

SME0809 - Inferência Bayesiana - Prova 2 - Grupo 13

High-Dimensional Multivariate Bayesian Variable and Covariance Selection in Linear Regression (Zhao et al. 2021)

Francisco Miranda - 4402962

Heitor Carvalho - 11833351

Dezembro 2021

Introdução

Com o desenvolvimento de técnicas de alto processamento na biologia molecular, a caracterização molecular em alta escala tornou-se um lugar comum, com o advento de técnicas como:

- genome-wide measurement of gene expression
- single nucleotide polymorphisms
- CpG methylation status
- pharmacological profiling for large-scale cancer drug screen.

A análise de associações conjuntas entre múltiplos fenótipos correlacionados e atributos moleculares de alta dimensionalidade é desafiadora.

Quando múltiplos fenótipos e informação genômica de alta dimensionalidade são analisados conjuntamente, a abordagem bayesiana permite especificar de maneira flexível as relações complexas entre os conjunto de dados altamente estruturados.

O pacote **BayesSUR** combina diversos modelos que foram propostos para a regressão multidimensional com resposta múltipla e introduz um novo modelo, que permite diferentes *prioris* na seleção de variáveis dos modelos de regressão e para diferentes pressupostos a respeito da estrutura de dependência entre as respostas.

Metodologia

- múltiplas opções de seleção de variáveis
- a matriz de covariância pode ser diagonal, densa ou esparsa.
- engloba três classes de modelos de regressão linear de múltipla resposta:
- HRR
- dSUR e SSUR
- MRF

O modelo de regressão é escrito como:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\mathbf{B} + \mathbf{U} \tag{1}$$

$$\text{vec}(\mathbf{U}) \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, C \otimes \mathbb{I}_n)$$

onde:

- \mathbf{Y} é uma matriz $s \times s$ das variáveis resposta com matriz de covariância \mathbf{C} ;
- \mathbf{X} é uma matriz $n \times p$ de preditores para todas as respostas;
- \mathbf{U} é a matriz dos resíduos;
- $\text{vec}(\cdot)$ denota a vetorização da matriz;
- $\mathcal{N}(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\Sigma})$ denota uma distribuição normal multivariada com vetor de médias $\boldsymbol{\mu}$ e matriz de covariâncias $\boldsymbol{\Sigma}$;
- $\mathbf{0}$ denota um vetor coluna com todos os elementos nulos,
- \otimes é o produto de Kronecker e \mathbb{I}_n a matriz identidade de ordem n .

A seleção de variáveis é realizada através de uma matriz indicadora binária latente $\boldsymbol{\Gamma} = \{\gamma_{jk}\}$.

Uma *priori* “spike-and-slab” é utilizada para encontrar um subconjunto esparso relevante de preditores que expliquem a variabilidade de \mathbf{Y} : condicional em $\gamma_{jk} = 0$ ($j = 1, \dots, p$, e $k = 1, \dots, s$)

Definem-se $\beta_{jk} = 0$ condicionado em $\gamma_{jk} = 1$ seguem uma distribuição normal difusa:

$$\beta_\gamma \sim \mathcal{N}(\mathbf{0}, W_\gamma^{-1}) \quad (2)$$

Onde $\beta = \text{vec}(\mathbf{B})$, $\gamma = \text{vec}(\boldsymbol{\Gamma})$, β_γ consiste somente nos coeficientes selecionados (i.e. $\gamma_{jk} = 1$), assim W_γ é a sub matriz de \mathbf{W} formada pelos coeficientes selecionados correspondentes.

A matriz de precisão, \mathbf{W} , é geralmente decomposta em coeficientes de encolhimento e uma matriz que governa a estrutura de covariância dos coeficientes de regressão. É utilizado aqui $W = w^{-1}\mathbb{I}_{sp}$, o que significa que todos os coeficientes de regressão são independentes a priori, com uma *hiperpriori* no coeficiente de encolhimento w , i.e. $w \sim \mathcal{IGamma}(a_w, b_w)$.

A matriz indicadora binária latente $\boldsymbol{\Gamma}$ tem três opções de *priori*:

- Bernoulli independente hierárquica
- hotspot prior
- MRF prior

A matriz de covariância \mathbf{C} também possui três *prioris*:

- Gama inversa independente
- Wishart inversa
- hiper-inversa Wishart

São considerados no total nove possíveis modelos dentre as combinações de \mathbf{C} e $\boldsymbol{\Gamma}$

	$\gamma_{jk} \sim \text{Bernoulli}$	$\gamma_{jk} \sim \text{hotspot}$	$\gamma_{jk} \sim \text{MRF}$
$C \sim \text{indep}$	HRR-B	HRR-H	HRR-M
$C \sim IW$	dSUR-B	dSUR-H	dSUR-M
$C \sim HIW$	SSUR-B	SSUR-H	SSUR-M

Regressão Hierárquica Relacionada (HRR)

A Regressão Hierárquica Relacionada assume que \mathbf{C} é uma matriz diagonal, o que se traduz em independência condicional entre múltiplas variáveis resposta.

Uma *priori* gama inversa é especificada para a covariância dos resíduos, i.e

$$\sigma_k^2 \sim \mathcal{IGamma}(a_\sigma, b_\sigma)$$

Quando combinada com as *prioris* em (2), é conjugado com a verossimilhança do modelo (1). Podemos então amostrar a estrutura de seleção de variáveis $\boldsymbol{\Gamma}$ marginalmente com respeito a \mathbf{C} e \mathbf{B} .

