

Nara Women's University

点過程としての感染症SISダイナミクスに関する数理的研究

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2019-11-20 キーワード (Ja): 感染症SISダイナミクス, 点過程 キーワード (En): 作成者: 濱田,実樹 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/10935/5360

博士論文

点過程としての感染症 SIS ダイナミクスに関する

数理的研究

A Mathematical Analysis on the Epidemic SIS Model as
Point Process

2019 年（令和元年）8 月

奈良女子大学大学院人間文化研究科 博士後期課程複合現象科学専攻
濱田 実樹

Department of Advanced Information and Computer Sciences
Graduate School of Humanities and Sciences, Nara Women's University
Miki HAMADA

学位論文
点過程としての感染症SISダイナミクスに関する
数理的研究

奈良女子大学大学院・人間文化研究科
博士後期課程・複合現象科学専攻
濱田 実樹

2019年8月2日

目次

1	導入	3
2	点パターンシミュレーションのアルゴリズム	6
3	力学系モデルの導出	9
4	平衡解の解析的導出	11
5	シミュレーション結果と力学系から導いた平衡状態との比較	13
5.1	点パターンが完全ランダム CSR の場合	13
5.2	点パターンが集中分布の場合	14
5.3	点パターンが過分散分布の場合	15
5.4	1次構造に関するまとめ	16
6	基本再生産数の導出	17
7	議論	18
8	今後の展望	20
9	謝辞	21

1 導入

感染症の拡大は現代社会において深刻な問題の一つとなっている。感染症の効果的な対策立案のためには、感染症拡大のメカニズムを正しく理解する必要がある、そのためには、感染を引き起こす生物学的な要因の解明といった実証的な研究にとどまらず、感染拡大に関する理論的な研究、すなわち数理的アプローチが欠かせない。理論的な視点から感染症の拡大を研究する分野に数理疫学 Mathematical Epidemiology がある。数理疫学では、感染の発症段階に応じて注目する個体群をいくつかの小集団に分割し、各小集団の個体群動態を力学系として記述する方法が用いられる [1]。

古典的な数理疫学モデルに SIR モデルがある [2]。SIR モデルは免疫をもたらす感染症の動態を記述する古典モデルであり、個体群を感受性人口 (Susceptible)、感染人口 (Infectious)、隔離人口 (Recovered) の 3 つの小集団に分割し、各集団の動態を下記の力学系として記述する。

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

ここで、 S, I, R は、それぞれ感受性人口、感染人口、隔離人口の集団サイズである。このモデルでは、感受性人口と感染人口が集団サイズの積に比例して接触することで感染が起こることを仮定しており、パラメータ β は感染率、 γ は回復率を表す。個体の出生・死亡は無視されており、総個体数 $N = S + I + R$ が一定に保たれるモデルである。

Kermack と McKendrick は SIR モデルの解析から、感染症が個体群の中で拡大する (流行する) ためにはある一定の条件が満たされることが必要であることを明らかにした [2]。即ち、少数の感染個体が個体群に侵入したときの 2 次感染者数として定義される基本再生算数 $R_0 = N\beta/\gamma$ にかんして、 $R_0 > 1$ を満たすときに感染症が拡大するという結果である。これらの数理的解析に基づき、感染症流行の条件についての理論的考察を進展させた。

免疫をもたらさない感染症を記述する古典的モデルとして SIS モデルがある。感染個体は回復後に S へ戻るモデルであり

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma I \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (5)$$

で与えられる。このモデルにおいても総個体数 $N = S + I$ は一定に保たれるため、本質的には 1 変数のモデルであり、 $R_0 = N\beta/\gamma > 1$ が満たされるときに感染症が $I^* = (R_0 - 1)\gamma/\beta > 0$ と集団中に固定することになる。

SIR モデルをはじめとして、その他関連して導出されるモデル [3][4][5][6] はすべて集団サイズを非負の実数値としての連続量と見なし、各集団サイズの動態を微分方程式で記述するモデルである。

これらの微分方程式を用いた力学系モデルは、個体群における各個体の個性性を考慮していない。ここでいう個性性とは生物個体の離散性であり、具体的には集団サイズが非負の整数値としての離散状態として表される個体数を表すものである。微分方程式に基づく数理疫学モデルは、感受性人口、感染人口などの集団サイズが非負の整数値として確率的に変化する確率論的個体群動態モデルとして拡張可能である [7][8][9][10][11]。離散量の集団サイズが与えられた確率過程に従って確率的に状態遷移するモデルである。集団サイズが離散量で記述されるこれらのモデルでは、感染症の消滅は有限時間で起こりえて、人口学的確率性が感染人口が小さな感染症拡大の初期段階において重要な枠割りを果たす。

各集団の集団サイズのみ注目するモデルは、集団サイズが連続量であれ離散量であれ、各集団に含まれる個体の年齢、感染履歴、位置情報といった多様な構造を持つモデルに拡張が可能である。これにより、より現実に即した理論的考察を行うことができると期待される。本研究では、集団が持ちうる構造の中でも生物学的に最も基本的な構造である“空間構造”に注目する。ここで言う空間構造とは各生物個体の空間分布を意味する。多くの生物集団は2次元平面上に分布し、生態学における競争、捕食あるいは感染症の感染といった様々な相互作用の多くは空間局所的に生じる事が空間生態学において既に広く知られた知見である [12][13]。

空間構造を陽に考慮する空間個体群動態の先行研究は、空間上の局所的な相互作用に基づく振る舞いは空間構造を考慮しない平均場近似モデルとは大きく異なりうることを示している [12][13]。すなわち、空間的に局所的な相互作用が空間非均一な空間分布をもたらし、これが局所的な相互作用をさらに強固にすることで、特徴的な空間分布パターンを示しうる可能性である。感染症は感受性個体が感染個体と何らかの接触を持つことによって伝播することから、空間的に局所的な個体間相互作用を考慮することはきわめて自然である。集団サイズのみ注目する空間構造を持たないモデルを空間構造を陽に考慮するモデルに拡張する方法にはいくつかある。

まず最初に、偏微分方程式を用いた反応拡散方程式に基づく手法が挙げられる。この手法では、様々な感染状態にある個体が連続空間上に連続的に分布しており、各個体がランダム拡散によって空間上を拡がることを仮定してモデルを構築する。拡散過程に基づいて無限数の微小な粒子が連続空間上に分散するようなランダムな分散を仮定した空間構造個体群モデルを構築する手法であり、具体的には、2次元空間上の場所 (x, y) における感受性人口 $S(t, x, y)$ 、感染人口 $I(t, x, y)$ などを下記の偏微分方程式で記述するアプローチである。

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\beta SI + \gamma I + D_S \left(\frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 S}{\partial y^2} \right) \quad (6)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta SI - \gamma I + D_I \left(\frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 I}{\partial y^2} \right) \quad (7)$$

ここで式6、7の右辺第3項は拡散項を表す。拡散係数 D_S と D_I はそれぞれ S と I の空間上の拡散を定める係数であり、感染過程における経路や病原体の振る舞いに応じて定義される。偏微分方程式はある程度解析的に取り扱うことが可能であり、局所的な感染を考慮したダイナミクスによって形成される空間的なパターンについて数学的な知見を得る上で非常に有効なモデルである [14][15][16]。しかしこの手法は空間上に連続的に分布している個体群における感染伝播を記述しており、上で触れた生物個体の個性性は完全に無視されている [17]。

個性性を陽に維持しつつ空間上の局所的な相互作用を取り扱うアプローチとして格子モデルがある。各個体が一定値 z の個体と隣接する格子空間 (2次元正方格子空間の場合 $z = 4$) を想定し、各個体が自身の状態と隣接する個体の状態に応じて確率的に遷移するモデルである (図1)。

[図 1 about here.]

SIS モデルを格子空間に拡張したモデルでは、各格子は S または I の離散状態をとり、状態が S である格子は状態が I である隣接する格子数に比例した率で感染して I となり、状態が I である格子は一定の治癒率で S に戻ることを仮定する。この確率過程は容易にシミュレーションが可能であり、初期条件やパラメータの値に応じて様々な空間パターンを形成する。

この確率過程は、隣接する2点のペアと1点の状態に着目した“ペア近似”と呼ばれる数理的な手法 [18][19] により数理的に取り扱うことが可能であり、シミュレーションで得られる空間パターン動態を解析的に取り扱う一般的な手法として確立している。格子モデルは、感染や回復といった隣接個体との局所的な相互作用を機械論的に記述できる点において直感的に自然であり興味深い。実

際に自然界で見られる複雑な空間構造の簡単化として様々な空間構造個体群動態に応用されている [19][20][21][22][23][24][25]。

しかしながら、格子モデルは自然界には見られないきわめて人工的な格子空間を想定することと、隣接個体のみとの相互作用を仮定する点で、現実系における空間個体群動態とは大きな乖離があると思われる。

生物集団の空間分布をより自然かつ完全に記述する方法に“点パターン”がある。生物個体を連続空間上の点と見なし、点の集合としての点パターンを用いて生物集団の空間分布を記述する方法である。各点は注目する空間上の座標を保持しており、2次元空間の場合 x, y 座標を持つことになる。GPS などの昨今の IT 技術の発展により、各個体の空間上の座標を正確に得ることが可能になりつつある。生物集団の空間分布を格子状に区切った格子空間で表現する必要性は薄れ、各個体を点と見なした点パターンとして直に取り扱うことが可能となっている。

感染症にかんしては、各点に感染症状によって特徴づけられる状態 (S や I など) を割り当てて、各点の状態が自身を囲む他点の状態に依存して変化する点過程 (点パターン動態) を考えることによって、疫学モデルを点パターン動態として記述することが可能となる。

点パターン動態として空間構造を考慮した数理疫学モデルの先駆的研究に Bolker による研究がある [26]。Bolker は、SI モデル、SIR モデルを確率論的点パターン動態として拡張し、確率論的点パターン動態における空間平均密度と空間相関を解析的に記述したモーメント方程式を導出した。Bolker と Brown はさらにこれらのモデルを拡張し、感染閾値における感染症の分散と宿主個体群密度の効果について解析した [27]。Parham らは、SEIR モデルの確率論的な点パターンダイナミクスを調べるための解析モデルを導出している [28]。どちらのモデルも点パターンにおける各点と2つの点のペアに着目したものである。点パターンにおけるペアは格子モデルにおけるペア近似に対応している。点パターンにおける隣接の定義は容易ではないが個体間の距離に依存した局所的な相互作用を考慮したモデルを導出することができる。

本論文は、古典的 SIS モデルを2次元連続空間における確率論的な点パターン動態に拡張して解析するものである。各点は感受性状態 S もしくは感染状態 I のどちらかの状態をとり、感染は感染個体からの距離に依存する感染率に応じて起こり、感染個体は一定の率で回復して感受性個体となることを仮定する。

Keeling ら [29] は、2個体間の相互作用に注目した相関モデル Correlation model を導出し、空間構造をより一般化したネットワーク空間上の感染動態の解析を行っている。彼らのアプローチでは、SIS モデルは S と I の個体密度 $[S]$ と $[I]$ 、2個体から成る S - S 、 S - I 、 I - I のペア密度 $[SS]$ 、 $[SI](= [IS])$ 、 $[II]$ の動態として以下の力学系として記述される。

$$\frac{d}{dt}[S] = -\beta[SI] + \gamma[I] \quad (8)$$

$$\frac{d}{dt}[I] = \beta[SI] - \gamma[S] \quad (9)$$

$$\frac{d}{dt}[SS] = 2\gamma[SI] - 2\beta[SSI] \quad (10)$$

$$\frac{d}{dt}[SI] = \gamma[II] + \beta[SS] - \gamma[SI] - \beta[SII] \quad (11)$$

$$\frac{d}{dt}[II] = 2\beta[SI] + \beta[SII] + \beta[ISI] - 2\gamma[II] \quad (12)$$

個体密度 $[S]$ の動態にはペア密度 $[SI]$ が関係し、ペア密度 $[SS]$ の動態には3個体から成るトリプレット密度 $[SSI]$ が関係することに注意。Keeling らは注目するネットワーク構造に応じてトリプレット密度を個体密度とペア密度の組み合わせで近似することで相関モデルを数値的に解き、ネットワーク空間上の感染症動態に関する解析を行っている。

個体同士のつながりをネットワークとして記述するアプローチは個体の空間分布を考慮する本研

究のアプローチを包含するものであるが、数理疫学モデリングの分野ではネットワーク上の感染動態の解析に注目が集まり、空間構造（1次元、2次元など）を陽に取り扱う研究が見過されてきた感がある。この意味で、本研究で取り組むモデルは、Keeling らによる相関モデルを2次元空間上の構造に限定したモデルといえる。

2次元空間上の点パターン動態を取り扱う Bolker ら [26] や Brown [27]、Parham ら [28] らの手法は、本質的には Keeling らが提唱した相関モデルの手法と同等である。しかし、これらの空間構造を明示的に取り扱う先行研究は、導出した力学系モデルの時間発展を数値的に解き、点パターン動態のシミュレーションで得られる時間発展との比較に重点が置かれており、力学系モデルの平衡状態に関する解析は十分ではないと思われる。

本論文では、まず最初に確率論的点パターン動態を数値的にシミュレーションする。そして、シミュレーション結果を解析的に記述する力学モデルを導出し、力学モデルの平衡状態を解析的に導いてシミュレーション結果と比較する、平衡状態に重点を置いた解析に取り組む。解析的に導出した平衡状態とシミュレーション結果を比較した結果、ある条件が満たされる場合に解析的に導出した平衡状態はシミュレーション結果をうまく説明できることが明らかになった。しかし、平衡解がシミュレーション結果を説明できない場合があり、その不一致について議論する。

2 点パターンシミュレーションのアルゴリズム

本節では導入部で説明した古典的 SIS モデルを点パターン SIS モデルとして拡張する。

まず、 n 個体から構成される個体群を考える。一般性を失うこと無く、これらの個体が2次元連続空間 $\Omega = [0, 1) \times [0, 1) \subset \mathbb{R}^2$ 上に配置されている状況を考える。各点 i ($i = 1, 2, \dots, n$) の座標を $x_i \in \Omega$ とすると、点パターン $p(x)$ を得る。 $p(x)$ はディラック・デルタ関数 $\delta(x)$ を用いると

$$p(x) = \sum_{i=1}^n \delta_{x_i}(x) \quad (13)$$

と記述できる。 $\delta_{x_i}(x) = \delta(x - x_i)$ である。

本研究では、各点 x_i は移動せず、総数 n も一定であるとする。また境界による影響を除くため、空間 Ω はトーラスであるとする。閉曲面トーラス空間上に配置することから空間の境界による点同士的位置関係の不均一性は生じない。

点パターン $p(x)$ の空間配置は r を2点間の距離とするとペア相関関数 $g(r)$ を用いて定量的に記述することができる [30]。ペア相関関数は本質的には2点から成るペアの距離分布を表しており、点パターンの定量化で用いられる最も基本的な関数である。 n 点から構成される点パターンのペア相関関数 $g(r)$ は以下のように定義される。

全てのペアについてペア距離 r を計算し、 $n(n-1)/2$ 個のペア距離を区間幅 Δr でサンプリングする。具体的には、 $i\Delta r < r < (i+1)\Delta r$ を満たすペア頻度 $\#(i)$ を求め、点の総数 n ならびに区画幅 Δr を用いて以下のように定義される。

$$g(r_i) = \frac{\#(i)}{2\pi r_i \Delta r n(n-1)}$$

ここで、 $r_i = \Delta r/2 + i\Delta r$ ($i = 0, 1, 2, \dots$) であり、 $r \ll 1$ で $g(r) \approx 1$ であれば点パターンは完全ランダム CSR (Complete Spatial Randomness) つまり、各点是他点と独立に位置する、空間構造を持たない点パターンであることが示唆される。 $r \ll 1$ で $g(r) > 1$ であれば、ある点の近傍により多くの点が存在する集中分布となり、逆に $r \ll 1$ で $g(r) < 1$ であればある点の近傍に他点がより少なく存在する過分散分布となる。ペア相関関数の関数型が点パターンの空間分布に関する定量化となる。

本論文では、様々な空間分布を示す点パターンに対応するため、 $g(r) = 1 + a \exp[-br]$ に従うペア相関関数をもつパターンを生成して用いる。パラメータ a の符号によって分布の種類が定まり、

$a = 0$ の時、CSR 分布、 $a > 0$ の時、集中分布、 $a < 0$ の時、過分散分布である。 $b > 0$ は空間相関スケールを定めるパラメータである。Metropolis-Hasting algorithm [31] を用いることによって、任意の $g(r)$ に従う点パターン $p(x)$ を生成することができる。図 2 と図 3 に、このアルゴリズムに従って生成した CSR、集中分布、過分散分布の 3 つの点パターンとそれに対応するペア相関関数を示す。

[図 2 about here.]

[図 3 about here.]

次に、生成した点パターン $p(x)$ について、各点の状態変化に関する仮定について説明する。各点は S または I どちらかの状態をとり、各点の状態は下記で定義する感染率 $R_i(S \rightarrow I)$ ならびに回復率 $R_i(I \rightarrow S)$ に応じて遷移すると仮定する。

点 i が S である時、感染率 $R_i(S \rightarrow I)$ は I である点からの感染力 β の総和

$$R_i(S \rightarrow I) = \sum_{j \in I} \beta(|-\xi_{ij}|) \quad (14)$$

で与える。ここで、 $\xi_{ij} = x_j - x_i$ は点 i から点 j へ向かうベクトルであり、 $|\xi_{ij}|$ はトーラス上の距離である (図 4)。

[図 4 about here.]

感染力は $\beta(|\xi|) = \beta_0 k(|\xi|)$ として表され、 β_0 は感染の強さの指標となる総感染力である。 $k(|\xi|)$ は感染個体 I から感染因子がどの程度周囲に散布されるかを表す感染カーネルであり、距離の関数で決まると仮定する。感染カーネルは

$$\int_{\Omega} k(|\xi|) d\xi = \int_0^{\infty} \int_0^{2\pi} k(r) r dr d\theta = 1$$

と正規化されているとする。

状態 I である点からの感染因子の拡がり方は病気の種類や感染経路によって異なる [32][33]。本論文では距離 $r = |\xi|$ の関数として 3 つの感染カーネル

$$k(r) = \frac{1}{2\pi\sigma_I^2} \exp\left[-\frac{r^2}{2\sigma_I^2}\right] \quad (15)$$

$$k(r) = \begin{cases} \frac{1}{4\pi\sigma_I^2} & r \leq 2\sigma_I \\ 0 & r > 2\sigma_I \end{cases} \quad (16)$$

$$k(r) = \frac{1}{\pi\sigma_I^2} \exp\left[-\frac{\sqrt{2}}{\sigma_I} r\right] \quad (17)$$

を考える (図 5)。

[図 5 about here.]

