

2009-01-28

「生態学基礎論（生物多様性論 II）」の一部：
生態学の統計モデリング（2009 年 1 月）の投影資料
全部で 2 回講義の 2 回目

一般化線形モデル (GLM) の基礎

何でも「割算」するな!

久保拓弥 kubo@ees.hokudai.ac.jp

<http://hosho.ees.hokudai.ac.jp/~kubo/stat/>
(講義の一とも参照してください)

全 2 回だけの授業: 統計モデリングの概要

主題: 一般化線形モデル (GLM) を使った 統計モデリングと「脱」割算解析

1. 観測データの統計モデル化 (1/26 月)

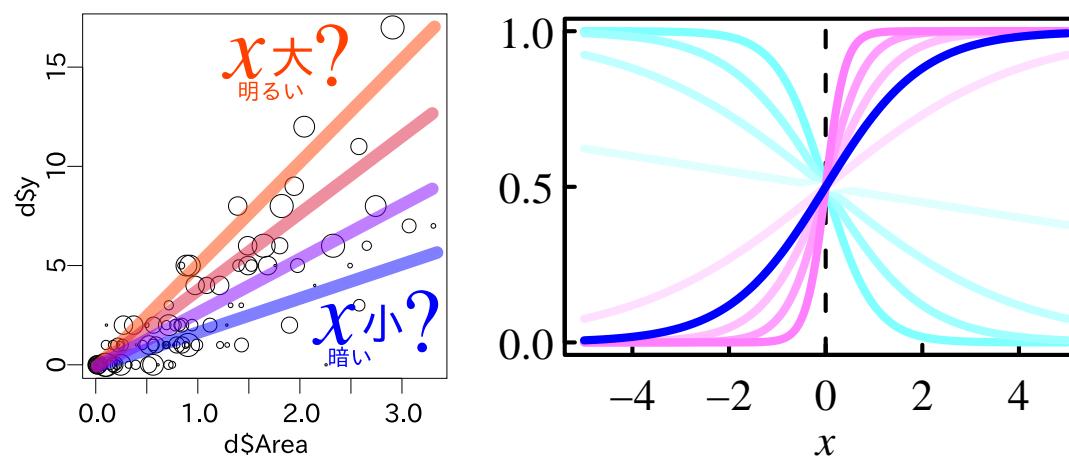
- 統計モデルとは? GLM とは?
- (GLM の一部である) ポアソン回帰の説明

2. 何でも「割算」するな! (1/28 水)

- ポアソン回帰を強化する offset 項わざ
- (GLM の一部である) ロジスティック回帰の説明

今日のハナシ

1. 割算解析やめましょう: その前に前回の復習
2. 「脱」割算の offset 項わざ: ポアソン回帰を強めてみる
3. ロジスティック回帰: おススメできない解析と対比しつつ



1. 割算解析やめましょう

その前に前回の復習

統計モデリング: 観測データのモデル化

- 統計モデルは観測データのパターンをうまく説明できるようなモデル
- 基本的部品: 確率分布 (とそのパラメーター)
- データにもとづくパラメーター推定, あてはまりの良さを定量的に評価できる

「説明変数 \rightsquigarrow 応答変数」型の統計モデルの地図 …… \Rightarrow

ゆうど

尤度 をあつかう統計モデル

パラメーターを確率分布として表現する Bayes 統計学

階層 Bayes モデル の MCMC 計算による推定など

最尤推定法 であつかう統計モデル

パラメーターを点推定する, random effects もあつかえる

階層ベイズモデルである一般化線形混合モデル (GLMM) など

一般化線形モデル (GLM)

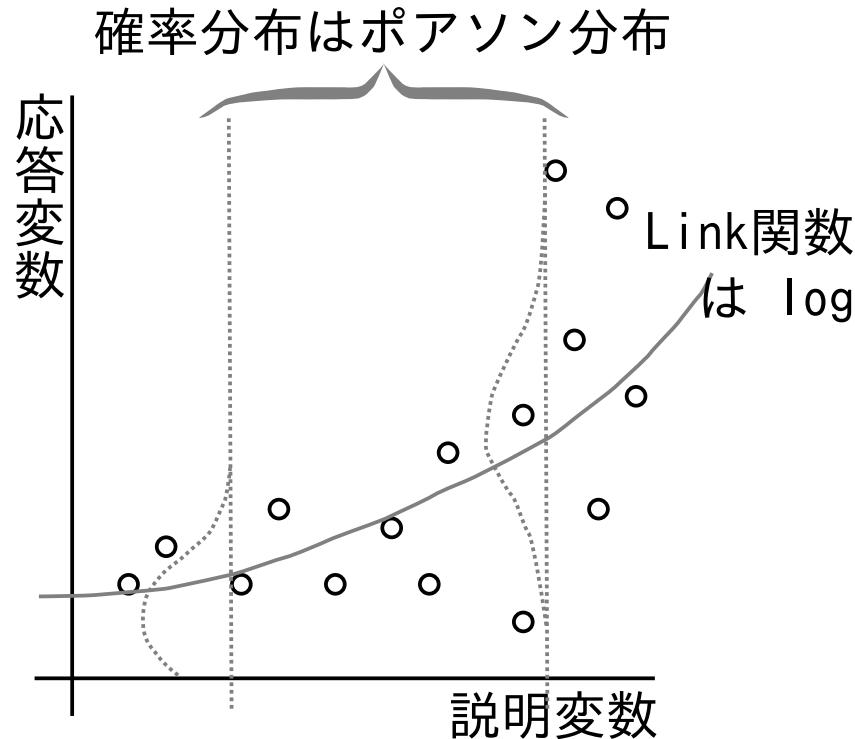
指数関数族の確率分布 + 線形モデル, fixed effects のみ

最小二乗法 であつかう統計モデル

等分散正規分布 + 線形モデル

直線回帰, いわゆる「分散分析」など

カウントデータならポアソン回帰で!



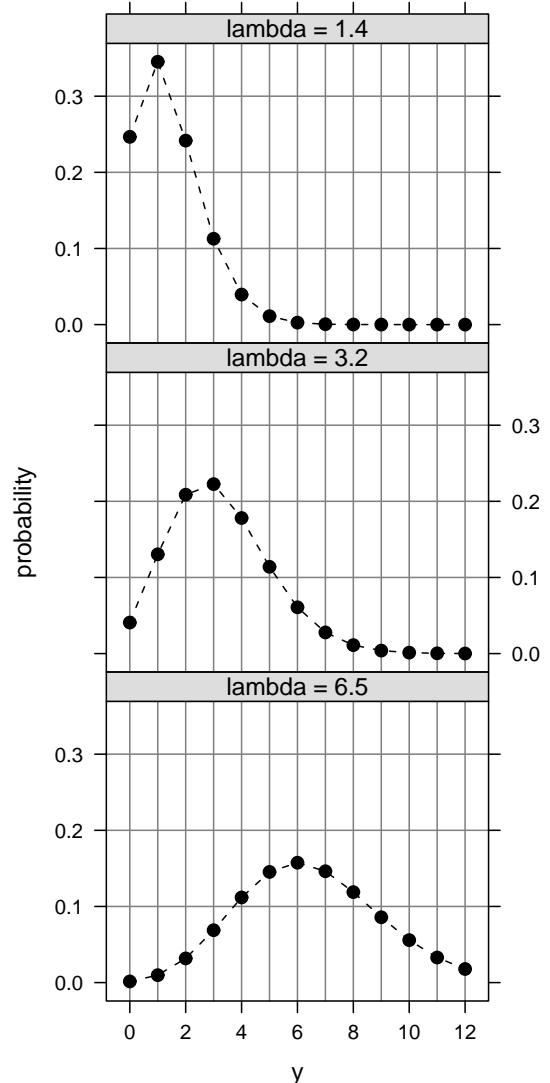
- ポアソン回帰は一般化線形モデルの一部
- 平均値とともに増大する分散に対応
- モデルによる予測はつねに非負

ポアソン分布 (Poisson distribution) とは何か?

- 離散分布 $y_i \in \{0, 1, 2, \dots, \infty\}$
- 確率密度関数 (paramter: λ)

$$\frac{\lambda^y \exp(-\lambda)}{y!}$$

- 期待値 λ , 分散 λ
- 上限を設定できないカウントデータに
- 例: 産卵数・種子数・個体数……



一般化線形モデル (generalized linear model; GLM)

