

格子空間上の集団に対する侵入速度の評価について

佐藤一憲 (静岡大・工)

Speed of invasion for lattice population

Kazunori Sato (Shizuoka Univ.)

sato@sys.eng.shizuoka.ac.jp

概要

Ellner *et al.* (1998) は, 個体が格子空間上に規則的に配置されている集団に対して, 先頭走者の位置のダイナミクスを考えることによって, 侵入速度を精度よく近似的に評価することに成功した. ペアエッジ法と呼ばれるこの方法は, 先頭走者の後方にある集団が通常のパア近似によって得られる平衡状態にあるものと仮定しているが, 集団が存続するための臨界出生率 β_c に対しては, 通常のパア近似よりも精度の高い近似値を与える. それでは, ペア近似よりも高次の切断をおこなって, 先頭走者の後方にある集団を, 隣り合った 3 点 (あるいはそれ以上の個数の点) の閉じたダイナミクスの平衡状態として考えれば, β_c の値に対する評価はどの程度まで改善されるだろうか. ここでは, このペアエッジ法について, 臨界出生率の精度を上げるための近似方法の 1 つとして位置づけ, さらに精度を上げるための考察をおこなう.

1 ベーシックコンタクトプロセスとペアエッジ法

ベーシックコンタクトプロセスは, 格子空間上で定義された確率モデルであり, 数学的な解析がもっとも進んでいるもののひとつである (Harris 1974). これは, 状態遷移ルールとしては, 伝染病の SI モデルであるが, 病気の感染は格子空間上で隣り合った個体間でしか起こらないことが大きな特徴である. ここでは, S を空き格子点に, I を生物個体の占有格子点として, 病気の感染を新たな

生物個体の出生であると解釈して話を進めることにする。また、格子空間の次元も1次元に限定する。

このベーシックコンタクトプロセスについて、特に、生物集団が存続するための臨界出生率を考えることにする。現時点では、その厳密な値は得られていない。そのために、臨界出生率の上限値と下限値を厳密に求める方法がいろいろと考えられてきた(今野 2008)。

一方、物理学や生物学では、数学的に厳密に検討された方法とは言えないものの、格子モデルを定量的あるいは定性的に解析するときに、ペア近似が有効であることが示されてきた(たとえば, Matsuda *et al.* 1992)。

その後, Ellner *et al.* (1998) は、生物が空き地に侵入していく状況を想定して、その侵入スピードを評価する方法を考え出した。出生率が大きい場合には空き格子点の方に集団が拡大していき、出生率が小さい場合には、逆に、集団がどんどんと縮小していつてついには絶滅してしまうだろう。したがって、平均的に、集団が拡大も縮小もしない出生率が臨界値である。

Ellner *et al.* (1998) のアイデアは、「先頭走者」の位置のダイナミクスを考えるというものである。先頭走者が前進する(拡大する)場合はその距離は必ず1であるが、後退する(縮小する)場合には、「次の走者」の位置によって後退距離が異なってくるために、その評価をおこなう必要がある(図1)。彼らは、先頭走者より後方の集団はペア近似の平衡状態にあるとみなすことによって、次の走者の平均的な位置を見積もった。このように、エッジ(端)に相当する先頭走者の位置のダイナミクスを考えて、エッジの後方集団にはペア近似を使うことから、この方法をペアエッジ法と呼ぶのである。Ellner *et al.* (1998) は、このペアエッジ法によって、通常のペア近似よりも精度の良い臨界出生率を求めることに成功した。

2 ペアエッジ法とその拡張

ベーシックコンタクトプロセスの臨界出生率を近似的に求めるとき、平均場近似よりもペア近似(2点切断近似とも呼ばれる)の方が精度の良い値が得られることが知られている。3点切断近似をおこなうことによって、さらに近似の精度を上げることもできる。ペアエッジ法の場合はどうだろうか。先頭走者の後方集団を3点切断近似の平衡状態にあると仮定すると、ペア近似の場合よりも良い臨界出生率が得られるだろうか(図2)。

このような近似をおこなっても、ペア近似の場合よりも良い値を得ることはできない。実は、さらに精度のよい近似によって、先頭走者の後方集団を仮定しても、ますます精度が悪くなることが予想される(図3)。このことは、Ellner *et al.* (1998) にしたがっ

