

Sdružené modelování spojitých i diskrétních longitudinálních dat s exkurzí do diskriminační a shlukové analýzy

Arnošt Komárek

Katedra pravděpodobnosti a matematické statistiky

Matematicko-fyzikální fakulta
Univerzity Karlovy v Praze

XVI. ROBUST 2010

Králíky, 31. ledna – 5. února 2010

- 1 Zpět do Nečtin a taky trochu do Roháčů
- 2 Na skok do Hejnic
- 3 Zpátky do Králík
- 4 Stále v Králíkách
- 5 Co v Králíkách bude možná až po 22. hodině + další dvouletka
- 6 Něco na závěr

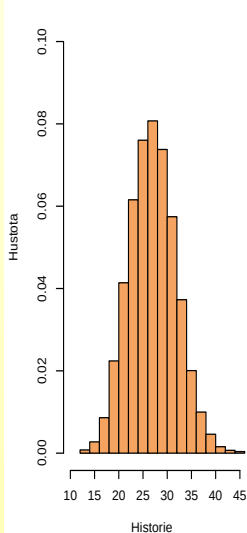
Část I

Zpět do Nečtin a taky trochu do Roháčů

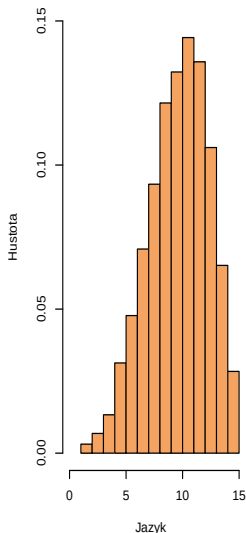
- ✧ *Matematika mezi §§§ aneb něco málo o diskriminaci*
- ✧ 12. termín přijímaček na Právnickou fakultu UK v Praze v roce 1999 s únikem (a prodejem) zadání testů
(které byly dle tehdejšího rektora UK i děkana PF dílem gangsterské mafie stojící mimo fakultu)
- ✧ **Lze vytipovat uchazeče napojené na tuto mafii?**

Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termíny č. 1–11)

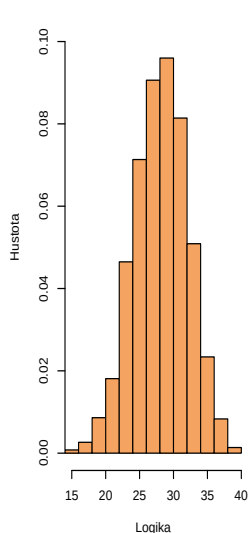
Historie



Jazyk

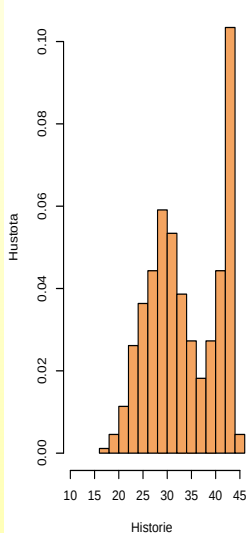


Logika

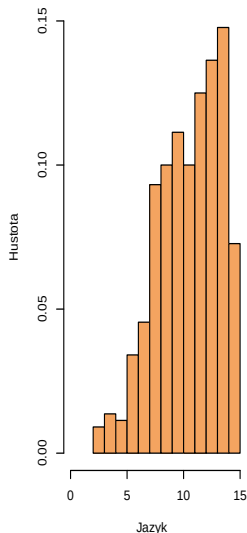


Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termín č. 12)

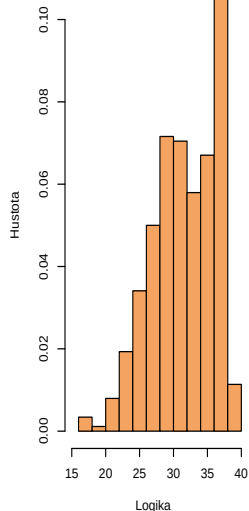
Historie



Jazyk

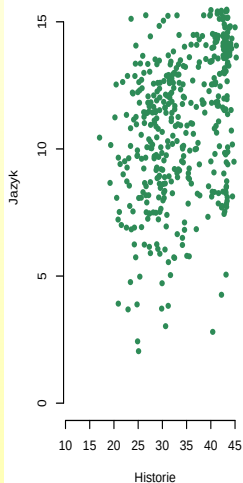


Logika

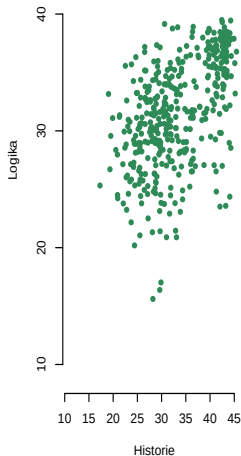


Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termín č. 12)

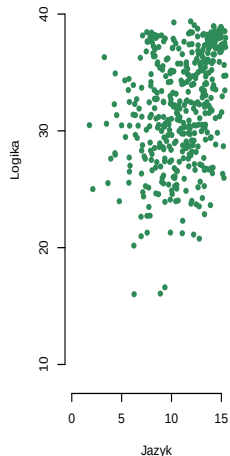
Historie x Jazyk



Historie x Logika



Jazyk x Logika



Modelově založená shluková analýza (Model based clustering)

- ✧ $\mathbf{Y} = (Y_1, \dots, Y_p)'$: náhodný vektor pro odezvu
(např. body z jednotlivých testů u náhodně vybraného uchazeče) s hustotou $p(\mathbf{y})$
- ✧ Směsový model pro $\mathbf{Y}$: $p(\mathbf{y}) = \sum_{k=1}^K w_k \phi(\mathbf{y}; \boldsymbol{\eta}_k)$
- ✧ K ... počet shluků
- ✧ $\mathbf{w} = (w_1, \dots, w_K)'$... proporce (váhy) jednotlivých shluků
- ✧ $\boldsymbol{\eta}_1, \dots, \boldsymbol{\eta}_K$... parametry rozdělení odezvy v jednotlivých shlucích
- ✧ ϕ ... vhodná hustota
- ✧ $\boldsymbol{\theta} = (w_1, \dots, w_K, \boldsymbol{\eta}'_1, \dots, \boldsymbol{\eta}'_K)'$... parametry modelu

Modelově založená shluková analýza

Odhad směšového modelu

$$\star \mathbf{Y}_1, \dots, \mathbf{Y}_n \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} p(\mathbf{y}) = \sum_{k=1}^K w_k \phi(\mathbf{y}; \boldsymbol{\eta}_k)$$

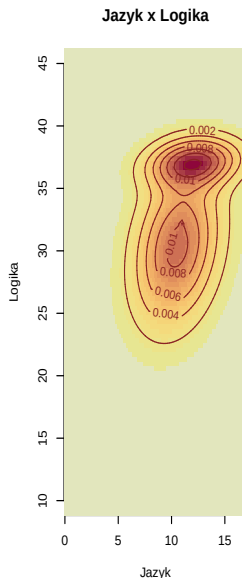
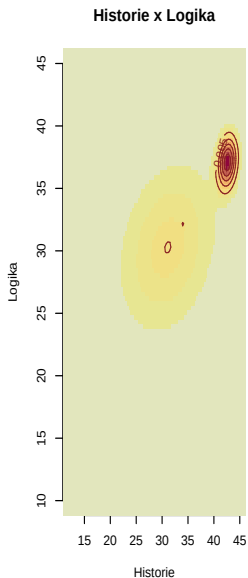
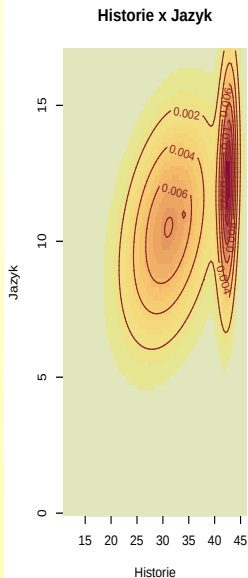
✧ Nečtiny (XI. ROBUST): $\phi(\mathbf{y}; \boldsymbol{\eta}_k) \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \boldsymbol{\Sigma})$

✧ Odhad metodou maximální věrohodnosti
(EM algoritmus)

✧ Roháče (XV. ROBUST): $\phi(\mathbf{y}; \boldsymbol{\eta}_k) \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \boldsymbol{\Sigma}_{\textcolor{red}{k}})$

✧ Bayesovský odhad přes MCMC

Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termín č. 12)



✧ Pro shlukování: i.i.d. náhodné veličiny $U_1, \dots, U_n$

✧ $U_i \in \{1, \dots, K\}$

✧ $P(U_i = k) = w_k, k = 1, \dots, K, i = 1, \dots, n$

Modelově založená shluková analýza

Směsový model zapsaný hierarchicky

$$\star \mathbf{y}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} p(\mathbf{y}) = \sum_{k=1}^K w_k \phi(\mathbf{y}; \boldsymbol{\eta}_k)$$

✧ Hierarchicky:

$$\left. \begin{aligned} P(U_i = k) &= w_k \\ p(\mathbf{y}_i | U_i = k) &= \phi(\mathbf{y}_i; \boldsymbol{\eta}_k) \end{aligned} \right\} \quad k = 1, \dots, K$$