HRR com uma *priori* Bernouli independente

Para uma *priori* simples de seleção do modelo de regressão, os indicadores binários latentes seguem uma *priori* de Bernoulli:

$$\gamma_{jk} | \omega_{jk} \sim \text{Ber}(\omega_{jk}) \quad (j = 1, \dots, p, \text{ e } k = 1, \dots, s) \quad (3)$$

Com uma *priori* hierárquica Beta em ω_j , i.e. $\omega_j \sim \text{Beta}(a_\omega, b_\omega)$, que quantifica a probabilidade de cada preditor ser associado com qualquer uma das variáveis resposta.

HRR com uma *priori* hotspot

É proposta a decomposição da probabilidade do parâmetro de associação ω_{jk} em (3), onde o_k é responsável pela esparsividade de cada modelo de resposta e π_j controla a propensão de cada preditor a ser associado a múltiplas respostas simultaneamente:

$$\gamma_{jk} | \omega_{jk} \sim \text{Ber}(\omega_{jk}) \quad (j = 1, \dots, p, \text{ e } k = 1, \dots, s) \quad (4)$$

$$\begin{aligned} \omega_{jk} &= o_k \times \pi_j \\ o_k &\sim \text{Beta}(a_0, b_0) \\ \pi_j &\sim \text{Gamma}(a_\pi, b_\pi) \end{aligned}$$

Regressão não relacionada aparentemente esparsa (SSUR)

Para modelar a matriz de covariância C é especificado uma *priori* hiper-Inversa Wishart, o que significa que as variáveis resposta têm por trás um grafo \mathcal{G} que codifica a dependência condicional entre as respostas.

Um grafo esparso corresponde à matriz esparsa de precisão C^{-1} . Do ponto de vista computacional, é impraticável especificar uma *priori* hiper-inversa Wishart diretamente em C^{-1} . É realizada uma transformação em C para fatorar a verossimilhança. A distribuição hiper inversa de Wishart i.e $C \sim \mathcal{HIW}_{\mathcal{G}}(\nu, \tau \mathbb{I}_s)$ transforma-se na variância escalar σ_{qt}^2 e no vetor de correlação associado $\boldsymbol{\rho}_{qt} = (\rho_{1,qt}, \rho_{2,qt}, \dots, \rho_{t-1,qt})^T$, com:

$$\sigma_{qt}^2 \sim \text{IGamma}\left(\frac{\nu - s + t + |S_q|}{2}, \frac{\tau}{2}\right), \quad q = 1, \dots, Q, \quad t = 1, \dots, |R_q|, \quad \boldsymbol{\rho}_{qt} | \sigma_{qt}^2 \sim \mathcal{N}\left(\mathbf{0}, \frac{\sigma_{qt}^2}{\tau} \mathbb{I}_{t-1}\right) \quad (5)$$

onde Q é o número de componentes primos no grafo decomposto \mathcal{G} , S_q e R_q são os separadores e os componentes residuais de \mathcal{G} , respectivamente.

Como *priori* para o grafo é utilizado uma Bernoulli com probabilidade η em cada vértice $E_{kk'}$ de \mathcal{G} como em:

$$\mathbb{P}(E_{kk'} \in \mathcal{G}) = \eta, \quad \eta \sim \text{Beta}(a_\eta, b_\eta). \quad (6)$$

São admitidas três *prioris* em β_γ .

Amostragem MCMC e inferência *a posteriori*

Para amostrar da distribuição *a posteriori*, os autores utilizam o algoritmo de busca estocástica evolucionária, que utiliza uma forma particular do Monte Carlo evolucionário (EMC).

Múltiplas cadeias de Markov temperadas são processadas paralelamente e movimentos de troca ou mudança são permitidos dentre as cadeias para melhorar a mistura entre modelos potencialmente diferentes da *posteriori*. A temperatura é adaptada durante a fase de burn-in.

A cadeia principal provém amostras da distribuição *a posteriori* não-temperada, que é utilizada para toda a inferência. Para cada variável resposta, os autores utilizam um amostrador de Gibbs para atualizar o vetor dos coeficientes de regressão $\beta_k (k = 1, \dots, s)$, baseado na distribuição *a posteriori* condicional correspondente ao modelo específico, selecionado entre os modelos apresentados anteriormente.

Após L iterações do MCMC, obtêm-se $\mathbf{B}^{(1)}, \dots, \mathbf{B}^{(L)}$ e a estimativa da média *a posteriori* é:

$$\hat{\mathbf{B}} = \frac{1}{L-b} \sum_{t=b+1}^L \mathbf{B}^{(t)}$$

onde b é o número de iterações de *burn-in*. As distribuições condicionais completas *a posteriori* também estão disponíveis no modelo SSUR. Já nos modelos HRR, os coeficientes de regressão e as covariâncias residuais foram integrados para fora e ainda assim a saída do MCMC não pode ser utilizada diretamente para inferência posterior desses parâmetros.

Contudo, para \mathbf{B} , a distribuição *posteriori* condicional em $\mathbf{\Gamma}$ pode ser obtida analiticamente nos modelos HRR, e é essa a saída oferecida.

Em cada iteração t do MCMC também é atualizado cada vetor binário latente $\gamma_k (k = 1, \dots, s)$ via Metropolis-Hastings, propondo conjuntamente uma atualização para o correspondente β_k . Após L iterações, usando as matrizes binárias $\mathbf{\Gamma}^{(1)}, \dots, \mathbf{\Gamma}^{(L)}$, as probabilidades de inclusão marginal *a posteriori* são estimadas por:

$$\hat{\mathbf{\Gamma}} = \frac{1}{L-b} \sum_{t=b+1}^L \mathbf{\Gamma}^{(t)}$$

Outro parâmetro importante dos modelos SSUR é \mathcal{G} na *priori* Wishart hiper-inversa para a matriz de covariância C . Ela é atualizada via *junction tree sampler* conjuntamente com a proposta correspondente para σ_{qt}^2 e $\boldsymbol{\rho}_{qt} | \sigma_{qt}^2$ em (5).