確率分布・link 関数・線形予測子を
指定して特定できる統計モデル

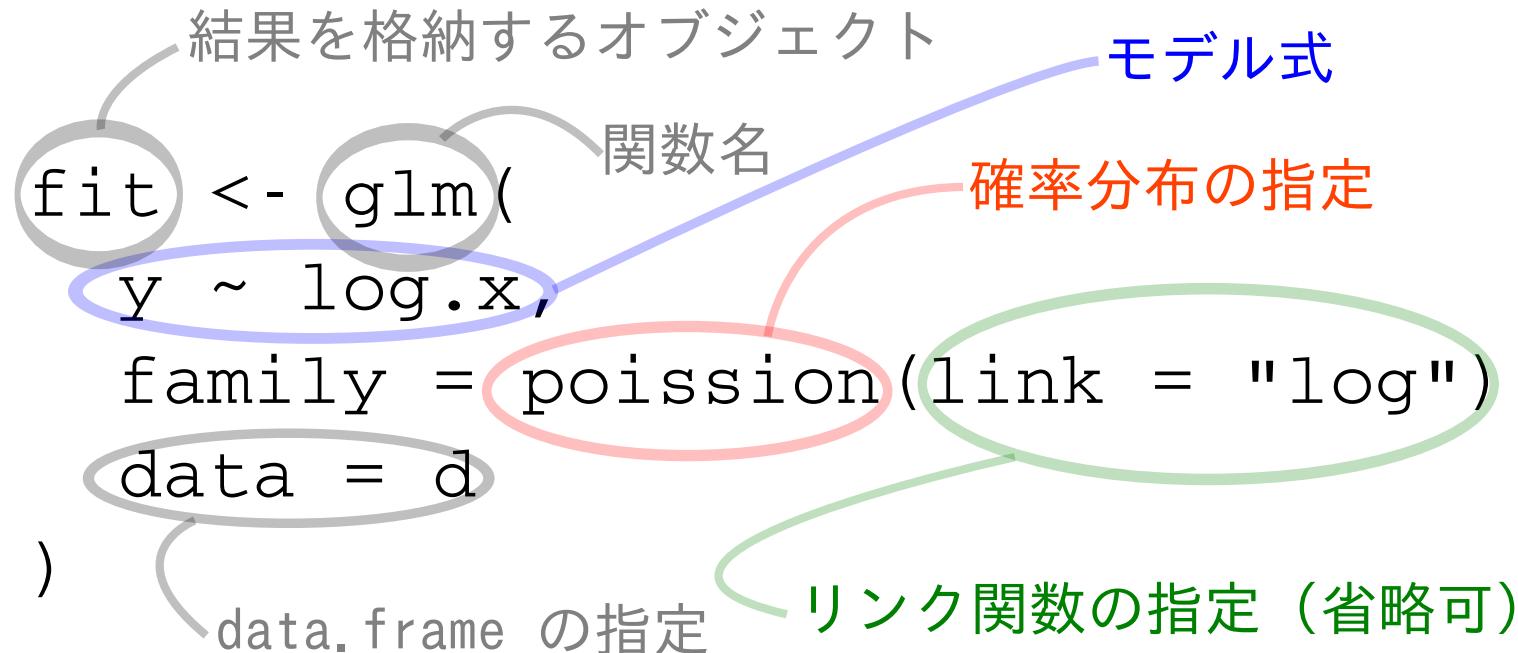
- 確率分布: 応答変数のばらつきとして正規分布, ポアソン分布, 二項分布その他を指定できる
- link 関数を $f()$ とすると, 確率分布の平均値 = $f(\text{線形予測子})$ という関係がある
- 線形予測子: $\beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 + \dots$, ただし x_i は 説明変数で β_i は x_i の係数 (coefficient)
 - 観測データ ($\{x_i\}$ と $\{y_i\}$) にもとづいて $\{\beta_i\}$ を最尤推定するのが, GLM によるパラメーター推定

R で一般化線形モデル: `glm()` 関数

	確率分布	乱数生成	パラメーター推定
(離散)	ベルヌーイ分布	<code>rbinom()</code>	<code>glm(family = binomial)</code>
	二項分布	<code>rbinom()</code>	<code>glm(family = binomial)</code>
	ポアソン分布	<code>rpois()</code>	<code>glm(family = poisson)</code>
	負の二項分布	<code>rnbnom()</code>	<code>glm.nb()</code>
(連続)	ガンマ分布	<code>rgamma()</code>	<code>glm(family = gamma)</code>
	正規分布	<code>rnorm()</code>	<code>glm(family = gaussian)</code>

- `glm()` で使える確率分布は上記以外もある
- `glm.nb()` は MASS library 中にある
- GLM は直線回帰・重回帰・分散分析・ポアソン回帰・ロジスティック回帰その他の「よせあつめ」と考えてもよいかも

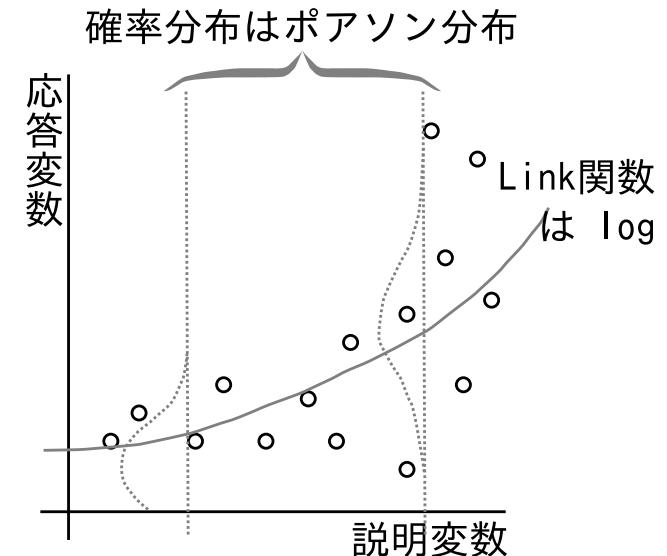
R の `glm()` 関数: 何を指定すればいい?



- モデル式 (線形予測子 z): どの説明変数を使うか?
- link 関数: z と応答変数 (y) 平均値 の関係は?
- family: どの確率分布を使うか?

ポアソン回帰の `glm()` 指定

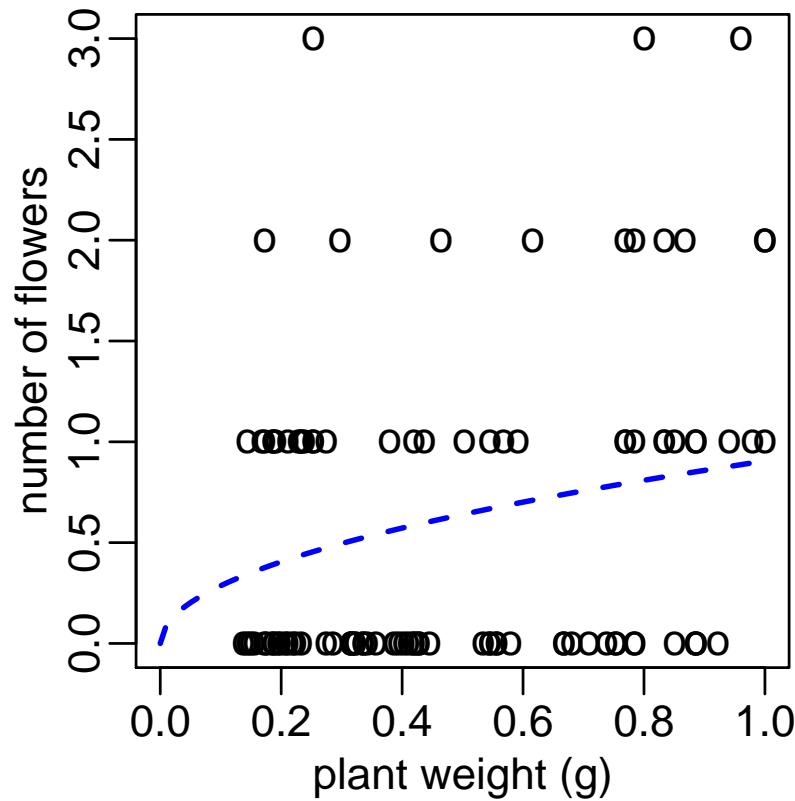
- `family: poisson`, ポアソン分布
- `link` 関数: "log"
- モデル式 (線形予測子 z): たとえば
 $y \sim x$ と指定したとする
- 線形予測子 $z = a + bx$
 a, b は推定すべきパラメーター
- 応答変数の平均値を λ とすると $\log(\lambda) = z$
つまり $\lambda = \exp(z) = \exp(a + bx)$
- 応答変数 は平均 λ のポアソン分布に従う: $y \sim \text{Pois}(\lambda)$



GLM の推定結果を図示してみる

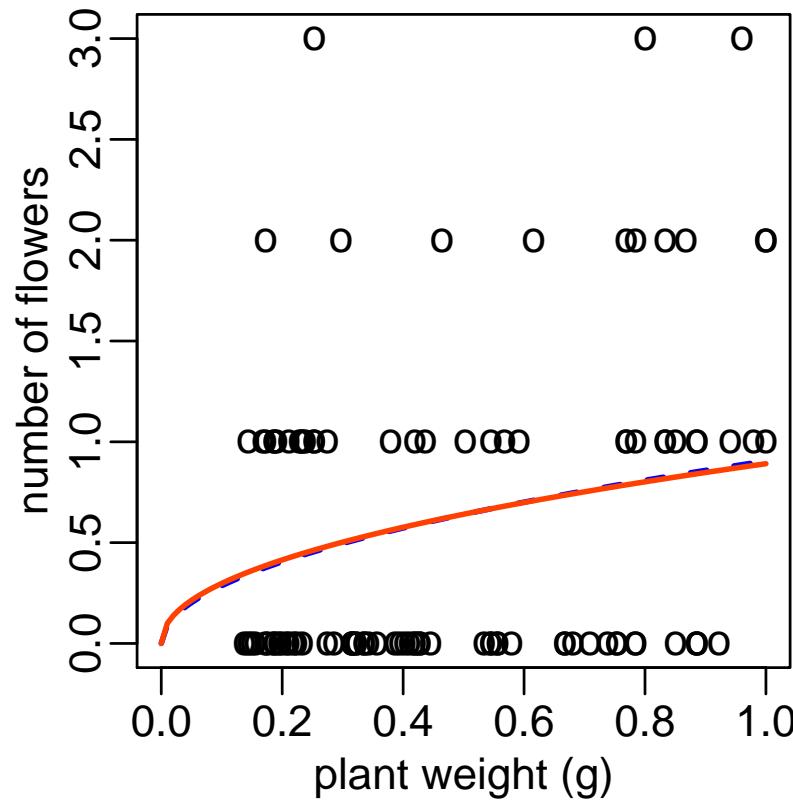
「ホント」の

重量 \rightsquigarrow 平均花数



推定された

重量 \rightsquigarrow 平均花数



説明したい統計モデリングのお作法

- 観測データの図をたくさん作ろう
- 観測データをどんな確率分布で表現できるか考えよう
- 「割算値」の統計モデリングはやめよう

つまり観測データの「もち味をいかした」「ひねくりまわさない」統計モデリング

割算な統計学

世間でよくみかけるおススメできない作法の例

- ある調査地 i で N_i 本の樹木のうち k_i 本で開花していた
- 調査地 i の開花確率を $p_i = k_i/N_i$ とした
- 別の調査地 j の開花確率を $p_j = k_j/N_j$ とした
- 調査地 i と j の間で開花確率が異なるかどうか, p_* が正規分布にしたがうと仮定して「ゆーい差を検定」した
- 確率は正規分布ではない, と指摘されたのでノンパラメトリック検定で「ゆーい差を検定」した

割算値ひねくるデータ解析はなぜよくないのか？

- 観測値 / 観測値がどんな確率分布にしたがうのか見とおしが悪く，さらに説明要因との対応づけが難しくなる
- 情報が失われる：「10 打数 3 安打」と「200 打数 60 安打」，「どちらも 3 割バッター」と言ってよいのか？
- 割算値を使わぬほうが見とおしのよい，合理的なデータ解析ができる（今回の授業の主題）
- したがって割算値を使ったデータ解析は不利な点ばかり，そんなことをする必要性はどこにもない

避けられるわりざん，避けにくいわりざん

- 避けられる割算値

- 密度などの指數

- 例: 人口密度, specific leaf area (SLA) など

- 対策: **offset** 項わざ

- 確率

- 例: N 個のうち k 個にある事象が発生する確率

- 対策: ロジスティック回帰など**二項分布モデル**で

- 避けにくい割算値

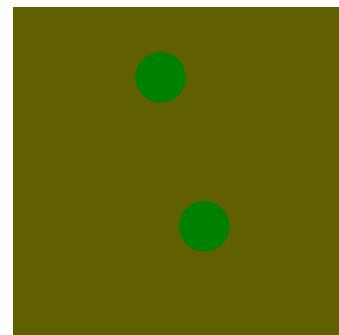
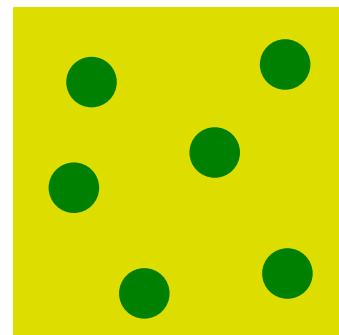
- 測定機器が内部で割算した値を出力する場合
 - 割算値で作図せざるをえない場合があるかも

2. 「脱」割算の offset 項わざ

ポアソン回帰を強めてみる

例題：調査区画内の個体数は明るさで変わるか？

- 何か架空の植物個体の数が「明るさ」 x に応じてどう変わるかを知りたい
- 明るさは $\{0.1, 0.2, \dots, 1.0\}$ の 10 段階で観測した

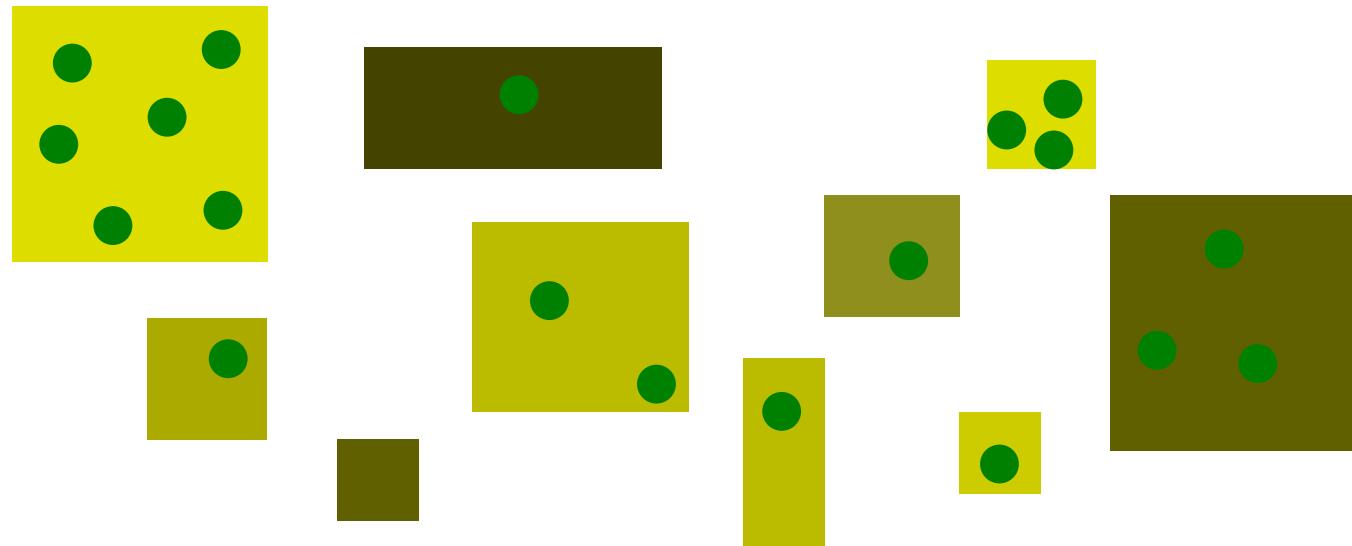


x 大
明るい

x 小
暗い

これだけなら単純に `glm(..., family = poisson)`
すればよいのだが……

「場所によって調査区の面積を変えました」?!!



- 明るさ x と面積 A を同時に考慮する必要あり
- ただし「密度 = 個体数 / 面積」といった割算値解析はやらない!
- `glm()` の `offset` 項わざでうまく対処できる
- ともあれその前に観測データを図にしてみる

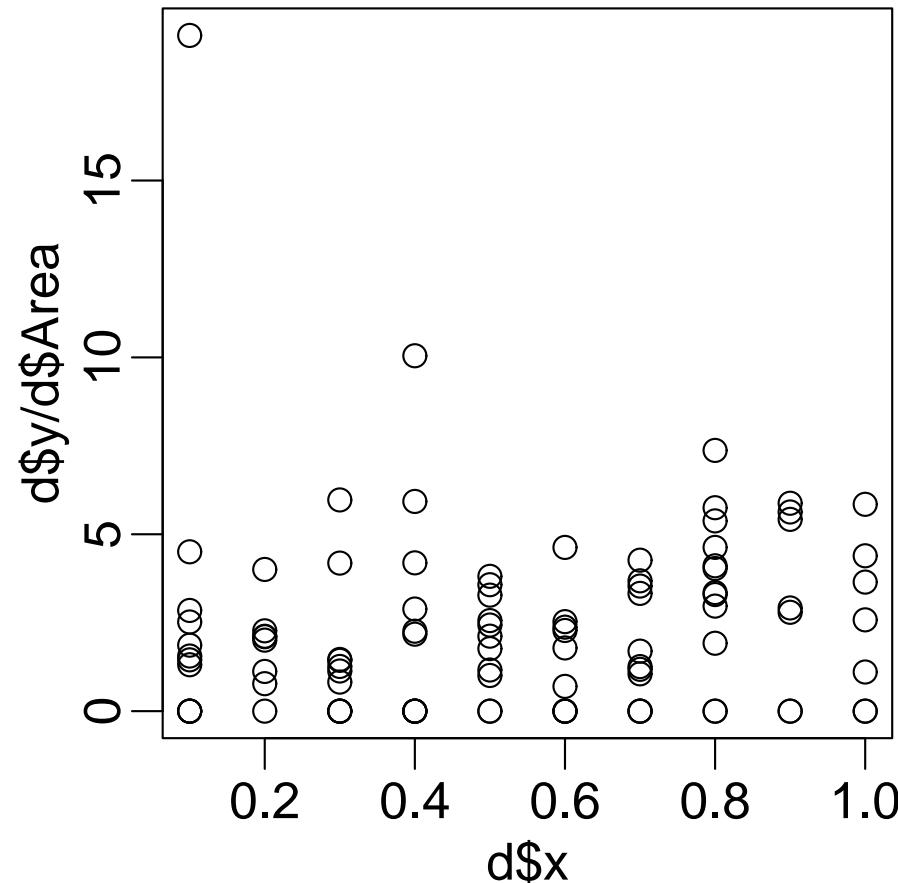
R の `data.frame`: 面積 Area, 明るさ x, 個体数 y

```
> load("d2.RData")
> head(d, 8) # 先頭 8 行の表示
```

	Area	x	y
1	0.017249	0.5	0
2	1.217732	0.3	1
3	0.208422	0.4	0
4	2.256265	0.1	0
5	0.794061	0.7	1
6	0.396763	0.1	1
7	1.428059	0.6	1
8	0.791420	0.3	1

明るさ vs 割算値図の図

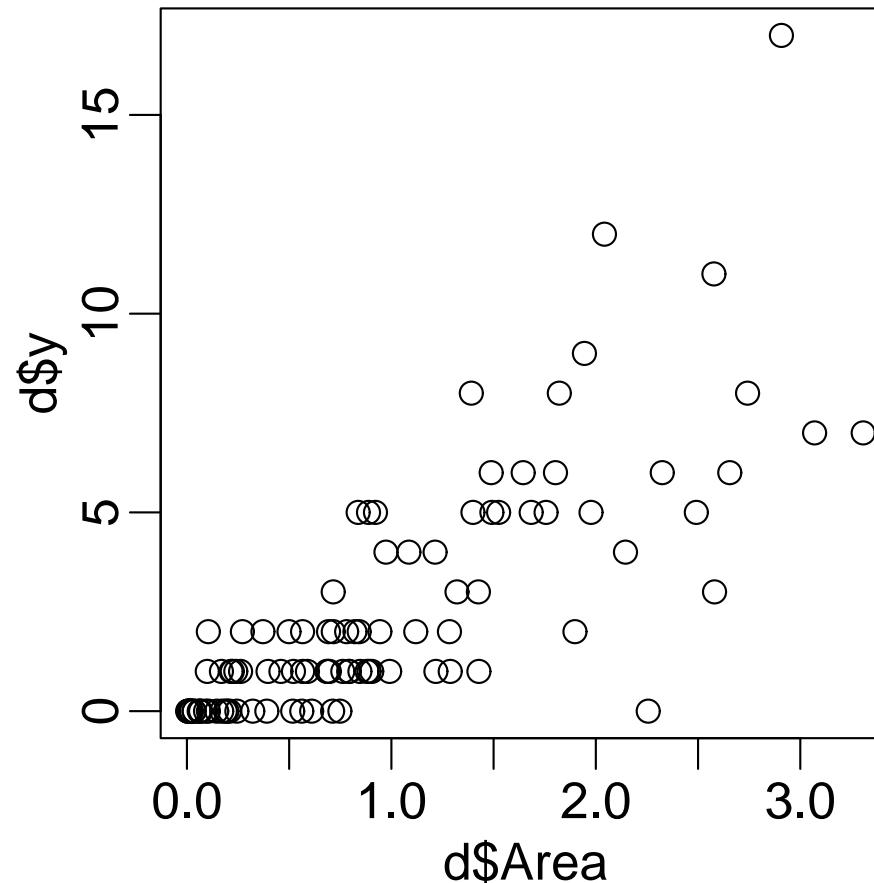
```
plot(d$x, d$y / d$Area)
```



- いまいちよくわからない……?