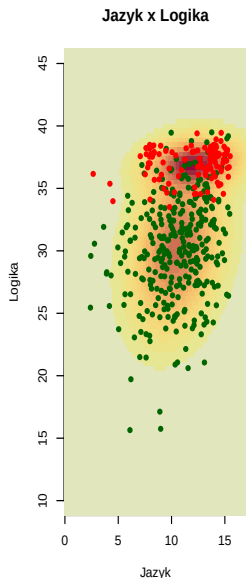
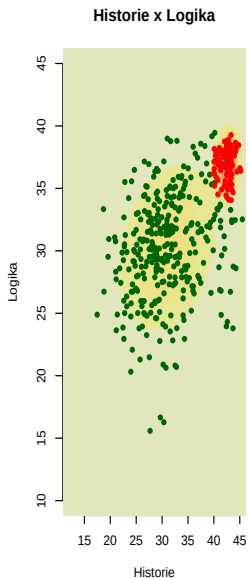
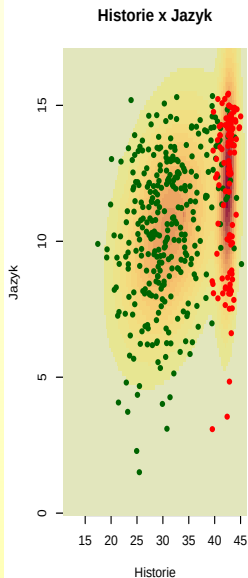
▮► Bayesova věta:

$$\pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}) \equiv P(U_i = k | \mathbf{y}_i) = \frac{w_k \phi(\mathbf{y}_i; \boldsymbol{\eta}_k)}{\sum_{j=1}^K w_j \phi(\mathbf{y}_i; \boldsymbol{\eta}_j)}$$

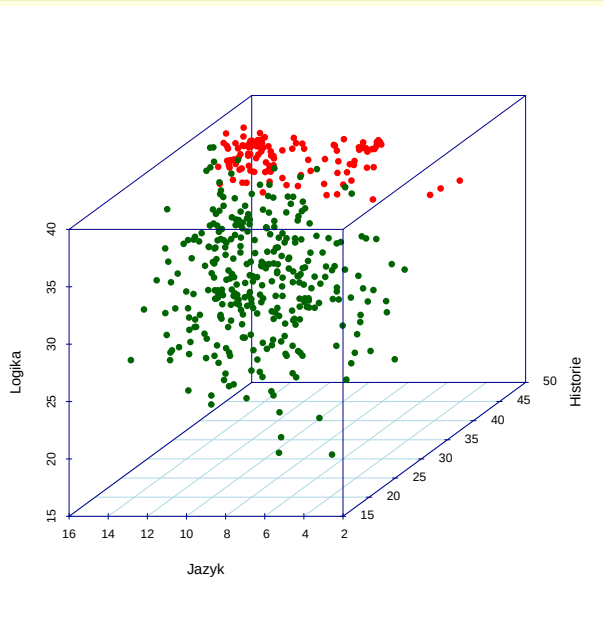
► Zařaď i -té pozorování do shluku s indexem j :

$$\pi_{i,j} = \max\{\pi_{i,1}, \dots, \pi_{i,K}\}$$

Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termín č. 12)



Přijímačky na PF UK v roce 1999 (Termín č. 12)



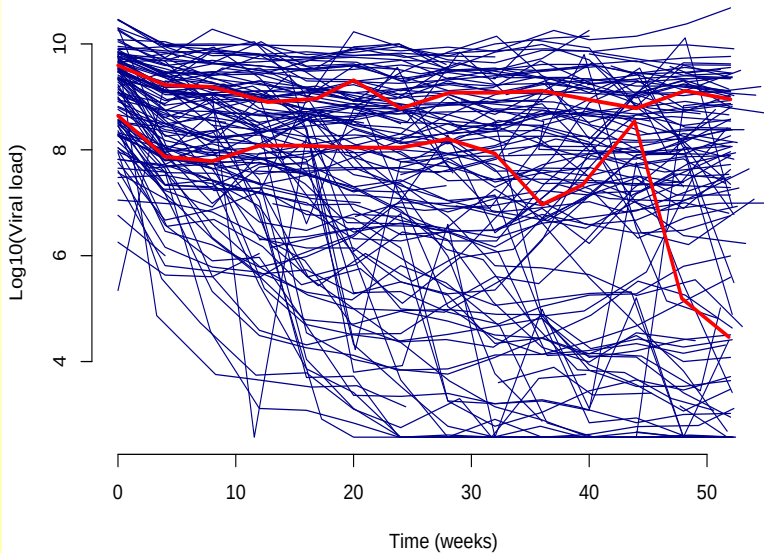
Část II

Na skok do Hejnic

- ✧ Mezinárodní klinická studie koordinovaná na Erasmus Medisch Centrum v Rotterdamu
- ✧ Léčba pomocí PEG-INF (na ROBUSTu nekombinováno s lamivudinem) po dobu 52 týdnů
- ✧ Má to nehezke vedlejší účinky a často je stejně k ničemu
- ✧ Podrobnosti:
Janssen, van Zonneveld, Senturk, Akarca, Cakaloglu, Simon, So, Gerken, de Man, Niesters, Zondervan, Hansen, Schalm (2005).
Pegylated interferon alfa-2b alone or in combination with lamivudine for HBeAg-positive chronic hepatitis B: a randomised trial. *Lancet*, **365**, 123–129.

Chronická hepatitida B

Log₁₀(Viral load)



- ✧ Snaha roztrždit pacienty do skupin
 - ✧ může nějak souviset s diagnózou či prognózou
 - ✧ ...
-

✧ Jeden pacient: $\mathbf{Y}_i = (Y_{i,1}, \dots, Y_{i,n_i})'$

✧ $\mathbf{Y}_i \sim p(\mathbf{y})$

✧ Liší se to nějak od právnické mafie?

Model pro shlukování?

✧ Jeden pacient: $\mathbf{Y}_i = (Y_{i,1}, \dots, Y_{i,n_i})'$

📎 n_i (počet návštěv) není nutně stejné pro všechny pacienty

✧ Ve skutečnosti je $Y_{i,j} = Y_{i,j}(t_{i,j})$

✧ $t_{i,j}$... doba, po kterou je pacient léčen

📎 Posloupnost časů návštěv $(t_{i,1}, \dots, t_{i,n_i})$ není stejná pro všechny pacienty

🔊 Těžko bude $\mathbf{Y}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} p(\mathbf{y})$

- ✧ Co takhle reprezentovat každého pacienta nějakým (nepřímo pozorovatelným) náhodným vektorem $\mathbf{b}_i$ tak, aby $\mathbf{b}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} p(\mathbf{b})$

XII. ROBUST (únor 2002, Hejnice)

✧ *On a fitting of a linear mixed model with a finite normal mixture as random-effects distribution*

✧ Lineární smíšený model (LMM) pro $\mathbf{Y}_i$:

$$\mathbf{Y}_i = \mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \mathbf{b}_i + \boldsymbol{\varepsilon}_i$$

✧ $\mathbb{X}_i, \mathbb{Z}_i \dots$ matice regresorů

✧ $\boldsymbol{\alpha} \dots$ (neznámé) regresní parametry

✧ $\mathbf{b}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} \sum_{k=1}^K w_k \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$

✧ $\boldsymbol{\varepsilon}_i \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, \sigma^2 I_{n_i})$, nezávislé pro $i = 1, \dots, n$

✧ Hejnice (XII. ROBUST):

- ✧ Pouze homoskedastická směs
- ✧ Maximální věrohodnost přes EM algoritmus s využitím software pro standardní (nesměsový) LMM

✧ Králíky (XVI. ROBUST):

- ✧ Směs může být i heteroskedastická
- ✧ Bayesovský odhad přes MCMC
- ✧ Nestandardní podsoftware (balíček) standardního software (R)

✧ Pro shlukování: i.i.d. náhodné veličiny $U_1, \dots, U_n$

✧ $U_i \in \{1, \dots, K\}$

✧ $P(U_i = k) = w_k, k = 1, \dots, K, i = 1, \dots, n$

Modelově založená shluková analýza

LMM s normální směsí v rozdělení náhodných efektů zapsaný hierarchicky

✧ Hierarchicky zapsáno:

$$[\mathbf{Y}_i | \mathbf{b}_i] \sim \mathcal{N}(\mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \mathbf{b}_i, \sigma^2 I_{n_i})$$

$$\left. \begin{array}{l} P(U_i = k) = w_k \\ [\mathbf{b}_i | U_i = k] \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k) \end{array} \right\} \quad k = 1, \dots, K$$

$$\Rightarrow \mathbf{Y}_i \sim \sum_{k=1}^K w_k \mathcal{N}(\mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{Z}_i \mathbb{D}_k \mathbb{Z}_i' + \sigma^2 I_{n_i})$$

$$\Rightarrow [\mathbf{Y}_i | U_i = k] \sim \mathcal{N}(\mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{Z}_i \mathbb{D}_k \mathbb{Z}_i' + \sigma^2 I_{n_i})$$

$$\star Y_{i,j} = b_{i,1} + b_{i,2}B_2(t_{i,j}) + b_{i,3}B_3(t_{i,j}) + \varepsilon_{i,j}$$

$$\star 1, B_2(t), B_3(t)$$

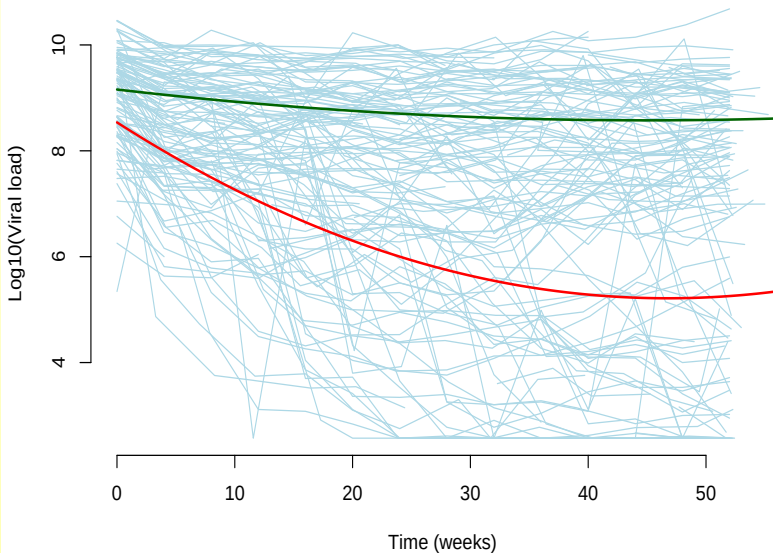
... kvadratická B-splinová báze s uzly v $t = 0$ a 56

$$\star \mathbf{b}_i = (b_{i,1}, b_{i,2}, b_{i,3})' \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} \sum_{k=1}^2 w_k \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$$

$$\Rightarrow E(Y_{i,j} \mid U_i = k) = \mu_{k,1} + \mu_{k,2}B_2(t_{i,j}) + \mu_{k,3}B_3(t_{i,j})$$