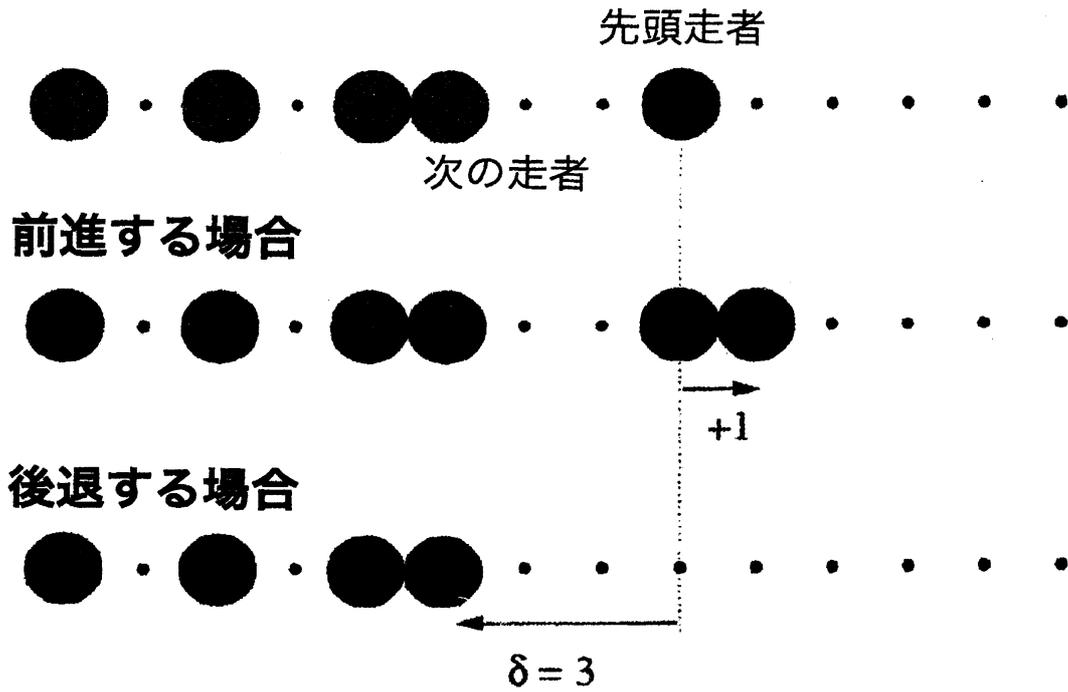


図 1: エッジ (= 先頭走者) の位置の変化 (Ellner *et al.* 1998).

