補題 3.2

$$\|f\|_{Y_\theta} = \|Vf\|_Z \tag{3.12}$$

$$VK_\theta = K_Z V \tag{3.13}$$

$V^{-1} : Z \to Y_\theta$ を $\phi \in Z$ をその周期化に写す作用とすれば、V は Y_θ から Z への全単射になる。それゆえ $K_\theta = V^{-1}K_Z V$ であり、以下が成り立つ：

補題 3.3

$$r(K_Z) = r(K_\theta) \tag{3.14}$$

(3.13) より、反復過程 (3.10) は Z 空間上の反復過程に還元されることがわかる：

$$VUi_m = VK_\theta Ui_{m-1} = K_Z VUi_{m-1} \tag{3.15}$$

関数空間 Z においては時間パラメータがもはや経過時間ではなく、出生が起きるシーズン（環境）の異質性を指定するパラメータになっている。

K_Z をコンパクトで原始的な正線形作用素と仮定すれば、ペロン・フロベニウスタイプの理論によって以下が結論される：

$$VUi_m = K_Z^m VUi_0 \sim \langle F_Z, VUi_0 \rangle r(K_Z)^m f_Z, \quad m \to \infty \tag{3.16}$$

ここで $f_Z \in Z_+$、$F_Z \in Z_+^*$ は正固有値 $r(K_Z)$ に対応する正固有ベクトル、正共役固有汎関数であり、$\langle F_Z, \phi \rangle$ は F_Z の $\phi \in Z$ における値である。(3.7), (3.14), (3.16) から以下を得る：

$$\begin{aligned}\lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|VUi_m\|_Z} &= r(K_Z) = r(K_\theta) \\ &= \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|Ui_m\|_{Y_\theta}} = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y}\end{aligned} \tag{3.17}$$

(3.5) と (3.17) は、$r(K_\theta)$ を基本再生産数として定義すれば、実時間における成長率の閾値条件が定式化されると同時に世代的解釈が成り立つことを示している:

定理 3.4 Bacaër–Guernaoui による基本再生産数 R_0 の定義に関しては以下のような世代的解釈が成り立つ：

$$R_0 = r(K_\theta) = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \tag{3.18}$$

注意 1. 上記の議論とは別の議論によって、Bacaër and Ait Dads ([5]) は以下が成り立つことを示した：

$$\limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} = r(K_\theta) \tag{3.19}$$

上記の結果は、世代的解釈としては不完全なものであるが、最近の論文において彼らは状態変数が有限次元である場合には、上記の "lim sup" が "lim"によって置き換えられること、すなわち世代的解釈が成り立つことを示した ([6])。次節で見るように、世代的解釈としては不完全であっても、(3.19) を導いた彼らの議論は、一般的な変動環境における基本再生産数の定義を導くヒントを与える点で、それ自体重要である。

注意 2. 本節では次世代作用素 K_θ を導くために Y 空間から Z 空間への 2 段階の集計化 ($Y \to Y_\theta \to Z$) をおこなったが、$Y \to Z$ という集計を一挙に遂行することもできる[*9]。ここでは、我々の理論的フレームに

[*9] [6] も同様な計算をおこなっている.

よって $Y \to Z$ という一段階集計の計算を簡単に示しておこう。片側集計作用素 $U_+ : Y \to Z$ を以下のように定義する:

$$(U_+ f)(t) := \sum_{n=0}^{+\infty} |f(t+n\theta)|, \quad t \in [0,\theta), \quad f \in Y$$

このとき $\|U_+ f\|_Z = \|f\|_Y$ である。$f \in Y_+$ に対して以下が成り立つ：

$$\begin{aligned}
(U_+ K_Y f)(t) &= \sum_{n=0}^{\infty} \int_0^{t+n\theta} \Psi(t+n\theta, \tau) f(t+n\theta-\tau) d\tau \\
&= \sum_{n=0}^{\infty} \int_0^{t+n\theta} \Psi(t, t-z+n\theta) f(z) dz \\
&= \int_0^t \Psi(t, t-z) f(z) dz + \sum_{n=1}^{\infty} \left\{ \int_{n\theta}^{t+n\theta} + \int_0^{n\theta} \right\} \Psi(t, t-z+n\theta) f(z) dz
\end{aligned}$$

ここで

$$\int_{n\theta}^{t+n\theta} \Psi(t, t-z+n\theta) f(z) dz = \int_0^t \Psi(t, t-z) f(z+n\theta) dz,$$

$$\begin{aligned}
\int_0^{n\theta} \Psi(t, t-z+n\theta) f(z) dz &= \sum_{m=1}^{n} \int_{(m-1)\theta}^{m\theta} \Psi(t, t-z+n\theta) f(z) dz \\
&= \sum_{m=1}^{n} \int_0^{\theta} \Psi(t, t-z+(n-m+1)\theta) f(z+(m-1)\theta) dz
\end{aligned}$$

である。それゆえ、以下を得る：

$$\begin{aligned}
(U_+ K_Y f)(t) &= \int_0^t \Psi(t, t-z) \sum_{n=0}^{\infty} f(z+n\theta) dz \\
&\quad + \sum_{n=1}^{\infty} \sum_{m=1}^{n} \int_0^{\theta} \Psi(t, t-z+(n-m+1)\theta) f(z+(m-1)\theta) dz
\end{aligned}$$

和の順序を交換すれば、

$$\begin{aligned}
&\sum_{n=1}^{\infty} \sum_{m=1}^{n} \int_0^{\theta} \Psi(t, t-z+(n-m+1)\theta) f(z+(m-1)\theta) dz \\
&= \int_0^{\theta} \sum_{m=1}^{\infty} \Psi(t, t-z+m\theta) \sum_{n=0}^{\infty} f(z+n\theta) dz
\end{aligned}$$

従って以下の結論を得る：

$$\begin{aligned}
(U_+ K_Y f)(t) &= \int_0^t \Psi(t, t-z)(U_+ f)(z) dz + \int_0^{\theta} \sum_{m=1}^{\infty} \Psi(t, t-z+m\theta)(U_+ f)(z) dz \\
&= \int_0^{\theta} \Pi(t,z)(U_+ f)(z) dz = (K_Z U_+ f)(t)
\end{aligned}$$