ガウス分布に従う感染カーネル (式 15) は感染因子がランダム拡散過程に従って飛散し、パラメータ $\sigma_I > 0$ によって拡散が制御されることを仮定している。ステップ関数に従う感染カーネル (式 16) は半径 $2\sigma_I$ の円内では一定の感染力をもつとし、円の外では 0 となることを仮定している。ガウス分布よりも急激に感染率が小さくなる代表例としてステップ関数としての感染カーネルを考える。式 (17) は指数関数に従う感染カーネルで、感染率が距離に従って指数的に減衰し、感染がガウス分布よりも遠くまで及ぶことを仮定している。

これら3つのカーネルは互いに同じ感染範囲をもつように正規化されている事に注意。すなわち、下記で定義される同一の有効感染範囲 (Effective area of the kernel) を持つ [34][26]。

$$A = \left(\int_{\Omega} [k(|\xi|)]^2 d\xi \right)^{-1} = 4\pi\sigma_I^2 \quad (18)$$

つまり、3つの感染カーネルにおいて、感染が及ぶ距離の目安は $2\sigma_I$ である。以後 $2\sigma_I$ を感染範囲と呼ぶことにする。

次に、 I から S への回復率 $R_i(I \rightarrow S)$ は

$$R_i(I \rightarrow S) = \gamma \quad (19)$$

に従って起こるとする。 γ は定数値であり、感染個体 I の位置や、周囲にどの状態の個体が存在するかに依存せずに一定の率で感染症が回復することを仮定している。

以上、感受性個体 S が周囲の感染個体 I からの感染によって I へと状態変化する率、ならびに感染個体 I が感受性個体 S に戻る率を定義した。各点は、感染率 $R_i(S \rightarrow I)$ ならびに回復率 $R_i(I \rightarrow S)$ に従って、過去によらず現在の状態のみによってマルコフ的に変化すると考える。ここで定義した連続時間上で起こる離散的な確率過程（各点の感染もしくは回復）は Gillespie algorithm を用いて実装することができる [35]。

具体的には以下の手順に従って次のイベントが発生するまでの待ち時間を計算し、イベント（ある S 個体が感染して I となる、もしくはある個体 I が回復して S となる）を決定する。

1. 待ち時間 Δt の計算：各個体をもつ感染率もしくは回復率の合計 $R = \sum_{i \in S} R_i(S \rightarrow I) + \sum_{i \in I} R_i(I \rightarrow S)$ を計算し、待ち時間 Δt をパラメータ R の指数分布に従う乱数として計算する ($\Delta t = \text{Exp}(R)$ 、ここで $\text{Exp}(R)$ はパラメータ R の指数分布に従う確率変数)。時刻を Δt だけ進めた後に、次のイベントの決定を行う。
2. イベントの決定：一様乱数 $E = RU[0, 1)$ を計算し、 E に対応する個体のイベント（感染または回復）を実施する (図6)。ここで $U[0, 1)$ は0から1の一様乱数。

[図6 about here.]

3. 上の2つの手順を繰り返す。

Gillespie algorithm により、点パターン $p(x)$ の各点の空間分布自身は不変であるが、各点の状態、 S または I 、は確率的に遷移するため、初期状態としてある数の I を導入すれば、状態を含めた点パターンは動的に変化してゆく。以上が確率論的 point pattern 動態のシミュレーション方法である。

点パターンについて、 S と I の個体数（もしくは S と I の比率）は点パターンの一次構造と呼ばれ、点パターン中でどの程度 S もしくは I が存在するかを表す最も基本的な定量情報となる。しかし1次構造のみでは、点パターン $p(x)$ における S と I の空間分布を定量的に記述することは出来ない。そこで点パターンの2次構造に注目する必要がある。2次構造は S と I の空間分布を定量化するものであり、具体的にはある S 個体の近傍にどの程度 S 個体もしくは I 個体が存在するかを表す情報となる。2次構造は、2点からなるペアに注目するもので、ペア相関関数やペア間距離の関数としてのペア密度分布によって記述することが可能である [36][37][38][39][30]。

点パターン SIS モデルにおいては、各点は S または I の状態を取るため、点 $i, j (j \neq i)$ から成るペアは、 S - S 、 S - I 、 I - S 、 I - I 型の4種通りの組み合わせがある。各状態のペアに対して、ペア間距離 r の関数としての相対ペア相関関数 $g_{SS}(r), g_{SI}(r) = g_{IS}(r), g_{II}(r)$ を定義して用いる。

一例として S - S ペアの相対ペア相関関数 $g_{SS}(r)$ を次のように定義する。すべての S - S ペアにかんしてペア距離 r を計算する。ペア距離 r は区画幅 Δr 毎に頻度を計算し、 $i\Delta r < r < (i+1)\Delta r$ を

みたすペア距離 r を持つペアの数を $\#SS(i)$ とする ($i = 0, 1, 2, \dots$)。相対ペア相関関数は

$$g_{SS}(r_i) = \frac{\#SS(i)}{2\pi r_i n(n-1)\Delta r} \quad (20)$$

として定義する。ここで $r_i = i\Delta r + \Delta r/2$ とする。その他の $g_{SI}(r_i), g_{IS}(r_i), g_{II}(r_i)$ についても同様である。これは先に述べたペア相関関数 $g(r)$ と対応していて、相対ペア相関関数 $g_{SS}(r_i), g_{SI}(r_i) = g_{IS}(r_i), g_{II}(r_i)$ は、それぞれペア S - S 、 S - I (I - S)、 I - I の空間分布を定量化している。

例えば、点パターンにおいて S と I が互いに独立して分布している場合（空間的な相関が無い場合）、ペア S - I のペア相関関数 $g_{SI}(r)$ はペア距離 r に依存しない定数、空間全体での S の頻度平均 $\langle P_S \rangle$ と I の頻度平均 $\langle P_I \rangle$ の積、に等しい。他方でペア間距離の短いペアの頻度が多くなる集中分布の場合には、 $r_i \ll 1$ の時 $g_{SI}(r_i) > \langle P_S \rangle \langle P_I \rangle$ となる。逆に、ペア間距離が短いペアの頻度が少ないような過分散分布の場合には、 $r_i \ll 1$ の時 $g_{SI}(r_i) < \langle P_S \rangle \langle P_I \rangle$ となる。相対ペア相関関数の関数型によって S と I の 2 次構造を定量化することが可能となる。

3 力学系モデルの導出

本節では 2 節において記述した確率論的 SIS 点過程モデルについての数理解析を行うための力学系モデルを導出する。点過程における各点の状態遷移、2 点から構成される各ペアの状態遷移（さらに 3 点から構成される各トリプレット Triplet、 \dots ）は、マスター方程式を用いて階層的に記述できる [40][41]。このアプローチは、ネットワーク空間を含む空間上での感染個体 I の拡がり（点 S と I ）の空間平均（平均場近似に相当）とペア (S - S 、 S - I 、 I - S 、 I - I) の空間分散・共分散を用いて記述する相関モデル [27][29][42][43] と本質的には同等である。

点 i が時刻 t に状態 S または I である確率をそれぞれ $P_{iS}(t)$ 、 $P_{iI}(t)$ とする ($P_{iS}(t) + P_{iI}(t) = 1$ for $i = 1, 2, \dots, n$)。これらの確率を以後、シングレット確率と呼ぶことにする。また任意の異なる 2 点から構成されるペア i - j ($j \neq i$) が時刻 t に状態 S - S 、 S - I 、 I - S 、 I - I をとる確率をそれぞれ、 $P_{ijSS}(t)$ 、 $P_{ijSI}(t)$ 、 $P_{ijIS}(t)$ 、 $P_{ijII}(t)$ で表す ($P_{ijSS}(t) + P_{ijSI}(t) + P_{ijIS}(t) + P_{ijII}(t) = 1$)。これらの確率を以後ペア確率と呼ぶことにする。

各点は S または I どちらかの状態をとる ($P_{iS} + P_{iI} = 1$) ことから、ここではシングレット確率 P_{iS} の力学系を導出する [40][41]。状態 S にある点 i の状態変化は、 I 状態の他点からの感染もしくは状態 I からの回復によることから、 P_{iS} の力学系として次式を得る。

$$\frac{d}{dt} P_{iS} = - \sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} + \gamma P_{iI} \quad (21)$$

右辺第 1 項は状態 S から I への遷移を表す項であり、注目する点 i が状態 S にあり、かつ、他の点 j が I であるペア確率 P_{ijSI} が含まれる。ここでは、全ての $j \neq i$ からの感染によって点 i が S から I に遷移すると考え、感染力の総和で与える。右辺第 2 項は状態 I である点 i が率 γ で S に遷移することを表す。

点の総数 n は一定に保たれることから、シングレット確率の期待値として

$$\langle P_S \rangle = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P_{iS} \quad (22)$$

に注目する。いわゆる平均場近似に相当する量であり、点パターン上での状態 S にある点の割合を表す。式 21 から S の平均場近似 $\langle P_S \rangle$ の力学系モデル

$$\frac{d}{dt} \langle P_S \rangle = - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} + \gamma \langle P_I \rangle \quad (23)$$

を得る。ここでペア確率 P_{ijSI} にかんしては、すべてのペアの総和をとる $\sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i}$ ことに注意。

次に、ペア確率の力学系についても、4つのペアの状態遷移を考慮することで、以下の力学系を導出することが出来る [40][41]。

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} P_{ijSS} &= \gamma P_{ijSI} + \gamma P_{ijIS} \\ &\quad - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSSI} - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkSSI} \end{aligned} \quad (24)$$

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} P_{ijSI} &= \gamma P_{ijII} - \gamma P_{ijSI} - \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} \\ &\quad - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSII} + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkSSI} \end{aligned} \quad (25)$$

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} P_{ijIS} &= \gamma P_{ijII} - \gamma P_{ijIS} - \beta(|\xi_{ij}|) P_{ijIS} \\ &\quad + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSSI} - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkISI} \end{aligned} \quad (26)$$

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} P_{ijII} &= -2\gamma P_{ijII} + \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} + \beta(|\xi_{ij}|) P_{ijIS} \\ &\quad + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSII} + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkISI} \end{aligned} \quad (27)$$

これらのペア確率に関する力学系は、点 S と I 、ペア S - S 、 S - I 、 I - S 、 I - I の状態遷移 ($S \rightarrow I, I \rightarrow S$) による生成・消失を考慮することからも導くことが出来る (図 7)。

[図 7 about here.]

具体例として、ペア確率 P_{ijSS} の力学系モデル (式 24) の導出について説明する。右辺第 1 項、第 2 項は、それぞれ S - I 、 I - S ペアに含まれる点 I が率 γ で S に遷移しペア S - S となることを表している。また第 3 項、第 4 項は、 S - S である i - j ペアの i または j が第 3 者である状態 I の点 $k \neq i, j$ からの感染によって I へ遷移し、ペア S - I 、 I - S となることを表している。

これらのペア確率の動態には異なる 3 点から構成されるトリプレットがある状態にある確率 (トリプレット確率) P_{ijkSSI} 、 P_{ijkSII} 、 P_{ijkISI} が含まれていることに注意。これはペア確率と同様に異なる 3 点 i, j, k が時刻 t にそれぞれ状態 S - S - I 、 S - I - I 、 I - S - I である確率である。

ここで、以下の対称性を仮定すると、

$$\sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSSI} = \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkSSI} \quad (28)$$

$$\sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ijkSII} = \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{jk}|) P_{ijkISI} \quad (29)$$

式 24 から式 27 は 2 種類のトリプレット確率 P_{ijkSSI} 、 P_{ijkSII} で表すことができる。

以上のように、1 次構造と 2 次構造に関する力学系モデルはより高次の 3 次構造に依存し、閉じた形で導くことは出来ない。1 次構造と 2 次構造の解を陽に得るためには 3 次構造を 1 次または 2 次構造を用いて近似的に記述する必要がある。近似方法はモーメントクロージャ法と呼ばれ様々な方法が開発されている [42][40][41][44][45][46][47]。

本研究では、シングレット確率の平均場近似値とペア確率を用いてトリプレット確率を以下の式を用いて近似するクロージャを採用する [48][49]。

$$P_{ijkSSI} = \frac{P_{ijSS} P_{ikSI}}{\langle P_S \rangle} \quad (30)$$

$$P_{ijkSII} = \frac{P_{ijSI} P_{ikSI}}{\langle P_S \rangle} \quad (31)$$

このクロージャーを用いると、平衡状態における点パターンダイナミクスの1次、2次構造を解析的に導出することが可能となる。

4 平衡解の解析的導出

本節では、3節で導出したシングレット確率の空間平均（平均場近似値）とペア確率の平衡状態 $(\langle P_S^* \rangle, \langle P_I^* \rangle, P_{ijSS}^*, P_{ijSI}^*, P_{ijIS}^*, P_{ijII}^*)$ を解析的に導出する。

シングレット確率の空間平均の平衡解 $\langle P_I^* \rangle$ は、式 23 の左辺を 0 とすることで得られる式

$$\gamma \langle P_I^* \rangle = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI}^* \quad (32)$$

から求められる。

以下では表記のため、平衡解と空間平均を表す記号 “*”, “ $\langle \rangle$ ” を省略し、シングレット確率の空間平均を P_S と P_I 、ペア確率は P_{ijSS} 、 $P_{ijSI} = P_{ijIS}$ 、 P_{ijII} としてそれぞれの平衡状態を表すことにする。

ペア確率の時間微分をゼロとすることで、ベクトル ξ_{ij} で与えられるペア i - j のペア確率の平衡状態を求める。式 24 から式 27 のペアダイナミクスの式においてトリプレットの対称性を考慮し、クロージャー（式 30 と式 31）を用いることで、

$$0 = \gamma P_{ijSI} + \gamma P_{ijIS} - 2 \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSS} P_{ikSI}}{P_S} \quad (33)$$

$$0 = \gamma P_{ijII} - \gamma P_{ijSI} - \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSI} P_{ikSI}}{P_S} + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSS} P_{ikSI}}{P_S} \quad (34)$$

$$0 = \gamma P_{ijII} - \gamma P_{ijIS} - \beta(|\xi_{ij}|) P_{ijIS} + \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSS} P_{ikSI}}{P_S} - \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSI} P_{ikSI}}{P_S} \quad (35)$$

$$0 = -2\gamma P_{ijII} + \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} + \beta(|\xi_{ij}|) P_{ijIS} + 2 \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) \frac{P_{ijSI} P_{ikSI}}{P_S} \quad (36)$$

を得る。ここで項 $\sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ikSI}$ はどの i に着目するののかによって異なりまだ未知の値であることに注意する。

ここで、平均場近似の値を用いて

$$\sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ikSI} \approx \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{k \neq i, j} \beta(|-\xi_{ik}|) P_{ikSI} \approx \gamma P_I \quad (37)$$

として近似する。この導出では、式 23 の平衡状態から得られる関係式

$$0 = -\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} + \gamma P_I \quad (38)$$

を用いた。式 37 における最初の近似は S の周りにおける I の空間情報について平均場近似を適用したものである。次の近似は式 32 による。

式 33 から 36 は行列の形式

$$\begin{pmatrix} -2\gamma \frac{P_I}{P_S} & \gamma & \gamma & 0 \\ \gamma \frac{P_I}{P_S} & -\gamma - \beta - \gamma \frac{P_I}{P_S} & 0 & \gamma \\ \gamma \frac{P_I}{P_S} & -\gamma \frac{P_I}{P_S} & -\gamma - \beta & \gamma \\ 0 & \beta + 2\gamma \frac{P_I}{P_S} & \beta & -2\gamma \end{pmatrix} \begin{pmatrix} P_{ijSS} \\ P_{ijSI} \\ P_{ijIS} \\ P_{ijII} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad (39)$$

と書き直すことができる。ここで $\beta(|\xi_{ij}|) = \beta(|-\xi_{ij}|)$ は β として表した。本来対称である $P_{ijSI} = P_{ijIS}$ を考慮すると、ここで導出した行列は、第 2 行、3 行、4 行の第 2 列、3 列において非対称となっているが、これは今回採用したクロージャーによるものである。

この行列は以下のように係数を対称に与えた行列に書き直すことが出来る。

$$\begin{pmatrix} -2\gamma\frac{P_I}{P_S} & \gamma & \gamma & 0 \\ \gamma\frac{P_I}{P_S} & -\gamma - \beta - \gamma\frac{P_I}{P_S} & 0 & \gamma \\ \gamma\frac{P_I}{P_S} & 0 & -\gamma - \beta - \gamma\frac{P_I}{P_S} & \gamma \\ 0 & \beta + \gamma\frac{P_I}{P_S} & \beta + \gamma\frac{P_I}{P_S} & -2\gamma \end{pmatrix} \quad (40)$$

どちらの行列も逆行列を持たない行列であり、どちらの行列からもペア確率の総和は 1 であることを用いると、ペア確率の平衡状態として同じ結果を得る。

最終的にペア確率の平衡解はペア i - j 間の距離 $|\xi_{ij}|$ の関数として与えられる。

$$P_{ijSS} = \frac{\gamma P_S^2}{\gamma + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I} \quad (41)$$

$$P_{ijSI} = \frac{\gamma P_S P_I}{\gamma + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I} \quad (42)$$

$$P_{ijIS} = \frac{\gamma P_S P_I}{\gamma + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I} \quad (43)$$

$$P_{ijII} = \frac{\gamma P_I^2 + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I}{\gamma + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I} \quad (44)$$

