統計モデリング入門 2017 (g)

階層ベイズモデルの応用と “対応” のあるデータ解析

久保拓弥 kubo@ees.hokudai.ac.jp

北大環境科学院の講義 http://goo.gl/76c4i

2017–06–28

ファイル更新時刻: 2017–06–27 14:39

この時間で説明したいこと

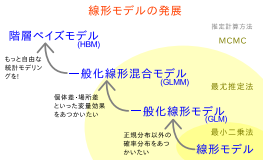
1. 複数ランダム効果の階層ベイズモデル
   個体差 + グループ差, など
2. 時間変化の階層ベイズモデル
   一回だけの変化: “対応のある” (paired) データセット

(1) Hierarchical Bayesian model: individual + pod effects

(2) time-change model: “paired” data set

hierarchical Bayesian model

階層ベイズモデルと GLMM の関係は?



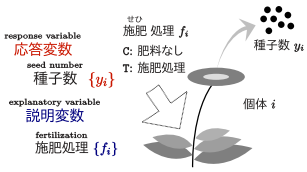
一般化線形混合モデル (Generalized Linear Mixed Model) は階層ベイズモデルのひとつ

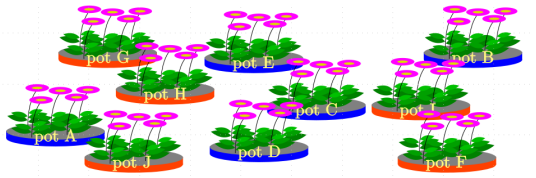
- GLMM では個体差・植木鉢差といった local parameter は積分して消去
- 階層ベイズモデルでは, 何もかも事後分布として推定
- GLMM は一部にすぎない — 階層モデル はもっと広い

1. 複数ランダム効果の階層ベイズモデル

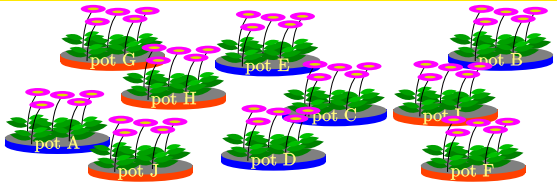
個体差 + 植木鉢差 など

individual effects
+
pod effects ⋯ etc





架空植物の例題: またまた種子数データ

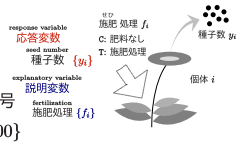


- 肥料をやったら個体ごとの種子数 y_i が増えるかどうかを調べたい
- 植木鉢 10 個, 各鉢に 10 個体の架空植物 (合計 100 個体)
  - コントロール ($f_j = \mathbf{C}$) 5 鉢 (合計 50 個体)
  - 肥料をやる処理 ($f_j = \mathbf{T}$) 5 鉢 (合計 50 個体)

データはこのように格納されている

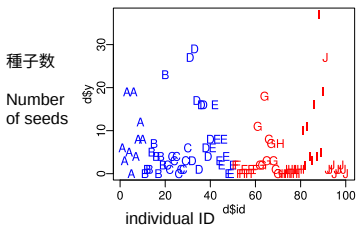
Data set

```
> d <- read.csv("d1.csv")
> head(d)
  id pot f  y
1  1   A C  6
2  2   A C  3
3  3   A C 19
4  4   A C  5
5  5   A C  0
6  6   A C 19
```



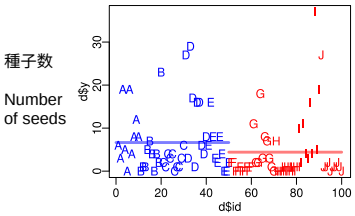
- id 列: 個体番号 $\{1, 2, 3, \cdots, 100\}$
- pot 列: 植木鉢名 {A, B, C, ⋯, J}
- f 列: 処理: コントロール C, 肥料 T
- y 列: 種子数 (応答変数)

データはとにかく図示する!! Visualize your data!



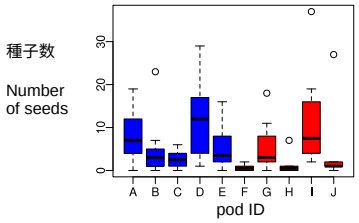
- `plot(d$id, d$y, pch = as.character(d$pot), ...)`
- コントロール・処理 でそんなに差がない?

