

なると思われる。

意識の国際比較方法論 (III)

鈴木 達三

日本調査：1953年以来5年毎に実施した「日本人の国民性調査」の継続質問項目に、1978年実施の日本・アメリカ比較調査の項目、1983年実施の日本・アメリカ・フランス比較調査の項目および1987年実施のヨーロッパ調査(仏・西独・英)の共通項目を加え調査項目とした。調査項目(約80項目)のうち、26項目は国際比較調査の質問文翻訳における問題を検討するために従来から使用している原日本語質問文と、各国(英・西独・仏・米)で使用した質問文から再翻訳した質問文のA, B二本立ての調査票を作成し、スプリット方式で調査した。調査は1988年10月に実施した。計画サンプル数は4500(A調査: 3096, B調査: 1404)、調査完了数は3282(A: 2265, B: 1017)であった。また日米比較の項目について1989年2月に検討調査(計画サンプル数2000, 調査完了数1537)を実施した。現在、調査データおよび資料を整理し共通ファイル作成中である。

アメリカ調査：これまでの調査経験から、連鎖的調査方法を効果的に適用できるとともに、この連鎖的調査方法の安定性および拡大を図るため、アメリカ本土における調査を実施した。調査項目は日本調査およびヨーロッパ調査と共通に設定した。質問文の適否等について1988年9月にプリテストを実施し、二、三の項目についてはアメリカの実情に則した変更を行ない10月3日~31日に本調査を実施した。調査サンプル数は1566(これは前回のアメリカ調査と同じ規模である)。

ハワイ調査：1972年、1978年および1983年の調査実施により連鎖的調査方法の基礎が開発され、その有効性が確かめられてきた。1988年には継続調査項目による連鎖的調査方法の安定性の確認および共通項目を利用した効果的な適用(質問項目の組合せ)方法を考え、調査項目を選定した。調査はハワイ州ホノルル市域(21選挙区から39選挙区まで)における1988年の選挙人登録簿より無作為抽出した標本に対し1988年6月~9月(一部1989年2月まで)に実施した。調査完了数は509(うち、不良票7)で、移転、死亡を除いた実質回収率は約60%であった。現在調査データおよび資料を整理中である。

1987年実施のヨーロッパ調査の調査資料整備を行ない、1988年実施の日本・アメリカ両調査およびハワイ調査の結果を含めた共通ファイルの構成について検討を進めた。予備的な共通ファイルを作成し、全体的な比較分析計画を検討中である。1983年実施の日本・アメリカ・フランス比較調査の項目を利用した5カ国の比較検討から、各調査結果は安定していることが確認された。

予測制御研究系

分子系統樹の推定

長谷川 政 美

蛋白質のアミノ酸配列データから分子系統樹を推定するための最尤法にもとづく方法を開発した(Kishino, Miyata and Hasegawa (投稿準備中))。これはDNA塩基配列データを解析するためにFelsensteinによって開発された方法に近いものであり、進化速度が系統ごとに異なる場合でも真の系統樹のよい推定を与えることができる(Felsenstein (1981), Hasegawa and Yano (1984))。マルコフモデルにおけるアミノ酸置換確率行列としては、Dayhoff et al. (1978)による経験的な行列を用いる。この方法をミオグロビンのアミノ酸配列データに適用し、哺乳類、鳥類、ワニ類の間の系統関係を推定した。一般にはこの三者のうちでは鳥類とワニ類が近いとされているが、われわれの解析では哺乳類と鳥類が近いというモデルが選ばれた。ただし、モデル間の対数尤度の差の分散まで考慮すると(Hasegawa

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。