

スケールフリーネットワーク上の拡張 SIS モデル

守田 智^{1,a)}

受付日 2016年10月2日, 採録日 2017年3月3日

概要: 感染症や情報などがネットワークを介して伝播していく現象の研究は様々な分野で行われている。その中で簡単なモデルとして susceptible-infected-susceptible (SIS) モデルが標準的に用いられ、スケールフリーネットワーク上で感染率の閾値が 0 となる現象が知られている。本稿では活動度と次数が異なる冪指数の冪分布に従う 3 つの拡張 SIS モデルを考え、上記の現象の一般性を次数ベースの平均場近似を用いて検証する。

キーワード: スケールフリーネットワーク, 伝播現象, 感染症モデル

Extended Susceptible-Infected-Susceptible Models on Scale-free Networks

SATORU MORITA^{1,a)}

Received: October 2, 2016, Accepted: March 3, 2017

Abstract: Spreading phenomena of disease and information over underlying social and information networks have been investigated very intensively. One of the simplest models used standardly is susceptible-infected-susceptible (SIS) model. It is well known that there is no threshold for SIS model on scale-free networks. In this paper, to verify whether the above phenomena occurs generally, I consider three extended models, where activity and degree can follow power law distributions with different power exponents. I analyze these three models by using degree-based mean-field approximation.

Keywords: scale-free networks, spreading phenomena, epidemic models

1. はじめに

航空機などの交通インフラやインターネットなどの通信技術の発達により、感染症や情報が世界中に容易に拡散するようになっている。新興感染症は人間社会を脅かし続けているし、コンピュータウイルスの脅威もまた経済的ダメージを与えている。さらに噂やデマ、口コミや批評、イノベーションも社会的なネットワークを通じて拡散し、社会に大きな影響を与える。このようなネットワークを介した拡散現象を理論的に解明することは重要かつ急務である [1], [2], [3], [4], [5].

本稿では、疫学で標準的に用いられている susceptible-infected-susceptible (SIS) モデルを取り扱う。SIS モデル

は、感染症以外のものの伝播にも応用される一般的な枠組みを提供しており、数学の分野ではコンタクトプロセスとして知られている。このモデルでは N 個体からなる集団を考え、それぞれの個体は感染 (I) または非感染 (S) のどちらかの状態を持つ。感染個体と非感染個体に接触があると伝播し非感染個体は感染状態へと遷移する。一方、感染個体は時間とともに非感染状態へと自発的に遷移する。つまり、SIS モデルは個体のペアに生じる伝播過程と個体自体に生じる治癒過程の 2 つの過程からなる。多くのモデルでは、これらの 2 つの過程はそれぞれ独立にポアソンの生じると仮定する。 N 個が互いにすべての個体と同様に接触する混合的な場合は、モデルは以下の常微分方程式で近似される [6], [7].

$$\frac{d\rho(t)}{dt} = -\rho(t) + \lambda\rho(t)[1 - \rho(t)]. \quad (1)$$

ここで $\rho(t)$ は感染個体の割合、 λ は伝播過程が生じる接触

¹ 静岡大学工学部
Department of Mathematical Systems Engineering, Shizuoka University, Hamamatsu, Shizuoka 432-8014, Japan

^{a)} morita.satoru@shizuoka.ac.jp

率であり正の実数である。感染が継続する平均時間が1となるように時間の単位を設定している。このとき定常解は容易に求まり、

$$\rho^* = \begin{cases} 1 - \frac{1}{\lambda} & (\lambda > 1) \\ 0 & (\lambda \leq 1) \end{cases} \quad (2)$$

となる、すなわち接触率 λ が閾値 $\lambda_c = 1$ を超えた場合に感染症は存続する。

個体間の接触到に制限がある場合は式 (1) のように単純な近似は有効ではない。Pastor-Satorras ら [8], [9] は固定されたネットワークを考え、ネットワークのリンク上で伝播過程が生じるモデルを用いて解析した。このとき伝播過程が生じるリンクは独立かつ一様な確率でランダムに選択される。彼らは次数ベースの平均場近似を用いて、ネットワークがスケールフリーで次数分布の冪指数が3より小さい場合、システムサイズ無限大の極限 ($N \rightarrow \infty$) で閾値 λ_c が0へと収束することを導いた。これは、感染率がきわめて低いような感染症でもネットワークの非一様性が強ければ蔓延する可能性があることを意味している。Pastor-Satorras らが用いたモデルでは、それぞれの個体が次数に比例して接触を行うことになる。しかし、次数が増えたときにそれぞれのリンクの寄与が小さくなっていく状況も考えられる。広く浅く付き合うような関係性がある場合に上記の結果がどう変化するだろうか。先行研究 [10] では、各個体が一様な確率で活性化して接触を行うモデルを用いた。そこでは、活性化した個体が隣接する個体全員と接触する場合と1個体だけと接触する場合の2通りの接触方法を考えた。前者の場合は各個体において接触を試みる回数(活動度)が次数に比例するが、後者の場合は次数による個体差がない。さらに感染方向を活性化した個体から隣人に伝播する場合、隣人から活性化した個体へ伝播する場合、双方向の場合の3通りを考え、組み合わせて6通りのモデルを比較した(図1)。同時に隣接個体と接触でき

