位置関係を考慮した地域ごとのインフルエンザ流行予測

村山　太一† 　清水　伸幸†† 　藤田　澄男†† 　若宮　翔子† 　荒牧　英治†

† 奈良先端科学技術大学院大学　〒 630-0192 奈良県生駒市高山町 8916-5
†† ヤフー株式会社　〒 102–8282 東京都千代田区紀尾井町 1-3 東京ガーデンテラス紀尾井町 紀尾井タワー
E-mail: †{murayama.taichi.mk1,wakamiya,aramaki}@is.naist.jp, ††{nobushim,sufujita}@yahoo-corp.jp

あらまし　インフルエンザは多くの死者をもたらす可能性があり，流行予測は重要な課題である．国ごとのインフルエンザ流行予測は多く行われているが，より詳細な地域ごとの予測はあまり行われていない．本研究では，感染症の多くは人から人へと感染する特徴から通勤・通学データを用いて地域間の関係を考慮し，Graph Convolutional Neural Network (GCN) を用いて日本における各都道府県のインフルエンザ流行予測を行なう．最後に，公衆衛生機関にとって重要な周期性の持つ時系列に適した予測区間の付与を行なう．本研究の結果から，GCN が感染症流行予測の地域ごとの予測の際に有用なモデルの 1 つであること，通勤・通学データが感染症流行予測において有用であるという知見を得られた．

キーワード　感染症，時系列予測，公衆衛生，予測区間，Graph Convolutional Neural Network

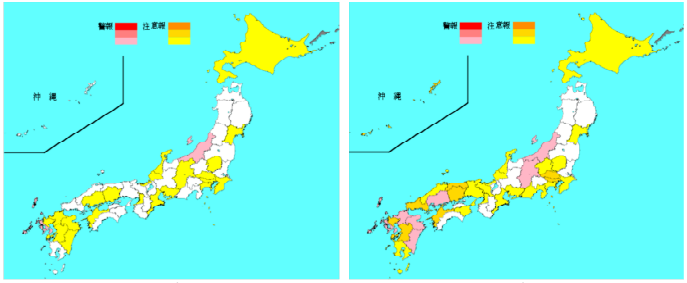
1　はじめに

感染症流行の予測は公衆衛生における 1 つの課題である．感染症流行は患者数の増加による経済的損失や混乱を引き起こすことから，流行を予測することは予防や流行の対処といった観点からも重要である．感染症は宿主の咳やくしゃみによる「飛沫感染」や，宿主の病原体が付着した物体を触ったことによる「接触感染」などにより広がっていき，感染者そのものが流行の原因となる特徴を持っている [1]．このことから一部の感染症は地域から地域へと流行が移っていくという特徴が見られる (図 1 参照 [1])．

多くの研究で様々な感染症の流行が予測されているが，中でもマラリア [2], [3] とインフルエンザ [4], [5] の流行予測が多く行われている．しかしながらこれらの大半は国全体の予測に焦点を当てたもので，地域ごとの流行予測を行ったものは多くない．最近では，米国の公的感染症対策組織である CDC(Centers for Disease Control and Prevention) は地域ごとのインフルエンザ流行予測システム作成を目的としたコンペティションを開催しており，複数のチームが地域の流行予測を目的としたモデルを提出している [6]．しかし，提出されたモデルは地域の位置関係などの地域の特徴を考慮したモデルはなく [7]，多くのモデルは予測精度向上の余地があると考えられる．

本研究では，地域間の関係を考慮したモデルも用い，日本の都道府県単位でのインフルエンザの流行予測を行う．これまでの地域間の関係を考慮した感染症予測の研究として，Ransalu ら [8] や Yuexin ら [9] の研究が挙げられるが，本研究では地域間の関係として隣接情報ではなく地域間の通勤・通学データを用いる点が異なる．加えて，時空間を考慮可能な Graph Convolutional Neural Network のモデルをインフルエンザ流行予測の実験に用いる．最後に，医療機関や公衆衛生機関の決定にとって必要な予測区間の付与を行う．

1：https://www.niid.go.jp/niid/ja/flu-map.html



(a) 2017年49週　(b) 2017年50週

図 1　インフルエンザの流行地域図
(a) 2017 年 49 週目 (b) 2017 年 50 週目の流行地域を示している．(a) 新潟県，広島県，長崎県などを中心とした流行が，(b) 翌週には周辺の都道府県に広まっている．

本論文の主な貢献は以下の 3 つである．

（1） インフルエンザ流行予測において，通勤・通学データが空間情報として有用であるということを実証した点

（2） 空間考慮可能な Graph Convolutional Network の感染症予測における有効性を検証した点

（3） 周期性を持つ時系列において有用となる新たな不確実性推定方法を考案し，予測モデルに対し決定，判断に重要な予測区間を付与した点

2　モデル

2.1　Diffusion Convolutional Recurrenct Neural Network

Diffusion Convolutional Recurrenct Neural Network(以下，DCRNN) モデルは，Graph Convolutional Network(以下，GCN) の一種であり，交通量予測のために考案されたモデルである．本研究では，交通量の観測点を感染症流行予測の対象となる地域とみなし，本研究に適用する．DCRNN は交通量

を拡散過程と関連付けることで空間的依存性をモデル化する．$\boldsymbol{W} \in R^{n \times n}$ が重み付き隣接行列とし $\boldsymbol{D_O} = diag(\boldsymbol{W}\boldsymbol{1})$($\boldsymbol{1}$ はすべて 1 のベクトル)，としたとき拡散過程の定常分布は式 (5) のように定義される．

$$\boldsymbol{P} = \sum_{k=0}^{\infty} \alpha (1-\alpha) \left(\boldsymbol{D_O^{-1}W}\right)^k \tag{1}$$

