

# 隠れマルコフモデルによる予測モデルの構築

稲葉 洋介/株式会社新日本科学

宮岡 悦良/東京理科大学

## Constructing prediction model by Hidden Markov Model

Yosuke Inaba / Shin Nippon Biomedical  
Laboratories

Etuo Miyaoka / Tokyo university of science

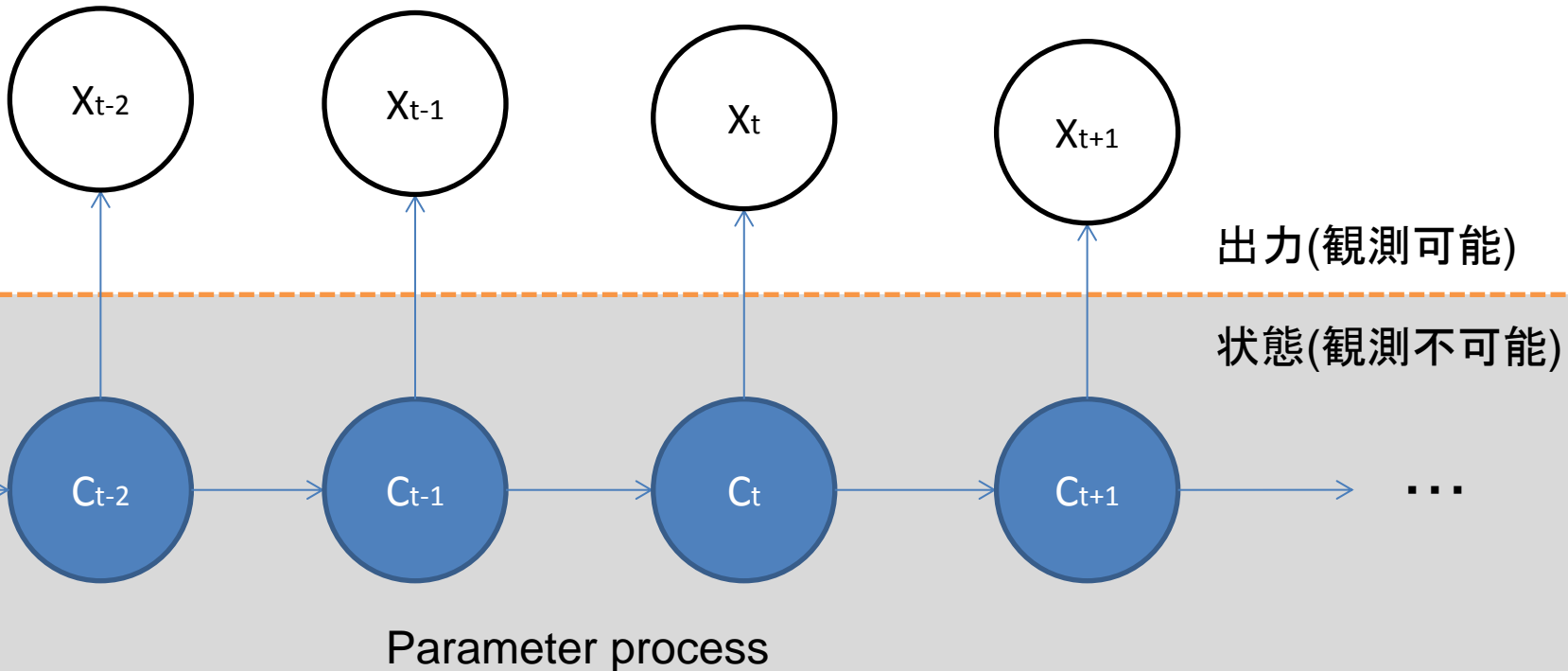
## 要旨：

隠れマルコフモデルを用いた予測モデルをSAS/IMLを用いて実装し、実際のデータに適用した。

Forecasting state prediction hidden markov model flu

# 隠れマルコフモデルとは

- 観測不可能なマルコフチェーンの状態列(Parameter Process)、及び各状態をパラメータに持つ確率分布からの観測可能な出力により構成される確率モデル