平衡状態のペア確率に含まれる P_S と P_I はこの時点では未知であるものの、ここまでの解析により、

1. 点パターンの 2 次構造はペア距離が大きくなると減衰してシングレット確率の平均場近似値の積に収束する ($P_{ijSS} \rightarrow P_S^2$, $P_{ijSI} = P_{ijIS} \rightarrow P_S P_I$, $P_{ijII} \rightarrow P_I^2$ for $|\xi_{ij}| \rightarrow \infty$)。
2. 感染個体 I 同士は感染カーネル $\beta(|\xi_{ij}|)$ に応じて空間的に集中分布する (式 44 の分子 $\gamma P_I^2 + \beta(|\xi_{ij}|)P_S P_I$ の項)。

という定性的な性質を得る。

また式 42 で得た P_{ijSI} を式 32 に代入することで、 P_S と P_I を具体的に求める式

$$\begin{aligned} \gamma P_I &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|) P_{ijSI} \\ &= \frac{1}{n} \sum_{l=1}^{n(n-1)} \beta(|-\xi_l|) \frac{\gamma P_S P_I}{\gamma + \beta(|\xi_l|)P_S P_I} \end{aligned} \quad (45)$$

を得る。ここで右辺 1 行目の i と $j \neq i$ に関する和はすべてのペアに関する総和であり、右辺 2 行目の式では $n(n-1)$ 個のすべての有向ペア ξ_l ($l = 1, 2, \dots, n(n-1)$) についての総和として表示した。

非負の $P_I > 0$ を求めるためには、この式を整理すると式

$$1 = \frac{1}{n} \sum_{l=1}^{n(n-1)} \frac{\beta(|-\xi_l|)(1 - P_I)}{\gamma + \beta(|\xi_l|)(1 - P_I)P_I} \quad (46)$$

を得る。

ここでペア距離を $r = |\xi_i|$ と表記すると、点パターンが CSR 分布に従うとき、距離 r をもつペアの分布は $2\pi r$ と有向ペアの総数 $n(n-1)$ に比例することから、式 46 は

$$1 \approx (n-1) \int_0^\infty \frac{\beta(r)(1-P_I)}{\gamma + \beta(r)(1-P_I)P_I} 2\pi r dr \quad (47)$$

と近似的に記述することができる。

この式の右辺の積分は一般的な感染カーネル $\beta(r)$ にかんして初等関数として導出できないため、一般には P_I を解析的に求めることは出来ない。しかし、式 47 の右辺は $P_I = 0$ のときに $(n-1)\beta_0/\gamma$ 、 $P_I = 1$ のときに 0 の値をもつ P_I についての単調減少関数であることから、 P_I は式 47 の唯一解として数値的に求めることが出来る。

点パターンが CSR でない場合については、式 47 の右辺を修正した

$$1 \approx (n-1) \int_0^\infty \frac{\beta(r)(1-P_I)}{\gamma + \beta(r)(1-P_I)P_I} 2\pi r g(r) dr \quad (48)$$

から P_I を数値的に求めることが出来る。ここで $g(r)$ は点パターン $p(x)$ のペア相関関数であり、本研究では、 $g(r) = 1 + a \exp(-br)$ として与えてある (前述)。

ただし唯一解 P_I をもつためには式 48 の右辺が $P_I = 0$ の時 1 より大きくなければならない。 $(n-1)\beta_0/\gamma > 1$ が成り立っていると仮定する時、唯一解を持つためのパラメータ条件を表 1 にまとめる。

[表 1 about here.]

5 シミュレーション結果と力学系から導いた平衡状態との比較

5.1 点パターンが完全ランダム CSR の場合

まず最初に、点パターンが CSR 分布である場合の SIS ダイナミクスを調べた結果について述べる。

図 8、図 9、図 10 は、Gillespie algorithm を用いてシミュレーションした点パターン動態における感染の拡がり方が時間発展する様子を可視化した図である。ここでは、初めに $n = 1000$ 個の点を 2 次元空間上に CSR 分布として構成し、うち 100 個の点をランダムに選び I とした状態を初期条件とする。総感染力 β_0 、回復率 γ はそれぞれ固定し、 $\beta_0 = 0.01$ 、 $\gamma = 1$ である。回復率 γ は時刻 t の尺度を変換することによって一般性を失うこと無く $\gamma = 1$ とする。感染カーネルは、ガウス関数 (図 8)、ステップ関数 (図 9)、指数関数 (図 10) の 3 種類を用いた。状態 S の点を青、状態 I の点を赤で示し、感染範囲の目安 $2\sigma_I$ を赤の円で示す。

感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 場合と大きい ($\sigma_I = 0.02$) 場合で感染がどのように拡がるのかを調べた。どちらの場合も十分時間が経った後 ($t = 100$) には、準定常状態となるが、両者の様相が大きく異なっていることが図 8、図 9、図 10 からわかる。感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) 場合には I が空間全体に拡がっている。一方で感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 場合には、 I は空間全体に拡がりきらず、局所クラスターが何箇所か形成されている。このクラスターは一度形成されるとほとんど恒久的に維持される (図 8 における $t = 10$ と $t = 100$ の点パターンを見比べるとわかり易い)。

[図 8 about here.]

[図 9 about here.]

[図 10 about here.]

図 11、図 12、図 13 では、図 8、図 9、図 10 に示した数値計算によって得られる点パターン動態と、力学モデルから導出される 1 次構造動態と 2 次構造を比較している。左側のグラフは個体群ダイナミクスを表していて、青色、赤色の線はそれぞれ S 、 I を表している。実線は $t = 0$ から $t = 100$ までの数値計算で得られる S 、 I 個体数を表している。点線は平衡状態にあるシングレット確率の空間平均値から求めた個体密度 ($\langle S^* \rangle = n\langle P_S^* \rangle$, $\langle I^* \rangle = n\langle P_I^* \rangle$) であり、力学モデルから導出される。各図 11、12、13 のグラフ c からわかる通り、感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) とき、力学的モデルから導出される平衡解と非常に近い個体密度の値をとるようになる。

一方で感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) とき、 I の個体数は力学系モデルから得られる平衡状態を大きく下回る値をとる。この食い違いは用いる感染カーネル $k(r)$ 毎に異なっている。最も I が拡がらないのがステップ関数に従う場合で、初期個体数からの増加が見られない (図 9、12)。対してガウス関数、指数関数に従う場合は感染の拡がりや確認でき、特に指数関数に従う場合はより伝播範囲が拡大していることがわかる。

右側の図は、 $t = 100$ における点パターンの空間分布を 2 節で定義したた相対ペア相関関数 ($g_{SS}(r)$, $g_{SI}(r) + g_{IS}(r)$, $g_{II}(r)$) を用いて定量的に示したグラフ (実線) と、力学系モデルから得られる 2 次構造動態の平衡解を二通りの方法で示したグラフ (点線と破線) を比較したものである。黒色は点パターン全体の 2 次構造情報を記述していて、ペア相関関数 $g(r)$ に相当するものである。青色、赤色、紫色はそれぞれ S - S 、 S - I + I - S 、 I - I ペアについてのグラフである。こちらも、感染距離 σ_I が大きい ($\sigma_I = 0.02$) ときには、両者はよく合致しており、力学系モデルの 2 次構造情報であるペア確率が数値計算で得られる空間分布を近似的によく記述できていることがわかる。力学系モデルの導出 (3 章) で導いたように、ペア確率の平衡解はシングレット確率の期待値を用いて記述している。感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) ときに見られる破線は力学系モデルから導出されるシングレット確率を用いて導出したペア確率の平衡解のグラフで、点線は $t = 100$ における個体密度を用いた平衡状態のグラフである。ガウス関数と指数関数に従う感染カーネルの場合は、破線は実線とは異なっているが、点線ではうまく合うようになることがわかる。このことから、力学系モデルの 2 次構造の平衡解は準定常状態にある点パターンの空間分布をうまく表せていることがわかる。一方でステップ関数に従う感染カーネルの場合は点線と実線の値であつてもうまく合わないことから、力学モデルのペア確率が空間分布の様子をうまく表せていないことがわかる。

[図 11 about here.]

[図 12 about here.]

[図 13 about here.]

5.2 点パターンが集中分布の場合

次に、点パターンが集中分布である場合の SIS ダイナミクスを調べた結果について述べる。

図 14、図 15、図 16 では集中分布 ($g(r) = 1 + a \exp[-br]$, $a > 0$) する点パターンにおける $t = 0, 30, 50, 100$ での I の拡がりを可視化している。CSR 分布する点パターンの場合と同様に感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) とき、 I は空間全体に拡がり、小さいときは局所にクラスターを形成した状態の準定常状態に収束する。特にステップ関数に従う感染カーネルの場合、局所クラスターの規模も小さく、感染者 I の拡がりは見られない (図 15)。また、感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) 時であつても、集中分布の影響で、 I は局所的に集中する傾向があり、感染を免れた S が存在する領域が見られる。ただし、指数関数に従う $k(r)$ の場合は $\sigma_I = 0.02$ の場合空間全体に I が拡がっていることがわかる。

[図 14 about here.]

[図 15 about here.]

[図 16 about here.]

図 17、図 18、図 19 では図 14、15、16 で確認した数値計算結果から得られる個体数と相対ペア相関関数を、力学モデルのシングレット確率の期待値とペア確率の平衡状態から導出されるものと比較している。左側のグラフは、数値計算と力学モデルの平衡解から導出される 1 次構造の比較をしている。感染カーネルがステップ関数に従う場合、 $\sigma_I = 0.01$ では感染者が初期個体数と変わらない個体密度で推移しており、感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) 場合であっても準定常状態にある I の個体密度は力学モデルから得られる平衡状態の個体密度を下回る値であることがわかる (図 18)。一方で、感染カーネルがガウス関数と指数関数に従う場合は、感染距離が十分大きければ ($\sigma_I = 0.02$)、 I の個体密度は平衡解から得られる密度と非常に近い値をとることがわかる (図 17、19)。特に、指数関数の場合、小さい ($\sigma_I = 0.01$) 感染距離であっても、感染個体 I の密度は大きく増大していることがわかる。

図 17、図 18、図 19 の右側では相対ペア相関関数の値を数値的に得られる準定常状態とペア確率密度の平衡解を用いて導出し、比較している。実線が数値的に得られる値、破線・点線が力学系モデルから得られる値である。黒色は空間におけるペア相関関数、青色、赤色、紫色は S - S 、 S - $I+I$ - S 、 I - I ペアについての相対ペア相関関数である。3 種類の感染カーネルについて感染距離が大きい場合 ($\sigma_I = 0.02$) には、両者はよく一致している。力学モデルの平衡解が準定常状態の空間分布をよく記述できていることがわかる。

感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 時も、ペア確率の平衡解の値を数値計算の定常状態の個体密度の値を用いれはうまく合うようになることが、ガウス関数と指数関数の場合で確認出来る (図 17、19)。ステップ関数の場合は、数値的に得られた個体密度を用いてもうまく合うようにならない。感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) ときステップ関数の場合はうまく空間分布を力学モデルを用いて記述することはできないが、ガウス関数、指数関数の場合は記述できていることがわかる。

[図 17 about here.]

[図 18 about here.]

[図 19 about here.]

5.3 点パターンが過分散分布の場合

次に、点パターンが過分散である場合の SIS ダイナミクスを調べた結果について述べる。

図 20、図 21、図 22 では点パターンが過分散 ($g(r) = 1 + a \exp[-br]$, $a < 0$) の場合について、感染 I がどのように拡がるのかを可視化している。感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) と他の分布 (CSR、集中分布) に比べて、感染が拡がりにくい様子が見られる。特に感染カーネルがガウス関数、ステップ関数の場合は I のクラスターの大きさが小さく、数も少ない (図 20、21)。感染カーネルが指数関数の場合も I が拡がる速度が他の分布よりも遅い様子が見られる (図 20、21 の $t = 3$ の様子を比べると分かりやすい)。しかし感染距離が大きい場合 ($\sigma_I = 0.02$)、どの感染カーネルにおいても感染 I が空間全体に拡がっていることが確認出来る。

[図 20 about here.]

[図 21 about here.]

[図 22 about here.]

図 23 では図 20 で確認した準定常状態と力学系モデルの平衡解を比較したグラフを示している。左側は、青色、赤色の線はそれぞれ S 、 I の個体密度について表していて、実線が数値的に調べた場合と破線が力学モデルのシングレット確率の期待値から得た場合である。

感染範囲が小さい $\sigma_I = 0.01$ 時、感染カーネルがガウス関数とステップ関数に従う場合、感染 I の数値的に得られる準定常状態は力学モデルの平衡解から導出された平衡解を大きく下回っていることがわかる (図 23、24)。感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) 場合は、どの感染カーネルであっても数値的に得られる準定常状態の個体密度の値と力学系モデルの 1 次構造情報の平衡状態は非常によく合っている。

右側は近似的ペア相関関数の値を数値的に得られる準定常状態とペア確率密度の平衡解を用いて導出し、比較している (図 23、24、25 の b, d)。実線が数値的に得られる値、破線・点線が力学系モデルから得られる値である。黒色は空間におけるペア相関関数、青色、赤色、紫色は S - S 、 S - I + I - S 、 I - I ペアについての相対ペア相関関数である。

感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) とき、力学モデルから導出した解がうまく合わない場合であっても、感染カーネルがガウス関数、指数関数であれば数値的に得られる準定常状態の個体密度を用いる (点線) とよく合うようになる。一方でステップ関数の場合はうまく合わない。ステップ関数の場合はうまく空間分布を記述できていないことがわかる。3 種類の感染カーネルは、感染距離が大きい場合 ($\sigma_I = 0.02$) には、両者はよく一致している。力学モデルの平衡解が空間分布をよく記述できていることがわかる。

[図 23 about here.]

[図 24 about here.]

[図 25 about here.]

5.4 1 次構造に関するまとめ

図 26 では、定常状態のシングレット密度 $\langle I^* \rangle$ が総感染力 β_0 に対してどのような値をとるのかを示している。 β_0 が 0.001 から 0.02 の値をとるとき、定常状態の I の割合をシミュレーションから求めた値を実線をつなげたグラフと、力学系モデルから解析的に得られる平衡状態のシングレット確率の空間平均のグラフを重ねて表示している。黒色、青色、赤色はそれぞれ感染カーネルが、ガウス関数、ステップ関数、指数関数の場合を表している。

上から CSR、集中、過分散分布の点パターンにおける結果を示して。左側は感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 場合、左側が大きい場合 ($\sigma_I = 0.02$) である。感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 場合には、 β_0 の値にかかわらず、数値計算結果と力学モデルの平衡解は一致していないことがわかる。ただし、指数関数の場合は他の関数に比べてよく感染 I が拡大していることがわかる。また、感染距離が小さい ($\sigma_I = 0.01$) 場合、用いる点パターンによって数値的に調べた感染の拡がり方が異なっている。過分散分布の場合は小さい β_0 では I は拡がらず感染は速やかに減少する。特にステップ関数の場合は大きい β_0 の値であっても感染の拡がり確認できない。対して感染距離が大きい ($\sigma_I = 0.02$) 場合、力学系モデルは数値計算結果をよく記述できていることがわかる。ただし、過分散分布の場合小さい β_0 の時は数値的な感染が拡がりきらない様子が確認出来る。

[図 26 about here.]

図 27 では、定常状態のシングレット密度 $\langle I^* \rangle$ が感染範囲 σ_I に対してどのような値をとるのかを調べている。 σ_I が 0.001 から 0.025 の値をとるとき、定常状態の I の割合をシミュレーションから求めた実線のグラフと、力学系モデルから得られるシングレット確率の空間平均をとったグラフを重

ねて表示している。黒色、青色、赤色はそれぞれガウス関数、ステップ関数、指数関数の $k(r)$ を表している。

上から CSR、集中、過分散分布の点パターンにおける結果を示して。すべての点パターンと感染カーネルにおいて σ_I を大きくしていくと、解析結果が良く合うようになることがわかる。また、どの点パターンで合っても指数関数、ガウス関数、ステップ関数の順で小さい σ_I に対して良く合うようになることがわかる。また、ステップ関数の場合は過分散分布の時、他の分布よりも大きな感染距離 σ_I が感染を拡げるために必要であることがわかる。また、過分散分布における力学系モデルの平衡解が他の分布において求まる値よりも小さいことがわかる。

[図 27 about here.]