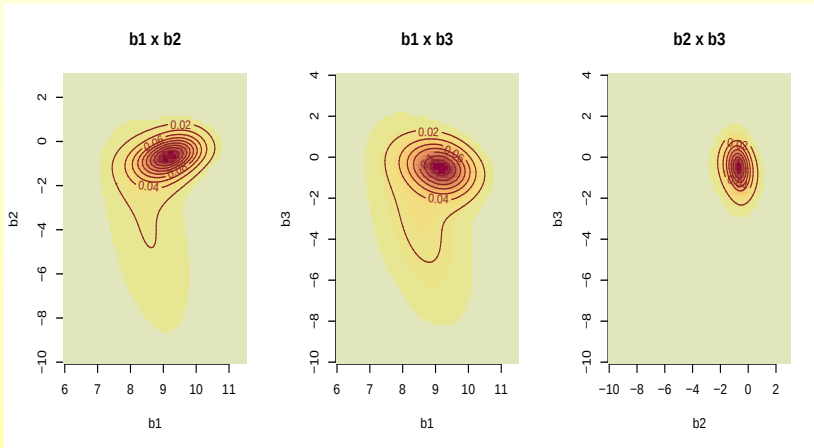
Chronická hepatitida B

Odhadnutý průměrný vývoj v čase ve dvou skupinách



Chronická hepatitida B

Rozdělení náhodných efektů



✧ Model:

$$[\mathbf{Y}_i | \mathbf{b}_i] \sim \mathcal{N}(\mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \mathbf{b}_i, \sigma^2 \mathbf{I}_{n_i})$$

$$\left. \begin{array}{l} P(U_i = k) = w_k \\ [\mathbf{b}_i | U_i = k] \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k) \end{array} \right\} \quad k = 1, \dots, K$$

✧ Parametry modelu:

$$\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\alpha}', \mathbf{w}', \boldsymbol{\mu}'_1, \dots, \boldsymbol{\mu}'_K, \text{vec}(\mathbb{D}_1)', \dots, \text{vec}(\mathbb{D}_K)', \sigma^2)' \in \Theta$$

✧ Nepřímě pozorovatelné náhodné veličiny/vektory:

$$\boldsymbol{\eta} = (\mathbf{b}'_1, \dots, \mathbf{b}'_n, U_1, \dots, U_n)' \in \mathbb{R}^q \times \dots \times \mathbb{R}^q \times \{1, \dots, K\}^n$$

Bayesova věta:

$$\begin{aligned}\pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}) &\equiv P(U_i = k \mid \mathbf{y}_i, \boldsymbol{\theta}) \\ &\propto w_k p(\mathbf{y}_i \mid U_i = k, \boldsymbol{\theta}) \\ &= w_k \varphi(\mathbf{y}_i; \mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha} + \mathbb{Z}_i \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{Z}_i \mathbb{D}_k \mathbb{Z}_i' + \sigma^2 I_{n_i})\end{aligned}$$

Po chvíli počítání:

$$\pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}) \propto w_k |\mathbb{D}_k|^{-1/2} |\mathbb{A}_{i,k}|^{-1/2} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\boldsymbol{\mu}_k' \mathbb{D}_k^{-1} \boldsymbol{\mu}_k - \mathbf{c}_{i,k}' \mathbb{A}_{i,k}^{-1} \mathbf{c}_{i,k}) \right\}$$

$$\mathbb{A}_{i,k} = \sigma^{-2} \mathbb{Z}_i' \mathbb{Z}_i + \mathbb{D}_k^{-1}$$

$$\mathbf{c}_{i,k} = \sigma^{-2} \mathbb{Z}_i' (\mathbf{y}_i - \mathbb{X}_i \boldsymbol{\alpha}) + \mathbb{D}_k^{-1} \boldsymbol{\mu}_k$$

✧ Je-li $\hat{\theta}$ ML odhad θ :

✧ Shlukuj na základě $\pi_{i,k}(\hat{\theta})$

✧ Je-li při Bayesovském odhadu, $\theta^{(1)}, \dots, \theta^{(M)}$ náhodný výběr z aposteriorního rozdělení $p(\theta | \mathbf{y}_1, \dots, \mathbf{y}_n)$:

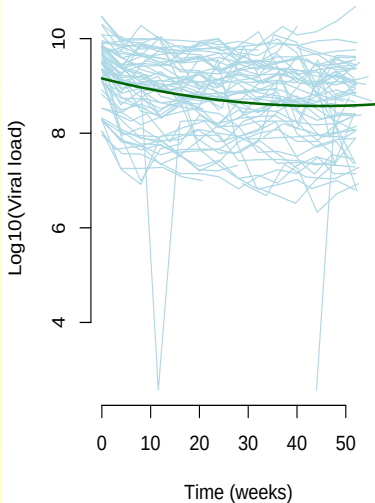
✧ Shlukuj na základě

$$\begin{aligned}\hat{P}(U_i = k | \mathbf{y}_1, \dots, \mathbf{y}_n) &= \hat{E}_{\theta} \{ \pi_{i,k}(\theta) | \mathbf{y}_1, \dots, \mathbf{y}_n \} \\ &= M^{-1} \sum_{m=1}^M \pi_{i,k}(\theta^{(m)})\end{aligned}$$

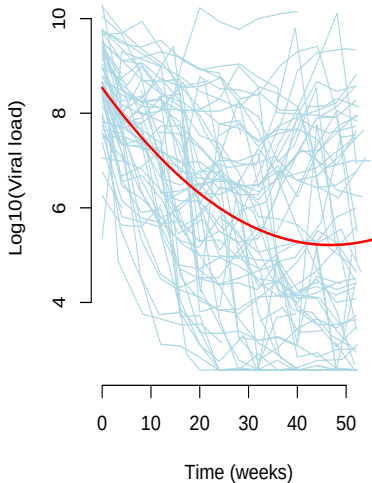
Chronická hepatitida B

Shluky dle modelu pro Log10(Viral load)

Model based group 0



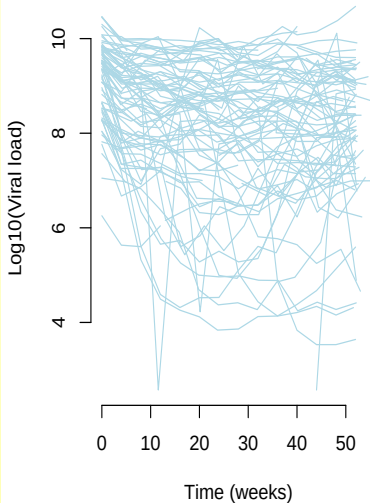
Model based group 1



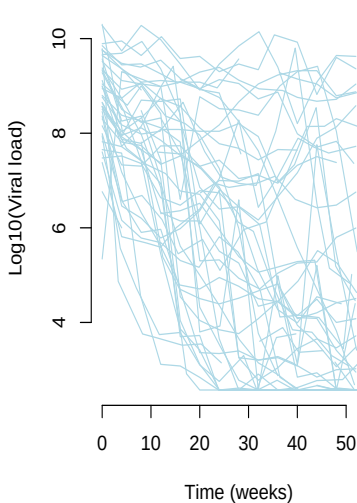
Chronická hepatitida B

Shluky dle HBeAg v 78. týdnu

HBeAg78 group 0



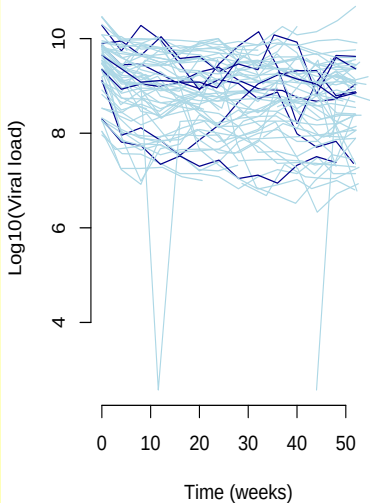
HBeAg78 group 1



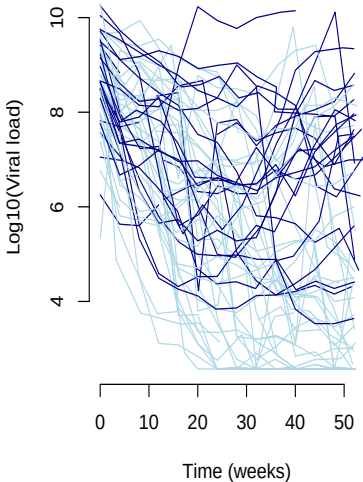
Chronická hepatitida B

Shluky dle modelu pro $\text{Log}_{10}(\text{Viral load})$, rozdíl oproti HBeAg78 shlukům

Model based group 0



Model based group 1

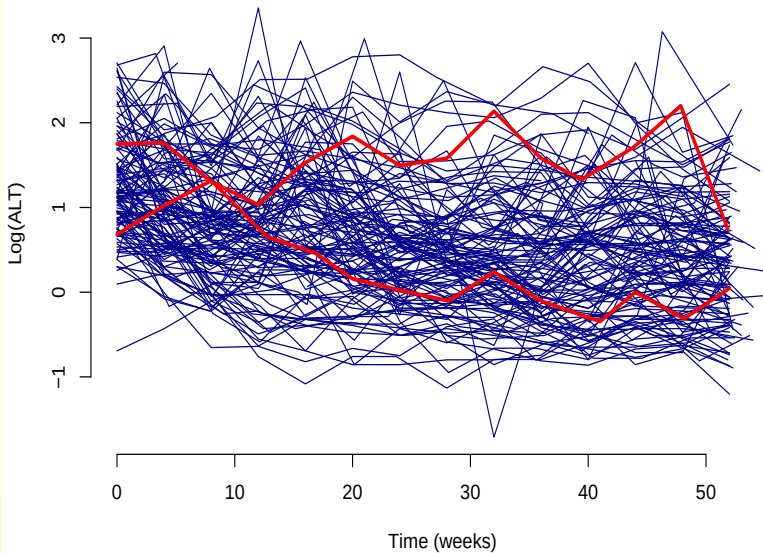


- ✧ Nešlo by zlepšit odhalení skutečné HBeAg78 skupiny?
 - ✧ Kromě množství viru v krvi se měřilo ještě ALT
(míra aktivity choroby)
-

▶ Co takhle shlukovat na základě **obou** ukazatelů?

