

2022 年度修士論文

Master Thesis, 2022

ランダムな点過程上の
連続パーコレーションと感染症ダイナミクス

Continuum Percolation and Epidemic Dynamics
on Random Point Processes

2023年2月27日

中央大学大学院理工学研究科物理学専攻

博士課程前期課程2年

Department of Physics, Graduate School of Science
and Engineering, Chuo University

赤池誠

Makoto Akaike

概要

先行研究 [1], [2] では, ポアソン点過程 (PPP) とジニブル点過程 (GPP) 上にそれぞれ連続パーコレーションを定義し, その最大パーコレーション・クラスターの上で SIR モデル感染シミュレーションを行った. PPP を無秩序に配置された人の集団とし, GPP をソーシャルディスタンスをとなる人の集団とみなすことで, 感染現象の違いについて研究した. 感染率が比較的に小さい場合には GPP を基にした SIR モデルの方が感染が抑制され, 一方で感染率が比較的に大きい場合は PPP を基にした SIR モデルの方が感染が抑制されることが見出された. これを感染における逆転現象とよぶ.

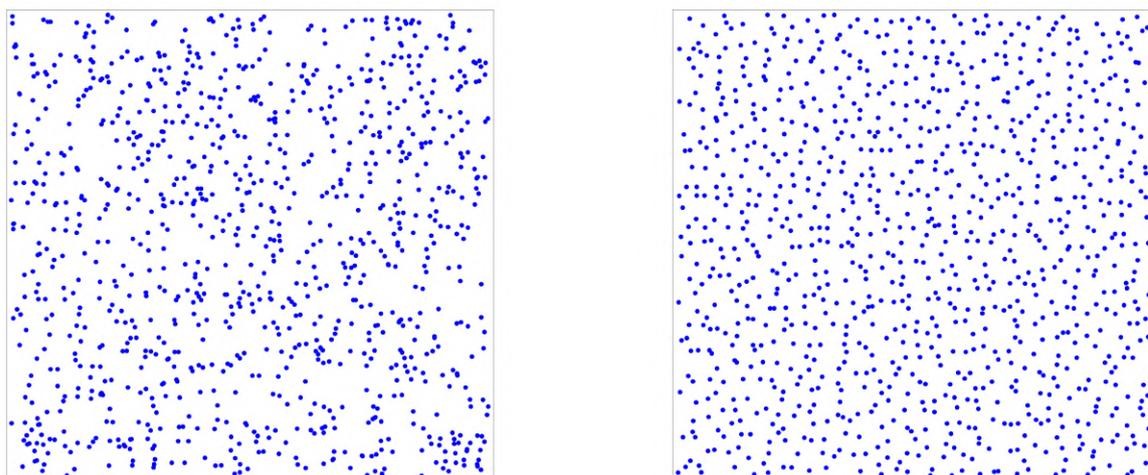
本研究では, 感染のはじまりとなる点の次数に着目し, 感染率と累計感染者数の特徴や感染における逆転現象について調べることを目的とした. 感染のはじまりとなる点の次数によって感染プロセスの振舞いが異なり, PPP 連続パーコレーション・クラスターと GPP 連続パーコレーション・クラスターの次数分布の違いを考慮することにより, 感染における逆転現象を説明することができた. さらに, PPP と GPP の連続パーコレーション・クラスターのネットワーク分析を行うことで, 構造の違いと感染現象について研究した.

目次

1	Introduction	3
2	$\kappa = 1.3$ の連続パーコレーション・クラスター上の SIR モデル感染シミュレーション	8
2.1	$\kappa = 1.3$ における連続パーコレーション・クラスターの次数分布	8
2.2	$\kappa = 1.3$ の次数別平均の累計感染者数の回帰分析	9
2.3	$\kappa = 1.3$ での感染における逆転現象	10
3	κ を変えたときの SIR モデル感染シミュレーション	12
3.1	κ を変えたときの次数分布	12
3.2	κ を変えたときの次数別平均の累計感染者数の回帰分析	13
3.3	シミュレーションして得られた値による感染における逆転現象	22
3.4	次数別の回帰分析による感染における逆転現象	25
4	PPP と GPP のネットワーク分析	28
4.1	ネットワークの可視化	28
4.2	ネットワークの中心性	30
4.3	ネットワークの探索	32
5	まとめ	35

1 Introduction

先行研究 [1], [2] について簡単にまとめる. 先行研究では, ポアソン点過程 (PPP) とジニブル点過程 (GPP) の上で定義された連続パーコレーション上での SIR モデルを定義し, PPP と GPP での感染における逆転現象について議論している.



(a) PPP

(b) GPP

図 1: 1000 個の点があるときの PPP と GPP

まず, 感染症モデルシミュレーションを行う 2 つの点過程を定義する. 点過程とは, 確率によって得られるランダムな点の集合のことである. 図 1 がポアソン点過程 (PPP) とジニブル点過程 (GPP) である. 2 つの点過程の特徴として, PPP は点同士に相関がないので一様分布である点過程であり, 一方で GPP は点同士に反発の相関があるので疎密のない点過程である.

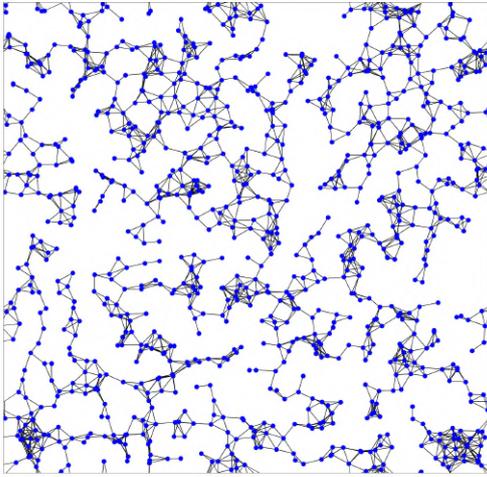
ここで $N \in \{1, 2, \dots\}$ とおく. PPP の生成は, 2 次元平面上の単位正方形 $[0, 1]^2$ において一様乱数を与えることによって N 個の点の PPP を得ている. この PPP は密度 $\rho_N^{\text{PPP}} = N$ の点過程 Ξ_N^{PPP} である. GPP の生成は, 行列の要素である複素数の実部と虚部が独立同分布の実標準ガウス確率変数である $2N \times 2N$ のランダム行列を考える. このランダム行列の固有値を計算すると $2N$ 個の複素数の固有値を得ることができ, 複素数平面 \mathbb{C} 上にプロットできる. 得られた固有値の実部を x 座標, 虚部を y 座標とすると, 円則によって原点を中心とし半径 $\sqrt{2N}$ の中に分布した点過程を確認できる. さらに, 中心の $\sqrt{\pi N} \times \sqrt{\pi N}$ の四角形を $1/\sqrt{\pi N}$ でスケールチェンジすることで, 2 次元平面上の単位正方形 $[0, 1]^2$ で GPP を生成している. この GPP は密度 $\rho_N^{\text{GPP}} = N$ である点過程 Ξ_N^{GPP} である.

図 1 の点過程 Ξ_N^{PPP} と Ξ_N^{GPP} に対して, 連続パーコレーション・モデルを考える. 点過程

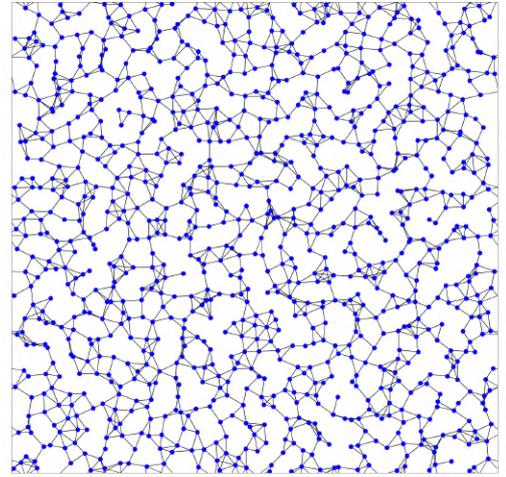
$\Xi_N^\#$ ($\# = \text{PPP}$ または GPP) に含まれる点 x を中心にして半径 r である円盤を準備する. このとき, 円盤同士が重なった際に点同士を繋げる, すなわち点同士の距離が $2r$ 以下であれば点を繋げる. この繋がった点同士を隣り合う点と考え, SIR モデル感染シミュレーションでは繋がった点同士で感染が起こると考える. 連続パーコレーション・モデルでは, 密度 ρ , 円盤の面積 $a = \pi r^2$ とおき

$$\kappa := \rho a = \rho \pi r^2 \quad (1.1)$$

を定義し, これを充填率とよぶ.



(a) PPP



(b) GPP

図 2: 図 1 の 2 つの点過程における $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーション

図 2 は, 図 1 の $\kappa = 1.3$ における連続パーコレーションの最大クラスターであり, 周期的境界条件を課している. 特に, κ の臨界値を κ_c , パーコレーション確率 $\Theta(\kappa)$ とすると, $\kappa \leq \kappa_c$ のとき $\Theta(\kappa) = 0$ であり, $\kappa > \kappa_c$ のとき $\Theta(\kappa) > 0$ となる. ここでは, パーコレーション確率 Θ を N と最大クラスターのサイト数の比 Θ_N とする. そして $N = 1000, N = 2000, N = 3000, N = 4000$ となる Ξ_N^{PPP} と Ξ_N^{GPP} をそれぞれ 10 個用意し, κ_c を求める. 図 3 は, N のそれぞれの値に対する κ と $\Theta_N^\#$ ($\# = \text{PPP}$ または GPP) のグラフである.

それぞれの Θ_N の曲線に対して, 臨界充填率 $\kappa_c^{(N)}$ を $d\Theta_N(\kappa)/d\kappa$ の最大値と定義する. 図 4 が横軸を $1/N$ とし $\kappa_c^{\text{PPP}(N)}, \kappa_c^{\text{GPP}(N)}$ をプロットしたグラフである. 点とエラーバーは 10 個の平均と標準偏差を表す. 図 4 から, $\kappa_c^{(N)} \simeq \text{const.}(1/N) + \kappa_c$ の線形回帰を行い κ_c を求めると

$$\begin{aligned} \kappa_c^{\text{PPP}} &= 1.10, \\ \kappa_c^{\text{GPP}} &= 0.867 \end{aligned} \quad (1.2)$$

と得られた. 先行研究 [1] では, $\kappa_c^{\text{PPP}} = 1.12 \pm 0.05$, $\kappa_c^{\text{GPP}} = 0.884 \pm 0.016$ と比較すると良い値が得られた.

