

# 感染症流行予測における シミュレーションパラメータの影響分析

湯浅 友幸<sup>†1</sup> 白山 晋<sup>†1</sup>

感染症伝播に対してネットワーク構造が与える影響のシミュレーションによる分析例は多い。しかし、ネットワークの統計的指標と伝播体系との詳細な関連性は従来の理論分析や定性的分析からはいまだ分かっていない。これは膨大なパラメータ数を有するシミュレーション結果の分析手法が確立されていないためである。本稿では、多数のパラメータ設定のもとで感染症流行シミュレーションを行い、その影響をデータマイニングにより明らかにする新たな手法を提案する。

## Influence of Simulation Parameters on Prediction of Epidemic Outbreaks

TOMOYUKI YUASA<sup>†1</sup> and SUSUMU SHIRAYAMA<sup>†1</sup>

Influence of network structure on epidemic propagation has been widely studied. Theoretical and numerical works revealed some relations between the characteristics of the propagation and statistical properties of networks. However, the details remain veiled. The main reason is the lack of methodology to analyze the simulation results from numerous parametric studies. In this paper, a set of simulated epidemic outbreaks obtained from various parameters is analyzed by a new methodology based on systematical data mining operation.

### 1. はじめに

感染症の伝播現象を、背後に存在する人間の接触関係のネットワークに基づき解明しよ

うとする試みが広くなされている<sup>1)</sup>。こうした研究の多くでは、理論分析、あるいはネットワークモデルによって生成されたネットワーク上でのシミュレーションによって、ネットワークの統計的指標と伝播の関係を調べている。結果として単一の統計的指標がシミュレーションに対して及ぼす影響についての理解は深められてきたが、複数の統計的指標が伝播体系に及ぼす影響は詳しく調べられていない。これは理論分析においては複数の統計的指標の変動を加味した問題の定式化が困難なためである。また、シミュレーションでは、一つのネットワークモデルで変動できる統計的指標が限定されるためである（複数のモデルを用いる場合はモデル間での統計的指標の関係が不明確な点が問題になる）。

このため、複数の統計的指標と伝播動向との関係を知るためには、複数の統計的指標を同時に制御できるネットワークモデルを用い、多様なネットワーク上でのシミュレーション結果を比較し、分析する必要がある。伝播の特性量を被説明変数とし、統計的指標を説明変数とする場合、一組の被説明変数と説明変数を求めるためのシミュレーション計算を一つの試行とすると、多くの試行が必要になる。さらに、確率過程を含むために試行数は多くなり、膨大なデータを系統的に分析する方法が必要になる。しかしながら、重回帰分析を用いる方法<sup>2)</sup>などを除き、例は少なく分析手法は確立されていない。

本稿では、著者らが提案した複数の統計的指標が制御できるネットワークモデル<sup>3)</sup>を用いてネットワークを生成し、感染症伝播のシミュレーションを行う。また、系統的にデータマイニングを用いてシミュレーションパラメータと結果の関連性を抽出するという分析手法を提案する。そして、この提案手法を用いて、伝播の特性量と、ネットワークの複数の統計的指標や感染症伝播モデルに対するパラメータとの関連性を明らかにする。

### 2. 提案手法

#### 2.1 感染症伝播シミュレーション

本稿では多様なネットワーク構造を実現するために Newman らのコンフィギュレーションモデル<sup>4)</sup>を改良した手法を用いる。モデルの詳細については文献<sup>3)</sup>を参照されたい。このモデルでは、いくつかの生成ルール  $ru$ 、ルールに含まれるパラメータ群  $p^{ru}$ 、総ノード数  $N$  がパラメータになる。生成ルール  $ru$  を陽に表すことはできないが、制御方法が改良されたコンフィギュレーションモデルに基づくことから、 $ru$  は固定される。また、次数分散の制御パラメータ  $\gamma$ 、次数相関の制御パラメータ  $a$ 、クラスター係数の制御パラメータ  $p$  の三つのパラメータを用いる。ネットワーク生成のパラメータ空間を改めて  $(\gamma, a, p, N)$  とする。なお、本稿では、生成されるネットワークはすべて無向、重みなしの単純グラフとする。

