

に短縮されていることが分かる。この高速化は来るべき ETAS モデルの時空間版開発のための布石でもある。

このアルゴリズムの ETAS モデルを含む地震活動の同定、時間変換による異常の検出など、統計的方法の計算プログラムは、FORTRAN package として統計数理研究所の *Computer Science Monographs* で出版予定であるが、同時に国際地震学・地球内部物理学学会ならびにアメリカ地震学会の求めに応じて、今から一年後に、Software Library として出版される予定である。

Regularly Varying Tail をもつ分布に従う確率変数の独立積について

志 村 隆 彰

X, Y をそれぞれ分布 μ, ν に従う正值の独立確率変数とする。このとき、これらの独立積 XY の分布を μ と ν の Mellin-Stieltjes convolution と呼び、 $\mu \circ \nu$ で表す。さて、独立同分布に従う確率変数列に関する極限定理において、正則変動関数で特徴付けられる分布族がしばしば現れる。このような分布の Mellin-Stieltjes convolution について調べるのが目標である。独立和である通常の畳み込みについては、逆問題である分解問題を含めてある程度の解答が得られているが (Shimura (1991, 1992)), 独立積についても興味深い問題である。具体的には、次のような分布族を扱う。

$D(\alpha)$ ($\alpha \geq 0$): 正の台をもち、tail が指数 $-\alpha$ の正則変動をするもの。

D_2 : truncated variance が緩慢変動するもの。

これらはいずれも極限定理に関係する分布族である。これらに対し、以下の様な結果が得られた。

1. $\mu \in D(\alpha), \nu \in D(\beta)$ ($\alpha \leq \beta$) ならば、 $\mu \circ \nu \in D(\alpha)$ 。特に、 $\alpha < \beta$ ならば、次の式が成り立つ。

$$\lim_{x \rightarrow \infty} \mu \circ \nu(x, \infty) / \mu(x, \infty) = \int_0^\infty t^\alpha \nu(dt).$$

2. $\mu, \nu \in D_2$ ならば、 $\mu \circ \nu \in D_2$ 。

次に、同様な問題をガウスでない一般の安定分布の吸引域 (台が両側に非有界) について考える。この場合も tail の正則変動性は、上記の結果からただちに分かる。しかしながら、もうひとつの条件である balance condition は極限の安定分布の指数が異なっていればよいが、指数が同じときは tail の精密な評価を得るのが困難なため、現在の所、一定の条件のもとでしかこれが満たされることを証明できていない。

参 考 文 献

- Shimura, T. (1991). Decomposition of non-decreasing slowly varying functions and the domain of attraction of Gaussian distributions, *J. Math. Soc. Japan*, **43**, 775-793.
 Shimura, T. (1992). Decomposition problem of probability measures related to monotone regularly varying functions (submitted to *Nagoya Math. J.*).

多 変 量 極 値 分 布 に つ い て

(客員) 神戸商船大学 商船学部 高 橋 倫 也

独立で同一分布 F に従う確率ベクトル列 X_1, X_2, \dots, X_n の成分ごとの最大値 (多変量極値統計量) を Z_n とする。ここで、 Z_n の成分ごとに基準化した統計量が非退化な分布 H に弱収束するとき、 F は H の吸引領域に属すと言う。また、 H を多変量極値分布と言う。

先ず、多変量極値分布の応用として、大阪と神戸の年間最高気温データを解析した。データは2次元の極値分布に従うと仮定する。各周辺分布に一般化極値分布族をあてはめそのパラメータを推定する。この推定値を利用して、各データが平均1の指数分布からのデータとみなせるように変換する。この2次元データをPickandsの2次元指数分布からのデータとして、その従属関数をPickandsのノンパラメトリック法とTawn (1988)のパラメトリック法で求めた。求めた従属関数によって大阪と神戸の年間最高気温間の関係を見た。

次に、多変量極値統計量の成分が漸近独立や完全従属になるための必要十分条件について調べた。周辺独立や完全従属になる多変量極値分布は1点の性質で特徴づけられ、この性質は弱収束の場合にも保存される (Takahashi (1993))。このことを用いて、多変量極値統計量の成分が漸近独立になるための簡単で使いやすい必要十分条件を分布関数 F や F の dependent 関数を用いて与えた。同様のことを完全従属の場合にも示した。

参 考 文 献

- Takahashi, R. (1993). Asymptotic independence and perfect dependence of vector components of multivariate extreme statistics, *Statist. Probab. Lett.* (to appear).
Tawn, J.A. (1988). Bivariate extreme value theory: models and estimation, *Biometrika*, **75**, 397-415.

統計教育・情報センター

相同性解析に基づく全生物リボソーム蛋白質の編集

橋 本 哲 男

リボソームは地球上の全ての生物に共通に存在する細胞内小器官であり、数種の核酸 (RNA) 分子と50~80種にのぼる蛋白質分子の複合体 (超分子) として構成されている。リボソームは細胞内で必要な全ての蛋白質分子を合成する場、すなわち、遺伝情報翻訳の場であり、生命現象を維持するうえで最も基本的な役割を担っている。リボソームを構成する分子 (核酸、蛋白質) に関する構造データは、近年の遺伝子工学的手法の発展に伴い、広範な生物種にわたり数多く蓄積されてきている。これらのデータは、地球上に存在する生物の進化の過程を解明するうえで貴重な情報を含んでいると考えられる。現在、リボソームを構成する蛋白質の一次構造データに関しては、50種類以上の生物にわたり約1,000種が報告され、国際的な遺伝情報データベースに登録されている。三大生物群の中で真正細菌群に属する大腸菌に関しては、構成蛋白質54種の全一次構造データが既知であるが、我々ヒトを含む真核生物群、および古細菌 (後生細菌) 群に属する生物種に関しては、全蛋白質種の一次構造データは明らかとなっていない。

我々は、リボソーム蛋白質を対象とした分子進化的解析を行う際の基礎資料を得ることを目的として、約1,000種の登録蛋白質のなかから大腸菌全54種のそれぞれに相同と考えられる蛋白質を「相同性解析」のアルゴリズムに基づいて同定し、大腸菌の命名法に従ってこれらを分類、統合した。さらに、アミノ酸の物理化学的性質から推定される高次構造の類似度を指標として相同蛋白質同士の相似度マトリクスを構成し、これをもとに全54種のアライメントを構築した。その結果、以下に示すことが明らかとなった (Otaka et al. (1993))。 (1) 三大生物群を通して存在が認められる蛋白質種が少なからざる数にのぼる、 (2) 多くのアライメントは、挿入、欠失、分子伸長等の変化を生じているものの、ほぼ一対一対応のパターンを示す、すなわち、分子内転座 (大腸菌 L7/L12 相当)、分子内二重転座 (S6 相当)、二分子融合 (L10 相当) などの大きな変異は稀である、 (3) 大幅な挿入、欠失、分子伸長などの変化は、三大生物群同士の間で見いだされる、逆に、同一群の中では、アミノ酸置換が主たる変異の要因となっている。