

人の行動データによる人間関係の違いに着目した ウイルス伝播シミュレーション

Virus Spread Simulations Focusing on Different Human Relationships Based on
Human Behavior Data

長谷大輔^{1*} 早矢仕晃章¹ 大澤幸生¹

Daisuke Hase, Teruaki Hayashi, and Yukio Ohsawa

¹ 東京大学 大学院工学系研究科 システム創成学専攻

¹ Department of Systems Innovation, School of Engineering, The University of Tokyo

Abstract: Governments have so far responded by implementing regulatory policies such as lockdowns. For unknown events such as virus pandemics, predictions by simulation approach are useful for future decision making. In the situation of the COVID-19 pandemic, it is difficult to make regulations last from an economic standpoint if they are simply made stronger. Therefore, it is necessary to devise a way to effectively control infection with some regulations. In this study, we conducted simulations based on actual behavioral data on a network to identify locations that are likely to cause infection. The novelty of this study is that we focused on the effect of differences in human relationships on infection. The experiments revealed the action with high infection rate from perspective of the number of contacts with others. Also, we revealed not intended meetings is more dangerous in infection spread than intended meetings. The results will be useful for government decision-making and for developing individual action guidelines during a pandemic.

1 研究の背景と目的

COVID-19 を引き起こすウイルスである SARS-CoV-2 は 2019 年に中国の武漢で確認されてから世界的な流行を引き起こした。WHO はこれを受け、2020 年 3 月にパンデミックを宣言し、感染対策のガイドラインを発行した[1]。各国はこれまで、流行を抑えるためにロックダウンなどの接触規制政策を行ってきた。日本政府は、2020 年 4 月 7 日に 7 つの都道府県に対して最初となる緊急事態宣言を発令した。その後も 3 度に渡る緊急事態宣言やまん延防止等重点措置による飲食店の営業規制など国は国民に人の接触を控えるように要請を行ってきた。より感染拡大を抑制可能な政策を実行するには、科学的根拠に基づいた意思決定が望ましい。ウイルスの感染拡大という未知の現象を予測するためには、複数のシナリオを想定し、条件を変更し繰り返し実験を行うことのできるシミュレーションは大変有効であり、今まで幅広く採用されてきた[2, 3]。

感染拡大の予測には従来 SIR モデル(susceptible-infectious-recovered model) [4]という微分方程式を用いた手法が広く用いられてきた[5-7]。SIR モデルでは人を 3 つの状態に分類する。具体的には、感染する可能性のある Susceptible、ウイルスに感染している Infectious、そして免疫を獲得している Recovered の 3 つの状態を想定する (以降 S, I, R とする)。そして、微分方程式に基づいて各時間ステップにおける S, I, R の人数を計算する。しかし、このモデルでは人間関係を均一なもののみとしているため、詳細な人間関係を取り扱うのは難しく、特定の人の感染履歴を追うことが難しい。そこで、人の社会ネットワークを近似したスケールフリーネットワーク(SFN)[8]を用いたネットワークベースのシミュレーションも行われてきた[9-11]。ネットワークベースのシミュレーションでは、頂点が個人、枝が出会う可能性の有無を表しているとみなす。SFN はネットワークの構造指標の一つである次数分布がべき則になっており、この特徴は現実の人間関係のネットワークの持つ構造と類似している。

他の感染伝播を行うシミュレーションで良く用いられる手法として、エージェントベースのシミュレ

*連絡先：東京大学大学院工学系研究科システム創成学専攻
〒113-8654 東京都文京区本郷 7 丁目 3-1
E-mail: daisuke00815@gmail.com

ーションが挙げられる[12, 13]。エージェントベースシミュレーションでは、個人を表すエージェントがあるルールに則り、時間ステップごとに行動を起こす。その行動の結果として接触した感染者の数などに基づいて感染率が定義され、エージェントからエージェントに感染が広がっていく様子をシミュレーションする。

本研究の目的は、ネットワークベースとエージェントベースのシミュレーションの考えを基本とした実験により、人同士の関係性による感染への影響を明らかにすることである。今回は約束をして会う「知っている人」と、行動した先で偶然出会う「知らない人」との二種類の人同士の接触について比較を行う。このような二種類の間関係性を扱った感染伝播シミュレーションの研究には[14]がある。[14]では、SFNの生成過程で主体的に伸ばした m_0 本の枝が、意図して出会う関係、逆に相手の頂点から伸ばされた枝は意図せず出会う関係として扱われている。[14]においては、SFNが生成されるにあたって1つのノードが最大で繋がる頂点の数 W という制約を与える。 W が増えると感染者数が増加するのに対し、 m_0 は必ずしも感染者数の増加に寄与しない。これは意図せず会う関係が増えるほど感染者数が増えるということである。他にも[15]では、コミュニティ構造を持つネットワークを用いて、コミュニティ内の感染よりコミュニティ外の感染が伝染病の拡大に与える影響が大きいことが示されている。これらの研究では、意図せず会う関係も意図して会う関係も固定されたネットワークを定義しているが、現実には意図せず会う人というのは毎日変化するものである。そこで本研究では、SFNを用いて表現した社会ネットワーク上の頂点を個人とみなし、個人が約束をして出会う「知っている人」をネットワーク上の隣接している頂点から選び、行動先で偶然会う「知らない人」をその場所によく訪れる頂点から選び出会った人同士での感染を行うことで、より現実に近い接触パターンを実現し、それらの接触が感染に及ぼす影響を考察する。