6 基本再生産数の導出

基本再生産数 R_0 は、少数の感染者が感受性個体からなる集団に侵入したときの 2 次感染者数を表すもので、具体的には、感染個体が感染状態にある期間に感染させた感受性個体数として計算される。数理疫学において R_0 は、個体群における感染拡大の条件に関係する非常に重要な値として導出されている。本節では点パターン SIS モデルにおける R_0 を導出する。

ここでは、 n 個の点のうち、1 点のみが状態 I であり、残り $n-1$ 個の点の状態はすべて S である状況を想定して R_0 を計算することを試みる。感染状態にある点 i が自分以外の $n-1$ 個の感受性個体に感染させることを仮定する。点 i からの感染による新たな感染者の数は

$$R_{0,i} = \frac{\sum_{j \neq i} \beta(|-\xi_{ij}|)}{\gamma} \quad (49)$$

で与えられる。これはもちろん点 i の位置に依存する。

$R_{0,i}$ の空間平均 $\langle R_0 \rangle$ は

$$\begin{aligned} \langle R_0 \rangle &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n R_{0,i} = \frac{1}{\gamma n} \sum_{l=1}^{n(n-1)} \beta(|-\xi_l|) \\ &\approx \frac{n-1}{\gamma} \int_0^\infty \beta(r) 2\pi r g(r) dr = \frac{\beta_0(n-1)}{\gamma} (1 + aF(\lambda)) \end{aligned} \quad (50)$$

と求めることが出来る。ここで $g(r)$ は注目する点パターンのペア相関関数であり、具体的には、 $g(r) = 1 + a \exp[-br]$ という関数型を仮定する。関数 $F(\lambda)$ は感染カーネルに応じて定まる関数でそれぞれ

$$\text{ガウス関数の場合} \quad F(\lambda) = 1 - \lambda e^{\lambda^2} (1 - \text{erf}(\lambda)) \quad \lambda = \sqrt{\frac{\pi}{2}} b \sigma_I \quad (51)$$

$$\text{ステップ関数の場合} \quad F(\lambda) = \frac{2}{\lambda} \left(\frac{1 - e^{-\lambda}}{\lambda} - e^{-\lambda} \right) \quad \lambda = 2b \sigma_I \quad (52)$$

$$\text{指数関数の場合} \quad F(\lambda) = \frac{2}{(\sqrt{2} + \lambda)^2} \quad \lambda = b \sigma_I \quad (53)$$

である。

点パターンが CSR である場合 ($a = 0$)、すべての感染カーネルに対して $\langle R_0 \rangle$ は

$$\langle R_0 \rangle = \frac{\beta_0(n-1)}{\gamma} \quad (54)$$

である。

微分方程式を用いた力学系モデル（導入 1 で示した SIR モデル、SIS モデル）では、 $R_0 > 1$ であることが感染が定常化（平衡状態において感染人口が存在する）するための条件となる。即ち、

$$\langle R_0 \rangle > 1 \Leftrightarrow \beta_0 > \beta_c = \frac{\gamma}{n-1} \quad (55)$$

から、感染が拡大するための感染力の閾値 $\beta_c = \gamma/(n-1)$ が得られる。

総個体数 n が十分多く ($n \gg 1$)、 $n-1 \approx n$ と見なせば、 $\langle R_0 \rangle > 1$ となる β_0 の条件はこれまで古典的 SIS で導出された条件と対応する

$$\beta_0 > \frac{\gamma}{N} \quad (56)$$

となる。ここで $N = S + I$ は総個体密度である。

点パターンが CSR 分布以外 ($a \neq 0$) の場合、 R_0 は $aF(\lambda)$ を用いて表され、 $F(\lambda)$ は R_0 に特異的であることが言える。感染カーネルがステップ関数や指数関数に従う場合、 $F(0) = 1$ 、 $F(\infty) = 0$ の値をとり $F(\lambda)$ は $\lambda > 0$ に従い単調減少するが、ガウス関数に従う場合 $F(\lambda)$ は単調な変化をせず、 $F(0) = 1$ の値を取り λ が 0 から増加していくに従い減少する。しかし $\lambda > 0.782$ であれば $F(\lambda)$ は λ の値に従って増加し $F(\infty) = 1$ の値をとる。

そのため、点パターンが集中分布している場合 ($a > 0$)、ステップ関数や指数関数に従う感染カーネルの R_0 は大きくなるがガウス関数の場合はそうとも言えない。同様にして、点パターンが過分散分布 ($a < 0$) の場合、ステップ関数、指数関数の場合 R_0 は小さくなるが、ガウス関数の場合はそうとは限らない。このことは、ネットワーク構造上での感染伝播で議論されていた S がどのように I に囲まれているかで R_0 が特異的に決まることを表した結果であると言える [29][42][50][51][52][43][40][41][53][54]。

しかしながら、本論文で取り組んだ空間構造を考慮した数理疫学モデルにおいて基本再生産数 R_0 の解釈には注意が必要である。先行研究 [42] や [55] では、ネットワーク上での感染伝播において個体ベースの観点から R_0 を導出している。また点パターンにおける R_0 の導出も行われている [27][43]。局所的な相互作用を考慮する場合、感染開始直後は I の周りに S が多く存在しているが、感染が拡大することで周辺の S が I となることより、距離を考慮しない平均場近似を用いた場合よりも感染が空間全体に広がる速度が遅くなることが知られている。また、感染源となる初期の I がどこに位置するのによっても、感染の拡がり方は異なる。点パターン SIS モデルにおいて、平均値 $\langle R_0 \rangle$ が 1 を超えても必ずしも 1 点における $R_{0,i} > 1$ を意味していないのである。局所的に個体の集中する場所に位置すれば、感染力が小さくても空間全体に感染を拡げることができる。一方で、個体がまばらな場所に位置していれば感染力が十分大きい場合であっても空間全体に感染を及ぼすことはできない。空間構造における R_0 の値を定量的に調べることは未だに未解決の問題である、今後の研究が待たれるところである。

7 議論

本論文では、古典的 SIS モデルを拡張し、空間構造を陽に考慮する点過程としての SIS 点パターン動態モデルを解析した。今回解析したモデルでは点パターンを構成する各点は移動しないことを仮定しているため、植物などの固着性生物の感染症の伝播への応用が期待される [26][27][56]。

感染症の点パターン動態にかんしては、シングレット確率ならびにペア確率に注目した力学モデルに関するいくつかの先行研究がある [27][29][42][43][40][41]。今回の研究は先行研究と同じアプローチに基づく研究ではあるが、感受性個体 S と感染個体 I の空間分布の平衡状態に注目した解析を行った。力学系モデルには 3 次構造のトリプレット確率が力学モデルに含まれるが、単純なクロージャを用いることによって、ペア間距離の関数としてのペア確率の平衡解を解析的に導出することができた。導出した式 27 の平衡解 P_{II} の項における $\beta(r)P_S P_I$ から、感染個体は感染カーネルに従って空間的に集中して分布することが明らかになった（ここでの P_S, P_I は期待値または数値的に計上され

る個体密度を表している)。感染率は感染者からの距離に応じて決まることから、このような結果は直感的にも自然なことである。

シミュレーションとの比較の結果、感染範囲 σ_I が十分大きければ、3種類の感染カーネル、3種類の点分布において力学モデルの平衡解は数値的に得られる準定常状態とよく合致することが明らかになった。しかしながら σ_I が小さいと両者は大きく異なることが明らかになった (図 27)。シミュレーションで求めた I の割合は力学系モデルから導出される P_I の値を大きく下回っている。3つの感染カーネルの中で最も不一致が大きかったのはステップ関数に従う感染カーネルの場合である。

感染範囲 σ_I が小さい場合における数値計算と力学系モデルの不一致は、Gilbert disk モデルの名前で知られる連続空間上のパーコレーション理論で説明することができる。2次元空間上で一様なポアソン過程に従って位置している多数の円盤 (disk) を考えた時、全ての円盤が空間上で互いに繋がる (重なり合う) 円盤半径には閾値が存在することが示されている [57][58]。閾値である円盤の半径 r_c は $n\pi r_c^2 \approx 4.51$ であることが算出されている [59]。今回行っている数値計算での個体数は $n = 1000$ なので $r_c = 0.0379$ である。

本モデルでは、ステップ関数に従う感染カーネルにおける $2\sigma_I$ が Gilbert disk モデルにおける円盤半径にあたることから感染が空間全体に及ぶためには $2\sigma_I > r_c$ つまり、感染範囲 $\sigma_I > 0.01895 \dots$ の時であることがわかる。これは実際の数値実験においても確認できる (図 27)。これは定性的に理論的に導出した r_c とよく合っている。今回解析した点パターン動態は確率論的であるが、Gilbert disk モデルと比較して考察することが出来よう。感染範囲 σ_I が小さい時のシミュレーションと力学モデルとの不一致は、パーコレーション理論と関連すると考えられる。今回の解析では点の数 $n = 1000$ は定数値を用いたが、点の数はシミュレーションにおける1次構造ならびに2次構造の平衡状態に大きく影響すると考えられる。パーコレーション理論と平衡状態にあるペア確率との関連は今後議論を深めていく余地がある。

n 個の点から構成される2次元空間上の点パターンは、各点の座標 (x, y) を位置情報として持つ高次元量として表される。1次構造量である点の個数は、いわゆる空間構造を無視した個体群密度の平均場近似として用いられる。1次構造のみでは点の空間配置を定量化することは出来ないが、2次構造量であるペア間距離に注目することで点がどのように分布しているのかを理解することができる [30][36][37][38][39]。図 7 で示すように、トリプレットはシングレット、ペアとの空間分布を考えると階層的に現れる。

注目する階層をシングレット確率、ペア確率、トリプレット確率...として空間的な複雑性を階層的に記述した系をマスター方程式に基づいて記述する方法が確立されている [40][41]。シングレット確率とペア確率のダイナミクスは一定の点パターン (点の生成、消滅、移動を仮定しない) における確率過程の SIS 点パターン動態に応用することができる。この動態を閉じた形にするには、含まれている高次の項を低次の項を用いて近似する必要がある。本研究では、トリプレットの項をシングレットとペアを用いて簡素に近似するモーメントクローザーを採用することにより、平衡解を解析的に導出することに成功した。トリプレットの近似方法は他にも幾つかある [29][40][41][46][60][53]。しかしながら今の所トリプレットが持っている空間上の情報をどのように近似できるのかについては、未解決である [31]。空間的な複雑性をどのように単純化して捉えることができるのかについてはさらなる議論の余地がある [13]。

今回は出生・死亡を無視した条件下の点パターン動態を取り扱った。もし出生や死亡と言った点の数が動的に変化する点パターン動態を考慮するのであれば、各点ならびに各ペアの状態確率の力学系としてのマスター方程式の手法は適用困難になると思われる。その場合、マスター方程式によらない数的手法を採用する必要がある [44][45][46][13][49]。この場合でも点密度の動態にペア密度が、ペア密度の動態にトリプレット密度が現れ、何らかの形でトリプレット密度を低次構造の密度で近似するモーメント近似を採用する必要がある。他方で、Ovaskainen らはモーメント近似を必要としない摂動法を用いたアプローチを展開している [61][62]。空間個体群動態を点パターンとして記述

する数理的方法の解析についてはさらなる発展が求められる。

本研究では、空間全体の感染の広がりを理解するために基本再生産数の平均値 $\langle R_0 \rangle$ を導出した。 $\langle R_0 \rangle > 1$ は少なくともある 1 つの点 i は感染拡大の足がかりになるような基本再生産数を持っていることを意味しているが、すべての点について、言えることであるとは限らない。他方で $\langle R_0 \rangle < 1$ は多くの点が感染拡大させることができる基本再生産数を持たないことを意味していて、 $R_{0,i} > 1$ であるような点 i が存在しうることを排除しないため、必ずしも感染が広がらないことを意味しているわけではない。確率論的な個体群動態は個体の数として非負の整数を取る。多くの場合感染者がいなくなることがなくてもゼロとなる可能性がある [1][10][38][55][42]。空間確率モデルにおける基本再生産数の解釈にはさらなる研究が必要である。

多くの数理疫学モデルはネットワークのモデルとして拡張されてきた [11][50][63]。今回取り組んだ点パターン SIS モデルもネットワークモデルの 1 つである。 n 個の点から構成される完全グラフ上での感染動態であるが、感染率が距離に依存する点で従来のネットワーク上の感染モデルとは異なる。これまで研究されてきたネットワークモデルはネットワークのトポロジー、つまり、点同士がどのようにつながっているか?、に焦点を当てて研究されてきた [40][41][60][51][64]。生態学においては、2 個体間の距離に応じて互いの作用が強くなるような局所的な相互作用は極めて理にかなっているとされる [12][19][20][26]。従来のネットワークモデルに距離の概念を考慮した解析が今後必要となると思われる。

距離に基づいた相互作用は自然界における相互作用を行う生態学として普遍的である。距離の効果に着目した理論研究については今後さらに発展し、多くのことが明らかになっていくことが考えられる。

導入でも触れたが様々な方法で空間構造を持つ個体群動態を調べることができる。中でも個体群の空間分布を点パターン動態として捉えて解析することは空間生態学を研究する上で有望な方法であることを重ねて述べる。

最後に、今回、ペア確率の平衡解をシングレット確率の期待値と感染カーネルを用いた簡潔な形式で導出できたことは貴重な成果であると考えている。感染範囲が小さいときには、1 次構造である準定常状態にある S と I の個体数と力学モデルから導出されるシングレット確率の空間平均 $\langle P_S \rangle$ と $\langle P_I \rangle$ は大きく異なる結果となったが、2 次構造であるペア確率を用いた近似的ペア相関関数は感染範囲が小さくても定量的によく合致している結果となった。このことは、定常状態に達していることを仮定すれば、実証的に得られる点パターンの空間分布から感染カーネルの関数形式 $k(r)$ を推定できる可能性を示唆している。

8 今後の展望

本研究で取り組んだ点パターン SIS モデルでは、点（個体）の位置が固定されており、植物のような固着性の生物集団の感染症が想定されている。各個体が移動をする動物個体の場合、各点が一定のルールで移動することになる。点の移動（たとえばランダム拡散）を許した場合の点パターン動態（各点の状態変化と各点の空間移動）がどのようになるかは興味深い。ランダム拡散を許す場合、感受性個体と感染個体の空間移動が全く同一であれば、初期分布によらず最終的には全ての個体が完全ランダム CSR 分布するに至り、今回導いた結果が適用できる可能性がある。しかし、感染状態が異なる個体が異なった空間移動をする場合、点パターン動態がどのようになるかは非常に興味深い問題である。今後解析すべき課題である。

また、点パターン動態として古典的 SIR モデルを拡張することも考えられる。この場合、各点は S 、 I 、 R の 3 つの状態をとり、可能なペアは 6 通りとなる。出生死亡を考慮しない古典的 SIR モデルでは最終的には感染症は終結し、一定数の感受性人口 S^* と隔離人口 R^* が残る状態に収束するが、

点パターン動態では、一度感染した隔離人口 R がどのような空間分布を示すかが興味深い課題となろう。今後研究の進展が待たれる課題である。

本研究では2次元空間上の点パターンを想定したが、今回用いた数的手法は3次元空間などより高次元空間上の点パターン解析にもそのまま適用可能である。具体例として、立体構造を示す細胞集団において各細胞の位置座標を3次元空間上の点 (x, y, z) として表現し、細胞間の感染が距離に依存して起こる過程が挙げられる。この場合、全てのペアに関する総和、例えば $\sum_i^{n(n-1)} \beta(|-\xi_i|)$ は、距離 r に関する積分 $\int_0^\infty \beta(r)4\pi r^2 g(r)dr$ で近似することになる ($g(r)$ は3次元点パターンのペア相関関数)。体内での細胞感染動態などへの応用が考えられる。

点パターン SIS モデルでの感染と回復は、個体を局所的な生息場所 (パッチ) とみなし、ある種が生息するパッチから空き地のパッチへの移入 (感染) とあるパッチでのその種の局所的な絶滅 (回復) が起こるメタポピュレーション Metapopulation 動態と同一である。複数パッチが空間上に様々な空間分布をしている場合、系全体で特定の種が生息するパッチの分布は保全生物学の観点から非常に重要な問題である。今回取り組んだ点パターン動態の研究は、個体間の距離に着目して相互作用を調べる空間生態学の側面がある。これと全く同じ手法で空間メタポピュレーションの解析が可能となる。空間生態学における局所的な相互作用の重要性は広く知られている [12][13][19][20][26][37]。今回用いた手法を空間生態学一般へと拡張することが期待できる。

点パターンとして捉えるアプローチは空間生態学の研究において非常に有効であると我々は考えている。

9 謝辞

本論文の執筆にあたり、終始あたたかいご指導と激励を賜りました、奈良女子大学理学部の高須夫悟教授に心から感謝の意を表します。同大学理学部高橋智准教授には研究あるいは授業科目について多大なるご指導をいただきました。深く感謝申し上げます。また、本研究を進めるにあたり、同理学部の篠田正人教授にはパーコレーションに関する貴重なご助言を、静岡大学工学部数理システム工学科の佐藤一憲先生、総合研究大学院大学の佐々木顕先生、統計数理研究所の島谷健一郎先生ならびに九州大学大学院の岩見真吾先生には空間生態学のモデルを解析する上で有益なご助言を数多く頂きました。北海道大学名誉教授の高田荘則先生には博士論文執筆にあたり貴重なコメントや助言を頂きました。これらの方に深く感謝申し上げます。最後に、これまで私をあたたく応援してくれた家族に心から感謝します。

参考文献

- [1] Roy M Anderson. The population dynamics of infectious diseases: theory and application. Springer, 2013.
- [2] William O Kermack and Anderson G McKendrick. Contributions to the mathematical theory of epidemics. ii. the problem of endemicity. Proceedings of the Royal Society of London. Series A, containing papers of a mathematical and physical character, Vol. 138, No. 834, pp. 55–83, 1932.
- [3] Roy M Anderson, Robert M May, and B Anderson. Infectious diseases of humans: dynamics and control, Vol. 28. Wiley Online Library, 1992.
- [4] Herbert W Hethcote. The mathematics of infectious diseases. SIAM review, Vol. 42, No. 4, pp. 599–653, 2000.
- [5] Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez, and Carlos Castillo-Chavez. Mathematical models in population biology and epidemiology, Vol. 40. Springer, 2001.
- [6] Matt J Keeling and Pejman Rohani. Modeling infectious diseases in humans and animals. Princeton University Press, 2011.
- [7] Linda JS Allen and Amy M Burgin. Comparison of deterministic and stochastic sis and sir models in discrete time. Mathematical biosciences, Vol. 163, No. 1, pp. 1–33, 2000.
- [8] Tom Britton. Stochastic epidemic models: a survey. Mathematical biosciences, Vol. 225, No. 1, pp. 24–35, 2010.
- [9] Denis Mollison. Spatial contact models for ecological and epidemic spread. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological), pp. 283–326, 1977.
- [10] Ingemar Nåsell. On the time to extinction in recurrent epidemics. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology), Vol. 61, No. 2, pp. 309–330, 1999.
- [11] Ingemar Nåsell. Stochastic models of some endemic infections. Mathematical biosciences, Vol. 179, No. 1, pp. 1–19, 2002.
- [12] David Tilman and Peter M Kareiva. Spatial ecology: the role of space in population dynamics and interspecific interactions, Vol. 30. Princeton University Press, 1997.
- [13] Ulf Dieckmann, Richard Law, and Johan AJ Metz. The geometry of ecological interactions: simplifying spatial complexity. Cambridge University Press, 2000.
- [14] Denis Mollison. Dependence of epidemic and population velocities on basic parameters. Mathematical biosciences, Vol. 107, No. 2, pp. 255–287, 1991.
- [15] Nanako Shigesada and Kohkichi Kawasaki. Biological invasions: theory and practice. Oxford University Press, UK, 1997.
- [16] James D Murray. Mathematical Biology. II Spatial Models and Biomedical Applications {Interdisciplinary Applied Mathematics V. 18}. Springer-Verlag New York Incorporated, 2001.

