

Modelos não lineares hierárquicos de dois níveis: inferência bayesiana

Prof. Caio Azevedo

Inferência Bayesiana

- Similar à abordagem apresentada para os modelos lineares hierárquicos e generalizados hierárquicos ([aqui](#)).
- Verossimilhança (completa) ($\Psi = \sigma^2 \Sigma$):

$$L(\gamma, \phi, \sigma^2) \propto \phi^{\sum_{j=1}^J j/2} \exp \left\{ - \sum_{j=1}^J \sum_{i=1}^{n_j} \frac{(y_{ji} - f(\phi_{ji}, \mathbf{X}_{ji}, \mathbf{V}_{ji}))^2}{2\phi} \right\} \\ \times \exp \left\{ - \frac{1}{2\sigma^2} \mathbf{u}_j \Sigma^{-1} \mathbf{u}_j \right\} |\Sigma|^{-J/2} \sigma^{-J/2}$$

- Prioris usuais: $\gamma \sim N_p(\boldsymbol{\mu}_\gamma, \boldsymbol{\Psi}_\gamma)$ (em que, usualmente, $\boldsymbol{\Psi}_\gamma = \text{diag}(\psi_{\gamma_1}, \dots, \psi_{\gamma_p})$, $\sigma^2 \sim IG(\alpha_{\sigma^2}, \beta_{\sigma^2})$ (ou gama, para esses dois últimos) e $\Sigma \sim IW(\nu_\Sigma, \boldsymbol{\Sigma}_\Sigma)$.

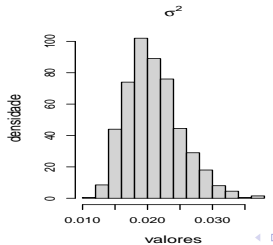
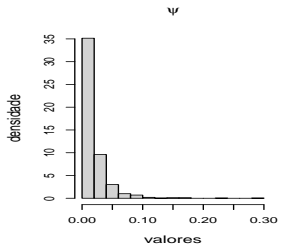
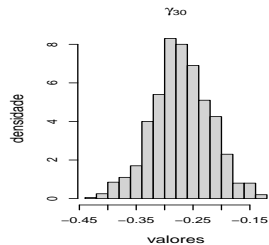
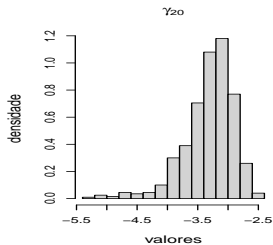
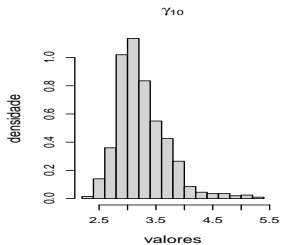
Inferência Bayesiana

- Priori conjunta : $p(\boldsymbol{\gamma}, \sigma^2, \boldsymbol{\Sigma}) = p(\boldsymbol{\gamma})p(\sigma^2)p(\boldsymbol{\Sigma})$
- Posteriori: $p(\boldsymbol{\gamma}, \mathbf{u}, \sigma^2, \boldsymbol{\Sigma} | \mathbf{y}, \mathbf{x}) \propto L(\boldsymbol{\gamma}, \mathbf{u})p(\mathbf{u} | \boldsymbol{\Sigma}, \sigma^2)p(\boldsymbol{\gamma})p(\boldsymbol{\Sigma})p(\sigma^2)$.
- A obtenção das posteriores marginais não é analiticamente viável.
Uma solução: utilizar algoritmos MCMC.
- À semelhança do que ocorre sob Inferência Frequentista, modelos não lineares podem apresentar problemas de convergência nos algoritmos MCMC.
- Por vezes, a utilização de prioris (mais) informativas, faz-se necessário e/ou de algoritmos

