

ワクチン接種の意思決定をめぐるジレンマ構造のゲーム理論的分析

福田枝里子¹, 谷本潤²

¹九州大学大学院 総合理工学府 環境エネルギー工学専攻

²九州大学大学院 総合理工学府 環境共生工学部門

概要

感染症の流行に曝された集団のワクチン接種の意思決定により生じる社会的ジレンマ、いわゆる“ワクチン接種ジレンマ”をゲーム理論的観点から分析する。本稿では、Well-mixed 集団中および社会ネットワーク上の感染症の流行を想定し、自発的ワクチン接種政策下における Nash 均衡および社会的最適状態のワクチン接種率、およびそれらの乖離度合いの指標である“ジレンマ強さ”を算出する。その結果、集団構造および基本再生産数 R_0 または感染率 β の値の違いが、囚人のジレンマやチキンゲームに代表されるゲームクラス（ジレンマ数理構造）の種類や出現領域、およびジレンマ強さに大きな影響をもたらすことが明らかとなった。

Game Theoretic Analysis on a Social Dilemma with Vaccination Decision

Eriko Fukuda¹, Jun Tanimoto¹

¹Interdisciplinary Graduate School of Engineering Sciences, Kyushu University

Abstract

In this study, we analyze the so-called “vaccination dilemma”, which is commonly known as one of the social dilemmas with regard to vaccination decision of individuals facing the vaccine-preventable diseases (including the flu, measles, and so on) from the perspective of classical game theory. To this end, we consider the various cases of the spreading of such infectious diseases which have a certain basic reproduction number, R_0 or a certain disease transmission rate, β in well-mixed populations and social networks. We obtain the vaccination coverages of the Nash equilibrium and the social optimum, and then calculate the “dilemma strength”, which is the discrepancy indicator in these coverages under a voluntary vaccination policy. We report that the population structure and the value of R_0 (β) greatly affect the type and the appearance region of the dilemma game classes (the social-dilemma structures, including the prisoner’s dilemma, the chicken game, and so on) as well as the value of the dilemma strength.

1 はじめに

人間社会における感染症の流行現象を数理モデルにより理解・予測し、その流行を防止・抑制する試みは古くから広く行われている[1]。そのような人間集団中を伝搬する様々な社会現象を記述する代表的な数理モデルとして、SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) モデルがある。オリジナルの SIR モデルは Well-mixed 集団を対象とした理論疫学モデル[2]であったが、ある程度の現実性を担保しつつ比較的容易な分析を可能とする方法として、個々人の接触関係をノードとエッジで比喻する社会（複雑）ネットワーク上に拡張した SIR モデルをベースにした研究が盛んに行われてきた[3,4]。一方で近年、ワクチン接種により予防可能な感染症（インフルエンザや麻疹など）の流行に直面した個々人の自発的ワクチン接種行動に伴う社会的ジレンマ、いわゆる“ワクチン接種ジレンマ”を特徴付けるために、理論疫学とゲーム理論を統合したモデルを構築・解析することにより、ワクチン接種に関する意思決定を予測する研究が注目を集めている[5-8]。これらの研究から、Well-mixed 集団中においては、ある疫学パラメータ値（基本再生産数 R_0 または感染率 β など）で規定される様々な感染症を想定した場合、Nash 均衡 (Nash equilibrium, NE) と社会的最適状態 (Social optimum, SO) のワクチン接種率 x_{NE} と x_{SO} は常に乖離する、すなわち社会的ジレンマが常に存在してしまうことが示された。

自発的ワクチン接種政策の下で感染症の流行を抑制するためには、このワクチン接種ジレンマを解消する必要がある。文献[5]では、ワクチン接種ジレンマはゲーム理論における囚人のジレンマ (Prisoner’s dilemma, PD) に似た性質を

有していることを指摘している。文献[5]を嚆矢としたワクチン接種ジレンマを扱う多くの研究は、文献[5-8]で構築された枠組みを適用・拡張することにより、ジレンマを解消して感染症の流行を抑制するための政策提案に傾注している[例えば9,10]。しかし、ある条件下（想定する感染症や集団構造）で生じるワクチン接種ジレンマが必ずしも PD であるとは限らず、個々の状況がどのようなジレンマ数理構造を有しているのかに関しては、ほとんど注意を払われていない。

