

Applications of Hierarchical Bayesian Model

– nested data and “paired data” –

統計モデリング入門 2017 (h)

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

2017-11-15

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

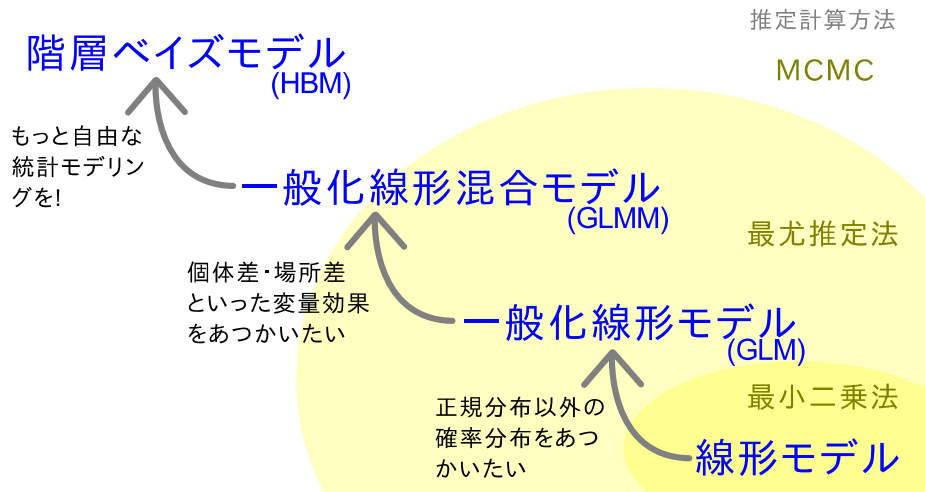
一回だけの変化: “対応のある” (paired) データセット

(1) Hierarchical Bayesian model: individual + pod effects

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

階層ベイズモデルと GLMM の関係は？

線形モデルの発展



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
+
pot effects ... etc

response variable

応答変数

seed number

種子数 $\{y_i\}$

explanatory variable

説明変数

fertilization

施肥処理 $\{f_i\}$

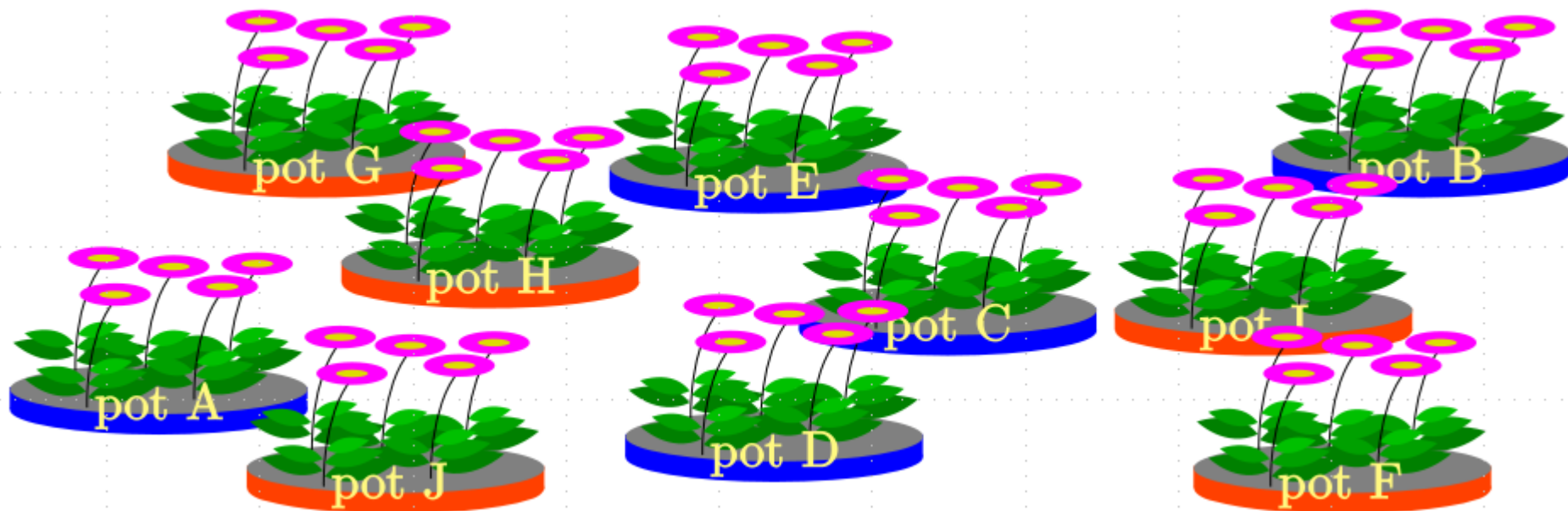
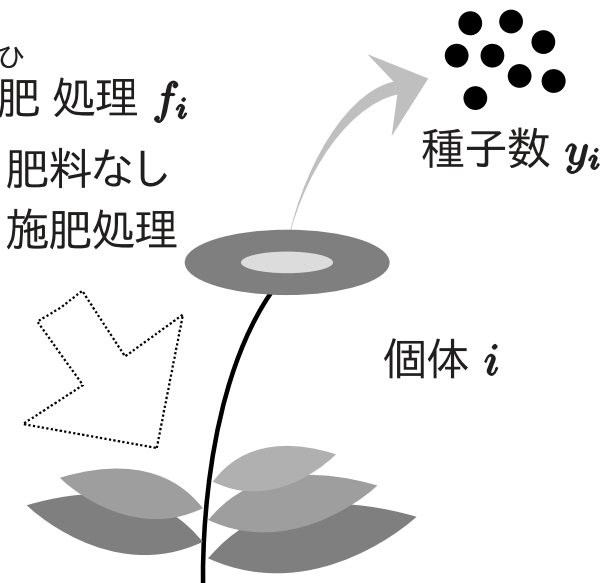
せひ
施肥処理 f_i

C: 肥料なし

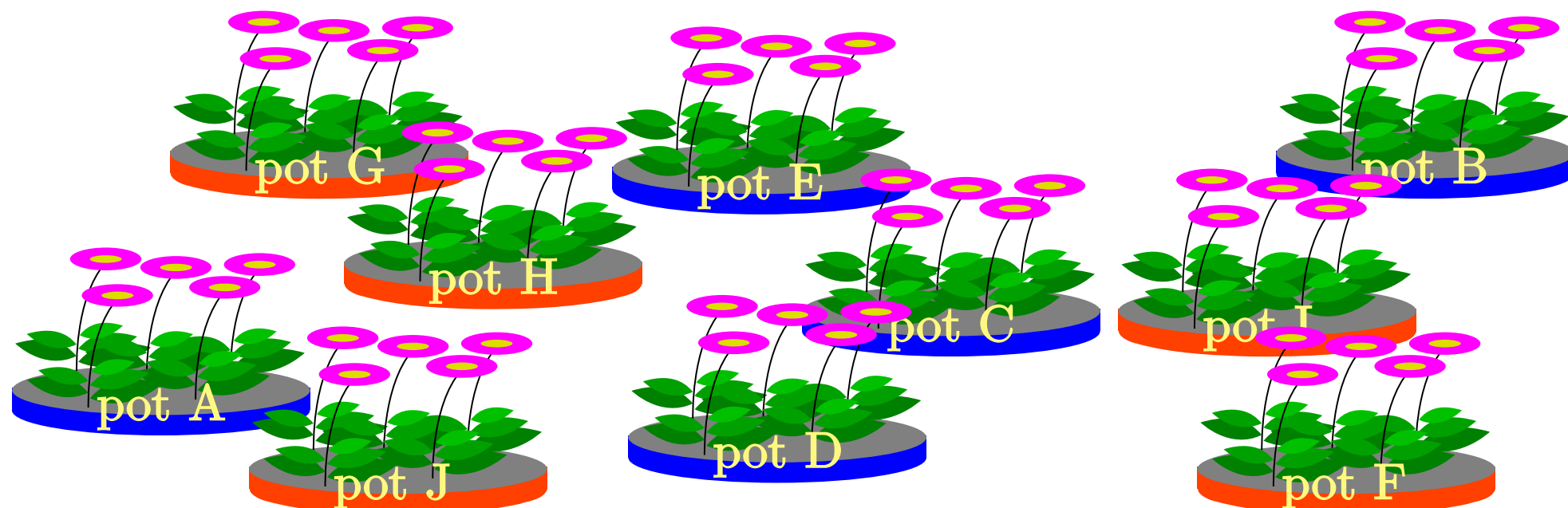
T: 施肥処理

種子数 y_i

個体 i



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, ..., 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)

response variable

応答変数

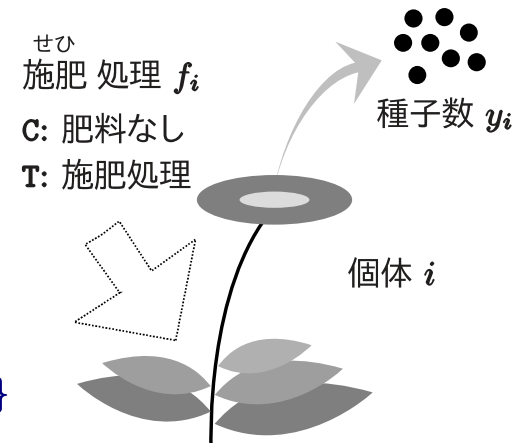
seed number

種子数 $\{y_i\}$

explanatory variable

説明変数

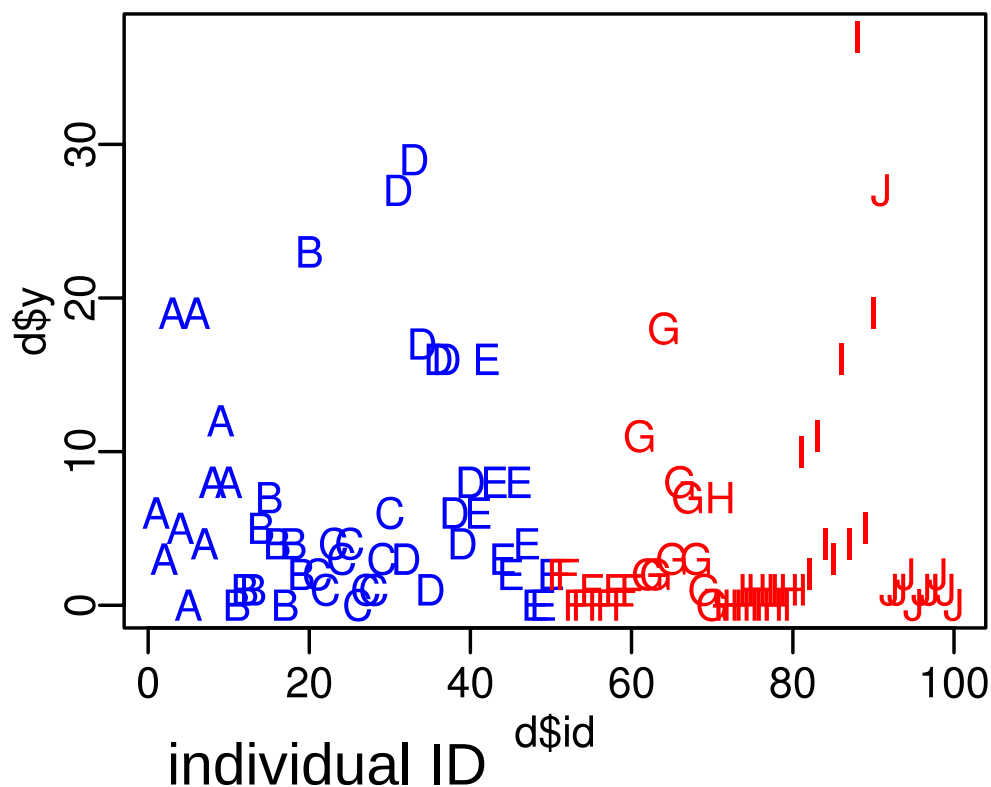
fertilization

施肥処理 $\{f_i\}$ 

データはとにかく 図示する!!