A cada iteração do MCMC é extraída a matriz de adjacência $\mathcal{G}^{(t)} (t = 1, \dots, L)$, do qual são derivadas as estimativas da média *a posteriori* das probabilidades de inclusão das areastas como:

$$\hat{\mathcal{G}} = \frac{1}{L-b} \sum_{t=b+1}^L \mathcal{G}^{(t)}$$

Mesmo que a *priori* o grafo \mathcal{G} seja decomposto, a média estimada posteriormente $\hat{\mathcal{G}}$ pode estar no espaço de modelos decompostos.

O hiperparâmetro τ da Wishart hiper-inversa é atualizado através de um passeio aleatório do amostrador Metropolis-Hastings. Já η e a variância w na *priori* pico-e-tapa são amostrados das condicionais posteriores.

Conjunto de Dados

Os autores simularam dados de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) dentro de um modelo verdadeiro conhecido para demonstrar a performance de recuperação dos modelos introduzidos anteriormente. O algoritmo completo pode ser encontrado em (Zhao et al. 2021).

Para construir variáveis resposta múltiplas \mathbf{Y} (com $s = 10$) com uma relação estruturada, os autores fixam uma variável indicadora esparsa $\mathbf{\Gamma}$ e desenham um grafo decomposto para as respostas, para construir padrões de associação dentre os múltiplos regressores e variáveis resposta.

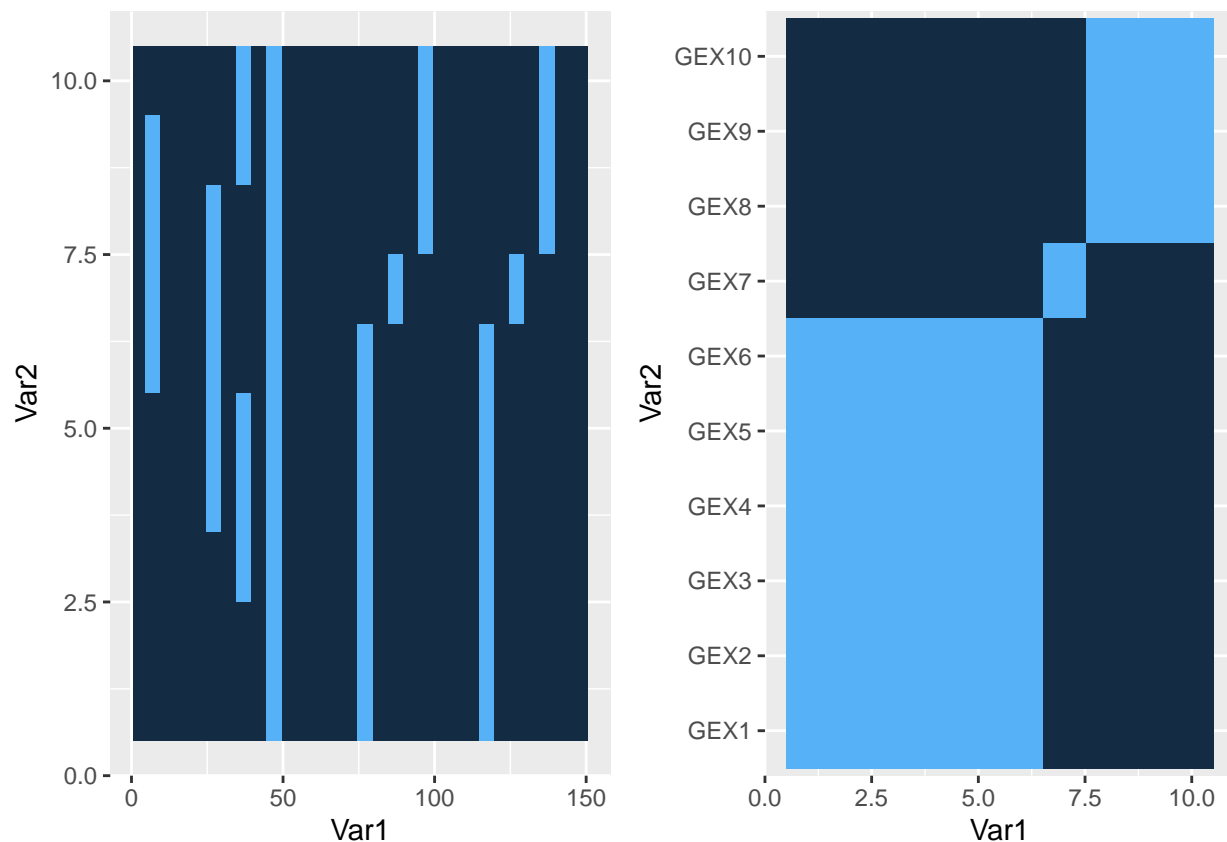


Figure 1: Parâmetros verdadeiros dos dados gerados no conjunto de dados de exemplo