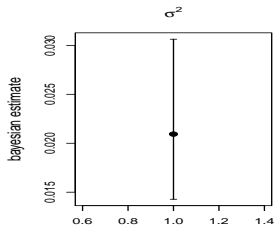
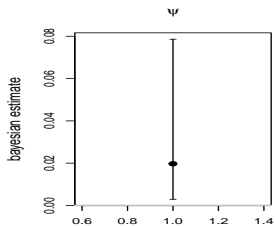
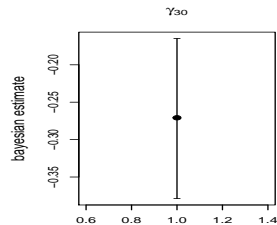
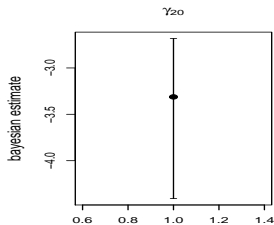
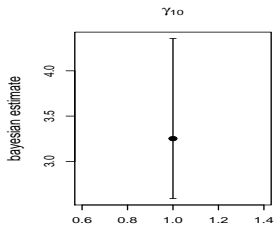
Análise dos dados de indometacina

- Modelo 1 (M1), com as seguintes prioris: $\gamma_{10} \sim N(0, 10)\mathbb{1}(0, \infty)$,
 $\gamma_{20} \sim N(0, 10)\mathbb{1}(-\infty, 0)$, $\gamma_{30} \sim N(0, 10)\mathbb{1}(-\infty, 0)$,
 $\sigma^2, \psi \sim \text{gama}(0, 1; 0, 1), \mathcal{E}(\sigma^2) = \mathcal{E}(\psi) = 0, 1/0, 1 = 1$ (escolha também pautada por questões de convergência).
- Análise de convergência: quatro conjuntos de cadeias, de tamanho 100.000, foram geradas, de forma independente, a partir de pontos (diferentes) gerados de forma aleatória. Resultados [aqui](#).
- Parâmetros MCMC: burn-in = 60.000, thin(lag) = 100, número total de valor = 160.000, o que gera uma amostra válida das posteriores (após burn-in, com o devido “thin”) de 1.000 valores.

Distribuições a posteriori



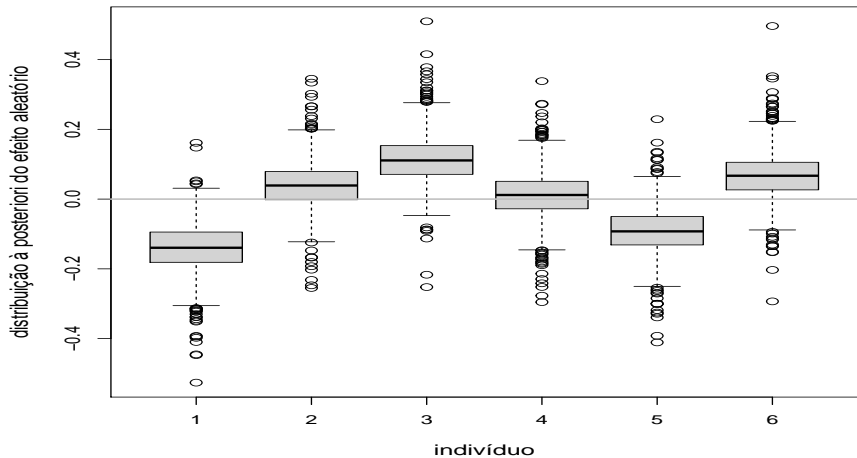
Estimativas pontuais e intervalos de crebilidade