本稿では2章で本研究で用いるデータと手法について説明を行う。3章ではパラメタ設定と実験方法について述べ、4章で実験の考察を行う。5章では本研究の結論と今後の展望について述べる。

2 人間関係に着目した感染伝播シミュレーション

本章では2.1で用いるデータを説明したあと2.2で用いるネットワークの生成方法、2.3でシミュレーシ

ョンのアルゴリズムについて説明を行う。提案手法のフローチャートを図1に表す。

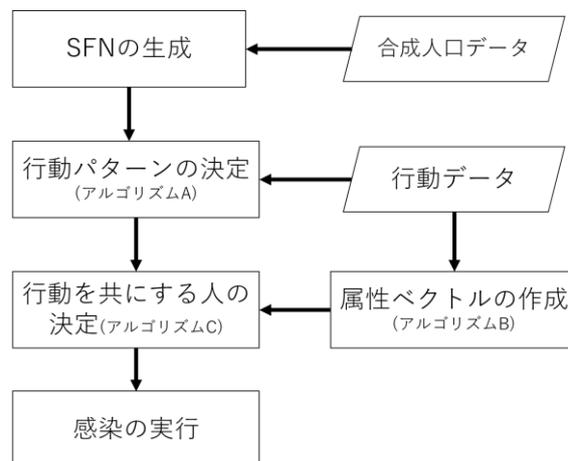


図1.提案手法のフローチャート

2.1 用いるデータ

本研究で用いるデータは主に二つある。1つは村田らが作成した合成人口データである[16]。人口合成手法という利用可能な統計情報に基づいて具体的な個人の属性(性別や家族構成、年齢など)を再構築する手法によって生成されたデータである。これを用いることで現実の人口に近い集団のデータを詳細な個人の属性情報とともに得ることが可能である。今回は合成人口データのうち、東京都千代田区のデータを用いる。今回使うデータには53,673件の個人のデータが含まれ、それぞれ属性情報を持っている。今回は属性情報のうち、誰と家族か、年齢、性別を利用する。

もう一つのデータは人の行動データである(以降、行動データと呼ぶ)。このデータは元々モノを介した人の接触を明らかにするために収集されたデータに含まれるデータから切り出したものである[17]。行動データは東京都、神奈川県在住の20-70歳の男女1,288人からアンケートによって収集された、一日の行動内容を含むデータである。データは2020年の12月3日(木)~12月7日(月)に収集された。このアンケートでは6:00-24:00の時間が2時間ごとに9つの時間帯に分けられ、それぞれの時間帯にどのような行動を行ったかが回答されている。行動には表1に示す15種類と、その他が含まれる。また、今後行動内容を行動3などと数字で表した場合は表1のIDを指すものとする(行動3は勤め先のオフィスに行く)。

表 1.行動データに含まれる行動内容と ID

ID	行動先
1	学校に行く
2	仕事に行く(自社のオフィス)
3	勤め先の別オフィスや取引先に行く
4	病院に行く
5	ジム・フィットネス・スポーツクラブに行く
6	飲食店に行く(レストラン、カフェなど)
7	居酒屋などに行く(居酒屋・バーなど)
8	劇場・映画館・美術館・博物館・水族館へ行く
9	スーパー・コンビニ・ドラッグストア・ディスカウントショップへ行く
10	複合大型店(デパート・ショッピングモール・ショッピングセンター)へ行く
11	テーマパーク(遊園地、動物園等)へ行く
12	宿泊施設に泊まる(旅館、ホテルなど)
13	電車に乗る
14	バスに乗る
15	タクシーに乗る

データはそれぞれの行動時に、接触した人(1.8m 以内かつ 5 分以上)の人数が何人だったかを含み、うち何人が予定して会う人(以降、予定して会う人とする)であったか、うち何人が偶然出会った人(以降、偶然会う人とする)であったかという情報も含む。

2.2 ネットワークの生成

本研究では、実際の社会ネットワークと近い次数分布を持つといわれている SFN を用いる。SFN はまず 1 つの頂点から始まる。そこへ新たな頂点を次々と追加していき、優先的選択というルールに基づいて既存のネットワークと枝でつなぐという手順で生成される。ここで頂点集合を V 、枝集合を E とする。グラフ全体を $G := \{V, E\}$ とする。まず、SFN の生成に重要な優先的選択について説明を行う。ネットワークに新たに追加された頂点は、既存のネットワークのうちどの頂点と枝で繋がるかを選択する。ここでネットワーク上の頂点を v_i と表すと、頂点 v_i が選ばれる確率は次式 (1) で表される。

$$R(i) = \frac{\deg(v_i)}{\sum_{v_i \in V} \deg(v_i)} \quad (1)$$

ここで $\deg(v_i)$ は頂点 v_i の次数 (頂点につながっている他の頂点の数) を表す。つまり優先的選択では次数の高い頂点が優先して新しい頂点と繋がっていくことを表す。