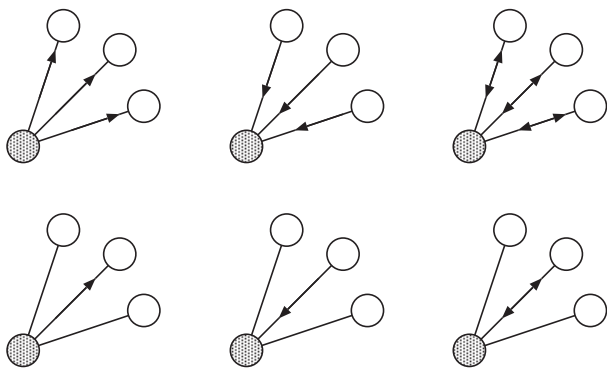


図1 先行研究の6つのモデル [10]。灰色のノードは活性化した個体、矢印は伝播の向き

Fig. 1 Six models in the previous work [10]. Shaded circles represent activated individuals. Arrows mean the possibility of propagation.

るモデルの場合、Pastor-Satorras らのモデルと同様に次数分布の冪指数が3より小さいとき閾値 λ_c が0に収束する。一方、同時に1つの隣接個体としか接触できず、伝播方向が単方向の場合は閾値 λ_c は有限にとどまる。同様の結果は、Castellano ら [12] や Ferreira ら [13] によっても得られている。しかし、伝播方向が双方向になると閾値 λ_c が0に収束するという新しい結果が示された [10]。

本稿では、先行研究 [10] のモデルを拡張し、活動度が次数の α 乗に比例するモデルを提案する。このモデルでは次数分布が冪分布に従うとき活動度も冪分布に従う。 $\alpha = 0$ ならば先行研究の1個体だけと接触する場合に対応し、 $\alpha = 1$ ならば Pastor-Satorras らのモデルに対応する。このモデルに関して次数ベースの平均場近似を用いて解析した結果を報告する。

2. モデル

ここで先行研究に対応した3つのケースのモデルを導入する。まず、伝播が生じるネットワークとして次数分布が

$$P(k) \sim k^{-\gamma},$$

に従うスケールフリーネットワーク [14], [15] を考える。ここでは次数相関については考慮しないことにする。ネットワークのノードは感染 (I) か非感染 (S) のどちらかの状態をとる。伝播過程は以下のようにポアソン過程で生じることとする。活性化する個体を活動度 $a = k^\alpha$ に比例した確率でランダムに選び、活性化した個体の隣接個体から1つをランダムに選択する。このように選ばれた2個体のリンク間の伝播形式は以下の3通りを考える。

- (i) 活性化した個体が I で隣人が S であれば隣人が I になる。
- (ii) 活性化した個体が S で隣人が I であれば活性化した個体が I になる。
- (iii) 活性化した個体が I で隣人が S であれば隣人が I になり、活性化した個体が S で隣人が I であれば活性化した個体が I になる (双方向)。

ケース (i) と (ii) は強度 λ のポアソン過程で生じるとする一方、ケース (iii) は双方向性のため強度 $\lambda/2$ のポアソン過程で生じるとする。また治癒過程は、伝播過程とは独立に強度1のポアソン過程で生じ、個体を1つランダムに選択し、IであればSに遷移させる。

個体の活動度 a の分布も冪分布

$$P(a) \sim a^{-\beta}$$

に従い、

$$P(a) = P(k) \frac{dk}{da} \sim a^{-\gamma/\alpha} a^{1/\alpha-1}$$

となるので冪指数 β は

$$\beta = 1 + (\gamma - 1)/\alpha \quad (3)$$

と求まる. $\alpha = 1$ のときは活性化されるノードは次数に比例して選ばれることになるので, リンクがランダムに選択されることに対応する. すなわち $\alpha = 1$ のケースは Pastor-Satorras らのモデルに対応し, 上記 3 通りの伝達形式の間の違いはない. $\alpha < 1$ のときは次数の非一様性に比べて活動度の非一様性が低い場合に対応しており, 時間あたりの接触人数は次数に対して弱線形でしか増加しない. 逆に $\alpha > 1$ の場合は活動度の非一様性のほうが高くなり, 次数になにか制限のあるような場合に対応しているといえる. たとえば, 宗教的な理由や文化的な背景から不特定多数との性接触が強く抑制されている状況での性感染症などが考えられる.