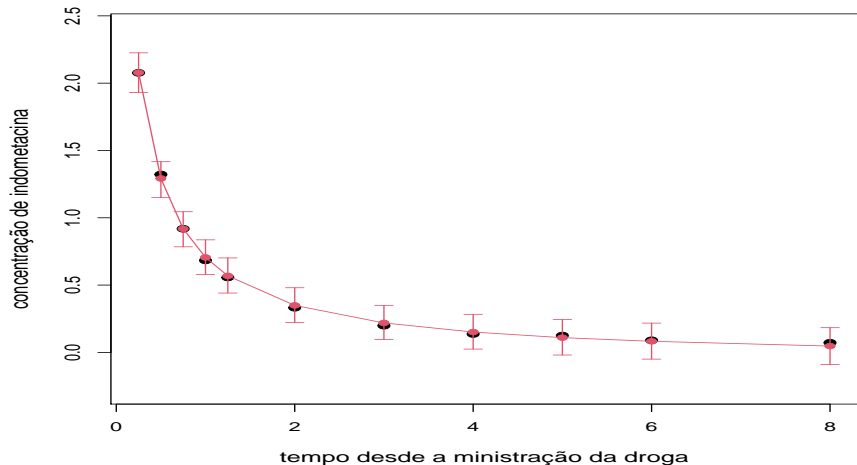
Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade

Parâmetro	EAP	MedAP	MoAP	DPAP	IC(%95)
γ_{10}	3,252	3,162	3,011	0,444	[2,590 ; 4,356]
γ_{20}	-3,312	-3,235	-3,273	0,420	[-4,409 ; -2,683]
γ_{30}	-0,271	-0,272	-0,316	0,051	[-0,379 ; -0,165]
ψ	0,020	0,013	0,010	0,023	[0,003 ; 0,079]
σ^2	0,021	0,020	0,018	0,004	[0,014 ; 0,031]

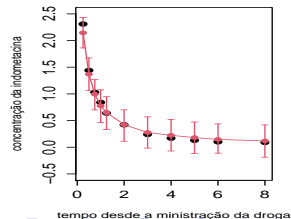
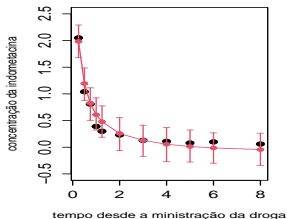
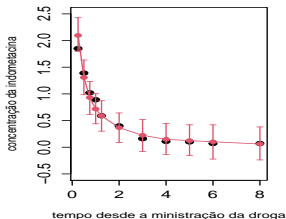
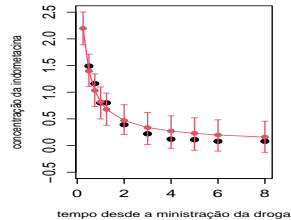
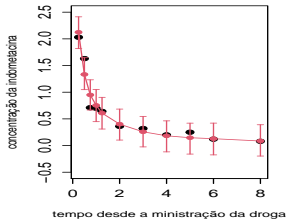
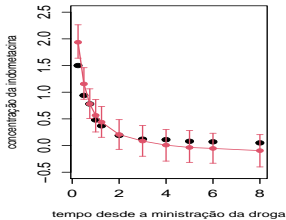
Posteriori dos efeitos aleatórios



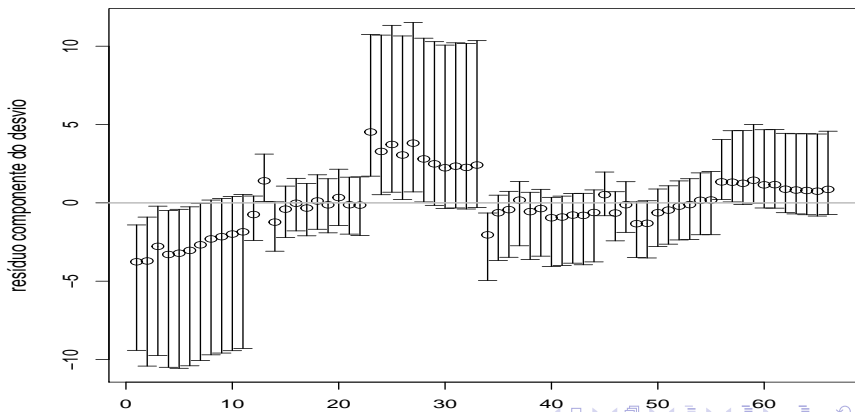
Médias observadas (preto) e previstas (vermelho)



