

ヒトに胃腸炎を起こす新型ピコルナウイルス「アイチウイルス」の発見

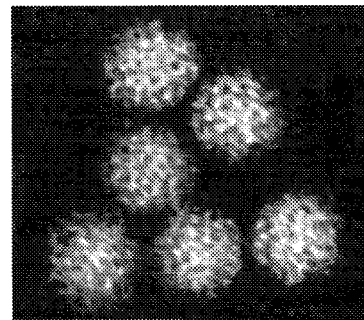
はじめに

1989年3月に愛知県一宮市で酢ガキが原因食品と推定される胃腸炎の集団発生が報告されました。会社の送別会に参加した29名中21人に、12～63時間後に下痢、腹痛、嘔吐、発熱などの症状が出現しました。細菌検査は陰性でしたので、当研究所に5名の患者の糞便とペア血清が搬入されました。電子顕微鏡による検査でウイルス粒子が認められました。また、糞便乳剤を用いたウイルス分離では5名中3名からBS-C1細胞に細胞変性効果を起こすウイルスが分離されました。そこで、エンテロウイルスを疑い、その抗血清に対する反応を調べてみましたが、いずれの血清とも反応しませんでした。一方、患者のペア血清を調べたところ、5名中4名の血清で有意な抗体価の上昇が認められ、その抗体価はいずれの分離株に対しても同じ値を示しました。以上のことから、分離された3株は同一性状のウイルスで、この胃腸炎の原因ウイルスであると考えられました。

理化学的性状

ウイルスの同定が進まないため、理化学的性状を調べました。分離された3株とも孔径50nmの膜を通過し、DNA合成阻害剤 (IUDR) 存在下でも増殖は抑制されませんでした。また、クロロホルム処理、熱 (50℃、30分)、酸 (pH3.5) に安定など、すべて同一性状を示しました。これらの性状からエンテロウイルスが疑われましたが、既知のエンテロウイルスの抗血清とはまったく反応しませんでした。さらに注目すべきことに、本ウイルスはBS-C-1、Vero、およびBGM細胞といったサル腎臓由来の細胞では増殖しましたが、HeLaおよびRD細胞では増殖しないという、エンテロウイルスとはまったく異なる特徴を持っていました。そこでこれら3株のうち1株 (A846/88) を大量に培養し電子顕微鏡で観察したところ、ウイルス粒子の直径は30nmで、エンテロウイルスの様な滑らかな表面とは異なるものの、SRSVの様に形態学的に鑑別する程の構造ではありませんでした (図1)。本ウイルスの

抗血清を作成したところ、分離された3株に対して同一の中和抗体価 (1:160) を示しましたが、エンテロウイルス標準株には反応しませんでした。また、本ウイルスおよび抗血清は、同一の理化学的性状を有すると思われるSRSVやアストロウイルスとも反応しませんでした。



50nm

図1. アイチウイルスの電子顕微鏡像

遺伝子解析

ウイルス分類学上の位置をはっきりとさせるために、アイチウイルスの遺伝子解析を行なうとともに、構造タンパクについてはアミノ酸の解析も行ないました。ウイルス遺伝子は8,251塩基の一本鎖RNAから成り、7,302塩基の翻訳領域 (ORF) の5'側に712塩基、3'側に240塩基の非翻訳領域が存在していました。この構造はエンテロウイルスの属するピコルナ科のウイルスの特徴と一致し、その比較からORFの上流より構造タンパク (P1領域)、非構造タンパク (P2およびP3領域) の各要素に分けることができました (図2)。構造タンパクのポリアクリルアミド電気泳動 (SDS-PAGE) による解析の結果、アイチウイルス粒子を構成するタンパクは3つのポリペプチド (42、30、および22kDa) に分かれることが明らかとなりました。これらのポリペプチドのN末端10残基ほどを解析したところ、30kDaのペプチドがVP1、22kDaのペプチドがVP3であることが解りました。一方、42kDaのペプチドはN末端

