

## 複雑ネットワーク上のコンタクトプロセス

北海道大学電子科学研究所情報数理分野 一宮 尚志 (Takashi Ichinomiya)

Nonlinear Science and Computation, Research Institute for Electronic Science,  
Hokkaido University

### 1 Introduction

インターネット、神経細胞、人間関係、電力網など、我々が目にする多くのネットワーク構造は、従来数学で研究対象とされていたような規則的な構造からはほど遠い。近年、このようなネットワーク構造についての研究が盛んになってきた [1, 2]。特に、『スモールワールド』、『スケールフリーネットワーク』といった特徴が多くのネットワークに見られるのが判り、その構造の形成メカニズムなどに関して多くの議論がなされている。

一方で、このような複雑なネットワークの上でのダイナミクスの研究も盛んになりつつある。例えばネットワーク上での粒子のランダムウォークや、振動子の同期現象、感染症の流行などの問題である。こういった問題は、単に理論上興味深いというだけではなく、応用上も重要である。例えば、複雑なネットワークの上でランダムウォークする粒子の拡散を調べることは、インターネットの上で如何にして求める情報を探すのが効率的か、という問題と深くかかわっている。あるいは、複雑ネットワーク上での同期現象の研究は、脳の中にある神経細胞の同期発火の研究につながる。

こういったダイナミクスの研究の中でも特に注目を集めたのが、複雑ネットワーク上の感染症モデルの研究である。2001 年に Pastor-Satorras と Vespignani は、『ランダムネットワーク』と呼ばれるタイプの複雑ネットワーク上で、コンタクトプロセスと呼ばれる感染症のモデルを平均場近似を用いて解析した [3]。彼らは、ランダムネットワークのうち『スケールフリー』と呼ばれる特徴を持つネットワークでは、感染力の臨界値  $K_c$  が 0 になりうることを示した。これは、どれほど感染力が弱い病気でも、スケールフリーネットワークでは大流行を起こしうる、ということである。

しかしながら、この解析は『ランダムネットワーク』というタイプのネットワークに対して、平均場近似という近似をもって得られた、限定的な結論である。したがって、

- ランダムネットワークに限定されており、一般のスケールフリーネットワークには適用できないのではないか。
- 平均場近似を用いているが、これは妥当な近似なのだろうか。

といった疑問が残る。例えば前者についていえば、Eguíluz と Klemm は、スケールフリーだが  $K_c > 0$  になるようなネットワークの存在を示唆する数値シミュレーション結果を報告している [4]。後者に関していえば、そもそも平均場近似というのはいかに荒っぽい近似であり、厳密に評価すれば  $K_c \neq 0$  となる可能性も十分にあると思われる。

本講演では、一般のネットワークに対して、感染力の臨界値  $K_c$  の下限がネットワークの隣接行列の最大固有値  $1/\lambda_0$  で与えられることを示す。この証明は既に 2005 年に Ganesh らが与えてお

り [5]、本講演で述べるのはその別証明となっている。しかしながら、この証明で用いている『感染経路』の概念はより広い範囲で有効な概念であり、コンタクトプロセス以外のモデル等にも適用可能であると思われる。以下、まずは複雑ネットワークやコンタクトプロセスについて、まず簡単にこれらを解説し、必要な数学を準備する。

## 2 複雑ネットワーク

まず、本節で複雑ネットワークの定義、および後々必要になる数学的な道具立てを説明する。

グラフ理論の言葉で言えば、複雑ネットワークは、ノードとノード間をつなぐエッジから構成される単純グラフ  $G = (V, E)$  にすぎない。ここで  $V$ 、 $E$  は各々グラフを構成するノードとエッジの集合である（グラフ理論では、ノードではなくバーテックスと呼ぶことが多いが、ここではノードと呼ぶことにする）。単純グラフなので、二つのノード間に存在するエッジは高々一本である。また、両端が同一のノードであるようなエッジも存在しない。ここでは、簡単のためにグラフは無向グラフであるとする（有向グラフを用いることもある）。このネットワークの構造を記述するやり方はいくつかあるが、一つの方法は隣接行列  $A = (a_{ij})$  を用いて表す方法がある。隣接行列  $A$  は、 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  とし、 $v_i$  と  $v_j$  を両端とするエッジを  $(v_i, v_j)$  と表したとき、

$$a_{i,j} = \begin{cases} 1 & \text{if } (v_i, v_j) \in E \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