Valores observados (preto) e preditos (vermelho)



Mediana a posteriori e IC (95%) do Resíduo Condicional Normalizado



Dados de indometacina: modelo gama

- Vamos ajustar um modelo gama log-linear misto.

$$Y_{ji} | u_{0j} \stackrel{ind.}{\sim} \text{gama}(\mu_{ji}, \phi), (\text{nível 1 - medida repetida})$$

$$\log(\mu_{ji}) = \beta_{0j} + \beta_1 v_{ji}, (\text{nível 1- medida repetida})$$

$$\beta_{0j} = \gamma_{00} + u_{0j}, (\text{nível 2 - indivíduo})$$

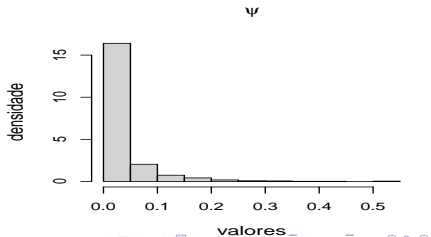
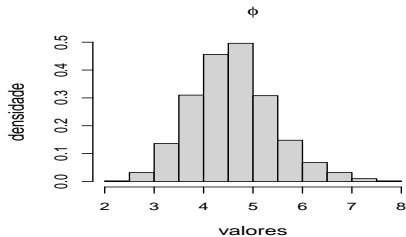
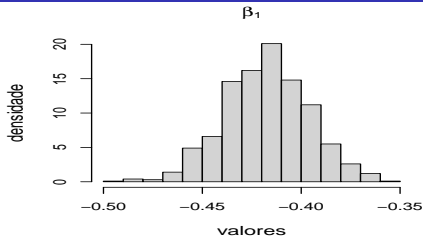
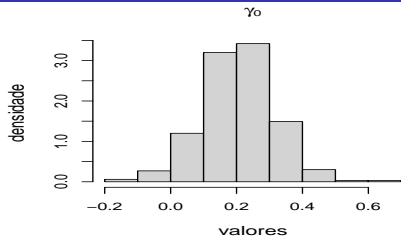
$$u_{0j} \stackrel{i.i.d}{\sim} N(0, \psi)$$

$j=1,2,\dots,6$ (indivíduo); $i=1,\dots,11$ (tempo de medição (condição de avaliação)), $\mathcal{E}(Y_{ji}|u_{0j}) = \mu_{ij}$, $\mathcal{V}(Y_{ji}|u_{0j}) = \frac{\mu_{ij}^2}{\phi}$. Esperanças e variâncias marginais podem ser calculadas de forma semelhante ao que fora feito [aqui](#).

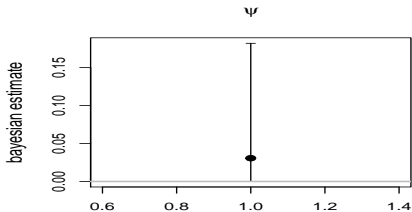
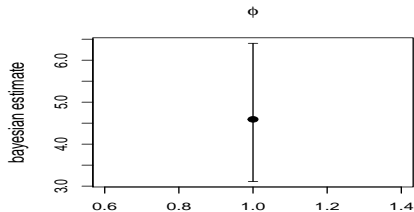
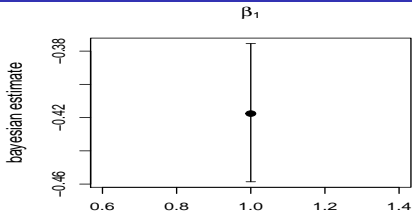
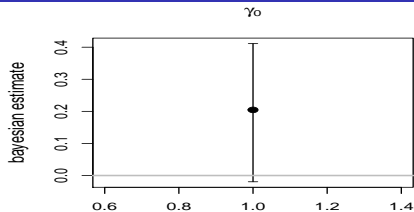
Parâmetros MCMC