が何かにブロックされていて読むことができませんでした。他にVP2やVP4に相当するバンドは認められないので、42kDaのペプチドはVP4とVP2が結合したままの状態のVP0（ピコルナウイルスのVP4はN末端がミリスチン酸でブロックされている）であると考えられました。VP0は完全なウイルス粒子には殆ど存在しないとされていますが、本ウイルスは、不完全粒子も完全粒子も同じ泳動パターンを示すことから、完全なウイルス粒子の状態でも（ピコルナウイルスの完全粒子にはVP0は殆ど存在しません）その殆どがVP0のまま存在するという特徴を持つと考えられます。患者血清や免疫血清はこの42kDaのペプチドとよく反応することから、このペプチドはウイルス粒子の表面に存在していると考えられます。さらに、VP0の分子量（42kDa）とミリスチン酸でブロックされるN末端構造（GxxxT）の位置から、VP0の上流に170個のアミノ酸からなるL-プロテインが存在していると考えられましたが、このL-プロテインは、同じくピコルナ科に属するヒト由

来のエンテロウイルスやライノウイルスには存在しません。L-プロテインが存在するウイルスとしてはウシの口蹄疫ウイルス（アミノ酸数217：O1K株）やネズミの脳心筋炎ウイルス（アミノ酸数67）が知られていますが、アイチウイルスのL-プロテインがこれらのウイルスのL-プロテインと同様にプロテアーゼ活性を持つか否かについては、そのアミノ酸配列からは判明できませんでした。

ピコルナウイルス科は分類学上、エンテロ（ポリオ、コクサッキー、エコーウイルス等）、ライノ、アフソ（口蹄疫ウイルス）、カルジオ（脳心筋炎ウイルス）、ヘパトウイルス（A型肝炎ウイルス）、Parechovirus（エコー22型）の6属に分かれています。アイチウイルスのORFのアミノ酸配列の各領域における相同性をこれらの属のウイルスと比較したところ15~36%という低い値でした。また、分子系統樹（UPGMA法）を作成したところ、アイチウイルスはいずれのグループとも離れて存在していました（図3）。以上のことから、アイチウイルスは、既知のピコルナ科のウイ

