統計モデリング入門 道総研 [04]

ポアソン分布の一般化線形モデル (GLM)

久保拓弥 kubo@ees.hokudai.ac.jp, @KuboBook

道総研勉強会 http://goo.gl/HQbeoh

2015–11–16

ファイル更新時刻: 2015–11–12 22:11

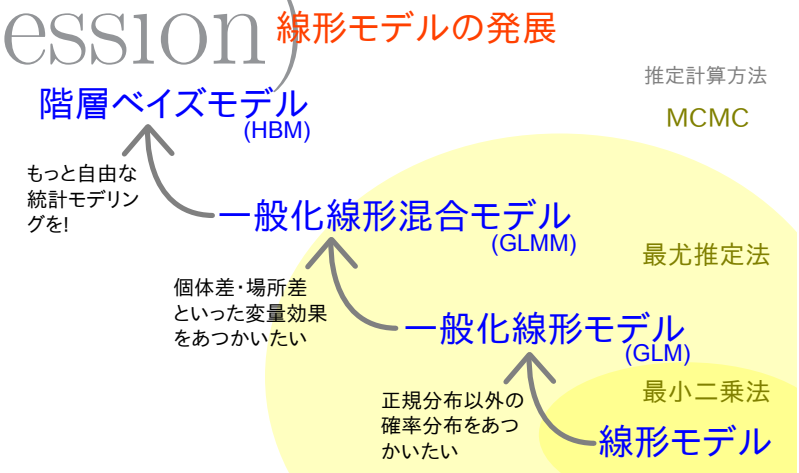
この時間に説明したいこと

1. **ポアソン回帰の例題: 架空植物の種子数データ**
   植物個体の属性，あるいは実験処理が種子数に影響?
2. **GLM の詳細を指定する**
   確率分布・線形予測子・リンク関数
3. **R で GLM のパラメーターを推定**
   あてはまりの良さは対数尤度関数で評価
4. **処理をした・しなかった 効果も統計モデルに入れる**
   GLM の因子型説明変数

一般化線形モデルって何だろう?

一般化線形モデル (GLM)

- **ポアソン回帰** (Poisson regression)
- **ロジスティック回帰** (logistic regression)
- **直線回帰** (linear regression)
- ……



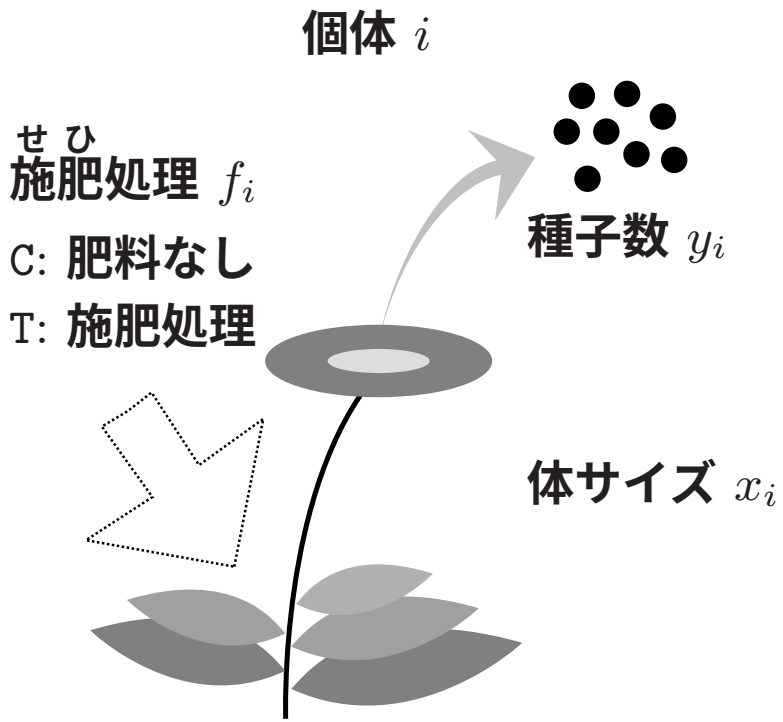
1. ポアソン回帰の例題: 架空植物の種子数データ

植物個体の属性，あるいは実験処理が種子数に影響?

まずはデータの概要を調べる

個体サイズと実験処理の効果を調べる例題

- **応答変数: 種子数** $\{y_i\}$
- **説明変数:**
  - **体サイズ** $\{x_i\}$
  - **施肥処理** $\{f_i\}$



標本数

- **無処理** ($f_i = \mathtt{C}$): 50 sample ($i \in \{1, 2, \cdots 50\}$)
- **施肥処理** ($f_i = \mathtt{T}$): 50 sample ($i \in \{51, 52, \cdots 100\}$)

データファイルを読みこむ

data3a.csv **は** CSV (comma separated value) format file **なので，** R **で読みこむには以下のようにする**:

```
> d <- read.csv("data3a.csv")
```

データは d **と名付けられた** data frame (**表みたいなもの**) **に格納される**

とりあえず

data frame d **を表示**

```
> d
     y      x  f
1    6   8.31  C
2    6   9.44  C
3    6   9.50  C
... (中略) ...
99   7 10.86  T
100  9   9.97  T
```

data frame d を調べる: dx, dy

```
> d$x
  [1]  8.31  9.44  9.50  9.07 10.16  8.32 10.61 10.06
  [9]  9.93 10.43 10.36 10.15 10.92  8.85  9.42 11.11
... (中略) ...
 [97]  8.52 10.24 10.86  9.97

> d$y
  [1]  6  6  6 12 10  4  9  9  9 11  6 10  6 10 11  8
 [17]  3  8  5  5  4 11  5 10  6  6  7  9  3 10  2  9
... (中略) ...
 [97]  6  8  7  9
```

data frame d を調べる: d$f — factor type!