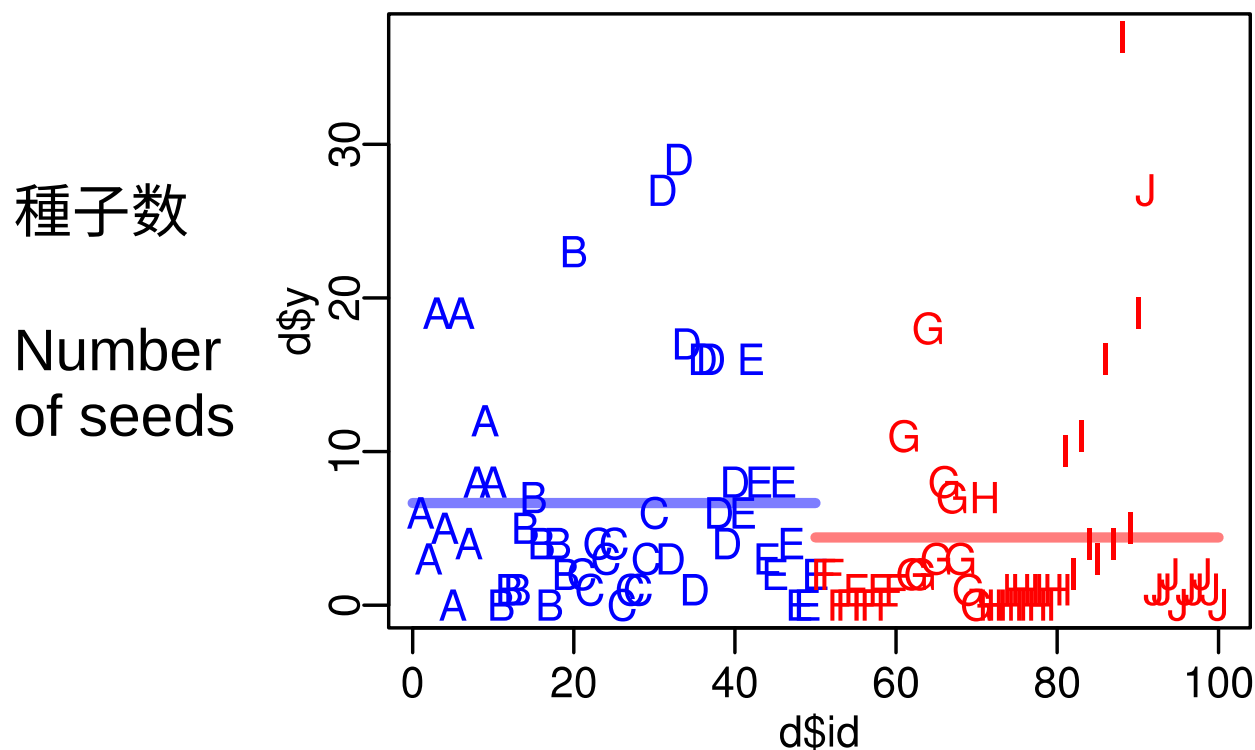
Visualize your data!

種子数
Number
of seeds



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

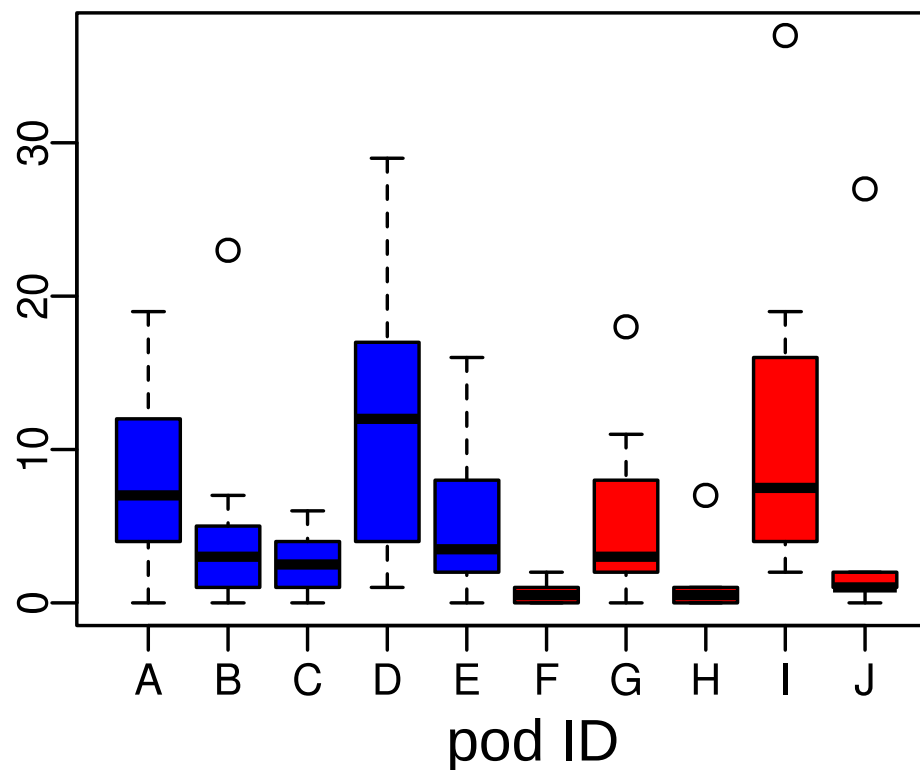
処理ごとの平均も図に追加してみる



- 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？

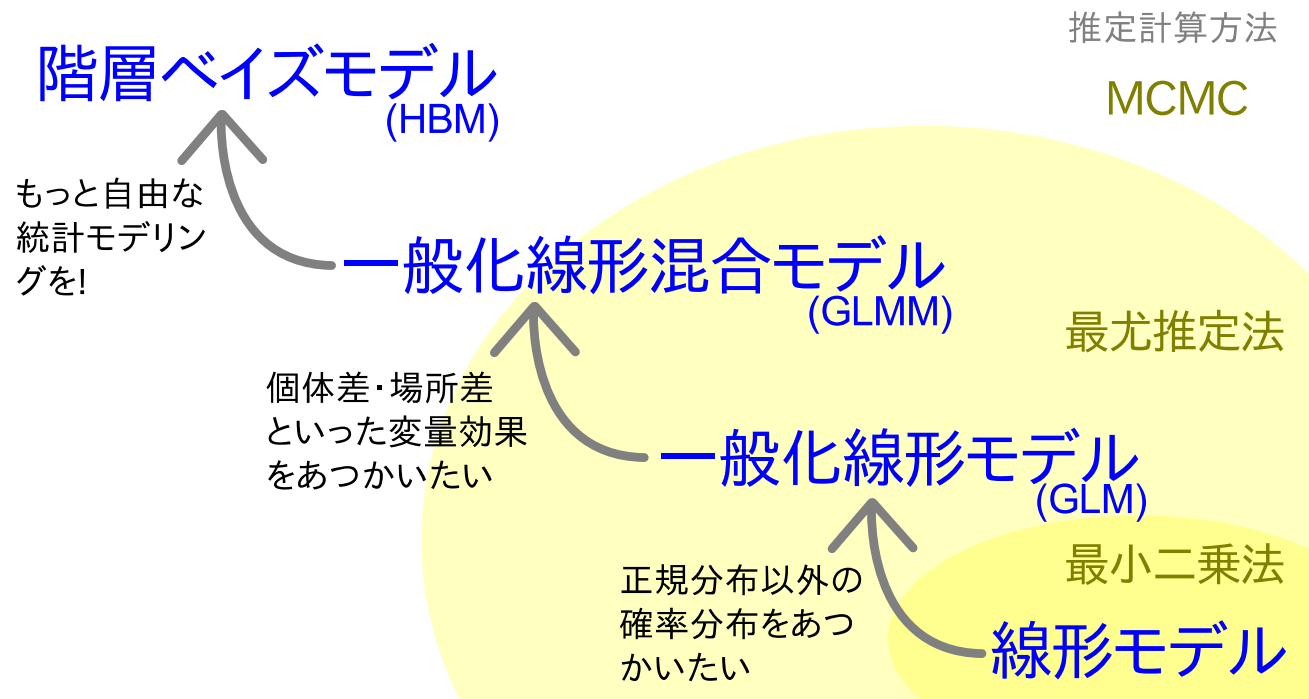
種子数
Number
of seeds



- `plot(dpot, dy, 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(glmML)
> summary(glmML(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

