

複雑ネットワーク上の感染伝搬に対するパーコレーション解析

立川 雄一^{1,2}, Md. Rajib Arefin³, 谷本 潤^{1,4}

¹九州大学 大学院総合理工学府 総合理工学専攻

²エム・アール・アイリサーチアソシエーツ株式会社

³ダッカ大学 理学部 応用数学科

⁴九州大学 総合理工学研究院 環境理工学部門

概要

複雑ネットワーク上の感染症伝搬ダイナミクスをパーコレーションによる理論モデルで解析し、2つの介入行為 - i)感染者の隣人へのワクチン接種, ii)感染者の隔離 - による感染抑制効果を検討した。理論モデルの解析解を Multi-Agent Simulation で検証したところ、解析解は一定の水準まで拡大せずに収束する試行を除いて平均化したシミュレーション解に近似することがわかった。また、介入行為による感染抑制効果は、i)と ii)を同時に実施した場合に高くなり、特にワクチンの有効度が高いほど感染拡大に転じにくい結果となった。

Percolation analysis for epidemics on a complex network

Yuichi Tatsukawa^{1,2}, Md. Rajib Arefin³, Jun Tanimoto^{1,4}

¹ Interdisciplinary Graduate School of Engineering Sciences, Kyushu University

² MRI research Associates Inc.

³ Department of Applied Mathematics, University of Dhaka, Bangladesh

⁴ Faculty of Engineering Sciences, Kyushu University

Abstract

We analyze how two kinds of interventions; i) letting neighbors of an infectious individual vaccinate, ii) putting them to quarantine, suppress a disease spreading on a complex network by means of a link percolation-based analytic approach. Our results show that simultaneous implementation of the two interventions bolsters preventing epidemic outbreaks, and the vaccine efficacy enhances the effect of confining a disease spreading.

1.緒言

本稿では、感染者の隣人へのワクチン接種と感染者の隔離による感染抑制効果をパーコレーションによる理論モデル[1]で解析する。

2.モデル

2.1 Multi-Agent Simulation

MAS の枠組みは、離散的確率モデルである Rejection Sampling Algorithm[2]に従う。ノード数 $N = 10^4$ 、平均次数 $\langle k \rangle = 8$ の Barabási-Albert Scale Free グラフ[3]上を SIR プロセス[4]に従って感染症が伝搬する 1 シ

ーズンのダイナミクスを想定する。感染はリンクで繋がったノード間でのみ伝達されるとし、感受性個体 S は隣接する全感染者の感染率 $\beta[\text{person}^{-1}\text{day}^{-1}]$ の総和で感染し、感染個体 I は回復率 $\gamma[\text{day}^{-1}]$ で回復する。

MAS による数値計算では、流行初期 ($t = 0$) に初期感染者 $I_0 = 1$ をランダムに配置し、系内に感染者が存在しなくなる迄を 1 エピソードとする。簡略化のため $\gamma = 1$ とし、 β を変化させたときの最終感染者サイズ (以下、 $FES = R/N$ (Final Epidemic Size) ただし、 R は均衡時の回復個体数) を夫々 10^4 エピソードで平均をとり比較対象とする。

$$T_\beta = \beta(1 - \omega e)(1 - q) \sum_{t=1}^{t_r} [(1 - \beta)(1 - \omega e)(1 - q)]^{t-1}. \quad (1)$$

$$T_\omega = (1 - q)\omega \sum_{t=1}^{t_r} [(1 - \beta)(1 - \omega)(1 - q)]^{t-1}. \quad (2)$$

2.2 パーコレーション

ネットワーク上の任意の I が感染期間内に隣接する S を感染させる確率を考える。各時間ステップでは、隣接した S のうち ω がワクチン接種をし、ワクチン有効度 e に応じて完全免疫（二度と感染しない状態）を獲得する（つまり、免疫獲得者の割合は ωe ）。また、感染者は確率 q で隔離され、隣接者とのリンクを断つ。以上の設定で、回復日数 t_r を経過するまでに I が感染を伝達する確率 T_β は式(1)で表記され、同期間に隣人がワクチン接種を完了する確率 T_ω は式(2)で表記される。