施肥処理の有無をあらわす f 列はちょっと様子がちがう

```
> d$f
  [1] C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C
 [26] C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C C
 [51] T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T
 [76] T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T T
Levels: C T
```

因子型データ: いくつかの水準をもつデータ
ここでは C と T の 2 水準

R のデータのクラスとタイプ

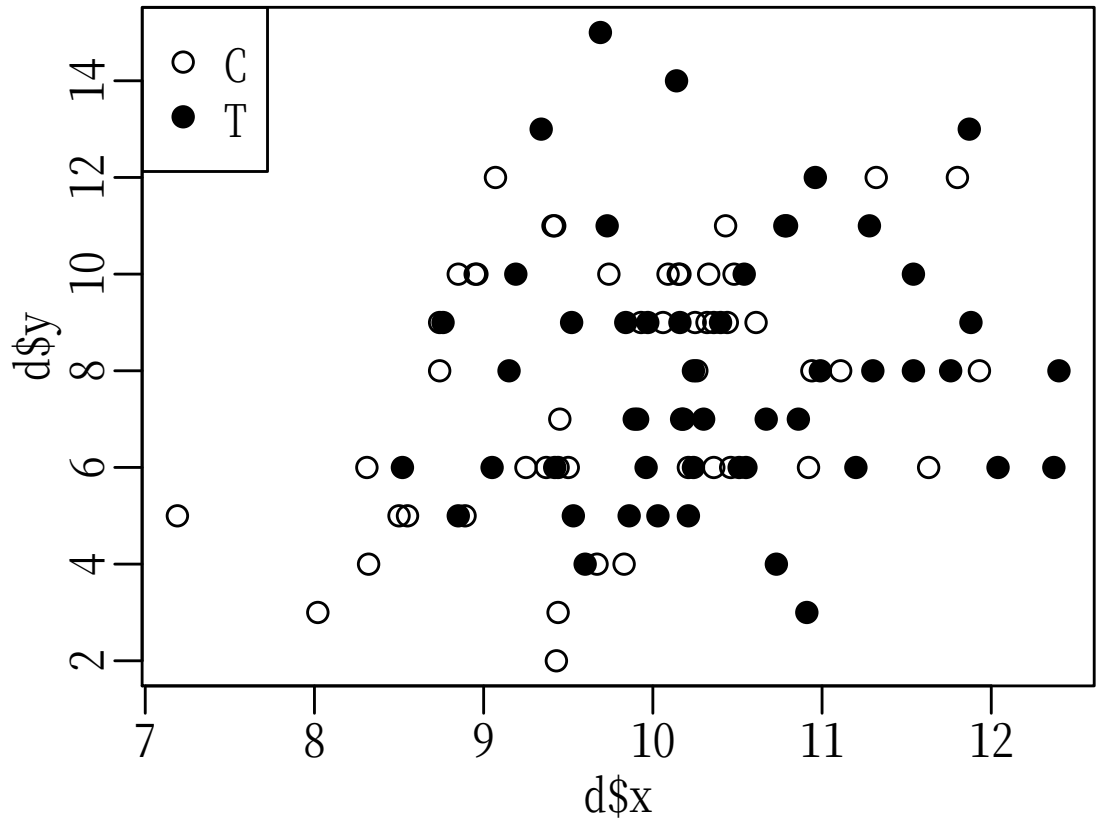
```
> class(d) # d は data.frame クラス
[1] "data.frame"
> class(d$y) # y 列は整数だけの integer クラス
[1] "integer"
> class(d$x) # x 列は実数も含むので numeric クラス
[1] "numeric"
> class(d$f) # そして f 列は factor クラス
[1] "factor"
```

data frame の summary()

```
> summary(d)
       y                x               f
 Min.   : 2.00   Min.   : 7.190   C:50
 1st Qu.: 6.00   1st Qu.: 9.428   T:50
 Median : 8.00   Median :10.155
 Mean   : 7.83   Mean   :10.089
 3rd Qu.:10.00   3rd Qu.:10.685
 Max.   :15.00   Max.   :12.400
```

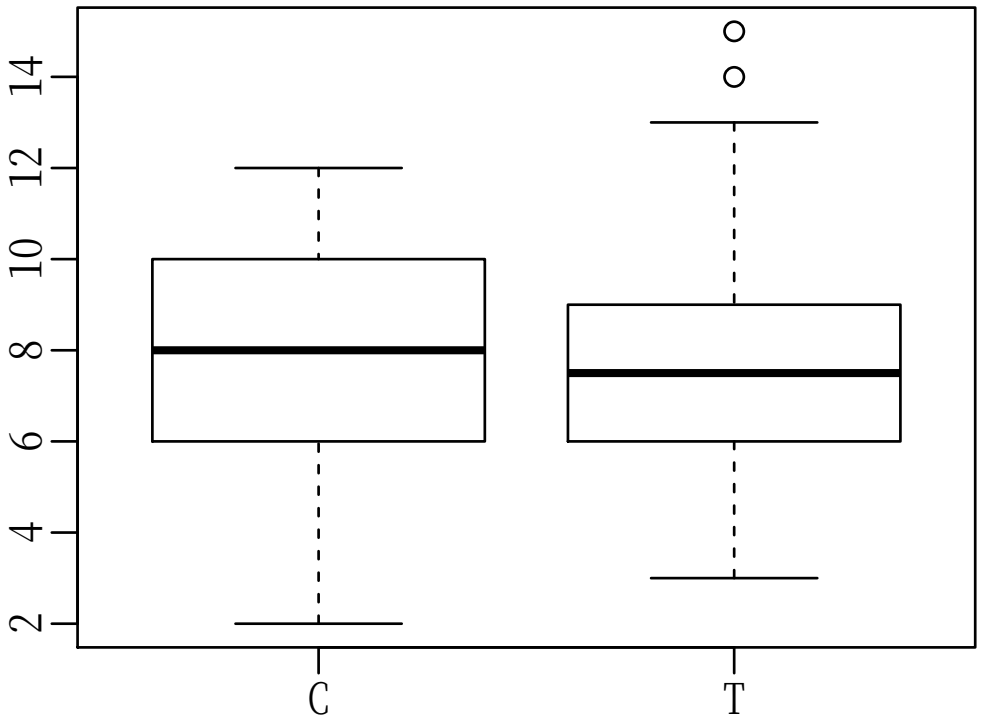
データはとにかく図示する!

```
> plot(d$x, d$y, pch = c(21, 19)[d$f])
> legend("topleft", legend = c("C", "T"), pch = c(21, 19))
```



施肥処理 f を横軸とした図

```
> plot(d$f, d$y)
```



2. GLM の詳細を指定する

確率分布・線形予測子・リンク関数

ポアソン回帰では log link 関数を使うのが便利

一般化線形モデルを作る

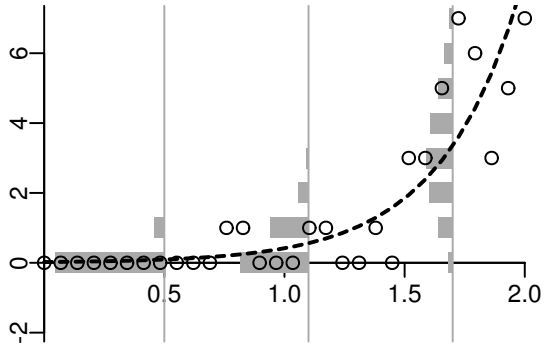
一般化線形モデル (GLM)

- 確率分布は?
- 線形予測子は?
- リンク関数は?