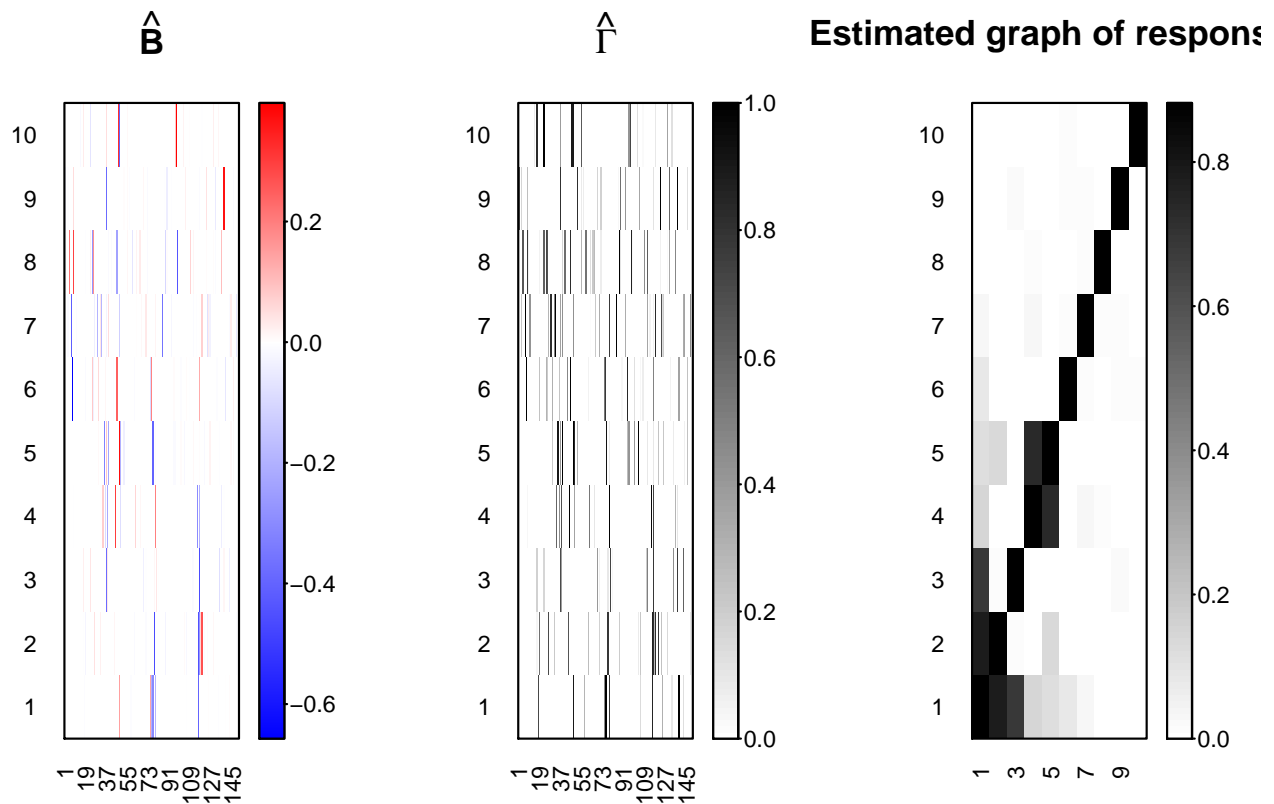
Análise dos Dados

```
## BayesSUR -- Bayesian Seemingly Unrelated Regression Modelling
## Using OpenMP
## Reading input files ... .. successfull!
## Clearing and initialising output files
## Initialising the (SUR) MCMC Chain ... .. DONE!
## Drafting the output files with the start of the chain ... DONE!
##
## Starting 3 (parallel) chain(s) for 5000 iterations:
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.1
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.21
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.331
```

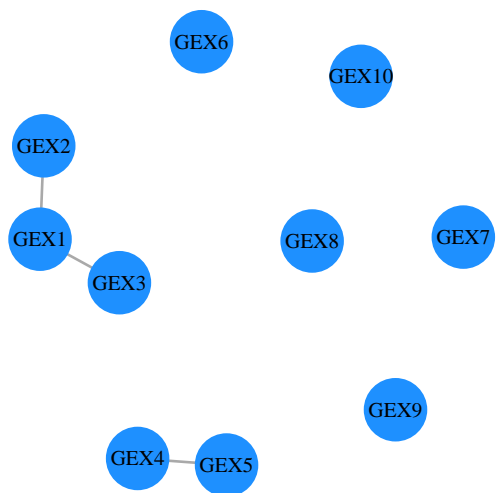
```

## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.4641
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.61051
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.77156
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 1.94872
## Temperature ladder updated, new temperature ratio : 2.14359
## Running iteration 1000 ... local Acc Rate: ~ gamma: 0.089 -- JT: 0.056 -- Global: 0.263
## Running iteration 2000 ... local Acc Rate: ~ gamma: 0.098 -- JT: 0.095 -- Global: 0.153
## Running iteration 3000 ... local Acc Rate: ~ gamma: 0.086 -- JT: 0.103 -- Global: 0.132
## Running iteration 4000 ... local Acc Rate: ~ gamma: 0.078 -- JT: 0.109 -- Global: 0.117
## Running iteration 5000 ... local Acc Rate: ~ gamma: 0.068 -- JT: 0.113 -- Global: 0.113
## MCMC ends. --- Saving results and exiting
## Saved to : results/data_SSUR_****_out.txt
## Final w : 0.220583
## Final tau : 1.30603 w/ proposal variance: 1.37679
## Final eta : 0.065107
## -- Average Omega : 0.0325753
## Final temperature ratio : 2.14359
##
## DONE, exiting!

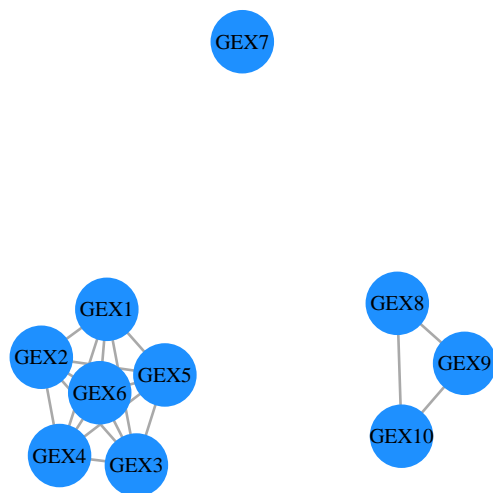
```