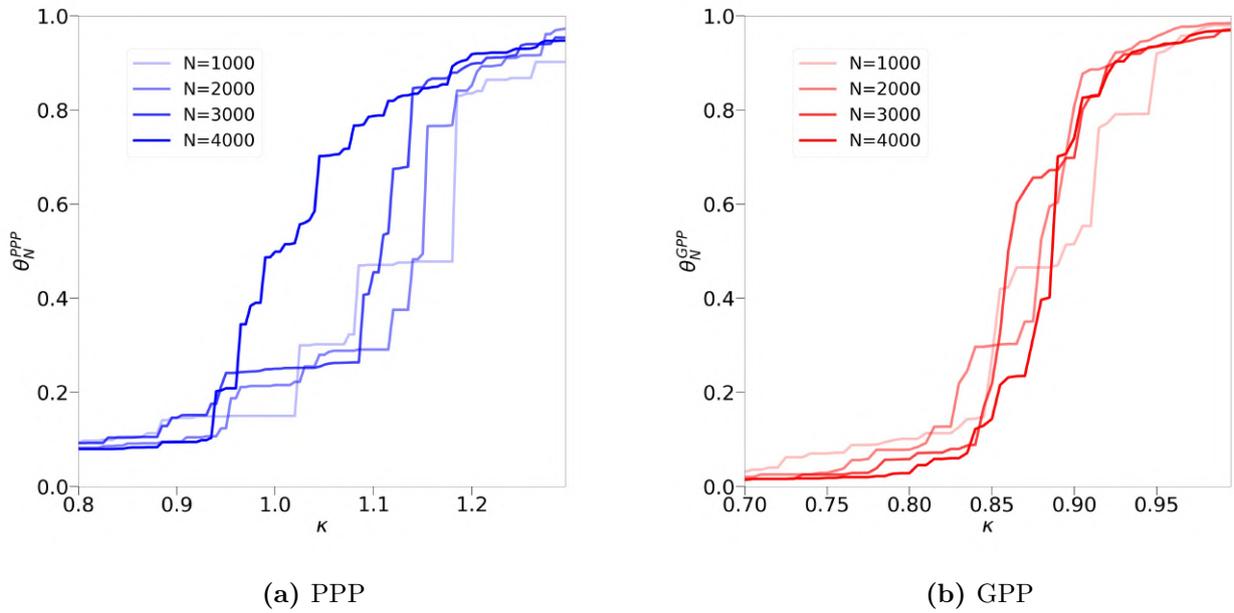


図 3: N のそれぞれの値に対する κ と $\theta_N^{\#}$ ($\# = \text{PPP or GPP}$) の曲線

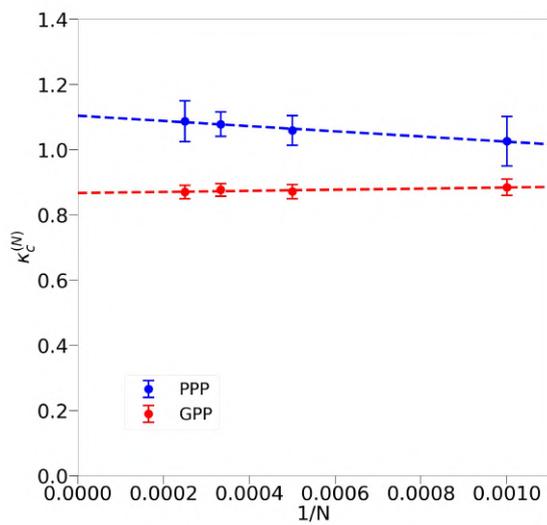


図 4: PPP と GPP の $1/N$ と $\kappa_c^{(N)}$ の関係

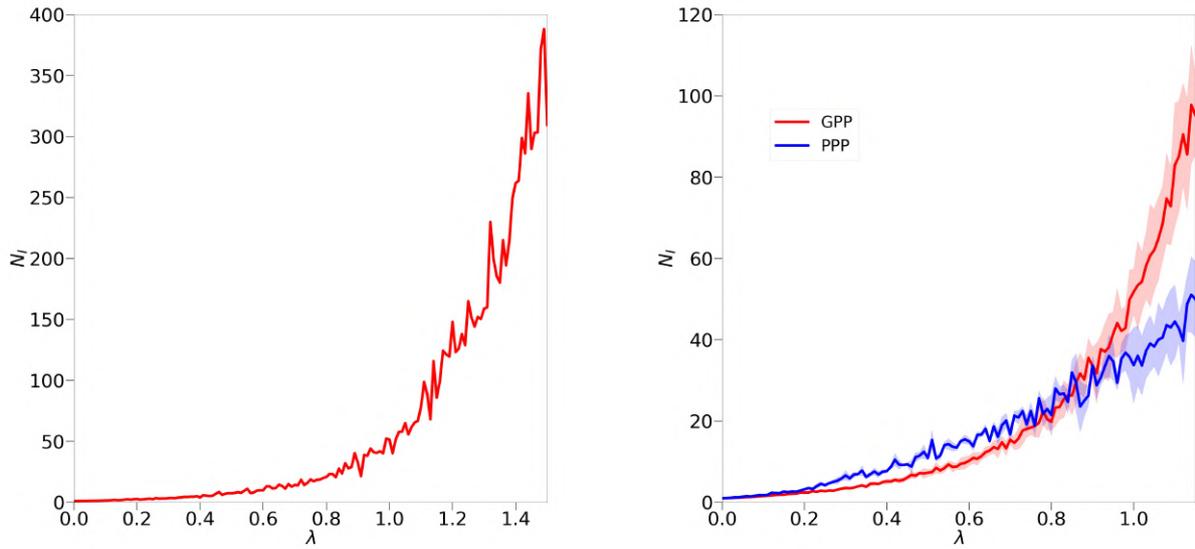
連続パーコレーション・クラスター上の SIR モデルを定義する. 周期的境界条件を課した $[0, 1]^2$ 上の点過程 Ξ_N に対して, 充填率 κ の連続パーコレーションの最大クラスター \mathcal{G}_N とおく. ここで点過程に対して連続パーコレーション・モデルを定義すると, 点の繋がった複数の塊ができる. これをクラスターとよび, 特に点の数が最大のクラスターを最大クラスターとする. この最大クラスター \mathcal{G}_N 上で SIR モデルの感染シミュレーションを行う. ここで SIR モデルとは, 感染現象において未感染者 (Susceptible), 感染者 (Infected), 回復者 (Recovered) の頭文字をとり, 人の状態が未感染者 S から感染者 I, 感染者 I から回復者 R へ状態遷移するモデルのことである. 各点 $x \in \mathcal{G}$ において, それぞれ点の状態 $\eta(x) \in \{S, I, R\}$ とおく. そして連続時間のマルコフ過程 $\eta_t := \{\eta_t(x) : x \in \mathcal{G}\}$ を考える. 点の状態 $\eta := \{\eta(x) : x \in \mathcal{G}\}$ から始まるマルコフ過程の確率を P^η とする. このとき, 感染率 λ , 未感染者 S と繋がっている感染者 I の数を n , 回復率 μ とすると

$$P^\eta(\eta_t(x) = I, \eta(x) = S) = \lambda n t + o(t), \quad (1.3)$$

$$P^\eta(\eta_t(x) = R, \eta(x) = I) = \mu t + o(t) \quad \text{as } t \rightarrow 0 \quad (1.4)$$

と与えられる. すなわち, 未感染者 S から感染者 I の状態になる遷移率が λn であり, 感染者 I から回復者 R の状態になる遷移率が μ である. 本研究では, $\mu = 1$ とし, また点の状態が回復者 R になれば状態が変化することがないとしている. この連続時間におけるマルコフ過程を Gillespie アルゴリズム [5] を使用することで SIR モデルの感染シミュレーションを行った.

PPP と GPP での感染における逆転現象を定義する. 上述した連続パーコレーション・クラスター上の SIR モデルの感染シミュレーションを PPP と GPP の最大パーコレーション・クラスター $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$ と $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ 上で行う. ある感染率 λ に対して, はじめ状態 I の点を 1 つ決め, 状態 I の点がなくなるまでシミュレーションを行い, そのときの状態 R の点の数 (累計感染者数) を \mathcal{N}_I とする. これを 1 回分のシミュレーションとする. このシミュレーションを同じ \mathcal{G}_{1000} 上で 100 回行くと 100 回平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ を得ることができる.



(a) $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ 上で SIR モデル感染シミュレーションを 100 回行ったときの感染率 λ と 100 回平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle$

(b) $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$ と $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ をそれぞれ 10 個ずつ用意し, 10 個の平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]$ とその標準偏差

図 5: PPP と GPP の感染における逆転現象

図 5a は $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ 上で感染率 λ を 0 から 1.5 まで 0.01 ずつ変化させたときの 100 回平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle$ のグラフである. 同様に $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$, $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ をそれぞれ 10 個ずつ用意し, 図 5a のような感染率 λ と 100 回平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ のグラフをそれぞれ 10 個ずつ得る. 図 5b はそれぞれ 10 個ある $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ の平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]$ のグラフである. 実線は平均であり, 影の部分は標準偏差である. 図 5b から, 平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]$ と $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ が交差していることが分かる. すなわち, 交差する感染率 λ_* が存在して, $0 < \lambda < \lambda_*$ のとき $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] > [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$, $\lambda > \lambda_*$ のとき $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] < [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ となる. 図 5b では $\lambda_* \simeq 0.8$ である. これが感染における逆転現象である. 本研究では始点によって累計感染者数にゆらぎがあると考え, 特に始点の次数に着目し, この現象の研究を行った. 次数とは, ある点につながる点の個数のことである.

本論文では, 第 2 章で始点の次数別による $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーション・クラスター上の SIR モデル感染シミュレーションと回帰分析, 第 3 章で κ の値を変えたときの SIR モデル感染シミュレーションと回帰分析, 第 4 章では $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーション・クラスターのネットワーク分析について記述する. 最後に, ソーシャルディスタンスの効果や感染対策について議論する.

2 $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーション・クラスター上の SIR モデル感染シミュレーション

2.1 $\kappa = 1.3$ における連続パーコレーション・クラスターの次数分布

それぞれ 10 個ずつ点過程 Ξ_{1000}^{PPP} , Ξ_{1000}^{GPP} を用意し, $\kappa = 1.3$ での連続パーコレーション・クラスターの次数分布について平均を求めた. 図 6 は, 青の棒グラフが $\kappa = 1.3$ のときの 10 個の次数分布の平均, 赤線がその平均にフィッティングしたときのグラフである.

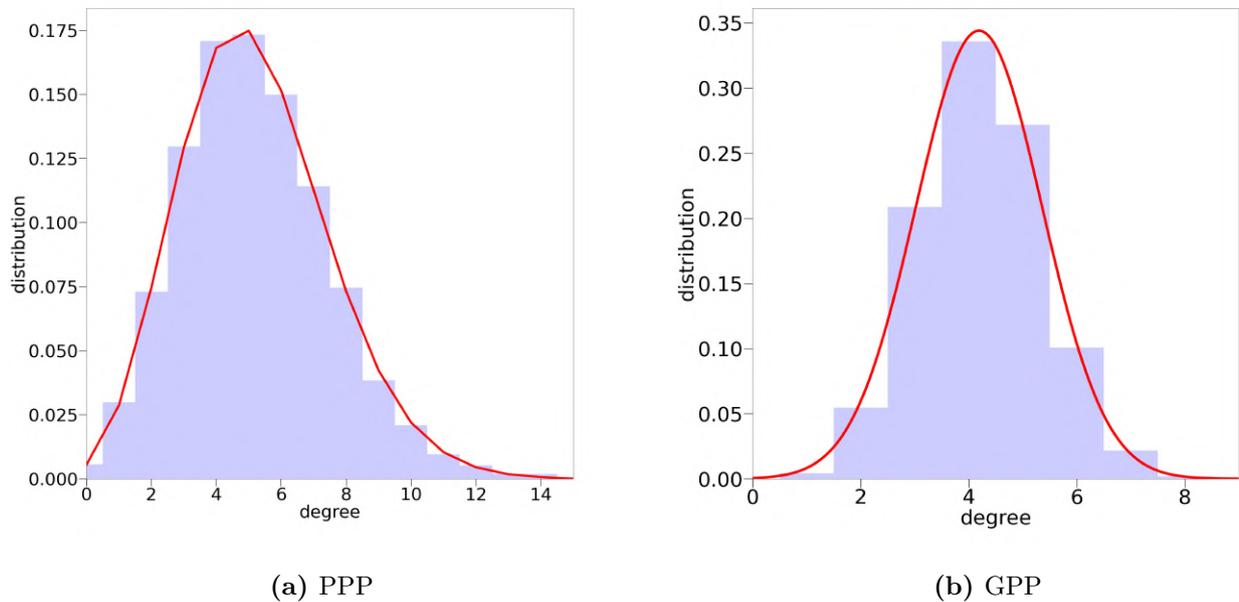


図 6: 次数分布をフィッティングした図

図 6 において, 次数 m , PPP と GPP の連続パーコレーション・クラスターの次数分布を $P^{\text{PPP}}(m)$, $P^{\text{GPP}}(m)$ とおく. PPP はポアソン分布である

$$P^{\text{PPP}}(m) = e^{-5.2} \frac{(5.2)^m}{m!} \quad (2.1)$$

にフィッティングした. ここで 5.2 とは, $\kappa = 1.3$ における PPP の次数分布から求めた平均次数である. GPP は正規分布である

$$P^{\text{GPP}}(m) = 0.34 \exp\left\{-\frac{(m - 4.2)^2}{2(1.2)^2}\right\} \quad (2.2)$$

にフィッティングした.

2.2 $\kappa = 1.3$ の次数別平均の累計感染者数の回帰分析

第1章でのPPPとGPPの逆転現象では、ある κ において100回の感染シミュレーションを行う際、感染の始まる点を毎回ランダムに1つ決め累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ を求めていた。本研究では、 $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーションの最大クラスター \mathcal{G}_{1000} から次数 m となる点を10個ずつ任意に選び、その点を感染が始まる点として100回感染シミュレーションし累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ を10個得る。同様に、 Ξ_{1000}^{PPP} と Ξ_{1000}^{GPP} を10個ずつ用意し、 $\kappa = 1.3$ の連続パーコレーションにおける最大クラスター \mathcal{G}_{1000} を作る。そして次数 m となる点を10個ずつ任意に選び、その点を感染が始まる点として100回ずつ感染シミュレーションし累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle$ を求めた。これを感染率 λ を変化させながら行くと、平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I \rangle(\lambda)$ のグラフを各次数ごと100個得ることができる。その任意に選んだ100個の点の平均を $\kappa = 1.3$ における次数 m の平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_m(\lambda)$ とする。ただし点が100個得られない場合は、それまでの平均とする。図7は、 $\kappa = 1.3$ の感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_m$ とその回帰分析のグラフである。PPPの回帰分析は

$$\begin{aligned}
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_1(x) &= 7.86x^3 + 2.43x^2 + 0.0843x + 1.09, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_2(x) &= 8.49x^3 + 7.63x^2 + 0.300x + 1.13, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_3(x) &= 4.66x^3 + 22.6x^2 + 1.58x + 0.980, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_4(x) &= 2.45x^3 + 25.0x^2 + 0.220x + 1.25, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_5(x) &= 6.28x^3 + 14.1x^2 + 8.71x + 0.659, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_6(x) &= 7.40x^3 + 16.3x^2 + 9.42x + 0.872, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_7(x) &= 1.12x^3 + 30.7x^2 + 14.3x + 0.468, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_8(x) &= 7.70x^3 + 11.1x^2 + 20.9x + 0.201, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_9(x) &= 8.03x^3 + 8.64x^2 + 25.8x - 0.0493, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_{10}(x) &= 6.08x^3 + 11.5x^2 + 41.2x - 0.719, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_{11}(x) &= 2.92x^3 + 16.2x^2 + 50.6x - 1.29, \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle]_{12}(x) &= 5.88x^3 + 14.0x^2 + 34.3x - 0.171
 \end{aligned} \tag{2.3}$$

