統計モデリング入門 2013 (7)

階層ベイズモデル

久保拓弥 kubo@ees.hokudai.ac.jp

北大環境科学院の講義 http://goo.gl/82dgC

2013–07–24

ファイル更新時刻: 2013–07–24 12:55

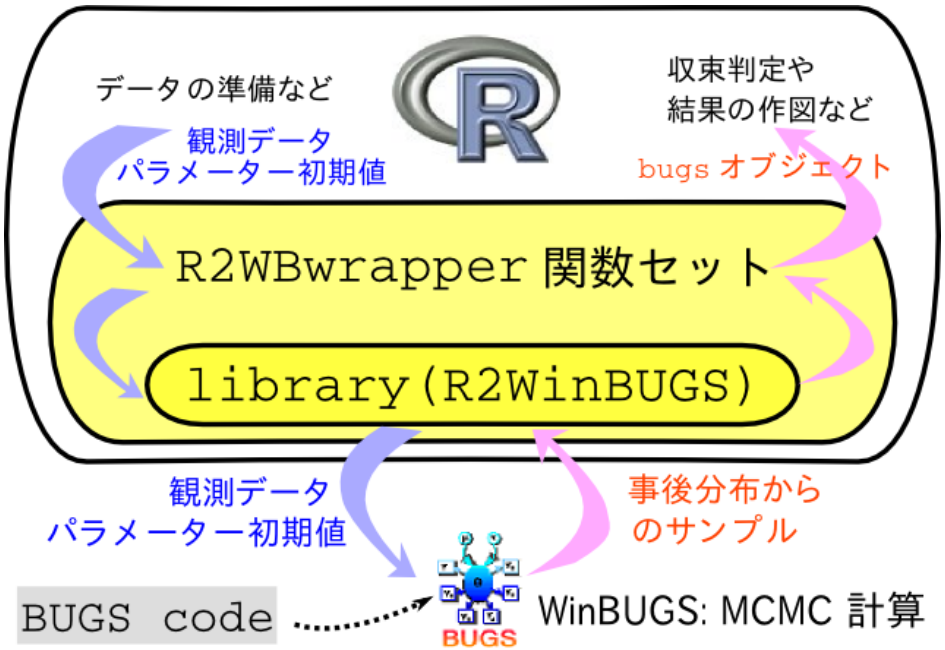
今日のハナシ I

1. まずは簡単 GLM の最尤推定
   - 最尤推定の復習の復習のため
2. 同じ統計モデルを MCMC であつかう
   - Markov chain Monte Carlo method
3. GLMM は階層ベイズモデルの一種
   - 事前分布をどう選ぶかが重要
4. MCMC のためのソフトウェア
   - 事後分布からサンプリングしたい
5. 階層ベイズモデルの推定
   - Gibbs sampling software を使ってみる

今日のハナシ II

❻ おわり

統計モデルを理解してデータ解析をする

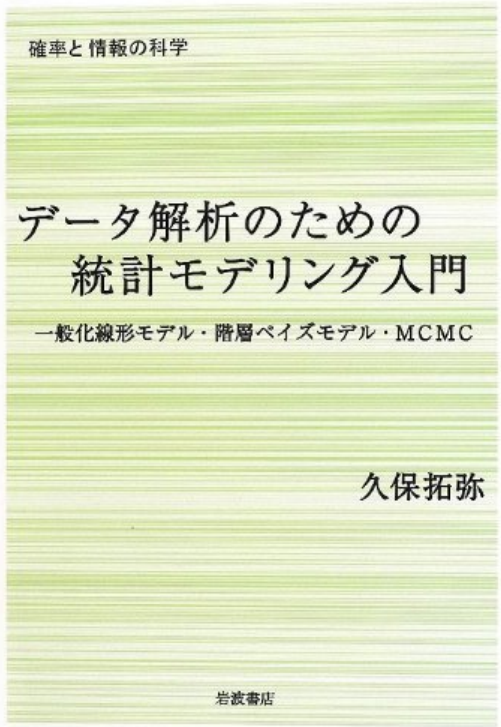


今日の内容と「統計モデリング入門」との対応

http://goo.gl/Ufq2

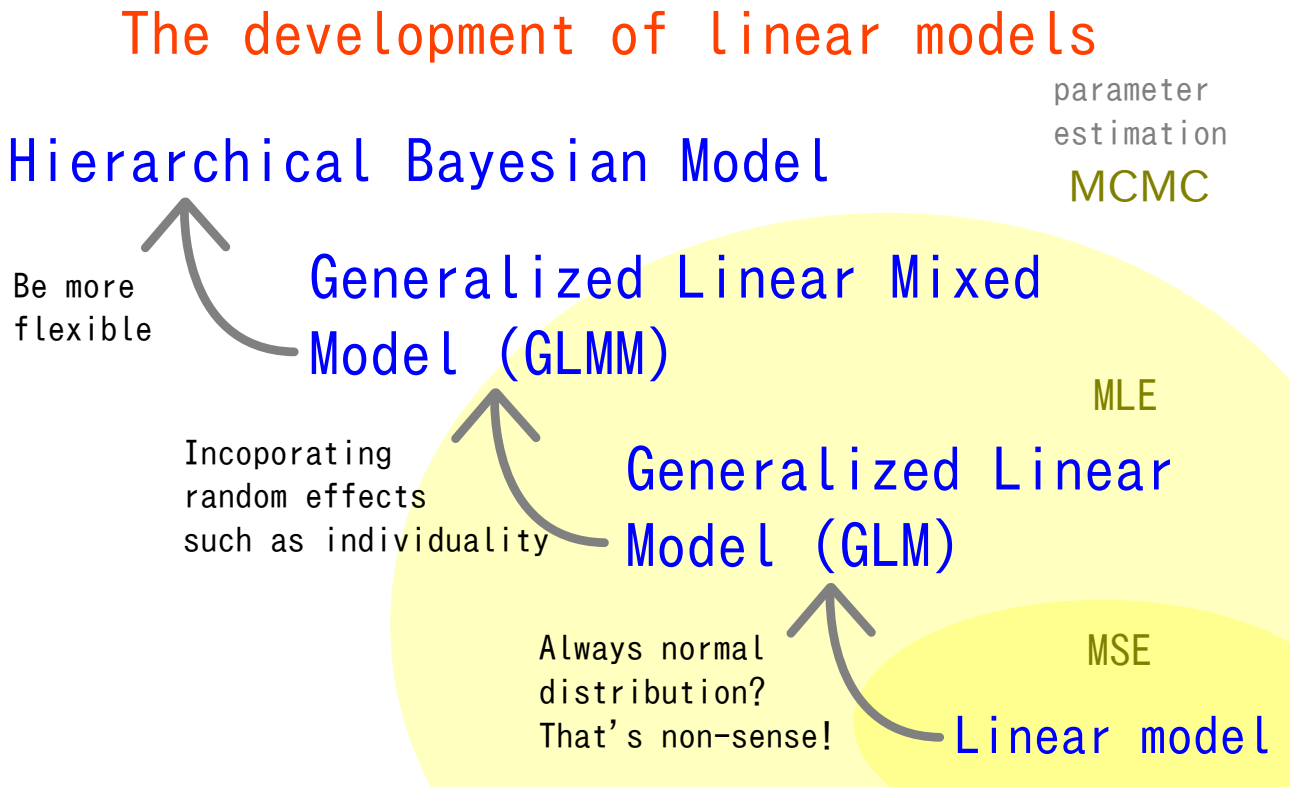
今日はおもに「第 8–10 章」の内容を説明します．

- **著者: 久保拓弥**
- **出版社: 岩波書店**
- 2012–05–18 **刊行**



より現実的・実戦的なデータ解析のために

- **一般化線形モデル** → **階層ベイズモデル**
- **最尤推定** → Markov chain Monte Carlo (MCMC)



統計モデルと「そのパラメーターをする方法」は本来はまったくべつの問題

Statistical modeling are the method to estimate parameters are independent, in pricipal

統計モデルと「そのパラメーターをする方法」は本来はまったくべつの問題

Statistical modeling are the method to estimate parameters are independent, in pricipal

しかし

一般化線形モデル (GLM) のパラメーターは

ほとんどの場合，最尤推定 (Maximum liklihood estimation)

the parameters in GLM are estimated using MLE, usually

より現実的なデータ解析につかう
一般化線形混合モデル (GLMM) ではどうか?
簡単であれば 最尤推定 (MLE)

For GLMM, as well

複雑な
一般化線形混合モデル (GLMM) ではどうか?
最尤推定 (MLE) は難しくなる

Too difficult to estimate parameters in complicated GLMMs

Markov chain Monte Carlo (MCMC) 法という パラメーター推定法はめんどうだけど 強力らしい

MCMC is a more powerful method to esitamte parameters

それでは，まず簡単な GLM を使って MCMC を勉強してみよう

Let us apply MCMC to an easy GLM as an instruction

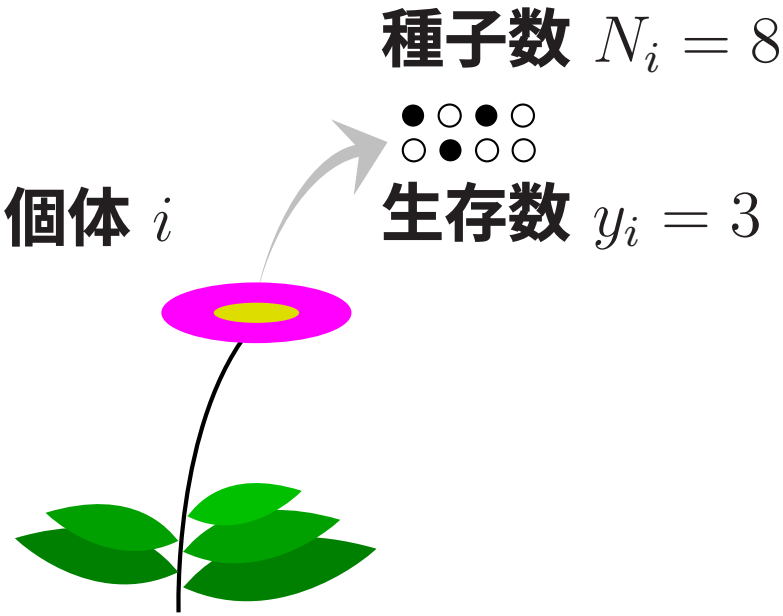
1. まずは簡単 GLM の最尤推定

最尤推定の復習の復習のため

example seed survivorship, again

例題：植物の種子の生存確率

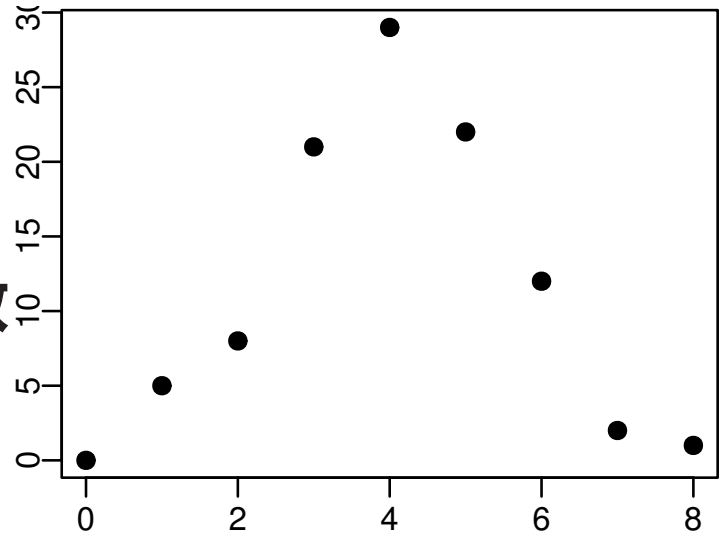
- 架空植物の種子の生存を調べた
- **種子**: 生きていれば発芽する
  - どの個体でも 8 個 の種子を調べた
- **生存確率**: ある種子が生きている確率



- データ: 植物 100 個体，合計 800 種子の生存の有無を調べた
- 問: この植物の生存確率はどのように統計モデル化できるか?

簡単すぎる例題: 生存確率は全個体で同じ (「個体差」なし)

個体ごとの生存数	0	1	2	3	4	5	6	7	8
観察された個体数	0	5	8	21	29	22	12	2	1



No individual differences, no random effects

binomial distribution

生存確率 q と　二項分布　の関係

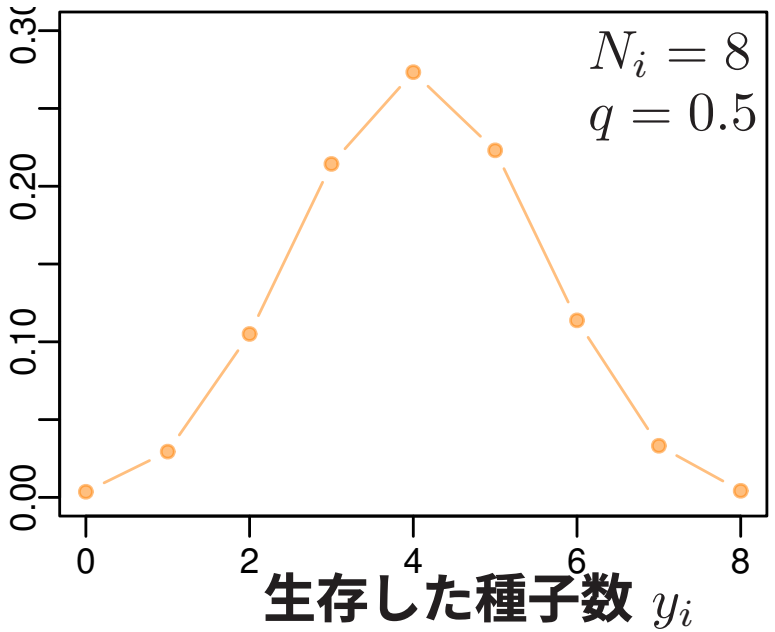
- 生存確率を推定するために**二項分布** という確率分布を使う
- 個体 i の N_i 種子中 y_i 個が生存する確率は二項分布

$$p(y_i \mid q) = \binom{N_i}{y_i} q^{y_i} (1-q)^{N_i - y_i},$$

- ここで仮定していること
  - **個体差はない**
  - つまり **すべての個体で同じ生存確率** q

二項分布で「N_i 個中の y_i 個」型データをあつかう

$$p(y_i \mid q) = \binom{N_i}{y_i} q^{y_i} (1-q)^{N_i - y_i},$$



尤度 (ゆうど): 100 個体ぶんのデータが観察される確率

- 観察データ $\{y_i\}$ が確定しているときに
- パラメータ q は値が自由にとりうると考える
- likelihood 尤度 は 100 個体ぶんのデータが得られる確率の積，パラメータ q の関数として定義される

$$L(q|\{y_i\}) = \prod_{i=1}^{100} p(y_i \mid q)$$

個体ごとの生存数	0	1	2	3	4	5	6	7	8
観察された個体数	0	5	8	21	29	22	12	2	1

対数尤度方程式と最尤推定

- この尤度 $L(q \mid \text{データ})$ を最大化するパラメータの推定量 $\hat{q}$ を計算したい
- 尤度を対数尤度になおすと

$$\log L(q \mid \text{データ}) = \sum_{i=1}^{100} \log \binom{N_i}{y_i} + \sum_{i=1}^{100} \{y_i \log(q) + (N_i - y_i) \log(1-q)\}$$