一方、現実社会における社会的ジレンマの数理構造をゲーム理論的観点から分析しようとする試みとして、ドライバーという意味決定主体（エージェント）によって引き起こされる渋滞現象に焦点を当てた研究が行われている[11-13]。これらの研究の中で、 x_{NE} と x_{SO} の乖離度合いを定量的に評価する“ジレンマ強さ η ”の指標が提案され、ジレンマ構造の解析に有用であることが示されている。

これらの先行研究に動機付けられ、本研究では感染症の流行に直面したエージェント集団におけるワクチン接種の意思決定に伴うジレンマについて、文献[11-13]に倣い、ワクチン接種ジレンマの数理構造の特定およびジレンマ強さ η の定量的評価を試みる。感染症流行の様相は集団構造に強く依存することが知られており[3]、本研究では典型的な3種類の集団構造（Well-mixed 集団および2次元正方格子、Barabási-Albert スケールフリーネットワーク (BA-SF) [14] 上のエージェント集団）を想定する。ジレンマ数理構造および η を明らかにすることにより、（進化）ゲーム理論で得られているジレンマ解消機構に関する知見をワクチン接種ジレンマ解消に効率良く適用することが可能となり、結果

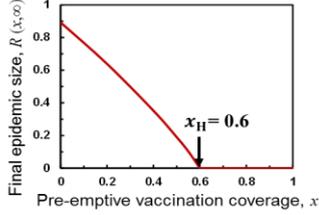


図1: 先制的ワクチン接種率 x に対する最終感染者サイズ $R(x, \infty)$ ($R_0=2.5$) .

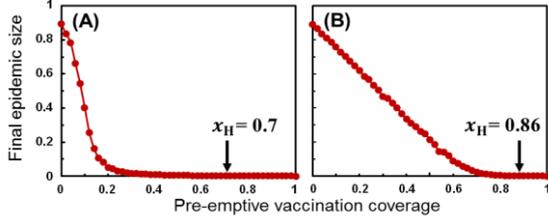


図2: 先制的ワクチン接種率に対する最終感染者サイズ. (A) 正方格子 ($\beta=0.46$) , (B) BA-SF ($\beta=0.55$) .

として、より有効な政策提言へ繋げることが期待される。

2 数理疫学 (SIR) モデル

2.1 Well-mixed 集団

空間構造を持たない様に混合された (Well-mixed) 集団における感染症流行の時間発展を、Kermack-McKendrick の SIR モデルで考える[2]。このモデルでは、集団 N は感受性人口 S 、感染性人口 I 、回復 (免疫獲得) 人口 R の3状態に分割され、

$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= -\beta S(t)I(t), \\ \dot{I}(t) &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \dot{R}(t) &= \gamma I(t),\end{aligned}\quad (1)$$

で記述される。ここで、 β [$\text{day}^{-1} \text{person}^{-1}$] は感染率、 γ [day^{-1}] は回復率であり、再感染はないものとする。 $N=1$ とすれば、あらゆる時間 t で、

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) = 1, \quad (2)$$

であり、式(2)の各変数を連続量とすれば式(1)は実質的にシステムサイズ無限大の Well-mixed 集団を記述している。 $S(0) = N - I(0) \approx N = 1$ 、 $I(\infty) = 0$ であるので、式(1)、(2)より初期条件 $(S(0), I(0), R(0)) = (S(0), I(0), 0)$ で始まった流行における最終感染者サイズ $R(\infty)$ は、

$$R(\infty) = 1 - e^{-R_0 R(\infty)}. \quad (3)$$

で与えられる。ここで、 $R_0 = N\beta/\gamma = \beta/\gamma$ は基本再生産数[15]と呼ばれ、 $R_0 < 1$ であれば感染症の流行は起きない (侵入条件[16])。 R_0 特定の重要な利点として、集団免疫 (Herd immunity) を誘導する集団の臨界ワクチン接種率 x_H の特定が挙げられる。集団の先制的ワクチン接種率が x ($0 \leq x \leq 1$) の場合の最終感染者サイズ $R(x, \infty)$ は式(3)より、