面積 A vs 個体数 y の図

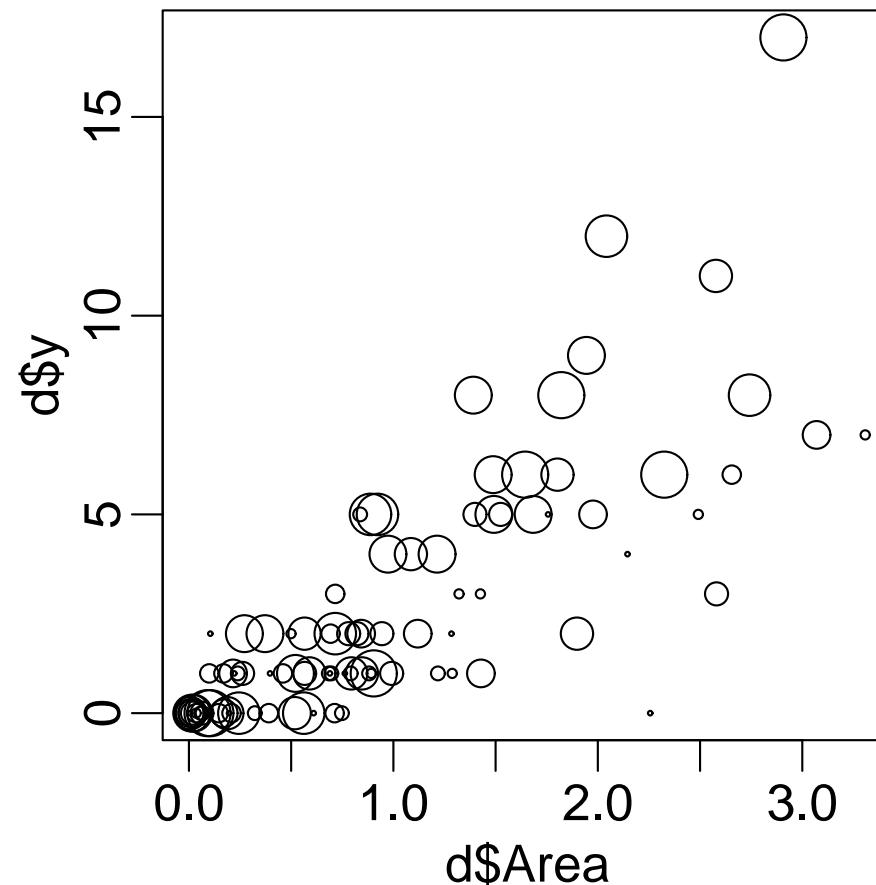
plot(d\$Area, d\$y)



- 面積 A とともに区画内の個体数 y が増大するようだ

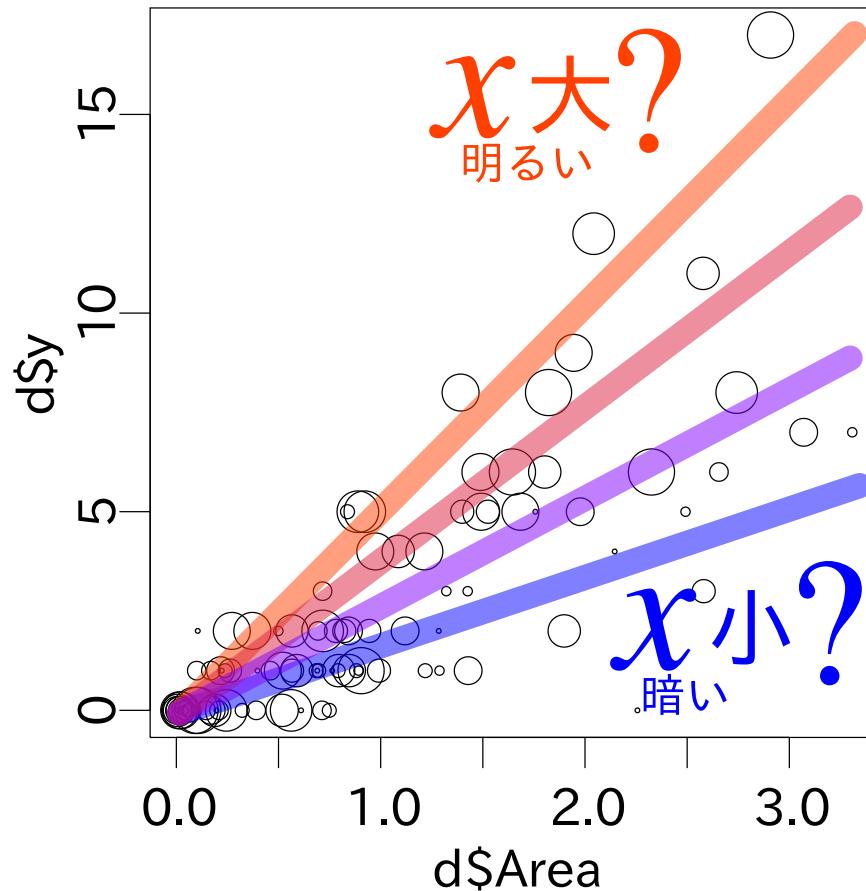
明るさ x の情報（マルの大きさ）も図に追加

```
plot(d$Area, d$y, cex = d$x * 2)
```



- 同じ面積でも明るいほど個体数が多い?

密度が明るさ x に依存する統計モデル



- 区画内の個体数 y の平均は面積 × 密度
- 密度は明るさ x で変化する

「平均個体数 = 面積 × 密度」モデル

- ある区画 i の応答変数 y_i は平均 λ_i のポアソン分布にしたがうと仮定:

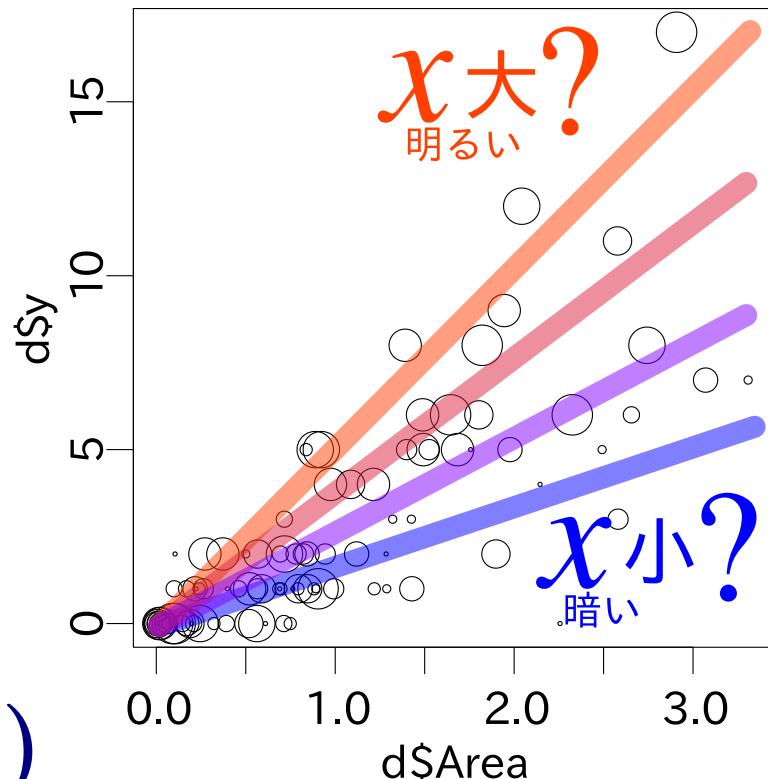
$$y_i \sim \text{Pois}(\lambda_i)$$

- 平均値 λ_i は面積 A_i に比例し、密度は明るさ x_i に依存する

$$\lambda_i = A_i \exp(a + bx_i)$$

$$\lambda_i = \exp(a + bx_i + \log(A_i))$$

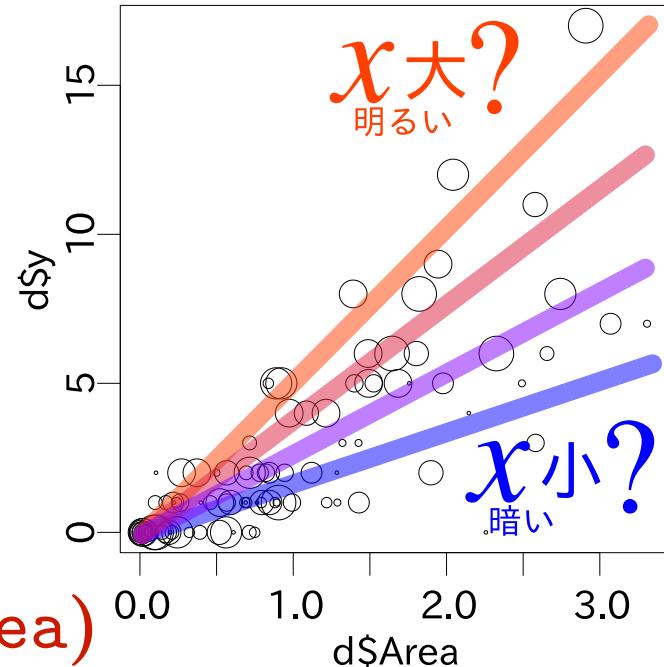
$$\log(\lambda_i) = a + bx_i + \log(A_i)$$



$\log(A_i)$ を offset 項とよぶ

この問題は GLM であつかえる!