- この対数尤度を最大化するように未知パラメーター q の値を決めてやるのが**最尤推定**

maximum likelihood estimation

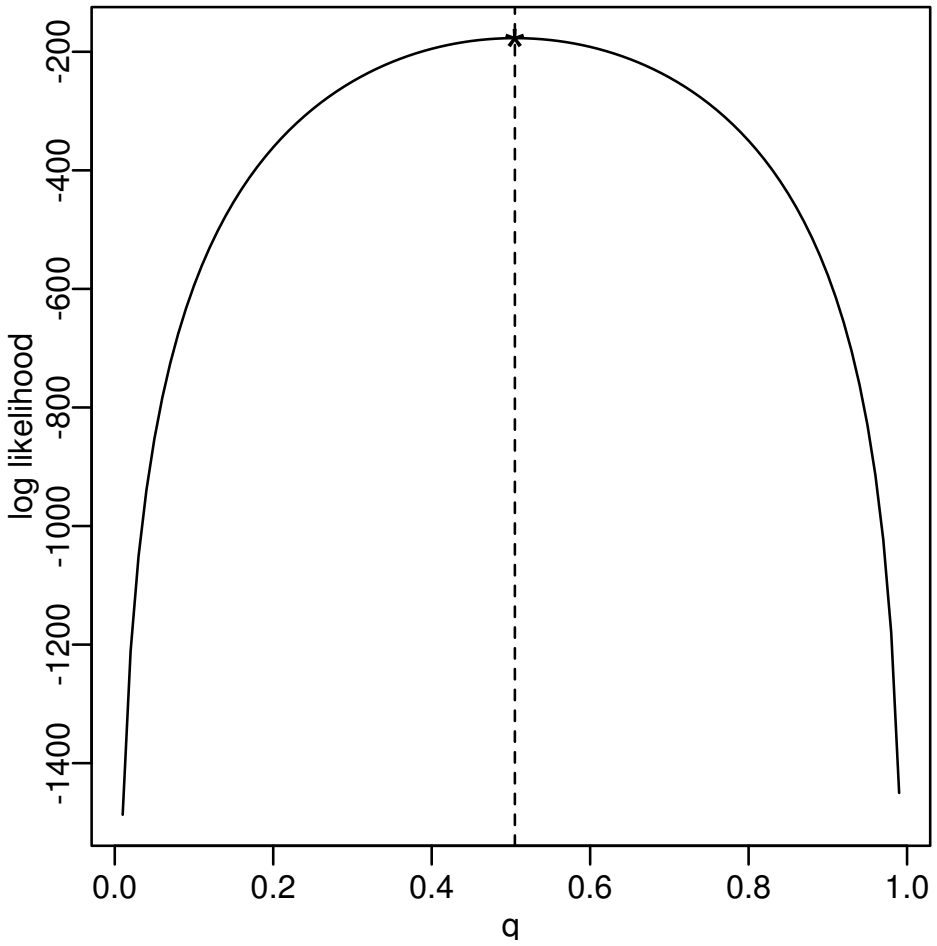
最尤推定 (MLE)　とは何か

- 対数尤度 $L(q \mid$ データ$)$ が最大になるパラメーター q の値をさがしだすこと

- 対数尤度 $\log L(q \mid$ データ$)$ を q で偏微分して 0 となる $\hat{q}$ が対数尤度最大

  $\partial \log L(q \mid$ データ$)/\partial q = 0$
- 生存確率 q が全個体共通の場合の最尤推定量・最尤推定値は

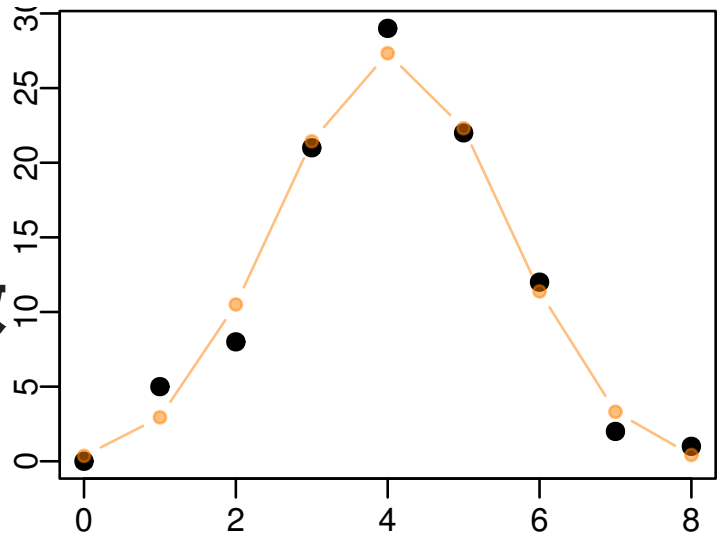
$$\hat{q} = \frac{\text{生存種子数}}{\text{調査種子数}} = \frac{404}{800} = 0.505$$



二項分布で説明された 8 種子中 y_i 個の生存

$\hat{q} = 0.505$ なので $\binom{8}{y} 0.505^y 0.495^{8-y}$

観察された
植物の個体数



生存していた種子数 y_i

2. 同じ統計モデルを MCMC であつかう

Markov chain Monte Carlo method

最尤推定と MCMC はどのようにちがうのか?

ここでやること: 尤度と MCMC の関係を考える

- さきほどの簡単な例題 (生存確率) のデータ解析を
- 最尤推定ではなく
- Markov chain Monte Carlo (MCMC) 法のひとつである
  Metropolis method
  メトロポリス法 であつかう
- 得られる結果: パラメーターの分布?

MCMC をもちださなくてもいい問題

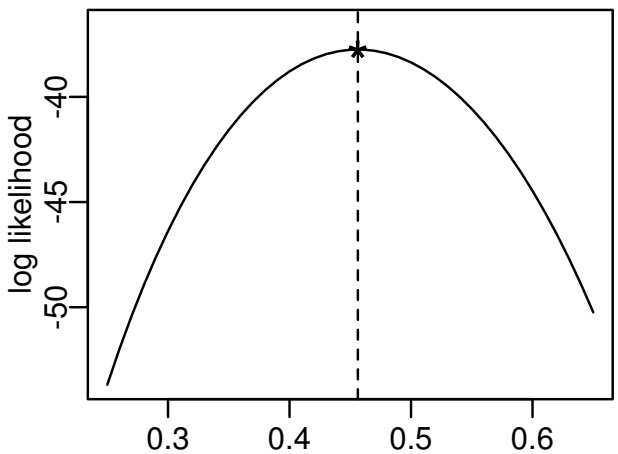
勉強のため

あえてメトロポリス法を適用してみる

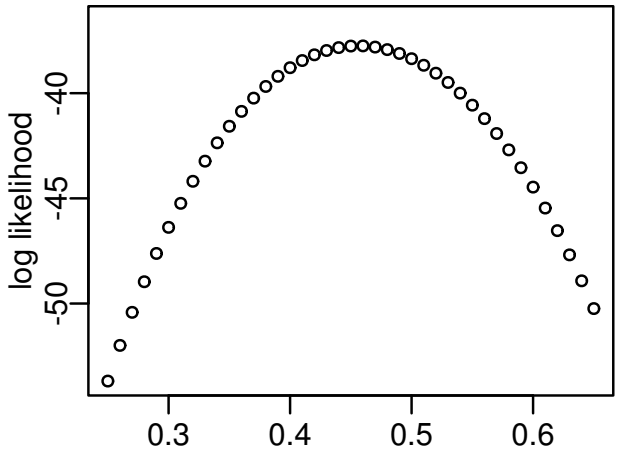
メトロポリス法紹介のための準備

連続的な対数尤度関数

$\log L(q)$



離散化: q **がとびとびの値をとる**

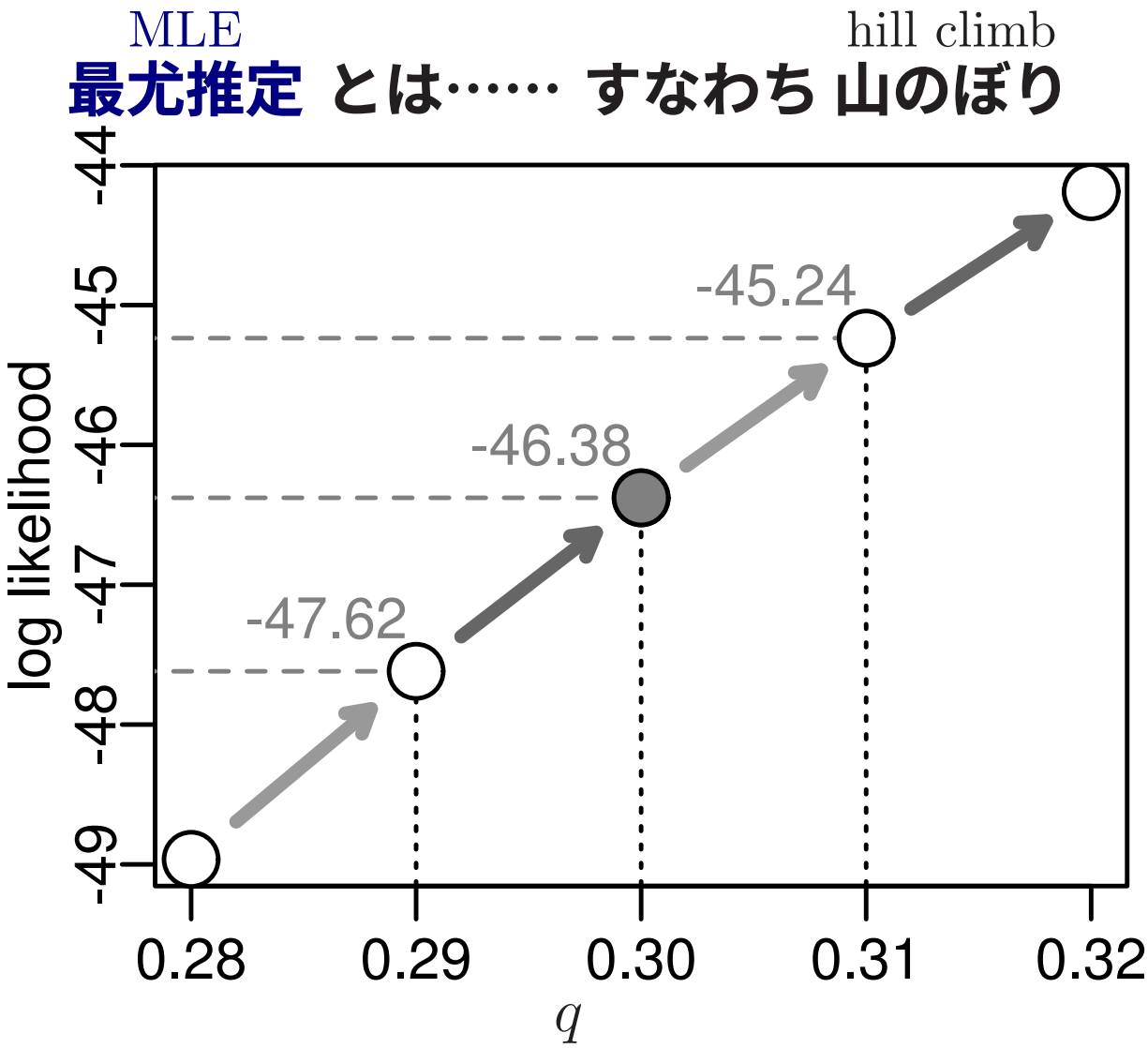


説明を簡単にするため

生存確率 q の軸を離散化する

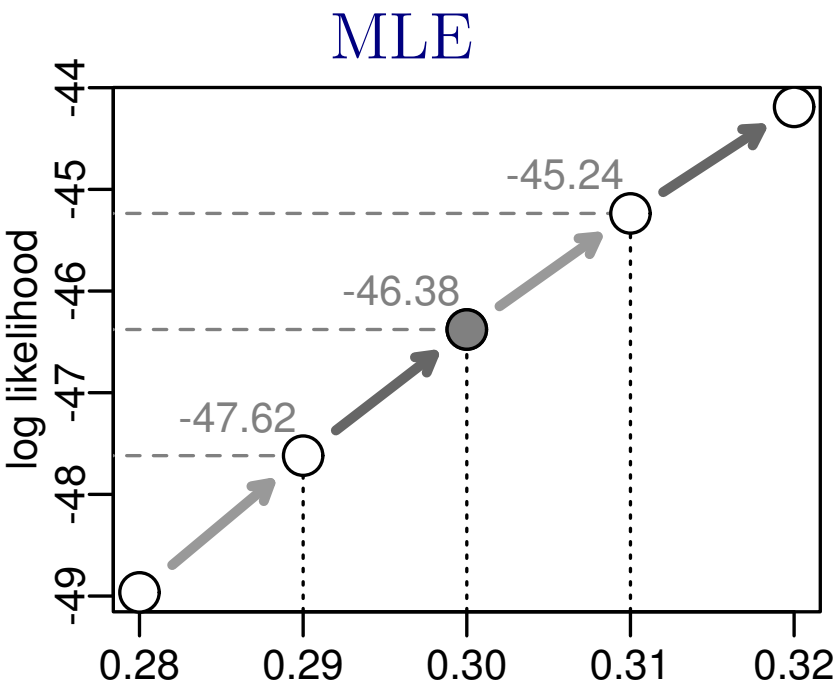
(実際には離散化する必要などない)

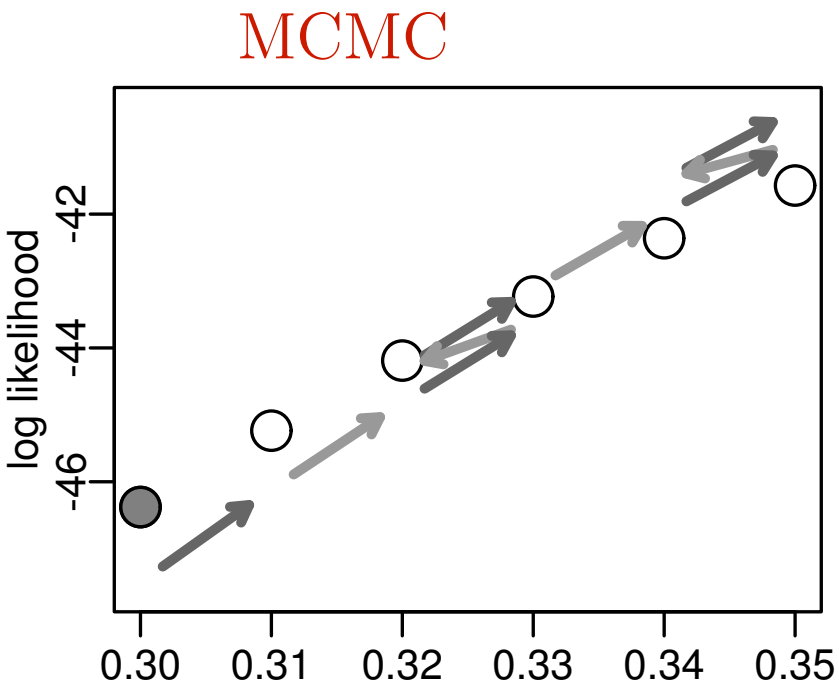
最尤推定法のルールで q を動かす



メトロポリス法のルールで q を動かす

メトロポリス法は MCMC アルゴリズムのひとつ





ランダムウォーク?