処理ごとの平均も図に追加してみる



- むしろ 処理 のほうが平均種子数が低い?
- (注) この架空データは 肥料の効果はゼロ と設定して生成した

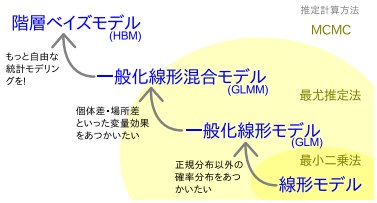
個体差だけでなく 植木鉢差も ありそう？



- `plot(d$pot, d$y, col = rep(c("blue", "red"), each = 5))`
- 植木鉢由来の random effects みたいなものはブロック差と呼ばれる

(一般化な) 線形モデルのわくぐみで，とりあえず考えてみる

線形モデルの発展



GLM: 個体差もブロック差も無視

```
> summary(glm(y ~ f, data = d, family = poisson))
...(略)...
Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)   1.8931     0.0549   34.49  < 2e-16
fT           -0.4115     0.0869   -4.73  2.2e-06
...(略)...
```

- 肥料をやる処理 (f) をすると，平均種子数が下がる？
- AIC でモデル選択しても同じような結果に

GLMM: 個体差だけ考慮，ブロック差は無視

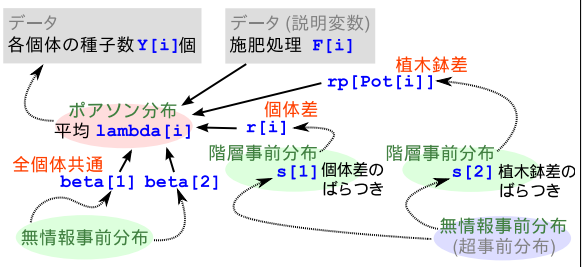
```
> library(glmmML)
> summary(glmmML(y ~ f, data = d, family = poisson,
+ cluster = id))
...(略)...
              coef se(coef)     z Pr(>|z|)
(Intercept)  1.351    0.192  7.05  1.8e-12
fT          -0.737    0.280 -2.63  8.4e-03
...(略)...
```

- やっぱり同じ？
- むしろ肥料処理の悪影響が強い？

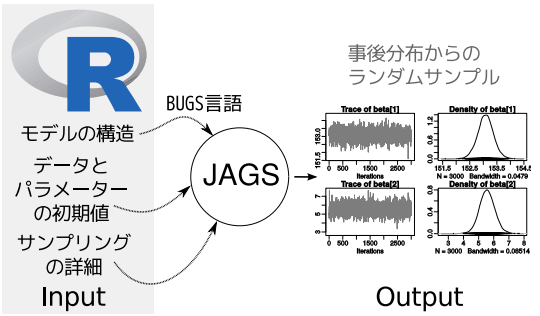
個体差 + ブロック差を考える階層ベイズモデル

- ここでは log リンク関数を使う
- 平均の対数 $\log(\lambda_i) = a + bf_i +$ (個体差) + (ブロック差)
- 事前分布の設定
  - 切片 a と f_i の係数 b は無情報事前分布 (すごく 平らな正規分布)
  - 個体差とブロック差は階層的な事前分布 (それぞれ標準偏差 σ_1, σ_2 の正規分布，平均はゼロ)
  - 標準偏差 σ_* は無情報事前分布 ($[0, 10^4]$ の一様分布)

植木鉢問題の階層ベイズモデルの図示



JAGS を R の “したうけ” として使う



個体差 + ブロック差のあるポアソン回帰の BUGS code (1)

```
model
{
  for (i in 1:N.sample) {
    Y[i] ~ dpois(lambda[i])
    log(lambda[i]) <- a + b * F[i] + r[i] + rp[Pot[i]]
  }
  # 次のページの事前分布の定義につづく
```

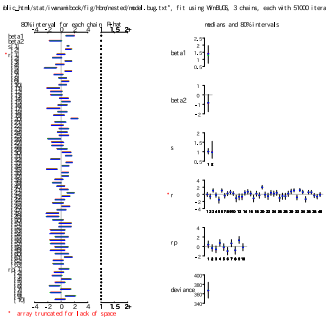
ここでの BUGS coding のポイント

- 因子型の説明変数 $f_i \in \{C, T\}$ は，それぞれ `F[i]` を 0，1 と置きかえる
- `Pot[i]` は 1，2，...，10 と数字になおした植木鉢名をいれておいて，植木鉢の効果 `rp[...]` を参照させる

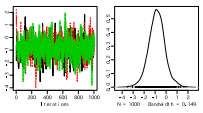
個体差 + ブロック差のあるポアソン回帰の BUGS code (2)

```
  # 前のページからのつづき
  a ~ dnorm(0, 1.0E-4) # 切片
  b ~ dnorm(0, 1.0E-4) # 肥料の効果
  for (i in 1:N.sample) {
    r[i] ~ dnorm(0, tau[1])  # 個体差
  }
  for (j in 1:N.pot) {
    rp[j] ~ dnorm(0, tau[2]) # 植木鉢の差（ブロック差）
  }
  for (k in 1:N.tau) {
    tau[k] <- 1.0 / (sigma[k] * sigma[k]) # 個体・植木鉢のばらつき
    sigma[k] ~ dunif(0, 1.0E+4)
  }
}
```


