

研究報告書

「グループ構造をもつネットワーク上の感染症伝播モデル」

研究期間：平成 20 年 10 月～平成 24 年 3 月

研究者：増田 直紀

1、研究のねらい

新興感染症やバイオテロの脅威が示唆するように、感染症の大規模流行への対策は急務である。感染を媒介する個体のつながりが成すネットワークは複雑である。その中で、家庭や学級のように小さくて密なグループどうしが比較的疎に結合している、というグループ構造(ネットワーク研究では、コミュニティ構造、モジュラー構造とも呼ばれる)は、特に人間社会において普遍的に見られる。しかし、このようなグループ構造をもつネットワーク上での伝播現象については、有効な数理モデルがほとんどなかった。本研究では、そのようなネットワーク上の感染症の伝播や防御対策の数理解析手法を確立することを目的とした。

2、研究成果

(1) グループ構造をもつネットワークにおける予防接種アルゴリズム

ネットワークに対して事前に免疫を行うという作業は、全員の中から優先的に予防接種する人を決める、ということである。その選び方の良し悪しによって、実際に感染症が勃発してしまった場合の流行の大きさが異なってくる。選び方の良し悪しにはいくつかの基準がありうるが、わかりやすい基準のひとつは、与えられた予防接種人数のもとで、なるべく効率的にネットワークを小部分(サブネットワーク)に分断することである。これが実現できれば、1箇所が発生した感染症を、一つのサブネットワークの中でおさえこむことができる。ネットワークに特段の構造が仮定されない場合は、ハブ(隣人が多い人)を優先するという順番決めが高性能を発揮する。しかし、ネットワークにグループ構造がある場合には、有効な予防接種アルゴリズムは特に知られていなかった。本研究では、グループ構造を持つネットワークに対して有効な予防接種アルゴリズムを構成した。提案手法では、元のネットワークを、グループとグループのつながりのネットワークに粗視化する(図 1)。その上で、各頂点(人)が、グループ間のつながり(頂点間の細かいつながりではない)に貢献する度合いを理論的に評価した。評価は、線形代数に基づく固有値中心性という各頂点(ここでの頂点とは、グループ間ネットワークにおける各グループ)の重要性指標に基づいて行った。提案手法は、代表的な人工的に生成されたネットワークや、いくつかの実ネットワークに対して従来手法よりも有効であった(Masuda, New J. Phys. 2009 に掲載)。