となる行列である。我々がここで考えるのは無向グラフであるので、 $a_{i,j} = a_{j,i}$  が成立している。したがって  $A$  は対称行列であり、対角化可能であることに注意しておこう。また、両端が同じノードであるエッジは存在しないので、対角成分  $a_{i,i}$  は 0 である。

数学的には単純グラフにすぎない複雑ネットワークであるが、物理や工学の立場から見ると複雑ネットワークは『単純』からは程遠い。複雑ネットワークには、インターネット、電力網ネットワークなどの工学的な物、人間関係や論文の協力関係といった社会的な物、食物連鎖や代謝といった生物学的なものなど、多くの種類のものがあるが、どれも数百から時には数百万のオーダーのノードで構成される巨大なネットワークであり、一見規則的な構造を持たないものである。複雑ネットワークの研究が盛んになった一つのきっかけは、こういった不規則で出鱈目に見えるネットワークの多くが、ある種の共通の構造を持っていることが発見されたことにある。特に特徴的なのが、度数分布関数に見られるスケールフリーと呼ばれる構造である。ノード  $v_i$  の度数  $k_i$  とは、ノード  $v_i$  に繋がっているエッジの総数であり、 $k_i = \#\{v_j | (v_i, v_j) \in E\} = \sum_j a_{i,j}$  で与えられる。 $P(k)$  をこの度数の分布関数とすると、インターネットをはじめとする多くのネットワークでは  $P(k) \propto k^{-\gamma}$  と度数の冪乗に比例する関係が得られている。このように  $P(k)$  が  $k$  の中に比例しているようなネットワークは『スケールフリーネットワーク』と呼ばれ、人間関係、インターネットなど多くのネットワークで見られる構造である。指数  $\gamma$  の値はネットワークにより異なるが、2から3の間であることが多い。こういった構造を生み出すメカニズムは何か、あるいはこういった構造を持つことによるメリットは何か、といったことを研究するのが複雑ネットワーク研究の一つの主題である。

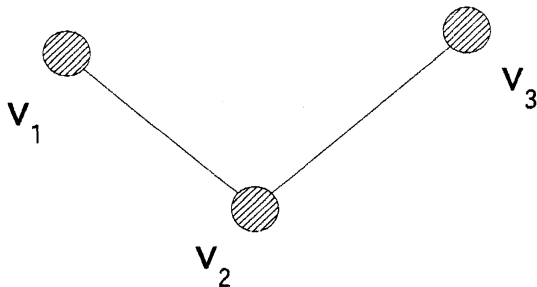


図1 簡単なネットワークと『歩道』の例。 $(v_1, v_2, v_3, v_2)$ は『歩道』であるが、 $(v_1, v_3, v_2)$ は『歩道』ではない。