<sup>†1</sup> 東京大学大学院工学系研究科  
School of Engineering, the University of Tokyo

次に、ネットワークの構造的な特徴を表す量として統計的指標を用い、中でも平均頂点間距離、クラスター係数、次数相関、次数分散に注目する。平均頂点間距離は一般的な定義のものを用いる。クラスター係数は、Wattsらの提案したもの<sup>5)</sup>を用いる。次数相関は、Newmanの提案した Assortativity<sup>6)</sup>を用いる。次数分散の指標として、Zimmermannらの提案した標準化次数分散<sup>7)</sup>を用いる。それぞれ、 $L, C, r, \sigma_n^2$ と表記する。ネットワーク生成のパラメータ空間 $(\gamma, a, p, N)$ から統計的指標の組 $(L, C, r, \sigma_n^2)$ が算出されることになる。

伝播モデルに関わるパラメータ群を $p^{ep}$ 、数値計算に関わるパラメータ群を $p^{ns}$ とし、生成されたネットワーク上で感染症伝播シミュレーションを行う。感染症伝播のモデルとしてネットワーク上で以下の SIR モデルを扱う。

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda IS, \quad \frac{dI}{dt} = \lambda IS - \mu I, \quad \frac{dR}{dt} = \mu I \quad (1)$$

ここで、 $S(t), I(t), R(t)$  は時刻  $t$  における感受性人口、感染人口、隔離人口の割合、 $\lambda$  は感染率、 $\mu$  は治癒率である。ネットワーク上のモデルは、ノードに対して  $S, I, R$  の 3 状態を付与し、各ノードが周囲のノードの状態に依存して状態遷移を行っていくものになる<sup>3)</sup>。本稿では、 $p^{ep}$  は、 $p^{ep} = (\lambda, \mu)$ 、 $p^{ns}$  は、 $p^{ns} = (dt)$  とする。また、分析対象となるいくつかの特性量を総感染者数  $R_\infty$  と感染収束時間  $T$  とする。これらを  $dv = (R_\infty, T)$  で示す。

ネットワークは、 $(ru, p^{ru}, N)$  を変化させて  $K$  種類のを生成する。各々のネットワークにおいて、 $p^{ep}$  と  $p^{ns}$  を変化させて、それぞれのパラメータに対して  $J$  回の試行を行う。ネットワークモデルは確率過程を含むため、同一の  $(ru, p^{ru}, N)$  であっても同じネットワークが生成されるとは限らない。統計的指標の値はほぼ同じものになるが、試行毎に  $(L, C, r, \sigma_n^2)$  を算出する。また、試行毎に伝播の特性量  $dv$  を求める。ただし、本稿では統計的指標については特性量を求めるシミュレーションとは別に統計的指標の算出のみを行った。

次節では、本稿で提案するデータ分析の手法について詳述する。

## 2.2 データ分析手法

分析対象となるいくつかの特性量  $dv$  を被説明変数とし、 $(L, C, r, \sigma_n^2)$ 、 $p^{ep}$ 、 $p^{ns}$  を説明変数として、系統的にデータマイニングを行う。これにより、ネットワーク上の感染症伝播とネットワークの生成パラメータと対応する各統計的指標との関係性を調べる。

以下に本稿で提案するデータマイニングによるシミュレーションデータの分析手法を示す。

### 2.2.1 重回帰分析

はじめに、シミュレーションのパラメータと結果の間に線形の関係があると仮定し、重回

帰分析を行う。このとき、被説明変数を  $(R_\infty, T)$ 、説明変数を  $(L, C, r, \sigma_n^2)$  と感染率  $\lambda$  とする。ネットワークと感染率の組み合わせを教師用データと検証用データに二分し、教師用データから予測器を形成する。予測器の形成後に検証用データの説明変数からその被説明変数を予測させ、予測器の精度を確かめる。予測器の精度が高ければ重回帰分析から導出された関数の係数に基づき、パラメータとシミュレーション結果の関係性を評価する。