これより

$$U_+ K_Y f = K_Z U_+ f, \quad f \in Y_+$$

となる。すなわち発展過程 $i_m = K_Y i_{m-1}$ は Z 空間における反復過程 $U_+ i_m = K_Z U_+ i_{m-1}$ へ還元される。したがって

$$r(K_Z) = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|U_+ i_m\|_Z} = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y}$$

であることがわかる。この場合、K_Z が集計された世代分布の空間 Z における次世代作用素であり、$R_0 = r(K_Z)$ である。

4　一般変動環境における基本再生産数の定義

上述の議論から Y 空間における発展過程; $i_m = K_Y i_{m-1}$ が基本再生産数を決定するために本質的な役割を果たしていることがわかる。そこで、あらためて一般的な変動環境における世代発展作用素 (GEO) を定義しておこう:

定義 4.1 $\Psi(t,\tau)$ を純再生産作用素とする。 $\Psi(t,\tau)$ はバナッハ空間 $E = L^1_+(\Omega_b)$ 上の正線形作用素であり、正値錐 $E_+ = L^1_+(\Omega_b)$ を不変にする。このとき世代発展作用素 (generation evolution operator: GEO) は拡張された状態空間 $Y_+ = L^1_+(\mathbf{R}_+; E_+) = L^1_+(\mathbf{R} \times \Omega_b)$ 上の正線形作用素として以下のように定義される：

$$(K_Y f)(t) = \int_0^t \Psi(t,\tau) f(t-\tau) d\tau, \quad f \in Y_+ \tag{4.1}$$

世代発展作用素は、Y 空間における各世代（子孫）の状態分布の系列

$$\{i_0, i_1, i_2, ...\} \subset Y_+$$

を反復過程 $i_m = K_Y i_{m-1}$ によって作り出す。このとき、$\|i_m\|_Y$ は m 世代目の新生児の総数を与える。その漸近的な世代サイズの成長率は、その極限が存在する限り、$\lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y}$ で与えられるであろう。

任意の $t > 0$ に対して、時刻 t における新生児の状態分布は形式的な世代展開で与えられる：

$$i(t) = \sum_{m=0}^{\infty} (K_Y^m i_0)(t) = \sum_{m=0}^{\infty} i_m(t) \tag{4.2}$$

ここで、 $i_0 \in Y_+$ は初期人口からうまれる子供の分布である。上記の解は以下の再生方程式を満たしている：

$$i(t) = g(t) + \int_0^t \Psi(t,\tau) i(t-\tau) d\tau, \quad t > 0 \tag{4.3}$$

実際は個体の再生産期間は有限であるために、各時点で共存する世代数は有限であり、世代展開は有限和である。

再生方程式 (4.3) を Y 空間における線形方程式 $i = g_0 + K_Y i$ と見なせば、$r(K_Y) < 1$ であれば $i = (I - K_Y)^{-1} g \in Y_+$ という正の解をもつ。このことは条件 $r(K_Y) < 1$ が人口の絶滅のための十分条件になっていることを示唆している。

はじめに $K_Y(Y_+) \subset Y_+$ である条件を示しておこう。出生時刻 τ のコーホート純再生産作用素 (cohort net reproduction operator) を E 上の正作用素として以下のように定義する：

$$K_\tau \phi := \int_0^\infty \Psi(s+\tau, s) \phi ds, \quad \phi \in E$$

このとき以下を得る：

$$\begin{aligned}\|K_\tau\phi\|_E &= \int_{\Omega_b} d\zeta \left|\int_0^\infty (\Psi(s+\tau,s)\phi)(\zeta)ds\right| \\ &\le \int_0^\infty \|\Psi(s+\tau,s)\phi\|_E ds \\ &\le \int_0^\infty \|\Psi(s+\tau,s)\|_{\mathcal{L}(E)} ds \|\phi\|_E\end{aligned}$$

それゆえ、K_τ は E 上の正の有界線形作用素であり、以下が成り立つ：

$$\|K_\tau\|_{\mathcal{L}(E)} \le \int_0^\infty \|\Psi(s+\tau,s)\|_{\mathcal{L}(E)} ds$$

$K_\tau\phi$ は時刻 τ 生まれの個体のベクトル ϕ を、それが生涯に生む状態別の新生児分布を時間に関して集計したベクトルへ写す作用素であり、個体あたりの生涯の平均出生児数が有限であることは、条件 $\sup_{\tau\ge 0}\|K_\tau\|_{\mathcal{L}(E)} < \infty$ によって表される。それゆえ生物学手に妥当な条件として、以下を仮定する：

$$K^c := \sup_{\tau\ge 0}\int_0^\infty \|\Psi(s+\tau,s)\|_{\mathcal{L}(E)} ds < \infty \tag{4.4}$$

このとき証明を略するが、以下が成り立つ：

定理 4.2 条件 (4.4) のもとで、K_Y は Y 上の正の有界線形作用素である。さらにほとんどすべての $\tau \ge 0$ に対して $K_\tau(E_+ \setminus \{0\}) \subset E_+ \setminus \{0\}$ であれば、$K_Y(Y_+ \setminus \{0\}) \subset Y_+ \setminus \{0\}$ である。

i_m $(m = 0, 1, 2, ...)$ は非負の可測関数であるから、(4.2) から以下を得る：

$$\|i\|_Y = \sum_{m=0}^\infty \|i_m\|_Y \tag{4.5}$$

このとき正数列に関するよく知られた収束条件から、

$$\|i\|_Y = \sum_{m=0}^\infty \|i_m\|_Y < \infty \Longleftrightarrow \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} < 1 \tag{4.6}$$

$$\|i\|_Y = \sum_{m=0}^\infty \|i_m\|_Y = \infty \Longleftrightarrow \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \ge 1 \tag{4.7}$$

となることがわかる。

上記の観察から、一般の変動環境における R_0 の定義として以下を導入しよう：

定義 4.3 世代推進作用素 K_Y によって生成される世代の系列の基本再生産数を以下のように定義する：

$$R_0 = \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} = \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|K_Y^m i_0\|_Y} \tag{4.8}$$