JAGS による事後分布の推定，R で収束判定



肥料の効果 (パラメーター b) はなさそう？

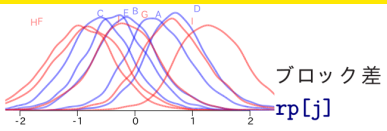


	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rh
a	1.501	0.529	0.482	1.157	1.493	1.852	2.565	1.0
b	-1.016	0.706	-2.436	-1.476	-0.993	-0.565	0.395	1.0
sigma[1]	1.020	0.114	0.822	0.939	1.014	1.089	1.265	1.0

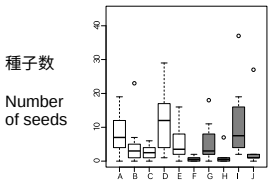
...(略)...

この架空データを生成した種子数シミュレイションでは，肥料の効果はまったく 無いと設定していた

推定された植木鉢の差 (ブロック差)



ブロック差
rp[j]

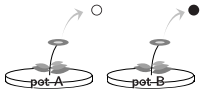


統計モデリングの手ぬきは危険!

- **random effects** つまり 個体差・ブロック差が大きい
- **random effects** の影響が大きいときには，**fixed effects** の大きさが見えにくくなる— ニセの「効果」が見えることもあれば，見えるはずの傾向が隠されることも
  - 個体差・ブロック差の階層ベイズモデルが必要!
- もしブロック差を人為的に小さくできないなら，ブロック数をもっと増やして，より正確な植木鉢の効果のばらつきを正確に推定するしかない

differences both in plants and pots
個体差 + 場所差の GLMM I

(A) 個体・植木鉢が反復

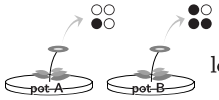


個体差も植木鉢差も推定できない

$\mathrm{logit} q_i = \beta_1 + \beta_2 x_i$ (GLM)

q_i: 種子の生存確率

(B) 個体は擬似反復，植木鉢は反復



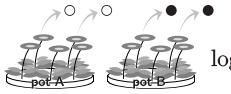
個体差は推定できる
植木鉢差は推定できない

$\mathrm{logit} q_i = \beta_1 + \beta_2 x_i + r_i$

より正確にいうと (A) (B) は個体差と植木鉢差の区別がつかない

differences both in plants and pots
個体差 + 場所差の GLMM II

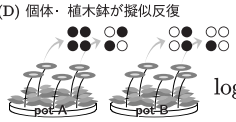
(C) 個体は反復，植木鉢は擬似反復



個体差は推定できない
植木鉢差は推定できる

$\mathrm{logit} q_i = \beta_1 + \beta_2 x_i + r_j$

(D) 個体・植木鉢が擬似反復



個体差も植木鉢差も推定できる

$\mathrm{logit} q_i = \beta_1 + \beta_2 x_i + r_i + r_j$

複雑なモデルほど最尤推定は困難，しかも多くのデータが必要

GLMM は階層ベイズモデル (HBM) で!

- 現実のデータ解析では個体差・場所差の効果を統計モデルに組みこまなければならない
- これらは歴史的には random effects とよばれてきた
- 用語の整理: 統計モデルには global parameter と local parameter があると考えればよい
- GLMM では global parameter を最尤推定する— local parameter は積分して消す
- local parameter が増えると (e.g. 個体差 + 場所差) 最尤推定が難しい → 階層ベイズモデル (Hierarchical Bayesian Model) で事後分布 (posterior) 推定!

2. 「対応」のある時間変化データ

岩波データサイエンス vol.1

久保が書いた階層ベイズモデルの解説記事の例題

架空の実験：給食タイプ→小学生の身長の伸び？

調査地 (県)	給食タイプ	標本サイズ 1回目	標本サイズ 2回目	身長の平均 (cm) 1回目	身長の平均 (cm) 2回目	身長の標準偏差 1回目	身長の標準偏差 2回目
A	T	55	51	151.36	157.27	2.94	2.98
B	T	53	49	151.56	156.83	3.07	3.14
C	C	55	53	152.22	157.08	3.20	3.21
D	T	53	52	153.09	156.00	2.65	2.64
E	T	58	55	153.22	157.24	3.07	3.03
F	C	55	53	153.31	157.22	3.10	3.13
G	C	58	53	152.98	157.81	2.49	2.45
H	C	59	57	153.27	158.95	3.08	3.06
I	T	56	51	152.67	156.82	2.82	2.92
J	C	56	50	155.37	161.71	3.10	3.21