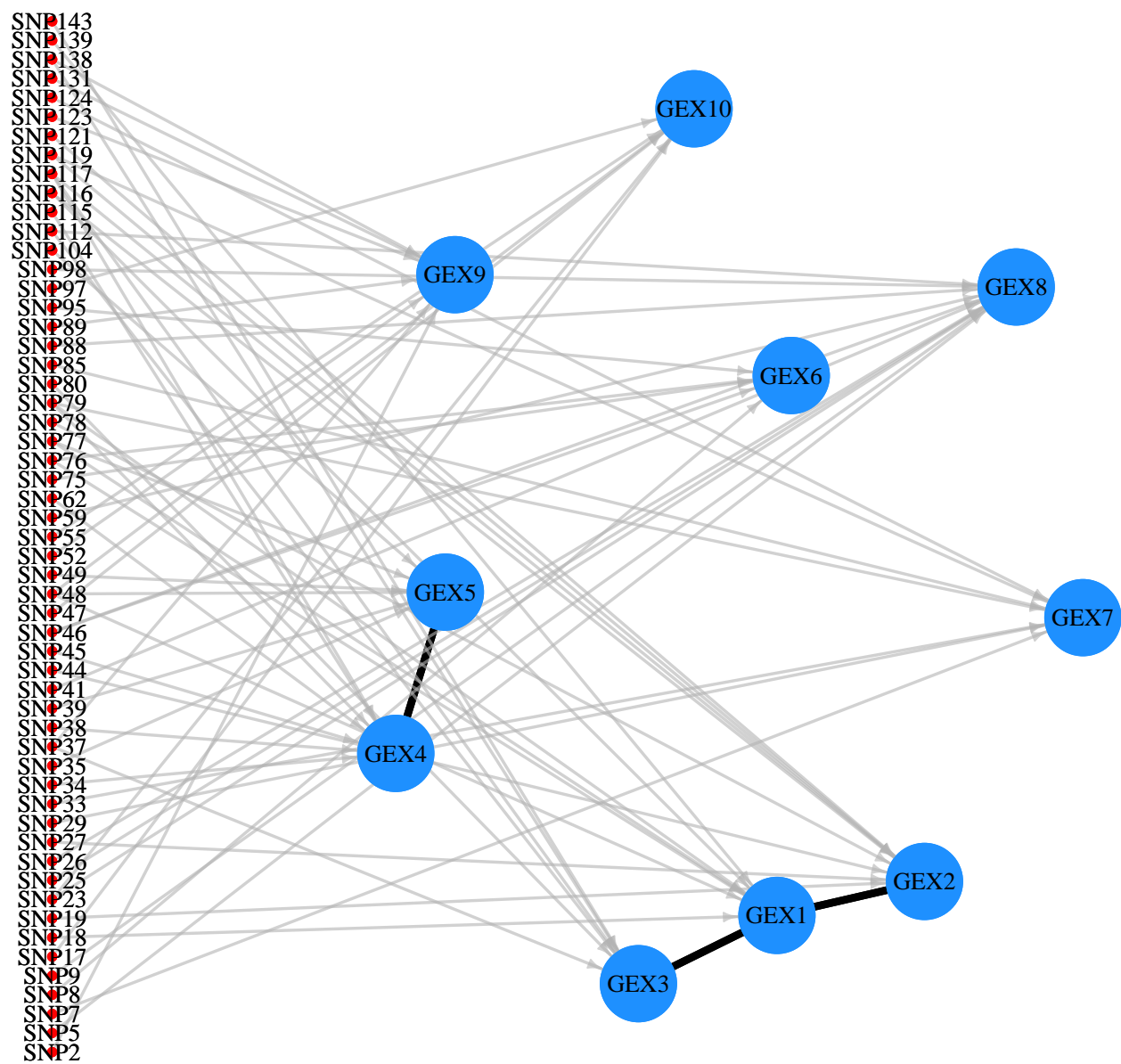


Estimated graph of responses



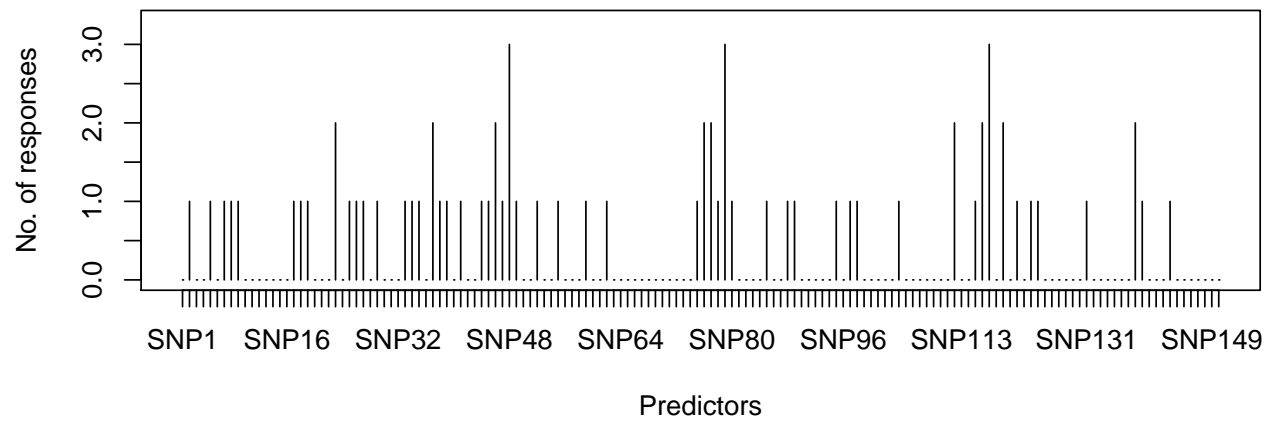
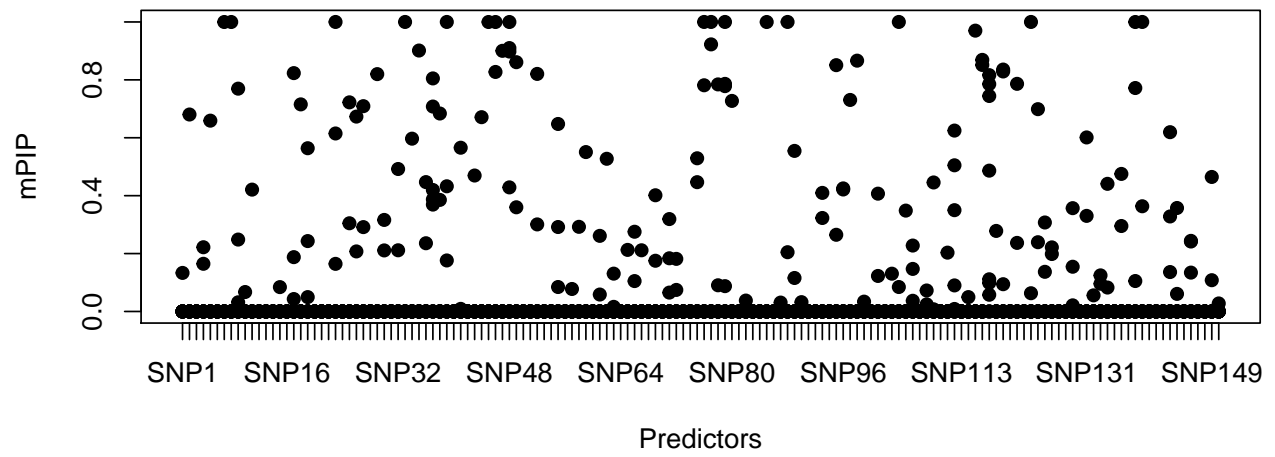