### 2.2.2 ニューラルネットワークによる分析

重回帰分析の予測精度が低く、線形の見出せなければ、非線形関係を仮定する。本稿では、被説明変数と説明変数の間の非線形関係を導出するデータマイニングの手法としてニューラルネットワークを用いる。

重回帰分析と同様にネットワークと感染率の組み合わせを教師用データと検証用データに二分し、教師用データから被説明変数を  $(R_\infty, T)$ 、説明変数を  $(L, C, r, \sigma_n^2)$  と感染率  $\lambda$  とした予測器を形成する。予測器の形成後に重回帰分析と同様に検証用データの予測を行う。予測器の精度が高ければ、被説明変数と説明変数の間に非線形関係があるといえるが、ニューラルネットワークでは陽に関係が表せる場合は限定される。このため、説明変数が被説明変数に与える影響度の比較をすることは困難である。

そこで、説明変数として用いる統計的指標の種類を変え、それぞれの予測精度を比較することで各指標がどの程度現象に影響を及ぼしているかを検討する。この時、予測精度の指標として検証用データの実測値と予測値の二乗誤差の和を用い、説明変数として用いられなかった際に予測器の精度が下がった統計的指標ほど影響度が大きいと考える。本稿では、中間層を 1 層とし、ユニット数を 1 から 10 まで与え、それぞれ 20 回ずつ学習させた中で最も優秀なものを使用する予測器とした。

### 2.2.3 自己組織化マップによる分析

前項で述べたニューラルネットワークを用いる方法では説明変数と被説明変数の間に非線形関係があること、また、どの説明変数の影響度が大きいかを検証することができる。しかし、各説明変数が被説明変数に対してどのような形で影響を与えるかを知らることができない。そこで、自己組織化マップ (SOM) に基づく説明変数と被説明変数の関係抽出法を提案する。

はじめに、各ネットワークをすべての感染率  $\lambda$  に対する  $R_\infty, T$  に基づき SOM により  $M$  種類にカテゴリ分けする。次に、 $(L, C, r, \sigma_n^2)$  を説明変数として、決定木によって、このカテゴリの分類条件を導出する。そして、各カテゴリのネットワークにおける  $R_\infty, T$  の  $\lambda$  に対する平均的傾向とカテゴリ分類の条件を照らし合わせることで  $(L, C, r, \sigma_n^2)$  と  $R_\infty, T$  の

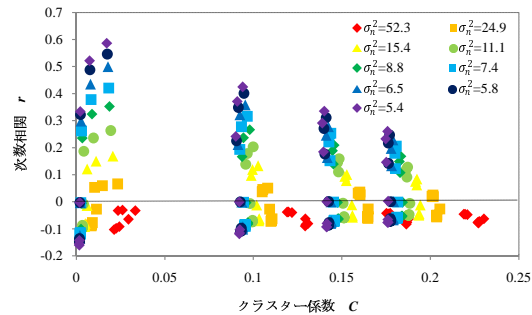


図 1 生成ネットワークの統計的指標の分布  
 Fig.1 Statistical properties of generated networks

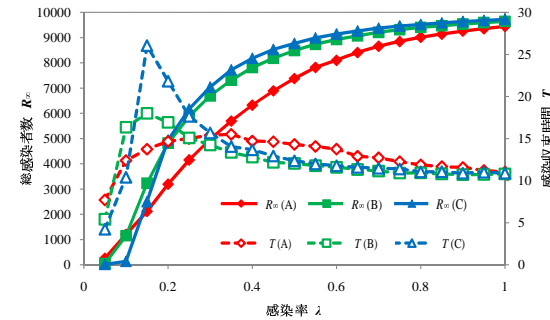


図 2 シミュレーション結果の例  
 Fig.2 Examples of simulation result

関係性を明らかにする。

### 3. 実験結果と分析・考察

#### 3.1 実験概要

ネットワークは、 $(\gamma, a, p, N)$  に対して、各成分を以下のように変化させて生成したものを用いる。ただし、ノード数は  $N = 10000$  とし、平均次数を  $\langle k \rangle \approx 8$ 、最低次数を  $k_{min} = 4$  とした。