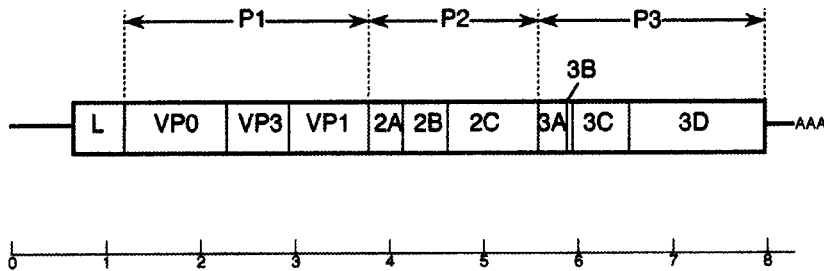


図2. アイチウイルスの遺伝子の構造 P1：構造タンパク、P2,P3：非構造タンパク

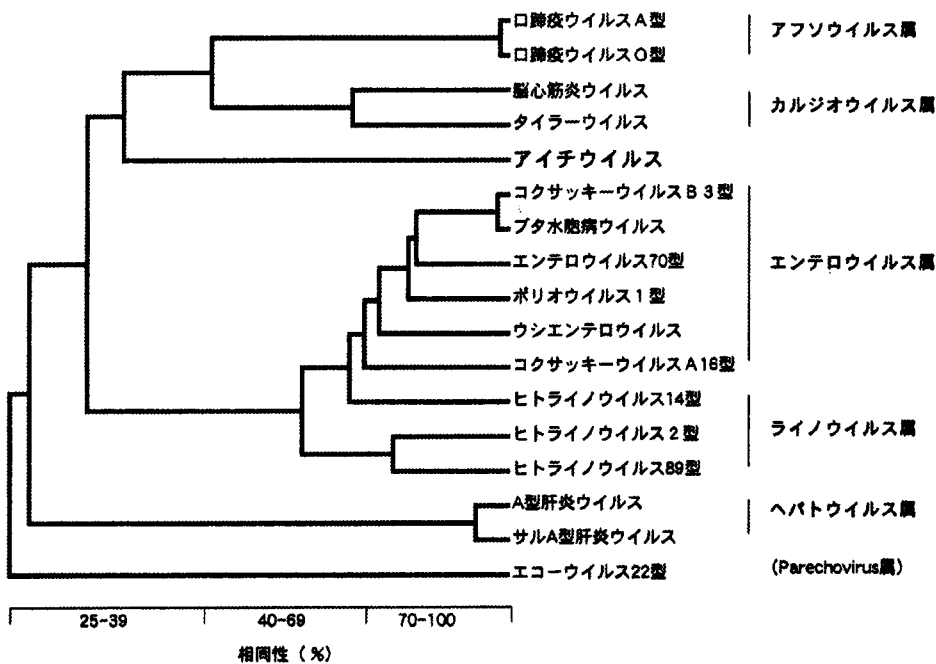


図3. アイチウイルスとピコルナウイルスのRNAポリメラーゼ領域のアミノ酸配列に基づく分子系統樹

ルス属には分類されない新しい型のピコルナウイルスと考えられました。

ウイルス診断の方法

アイチウイルスによる感染を知る手段としては、先に述べたサル腎臓由来細胞を用いたウイルスの分離と、ペア血清を用いた中和抗体価の測定があります。いずれも細胞培養法を用いるため時間と手間がかかるので、ELISAによる抗原検出系を作成しました。この方法はアイチウイルスに対するモノクロナール抗体とモルモット免疫血清を用いるサンドイッチ法で、3～4日で結果の判定が可能です。アイチウイルスが関与した胃腸炎の集団発生でペア血清の得られた5事例について比較してみると、ウイルス分離による陽性率が13% (6/47)、ペア血清によるものが47% (20/43)であったのに対し、ELISAによるものでは28% (13/47)と、ペア血清による陽性率には劣りますが、ウイルス分離の約2倍の陽性率を示しました。

疫学

上に記した方法を用いて、胃腸炎の集団発生例及び、小児の散発患者例、東南アジアへ旅行し帰国時に胃腸炎症状を訴えた症例について、アイチウイルス感染の有無を調べました。

胃腸炎の集団発生例については1987年から97年の11年間の県内発生38事例を調べたところ、9事例 (24%) でアイチウイルスの関与が認められました (表1)。その内訳は、1987年から90年の4年間では19件中7件で陽性でしたが、その後6年間は12件中1件も陽性事例がなかったものが、97年には7件中2件が陽性でした。以上のことからアイチウイルスの流行にも波があると思われます。これらアイチウイルス陽性の9事例中8事例は、生カキが原因の胃腸炎の集団発生と推定されました。また、この8事例で総計85名の患者を調べましたが、そのうち32名 (38%)

が陽性でした。事例ごとの患者陽性率は80% (5名中4名) から25% (8名中2名) と様々でした。一方、当研究所では1997年からSRSVの検査にPCR法を取り入れています。1997年に調査した7事例のうち、アイチウイルスが検出されなかった5事例のすべてで、PCR法によりSRSV遺伝子が検出されました。また、アイチウイルスが陽性であった1事例においても、アイチウイルス (陽性率29%) よりもSRSV (陽性率57%) の方が多くの患者から検出されており、SRSVが調査した胃腸炎の集団発生の主たる原因ウイルスと考えられました。以上の結果から、1991年以降の胃腸炎の集団発生事例については、アイチウイルスが関与する割合はSRSVと比較して少なくなっていると考えられます。

小児の胃腸炎の散発例について、1987年から90年にサーベイランス事業で集められた糞便83件を用いて、ELISAによるアイチウイルスの抗原を調べたところ、全て陰性でした。小児におけるその他の疾患患者についてもその糞便を調べましたが、314名中1名 (下気道炎) のみ陽性でした。これらのことから、現時点ではアイチウイルスと小児疾患との関連については不明です。

一方、小児の胃腸炎については、1990年から92年の3年間にパキスタンのカラチ市民病院で集められた糞便を調べる機会がありました。その結果421件中8件 (1.9%) がELISAによるウイルス抗原が陽性でした。このうち5件からはウイルスも分離されています。また、当研究所では名古屋空港検疫所と共同で、東南アジアからの帰国時に胃腸炎症状を訴えた患者糞便についてウイルス検査を実施しています。1991年から92年に集められた722件を調べたところ、6件 (0.8%) からはアイチウイルス抗原が、そのうち5件からはウイルスも分離されました。陽性者の渡航先はインドネシア (4名)、タイ、およびマレーシア (各1名) でした。これらの結果から、アイチウイルスが日本のみならずアジア各地に存在することが強く示唆されました。

アイチウイルスに対する抗体保有率について、愛知県血清バンク事業で1989年に集められた血清773検体を用いて、その中和抗体の測定を行ないました。年齢別抗体保有状況は4歳以下が7% (9/125)、5～9歳が18% (18/101)、10～14歳が32% (15/47)、15～19歳が50% (30/60) と、加齢とともに増加し、30歳以上では各年齢層60名づつを調べた結果、80%近い人がアイチウイルスに対する抗体を保有していることが判明しました。(図4)。すでに述べた県下の胃腸炎の集団発生事例での本ウイルス検出率の結果と併せて考えると、1989年前後は当県ではアイチウイルスがかなり蔓延していたものと思われます。しかしながら、1991年以降の