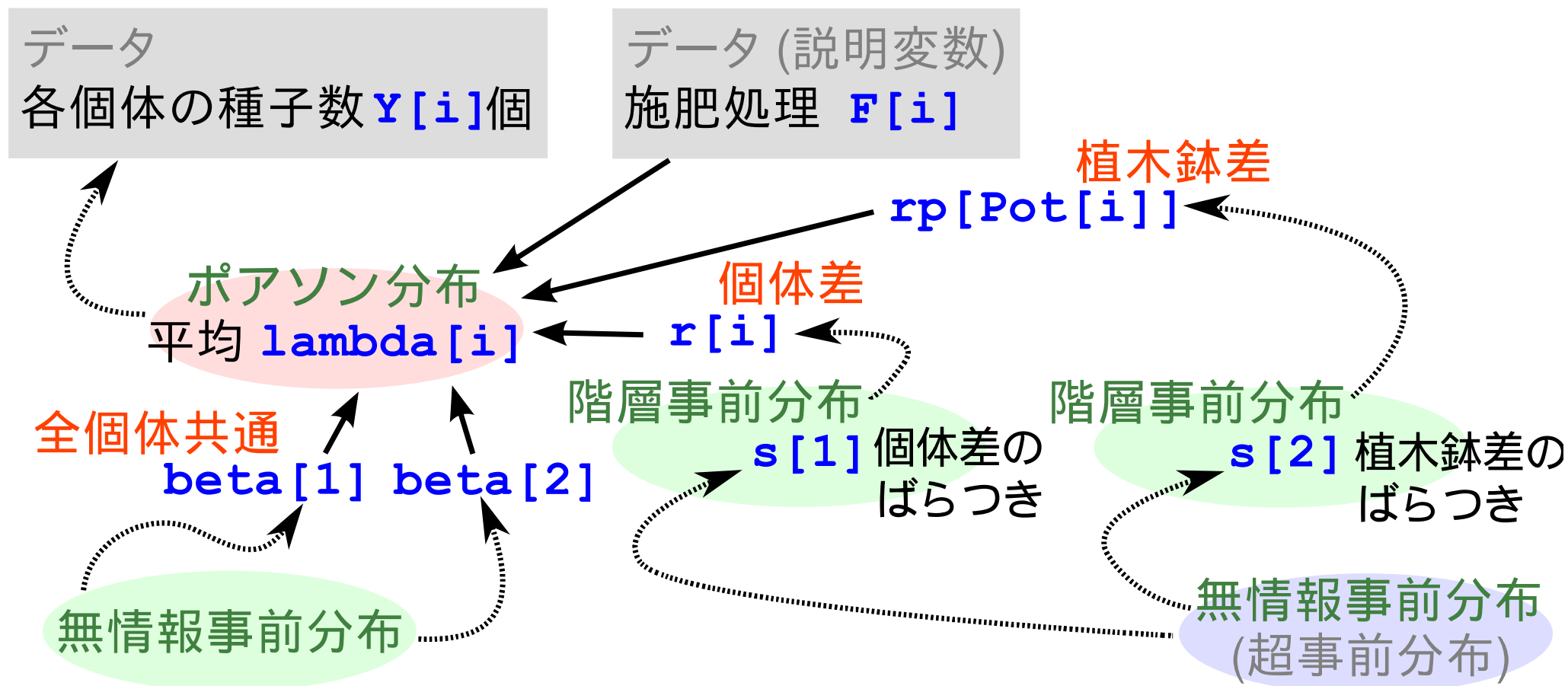
...(略)...

- やっぱり同じ?
- むしろ肥料処理の悪影響が強い?

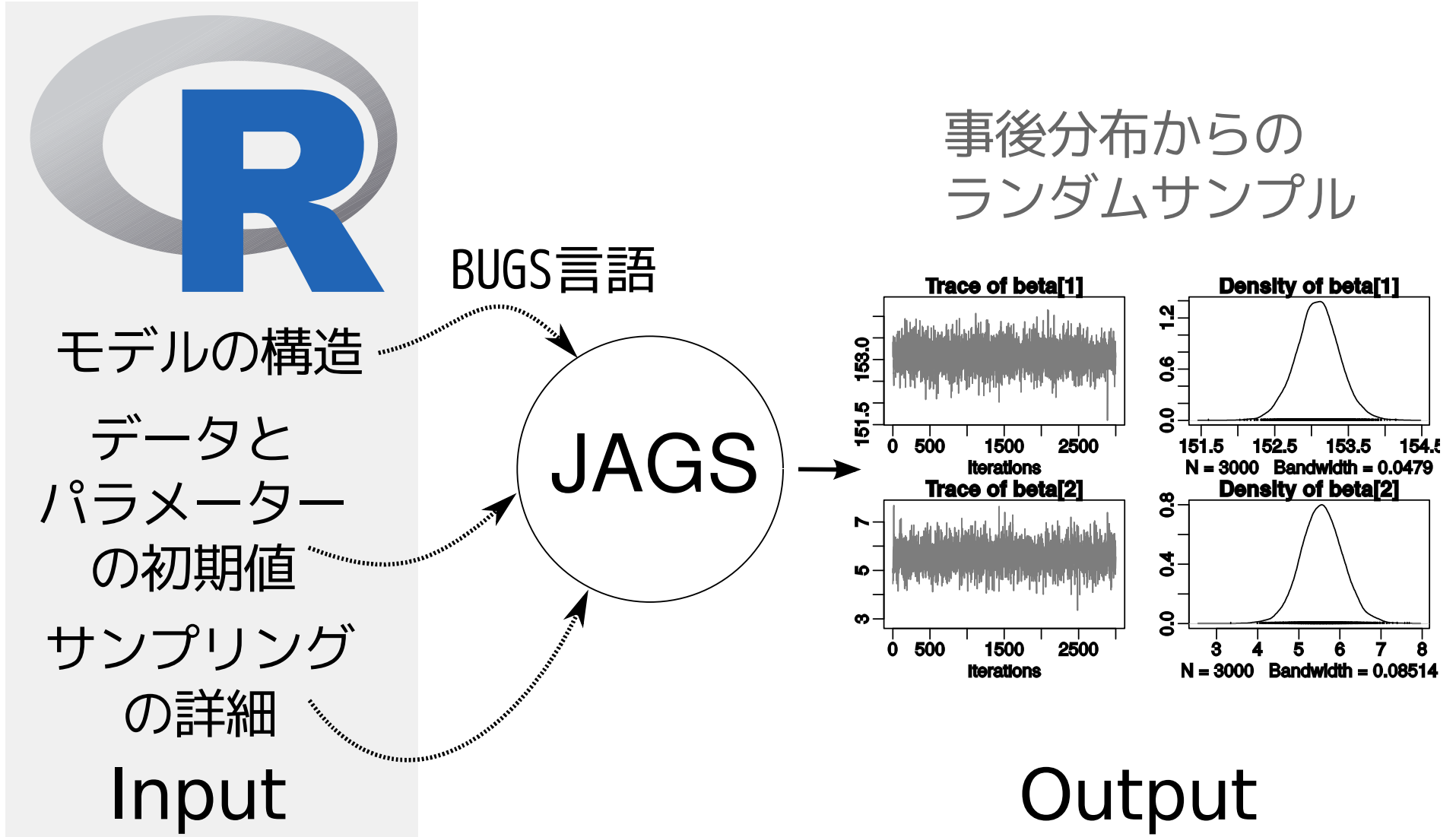
個体差 + ブロック差を考える階層ベイズモデル

- ここでは \log リンク関数を使う
- 平均の対数 $\log(\lambda_i) = a + bf_i + (\text{個体差}) + (\text{ブロック差})$
- 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 $f_i \in \{\mathbf{C}, \mathbf{T}\}$ 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

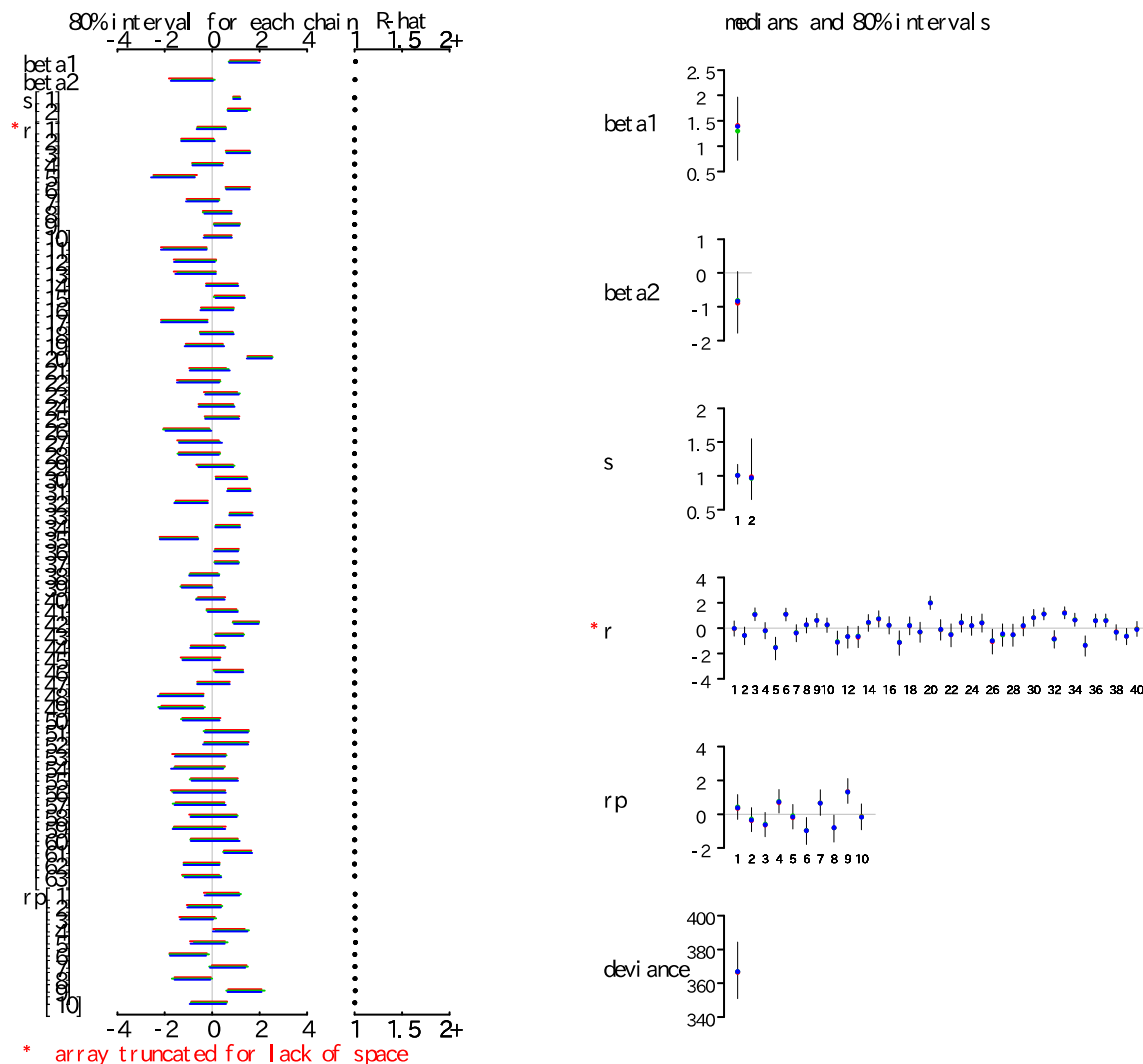
個体差 + ブロック差のあるポアソン回帰の BUGS code (2)

```
# 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)
}
}
```

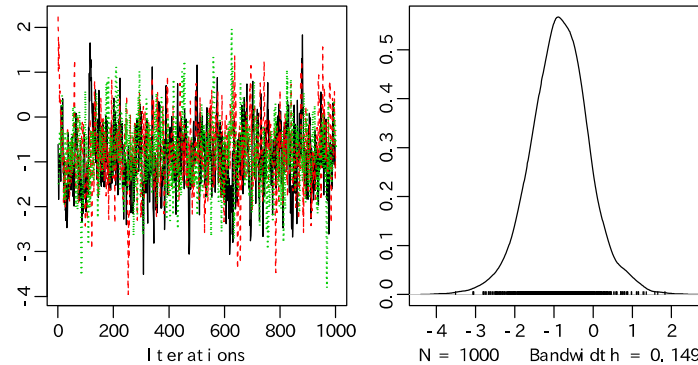
JAGS

による事後分布の推定, R で収束判定

id: http://stat.wanani-book.com/html/nested/model_bug.txt", fit using WinBUGS, 3 chains, each with 51000 iterations



