

筑波大 (大塚) 集中講義 2016 (f)

一般化線形モデル: ロジスティック回帰

久保拓弥 kubo@ees.hokudai.ac.jp

筑波大の講義 <http://goo.gl/HvRhXn>

2016-09-19

ファイル更新時刻: 2016-09-15 17:56

今日のハナシ I

① “ N 個のうち k 個が生きてる” タイプのデータ

上限のあるカウントデータ

② ロジスティック回帰の部品

二項分布 binomial distribution と logit link function

③ ちょっとだけ交互作用項 について

線形予測子の中の複雑な項

④ 何でも「割算」するな!

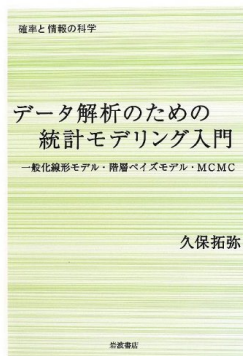
「脱」割算の offset 項わざ

今日の内容と「統計モデリング入門」との対応

<http://goo.gl/Ufq2>

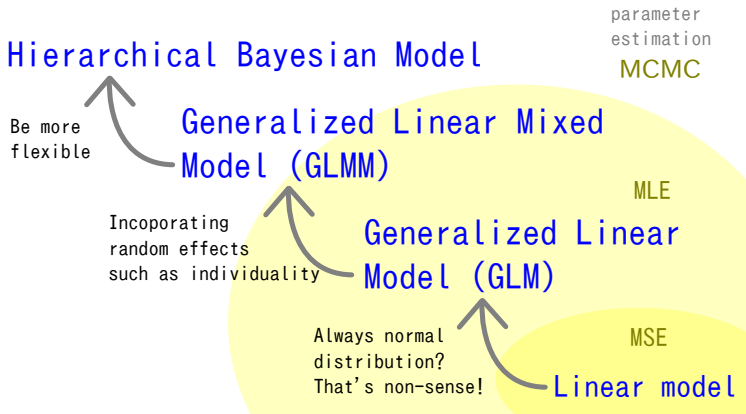
今日はおもに「**第 6 章 GLM の応用**
範囲をひろげる」の内容を説明し
ます。

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



この授業であつかう統計モデルたち

The development of linear models



Kubo Doctrine: “Learn the evolution of linear-model family, firstly!”

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)
-

一般化線形モデルを作る

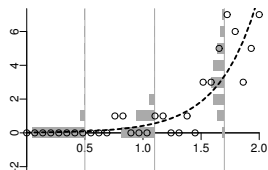
一般化線形モデル (GLM)

- 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

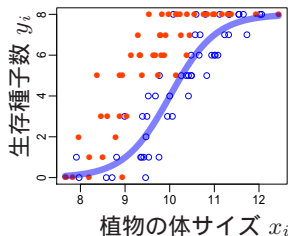
- 確率分布: ポアソン分布
- 線形予測子: e.g., $\beta_1 + \beta_2 x_i$
- リンク関数: 対数リンク関数



GLM のひとつである **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



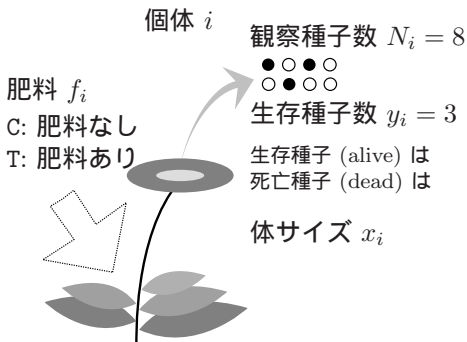
1. “ N 個のうち k 個が生きてる” タイプのデータ

上限のあるカウントデータ

$$y_i \in \{0, 1, 2, \dots, 8\}$$

またいつもの例題? ちょっとちがう

8 個の種子のうち y 個が **発芽可能** だった! というデータ



データファイルを読みこむ

data4a.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("data4a.csv")
```

or