以下では上記の定義による R_0 が人口増加の閾値になるかどうかを検討しよう。もし $R_0 < 1$ であれば、正数 $r > 0$ と番号 m_0 が存在して $m_0 < m$ となる番号に対して $\sqrt[m]{\|i_m\|_Y} < r < 1$ となる。したがって各世代のサイズは幾何級数的に減衰するから、人口は消滅に向かう：

$$\lim_{m\to\infty}\|i_m\|_Y \le \lim_{m\to\infty} r^m = 0$$

このとき、各時刻における人口が有限個の世代分布の和であることから、各時刻の人口数も時間とともにゼロへ収束する。

一方、$R_0 > 1$ であれば、正数 $r > 0$ と番号 $m(k), k = 1, 2, ..$ が存在して $m(1) < m(2) < \cdots \to +\infty$, $\sqrt[m(k)]{\|i_{m(k)}\|_Y} > r > 1$ となる。そこで、任意の $m(k)$ に関して、

$$\|i\|_Y \geq \|i_{m(k)}\|_Y \geq r^{m(k)}$$

であり、これは

$$\lim_{k\to\infty} \|i_{m(k)}\|_Y = +\infty$$

を意味している。従ってサイズが発散する世代系列が存在して、$\|i\|_Y = +\infty$ である。このとき、将来まで発生する新生児の総数が無限大になるが、必ずしも長期的な正の増加率をもつとは限らない。例えば、世代のサイズが増加していても平均世代間隔が増加していれば、人口は減少していく可能性がある。

もう一つ重要な点は、上記の定義における R_0 が初期データ i_0 に独立であるかどうかである。はじめに定義 (4.8) は､比較可能な初期データに関してはユニークな値を与えることに注意しよう。$K_Y(Y_+\setminus\{0\}) \subset Y_+\setminus\{0\}$ と仮定する。もし $i_1, i_2 \in Y_+ \setminus \{0\}$ であり、正数 $0 < \alpha < \beta$ が存在して $\alpha i_1 \leq i_2 \leq \beta i_1$ が成り立てば（すなわち比較可能であれば)、

$$\alpha(K_Y)^m i_1 \leq (K_Y)^m i_2 \leq \beta(K_Y)^m i_1$$

である。それゆえ、

$$\alpha\|(K_Y)^m i_1\|_Y \leq \|(K_Y)^m i_2\|_Y \leq \beta\|(K_Y)^m i_1\|_Y$$

を得るが、これは

$$\limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_1\|_Y^{1/m} \leq \limsup_{m\to\infty} \left(\frac{1}{\alpha}\right)^{1/m} \limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_2\|_Y^{1/m}$$

$$\limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_2\|_Y^{1/m} \leq \limsup_{m\to\infty} \beta^{1/m} \limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_1\|_Y^{1/m}$$

を意味している。したがって、

$$\limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_1\|_Y^{1/m} = \limsup_{m\to\infty} \|(K_Y)^m i_2\|_Y^{1/m}$$

ということがわかる。一般の場合、(4.3) からわかるように、初期データ $i_0 = g$ は時刻ゼロで与えられた初期人口分布から発生する新生児密度である。人口が一様に原始的 (uniformly primitive) な時間発展過程で推進されていれば、二つの初期データから出発した人口分布は、時間が十分経過した後にはお互いに比較可能になっている ([16], [20])。分布が比較可能になった時点にあらためて時間原点をとりなおせば、上述の議論が適用できる。それゆえ、実は比較可能な初期条件のもとで得られた結論は一般の初期データに関しても成り立つことになる。すなわち、 (4.8) で与えられる R_0 は初期データに無関係に決まる。

つぎに新たな定義による R_0 と世代推進作用素のスペクトル半径の関係をみよう。

$$\|i_m\|_Y \leq \|K_Y^m\|_{\mathcal{L}(Y)}\|i_0\|_Y$$

から、以下を得る：

$$\limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \leq \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|K_Y^m\|_{\mathcal{L}(Y)}} \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_0\|_Y} = r(K_Y)$$

それゆえ、

$$R_0 = \limsup_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \le r(K_Y) \tag{4.9}$$

である。

上記の不等号において、等号が成り立つための一般的条件は未だ不明であり、それゆえ「世代推進作用素のスペクトル半径が R_0 を与える」とは主張できない。また一般に (4.8) において"lim sup"が"lim"によって置き換えられるかどうかも不明であるから、世代解釈が完全とはいえない。

しかしながら、少なくとも定常環境と周期的環境においては、我々の定義はこれまでの定義の拡張になっていて、世代推進作用素のスペクトル半径 $r(K_Y)$ は従来の次世代作用素のスペクトル半径として与えられる R_0 に等しいことがわかる。それゆえ、世代解釈も完全に成り立つ：

定理 4.4 純再生産作用素 Ψ が時間に依存しないのであれば、以下が成り立つ：

$$r(K_Y) = r(K_E) = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \tag{4.10}$$

（証明）(2.18) と (4.9) から、$r(K_E) \le r(K_Y)$ がわかる。従って $r(K_E) \ge r(K_Y)$ を示せばよい。$f \in Y_+$ に対して、以下が成り立つ：

$$\begin{aligned}
\|K_Y f\|_Y &= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\infty dt \int_0^t \Psi(s) f(t-s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\infty ds \int_s^\infty \Psi(s) f(t-s) dt = \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\infty \Psi(s) ds \int_0^\infty f(t) dt \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta K_E T f = \|K_E T f\|_E
\end{aligned}$$

さらに、もし $f \in Y_+$ に関して $\|K_Y^n f\|_Y = \|K_E^n T f\|_E$ であれば、

$$\|K_Y^{n+1} f\|_Y = \|K_Y^n (K_Y f)\|_Y = \|K_E^n T K_Y f\|_E = \|K_E^n K_E T f\|_E = \|K_E^{n+1} T f\|_E$$

となる。ここで (2.15) を用いている。したがって数学的帰納法から、

$$\|K_Y^n f\|_Y = \|K_E^n T f\|_E, \quad n = 1, 2, \ldots$$

であることがわかる。それゆえ、任意の $f \in Y$ に対して、

$$\|K_Y^n f\|_Y \le \|K_Y^n f_+\|_Y + \|K_Y^n f_-\|_Y = \|K_E^n T f_+\|_E + \|K_E^n T f_-\|_E \tag{4.11}$$