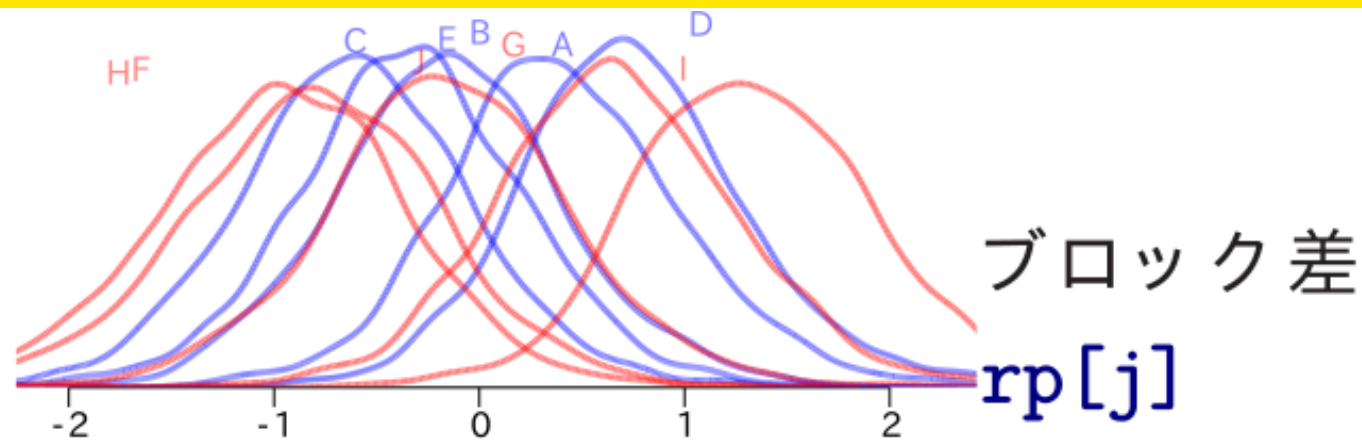
肥料の効果 (パラメーター b) はなさそう?



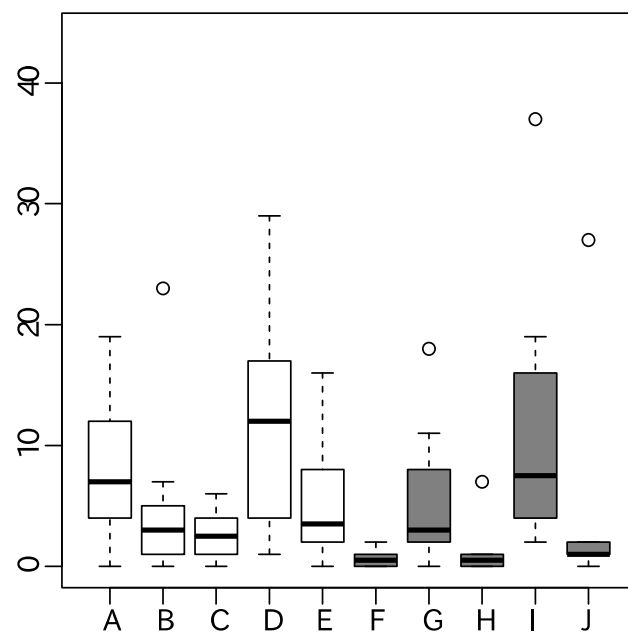
	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat
a	1.501	0.529	0.482	1.157	1.493	1.852	2.565	1.00
b	-1.016	0.706	-2.436	-1.476	-0.993	-0.565	0.395	1.00
sigma[1]	1.020	0.114	0.822	0.939	1.014	1.089	1.265	1.00
...	(略)

この架空データを生成した種子数シミュレーションでは、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)



種子数
Number of seeds

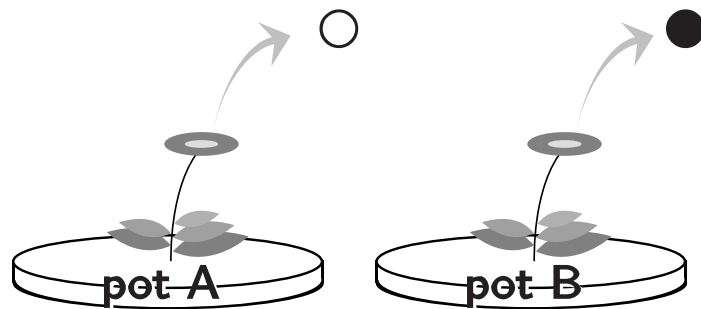


統計モデリングの手ぬきは危険!

- **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

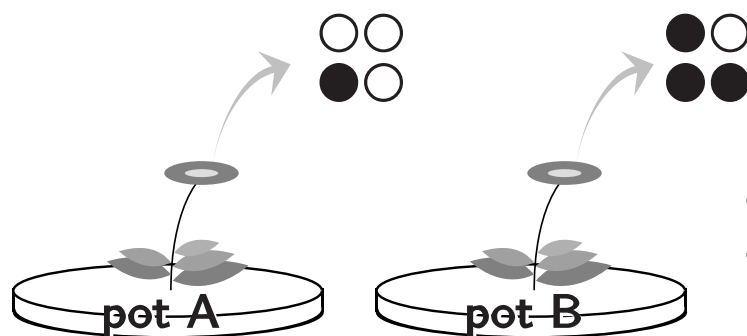


個体差も 植木鉢差も
推定できない

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

q_i : 種子の生存確率

(B) 個体は擬似反復, 植木鉢は反復



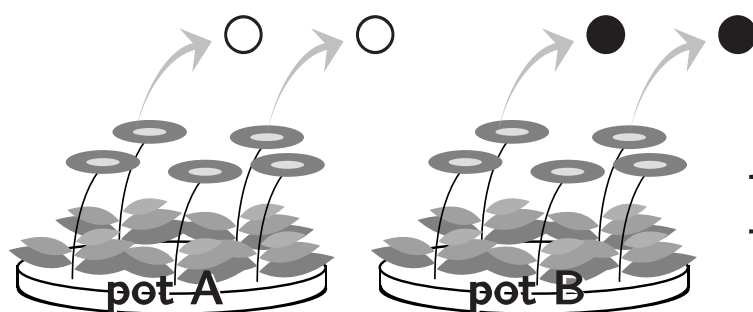
個体差は推定できる
植木鉢差は推定できない

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

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

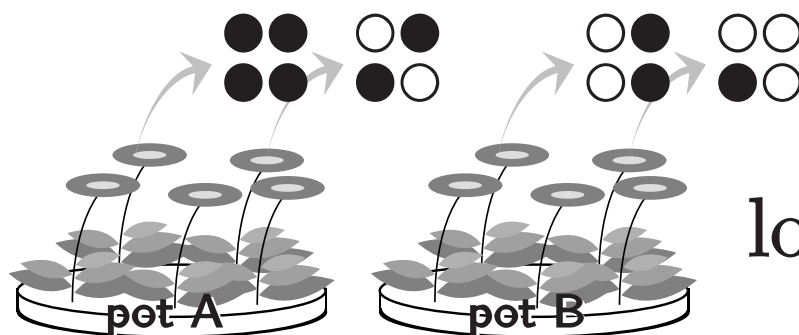
(C) 個体は反復, 植木鉢は擬似反復



個体差は推定できない
植木鉢差は推定できる

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

(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

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

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・場所差の効果を経済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→小学生の身長伸び？

調査地 (県)	給食 タイプ	標本サイズ		身長平均 (cm)		身長標準偏差	
		1回目	2回目	1回目	2回目	1回目	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

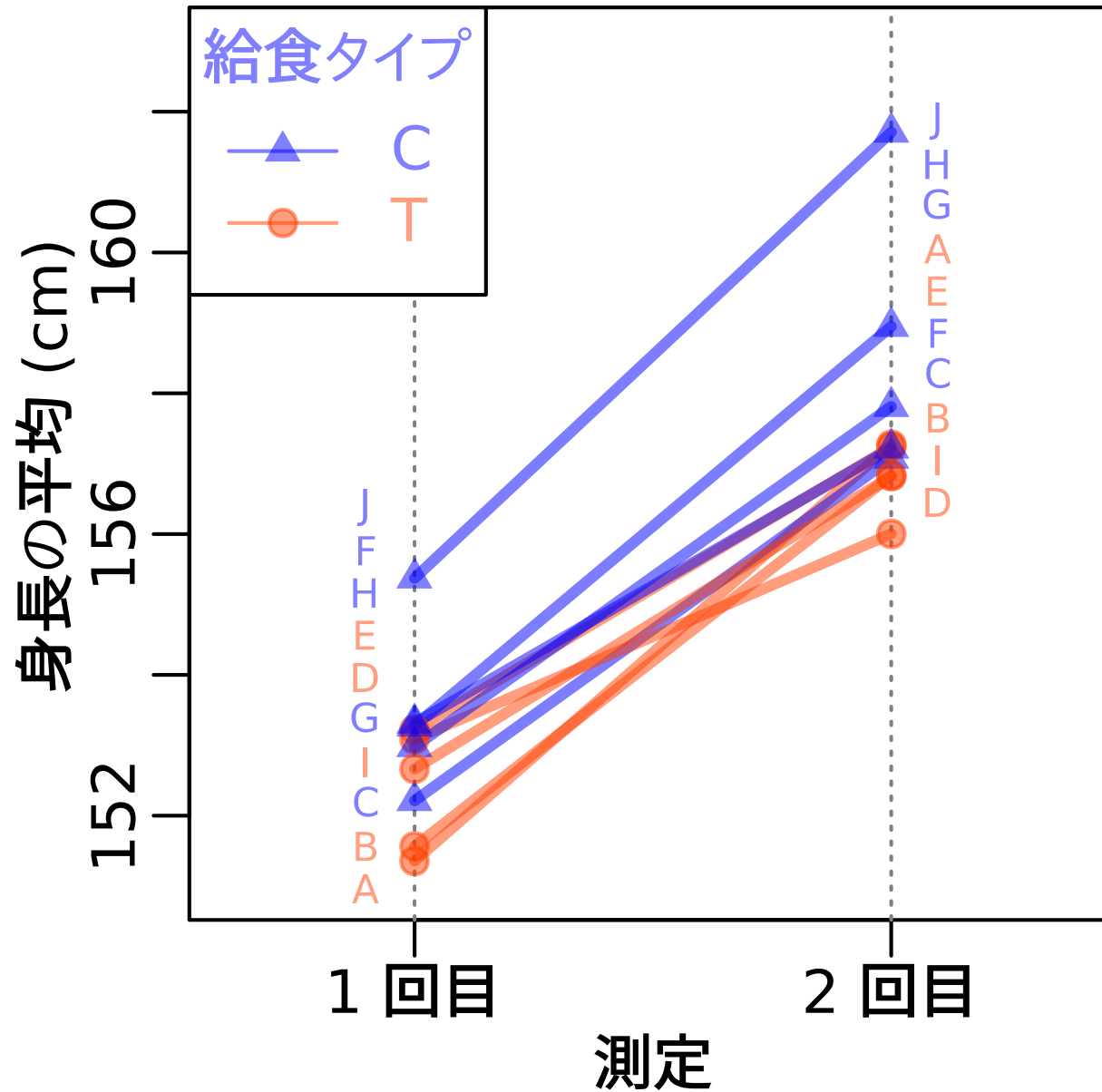
Control ・ 給食タイプ C (普通) : C, F, G, H, J 県