ネットワークの粗視化

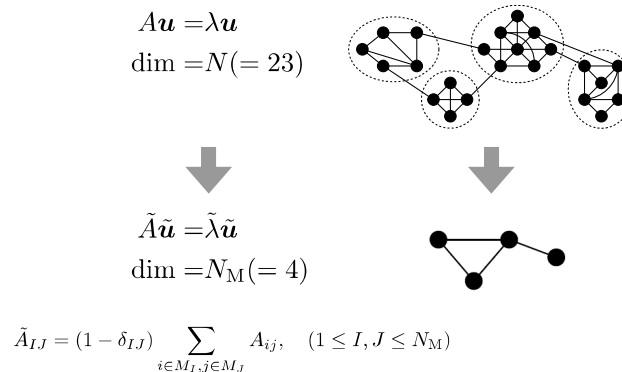


図1 グループ構造を持つネットワークの粗視化

(2) ネットワーク上のダイナミクスの数理計画法を用いた最適化

グループ構造を持つネットワークに限らないことではあるが、ネットワーク上のダイナミクスの多くの問題は、与えられたネットワークに一対一対応する隣接行列やラプラシアン行列などの行列の固有値問題に帰着される。感染症のダイナミクスについてもこのことはあてはまる。したがって、ネットワーク上の感染症を抑えるという問題をネットワークの固有値問題として定式化して求解するという問題解決の道筋が考えられる。本研究では、感染症ダイナミクスよりは扱いやすい、同期現象やランダム・ウォークの場合のダイナミクス最適化問題を、ネットワークのラプラシアンの固有値最適化問題として解析した。与えられた制約下のもとで同期が起きやすい、または、ランダム・ウォークが速く定常状態に行き着きやすいことを最適化の目的とした（これらは、同じ固有値問題に帰結する）。これらは直接感染症の問題であるわけではないが、私がより知見を持っているこの場合を把握することは、より難しいと思われる感染症の問題を解くために必要なステップであると判断した。一定数の頂点を除去することにより、ラプラシアンの最小の正固有値を最適化する問題を定式化した。特に、頂点除去により固有値が変動する量を一次近似で求める手法を定式化し、それを逐次適用するスキームを開発した。いくつかのモデルネットワークと実ネットワークで、開発されたスキームを既存の他のものと比較した結果、大半の場合に開発されたスキームの方が高いパフォーマンスを示した（Watanabe and Masuda, Phys. Rev. E 2010 に掲載）。次に、逐次適用して求められた結果は、一段一段では最適解を出すかもしれないが、最終的には最適解を出すとは限らない。そこで、同じ問題を、半正定値計画という数理計画法の枠組みを用いて定式化した。その結果を実ネットワークに適用したところ、Watanabe-Masuda の手法には及ばなかった。本手法は緩和問題なので何ら矛盾はないが、その原因を探索中である。ただし、数理的には新奇性が認められるのでプレプリントとしてまずは公開した（Masuda, Fujie and Murota, METR 2011 に掲載）。

(3) メタボピュレーションの構造をもつネットワーク上の感染症数理モデルの解析

感染症を媒介する人と人のつながりは、例えば性感染症の場合は、ある時間範囲では

変わらないネットワークであると見なすことが正当化される。しかし、インフルエンザのような感染症の場合では、実際のところあまり正当化されない。むしろ、人は短いタイムスケールで動き、行った場所で接した人との間に感染が起こる、と見なす方が現実的である。この場合は、メタポピュレーションというグループがネットワークをなしていて、人はメタポピュレーションからメタポピュレーションへと移動し、かつ、感染症伝搬のダイナミクスが同時に起こる、というモデル化（図 2 のネットワーク構造）で解析することがある。このようなモデリングは数理疫学や生態学などで以前から知られていたが、近年の計測技術の発展や、航空網や病院内の人間関係のような新しいデータが取得可能になってきたこと、また、複雑ネットワーク研究の知見が応用されてきたことから、2007 年くらいから注目を浴びている。そのようなネットワークは、本研究課題の対象であるグループ構造をもつネットワークの数理モデルのまさに一例である。本研究では、メタポピュレーション構造をもつ任意のネットワークの SIS モデルに対して感染が大きく広がる閾値（基本再生産率が 1 となる感染率に相当）を求める効率的なアルゴリズムを開発し、いくつかのネットワークに適用した。その結果、個体が拡散的に移動する効果は、むしろ感染閾値を高める（感染を起こしにくくする）ことがわかった。ただし、閾値より高い感染率においては、拡散が大きい方が感染人数が大きい。このようなトレードオフがある。SIR モデルの数値計算においても、定性的に同じ結果が観察された（Masuda, New J. Phys. 2010 に掲載）。

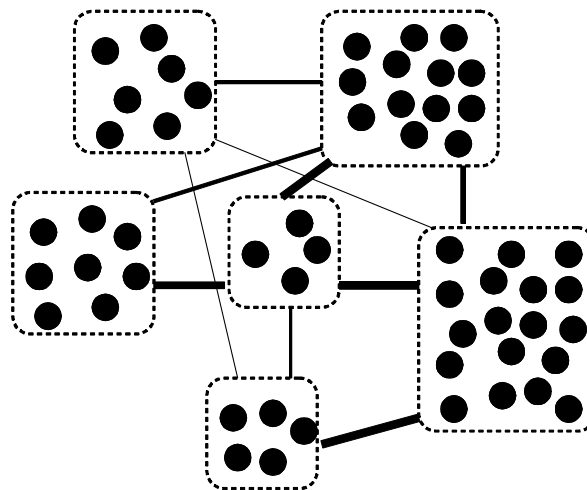


図 2 メタポピュレーション構造を持つネットワーク。黒丸は個体、点線の四角はメタポピュレーションを表す。

(4) 母関数を用いた伝搬的な予防の効果の解析

ネットワーク上における伝搬的な予防の効果を理論的に検証した。伝搬的な予防とは、あたかもウイルスが広がっていくように（バイラルな様式で）予防を行うことである。クチコミを通じて、感染予防の知識が人から人へと伝わる場合はその例である。接触人数が人により異なりその分布はわかっている場合について、母関数を用いることにより、伝搬的な予防の効果を定量化する手法を開発した（Hasegawa and Masuda, J. Stat. Mech. 2011 に掲載）。