```
> d <- read.csv(  
+ "http://hosho.ees.hokudai.ac.jp/~kubo/stat/2015/Fig/binomial/data4a.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

data frame d を調べる

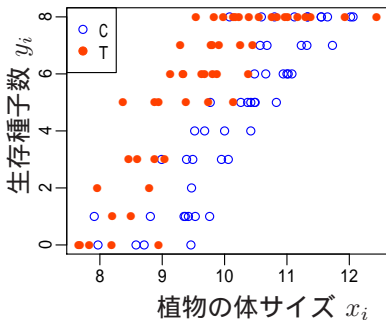
```
> summary(d)
```

	N	y	x	f
Min.	:8	Min. :0.00	Min. : 7.660	C:50
1st Qu.:	:8	1st Qu.:3.00	1st Qu.: 9.338	T:50
Median	:8	Median :6.00	Median : 9.965	
Mean	:8	Mean :5.08	Mean : 9.967	
3rd Qu.:	:8	3rd Qu.:8.00	3rd Qu.:10.770	
Max.	:8	Max. :8.00	Max. :12.440	

まずはデータを図にしてみる

```
> plot(d$x, d$y, pch = c(21, 19)[d$f])
```

```
> legend("topleft", legend = c("C", "T"), pch = c(21, 19))
```



今回は施肥処理 がきいている？

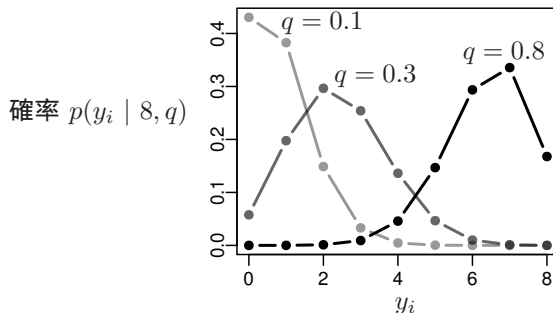
2. ロジスティック回帰の部品

二項分布 binomial distribution と logit link function

二項分布: N 回のうち y 回, となる確率

$$p(y | N, q) = \binom{N}{y} q^y (1 - q)^{N-y}$$

$\binom{N}{y}$ は「 N 個の観察種子の中から y 個の生存種子を選びだす場合の数」



ロジスティック曲線とはこういうもの

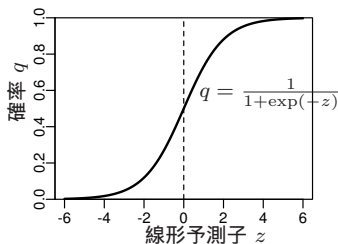
ロジスティック関数の関数形 (z_i : 線形予測子, e.g. $z_i = \beta_1 + \beta_2 x_i$)

$$q_i = \text{logistic}(z_i) = \frac{1}{1 + \exp(-z_i)}$$

```
> logistic <- function(z) 1 / (1 + exp(-z)) # 関数の定義
```

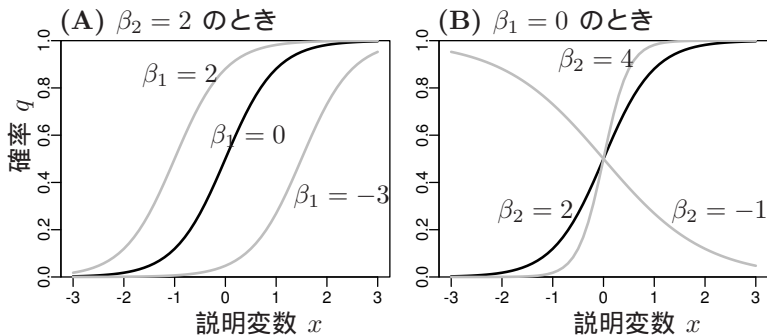
```
> z <- seq(-6, 6, 0.1)
```

```
> plot(z, logistic(z), type = "l")
```



パラメーターが変化すると.....

黒い曲線は $\{\beta_1, \beta_2\} = \{0, 2\}$. (A) $\beta_2 = 2$ と固定して β_1 を変化させた場合 .
 (B) $\beta_1 = 0$ と固定して β_2 を変化させた場合 .