- [17] Richard Durrett and Simon Levin. The importance of being discrete (and spatial). Theoretical population biology, Vol. 46, No. 3, pp. 363–394, 1994.
- [18] Hirotugu Matsuda, Naofumi Ogita, Akira Sasaki, and Kazunori Satō. Statistical mechanics of population: the lattice lotka-volterra model. Progress of theoretical Physics, Vol. 88, No. 6, pp. 1035–1049, 1992.
- [19] Kazunori Satō, Hirotugu Matsuda, and Akira Sasaki. Pathogen invasion and host extinction in lattice structured populations. Journal of mathematical biology, Vol. 32, No. 3, pp. 251–268, 1994.
- [20] Stephen P Ellner, Akira Sasaki, Yoshihiro Haraguchi, and Hirotugu Matsuda. Speed of invasion in lattice population models: pair-edge approximation. Journal of Mathematical Biology, Vol. 36, No. 5, pp. 469–484, 1998.
- [21] JAN Filipe and GJ Gibson. Studying and approximating spatio-temporal models for epidemic spread and control. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences, Vol. 353, No. 1378, pp. 2153–2162, 1998.
- [22] Yoh Iwasa. Lattice models and pair approximation in ecology. The geometry of ecological interactions: simplifying spatial complexity, 2000.
- [23] Kazunori Sato and Yoh Iwasa. Pair approximations for lattice-based ecological models. The geometry of ecological interactions: simplifying spatial complexity, pp. 341–358, 2000.
- [24] JAN Filipe and MM Maule. Analytical methods for predicting the behaviour of population models with general spatial interactions. Mathematical Biosciences, Vol. 183, No. 1, pp. 15–35, 2003.
- [25] Chris T Bauch. The spread of infectious diseases in spatially structured populations: an invasy pair approximation. Mathematical biosciences, Vol. 198, No. 2, pp. 217–237, 2005.
- [26] Benjamin M Bolker. Analytic models for the patchy spread of plant disease. Bulletin of mathematical biology, Vol. 61, No. 5, pp. 849–874, 1999.
- [27] David H Brown and Benjamin M Bolker. The effects of disease dispersal and host clustering on the epidemic threshold in plants. Bulletin of mathematical biology, Vol. 66, No. 2, pp. 341–371, 2004.
- [28] Paul E Parham, Brajendra K Singh, and Neil M Ferguson. Analytic approximation of spatial epidemic models of foot and mouth disease. Theoretical population biology, Vol. 73, No. 3, pp. 349–368, 2008.
- [29] MJ Keeling, DA Rand, and AJ Morris. Correlation models for childhood epidemics. Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences, Vol. 264, No. 1385, pp. 1149–1156, 1997.
- [30] Peter J Diggle. Statistical analysis of spatial and spatio-temporal point patterns. CRC Press, 2013.
- [31] Chiho Kaito, Ulf Dieckmann, Akira Sasaki, and Fugo Takasu. Beyond pairs: Definition and interpretation of third-order structure in spatial point patterns. Journal of theoretical biology, Vol. 372, pp. 22–38, 2015.

- [32] Donald E Aylor. Biophysical scaling and the passive dispersal of fungus spores: relationship to integrated pest management strategies. Agricultural and forest meteorology, Vol. 97, No. 4, pp. 275–292, 1999.
- [33] Paul McElhany, Leslie A Real, and Alison G Power. Vector preference and disease dynamics: a study of barley yellow dwarf virus. Ecology, Vol. 76, No. 2, pp. 444–457, 1995.
- [34] Sewall Wright. Isolation by distance under diverse systems of mating. Genetics, Vol. 31, No. 1, p. 39, 1946.
- [35] Daniel T Gillespie. A general method for numerically simulating the stochastic time evolution of coupled chemical reactions. Journal of computational physics, Vol. 22, No. 4, pp. 403–434, 1976.
- [36] Monica Goigel Turner. Landscape ecology: the effect of pattern on process. Annual review of ecology and systematics, Vol. 20, No. 1, pp. 171–197, 1989.
- [37] Simon A Levin. The problem of pattern and scale in ecology: the robert h. macarthur award lecture. Ecology, Vol. 73, No. 6, pp. 1943–1967, 1992.
- [38] MRT Dale and EA John. Neighbour diversity in lichen-dominated communities. Journal of Vegetation Science, Vol. 10, No. 4, pp. 571–578, 1999.
- [39] AM Liebhold and J Gurevitch. Integrating the statistical analysis of spatial data in ecology. Ecography, Vol. 25, No. 5, pp. 553–557, 2002.
- [40] Kieran J Sharkey. Deterministic epidemiological models at the individual level. Journal of Mathematical Biology, Vol. 57, No. 3, pp. 311–331, 2008.
- [41] Kieran J Sharkey. Deterministic epidemic models on contact networks: correlations and unbiological terms. Theoretical population biology, Vol. 79, No. 4, pp. 115–129, 2011.
- [42] Matthew J Keeling. The effects of local spatial structure on epidemiological invasions. Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences, Vol. 266, No. 1421, pp. 859–867, 1999.
- [43] Matt J Keeling. The implications of network structure for epidemic dynamics. Theoretical population biology, Vol. 67, No. 1, pp. 1–8, 2005.
- [44] Benjamin Bolker and Stephen W Pacala. Using moment equations to understand stochastically driven spatial pattern formation in ecological systems. Theoretical population biology, Vol. 52, No. 3, pp. 179–197, 1997.
- [45] Benjamin M Bolker and Stephen W Pacala. Spatial moment equations for plant competition: understanding spatial strategies and the advantages of short dispersal. The American Naturalist, Vol. 153, No. 6, pp. 575–602, 1999.
- [46] Richard Law, David J Murrell, and Ulf Dieckmann. Population growth in space and time: spatial logistic equations. Ecology, Vol. 84, No. 1, pp. 252–262, 2003.
- [47] David J Murrell, Ulf Dieckmann, and Richard Law. On moment closures for population dynamics in continuous space. Journal of Theoretical Biology, Vol. 229, No. 3, pp. 421–432, 2004.

- [48] Ulf Dieckmann and Richard Law. Relaxation projections and the method of moments. 1999.
- [49] Richard Law and Ulf Dieckmann. Moment approximations of individual-based models. 1999.
- [50] Mark EJ Newman. The structure and function of complex networks. SIAM review, Vol. 45, No. 2, pp. 167–256, 2003.
- [51] Jonathan M Read and Matt J Keeling. Disease evolution on networks: the role of contact structure. Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences, Vol. 270, No. 1516, pp. 699–708, 2003.
- [52] Matt J Keeling, Stephen P Brooks, and Christopher A Gilligan. Using conservation of pattern to estimate spatial parameters from a single snapshot. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, Vol. 101, No. 24, pp. 9155–9160, 2004.
- [53] Kieran J Sharkey and Robert R Wilkinson. Complete hierarchies of sir models on arbitrary networks with exact and approximate moment closure. Mathematical biosciences, Vol. 264, pp. 74–85, 2015.
- [54] Martin Ritchie, Luc Berthouze, Thomas House, and Istvan Z Kiss. Higher-order structure and epidemic dynamics in clustered networks. Journal of Theoretical Biology, Vol. 348, pp. 21–32, 2014.
- [55] Matt J Keeling and Bryan T Grenfell. Individual-based perspectives on r_0 . Journal of Theoretical Biology, Vol. 203, No. 1, pp. 51–61, 2000.
- [56] C.L. Campbell and L.V. Madden. Introduction to plant disease epidemiology. No. 1.
- [57] Edward N Gilbert. Random plane networks. Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics, Vol. 9, No. 4, pp. 533–543, 1961.
- [58] Peter Hall. On continuum percolation. The Annals of Probability, pp. 1250–1266, 1985.
- [59] Paul Balister, Amites Sarkar, and Béla Bollobás. Percolation, connectivity, coverage and colouring of random geometric graphs. Handbook of Large-Scale Random Networks, pp. 117–142, 2008.
- [60] Thomas House and Matt J Keeling. The impact of contact tracing in clustered populations. PLoS computational biology, Vol. 6, No. 3, p. e1000721, 2010.
- [61] Otso Ovaskainen and Stephen J Cornell. Space and stochasticity in population dynamics. Proceedings of the National Academy of Sciences, Vol. 103, No. 34, pp. 12781–12786, 2006.
- [62] Otso Ovaskainen, Dmitri Finkelshtein, Oleksandr Kutoviy, Stephen Cornell, Benjamin Bolker, and Yuri Kondratiev. A general mathematical framework for the analysis of spatiotemporal point processes. Theoretical ecology, Vol. 7, No. 1, pp. 101–113, 2014.
- [63] Minus Van Baalen. Contact networks and the evolution of virulence. Adaptive dynamics of infectious diseases: in pursuit of virulence management. Cambridge Univ. Press, Cambridge, UK, pp. 85–103, 2002.
- [64] N Ringa and CT Bauch. Dynamics and control of foot-and-mouth disease in endemic countries: A pair approximation model. Journal of theoretical biology, Vol. 357, pp. 150–159, 2014.

表 目 次

1	平均場近似の平衡解 $P_I > 0$ が唯一存在する条件	27
---	---	----

感染カーネル	$a > 0$	$a < 0$
ガウス	$1 - \sigma_I b \sqrt{\pi} > 0$	$\frac{\beta_0}{\gamma} (n-1) \left\{ 1 + a \exp \left[\frac{\sigma_I^2 b^2}{2} \right] (1 - \sigma_I b \sqrt{\pi}) \right\} > 1, 1 - \sigma_I b \sqrt{\pi} < 0$
指数	O. K.	$\frac{\beta_0}{\gamma} (n-1) \left\{ \frac{1}{2\pi\sigma_I} + \frac{a\beta_0}{4\pi b\sigma_I^2} (1 - \exp[-2b\sigma_I]) \right\} > 1$
ステップ	O. K.	$\frac{\beta_0}{\gamma} (n-1) \left\{ 1 + \frac{2a}{(\sqrt{2} + \sigma_I b)^2} \right\} > 1$

表 1: 平均場近似の平衡解 $P_I > 0$ が唯一存在する条件

目次

1	格子モデル： 5×5 の2次元格子空間上の各格子は0もしくは+のどちらかの状態をとり、各格子の状態は、隣接する格子の状態に依存して確率的に変化することを仮定する。SISモデルの場合、0が感受性状態、+が感染状態を表す。	32
2	ペア相関関数 $g(r) = 1 + a \exp[-br]$ に従う3つの点パターンの例：(a) CSR分布 ($a = 0$)、(b) 集中分布 ($a = 1, b = 80$)、(c) 過分散分布 ($a = -0.7, b = 80$)。Metropolis-Hasting Algorithm を用いて点パターンを生成した。点の総数 $n = 1000$ 。	33
3	図2に示した点パターンのペア相関関数。a) CSR分布 ($a = 0$)、(b) 集中分布 ($a = 1, b = 80$)、(c) 過分散分布 ($a = -0.7, b = 80$)。	34
4	点パターン上の感染：注目する S は周囲の I 個体から感染して I となる。 S 個体を青、 I 個体を赤で示す。	35
5	3つの感染カーネル $k(r)$ の関数型。黒色がガウス関数、青色がステップ関数、赤色が指数関数。	36
6	イベント（感染または回復）の決定方法。 $E = R \times U[0, 1]$ の値に応じてどの個体が感染または回復するかを決定する。ここで、 R は各個体の変化率の総和、 $U[0, 1]$ は0から1の一様乱数。	37
7	シングレットとペアの遷移図。シングレット i, j, k は円で示している（状態 S は青色、 I は赤色）。ペア $i-j$ は長方形で示す。シングレット i は I からの感染によって感染し、回復率 γ で回復する。感染・回復の遷移は点線の矢印で示されている。ペア $i-j$ が他の状態に遷移するには、ペアの S 点が感染によって I になり、 I である点は回復によって S になることが矢印で示されている。感染はペア間もしくは第3者である状態 I の点 k からの感染によって起こる。	38
8	CSR分布する点パターン ($g(r) = 1$) における S, I の時間発展の様子（左から $t = 0, 3, 10, 100$ ）を表している。青、赤の点はそれぞれ S, I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。	39
9	CSR分布する点パターン ($g(r) = 1$) における時間発展の様子（左から $t = 0, 3, 10, 100$ ）を表している。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 40	
10	CSR分布する点パターン ($g(r) = 1$) における時間発展の様子（左から $t = 0, 3, 10, 100$ ）を表している。感染カーネル $k(r)$ は指数関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 41	

- 11 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。1 次構造を表すグラフ a, c の青、赤色はそれぞれ S 、 I を表している。実線は $t = 0$ から $t = 100$ までのシミュレーションにおける個体群動態を表している。破線は力学モデルから導出されるシングレット確率から得られる期待値の平衡解から求まる個体数 ($n\langle P_S \rangle$ 、 $n\langle P_I \rangle$) を表す。グラフ b, d は 2 次構造から導出されるペア相関関数である。各点が S または I の状態であることから、算出される相対ペア相関関数は $g_{SS}(r)$ 、 $g_{SI}(r)(= g_{IS}(r))$ 、 $g_{II}(r)$ であり、それぞれ青、紫、赤色の線である。黒色は点パターンのペア相関関数 $g(r) (= g_{SS}(r) + g_{SI}(r) + g_{IS}(r) + g_{II}(r))$ である。実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果を用いて導出した相対ペア相関関数である。破線・点線は力学系モデルで得られる平衡状態のペア確率を用いて導出した相対ペア相関関数である。ただし、ペア確率の平衡解に含まれるシングレット確率の期待値がそれぞれ異なる。破線は力学モデルから導出される空間平均値 (P_I 、 P_S) を用いたもの、点線はシミュレーションの $t = 100$ における個体数から得られるものを用いている。b) は $\sigma_I = 0.01$ 、d) は $\sigma_I = 0.02$ である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 42
- 12 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。他は同上。 43
- 13 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。他は同上。 44
- 14 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における S 、 I の時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。青、赤の点はそれぞれ S 、 I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 45
- 15 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 46
- 16 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ は指数関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 47
- 17 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 48
- 18 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 49

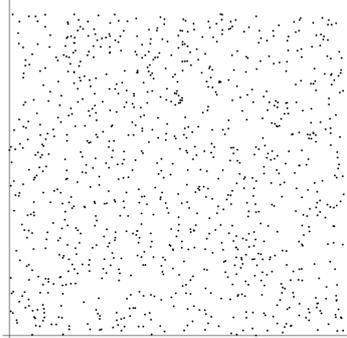
- 19 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 50
- 20 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における S 、 I の時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。青、赤の点はそれぞれ S 、 I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 51
- 21 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。 52
- 22 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における時間変化。感染カーネル $k(r)$ はそれぞれガウス関数 (a, b)、指数関数 (c, d)、ステップ関数 (e, f) に従っている。左から $t = 0, 3, 10, 100$ の点パターンを可視化した。 S は青色の点で I は赤色で表している。感染有効範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a), c), e) は $\sigma_I = 0.01$ 、b), d), f) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ とした。 53
- 23 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 54
- 24 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 55
- 25 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。 56
- 26 総感染力 β_0 と平衡状態のシングレット確率の空間平均 P_I の関係。点をつないだ実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果から得られる I の比率である。点線は力学モデルから解析的に導出されるシングレット確率の空間平均 $\langle P_I \rangle$ である。上から、CSR 分布 (a, b)、集中分布 ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) (c, d)、過分散分布 ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) (e, f) の点パターン場合について調べている。感染カーネルが、ガウス関数、ステップ関数、指数関数に従う場合それぞれ黒、青、赤色である。左側のグラフ (a, c, e) は感染距離 $\sigma_I = 0.01$ の場合、右側のグラフ (b, d, f) は $\sigma_I = 0.02$ の場合である。総個体数 $n = 1000$ 、回復率 $\gamma = 1$ 。 57

- 27 感染距離 σ_I (0.001 ~ 0.025) と平衡状態における 1 次構造 P_I の関係。点をつないだ実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果から得られる I の比率である。点線は力学モデルから導出されるシングレット確率の期待値 $\langle P_I \rangle$ である。上から、CSR 分布 (a)、集中分布 ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$)(b)、過分散分布 ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$)(c) の点パターン場合について調べている。感染カーネルが、ガウス関数、ステップ関数、指数関数に従う場合それぞれ黒、青、赤色である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ 。 58

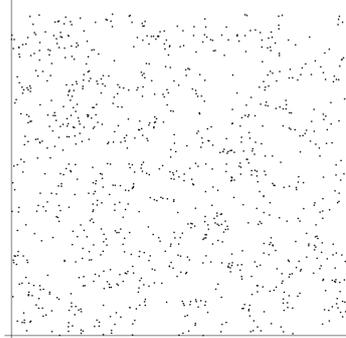
0	0	0	0	0
0	+	+	0	0
0	+	0	0	0
0	0	+	0	0
0	0	0	0	0

図 1: 格子モデル: 5×5 の 2次元格子空間上の各格子は 0 もしくは + のどちらかの状態をとり、各格子の状態は、隣接する格子の状態に依存して確率的に変化することを仮定する。SIS モデルの場合、0 が感受性状態、+ が感染状態を表す。

(a)CSR



(b)Clumped



(c)Over-dispersed

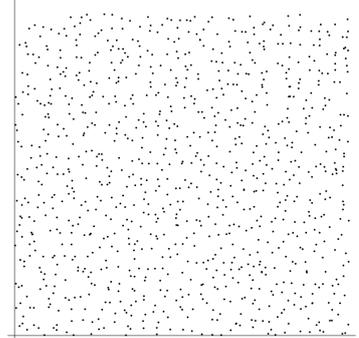


図 2: ペア相関関数 $g(r) = 1 + a\exp[-br]$ に従う 3 つの点パターンの例 : (a) CSR 分布 ($a = 0$)、(b) 集中分布 ($a = 1, b = 80$)、(c) 過分散分布 ($a = -0.7, b = 80$)。Metropolis-Hasting Algorithm を用いて点パターンを生成した。点の総数 $n = 1000$ 。

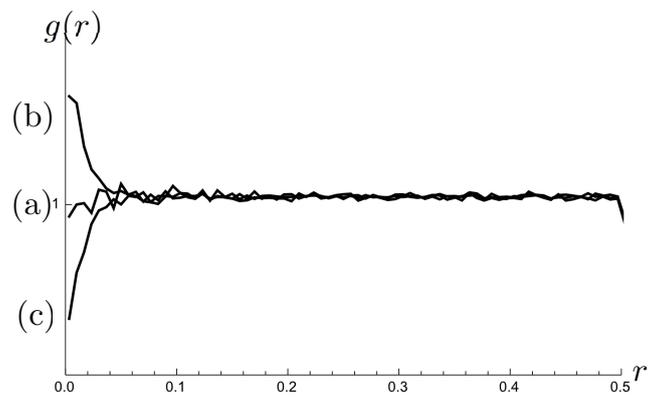


図 3: 図 2 に示した点パターンへのペア相関関数。a) CSR 分布 ($a = 0$)、(b) 集中分布 ($a = 1, b = 80$)、(c) 過分散分布 ($a = -0.7, b = 80$)。