$\gamma$  に関しては、 $2.5 \leq \gamma \leq 4.5$  の範囲で 0.25 刻みの計 9 パラメータとする。  $a$  に関しては、 $-3 \leq a \leq 3$  の範囲で 1 刻みに計 7 パラメータとし、  $p$  には、 $p = 0, 0.3, 0.6, 0.9$  の 4 パラメータを与えた。これにより、計 252 個のネットワークが生成される。

各ネットワークの次数相関  $r$ 、クラスタ係数  $C$  を、次数分散  $\sigma_n^2$  ごとに分類すると図 1 となる。図 1 から今回のネットワークモデルによって多様な構造のネットワークが生成されることが分かる。次数相関  $r$  に関しては、次数分散  $\sigma_n^2$  が大きい場合（例えば、赤色の）にはほとんど変動がない。 $r$  の算出において高次のノードの影響が大きいためである。平均頂点間距離  $L$  は、 $3.47 \leq L \leq 5.48$  の範囲で大きく変動することが分かった。

これらのネットワーク上で SIR モデルを用いたシミュレーションを行う。初期条件として状態 I のノードをネットワーク上にランダムに 10 ノード配置し、状態 I のノードが系から消滅するまでのシミュレーションを行う。終状態における状態 R のノード数を総感染者数  $R_\infty$  とし、終状態に至るまでのステップ数を感染収束時間  $T$  とする。また、感染率  $\lambda$  の

値は  $0.05 \leq \lambda \leq 1$  の範囲で 0.05 刻みの計 20 パラメータを与える。各ネットワークごとの試行数を 100 回とし、その平均を結果とする。試行の総数は、 $252 \times 20 \times 100$  の約 50 万である。なお、すべての実験において、治癒率を  $\mu = 1$  とし、 $dt = 0.01$  とした。

図 2 に  $(\gamma, a, p)$  が (A)(2.5,-3,0), (B)(3,0,0.3), (C)(4.5,3,0.9) のネットワークにおける感染率  $\lambda$  と総感染者数  $R_\infty$ 、感染収束時間  $T$  の関係を示す。図から、ネットワークごとに  $R_\infty$  と  $T$  の傾向に大きな違いが生じることが分かる。本稿では、252 個のネットワーク上においてシミュレーション結果を得ており、これらの膨大なデータを単純な定性的結果比較のみから分析するのは困難である。しかし、データマイニングの手法を導入することによりこれらの膨大なデータから感染症伝播と統計的指標間の関係性の抽出が可能になる。次節よりその詳細について示す。

#### 3.2 実験結果に対する重回帰分析

感染率  $\lambda$  と四つの統計的指標 ( $\sigma_n^2, r, C, L$ ) を説明変数とし、 $R_\infty$  と  $T$  を被説明変数とする予測器を、教師用データに対する重回帰分析から作成する。この予測器を用いて検証用データの  $R_\infty$  と  $T$  の予測を行った結果が図 3 と 4 である。双方ともに赤の直線は予測値と実測値が一致した場合を示している。

図 3 から、 $R_\infty$  の予測器は全体的に赤の直線を大きく外れるデータが多く、正確な予測ができていないことが分かる。特に実測値が  $R_\infty < 2000$  となるデータを全く予測できていない。また、予測値の値としてネットワーク内のノード数 10000 を超える値が算出されるケースが存在している点からも予測精度は非常に低い。このため、 $(\lambda, \sigma_n^2, r, C, L)$  と  $R_\infty$