今回は、SFN 上の頂点を個人、枝を人間関係とみ

なす。ここでの人間関係とは「互いに約束をして会う可能性のある人、もしくは共に暮らす家族」と定義する。さらに今回は SFN 上の頂点に合成人口データに基づいた属性情報を付与する。さらに、人間関係を表す枝にはその 2 人の親しさを表す親密度を、割り当てる。今回は、仲の良い人ほど人間関係全体での割合は少なくなると仮定し、親密度を指数分布によって割り当てた。

ネットワークを生成する手順を以下に示す。頂点にはそれぞれ属性情報として「年齢、性別」が割り当てられる。また、枝には属性情報として「関係性 (=家族又は知り合い)、親密度」が割り当てられる。SFN の生成は以下の手順で行われる。

(1) 合成人口データからランダムに一世帯選び、完全グラフとして空の G に追加する。頂点にはそれぞれ合成人口データに基づいた属性情報が割り当てられ、枝の関係性は「家族」に設定する。まずは頂点の数が m 個以上になるまで世帯を追加していく。

(2) (1) と同じように世帯を追加し、今度は既存のネットワーク上の頂点を m 個選び、世帯を構成する頂点と枝で繋ぐ。1 つの頂点につき m 個の頂点と枝で繋がるので、「世帯の構成員の数 $\times m$ 」の枝が追加されることになる。この枝の関係性は「知り合い」に設定され、親密度は確率分布が式 (2) で表される指数関数によってランダムに選択される。ここで β は指数分布のパラメタである。

$$f(x) = \begin{cases} \frac{1}{\beta} e^{-\frac{1}{\beta}x} & (x \geq 0) \\ 0 & (x < 0) \end{cases} \quad (2)$$

(3) (2) を頂点の合計数が n 個以上になるまで繰り返し行う。

2.3 感染伝播シミュレーション

本節では 2.1 で説明した行動データと 2.2 で生成した SFN を用いた本研究の感染伝播シミュレーションのアルゴリズムを説明する。

今回はネットワーク上の頂点は SIR モデルのように S、I、R の 3 つの状態を遷移する。それぞれの状態は以下のようなものである。

- Susceptible(状態 S と表す)
健康な状態。最初は全ての人間が状態 S であり、状態 I の頂点と共に行動をすると一定の確率で状態 I に遷移する (=ウイルスに感染する)。
- Infectious(状態 I と表す)
ウイルスに感染した状態。一定の確率で共に行動した状態 S の頂点に感染させる。
- Recovered(状態 R と表す)

感染してから 12 日経過すると免疫保持者になり、その後、状態は変化しない。尚、12 日という感染力をもつ平均日数は[19]をもとに決定した。

本手法では、タイムステップごとにそれぞれの頂点は行動データに基づいて行う行動を選択する（こうして選ばれた行動群を行動パターンということにする）。以下で表される行動パターン決定のアルゴリズムをアルゴリズム A とする。

・アルゴリズム A

(1) まず行動が行われるかどうかを外出率 r に基づいてランダムに決定される。行動が行われない場合は頂点は 24 時間家にいることになる。今回、外出率は[20]の東京の平常時の外出率を基に平日 60%、休日 50%に設定した。

(2) 頂点の属性情報と行動データに含まれる 1,288 人の被験者の属性情報の近さをそれぞれコサイン類似度によって求める。

(3) コサイン類似度の高かった上位 50 人を抽出し、そこからコサイン類似度で重み付けをしたうえでランダムに 1 人選ぶ。

(4) 選ばれた被験者の行動をその日の 6:00-24:00 の行動パターンとして用いる。0:00-6:00 の間は家にいると仮定し、24 時間の行動パターンが決定される。

ここで行動先と頂点について属性ベクトルを生成する。行動先の属性ベクトルは、その行動先に訪れやすい人の属性情報を表現したベクトルであり、頂点ベクトルはその頂点の持つ属性情報を 1 つのベクトルにまとめたものである。今回は属性情報として性別(男女の 2 種類)、年齢 (20-79 歳を 5 歳ごとに分けた 12 種類に 19 歳以下と 80 歳以上の 2 種類を加えた 14 種類)、家族構成(1 人~8 人の 8 種類)を用い、属性ベクトルはそれらを連結させた大きさ 24 のベクトルとなる。ある行動先の属性ベクトルと頂点の属性ベクトルは次のアルゴリズム B によってに計算される。

