A) DT: 正方格子:  $N=70 \times 70$  (von Neumann 近傍),  $\beta=0.46 \text{ day}^{-1} \text{ person}^{-1}$ ,  $\gamma=1/3 \text{ day}^{-1}$ ,  $I_0=5$ . (B) DT: RRG:  $N=4900$ , 次数  $k=4$ ,  $\beta=0.37 \text{ day}^{-1} \text{ person}^{-1}$ ,  $\gamma=1/3 \text{ day}^{-1}$ ,  $I_0=5$ . (C) DT: BA-SF:  $N=4900$ , 平均次数  $\langle k \rangle=4$ ,  $\beta=0.55 \text{ day}^{-1} \text{ person}^{-1}$ ,  $\gamma=1/3 \text{ day}^{-1}$ ,  $I_0=5$ .

### 3 結果

3.1 節では, IP ネットワークが単一の場合において従来の RN モデルと SN モデルの結果について議論する (図 2, 3). 結果として, DT ネットワークが正方格子の場合に, SN モデルにおいて DT および IP の不一致が最終感染者の割合を大きく抑制させた. これを受けて, 3.2 節では, IP が単一でない SN モデルにおいて, DT が正方格子の場合を検討する. 2.3 節で述べたように, あるエージェント  $i$  が確率  $\alpha_i$  で IP を選択する場合, 戦略適応時に  $i$  の隣人  $j$  の戦略  $s_j$  だけでなく,  $\alpha_j$  も同時に模倣, すなわち共進化が可能である. 以上より, 3.2 節では DT が正方格子の場合における共進化の有無の影響についても議論する (図 4-6).

#### 3.1 情報伝搬ネットワークが単一の場合

図 2 は, 相対的ワクチン接種コスト  $C_r$  の値に対する均衡のワクチン接種率と最終感染者の割合である. 従来の RN モデルについては, DT ネットワークがスモールワールド性やスケールフリー性を持ち, かつ平均パス長  $L$  が短い (正方格子:  $L=35$ , RRG:  $L=7.1$ , BA-SF:  $L=4.7$ ) 程, 同じ  $C_r$  に対する均衡のワクチン接種率が高く, 最終感染者の割合は抑えられていることが分かる [13]. 疾病の伝搬様相はネットワーク構造に依存する [11]. よって, 疾病が蔓延しやすい DT 上では集団免疫への到達がより困難となり, この恩恵にただ乗りすることも厳しくさせる. 結果として, エージェントの自主的なワクチン接種が促進される [5].

図 2 の (A) DT: 正方格子から, SN モデルの結果を従来の RN モデルのそれと比較すると, 均衡のワクチン接種率には微小な減少が見られるものの, 最終感染者の割合はあらゆる  $C_r$  の値に対して大きく抑制されている. 図 3 は, それぞれのモデルにおける  $C_r=0.1$  のときの均衡到達後の典型的な流行期終了後のスナップショットである. これらを見ると, RN モデルでは接種者は空間に局所的なクラスターを形成, SN モデル (IP: BA-SF) ではワクチン接種者が孤立して分布することで感染拡大を防いでいることが分かる. 以上より, 接種者の存在による感染症拡大の抑制という観点において, RN モデルでは初期感染者が発生した場所に依存してクラスターを形成している接種者 (特に内部) が無駄になってしま

う可能性があるが, SN モデルでは接種者が孤立して分布することで, どこで初期感染者が発生したとしてもある程度感染の拡大を抑えることが可能となる (IP: RRG の場合も同様).

図 2 の (B) DT: RRG においては, DT が正方格子の場合と同様の (ただし弱い) 傾向が見られる. すなわち, SN モデルの方がワクチン接種率は低いが, 最終感染者の割合は抑制されている. また, 図 2 の (C) DT: BA-SF においては, SN モデルによる DT と IP ネットワークの不一致が集団のワクチン接種率の減少と最終感染者の割合の増加を引き起こしていることが分かる. これは SF では次数のべき性により低い感染率でも疾病が蔓延しやすいことに原因がある [14]. DT ≠ IP にすることは, たとえ DT 上において感染リスクの高い高次数者 (ハブ) であったとしても, IP が不一致であれば, 集団の多くを占める低次数者の (ワクチン接種を行うという) 意思決定に影響を与えることが困難となるためであると考えられる.

#### 3.2 情報伝搬ネットワークが複数あり得る場合

図 4 は, 各エージェントが確率  $\alpha$  で IP ネットワークを選択する SN モデル (DT: 正方格子) における, 相対的ワクチン接種コスト  $C_r$  の値に対する均衡のワクチン接種率と最終感染者の割合である.