を得る。ここで、

$$\|K_E^n T f\|_E = \|K_E^n T f_+\|_E + \|K_E^n T f_-\|_E \tag{4.12}$$

である。というのも $f, g \in E_+$ であれば、$Tf = Tf_+ + Tf_-$ でありかつ $\|K_E^n (f+g)\|_E = \|K_E^n f\|_E + \|K_E^n g\|_E$ であるからである。(4.11) と (4.12) から、

$$\|K_Y^n f\|_Y \le \|K_E^n T f\|_E$$

(2.14) を用いれば、$f \neq 0$ に対して、

$$\frac{\|K_Y^n f\|_Y}{\|f\|_Y} \le \frac{\|K_E^n T f\|_E}{\|T f\|_E}$$

を得る。$Tf \neq 0$ if $f \neq 0$ に注意すれば、

$$\|K_Y^n\|_{\mathcal{L}(Y)} = \sup_{f \in Y \setminus \{0\}} \frac{\|K_Y^n f\|_Y}{\|f\|_Y} \le \sup_{f \in Y \setminus \{0\}} \frac{\|K_E^n Tf\|_E}{\|Tf\|_E}$$
$$\le \sup_{\phi \in E \setminus \{0\}} \frac{\|K_E^n \phi\|_E}{\|\phi\|_E} = \|K_E^n\|_{\mathcal{L}(E)}$$

これは以下が成り立つことを示している：

$$r(K_Y) = \lim_{n \to \infty} \sqrt[n]{\|K_Y^n\|_{\mathcal{L}(Y)}} \le \lim_{n \to \infty} \sqrt[n]{\|K_E^n\|_{\mathcal{L}(E)}} = r(K_E)$$

（証明終）

定理 4.5 純再生産作用素 Ψ が時間に関して θ-周期的であれば、以下が成り立つ：

$$r(K_Y) = r(K_\theta) = \lim_{m \to \infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \tag{4.13}$$

（証明）(3.18) と (4.9) から、$r(K_\theta) \le r(K_Y)$ であるから、$r(K_\theta) \ge r(K_Y)$ を示せば十分である。$f \in Y_+$ に対して、

$$\begin{aligned}
\|K_Y f\|_Y &= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\infty dt \int_0^t \Psi(t,s) f(t-s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\infty dt \int_0^\infty \Psi(t,s) f^*(t-s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \sum_{n=-\infty}^{\infty} \int_{n\theta}^{(n+1)\theta} dt \int_0^\infty \Psi(t,s) f^*(t-s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\theta dx \int_0^\infty \sum_{n=-\infty}^{\infty} \Psi(n\theta + x, s) f^*(n\theta + x - s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\theta dx \int_0^\infty \Psi(x,s) \sum_{n=-\infty}^{\infty} f^*(n\theta + x - s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\theta dx \int_0^\infty \Psi(x,s) (Uf)(x-s) ds \\
&= \int_{\Omega_b} d\zeta \int_0^\theta dx K_\theta U f = \|K_\theta U f\|_{Y_\theta}
\end{aligned}$$

$f \in Y_+$ に対して $\|K_Y^n f\|_Y = \|K_\theta^n U f\|_{Y_\theta}$ となれば、

$$\|K_Y^{n+1} f\|_Y = \|K_Y^n (K_Y f)\|_Y = \|K_\theta^n U K_Y f\|_{Y_\theta} = \|K_\theta^{n+1} U f\|_{Y_\theta}$$

である。ここで (3.9) を用いた。数学的帰納法によって、$f \in Y_+$ に対して以下が成り立つことがわかる：

$$\|K_Y^n f\|_Y = \|K_\theta^n U f\|_{Y_\theta}, \quad n = 1, 2, \ldots$$

それゆえ、任意の $f \in Y$ に対して、以下を得る：

$$\|K_Y^n f\|_Y \le \|K_Y^n f_+\|_Y + \|K_Y^n f_-\|_Y = \|K_\theta^n U f_+\|_{Y_\theta} + \|K_\theta^n U f_-\|_{Y_\theta} \tag{4.14}$$

一方、

$$\|K_\theta^n U f\|_{Y_\theta} = \|K_\theta^n U f_+\|_{Y_\theta} + \|K_\theta^n U f_-\|_{Y_\theta} \tag{4.15}$$

である。というのも $f,g \in E_+$ に対して $Uf = Uf_+ + Uf_-$ であり、$\|K_\theta^n(f+g)\|_{Y_\theta} = \|K_\theta^n f\|_{Y_\theta} + \|K_\theta^n g\|_{Y_\theta}$ であるからである。(4.14) と (4.15) から、

$$\|K_Y^n f\|_Y \le \|K_\theta^n Uf\|_{Y_\theta}$$

を得る。(3.8) を用いれば、 $f \neq 0$ に対して、

$$\frac{\|K_Y^n f\|_Y}{\|f\|_Y} \le \frac{\|K_\theta^n Uf\|_{Y_\theta}}{\|Uf\|_{Y_\theta}}$$

を得る。$f \neq 0$ であれば $Uf \neq 0$ であることに注意しよう。それゆえ、

$$\begin{aligned}\|K_Y^n\|_{\mathcal{L}(Y)} &= \sup_{f \in Y \setminus \{0\}} \frac{\|K_Y^n f\|_Y}{\|f\|_Y} \le \sup_{f \in Y \setminus \{0\}} \frac{\|K_\theta^n Uf\|_{Y_\theta}}{\|Uf\|_{Y_\theta}} \\ &\le \sup_{\phi \in Y_\theta \setminus \{0\}} \frac{\|K_\theta^n \phi\|_{Y_\theta}}{\|\phi\|_{Y_\theta}} = \|K_\theta^n\|_{\mathcal{L}(Y_\theta)}\end{aligned}$$

となる。これは以下が成り立つことを示している：

$$r(K_Y) = \lim_{n \to \infty} \sqrt[n]{\|K_Y^n\|_{\mathcal{L}(Y)}} \le \lim_{n \to \infty} \sqrt[n]{\|K_\theta^n\|_{\mathcal{L}(Y_\theta)}} = r(K_\theta)$$

（証明終）

最後に、我々の定義による R_0 はその普遍性の代償として、世代推進作用素の固有値としては計算できないことに注意しよう：

補題 4.6 世代推進作用素 K_Y はゼロでない固有値をもたない。

（証明）K_Y の固有値 λ に対応する固有関数を $f \in Y$ としよう。このとき以下が成り立つ：

$$\lambda f(t) = \int_0^t \Psi(t,\tau) f(t-\tau) d\tau = \int_0^t \Psi(t, t-s) f(s) ds$$