3. 近似理論

3.1 ケース (i)

次数ベースの平均場近似 [5] を用いて上記の 3 通りのモデルについて解析していこう. まずはケース (i) について考える. 時間 t において次数 k を持つ個体が感染状態である確率を $\rho_k(t)$ とおくと, 以下のような近似方程式が得られる.

$$\frac{d\rho_k(t)}{dt} = -\rho_k(t) + \lambda[1 - \rho_k(t)] \frac{k}{\langle k \rangle} v_\alpha(t). \quad (4)$$

ここで右辺第 1 項は治癒過程に対応しており, 治癒するまでの平均時間は次数にかかわらず 1 となる. 第 2 項は伝播過程に対応し, $[1 - \rho_k(t)]k/\langle k \rangle$ は隣接個体が次数 k でかつ非感染状態である確率を表す. 一方, $v_\alpha(t)$ は活性化するよう選択された個体が感染状態である確率を表す. 次数分布 $p(k)$ に対して $v_\alpha(t)$ は

$$v_\alpha(t) = \sum_k \frac{k^\alpha}{\langle k^\alpha \rangle} P(k) \rho_{k-1}(t) \quad (5)$$

と近似できる. ここで $\rho_{k-1}(t)$ と k ではなく $k-1$ としている理由は以下のとおりである. 個体が感染状態である確率は, その個体の次数に依存する. これは次数が感染源の数だからである. しかし, 伝播過程において選択されたペアの一方が非感染者で他方が感染者のときのみ感染が生じる. 非感染者が感染源になる可能性を無視すると, 非感染者の相手が感染者である確率は次数そのものではなく次数から 1 だけ引いた数で決まる. この方法は Newman によるテキスト [5] に準拠しており, 非感染者の隣はランダムに選ばれたノードの隣より感染者の割合が低い傾向を加味したことになる.

定常条件 $\frac{d\rho_k(t)}{dt} = 0$ で式 (4) を解くと定常状態での感染割合

$$\rho_k^* = \frac{k\lambda v_\alpha^*}{\langle k \rangle + k\lambda v_\alpha^*} \quad (6)$$

が求まる. 次数が大きい個体ほど感染している確率が高い. 式 (6) を式 (5) に代入して自己無撞着方程式を導くと,

$$1 = \frac{1}{\langle k^\alpha \rangle} \sum_k k^\alpha P(k) \frac{(k-1)\lambda}{\langle k \rangle + (k-1)\lambda v_\alpha^*} \quad (7)$$

のような式が得られる. 接触率 λ が閾値 λ_c より上の場合, v_α^* は正の解を持ち, λ が λ_c に近づくと v_α^* は 0 に近づくと $v_\alpha^* \rightarrow 0$ の極限を考えると閾値 λ_c が以下のように求まる.

$$\lambda_c = \frac{\langle k \rangle \langle k^\alpha \rangle}{\langle k^{\alpha+1} \rangle - \langle k^\alpha \rangle}. \quad (8)$$

したがって, 冪指数が γ のスケールフリーネットワークの場合

$$\gamma \leq \alpha + 2 \quad (9)$$

のとき閾値 λ_c は 0 に収束する. すなわち $\alpha < 1$ の場合には, 閾値 λ_c が 0 に収束する条件は厳しくなっている.

3.2 ケース (ii)

次にケース (ii) について考える. この場合 $\rho_k(t)$ の時間変動を示す近似方程式は

$$\frac{d\rho_k(t)}{dt} = -\rho_k(t) + \lambda[1 - \rho_k(t)] \frac{k^\alpha}{\langle k^\alpha \rangle} v_1(t) \quad (10)$$

となる. 第 2 項の $[1 - \rho_k(t)]k^\alpha/\langle k^\alpha \rangle$ は活性化するよう選択された個体が次数 k で非感染状態である確率であり, $v_1(t)$ は隣接個体が感染状態である確率を与える. $v_1(t)$ はケース (i) と同様に計算できて

$$v_1(t) = \sum_k \frac{k}{\langle k \rangle} P(k) \rho_{k-1}(t) \quad (11)$$

である. このとき定常状態での感染割合は

$$\rho_k^* = \frac{k^\alpha \lambda v_1^*}{\langle k^\alpha \rangle + k^\alpha \lambda v_1^*} \quad (12)$$