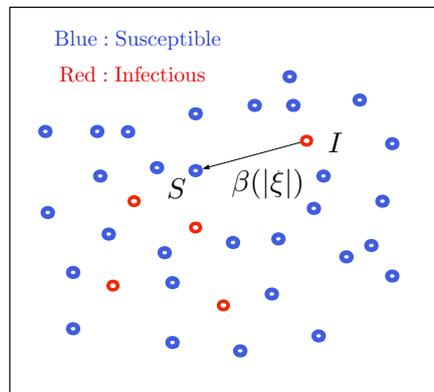


図 4: 点パターン上の感染：注目する S は周囲の I 個体から感染して I となる。 S 個体を青、 I 個体を赤で示す。

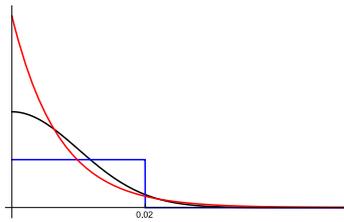


図 5: 3つの感染カーネル $k(r)$ の関数型。黒色がガウス関数、青色がステップ関数、赤色が指数関数。

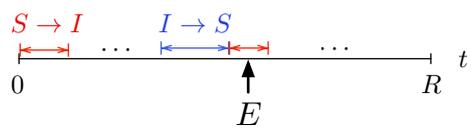


図 6: イベント（感染または回復）の決定方法。 $E = R \times U[0,1)$ の値に応じてどの個体が感染または回復するかを決定する。ここで、 R は各個体の変化率の総和、 $U[0,1)$ は 0 から 1 の一様乱数。

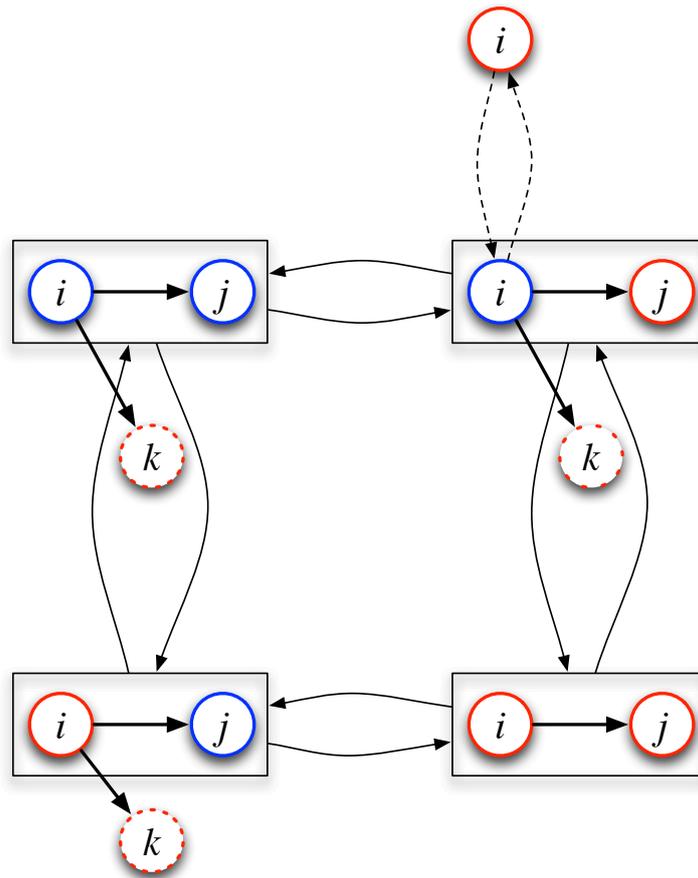


図 7: シングレットとペアの遷移図。シングレット i, j, k は円で示している (状態 S は青色、 I は赤色)。ペア $i-j$ は長方形で示す。シングレット i は I からの感染によって感染し、回復率 γ で回復する。感染・回復の遷移は点線の矢印で示されている。ペア $i-j$ が他の状態に遷移するには、ペアの S 点が感染によって I になり、 I である点は回復によって S になることが矢印で示されている。感染はペア間もしくは第 3 者である状態 I の点 k からの感染によって起こる。

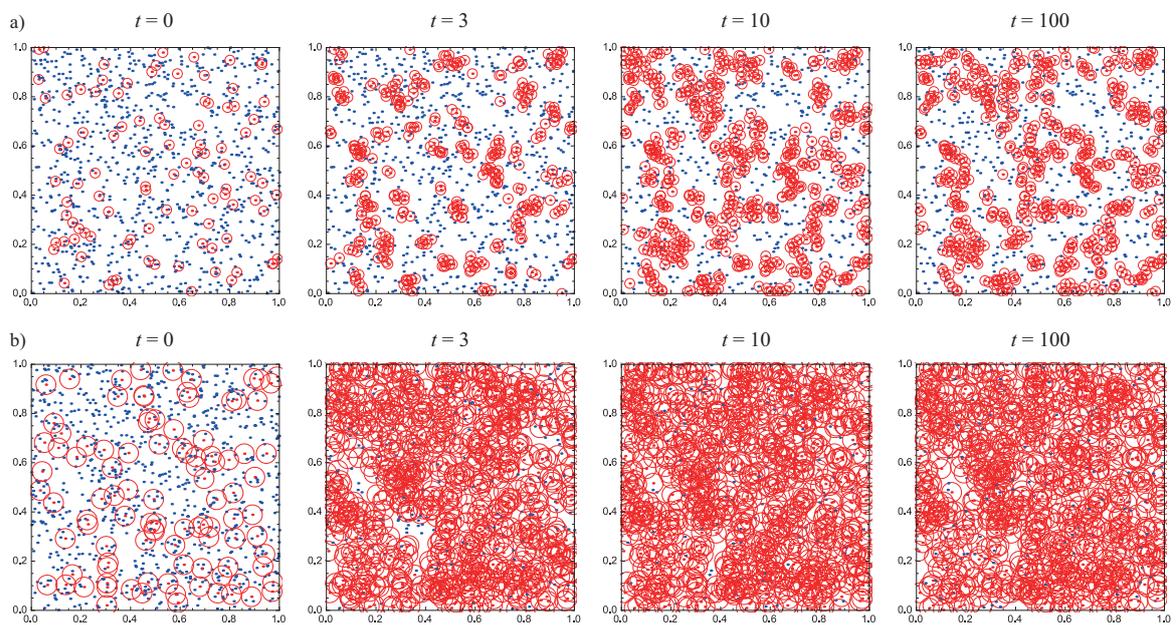


図 8: CSR 分布する点パターン ($g(r) = 1$) における S 、 I の時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$) を表している。青、赤の点はそれぞれ S 、 I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

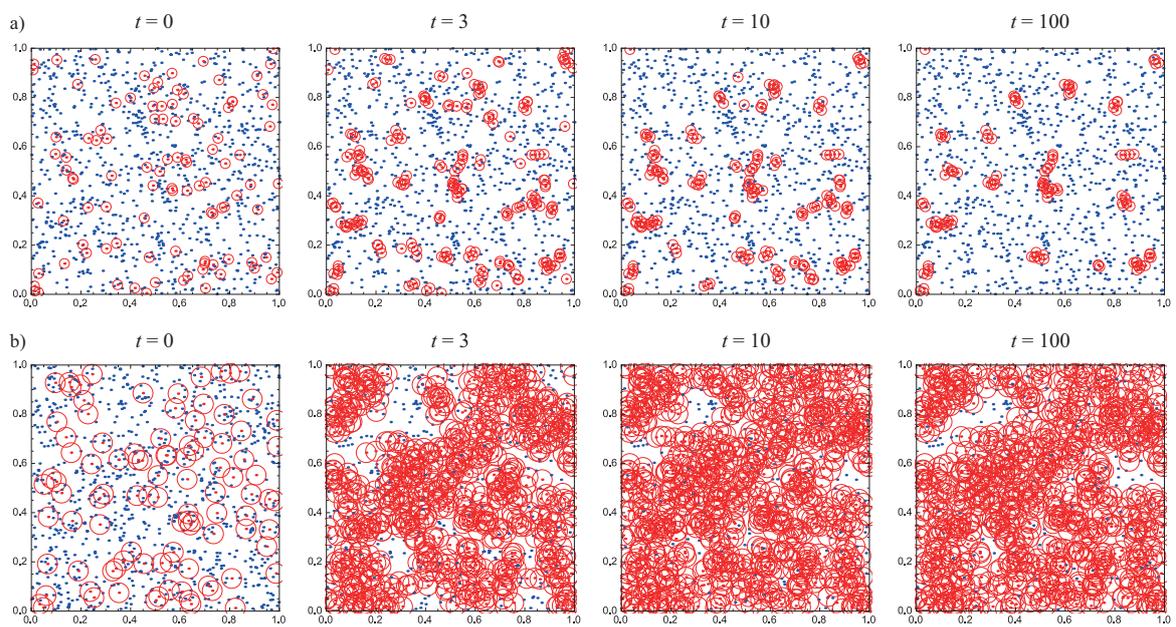


図 9: CSR 分布する点パターン ($g(r) = 1$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$) を表している。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。 a) は $\sigma_I = 0.01$ 、 b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

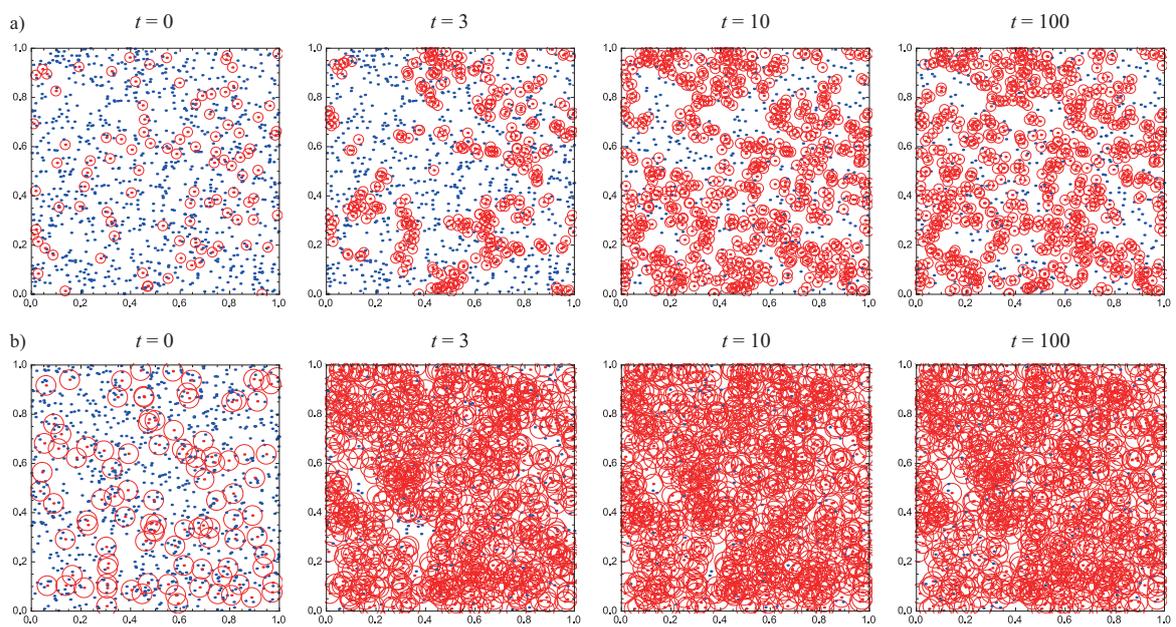


図 10: CSR 分布する点パターン ($g(r) = 1$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$) を表している。感染カーネル $k(r)$ は指数関数。S は青色の点で I は赤色で表している。I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

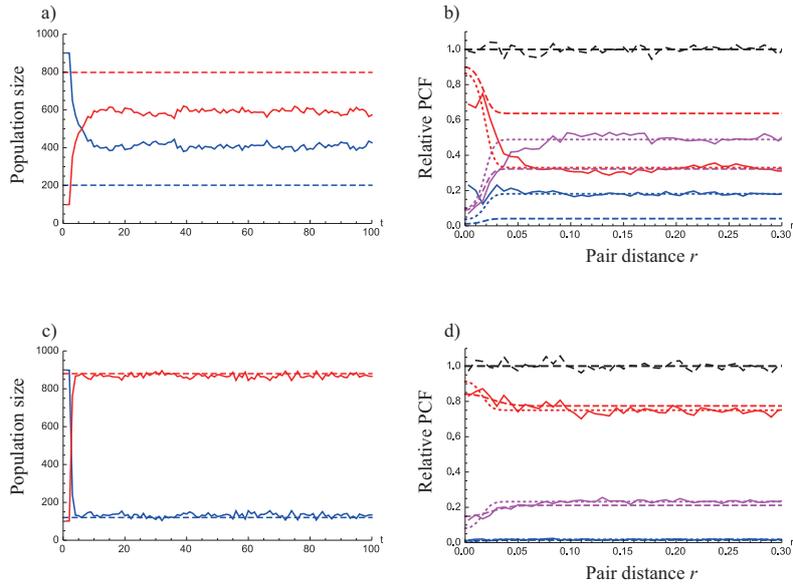


図 11: 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。1 次構造を表すグラフ a, c の青、赤色はそれぞれ S 、 I を表している。実線は $t = 0$ から $t = 100$ までのシミュレーションにおける個体群動態を表している。破線は力学モデルから導出されるシングレット確率から得られる期待値の平衡解から求まる個体数 ($n\langle P_S \rangle$ 、 $n\langle P_I \rangle$) を表す。グラフ b, d は 2 次構造から導出されるペア相関関数である。各点が S または I の状態であることから、算出される相対ペア相関関数は $g_{SS}(r)$ 、 $g_{SI}(r)(=g_{IS}(r))$ 、 $g_{II}(r)$ であり、それぞれ青、紫、赤色の線である。黒色は点パターンのペア相関関数 $g(r) (=g_{SS}(r) + g_{SI}(r) + g_{IS}(r) + g_{II}(r))$ である。実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果を用いて導出した相対ペア相関関数である。破線・点線は力学系モデルで得られる平衡状態のペア確率を用いて導出した相対ペア相関関数である。ただし、ペア確率の平衡解に含まれるシングレット確率の期待値がそれぞれ異なる。破線は力学モデルから導出される空間平均値 (P_I 、 P_S) を用いたもの、点線はシミュレーションの $t = 100$ における個体数から得られるものを用いている。b) は $\sigma_I = 0.01$ 、d) は $\sigma_I = 0.02$ である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

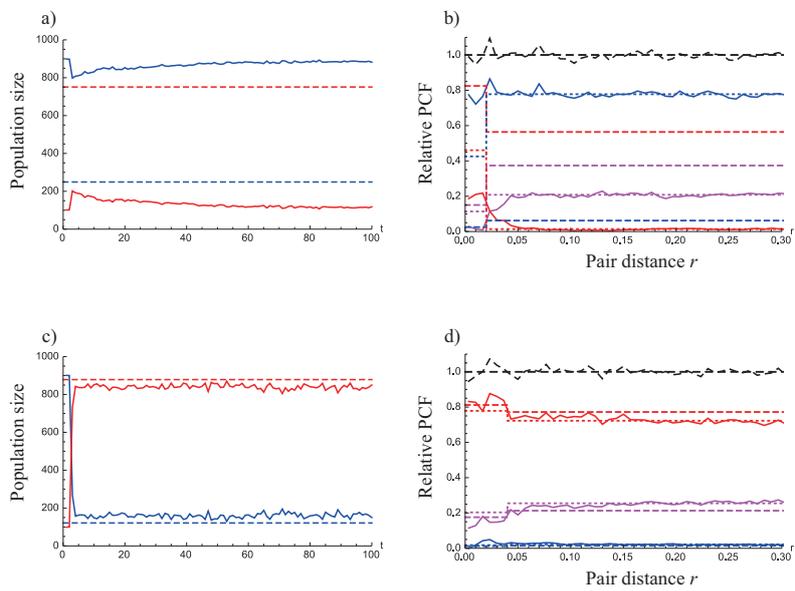


図 12: 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。他は同上。

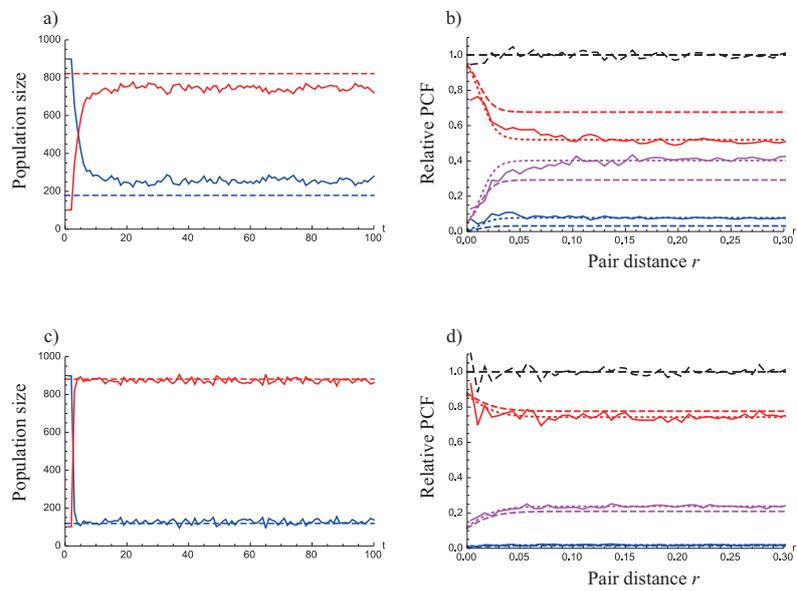


図 13: 点パターンが CSR 分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1$ で与えられる場合) の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。他は同上。