# 定義：マルコフチェーン(1)

$C^{(t)} = \{C_t \in \{1, \dots, m\} \mid t \in \mathbb{N}\}$ : 離散確率変数列

任意の  $t \in \mathbb{N}$  に対して  $C^{(t)}$  が以下を満たす時、 $C^{(t)}$  をマルコフチェーンと呼ぶ。

$$\Pr(C_{t+1} \mid \mathbf{C}^{(t)}) = \Pr(C_{t+1} \mid C_t)$$

マルコフチェーンのパラメータ

$\gamma_{ij} := \Pr(C_{s+t} = j \mid C_s = i)$  : 推移確率

(特に  $\gamma_{ij}$  が  $s$  に依存せずに決まる時、このマルコフチェーンを homogenous と呼ぶ。)

$\Gamma_{ij} := \gamma_{ij}$  : 推移確率行列

## 定義：マルコフチェーン(2)

$\delta := \{\Pr(C_1 = 1), \Pr(C_1 = 2), \dots, \Pr(C_1 = m)\}$  : 初期確率

※  $\mathbf{1} := (1, \dots, 1)$  として  $\delta\mathbf{1} = 1$

特に  $\delta\gamma = \delta$  の時、このマルコフチェーンを定常的 (stationary) と呼ぶ。

# 定義：ポアソン分布

定数  $\lambda > 0$  に対し、自然数を値にとる確率変数  $X$  が以下を満たす時、 $X$  はポアソン分布に従うと言う。

$$p(X) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}$$

以後、平均  $\lambda$  のポアソン分布を  $Poisson(\lambda)$  と表記する。

性質：ポアソン分布は再生性を持つ。すなわち

$$X \sim Poisson(\lambda), Y \sim Poisson(\mu) \Rightarrow X + Y \sim Poisson(\lambda + \mu)$$

# 定義：ポアソン隠れマルコフモデル

$C^t$ : マルコフ性を満たす 'Parameter Process'

$X^t$ :  $C^t$  からの出力

この時、 $\{C^t, X^t\}$  は以下を満たす時に隠れマルコフモデルと呼ぶ。

$$\Pr(C_t | C^{(t-1)}) = \Pr(C_t | C_{(t-1)}) \quad (1)$$

$$\Pr(X_t | X^{(t-1)}, C^{(t)}) = \Pr(X_t | C_{(t)}) \quad (2)$$

特に  $C^{(t)}$  がポアソン分布に従う時、ポアソン隠れマルコフモデルと呼ぶ。

# ポアソン隠れマルコフモデルの パラメータ

- $\lambda := (\lambda_1, \dots, \lambda_m)$  各状態のポアソン分布のパラメータ
- $\Gamma_{ij} := (\gamma_{ij})$  推移確率行列
- $\delta := (\delta_1, \dots, \delta_m)$  初期確率



# 予測分布 (forecast distribution) (1)

$h > 0$  として、

$$\begin{aligned}\Pr(\mathbf{X}_{T+h} = x \mid \mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)}) &= \frac{\Pr(\mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)}, X_{T+h} = x)}{\Pr(\mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)})} \\ &= \frac{\alpha_T \Gamma^h P(x) \mathbf{1}}{\alpha_T \mathbf{1}}\end{aligned}$$

$\phi_T := \alpha_T / \alpha_T \mathbf{1}'$  として、

$$\Pr(\mathbf{X}_{T+h} = x \mid \mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)}) = \phi_T \Gamma^h P(x) \mathbf{1}'$$

# 予測分布 (forecast distribution) (2)

従って、予測分布は

$$\Pr(\mathbf{X}_{T+h} = x \mid \mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)}) = \sum_{i=1}^m \xi_i(h) p_i(x)$$

ここで、 $\xi_i$  はベクトル  $\phi_T \Gamma^h$  の  $i$  番目の要素。

# 状態予測 (state prediction)

$$\Pr(C_{T+h} = i \mid \mathbf{X}^{(T)} = \mathbf{x}^{(T)}) = \boldsymbol{\alpha}_T \boldsymbol{\Gamma}^h(, i) / L_T = \boldsymbol{\phi}_T \boldsymbol{\Gamma}^h(, i)$$

ただし、 $A(, i)$  は行列  $A$  の  $i$  番目の列を示す。

# Reference

- W Zucchini and L L.MacDonald(2009). Hidden Markov Models for Time Series, CRC Press.
- R Durbin, S Eddy, A Korgh, and G Mitchison(1998). Biological Sequence Analysis:Probabilic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press.
- Baum, L.E., Petrie,T., Soules, G.and Weiss, N. (1970). A maximization technique occurring in the statistical analysis of probabilistic functions of Markov chains. *Ann.Math. Statist.* 41, 164-171
- 小西 貞則,越智 義道,大森 裕浩. 計算統計学の方法 朝倉書店