$$R(x, \infty) = (1-x)(1 - e^{-R_0 R(x, \infty)}), \quad (4)$$

と書き直せる。以上より、 $R_0 < 1$ (感染症流行の根絶条件) を満たすような臨界の x 、すなわち x_H は、

$$x_H := 1 - 1/R_0. \quad (5)$$

となる。図1は、基本再生産数 $R_0=2.5$ の場合の先制的ワクチン接種率 x に対する最終感染者サイズ $R(x, \infty)$ を示してい

表1: 流行終息後の戦略および健康状況に応じた利得。

Strategy \ State	Healthy	Infected
Vaccination (Cooperation, C)	$-C_r$	
No-vaccination (Defection, D)	0	-1

る。この場合、 $R(0, \infty) \approx 0.9$ であり、 $R(x, \infty) = 0$ となるような臨界ワクチン接種率は $x_H = 0.6$ である。なお、式(4)を数値計算するにあたり、Newton 法を用いた[17]。

2.2 ネットワーク上の集団

式(1)の古典的な SIR モデル[2]は集団の空間構造を仮定していない。加えて、最終感染者サイズ (感染症の“感染性の強さ”) を決める疫学パラメータ $R_0 (= \beta/\gamma)$ は解析的な式が得られる。一方、ネットワーク上の SIR ダイナミクスの一般解およびその R_0 の具体的な表式を書き下すことは、一般に容易ではない。そこで、本研究では疫学パラメータの1つである回復率の値を $\gamma = 1/3$ に固定、感染率 β を制御パラメータとして集団が空間構造を持つように拡張された SIR モデルを用いた確率論的シミュレーションを行う[3]。なお、シミュレーションを行うにあたり、Gillespie 法を用いた[8,18]。

感染症伝搬の様相は集団構造に大きく依存する。そこで、典型的なネットワークとして正方格子および BA-SF[14]の2つを想定した。本稿では $N=4900$ 、(平均) 次数 $\langle k \rangle = 4$ とし、先制的ワクチン接種者以外の中から初期感染者 $I_0=5$ が集団中にランダムに発生、ネットワークを介して感染症が伝搬する。図2は、正方格子 ($\beta=0.46$) および BA-SF ($\beta=0.55$) 上における先制的ワクチン接種率に対する最終感染者サイズを示している。これらの β の値の場合の結果は、集団に先制的ワクチン接種者が存在しない場合の最終感染者サイズが約 0.9 となるような場合、すなわち図1の無限 Well-mixed 集団における $R_0=2.5$ の結果に対応する。なお、図2に示すそれぞれのネットワークにおける臨界ワクチン接種率は、文献[8]に倣い $x_H = 2I_0/N$ で算出した。

3 ゲーム理論的分析

3.1 Nash 均衡および社会的最適状態

Nash 均衡 (NE) とは、ゲーム理論における非協力ゲームの解の一種であり[19]、自己利益の最大化を目指すあらゆる合理的エージェントにとって、自身の戦略を変更するインセンティブがない状況を意味する。一方、社会的最適状態 (SO) とは、社会の総 (もしくは期待) コストが最小 (言い換えれば社会総 (もしくは期待) 利得が最大) となるような、社会にとって最適な状況を意味する。ここで、NE が SO 以外である (乖離している) 状況を“ジレンマが存在する”という。

SIR ダイナミクスによって記述される感染症の流行終息後の利得を、戦略および健康状態の3タイプに応じて表1のように定義する。ここで、 C_r とは感染コストを1としたときの相対的ワクチン接種コスト ($0 \leq C_r < 1$) である。文献[11,13]に倣えば、ワクチン接種ジレンマの数理構造は、NE および SO のワクチン接種率 x_{NE} および x_{SO} の乖離の有無、および x_{NE} の値に応じて表2のように分類できる。ここで、 x_{NE} および x_{SO} のときの期待 (もしくは社会平均) 利得をそれぞれ $\pi(x_{NE})$ および $\pi(x_{SO})$ とすると、表2における η ($0 \leq \eta \leq 1$) は、