GLM のひとつである**ポアソン回帰**モデルを指定する

ポアソン回帰のモデル

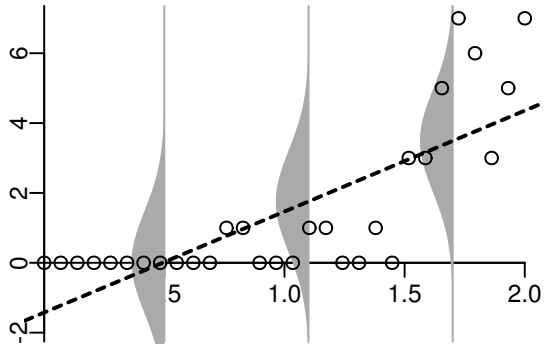
- **確率分布**: **ポアソン分布**
- **線形予測子**: $\mathrm{e.g.,}\ \beta_1 + \beta_2 x_i$
- **リンク関数**: **対数リンク関数**



GLM のひとつである直線回帰モデルを指定する

直線回帰のモデル

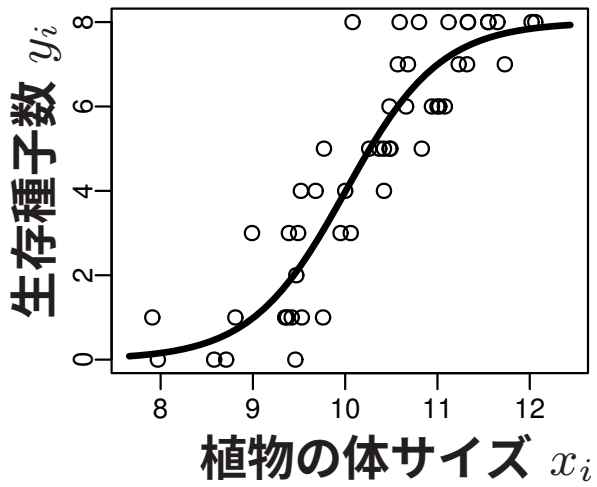
- 確率分布: 正規分布
- 線形予測子: $\mathrm{e.g.,}\ \beta_1 + \beta_2 x_i$
- リンク関数: 恒等リンク関数



GLM のひとつである logistic 回帰モデルを指定する

ロジスティック回帰のモデル

- **確率分布**: **二項分布**
- **線形予測子**: e.g., $\beta_1 + \beta_2 x_i$
- **リンク関数**: logit **リンク関数**



「結果 ← 原因 (かも?)」を表現する線形モデル

- **結果**: **応答変数**
- **原因**: **説明変数**
- **線形予測子** (linear predictor):

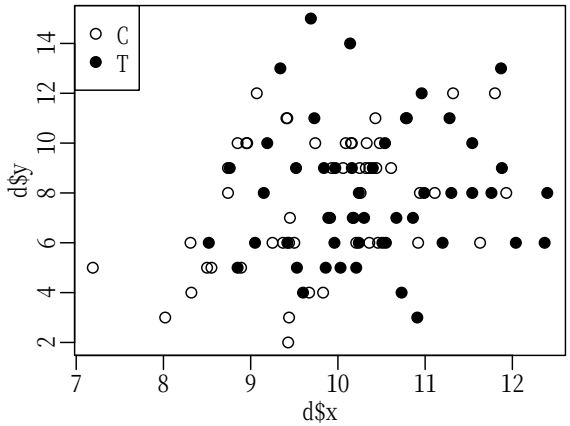
$$\begin{aligned}\textbf{(応答変数の平均)} = \ & \textbf{定数 (切片)} \\ & + \ \textbf{(係数 1)} \times \textbf{(説明変数 1)} \\ & + \ \textbf{(係数 2)} \times \textbf{(説明変数 2)} \\ & + \ \textbf{(係数 3)} \times \textbf{(説明変数 3)} \\ & + \ \cdots\end{aligned}$$

R で一般化線形モデルを

	確率分布	乱数発生	GLM あてはめ
(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	`rnbinom()`	`glm.nb()` in `library(MASS)`
(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 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
- 今日はポアソン回帰 を使った GLM だけ紹介します

さてさて，この例題にもどって



種子数 y_i は平均 λ_i のポアソン分布にしたがう としましょう

$$p(y_i \mid \lambda_i) = \frac{\lambda_i^{y_i} \exp(-\lambda_i)}{y_i!}$$

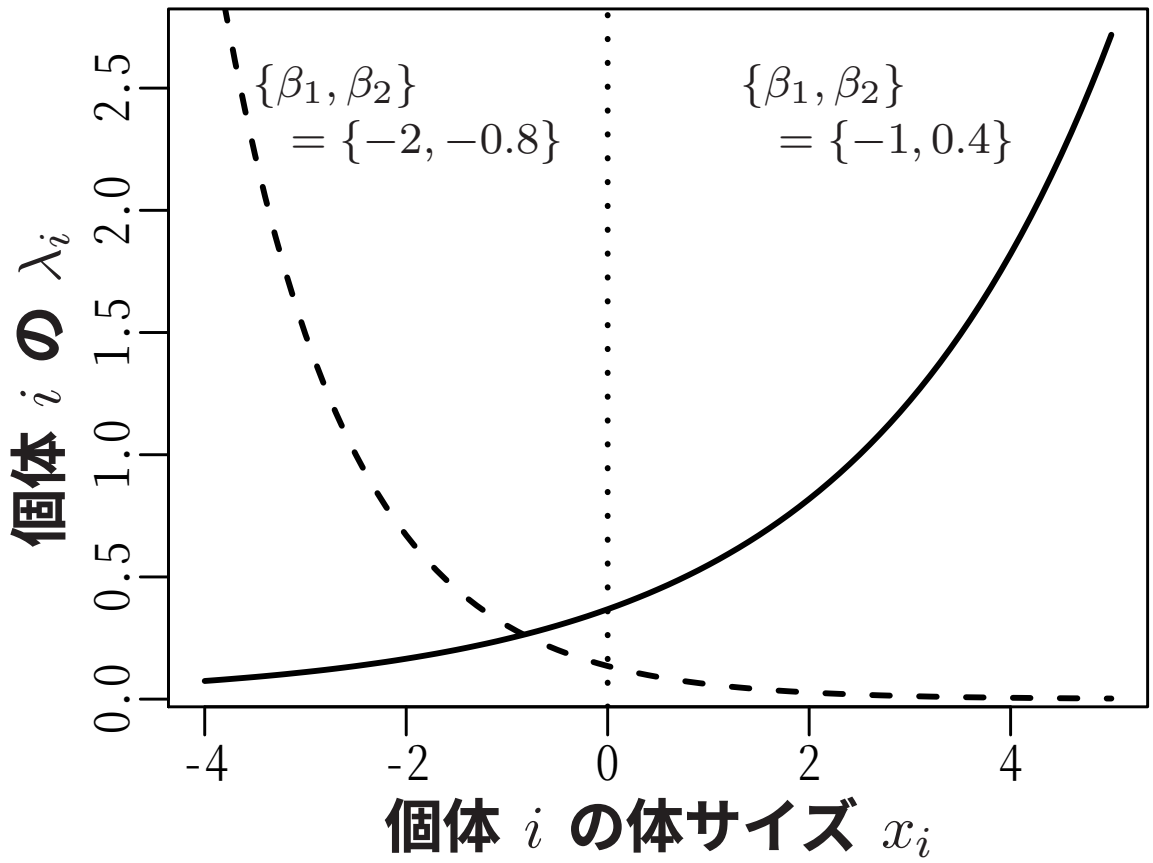
個体 i の平均 λ_i を以下のようにおいてみたらどうだろう……?

