

and Kishino (1989), Kishino and Hasegawa (1989)), この解析から従来の説が棄却できるほどに強力な証拠ではない。

### 参 考 文 献

- Dayhoff, M.O. et al. (1978). A model of evolutionary change in proteins, *Atlas of Protein Sequence and Structure*, Vol. 5, Suppl. 3 (ed. M.O. Dayhoff), 345-352, National Biomedical Research Foundation, Washington, D.C.
- Felsenstein, J. (1981). Evolutionary trees from DNA sequences: A maximum likelihood approach, *J. mol. Evol.*, **17**, 368-376.
- Hasegawa, M. and Kishino, H. (1989). Confidence limits on the maximum-likelihood estimate of the hominoid tree from mitochondrial-DNA sequences, *Evolution*, **43**, 672-677.
- Hasegawa, M. and Yano, T. (1984). Maximum likelihood method of phylogenetic inference from DNA sequence data, *Bull. Biomet. Soc. Japan*, **5**, 1-7.
- Kishino, H. and Hasegawa, M. (1989). Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea, *J. mol. Evol.*, **29**, 170-179.

## 時系列解析統合ソフトウェアの研究

北 川 源四郎

状態空間モデルの利用によって多くの時系列モデルを統一的に取り扱うことができる。とくに線形ガウス型の状態空間モデルに対しては、カルマンフィルターの利用によりモデルの尤度計算、状態推定などが容易に実現できることから、時系列解析のための統一的なソフトウェアの開発が可能となる。

線形ガウス型モデルの利用によって、定常モデルの最尤推定、長期予測、欠測値の補間、非定常時系列の季節調整、時変スペクトルの推定、信号抽出などが可能となる。

数値計算により実現される非線形非ガウス型状態空間モデルの状態推定の平滑化公式を利用すれば、構造変化、パラメータのジャンプや異常値の検出、非ガウス型季節調整、ピリオドグラムの平滑化、離散系列の平滑化、非線形システムの解析などが可能となる。

非ガウス型状態空間モデルの平滑化に対しては、二方向のフィルタリングにもとづく次の公式が得られた。

$$p(x_n | Y_N) \propto p(x_n | Y_n) p(Y^{n+1} | x_n)$$

ただし、 $Y_n \equiv \{y_1, \dots, y_n\}$ ,  $Y^{n+1} \equiv \{y_{n+1}, \dots, y_N\}$  で、右辺第 2 項の長期予測尤度は逆方向のフィルタリング

$$\begin{aligned} p(Y^N | x_N) &= p(y_N | x_N) \\ p(Y^{n+1} | x_n) &= \int p(x_{n+1} | x_n) p(Y^{n+1} | x_{n+1}) dx_{n+1} \\ p(Y^n | x_n) &= p(y_n | x_n) p(Y^{n+1} | x_n) \end{aligned}$$

により計算できる。この公式は割り算を含まないことから、従来の公式より安定で、ガウス和近似への利用も考えられる。さらに、この公式から、平滑化のためには  $p(x_n | Y_n)$  から  $x_{n+1}$  の事前分布  $p(x_{n+1} | Y_n)$  を定める手続きさえ定めればよいことがわかる。この新しいモデル構成法を用いれば、数値的平滑化法において最も計算量を要するコンボリューションの計算をさけることができる。