以下で重要になる隣接行列の性質として、 $A^L$ の $(i, j)$ 成分がノード $v_i$ から $v_j$ に到る長さ $L$ の『歩道』の総数であることを注意しておく。ここで長さ $L$ の『歩道』 $p$ とは、 $v_i$ から $v_j$ へ $L$ 回エッジを辿っていく道筋のことであり、数学的に書けば長さ $L+1$ のノードの列 $(v_{p_0}, v_{p_1}, \dots, v_{p_L})$ のうちで全ての $i = 1, \dots, L$ に対して $(v_{p_i}, v_{p_{i+1}}) \in E$ を満たすもののことである。ただしここで $(v_{p_0}, \dots, v_{p_L})$ の中に何回同じノードが出てきても構わない。例えば図1のような簡単なネットワークを考えて、この上で $v_1$ から $v_2$ へ到る歩道がどのくらいあるかを考えてみよう。例えば、長さ1の歩道としては $(v_1, v_2)$ が、長さ3の歩道としては $(v_1, v_2, v_3, v_2)$ や $(v_1, v_2, v_1, v_2)$ などがある。一方、 $(v_1, v_3, v_2)$ などは、 $v_1$ と $v_3$ の間にエッジがないので『歩道』ではない。また、 $(v_1, v_2)$ と $(v_1, v_2, v_1, v_2)$ は、どちらも、 $v_1$ と $v_2$ の二つのノードから構成されているが、並びかたが異なるために異なる歩道となる。 $A^L$ の $(i, j)$ 成分が $v_i$ と $v_j$ の間の長さ $L$ の『歩道』の総数であることは、帰納法によって簡単に示される。

### 3 複雑ネットワーク上のコンタクトプロセス

複雑ネットワーク上のコンタクトプロセスは以下のように定義される。

1. ネットワーク上の全てのノード $v_i$ は、変数 $s_i$ を持つ。ここで $s_i = 1$ (感染状態)もしくは $0$ (非感染状態)である。
2. 時刻 $t$ において $s_i = 1$ ならば、時刻 $t + dt$ において確率 $dt$ で $s_i$ は $0$ に変化する。ここで $dt$ は無限微小量である。
3. 時刻 $t$ において状態 $s_i = 0$ ならば、時刻 $t + dt$ において $s_i$ は確率 $K n_i dt$ で $1$ に変化する。ここで $n_i$ は、隣接感染サイトの数 $n_i = \#\{v_j | (v_i, v_j) \in E \text{ かつ } s_j = 1\}$ である。

要するに、

- 健康な人と病気の人がいる、
- 病気の人是一定の確率で回復し、
- 健康な人は、近くに病気の人がいると一定の確率で病気を伝染される。近くに病気の人が多ければ多いほど、それに比例して伝染される確率が上がる。

というモデルである。

格子上のコンタクトプロセスについては、既に多くの研究があり [6]、その中で知られていることに以下の事実がある。時刻  $t = 0$  において、ある一つのノードのみが感染状態にあったと仮定する。 $\rho(t)$  を時刻  $t$  における病気の生存確率、すなわち一つでも  $s_i = 1$  となるノードが存在する確率とすると、

- 無限格子系ではある  $K_c$  があって、
  - $K > K_c$  では  $t \rightarrow \infty$  で  $\rho(t) \rightarrow p > 0$ 。
  - $K_c > K$  では  $t \rightarrow \infty$  で  $\rho(t) \rightarrow 0$ 。
- 有限格子系ではある  $K_c$  があって、
  - $K > K_c$  では  $t \rightarrow \infty$  で  $\rho(t) \propto t^{-\beta}$ 。
  - $K_c > K$  では  $t \rightarrow \infty$  で  $\rho(t) \propto \exp(-\alpha t)$ 。

無限格子系での  $K_c$  と有限格子系での  $K_c$  が同じとは限らないことに注意しておく。我々が考えている複雑ネットワークは、有限のノードからなるものを考えているので、有限格子系と似た性質を備えていると考えるのが自然であろう。従って我々の目的は、下の  $K_c$  を評価することである。

## 4 『感染経路』の導入

前節で述べたコンタクトプロセスには、『誰から感染したのか』という情報がなかった。ノード間の病気の感染にあたるのは、コンタクトプロセスのルールのうち 3. だが、これは感染確率を与えるだけでどこから感染したのかという情報を含んでいない。そこで、感染経路を考えるためにこの 3. のルールを以下のように変更しよう。

- 3'. 時刻  $t$  において状態  $s_i = 0$  ならば、時刻  $t + dt$  において  $s_i$  は確率  $K a_{i,j} s_j dt$  でノード  $j$  より感染し、 $s_i = 1$  に変わる。

