

統計モデルとブートストラップ確率

(客員) 東京大学教養学部 岸野 洋久

いくつかの統計モデルが設定されたとき、どのモデルがデータに最もよく適合しているかを調べるモデル選択に加えて、実際にはそのモデルがどの程度他に比して勝っているか評価することが重要となることが多い。対比較による仮説検定から最終的な結論を導き出すのは、しばしば困難を来す。分子系統学において Felsenstein (1985) が、ブートストラップによりリサンプリングされたデータの中でそれぞれのモデルを支持する割合を算出し、これに基づいてモデルの信頼性を評価することを提示した。現在これは特にこの分野の解析では欠かせないアプローチとして普及している。

最近になって、この統計モデルの比較評価法の統計的特性がようやく調べられ始めた。Hillis and Bull (1993) はシミュレーションを通じて、選択されたモデルのブートストラップ確率が真のモデルを当てる確率を反映していないことなどを示し、これに基づく信頼性の評価法自体に疑問を投げかけた。これに対して、Zharkikh and Li (1992), Felsenstein and Kishino (1993) は簡単な例によりこうした現象を解析的に調べるとともに、ブートストラップ確率を第二種の過誤の安全サイドの評価として使うか、あるいはこれに基づいてモデルを集めた信頼集合を構成することを提案した。ブートストラップ確率の解釈、或いはすっきりした信頼集合の構成などが今後の課題として残された。

参考文献

- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap, *Evolution*, **39**, 783-791.
- Felsenstein, J. and Kishino, H. (1993). Is there something wrong with the bootstrap on phylogenies? A reply to Hillis and Bull, *Systematic Biology* (in press).
- Hillis, D.M. and Bull, J.J. (1993). An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis, *Systematic Biology* (in press).
- Zharkikh, A. and Li, W.H. (1992). Statistical properties of bootstrap estimation of phylogenetic variability from nucleotide sequences, I: four taxa with a molecular clock, *Molecular Biology and Evolution*, **9**, 1119-1147.

領域統計研究系

平滑化法における推定量の性能

柳本 武美

1. 序

回帰モデル

$$y_i = g(i/n) + \varepsilon_i, \quad \varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$$

において $\mu = (\mu_1, \dots, \mu_u)' = (g(1/n), \dots, g(1))$ と σ^2 を推定する問題を考える。ここでは関数 $g(\cdot)$ として母数モデルを仮定しないで、 $g(\cdot)$ が滑らかに変化するという仮定をおく。この問題は平滑化法あるいはノンパラメトリック回帰として理解され、多くの手法が提示されているが、それらの性能の比較研究は十分でない。