- family: poisson, ポアソン分布
- link 関数: "log"
- モデル式 : $y \sim x$
- offset 項の指定 : `log(Area)`
- 線形予測子 $z = a + b x + \log(\text{Area})$
 a, b は推定すべきパラメーター
- 応答変数の平均値を λ とすると $\log(\lambda) = z$
つまり $\lambda = \exp(z) = \exp(a + b x + \log(\text{Area}))$
- 応答変数 は平均 λ のポアソン分布に従う: $y \sim \text{Pois}(\lambda)$



glm() 関数の指定

```
fit <- glm(  
  y ~ x,  
  family = poission(link = "log"),  
  data = d,  
  offset = log(Area))
```

結果を格納するオブジェクト
関数名
モデル式
確率分布の指定
リンク関数の指定（省略可）
offset の指定

R の `glm()` 関数による推定結果

```
> fit <- glm(y ~ x, family = poisson(link = "log"), data = d,  
  offset = log(Area))  
> print(summary(fit))
```

Call:

```
glm(formula = y ~ x, family = poisson(link = "log"), data = d,  
  offset = log(Area))
```

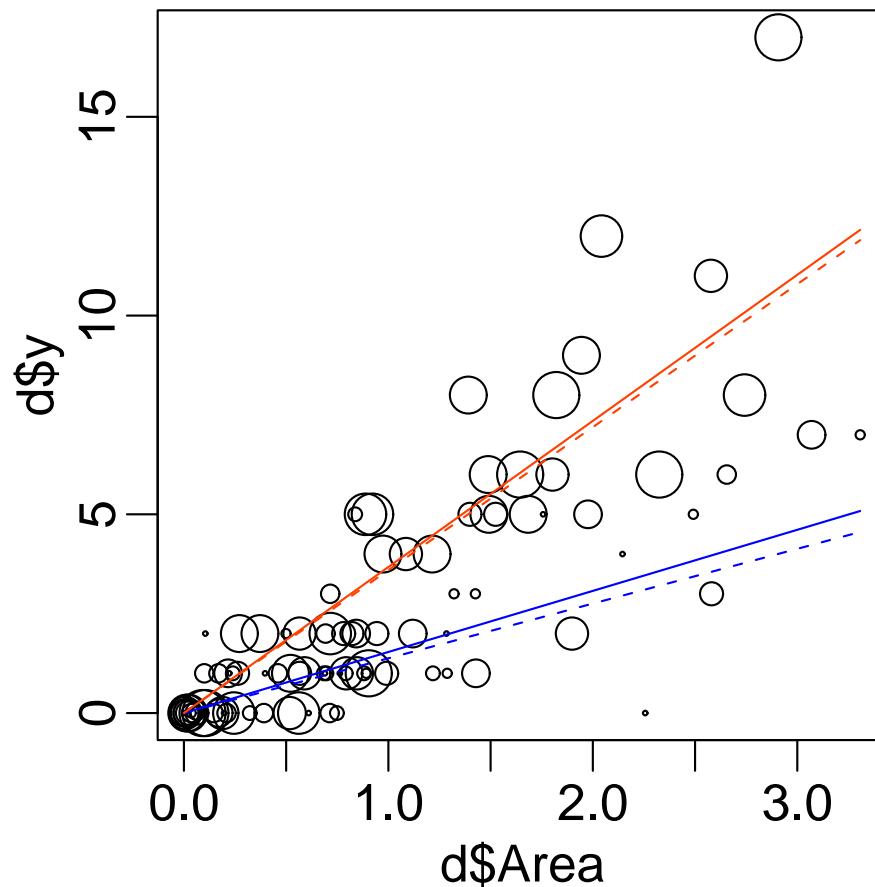
(... 略...)

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	0.321	0.160	2.01	0.044
x	1.090	0.227	4.80	1.6e-06

Coefficients は説明変数の係数という意味

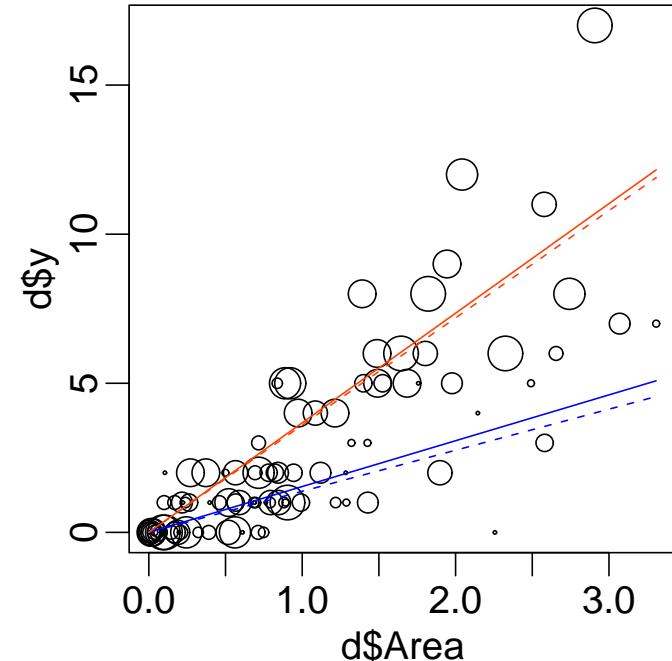
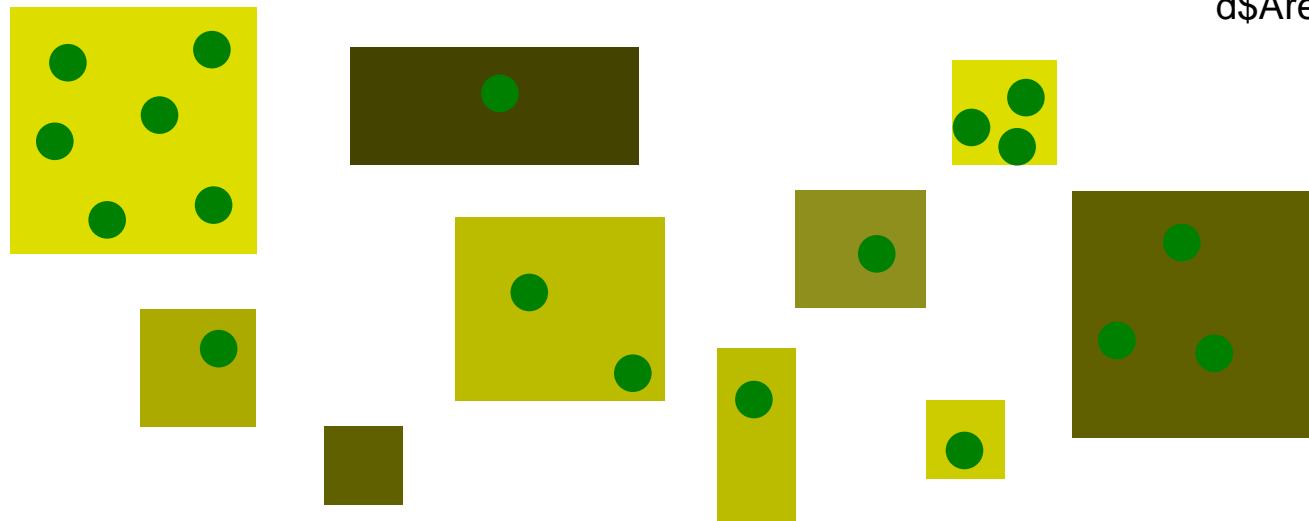
推定結果を図にしてみる



- 赤は明るさ $x = 0.9$, 青は $x = 0.1$
- 実線は `glm()` の推定結果, 破線はデータ生成時に指定した関係

まとめ: glm() の offset 項わざで「脱」割算

- 平均値が面積などに比例する場合は、この面積などを **offset 項** として指定する
- 平均 = 面積 × 密度、というモデルの密度を $\exp(\text{線形予測子})$ として定式化する



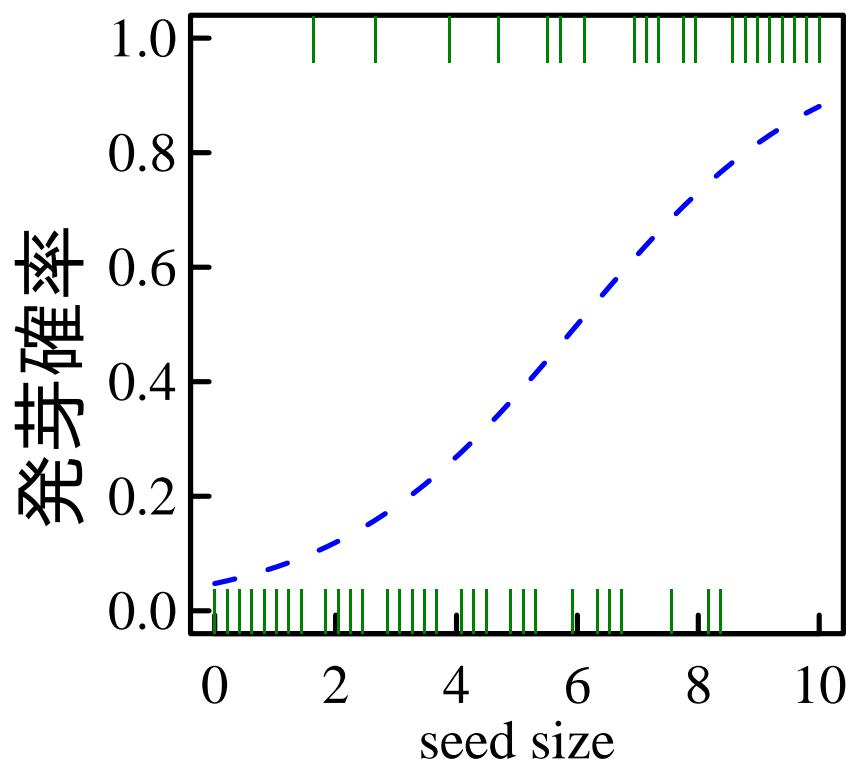
3. ロジスティック回帰

おススめできない解析と対比しつつ

架空植物の発芽実験データ

種子サイズと発芽確率の関係を調べる実験やってみた

| は観測データ (1 = 発芽した)