式 (5) を用いて，入力 $\boldsymbol{X} \in R^{n \times M}$ への Diffusion convolution は

$$\begin{aligned} \boldsymbol{X_{:,m}} \star \boldsymbol{g_{f_\theta}} = \sum_{k=0}^{K-1} \Big(& \theta_{k,1} \left(\boldsymbol{D_O^{-1}W}\right)^k \\ & + \theta_{k,2} \left(\boldsymbol{D_I^{-1}W}^T\right)^k \Big) \boldsymbol{X_{:,m}} \\ & m \in \{1 \ldots M\} \end{aligned} \tag{2}$$

となる．$\boldsymbol{\theta} \in R^{K \times 2}$ はパラメータとなり、$\boldsymbol{D_O^{-1}W}$ と $\boldsymbol{D_I^{-1}W}^T$ は出次と入次を考慮した拡散過程の遷移行列を表す．式 (6) で定義された Convolution を用いて入力の M 次元から出力 Q 次元へと写像する Diffusion Convolutional Layer は出力 $H \in R^{n \times Q}$ のとき，

$$\boldsymbol{H_{:,q}} = \boldsymbol{a} \left(\sum_{m=1}^{M} \boldsymbol{X_{:,m}} \star \boldsymbol{g_{f_{\Theta_{q,m,:,:}}}} \right) \quad q \in \{1 \ldots Q\} \tag{3}$$

と定義される．$\boldsymbol{\Theta} \in R^{Q \times M \times K \times 2}$ はパラメータ，$\boldsymbol{a}$ は ReLU や Sigmoid などの活性化関数を表す．

時間依存性を考慮するために，Diffusion Convolutional Layer をリカレントニューラルネットワークに取り組む．本モデルは RNN の 1 つとして Gated Recurrent Neural Networks [11] を用い行列乗算を Diffusion Convolution に置き換える．

$$\begin{aligned} \boldsymbol{r}^{(t)} &= \sigma \left(\boldsymbol{\Theta}_r \star g \left[\boldsymbol{X}^{(t)}, \boldsymbol{H}^{(t-1)} \right] + \boldsymbol{b}_r \right) \\ \boldsymbol{u}^{(t)} &= \sigma \left(\boldsymbol{\Theta}_u \star g \left[\boldsymbol{X}^{(t)}, \boldsymbol{H}^{(t-1)} \right] + \boldsymbol{b}_u \right) \\ \boldsymbol{C}^{(t)} &= tanh \left(\boldsymbol{\Theta}_C \star g \left[\boldsymbol{X}^{(t)}, \left(\boldsymbol{r}^{(t)} \odot \boldsymbol{H}^{(t-1)} \right) \right] + \boldsymbol{b}_C \right) \\ \boldsymbol{H}^{(t)} &= \boldsymbol{u}^t \odot \boldsymbol{H}^{(t-1)} + \left(1 - \boldsymbol{u}^{(t)}\right) \odot \boldsymbol{C}^{(t)} \end{aligned}$$

このとき $H^{(t)}$ は時間 t における出力，$\boldsymbol{r}^{(t)}$，$\boldsymbol{u}^{(t)}$ はそれぞれ時間 t における reset gate，update gate をそれぞれ表す．$\boldsymbol{\Theta}_r, \boldsymbol{\Theta}_u, \boldsymbol{\Theta}_C$ はパラメータとなる．

2 週先以上の予測のために DCRNN モデルは Encoder-Decoder のアーキテクチャを用い，Decoder 部分は 1 つ前の正解値（テスト時にはモデルによる予測値）をもとに予測値を求める．この時，トレーニング時とテスト時の入力分布間のズレによる性能低下の可能性を軽減するために Scheduled Sampling [12] を用いる．DCRNN モデルの概要を図 2 に示す．

2.2 通勤・通学データの利用

一般的に交通量予測などに用いられる時空間モデルでは空間を考慮するために観測点間の距離や観測点同士の隣接行列が用いられる．しかし感染症の多くは人から人へと感染していくことから，人の移動経路を考慮することが重要であると考えられる．このことから，本研究では人流を考慮するために，一般的に用いられる地域の隣接情報ではなく地域間の通勤・通学データを用いる (図 3 参照)．

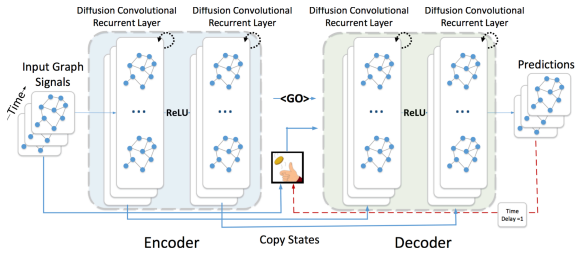
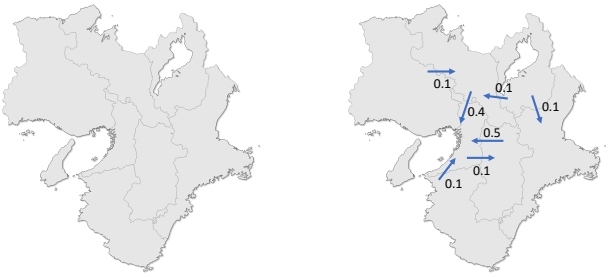


図 2　DCRNN モデルの概要 ([10] より引用)
入力系列はエンコーダに入力され，その最終状態がデコーダの初期状態に用いられる．デコーダは 1 つ前の入力値もしくはモデルの出力に基づいて予測が行われる．



	兵庫	大阪	京都	滋賀	奈良	和歌山	三重
兵庫	0	1	1	0	0	0	0
大阪	1	0	1	0	1	1	0
京都	1	1	0	1	1	0	1
滋賀	0	0	1	0	0	0	1
奈良	0	1	1	1	0	1	1
和歌山	0	1	0	0	1	0	1
三重	0	0	1	1	1	1	0