任意の固定した時間 $t_0 > 0$ に対して、作用素 $\Phi(t,s)$ を、$t > s$ であれば $\Phi(t,s) = \Psi(t, t-s)$, $t < s$ であれば $\Phi(t,s) = 0$ と定義しよう。ただし、$(t,s) \in \Delta := [0,t_0] \times [0,t_0]$ である。 このとき、$t \in [0,t_0]$ に対して、

$$\lambda f(t) = \int_0^t \Phi(t,s) f(s) ds, \quad f \in L^1([0,t_0]; E)$$

であり、これは λ が $L^1(\Delta)$ 上のボルテラ型の積分作用素の固有値であることを示している。ところが、ボルテラ型積分作用素は $L^1(\Delta)$ 上で準べき零であり、零以外の固有値をもたない ([21], pp.153-154)。したがって、$\lambda = 0$ である。（証明終）

5 要約と課題

本研究において、我々は定常環境ないしは周期的な環境における在来の R_0 の定義のキーとなる次世代作用素が、時間に関して集計された新生児状態分布関数に作用することを示し、時間をも状態変数に取り入れた拡張された状態空間上で作用する世代推進作用素による世代の生成過程が、集計作用素によって次世代作用素の

反復過程に還元されることを示した。このような還元によって、定常環境と周期環境における次世代作用素による R_0 の世代解釈が成り立つことが明らかとなった。

さらに世代推進作用素にもとづいて、一般的な変動環境における R_0 の定義を導入した。新たな定義における R_0 は、無限級数（世代サイズの和）の収束半径として計算されるが、世代推進作用素のスペクトル半径として得られるかどうかは一般にはわかっていない。しかしながら、定常環境と周期的環境においては、新たな定義による R_0 は世代推進作用素のスペクトル半径として得られ、このとき世代解釈が完全に成り立つ。すなわち、

$$R_0 = r(K_Y) = \lim_{m\to\infty} \sqrt[m]{\|i_m\|_Y} \tag{5.1}$$

である。またこのとき、世代推進作用素のスペクトル半径 $r(K_Y)$ は次世代作用素のスペクトル半径に一致する。この意味で、我々の新たな定義は、これまでの次世代作用素による定常環境と周期的環境における R_0 の定義の拡張になっている。

(5.1) が成り立つようなより一般的な変動環境のクラスを見いだすことは今後の課題である。また上で述べたように、一般の変動環境においては $R_0 > 1$ は必ずしも人口増加を意味しない。定常環境と周期的環境においては、人口の長期的平均的成長率（内的成長率）が存在したが、そのような人口増加の閾値を与える内的成長率が存在するような、一般的な環境変動の条件を決定することも重要な課題である。

参考文献

[1] N. Bacaër and S. Guernaoui, The epidemic threshold of vector-borne diseases with seasonality, *J. Math. Biol.* 53, 421-436 (2006).

[2] N. Bacaër and R. Ouifki, Growth rate and basic reproduction number for population models with a simple periodic factor, *Math. Biosci.* 210, 647-658 (2007a).

[3] N. Bacaër, Approximation of the basic reproduction number R_0 for vector-borne diseases with a periodic vector population, *Bull. Math. Biol.* 69, 1067-1091 (2007b).

[4] N. Bacaër and X. Abdurahman, Resonance of the epidemic threshold in a periodic environment, *J. Math. Biol.* 57, 649-673 (2008).

[5] N. Bacaër and E. H. Ait Dads, Genealogy with seasonality, the basic reproduction number, and the influenza pandemic, *J. Math. Biol.*, Online First, 6 July (2010a).

[6] N. Bacaër and E. H. Ait Dads, On the biological interpretation of a definition for the parameter R_0 in periodic population models, submitted (2010b).

[7] C. Chicone and Y. Latushkin (1999), *Evolution Semigroups in Dynamical Systems and Differential Equations*, Mathematical Surveys and Monographs Vol. 70, American Mathematical Society, Providence.

[8] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeak and J. A. J. Metz, On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *J. Math. Biol.* 28, 365-382 (1990) .

[9] O. Diekmann and J.A.P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, Chichester (2000).

[10] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts, The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models, *J. Roy. Soc. Interface* 6, vol. 7, no. 47: 873-885 (2010).

[11] L. I. Dublin and A. J. Lotka, On the true rate of natural increase, *J. Amer. Stat. Ass.* New Series, No. 150 (Vol. 20), 305-339 (1925).

[12] J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts, Threshold quantities for helminth infections, *J. Math. Biol.* 33, 415-434 (1995a).

[13] J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts, Threshold quantities for infectious diseases in periodic environments, *J. Biol. Sys.* 3(3), 779-787 (1995b).

[14] J. A. Heesterbeek, A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheor.* 50, 189-204 (2002).

[15] H. J. A. M. Heijmans, The dynamical behaviour of the age-size-distribution of a cell population, In *The Dynamics of Physiologically Structured Populations*, J. A. J. Metz and O. Diekmann (eds.), Lect. Notes Biomath. 68, Springer-Verlag, Berlin: 185-202 (1986).

[16] H. Inaba (1989), Weak ergodicity of population evolution processes, *Math. Biosci.* 96: 195-219.

[17] H. Inaba (1990), Threshold and stability results for an age-structured epidemic model, *J. Math. Biol.* 28: 411-434.

[18] H. Inaba and H. Nishiura (2008a), The basic reproduction number of an infectious disease in a stable population: The impact of population growth rate on the eradication threshold, *Mathematical Modelling of Natural Phenomena,* Vol. 3, No. 7: 194-228.

[19] H. Inaba and H. Nishiura (2008b), The state-reproduction number for a multistate class age structured epidemic system and its application to the asymptomatic transmission model, *Math. Biosci.* 216: 77-89

[20] H. Inaba (2010), The basic reproduction number for infectious diseases in periodic environments, submitted.

[21] T. Kato (1984), *Perturbation Theory for Linear Operators*, Springer-Verlag, Berlin.

[22] A. J. Lotka (1928), The progeny of a population element, *American Journal of Hygiene* 8: 875-901.

[23] A. J. Lotka (1929), The spread of generations, *Human Biology* 1(3): 305-320.

