

F_022

ワクチンを考慮したウイルス感染エージェントモデルの提案

小坂勇士† 武藤敦子† 加藤昇平† 伊藤英則†

†名古屋工業大学

1 はじめに

生物は進化の過程で種々のウイルスと生存競争を続けてきた [1]. 生物は抗体を進化させることによりウイルスの脅威から逃れ、排除してきた. 近代, 人間は, 外部から後天的に獲得したワクチンによりウイルスを排除するようになった. そこで本研究では, 従来のウイルス感染エージェントモデル [2] に対してワクチンを導入し, ウイルスをワクチンによって排除できるエージェントモデルを提案する.

現在, 多種多様なウイルスが人間の脅威となっており, それらを根絶すべくワクチンが研究されている. しかし, ワクチンの有無やウイルスの突然変異率の差がエージェントの抗体の進化にどのような影響を与えるのかは未だに分かっていない部分が多い. 本稿で提案するエージェントモデルを用いて人工社会シミュレーションを行い, 遺伝子とワクチンとウイルスの相互に与える影響を実験により評価する.

2 エージェントモデル

本研究では, Sugarscape の疾病プロセスモデル [2] にワクチンの概念を加えた新しいエージェントモデルを提案する.

2.1 Sugarscape の疾病プロセスモデル

Sugarscape はボトムアップな手法に基づきエージェント間の非線形的な相互作用を創発する. エージェントは年齢 age , 体力 $Stock$ から構成される.

疾病プロセスモデルとは, Sugarscape において個体群の疫病感染のダイナミクスや疫病に対する抗体の獲得をモデル化した手法である. エージェントに抗体を生成する遺伝子 $gene$, 抗体プール $Antibodies$ を持たせ, ウイルス $virus$ をビット列で定義し, エージェント内のウイルスプール $Viruses$ に格納する. 疾病プロセスモデルにおいて, エージェント a_i (i は識別子) は下式で表現される.

$$a_i(age_i, stock_i, gene_i, Viruses_i, Antibodies_i) \quad (1)$$

2.1.1 ウイルスの定義

ウイルスは固定長のビット列で表現される. a_i の $Viruses_i$ に格納されることにより感染する. ウイルスは感染ルールと突然変異ルールにより増殖する. 感染しているウイルスの総数だけ $stock_i$ が減少する.

感染ルール

a_i は, ノイマン近傍にいるエージェント a_k が感染しているウイルス $virus \in Virus_k$ に, 確率 β で感染

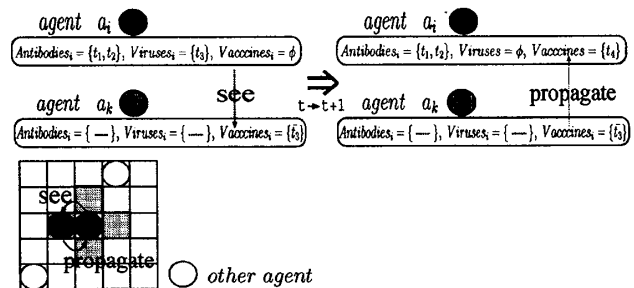


図 1: ワクチンの伝播の例

し, $Virus_i$ にこれを追加する.

突然変異ルール

a_i が感染している $virus$ は確率 α で突然変異し, 自身のビット列をランダムで 1 ビット反転させたウイルスを $Virus_i$ に追加する.

2.1.2 抗体の生成

a_i は $gene_i$ から生成された抗体 $antibody$ を用いてウイルスを排除する. $antibody$ は $gene_i$ の部分列で, 長さはウイルスのビット列と等しい. $gene_i$ から生成されるすべての部分列が $Antibodies_i$ に格納される.

2.1.3 免疫システム

免疫システムは, a_i が持つ $Antibody \in Antibodies_i$ と $virus \in Viruses_i$ のビット毎の排他的論理和がすべて 1 である場合, $virus_i$ をエージェントから排除するシステムである.

2.2 提案モデル

本稿では, Sugarscape の疾病プロセスモデルに新たにワクチンを加えたモデルを提案する. 提案モデルにおいて, エージェント a_i は下式で表現される.

$$a_i(age_i, stock_i, gene_i, Viruses_i, Antibodies_i, Vaccines_i) \quad (2)$$

ここで, $Vaccines_i$ はワクチンプールと呼ばれ, 近傍エージェントの間で授受するワクチンを要素に持つ集合である.

2.2.1 ワクチンの定義

ワクチンは固定長のビット列で表現され, 長さはウイルスのビット長と等しい. ワクチンはウイルスを排除するもので, ウイルス $virus$ とワクチン $vaccine$ のビット毎の排他的論理和がすべて 1 のとき $vaccine$ は a_i の $virus$ のワクチンとなる. このような $vaccine$ が a_i のワクチンプール $Vaccines_i$ に存在するとき, $virus$ は a_i のウイルスプール $Viruses_i$ から排除される. 時刻 t においてエージェント a_i が所持するワクチンプールを $Vaccines_i$ とすると, 時刻 $t+1$ のワクチンプー

Yuji KOSAKA†, Atsuko MUTOH†, Shohei KATO† and Hidenori ITOH†

†Nagoya Institute of Technology
Gokiso-cho, Showa-ku, Nagoya 466-8555, Japan
{kosaka, shohey, atsuko, itoh}@ics.nitech.ac.jp

ルのの更新は下式に従う。

$$Vaccines_i^{t+1} = Vaccines_i^t \cup I(Viruses_i^t, Antibodies_i) \\ \cup \bigcup_k S(Viruses_i^t, Vaccines_k^t) \quad (3)$$