となり, $\alpha < 1$ のとき, ケース (i) に比べて次数依存性は小さいといえる. さきほどと同様に自己無撞着方程式を導出すると

$$1 = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P(k) \frac{(k-1)^\alpha \lambda}{\langle k^\alpha \rangle + (k-1)^\alpha \lambda v_1^*} \quad (13)$$

となり, 閾値は

$$\lambda_c = \frac{\langle k \rangle \langle k^\alpha \rangle}{\langle k(k-1)^\alpha \rangle} \quad (14)$$

となる. ケース (i) の場合と比較すると $\alpha > 1$ のときケース (ii) の閾値のほうが大きく $\alpha < 1$ のときケース (ii) の閾値のほうが小さくなるが, その差はわずかである. 閾値 λ_c が 0 に収束する条件は, ケース (i) の場合と同様

$$\gamma \leq \alpha + 2 \quad (15)$$

となる.

3.3 ケース (iii)

最後にケース (iii) について考える. このとき $\rho_k(t)$ の近似方程式はケース (i) とケース (ii) を平均化したものになる.

$$\frac{d\rho_k(t)}{dt} = -\rho_k(t) + \frac{1}{2}\lambda[1 - \rho_k(t)] \times \left[\frac{k^\alpha}{\langle k^\alpha \rangle} v_1(t) + \frac{k}{\langle k \rangle} v_\alpha(t) \right] \quad (16)$$

となる。このとき定常状態での感染割合は

$$\rho_k^* = \frac{k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*}{2 \langle k^\alpha \rangle \langle k \rangle + k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*} \quad (17)$$

と求まる。このとき自己無撞着方程式は連立方程式になり以下のように与えられる。

$$v_\alpha^* = \sum_k \frac{(k+1)^\alpha}{\langle k^\alpha \rangle} P(k+1) \times \frac{k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*}{2 \langle k^\alpha \rangle \langle k \rangle + k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*}, \quad (18)$$

$$v_1^* = \sum_k \frac{k+1}{\langle k \rangle} P(k+1) \times \frac{k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*}{2 \langle k^\alpha \rangle \langle k \rangle + k^\alpha \langle k \rangle \lambda v_1^* + k \langle k^\alpha \rangle \lambda v_\alpha^*}. \quad (19)$$

計算は少し煩雑になるが v_α と v_1 が 0 となる極限で λ を解くと閾値が求まり、以下ようになる。

$$\lambda_c = \frac{4 \langle k \rangle \langle k^\alpha \rangle}{B + C + \sqrt{(B - C)^2 + 4AD}}. \quad (20)$$

ただし、ここで

$$A = \langle k^\alpha (k - 1)^\alpha \rangle, \quad (21)$$

$$B = \langle k^\alpha (k - 1) \rangle, \quad (22)$$

$$C = \langle k(k - 1)^\alpha \rangle, \quad (23)$$

$$D = \langle k(k - 1) \rangle \quad (24)$$

とした。閾値が 0 に収束する条件は、 A, B, C, D のいずれかが発散する条件と一致し、

$$\gamma \leq 3 \text{ or } \gamma \leq 2\alpha + 1 \quad (25)$$

と求まる。したがって、ケース (iii) では活動度が抑えられる $\alpha < 1$ の場合でも Pastor-Satorras らの場合と同じ条件 $\gamma \leq 3$ が得られる。このようにケース (iii) はケース (i) と (ii) を平均化したモデルであるにもかかわらず、閾値に関して中間的な挙動を示すわけではないことが示された。

4. 数値計算との比較

近似計算の正確さを確かめるため数値計算を行った。図 2 はパラメータの組合せに対して感染割合 ρ^* を接触率 λ の関数としてグラフ化したものである。ノードの数 100,000 のスケールフリーネットワークを R の igraph パッケージの degree.sequence.game コマンドを用いて Viger-Latapy 法 [16] で作成した。各個人の初期状態は感染 (I) と非感染 (S) を確率 1/2 で選択し、初期の影響を取り除くため 10,000 単位時間後の 10,000 単位時間にわたり感染割合の平均値を計算した。同じ手順で作成した 10 個のネットワー

クに関して同様の数値計算を行い、その平均値を図 2 に表示した。数値計算ごとの誤差はプロットの記号の大きさ程度かそれより小さかったのでエラーバーは付けていない。 $\alpha = 1$ の場合 (□で表示) は従来のモデルに一致し、3 つのケースで同じ結果になるが、比較のためすべてのパネルで表記した。