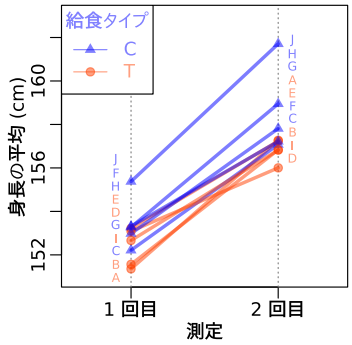
New meal ・給食タイプ T （新型） ：A, B, D, E, I 県
Control ・給食タイプ C （普通） ：C, F, G, H, J 県

新型給食の真の効果はゼロ！

The effects of new meal is set to zero!

Can we estimate the ZERO effect of new meal?

（架空）データ： 給食と身長成長

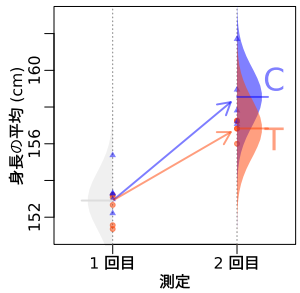


ダメな GLM: bad model 1

調査地 (県)	給食タイプ	標本サイズ 1回目	標本サイズ 2回目	身長の平均 (cm) 1回目	身長の平均 (cm) 2回目	身長の標準偏差 1回目	身長の標準偏差 2回目
A	T	55	51	151.36	157.27	2.94	2.98
B	T	53	49	151.56	156.83	3.07	3.14
C	C	55	53	152.22	157.08	3.20	3.21
D	T	53	52	153.09	156.00	2.65	2.64
E	T	58	55	153.22	157.24	3.07	3.03
F	C	55	53	153.31	157.22	3.10	3.13
G	C	58	53	152.98	157.81	2.49	2.45
H	C	59	57	153.27	158.95	3.08	3.06
I	T	56	51	152.67	156.82	2.82	2.92
J	C	56	50	155.37	161.71	3.10	3.21

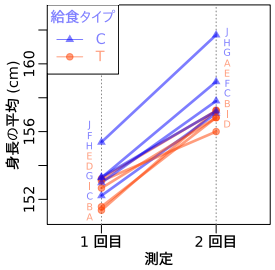
（例） fit ← glm(y ~ t + t:f, ……)
測定回数： t = **1** または **2**（1 回目，2 回目）
給食タイプ： f = C または T

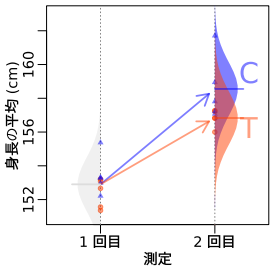
ダメな GLM: bad model 1



（例） fit ← glm(y ~ t + t:f, ……)
測定回数： t = **1** または **2**（1 回目，2 回目）
給食タイプ： f = C または T

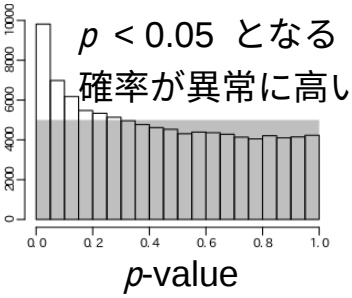
対応（paired）が考慮されてない！





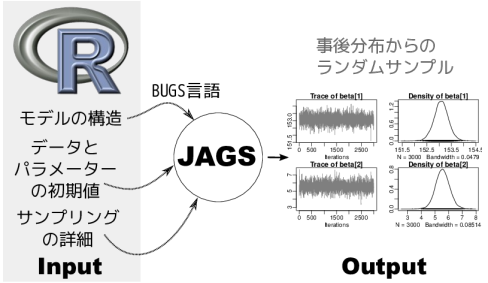
ダメな GLM: bad model 1
glm(y ~ t + t:f, ……)