$$\lambda_i = \exp(\beta_1 + \beta_2 x_i)$$

- β_1 と β_2 は係数 (パラメーター)
- x_i は個体 i の体サイズ，f_i はとりあえず無視

指数関数ってなんだっけ?

$$\lambda_i = \exp(\beta_1 + \beta_2 x_i)$$



GLM のリンク関数と線形予測子

個体 i の平均 λ_i

$$\lambda_i = \exp(\beta_1 + \beta_2 x_i)$$

$$\Updownarrow$$

$$\log(\lambda_i) = \beta_1 + \beta_2 x_i$$

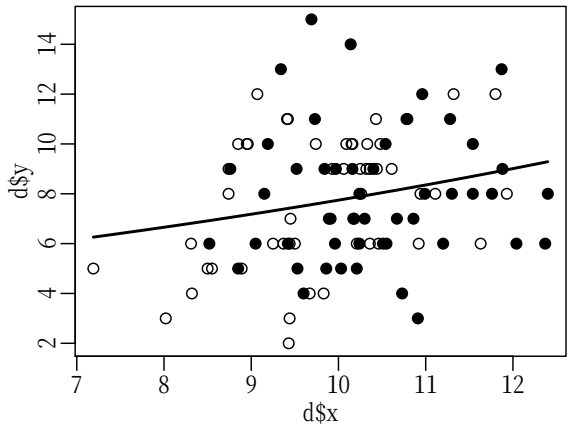
$$\log(\textbf{平均}) = \textbf{線形予測子}$$

log リンク関数とよばれる理由は，上のようになっているから

この例題のための統計モデル

ポアソン回帰のモデル

- 確率分布: **ポアソン分布**
- **線形予測子**: $\beta_1 + \beta_2 x_i$
- **リンク関数**: **対数リンク関数**



3. R で GLM のパラメーターを推定

あてはまりの良さは対数尤度関数で評価

推定計算はコンピューターにおまかせ

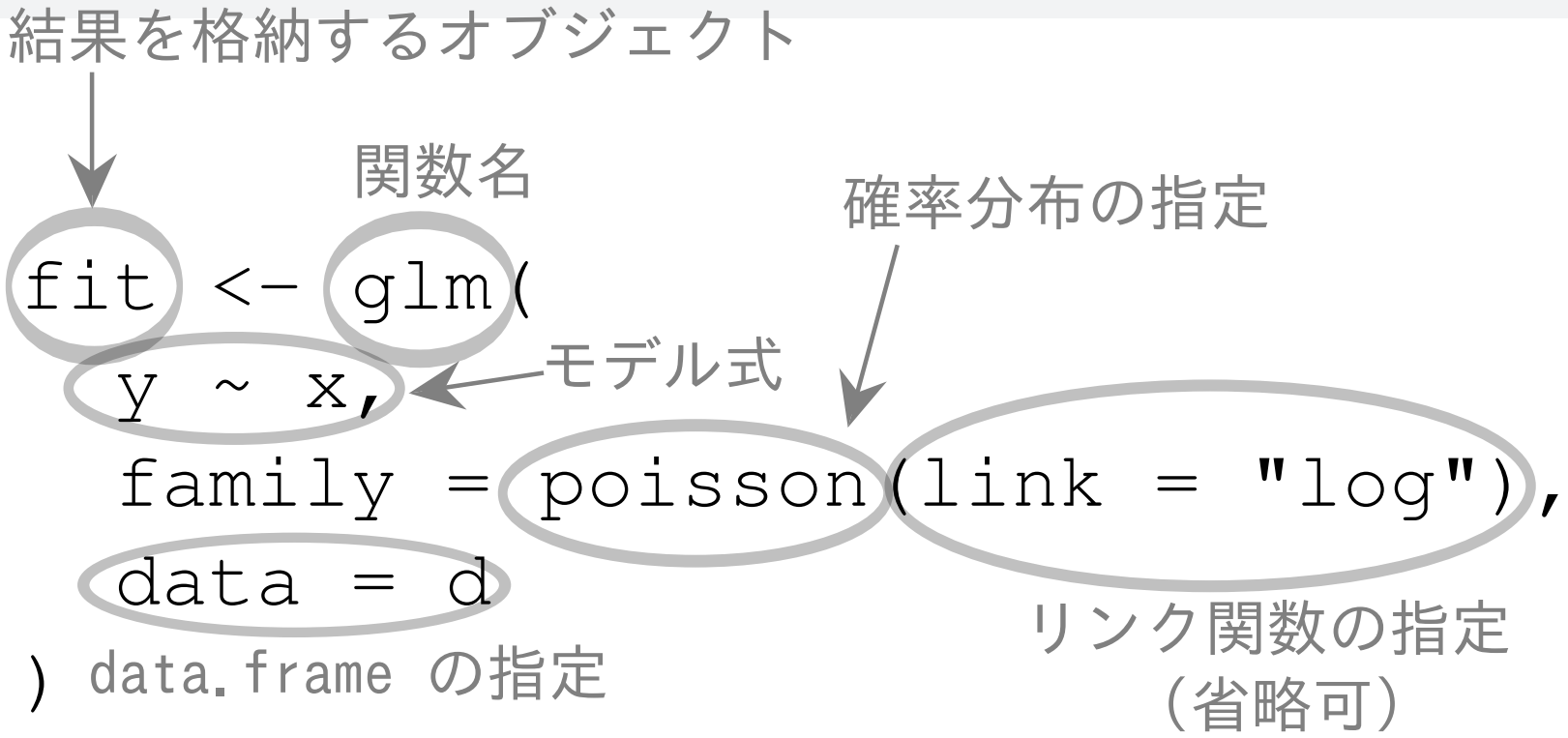
glm() 関数の指定

```
> d
    y     x  f
1   6  8.31  C
2   6  9.44  C
3   6  9.50  C
... (中略) ...
99  7 10.86  T
100 9  9.97  T
```