Given graph of responses



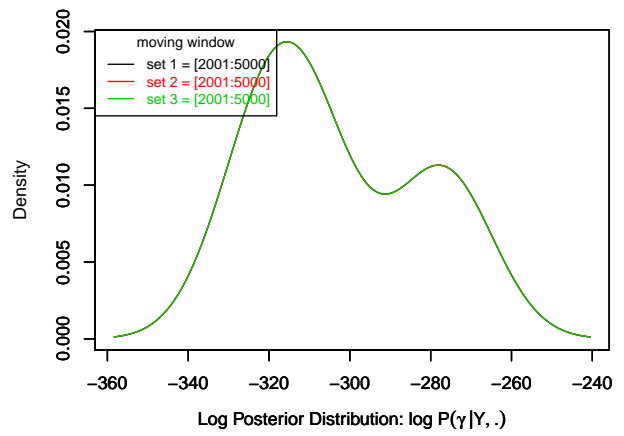
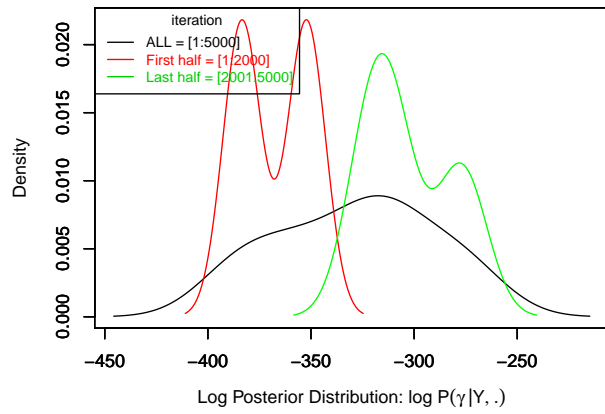
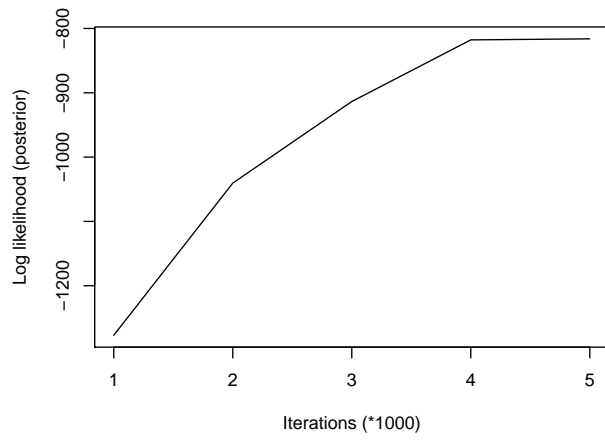


SNPs

Gene expression

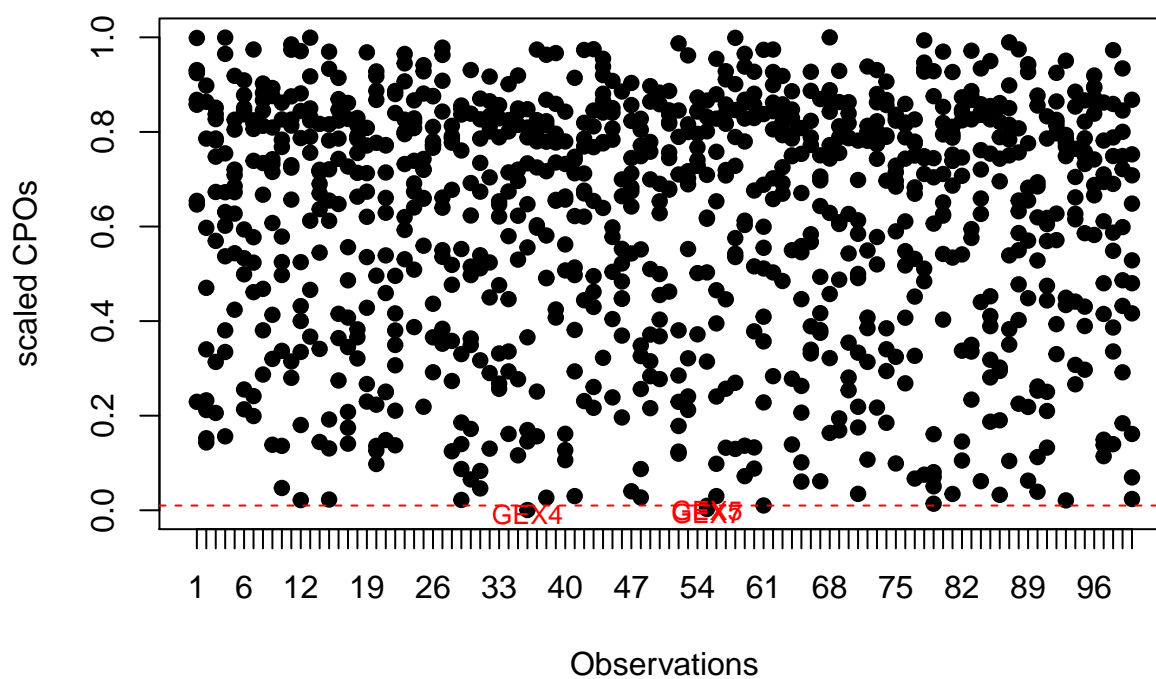


NOTE: Number of responses with mPIP \geq 0.5



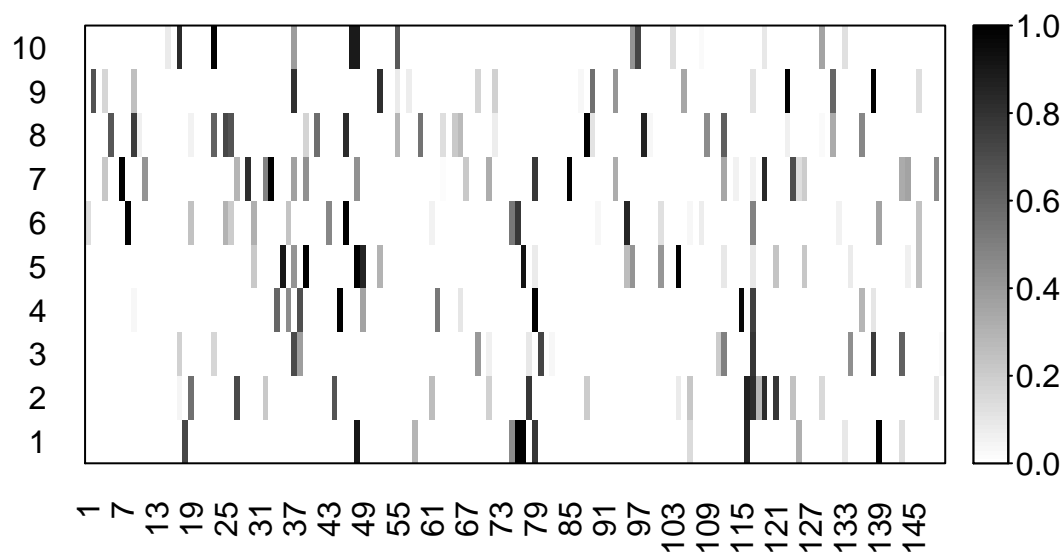
```
plotCP0(fit)
```

Conditional predictive ordinate

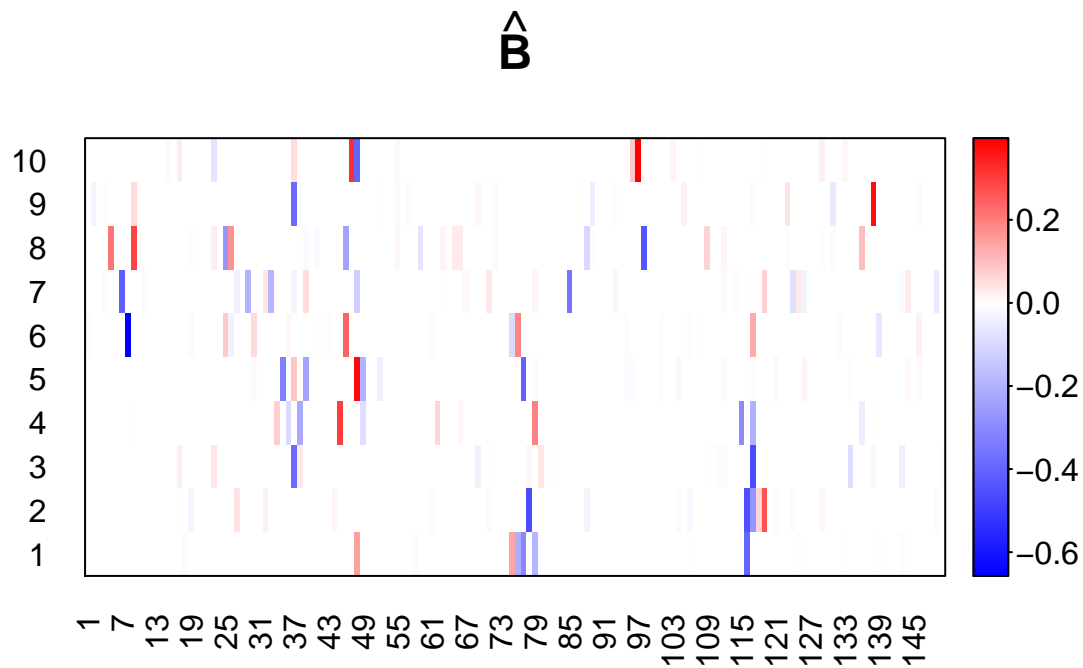


```
plotEstimator(fit, "gamma")
```

$\hat{\Gamma}$

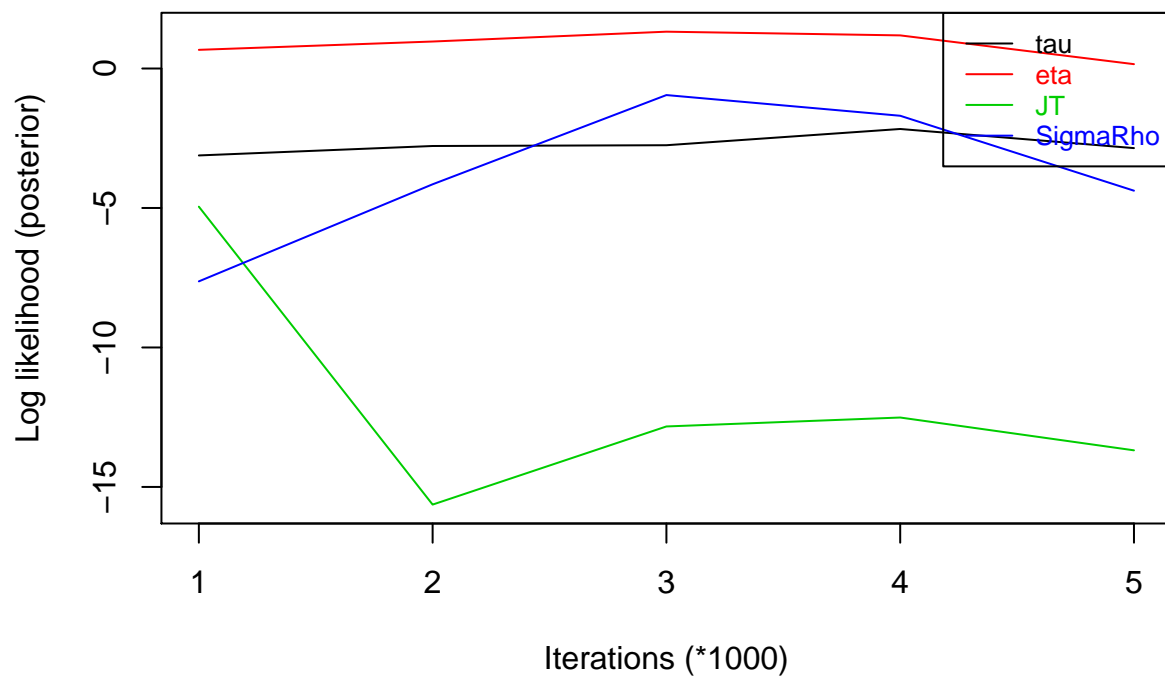


```
BayesSUR::plotEstimator(fit, "beta")
```



```
plotMCMCdiag(fit, HIWg = "lik")
```

Likelihoods of graph learning



Conclusão

Referências

Zhao, Zhi, Marco Banterle, Leonardo Bottolo, Sylvia Richardson, Alex Lewin, and Manuela Zucknick. 2021. “BayesSUR: An R Package for High-Dimensional Multivariate Bayesian Variable and Covariance Selection in Linear Regression.” *Journal of Statistical Software* 100 (11): 1–32. <https://doi.org/10.18637/jss.v100.i11>.

Apêndice: códigos

```
knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
library(BayesSUR)
data("exampleEQTL", package = "BayesSUR")
attach(exampleEQTL)