[24] A. J. Lotka, *Analytical Theory of Biological Populations*, The Plenum Series on Demographic Methods and Population Analysis, Plenum Press, New York and London (1998). [English translation from the French original edition *Théorie Analytique des Associations Biologiques. Deuxième Partie: Analyse Démographique avec Application Particulière è l'Espèce Humaine.* (Actualités Scientifiques et Industrielles, No. 780), Hermann et Cie, Paris (1939).]

[25] I. Marek, Iterations of linear bounded operators in non self-adjoint eigenvalue problems and Kellogg's iteration process, *Czech. Math. J.* 12: 536-554 (1962).

[26] I. Marek, Frobenius theory of positive operators: Comparison theorems and applications, *SIAM J. Appl. Math.* 19, 607-628 (1970).

[27] P. Michel, S. Mischler and B. Perthame (2005), General relative entropy inequality: an illustration on growth models, *J. Math. Pures Appl.* 84: 1235-1260.

[28] H. Nishiura, K. Dietz and M. Eichner, The earliest notes on the reproduction number in relation to herd immunity: Theophil Lotz and smallpox vaccination, *J. Theor. Biol.* 241, 964-967 (2006).

[29] H. Nishiura and H. Inaba, Discussion: Emergence of the concept of the basic reproduction number from mathematical demography, *J. Theor. Biol.* 244, 357-364 (2007).

[30] I. Sawashima, On spectral properties of some positive operators, *Nat. Sci. Report Ochanomizu Univ.* 15, 53-64 (1964).

[31] H. H. Schaefer and M. P. Wolff, *Topological Vector Spaces* 2nd Edition, Springer, New York (1999).

[32] H. R. Thieme (1984), Renewal theorems for linear periodic Volterra integral equations, *J. Inte. Equ.* 7: 253-277.

[33] H. R. Thieme, Spectral bound and reproduction number for infinite-dimensional population structure and time heterogeneity, *SIAM J. Appl. Math.* 70(1), 188-211 (2009).

[34] W. Wang and X. Q. Zhao, Threshold dynamics for compartmental epidemic models in periodic environments, *J. Dyn. Diff. Equat.* 20, 699-717 (2008).

結婚・出生の数理モデル

4　対数ガンマ分布（コール・マクニール分布）の多段階モデルの性質を利用した結婚・出生に関する行動モデルの開発

Multistage Models of Marriage and Birth: An Extension of the Coale-McNeil Nuptiality Model

金子　隆一
三田　房美

要　約

コール・マックニール結婚モデル（CM モデル）は、初婚や出生順位別出生の年齢別スケジュールを与える以外に、多段階より構成される行動のモデルとなっている。この性質を利用することにより、帰結としての初婚・出生年齢分布からその前事象の年齢分布や前事象経験者数を推定することができ、こうした行動的解釈によりモデルの予測性が向上する可能性があることから、CM モデルの多段階モデルとしての形式を開発し、パラメター推定の統計的手続きを整備した。具体的には対数ガンマ分布を多段階行動モデルとして再定義し、わが国の実地調査データ、人口動態統計データに当てはめた結果、第２子年齢別出生率から第１子年齢別出生率を一定の確度での推定が可能であることが示された。これを応用するとたとえば、第１子年齢別出生率から年齢別婚姻率や第１子出生のリスク人口の推定などに応用され、同棲・事実婚などによる配偶関係統計のかく乱や婚前妊娠・婚外子など出生との関係のかく乱が有る状況下での行動分析、将来推計に用いることができる。また、こうした行動モデルの開発は、少子化をもたらしている要因の解明にも必須であり、有効である。

Multistage Models of Marriage and Birth: An Extension of the Coale-McNeil Nuptiality Model[1]

Ryuichi Kaneko[2] Fu sami Mita[3]

Abstract

In this study, I first focus on the potential profile of the Coale-McNeil nuptiality model (CM model) as a multistage model of vital events such as the first marriage and birth separated by birth order. The convolution structure of the CM model can be regarded as an expression of a multistage process consisting of attainment of marriageable age, and several waiting time to the goal. This interpretable nature of the CM model is carefully examined here and the corresponding equivalent convolution model is presented. The critical problem is that the assumption of the model over independence between the sub-processes is not satisfied in the reality according to my survey results. Hence I proposed new model by introducing liner relationships among parameters so that realistic associations of the sub-processes be reproduced. It is applicable to describe latent processes such as age at becoming marriageable and marriage market population, for instance.

Introduction

The marriage model developed by Coale and McNeil (1972) provides an elegant example of a multistage model that might be applied to a wide range of events. Their model is a limiting probability distribution of the convolution of infinite numbers of related exponential distributions, and can be regarded as the convolution of a uni-modal distribution of its own form and some number of exponential distributions. Therefore it provides a general mathematical model applicable to multistage processes, by which I mean a process that consists of multiple processes whose completion is required for the target event to occur[4]. Unfortunately, this aspect of the CM model has drawn only limited attention in contrast to its popularity as a standard schedule of first marriage. In this paper, I focus on this profile of the CM model, and examine its potential ability as a behavioral multistage model of the first marriage process.

---

[1] This is an early version of the study report, or an extended abstract of the paper to be presented to The Annual Meeting of the Population Association of America (Dallas, TX, April 15-17, 2010).
[2] National Institute of Population and Social Security Research, Japan. e-male: r-kaneko@ipss.go.jp
[3] National Institute of Population and Social Security Research, Japan. e-male: f-mita@ipss.go.jp
[4] The multistage model in this context is a special case of the multistate model in which return transitions to previous states are prohibited.

Multistage Framework of First Marriage Process

Coale and McNeil viewed first marriage as a multistage process in which entry into marriageable state, meeting of the eventual spouse, and engagement are required to take place prior to the marriage[5] (Coale and McNeil 1972). They proposed convolution models to formalize this view of the process. Their model for the first marriage schedule is viewed here as a behavioral model of the process as well, since it is composed of a convolution of multiple distributions which can individually be interpreted behaviorally. Coale and McNeil also proposed a model consisting of a convolution of a normal and some exponential distributions solely for extracting a behavioral explanation. Before examining these models, I first formulate a framework in which to study the multistage aspect of the first marriage process.