でフィッティングした。ただし、次数 11 は 79 個、次数 12 は 51 個の平均である。GPP の回帰分析は

$$\begin{aligned}
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_1(x) &= \exp(4.18x - 1.06), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_2(x) &= \exp(4.05x - 0.533), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_3(x) &= \exp(3.93x - 0.137), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_4(x) &= \exp(3.80x + 0.172), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_5(x) &= \exp(3.74x + 0.350), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_6(x) &= \exp(3.67x + 0.489), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_7(x) &= \exp(3.67x + 0.511), \\
 [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]_8(x) &= \exp(3.58x + 0.662)
 \end{aligned} \tag{2.4}$$

でフィッティングした。ただし、次数 1 は 45 個、次数 8 は 19 個の平均である。

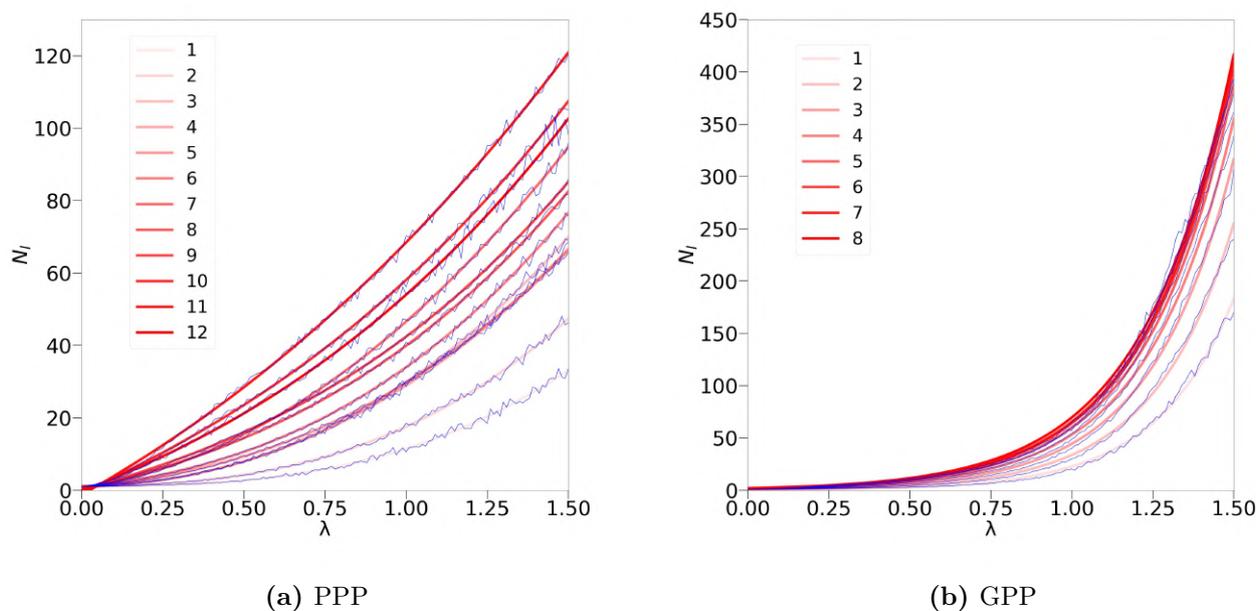


図 7: 10 個の $\kappa = 1.3$ の次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_m$ (青線) と回帰直線 (赤線)

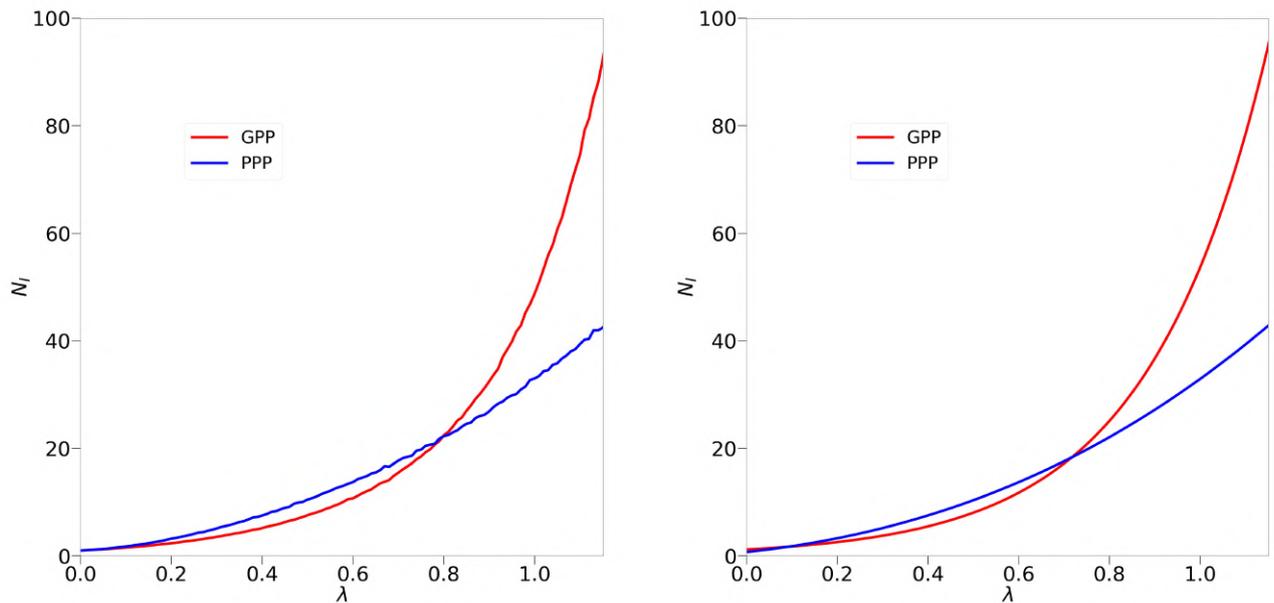
2.3 $\kappa = 1.3$ での感染における逆転現象

2.1, 2.2 の次数分布と累計感染者数の結果を使用し逆転現象について考える。2.1, 2.2 では次数 m における次数分布 $P^\#(m)$ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle]_m$ ($\# = \text{PPP}$ または GPP) を求めたので、次数分布と次数別平均の累計感染者数をかけ足し合わせることで $\kappa = 1.3$ の

平均の累計感染者数を考える. すなわち, $\kappa = 1.3$ における平均の累計感染者数を $[\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle]$ とおくと

$$[\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle] = \sum_m P^\#(m) [\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle]_m \quad (2.5)$$

とする. 図8が, その足し合わせたPPPとGPPの感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle]$ のグラフであり, 図8aは累計感染者数をシミュレーションして得られた値, 図8bは回帰分析の式 $[\langle \mathcal{N}_I^\# \rangle]_m$ をかけ足し合わせたグラフである. 図8から, シミュレーションして得られた値の場合は $\lambda_* \simeq 0.80$, 回帰分析の式の場合は $\lambda_* \simeq 0.72$ で交差していることが分かった.



(a) シミュレーションして得られた値による感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]$ の関係 (b) 回帰分析した式による感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]$ の関係

図8: $\kappa = 1.3$ での感染における逆転現象

3 κ を変えたときのSIRモデル感染シミュレーション

3.1 κ を変えたときの次数分布

第2章では $\kappa = 1.3$ での PPP と GPP の連続パーコレーション・クラスターの次数分布や最大クラスター \mathcal{G}_{1000} 上での感染における逆転現象について研究した. 第3章では κ の値を変えたときの次数分布と感染現象について考える.

図9は, $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ における PPP と GPP の連続パーコレーション・クラスターの次数分布の回帰分析である.

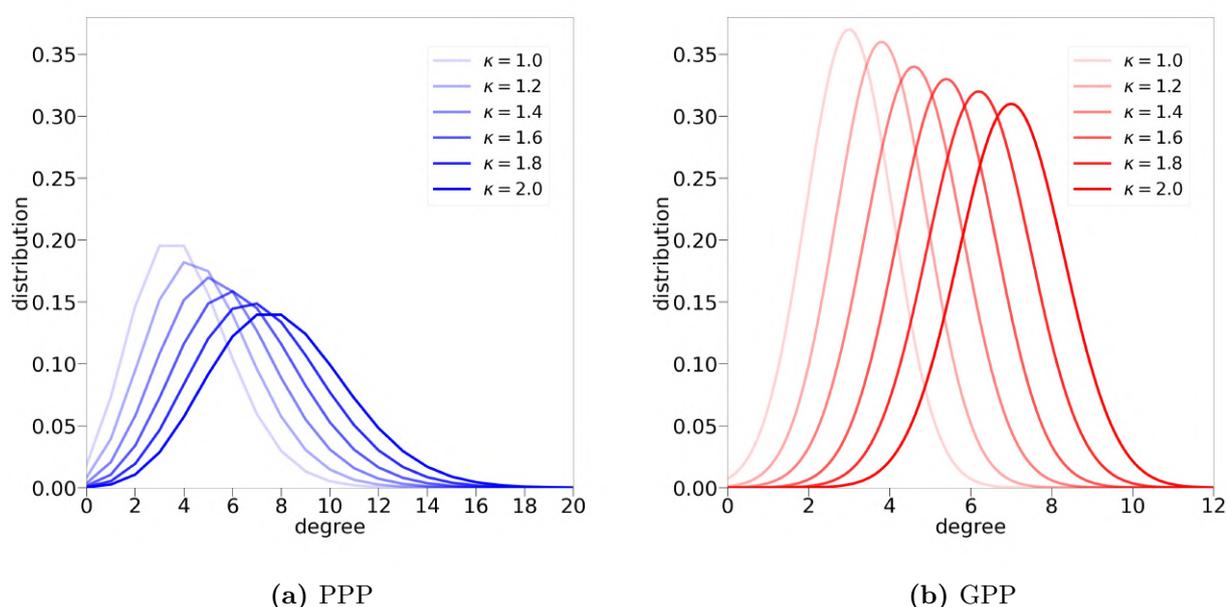


図9: $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ における PPP と GPP の次数分布の回帰分析

ある κ において次数を m としたとき PPP の次数分布はポアソン分布

$$P_{\kappa}^{\text{PPP}}(m) = e^{-\mu_{\text{PPP}}} \frac{\mu_{\text{PPP}}^{-m}}{m!}, \quad (3.1)$$

GPP の次数分布はガウス分布

$$P_{\kappa}^{\text{GPP}}(m) = A \exp\left\{-\frac{(m - \mu_{\text{GPP}})^2}{2\sigma^2}\right\} \quad (3.2)$$

にフィッティングした. ただし, $\mu_{\text{PPP}}, A, \mu_{\text{GPP}}, \sigma$ は定数である. 表1は図9の回帰分析のそれぞれの値である. μ_{PPP} の値は $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ におけるシミュレーションで得られた次数分布の平均次数である.

表 1: それぞれの点過程における次数分布の回帰分析

κ	μ_{PPP}	A	μ_{GPP}	σ
1.0	4.0	0.37	3.0	1.1
1.2	4.8	0.36	3.8	1.1
1.4	5.6	0.34	4.6	1.2
1.6	6.4	0.33	5.4	1.2
1.8	7.2	0.32	6.2	1.3
2.0	8.0	0.31	7.0	1.3

3.2 κ を変えたときの次数別平均の累計感染者数の回帰分析

ある κ における次数 m の次数別平均の累計感染者数を $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,\kappa}$ とおく. $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ の場合についても SIR モデル感染シミュレーションを行い, $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,\kappa}(\lambda)$ を数値計算した. $[\langle \mathcal{N}_I^{PPP} \rangle]_{m,\kappa}$ は

$$[\langle \mathcal{N}_I^{PPP} \rangle]_{m,\kappa}(x) = a_0 + a_1x + a_2x^2 + a_3x^3, \quad (3.3)$$

$[\langle \mathcal{N}_I^{GPP} \rangle]_{m,\kappa}$ は

$$[\langle \mathcal{N}_I^{GPP} \rangle]_{m,\kappa}(x) = \exp\{b_0 + b_1x\} \quad (3.4)$$

で回帰分析を行った. $a_i (i = 0, 1, 2, 3)$, $b_j (j = 0, 1)$ は定数である.

図 10, 表 2 は, $\kappa = 1.0$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.0}(\lambda)$ のグラフと表である. サンプル数とは次数 m で得られた点の個数である.