SIR プロセスをパーコレーションモデルの枠組みに対応させると、各 I がネットワーク全体に感染を拡大させる確率 f は、

$$f = 1 - G_1(1 - T_\beta f), \quad (3)$$

の超越方程式を満たす。ここで、 $G_1(x) = \sum_k k P_k x^{k-1} / \langle k \rangle$ 。式(1)~(3)より FES は、

$$FES = \frac{T_\beta}{T_\beta + eT_\omega} [1 - G_0(1 - T_\beta f)], \quad (4)$$

となる。ここで、 $G_0(x) = \sum_k P_k x^k$ 。また、 G_0 と G_1 中の P_k は解析対象とするネットワークの次数分布を意味し、本稿では Scale Free グラフの次数分布を用いた。

3. 結果と考察

まず、介入行為がない場合の FES をパーコレーションモデルと MAS で比較する。ここで、感染が $global\ outbreak$ に達する水準を $FES \geq S_c/N$ と定義する。Fig.1(a)を見ると、全エピソードの平均をとった FES ($S_c = 0$) は理論解析解と大きく乖離している。一方、 $local\ outbreak$ のエピソードを除いて平均をとった FES ($S_c = 10$) は理論解析解と類似している。

次に、集団で感染が拡大に転じる感染率を β_c とし、ワクチン接種と隔離による介入行為による感染予防効果が β_c に及ぼす影響を確認する。結果を見ると、 ω と q の両方が

大きくなるにつれて β_c も大きくなっている。

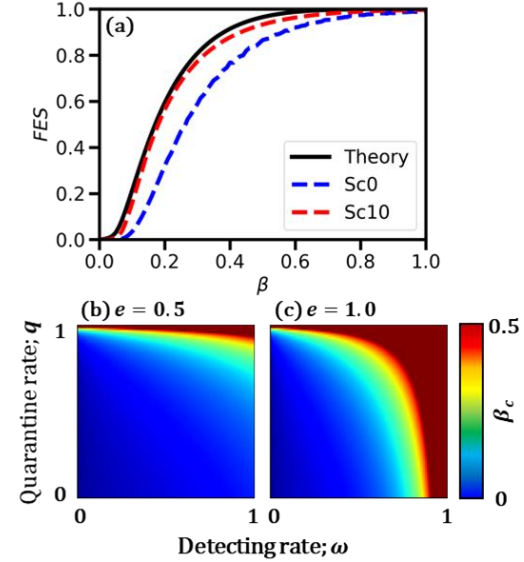


Fig.1 (a)介入行為がない場合 ($\omega = q = 0$) の FES を示す。黒線：パーコレーションによる解析解、青破線： $S_c = 0$ でのMAS、赤破線： $S_c = 10$ でのMAS。(b) $e = 0.5$ 、(c) $e = 1.0$ での $\omega - q$ 相図で感染拡大に転じる感染率 (β_c) を示す。図中で、赤色に近いほど感染が拡大しにくい状況を表す。

また、 e が高くなるほど介入行為の相乗効果が高くなることも確認される。

4. 結言

複雑ネットワーク上の感染症伝搬ダイナミクスをパーコレーションによる理論モデルで解析した。結句、感染抑制に最も寄与するのは、被感染者と感染者への介入行為を同時に実施するケースであることが理論解析により確認された。

参考文献

- [1]M. E. J. Newman.; Spread of epidemic disease on networks, *Phys. Rev. E.*, **66**, 1, 016128, Jul. 2002
- [2]N. Masuda and C. L. Vestergaard.; Gillespie algorithms for stochastic multiagent dynamics in populations and network, 2021.
- [3]A.-L. Barabási and R. Albert.; Emergence of Scaling in Random Networks, *Science*, **286**, 5439, 509–512, Oct. 1999.
- [4]W. O. K. and A. G. McKendrick.; A contribution to the mathematical theory of epidemics, *Proc. R. Soc. London. Ser. A, Contain. Pap. a Math. Phys. Character*, **115**, 772, 700–721, Aug. 1927