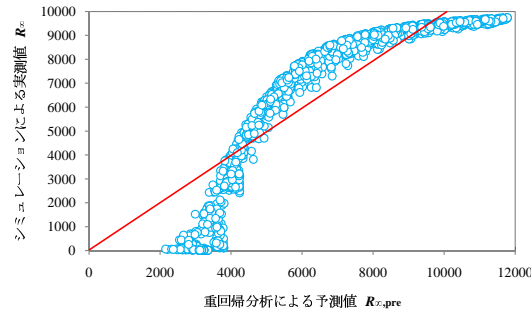


図 3 重回帰分析による  $R_\infty$  の予測結果  
 Fig.3 Prediction result of  $R_\infty$  by regression analysis

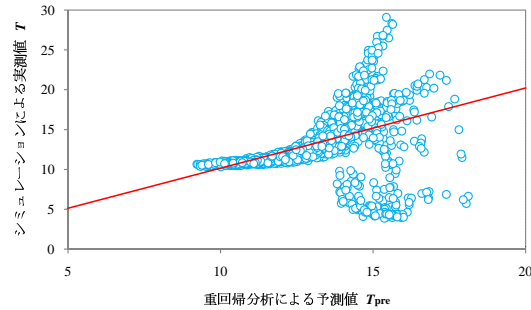


図 4 重回帰分析による  $T$  の予測結果  
 Fig.4 Prediction result of  $T$  by regression analysis

の間には線形の関係は存在しないといえる。一方、図 4 においても、 $T > 20$  のデータを予測できないなど予測器の精度が低いことが分かる。このため、 $(\lambda, \sigma_n^2, r, C, L)$  と  $T$  の間にも線形の関係は存在しないといえる。

以上の結果から、 $(\lambda, \sigma_n^2, r, C, L)$  と  $R_\infty, T$  の間に強い非線形性を考慮した分析が必要といえる。提案手法では、このような場合、ニューラルネットワークによる分析へと移行する。

### 3.3 ニューラルネットワークによる分析

重回帰分析の場合と同様に、教師用データから感染率  $\lambda$  と四つの統計的指標  $(\sigma_n^2, r, C, L)$

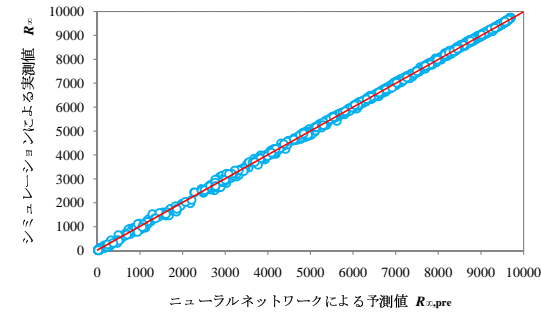


図 5 ニューラルネットワークによる  $R_\infty$  の予測結果  
 Fig.5 Prediction result of  $R_\infty$  by neural network

を説明変数とし、 $R_\infty$  と  $T$  を被説明変数とする予測器を作成する。この予測器を用いて検証用データの  $R_\infty$  と  $T$  の予測を行った結果がそれぞれ図 5 と 6 である。赤の直線は予測値と実測値が一致した場合を示す。

二つの図から重回帰分析の場合とは異なり、 $R_\infty, T$  とともにほぼすべてのデータが赤の直線付近に分布し、正確な予測がなされていることが分かる。この結果は  $(\lambda, \sigma_n^2, r, C, L)$  と  $R_\infty, T$  の間に存在する関係がニューラルネットワークによって学習されたことを示している。