年	検査数	陽性数	%
1987	5	1	20
1988	2	2	100
1989	7	2	29
1990	5	2	40
1991	1	0	0
1992	3	0	0
1993	2	0	0
1994	4	0	0
1995	1	0	0
1996	1	0	0
1997	7	2	29
1987-97	38	9	24

表1. 愛知県における胃腸炎の集団発生事例におけるアイチウイルスの検査件数及び陽性事例数の推移

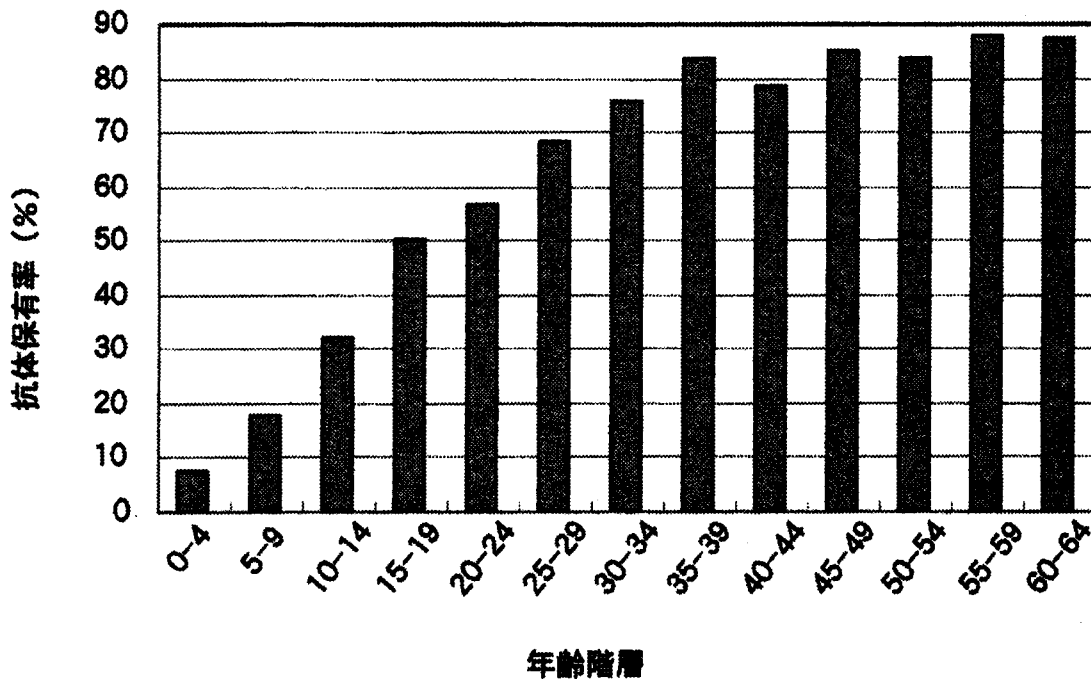


図4. 年齢階層別アイチウイルス抗体保有率

胃腸炎の集団発生事例からのウイルス検出率は低いことを考えると、89年当時と比べ最近の県下住民の抗体保有率はもう少し低い可能性もあります。

おわりに

アイチウイルスがピコルナウイルス科に属することから、本ウイルスによる感染がエンテロウイルスによる感染と同様に不顕性感染の多い多様な臨床像を示すものであるか否か興味のあるところです。県下の小児患者についての調査では、下気道炎の患者1名(0.3%)から抗原が検出されたのみでしたが、1989年には4歳以下で7%、5~9歳で18%の抗体保有率であったことから、その数は少ないながらも小児がアイチウイルスの感染を受けていることは確実だと思われます。小児には病原性が弱く、また、発症した事例でも患者が排泄するウイルス量が少ないために検出できない可能性も考えられます。また、集団発生で得られたペア血清による検査法と比べれば、現時点ではELISAによる抗原検出にも感度の点で問題があることも事実です。そこで、我々が明らかにしたアイチウイルスの塩基配列に関する情報を利用して、PCR法などを用いたより感度の高い検出法を現在検討しているところです。

(ウイルス部 山下照夫)