・アルゴリズム B

<行動先の属性ベクトル>

(1) 要素が全て 0 に初期化された大きさ 24 の属性ベクトルを用意する。

(2) 該当する行動を行うある属性の被験者の数を該当する行動を行う被験者の人数で割った割合を性別・年齢・家族構成それぞれについて計算し、属性ベクトルに代入する。

(3) 属性ベクトルが合計 1 になるように正規化を行う。

<頂点の属性ベクトル>

(1) 要素が全て 0 に初期化された大きさ 24 の属性ベクトルを用意する。

(2) 該当する頂点の属性と当てはまる要素には 1 を代入する。

(3) 属性ベクトルが合計 1 になるように正規化を行う。

次に行動パターンが決まった人は、行動種類につき、共に行動する予定して会う n' 人と偶然会う n 人を決定するが、それは次のアルゴリズム C によって決定される。

・アルゴリズム C

(1) n' と n の値は行動データの中で該当する行動を行った場合の予定して会う人と偶然会った人の人数の平均を用いる。

(2) 予定して会う n' 人はネットワークで隣接している、関係性が「家族」ではない人の中からランダムで選ぶ。その際、二人の親密度によって重みづけされた確率で選ばれる。

(3) 次に行動先で偶然会う頂点 n 人は、ネットワーク全体からランダムで選択される。その際、アルゴリズム B によって求めた行動先の属性ベクトルと頂点の属性ベクトルのコサイン類似度によって重みづけされる。つまり、その行動先に良く訪れる頂点が偶然会う人として優先的に選ばれることになる。

以上のアルゴリズムを用いてシミュレーションは以下のように実行される。

<シミュレーションの手順>

(1) ランダムに頂点を選び、状態 I にする。

(2) 行動済みでないランダムに頂点 v_i を一つ選び、アルゴリズム A によって行動パターンを決定する。

(3) アルゴリズム C によって共に行動する予定して会う人 n' 人と偶然会う人 n 人を頂点の中から選ぶ。

(4) v_i と選ばれた予定して会う人、偶然会う人の中で状態 S の人はそれぞれ次の確率 P で感染し、状態 I に遷移する。

$$P = (1 - (1 - \alpha)^{\theta u t})$$

ここで、 α は基本感染率、 u は共に行動した人の中の状態 I である頂点の数、 t は行動を行った時間($t=1$ の時 2 時間)、 θ は共に行動した感染者の数 u 影響を調整するパラメータ、 η は行動時間 t の影響を調整するパラメータである。

また、今回共に行動したノード全てを行動済に設定する。

(5) すべてのノードが行動済になるまで (2) ~ (4) を繰り返す。

(6) 日付を更新し、全員未行動に設定。12日たった状態 I の頂点を状態 R に遷移させ、(2) に戻る。
 (7) 感染者数が 0 人になったら終了。
 以上の手順を今後「感染伝播シミュレーション」と呼ぶことにする。

3 実験内容

本章では、2 章で説明した手法を用いた実験の手順について説明する。3.1 では本研究のパラメタ設定について説明した後、3.2 では規制をかけずに行うシミュレーションの実験手順(実験 A)について、3.3 では人間関係ごとに接触に規制をかける実験(実験 B)について説明を行う。

3.1 パラメタ設定と行動内容

本研究で行う実験におけるパラメタ設定について表 2 にまとめる。

表 2. 本研究におけるパラメタ設定

パラメタ	意味	設定理由
$m = 6$	SFN 生成の際に 1 つの頂点が伸ばす枝の数	仮定
$n = 1000$	SFN の頂点の数	計算時間が 1 回につき 10 分程度で終わるように調整
$\beta = 0.5$	親密度設定の際の指数分布のパラメタ	仮定
$\alpha = 0.015$	2 時間共に行動した際の感染確率	後述
$\theta = 1.0$	共に行動した感染者数が感染率にどのくらい影響するか	感染者と 1 人ずつ会った時と感染率は同じと仮定し、1.0 に設定
$\eta = 1.0$	行動時間が感染率にどのくらい影響するか	α を 2 時間共に行動した際の感染確率とすることで 1.0 と設定

α については、Sars-Cov2 の基本再生産数が[21]において 2.5 と推定されており、今回は基本再生産数とその値に近くなるような値を選ぶことにす

る。 α を 0.005 から 0.020 に刻み幅 0.005 で変化させた際の基本再生産数を図 2 に表す。

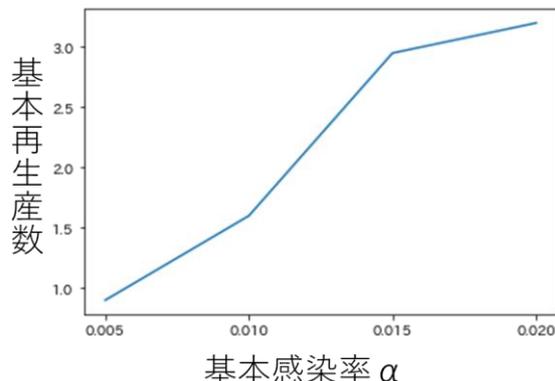


図 2. 基本感染率 α を変化させた際の基本再生産数の変化

今回基本再生産数は 2.3 の手法で感染伝播シミュレーションを 20 回実行し、最初の感染者数が合計何人にウイルスを感染させたかの平均によって求めた。図 2 より基本再生産数が 2.5 に一番近くなったのは $\alpha=0.015$ の時なので、本研究では今後 α はこの値に設定する。