(a) 隣接行列

	兵庫	大阪	京都	滋賀	奈良	和歌山	三重
兵庫	0	0.1	0	0	0	0	0
大阪	0	0	0	0	0.1	0	0
京都	0	0.4	0	0	0	0	0
滋賀	0	0	0.1	0	0	0	0.1
奈良	0	0.5	0	0	0	0	0
和歌山	0	0.1	0	0	0	0	0
三重	0	0	0	0	0	0	0

(b) 重み有向行列
(通勤・通学データ)

図 3　(a) 隣接行列，(b) 重み有向行列の例．一般的に地域ごとの感染症予測には (a) の隣接行列が用いられるが，本研究では感染症の特徴を考慮し (b) の重み方向行列の形となる重み有向行列を用いる．

3　インフルエンザの流行予測

本章では，日本の都道府県ごとのインフルエンザ罹患者数の予測を行ない，時空間モデルの有効性について検討を行なう．

3.1　データセット

インフルエンザデータ

本実験ではインフルエンザ罹患者数のデータを国立感染症研究所 (NIID)[2]が提供しているデータを用いる．NIID は各都道府県のインフルエンザなどの感染症の罹患者数を感染症流行把握のために集計しており，その結果を感染症発生動向調査週報 (IDWR) [3]を通して公開している．1 週間分の定点ごとの合計罹患者数が報告され，その報告は集計のために約 1 週間程度の遅れを伴って提供される．

通勤・通学データ

日本の都道府県間の人流を考慮するために，都道府県間の通勤・通学の人口データを用いる．都道府県間の通勤・通学デー

2 : https://www.niid.go.jp/niid/
3 : https://www.niid.go.jp/niid/ja/idwr.html

タは平成 27 年国勢調査 [4]の「従業地・通学地による人口・就業状態等」の項目で集計されており，本実験ではその集計データを利用する．正規化のために，各都道府県の総人口で分割しパーセント単位に置き換えたデータを用いる．

3.2 比較モデル

ベースラインとしてインフルエンザ流行予測においても有用であると知られている LSTM を用いる [35], [36]．モデル構造は [35] と同様のものを用いる．ベースラインに加えて，通勤・通学データの有効性検証のため都道府県同士が隣接しているかどうかの隣接データ (図 3 (a)) を用いて比較する．通勤・通学データの代わりに隣接データを用いた DCRNN モデルを DCRNN-AD モデルと呼称する．

3.3 評価指標

モデルの予測性能を比較するために 2 つの指標：決定係数 R^2 と平均絶対誤差 MAE を用いる．決定係数 R^2 は予測値が正解値をどの程度説明できているかを表す指標で，値が大きければ良いといえる．一方で，平均絶対誤差 MAE は予測値と正解値の平均誤差を表した指標で，値が小さければ良いといえる．これらの評価指標の定義を以下に示す．

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{t=1}^{n} (F_t - A_t)^2}{\sum_{t=1}^{n} \left(A_t - \overline{A_t}\right)}, \qquad MAE = \frac{\sum_{t=1}^{n} |F_t - A_t|}{n}$$

n はテストデータの数を表しており，A_t と F_t はそれぞれ時間 t における正解値と予測値を示す．

3.4 実験設定

時空間モデルを用いて，日本の都道府県ごとのインフルエンザ罹患者数の予測を行なう．インフルエンザの罹患者数データは 1 週間程度の遅れを伴って提供されることから，1 週間先の予測は “Nowcasting” と呼ばれ，2 週間先以降の予測については “Forecasting” と呼ばれる．時空間モデルの有効性の検証のために，3 つのモデル，DCRNN，LSTM，DCRNN-AD モデルを用いて 1 週間から 5 週間先まえのインフルエンザ罹患者数の予測を行なう．

テスト期間は 1 年間 (2016/15 週–2017/14 週と 2017/15 週–2018/14 週) の 2 シーズンを設定する．そして, 検証期間として 30 週間，訓練期間として 156 週間を各テスト期間の直前になるように順に設定する．より具体的には, テスト期間が 2016/15 週–2017/14 週の時，検証期間は直線の 30 週 (2015/38 週–2016/14 週) そして訓練期間として 156 週 (2012/37 週–2015/37 週) とする．

パラメータについて，ベースラインの LSTM は季節性が見られることから 26 週を入力とし，ハイパーパラメータの隠れ層の次元を 5，20，50，80，150，200 から検証期間を用いて選択する．DCRNN と DCRNN-AD モデルは 26 週を入力，学習率を 0.01 と設定し，ハイパーパラメータの隠れ層の大きさを 32，64，128，256 から検証期間を用いて選択する．

4：https://www.stat.go.jp/data/kokusei/2015/kekka.html

3.5 実験結果

結果を 1 に示す．評価指標の 1 つ MAE では DCRNN が LSTM より高い予測性能を示した．特に 4 週先と 5 週先の予測においては特に大きな差が見られた．一方，評価指標の R^2 では，2017/15 週–2018/14 週の 1 週先から 3 週先の予測のテストでは LSTM が DCRNN よりも高い結果となった．これらの結果は，地域の位置関係を考慮した時空間モデルが 1 週間先，2 週間先などの直近の予測では時間依存関係を考慮したベースラインと変わらない効果を見せた一方で，4 週先，5 週先などの先の予測ではインフルエンザ罹患者数の予測において高い効果を見せたことを示している．このことは，DCRNN などの GCN が地域や国を対象とした感染症予測の際に，利用を検討するモデルの 1 つになることを示している．

4 考　　察

4.1 通学・通勤データの有効性について

空間情報として都道府県間の隣接データを用いた DCRNN-AD よりも，人流が考慮されていると考えられる通勤・通学データを用いた DCRNN モデルの方がよい結果となった．LSTM と DCRNN の比較と同様に，通勤・通学データの効果は 1 週間先などの近い予測よりも，4，5 週先などの遠い予測の方が高い効果が見られた．本実験の結果，人から人へと移っていくインフルエンザのように感染症を細かな地域ごとに予測する際，人流を考慮することは有用であるという洞察が得られた．

4.2 時空間モデルの有効性

DCRNN モデルがベースラインの LSTM と比較して精度向上が見られた地域についての検証を行なう．MAE の観点において，LSTM と比較し DCRNN モデルの精度向上が高い 5 都道府県と低い 5 都道府県について表 2 に，それらの位置を図 4 に示す．これらの結果が示すように，いくつかの地域では MAE において大幅な減少がみられ，インフルエンザ流行予測において高い効果が見られた．このことは，地域間の関係を考慮したことによるものと考えられる．しかしながら，いくつかの都道府県では，DCRNN がベースラインよりも低い精度結果となった．

各都道府県における LSTM と DCRNN モデルの効果の違いはどのような要因で生じているのか．表 2 から年度によって，地域の位置関係を考慮することによって精度向上の効果が大きく見られる場所が異なることがわかる．同様に，図 4 で都道府県の位置と精度向上の間に関係が無い傾向も見られる．一方で，いくつかの都道府県，例えば，愛知，大分，愛媛，新潟では 2 年とも高い結果，また徳島，岐阜などでは 2 年とも低い結果になっているという傾向も見られる．地域間の関係を考慮することで，精度が向上する地域としない地域が年度によって生じることの要因については今後の課題となるであろう．

最後に，図 5 に MAE において 2 年間のテスト期間で最も性能向上が大きい宮城県の時系列の誤差の時系列を示す．この結果が示すように，DCRNN モデルは特に流行の始まりの時期

表 1　それぞれのモデルによる，日本の各都道府県に対するインフルエンザ流行予測結果

		1 週先		2 週先		3 週先		4 週先		5 週先	
	Model	MAE	R^2	MAE	R^2	MAE	R^2	MAE	R^2	MAE	R^2
2016/15th	LSTM	161.36	0.919	250.94	0.731	324.83	0.580	372.02	0.483	411.00	0.424
–	DCRNN	**114.56**	0.939	**181.32**	**0.827**	**223.82**	**0.717**	**234.08**	**0.704**	**240.77**	**0.721**
2017/14th	DCRNN-AD	117.81	**0.944**	185.03	0.823	236.94	**0.717**	255.86	0.678	277.90	0.648
2017/15th	LSTM	197.99	**0.888**	316.49	**0.749**	403.96	**0.631**	456.67	0.557	491.16	0.547
–	DCRNN	**163.40**	0.856	**304.34**	0.693	**338.35**	0.616	**365.36**	**0.583**	**409.73**	**0.590**
2018/14th	DCRNN-AD	223.42	0.857	315.42	0.703	363.13	0.609	408.71	0.520	462.34	0.442

表 2　MAE の評価指標で LSTM から DCRNN モデルによる予測性能向上の程度が大きい 5 都道府県と小さい 5 都道府県．MAE は値が小さいと良い指標であることから，“精度向上の程度” は %のマイナスが大きいほど精度向上していることを示している．2016/15–2017/14 週目における結果時，“もう一方の期間のランク” では 2017/15–2018/14 週目のランクを示す．

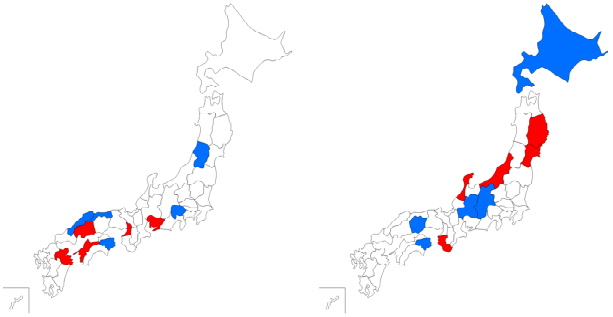
ランク	都道府県	精度向上の程度 (%)	もう一方の期間のランク
2016/15–2017/14 週目			
1	愛知	-59.3	12
2	大阪	-57.1	24
3	広島	-57.0	40
4	大分	-56.2	7
5	愛媛	-53.2	13
43	山梨	-1.7	8
44	山形	22.7	9
45	島根	41.0	42
46	徳島	43.8	47
47	鳥取	67.3	39
2017/15–2018/14 週目			
1	秋田	-53.5	33
2	岩手	-49.8	24
3	宮城	-39.6	17
4	新潟	-32.7	10
5	和歌山	-30.4	36
43	北海道	4.8	26
44	長野	7.5	15
45	岡山	17.3	6
46	岐阜	22.9	41
47	徳島	27.7	46

と終わりの時期に効果が大きい傾向が見られる．

5　不確実性の考慮

5.1　予測区間の必要性

多くの公衆衛生機関にとって感染症の流行は負担の増加やワクチンの需要増加などの問題を引き起こすことが知られており，そういった問題を前もって予測できることからも，感染症流行の予測を行なうことは重要である．最近は，深層学習を用いた



(a) 2016/15 − 2017/14 週目　(b) 2017/15 − 2018/14 週目

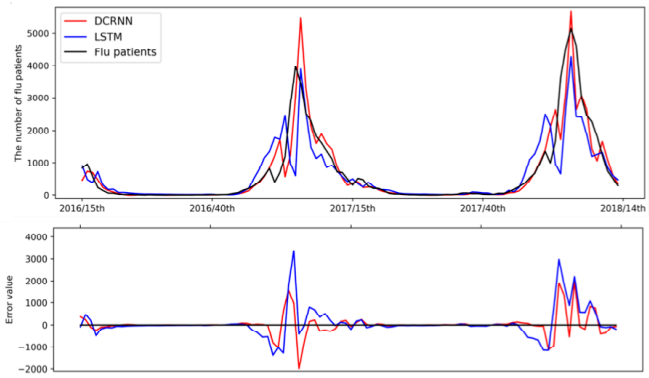
図 4　MAE の評価指標で LSTM から DCRNN モデルによる予測性能向上の程度が大きい 5 都道府県を赤色，小さい都道府県を青色で示す．

予測モデル [9], [33] も多く提案されており，本論文で用いたモデルもその 1 つである．しかし，深層学習を用いたモデルは，点推定であり予測の上振れ，下振れをある程度知ることができる予測区間を求めることができない．このことは，公衆衛生機関の決定判断において，どの程度予測結果を信じればよいのか分からないといった問題に繋がる．そのような問題に対し，Zhu ら [34] はモデルの不確実性を考慮することで Encoder-Decoder モデルに対し予測区間を付与する手法を提案している．この手法をインフルエンザ予測の DCRNN モデルに適用した結果を図 6(a) に示す．図が示すように，深層学習のモデルでも予測区間の付与は可能であるが，非流行期に罹患者数の変動がほとんど起こらないにも関わらず予測区間が必要以上に幅が大きい傾向が見られる．このように必要以上に幅が大きいことは判断において支障をきたす可能性もあり，実用上においては必要最低限の予測区間を設定することが要求される．

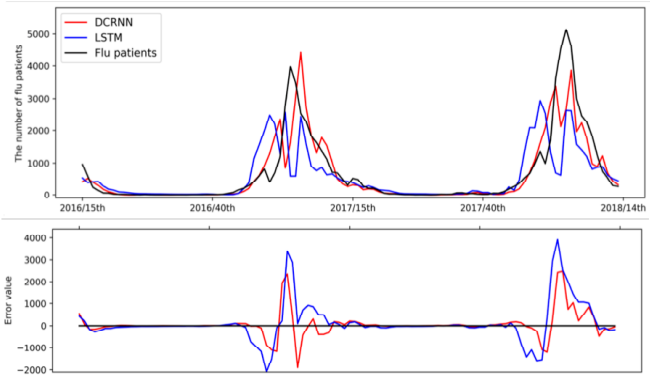
本章では，Zhu らの手法を説明した後，その手法に対し先程の例で見られたような無駄を減らしつつ，正解値が予測区間にカバレッジ率を減らさない拡張方法を提案し，その有効性の検証を行なう．

5.2　既存手法

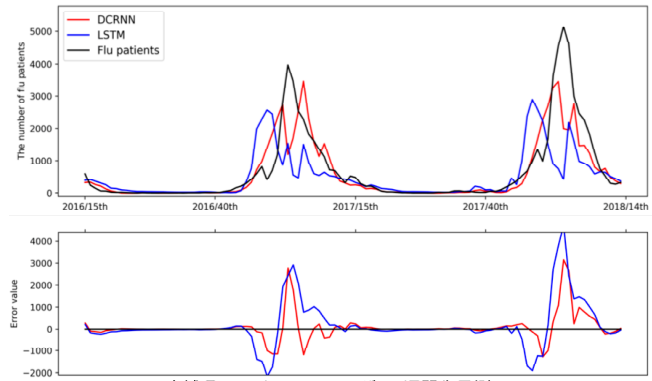
予測の不確実性を評価する Zhu らの手法は，予測標準誤差 η の定量化を行い，予測区間を $[y^* - z_{\alpha/2}\eta, y^* + z_{\alpha/2}\eta]$ として求めるものである．(このとき，新しい入力点を x^*，そしてその予測点をを $y^* = f^{\hat{W}}(x^*)$ とする．) 予測標準誤差 η の定量化のために，モデルの不確実性，Model misspecification,



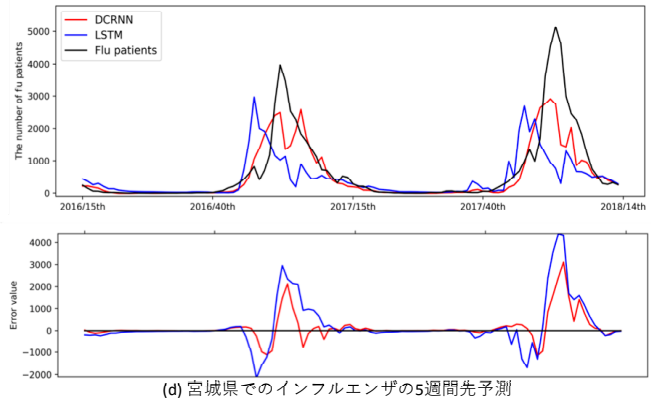
(a) 宮城県でのインフルエンザの2週間先予測



(b) 宮城県でのインフルエンザの3週間先予測



(c) 宮城県でのインフルエンザの4週間先予測



(d) 宮城県でのインフルエンザの5週間先予測

図 5　宮城県におけるインフルエンザ流行予測モデルによる DCRNN，LSTM による予測結果，実際の罹患者数の時系列と，それぞれのモデルによるエラーの時系列．それぞれ (a) 2 週先，(b)3 週先，(c)4 週先，(d)5 週先の予測結果を示す．

Algorithm 1 MCdropout

Input: 新しい入力点 x^*, エンコーダ $g(\cdot)$, 予測ネットワーク $h(\cdot)$, ドロップアウト確率 p, イテレーション数 B

Output: 予測結果 $\hat{y}^*_{mc}$, 不確実性 η_1

for $b = 1$ to B **do**
　$e^*_{(b)} \leftarrow VariationalDropout(g(x^*), p)$
　$\hat{y}^*_{(b)} \leftarrow Dropout\ (h(z^*_{(b)}), p)$
end for
// 予測結果
$\hat{y}^*_{mc} \leftarrow \frac{1}{B}\sum_{b=1}^{B} \hat{y}^*_{(b)}$
//モデルの不確実性と *Model misspecification*
$\eta_1^2 \leftarrow \frac{1}{B}\sum_{b=1}^{B}(\hat{y}^*_{(b)} - \hat{y}^*)^2$
return $\hat{y}^*_{mc}$, η_1

Algorithm 2 Inference

Input: 新しい入力点 x^*, エンコーダ $g(\cdot)$, 予測ネットワーク $h(\cdot)$, ドロップアウト確率 p, イテレーション数 B

Output: 予測結果 $\hat{y}^*_{mc}$, 不確実性 η

// モデルの不確実性と *Model misspecification* の推定
$\hat{y}^*$, $\eta_1 \leftarrow MCdropout\ (x^*, g, h, p, B)$
// ノイズの推定
for x'_v **in** validation set $\{x'_1, ..., x'_V\}$ **do**
　$\hat{y'}_v \leftarrow h(g(x'_v))$
end for
$\eta_2^2 \leftarrow \frac{1}{V}\sum_{v=1}^{V}\left(\hat{y'}_v - y'_v\right)^2$
// 不確実性の合算
$\eta \leftarrow \sqrt{\eta_1^2 + \eta_2^2}$
return $\hat{y}^*$, η

固有のノイズの 3 つの不確実性を考慮ながらそれぞれの値を求める．

モデルの不確実性と Model misspecification は，ドロップアウトがベイズと近似可能な性質を利用した MC ドロップアウトを用いることで求める事ができる．Algorithm1 に記述する．

固有ノイズはホールドアウトされた検証セット $X' = \{x'_1, ..., x'_V\}, Y' = \{y'_1, ..., y'_V\}$ を用いて残差の二乗和から算出を行ない近似する．この固有ノイズは通常よりも過大評価する傾向を持っており，以下の式で算出を行なう．

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{V}\sum_{v=1}^{V}\left(y'_v - f^{\hat{W}}(x'_v)\right)^2$$

モデルの不確実性，Model misspecification の固有ノイズを算出し，不確実性を推定する方法を Algorithm2 に記載する．

5.3　既存手法の拡張

インフルエンザ予測モデルに対し既存手法を用いた際の問題点は，非流行期に罹患者数の変動がほとんど起こらないにも関わらず予測区間が必要以上に幅が大きい傾向が見られることで

Algorithm 3 季節性を考慮したノイズの推定

Input: 入力点 x^*_m，入力点の周期タイミング m，ウィンドウ幅 W

Output: 予測結果 $\hat{y}^*_{mc}$, 不確実性 η

// モデルの不確実性と *Model misspecification* の推定

1: $\hat{y}^*, \eta_1 \leftarrow MCdropout\ (x^*_m, g, h, p, B)$

// ノイズの推定

2: **for** x'_w **in** $\{x'_{m-(W-1)/2}, ..., x'_{m+(W-1)/2}\}$ **do**

3: $\hat{y'}_w \leftarrow h(g(x'_w))$

4: **end for**

5: $\eta_2^2 \leftarrow \frac{1}{W}\sum_{w=1}^{W}\left(\hat{y'}_w - y'_w\right)^2$

// 不確実性の合算

6: $\eta \leftarrow \sqrt{\eta_1^2 + \eta_2^2}$

7: **return** $\hat{y}^*, \eta$

ある．この問題は，既存手法の固有ノイズ推定に起因する．既存手法の固有ノイズは全期間どの予測に対しても一定であると仮定して算出されているが，インフルエンザの罹患者数のように季節性の周期が存在する時系列の固有ノイズは季節によって大きく異なる．このことから，固有ノイズを算出するために用いる検証セットも同様に季節性を考慮する必要があると考える．そのため，固有ノイズを算出するために，時系列の周期における同じ時期の検証セットのみを用いる．具体的には時系列における 1 周期 (例 : 1 年間) の検証セットを用意し，新たな入力が 1 月の入力 x^*_m であれば，検証セットの 1 月周辺のウィンドウ幅 W 分のデータ $\{x'_{m-(W-1)/2}, ..., x'_{m+(W-1)/2}\}$ を用いて固有ノイズを算出するというものである．1 周期におけるデータ数を M とした時，1 周期分の検証セット $X' = \{x'_1, ..., x'_M\}, Y' = \{y'_1, ..., y'_M\}$ を用意し，Algorithm2 を以下の Algorithm3 に記述した式に置き換える．

5.4 予測区間の検証

インフルエンザ罹患者数の予測モデルから予測区間を得る手法として提案手法が有用かどうか検討するために，4 章で作成した DCRNN によるインフルエンザ罹患者数予測モデルを用いて，2016 年 38 週目–2017 年 37 週目の期間における 95%予測区間のバンド幅の平均長と正解値のカバレッジ率を比較する．提案手法のために，1 年分の 2015 年 38 週目–2016 年 37 週目までを検証セットとし，ウィンドウ幅 W を 5 と設定する．

結果を表 3 に示す．95%予測区間の平均バンド幅については既存手法から約 22–32%減少に成功している，一方でカバレッジ率は約 97%で留まっており提案手法がうまくきいていることが示された．図 6(a) と同じ期間，地域，モデルに対して，既存手法の拡張を用いて予測区間の設定を行った結果を図 6(b) に示す．設定された予測区間が示すように，正解値が予測区間から外れることなく，非流行期の予測区間が狭まっていることが確認できる．