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

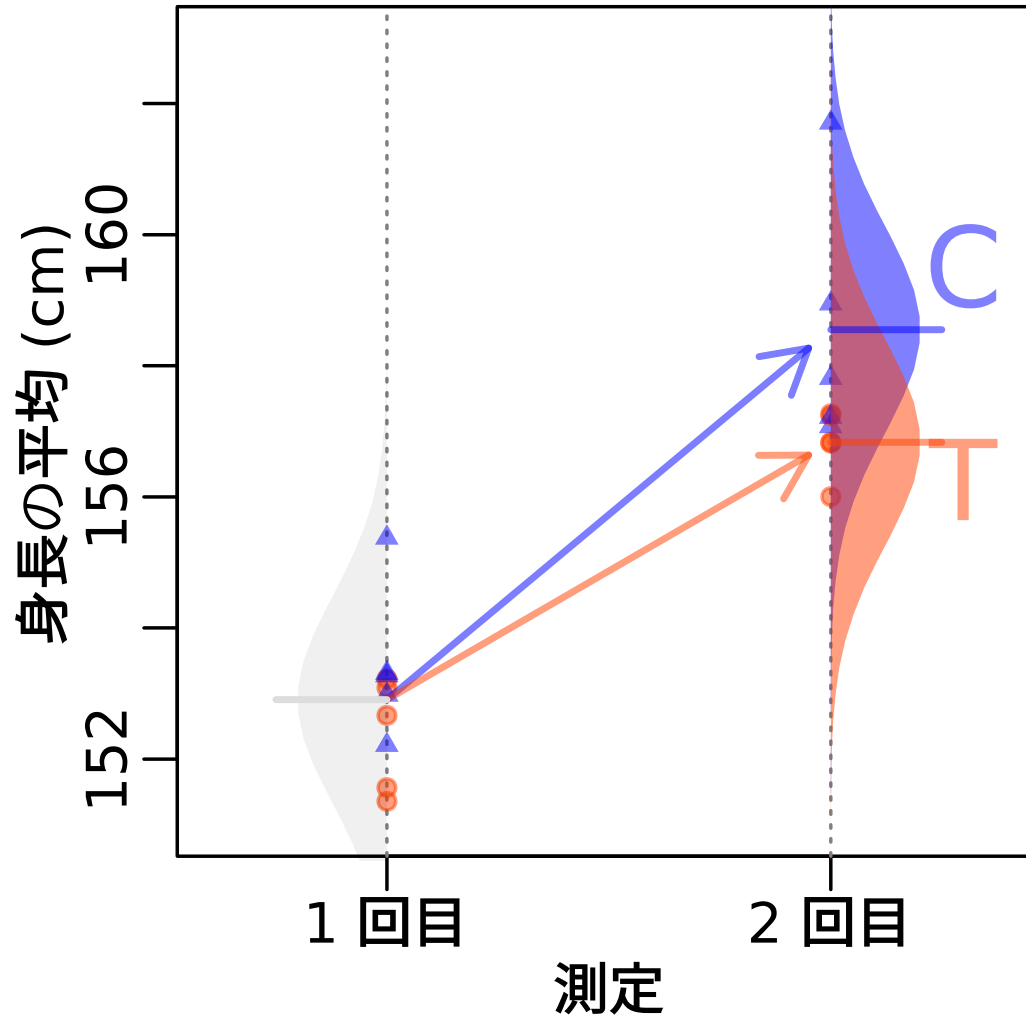
調査地 (県)	給食 タイプ	標本サイズ		身長の平均 (cm)		身長標準偏差	
		1回目	2回目	1回目	2回目	1回目	2回目
A	T	55	51	151.36	157.27	2.94	2.98
B	T	53	49	151.56	156.83	3.07	3.14
C	C	55	53	152.22	157.08	3.20	3.21
D	T	53	52	153.09	156.00	2.65	2.64
E	T	58	55	153.22	157.24	3.07	3.03
F	C	55	53	153.31	157.22	3.10	3.13
G	C	58	53	152.98	157.81	2.49	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) $\text{fit} \leftarrow \text{glm}(y \sim t + t:f, \dots)$

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

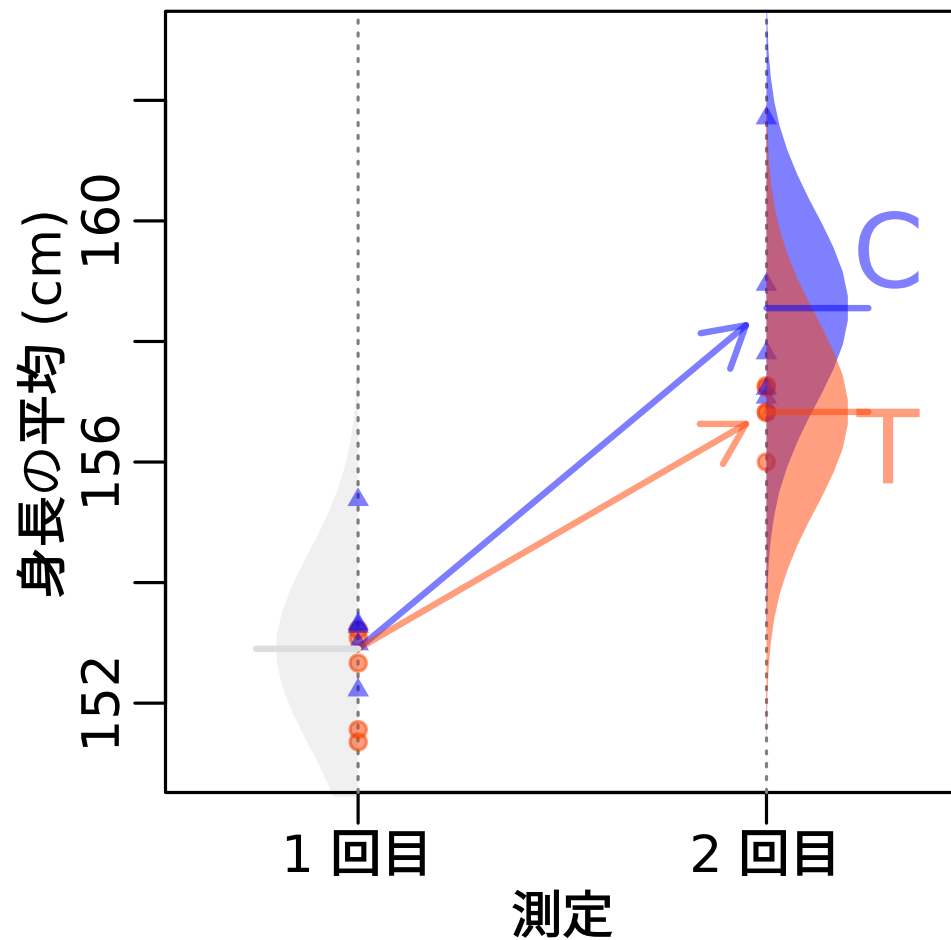
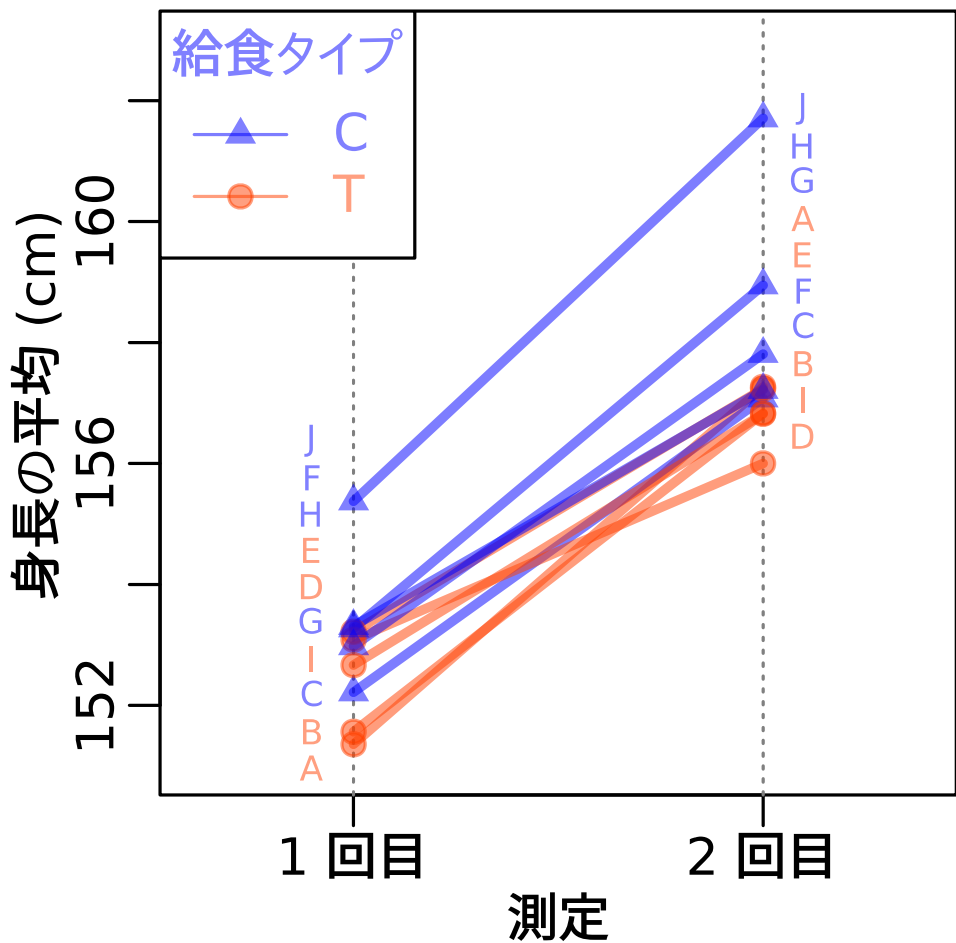


(例) $\text{fit} \leftarrow \text{glm}(y \sim t + t:f, \dots)$

測定回数: $t = 1$ または 2 (1回目, 2回目)