次に説明変数の影響度を分析する。図 2 から感染率  $\lambda$  の影響が大きいことが明らかなので、 $(\sigma_n^2, r, C, L)$  に対する分析を行う。はじめに、 $\lambda$  と  $(\sigma_n^2, r, C, L)$  の中の三つを用いて予測器を作成する。例えば、 $\sigma_n^2$  を除いた  $(\lambda, r, C, L)$  を説明変数とする。 $(\lambda, \sigma_n^2, r, C, L)$  によって作られた予測器と予測精度を比較する。表 1 に各説明変数に対する予測器の精度を示す。

表 1 から  $R_\infty$  の予測精度に関しては  $\sigma_n^2, r, L, C$  の順に影響が大きく、 $T$  の予測精度に関しては  $r, \sigma_n^2, L, C$  の順に影響が大きいことが分かる。また、双方ともに  $C$  の影響は非常に小さい。

この分析手法により、説明変数の中でもネットワークの統計的指標に限れば、 $\sigma_n^2$  と  $r$  の影響度が大きく、 $C$  の影響がほとんどないことが明らかになった。

### 3.4 自己組織化マップによる分析

ニューラルネットワークによる分析手法から、どの説明変数が影響しているかは分かるが、 $R_\infty$  と  $T$  に対してどのように影響を与えているかを知ることは難しい。そこで、自己組織化マップ (SOM) を用いて  $(\sigma_n^2, r, C, L)$  が  $R_\infty$  と  $T$  に与える影響を調べる。

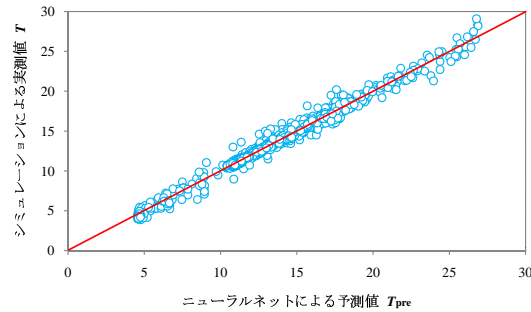


図 6 ニューラルネットワークによる  $T$  の予測結果  
 Fig.6 Prediction result of  $T$  by neural network

表 1 説明変数と予測精度 (二乗誤差の和) の関係

Table 1 Relation between explanatory variables and accuracy of prediction

説明変数	$R_\infty$	$T$
$\lambda, \sigma_n^2, r, C, L$	$4.05 \times 10^6$	319
$\lambda, r, C, L$	$4.29 \times 10^7$	699
$\lambda, \sigma_n^2, C, L$	$1.35 \times 10^7$	719
$\lambda, \sigma_n^2, r, L$	$4.24 \times 10^6$	323
$\lambda, \sigma_n^2, r, C$	$9.31 \times 10^6$	481

はじめに、252 個のネットワークを  $0 \leq \lambda \leq 1$  の 20 通りの  $\lambda$  に対する  $R_\infty$  と  $T$  に基づいて SOM のアルゴリズムにより 4 種類にカテゴリ分けする。図 7 に SOM 上の各カテゴリのネットワークにおける  $\lambda$  に対する  $R_\infty$  と  $T$  の平均的な傾向を示す。カテゴリ 0 から 3 には、それぞれ 30, 110, 50, 62 個のネットワークが含まれている。

各カテゴリの  $R_\infty$  の傾向を比較すると、第 1 の特徴的な傾向としてカテゴリ 0 と 1 では感染率  $\lambda$  が 0.05, 0.1 と小さな領域で  $R_\infty$  の拡大がカテゴリ 2 と 3 に比べて小さいことが分かる。また、第 2 の特徴的な傾向としてカテゴリ 1 と 3 では  $0.15 \leq \lambda \leq 1.0$  の全ての領域においてカテゴリ 0 と 2 の  $R_\infty$  を上回っている。これらの傾向から図 7 の SOM において  $X$  軸は感染率  $\lambda$  が 0.15 以上の場合の感染の拡大しやすさを、 $Y$  軸は  $\lambda \leq 0.1$  と感染率がごく小さな場合の感染の拡大しやすさを表すものと考えられる。