ちょっとちがう……

メトロポリス法のルール: この例題の場合

1. パラメーター q の初期値を選ぶ

   (ここでは q の初期値が 0.3)

2. q を増やすか減らすかをランダムに決める

   (新しく選んだ q の値を q_{new} としましょう)

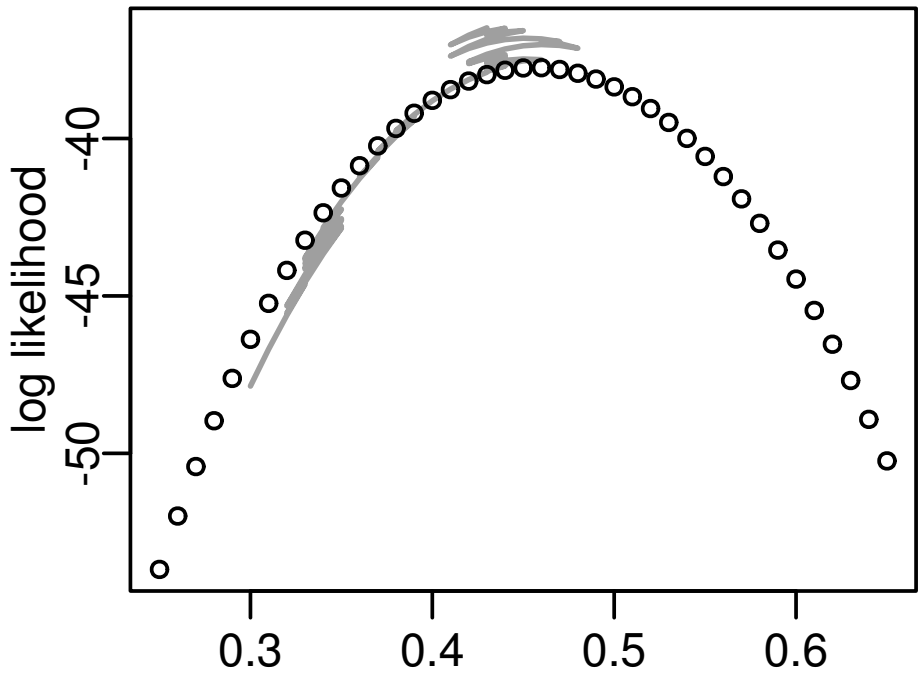
3. q_{new} における尤度 $L(q_{\mathrm{new}})$ ともとの尤度 $L(q)$ を比較
   - $L(q_{\mathrm{new}}) \geq L(q)$ (あてはまり改善): $q \leftarrow q_{\mathrm{new}}$
   - $L(q_{\mathrm{new}}) < L(q)$ (あてはまり改悪):
     - 確率 $r = L(q_{\mathrm{new}})/L(q)$ で $q \leftarrow q_{\mathrm{new}}$
     - 確率 $1 - r$ で q を変更しない

4. 手順 $2.$ にもどる

   ($q = 0.01$ や $q = 0.99$ でどうなるんだ，といった問題は省略)

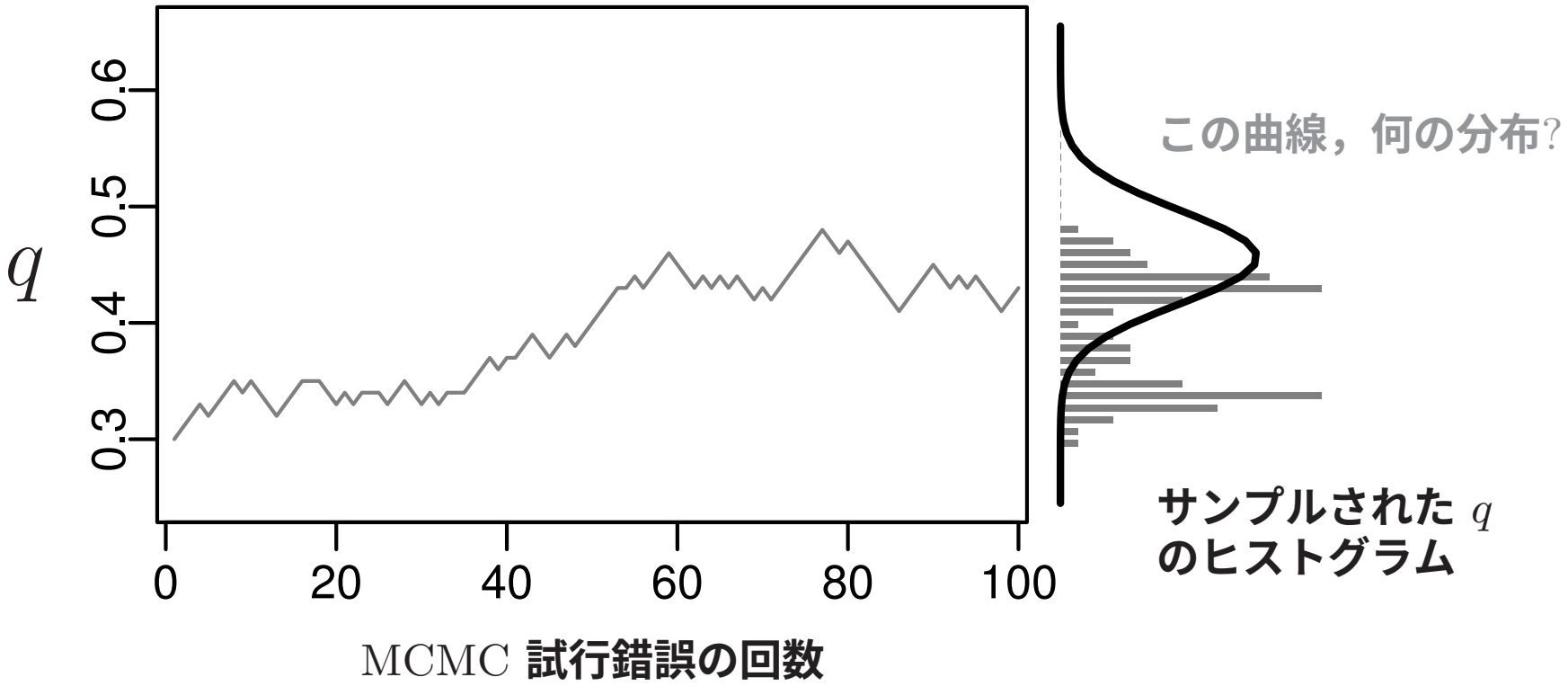
対数尤度関数の「山」でうろうろする生存確率 q

メトロポリス法の場合，山のてっぺんをうろうろ



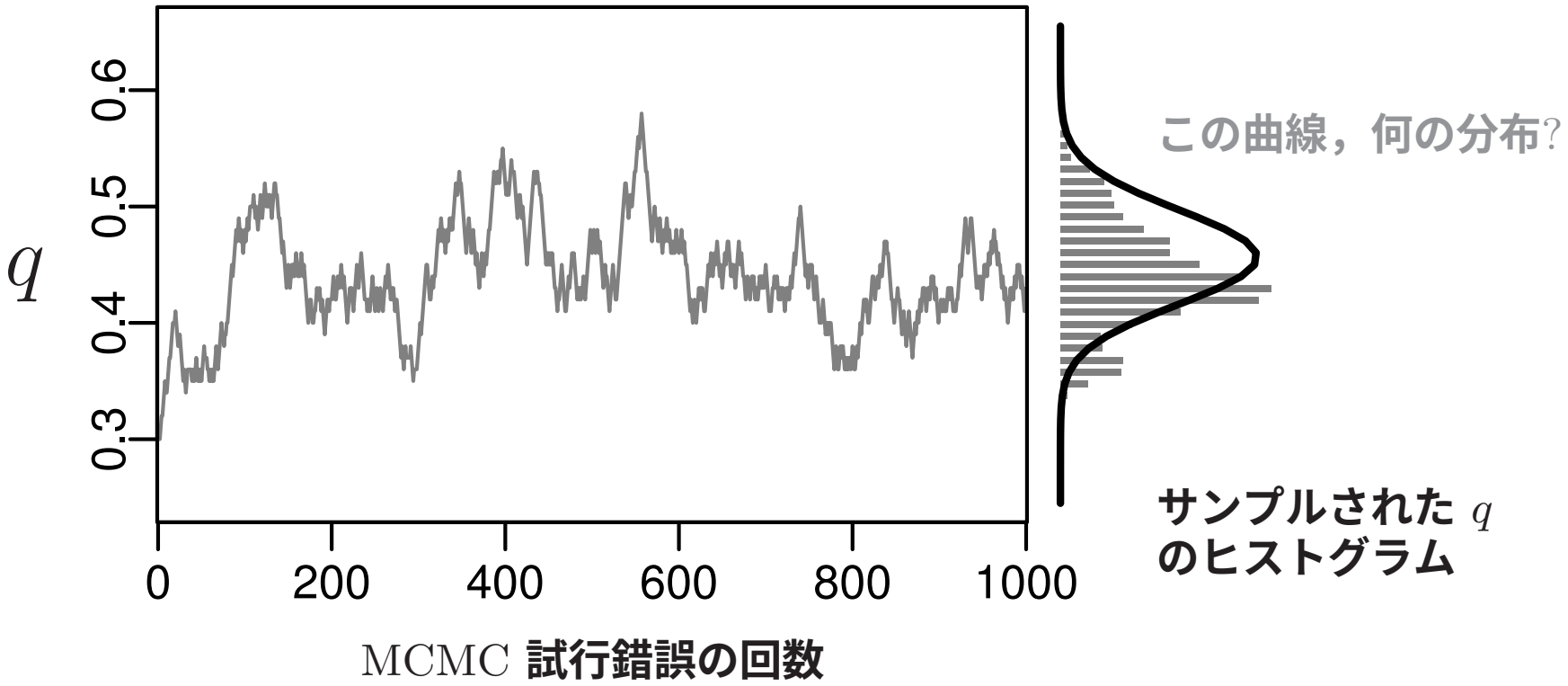
ときどきはでに落っこちる

MCMC ステップにそった q の変化



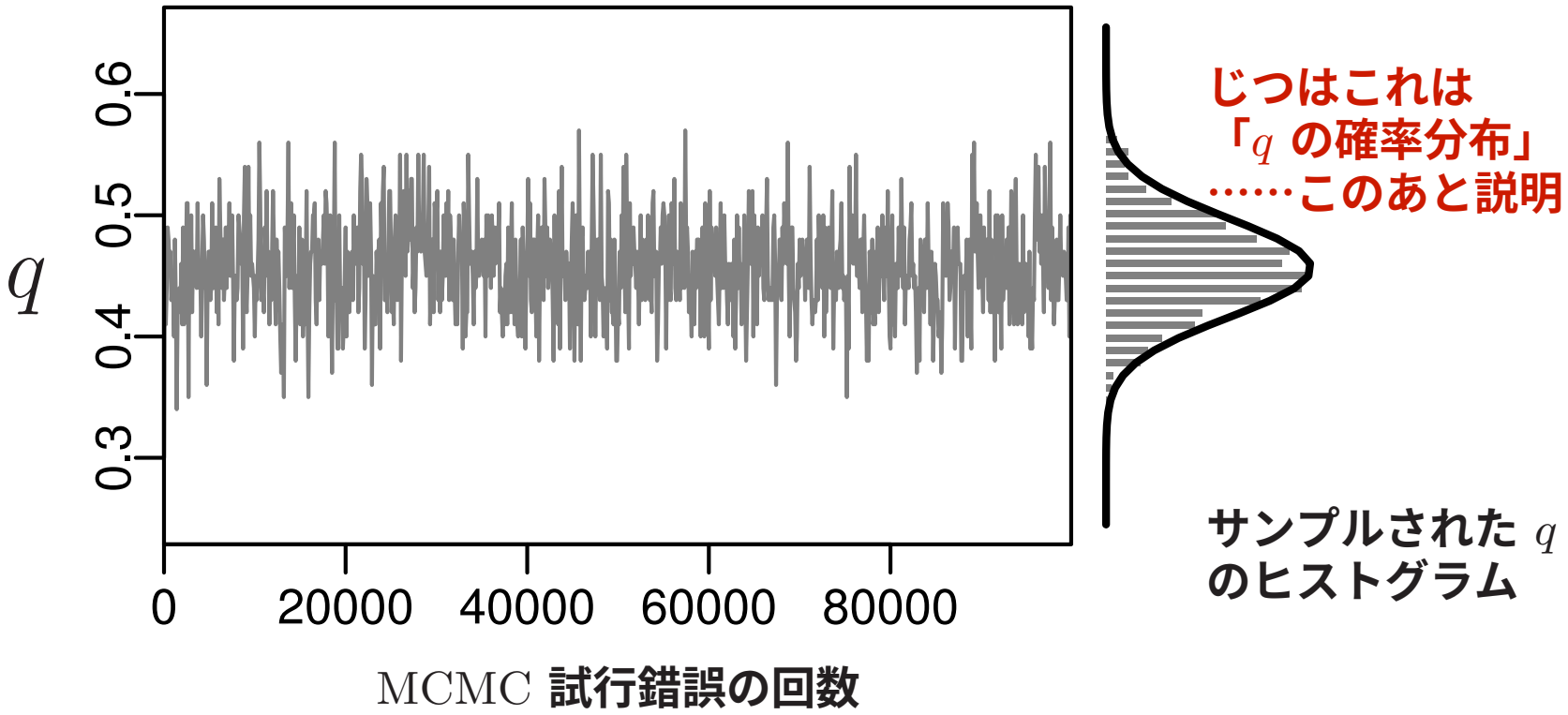
もっと試行錯誤してみたほうがいいのかな?

もっと長くサンプリングしてみる



まだまだ……?