パラメーター $\{\beta_1, \beta_2\}$ や説明変数 x がどんな値をとっても確率 q は $0 \leq q \leq 1$ となる便利な関数

logit link function

- logistic 関数

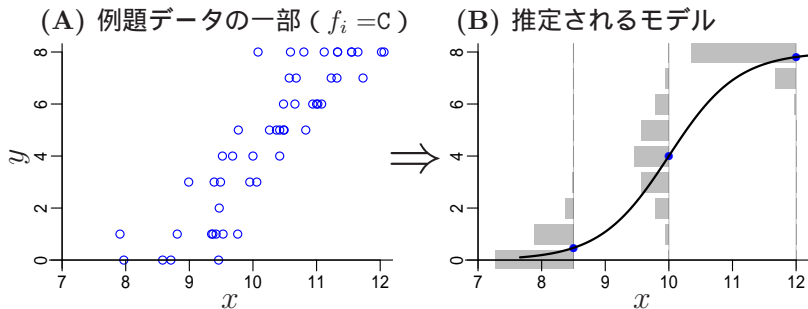
$$q = \frac{1}{1 + \exp(-(\beta_1 + \beta_2 x))} = \text{logistic}(\beta_1 + \beta_2 x)$$

- logit 変換

$$\text{logit}(q) = \log \frac{q}{1 - q} = \beta_1 + \beta_2 x$$

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

logit is the inverse function of logistic function, vice versa

R でロジスティック回帰 — β_1 と β_2 の最尤推定

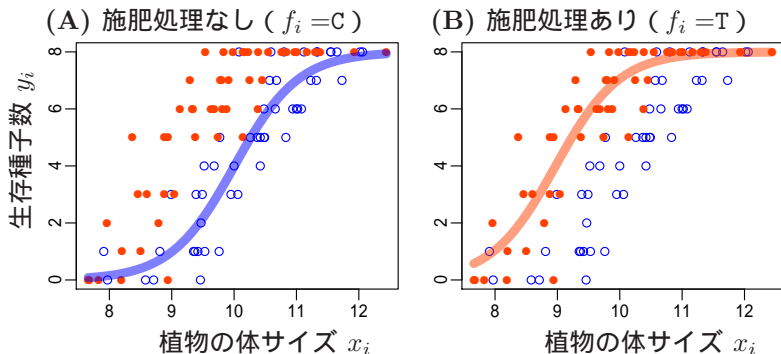
```
> glm(cbind(y, N - y) ~ x + f, data = d, family = binomial)
```

```
...
```

```
Coefficients:
```

(Intercept)	x	fT
-19.536	1.952	2.022

統計モデルの予測: 施肥処理によって応答が違う



3. ちょっとだけ交互作用項 について

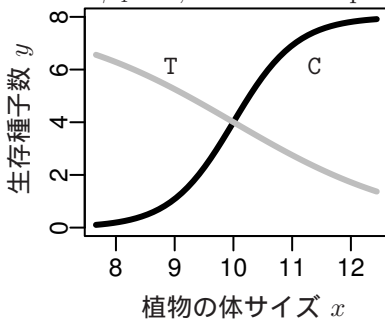
線形予測子の中の複雑な項

ロジスティック回帰を例に

交互作用項とは何か?

$$\text{logit}(q) = \log \frac{q}{1-q} = \beta_1 + \beta_2 x + \beta_3 f + \beta_4 x f$$

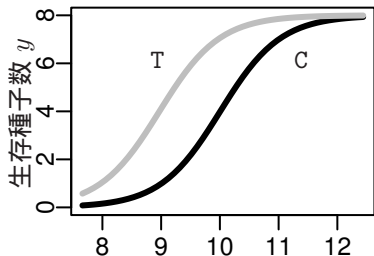
... in case that $\beta_4 < 0$, sometimes it predicts ...



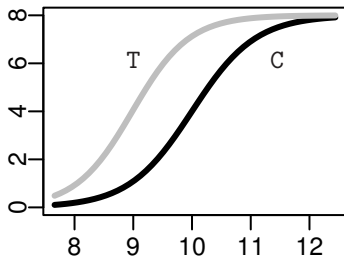
この例題データの場合，交互作用はない

^^I $\text{glm}(y \sim x + f, \dots)$ $\text{glm}(y \sim x + f + x:f, \dots)$

(A) 交互作用のないモデル



(B) 交互作用のあるモデル



差がほとんどない

4. 何でも「割算」するな!