図 4 (A) 共進化なし (戦略適応のみを行う場合) から分かるように, IP が単一に限定される SN モデル (黒の破線) と IP に正方格子を含まない SN モデル (IP1: BA-SF, IP2: RRG) の結果はほぼ等しい. 一方, IP に正方格子を含む SN モデルは, 含まない結果よりも最終感染者サイズが芳しくない. 図 5 は, それぞれの IP における  $C_r=0.1$  のときの均衡到達後の典型的な流行期終了後のスナップショットである. IP に正方格子を含まない SN モデル (A) では, IP が単一である SN モデルと同様の (ただし弱い) ワクチン接種者が孤立して分布する傾向が見られる. 一方, IP に正方格子を含む SN モデル (B, C) では, 一部のワクチン接種者が空間に局所的なクラスターを形成している.

図 4 (B) 共進化ありと (A) 共進化なしの結果と比較すると, 上述の傾向は現れているものの, 最終感染者の割合は共進化ありの方が増加していることが分かる. 図 6 は, それぞれの IP における  $C_r=0.1$  のときの各エージェントの疾病状況 (上図) および IP ネットワーク選択確率  $\alpha$  (下図) の典型的



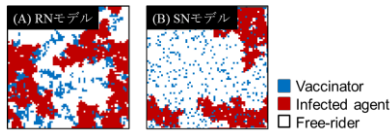


図3: 図2におけるDTネットワーク(正方格子)上の均衡時のある流行期終了後のスナップショット. (A) RNモデル, (B) SNモデル(IP: BA-SF),  $C_v=0.1$

な流行期終了後における時系列スナップショットである. これらと比較すると, 共進化の有無に関わらず類似したワクチン接種者の分布が形成されていく. しかしながら, 共進化ありの場合, 各エージェントは隣人の $\alpha$ の値も模倣してしまうために, 共進化なしと比較してワクチン接種のクラスターが形成されやすくなっていく.

## 4 結論

今回, 感染症伝搬(DT)ネットワークと情報伝搬(IP)ネットワークの構造や数の一致/不一致が, 個人のワクチン接種行動および感染症の蔓延にどのような影響をもたらすのかを検討した. その結果, 感染症の伝搬ルートとなり得る隣人の戦略を模倣すべきなのか[5], それとも今回提示した枠組みである情報の伝搬ルートとなり得る隣人(知人)の戦略を模倣すべきなのかは, DTの構造に大きく依存することが明らかとなった.

したがって, 感染症の伝搬による被害を低減させる観点から望ましい意思決定を行うためには, 各エージェントが自身の置かれているDTの構造を正しく認識し, それに応じてどのネットワークに属する隣人の戦略を模倣すべきなのかを選択しなければならないことが示唆される.

今回, 簡単のためIPは2種類存在し, かつどちらかのネットワークの情報のみを確率的に参照する枠組みを検討した. 今後の課題として, IPが $n \geq 2$ 種類存在し, ある単一のIPからだけでなく, 複数のIPから得られた情報を総合的(例えば平均利得など)に考慮した意思決定の影響を検討する必要があると言えよう.

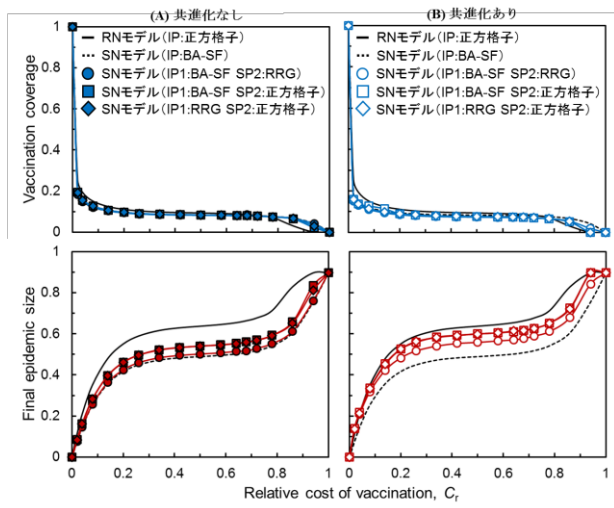


図4: DTネットワークが正方格子(各パラメータは図2に等しい), IP1を選ぶ確率が $\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ), IP2を選ぶ確率が $1-\alpha$ の場合の均衡時のワクチン接種率(上図)と最終感染者の割合(下図). 黒の実線はRNモデル, 黒の破線はIP: BA-SF単一の場合の結果である. 塗りつぶしおよび白抜きのデータ点はそれぞれ, (A) 共進化なしおよび(B) 共進化ありのSNモデルの結果に対応する. 初期の $\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ )の値はランダムに与えている.