$K a_{i,j} s_j$  は  $(i, j) \in E$  かつ  $s_j = 1$  の時のみ 1 で、それ以外の時は 0 であるから、 $\sum_j a_{i,j} s_j = n_i$  となり、 $s_i = 1$  となる確率自体は  $dt \rightarrow 0$  では通常のコンタクトプロセスと変わらない。通常のコンタクトプロセスに、誰から病気が伝染ったかという『感染経路』の情報を加えたのがこのモデルである。

さて、時刻  $t = T$  に  $s_i = 1$  であったとしよう。このノードが  $t = 0$  からずっと感染状態 ( $s_i = 1$ ) であったのでなければ、ある時刻に他のノードがこのノードに病気を「うつした」はずである。新しいルールでは、感染元のノードは一意に決まっている。そこで感染元のノードを  $v_i$  としよう。

もしこのノードが  $t=0$  からずっと感染状態であったのでなければ、同様にその感染元をさらに決定することができる。以下これを繰り返せば、時刻  $t=0$  に感染していたノードの内の一つ  $v_{i_0}$  から、 $v_i$  へと到る『感染経路』  $(v_{i_0}, v_{i_1}, \dots, v_i)$  を一つ決定することができる。この感染経路の中には同じノードが何度出てきても良い。コンタクトプロセスは『免疫』を持たないモデルであり、何度でも各ノードが同じ病気にかかりうるので、何度も同じノードが出てくるのが許されるのである。

ある一つのノード  $v_i$  から他のあるノード  $v_j$  へと到る『感染経路』とは、 $v_i$  と  $v_j$  をつなぐ『歩道』に他ならない。そして、時刻  $t$  においてあるノード  $v_i$  が感染している確率  $P_i(t)$  は、

$$P_i(t) = \sum_{\text{全ての歩道}} (\text{その『感染経路』を通して時刻 } t \text{ に感染状態にある確率}) \quad (2)$$

で書き表せる。この右辺を不等式を用いて評価していこう、というのが以降の節の内容である。

## 5 ある『経路』で感染する確率の評価

簡単のため、時刻  $t=0$  ではノード  $v_{i_0}$  のみが感染していたとしよう。ここで、時刻  $t$  にノード  $v_{i_L}$  が感染状態であり、かつその感染経路が  $(v_{i_0}, v_{i_1}, \dots, v_{i_L})$  である確率  $P_{i_L}(t; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_L})$  を考察しよう。時刻  $t$  にこの経路で感染している、ということは、それより前のある時刻にノード  $v_{i_L}$  がノード  $v_{i_{L-1}}$  から病気を伝染され、それが治らないまま時刻  $t$  になったということである。しかも  $v_{i_{L-1}}$  が病気にかかった時、その感染経路は  $(v_{i_0} \dots v_{i_{L-1}})$  でなくてはならない。

ノード  $v_{i_L}$  が感染した時刻を  $t'$  としよう。この感染が起こる確率は、時刻  $t'$  に経路  $(v_{i_0} \dots v_{i_{L-1}})$  でノード  $v_{i_{L-1}}$  が感染している確率  $P_{i_{L-1}}(t'; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_{L-1}})$  に、感染力  $K dt$  と、さらに時刻  $t'$  の時点でノード  $v_{i_L}$  が感染していない確率  $Q$  を掛けたものである。さらに、時刻  $t'$  に感染した病気が  $t$  までに回復してはならないが、この確率は  $\exp(-(t-t'))$  で与えられる。以上のことから

$$P_{i_L}(t; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_L}) = K \int_0^t dt' P_{i_{L-1}}(t'; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_{L-1}}) Q \exp(-(t-t')) \quad (3)$$

と表すことができる。

この式において問題なのは  $Q$  であり、これはネットワーク構造や感染経路など、様々なものに依存している。しかしながら、 $Q$  は上に述べたように確率なので必ず 1 以下である。したがって、

$$P_{i_L}(t; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_L}) \leq K \int_0^t dt' P_{i_{L-1}}(t'; v_{i_0} v_{i_1} \dots v_{i_{L-1}}) \exp(-(t-t')) \quad (4)$$