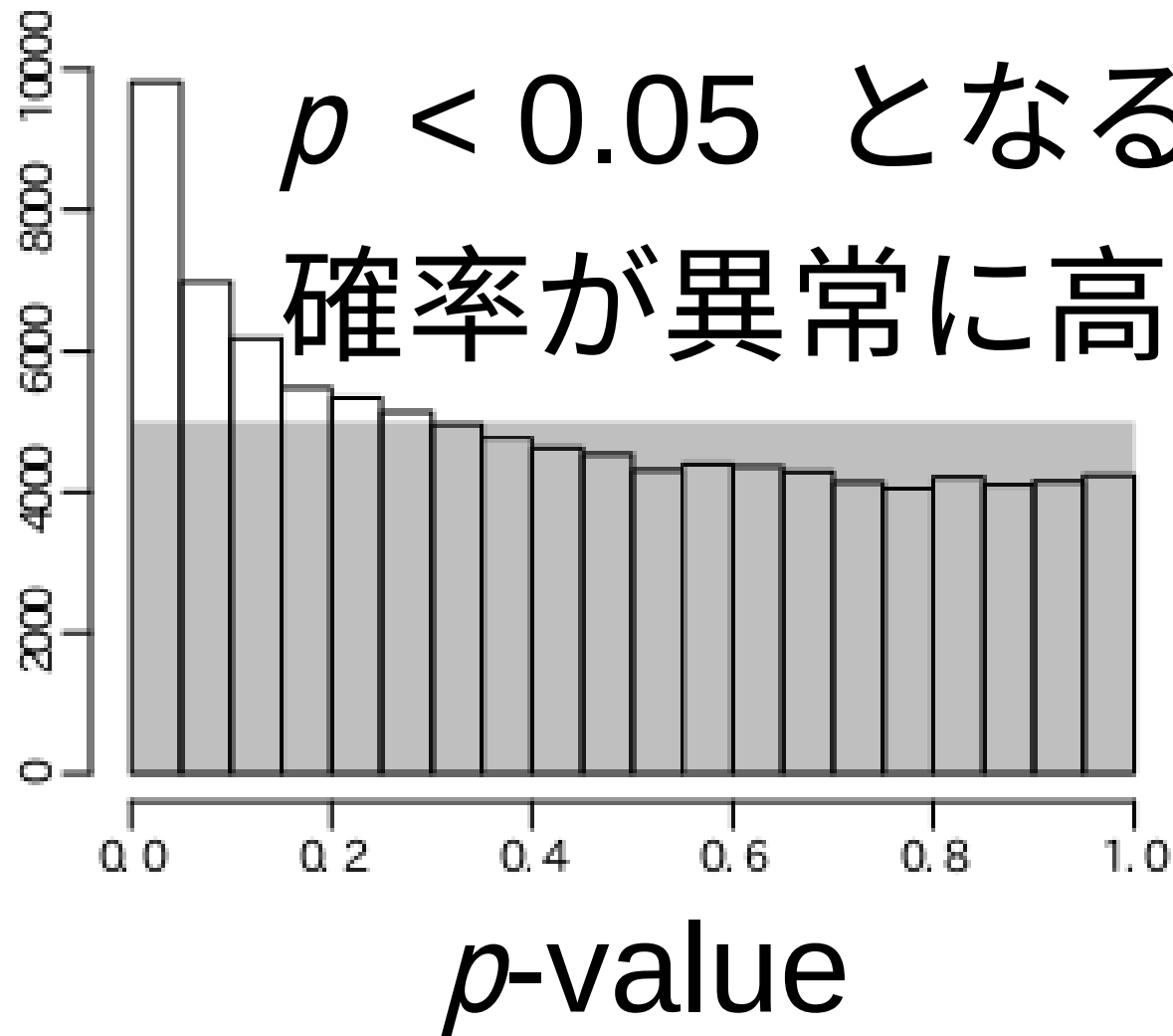
給食タイプ: $f = C$ または T

対応 (paired) が考慮されていない！

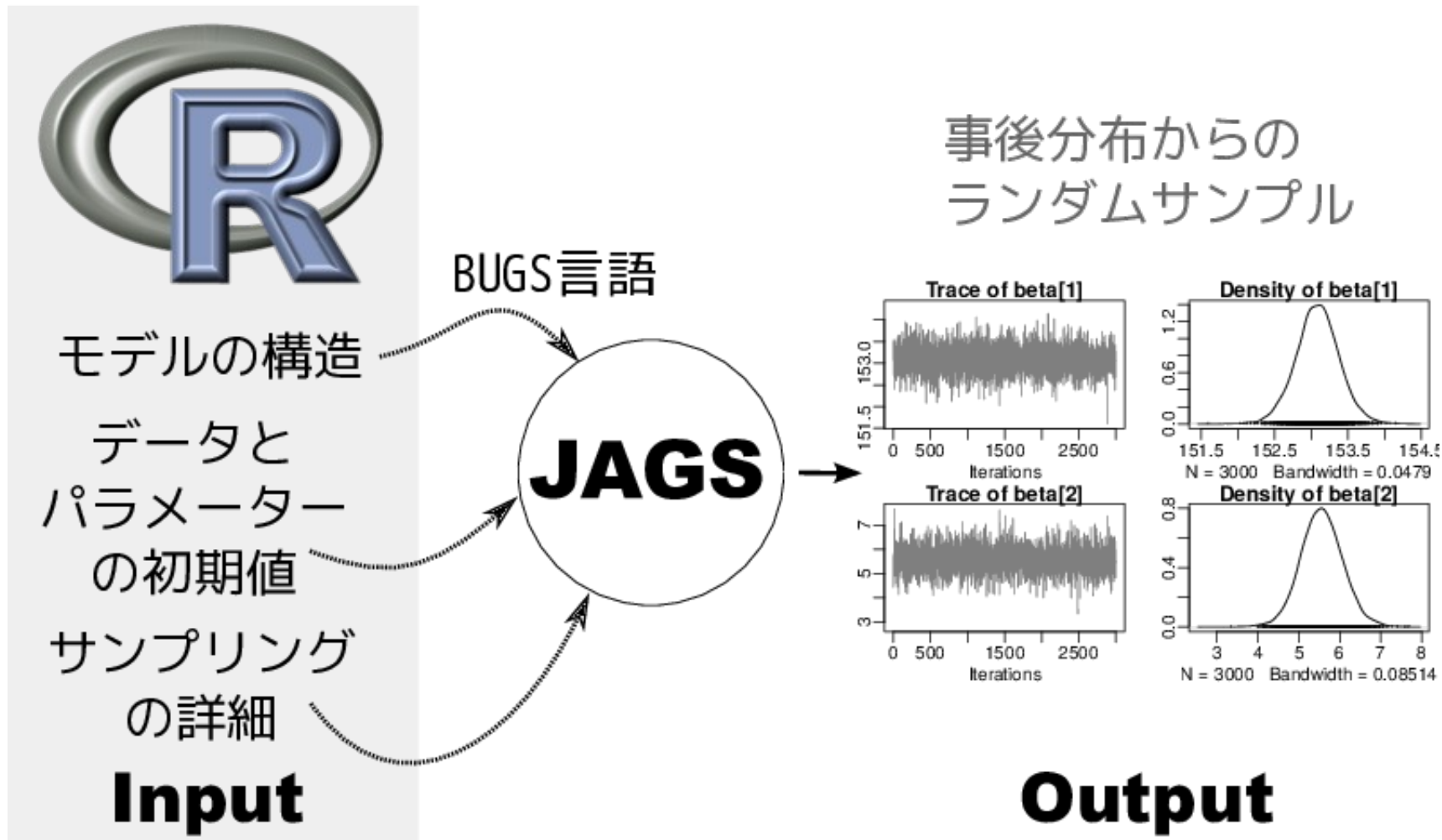


ダメな GLM: bad model 1
 $\text{glm}(y \sim t + t:f, \dots)$

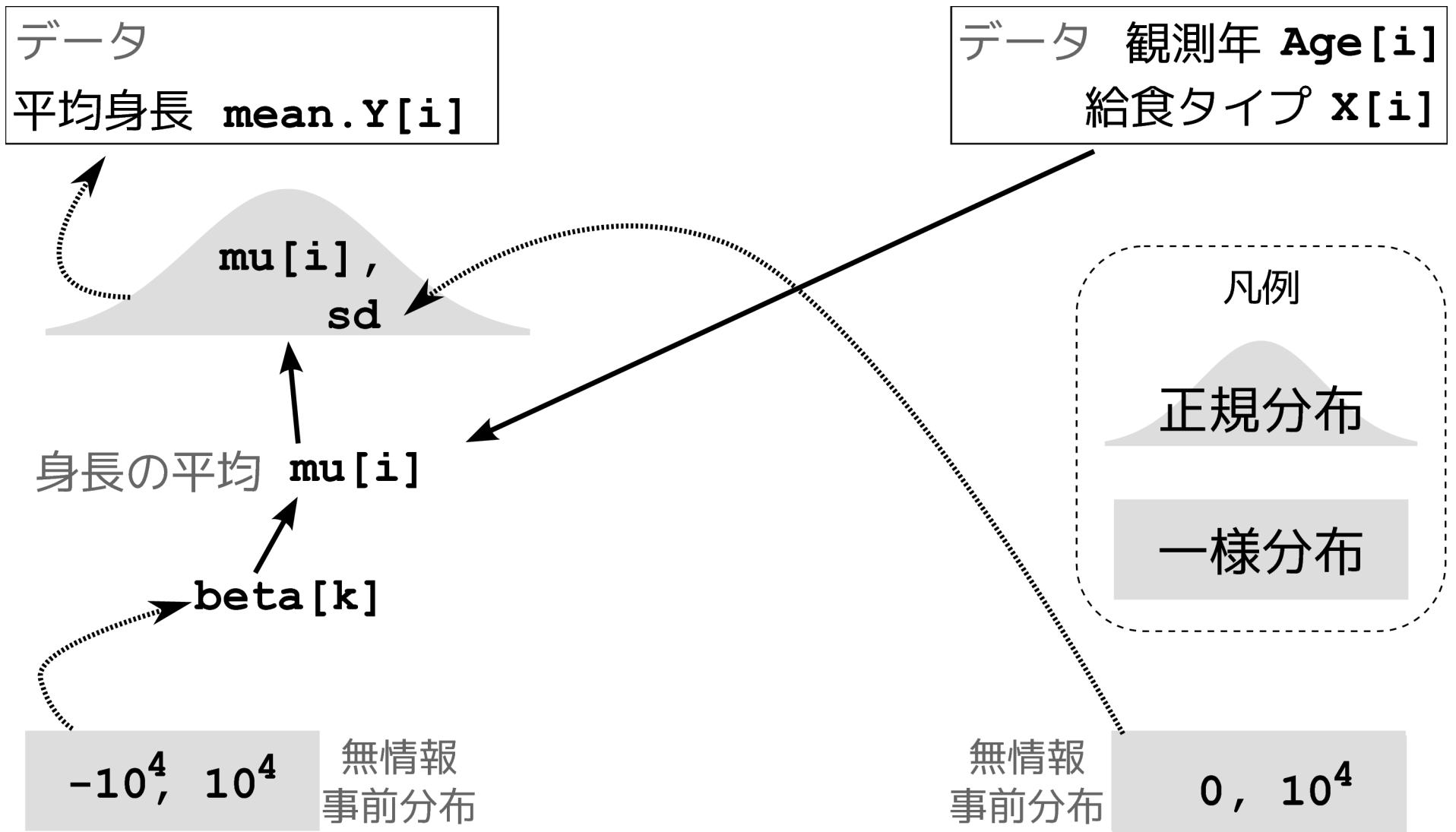
bad model 1 による第一種の過誤の悪化