- Priors: $\gamma_{00} \sim N(0, 100)$, $\beta_1(\gamma_{10}) \sim N(0, 100)$, $\psi \sim \text{gama}(0, 1; 0, 1)$, $\phi \sim \text{gama}(0, 1; 0, 1)$ (escolha também pautada por questões de convergência).
- Análise de convergência: três conjuntos de cadeias, de tamanho 100.000, foram geradas, de forma independente, a partir de pontos (diferentes) gerados de forma aleatória. Resultados [aqui](#).
- Parâmetros MCMC: burn-in = 20.000, thin(lag) = 50, número total de valor = 70.000, o que gera uma amostra válida das posteriores (após burn-in, com o que devido thin) de 1.000 valores.

Distribuições a posteriori



Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade



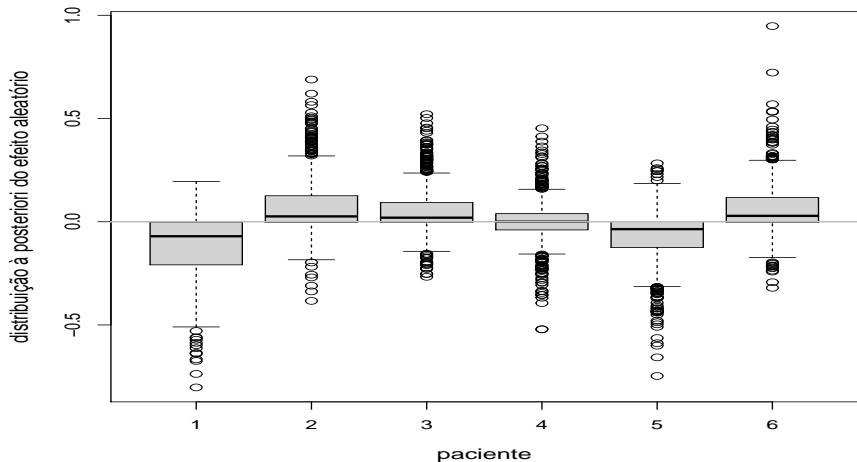
Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade

Parâmetro	EAP	MedAP	MoAP	DPAP	IC(%95)
γ_{00}	0,205	0,204	0,203	0,110	[-0,019 ; 0,411]
β_1	-0,418	-0,417	-0,413	0,021	[-0,459 ; -0,375]
ϕ	4,591	4,554	5,033	0,825	[3,111 ; 6,402]
ψ	0,031	0,011	0,018	0,054	[< 0,001 ; 0,182]

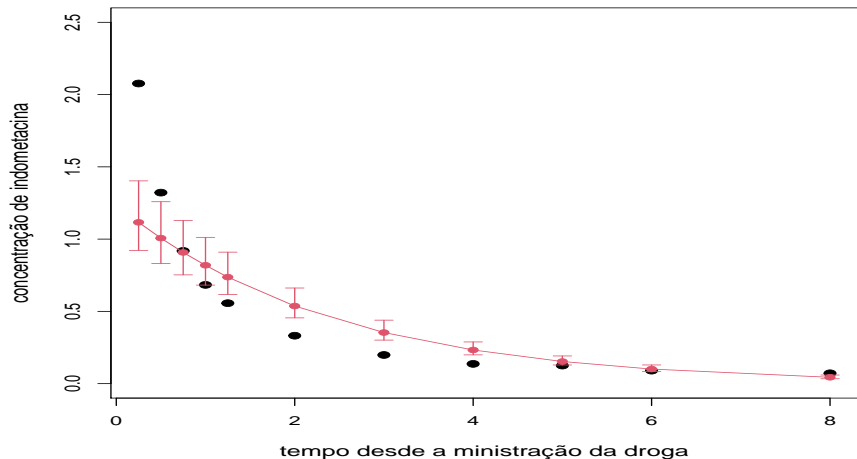
Interpretação: valores esperados quando $\nu \rightarrow 0$,

$$\mathcal{E}(Y) = \exp(\tilde{\gamma}_{00}) \exp\left(\frac{\tilde{\psi}}{2}\right) = 1,247 \text{ e } \nu \rightarrow \infty, \mathcal{E}(Y) \rightarrow 0.$$

