

# ネットワーク上の感染モデルの基本再生産数の計算

## Basic reproduction number of epidemic models on networks

守田 智 (静岡大学工学部)

Satoru Morita (Shizuoka University)

morita.satoru@shizuoka.ac.jp

感染症の伝播可能性を数値化したものとして基本再生産数が用いられている。基本再生産数は、まだ感染が蔓延していない集団において典型的な感染者が引き起こす二次感染者の平均値として定義される。着目した集団内の人々の接触形態が十分に混合 (well-mixed) している場合は、感染に関する状態をいくつかのコンパートメントに分けた常微分方程式モデルがよく用いられる。その場合は、常微分方程式から次世代行列を導出し、その最大固有値を計算することで基本再生産数が求まる[1]。しかし、集団がある程度大きい場合は接触形態を well-mixed と仮定することは現実的ではないため、そのような非一様な接触形態を表現する方法の一つとしてネットワークがしばしば用いられる。

ここでは時間変化のない (あるいは感染症伝播の時間スケールより十分遅い変化しかない) ネットワークを考え、個人に番号をふり  $i$  番目の人と  $j$  番目の間につながりがあれば  $A_{ij} = 1$ 、なければ  $A_{ij} = 0$  となる隣接行列  $A$  を考え、つながりがある個体間のみ感染症が伝播すると仮定する。ここでは隣接行列  $A$  は対称行列であるとし、隣接行列  $A$  の形が感染症拡散へどのような影響を持つかを明らかにするのが研究目的である。

注目される量の一つは次数とよばれるつながりの数で各個体に対して

$$k_i = \sum_{j=1}^n A_{ij}$$

と定義される。まずは、つながりのある個体間の次数相関  $e_{kk'}$  に対する依存性を調べる。ここで  $e_{kk'}$  はランダムに選んだリンクの端の一方が次数  $k$  のノードを持ち他方が次数  $k'$  のノードを持つ確率である。次数分布を  $p_k$  としたとき、リンクの端の次数の周辺分布は  $q_k = kp_k / \langle k \rangle$  となるので、次数が無相関の場合には  $e_{kk'} = q_k q_{k'}$  となる。ここでは  $e_{kk'}$  が以下のような場合を考える[2]。

$$e_{kk'} = q_k q_{k'} + \varepsilon p_k p_{k'} \left( \frac{k}{\langle k \rangle} - 1 \right) \left( \frac{k'}{\langle k \rangle} - 1 \right).$$

このようにすると  $\varepsilon > 0$  なら正の相関であり、 $\varepsilon < 0$  なら負の相関を与える。次数ベースの平均場近似を使って計算すると基本再生産数が

$$\beta + \varepsilon \alpha + \sqrt{(\beta + \varepsilon \alpha)^2 - 4\varepsilon \alpha \beta}$$

に比例していることが示される[2]。ただし、ここで

$$\alpha = \frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle^2}{\langle k \rangle}, \beta = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}$$

とおいた。

また、次数相関のない場合について、次数の大きい個体から取り除いて（たとえばワクチン接種を用いる）いく場合、

$$\frac{\lambda}{\langle k \rangle} \sum_{k=1}^{k_t-1} k^2 p_k < 1$$

をみたす最大値で与えられる次数が $k_t$ 以上のノードを取り除くと感染症が抑えられることが示される[3]。ここで $\lambda$ は治癒率を1として時間の単位を取った場合のつながりのあるペア間の感染率である。

最後に、微分方程式で表されている素過程をマルコフ過程とみなし、感染する確率を精密に計算した場合、上記の理論に補正の項が付け加わることも紹介する[4]。結果のみを記しておく、隣接行列の代わりに

$$B_{ij} = \frac{\lambda[1 - (1 - c_2)/k_j]}{\lambda(1 - c_1) + 1} A_{ij}$$

を用いて定式化すると良い。ここで $c_1$ は感染伝播が生じたペアについて移した側が感染性状態にあるうちに移された側が治癒して感染可能な状況になる確率であり、 $c_2$ は逆に移された側が感染性状態にあるうちに移した側が治癒して感染可能な状況になる確率である。よく知られた SIS モデルならば  $c_1 = c_2 = 1/2$ , SIR モデルなら  $c_1 = c_2 = 0$  となることが示せる。

本講演では、以上のように3つの理論的な結果を示し、その疫学的な意味について考える。余裕があれば都市圏という空間的な要素を考慮したモデルについても紹介したい[5]。

[1] O. Diekmann, J.A.P. Heesterbeek, M.G. Roberts, “The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models” J. R. Soc. Interface 7, 873 (2010).

[2] Satoru Morita, “Solvable epidemic model on degree-correlated networks” Physica A 563, 125419 (2021).

[3] Satoru Morita, “Type reproduction number for epidemic models on heterogeneous networks” Physica A, 587, 126514 (2022).

[4] Satoru Morita, “Basic reproduction number of epidemic models on sparse networks” Phys. Rev. E 106, 034318 (2022).

[5] Satoru Morita, Kuninori Nakagawa, “Evaluating the impact of human flow on the spread of infectious diseases” J. Theor. Biol. 558, 111367 (2023).