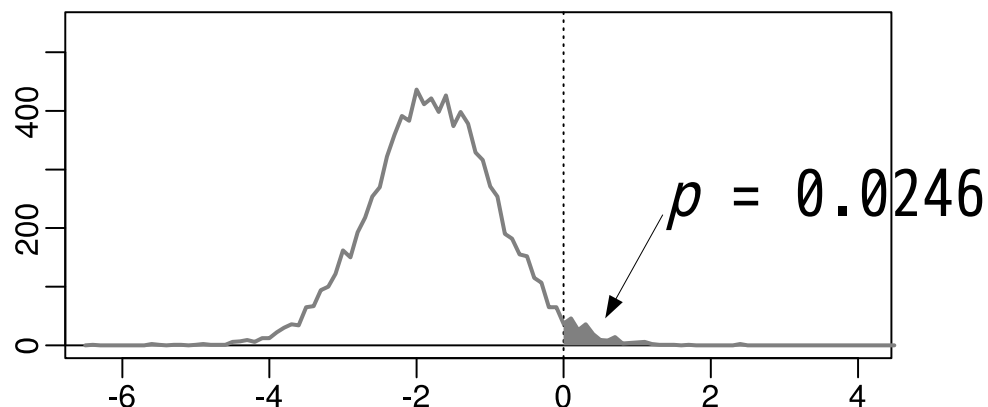
R と JAGS



bad model 1 を Bayes model 化



bad model 1 による第一種の過誤の悪化

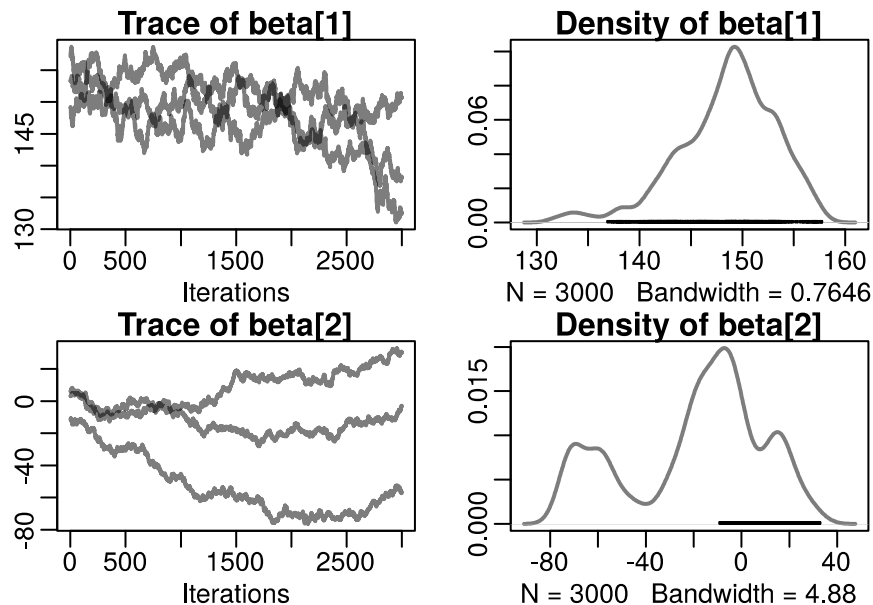


新給食が身長増加に与える効果

しかし…

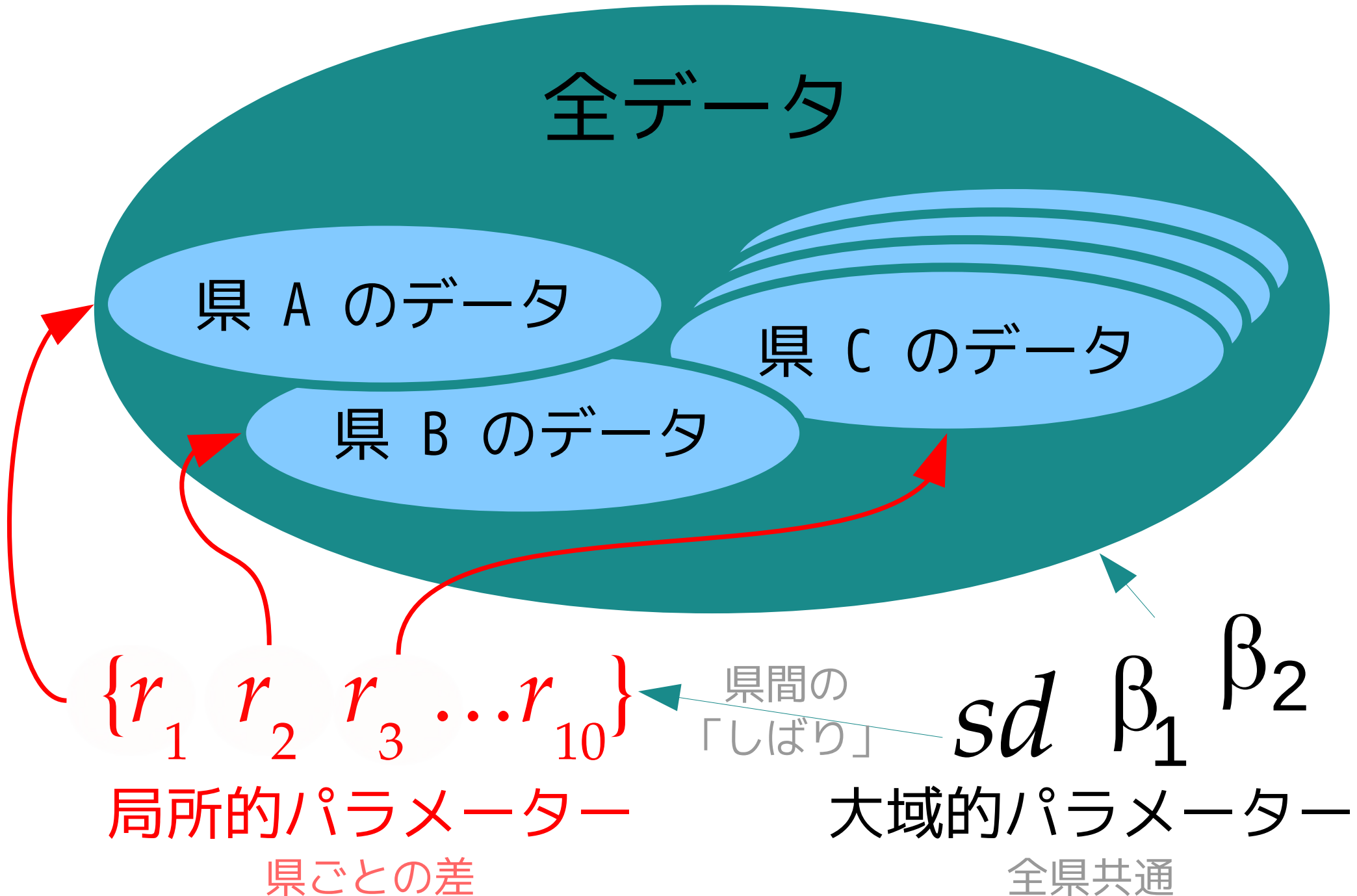
新給食 $f=T$ の真の効果は 0!