次に、各カテゴリの  $T$  の傾向を比較する。第 1 の特徴的な傾向としてカテゴリ 0 と 1 ではピーク付近における  $T$  の値がカテゴリ 2 と 3 に比べて大きい。また、第 2 の特徴的な傾

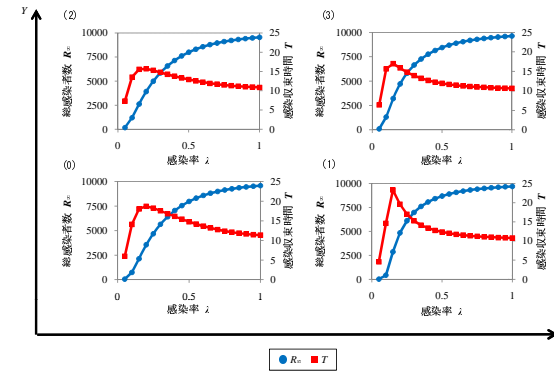


図 7 各カテゴリのネットワーク上での感染傾向  
 Fig.7 Infection trend of networks of each category

向としてカテゴリ 1 と 3 では  $\lambda$  に対する  $T$  の傾向がカテゴリ 2 と 4 に比べて比較的急激に変化している。これらの傾向から図 7 の SOM において  $X$  軸は  $\lambda$  に対する  $T$  の変動のしやすさを、 $Y$  軸は感染収束時間の早さを表すものと考えられる。

図 7 の分析により 252 個のネットワークが SOM によってどのように分類されたかが分かった。さらに、この分類が四つの統計的指標 ( $\sigma_n^2, r, C, L$ ) に基づいてどのように行われるかを調べるために、( $\sigma_n^2, r, C, L$ ) に基づくカテゴリ分けの条件を決定木により分析する。

図 8 は学習された決定木の結果である。図中の四角形の上部には区分に用いられる統計的指標とその値が示されている。このとき、区分の条件が  $\sigma_n^2$  による場合は赤、 $r$  による場合は緑、区分が打ち切られたターミナルノードでは灰色で色分けした。また、四角形の下部には区分されたデータのカテゴリ構成が示されている。矢印はデータの再分類先を示し、条件が合致する場合には実線矢印側へ、合致しない場合は点線矢印側にデータが再分類されることを示す。なお、図 8 に示した以降の区分に  $C, L$  によるものがあるが、有意な分類でない判断し、割愛した。

図 8 を見ると、はじめに  $\sigma_n^2 < 11.12$  のネットワークの大半がカテゴリ 0 と 1 へ、 $\sigma_n^2 \geq 11.12$  のネットワークの大半がカテゴリ 2 と 3 に分類されていることが分かる。このため、図 7 における  $Y$  軸は  $\sigma_n^2$  の大小と近い意味を持つ軸であると考えられる。

次に、第 2 層を見ると、左側のノードでは  $r \geq 0.2437$  のネットワークが全てカテゴリ 0 へ分類され、 $r < 0.2437$  のものはほぼカテゴリ 1 に属することが分かる。また、右側では

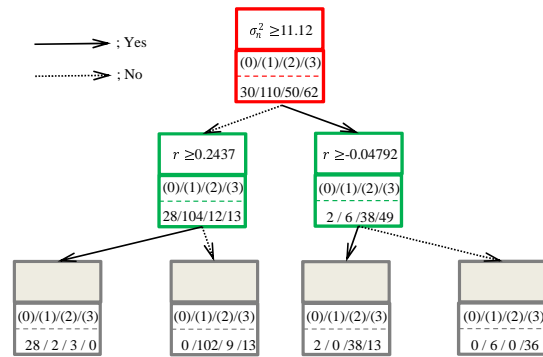


図 8 SOM の分類を示す決定木  
 Fig. 8 Decision tree of SOM categorization

$r \geq -0.04792$  のネットワークが全てカテゴリ 2 に分類され、 $r < -0.04792$  のものは大半がカテゴリ 3 に属することが分かる。このため、図 7 の  $X$  軸は  $r$  の大小と近い意味を持つものと考えられる。