Chronická hepatitida B

Log(ALT)



Část III

Zpátky do Králík

✧ Jeden pacient:

$$\mathbf{Y}_{i,1} = (Y_{i,1,1}, \dots, Y_{i,1,n_{i,1}})' \quad \text{Log10(Viral load)}$$

$$\mathbf{Y}_{i,2} = (Y_{i,2,1}, \dots, Y_{i,2,n_{i,2}})' \quad \text{Log(ALT)}$$

✧ LMM pro odezvu 1 (Log10(Viral load)):

$$\mathbf{Y}_{i,1} = \mathbb{X}_{i,1}\boldsymbol{\alpha}_1 + \mathbb{Z}_{i,1}\mathbf{b}_{i,1} + \boldsymbol{\varepsilon}_{i,1}$$

✧ LMM pro odezvu 2 (Log(ALT)):

$$\mathbf{Y}_{i,2} = \mathbb{X}_{i,2}\boldsymbol{\alpha}_2 + \mathbb{Z}_{i,2}\mathbf{b}_{i,2} + \boldsymbol{\varepsilon}_{i,2}$$

✧ Lineární smíšené modely:

$$\mathbf{Y}_{i,1} = \mathbb{X}_{i,1}\boldsymbol{\alpha}_1 + \mathbb{Z}_{i,1}\mathbf{b}_{i,1} + \boldsymbol{\varepsilon}_{i,1}$$

$$\mathbf{Y}_{i,2} = \mathbb{X}_{i,2}\boldsymbol{\alpha}_2 + \mathbb{Z}_{i,2}\mathbf{b}_{i,2} + \boldsymbol{\varepsilon}_{i,2}$$

✧ $\boldsymbol{\varepsilon}_{i,1} \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, \sigma_1^2 I_{n_{i,1}})$, nezávislé pro $i = 1, \dots, n$

✧ $\boldsymbol{\varepsilon}_{i,2} \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, \sigma_2^2 I_{n_{i,2}})$, nezávislé pro $i = 1, \dots, n$

✧ $\mathbf{b}_i = (b_{i,1,1}, \dots, b_{i,1,q_1}, b_{i,2,1}, \dots, b_{i,2,q_2})'$

✧ $\mathbf{b}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} \sum_{k=1}^K w_k \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$

LMM pro dvě různé odezvy napsaný jako jeden LMM

✧ Lze to napsat najednou:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{Y}_{i,1} \\ \mathbf{Y}_{i,2} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbb{X}_{i,1} & \mathbb{O} \\ \mathbb{O} & \mathbb{X}_{i,2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \boldsymbol{\alpha}_1 \\ \boldsymbol{\alpha}_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbb{Z}_{i,1} & \mathbb{O} \\ \mathbb{O} & \mathbb{Z}_{i,2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{b}_{i,1} \\ \mathbf{b}_{i,2} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \boldsymbol{\varepsilon}_{i,1} \\ \boldsymbol{\varepsilon}_{i,2} \end{pmatrix}$$

$$\star \begin{pmatrix} \boldsymbol{\varepsilon}_{i,1} \\ \boldsymbol{\varepsilon}_{i,2} \end{pmatrix} \sim \mathcal{N} \left(\mathbf{0}, \begin{pmatrix} \sigma_1^2 I_{n_{i,1}} & \mathbb{O} \\ \mathbb{O} & \sigma_2^2 I_{n_{i,2}} \end{pmatrix} \right),$$

nezávislé pro $i = 1, \dots, n$

$$\star \mathbf{b}_i = (b_{i,1,1}, \dots, b_{i,1,q_1}, b_{i,2,1}, \dots, b_{i,2,q_2})'$$

$$\star \mathbf{b}_i \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} \sum_{k=1}^K w_k \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$$

LMM pro dvě různé odezvy

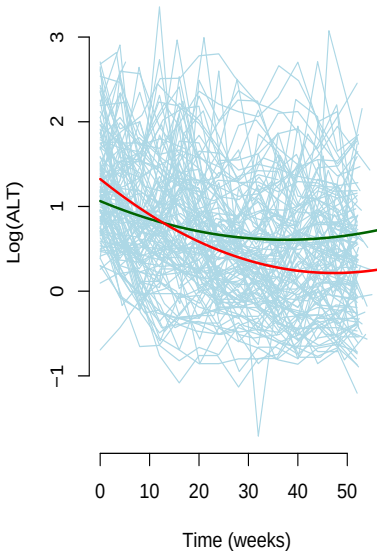
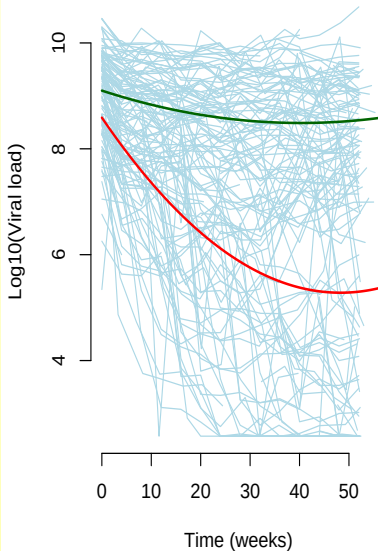
- ▶ Při $K = 1$ lze ML odhadnout standardním softwarem (R balíčky `nlme`, `lme4`, SAS PROC MIXED)
 - ▶ Při $K > 1$ a homoskedastické směsi v rozdělení náhodných efektů lze teoreticky použít přístup prezentovaný v Hejnicích na XII. ROBUSTu (EM algoritmus s M-krokem provedeným standardním softwarem)
-

- ✧ Při použití standardního software se zbytečně počítá s mnoha nulami v maticích $\mathbb{X}$, $\mathbb{Z}$
- ▶ Dlouho to trvá
- ▶ Přináší numerické problémy (i při $K = 1$)

- ✧ Směs v rozdělení náhodných efektů může být i heteroskedastická
- ✧ Bayesovský odhad přes MCMC
- ✧ Nestandardní podsoftware (balíček) standardního software (R)
- ✧ Využití známé struktury matic $\mathbb{X}$, $\mathbb{Z}$

Chronická hepatitida B

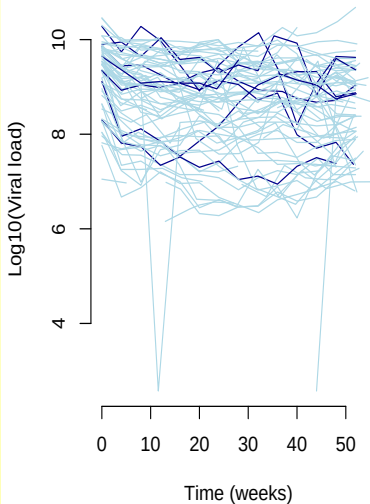
Odhadnutý průměrný vývoj v čase ve dvou skupinách



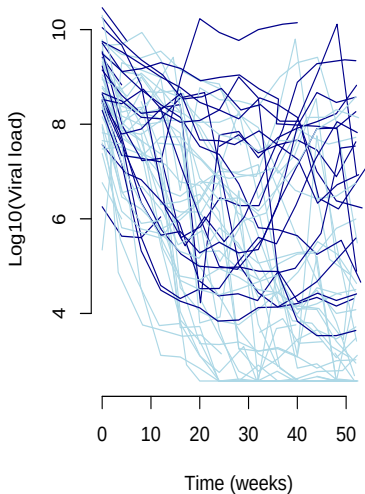
Chronická hepatitida B

Shluky dle sdruženého modelu pro $\text{Log}_{10}(\text{Viral load})$ a $\text{Log}(\text{ALT})$

Model based group 0



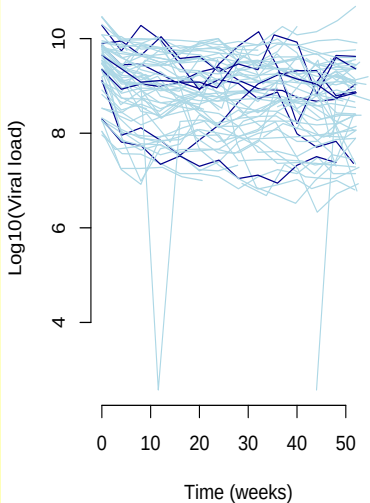
Model based group 1



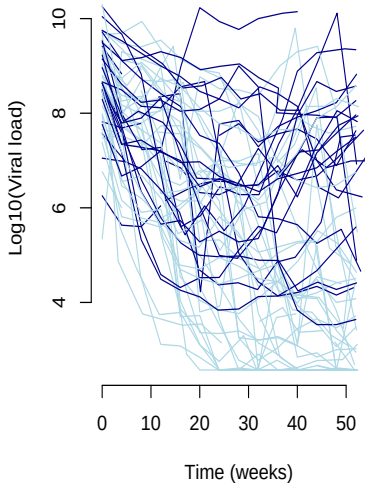
Chronická hepatitida B

Shluky dle modelu pro Log10(Viral load)