文献

- 1) Yamashita, T., S. Kobayashi, K. Sakae, S. Nakata, S. Chiba, Y. Ishihara, and S. Isomura. Isolation of cytopathic small round viruses with BS-C-1 cells from patients with gastroenteritis. *J. Infect. Dis.* 164:954-957. 1991.
- 2) Yamashita, T., K. Sakae, Y. Ishihara, S. Isomura, and E. Utagawa. Prevalence of newly isolated, cytopathic small round virus(Aichi strain) in Japan. *J. Clin. Microbiol.* 31: 2938-2943. 1993.
- 3) Yamashita, T., K. Sakae, S. Kobayashi, Y. Ishihara, T. Miyake, A. Mubina, and S. Isomura. Isolation of cytopathic small round virus(Aichi virus) from Pakistani children and Japanese travelers from Southeast Asia. *Microbiol. Immunol.* 39:433-435. 1995.
- 4) Yamashita, T., K. Sakae, H. Tsuzuki, Y. Suzuki, N. Ishikawa, N. Takeda, T. Miyamura, and S. Yamazaki. Complete nucleotide sequence and genetic organization of Aichi virus: a distinct member of the *Picornaviridae* associated with acute gastroenteritis in humans. *J. Virol.* 72:8408-8412. 1998.

カンピロバクターの血清型別について

1 はじめに

カンピロバクターは、かつてはウシやブタなど家畜の流産の原因菌として知られていた。ところが1973年に入りButzlerらの研究によってカンピロバクターがヒトの下痢症の起因菌であることが判明し、また、その後の分離培地の開発や微好気培養法の改良によって、欧米などでは下痢症患者の糞便検査から、高頻度にカンピロバクターが分離されてくるようになった。わが国においても1978年から79年にかけて、吉崎ら¹⁾によって調査が行われた結果、諸外国同様に散発下痢症患者から高率（20%程度）に分離されることが判明した。また、1980年には伊藤らによる集団発生例の報告がなされたのをきっかけに、本菌による多くの集団発生例が明らかになってきた。これらのことから厚生省は1982年3月に、*Campylobacter jejuni* 及び *C. coli*をその他の6種類の病原菌と共に新たに食中毒菌に指定した。

最近の7年間に全国で発生した食中毒を病因物質別にみると、カンピロバクターによる食中毒の発生件数（年間14～257件）は腸炎ビブリオ、サルモネラに次ぐ3位から5位を、黄色ブドウ球菌、病原性大腸菌と共に競う状況にある^{2), 3)}。一方、1998年1月～10月の間に、全国の医療機関で散発下痢症患者の糞便から検出された病原菌14,427株のうちカンピロバクターは病原性大腸菌に次ぎ第2に高い頻度（19.2%）で検出されたことが報告⁴⁾されている。このことから、カンピロバクターによる下痢症発生の予防対策が必要であり、汚染源追求の手段として、分離株の血清型別分類の実施が有効であると思われる。

しかしながら、世界的に統一された方法もなかったことから、わが国においては1985年10月に「カンピロバクター血清型別システムの開発」のために全国地方衛生研究所間に研究班が発足し、*C. jejuni*の血清型別分類を実施することになった。この研究班は現在、「カンピロバクター血清型別レファレンスサービス事業」として活動を続けている。この研究班結成の経緯については愛知衛研技術情報（Vol.10, No.3, 1986）に記載してあるので、その後の研究班の活動状況と、当所で実施した血清型検査の成績について紹介する。

2 免疫血清の作成

カンピロバクターの血清型別分類は2種類の異なった方法によって行なわれている。一つはLiorら⁵⁾によって開発された生菌を用いたスライド凝集反応法であり、今一つはPennerら⁶⁾によって開発された加熱抽出抗原を用いた受身血球凝集反応法である。これらの血清型別分類法が

個々の研究者により用いられてきたが、国際的な統一法はみられなかった。1985年になって、国際型別委員会では国際統一法の開発にあたっては、Liorらのスライド凝集反応法あるいはPennerらの受身血球凝集反応法を基礎とすることを提案した。