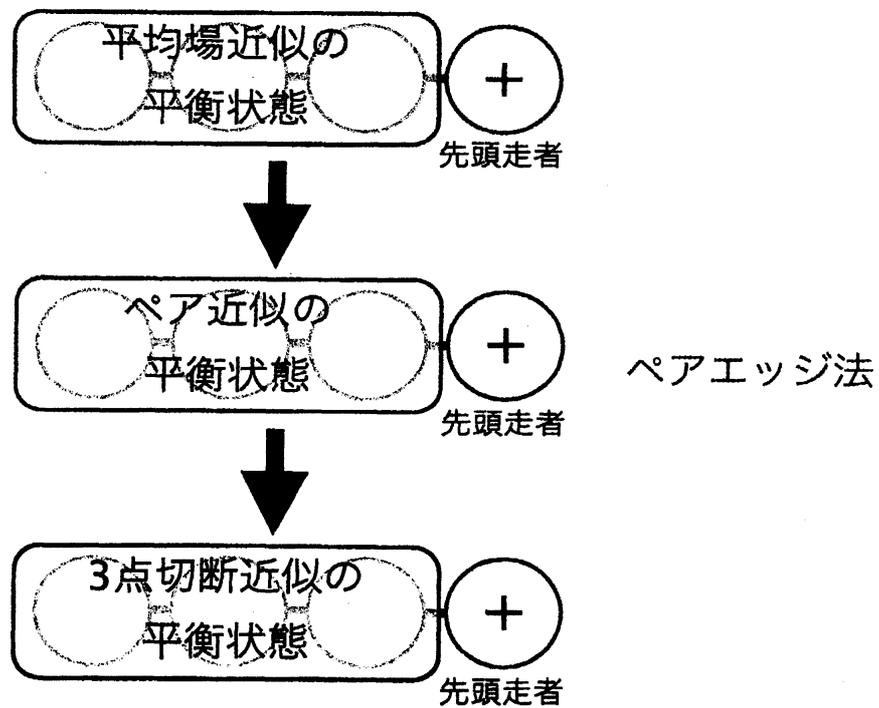


図 2: 先頭走者の後方集団の近似を上げる

て後退距離の平均値を計算してみると、侵入スピードが次のようになることから言える：

$$v_1(\beta) = \beta - \frac{1}{\rho_+}$$

ただし、 β は1個体当たりの出生率、 ρ_+ は先頭走者の後方集団に適用された近似によって得られる占有格子点の割合である。

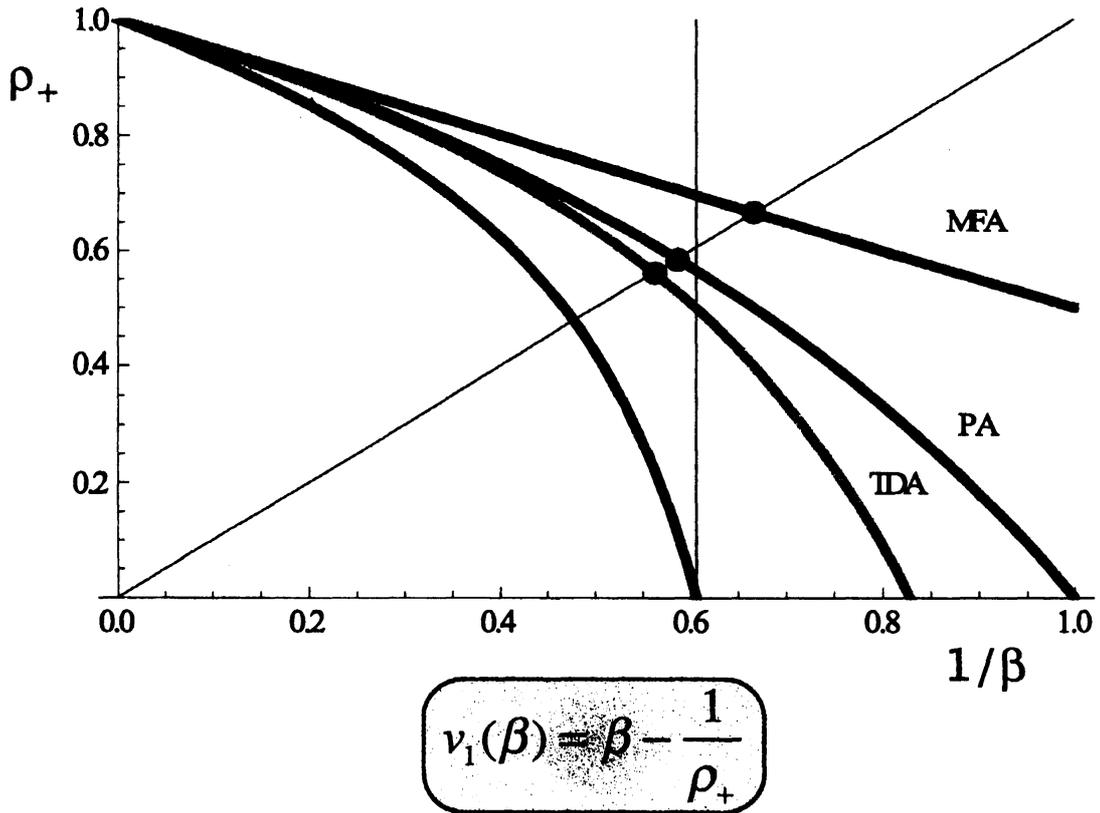


図 3: $v_1(\beta_c) = 0$ を満たす β_c を求める。

ペアエッジ法では、次の走者の位置をペア近似によって求めた、見方を少しだけ変えると、先頭走者以外はすべてペア近似の平衡状態にあると仮定したのである。そこで、より高次の近似として、先頭走者の1つだけ後方の格子点の状態だけは近似せずに、それ以外は近似することを考える。ただし、今度は、3点切断近似を用いることにする。このように、先頭走者から見てどこまで後方の格子点を近似せずに、それ以外はどのような近似を用いるか、という組み合わせを考えることによって、各々の近似の程度のレベルの中で、もっとも良い近似値を得るためには、図4のような組み合わせになっていることがわかった。もはや先頭走者の後方集団は近似のレベルによってペア近似を適用するとは限らないが、エッジの位置のダイナ

ミクスを考えることによって、ペアエッジ法の考え方を拡張した近似になっている。また、このような組み合わせによって得られた近似値を図5にまとめて示した。

ところで、ペアエッジ法では侵入スピードを評価することを目的としていて、臨界出生率は侵入スピードがちょうど0になる場合に対応していた。ここで、侵入スピードの評価について何も言及しなかったのは、実は β が大きい場合には、どのような近似を用いても侵入スピードにはそれほど大きな違いは生じない。そこで、近似の程度によってもっとも大きな違いが現れる臨界出生率にだけ焦点をあてた。