Model based group 0



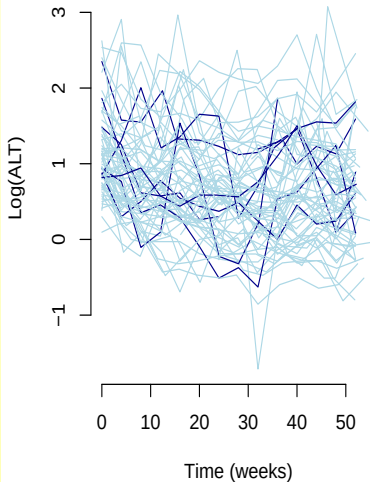
Model based group 1



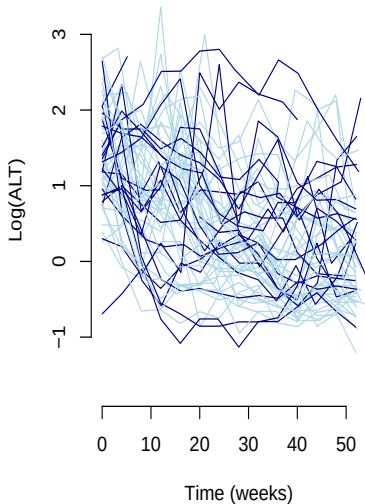
Chronická hepatitida B

Shluky dle sdruženého modelu pro $\text{Log}_{10}(\text{Viral load})$ a $\text{Log}(\text{ALT})$

Model based group 0



Model based group 1



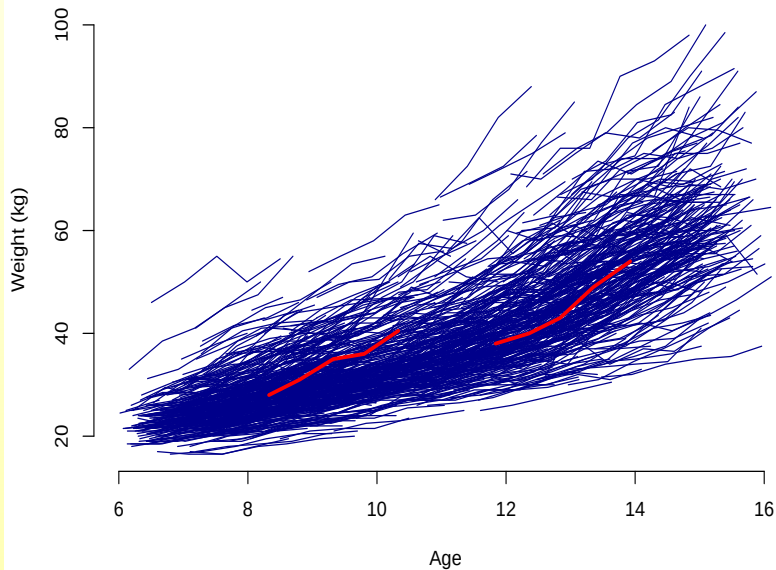
Část IV

Stále v Králíkách

- ✧ Semilongitudinální studie (1997-2000)
- ✧ České děti ve věku 6–16 let
- ✧ Každé dítě měřeno/váženo až 6x v intervalu cca 6 měsíců
- ✧ Podrobnosti:
Bláha, Krejčovský, Jiroutová, Kobzová, Sedlák, Brabec,
Riedlová, Vignerová (2006).
Somatický vývoj současných českých dětí.
Semilongitudinální studie.
UK v Praze a SZÚ Praha

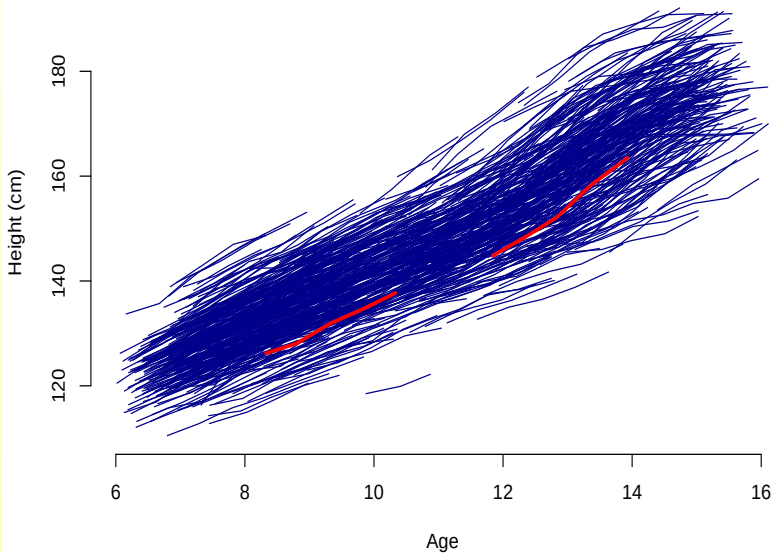
Růst českých chlapců

Hmotnost



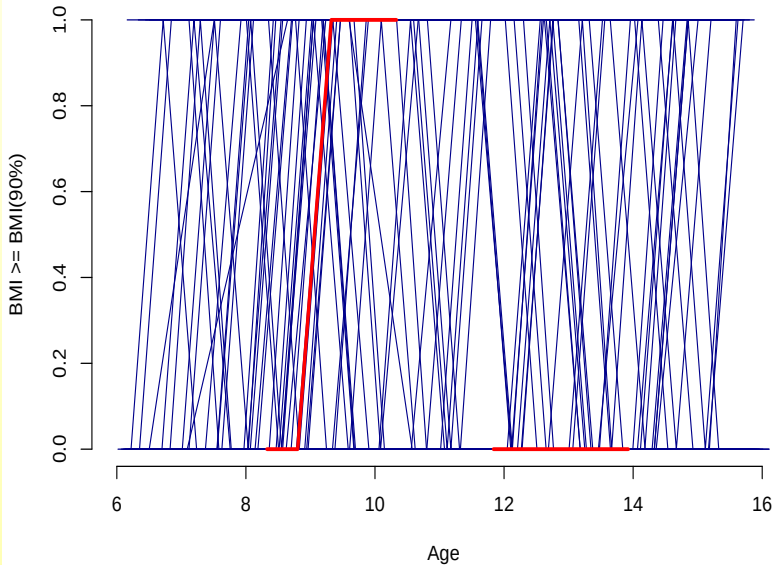
Růst českých chlapců

Výška



Růst českých chlapců

BMI nad populačním 90% percentilem



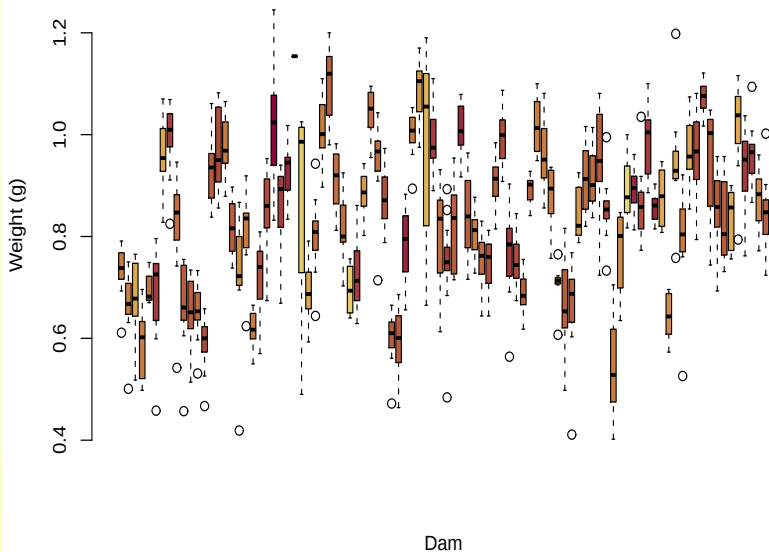
Myši s etylen-glykolem

- ✧ Klinická studie (National Toxicology Program, National Institute of Health)
- ✧ Těhotným myším byl podáván etylen-glykol
- ✧ V 17. dnu gravidity byla zjištěna hmotnost plodů a fakt, je-li plod poškozen
- ✧ Celkem 94 myší, každá 1–16 plodů

-
- ✧ Ve statistické literatuře poměrně profláknutá data
 - ✧ Catalano, Ryan (1992, JASA)
 - ✧ :
 - ✧ Faes, Molenberghs, Aerts, Verbeke, Kenward (2009, Amer. Stat.)

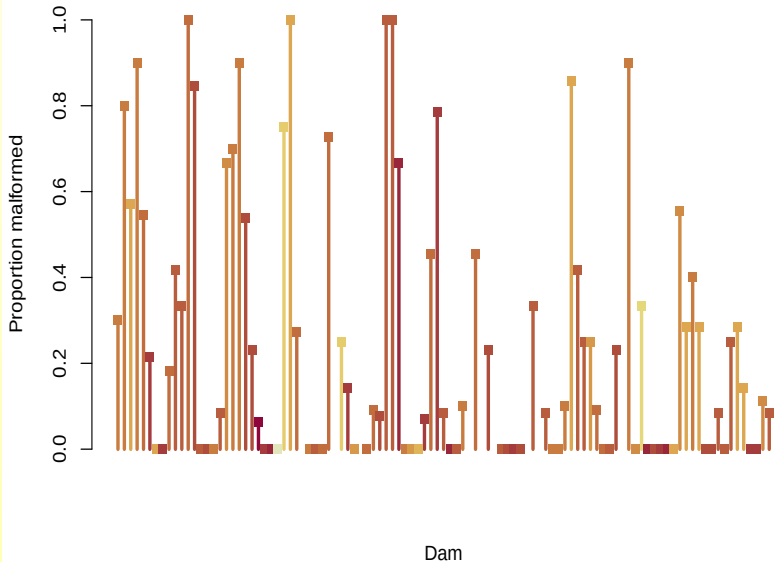
Myši s etylen-glykolem

Hmotnost plodů



Myši s etylen-glykolem

Proporce poškozených plodů



- ✧ Nejsou to sice longitudinální data
- ✧ Ale jsou zde závislá pozorování (plody jedné samice)
- ✧ „čas“ $\equiv$ index plodu v rámci samice
- ▮▶ Takže metodologicky se to od longitudinálních dat moc neliší

✧ Jeden chlapec/jedna myš/jeden subjekt:

$$\mathbf{Y}_{i,1} = (Y_{i,1,1}, \dots, Y_{i,1,n_{i,1}})' \quad (\text{odezva č. 1})$$

$$\mathbf{Y}_{i,2} = (Y_{i,2,1}, \dots, Y_{i,2,n_{i,2}})' \quad (\text{odezva č. 2})$$

$$\vdots$$

$$\mathbf{Y}_{i,R} = (Y_{i,R,1}, \dots, Y_{i,R,n_{i,R}})' \quad (\text{odezva č. R})$$

✧ $Y_{i,j,l}$ ne nutně spojitě

✧ Budeme chtít shlukovat na základě

$$\mathbf{Y}_i = (\mathbf{Y}_{i,1}, \mathbf{Y}_{i,2}, \dots, \mathbf{Y}_{i,R})'$$

▮ Je potřeba mít **sdružený** model pro $\mathbf{Y}_i$

GLMM pro několik různých odezví

- ✧ Zobecněný lineární smíšený model (GLMM) pro r -tou odezvu ($r = 1, \dots, R$):

$$h_r^{-1} \left\{ E(Y_{i,r,j} | \mathbf{b}_{i,r}) \right\} = \mathbf{x}'_{i,r,j} \boldsymbol{\alpha}_r + \mathbf{z}_{i,r,j} \mathbf{b}_{i,r}$$

✧ h_r^{-1} ... linková funkce:

- ✓ identita, je-li $\mathbf{Y}_{i,r} | \mathbf{b}_{i,r}$ normální
- ✓ logit, je-li $\mathbf{Y}_{i,r} | \mathbf{b}_{i,r}$ alternativní (Bernoulli)
- ✓ log, je-li $\mathbf{Y}_{i,r} | \mathbf{b}_{i,r}$ Poisson

✧ $\mathbf{x}_{i,1,1}, \dots, \mathbf{x}_{i,R,n_{i,R}}, \mathbf{z}_{i,1,1}, \dots, \mathbf{z}_{i,R,n_{i,R}}$
... vektory regresorů

✧ $\boldsymbol{\alpha}_1, \dots, \boldsymbol{\alpha}_R$... (neznámé) regresní parametry

✧ $\mathbf{b}_i = (\mathbf{b}'_{i,1}, \dots, \mathbf{b}'_{i,R})' \stackrel{\text{i.i.d.}}{\sim} \sum_{k=1}^K w_k \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$

✧ Pro shlukování: i.i.d. náhodné veličiny $U_1, \dots, U_n$

✧ $U_i \in \{1, \dots, K\}$

✧ $P(U_i = k) = w_k, k = 1, \dots, K, i = 1, \dots, n$

Modelově založená shluková analýza

Vícerozměrný GLMM s normální směsí v rozdělení náhodných efektů zapsaný hierarchicky

✧ Hierarchicky zapsáno:

$$\underbrace{[Y_{i,1}, \dots, Y_{i,R}]}_{\mathbf{Y}_i} \mid \underbrace{[b_{i,1}, \dots, b_{i,R}]}_{\mathbf{b}_i} \sim \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{[y_{i,r,j} \mid \mathbf{b}_{i,r}]}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}}$$

se střední hodnotou $h_r(\mathbf{x}_{i,r,j}\boldsymbol{\alpha}_r + \mathbf{z}_{i,r,j}\mathbf{b}_{i,r})$

$$\left. \begin{aligned} P(U_i = k) &= w_k \\ [b_i \mid U_i = k] &\sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k) \end{aligned} \right\} k = 1, \dots, K$$

Modelově založená shluková analýza

Vícerozměrný GLMM s normální směsí v rozdělení náhodných efektů

$$\Rightarrow p(\mathbf{y}_i) = \int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}} \right\} \times$$
$$\underbrace{\left\{ \sum_{k=1}^K w_k \varphi(\mathbf{b}_i; \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k) \right\}}_{\text{normální směs}} d\mathbf{b}_i$$

$$\Rightarrow p(\mathbf{y}_i | U_i = k) =$$
$$\int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}} \right\} \times \underbrace{\varphi(\mathbf{b}_i; \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)}_{\text{normální}} d\mathbf{b}_i$$

Modelově založená shluková analýza

Vícerozměrný GLMM s normální směsí v rozdělení náhodných efektů

✧ Model:

$$[\mathbf{Y}_i | \mathbf{b}_i] \sim \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \text{GLMM}(Y_{i,r,j} | \mathbf{x}'_{i,r,j} \boldsymbol{\alpha}_r + \mathbf{z}'_{i,r,j} \mathbf{b}_{i,r})$$
$$\left. \begin{aligned} P(U_i = k) &= w_k \\ [\mathbf{b}_i | U_i = k] &\sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k) \end{aligned} \right\} \quad k = 1, \dots, K$$

✧ Parametry modelu:

$$\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\alpha}', \mathbf{w}', \boldsymbol{\mu}'_1, \dots, \boldsymbol{\mu}'_K, \text{vec}(\mathbb{D}_1)', \dots, \text{vec}(\mathbb{D}_K)', \text{rozptyl GLMM})' \in \Theta$$

✧ Nepřímo pozorovatelné náhodné veličiny/vektory:

$$\boldsymbol{\eta} = (\mathbf{b}'_1, \dots, \mathbf{b}'_n, U_1, \dots, U_n)' \in \mathbb{R}^q \times \dots \times \mathbb{R}^q \times \{1, \dots, K\}^n$$

Modelově založená shluková analýza

Vícerozměrný GLMM s normální směsí v rozdělení náhodných efektů

► Bayesova věta:

$$\pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}) \equiv \mathbf{P}(U_i = k \mid \mathbf{y}_i, \boldsymbol{\theta})$$

$$\propto w_k p(\mathbf{y}_i \mid U_i = k, \boldsymbol{\theta})$$

$$= w_k \int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} \mid \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, \dots}} \right\} \times$$

$$\underbrace{\varphi(\mathbf{b}_i; \boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)}_{\text{normální}} d\mathbf{b}_i$$

🖋️ I při známé hodnotě $\boldsymbol{\theta}$ analyticky obecně nevyjádřitelné

🖋️ Navíc, $\boldsymbol{\theta}$ je potřeba nejprve odhadnout. . .

Část V

Co v Králíkách bude možná až po 22. hodině

Vícerozměrný GLMM s normální směsí

Odhad parametrů

✧ Parametry modelu:

$$\theta = (\alpha', \mathbf{w}', \mu'_1, \dots, \mu'_K, \text{vec}(\mathbb{D}_1)', \dots, \text{vec}(\mathbb{D}_K)', \text{rozptyl GLMM})' \in \Theta$$

✧ Věrohodnost:

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^n p(\mathbf{y}_i | \theta) = \prod_{i=1}^n \int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \alpha, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}} \right\} \times$$
$$\underbrace{\left\{ \sum_{k=1}^K w_k \varphi(\mathbf{b}_i; \mu_k, \mathbb{D}_k) \right\}}_{\text{normální směs}} d\mathbf{b}_i$$

Vícerozměrný GLMM s normální směsí

Odhad parametrů, maximální věrohodnost

✧ $\max_{\theta \in \Theta} \log \{L(\theta)\}$ by šlo hledat EM algoritmem

✧ $\theta^{(m)}$... hodnota θ v m -té iteraci EM algoritmu

E-krok: spočítej (pro $i = 1, \dots, n, k = 1, \dots, K$)

$$\pi_{i,k}(\theta^{(m)}) \equiv P(U_i = k \mid \mathbf{y}_i, \theta^{(m)})$$

$$\propto w_k^{(m)} \int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} \mid \alpha^{(m)}, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}} \right\} \times \underbrace{\varphi(\mathbf{b}_i; \mu_k^{(m)}, \mathbb{D}_k^{(m)})}_{\text{normální}} d\mathbf{b}_i$$

Vícerozměrný GLMM s normální směsí

Odhad parametrů, maximální věrohodnost

✧ $\max_{\theta \in \Theta} \log \{L(\theta)\}$ by šlo hledat EM algoritmem

✧ $\theta^{(m)}$... hodnota θ v m -té iteraci EM algoritmu

M-krok: maximalizuj vzhledem k θ

$$Q(\theta | \theta^{(m)}) = \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^K \pi_{i,k}(\theta^{(m)}) \log w_k +$$
$$\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^K \pi_{i,k}(\theta^{(m)}) \log \left[\int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \alpha, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}} \right\} \times \right.$$
$$\left. \underbrace{\varphi(\mathbf{b}_i; \mu_k, \mathbb{D}_k)}_{\text{normální}} d\mathbf{b}_i \right]$$

Vícerozměrný GLMM s normální směsí

Bayesovský odhad parametrů

✧ Parametry modelu:

$$\theta = (\alpha', \mathbf{w}', \mu'_1, \dots, \mu'_K, \text{vec}(\mathbb{D}_1)', \dots, \text{vec}(\mathbb{D}_K)', \text{rozptyl GLMM})' \in \Theta$$

✧ Rušivé parametry:

$$\eta = (\mathbf{b}'_1, \dots, \mathbf{b}'_n, U_1, \dots, U_n)' \in \mathbb{R}^q \times \dots \times \mathbb{R}^q \times \{1, \dots, K\}^n$$

✧ Věrohodnost:

$$L(\theta, \eta) = \prod_{i=1}^n p(\mathbf{y}_i | \theta, \eta) = \prod_{i=1}^n \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \alpha, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, ...}}$$