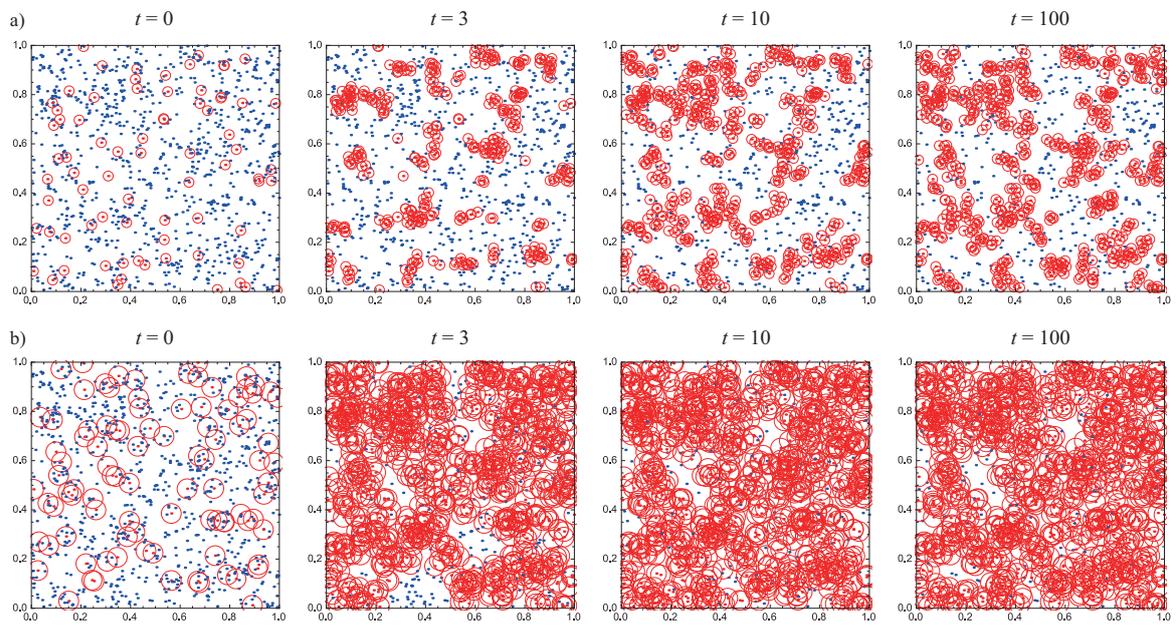


図 14: 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における S 、 I の時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。青、赤の点はそれぞれ S 、 I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

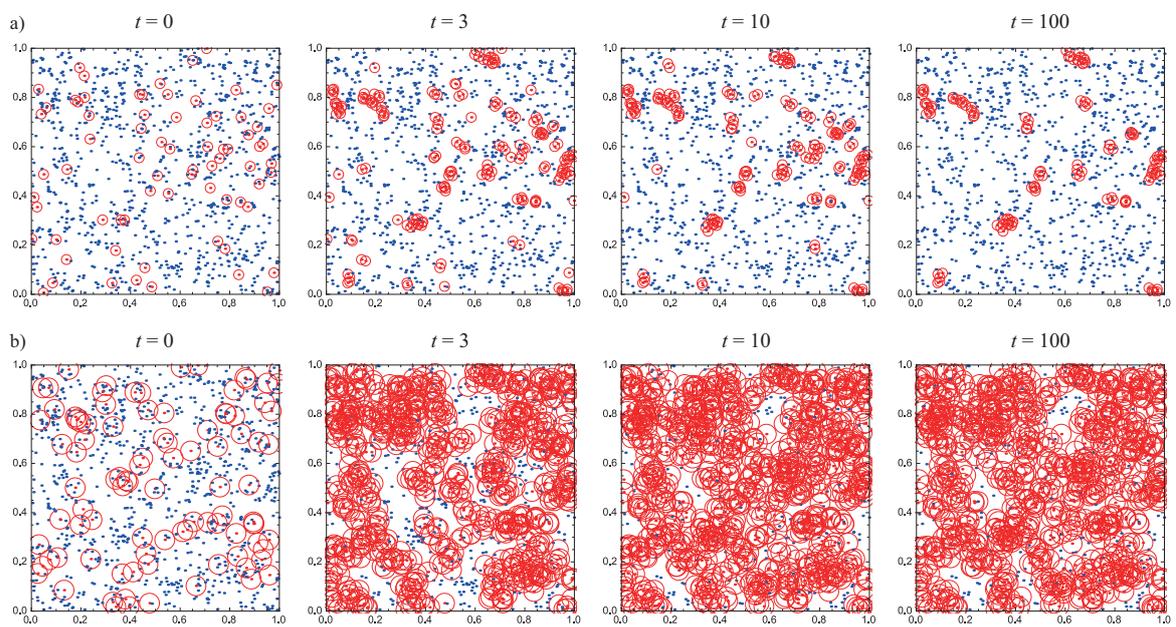


図 15: 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。 a) は $\sigma_I = 0.01$ 、 b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。 総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

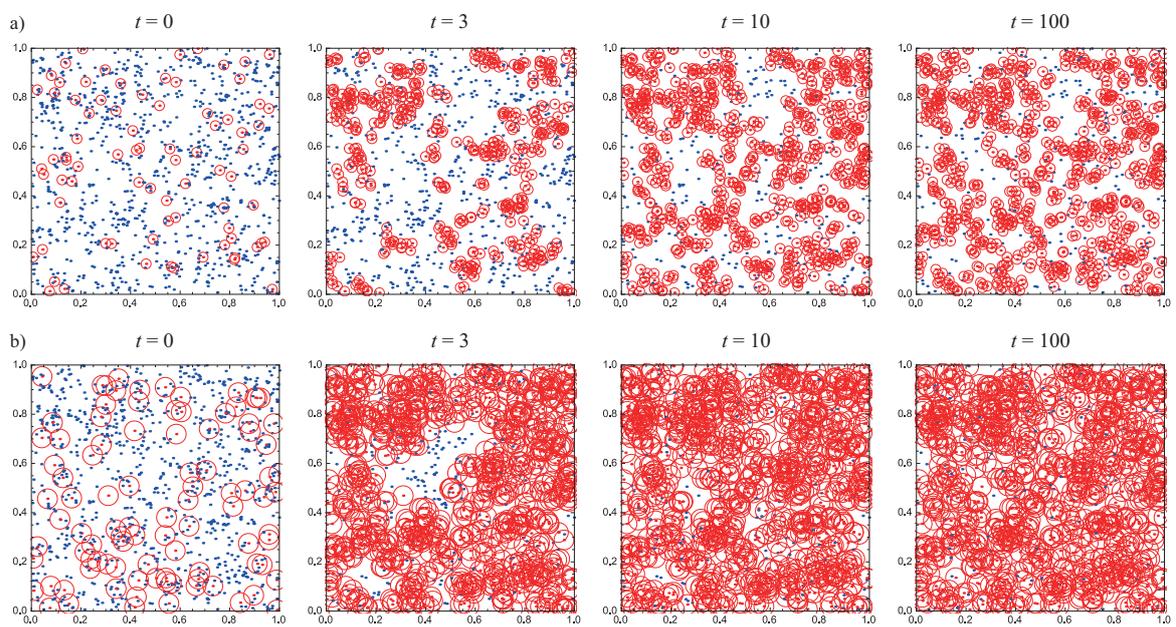


図 16: 集中分布する点パターン ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ は指数関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

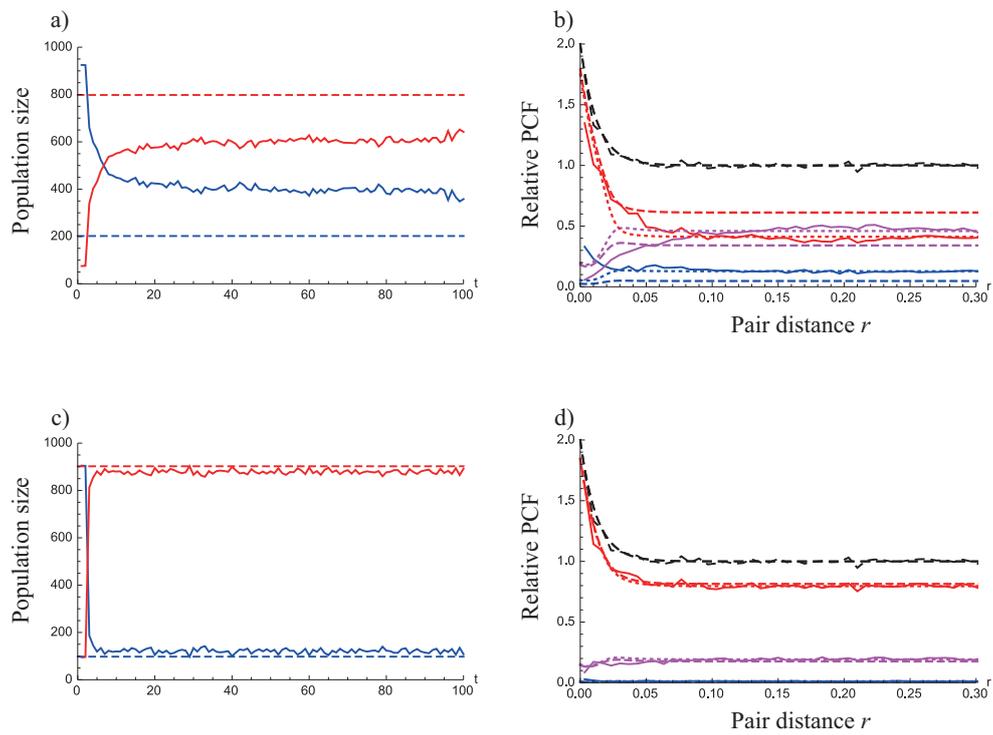


図 17: 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。

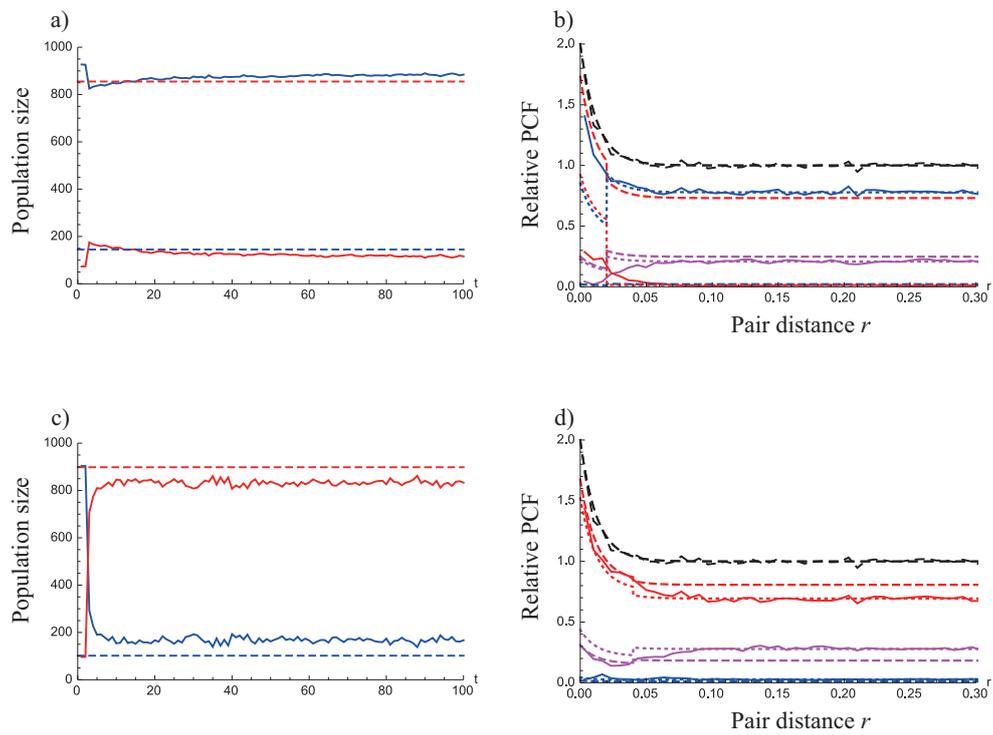


図 18: 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$.

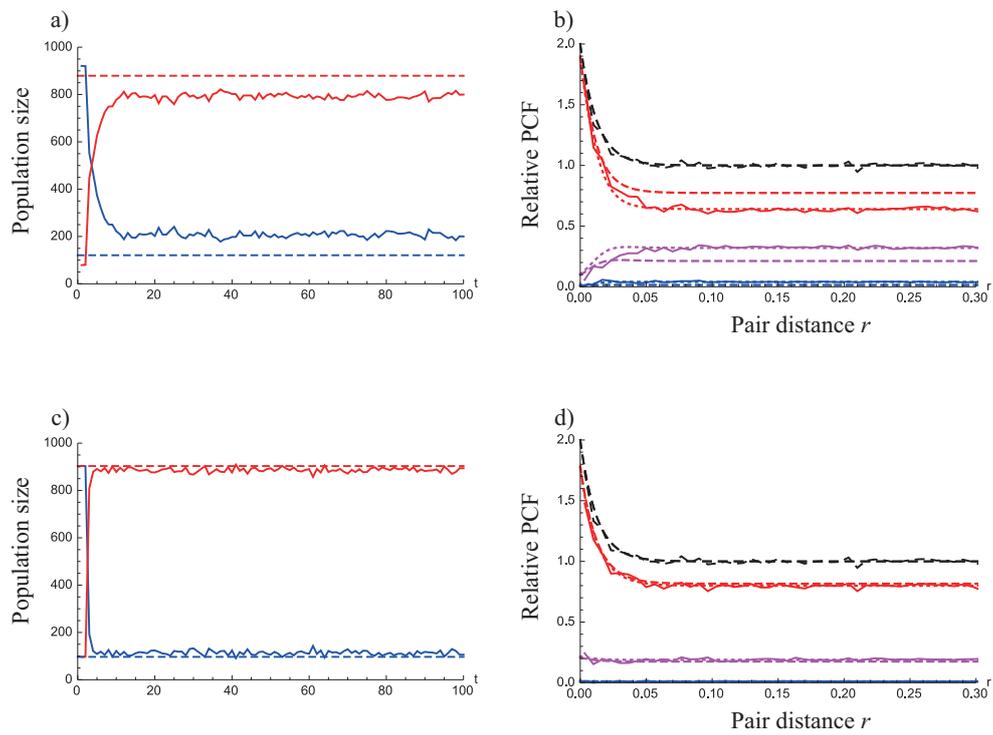


図 19: 点パターンが集中分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 + \exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。

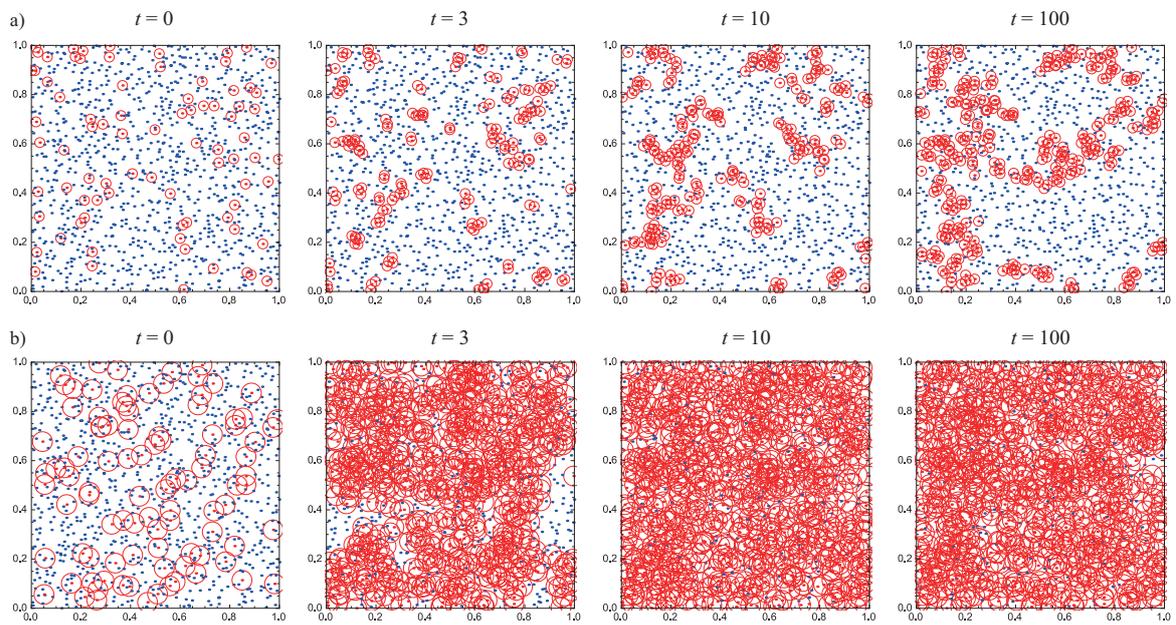


図 20: 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における S 、 I の時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。青、赤の点はそれぞれ S 、 I を表している。感染カーネル $k(r)$ はガウス関数。感染は I を起点とした等方向の範囲に及び、有効感染範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