が成立する。

左辺の大きさを評価しよう。まず  $L=0$  の場合は、時刻 0 で感染状態のノードが時刻  $t$  まで回復しない確率であり、これは簡単に  $P_{i_0}(t; v_{i_0}) = \exp(-t)$  と求まる。続いて  $L=1$  の時は、上の式より

$$P_{i_1}(t; v_{i_0} v_{i_1}) \leq \int_0^t dt' K P_{i_0}(t; v_{i_0}) \exp(-t+t') = K t \exp(-t) \quad (5)$$

となる。以下、数学的帰納法を用いると、

$$P_{i_L}(t; v_{i_0} v_{i_1} \cdots v_{i_L}) \leq \frac{(Kt)^L}{L!} \exp(-t) \quad (6)$$

を得る。

## 6 経路について和を取る

さて、時刻  $t$  にノード  $i$  が感染している確率  $P_i(t)$  を考えよう。先に述べたように、時刻  $t$  にノード  $i$  が感染しているとすれば、感染経路が一意的に特定できるのであるから、時刻  $t$  における感染確率は、可能な全ての感染経路に対して和をとってやればよい。

$$P_i(t) = \sum_{L=0}^{\infty} \sum_{(v_{i_0} \cdots v_{i_L})} P_i(t; (v_{i_0} \cdots v_{i_L})) \quad (7)$$

ここで、先の結果 (6)、およびノード  $i_0$  から  $i$  に到る長さ  $L$  の全ての『歩道』の本数が  $(A^L)_{i,j}$  で与えられることより、

$$P_i(t) \leq \sum_{L=0}^{\infty} \frac{(Kt)^L}{L!} \exp(-t) (A^L)_{i,j} \quad (8)$$

となる。ここで、 $A$  は対称行列なので、対角化が可能である。 $A$  の最大固有値を  $\lambda_0$  とすると、 $A$  の全ての固有値は  $\lambda_0$  より小さいので、ある定数  $C$  があって  $(A^L)_{i,j} \leq C \lambda_0^L$  が成立する。

よって、

$$\begin{aligned} P_i(t) &\leq \sum_{L=0}^{\infty} C \frac{(Kt\lambda_0)^L}{L!} \exp(-t) \\ &= C \exp[(K\lambda_0 - 1)t] \end{aligned} \quad (9)$$

を得る。

この式は、 $K\lambda_0 < 1$  の時には  $P_i(t)$  が指数関数的に減少することを示している。このとき、3節で導入した生存確率  $\rho(t)$  に関しては、 $\rho(t) \leq \sum_i P_i(t) \leq NC \exp[(K\lambda_0 - 1)t]$  なので、時間とともに指数関数的に減少する。このことは、 $K_c \geq 1/\lambda_0$  であることを示している。

## 7 結論とコメント

以上のように、複雑ネットワーク上のコンタクトプロセスの感染確率に関して  $K_c \geq 1/\lambda_0$  であることが証明された。この証明の核は、感染確率を評価するのに、

1. 『感染経路』という『一次元有向グラフ』上での感染確率を計算する。
2. 上でもとめた感染確率を全ての感染経路に対して足しあわせる

という 2 段階に分けるところにある。複雑なネットワーク上での振舞を直接調べるのは難しいので、次元上での問題にまずは焼直し、最後に複雑ネットワーク上へと拡張する。このような戦略は、コンタクトプロセスに限らず、多くのケースで有向な証明戦略ではないかと思われる。

ここで、今回の結果と Pastor-Satorras らの解析の関係について述べておこう。彼らは、ランダムネットワーク上での平均場近似を用いてコンタクトプロセスを解析し、 $K_c = \sum_k k^2 P(k) / \sum_k k P(k)$  を得た。この結果は、スケールフリーネットワーク  $P(k) \propto k^{-\gamma}$  に対して  $\gamma \leq 3$  ならば  $K_c = 0$  となることを示している。彼らの結果と我々の結果は矛盾しないのであろうか。