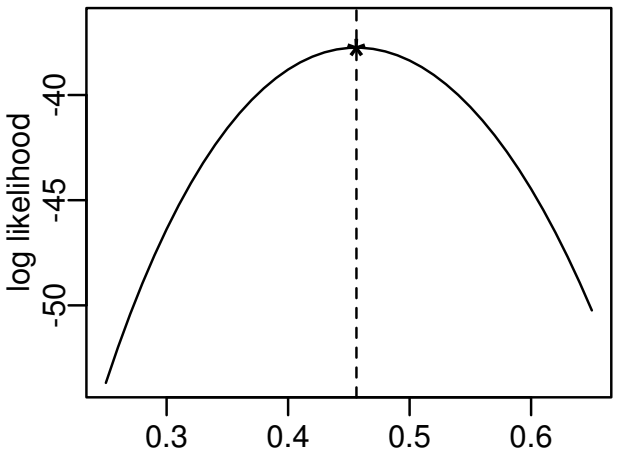
もっともっと長くサンプリングしてみる



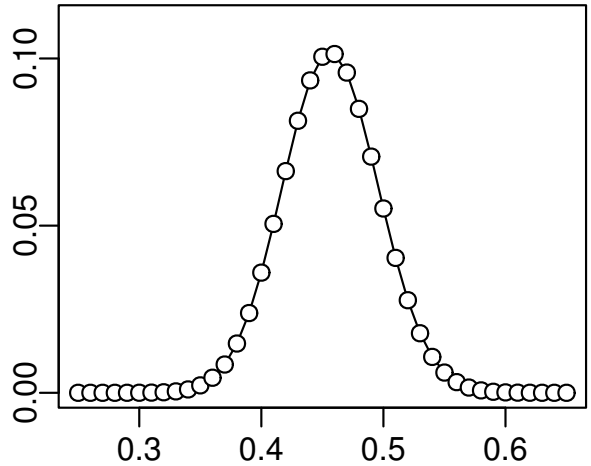
なんだか，ある「山」のかたちにまとまったぞ?

MCMC は何をサンプリングしている?

既出の対数尤度 $\log L(q)$



尤度 $L(q)$ **に比例する確率分布**

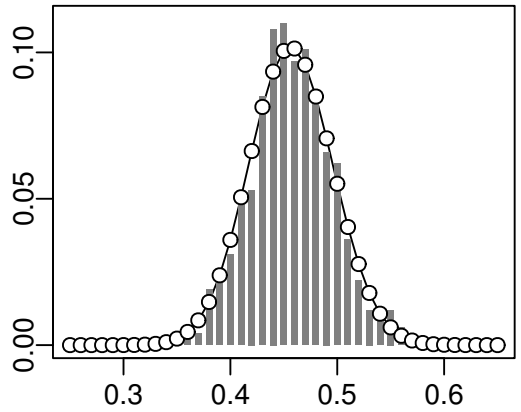


尤度に比例する確率分布からのランダムサンプル

(**「パラメーターの分布」と仮称**)

「マルコフ連鎖の収束定理」のおかげ

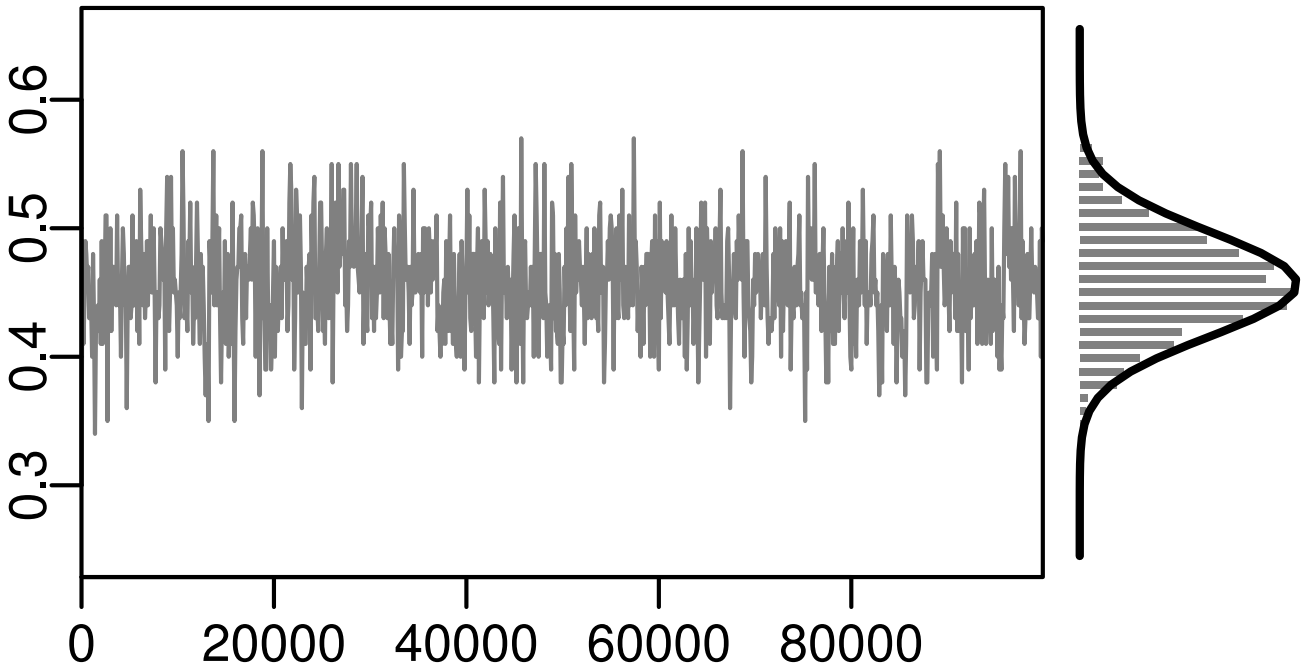
MCMC の結果として得られた「q の分布」



- データからえられる推定結果としては有用: 分布の平均や区間推定など
- 「パラメーターの分布」 …… ベイズ統計でいうところの**事後分布**

いったん整理: 尤度と MCMC の関係

- 統計モデルを作ると，あるデータのもとでの**尤度**が定義される
- この尤度に対して MCMC すると「尤度に比例する**パラメーターの分布**」からのランダムサンプルがえられる
- ベイズとの関連: これは**事後分布**からのサンプリングである



MCMC という推定方法から「パラメーター q の確率分布」という奇妙な考えかたがでてきた ……

MCMC generate “distribution of parameter q”?

「ふつう」の統計学では「パラメーターの確率分布」といった考えかたはしない，しかし ……

Frequentist statistics never supposes “distribution of q”

ベイズ統計学なら「パラメーターの確率分布」はぜんぜん自然な考えかただ

Bayesian statistics accepts "distribution of q"

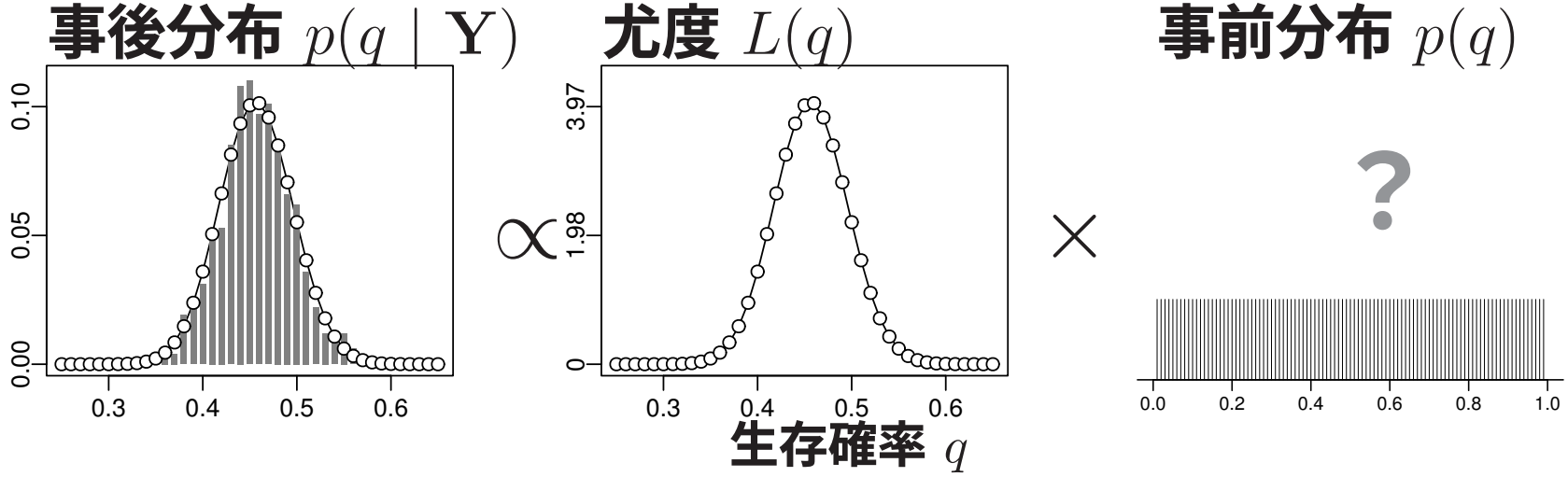
ベイズモデル: 尤度・事後分布・事前分布……

- ベイズの公式 $p(q \mid \mathbf{Y}) = \dfrac{p(\mathbf{Y} \mid q) \times p(q)}{p(\mathbf{Y})}$
- $p(q \mid \mathbf{Y})$ は何かデータ $(\mathbf{Y})$ のもとで何かパラメーター (q) が得られる確率 (事後分布)
- $p(q)$ はあるパラメーター q が得られる確率 (事前分布)
- $p(\mathbf{Y} \mid q)$ パラメーターを決めたときにデータが得られる確率 (尤度に比例)
- $p(\mathbf{Y})$ はデータ $\mathbf{Y}$ が得られる確率 (単なる規格化定数)

$$
\begin{aligned}
(\text{事後分布}) &\propto \frac{\text{尤度} \times \text{事前分布}}{(\text{データが得られる確率})} \\
&\propto \text{尤度} \times \text{事前分布}
\end{aligned}
$$

現在の例題で仮定している事前分布? (雑な議論・憶測)

q の事前分布は一様分布，と考えるとつじつまがあう?



prior distribution

事前分布　ってのがよくわからない……

3. GLMM は階層ベイズモデルの一種

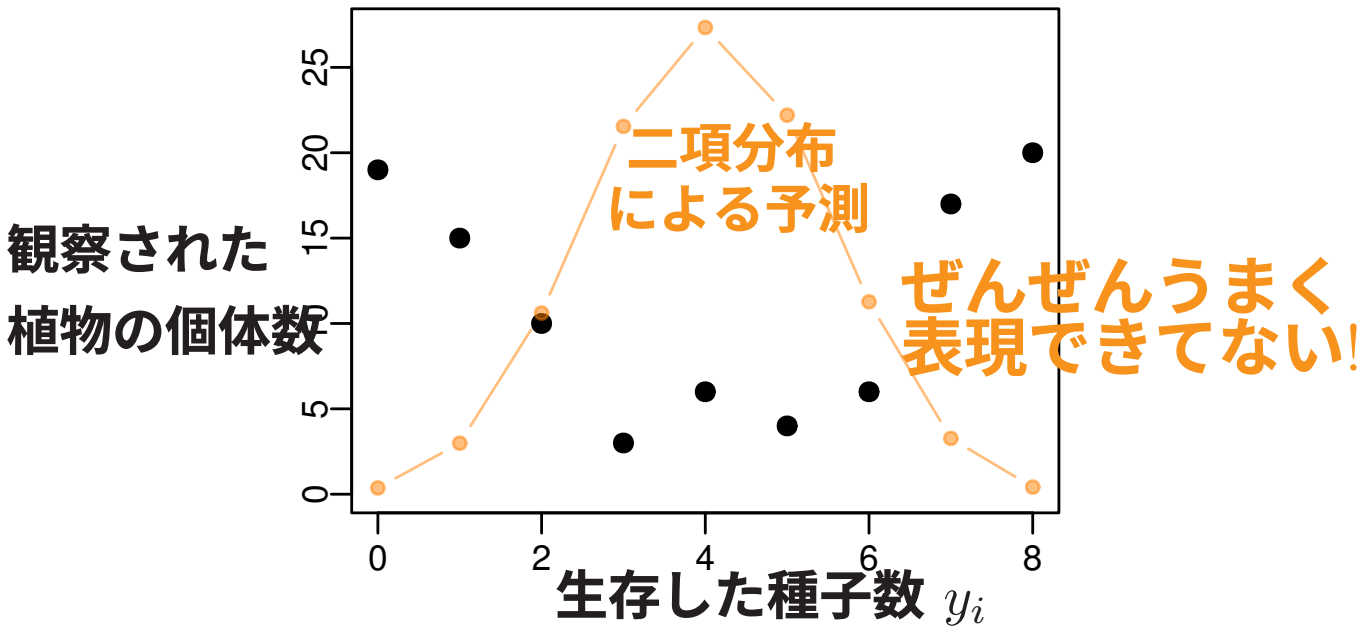
事前分布をどう選ぶかが重要

パラメーターの種類にあわせて

また別の観測データ：二項分布だめだめ?!

100 個体の植物の合計 800 種子中 403 個の生存が見られたので，

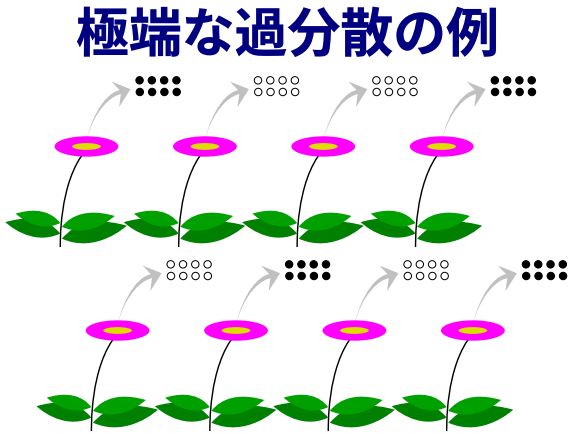
平均生存確率は 0.50 と推定されたが……

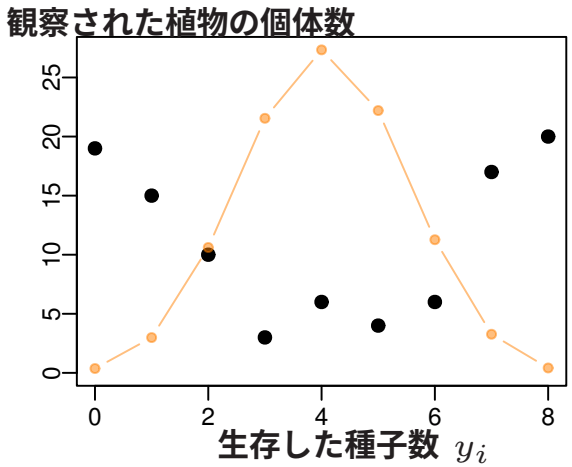


さっきの例題と同じようなデータなのに?