表 2: $\kappa = 1.0$ のときの次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.0}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP						(b) GPP			
m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3	m	サンプル数	b_0	b_1
1	95	1.46	-1.91	6.61	-0.504	1	100	0.803	0.987
2	100	1.15	0.535	7.90	-0.730	2	100	1.31	0.921
3	100	0.745	3.90	7.94	-0.811	3	100	1.60	0.881
4	100	0.757	5.56	8.94	-0.962	4	100	1.78	0.858
5	100	0.0757	11.7	6.77	-0.752	5	100	1.81	0.857
6	100	0.203	14.6	5.58	-0.613	6	85	1.81	0.851
7	99	0.278	16.3	6.57	-0.769				
8	87	0.436	21.3	4.22	-0.412				
9	64	0.275	27.8	1.25	0.0184				

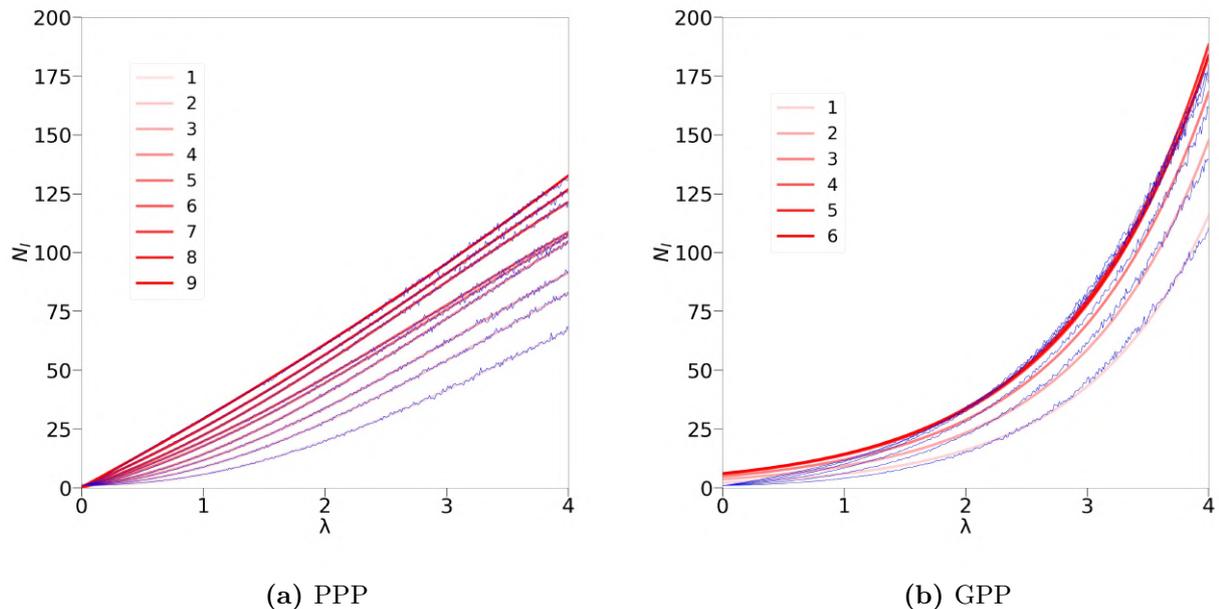


図 10: $\kappa = 1.0$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.0}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

図 11, 表 3 は, $\kappa = 1.2$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.2}(\lambda)$ のグラフと表である.

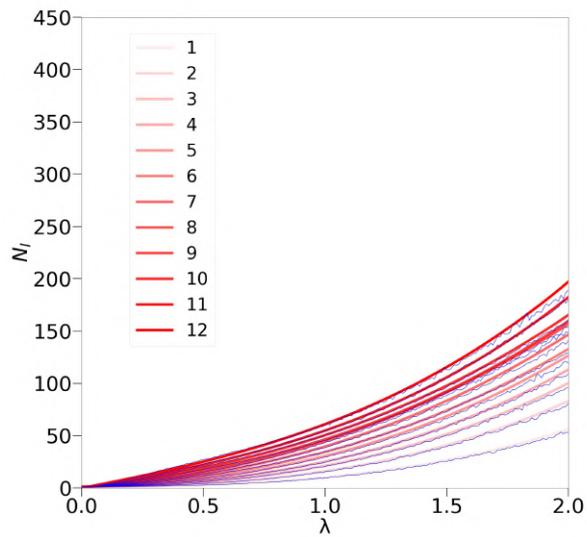
表 3: $\kappa = 1.2$ のときの次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.2}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP

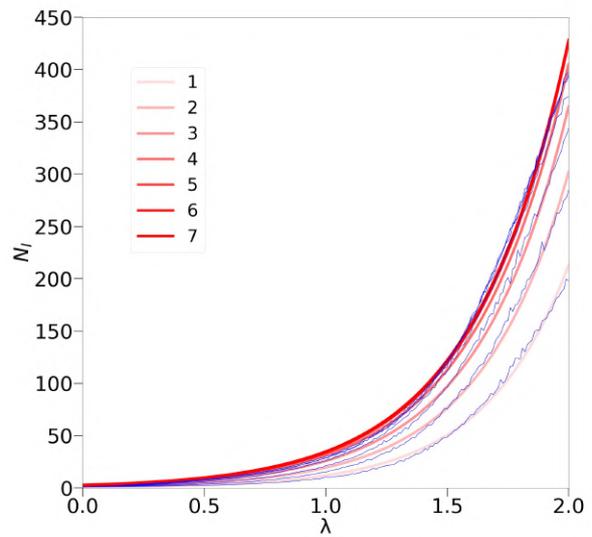
(b) GPP

m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3
1	100	1.10	0.0707	3.92	4.88
2	100	1.27	-0.522	9.54	5.57
3	100	1.29	0.386	14.2	5.16
4	100	1.27	2.10	16.5	5.20
5	100	1.20	4.00	21.1	4.11
6	100	0.964	8.31	21.3	3.75
7	100	0.779	11.5	23.9	3.40
8	100	0.929	13.4	28.3	1.95
9	100	0.380	23.5	16.9	5.57
10	95	0.224	28.6	16.1	5.43
11	55	-0.341	39.7	5.01	10.4
12	31	-0.166	45.3	4.84	10.9

m	サンプル数	b_0	b_1
1	87	-0.399	2.88
2	100	0.211	2.75
3	100	0.599	2.65
4	100	0.884	2.56
5	100	0.973	2.54
6	100	0.997	2.53
7	81	1.04	2.51



(a) PPP



(b) GPP

図 11: $\kappa = 1.2$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.2}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

図 12, 表 4 は, $\kappa = 1.4$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.4}(\lambda)$ のグラフと表である.

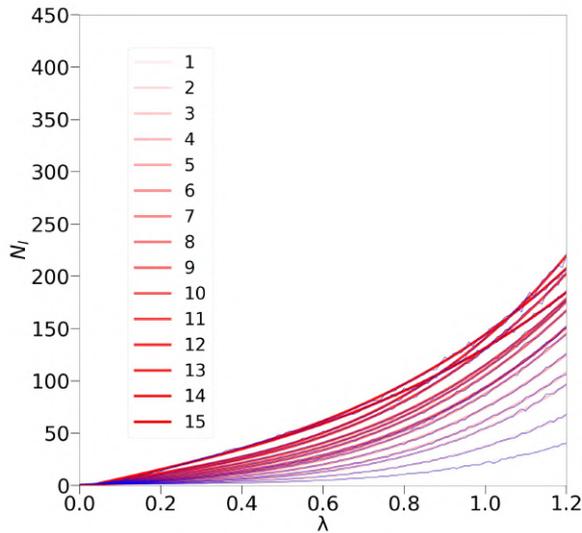
表 4: $\kappa = 1.4$ のときの次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.4}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP

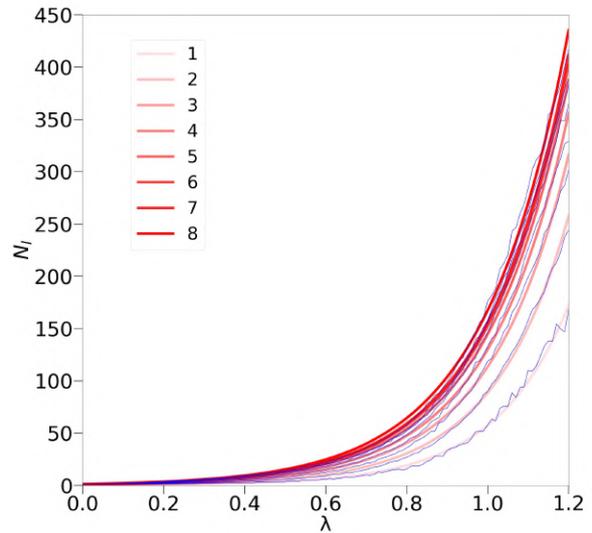
m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3
1	100	0.471	9.65	-27.7	39.1
2	100	0.286	13.7	-36.0	59.2
3	100	0.218	16.1	-37.3	75.5
4	100	0.279	16.7	-32.8	77.9
5	100	0.190	18.3	-23.1	79.0
6	100	0.0254	22.2	-18.9	84.2
7	100	0.206	21.2	-8.22	79.7
8	100	-0.0359	26.6	-10.3	77.5
9	100	-0.264	31.4	-6.36	80.4
10	100	-0.500	38.6	-11.0	84.3
11	97	-1.04	49.6	-17.9	84.4
12	61	-1.47	60.6	-25.5	97.2
13	34	-1.98	74.5	-50.9	119
14	19	-2.19	85.9	-5.96	66.6
15	16	-2.31	86.9	-6.28	53.1

(b) GPP

m	サンプル数	b_0	b_1
1	19	-1.44	5.49
2	100	-0.845	5.33
3	100	-0.400	5.13
4	100	-0.173	5.04
5	100	0.0435	4.93
6	100	0.165	4.86
7	100	0.200	4.85
8	62	0.340	4.78



(a) PPP



(b) GPP

図 12: $\kappa = 1.4$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.4}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

図 13, 表 5 は, $\kappa = 1.6$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.6}(\lambda)$ のグラフと表である.

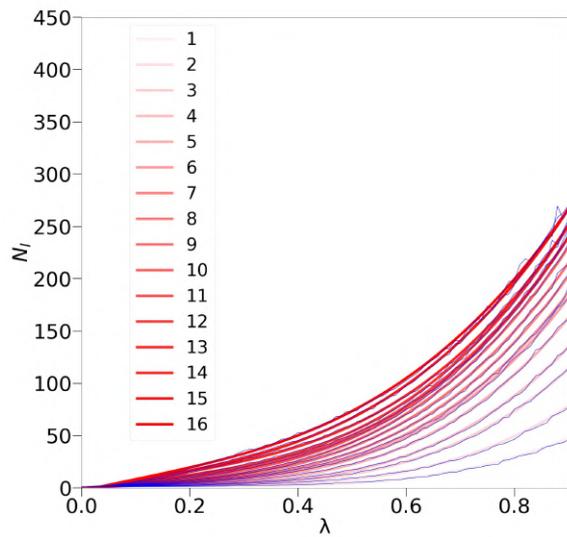
表 5: $\kappa = 1.6$ のときの次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.6}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP

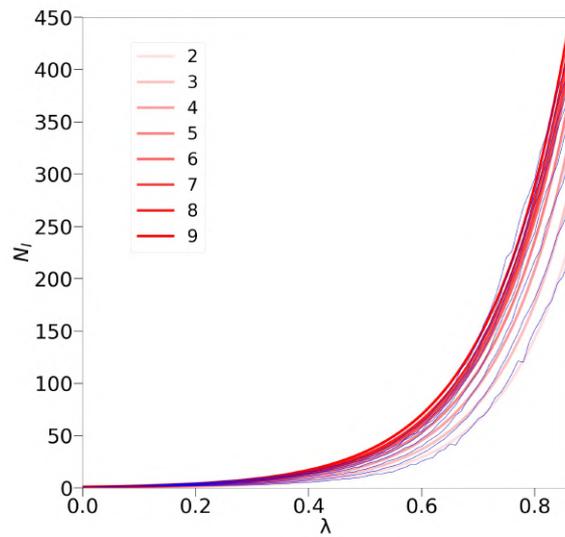
(b) GPP

m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3
1	97	-0.692	34.9	-136	174
2	100	-1.50	51.6	-195	262
3	100	-1.24	52.0	-210	327
4	100	-1.33	55.3	-222	365
5	100	-0.912	50.6	-200	384
6	100	-1.06	54.2	-193	398
7	100	-1.16	56.0	-183	392
8	100	-0.986	55.1	-170	400
9	100	-0.852	53.6	-139	384
10	100	-0.284	46.8	-107	377
11	100	-1.32	67.8	-142	404
12	100	-1.69	77.3	-145	397
13	63	-1.83	87.2	-159	415
14	26	-2.98	112	-177	407
15	24	-2.44	104	-114	367
16	18	-2.86	118	-96.9	332

m	サンプル数	b_0	b_1
2	55	-1.39	7.94
3	100	-1.07	7.80
4	100	-0.749	7.61
5	100	-0.504	7.46
6	100	-0.334	7.35
7	100	-0.223	7.25
8	100	-0.153	7.21
9	49	0.00900	7.07



(a) PPP



(b) GPP

図 13: $\kappa = 1.6$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.6}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

図 14, 表 6 は, $\kappa = 1.8$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.8}(\lambda)$ のグラフと表である.

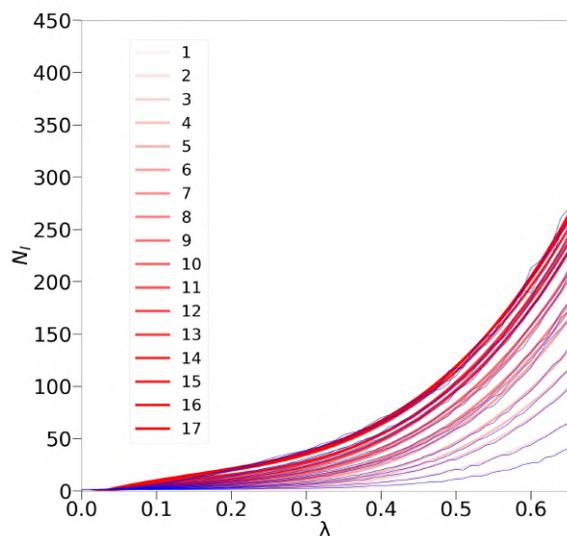
表 6: $\kappa = 1.8$ のときの次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.8}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP

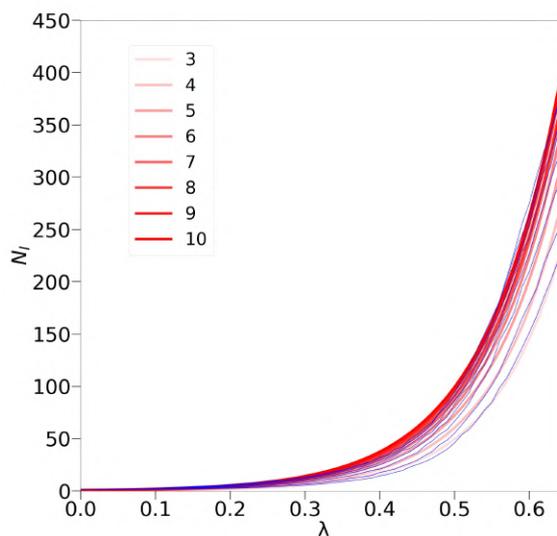
(b) GPP

m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3
1	53	-1.00	56.0	-298	473
2	100	-1.49	73.2	-401	684
3	100	-2.47	102	-555	976
4	100	-2.85	114	-616	1110
5	100	-2.77	116	-641	1210
6	100	-3.10	125	-676	1350
7	100	-3.25	131	-678	1370
8	100	-3.22	130	-661	1370
9	100	-3.24	133	-650	1430
10	100	-3.16	132	-625	1420
11	100	-2.59	119	-541	1390
12	100	-3.20	135	-570	1400
13	95	-4.20	161	-634	1490
14	62	-4.51	175	-668	1490
15	34	-5.09	191	-625	1440
16	23	-5.34	205	-706	1580
17	23	-5.40	205	-652	1480

m	サンプル数	b_0	b_1
3	97	-1.50	10.8
4	100	-1.20	10.6
5	100	-0.873	10.3
6	100	-0.712	10.2
7	100	-0.590	10.1
8	100	-0.432	9.88
9	100	-0.361	9.84
10	45	-0.278	9.75



(a) PPP



(b) GPP

図 14: $\kappa = 1.8$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,1.8}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

図 15, 表 7 は, $\kappa = 2.0$ のときの感染率 λ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,2.0}(\lambda)$ のグラフと表である.

表 7: $\kappa = 2.0$ のときの次数別の平均累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,2.0}(\lambda)$ の回帰分析

(a) PPP

m	サンプル数	a_0	a_1	a_2	a_3
1	27	-1.50	86.8	-573	1090
2	94	-3.13	141	-916	1720
3	100	-4.21	180	-1170	2250
4	100	-4.81	204	-1340	2660
5	100	-4.13	193	-1340	2880
6	100	-5.13	222	-1480	3120
7	100	-4.53	212	-1460	3290
8	100	-5.02	224	-1490	3420
9	100	-4.46	213	-1440	3490
10	100	-4.27	210	-1410	3510
11	100	-2.37	156	-1080	3250
12	100	-3.98	204	-1320	3480
13	100	-3.70	194	-1190	3410
14	98	-4.79	229	-1340	3590
15	52	-4.51	225	-1240	3540
16	34	-4.09	219	-1170	3460
17	33	-4.74	237	-1140	3370
18	27	-3.77	215	-1050	3360

(b) GPP

m	サンプル数	b_0	b_1
3	23	-2.05	14.3
4	100	-1.65	13.9
5	100	-1.24	13.4
6	100	-1.09	13.3
7	100	-0.893	13.0
8	100	-0.812	13.0
9	100	-0.677	12.8
10	100	-0.575	12.7
11	27	-0.589	12.8

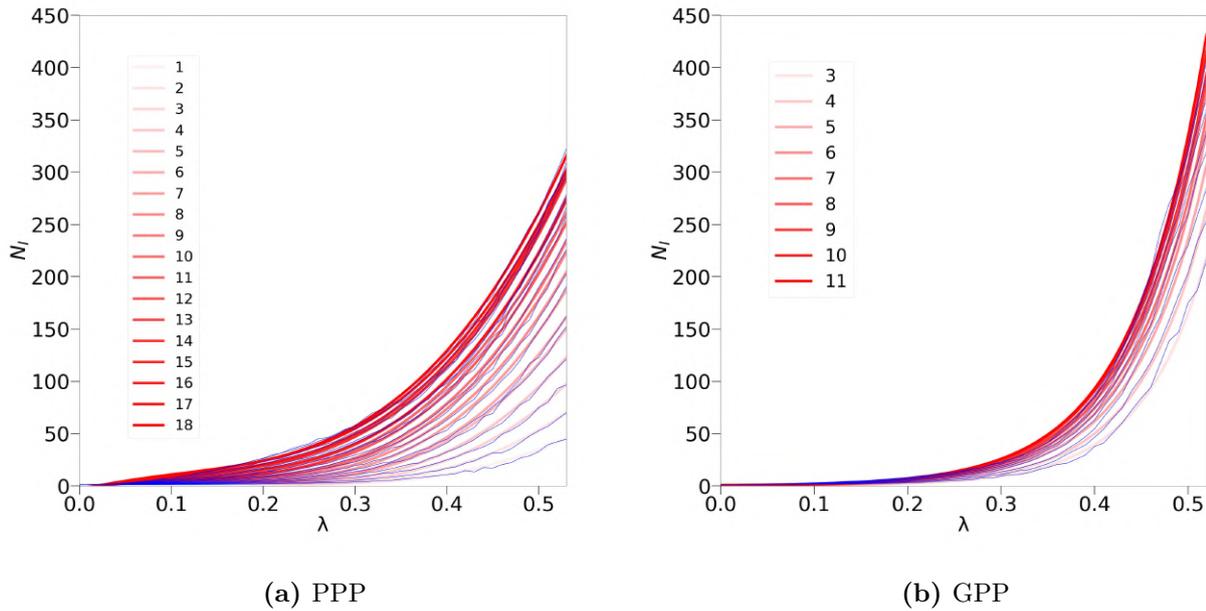
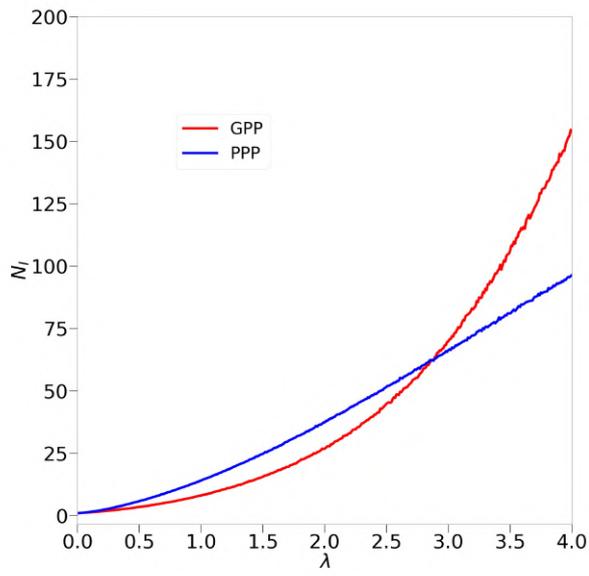


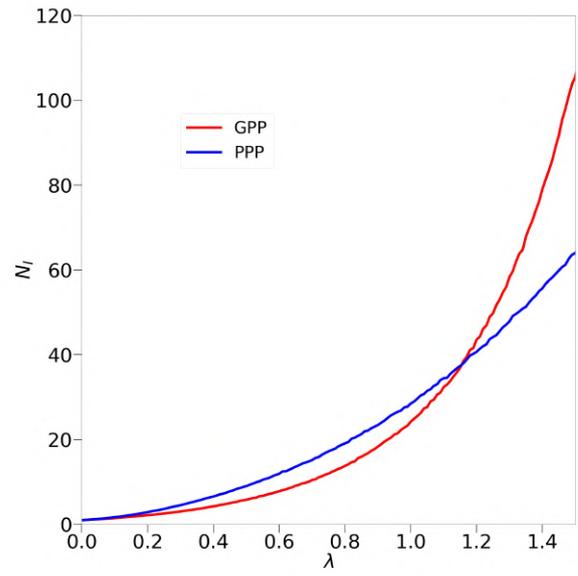
図 15: $\kappa = 2.0$ における次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,2.0}$ の平均 (青線) と回帰直線 (赤線)

3.3 シミュレーションして得られた値による感染における逆転現象

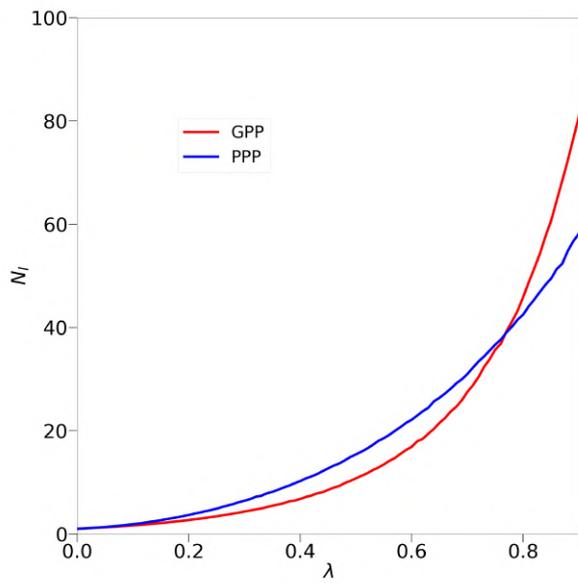
3.1, 3.2 によって, 次数分布 $P_\kappa(m)$ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,\kappa}$ について求められた. そこで, まずシミュレーションを行って得られた値である次数別平均の累計感染者数を使用し, 逆転現象について調べた. 次数分布 $P_\kappa(m)$ をかけ足し合わせることで, κ における平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_\kappa$ を計算した. 図 16 は, $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ における感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_\kappa$ のグラフである. 図 17 は, 逆転現象が起こる κ と λ の相図である. 図 16 から $\kappa = 1.0$ は $\lambda_* = 3.0$, $\kappa = 1.2$ は $\lambda_* = 1.2$, $\kappa = 1.4$ は $\lambda_* = 0.78$, $\kappa = 1.6$ は $\lambda_* = 0.60$, $\kappa = 1.8$ は $\lambda_* = 0.45$, $\kappa = 2.0$ は $\lambda_* = 0.38$ であった. したがって, 図 17 のような相図となり, 影がかかった部分が $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] > [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ であり, 影がかかていないところは $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] < [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ となる.



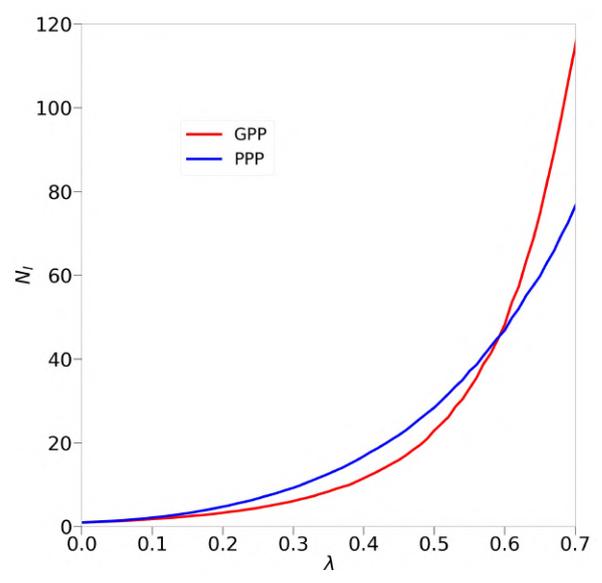
(a) $\kappa = 1.0$



(b) $\kappa = 1.2$



(c) $\kappa = 1.4$



(d) $\kappa = 1.6$

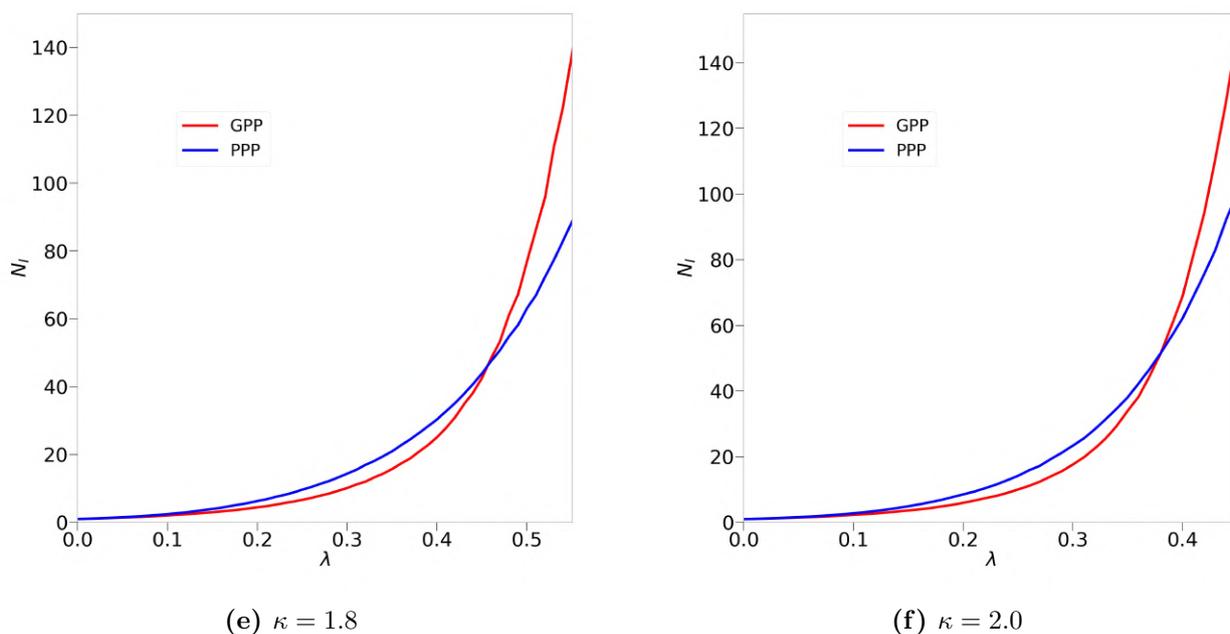


図 16: $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ におけるシミュレーションの値での感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle N_I \rangle]_{\kappa}$ のグラフ