3.2 実験 A

実験 A の目的は次の二点である。一つ目は、人が訪れる場所のうち、感染リスクが高いのはどこなのか感染伝播シミュレーションによって明らかにすること。もう一つは様々な属性をもつ人のうち、属性ごとの感染場所や感染リスクがどのように違うのかを感染伝播シミュレーションによって明らかにすることである。以下に実験の方法とシミュレーションによって収集するデータから考察する内容を示す。

<方法>

2.3 の感染伝播シミュレーションを 20 回実行する。パラメタ設定は 3.1 の表 2 の通りとする。

<考察する内容>

感染が発生した場所、それぞれの場所に状態 S の人が訪れた時に感染が起こった確率を起こした回数をシミュレーション 1 回ごとに記録し、その平均をとって、感染リスクの高い場所について考察する。

3.3 実験 B

実験 B の目的は、予定して出会う「知っている人」と行動先で偶然出会う「知らない人」との接触にそれぞれ規制をかけることで感染への影響にどの程度差が表れるかを調べることである。そ

のために知っている人・知らない人の接触人数に規制をかける感染伝播シミュレーションを行う。実験方法と得ようとする結果を以下に示す。

<実験方法>

以下の条件で 2.3 の感染伝播シミュレーションを 20 回行う。

1. 知ってる人と会う人数を 75%、50%にそれぞれ規制する。
2. 知らない人と会う人数を 75%、50%にそれぞれ規制する。

<考察する内容>

知っている人と知らない人をそれぞれ規制したときにどちらを規制するのが有効か考察を行う。さらに、2 つの人間関係の間で、どの場所での感染を抑制できたかについても考察を行う。

4 結果と考察

ここでは、3 章の実験から得られた結果について用いたデータと比較しながら考察を行っていく。

4.1 データに基づいたシミュレーションによる感染経路の考察

実験 A の結果を図 3、図 4 に示す。まずは図 3 は行動内容によって感染発生の割合にどのような差が現れるか示したものである。図 3 の凡例「シミュレーションでの感染発生割合」はシミュレーションにおいてそれぞれの行動によってどのくらい感染が発生したかの頻度を全体の感染発生で割った割合を表す。また、図 3 の凡例「データ上での行動割合」は、行動データの 1,288 件の行動パターンの中での行動の数を全体の行動の総計で割ったものである。図 4 はシミュレーション内で状態 S の人がそれぞれの行動先でウイルスに感染した確率を示す。図 5 は行動データ中で各行動先に行った際に何人と出会うか、またそのうち知っている人の人数の平均をとったデータを表す。これはシミュレーション内で出会う人の人数に対応している。

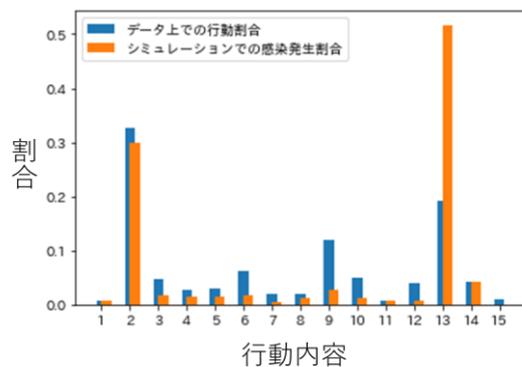


図 3.行動ごとの感染発生の発生割合

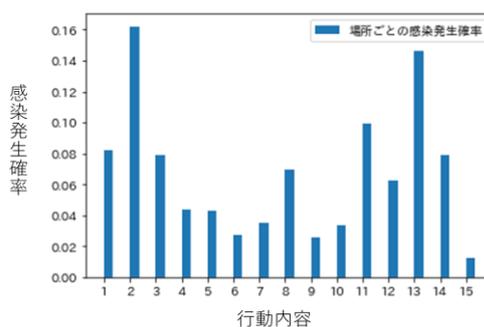


図 4.行動内容ごとの感染発生確率

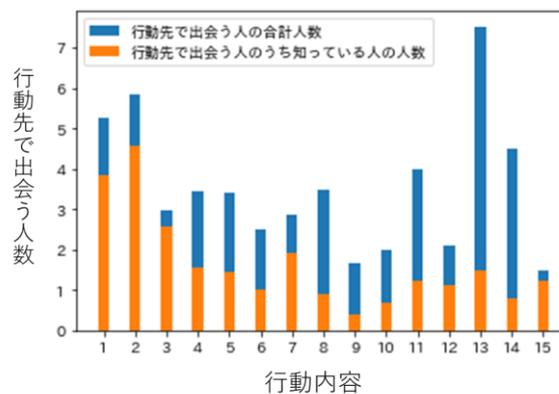


図 5.行動先で出会う人の人数

表 3.感染発生確率と行動先で出会う人数の相関係数(決定係数)