(「統計モデリング入門」第 10 章の最初の例題)

「個体差」 → 過分散 (overdispersion)





- 種子全体の平均生存確率は 0.5 ぐらいかもしれないが……
- 植物個体ごとに種子の生存確率が異なる: 「個体差」
- 「個体差」があると overdispersion が生じる
- 「個体差」の原因は観測できない・観測されていない

GLMM は fixed + random effects を考慮

線形モデルの伝統: 「個体ごとに異なる何かに由来する効果」を fixed/random effects にわけて統計モデル化する

- fixed effects 的な効果: 観測者がわざわざ設定・測定した要因 (実験処理，植物のサイズなど)，logit 変換された世界において生存確率の「効果の大きさ」を変える
  - この例題では fixed effects 的な要因なし
- random effects 的な効果: fixed effects 的ではない要因 (観測対象個体に関連する，人間が設定・測定していないすべて)
  - logit 変換された世界において生存確率の「効果の大きさ」を変えずにばらつきだけを変えると考える

モデリングやりなおし：まず二項分布の再検討

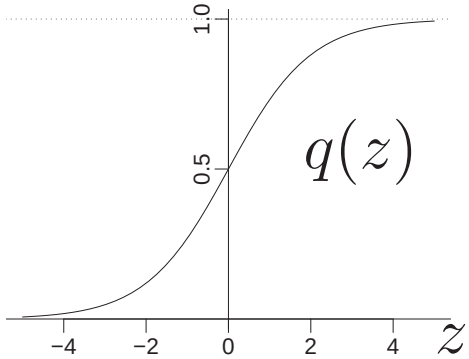
- 生存確率を推定するために **二項分布**という確率分布を使う
- 個体 i の N_i 種子中 y_i 個が生存する確率は二項分布

$$p(y_i \mid q_i) = \binom{N_i}{y_i} q_i^{y_i} (1 - q_i)^{N_i - y_i},$$

- ここで仮定していること
  - **個体差がある**
  - 個体ごとに異なる生存確率 q_i

ロジスティック関数で表現する生存確率

- そこで生存する確率 $q_i = q(z_i)$ をロジスティック (logistic) 関数 $q(z) = 1/\{1 + \exp(-z)\}$ で表現 (logit link function)



- 線形予測子 $z_i = a + r_i$ とする
  - パラメーター a: 全体の平均
  - パラメーター r_i: 個体 i の個体差 (ずれ)

個々の個体差 r_i を最尤推定するのはまずい

- 100 個体の生存確率を推定するために**パラメーター 101 個** (a と $\{r_1, r_2, \cdots, r_{100}\}$) を推定すると……
- 個体ごとに生存数 / 種子数を計算していることと同じ!
  (「データのよみあげ」と同じ)
- こう仮定すると問題がうまくあつかえないだろうか?
  - 個体間の生存確率はばらつくけど，そんなにすごく異ならない?
  - 観測データを使って，「個体差」にみられるパターンを抽出したい (統計モデル化)

さて，
ここで統計モデル作りの手順
をみなおしてみましょう

一般化線形モデル (GLM)

- **確率分布を決める**: **二項分布** $y_i \sim \mathrm{Binom}(8, q_i)$
- **リンク関数を決める**: $\mathrm{logit}(q_i) = ($**線形予測子** $z_i)$
- **線形予測子を決める**: $z_i = a$

一般化線形混合モデル (GLMM)

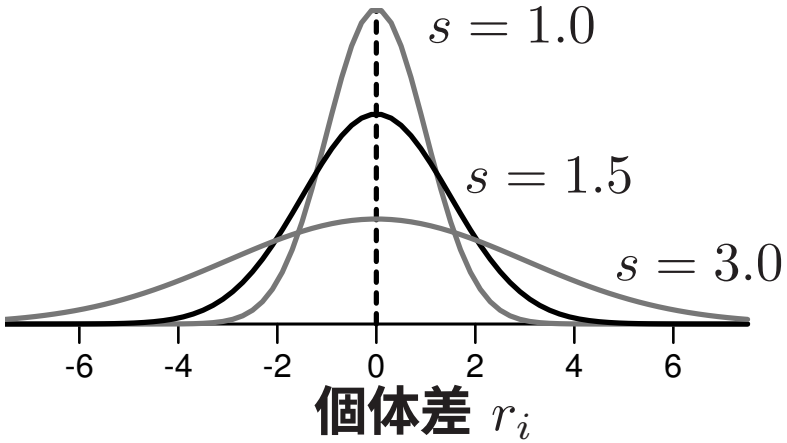
- **確率分布を決める**: **二項分布** $y_i \sim \mathrm{Binom}(8, q_i)$
- **リンク関数を決める**: $\mathrm{logit}(q_i) =$ (**線形予測子** z_i)
- **線形予測子を決める**: $z_i = a + r_i$
  - a **は** global parameter, r_i **は** random effects **の** local parameter
- r_i **の確率分布を決める** (**平均ゼロの正規分布とか**)

ベイズな一般化線形混合モデル (Bayesian GLMM)

- **確率分布を決める**: **二項分布** $y_i \sim \mathrm{Binom}(8, q_i)$
- **リンク関数を決める**: $\mathrm{logit}(q_i) =$ (**線形予測子** z_i)
- **線形予測子を決める**: $z_i = a + r_i$
  - a **は** global parameter, r_i **は** random effects **の** local parameter
- r_i **の事前分布を決める** (**平均ゼロの正規分布**?)
- a **の事前分布を決める** (**あとで検討**)

ベイズモデル化: r_i の事前分布

前回の授業で $\{r_i\}$ は正規分布にしたがうと仮定したが
ベイズ統計モデリングでは 「100 個の r_i たちに
共通する事前分布として正規分布 を指定した」
ということになる

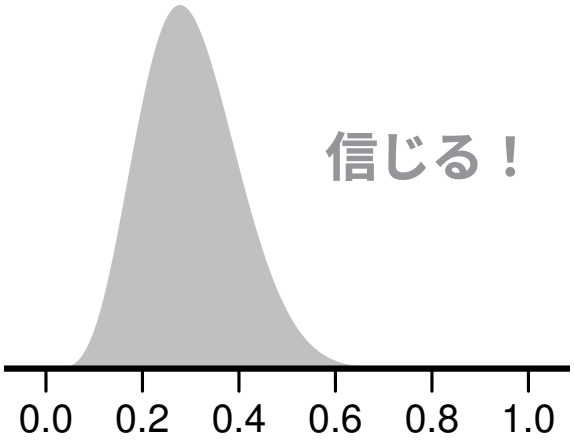


$$p(r_i \mid s) = \frac{1}{\sqrt{2\pi s^2}} \exp\left(-\frac{r_i^2}{2s^2}\right)$$

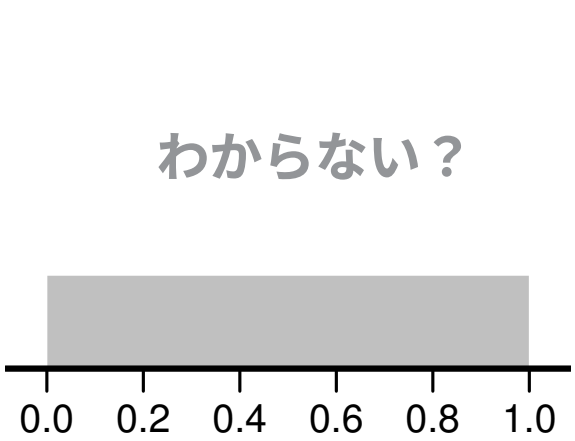
三種類の事前分布

たいていのベイズ統計モデルでは，ひとつのモデルの中で複数の種類の事前分布を混ぜて使用する．

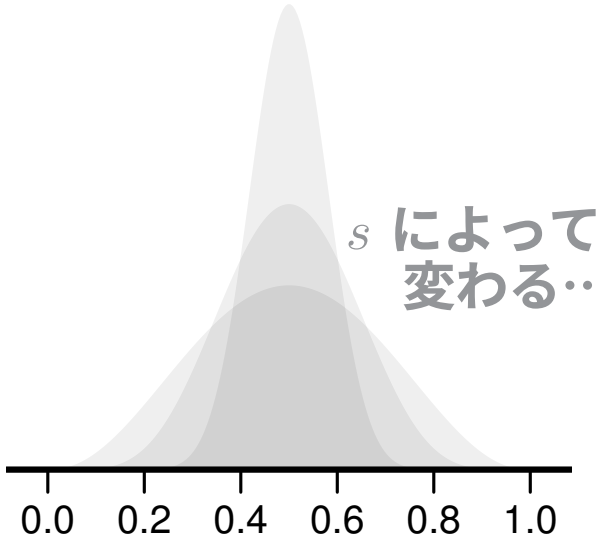
(A) **主観的な事前分布**



(B) **無情報事前分布**

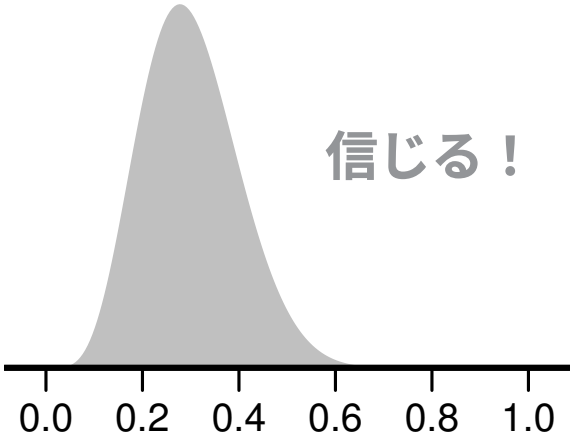


(C) **階層事前分布**

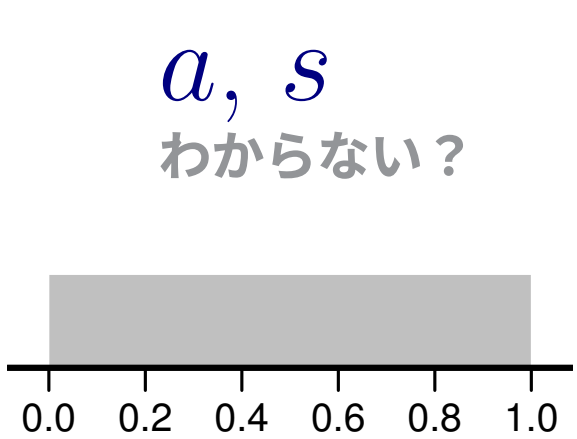


パラメーターごとに事前分布を選ぶ

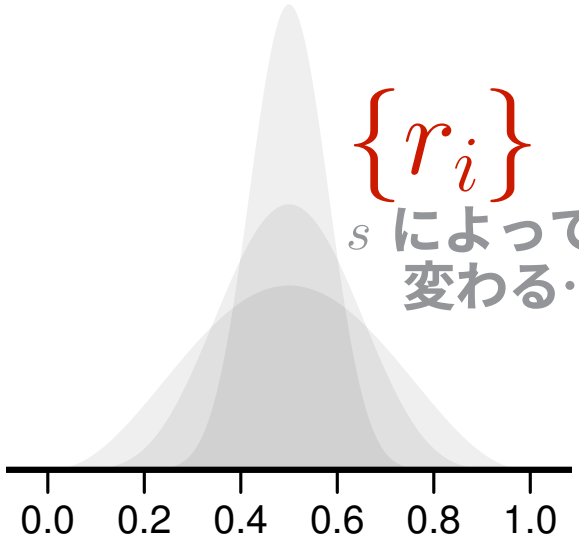
(A) 主観的な事前分布



(B) 無情報事前分布



(C) 階層事前分布

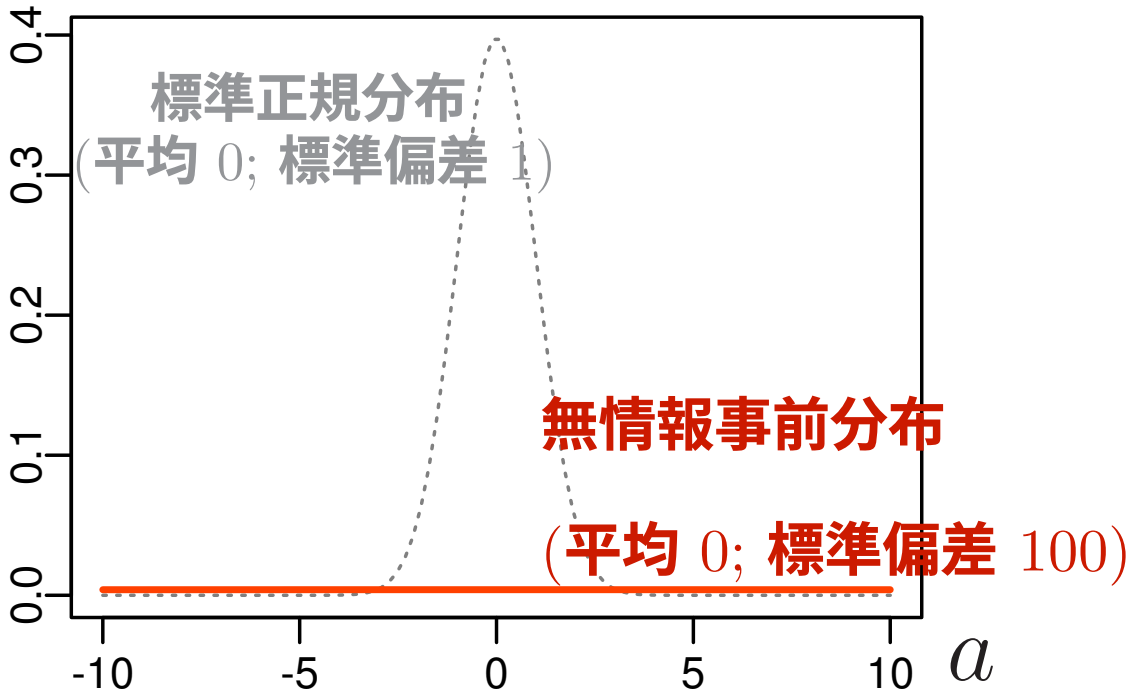


パラメーターの種類	説明する範囲	同じようなパラメーターの個数	事前分布
全体に共通する平均・ばらつき	global 大域的	少数	無情報事前分布
個体・グループごとのずれ	local 局所的	多数	階層事前分布

個体差 $\{r_i\}$ のばらつき s の無情報事前分布

- σ はどのような値をとってもかまわない
- そこで s の事前分布は **無情報事前分布** (non-informative prior) とする
- たとえば一様分布
  - とりあえず，ここでは $0 < s < 10^4$ の一様分布としてみる