bad model 1 による第一種の過誤の悪化

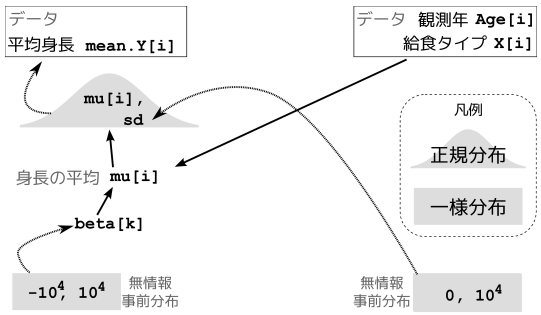


$p < 0.05$ となる確率が異常に高い

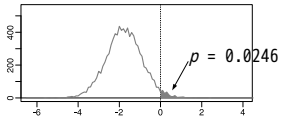
R と JAGS



bad model 1 を Bayes model 化



bad model 1 による第一種の過誤の悪化

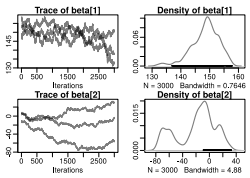


新給食が身長増加に与える効果

しかし…

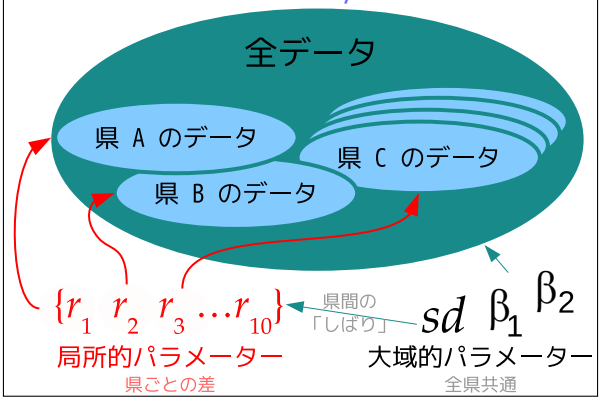
新給食 f=T の真の効果は 0!

bad model 2: 各県独立 Bayes 版

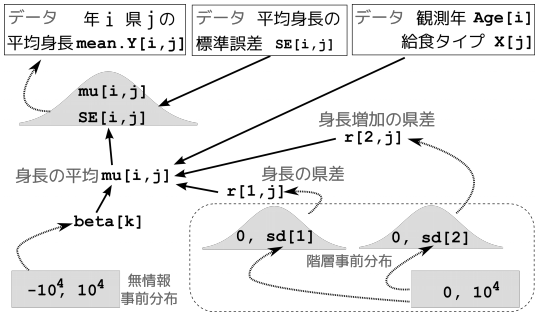


Bayes model でもダメなものはダメ…

Hierarchical Bayesian Model



Hierarchical Bayesian Model

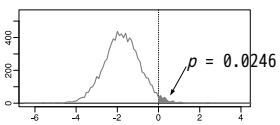


Hierarchical Bayesian Model

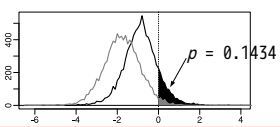
```
model
{
    for (i in 1:2) { # age
        for (j in 1:N.pref) {
            Y.mean[i, j] ~ dnorm(mu[i, j], Tau.se[i, j])
            mu[i, j] <- beta[1] + r[1, j] + (
                beta[2] + beta[3] * X[i, j] + r[2, j]
            ) * Age[i, j]
        }
    }
    for (k in 1:N.beta) {
        beta[k] ~ dunif(-1.0E+4, 1.0E+4)
    }
    for (i in 1:N.r) {
        for (j in 1:N.pref) {
            r[i, j] ~ dnorm(0, tau[i])
        }
        tau[i] <- 1 / (sd[i] * sd[i])
        sd[i] ~ dunif(0, 1.0E+4)
    }
}
```

Hierarchical Bayesian Model による推定結果

bad model 1

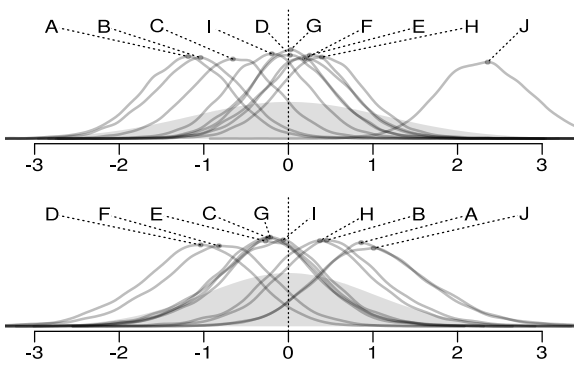


HBM

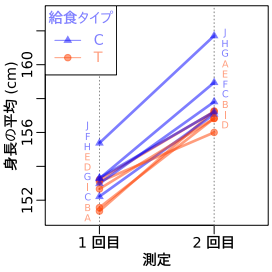


新型給食 f=T の真の効果は 0!

各県の local parameter



対応 (paired) は階層ベイズモデルで！



階層ベイズモデルを適用することで
「同じ対象から複数回の観測をする」
という時間変化
データに対処できる！