3、今後の展開

本研究遂行中に、メタポピュレーションからなるネットワーク上の感染症の解析（研究成果の(3)）が盛んになり、また、人と人の相互作用が詳細な時刻つきでわかるテンポラル・ネットワー

クについての研究が活発に行われ始めた。私も、後者について、そのようなデータの解析を感染症動態の基礎を与える人と人の相互作用の順番について、研究成果を発表した(Takaguchi, Nakamura, Sato, Yano and Masuda, Phys. Rev. X 2011 に掲載)。これらの2つの事柄は、ネットワーク(グループ構造をもつもの、もたないものも含む)上の感染症の数理モデル、さらには、その実用化を目指すにあたって、これから数年における研究のフロンティアであると思われる。私は、特に後者のテンポラル・ネットワークに着目して、この方向での研究をさらに発展させる予定である。

数理計画法と感染症制御との関係は、古いようで新しい分野である。というのは、ネットワーク構造を真面目に考えに入れた上での感染症制御の数理的研究は、ヒューリスティックな方法に基づくものがほとんどであると思われるからである。数理計画法(特に最適化)の手法はまだこの分野に十分に適用されていないと感じられる。この観点からは、研究成果の(2)の研究を発展させることを目指す。

4、 自己評価

感染症伝播ダイナミクスよりは予防戦略に重点がシフトしたものの、研究成果(1)、(3)によって、当初の目標はクリアできたと考えている。また、研究成果(2)は性能が低いという意味でプレプリントの形では既発表ながらもまだ完成度が低いと判断している。また、研究成果(3)で述べたメタポピュレーションのネットワークと今後の展開で述べたテンポラル・ネットワーク、特に後者は、本課題遂行中に世界中で新しく研究が発展した分野である。これらは、現在において、感染症動態を含む、ネットワークにおける諸現象の現在の大きな研究パラダイムの2つであると思っている。人のソーシャル・ネットワークの多くがグループ構造を持つことを鑑みると、メタポピュレーションやテンポラル・ネットワークの研究は、グループ構造をもつネットワークの研究と自然に融合することが予想される。したがって、これらの研究に対して論文を出すことができたことを自分ではポジティブに判断している。

5、 研究総括の見解

人間関係ネットワークにおいてしばしば見られる、モジュラーネットワークに注目し、その上で広がる感染症とその防止対策に関する数理モデルを構築し、解析手法を確立するという、斬新かつ先見性の高い課題に世界に先駆けて取り組んだ。具体的には、モジュラーネットワークを小部分に分断することにより、予防接種を効率的に行うアルゴリズムを構築した。また、モジュラーネットワークをメタ個体群と見なすことにより、個体の移動が感染症の流行に及ぼす効果を評価するなど、数多くの優れた論文成果に結びついた。最近では、人と人との対面相互作用を取り入れたテンポラルネットワークに取り組むなど、常に最新の研究動向に目を配り、新しい着想を生み出す、日本では突出した存在であり、今後の進展が大いに期待される。

6、 主な研究成果リスト

(1)論文(原著論文)発表

1. Naoki Masuda, "Immunization of networks with community structure" New Journal of Physics 11, 123018 (2009)

2. Takamitsu Watanabe and Naoki Masuda, "Enhancing the spectral gap of networks by node removal" Physical Review E 82, 046102 (2010)
3. Naoki Masuda, Tetsuya Fujie and Kazuo Murota, "Application of semidefinite programming to maximize the spectral gap produced by node removal" METR2011-37, October (2011)
<http://www.keisu.t.u-tokyo.ac.jp/research/techrep/2011.html>
4. Naoki Masuda, "Effects of diffusion rates on epidemic spreads in metapopulation networks" New Journal of Physics 12, 093009 (2010)
5. Takehisa Hasegawa and Naoki Masuda, Robustness of networks against propagating attacks under vaccination strategies. Journal of Statistical Mechanics, P09014 (2011)
6. Taro Takaguchi, Mitsuhiro Nakamura, Nobuo Sato, Kazuo Yano and Naoki Masuda, "Predictability of conversation partners" Physical Review X 1, 011008 (2011)

(2) 特許出願

研究期間累積件数: 0 件

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物等)

増田直紀, 今野紀雄. 複雑ネットワーク. 近代科学社 (2010)

増田直紀. なぜ 3 人いると噂が広まるのか. 日本経済新聞出版社 (2012)