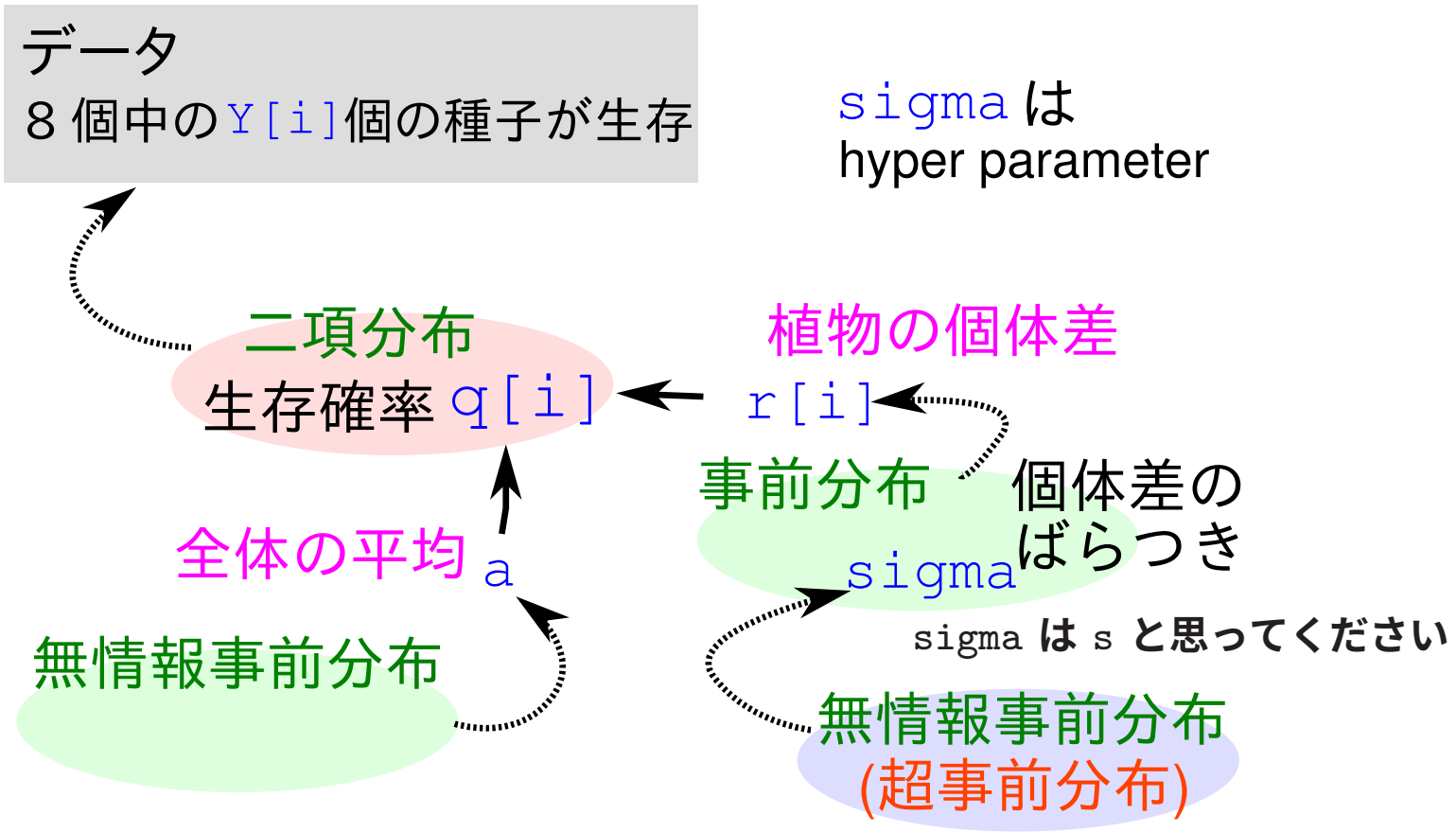
全個体の「切片」 a の無情報事前分布



「生存確率の (logit) 平均 a は何でもよい」と表現している

なぜ「階層」ベイズモデルと呼ばれるのか?

超事前分布 → 事前分布という階層があるから



矢印は手順ではなく，依存関係をあらわしている

4. MCMC のためのソフトウェア

事後分布からサンプリングしたい

Gibbs sampling

階層ベイズモデリング，その手順のまとめ

- 観測データを説明できそうな確率分布を選ぶ
- その確率分布の平均・分散などのモデリング
- パラメーターの**事前分布**を設定する
  - 階層的な事前分布 — 個体差・場所差など
  - 無情報事前分布 — いわゆる「処理の効果」など
- モデリングできたら，**事後分布**を推定する
  - 例: MCMC 計算によって事後分布からのサンプルを得る
- 事後分布を解釈する

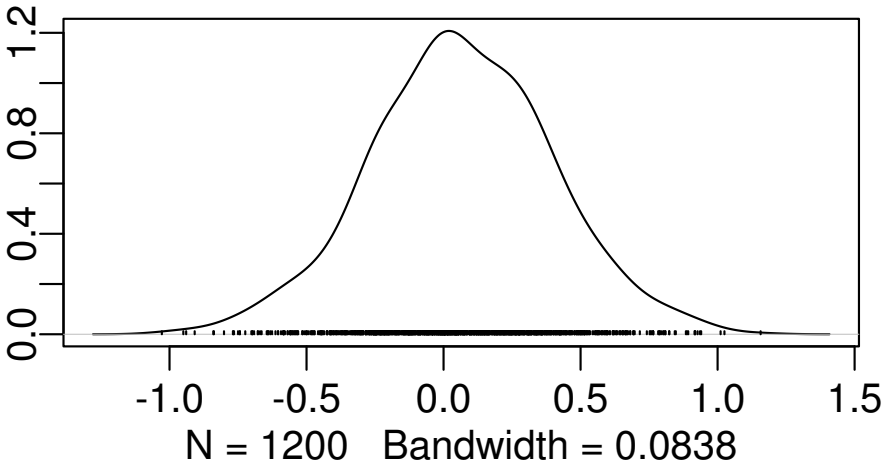
MCMC による事後分布からのサンプリング

- Markov Chain Monte Carlo : 単純な乱数を うまく つかって「あつかいづらい」確率分布からランダムサンプルを得る方法 (アルゴリズム)
- ある種のデータを解析するためには階層ベイズモデルが必要
- そういったベイズモデルを観測データに「あてはめ」てパラメーター推定するためには MCMC が役にたつ，ということにしたい (MCMC 利用法のひとつ)

再確認:「事後分布からのサンプル」って何の役にたつの?

```
> post.mcmc[,"a"] # 事後分布からのサンプルを表示
 [1] -0.7592 -0.7689 -0.9008 -1.0160 -0.8439 -1.0380 -0.8561 -0.9837
 [9] -0.8043 -0.8956 -0.9243 -0.9861 -0.7943 -0.8194 -0.9006 -0.9513
[17] -0.7565 -1.1120 -1.0430 -1.1730 -0.6926 -0.8742 -0.8228 -1.0440
... （以下略） ...
```

これらのサンプルの平均値・中央値・95% 区間を
調べることで事後分布の概要がわかる



どのようなソフトウェアで MCMC 計算するか?

1. 自作プログラム
   - 利点: 問題にあわせて自由に設計できる
   - 欠点: 階層ベイズモデル用の MCMC プログラミング，けっこうめんどう
2. R のベイズな package
   - 利点: 空間ベイズ統計など便利な専用 package がある
   - 欠点: 汎用性，とぼしい
3. 「できあい」の Gibbs sampler ソフトウェア
   - 利点: 幅ひろい問題に適用できて，便利
   - 欠点: 「まちがいさがし」 (debug) がめんどう

統計ソフトウェア R

http://www.r-project.org/

R だけで何とかなる: 経験ベイズ法 (1)

今回の例題の事後分布 $(\mathbf{Y} = \{y_i\}$ **はデータ**$)$

$$p(a, \{r_i\}, s \mid \mathbf{Y}) \propto \prod_{i=1}^{100} p(y_i \mid q(a + r_i))\ p(a)\ p(r_i \mid s)\ p(s)$$

積分で「個体差」 r_i **を消して，周辺尤度を定義する**

$$L(a, s \mid \mathbf{Y}) = \prod_{i=1}^{100} \int_{-\infty}^{\infty} p(y_i \mid q(a + r_i))\ p(r_i \mid s) dr_i$$

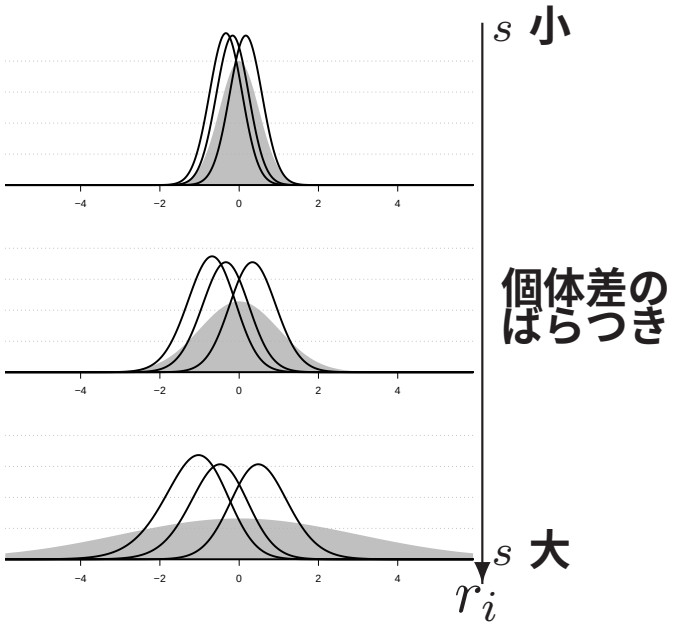
これを最大化する $\hat{a}$ **と** $\hat{s}$ **を推定すればよい**

R だけで何とかなる: 経験ベイズ法 (2)

いまあつかっている例題はあまりにも簡単なので，R の
`library(glmmML)` **の** `glmmML()` **関数で対処できてしまう**

`glmmML(cbind(y, N - y) ~ 1, family = binomial,` **などなど指定**`)`

- **最も良さそうな「『個体差』の幅」を探している**
- **同時に全個体共通の a も探している**



だったら R だけで何とかなる?

GLMM は階層ベイズモデルの一部

- R にはいろいろな GLMM 推定関数が準備されている
  - `library(glmmML)` の `glmmML()`
  - `library(lme4)` の `lmer()`
  - `library(nlme)` の `nlme()` (正規分布のみ)
  - `library(MCMCglmm)` の `MCMCglmm()`
- しかしながらもうちょっと複雑な GLMM では……**無理**
  (推定計算がうまくいかない)
  - `MCMCglmm()` を使いこなせば対処できるけど

MCMC の使い方を勉強しよう

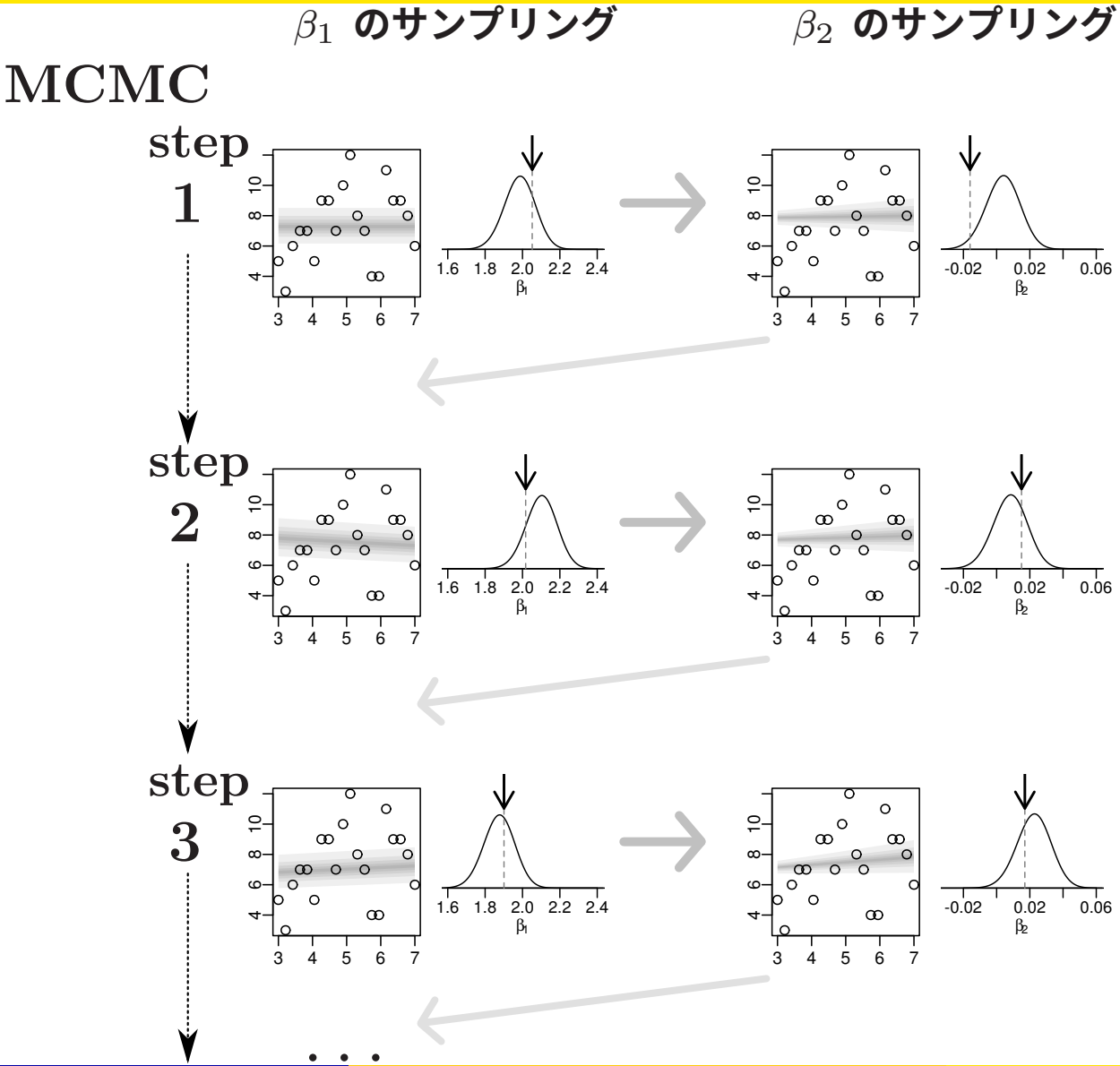
いろいろな MCMC

- **メトロポリス法**: 試行錯誤で値を変化させていく MCMC
  - メトロポリス・ヘイスティングス法: その改良版
- **ギブス・サンプリング**: 条件つき確率分布を使った MCMC
  - 普通は複数の変数 (パラメーター・状態) のサンプリングのためにもちいる
- ここからあとで登場する MCMC はギブス・サンプリングと考えてください

Gibbs sampling とは何か?