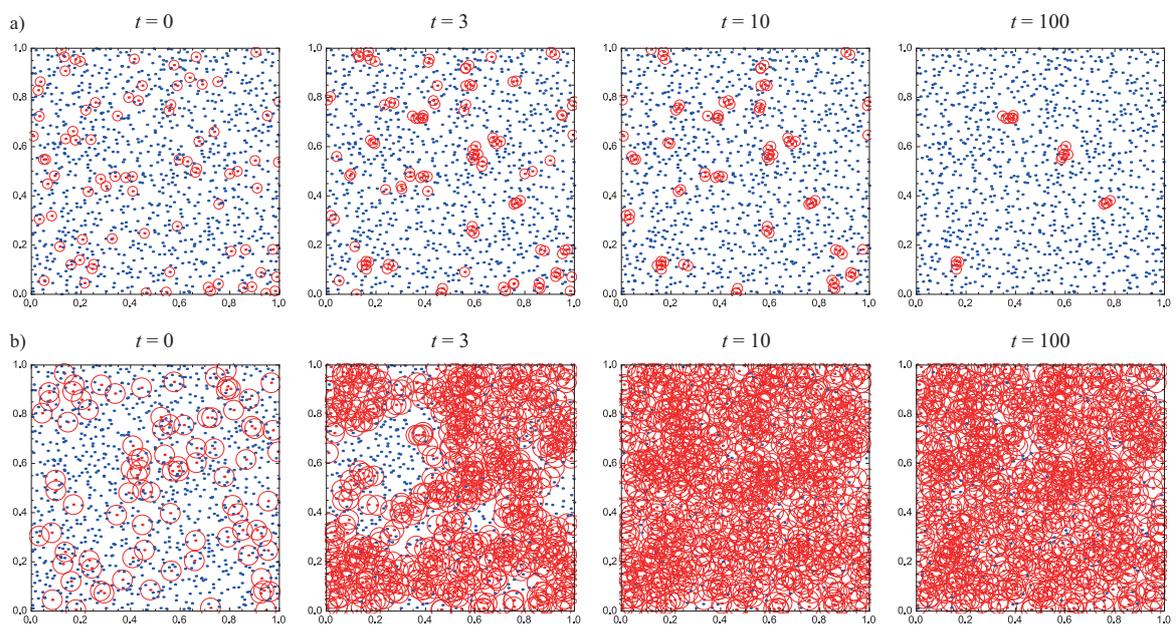


図 21: 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における時間発展の様子 (左から $t = 0, 3, 10, 100$)。感染カーネル $k(r)$ はステップ関数。 S は青色の点で I は赤色で表している。 I を囲む半径 $2\sigma_I$ の赤い円内が感染有効範囲 A である。a) は $\sigma_I = 0.01$ 、b) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ である。

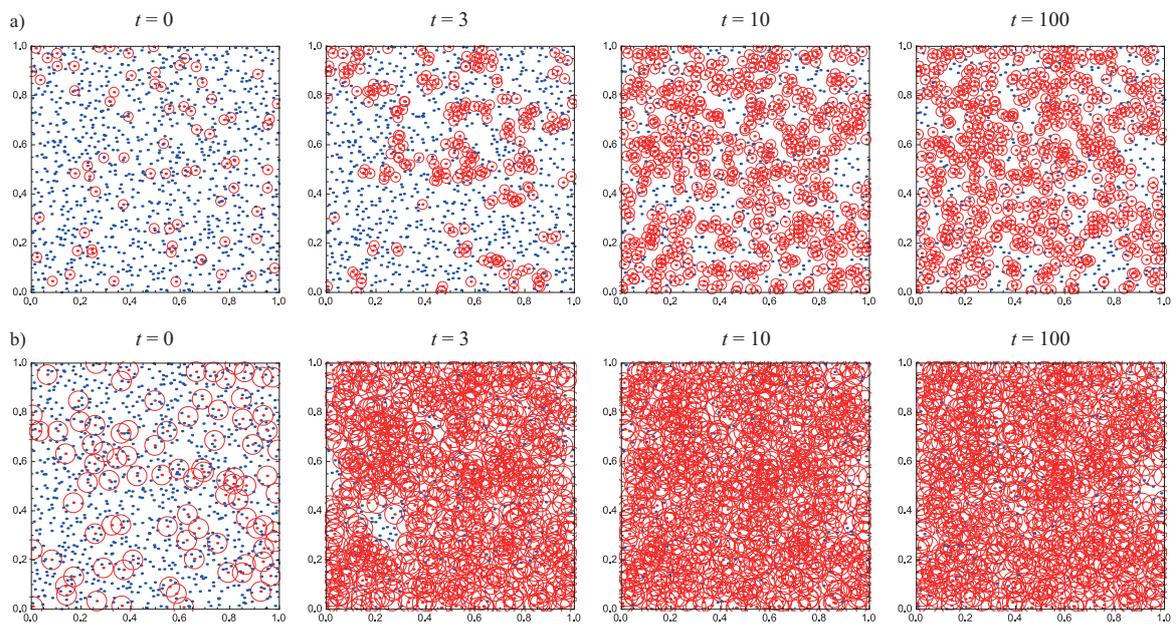


図 22: 過分散分布する点パターン ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) における時間変化。感染カーネル $k(r)$ はそれぞれガウス関数 (a、b)、指数関数 (c、d)、ステップ関数 (e、f) に従っている。左から $t = 0, 3, 10, 100$ の点パターンを可視化した。S は青色の点で I は赤色で表している。感染有効範囲 A は半径 $2\sigma_I$ の赤い円内である。a),c),e) は $\sigma_I = 0.01$ 、b)d)f) は $\sigma_I = 0.02$ の時である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ とした。

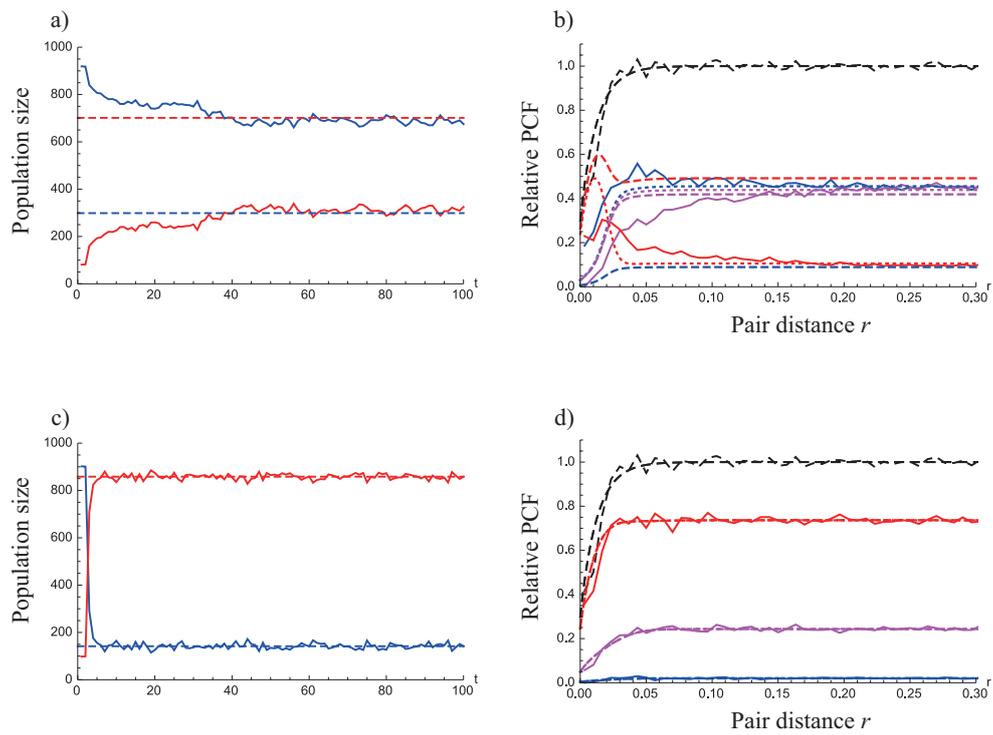


図 23: 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がガウス関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。

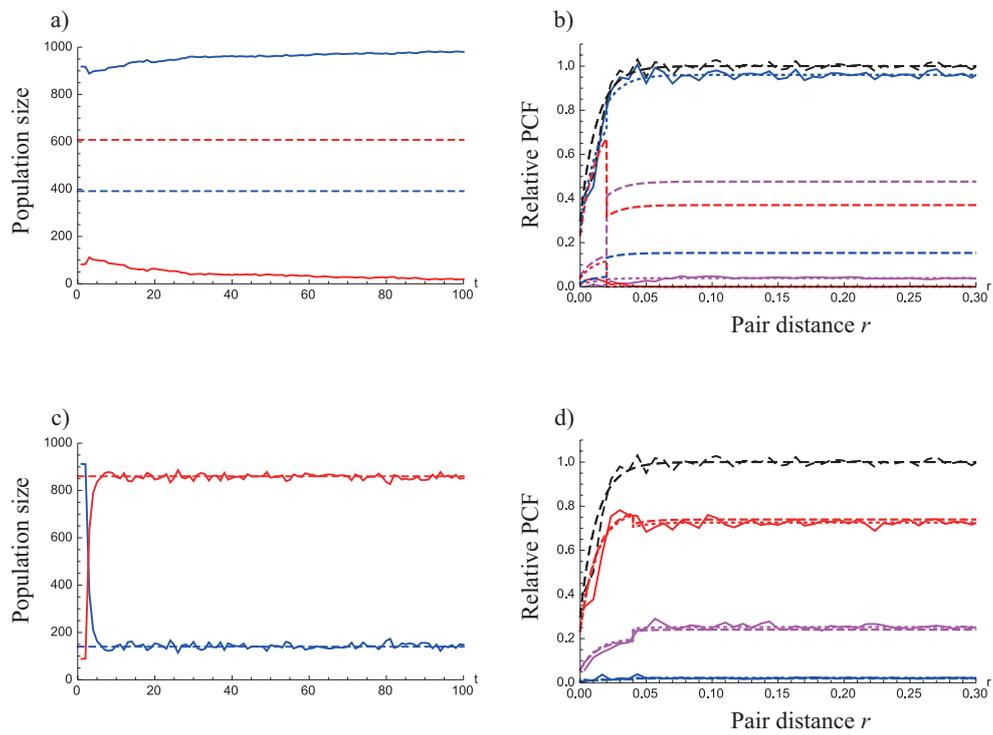


図 24: 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ がステップ関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。

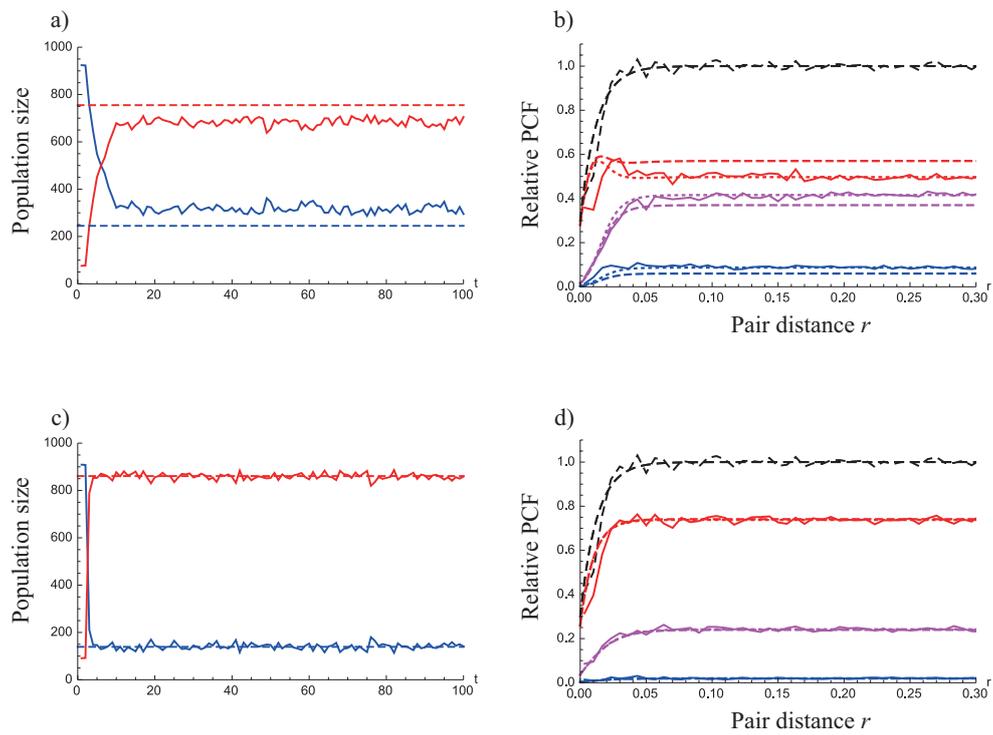


図 25: 点パターンが過分散分布する場合 (ペア相関関数が $g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) で与えられる場合の 1 次構造 (個体数) の動態と、平衡状態における 2 次構造 (相対ペア確率)。感染カーネル $k(r)$ が指数関数に従う場合。a), b) は $\sigma_I = 0.01$ 、c), d) は $\sigma_I = 0.02$ 。

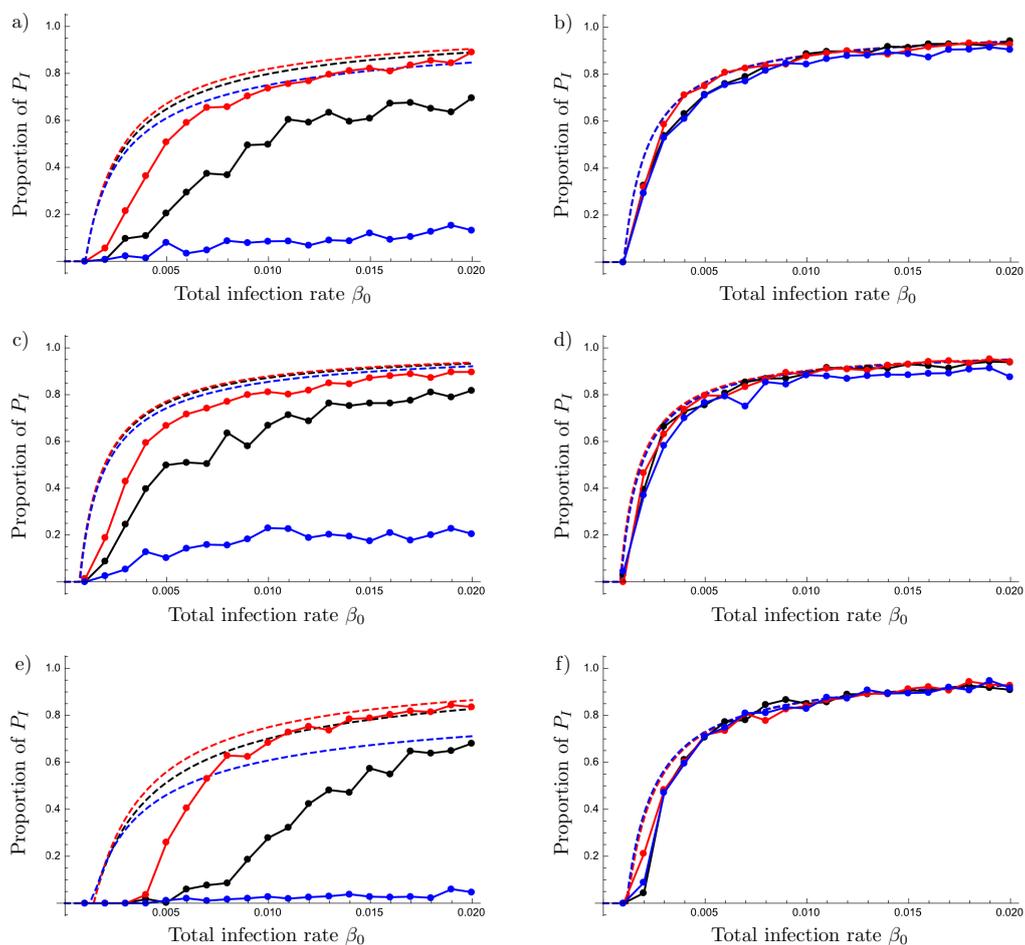


図 26: 総感染力 β_0 と平衡状態のシングレット確率の空間平均 P_I の関係。点をつないだ実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果から得られる I の比率である。点線は力学モデルから解析的に導出されるシングレット確率の空間平均 $\langle P_I \rangle$ である。上から、CSR 分布 (a, b)、集中分布 ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) (c, d)、過分散分布 ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) (e, f) の点パターン場合について調べている。感染カーネルが、ガウス関数、ステップ関数、指数関数に従う場合それぞれ黒、青、赤色である。左側のグラフ (a, c, e) は感染距離 $\sigma_I = 0.01$ の場合、右側のグラフ (b, d, f) は $\sigma_I = 0.02$ の場合である。総個体数 $n = 1000$ 、回復率 $\gamma = 1$ 。

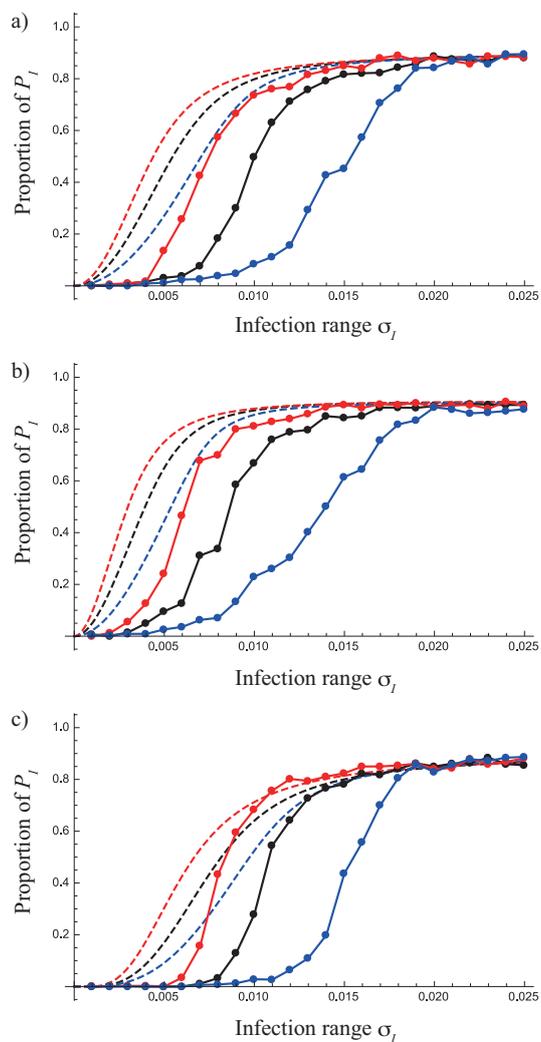


図 27: 感染距離 σ_I (0.001 ~ 0.025) と平衡状態における 1 次構造 P_I の関係。点をつないだ実線は $t = 100$ でのシミュレーション結果から得られる I の比率である。点線は力学モデルから導出されるシングレット確率の期待値 $\langle P_I \rangle$ である。上から、CSR 分布 (a)、集中分布 ($g(r) = 1 + \exp[-80r]$) (b)、過分散分布 ($g(r) = 1 - 0.7\exp[-80r]$) (c) の点パターン場合について調べている。感染カーネルが、ガウス関数、ステップ関数、指数関数に従う場合それぞれ黒、青、赤色である。総個体数 $n = 1000$ 、総感染力 $\beta_0 = 0.01$ 、回復率 $\gamma = 1$ 。