表2: ゲームクラスの種類

Dilemma game class	Classification definitions
Trivial game, TG ($\eta = 0$)	$x_{NE} = x_{SO}$ D-TG if $x_{NE} = 0$ C-TG if $x_{NE} = 1$
Chicken game, CH ($\eta \neq 0$)	$x_{NE} \neq x_{SO}, 0 < x_{NE} < 1$
Prisoner's dilemma, PD ($\eta \neq 0$)	$x_{NE} \neq x_{SO}, x_{NE} = 0$

$$\eta = \pi(x_{SO}) - \pi(x_{NE}), \quad (6)$$

で定義される[12]. 式(6)はワクチン接種に関する“ジレンマ強さ”の程度(SOの達成しづらさ)を定量的に評価する指標である. 加えて, 本研究ではジレンマが存在しない($\eta = 0$) Trivial ゲーム(TG)クラスについては, x_{NE} の値に応じて更に2種類(D-TGおよびC-TG)に分類することとする.

3.2 Well-mixed 集団

無限 Well-mixed 集団における x_{NE} および x_{SO} はそれぞれ, R_0 , x_H および C_r を用いて,

$$x_{NE} = \begin{cases} 1 & \text{if } C_r = 0, \\ 1 + \ln(1 - C_r) / C_r R_0 & \text{if } 0 < C_r \leq R(0, \infty), \\ 0 & \text{if } R(0, \infty) < C_r. \end{cases} \quad (7)$$

$$x_{SO} = \begin{cases} 0 & \text{if } R_0 \leq 1, 0 < C_r < 1, \\ 1 - 1/R_0 (= x_H) & \text{if } R_0 > 1, 0 < C_r < 1, \end{cases} \quad (8)$$

と表現できる[8]. ここで, $C_r = 0$ の場合の x_{SO} を考える. $R_0 \leq 1$ では $0 \leq x_{SO} \leq 1$ を満たすあらゆる x_{SO} が解であるが, ここでは $x_{SO} = x_{NE} = 0$ として D-TG と分類することとする. 一方, $R_0 > 1$ では $x_{SO} > x_H$ を満たすあらゆる x_{SO} が解であるが, 本研究では $x_{SO} = x_{NE} = 1$ として C-TG と分類することとする. 図3は, $R_0 = 2.5$ の場合の C_r に対する (A) x_{NE} および x_{SO} , (B) $\pi(x_{NE})$ および $\pi(x_{SO})$ を示している. 図3(A)を見ると, $C_r = 0$ を除くすべての C_r の値の範囲で x_{NE} と x_{SO} は乖離していることが分かる[8]. 加えて, 最終感染者サイズが最大(すなわち $x_{NE} = 0$) となる境界の $C_r \approx 0.9 = R(0, \infty)$ の値でゲームクラスが CH から PD へと転移し, また図3(B)から, C_r の値の増加と共に増加していた η が $C_r \approx 0.9 = R(0, \infty)$ で最大となり(ジレンマ最大), その後は C_r の値の増加と共に η の値が減少していくことが分かる.

3.3 ネットワーク上の集団

拡張 SIR モデル[3]を用いた確率論的シミュレーションを行うことでネットワーク上の集団における x_{NE} および x_{SO} を求め, ゲームクラスを分類する. 方法は以下の通りである. ある β の値について先制的ワクチン接種率 x を固定し, 感染症流行シミュレーションを行う. その結果先制的ワクチン接種エージェントの平均利得 $\langle \pi_C \rangle = -C_r$, 非接種エージェント(感染者およびフリーライダー)の平均利得 $\langle \pi_D \rangle$, および集団全体の社会平均利得 $\langle \pi \rangle$ を得る. これらは独立な 100 試行の平均値である. x の値を 0 から 1 まで変化させ, 同様に各平均利得を得る. 以上の手順を踏むことにより, 文献[11,13]に倣い, 図4に示すような結果の概形から表2に示すゲームクラスに分類, x_{NE} および x_{SO} の値を特定する. 加えて, それぞれの社会平均利得 $\pi(x_{NE})$ および $\pi(x_{SO})$ を用い, 式(6)から η を算出する. 図4は(A) 正方格子 ($\beta = 0.46$) および(B) BA-SF ($\beta = 0.55$) 上における先制的ワクチン