実は、十分大きなランダムネットワークでは、 $\lambda_0 \sim \sum_k k^2 P(k) / \sum_k P(k)$  となり、 $\gamma \leq 3$  ならば  $N \rightarrow \infty$  で  $\lambda_0$  が発散することが示されている [7]。したがって我々の結果はランダムネットワークに対しては  $K_c \geq \sum_k k^2 P(k) / \sum_k k P(k)$  を意味することとなり、Pastor-Satorras らの結果とは矛盾するものではない。もちろん今回の我々の結果は、ランダムネットワークに限らず任意のネットワークに対して成立するので、より一般性の高い結果である。

$\gamma \leq 3$  のランダムスケールフリーネットワーク上でダイナミクスに異常が現れる例はいくつか他にも知られている。例えば、複雑ネットワーク上に配置した振動子間での同期現象（蔵本転移）に関しては、スケールフリーランダムネットワークで  $\gamma \leq 3$  ならば無限に小さい相互作用があれば同期が起こることが示されている [8]。また、強磁性イジングスピンモデルでは、同様の条件で相転移温度が発散する [9]。これらの振舞も、最大固有値の値が発散することと関係があるのだろうか？実は前者の同期現象に関しては、この問は肯定的に解決されている [10]。後者のイジングモデルの相転移に関してはいまのところ不明であり、今後解決されるべき課題である。

## 7.1 一般のネットワークに関して

本講演で扱ったのは、無向グラフで表されるネットワークであった。有向グラフを用いた場合も、全く同様の議論が可能である。この場合にもノード  $v_i$  から  $v_j$  への長さ  $L$  の歩道の本数は  $A^L$  の  $(i, j)$  成分で与えられるが、隣接行列  $A$  が対角化可能であるとは限らない。しかしながら、 $A$  を Jordan 標準形に変換して同じように考えてやることができる。この場合は  $A^L$  の各要素に対して  $(A^L)_{i,j} \leq \sum_{k=0}^r f_r(k) \lambda_0^{L-k}$  のように書けることがわかる。ここで  $r$  は固有値が  $\lambda_0$  である Jordan 細胞の rank であり、 $f_r(k)$  は最大次数  $r-1$  の多項式である。これを用いると、 $P_i(t) \leq \beta(K \lambda_0 t) \exp[(K \lambda_0 - 1)t]$  が容易に示せる。ここで  $\beta(x)$  はある多項式であり、その最大次数は  $r-1$  以下である。

また、感染力の強さがエッジによって異なるようなケースも一般には考えられる。この場合は、隣接行列  $A$  の代わりに、ノード  $i$  と  $j$  との間の感染力が  $(i, j)$  成分となる行列  $B$  を考えてやると、全く同じように議論が展開できて、 $B$  の最大固有値  $\lambda'_0$  に対して  $K_c \geq 1/\lambda'_0$  が示される。

このように、今回用いた証明法は、一般のネットワークモデルに対しても容易に拡張できる。

## 7.2 評価の改良

今回の手法で得た  $K_c$  に対する評価であるが、これをより改善することは可能だろうか。まず考えられるのが、不等式 (4) の評価の改善である。式 (3) より  $Q \leq 1$  としたが、 $Q$  をもう少し厳しく見積もれないだろうか。

ノードが  $v_0, v_1$  の二つしかない場合を考えてみよう。当然この2つのノードはエッジで繋がっているものとする。もしこのエッジが  $v_0$  から  $v_1$  への有向グラフだとしたら、感染はノード  $v_0$  から  $v_1$  への感染しかない。このとき、長さ1の感染経路での感染確率  $P_{v_1}(t; v_0, v_1)$  は完全に計算できて、

$$P_{v_1}(t; v_0, v_1) = \frac{Kt \exp(-t)}{K+1} + \frac{K^2 \exp(-t)}{(K+1)^2} - \frac{K^2 \exp(-Kt-2t)}{(K+1)^2} \quad (10)$$