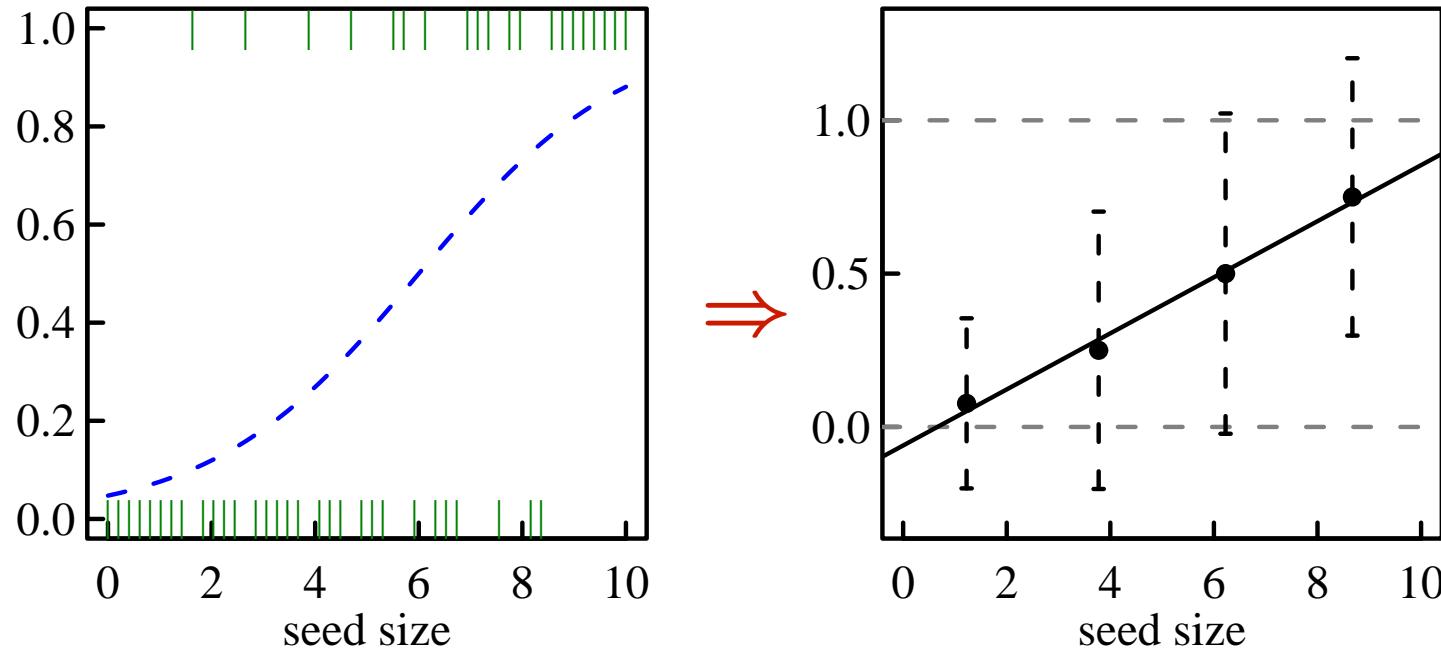


[「ホント」の発芽パターン]

- 種子が大きいほど発芽確率が高い
- 発芽確率は青破線で示されて
いるように上昇する

データから青破線(つまり真のモデル・母集団)を推定したい

(よく見かける) おススメできない解析の一例



1. てきと一に種子サイズの区画を取る (上の例だと 4 区画)
2. 区画ごとに縦横の平均値など計算; {0, 1} データを割算値に
3. 何も考えずに統計ソフトウェアにほうりこむ
(直線回帰する or 「分散分析」する or 「検定」 & 多重比較する)

なぜよろしくないか? データの特徴を無視

区画はてきと一

区画のとりかたで結果は変わる

割算すると情報が失われる

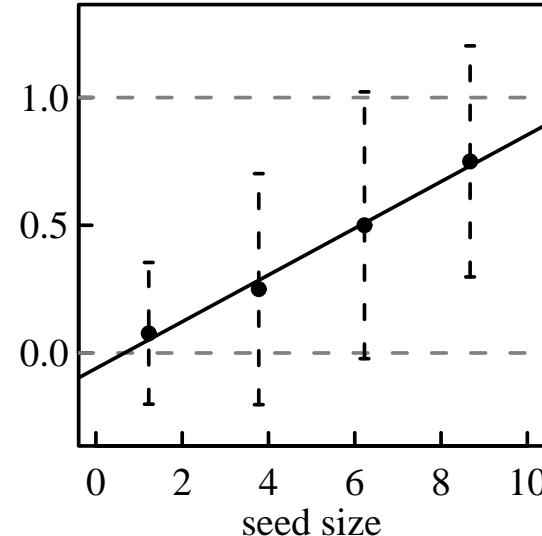
1 / 2 と 100 / 200 は違う!

等分散でもなければ正規分布でもない

ということで直線回帰も分散分析も使えん—さらに、いわば母分散が異なる状況なので、ノンパラメトリック検定のたぐいもだめ

何を推定してるのだろうか?

発芽する確率がマイナスになったり、1 をこえたりするモデルってのは……? (変数変換すればいいって? そのワザは呪われてる)



R で一般化線形モデル (generalized linear model; GLM)

いろいろな確率分布に適用できる推定計算手法

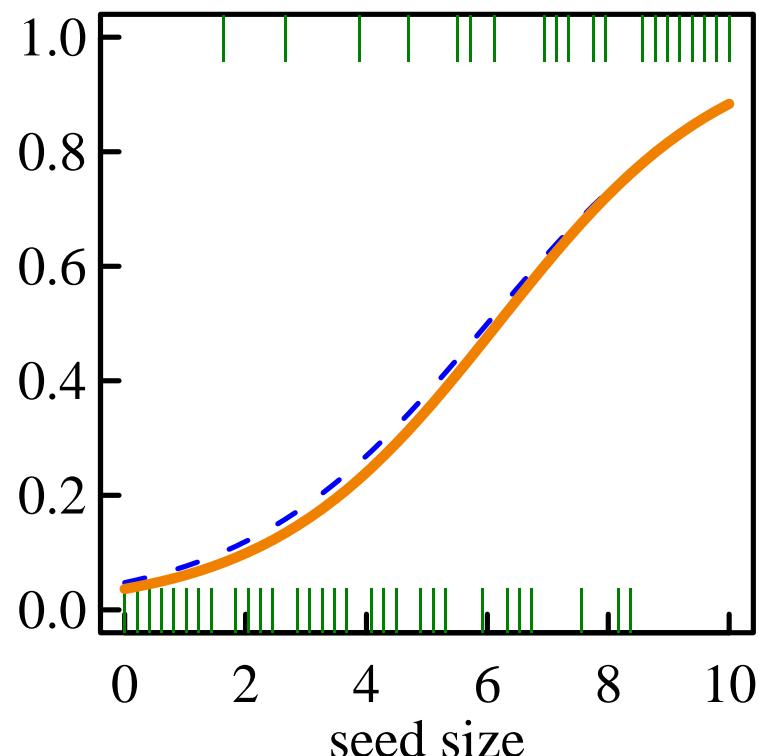
	確率分布	乱数生成	パラメーター推定
(離散)	ベルヌーイ分布	rbinom()	glm(family = binomial)
	二項分布	rbinom()	glm(family = binomial)
	ポアソン分布	rpois()	glm(family = poisson)
	負の二項分布	rnbnom()	glm.nb()
(連続)	ガンマ分布	rgamma()	glm(family = gamma)
	正規分布	rnorm()	glm(family = gaussian)

- `glm()` で使える確率分布は上記以外もある
- `glm.nb()` は MASS library 中, またここには `rnegbin()` なども含まれる

R の `glm()` で推定: ロジスティック回帰の例

発芽する・しないが二項分布にしたがうと仮定している

発芽確率



- 各種子について、そのサイズ (x) と “発芽した or しなかった” の対応を見る
- 発芽確率 p を以下のように仮定

$$p = \frac{1}{1 + \exp(-a - bx)}$$

(logistic 式)

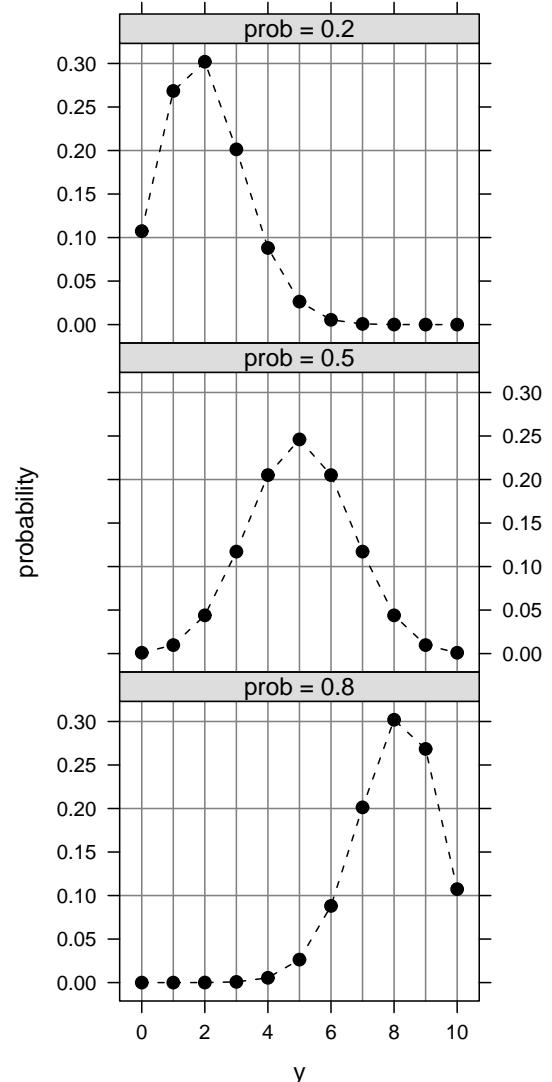
- パラメーター a と b の推定値を最尤推定法で計算する
- ここでは R の `glm()` 関数を使った (上の図の赤線が推定結果)

二項分布 (binomial distribution) とは何か?