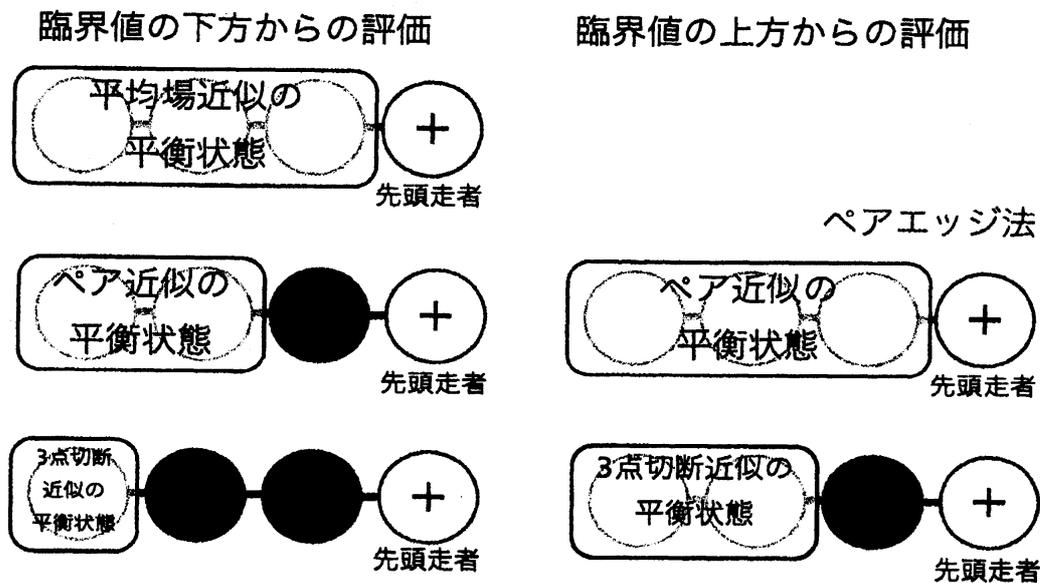


図4: ペアエッジ法の精度を上げる

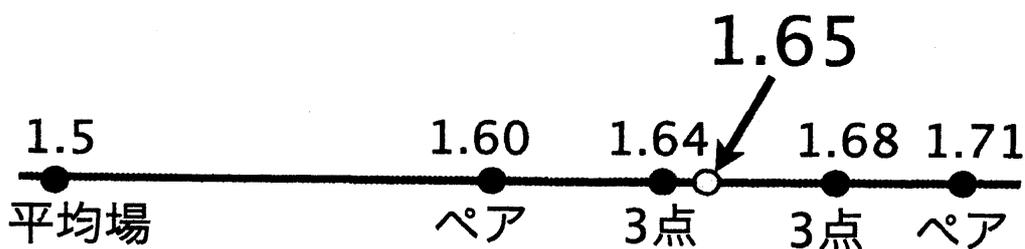


図5: ペアエッジ法とその拡張による臨界出生率の挟み込み評価

3 展望

先に述べたように、格子モデルを数学的に解析する分野（無限粒子系）では、臨界値の上限値と下限値を厳密に評価する様々な方法が知られている（今野 2008）。臨界値を下から評価する方法のひとつであるエッジプロセス法（Ziezold & Grillenberger 1988; Sudbury 1998）により、現時点で得られている最良の評価は 1.5517 である（Sudbury 2001）。ここで紹介したペアエッジ法とその拡張は、エッジプロセス法のアイデアとは極めて類似しているが、後者は、先頭走者の後方集団はすべて占有格子点であるものとする（この仮定によって臨界値を下方から評価することになるが、上方からの評価はできない）。ここで示したようなペアエッジ法とその拡張が、上下両方向からの近似となっていることを数学的に保証することが、今後の大きな課題である。

参考文献

- Ellner SP, Sasaki A, Haraguchi Y, Matsuda H (1998) Speed of invasion in lattice population models: pair-edge approximation. *J Math Biol* 36:469–484
- 今野紀雄 (2008) 無限粒子系の科学. 講談社サイエンティフィク
- Matsuda H, Ogita N, Sasaki A, Sato K (1992) Statistical mechanics of population: The Lotka-Volterra model. *Prog Theor Phys* 88:1035–1049
- Sudbury AW (1998) A method for finding bounds on critical values for non-attractive particle systems. *J Phys A: Math Gen* 31:1–9
- Sudbury AW (2001) Rigorous lower bounds for the critical infection rate in the diffusive contact process. *J Appl Probab* 38:1074–1078
- Ziezold H, Grillenberger C (1988) On the critical infection rate of the one-dimensional basic contact process: Numerical result. *J Appl Probab* 25:1–15