「脱」割算の offset 頂わざ

ポアソン回帰を強めてみる

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?
- 割算値を使わない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はどこにもない

避けられるわりざん

- 避けられる割算値

- 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

- 密度などの指数

例: 人口密度, specific leaf area (SLA) など

対策: offset 項わざ — このあと解説!

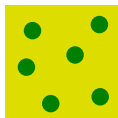
避けにくいわりざん

- 避けにくい割算値

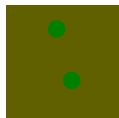
- 測定機器が内部で割算した値を出力する場合
- 割算値で作図せざるをえない場合があるかも

offset 項の例題: 調査区画内の個体密度

- 何か架空の植物個体の密度が「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



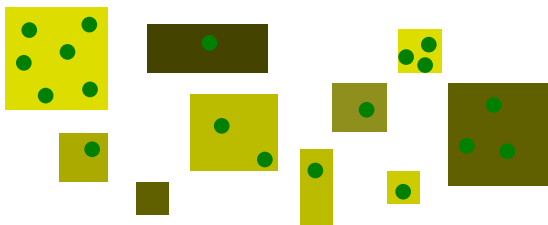
x 大
明るい



x 小
暗い

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

「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` 頂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

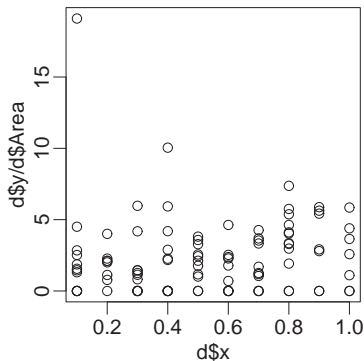
R の data.frame: 面積 Area, 明るさ x, 個体数 y

```
> 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

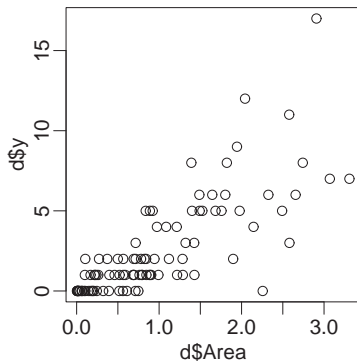
```
> plot(d$x, d$y / d$Area)
```



いまいちよくわからない

面積 A vs 個体数 y の図

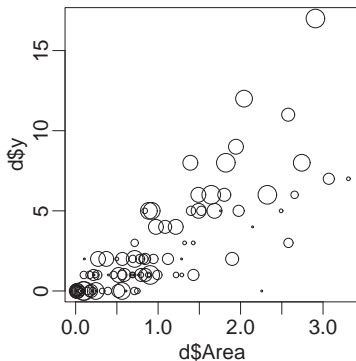
```
> plot(d$Area, d$y)
```



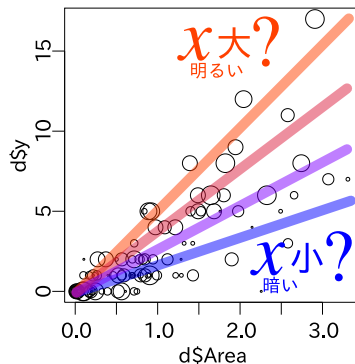
面積 A とともに区画内の個体数 y が増大するようだ

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 \times 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

1. 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:

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

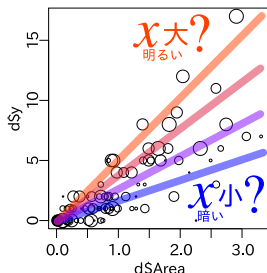
2. 平均値 λ_i は面積 A_i に比例し, 密度は明るさ x_i に依存する

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

つまり $\lambda_i = \exp(\beta_1 + \beta_2 x_i + \log(A_i))$ となるので

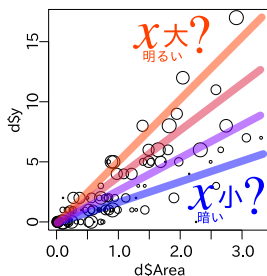
$\log(\lambda_i) = \beta_1 + \beta_2 x_i + \log(A_i)$ 線形予測子は右辺のようになる

このとき $\log(A_i)$ を offset 項とよぶ (係数 β がない)



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: $\log(\text{Area})$
- **線形予測子** $z = \beta_1 + \beta_2 x + \log(\text{Area})$
 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 $\lambda = \exp(z) = \exp(\beta_1 + \beta_2 x + \log(\text{Area}))$
 - **応答変数** は平均 λ のポアソン分布に従う:



glm() 関数の指定