これだけ!

```
> fit <- glm(y ~ x, data = d, family = poisson)
```

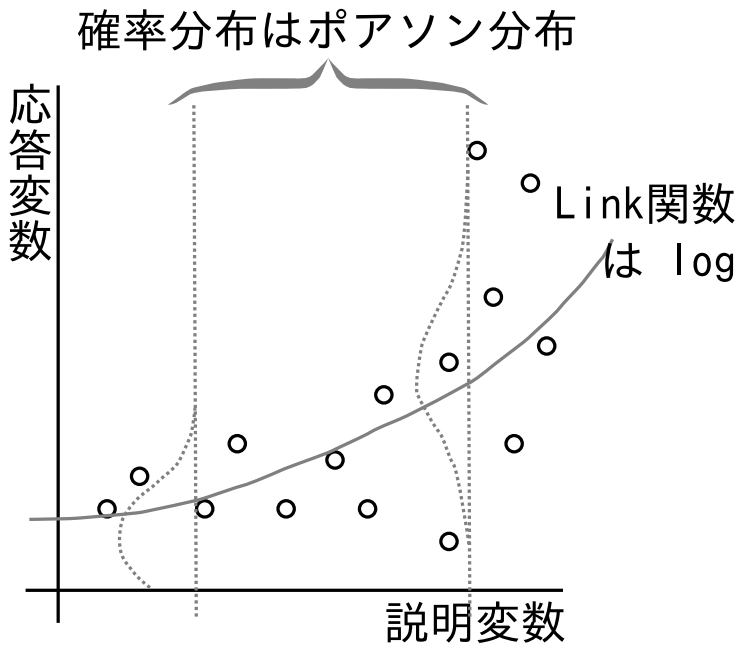
glm() 関数の指定の意味



- **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?**

glm() 関数の指定を再確認

- 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 ~ x **と指定したとする**



- **線形予測子** $z = \beta_1 + \beta_2 x$
  β_1, β_2 **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 $\lambda = \exp(z) = \exp(\beta_1 + \beta_2 x)$
- **応答変数 は平均** λ **のポアソン分布に従う**: $y \sim \mathrm{Pois}(\lambda)$

glm() 関数の出力

```
> fit <- glm(y ~ x, data = d, family = poisson)

all:  glm(formula = y ~ x, family = poisson, data = d)

Coefficients:
(Intercept)            x
     1.2917       0.0757

Degrees of Freedom: 99 Total (i.e. Null);  98 Residual
Null Deviance:      89.5
Residual Deviance: 85  AIC: 475
```

glm() 関数のくわしい出力

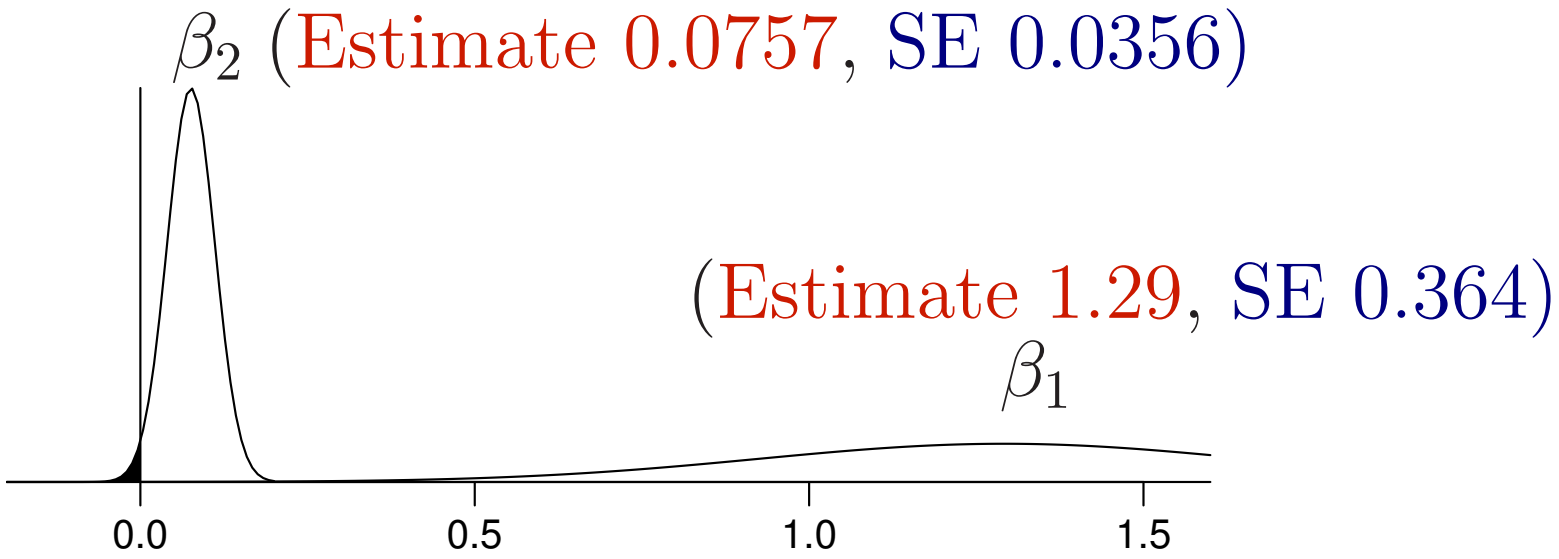
```
> summary(fit)
Call:
glm(formula = y ~ x, family = poisson, data = d)

Deviance Residuals:
   Min      1Q  Median      3Q     Max
-2.368  -0.735  -0.177   0.699   2.376

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   1.2917     0.3637    3.55  0.00038
x             0.0757     0.0356    2.13  0.03358
```

……（以下，省略）……

推定値と標準誤差



この図の要点:

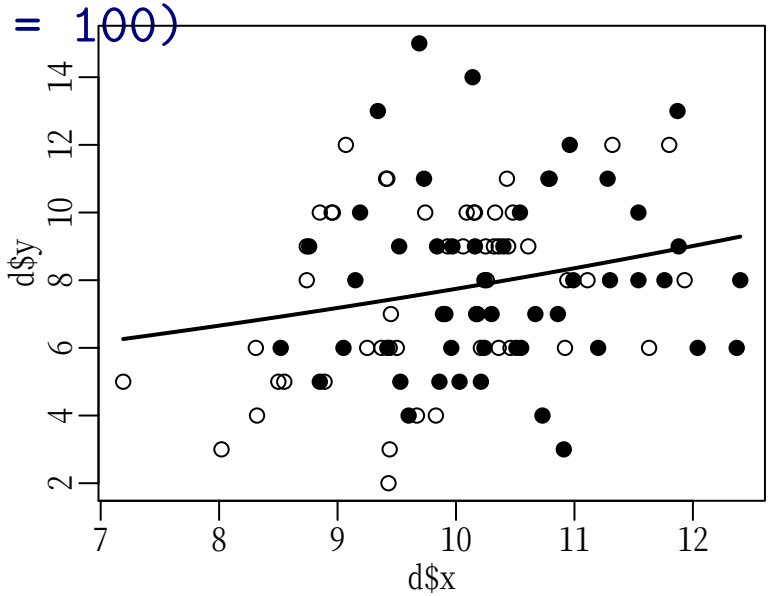
- 確率 p は **ゼロからの距離** をあらわしている
- p がゼロに近いほど **推定値** $\hat{\beta}$ はゼロから離れている
- p が 0.5 に近いほど **推定値** $\hat{\beta}$ はゼロに近い

モデルの予測

```
> fit <- glm(y ~ x, data = d, family = poisson)
...
Coefficients:
(Intercept)            x
     1.2917       0.0757
```

```
> plot(d$x, d$y, pch = c(21, 19)[d$f]) # data
> xp <- seq(min(d$x), max(d$x), length = 100)
> lines(xp, exp(1.2917 + 0.0757 * xp))
```

ここでは観測データと予測の関係を見ているだけ，なのだが

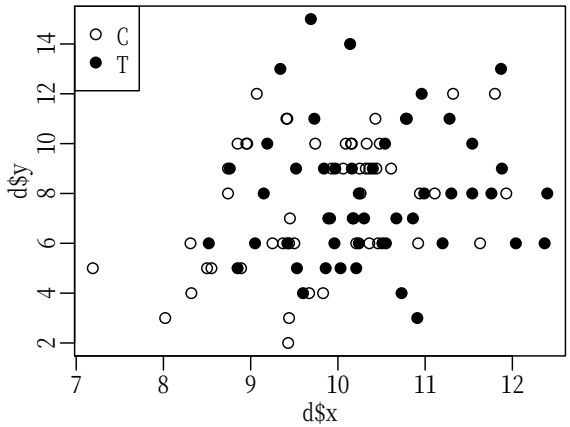


4. 処理をした・しなかった 効果も統計モデルに入れる

GLM の因子型説明変数

数量型 + 因子型 という組み合わせで

肥料の効果 f_i もいれましょう



種子数 y_i は平均 λ_i のポアソン分布にしたがう としましょう

$$p(y_i \mid \lambda_i) = \frac{\lambda_i^{y_i} \exp(-\lambda_i)}{y_i!}$$

個体 i の平均 λ_i を次のようにする

$$\lambda_i = \exp(\beta_1 + \beta_2 x_i + \beta_3 d_i)$$

- **β_3 は施肥処理の効果 の 係数**
- **f_i のダミー変数**

$$d_i = \begin{cases} 0 & (f_i = \texttt{C} \text{ の場合}) \\ 1 & (f_i = \texttt{T} \text{ の場合}) \end{cases}$$

glm(y ~ x + f, ...) の出力

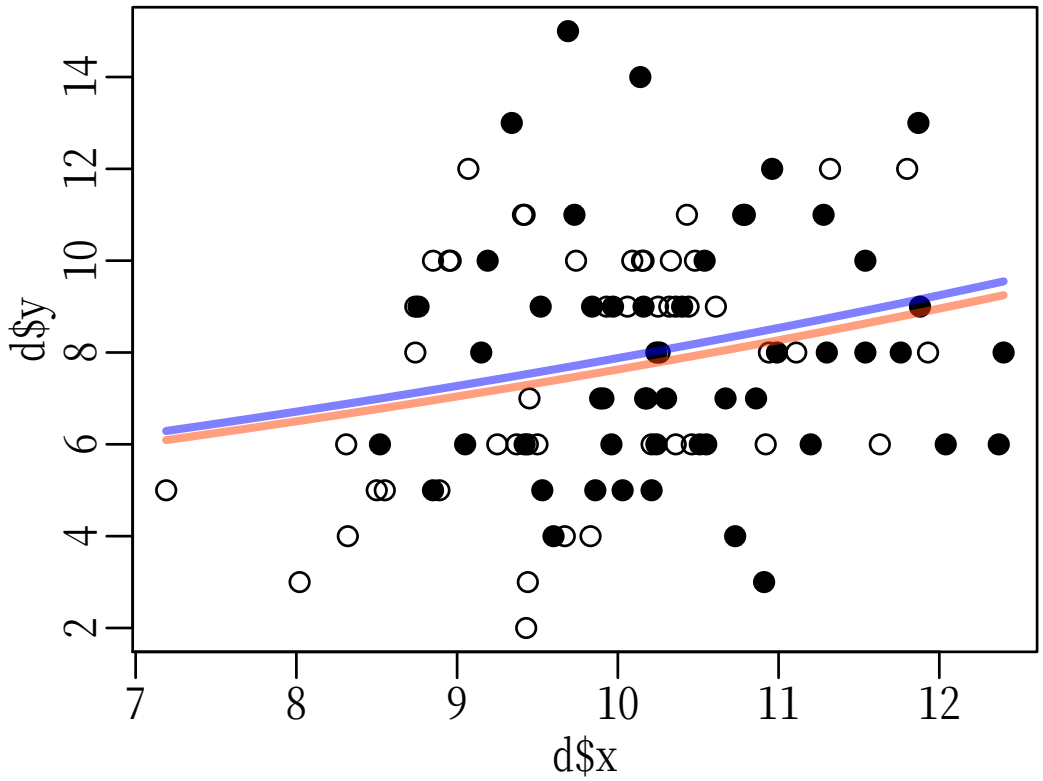
```
> summary(glm(y ~ x + f, data = d, family = poisson))
...(略)...

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   1.2631     0.3696    3.42  0.00063
x             0.0801     0.0370    2.16  0.03062
fT           -0.0320     0.0744   -0.43  0.66703

…… (以下，省略) ……
```