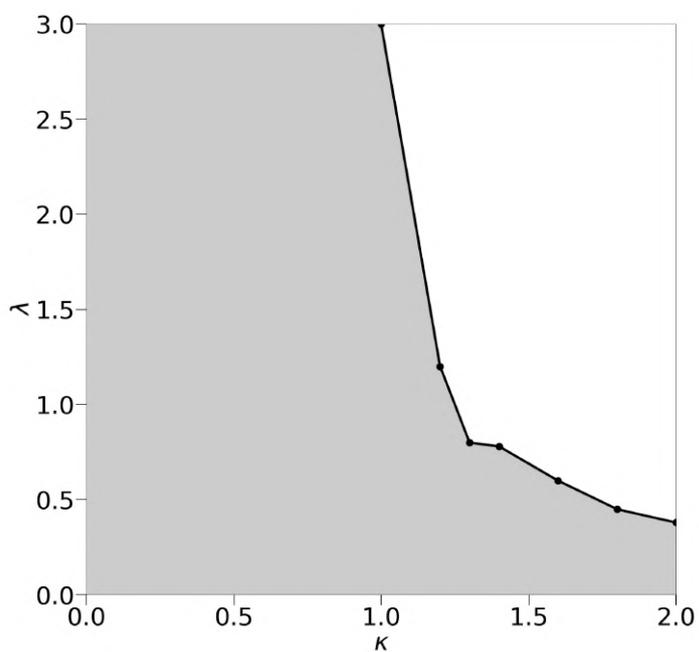


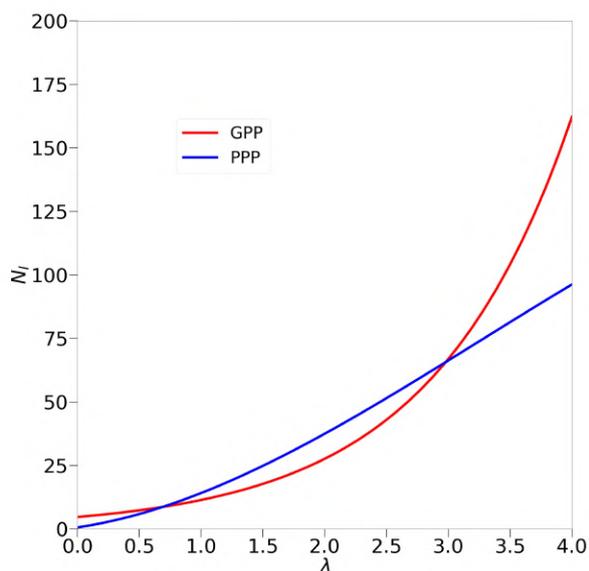
図 17: シミュレーションから得られた値による感染における逆転現象の κ と λ の相図

3.4 次数別の回帰分析による感染における逆転現象

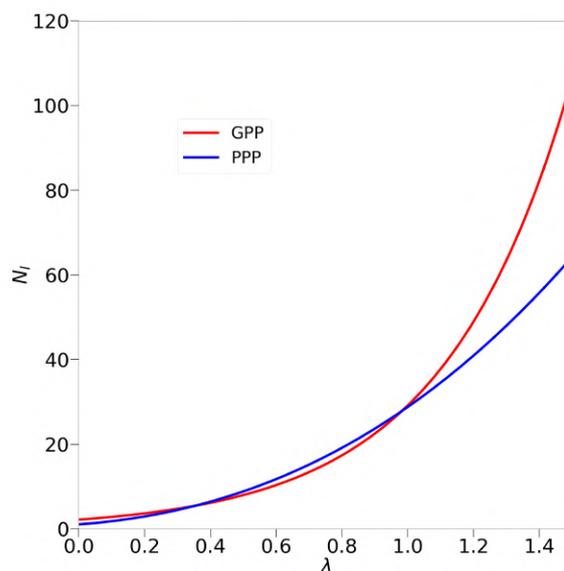
3.1, 3.2によって, 次数分布 $P_\kappa(m)$ と次数別平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,\kappa}$ を回帰分析した式について求めた. そとで κ における平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_\kappa$ は

$$[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_\kappa = \sum_k P_\kappa(m) [\langle \mathcal{N}_I \rangle]_{m,\kappa} \quad (3.5)$$

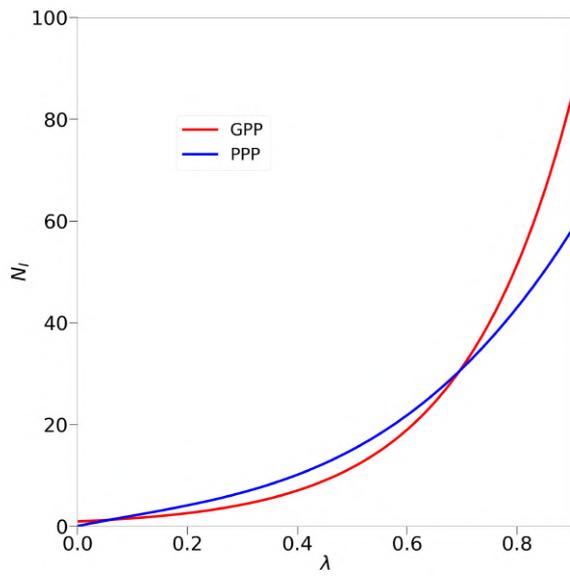
と計算する. 図18のグラフは, $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ における回帰分析の式による感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle \mathcal{N}_I \rangle]_\kappa$ のグラフである. 図19は, 逆転現象が起こる κ と λ の相図である. 図18から $\kappa = 1.0$ は $\lambda_* = 3.0$, $\kappa = 1.2$ は $\lambda_* = 1.0$, $\kappa = 1.4$ は $\lambda_* = 0.70$, $\kappa = 1.6$ は $\lambda_* = 0.54$, $\kappa = 1.8$ は $\lambda_* = 0.39$, $\kappa = 2.0$ は $\lambda_* = 0.34$ である. したがって図19のような相図となり, 影がかかった部分が $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] > [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ であり, 影がかかていないところは $[\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle] < [\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle]$ となる.



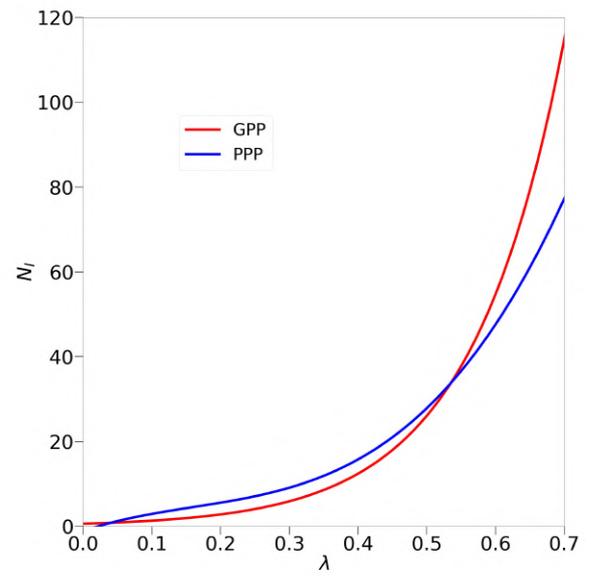
(a) $\kappa = 1.0$



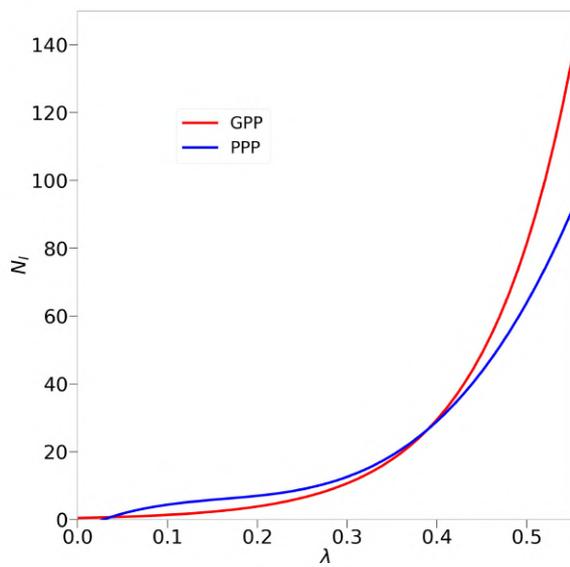
(b) $\kappa = 1.2$



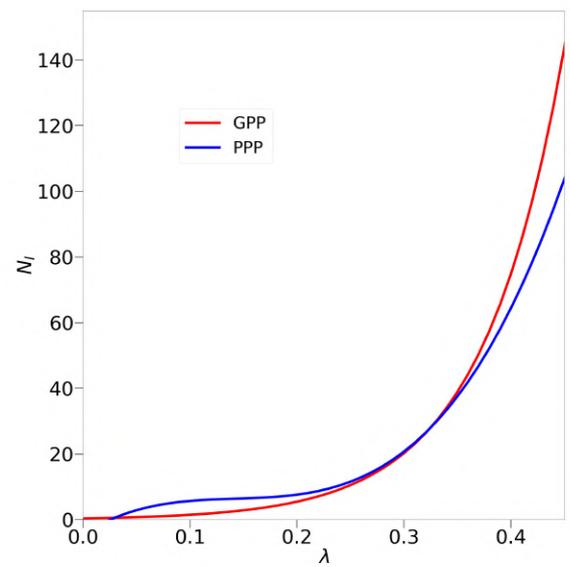
(c) $\kappa = 1.4$



(d) $\kappa = 1.6$



(e) $\kappa = 1.8$



(f) $\kappa = 2.0$

図 18: $\kappa = 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8, 2.0$ における回帰分析の式による感染率 λ と平均の累計感染者数 $[\langle N_I \rangle]_{\kappa}$ のグラフ

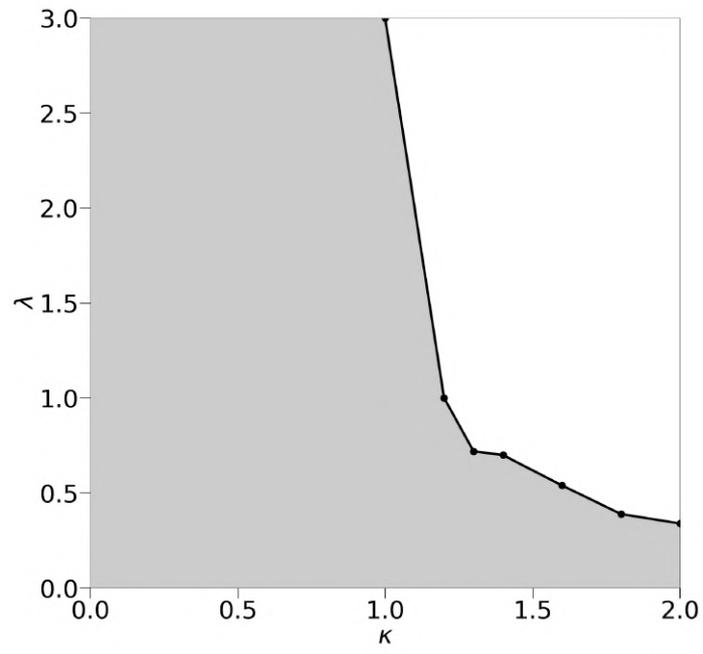


図 19: 回帰分析の式による感染における逆転現象の κ と λ の相図

4 PPP と GPP のネットワーク分析

4.1 ネットワークの可視化

図2の最大パーコレーション・クラスター $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$, $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ を Python のライブラリである NetworkX によってネットワークの可視化を行った. 図20は, 最大パーコレーション・クラスター $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$, $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ の点同士の繋がりだけの情報だけをもとに作られた図である.