	合計で出会う人数	知っている人と出会う人数	知らない人と出会う人数
感染発生確率との相関係数	0.89 (0.79)	0.58(0.34)	0.54(0.29)

図 3、図 4 を見ると、感染発生割合・感染発生確率ともに「2:仕事に行く(自社のオフィス)」と「13:電車に乗る」での感染が多いことがわかる。特に行動 13 はデータ内の行動割合に比べても感染発生は多い。また、図 3 から「6: 飲食店に行く (レストラン、カフェなど)」や「9: スーパー・コンビニ・ドラッグストア・ディスカウントショップへ行く」は行動データ内の割合よりも感染発生割合が少ないことも見て取れる。

本研究のシミュレーションにおいて、行動内容によって変化するのは主に・行動先で出会う人数と・行動先に訪れやすい属性が違うという二点である。特に感染に直接関係するのは行動先で出会う人数だと考える。図 5 を見ると、行動 2 と 13 は行動先で出会う人数が多く、逆に 6 や 9 は比較的行動人数が少なくなっていることが分かるが、これは、行動 2,13 や行動 6,9 においてデータ上の行動割合と感染発生割合に差が生じたことに対応している。実際、行動内容ごとの感染発生確率と行動内容ごとに出会う人の人数との間で相関係数と決定定数を求めた(表 3)。表 3 を見ると、行動先で合計で出会う人数と感染が発生する確率の相関係数が高いとわかる。よって、本シミュレーションによって得られた感染発生確率は行動データ内の行動先で出会う人数を反映させたものだといえる。以上の結果から、電車内とオフィスでは出会う人が多いのでより優先して感染対策を行う必要があると言える。

一方で、逆にレストランやスーパーなどの出会う人数が少ない場所は感染確率が低くなっているため感染対策の優先度が低いというわけではない。何故なら、ここでの出会う人数は 2020 年の 12 月にとられた行動データによるものであり、コロナ禍の中、国民が出会う人を少なくするように努力した結果、行動人数が少なくなっている可能性がある。よってこの結果から言える結論は、現状で出会う人数が多くなってしまっているオフィスや電車での感染対策・出会う人数を減らす方法を考える必要があるということ、そして現在、出会う人数を減らしているスーパーやレストランでは引き続き出会う人数が少なくなるような規制を設ける、または維持する必要があるということである。特に、電車での感染は飛沫シミュレーションでも感染リスクが高い事が報告されており[22]、他できるだけ乗客同士が離れるように徹底するがあるだろう。次項では、人間関係による感染への影響の違いについてさらに考察するために実験 B についての考察を行う。

4.2 人間関係の違いによる感染への影響の考察

本節では人間関係の違い、つまり、予定して出会う「知っている人」と行動先で偶然出会う「知らない人」との間で感染にどのような違いが現れるのかを考察する。図 6 及び 7 に実験 B の結果を表す。図 6 は「知っている人」と「知らない人」との接触をそれぞれ 75%、50%にした場合の合計感染者数の変化を示している。図 6 より、知っている人の感染との感染を減らした場合より、知らない人との感染を減らした場合の方がより感染者の合計を少なくできることが分かる。さらに図 7 は 50%の規制をかけた際に元の感染者数からどれくらい変動があったのかを行動内容ごとに示している。これを見ると「知らない人」との接触の低下が実験 A で感染の多かった電車での感染を半分程度に抑えられていることが感染数低下の一因になったと考えられる。また、他にも「知らない人」との接触を抑えることで、感染者数をより高い割合で減らせたのは、スーパーやテーマパーク、バスでの感染であった。また図 7 からオフィスでは予定して会う人が多く、予定して会う人を減らすのが効果的であったといえる。

表 4 はシミュレーション内で人間関係ごとに述べ何回接触があったかを表している。ここで、のべ接触回数は「(行動時間(2 時間=1 単位))×(行動を共にする人数の合計)」で求められる。こののべ接触回数を実験 A の 20 回について平均をとったものが表 4 の値になる。この表 4 と図 6 から、知っている人との接触ののべ接触回数が多いのにも関わらず、知っている人との接触を減らした方が感染者数を少なくすることができるということが分かる。よって人間関係のネットワーク上では離れた不特定多数の人との接触がネットワークで隣同士の知り合いとの接触より感染拡大への寄与が大きいといえる。[23]ではネットワークの決まった構造が感染を遅くしていると報告されており、ネットワークの構造を超えた「知らない人」との接触が感染拡大により強く寄与する今回の結果と合致しているといえる。