```
fit <- glm(  
  y ~ x,  
  family = poisson(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

offset の指定

リンク関数の指定 (省略可)

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:

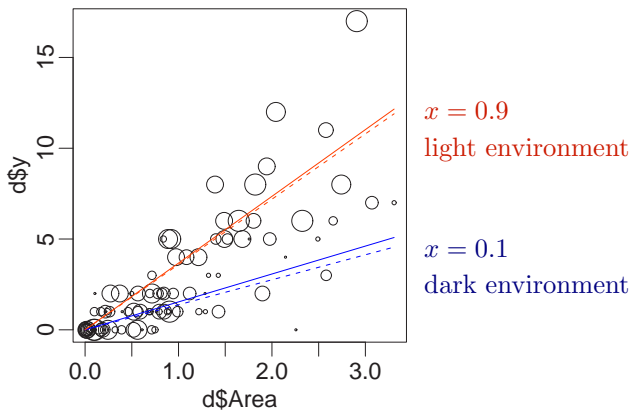
```
glm(formula = y ~ x, family = poisson(link = "log"), data = d,  
  offset = log(Area))
```

(... 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

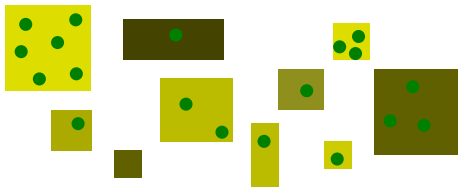
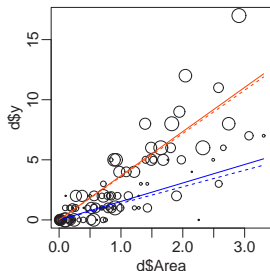
推定結果にもとづく予測を図にしてみる



- 実線は `glm()` の推定結果にもとづく予測
- 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



統計モデルを工夫してわりざんやめよう

- 避けられる割算値

- 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

- 密度などの指数

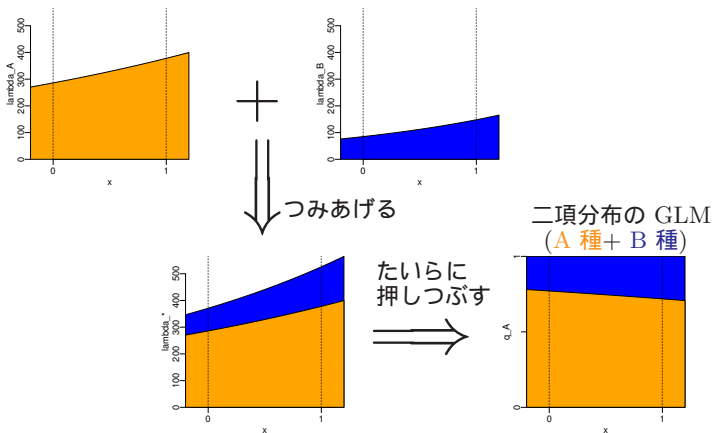
例: 人口密度, specific leaf area (SLA) など

対策: **offset 項わざ** — 統計モデリングの工夫!

時間があれば分割表の統計モデリング

図解: ポアソン分布 GLM・二項分布 GLM のつながり

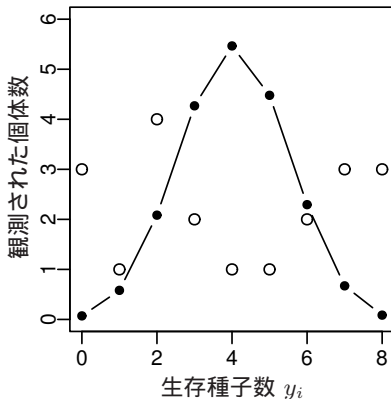
ポアソン分布の GLM (A 種) ポアソン分布の GLM (B 種)



次回予告

The next topic

種子数分布



N 個のうち y 個
 ...という形式のデータ
 なのに
 二項分布ではまったく
 説明できない?

階層ベイズモデル

Hierarchical Bayesian Model (HBM)