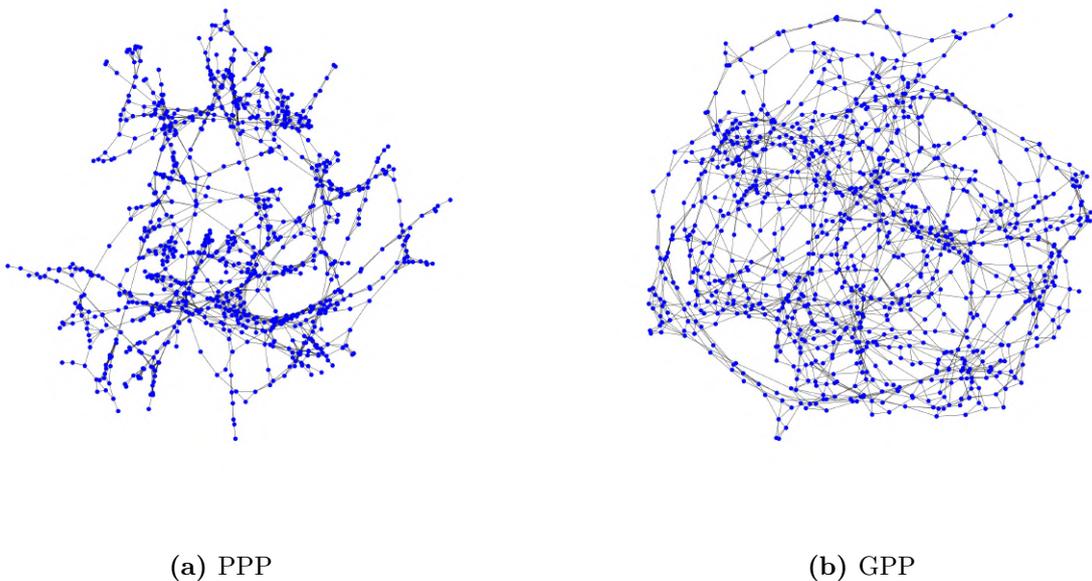
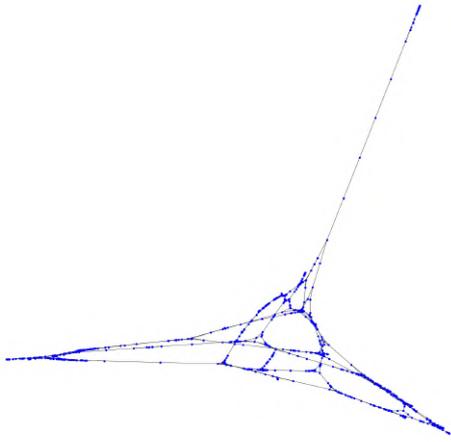
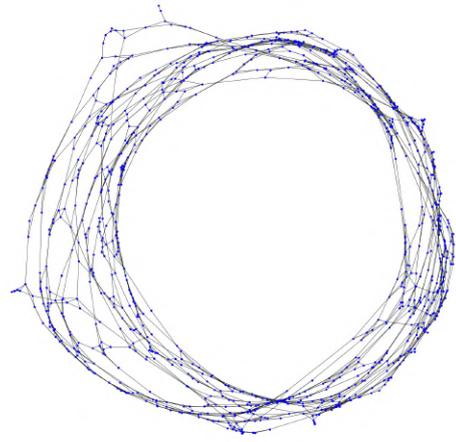


図 20: NetworkX による PPP と GPP のネットワークの可視化

NetworkX には, 点同士の繋がりだけの情報を使用して可視化する方法が複数ある. ここでは, spectral, spring, kamada-kawai の3つについて記述する. 図21は spectral であり, 「ネットワークを表す行列の固有ベクトルにより, 頂点を配置」して可視化した図である [3]. 図22は spring であり, Fruchterman-Reingold の force-directed アルゴリズムにしたがい, ある点において繋がりを持った点に対し引力を受け, 繋がっていない点に対しては斥力を受けるといった可視化した図である [4]. 図23は kamada-kawai であり, 辺の重みを理想的な2点間のユークリッド距離としてエネルギー関数を定義し, それを最小にするように座標を求めて可視化した図である [4]. 図21から図23より, kamada-kawai のレイアウトであれば点が密集している所としていない所がはっきり可視化されるので, 4.2のネットワークの中心性では kamada-kawai のレイアウトを使用する.

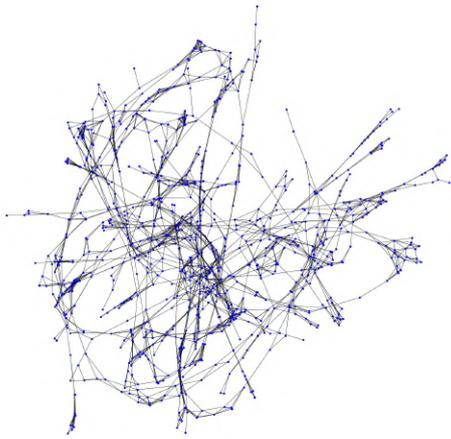


(a) PPP

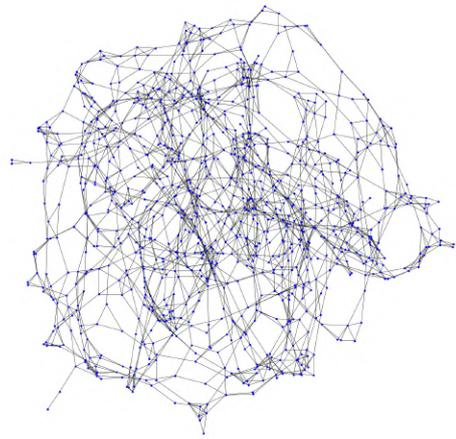


(b) GPP

☒ 21: spectral



(a) PPP



(b) GPP

☒ 22: spring

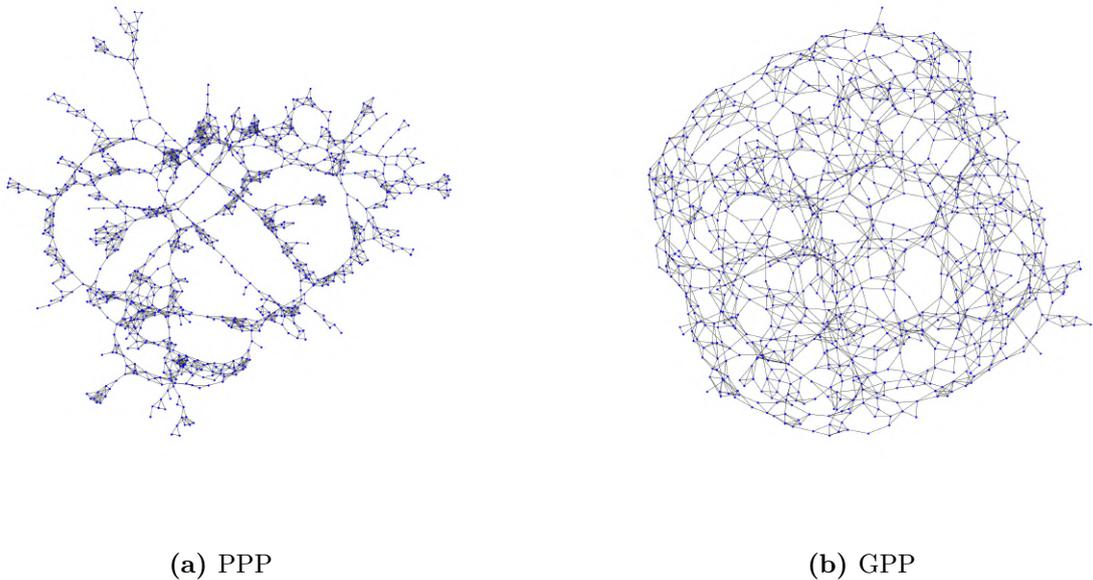
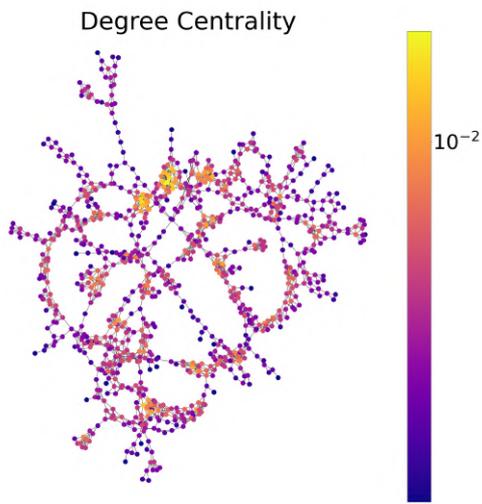


図 23: kamada-kawai

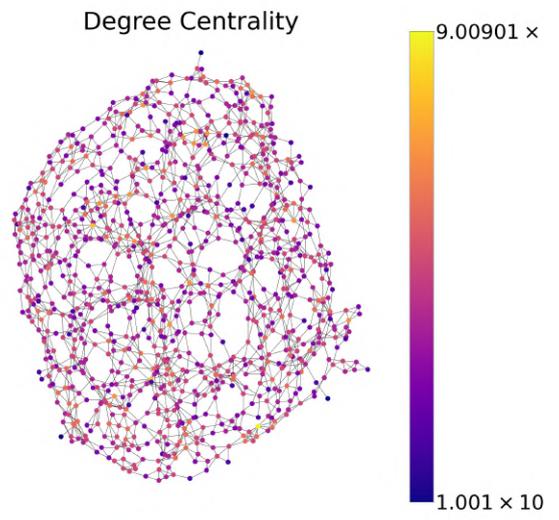
4.2 ネットワークの中心性

PPP と GPP の最大パーコレーション・クラスターの中心性について考える. ネットワークの中心性とは, ネットワークの頂点や辺についての重要度や影響力を表す. 中心性には複数あるが, 次数中心性, 近傍中心性, 媒介中心性に着目し, kamada-kawai のレイアウトを使用しそれぞれ中心性の可視化を行った.

図 24 の次数中心性とは, 「多くの頂点とつながっている頂点は中心的」と考えるものである [3]. 図 25 の近傍中心性とは, 「ネットワークの他の頂点との平均距離が短い頂点を中心的」と考えるものである [3]. 図 26 の媒介中心性とは, 「2 頂点間を結ぶ経路上にしばしば現れる頂点を中心的」と考えるものである [3]. それぞれの図は青色の方が中心性が低く, 黄色の方が中心性が高いことを表している. ここで PPP と GPP を比べたとき, 図 25 の近傍中心性において, PPP は中心性が高いところもあれば低いところもあるに対し, GPP は全体的に中心性が高いことが分かる. 第 2 章, 第 3 章で感染症のダイナミクスが始点に依存するとしてシミュレーションを行っていたが, 近傍中心性から距離が感染現象に影響を与えるのではないかと考え, ネットワーク探索のシミュレーションを行った.