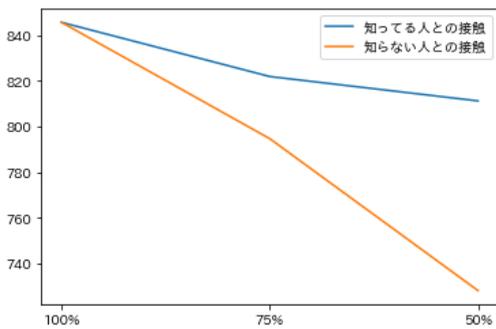


図 6. 人間関係ごとに規制をかけた際の合計感染者数の変化

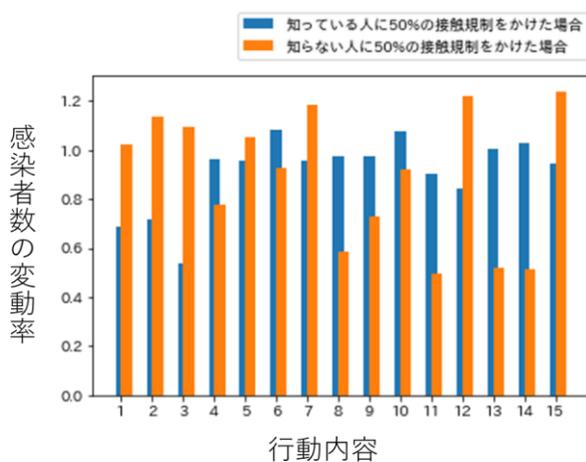


図 7. 規制をかけた際の行動内容ごとの感染者数の変動率

表 4. 人間関係ごとののべ接触回数の平均

	知っている人	知らない人
のべ接触回数	1.52×10^6	1.48×10^6

5 結論と今後の展望

本研究では実データを取り入れたネットワークベースシミュレーションを行い、行動内容と人間関係を考慮したウイルス伝播について考察をした。実験 A では行動内容ごとの感染の危険性について調べた。結果として知らない人と多く出会う電車での感染や行動回数と会う人数の多いオフィスでの感染発生が多いことが分かった。このような感染リスクの高い場所から優先して感染対策を進めていくべきである。

実験 B では、約束して出会う「知っている人」とその場所で偶然出会う「知らない人」との感染リスクの違いについて比較を行った。結果として、

人間関係のネットワークを超えた不特定多数の人と出会う「知らない人」との感染のリスクが高いことが分かった。また、「知らない人」との接触を規制することで、スーパーやテーマパーク、電車やバスなどの公共交通機関での感染を減らせることが分かった。よって、これらの「知らない人」との接触が多い場所では訪れたグループ同士での接触ができるだけ少なくなるように対策を進めていくべきであると考えられる。今回得られた結果は、出かける際に「知らない人」との接触、つまり人ごみを避けることを呼びかけることの科学的根拠となるだろう。

本研究は、行動先で出会う人に着目して実験を行ったため、出会う際のマスク有無や食べ物の共有の有無など、その場所での振る舞いによる感染リスクは考慮していない。そのため、飲食店や居酒屋での感染確率は実際よりも低く見積もられている可能性がある。さらに行動データ中には、19 歳以下の行動データが含まれていないことから、学校に行くなどの未成年の行動について過小評価されている可能性が高い。今後、マスク装着率による感染率の調整や 19 歳以下の行動データを別途用意して取り入れた実験により、実際の感染リスクに近い行動内容の比較が行えるだろう。また、今回は合成人口データを千代田区のデータに固定して用いた。今後、居住区を変化させることで区による行動内容と感染リスクの比較を行うこともできるだろう。

謝辞

- ・この研究は内閣官房に資金援助、科学的コミュニケーションの両面から援助をいただきました。
- ・本研究は JSP 科研費 20K20482 の助成を受けたものです。
- ・株式会社トラストアーキテクチャの皆様には科学的なコミュニケーションを通して興味深い示唆をいただきました。ありがとうございます。
- ・この研究で用いた合成人口データは村田忠彦先生から提供いただきました。ここに感謝の意を表します。

参考文献

- [1] World Health Organization. Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it. [Cited 2021 July 25]. Available from: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming->