図 2 の曲線は前章の近似理論によるものである。まず自己無撞着方程式 (7), (13), (18) と (19) から v_1^* ないし v_α^* の正の解を数値的に求める。このとき Mathematica 10 の FindRoot を用いて計算した。その解を式 (6), (12), (17) に代入すると ρ_k^* が求まる。これを

$$\rho^* = \sum_k \rho_k^* P(k) \quad (26)$$

に代入すると全体の感染割合が求まる。近似理論と数値計算の結果はほとんどの場合でほぼ一致している。一部に見られる相違の原因に関しては以下に考察する。

図 2 では $\alpha > 1$ の場合についても計算を行った (○で表示されている)。これは活動度の非一様性が関係性の非一様性よりも強い状況に対応する。ケース (i) の場合は数値計算の結果が近似理論より下に大きくずれているが、ケース (ii) の場合は逆に上にずれている。ケース (i) では伝播過程において上流のノードの次数が大きいペアが選ばれる確率が高い (図 3 参照)。このとき次数が大きいハブからその隣のノードへと感染が広がっていく傾向があるため、ハブの隣のノードが感染者である確率は高くなる。このようなノードをまたいだ相関は今回の近似で考慮されていない。この相関に加えて次数の大きいノードは感染している確率が高いためすでに感染が生じたペアが繰り返し伝播過程の際に選択されるという無駄が生じる。これが近似理論よりシミュレーションの感染者割合が低くなっている理由である。一方、ケース (i) で $\alpha < 1$ の場合はハブは大きな役割を果たさない (図 3 参照)。その代わりに伝播過程において上流のノードの次数が小さいペアが選ばれる確率が高くなる。次数の小さいノードの隣のノードが感染者である確率は高くなるが、次数が小さいノードが感染している確率は低く無駄な伝播過程は生じにくいので、この相関の影響は少なく近似理論は良い結果を導いている。

ケース (ii) で $\alpha > 1$ の場合は伝播過程において下流のノードの次数が大きいペアが選ばれる確率が高い。このため次数が大きいハブは感染者になりやすい傾向があるが (図 3 参照)、この傾向は上記の近似で考慮済みである。ハブが感染するまでにかかる時間は、ハブから感染が広がるのにかかる時間より短くなる。そのため隣接した感染ノードの元々の感染源が自分自身である可能性が無視できなくなる。上記の近似理論ではこの可能性を無視していたので、過小評価したものになっていると考えられる。ケース (ii) で $\alpha < 1$ の場合は伝播過程において下流のノードの次数が小さいペアが選ばれる確率が高くなるが、ペアの上流