- 離散分布 $y_i \in \{0, 1, 2, \dots, N\}$
- 確率密度関数 (parameter: p, N)

$$\binom{N}{y} p^y (1-p)^{N-y}$$

- 期待値 Np , 分散 $Np(1 - p)$
- 上限のあるカウントデータに
- 例: N 個体中 y 個体に反応があった, 死亡した, など

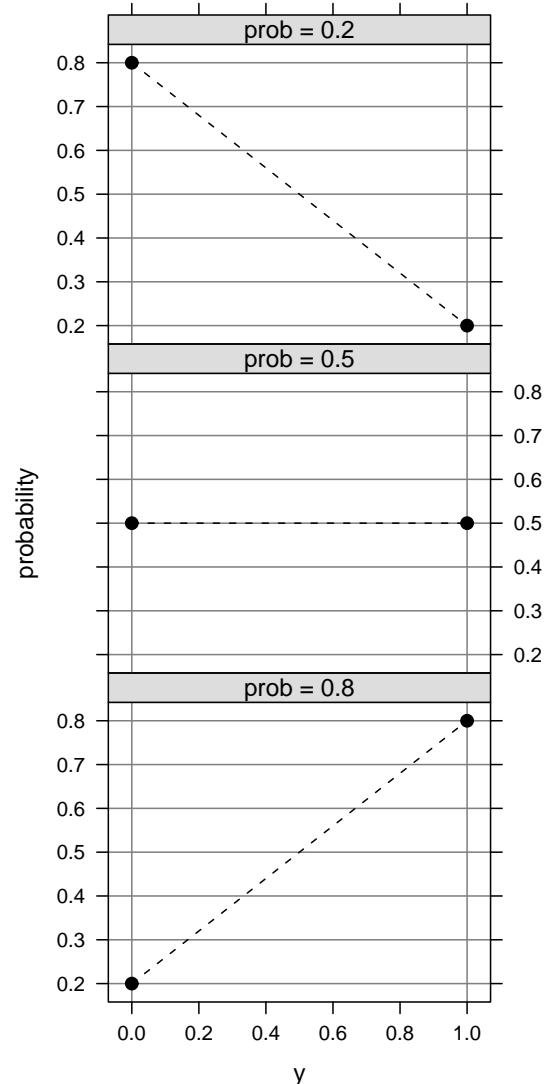


ベルヌーイ分布 (Bernoulli distribution)

- 離散分布 $y_i \in \{0, 1\}$
- 確率密度関数 (paramter: p)

$$p^y(1-p)^{1-y}$$

- 期待値 p , 分散 $p(1-p)$
- 二項分布で $N = 1$ の場合 に該当する確率分布
- 例: ある個体で反応があった, 死亡した, など

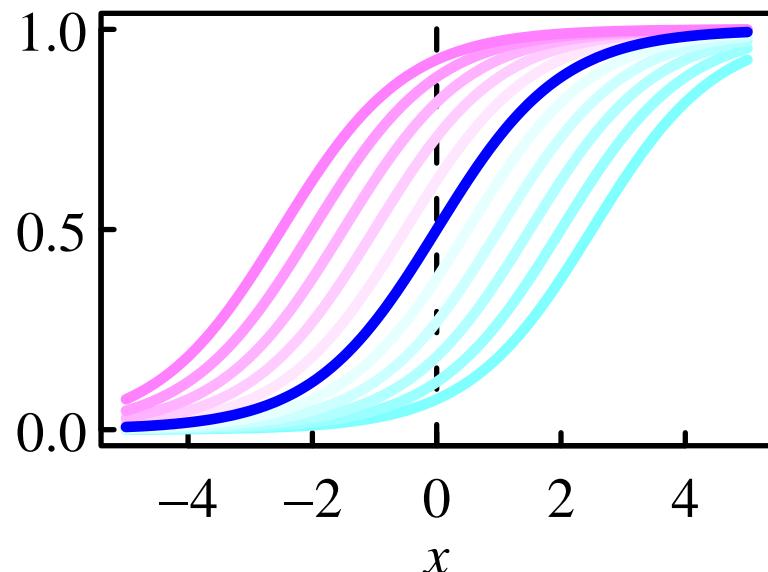


そもそも「ロジスティック関数」って何?

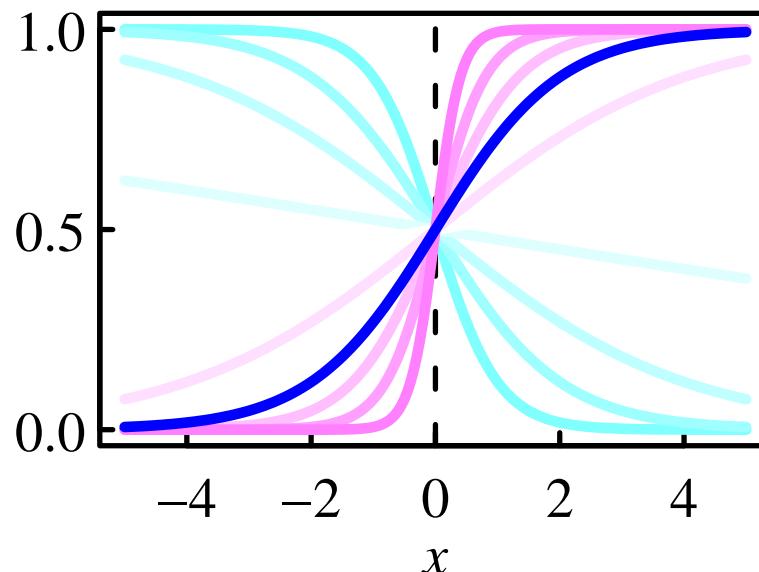
$$p = \frac{1}{1 + \exp(-(a + bx))}$$

($\exp(Z) = e^Z$ のこと)

a だけ変化させる



b だけ変化させる



つまりパラメーター $\{a, b\}$ や説明変数 x がどんな値をとっても確率 p は $0 \leq p \leq 1$ となる便利な関数

ちょっと整理: logistic と logit

- logistic 関数

$$p = \frac{1}{1 + \exp(-(a + bx))} = \text{logistic}(a + bx)$$

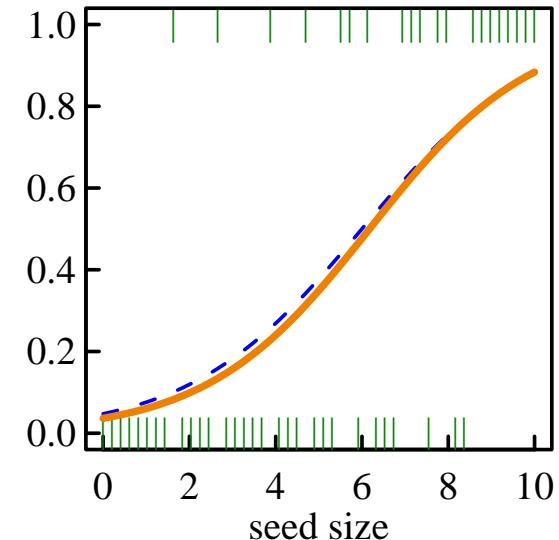
- logit 変換

$$\text{logit}(p) = \log \frac{p}{1 - p} = a + bx$$

logit は logistic の逆関数, logistic は logit の逆関数

ロジスティック回帰の `glm()` 指定 (1)

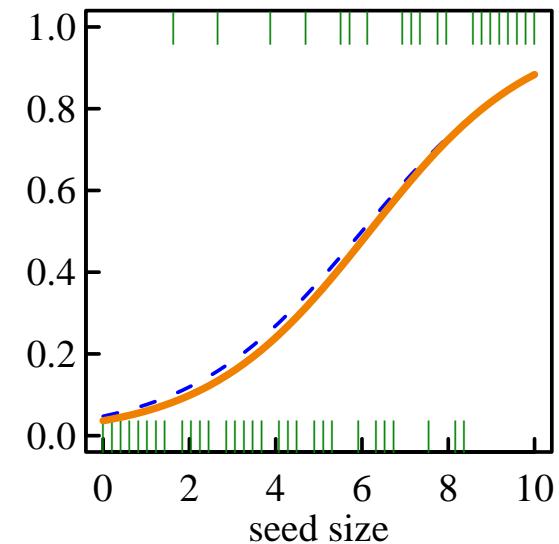
- `family: binomial`, 二項分布
 - $\{0, 1, 2, \dots, N\}$ というようにある範囲のカウントデータである場合は二項分布で説明してみる
- `link` 関数: "logit"
 - これは `family = binomial` 時の「おススメ」 `link` 関数
- モデル式 (線形予測子 z): たとえば $y \sim x$ と指定したとする



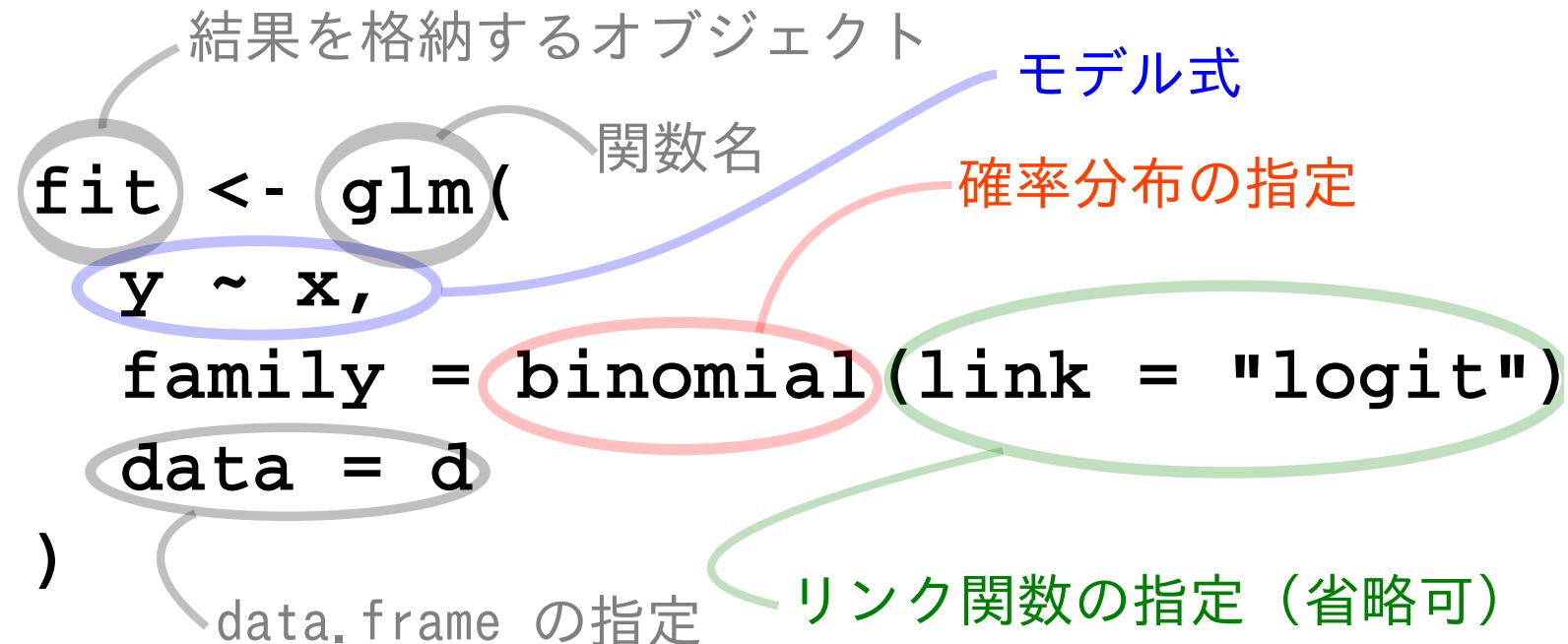
```
family = binomial(link = "logit")  
指定とは何をやっているのだろうか?
```