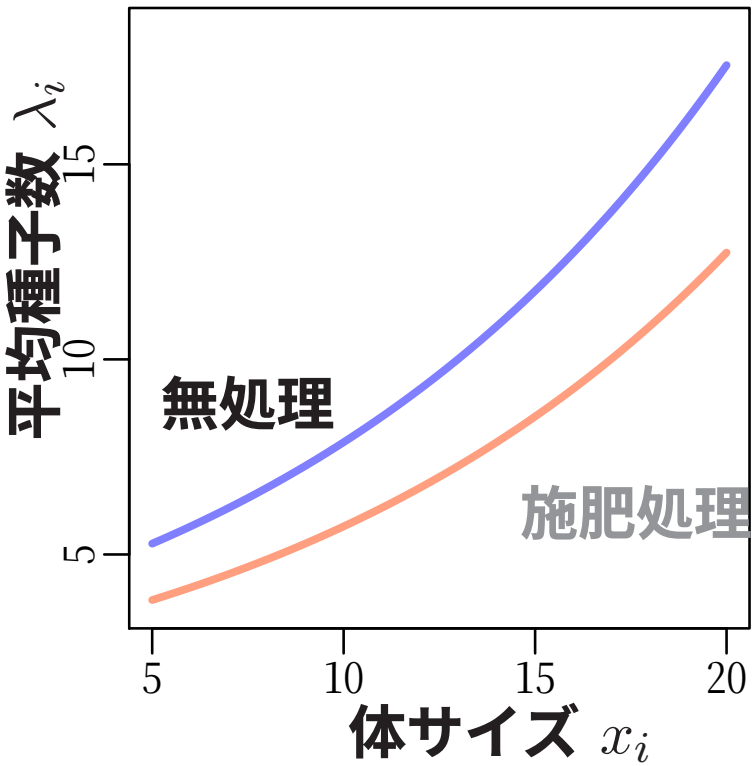
x + f モデルの予測

```
> plot(d$x, d$y, pch = c(21, 19)[d$f]) # data
> xp <- seq(min(d$x), max(d$x), length = 100)
> lines(xp, exp(1.2631 + 0.0801 * xp), col = "blue", lwd = 3) # C
> lines(xp, exp(1.2631 + 0.0801 * xp - 0.032), col = "red", lwd = 3) # T
```



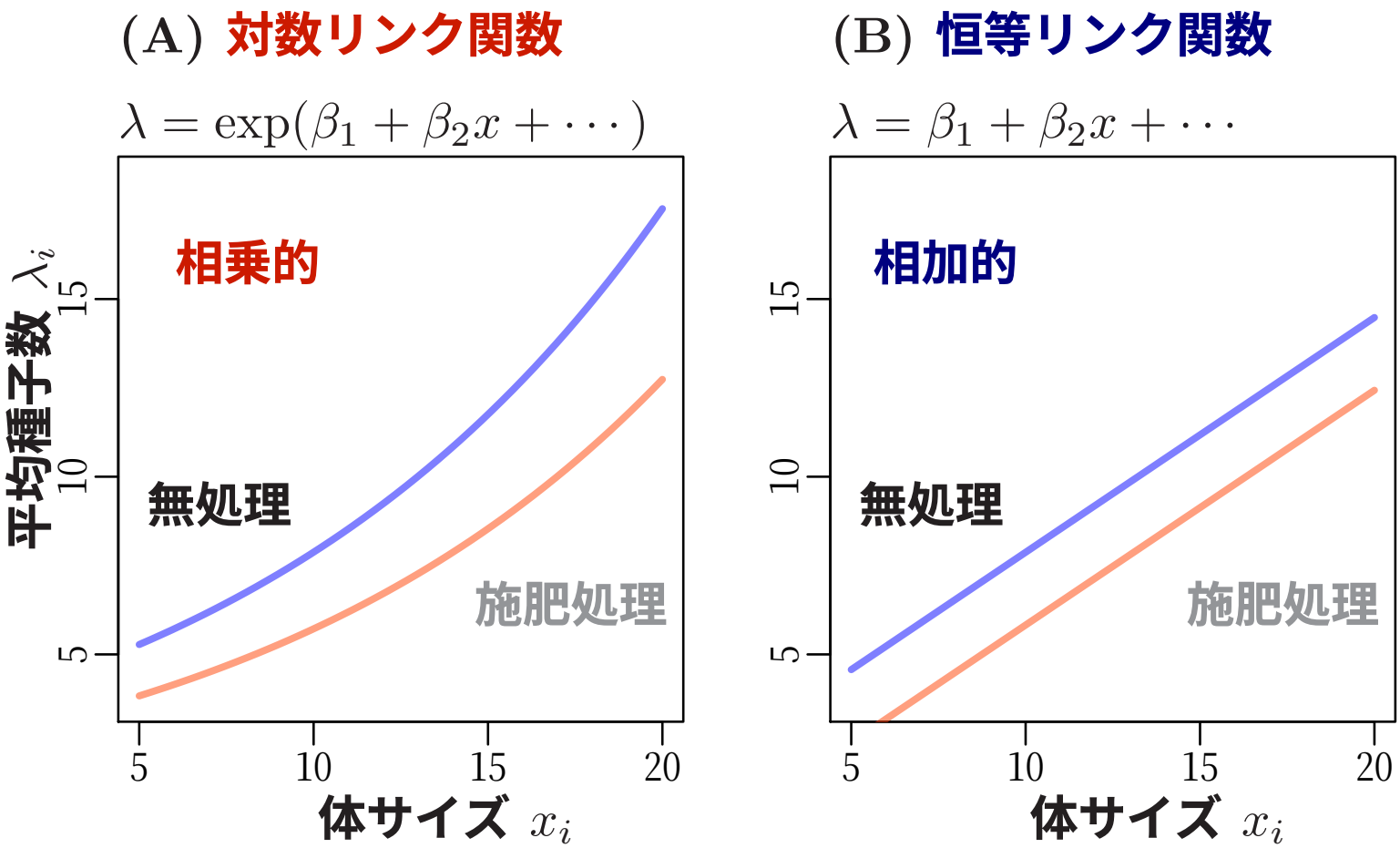
複数の説明変数をいれた場合の統計モデル

- $f_i = \mathtt{C}$: $\lambda_i = \exp(1.26 + 0.0801 x_i)$
- $f_i = \mathtt{T}$: $\lambda_i = \exp(1.26 + 0.0801 x_i - 0.032)$
  $= \exp(1.26 + 0.0801 x_i) \times \exp(-0.032)$