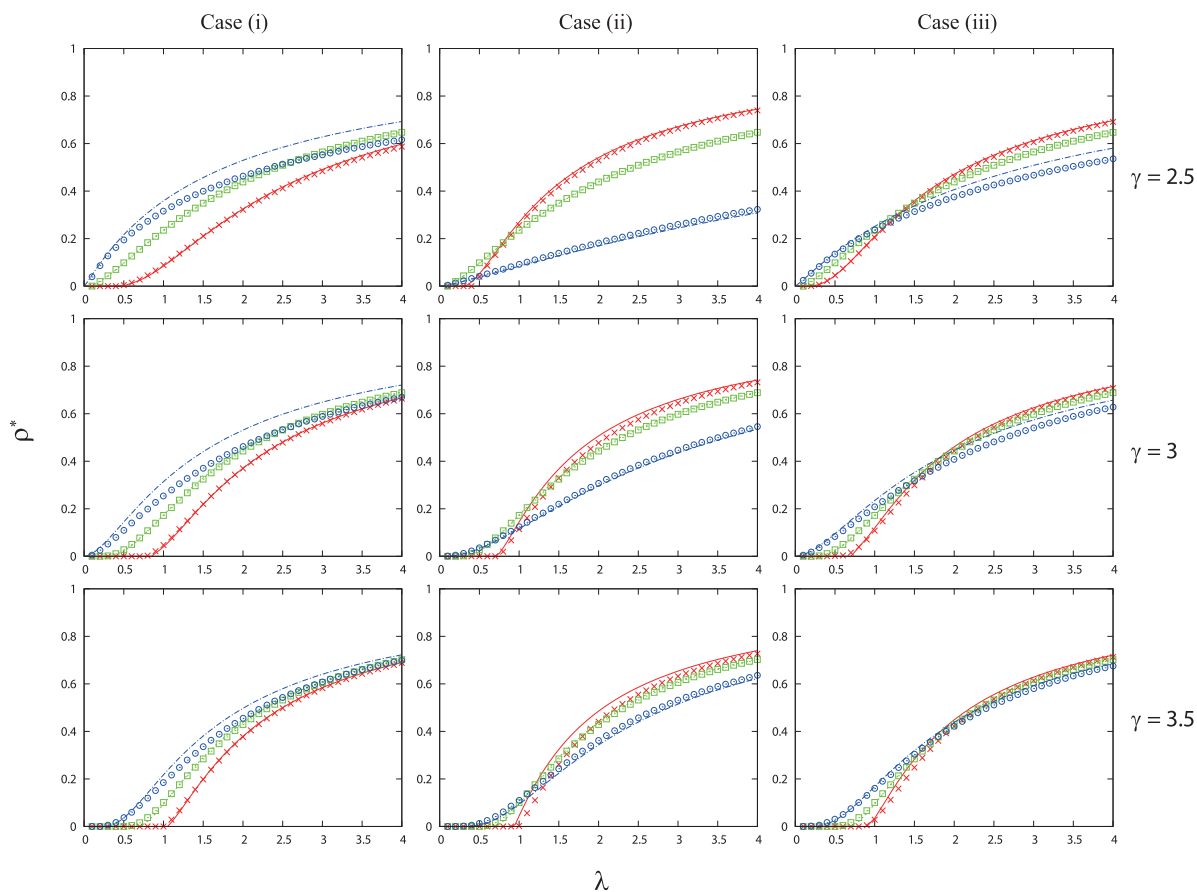


図 2 冪乗分布に従う次数分布を持つように人工的に作成したスケールフリーネットワーク上での数値計算例。接触率 λ に対する感染割合 ρ^* のグラフ。左のパネルがケース (i)、中のパネルがケース (ii)、右のパネルがケース (iii)。上段が $\gamma = 2.5$ 、中段が $\gamma = 3$ 、下段が $\gamma = 3.5$ 。×が $\alpha = 0.5$ 、□が $\alpha = 1$ 、○が $\alpha = 1.5$ である。曲線は近似理論によるものである。詳細は本文参照

Fig. 2 Numerical simulations for artificial scale-free networks where the degree distribution follows power law. The density of infected individuals ρ^* is plotted as a function of λ . Left column is for case (i), middle for case (ii), and right for case (iii). Top row is for $\gamma = 2.5$, middle for $\gamma = 3$, and bottom for $\gamma = 3.5$. Cross marks are for $\alpha = 0.5$, square for $\alpha = 1$, and circle for $\alpha = 1.5$. The curves show the theoretical predictions. The details are explained in the text.

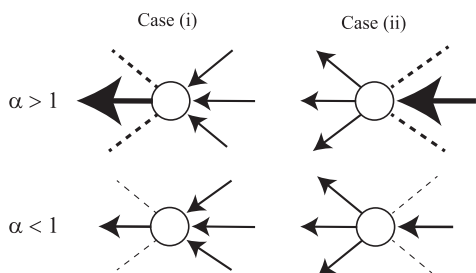


図 3 ハブの役割を示す模式図
Fig. 3 Illustration of the role of hubs.

のノードは次数に比例して選ばれ、上流ノードが感染している確率が高く、ここでの冗長性は無視できない。これが近似理論よりシミュレーションの感染者割合が低くなる理由だと考えられる。

ケース (iii) では閾値が 0 に収束するパラメータ領域は

広くなるという近似理論の結果が再現されている。この結果は、ハブがケース (i) とケース (ii) での両方の役割を果たし、その相乗効果が生じるからだ直感的に説明できる。この場合も数値計算と近似理論にずれが見取れるが、ケース (i) とケース (ii) の中間的な傾向を持っている。

5. 実ネットワーク上での数値計算例

近似理論の有効性を見るため実在のネットワークデータ上の数値計算も行った。ここでは Enron 社における電子メールの送受信履歴のネットワークデータを用いた [17], [18]。このネットワークのノード数は 36,692、リンク数は 183,831、クラスタリング係数は 0.497 である。次数分布はスケールフリー性を持ち、 $k \geq 5$ で冪次数を最尤法 [21] で推定すると $\gamma \approx 2.1$ と求まる。また次数相関を表す assortativity は -0.110 と負の相関性を示している。