以上の図 7 と 8 の分析結果をまとめると以下のことがいえる。

- $\sigma_n^2$  の大きなネットワークほど低感染率における総感染者数  $R_\infty$  が多くなり、また、感染収束時間  $T$  が短くなる。
- $r$  の大きなネットワークほど高感染率における総感染者数  $R_\infty$  が少なくなり、また、感染率  $\lambda$  の変動に対する感染収束時間  $T$  の変動が小さくなる。

また、前節のニューラルネットワークに基づく分析も踏まえると、決定木からも有意なものとして検出されなかった  $C$  と  $L$  は  $R_\infty$  と  $T$  に大きな影響を与えないものと結論づけられる。

#### 4. 結 言

本稿では、著者らが提案しているネットワークモデル<sup>3)</sup>によって多様な構造を実現するネットワークを生成し、ネットワーク上で感染症伝播のシミュレーションを行った。

ネットワークの統計的指標と感染率によるパラメータ空間を形成し、その空間のいくつかの点で伝播の特性量を求め、得られた特性量を説明変数としたデータマイニングを系統的に進めることによってシミュレーションパラメータと結果の関連性を抽出するという手法を提

案した。

本稿では、252 個のネットワークを生成し、20 通りの感染率において得られた 5040 のシミュレーション結果を用い、感染者数と感染収束時間を特性量として提案手法を適用した。

はじめに、重回帰分析により両者の間に線形的関係を見出すことを試みた。次に、線形的関係が存在しない場合はニューラルネットワークにより非線形的関係の有無を調べた。さらに、説明変数の個数を変える手法により説明変数の中での影響度の大きさを比較した。最後に、自己組織化マップを用いることによりシミュレーション結果を少数にカテゴライズし、各説明変数が被説明変数に与える影響を調べた。

結果として、統計的指標、感染率と二つの特性量の間に重回帰分析で説明できない非線形的関係があること、また、統計的指標の中でも次数分散と次数相関の影響が大きいことが分かった。さらに、次数分散は低感染率での感染者数と感染収束時間の大小に、次数相関は高感染率での感染者数の大小と感染率の変動に対する感染収束時間の変動しやすさに影響を及ぼすことが明らかになった。

本稿で用いた手法が他のネットワーク上のシミュレーション、または、マルチエージェントシミュレーション一般に対して有効であることを示すことが今後の課題である。

#### 参 考 文 献

- 1) Luke, D.A. and Harris, J.K.: Network Analysis in Public Health: History, Methods, and Applications, *Annual Review of Public Health*, Vol.28, No.1, pp.69-93 (2007).
- 2) Hanaki, N., Peterhansl, A., Dodds, P. and Watts, D.: Cooperation in evolving social networks, *Management Science*, Vol.53, No.7, pp.1036-1050 (2007).
- 3) 湯浅友幸, 白山 晋: ネットワーク上の感染症伝播における主要因子の抽出法, *Proceedings of Joint Agent Workshops and Symposium*, pp.L-4 (2010).
- 4) Newman, M., Strogatz, S. and Watts, D.: Random graphs with arbitrary degree distributions and their applications, *Physical Review E*, Vol. 64, No. 2, p. 26118 (2001).
- 5) Watts, D. and Strogatz, S.: Collective dynamics of 'small-world' networks, *Nature*, Vol.393, No.6684, pp.440-442 (1998).
- 6) Newman, M.: Mixing patterns in networks, *Physical Review E*, Vol.67, No.2, p. 26126 (2003).
- 7) Zimmermann, M., Eguiluz, V. and SanMiguel, M.: Coevolution of dynamical states and interactions in dynamic networks, *Physical Review E*, Vol.69, No.6, p.65102 (2004).