

ネットワークモデルによる 伝染病伝播のダイナミクス

藤吉貞和, 佐藤一憲

(静岡大学大学院 理工学研究科 システム工学専攻)

伝染病の長期的な持続性や詳細なダイナミクスについて理解するためには、集団の空間構造や社会構造を考慮することが重要である。そのためにはネットワークモデルが非常に有用である。ネットワークモデルとは、各サイト (個体) をネットワーク状につないだもので、サイトの総数を N 、各サイトから出ているボンドの平均値を n とする。また、サイトが 3 つ連なっているときトリプルといい、トリプルの両端のサイトがつながっているときトライアングルという。トリプルのうちのトライアングルの割合を ϕ とする。Keeling, Rand & Morris (1997) はこのネットワークモデルを用いて、“はしか” のダイナミクスを解析している。そこでは個体を 4 つの年齢層に分け、年齢層内での接触率と年齢層間での接触率の違いがネットワーク構造 (n と ϕ) の違いで表現されている。

本研究ではこのネットワークモデル上で、単純な伝染病過程のひとつであるベーシックコンタクトプロセスを実行し、正方格子上での実行結果との相違および ϕ の効果について考察する。また、Rhodes & Anderson (1996) は感染期間と免疫保持期間を考慮した伝染病過程を正方格子上で実行しているが、本研究ではこのようなより現実的な伝染病過程のネットワークモデル上での実行についても考えている。

ベーシックコンタクトプロセスはサイトの状態が感受性個体を表す 0 と感染個体を表す 1 の 2 状態からなる連続時間マルコフ過程としての単純な伝染病過程で、以下のルールに従う。

- 回復 (状態 1 から 0 への変化) は単位時間あたり平均 1 個体について発生する。つまり、感染過程は隣接個体の状態には依存しない。
- 感染 (状態 0 から 1 への変化) は単位時間あたり平均 $\frac{n_i}{z_i} \lambda$ 個体について発生する。ここで、 n_i, z_i はそれぞれ i 番目の個体の隣接感染個体数、 i 番目の個体の隣接個体数を表す。つまり、感染過程は隣接個体の状態に依存する。
- 感受性個体は同時に 2 つ以上の感染個体から感染を受けることはない。

引用文献

KEELING, M. J., RAND, D. A. AND MORRIS, A. J. (1997). Correlation models for childhood epidemics. *Proc. R. Soc. Lond.* **264**, 1149-1156.

RODES, C. J. AND ANDERSON, R. M. (1996). Persistence and dynamics in lattice models of epidemic spread. *J. theor. Biol.* **180**, 125-133.