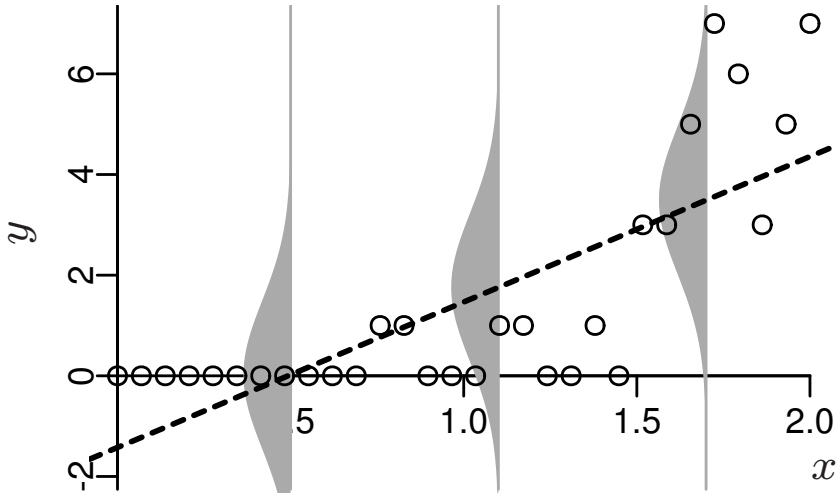
施肥効果である $\exp(-0.032)$ は かけ算できくことに注意!

リンク関数が違うとモデルの解釈が異なる

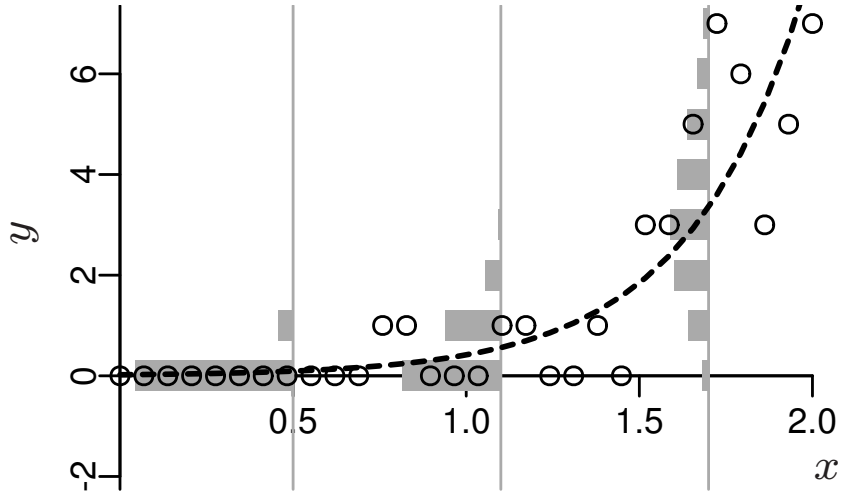


GLM: 適切な確率分布 とリンク関数を選ぶ

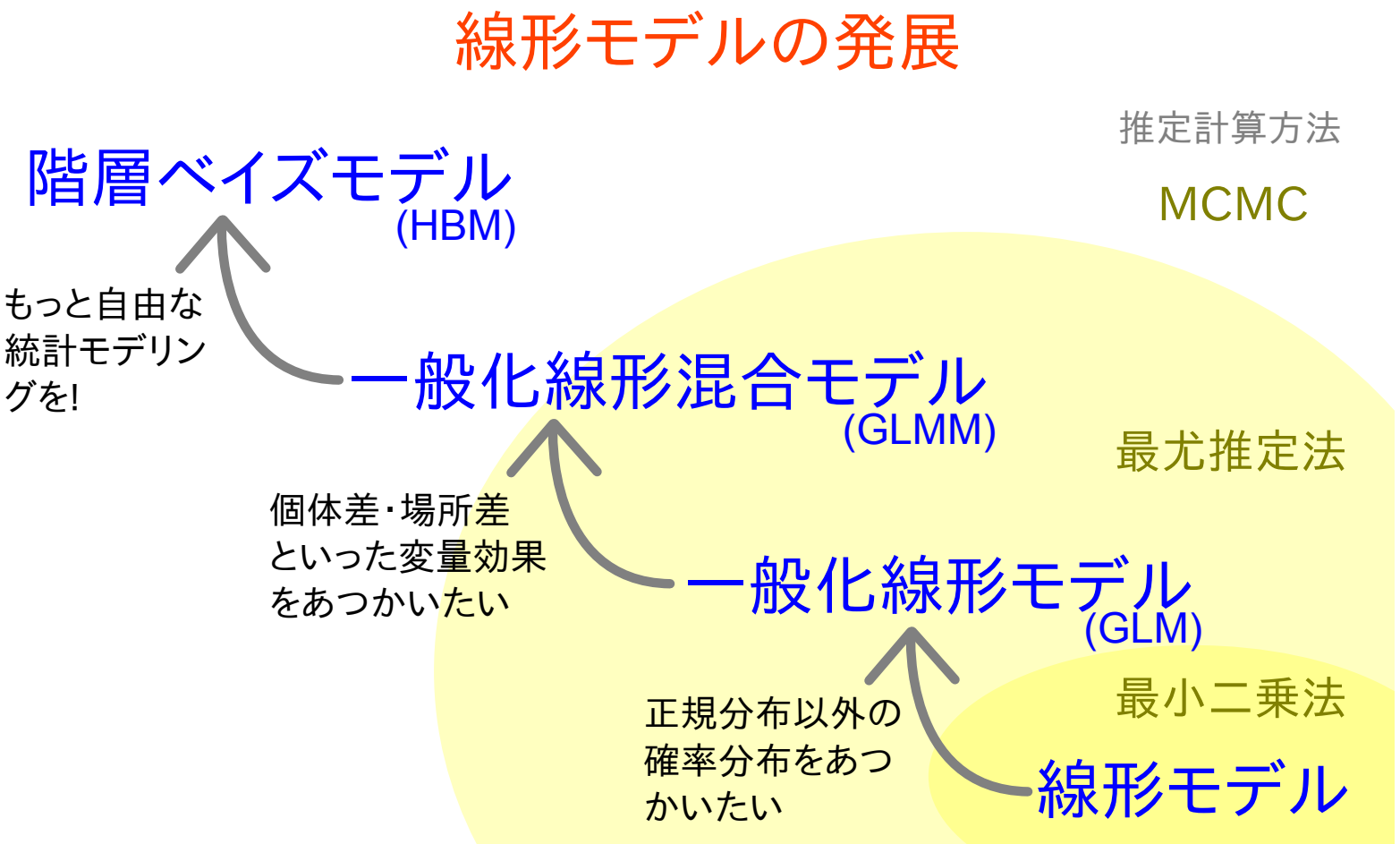
正規分布・恒等リンク関数の統計モデル



ポアソン分布・log リンク関数の統計モデル



この授業であつかう統計モデルたち



データの特徴にあわせて線形モデルを改良・発展させる