- MCMC アルゴリズムのひとつ
- 複数のパラメーターの MCMC サンプリングに使う
- 例: パラメーター β_1 と β_2 の Gibbs sampling
  1. β_2 に何か適当な値を与える
  2. β_2 の値はそのままにして，その条件のもとでの β_1 の MCMC sampling をする
  3. β_1 の値はそのままにして，その条件のもとでの β_2 の MCMC sampling をする
  4. 2. – 3. をくりかえす
- 教科書の第 9 章の例題で説明

図解: Gibbs sampling (統計モデリング入門の第 9 章)



5. 階層ベイズモデルの推定

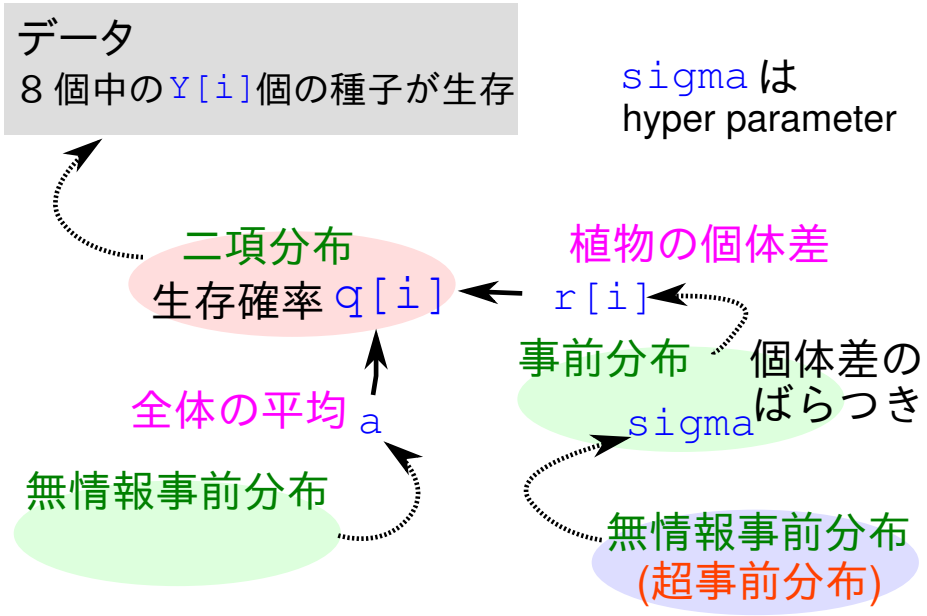
Gibbs sampling software を使ってみる

かなりはしょった説明です …… すみません!

ここまでの用語の整理

- **階層ベイズモデル**

$$(\text{事後分布}) \propto (\text{尤度}) \times (\text{事前分布}) \times (\text{超事前分布})$$



- **事後分布の推定計算方法**: **Markov Chain Monte Carlo (MCMC) 法**

種子の生存確率の例題の事後分布は?

$$p(a, \{r_i\}, s \mid \textbf{データ}) = \frac{\prod_{i=1}^{100} p(y_i \mid q(a + r_i))\ p(a)\ p(r_i \mid s)\ p(s)}{\iint \cdots \int (\textbf{分子} \uparrow \textbf{そのまま})\ dr_i\ ds\ da}$$

分母は何か定数になるので

$$p(a, \{r_i\}, s \mid \textbf{データ}) \propto \prod_{i=1}^{100} p(y_i \mid q(a+r_i))\ p(a)\ p(r_i \mid s)\ p(s)$$

この事後分布から Gibbs sampling してみる

サンプリングの対象とするパラメーター以外は値を固定する

$$
\begin{aligned}
p(a \mid \cdots) &\propto \prod_{i=1}^{100} p(y_i \mid q(a + r_i))\ p(a) \\
p(s \mid \cdots) &\propto \prod_{i=1}^{100} p(r_i \mid s)\ p(s) \\
p(r_1 \mid \cdots) &\propto p(y_1 \mid q(a + r_1))\ p(r_1 \mid s) \\
p(r_2 \mid \cdots) &\propto p(y_2 \mid q(a + r_2))\ p(r_2 \mid s) \\
&\vdots \\
p(r_{100} \mid \cdots) &\propto p(y_{100} \mid q(a + r_{100}))\ p(r_{100} \mid s)
\end{aligned}
$$

便利な “BUGS” 汎用 Gibbs sampler たち

- BUGS でベイズモデルを記述できるソフトウェア
  - WinBUGS — 評: 「とりあえず，これしかない」って現状?
  - OpenBUGS — 評: ココロザシは高いんでしょうけど，どうなってんの?
  - JAGS — 評: じりじりと発展中，がんばってください
  - Stan — 評: 期待の新鋭
- リンク集: http://hosho.ees.hokudai.ac.jp/~kubo/ce/BayesianMcmc.html

BUGS 言語: ベイズモデルを記述する言語

- Spiegelhalter et al. 1995. BUGS: Bayesian Using Gibbs Sampling version 0.50.

BUGS コードで定義された階層ベイズモデルの例

```
model {
    for (i in 1:N.sample) {
        Y[i] ~ dbin(q[i], N[i])
        logit(q[i]) <- a + r[i]
    }
    a ~ dnorm(0, 1.0E-4)
    for (i in 1:N.sample) {
        r[i] ~ dnorm(0, tau)
    }
    tau <- 1 / (s * s)
    s ~ dunif(0, 1.0E+4)
}
```

なんとなく使われ続けている WinBUGS 1.4.3

- おそらく世界でもっともよく使われている Gibbs sampler
- BUGS 言語の実装
- 2004-09-13 に最新版 (ここで開発停止 → OpenBUGS)
- ソースなど非公開，無料，ユーザー登録不要
- Windows バイナリーとして配布されている
  - Linux 上では WINE 上で動作
  - MacOS X 上でも Darwine など駆使すると動くらしい
- ヘンな GUI (Linux ユーザーの偏見)
- R ユーザーにとっては R2WinBUGS が快適 (後述)

WinBUGS は Gibbs sampling しているのか?

よくある質問: WinBUGS は Gibbs sampling してるの?

- 事前分布・尤度の組みあわせによって，サンプリング方法を自動的に変更している
  - 共役事前分布がない場合は，さまざまな数値的な方法を使う
- ユーザーはそのあたりをまったく指定する必要なし (指定できない)

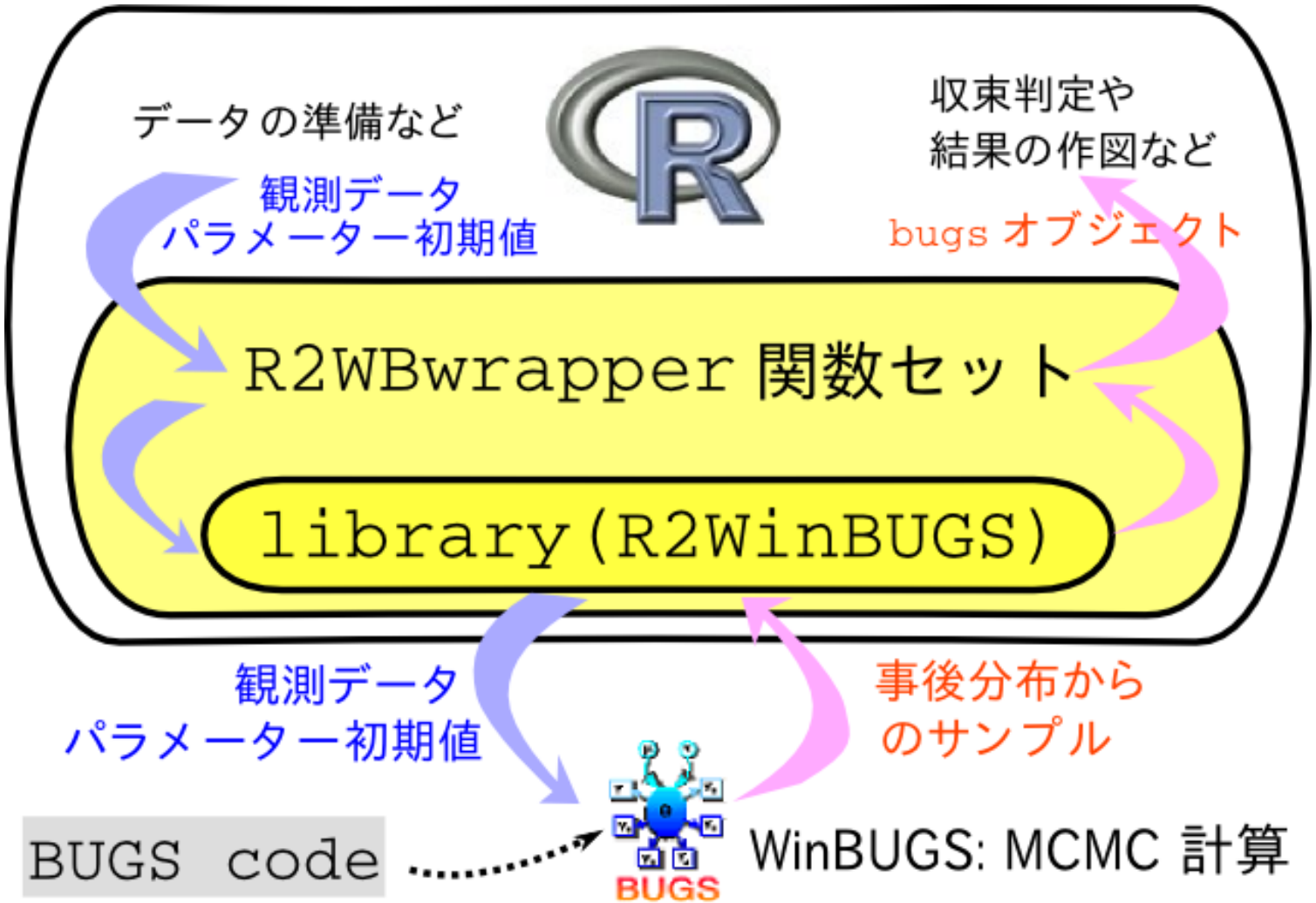
くわしくは WinBUGS のマニュアル読みましょう

http://www.google.com/search?q=winbugs+user+manual

今回説明する WinBUGS の使いかた (概要)

- WinBUGS を R から使う
  - R から WinBUGS をよびだし「このベイズモデルのパラメーターの事後分布をこういうふうに MCMC 計算してね」と指示する
  - WinBUGS が得た事後分布からのサンプルセットを R がうけとる
- R の中では `library(R2WinBUGS)` package を使う `R2WBwrapper` 関数 (久保作) を使う

概要: R2WBwrapper 経由で WinBUGS を使う



なんで WinBUGS を R 経由で使うの?

- WinBUGS のユーザーインターフェイスを使うのがめんどうだから
- どうせ解析に使うデータは R で準備するから
- どうせ得られた出力は R で解析・作図するから
- R には R2WinBUGS という (機能拡張用) package があって，R から WinBUGS を使うしくみが準備されてるから
  - R 上で install.packages("R2WinBUGS") でインストールできる

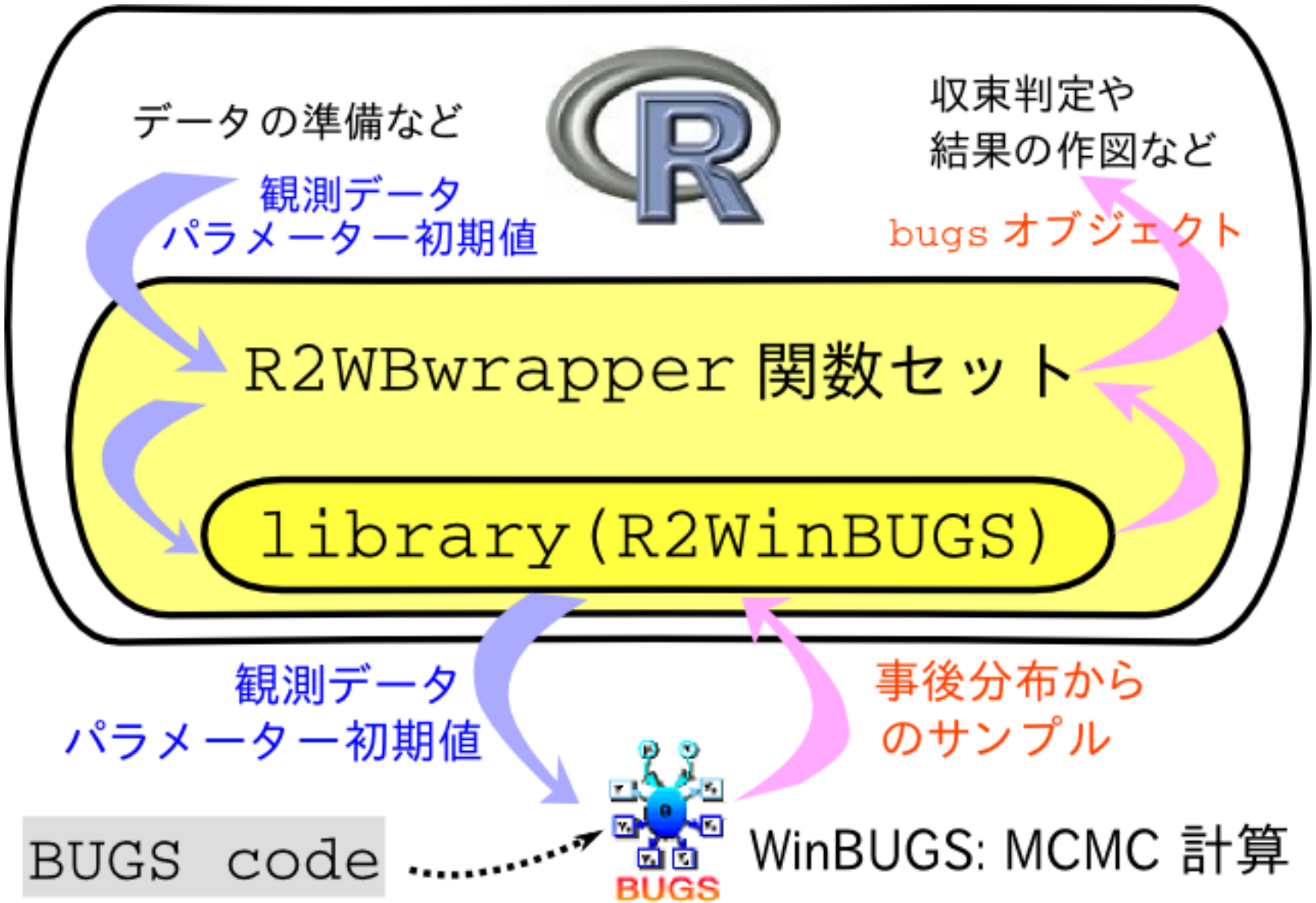
なんで R2WinBUGS をラップして使うの?