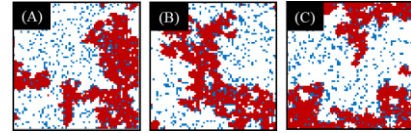


図5: 図4(A)におけるDTネットワーク(正方格子)上の均衡時のある流行期終了後のスナップショット. (A) IP1 ( $\alpha$ ): BA-SF, IP2 ( $1-\alpha$ ): RRG, (B) IP1: BA-SF, IP2: 正方格子, (C) IP1: RRG, IP2: 正方格子,  $C_v=0.1$ .

## 謝辞

本研究の一部は科研費萌芽研究(#25560165), ファイザヘルス研究財団による. 記して謝意を表する.

## 参考文献

- [1] R. M. Anderson and R. M. May, *Infectious diseases of humans: Dynamics and Control* (Oxford University Press, New York, 1991).
- [2] P. Fine, J. Clarkson, *Am. J. Epidemiol.* **124**, 1012 (1986).
- [3] C. T. Bauch, A. P. Galvani, D. J. D. Eam, *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **100**, 10564 (2003).
- [4] M. Brisson, W. Edmunds, *Med. Decis. Making* **23**, 76 (2003).
- [5] F. Fu, D. I. Rosenbloom, L. Wang, M. A. Nowak, *Proc. R. Soc. B* **278**, 42 (2011).
- [6] H. Ohtsuki, M. A. Nowak, J. M. Pacheco, *Physical Review Letters* **98**, #108106 (2007).
- [7] C. Xia, Q. Miao, J. Zhang, *Chaos, Solitons & Fractals* **51**, 22 (2013).
- [8] D. T. Gillespie, *J. Phys. Chem.* **81**, 2340 (1977).
- [9] S. Janson, T. Luczak, A. Rucinski, *Random Graphs: 9. Random Regular Graphs* (John Wiley & Sons, Canada, 2000).
- [10] A. L. Barabási and R. Albert, *Science* **286**, 509 (1999).
- [11] M. J. Keeling and K. T. D. Eames, *J. R. Soc. Interface* **2**, 295 (2005).
- [12] G. Szabo and C. Toke, *Phys. Rev. E* **58**, 69 (1998).
- [13] T. Yuasa and S. Shirayama, *IPSI SIG technical reports ICS-161(1)*, 1 (2010) (In Japanese).
- [14] M. J. Keeling and K. T. D. Eames, *J. R. Soc. Interface* **2**, 295 (2005).

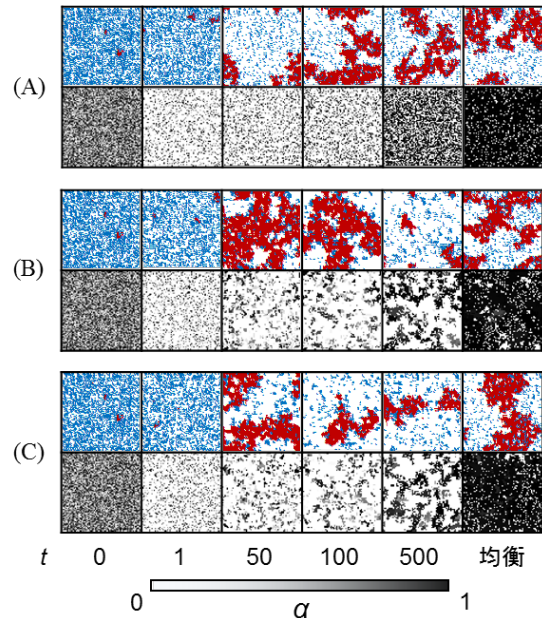


図6: 図4(B)におけるDTネットワーク(正方格子)上の, 各エージェントの疾病状況(上図)およびIPネットワーク選択確率 $\alpha$ (下図)の典型的な流行期終了後における時系列スナップショット. (A) IP1 ( $\alpha$ ): BA-SF, IP2 ( $1-\alpha$ ): RRG, (B) IP1: BA-SF, IP2: 正方格子, (C) IP1: RRG, IP2: 正方格子,  $C_v=0.1$ .