📎 Věrohodnost „obyčejného“ GLM (pouze jednou **M**)

✧ Apriorní rozdělení:

$$p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta}) = p(\boldsymbol{\eta} | \boldsymbol{\theta}) \times p(\boldsymbol{\theta})$$

$$= \prod_{i=1}^n \left\{ p(\mathbf{b}_i | U_i, \boldsymbol{\theta}) \times p(U_i | \boldsymbol{\theta}) \right\} \times p(\boldsymbol{\theta})$$

✧ $p(\mathbf{b}_i | U_i = k, \boldsymbol{\theta}) \sim \mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}_k, \mathbb{D}_k)$

✧ $p(U_i | \boldsymbol{\theta}) \sim P(U_i = k | \mathbf{w}) = w_k$

✧ $p(\boldsymbol{\theta}) \equiv$ „slušné“ apriorní rozdělení
pro „klasické“ parametry

Vícerozměrný GLMM s normální směsí

Bayesovský odhad parametrů

✧ Aposteriorní rozdělení:

$$p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta} | \mathbf{y}) = \frac{L(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta}) \times p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta})}{\int L(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta}) \times p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta}) d\boldsymbol{\theta} d\boldsymbol{\eta}}$$

✧ **MCMC** (details pro zájemce dnes po 22. hodině):

📎 Náhodný výběr $(\boldsymbol{\theta}^{(1)}, \boldsymbol{\eta}^{(1)}), \dots, (\boldsymbol{\theta}^{(M)}, \boldsymbol{\eta}^{(M)})$ z $p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\eta} | \mathbf{y})$

Modelově založená shluková analýza

Shlukování na základě MCMC

✧ Připomenutí: shlukujeme na základě

$$P(U_i = k | \mathbf{y}) = \mathbb{E}_{\boldsymbol{\theta}} \{ P(U_i = k | \mathbf{y}, \boldsymbol{\theta}) | \mathbf{y} \} = \mathbb{E}_{\boldsymbol{\theta}} \{ \pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}) | \mathbf{y} \}$$

✧ MCMC odhad:

$$\hat{P}(U_i = k | \mathbf{y}) = M^{-1} \sum_{m=1}^M \pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}^{(m)})$$

✧ Bylo:

$$\pi_{i,k}(\boldsymbol{\theta}^{(m)}) \propto$$

$$w_k^{(m)} \int_{\mathbb{R}^q} \left\{ \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \boldsymbol{\alpha}^{(m)}, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{normální, Bernoulli, Poisson, \dots}} \right\} \times \underbrace{\varphi(\mathbf{b}_i; \boldsymbol{\mu}_k^{(m)}, \mathbb{D}_k^{(m)})}_{\text{normální}} d\mathbf{b}_i$$

Modelově založená shluková analýza

Shlukování na základě MCMC, alternativně

✧ Připomenutí: shlukujeme na základě

$$P(U_i = k | \mathbf{y}) = \mathbf{E}_{\boldsymbol{\theta}, \mathbf{b}_i} \{ P(U_i = k | \mathbf{y}, \boldsymbol{\theta}, \mathbf{b}_i) | \mathbf{y} \}$$

✧ MCMC odhad:

$$\hat{P}(U_i = k | \mathbf{y}) = M^{-1} \sum_{m=1}^M P(U_i = k | \mathbf{y}, \boldsymbol{\theta}^{(m)}, \mathbf{b}_i^{(m)})$$

✧ Trocha počítání:

$$P(U_i = k | \mathbf{y}, \boldsymbol{\theta}^{(m)}, \mathbf{b}_i^{(m)}) \propto w_k^{(m)} \prod_{r=1}^R \prod_{j=1}^{n_{i,r}} \underbrace{p(y_{i,r,j} | \boldsymbol{\alpha}^{(m)}, \mathbf{b}_{i,r})}_{\text{nórmální, Bernoulli, Poisson, ...}}$$

Modelově založená shluková analýza

Shlukování na základě MCMC, další alternativa

✧ Připomenutí: shlukujeme na základě

$$P(U_i = k | \mathbf{y}) = P(V_{i,k} = 1 | \mathbf{y})$$

✧ $\mathbf{V}_i = (V_{i,1}, \dots, V_{i,K})'$, $V_{i,k} \in \{0, 1\}$, $\sum_{k=1}^K V_{i,k} = 1$

✧ Jinými slovy: $V_{i,k} = \mathbb{I}(U_i = k)$

✧ MCMC odhad:

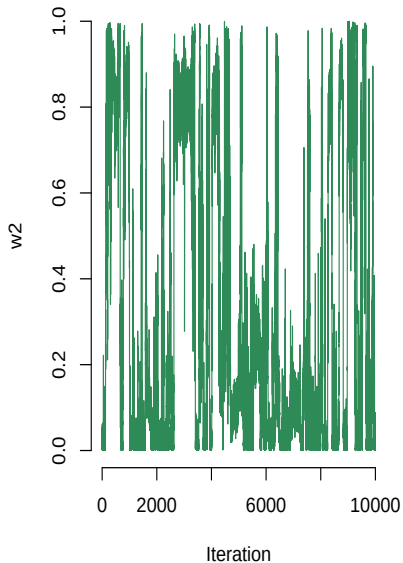
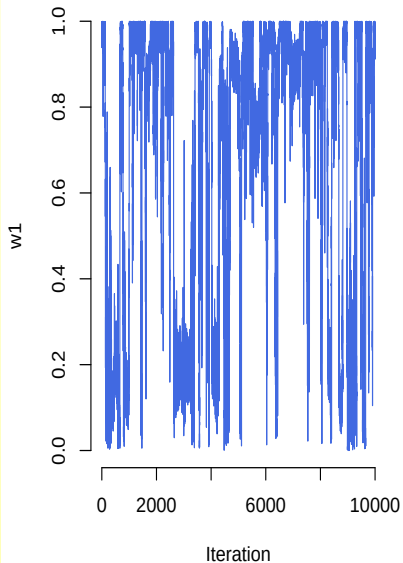
$$\hat{P}(U_i = k | \mathbf{y}) = M^{-1} \sum_{m=1}^M \mathbb{I}(U_i^{(m)} = k)$$

Modelově založená shluková analýza

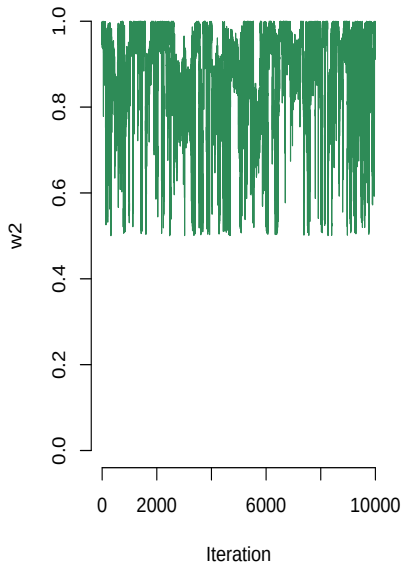
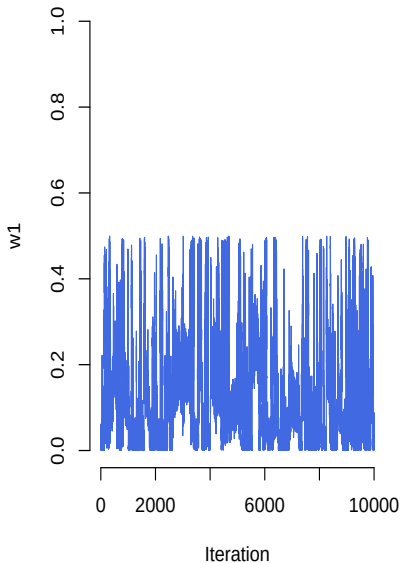
Problémy se shlukováním na základě MCMC

- ✧ Aposteriorní rozdělení je invariantní vůči změně očíslování komponent
- ✧ Existuje $K!$ různých očíslování
- ➡ Aposteriorní rozdělení má $K!$ symetrických lépe či hůře separovaných nosičů
- 📎 Je-li $(\theta^{(m)}, \eta^{(m)})$ stav MCMC v m -té iteraci, je potřeba vědět, ke kterému z $K!$ nosičů patří
- 📎 Jednoduchá zjednodušení aposteriorního rozdělení pomocí omezení typu $w_1 < \dots < w_K$ nelze v rámci MCMC použít, jsou-li jednotlivé nosiče blízko sebe

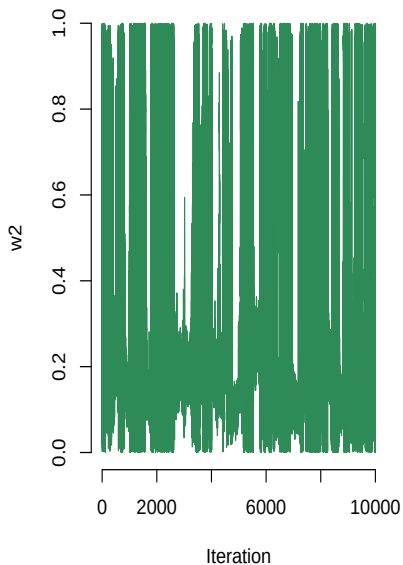
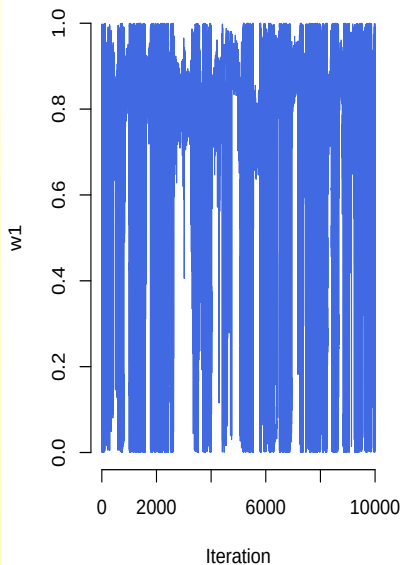
K = 2, MCMC bez omezení