library(tidyverse)
library(gridExtra)

plot_heatmap<- function(df){
  reshape2::melt(df) %>% ggplot(aes(x=Var1, y=Var2, fill=value)) +
    geom_raster() + guides(fill="none")
}

p <- plot_heatmap(gamma)
q <- plot_heatmap(Gy)

grid.arrange(p,q, ncol = 2)
fit <- BayesSUR(data = data, Y = blockList[[1]], X = blockList[[2]],
  outFilePath = "results", nIter = 5000, nChains = 3,
  burnin = 1000, covariancePrior = "HIW",
  gammaPrior = "hotspot",
  output_CPO = TRUE,
)
plot(fit, estimator = c("beta", "gamma", "Gy"), type = "heatmap",
  fig.tex = FALSE)
layout(matrix(1:2, ncol = 2))
plot(fit, estimator = "Gy", type = "graph")
plotGraph(Gy)
plot(fit, estimator = c("gamma", "Gy"), type = "network",
  name.predictors = "SNPs", name.responses = "Gene expression")
plot(fit, estimator = "gamma", type = "Manhattan")
plot(fit, estimator = "logP", type = "diagnostics")
plotCPO(fit)
plotEstimator(fit, "gamma")
BayesSUR::plotEstimator(fit, "beta")
plotMCMCdiag(fit, HIWg = "lik")
```