Let the following random variables be components of the first marriage process;

Z: age at first marriage
X_0: age at entry into marriage market (age at becoming marriageable)
X_1: age at first encounter with eventual spouse
X_2: age at engagement
T_1: waiting time from entry into marriage market to encounter
T_2: waiting time from encounter to engagement
T_3: engagement period

Then the following relationships hold among these variables in a first marriage process:

$$\begin{aligned} Z &= X_0 + T_1 + T_2 + T_3 \\ &= X_1 + T_2 + T_3 \\ &= X_2 + T_3 \end{aligned} \tag{1}$$

According to this formulation, the process starts with entry into marriage market and goes through three waiting periods by the time of marriage. Thus the age at first marriage is defined as the end point of the process. The second and third lines of the equation indicate that the beginning of the process may be age at first encounter with spouse, or age at engagement.

Entry into the marriage market is merely a time point at which a person becomes eligible to marry. Physical maturity, arrival at the legal age for marriage, satisfaction of social and economic requirements such as completion

[5] They acknowledged Griffith Feeney for initial inspiration of this view.

of school or entering employment, and psychological readiness for marriage are all considered as necessary conditions of the entry. Since the specific events that cause a person to enter the marriage market vary widely from person to person and may well be largely psychological, this notion may be best viewed as an abstraction to assist in description of the model.

According to Coale and McNeil (1972), X_1 should be the time of "meeting or stating to keep frequent company with or beginning to date the eventual" spouse. However, I employ "meeting with eventual spouses" as the event for X_1 due to ease of observation[6].

In order to develop a specific demographic model out of this basic framework, I should identify probability distributions for each variable and the relationships among them. The first attempt to assemble a multistage model should be conducted via the convolution of distributions that are allocated to sub-processes.

The convolution provides the distribution of the sum of two random variables, assuming they are mutually independent. Let X and T denote two independent random variables, which have PDFs, $f(x)$ and $h(t)$ respectively. Then the PDF of $Z=X+T$, $g(z)$ is given by[7]:

$$g(z)=\int_{-\infty}^{\infty} f(x)h(z-x)dx. \tag{2}$$

For instance, suppose that X is age at entry into marriage market and T is waiting time until marriage, at which point age is Z. Then distribution of age at marriage is given by $g(z)$.

Some convolutions of standard distributions are well known. For instance, the convolution of two normal distributions is another normal distribution with sum of the original means as the new mean, and sum of the original variances as the new variance. The convolution of multiple identical exponential distributions is a gamma distribution with two parameters, one of which is the number of exponentials, and the other is the parameter of the exponential distributions. I should note that the independence of the random variables is required when applying convolution.

The framework described here is applicable to many compound events. Birth is one example in which several events are required to take place prior to the event, such as marriage or union formation, onset or resumption of

---

[6] A drawback of this specification is that meetings in childhood in such a case as marriage between neighbors are included. Those meetings occur much earlier than entry into the marriageable state. But according to our survey described later, such meetings are exceptional in present-day Japan (1.5% in '97 survey). Further, it is possible to eliminate them based on information regarding the type of meeting.

[7] If $T>0$ holds, then the upper boundary of the integral should be z instead of plus infinity. This is the case when T stands for waiting time.

ovulation, copulation, and conception. Some authors have employed multistage framework with convolution models to analyze birth interval (D' Souza 1974, Zhu 1994, and Liang 2000).

The Coale-McNeil Distribution as a Convolution Model

Coale and McNeil (1972) proposed two different types of convolution models for the first marriage process; (1) a distribution that is a limiting distribution from the convolution of infinite numbers of related exponentials with means in a harmonic sequence, and (2) a distribution given by the convolution of the normal distribution and several exponential distributions. First I examine the form and properties of model (1) here. Model (2) is discussed in the following section.

In terms of probability density function (PDF), the model (1) is given by;

$$g(x)=\frac{\beta}{\Gamma(\alpha/\beta)}\exp\left[-\alpha\left(x-\mu\right)-\exp\left\{-\beta\left(x-\mu\right)\right\}\right]$$

where Γ denotes the gamma function[8], $\alpha(>0)$, $\beta(>0)$, and $\mu(-\infty<\mu<\infty)$ are three parameters (Coale and McNeil 1972). More precisely this was derived as the PDF of a random variable X such that

$$X=\left(\mu-\frac{\psi(\alpha/\beta)}{\beta}\right)+\sum_{j=1}^{\infty}\left(T_j-\frac{1}{\alpha+(j-1)\beta}\right)$$

where ψ denotes the digamma function, and T_j is a random variable that follows the exponential distribution with mean $1/\{\alpha+(j-1)\beta\}$ (Coale and McNeil, 1972).

Since model (1) given above is made up of infinite numbers of related exponential distributions, it can be viewed as a convolution of itself and some number of exponential distributions. According to equation of X above, the exponential distribution with the largest mean (smallest hazard) in the CM distribution has the parameter (hazard) α. Elimination of this distribution from the CM distribution makes another CM distribution with α substituted by $\alpha+\beta$. In general removal of the exponential distributions with the m-th largest means makes another CM distribution with α substituted by $\alpha+m\beta$. Specifically, letting $h_T(t;m)$ denote the PDF of the convolution of the exponential distributions with the m-th largest means and $g_X(x;m)$ be the

[8] The gamma function is here defined as:

$$\Gamma(y)=\int_0^{\infty}u^{y-1}e^{-u}du.$$

PDF of the CM distribution resulting from removal of $h_T(x;m)$, those PDFs are given by:

$$g_X(x;m)=\frac{\beta}{\Gamma(\alpha/\beta+m)}\exp\left[-(\alpha+m\beta)(x-\mu)-\exp\{-\beta(x-\mu)\}\right] \tag{3}$$

$$h_T(t;m)=\frac{\beta\Gamma(\alpha/\beta+m)}{\Gamma(\alpha/\beta)(m-1)!}\{1-\exp(-\beta t)\}^{m-1}\exp(-\alpha t) \tag{4}$$

where α, β, and μ are three parameters of the CM distribution (Coale and McNeil, 1972).

Here $g_X(x;m)$ represents a distribution of age at entering a stage from which the process starts, and $h_T(t;m)$ is the distribution of the waiting time that is composed of m exponentially distributed waiting times. The mean and variance of the distribution $g_X(x;m)$ are respectively $\mu-\frac{1}{\beta}\psi\left(\frac{\alpha}{\beta}+m\right)$, and $\frac{1}{\beta^2}\psi'\left(\frac{\alpha}{\beta}+m\right)$.

