

氏名	間野肇
学位（専攻分野）	博士（学術）
学位記番号	総研大甲第66号
学位授与の日付	平成6年3月24日
学位授与の要件	数物科学研究科 統計科学専攻 学位規則第4条第1項該当
学位論文題目	Random collision model represented by random time change of Poisson process
論文審査委員	主査教授 清水良一 助教授 小西貞則 教授 大隅昇 教授 伊藤栄明 教授 岡部靖憲（北海道大学）

論文内容の要旨

ポアソン過程の時間変更で記述される個体群の確率モデルについて極限定理の理論と計算機実験をおこなった。

Lotka・Volterra 以来生物の個体群を生存競争系として扱い研究がされてきた。また, Volkonskii 以来時間変更で記述される連続時間マルコフモデルが研究されてきた。そこで、集団の描像を記述するためポアソン過程の時間変更で記述される個体群の連続時間マルコフモデルを導入し研究を行った。

確率過程の理論では、マルチングール法を用いて、Liptser・Shiryayev 等は、到着順処理という規則に従う待ち行列のモデルで、特定の確率構造が仮定されているものについて弱大数の法則を適用して常微分方程式を導き、さらに中心極限定理を適用してガウス拡散過程の確率微分方程式を導いた。ここでは、待ち行列のモデルを扱うため、各成分のマルチングールが直交しているモデルが初めから仮定されていた。

そこで、強弱関係のある多種からなる集団において個体と個体の相互関係により弱い方の種の個体が強い方の種の個体に変化しその相互作用がポアソン過程の時間変更により記述される生存競争系のモデルについて、マルチングール法を用いて同じように常微分方程式と確率微分方程式を導くことを試みた。

確率構造を調べる必要があるので、モデルのセミマルチングール分解を導出した。ここでは、生存競争系のモデルが扱われているため多次元の各成分のマルチングールが必ずしも直交していないことがわかった。マルチングールが必ずしも直交していない一般的な確率構造をもつモデルの弱大数の法則と中心極限定理は容易に得られるので、そこから常微分方程式とガウス拡散過程の確率微分方程式を導き出した。そして、ポアソン過程の時間変更で記述される生存競争を行う現実の確率モデルについて応用し、大数の法則から常微分方程式を導き、中心極限定理を適用してガウス拡散過程の確率微分方程式を導いた。

また、最尤推定法を用いて、遺伝学における離散マルコフ過程である太田・木村モデルとポアソン過程の時間変更で記述される突然変異だけを含んだ確率モデルを計算機実験をおこなって、比較した。

論文審査結果の要旨

いくつかの群に分類される個体の集団を考える。各個体は相互に衝突を繰り返すが、個体間にはそれらがどの群に属するかによって決まる強弱関係があり、弱い種類の個体は衝突によって強い種類のものに置き換わるものとする。それぞれの群の個体数がどのような過程で変動するのかという問題は、生物の個体数の変動に関連して Lotka や Volterra が決定論的な立場から定式化を行なって以来多くの研究がなされている。一方、確率論的な立場からは、マルチングールという確率解析的な概念に基づいた強力な解析手法が使えるという利点もあって、コルモゴロフの方程式を導くという研究が広く行われている。

間野君が取り組んだ課題は、巡回的な強弱関係のある n 種類の群からなる集団の場合について、それぞれの群の個体数の推移をポワソン過程の時間変更に基づくシステム（一つの漸化式系である）で記述し、その性質を詳しく調べることである。とくに、個体数の総和を十分に大きくしたときの挙動を明らかにすることが求められた。同君は Liptser, Shirayev 等によって書かれた関連文献を詳細に研究した後、確率解析の漸近理論を用いてシステムの確率論的構造を明らかにした。確率解析を適用するには、いわゆる停止時間をどのように定義すればよいかが問題になるが、同君はその構築法に成功し、次の結果を得た。

- $n = 2$ で群間に一方的な強弱関係だけが存在する場合には、それぞれの群に属する個体数の比率の推移を表す関数は、総個体数を大きくした極限状態においては、ある微分方程式の解に確率 1 で収束する（概収束、強大数の法則）。
- $n > 2$ の場合、前記の収束は少なくとも弱い意味で成り立つ（確率収束、弱大数の法則）。
- 各群の個体数の比率を適当に基準化したものは、ある種の拡散方程式で記述される GAUSS 拡散過程に弱収束する（法則収束、中心極限定理）。

この理論に出てくる方程式の解を陽に表すことは出来ないし、したがってまた、極限諸定理における収束の速さについては、これを解析的に明らかにすることは極めて困難である。間野君は方程式の数値解を求め、さらに必要な道具を開発しつ

つ、コンピュータ・シミュレーションによって極限の関数に近づく様子を視覚的に表現した。

さらにこのモデルの適用可能性を探るために、集団遺伝学でよく知られている理論との比較を数値実験によって行った。対立遺伝子固定までの待ち時間を記述する太田・木村モデルは確率論的には離散的なマルコフ過程であるが、これをここで定式化した連続的な時間変更モデルの中に埋め込むことが出来る。元のモデルのパラメタを指定し、それに対応する時間変更モデルについてのシミュレーションによって得られたデータからパラメタの推定値を求め、これを最初に与えたものと比較したのである。結果は十分に満足すべきものであった。

以上のように、間野君は確率論的に興味ある課題に対して理論的な解決を果しただけでなく、数値実験を通してその結果の意味を明確なものにした。実験遂行に際してのいくつかの工夫も評価されるものである。