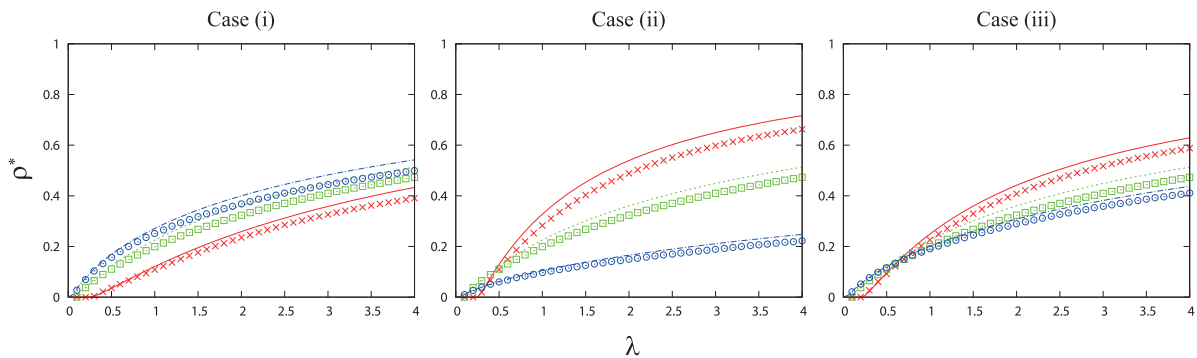


図 4 Enron 社の電子メール送受信ネットワーク上での数値計算. 数値計算の方法は図 2 の場合と同様で, ×が $\alpha = 0.5$, □が $\alpha = 1$, ○が $\alpha = 1.5$ である

Fig. 4 Numerical results for Enron e-mail network. The format is same as in Fig. 2: cross marks are for $\alpha = 0.5$, square for $\alpha = 1$, and circle for $\alpha = 1.5$.

図 4 に数値計算の結果と近似理論で計算した結果を示した. 近似理論では次数相関やクラスタ性の効果は考慮していないにもかかわらず, 理論と数値計算は定性的によく一致している. ρ^* が大きい領域で数値計算の結果は理論に比べて感染者密度が低くなっているが, この主原因はクラスタリング係数の高さであると考えられる. 従来の SIS モデルではクラスタリング係数や assortativity の増加に対して感染閾値は減るという先行研究が知られており, 拡張したモデルでも同様の傾向があると予想できるが [19], [20], 今の数値計算では大きな差は見られず判断ができなかった.

6. 結論

本稿ではスケールフリーネットワーク上の SIS モデルを拡張して次数だけではなく接触回数の多さを意味する活動度も冪分布に従うモデルを考えた. 感染方向の異なる 3 種類のモデルを提案した. この 3 種類のモデルを次数ベースの平均場近似を用いて解析した. 特にシステムサイズ無限大極限 $N \rightarrow \infty$ で閾値 λ_c が 0 に収束する条件 (9), (15), (25) を導出した. これらの条件を式 (3) を用いて活動度分布の冪指数 β を用いた式に書きかえるとケース (i) とケース (ii) に対しては

$$(\beta - 2)(\gamma - 2) \leq 1 \tag{27}$$

となり, 双方向のケース (iii) に対しては

$$\beta - 2 \leq 1 \text{ or } \gamma - 2 \leq 1 \tag{28}$$

となる. いずれも 2 つの冪指数の影響は対称的であることに注目しておきたい. ケース (iii) の条件 (28) はケース (i) やケース (ii) の条件 (27) よりも広く, 活動度か次数のどちらか一方の冪指数が 3 を超えれば閾値 λ_c が 0 に収束する.

また近似理論の自己無撞着方程式を数値的に計算した結果からつねに以下のような予想が得られる. 次数の非一様性に比べて活動度の非一様性のほうが高い場合 ($\alpha > 1$), ケース (i) の感染過程のほうがケース (i) のものに比べて定

常感染割合 ρ^* が大きくなり, 逆に次数の非一様性に比べて活動度の非一様性が低い場合 ($\alpha < 1$), ケース (ii) のほうが ρ^* が大きくなる. すなわち非一様性の相違によってどちらの感染過程が蔓延を促進するかが入れ替わる. ただし, ここではこの予想の数学的な証明を与えることはできなかった.

上記の近似理論の有効性についてまずは人工的に作成したスケールフリーネットワーク上で数値計算によって確認を試みた. ρ^* の小さい領域ではずれば小さく抑えられており, 理論の結果を支持している. ρ^* の大きい領域でずれが生じる場合もあったがその原因について考察した. さらに実ネットワーク上でも数値計算を行い, 近似理論が有効性の高さを示した. しかし, 今回用いた次数ベースの平均場近似が最善の近似というわけではないので [1], より厳密な近似計算による理論の構築およびクラスタ性や次数相関の影響を組み込むことが今後の課題である.