bad model 2: 各県独立 Bayes 版

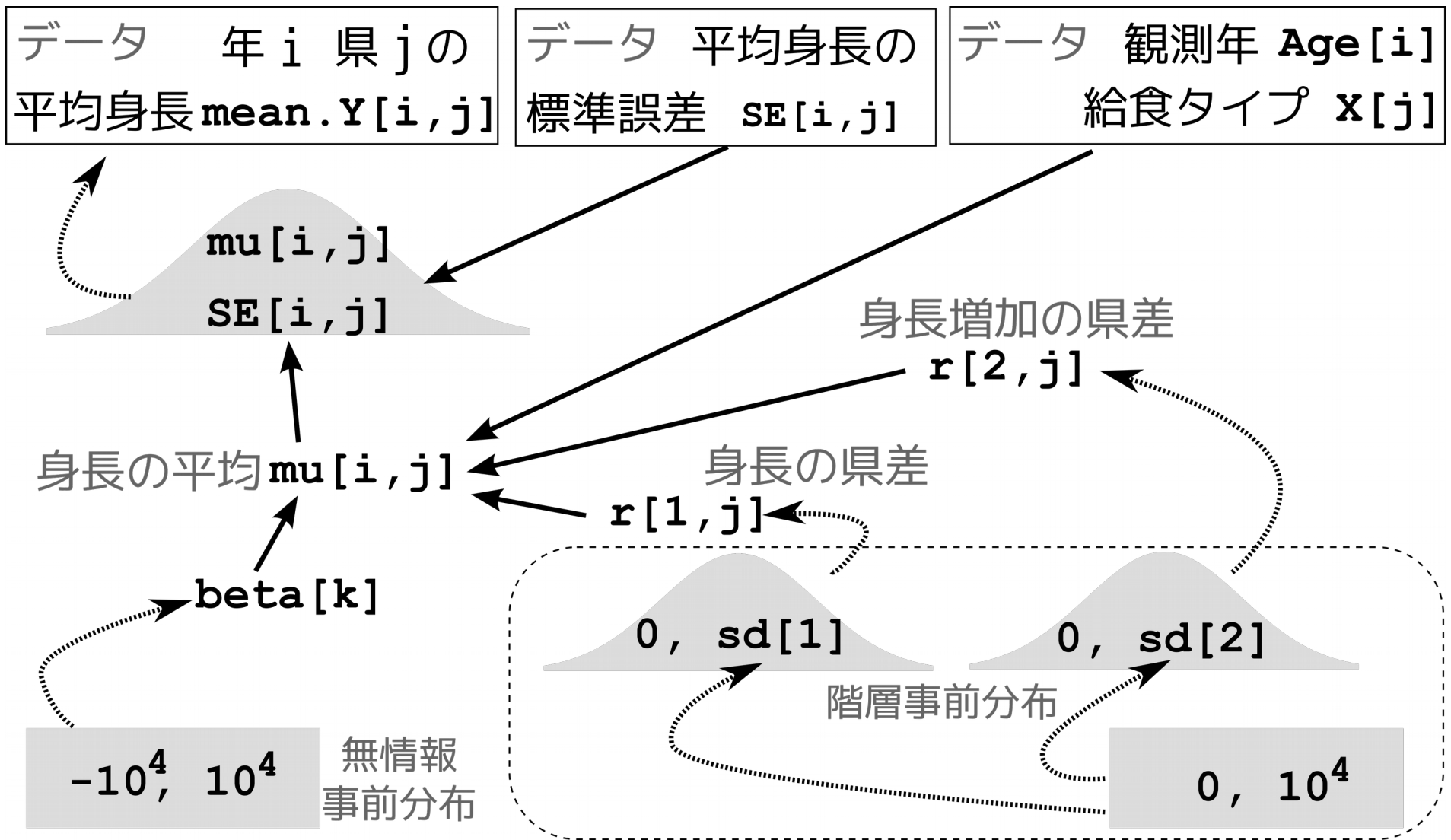


Bayes model でもダメなものはダメ…

Hierarchical Bayesian Model



Hierarchical Bayesian Model

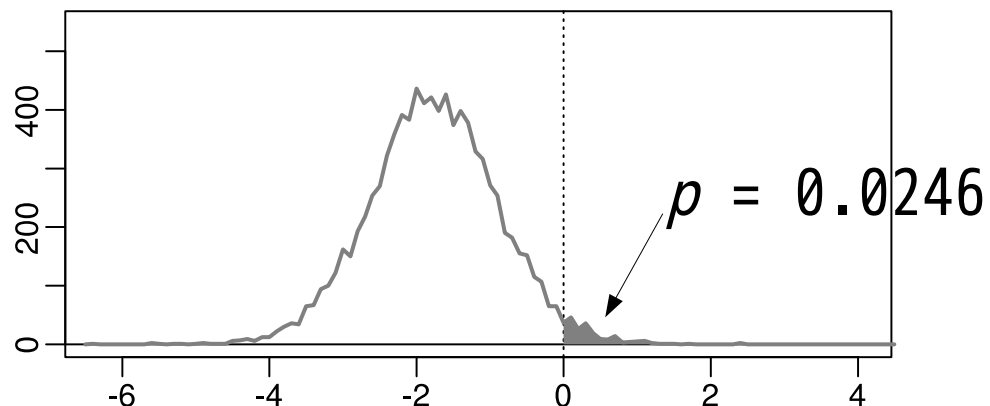


Hierarchical Bayesian Model

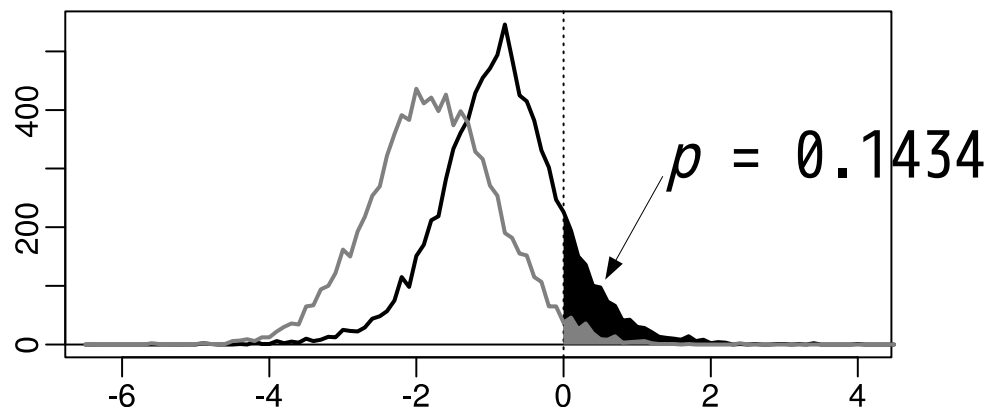
```
1 model
2 {
3   for (i in 1:2) { # age
4     for (j in 1:N.pref) {
5       Y.mean[i, j] ~ dnorm(mu[i, j], Tau.se[i, j])
6       mu[i, j] <- beta[1] + r[1, j] + (
7         beta[2] + beta[3] * X[i, j] + r[2, j]
8       ) * Age[i, j]
9     }
10  }
11  for (k in 1:N.beta) {
12    beta[k] ~ dunif(-1.0E+4, 1.0E+4)
13  }
14  for (i in 1:N.r) {
15    for (j in 1:N.pref) {
16      r[i, j] ~ dnorm(0, tau[i])
17    }
18    tau[i] <- 1 / (sd[i] * sd[i])
19    sd[i] ~ dunif(0, 1.0E+4)
20  }
21 }
```

Hierarchical Bayesian Model による推定結果

bad model 1

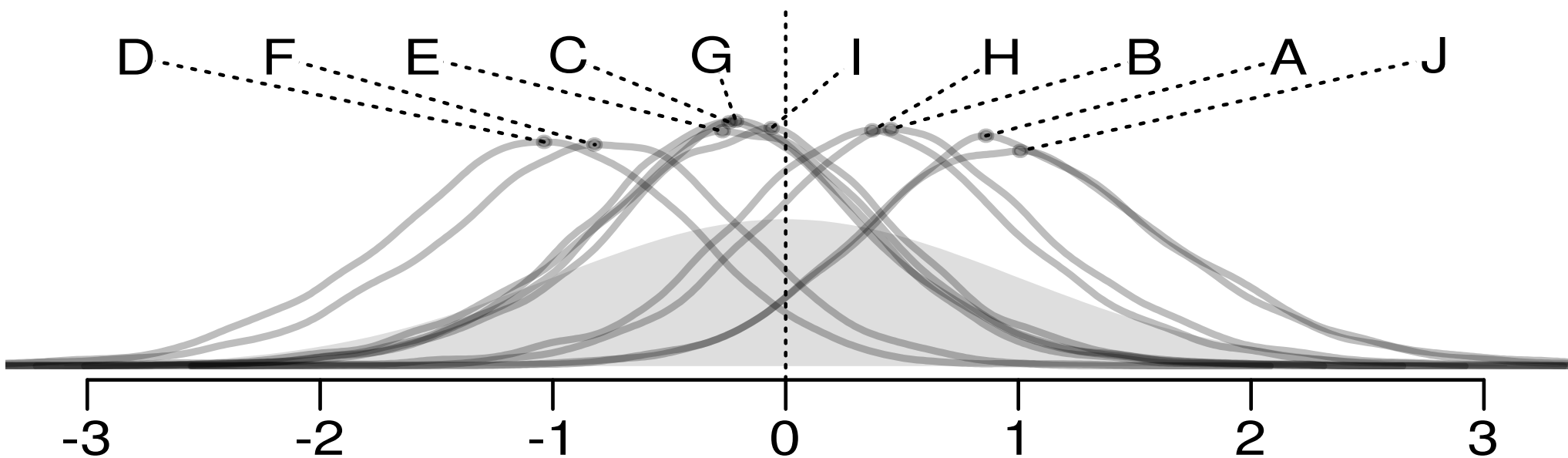
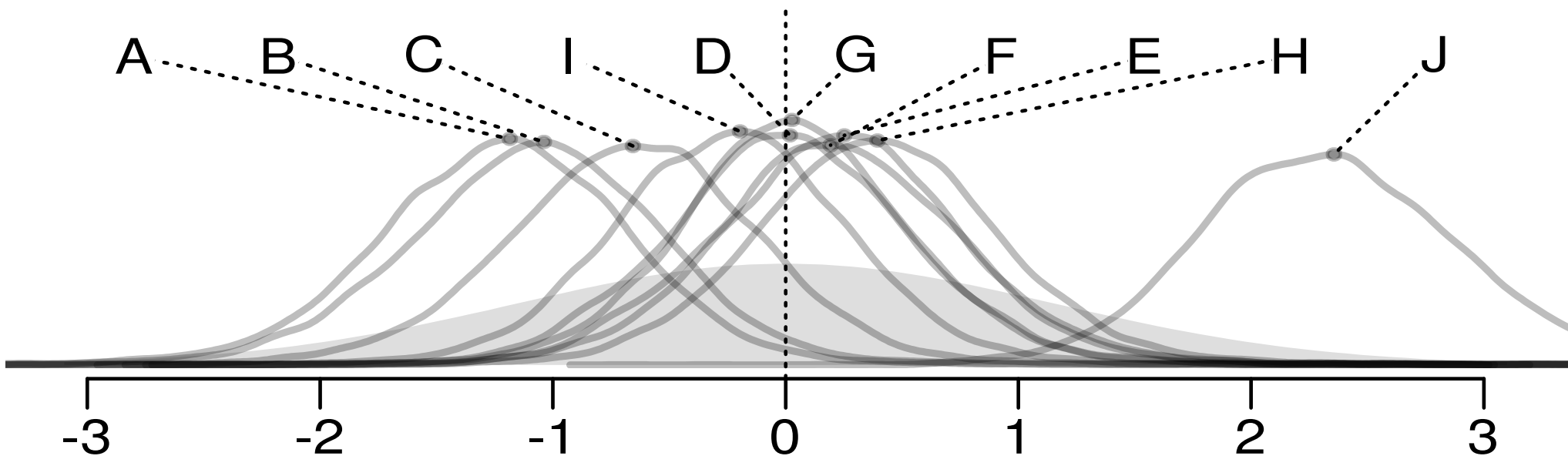


HBM

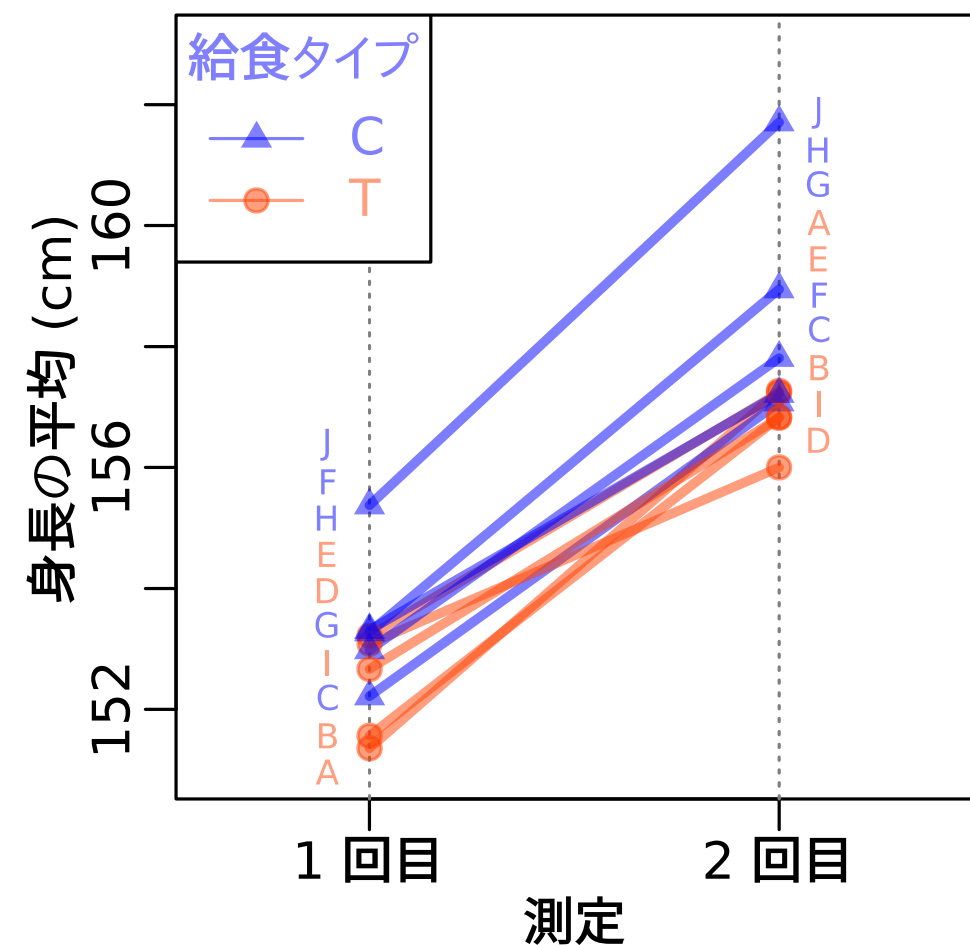


新型給食 $f=T$ の真の効果は 0!

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！