わが国では研究班の班員である東京都衛生研究所において、Liorらの方法に類似したホルマリン死菌を用いたスライド凝集反応による方法（TCKシステム）が研究班の発足当時すでに実施されており、一定の成果も得られていたことから⁷⁾、研究班ではLiorらのシステムを導入していくことになった。しかし、このLiorらの方法の型別用血清が市販品として入手できる段階ではなかったため、研究班では共同で免疫血清を作成することになった。作成する血清型は、研究班で暫定的に使用していたTCKシステムの中から国内で分離される頻度の高い血清型とし、その血清型がLiorらの血清型別システムに含まれる場合はLiorらの血清型を使用することになった。その結果、Liorらの血清型別システムに含まれる62種類の血清型から選らんだ26種類と、これを補足するためにTCKシステムから選らんだ4種類の計30種類の血清型からなるカンピロバクター血清型別分類セットが作成された。研究班ではこの型別分類セットを用いて1988年から国内発生由来のカンピロバクターの型別分類を実施し、型別分類セットの評価を行っていくことになった。

3 作成した血清型別分類セットによる分類結果

研究班では1988～90年の間に秋田県をはじめ全国13の都府県で発生した集団食中毒事例の患者から分離された*C. jejuni* 654株について型別分類を行った結果、570株（87.2%）が特定の1型として分類されたが、51株（7.8%）は型別不能であった。また、これら654株のうち3事例に由来した38株では33株（86.8%）が複数の血清型を示す菌株と判定された。さらに、集団食中毒では、同一事例から分離された株について型別分類を行うと、2～5種類の血清型に分類されることもまれではなく、一件のカンピロバクター食中毒事例が複数の血清型の株によって引き起こされている場合があることが示唆された。次に、全国で散発下痢症患者から検出された*C. jejuni*の1,198株について血清型別分類が実施された。その結果、770株（64.3%）が特定の1型として分類されたのに対し、113株（9.4%）は複数の血清型にまたがって分類された。また、17株（1.4%）は自然凝集を起こしたことから型別判定不能、298株（24.9%）は型別分類が不能であった。複数の血清型を示した菌株については、それらの株が複数の抗

原因子を持つためなのか、あるいは、型別分類用の血清に問題があるためなのか等、原因は明らかになっていない。

以上の結果から、複数の型別分類用血清に凝集した株も分類できたものと考え、散発下痢症患者由来株の約74%、集団食中毒患者由来株の約92%が型別分類されたことになり、作成した血清型別分類セットは特に集団発生由来の*C. jejuni*の分類セットとして、十分に実用に耐えうることが確認された。なお、これらの成績の詳細については、「カンピロバクター型別ワーキンググループ」から報告⁹⁾されている。

4 愛知県における血清型別分類の結果

1993～98年の6年間に、東海、北陸地区で発生した*C. jejuni*を原因とする集団食中毒患者由来株の血清型別分類の結果を表1に示した。事例1, 5, 6, 8及び9の5事例由来の45株は、LIO 2, 4, 11等の単一の血清型に型別され、事例2由来の12株はすべての株がLIO 30とLIO 50の2種類の血清型に型別された。事例7由来の6株は4種類の血清型に型別され、事例3, 4及び10由来の15株は型別分類が不能であった。

次に1993～97年の5年間に、愛知県下の特定の病院における散発下痢症患者から検出された*C. jejuni*の血清型を表2に示した。604株のうち365株(60.4%)が26種類の単一の血清型に型別分類された。分離頻度の高い血清型はLIO 4の54株(9.0%)、LIO 1の44株(7.3%)、LIO 36の35株(5.8%)、TCK 1の35株(5.8%)、LIO 2の28株(4.6%)、TCK 12の24株(4.0%)等であった。これらの6血清型に型別分類された株は220株であり、血清型の判明した410株のうちの(複数の血清型に分類された株を含む)53.7%

を占めていた。集団食中毒患者から分離されたLIO 2, 4, 11等の血清型は、散発下痢症患者からも分離されていることから、これらの血清型の株がこの地域に広く分布していることを伺わせる結果であった。

5 おわりに

「カンピロバクター血清型別システムの開発」の研究班の努力によって、カンピロバクター血清型別分類セットが整備され、本菌による集団食中毒や散発性下痢症患者発生時の疫学調査等の手段として*C. jejuni*の型別分類が可能になってきた。しかしながら、この型別セットを用いても、集団食中毒事例および散発下痢症患者由来株のいずれからも型別分類不能の株が散見されている。今後は本セットの型別用免疫血清の入れ替えや、追加の検討を行い本菌の型別分類確定率のさらなる向上をはかるとともに、どの試験検査室でも利用できるように型別セットの供給体制を確立していく必要がある。

(細菌部 三輪良雄)