Those of the distribution $h_T(x;m)$ are respectively $\sum_{j=1}^{m}\{\alpha+(m-1)\beta\}^{-1}$, and $\sum_{j=1}^{m}\{\alpha+(m-1)\beta\}^{-2}$.

As mentioned above, the exponential distribution with the largest mean convolved in distribution $h_T(t;m)$ has the parameter α. This is supposedly a distribution of the duration from entry into the marriage market to the meeting of the future husband. The exponential distributions of the second and third largest mean have the parameters, $\alpha+\beta$, and $\alpha+2\beta$. These are supposed to be distributions of the durations of dating and engagement. According to the parameter values of the CM standard age distribution of first marriage, which are derived from experiences of Swedish female cohorts, the mean duration from entry into marriage market to meeting of future husband is estimated as $(1/0.174)$ or 5.75 years. Similarly means of the second and third waiting durations are 2.16 years $(1/(0.174+0.2881))$ and 1.33 years $(1/(0.174+2\times 0.2881))$ respectively (Coale and McNeil 1972).

As shown above, estimated parameter values for the CM distribution provides interesting behavioral measures as well. These interpretable features of the CM distribution are another advantage of the model in addition to its descriptive function.

Since the CM distribution is an alternative form of the generalized log-gamma distribution (GLG distribution) as identified by Kaneko(2003), the convolution formulations (5) and (6) are expressed in terms of the latter distribution. Namely:

$$g_X(x;m) = \frac{|\lambda|}{b\Gamma(\lambda^{-2}+m)}(\lambda^{-2})^{\lambda^{-2}+m}\exp\left[\left(\lambda^{-2}+m\right)\lambda\left(\frac{x-u}{b}\right)-\lambda^{-2}\exp\left\{\lambda\left(\frac{x-u}{b}\right)\right\}\right] \tag{5}$$

$$h_T(t;m) = \frac{|\lambda|\Gamma(\lambda^{-2}+m)}{b\Gamma(\lambda^{-2})(m-1)!}\left\{1-\exp\left(\frac{\lambda t}{b}\right)\right\}^{m-1}\exp\left(\frac{t}{b\lambda}\right) \tag{6}$$

where $\lambda\ (-\infty<\lambda<\infty, \neq 0), u\ (-\infty<u<\infty), b\ (>0)$ are three parameters, and Γ denotes the gamma function.

Some Other Convolution Models for First Marriage Process

Coale and McNeil also suggested a second type of convolution model for the first marriage process. In the course of deriving the first marriage model of the first type, they realized that repeatedly removing the exponential distribution from the CM distribution produced residual distributions that increasingly resemble the normal distribution. As a matter of fact, with random variable Z that follows the CM distribution, and T_j that follows the exponential distribution with mean $1/\{\alpha+(j-1)\beta\}$, they proved that $\sqrt{m}\left\{Z-\sum_{j=1}^{m}T_j-\left(a-\sum_{j=1}^{m}\frac{1}{\alpha+(j-1)\beta}\right)\right\}$ has a limiting distribution as $m\to\infty$ which is the normal distribution with mean zero and variance $1/\beta^2$ (Coale and McNeil 1972).

This implies that the CM distribution can be approximated by convolution of the normal distribution and some of the exponential distributions. After examining the cumulants of the distributions, they concluded that when m=3 the convolution is sufficiently close to their standard model derived from Swedish experience.

They did not derive any mathematical form of the convolution with a PDF or CDF in closed form. However, this formulation has certain technical advantages because of the abundance of techniques for working with the normal distribution. The basic formula for the convolution of the normal distribution and some distribution of non-negative waiting time with PDF $w(t)$ is given by:

$$g(z) = \int_{-\infty}^{z}\frac{1}{\sigma_e}\phi\left(\frac{t-\mu_e}{\sigma_e}\right)w(z-t)dt \tag{7}$$

where $\phi(x)$ is PDF of the standard normal distribution.

In the following, $N(\mu,\sigma)$ denotes the normal distribution with mean μ and standard deviation σ, and $E(\gamma)$ denotes the exponential distribution with mean $1/\gamma$. $A \oplus B$ stands for convolution of distributions, A and B. $\phi(x)$, $\Phi(x)$ are respectively the PDF and CDF of the standard normal distribution.

The convolution of the normal and one exponential distribution $N(\mu_e,\sigma_e) \oplus E(\gamma)$ is formulated by D'Souza (1974). Its PDF and CDF are given by:

$$g(z) = \gamma h(z) \tag{8}$$

$$G(z) = \Phi(\frac{z-\mu_e}{\sigma_e}) - h(z) \tag{9}$$

where $h(z) = \exp\left\{-\gamma(z-\mu_e) + \frac{1}{2}\sigma_e^2\gamma^2\right\}\Phi(z^*)$, in which $z^* = \{z-(\mu_e+\sigma_e^2\gamma)\}/\sigma_e$.

Supposing that the normal distribution controls age at entry into marriage market, and the exponential distribution controls waiting time to marriage, I can derive the proportion who are in the marriage market at age *x*, $P_E(x)$, and the hazard rate of marrying for those in the market, $r_E(x)$, as:

$$P_E(x) = h(x)$$
$$r_E(x) = \gamma$$

Following the similar procedure, I formulate the convolution of the normal and two different exponential distributions (, $\gamma_1 \neq \gamma_2$). Its PDF and CDF are given by: given by:

$$g(z) = \frac{\gamma_1\gamma_2}{\gamma_2-\gamma_1}\{h_1(z)-h_2(z)\} \tag{10}$$

$$G(z) = \Phi(\frac{z-\mu_e}{\sigma_e}) - \frac{\gamma_1\gamma_2}{\gamma_2-\gamma_1}\left\{\frac{1}{\gamma_1}h_1(z) - \frac{1}{\gamma_2}h_2(z)\right\} \tag{11}$$

where $h_i(z) = \exp\left\{-\gamma_i(z-\mu_e) + \frac{1}{2}\sigma_e^2\gamma_i^2\right\}\Phi(z_i^*)$, in which $z_i^* = \{z-(\mu_e+\sigma_e^2\gamma_i)\}/\sigma_e$, $i=1,2$.

The proportion who is in the marriage market at age *x*, and the hazard rate of marrying for those in the market are given by: