

## 新しい統計的計量空間の形成と展望について

田 口 時 夫

現代における統計調査の設計やその結果の解析は、統計対象を単なる大量と規定するのみでは不十分であり、又その目的についても最適性の追求とするのみでは不十分である。つまり統計対象を実在する集団との対応に於て具体的に再規定し、統計的方法が前提とする或は要請する同質性や不確実性を更に深く分析せねばならない。このことは従来例えば実験計画法等に於て形式的乍ら導入されている相互作用等についても要請されることである。報告者はその方向に於て従来所謂集中解析法を基礎とし、それを多変量解析や系列解析、更に調査設計上の方法論として発展させ、それを実際に適用する条件と方式を研究し、又現に研究しつつある。

これに関連して本年度はこれまでの「多変量集中解析の方法論」を更に「集団論的統計解析の方法論」に発展させる研究を試みた。その結果は「経済分析と多次元解析」を主題とし、本報告課題名を副題とする著書に纏め、昨昭和59年度末に東洋経済新報社より出版した。因みに同書における章の構成は次の通りである。

第1章 統計方法論的背景、第2章 統計解析の基礎概念、第3章 1次元の集団構造、第4章 2次元の集団構造、第5章 一般次元の集団構造、第6章 新しい座標系の導入と系列の解析、第7章 データ・ベースの集中解析。

## 目視にもとづく鯨資源推定

岸 野 洋 久

南氷洋におけるミンク鯨の目視資源推定は、ライントランセクト法により行なわれている。対象海域の面積を  $S$ 、航行距離を  $L$ 、有効横距離を  $W$  とし、発見頭数を  $n$  とすると、資源量  $N$  は

$$\hat{N} = n \times S / (2WL)$$

により推定される。もし横距離  $y$  にいる鯨がトップマンにより発見される確率が  $g(y) = C \exp(-\lambda |y|)$  という形ならば  $W = C/\lambda$  であるが、 $\lambda$  はデータ  $y_1, \dots, y_n$  より  $\hat{\lambda} = 1/\bar{y}$  として推定される。 $C$  を求める為に併走実験が行なわれる。距離  $d$  だけ離れて併走している2隻の船  $A, B$  のうち一方または両方により発見された頭数をそれぞれ  $n_A, n_B, n_{AB}$  とすると、 $\hat{C} = 2S e^{d\hat{\lambda}} / (1 + d\hat{\lambda})$  である ( $S = n_{AB} / \frac{1}{2}(n_A + n_B)$ : 二重発見率)。

この方法は  $g$  が両側指数という仮定からはずれているときもかなり頑健であるといわれているが、ただ、 $A, B$  による発見のベアがデータとして上がったとき、それが同一の鯨かどうかを判定する客観的規準がないところが難点とされている。そこで筆者はこれをハザードレイトモデルにより定式化した。

鯨はランダムに速さ  $u$  で直線運動をとする。船速を  $v$  とし、船との相対位置  $(x, y)$  の鯨を発見するハザードレイトを  $h(x, y)$  とする。このとき同一の鯨が船  $A, B$  によりそれぞれ時刻  $t_A, t_B$ 、相対位置  $(x_A, y_A), (x_B, y_B)$  で発見される確率密度は、 $X = x_B - x_A + d, Y = y_B - y_A, D$  を鯨の密度とすると

$$P_1 = \begin{cases} \frac{D}{2\pi v \sqrt{(u/v)^2(X^2 + Y^2) - X^2}} \sum_{i=1}^2 \delta(t_B - t_A - t_i) f(x_A, y_A; t_A, \theta_i) f(x_B, y_B; t_B, \theta_i) & ((u/v)^2(X^2 + Y^2) > X^2 \text{ のとき}) \\ 0 & ((u/v)^2(X^2 + Y^2) < X^2 \text{ のとき}) \end{cases}$$

で表わされる。ここで

$$t_i = \frac{Y + (-1)^i \sqrt{(u/v)^2(X^2 + Y^2) - X^2}}{v(1 - (u/v)^2)} \quad \sin \theta_i = \frac{1}{u} \left( v + \frac{Y}{t_i} \right), \quad \cos \theta_i = \frac{X}{ut_i}$$

$$f(x, y; t, \theta) = h(x, y) \exp \left\{ - \int_0^t h(x - su \cos \theta, y + (v - u \sin \theta)s) ds \right\}$$

である。これに対して異なる鯨がそこで発見される確率密度は

$$P_2 = D^2 \int_0^{2\pi} f(x_A, y_A; t_A, \theta) \frac{d\theta}{2\pi} \int_0^{2\pi} f(x_B, y_B; t_B, \theta') \frac{d\theta'}{2\pi}$$

である。これに観測誤差が加わると、密度が高くなるにつれ異なる個体である可能性が高くなる様子が表現されている。

## DNA 配列データによるヒト上科の分類

長谷川 政 美

ヒト上科 Hominoidea とは、ヒトと類人猿を含む分類単位である。ヒトと類人猿とが系統進化の過程でいつ分かれたかという問題は、まだ十分に解明されていない。化石の証拠はもちろん重要な手掛りを与えるものではあるが、解釈の任意性や研究者の主観的な判断の入り込む余地があまりにも多く、客観的な評価基準に欠けていた。ところが近年、分子遺伝学の進歩により、DNA など分子レベルの証拠にこそ客観的な手掛りがあることが明らかになってきた<sup>1)</sup>。われわれはミトコンドリア DNA の塩基配列データから、生物種が分岐した年代を推定するための統計的方法を開発し<sup>2,3,4)</sup>、それをもとにヒト上科の進化における分岐年代を推定した<sup>4)</sup>。それによると、テナガザル、オランウータン、ゴリラ、チンパンジーがヒトに至る系統からそれぞれ分岐したのが、今から  $1330 \pm 150$ ,  $1090 \pm 120$ ,  $370 \pm 60$ ,  $270 \pm 60$  万年前 (±は 1 SD) ということになる。ただしミトコンドリア DNA は母性遺伝をするために、異種間で交雑が起った場合に、この DNA は種の壁を越えてそっくりそのまま別の種に転移することがある。そのようなことは種として分かれてから 100~150 万年くらいの期間は起こり得るので、ヒトとチンパンジーの祖先集団間でそのようなことが起きたとすると、この 2 種の分岐は 400~500 万年前までさかのぼるかもしれない。いずれにしてもこれまで常識的にはこの分岐は 1000 万年よりも古いと考えられていたのにくらべて、実際にははるかに新しいことのようにである。一般には、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンはオランウータン科、ヒトだけがヒト科として分類されてきた。しかしこのような分類は明らかに系統関係を反映していない。ヒトとチンパンジーの分岐を実際よりもはるかに古く考えてきた原因の一つが、このような誤まった分類体系の使用にあったと思われる。われわれは系統関係を反映した新しい分類体系を提案した (図 1)<sup>5)</sup>。

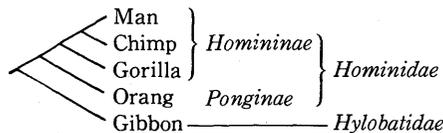


図 1. ヒト上科の新しい分類体系 (文献 5)。

## 参 考 文 献

- 1) 長谷川政美 (1984) 「DNA からみた人類の起原と進化」海鳴社
- 2) Hasegawa, M., Yano, T. and Kishino, H. (1984) *Proc. Japan Acad.*, 60B, 95-98.
- 3) 長谷川政美, 岸野洋久, 矢野隆昭 (1984) 統計研彙報 32, 59-70.
- 4) Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. (1985) *J. Mol. Evol.* (in press)