参考文献

- 1) 吉崎悦郎他：感染症学雑誌、54、17-21、1980
- 2) 厚生省生活衛生局食品保健課編、全国食中毒事件録(平成3～8)
- 3) 厚生省生活衛生局食品保健課監視係：食品衛生研究、Vol.48(9)、1998
- 4) 病原微生物検出情報、Vol.19、No.12、1998
- 5) Lior *et al.* : J. Clin. Microbiol., 12 : 761-768, 1982
- 6) Penner *et al.* : J. Clin. Microbiol., 15 : 732-737, 1980
- 7) 伊藤武他：感染症学雑誌、59、86-93、1985
- 8) 斎藤香彦他：感染症学雑誌、66、340-348、1992

表1 集団事例由来株の血清型別結果 (1993～1998年)

事例No.	発生年	発生県	供試株数	型別成績
1	1993	岐阜	11	LIO 4 (11) ¹⁾
2	1994	岐阜	12	LIO 30/LIO 50 (12) ²⁾
3	1995	岐阜	4	UT ³⁾ (4)
4	1995	岐阜	8	UT (8)
5	1995	岐阜	4	LIO 50 (4)
6	1995	岐阜	18	LIO 11 (18)
7	1996	岐阜	6	TCK 26 (3) LIO 1/TCK 26 (1) LIO 1/LIO 26/TCK 26 (1) LIO 1/LIO 10/TCK 26 (1)
8	1997	岐阜	5	LIO 4 (5)
9	1998	石川	7	LIO 2 (7)
10	1998	愛知	3	UT (3)

1) : () 内は型別された株数を示す

2) : LIO 30とLIO 50の2つの血清型に分類されたことを示す

3) : UTは型別不能を示す

表2 1993年～1997年間の散発下痢症患者由来株の血清型の推移（県下の特定の一病院分離株）

血清型	分離株数					合計
	1993	1994	1995	1996	1997	
LIO 1	9	9	11	7	8	44
LIO 2	5	7	8	3	5	28
LIO 4	6	10	16	14	8	54
LIO 5	1	1	—	1	1	4
LIO 6	1	2	6	—	—	9
LIO 7	1	2	7	2	8	20
LIO 9	1	2	2	3	—	8
LIO 10	—	—	2	1	—	3
LIO 11	5	7	3	2	1	18
LIO 15	—	—	—	—	—	—
LIO 17	2	—	2	—	—	4
LIO 18	—	—	1	—	—	1
LIO 19	1	—	1	—	1	3
LIO 22	—	—	—	—	—	—
LIO 26	2	4	4	2	1	13
LIO 27	2	2	1	—	—	5
LIO 28	1	3	3	2	2	11
LIO 30	1	4	2	—	—	7
LIO 33	—	—	—	—	—	—
LIO 36	3	7	13	9	3	35
LIO 39	—	—	—	—	—	—
LIO 49	—	1	4	4	2	11
LIO 50	3	4	2	3	1	13
LIO 53	—	1	—	—	—	1
LIO 54	—	1	—	1	—	2
LIO 60	—	1	—	—	1	2
TCK 1	26	2	1	4	2	35
TCK 12	6	5	4	6	3	24
TCK 13	1	2	2	1	—	6
TCK 26	1	1	2	—	—	4
小計	78	78	97	65	47	365
複数の血清と反応	4	7	29	3	2	45
R型 ¹⁾	—	—	2	—	—	2
型別不能	34	29	64	37	28	192
総計	116	114	192	105	77	604

1) : R型は自然凝集を示す株

統計でよく用いる分布の相互関係 (第2回)

先回は(技術情報22巻4号、平成10年12月1日)統計上最も基本的となる Γ 分布、 G 分布、 B 分布が存在することを述べましたが、これから6回にわたり、これら基本的な3つの分布の相互関係や基本分布から導かれる様々な分布との関連について説明していきたいと思えます。まず、全ての分布に関連のある統計で用いる関数(道具)についての説明から始めます