本章で提案した予測区間の幅を減らしつつ不確実性を推定する手法は，検証データが 1 周期分必要という欠点も存在するが，インフル罹患者数に限らず交通や販売データなどの時間の周期性を持つ時系列に対しては有用であると考えられる．

表 3　95%予測区間の平均バンド幅とカバレッジ率

	平均バンド幅		カバレッジ率	
	既存手法	提案手法	既存手法	提案手法
1 週先	1687.52	1156.28	99.26%	98.83%
2 週先	2657.21	1978.02	98.64%	97.13%
3 週先	3389.49	2698.25	98.48%	96.52%
4 週先	4042.54	3181.74	98.36%	97.01%
5 週先	4611.41	3299.81	98.36%	97.09%

6 関 連 研 究

6.1 インフルエンザ流行予測

感染症の中でも，世界各国で流行が起こり，毎年 290,000–650,000 人の死者を生み出す [15] ことからインフルエンザに関する流行予測が盛んである．インフルエンザの流行予測研究は数理モデル [16], [17] と機械学習 [4], [19] のアプローチに分けることができるが，本研究は機械学習によるアプローチに当てはまる．機械学習アプローチのインフルエンザ流行予測では，検索クエリ [4], [14], [18] や Twitter(SNS) [19], [20]，Wikipedia [21]，インフルエンザ専用の報告アプリ [22] など様々なリソースが用いられ，このような Web 上のリソースを用いて感染症のサーベイランスを行なう研究を Infodemiology と呼ばれる [13]．

地域ごとのインフルエンザ流行予測を行った研究として，マルチタスクガウス過程回帰を用いたもの [5] などが挙げられるが，本研究に近いものとして Ransalu ら [8] や Yuexin ら [9] の研究が挙げられる．Ransalu らは地域間の距離に基づいたカーネルを用い空間的依存性を捉え，Yuexin らは CNN 機構を用いて求めたい位置の近傍を畳み込み，空間的依存性を捉えた．

6.2 時空間モデル

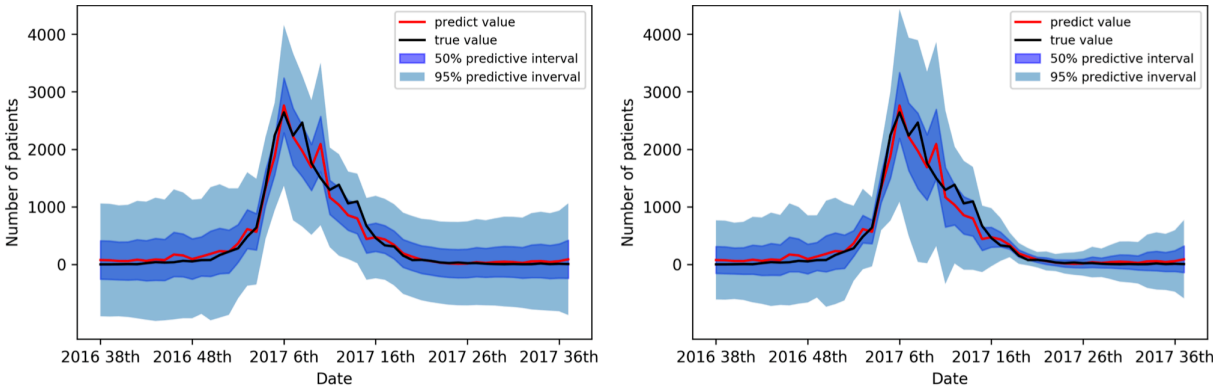
時空間モデルの歴史は長く数多くのモデルが存在する．近年では，現在の状態が過去に条件付けられている動的状態空間モデルなどが考案されている [23]．一方，機械学習分野ではテンソルモデルを用いた時空間予測 [24] や，条件付き確率場を用いたビデオ内での人の動きを検知する時空間モデル [25] が提案されている．

最近では，グラフを学習する Graph Convolutional Neural Network [26] がテキスト分類 [27]，画像解析 [28]，分子構造 [29] などの様々な分野で活用されている．本論文に関連するところとして，空間をグラフとみなし時間的ダイナミクスを考慮する GCN が交通量予測問題に対して多く提案されており，自転車の流れ [30]，配車サービスの需要 [31]，道路の交通量 [32] といった問題に対して活用されている．本論文で用いた DCRNN もそのような問題に用いられるモデルの 1 つである．

7 お わ り に

本論文では，感染症流行予測の問題に対して以下のことを行った．

（1） 空間情報として隣接情報ではなく，通勤・通学データ



(a) 既存手法　　(b) 提案手法

図 6　佐賀県での 2016 年 38 週目–2017 年 37 週目における DCRNN モデルを用いた 2 週間先の予測と既存手法を用いた予測区間．(a) が既存手法を用い予測区間推定で，(b) が提案手法を用いた予測区間推定を表す．薄青の部分は 95%予測区間，濃青の部分は 50%予測区間を示す．

を利用することの有効性を検討

（2） 空間情報を取り組んだモデルとして GCN を用いて，都道府県ごとの感染症流行予測モデルを作成．我々の知る限り，感染症予測に対して GCN を応用した初めての研究である．

（3） 周期性の持つ時系列に対する新たな不確実性推定方法を提案し，深層モデルの予測結果に対して予測区間の付与

今後の展望として，時系列そのものだけでなく，他のリソースも有効に組み合わせることが挙げられる．本研究では過去の感染症の流行規模から将来の流行規模を予測することを行ったが、他にも検索クエリや SNS などの UGC(User-generated Content) も有用であることが知られている．今後は，様々なリソースを組み合わせた有効な感染症流行予測モデルの作成を検討している．

文　献

[1] Rothman Kenneth J, et al, “Modern epidemiology” ,2008.