謝辞 本研究は JSPS 科研費 (No. 26400388) および CREST, JST の助成を受けたものです.

参考文献

- [1] Pastor-Satorras, R., Castellano, C., Van Mieghem, P. and Vespignani, A.: Epidemic processes in complex networks, *Rev. Mod. Phys.*, Vol.87, pp.925–979 (2015).
- [2] Fu, X., Small, M. and Chen, G.: *Propagation Dynamics on Complex Networks: Models, Methods and Stability Analysis*, Higher Education Press, Beijing (2014).
- [3] Dorogovtsev, S.N., Goltsev, A.V. and Mendes, J.F.F.: Critical phenomena in complex networks, *Rev. Mod. Phys.*, Vol.80, pp.1275–1335 (2008).
- [4] Barrat, A., Barthélemy, M. and Vespignani, A.: *Dynamical Processes on Complex Networks*, Cambridge University Press, Cambridge (2012).
- [5] Newman, M.E.J.: *Networks: An Introduction*, Oxford University Press, New York (2010).
- [6] Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, Oxford (1991).
- [7] Hethcote, H.W.: *The Mathematics of Infectious Dis-*

- eases, *SIAM Rev.*, Vol.42, pp.599–653 (2000).
- [8] Pastor-Satorras, R. and Vespignani, A.: Epidemic Spreading in Scale-Free Networks, *Phys. Rev. Lett.*, Vol.86, pp.3200–3203 (2001).
- [9] Pastor-Satorras, R. and Vespignani, A.: Epidemic dynamics and endemic states in complex networks, *Phys. Rev. E*, Vol.63, 066117 (2001).
- [10] Morita, S.: Six Susceptible-Infected-Susceptible Models on Scale-free Networks, *Scientific Reports*, Vol.6, 22506 (2016).
- [11] Parshani, R., Carmi, S. and Havlin, S.: Epidemic Threshold for the Susceptible-Infectious-Susceptible Model on Random Networks, *Phys. Rev. Lett.*, Vol.104, 258701 (2010).
- [12] Castellano, C. and Pastor-Satorras, R.: Non-Mean-Field Behavior of the Contact Process on Scale-Free Networks, *Phys. Rev. Lett.*, Vol.96, 03870 (2006).
- [13] Ferreira, S.C., Ferreira, R.S., Castellano, C. and Pastor-Satorras, R.: Quasistationary simulations of the contact process on quenched networks, *Phys. Rev. E*, Vol.84, 066102 (2011).
- [14] Albert, R. and Barabási, A.-L.: Statistical mechanics of complex networks, *Rev. Mod. Phys.*, Vol.74, p.47 (2002).
- [15] Barabási, A.-L. and Albert, R.: Emergence of scaling in random networks, *Science*, Vol.286, pp.509–512 (1999).
- [16] Viger, F. and Latapy, M.: Efficient and Simple Generation of Random Simple Connected Graphs with Prescribed Degree Sequence, *11th Annual International Conference on Computing and Combinatorics, COCOON*, pp.440–449 (2005).
- [17] Klimmt, B. and Yang, Y.: The Enron Corpus: A New Dataset for Email Classification Research, *Machine Learning (ECML 2004)*, pp.217–226 (2004).
- [18] Leskovec, J., Lang, K., Dasgupta, A. and Mahoney, M.: Community Structure in Large Networks: Natural Cluster Sizes and the Absence of Large Well-Defined Clusters, *Internet Mathematics*, Vol.6, pp.29–123 (2009).
- [19] Van Mieghem, P.: *Graph Spectra for Complex Networks*, Cambridge University Press, Cambridge (2011).
- [20] Van Mieghem, P. and Cator, E.: Epidemics in networks with nodal self-infection and the epidemic threshold, *Phys. Rev. E*, Vol.86, 016116 (2012)
- [21] Clauset, A., Shalizi, C.R. and Newman, M.E.J.: Power-law distributions in empirical data, *SIAM Review*, Vol.51, pp.661–703 (2009).



守田 智

1970年生。1992年京都大学理学部卒業。1994年同大学大学院修士課程修了。1997年博士後期課程修了。1997年慶應義塾大学助手。1999年静岡大学助手。2007年同大学助教。2009年同大学講師。2012年同大学准教授。

2016年同大学教授。非線形動力学、複雑ネットワークの研究に従事。日本物理学会、日本応用数理学会、日本数理生物学会各会員。博士（理学）。