ロジスティック回帰の `glm()` 指定 (2)

- `family: binomial`, 二項分布
- `link` 関数: "logit"
- モデル式 (線形予測子 z): たとえば $y \sim x$ と指定したとする
 - 線形予測子 $z = a + bx$
 a, b は推定すべきパラメーター
 - 事象の生起確率を p とすると $\text{logit}(p) = z$
つまり $p = \frac{1}{\exp(-z)} = \frac{1}{1 + \exp(-(a + bx))}$
 - 応答変数は確率 p でサイズ N の二項分布に従う:
 $y \sim \text{Binom}(p, N)$



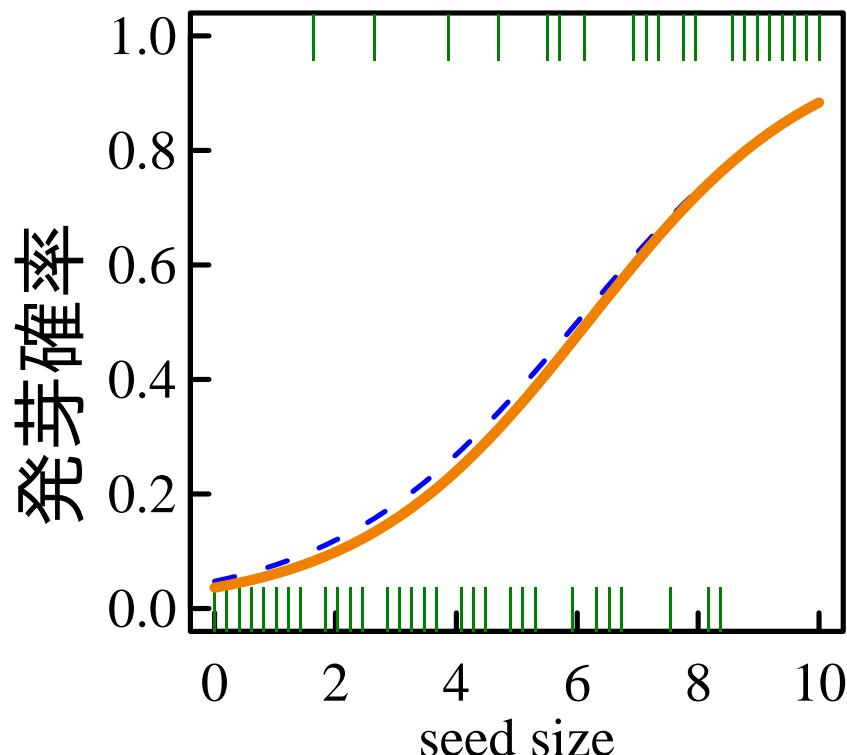
R の `glm()` 関数: 何を指定すればいい?



- モデル式 (線形予測子 z): 種子重 x が説明変数
- link 関数: logit リンク関数
- family: binomial, 二項分布

良い推定（データ → モデル）をめざして

おススメできないデータ解析を回避するための注意点

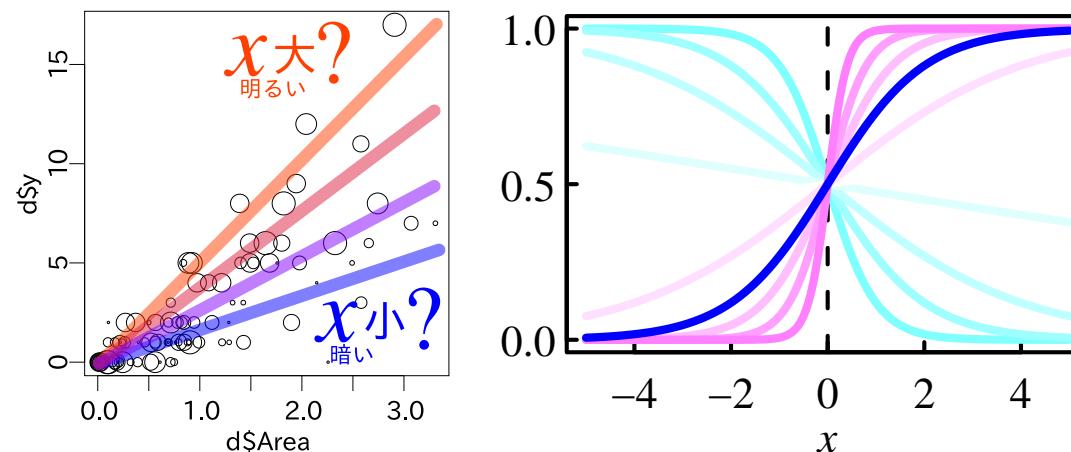


- むやみに **区画わけしない！**
- 何でも **割り算するな！**
- たくさん **図を描く**
- 「観測データを説明する**確率分布は何か？**」を考える（初心者は `glm()` との対応を検討する）

コツ：不自然にデータをこねくりまわさない
データの性質・構造にあったモデリングを！

今日のハナシ

1. 割算するとわけわからなくなる
2. offset 項わざで「密度」をつかう
3. 「 N 個中の k 個」なデータは logistic 回帰で



ゆうど

尤度 をあつかう統計モデル

パラメーターを確率分布として表現する Bayes 統計学

階層 Bayes モデル の MCMC 計算による推定など

最尤推定法 であつかう統計モデル

パラメーターを点推定する, random effects もあつかえる

階層ベイズモデルである一般化線形混合モデル (GLMM) など

一般化線形モデル (GLM)

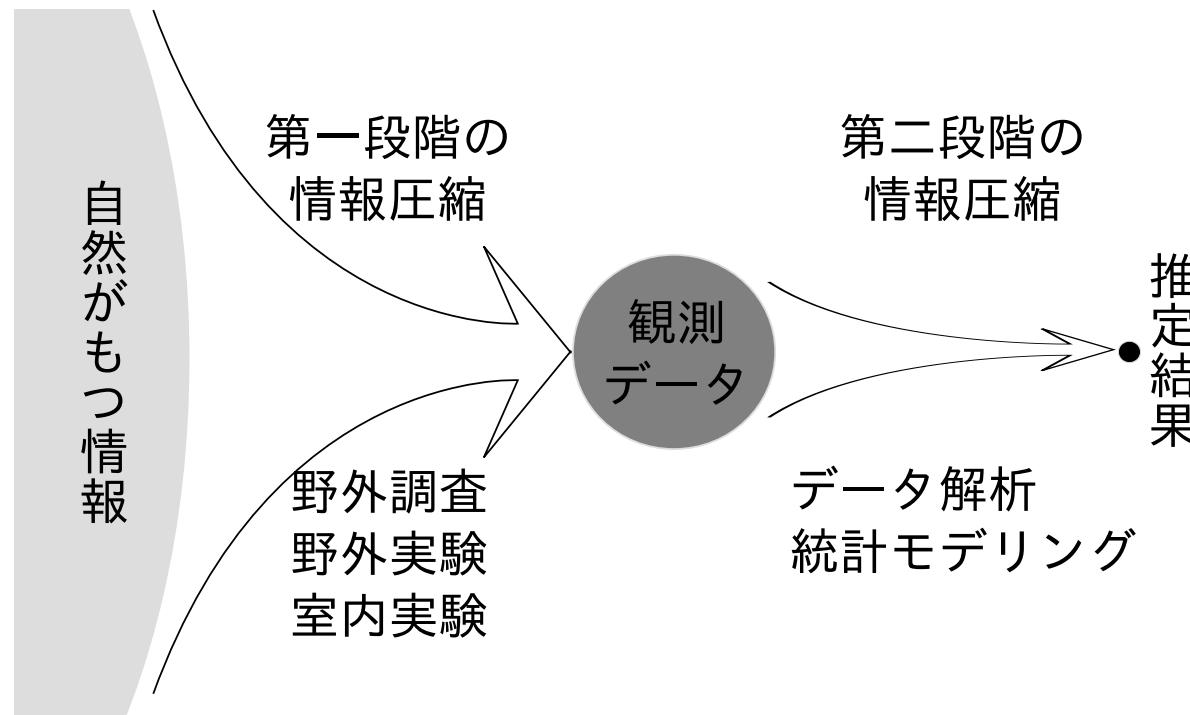
指数関数族の確率分布 + 線形モデル, fixed effects のみ

最小二乗法 であつかう統計モデル

等分散正規分布 + 線形モデル

直線回帰, いわゆる「分散分析」など

おしまい



よりよいデータ解析ができるよう
勉強してください!

<http://hosho.ees.hokudai.ac.jp/~kubo/stat/>