となる。 $t \rightarrow \infty$  ではこれは任意の  $\epsilon > 0$  に対して  $P_{v_1}(t) < (1 + \epsilon) \frac{Kt}{K+1} \exp(-t)$  を与える。他のノードがある場合や、 $v_1$  から  $v_0$  へ向かうエッジがある場合には、 $v_1$  が別の経路で感染する確率が増える (例えば  $(v_0, v_1, v_0, v_1)$  のような長さ3の感染経路が考えられる)。しかしながら、他の感染経路の存在は、この感染経路での感染確率を下げこそすれ、上げるものではない。従って  $P_{v_1}(t; v_0, v_1) < (1 + \epsilon) \frac{Kt}{K+1} \exp(-t)$  はやはり成立する。

もしも、長さ  $L$  の感染経路に対しても同様に

$$P_{i_L}(t; v_{i_0} v_{i_1} \cdots v_{i_L}) < (1 + \epsilon) \frac{(Kt)^L}{(K+1)^L L!} \exp(-t) \quad (11)$$

が成立するならば、全く今回の議論と同様にして、 $P_i(t) \leq C \exp[(\frac{K\lambda_0}{K+1} - 1)t]$  が成立する。これは  $K_c \geq \frac{1}{\lambda_0 - 1}$  を意味しており、今回の結果よりもよりよい評価になっている。残念ながら、これを示すことはまだ出来ていないが、おそらく成立するであろうと予想している。

もう一つの問題は、 $K_c$  を下から評価することが可能かという問題である。こちらに関しては、この証明の方針では困難であると言わざるを得ない。全く別のアプローチが必要となるだろう。

## 7.3 他の感染症モデルへの適用

本講演ではコンタクトプロセスについての研究結果を述べたが、感染症モデルは他にもいくつかある。そういったモデルに対しても今回の手法は拡張可能だろうか？

感染症モデルの中でもコンタクトプロセスと並んで良く研究されているモデルに、SIR モデルと言われるモデルがある。このモデルでは、非感染者が感染するところはコンタクトプロセスと同一だが、感染者が治癒すると免疫を持った状態になり、二度と同じ病気に感染することはない。

このようなモデルについて今回の手法を適用することを考えてみると、『感染経路』の数がぐっと減少することがわかる。同じノードが2度感染することがないので、 $(v_1, v_2, v_1, v_3)$  といった、同じノードが2度出てくる『歩道』は『感染経路』になりえない。つまり、複雑ネットワーク上で自己交差を起こさない道、self-avoiding walk のみが感染経路となる。self-avoiding walk に関して



は、単純な『歩道』の問題と異なり、通常の格子上ですらその数を知るのは困難である。ましてや複雑ネットワーク上の self-avoiding walk に関しては研究は始まったばかりであり、今後の発展が期待される。

## 参考文献

- [1] R. Albert and A. Barabási, *Rev. Mod. Phys.* **74** 47(2002).
- [2] 増田 直紀、今野 紀雄、『複雑ネットワークの科学』産業図書 (2005).
- [3] R. Pastor-Satorras and A. Vespignani, *Phys. Rev. Lett.* **86** 3200(2001).
- [4] V. M. Eguíluz and K. Klemm, *Phys. Rev. Lett.* **89** 108701(2002).
- [5] A. Ganesh, L. Massouli/e and D. Towsley, *Proceedings of IEEE Infocom*(2005).
- [6] 今野 紀雄『無限粒子系の科学』講談社サイエンティフィク (2008).
- [7] F. Chung, L. Lu and V. Vu, *Proc. Nat. Amer. Soc.* **100** 6313 (2003).
- [8] T. Ichinomiya, *Phy. Rev. E* **70** 26116(2004).
- [9] S. N. Dorogovtsev, A. V. Goltsev, and J. F. F. Mendes, *Phys. Rev. Lett.* **66** 016104(2002).
- [10] J. G. Restrepo, E. Ott and B. R. Hunt, *Phys. Rev. E* **71** 036151(2005).