- R2WinBUGS 直接利用がめんどうだから
  - モデルをちょっと変更したらあちこち書きなおさないといけない
  - R2WBwrapper を使うとそのあたりがかなりマシになる
- Linux と Windows で「呼びだし」方法がびみょーに異なるため
  - R2WBwrapper を使うと自動的に OS にあわせた WinBUGS よびだしをする

R2WBwrapper 経由で WinBUGS を使う (1)

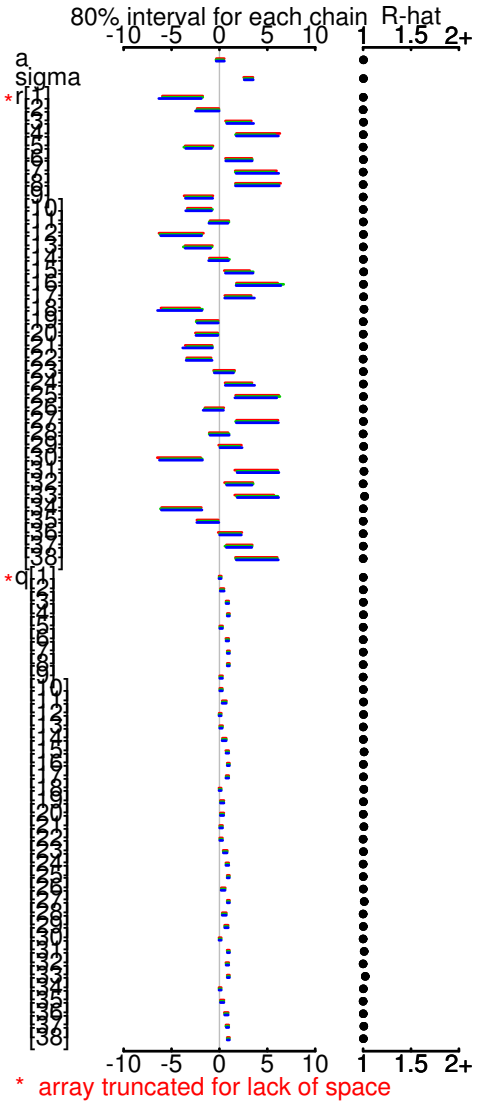
1. BUGS 言語でかかれた model ファイルを準備する
2. R2WBwrapper 関数を使う R コードを書く
3. R 上で 2. を実行
4. 出力された結果が bugs オブジェクトで返される
5. これを plot() したり summary() したり……オブジェクトに変換して，いろいろ事後分布の図なんかを描いてみたり……

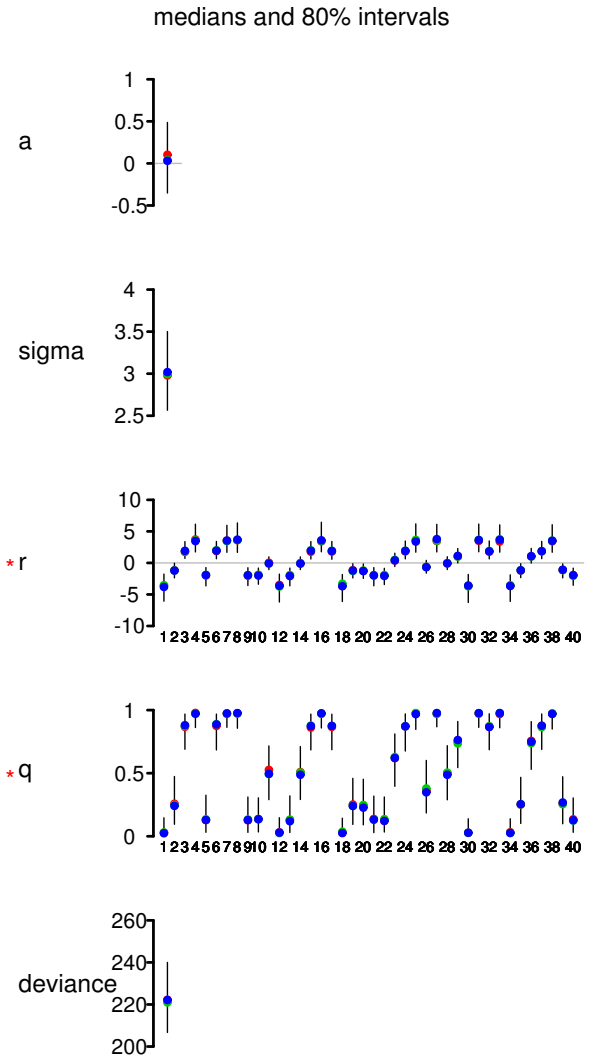
R2WBwrapper 経由で WinBUGS を使う (2)



WinBUGS で得られた事後分布サンプルの要約

/kubo/public_html/stat/2010/ism/winbugs/model.bug.txt", fit using WinBUGS, 3 chains, each with 1300 iteratior





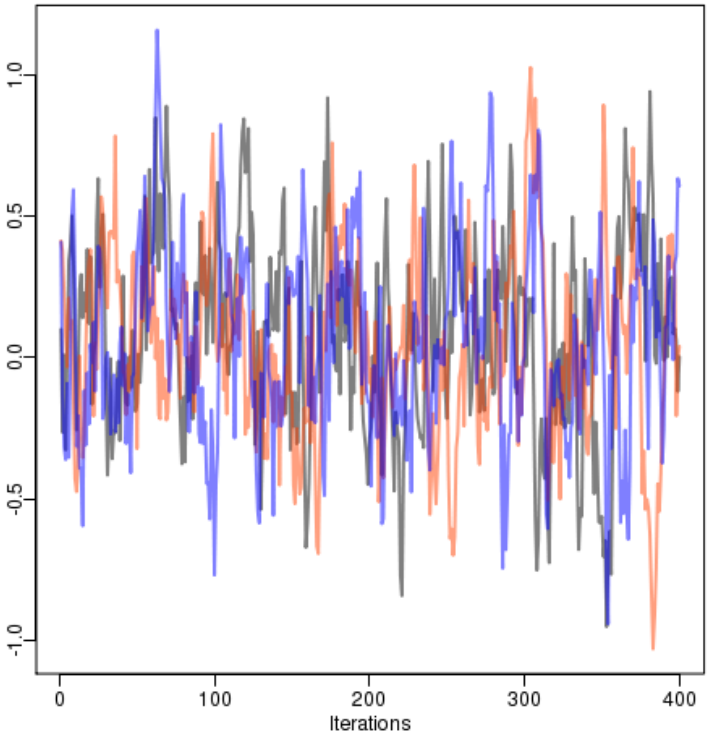
bugs オブジェクトの post.bugs を調べる

- print(post.bugs, digits.summary = 3)
- **事後分布の 95% 信頼区間などが表示される**

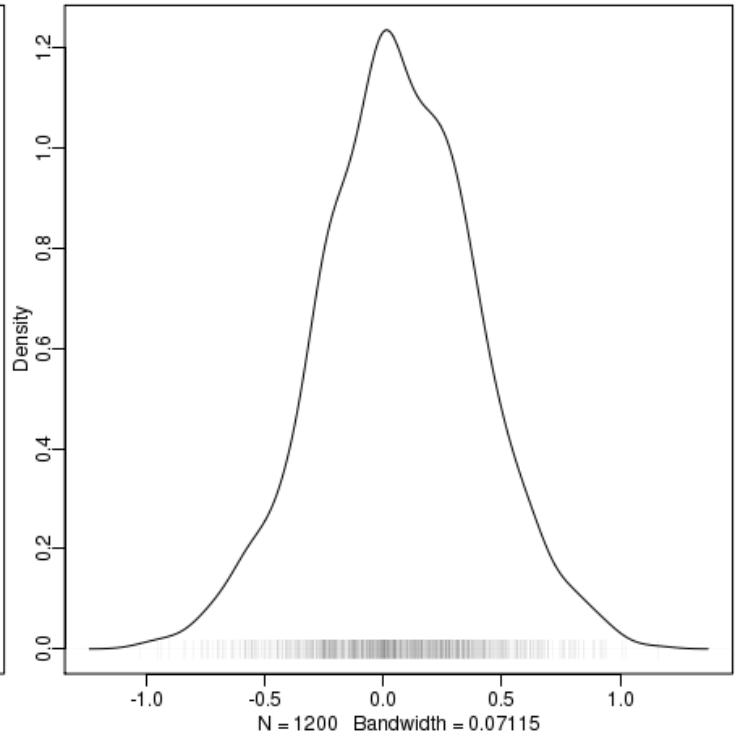
	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
a	0.031	0.357	-0.718	-0.187	0.041	0.268	0.682	1.034	72
sigma	3.060	0.376	2.365	2.807	3.029	3.288	3.830	1.002	1200
r[1]	-3.890	1.903	-8.238	-4.918	-3.514	-2.546	-1.174	1.001	1200
r[2]	-1.190	0.905	-3.137	-1.763	-1.159	-0.559	0.438	1.007	290
r[3]	2.062	1.128	0.185	1.296	1.931	2.730	4.611	1.002	1200
r[4]	3.985	1.860	1.058	2.635	3.745	5.105	8.520	1.021	130
r[5]	-2.049	1.077	-4.458	-2.679	-1.971	-1.276	-0.255	1.008	270
r[6]	1.995	1.061	0.137	1.266	1.922	2.629	4.300	1.002	900
r[7]	3.886	1.765	1.144	2.664	3.583	4.894	8.223	1.008	320
r[8]	3.862	1.763	1.142	2.590	3.591	4.814	7.993	1.011	330
r[9]	-2.093	1.136	-4.532	-2.788	-1.978	-1.313	-0.130	1.003	540
r[10]	-1.993	1.082	-4.358	-2.631	-1.905	-1.250	-0.158	1.000	1200
r[11]	-0.049	0.786	-1.654	-0.555	-0.032	0.466	1.462	1.006	320
r[12]	-3.849	1.788	-8.204	-4.874	-3.547	-2.598	-1.144	1.001	1200
r[13]	-2.005	1.115	-4.593	-2.640	-1.908	-1.254	-0.069	1.001	1200

各パラメーターの事後分布サンプルを R で調べる

a のサンプリングの様子

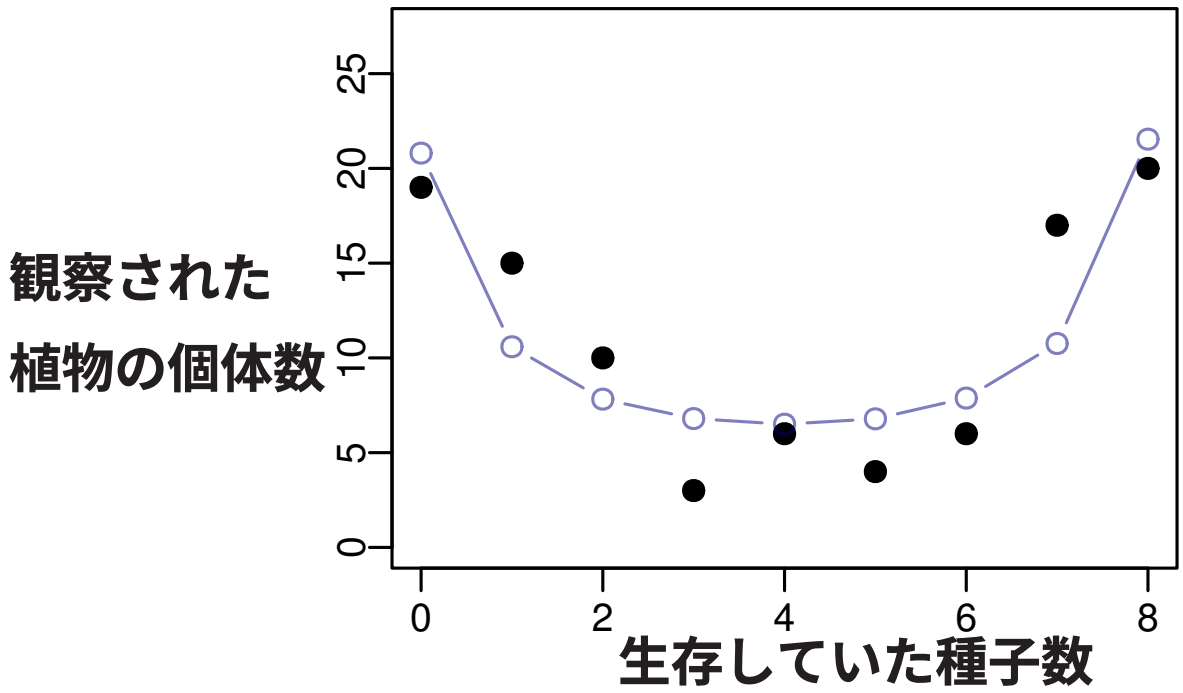


a の事後確率密度の推定



得られた事後分布サンプルを組みあわせて予測

- `post.mcmc <- to.mcmc(post.bugs)`
- **これは `matrix` と同じようにあつかえるので，作図に便利**

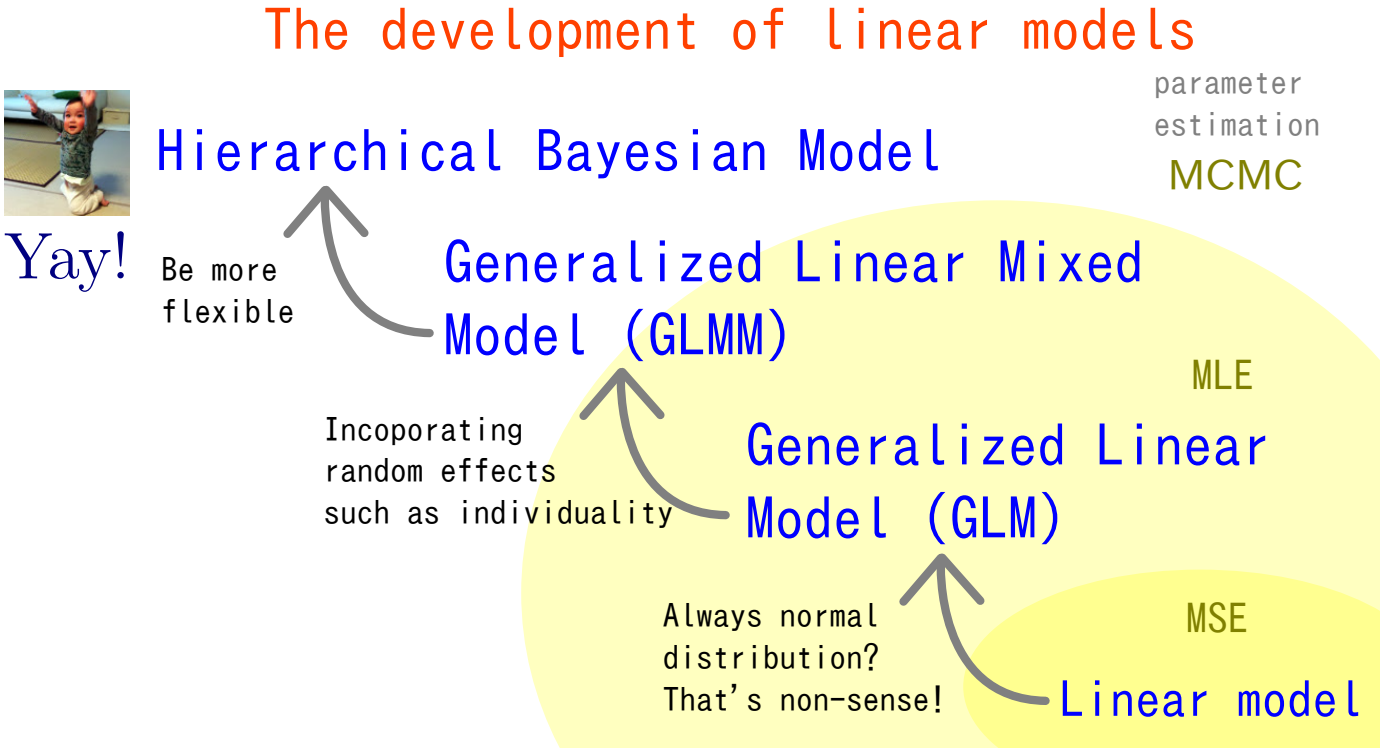


時間があれば個体差＋場所差の例を紹介

6. おわり

統計モデルを理解してデータ解析をする

ここでひとまず統計モデリング 授業は終了



- データ解析の背後には統計モデルがある
- 統計モデルを理解して使おう
- データにあわせて統計モデルを設計する