$I(Viruses_i^t, Antibodies_i)$ は免疫システムで生成したワクチンの集合を返す関数, $S(Viruses_i^t, Vaccines_k^t)$ はワクチンの伝播により a_i が受け取るワクチンの集合を返す関数である。 $Vaccines_k^t$ は近傍エージェント a_k が所持しているワクチンプールである。

2.2.2 ワクチンの生成

古代の人類は治癒することができた人間の血液からワクチンを生成し、伝播した。そこで本稿ではエージェント a_i が $Antibodies_i$ で $virus$ を排除できたとき、 a_i は $virus$ のワクチンを生成したと考える。ワクチンの生成関数 $I(Viruses_i, Antibodies_i)$ を以下に定義する。

$$I(Viruses_i, Antibodies_i) = \{vaccine\} \\ \vee vaccine \in Viruses_k \wedge \vee vaccine \in Antibodies_i \quad (4)$$

2.2.3 ワクチンの伝播

ワクチンの伝播は近傍エージェント a_k との情報の受け渡しによって行われる。エージェント a_i は近傍エージェント a_k のワクチンを見ることができ、 $Vaccines_k$ に $Viruses_i$ のワクチンがある場合、そのワクチンを受け取る (図1参照)。ワクチンの伝播関数 $S(Viruses_i, Vaccines_k)$ を以下に定義する。

$$S(Viruses_i, Vaccines_k) = \{vaccine\} \\ \vee vaccine \in Vaccines_k \wedge \vee vaccine \in Viruses_i \quad (5)$$

3 実験

本稿で提案したモデルを用いて実験を行ない、既存モデルとの比較によりワクチンの効果を検証する。

3.1 実験環境

初期エージェント数 300 個体、ウイルスのビット長を 5 ビットに、遺伝子のビット長を 60 ビットに設定した環境の下で実験を行う。また、初期個体の 5% がウイルスに感染しており、ウイルスの自然発生は起きないとする。初期個体の遺伝子、ウイルスをすべてランダムで与える。ウイルスの感染確率を $\beta=0.7$ とし、突然変異確率を $\alpha=0.001$, $\alpha=0.01$, $\alpha=0.1$ の 3 つの場合で実験を行う。世代交代は Sugarscape モデルに準拠する。エージェントがウイルスを殲滅したとき実験を終了する。以上の設定で、従来モデル (previous model) と提案モデル (vaccine model) の比較実験を行う。

ウイルスのビット長は 5 ビットであり 32 種類のウイルスが生成可能であるのに対して、エージェントの遺伝子のビット長は 60 ビットであり最大 56 組の抗体のビット列を生成できるため、いずれの実験においてもウイルスは殲滅される。

3.2 実験結果

表 1 に各実験でのウイルスの殲滅までにかかった時間 (step) を示す。図 2 にエージェントが持つ抗体数の平均値の推移を示す。同図においてグラフのプロットの終端は、その時点においてウイルスが殲滅されたことを示す。表 1 より、従来モデルではウイルスの突然変異率が上がるほどウイルスが少ない時間で殲滅されることが分かる。ウイルスの突然変異率が上昇すると

表 1: ウイルス殲滅までにかかった時間 (step)

突然変異率 (α)	提案モデル	従来モデル
0.001	940	3943
0.01	3236	2493
0.1	4870	1557

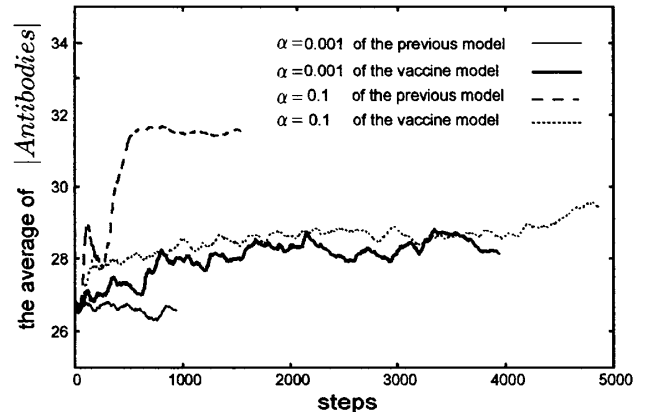


図 2: 平均抗体種類数の推移

抗体数の少ないエージェントが生きづらい環境になるため淘汰が促進し、すべてのウイルスの抗体を持った完全なエージェントが増加する。この淘汰によりウイルスを早く殲滅できるようになる。このことは、図 2 において、突然変異率が 0.001 より 0.1 の方が平均抗体数の増加が早いことから分かる。

一方、提案モデルではウイルスの突然変異率が上昇するほどウイルスの殲滅が遅くなる。これは抗体の種類が少ないエージェントでもワクチンにより生き残ることができ、エージェントに対する淘汰が遅くなるためである。このことは図 2 において、提案モデルは従来モデルに比べて平均抗体数の増加が緩やかなことからわかる。提案モデルにおいて突然変異率が低い場合には、ウイルスの変異に比べワクチンの普及が早く、すぐに殲滅される。図 2 の提案モデル $\alpha=0.001$ の結果から、平均抗体数は増加してないのにウイルスを殲滅できたことが確認できる。

4 おわりに

本研究では抗体 (遺伝子)、ウイルス、ワクチンで構成されたエージェントの進化モデルを提案した。そして、提案モデルを実装し、シミュレーションを行った。ワクチンから得られるエージェントのメリットはウイルスの進化速度に依存していることを確認した。

現実世界ではウイルスは殲滅されずに生存しているため、今後そのような環境下で実験を行う必要がある。

参考文献

- [1] Ridley, M., The red queen: Sex and the evolution of human nature, Penguin USA, 1995.
- [2] Joshua M. Epstein, Robert Axtell, Growing Artificial Societies-Social Science From The Bottom Up, MIT Press, 1996.