[2] Zinszer Kate, et al., “A scoping review of malaria forecasting: past work and future directions” , BMJ open, 2.6, 2012.

[3] Haddawy Peter, et al., “Spatiotemporal Bayesian networks for malaria prediction” , Artificial intelligence in medicine, 84, pp.127–138, 2018.

[4] Ginsberg Jeremy, et al., “Detecting influenza epidemics using search engine query data”, Nature, 457.7232, pp.1012–1014, 2009.

[5] Zou Bin, et al., “Multi-Task Learning Improves Disease Models from Web Search”, In Proc. of Web Conf, pp.87–96, 2018.

[6] CDC, “FluSight: Flu Forecasting”, Available at https://www.cdc.gov/flu/weekly/flusight/index.html

[7] Reich, Nicholas G, et al., “A collaborative multiyear, multimodel assessment of seasonal influenza forecasting in the United States”, In Proc. of the National Academy of Sciences, 2019.

[8] Senanayake R. et al., “Predicting Spatio-Temporal Propagation of Seasonal Influenza Using Variational Gaussian Process Regression”, In Proc. of AAAI, pp.3901–3907, 2016.

[9] Wu Yuexin, et al., “Deep Learning for Epidemiological Predictions”, In Proc. of SIGIR, pp.1085–1088, 2018.

[10] Yaguang Li, et al., “Diffusion Convolutional Recurrent Neural Network: Data-Driven Traffic Forecasting”, In Proc. of ICLR, 2018.

[11] Junyoung Chung, et al., “Empirical evaluation of gated recurrent neural networks on sequence modeling”, arXiv preprint arXiv:1412.3555, 2014.

[12] Samy Bengio, et al., “Scheduled sampling for sequence prediction with recurrent neural networks”, In Proc. of NIPS, pp.1171–1179, 2015.

[13] Gunther Eysenbach, “Infodemiology and Infoveillance: Framework for an Emerging Set of Public Health Informatics Methods to Analyze Search, Communication and Publication Behavior on the Internet”, J Med Internet Res, 11.1, 2009.

[14] Yang Shihao, et al., “Accurate estimation of influenza epidemics using Google search data via ARGO”, In Proceedings of the National Academy of Sciences, 112.47, pp.14473–14478, 2015.

[15] WHO, “Fact sheets Influenza (Seasonal)”, Available at http://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal)

[16] Łuksza Marta, et al., “A predictive fitness model for influenza”, Nature, 507.7490, pp.57–61, 2014.

[17] Nasserie Tahmina et al., “Seasonal Influenza Forecasting in Real Time Using the Incidence Decay With Exponential Adjustment Model” ,Open Forum Infectious Diseases, 4.3, 2017.

[18] Xu Qinneng et al., “Forecasting influenza in Hong Kong with Google search queries and statistical model fusion” , PLoS One 12.5, 2017.

[19] Aramaki Eiji, et al., “Twitter catches the flu: detecting influenza epidemics using Twitter.” ,In Proc. of EMNLP,pp.1568–1576, 2011.

[20] Paul Michael J, “Twitter improves influenza forecasting”, PLoS Currents 6, 2014.

[21] Sharpe J, et al., “Evaluating Google, Twitter, and Wikipedia as Tools for Influenza Surveillance Using Bayesian Change Point Analysis: A Comparative Analysis”, JMIR Public Health and Surveillance 2.2, 2016.

[22] Paolotti D, et al., “Web-based participatory surveillance of infectious diseases: the Influenzanet participatory surveillance experience”, Clinical Microbiology and Infection 20.1, 2014.

[23] Wikle Christopher K, “Modern perspectives on statistics for spatio temporal data”, Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics 7.1, pp.86–98,2015.

[24] Bahadori Mohammad Taha, et al., “Fast multivariate spatio-temporal analysis via low rank tensor learning”, In

Proc. of NIPS, pp.3491–3499, 2014.

[25] Koppula Hema, et al., "Learning spatio-temporal structure from rgb-d videos for human activity detection and anticipation", In Proc. of ICML, pp.792–800, 2013.

[26] Bruna, Joan, et al., "Spectral networks and locally connected networks on graphs", arXiv preprint arXiv:1312.6203, 2013.

[27] Peng Hao, et al., "Large-Scale Hierarchical Text Classification with Recursively Regularized Deep Graph-CNN", In Proc. of Web Conf., pp.1063–1072, 2018.

[28] Wang Xiaolong, et al., "Zero-shot Recognition via Semantic Embeddings and Knowledge Graphs", In Proc. of CVPR, 2018.

[29] Duvenaud David K, et al., "Convolutional networks on graphs for learning molecular fingerprints" , In Proc. of NIPS, 2015.

[30] Chai Di, et al., "Bike flow prediction with multi-graph convolutional networks", In Proc. of SIGSPATIAL, pp.397–400, 2018.

[31] X Geng, et al., "Spatiotemporal Multi-Graph Convolution Network for Ride-hailing Demand Forecasting", In Proc. of AAAI., 2018.

[32] Yu Bing, et al., "Spatio-temporal graph convolutional networks: A deep learning framework for traffic forecasting", In Proc. of IJCAI, 2018.

[33] Zhang Jie, et al., "A comparative study on predicting influenza outbreaks", Bioscience trends, 11.5, pp.533–541, 2017.

[34] Zhu Lingxue, et al., "Deep and confident prediction for time series at uber", In Proc. of ICDMW, 2017.

[35] Liu Liyuan, et al., "LSTM Recurrent Neural Networks for Influenza Trends Prediction", International Symposium on Bioinformatics Research and Applications, pp.259–264, 2018.

[36] Venna Siva R, et al., "A novel data-driven model for real-time influenza forecasting", IEEE Access, 2018.