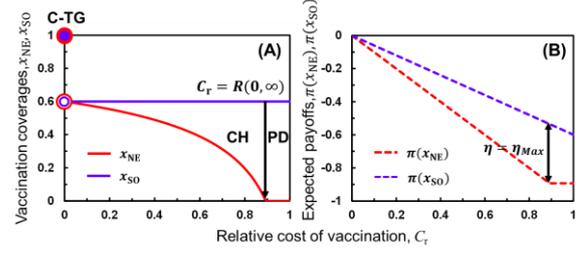


図3: 相対的ワクチン接種コスト C_r に対する (A) ワクチン接種率, (B) 期待利得 ($R_0 = 2.5$).

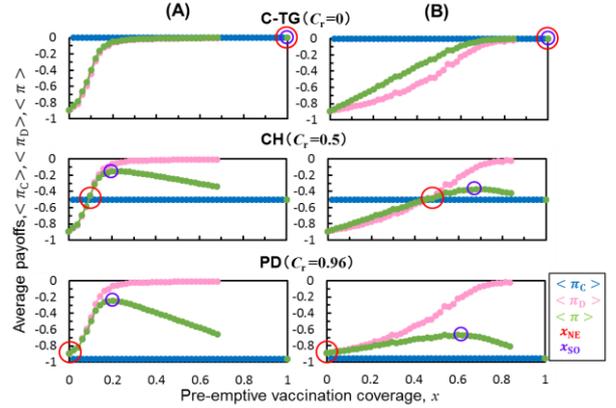


図4: ジレンマゲームクラス別先制的ワクチン接種率 x に対する各平均利得. (A) 正方格子 ($\beta = 0.46$), (B) BA-SF ($\beta = 0.55$).

ン接種率に対する各平均利得を示している. なお, 図4においてデータ点がない領域は $x_H < x < 1$ であることを意味している. このように集団免疫が達成されている領域では, シミュレーションの確率的影響による最終感染者サイズの微小な“揺らぎ”が平均利得の大小関係の判定に大きな影響をもたらし, ゲームクラスの判定を難しくしてしまう. よって, 本研究ではこのような領域は除外した上で解析を行う.

4 考察

図5は, 集団構造別の $C_r - R_0$ (β) の x_{NE} (上図) および η (下図) の結果の相関を示している. 図5の結果を見ると, ワクチン接種ジレンマは集団構造に依存せず, C_r および R_0 (β) の値に応じて以下4種類のゲームクラスに分類されることが分かる; (i) 感染症の流行が起きない R_0 (β) の値の範囲 ((A)では $R_0 \leq 1$) では, D-TG のゲーム構造を有することが分かる. これは, この疫学パラメータの値の領域では感染症が流行しないため, ワクチン接種を行わないことが NE であり, かつ SO であることを意味する. (ii) D-TG の領域を超えると, $x = 0$ であれば感染症が流行する ((A)では $R_0 > 1$). この疫学パラメータの値の領域では, C_r が (ほぼ) 0 の場合のみ C-TG のゲーム構造を有することが分かる. これは, 接種戦略と未接種戦略かつ健康のコストが共に 0 であるため, 感染症が流行する領域ではワクチン接種を行うことが NE であり, かつ SO であることを意味する. (iii) $C_r > 0$ の値の範囲では常に NE と SO は乖離し[5-8], $x_{NE} = 0$ となる最小の C_r の境界 (図5下図のピンクの曲線) で CH から PD へゲームクラスが転移, かつそのとき η は最大となり, その後は C_r の値の増加と共に η は減少していくことが分かる. これは, PD クラスに転移後は感染コスト-1と接種コスト- C_r の値の差が次第になくなっていくためである. こ