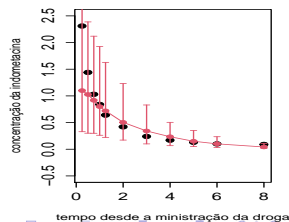
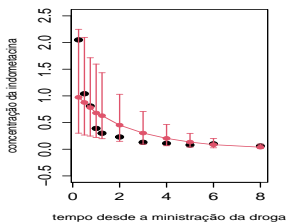
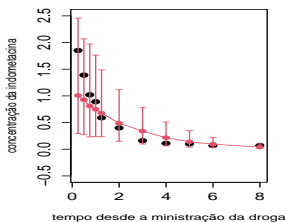
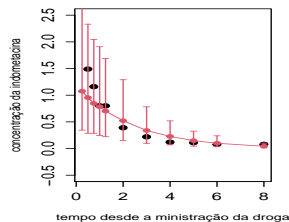
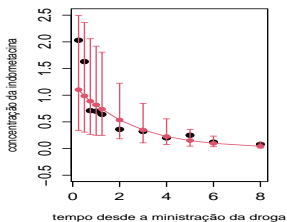
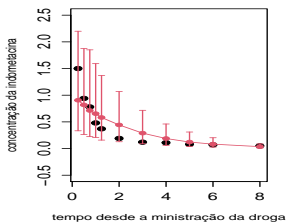
Posteriori dos efeitos aleatórios



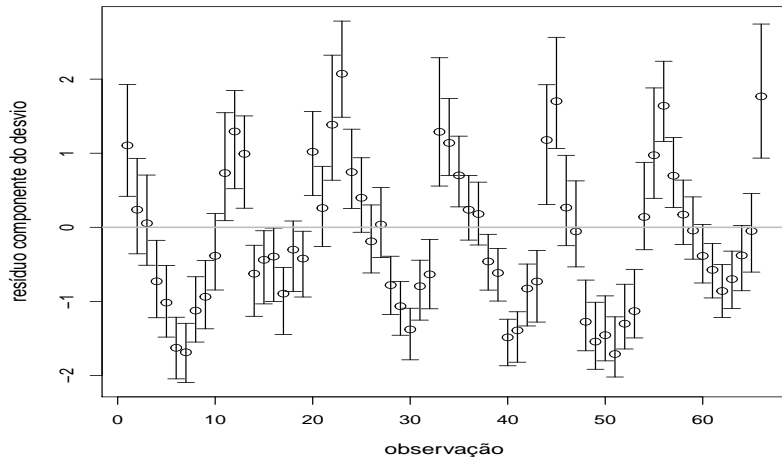
Médias observadas (preto) e preditos (vermelho)



Valores observados (preto) e preditos (vermelho)



Mediana a posteriori e IC (95%) para o rcd



Comentários

- O modelo apresentou um melhor ajuste residual, porém um pior ajuste em termos de valores (individuais e médio) preditos, em relação ao modelo normal hierárquico não-linear.
- Também, os valores preditos (individuais e médios) são sempre não negativos.
- Uma possibilidade para melhorar o ajuste é considerar um modelo não-linear generalizado hierárquico.
- Exercício: Proponha um modelo e ajuste não-linear generalizado misto para dos dados de indometacina, interpretando os parâmetros, ajustando o modelo e verificando a qualidade do ajuste, do ponto de vista bayesiano.