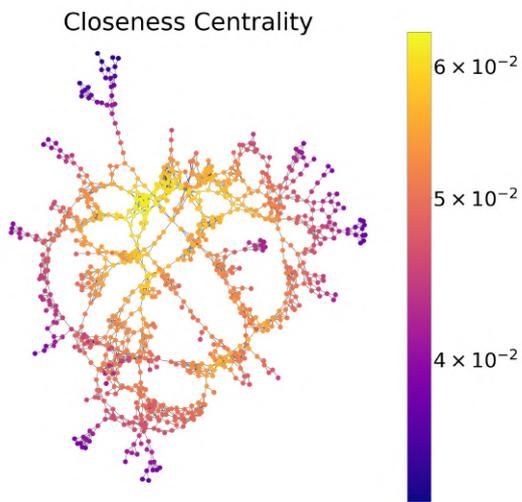


(a) PPP

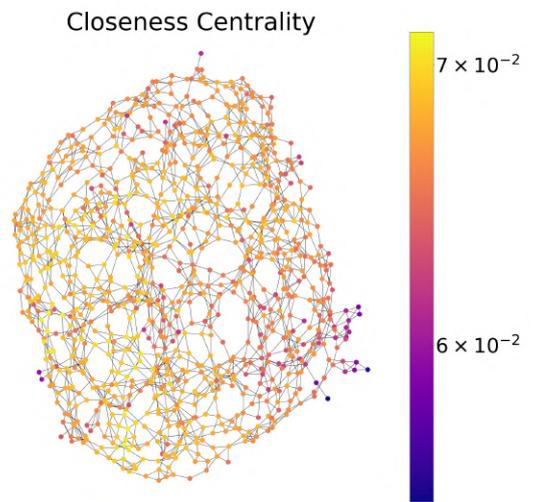


(b) GPP

图 24: 次数中心性



(a) PPP



(b) GPP

图 25: 近傍中心性

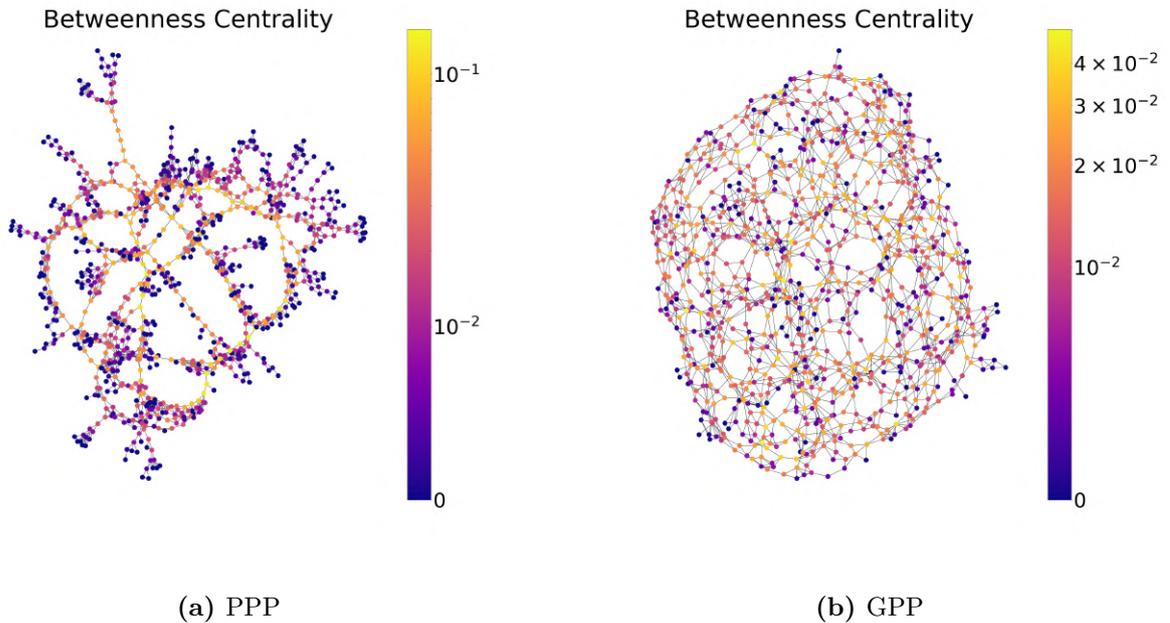


図 26: 媒介中心性

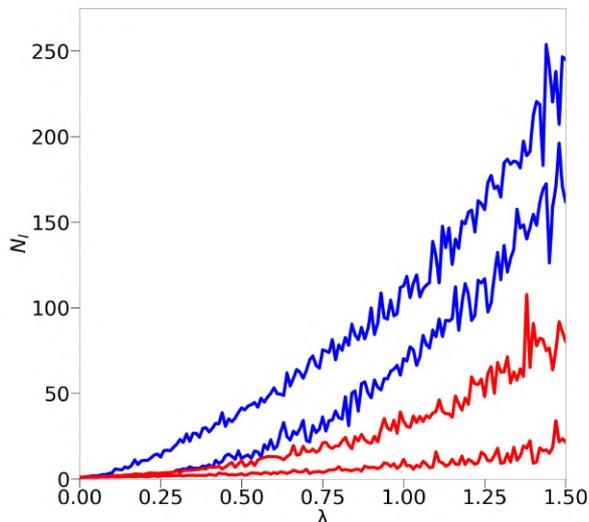
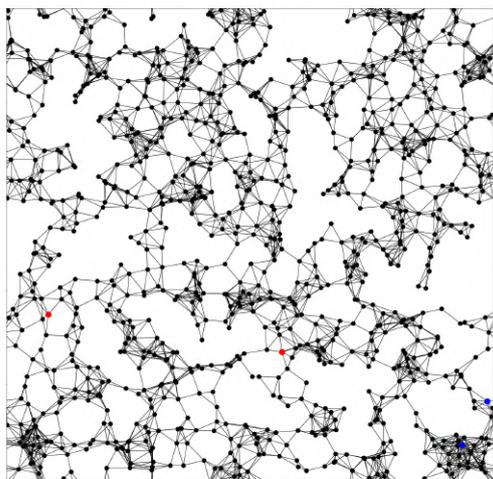
4.3 ネットワークの探索

ネットワークの探索を行うことで、始点による感染の違いが考えることができるかシミュレーションを行った。ここでは、幅優先探索 (BFS) を行った。幅優先探索とは、ネットワーク $G = (V, E)$ を考え、そのネットワークに属する頂点を v_s とするとき、 v_s を始点として隣接する距離 1 の頂点をすべて探し、距離 2 になるすべての頂点、距離 3 になるすべての頂点と順番に探索する方法である [3]。

まず PPP のネットワークの探索について考える。図 27 は、図 2a の $\kappa = 1.3$ の $\mathcal{G}_{1000}^{\text{PPP}}$ において、感染が始まる始点を 2 個ずつ青色と赤色で示し、その点を固定し 100 回感染シミュレーションを行い感染率 λ と平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle$ のグラフである。図 27 から、青色の始点のような感染率 λ が大きくなれば平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle$ が大きくなる始点もあれば、赤色の始点のような始点の次数が小さくなくても平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle$ はあまり大きくなりえない始点があることが分かる。これらの点を距離 0 としてネットワークの探索を行った結果が図 28a である。図 28a の青線は平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle$ が大きくなった青色の点を表し、赤線が平均の累計感染者数 $\langle \mathcal{N}_I^{\text{PPP}} \rangle$ があまり大きくならなかった赤色の点を表している。図 28a から、青色の点より赤色の点の方がすべての点に到達できる距離が長く、距離の短い所に位置する点が少ないと考えることができる。

GPP のネットワークの探索について考える。第 2 章、第 3 章から、どの κ の $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ 上の感染シミュレーションについても次数が大きくなるにつれ $\langle \mathcal{N}_I^{\text{GPP}} \rangle$ が大きくなる傾向があると分かった。そこで、図 2b の $\mathcal{G}_{1000}^{\text{GPP}}$ において、次数 1、次数 4、次数 8 となる点を任意の一つずつ選

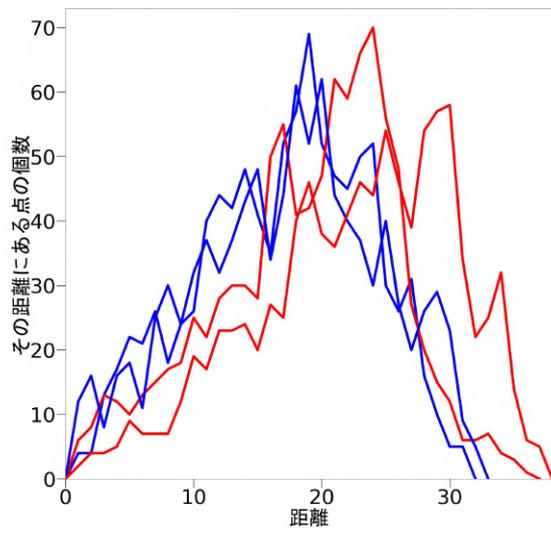
びネットワークの探索を行った. 図 28b が, 次数 1(青線), 次数 4(オレンジ線), 次数 8(緑線) の距離とその距離にある点の個数の関係である. 図 28b から, 各点においてすべての点に到達できる点がほぼ同じであり, グラフの概形も似ていることが分かる. 感染現象と関連付けて考えると, 感染が始まる点の次数に違いはあるが, 感染が広がった場合には感染の仕方があまり変わらないと考えられる. したがって, GPP の場合は始点に大きく影響を受けるが, PPP の場合は始点だけではなく連続パーコレーション・クラスターの構造にも大きく影響を受けると考えることができる.



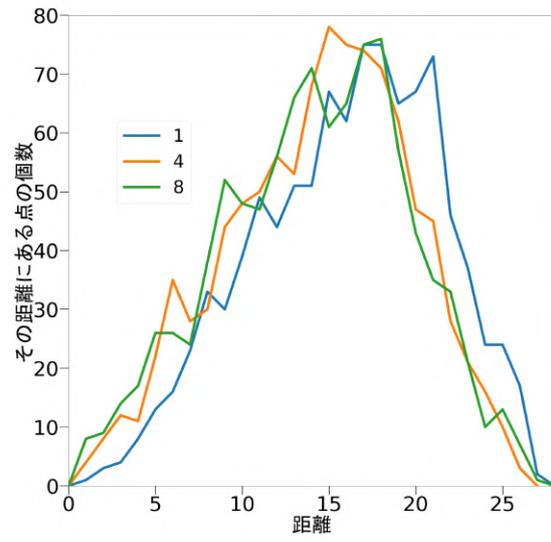
(a) 図 2 の $\kappa = 1.3$ での G_{1000}^{PPP} に, 感染の始まる点へ青色と赤色を示した図

(b) 図 27a の赤色の点と青色の点を感染の始まる点とし, 感染率 λ と平均の累計感染者数 $\langle N_I^{PPP} \rangle$ のグラフ

図 27: PPP において, 感染の始まる点を固定し感染シミュレーションした図



(a) PPP



(b) GPP

図 28: PPP と GPP のネットワークの探索

5 まとめ

第2章, 第3章から, 感染の始点に着目し SIR モデル感染シミュレーションを行うことでも逆転現象を説明することができた. さらに, 回帰分析を行った式からも逆転現象を説明できた. 図 29 が, 図 17 と図 19 を合わせた充填率 κ と感染率 λ の相図である. つまり, 感染率が小さい場合 GPP の累計感染者数が小さくなり, 感染率が大きい場合 PPP の累計感染者数が小さくなるといえる.

また第4章のネットワーク分析から, PPP と GPP の最大パーコレーション・クラスターには構造的な違いが見られ, それが感染現象の広がり方の違いに現れたといえる.

最後に, 本研究を通してソーシャルディスタンスの有効性や感染対策について議論する. まず, 図 29 の相図について考察する. 図 29 では感染率 λ が 3 までの相図であるが, 第1章の臨界充填率から相図は κ_c^{GPP} に漸近するような曲線を得ることができると考えられる. 換言すると, $\kappa < \kappa_c^{\text{GPP}}$ では感染率 λ が無限大でも逆転現象は起きないのである.

さらに現実的な感染対策について考える. 現実的には病原体の感染率を操作できないため, 充填率を操作する感染対策になる. たとえば, 部屋の大きさを考えたり人同士の距離を考たりするような密度を操作することが対策になるということである. しかし図 29 から, 充填率(密度)が大きくなるとソーシャルディスタンスの効果が発揮されず感染が広がりやすい集団になりえると考えられる. ここで注目したいことが, “極端に”感染の広がりやすい集団に変わることである. 充填率が小さければ無限大の感染率でも広がりにくい集団であったが, 充填率が大きければ感染率が小さくても広がりやすい集団になるということである. つまり, 十分なソーシャルディスタンスを行う集団は感染率がどんなに大きくても有効的であるが, 不十分なソーシャルディスタンスを行う集団は感染が広がりやすい集団に “極端に”変わるという.

しかし留意しなければならないことは, 充填率が大きい場合 PPP のようなソーシャルディスタンスのない集団の方が感染対策として良いということではない. すなわち, その場合ソーシャルディスタンスだけでは感染対策が不十分であるということを主張したい. 現実的には, ソーシャルディスタンスと一緒にアクリル板の設置, ワクチン接種, 換気などの感染対策が行われる. したがって, 点同士のつながりを切る, 状態が未感染者から回復者になる点の存在, 場の作用なども重要な感染対策であると予想される.

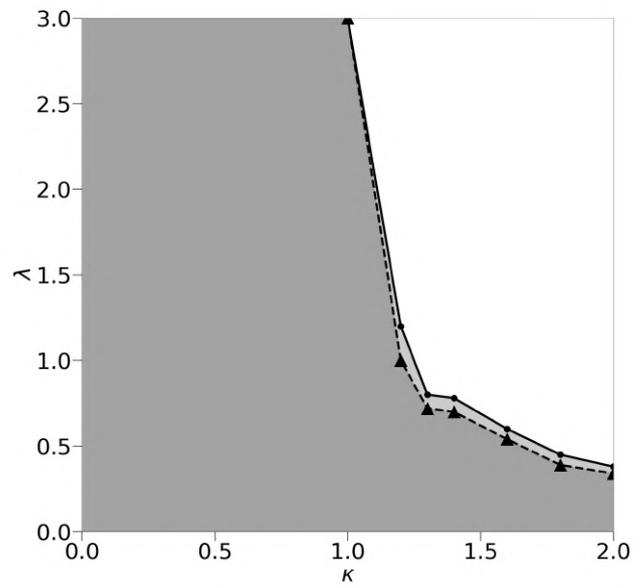


図 29: 充填率 κ と感染率 λ の相図. 実線がシミュレーションで得られた値による λ_* , 点線が回帰分析の式による λ_* である.

謝辞

本修士論文の作成と大学院での研究生生活を送るにあたり、多くの方々に支えられていることに対し、ここに感謝の意を述べたいと思います。指導教官である香取眞理教授には、学部4年生での研究室配属から3年間、熱心な研究指導を頂き、多くのことを学びました。深謝申し上げます。

脇田順一教授と米満賢治教授には、修士論文の副査を引き受けて頂き、有益な助言を頂きました。厚く御礼申し上げます。

香取研究室の佐藤僚亮氏、遠藤大樹氏、石井理矩斗氏には研究室セミナーにて多くの助言やコメントを頂き、より充実した研究を行うことができました。

最後に、私の勉学や生活を支えて頂いた家族に深く感謝致します。

参考文献

- [1] Machiko Katori, Makoto Katori: Continuum percolation and stochastic epidemic models on Poisson and Ginibre point processes. *Phys. A. Stat. Mech. its Appl.* **581** (2021), 126191
- [2] Machiko Katori, Makoto Katori: Spreading and suppression of infection clusters on the Ginibre continuum percolation clusters. arXiv:2105.044142
- [3] 村田剛志 (2019), Pythonで学ぶネットワーク分析, Colaboratory と NetworkX を使った実践入門, オーム社
- [4] Roberto Tamassia, Handbook of Graph Drawing and Visualization, (Chapman and Hall/CRC,2013)
- [5] D.T.Gillespie, A general method for numerically simulating the stochastic time evolution of coupled chemical reactions. *J. Comput. Phys.* **22** (4) (1976) 403-434, [https://doi.org/10.1016/0021-9991\(76\)90041-3](https://doi.org/10.1016/0021-9991(76)90041-3).