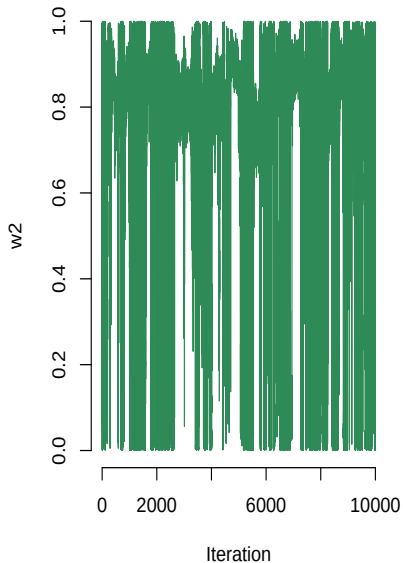
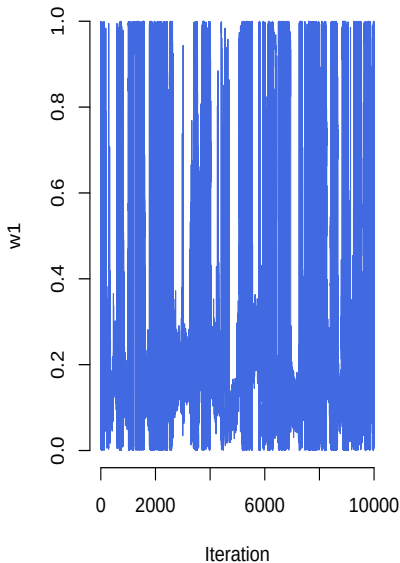
$K = 2$, identifikační omezení $w_1 < w_2$



K = 2, identifikační omezení $\mu_{1,1} < \mu_{2,1}$

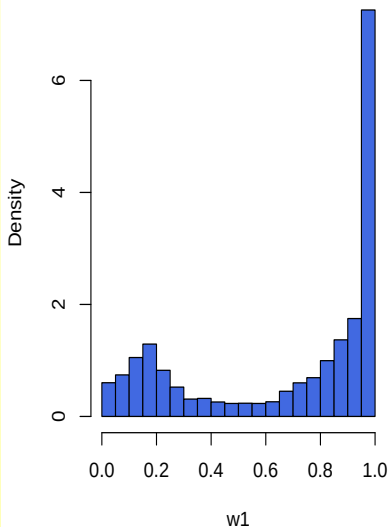


K = 2, identifikační omezení $\mu_{1,2} < \mu_{2,2}$

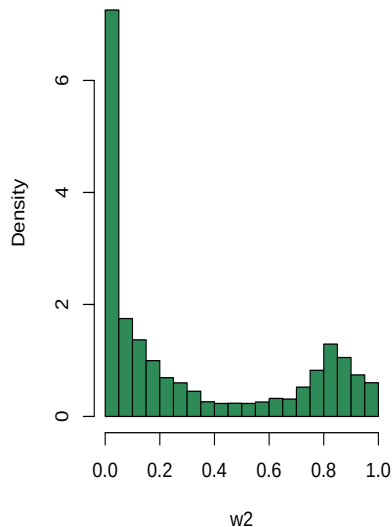


K = 2, MCMC bez omezení

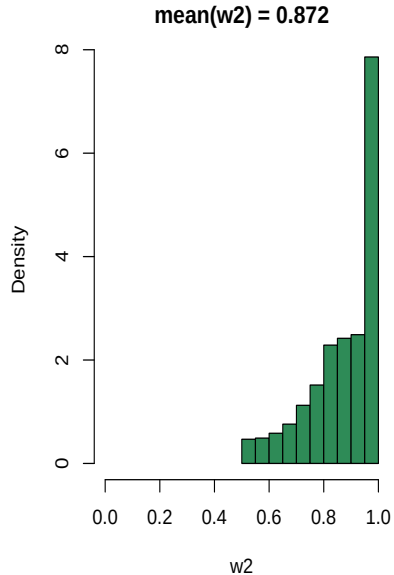
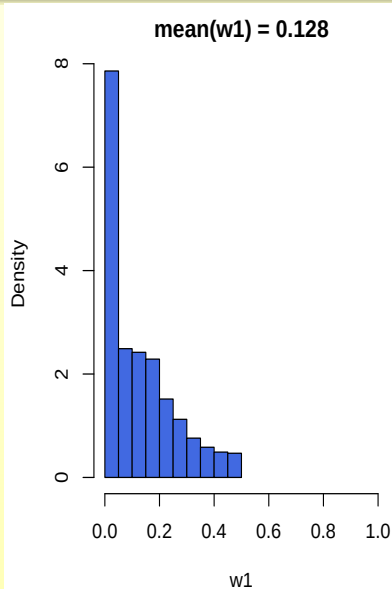
mean(w1) = 0.684



mean(w2) = 0.316

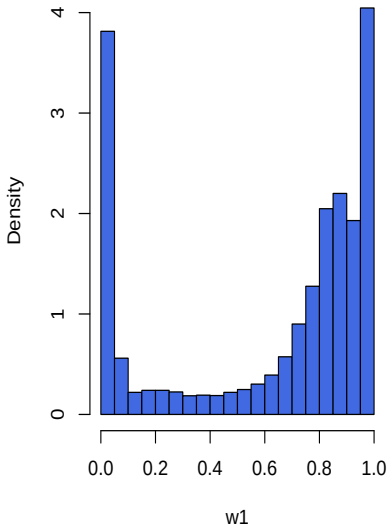


K = 2, identifikační omezení $w_1 < w_2$

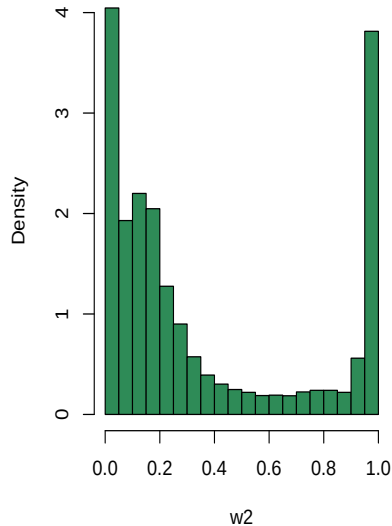


K = 2, identifikační omezení $\mu_{1,1} < \mu_{2,1}$

mean(w1) = 0.628

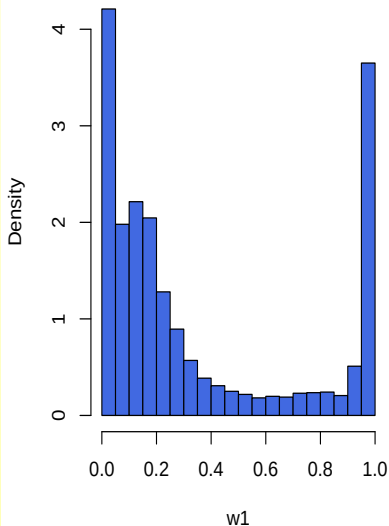


mean(w2) = 0.372

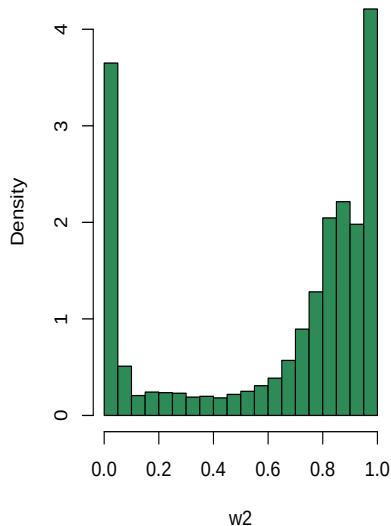


K = 2, identifikační omezení $\mu_{1,2} < \mu_{2,2}$

mean(w1) = 0.362



mean(w2) = 0.638



Modelově založená shluková analýza

Problémy se shlukováním na základě MCMC

- ✧ Aby šel výstup z MCMC použít ke shlukování, je potřeba použít sofistikovanější přístup k identifikaci jednoho z K ! nosičů
- ✧ Souhrnně na toto téma:
Jasra, Holmes, Stephens (2005).
Markov chain Monte Carlo methods and the label switching problem in Bayesian mixture modeling.
Statistical Science, **20**, 50–67
- ✧ Se mnou na toto téma + aplikace na české děti či myši ošetřené etylen-glykolem:
Zase někdy jindy. . .
 - 📎 Třeba na PASTi ve středu odpoledne v Karlíně
 - 📎 Nebo v Řecku v srpnu na EMS

Část VI

Něco na závěr

- ✧ R balíček **mixAK**
 - ✧ Byla o něm řeč na XV. ROBUSTu v Roháčích
 - ✧ Tenkrát tohle všechno ještě neuměl
- ✧ <http://cran.R-project.org/package=mixAK>

Za data děkuji:

Právníci: doc. K. Zvára (MFF UK), prof. D. Hendrych (PF UK)

Hepatitida B: H. Janssen, B. Hansen (Erasmus Medisch Centrum Rotterdam)

České děti: ing. J. Vignerová, dr. M. Brabec (SZÚ)

Myši s etylen-glykolem: National Toxicology Program (<http://ntp.niehs.nih.gov>), C. Faes (Univ. Hasselt)

Za finance děkuji:

GAČRu 201/09/P077

MŠMT ČR MSM 0021620839

Děkuji za pozornost!

Reklama

25th International Workshop on Statistical Modelling

4. – 9. července/júla 2010

Glasgow

<http://mathstore.ac.uk/iwsm/>

- Jednodenní krátký kurz:
Giles Hooker – Analýza funkcionálních dat
- Studentská soutěž
- Abstrakty do 5. února/februára 2010 (zítra ...)



Alternativní program místo dnešního večírku???