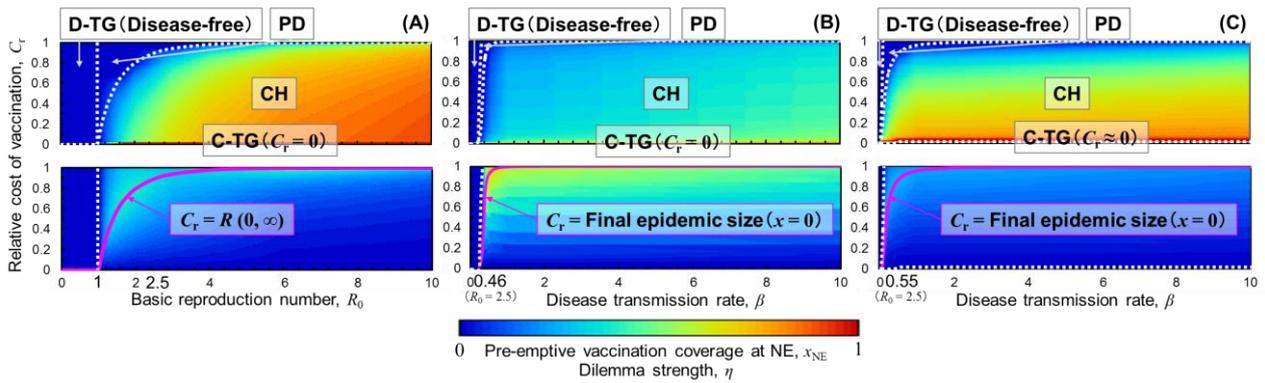


図5: 相対的ワクチン接種コスト C_r –基本再生産数 R_0 (感染率 β) に対する Nash 均衡の先制的ワクチン接種率 x_{NE} (上図) およびジレンマ強さ η (下図) の相図. (A) 無限 Well-mixed 集団, (B) 正方格子, (C) BA-SF.

これらのコストの差がなくなることは、接種を行ってまで感染を逃れる必要が個人レベルだけでなく、社会レベルでもなくなることを意味する。以上より、PD 転移後の η の値は減少する。

次に、集団の空間構造の有無の影響を考える。すなわち、集団構造を持たない図5(A) 無限 Well-mixed 集団と集団構造を持つ(B)正方格子, (C) BA-SF の結果を比較する。図5上図を見ると、(A)では R_0 の値の増加と共に $x_{NE} \approx 1$ となる C_r の値の領域が拡大している一方、(B)や(C)では β がいくら増加しても $x_{NE} \approx 1$ となる C_r の値の領域は $C_r \approx 0$ のままであることが分かる。実際、無限 Well-mixed 集団において $R_0 \rightarrow \infty$ の場合、 x の値 (接種率) に関わらず感受性人口 (未接種者) は絶対に感染する。そのため、 $R_0 \rightarrow \infty$ ではあらゆる C_r の値に対して $x=1$ が NE であり、かつ SO (すなわち C-TG) となる。一方、集団が空間構造を持つ場合、 β をいくら大きくしたとしても局所的相互作用の影響によりフリーライダーが集団内に存在可能となってしまう。以上より、空間構造がある場合 $\beta \rightarrow \infty$ でも C_r 全域で C-TG とはならない。

最後に、空間構造を持つ集団のトポロジーの影響を考える。すなわち、図5(B)と(C)の結果を比較する。すると、ある β および C_r の値に対して、BA-SF の方が正方格子の x_{NE} より高く、 η は小さいことが分かる。これは、次数に不均一(べき)性を持つBA-SFが、次数が均一な正方格子よりも容易に感染症が流行しやすいことに原因がある[3]。感染症が流行しやすいければ、確実に感染から免れることが自己利益を高めることに繋がる。以上より、BA-SF 上では正方格子上と比較して NE と SO の乖離が小さいと言える。