the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it

- [2] Gumel AB, Iboi EA, Ngonghala CN, Elbasha EH. (2021). A primer on using mathematics to understand COVID-19 dynamics: Modeling, analysis and simulations. *Infect Dis Modell.* 2021;6: 148-168. doi: 10.1016/j.idm.2020.11.005.
- [3] Kopec, J. A., Finès, P., Manuel, D. G., Buckeridge, D. L., Flanagan, W. M., Oderkirk, J., & Wolfson, M. C. (2010). Validation of population-based disease simulation models: a review of concepts and methods. *BMC public health*, 10(1), 1-13. doi: <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-710>
- [4] Kermack, WO, & McKendrick, AG. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of London. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character.* 1927;115(772): 700-721. doi: 10.1098/rspa.1927.0118.
- [5] Calafiore, G. C., Novara, C., & Possieri, C. (2020, December). A modified SIR model for the COVID-19 contagion in Italy. In *2020 59th IEEE Conference on Decision and Control (CDC)* (pp. 3889-3894). IEEE. doi: 10.1109/CDC42340.2020.9304142.
- [6] Carcione, J. M., Santos, J. E., Bagaini, C., & Ba, J. (2020). A simulation of a COVID-19 epidemic based on a deterministic SEIR model. *Frontiers in public health*, 8, 230. doi: 10.3389/fpubh.2020.00230
- [7] Kudryashov, N. A., Chmykhov, M. A., & Vigdorowitsch, M. (2021). Analytical features of the SIR model and their applications to COVID-19. *Applied Mathematical Modelling*, 90, 466-473. doi: 10.1016/j.apm.2020.08.057
- [8] Barabási AL, Albert R. Emergence of scaling in random networks. *Science.* 1999;286(5439): 509-512. doi: 10.1126/science.286.5439.509.
- [9] Afshar-Nadjafi, B., & Niaki, S. T. A. (2021). Seesaw scenarios of lockdown for COVID-19 pandemic: simulation and failure analysis. *Sustainable Cities and Society*, 103108. doi: 10.1016/j.scs.2021.103108
- [10] Zaplotnik, Ž., Gavrić, A., & Medic, L. (2020). Simulation of the COVID-19 epidemic on the social network of Slovenia: Estimating the intrinsic forecast uncertainty. *PloS one*, 15(8), e0238090. doi: 10.1371/journal.pone.0238090
- [11] Galiceanu, M., Mendes, C. F., M. Maciel, C., & Beims, M. W. (2021). Mechanisms to decrease the diseases spreading on generalized scale-free networks. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 31(3), 033131. doi: 10.1063/5.0038631
- [12] Cuevas, E. (2020). An agent-based model to evaluate the COVID-19 transmission risks in facilities. *Computers in biology and medicine*, 121, 103827. doi: 10.1016/j.compbiomed.2020.103827
- [13] Kerr, C. C., Stuart, R. M., Mistry, D., Abeysuriya, R. G., Rosenfeld, K., Hart, G. R., ... & Klein, D. J. (2021). Covasim: an agent-based model of COVID-19 dynamics and interventions. *PLOS Computational Biology*, 17(7), e1009149. doi: 10.1371/journal.pcbi.1009149
- [14] Ohsawa Y, Tsubokura M. Stay with your community: Bridges between clusters trigger expansion of COVID-19. *PLoS One.* 2020;15(12): e0242766. doi: 10.1371/journal.pone.0242766.
- [15] Chu, X., Guan, J., Zhang, Z., & Zhou, S. (2009). Epidemic spreading in weighted scale-free networks with community structure. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment*, 2009(07), P07043.
- [16] T. Murata, T. Harada, D. Masui, Comparing Transition Procedures in Modified Simulated-Annealing-Based Synthetic Reconstruction Method without Samples, *SICE Journal of Control, Measurement, and System Integration*, vol.10, issue 6, pp.513-519, 2017 <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.9746/jcmsi.10.513>
- [17] T. Hayashi and Y. Ohsawa, "Externalization of Unexplored Data with Data Origination: Case Analysis of Person-to-Object Contact Data during COVID-19 Pandemic," *Book Series: Intelligent Systems Reference Library, Living Beyond Data*, Springer-Verlag, Germany, 2022 (in press).
- [18] Tian S, Hu N, Lou J, Chen K, Kang X, Xiang Z, et al. Characteristics of COVID-19 infection in Beijing. *J Infect.* 2020;80(4): 401-406. doi: 10.1016/j.jinf.2020.02.018.
- [19] Tian S, Hu N, Lou J, Chen K, Kang X, Xiang Z, et al. Characteristics of COVID-19 infection in Beijing. *J Infect.* 2020;80(4): 401-406. doi: 10.1016/j.jinf.2020.02.018.
- [20] 人流ビッグデータ×AI で見る新型コロナ

ウイルスの影響：緊急事態宣言（4/7）による「外出自粛」への影響調査

<https://www.unerry.co.jp/news/%E3%80%90%E4%BA%BA%E6%B5%81%E3%83%93%E3%83%83%E3%82%B0%E3%83%87%E3%83%BC%E3%82%BFxai%E3%81%A7%E8%A6%8B%E3%82%8B%E6%96%B0%E5%9E%8B%E3%82%B3%E3%83%AD%E3%83%8A%E3%82%A6%E3%82%A4%E3%83%AB%E3%82%B9-3/> (2021年11月11日に最終閲覧)

- [21] D'Arienzo M, Coniglio A. Assessment of the SARS-CoV-2 basic reproduction number, R_0 , based on the early phase of COVID-19 outbreak in Italy. *Biosaf Health*. 2020;2(2): 57-59. doi: 10.1016/j.bsheal.2020.03.004.
- [22] Hu, M., Lin, H., Wang, J., Xu, C., Tatem, A. J., Meng, B., ... & Lai, S. (2021). Risk of coronavirus disease 2019 transmission in train passengers: an epidemiological and modeling study. *Clinical Infectious Diseases*, 72(4), 604-610. Doi: 10.1093/cid/ciaa1057
- [23] Karsai, M., Kivelä, M., Pan, R. K., Kaski, K., Kertész, J., Barabási, A. L., & Saramäki, J. (2011). Small but slow world: How network topology and burstiness slow down spreading. *Physical Review E*, 83(2), 025102. doi: 10.1103/PhysRevE.83.025102