1. 確率密度関数

確率分布には確率変数が0, 1, 2...等の整数を値として取る離散分布と連続した実数を取りうる連続分布がある。後者は確率密度関数(pdf:probability density function)という関数で表され、指定した範囲の面積は確率変数がその範囲に入る確率を表す。pdfを $f(x)$ 、 x の取りうる範囲を $(-\infty < x < +\infty)$ とすると、次式が成り立つ。

$$f(x) \geq 0 \quad (1)$$

$$\int_{-\infty}^{+\infty} f(x) dx = 1 \quad (2)$$

2. Γ (ガンマ) 分布

Γ 分布の確率密度関数は分布の大きさを示す尺度(a)と独立したデータの数を表す自由度(p)の2つのパラメータ(母数)を持ち、係数は $1/\Gamma(p)$ である。この係数は式(2)が成り立つように定められている。

$$\text{Pdf } f(x/a, p) = \frac{1}{\Gamma(p)} a^p x^{p-1} e^{-ax} \quad (a, p, x > 0) \quad (3)$$

$\Gamma(p)$ はガンマ関数を表し、次のように定義されている。

$$\Gamma(p) = \int_0^{+\infty} x^{p-1} e^{-x} dx \quad (4)$$

また、次の関係が存在する。

$$\Gamma(p+1) = p\Gamma(p) \quad (5)$$

p が整数(n)ならば $\Gamma(n+1)$ は $n!$ となり、 Γ 関数は階乗の概念を正の実数に拡張している。1から2までの実数についてはガンマ関数表が作成されている。たとえば、 $\pi!$ は下のように計算する。

$$\begin{aligned} \Gamma(4.1416) &= 3.1416 \times 2.1416 \times 1.1416 \times 0.9358692 \\ &= 7.188067 = \pi! \end{aligned}$$

また、 $\Gamma(1/2)$ は正規分布との関連で重要な値で $\sqrt{\pi}$ となる。

x^k の期待値を原点の回りの k 次のモーメントと呼び、 μ_k' または $E(x^k)$ で表す。

モーメントの計算を容易にするため積率母関数(mgf: moment generating function)あるいは特性関数(characteristic function)が用いられる。特性関数を用いてモーメントを計算するには特性関数の k 次の導関数を求めなければならないので、積率母関数が計算できる場合には、これを用いた方が簡単である。

また、原点の回りの1次のモーメント($k=1$)を特に平均と呼び \bar{x} で表す。

$$\text{mgf } E(x^k) = \Gamma(p+k)/\{a^k \Gamma(p)\} \quad (6)$$

Γ 分布の原点の回りの1次のモーメント(平均)及び2次のモーメントは式6より求められる。

$$\mu_1' = \Gamma(p+1)/\{a \Gamma(p)\} = p\Gamma(p)/\{a \Gamma(p)\} = p/a$$

$$\begin{aligned} \mu_2' &= \Gamma(p+2)/\{a^2 \Gamma(p)\} = (p+1)p\Gamma(p)/\{a^2 \Gamma(p)\} \\ &= (p+1)p/a^2 \end{aligned}$$

一方、 $(x-\bar{x})^k$ の期待値を平均の回りの k 次のモーメントと呼び、 μ_k または $E\{(x-\bar{x})^k\}$ で表す。特に平均の回りの2次のモーメントを分散と呼び、分布のバラツキを表す尺度として用いられ、簡便に記述する場合は $V(x)$ を用いる。

$$\begin{aligned} E\{(x-\bar{x})^2\} &= E\{x^2 - \bar{x}^2\} = (p+1)p/a^2 - (p/a)^2 \\ &= p/a^2 \end{aligned}$$

なお、ガンマ分布は a と p が決まれば平均と分散は同時に確定するので、互いに独立ではない。

また、 e^{it} (i は虚数を表す)の期待値を特性関数と呼び、 $f(t)$ で表す。確率密度関数と特性関数は相互に変換でき同等であるが、モーメントの計算や分布の特徴を理解するには下に示すように特性関数が分かりやすい。

$$f(t) = (1 - it/a)^{-p} \quad (7)$$

尺度パラメータ(a)が共通である自由度が p 及び q である2つの Γ 分布の同時分布は特性関数の積で表される。

$$\begin{aligned} f(t/p) f(t/q) &= (1 - it/a)^{-p} (1 - it/a)^{-q} \\ &= (1 - it/a)^{-(p+q)} \end{aligned}$$

したがって、この同時分布が自由度 $p+q$ の Γ 分布になること(再成性または加法性)が特性関数を用いることで一目で理解できる。

今回は Γ 分布関連分布から始めます。

愛知衛研技術情報 第23巻 第1号 平成11年3月1日発行
ご照会・連絡先 愛知県衛生研究所 電話: 052-911-3111 FAX: 052-913-3641
〒462-8576 名古屋市北区辻町字流7番6号

(この技術情報は、再生紙を使用しています。)