5 まとめ

今回、感染症の流行に対するワクチン接種の意思決定が引き起こす“ワクチン接種ジレンマ”についてゲーム理論的観点から定量的解析を試みた。その結果、 R_0 (β) および C_r の値に応じて4種類 (PD, CH, C-TG, D-TG) のゲームクラスに分類でき、加えて、 η は R_0 (β) および C_r だけでなく、集団構造の有無やトポロジーの相違による感染症の流行のしやすさに大きく依存することが明らかとなった。とりわけ、 $R_0=2.5$ (もしくは対応する β) 周辺の R_0 (β) の値の範囲では、CH から PD に転移するときの η が大きく、かつ η が比較的大きい C_r の値の範囲が広いことが明らかとなった。

現実との対応として、インフルエンザは $1.5 < R_0 < 3$ [8] の値を持つ世界中の公衆衛生を脅かす身近な感染症である。感染症流行問題に対処するためには、ワクチン接種ジレンマの解消 (緩和) に有効となりうる知見を“適切に”選別

し、ワクチン接種ゲームの数理モデル (およびそのシミュレーション) や被験者実験などに選別した知見を組み込み、接種率向上効果や流行抑制効果を検証する必要がある。これまで、ワクチン接種ジレンマを扱う多くの研究では、(進化) ゲーム理論で得られているジレンマ解消機構に関する知見を本問題に適用した場合の流行抑制効果の検証を、無数の方策を試行錯誤的に試すという構成論的方法に基づいて行ってきた[例えば9,10]。しかしながら、パンデミックを防止するための政策を見出すことが世界的急務であることを鑑みると、このような検証方法は決して得策であるとは言えない。本研究は、そのような感染症の流行を効果的に防止・抑制するために検証すべき知見を選別するための“選別基準”を与える足掛かりになる研究であると言える。

謝辞

本研究の一部は科研費・萌芽研究 (#15K14077) 助成による。記して謝意を表す。

参考文献

- [1] R.M. Anderson, R.M. May, *Infectious diseases of humans: Dynamics and Control* (Oxford University Press, New York, 1991).
- [2] W.O. Kermack, A.G. McKendrick, *Proc. R. Soc. Lond. Sect. A* **115**, 700 (1927).
- [3] M.J. Keeling, K.T.D. Eames, *J. R. Soc. Interface* **2**, 295 (2005).
- [4] D.A. Luke, J.K. Harris, *Annual Rev. Public Health* **28**, 69 (2007).
- [5] C.T. Bauch, A.P. Galvani, D.J.D. Eam, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **100**, 10564 (2003).
- [6] C.T. Bauch, D.J.D. Eam, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **101**, 13391 (2004).
- [7] C.T. Bauch, *Proc. R. Soc. B* **272**, 1669 (2005).
- [8] F. Fu, D.I. Rosenbloom, L. Wang, M.A. Nowak, *Proc. R. Soc. B* **278**, 42 (2011).
- [9] E. Fukuda, S. Kokubo, J. Tanimoto, Z. Wang, A. Hagishima, N. Ikegaya, *Chaos, Solitons Fractals* **68**, 1 (2014).
- [10] E. Fukuda, J. Tanimoto, M. Akimoto, *Chaos, Solitons Fractals* **80**, 47 (2015).
- [11] A. Yamauchi, J. Tanimoto, A. Hagishima, H. Sagara, *Phys. Rev. E* **79**, 036104 (2009).
- [12] M. Nakata, A. Yamauchi, J. Tanimoto, A. Hagishima, *Physica A* **389**, 5353 (2010).
- [13] S. Kukida, J. Tanimoto, A. Hagishima, *Int. J. Modern Phys. C* **22**, 271 (2011).
- [14] A.L. Barabási and R. Albert, *Science* **286**, 509 (1999).
- [15] O. Diekmann, J.A.P. Heesterbeek, J.A.J. Metz, *J. Math. Biol.* **28**, 365 (1990).
- [16] H. Inaba (Ed.), *Mathematical models for Infectious diseases*, (Baifukan, Tokyo, 2008) (In Japanese).
- [17] J. Nocedal, S.J. Wright, *Numerical Optimization* (Springer, New York, 2006).
- [18] D.T. Gillespie, *J. Phys. Chem.* **81**, 2340 (1977).
- [19] J.F. Nash, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **36**, 48 (1950).