

Chapter 5: Bayesian Context and Inference

Probabilities

For that which is probable is that which generally happens. Aristotle, Rhetoric.

A probabilistic approach to applied mathematics that has become popular is * Bayesian Inference . *The procedures presented before are usually called* frequencists*. Often, the information obtained is almost identical, but the perspective changes considerably.

By principle, we use different paths.

Frequencists and Bayesians

Frequencist approaches place probabilities as approximations for scenarios with an infinite number of events. The examples visited in the first chapters use this analogy.

Returning to a trivial example: if we play an honest coin endlessly, the relative frequency of *heads* converges to what value? For large trials, it approximates 0.5.

Simulation:

```
julia>using Random
julia>Random.seed!(2600)
julia>function trial_t(n_trials::Int)
    r_trials = bitrand(n_trials) |> x -> map{Int64,x}
        sum(r_trials)/length(r_trials)
end
julia> trial_t(10)
0.6
julia> trial_t(100)
0.43
julia> trial_t(1000)
0.482
julia> trial_t(100000)
0.50019
julia> trial_t(10000000)
0.4999909
```

The notion of hypothetical infinite populations or procedures is fairly common.

The hypothetical-deductive method relates theories to observations through falsifiable hypotheses. The most accepted conception, recently compiled by K. Popper, deals directly with probabilities as important entities for the natural sciences.

More than that, it illustrates the concept of calculating the plausibility of experimental results considering the validity of a given hypothesis being studied.

We calculate probabilities associated with the occurrence of an observation. In the t-test for two samples (chapter 1), we defined the null hypothesis as a function of the sample means (μ) and other parameters (σ , df).

$$H_0 : \mu_{sample_1} = \mu_{sample_2}$$

.

The procedure of imagining events observed as instances of a family of similar events is perfectly suited to Popperian precepts. It is also expressed in Hugh Everett's *Many-Worlds* interpretation of naturally probabilistic phenomena in quantum mechanics. It remains the bread and butter of normal science to test predictions of a particular paradigm. The gradual refinement of a theory involves the accumulation of

knowledge and testing of *auxiliary hypotheses* resulting from basic assumptions (*hard core* using Imre Lakatos terminology).

Bayesian prisms orchestrate probabilities as primitive beings. A basic notion related to *plausibility*, *degree of belief*, *expectation* for a given situation.

The key point is that we no longer guide the procedures aiming at a probability for events.

The probabilities themselves become central entities. Specifically, how our beliefs about something is changed after observations.

In the case of Darwin's birds:

Frequencist: Assuming the average size difference between samples is 0, what is the probability for my observations?

Since H_0 is defined by $H_0 : \mu_{sample_1} = \mu_{sample_2}$, we want to know:

$P(H_0) < 0.05$?

Bayesian Inference: What are the probabilities describing possible values for the difference between sample₁ and sample₂? Considering a model and the data, what is the probabilistic distribution of μ_{diff_1-2}

$$P(\mu_{diff_1-2}) = ?$$

In addition to intuitive constructs, a Bayesian platform offers two powerful features: sensitivity to prior information about a phenomenon (*priors*) and stochastic estimators (eg* Markov Chain Monte Carlo*) are an efficient way. Thus, we can (1) make use of arbitrary information (e.g. expert intuition) and (2) reduce the dependence of (closed) analytic solutions to equations describing the models.

Bayesian Epistemology?

Previously, we associated scenarios with hypotheses and estimated parameters (probabilities) to test them. Now, *parameters* have a central conceptual role.

A parameter is a symbol, an approximation for an idea (*para*, “near”, *metron*, “measure”). In the initial chapters, we use parameters for constructs that behave as numbers (e.g. there are elements that can be ordered by some notion of size, and operations such as sum and multiplication).

We estimated parameters (μ_{diff} and p value) to test a hypothesis about the mean difference between in beak size among species A and B. In Chapter 2, we used a parameter (β and a p value) to test a hypothesis about the correlation between healthy life expectancy and number of doctors in a country. More than that, we used the corresponding statistics to test hypotheses and calculate confidence intervals.

It is very difficult to understand the usefulness of previous procedures by not knowing the hypothetical-deductive north leading them. The following excerpt is in *Data Analysis, The Bayesian Tutorial* (Sivia & Skilling, 2006), from Oxford professors: “*The masters, such as Fisher, Neyman and Pearson, provided a variety of different principles, which has merely resulted in a plethora of tests and procedures **without any clear underlying rationale**. This **lack of unifying principles** is, perhaps, at the heart of the shortcomings of the cook-book approach to statistics that students are often taught even today.*”

We could use probabilities obtained via Bayesian inference to continue testing hypotheses. However, it is convenient to introduce Bayesian tools to the thinking of philosophers who have offered other alternatives [^27].

[^27]: There is a more comprehensive research program in philosophy on Bayesian epistemology, but this is not our focus.

More than one scientific methods: Feyerabend, Carnap and Quine

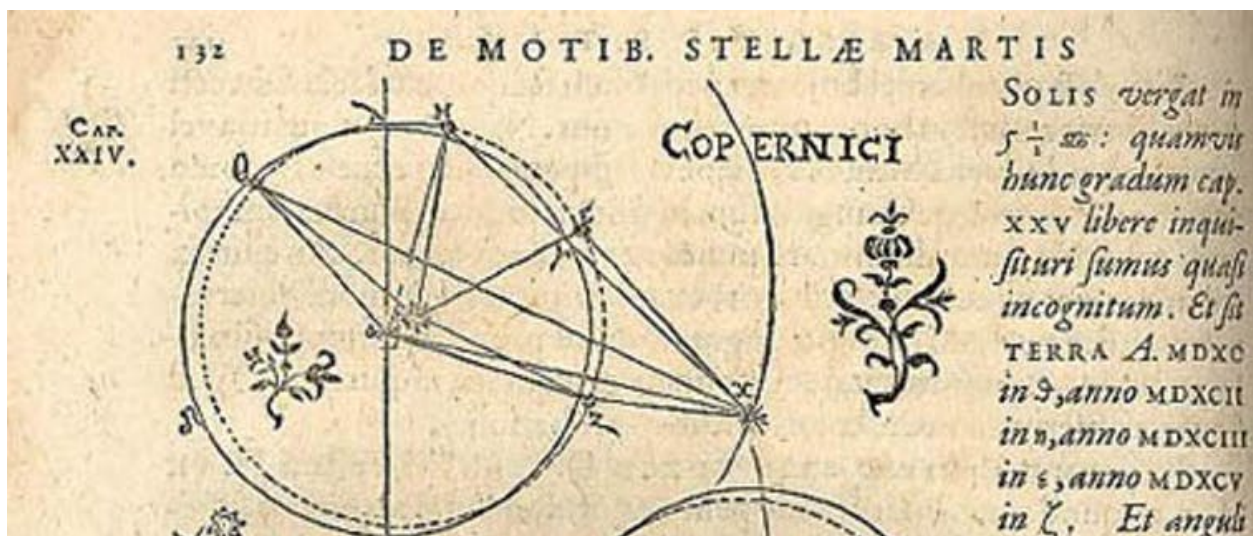
In the first chapter, we met the hypothetical-deductive method and falsifiability as the criterion of scientific demarcation. Although dominant, this rational has interesting vulnerabilities. We will better understand opposing arguments and alternative proposals through three twentieth-century philosophers. This is convenient time, as we turn the spotlights away from hypotheses.

Paul Feyerabend (1924 - 1994)

Known for his unique personality and radical ideas, Paul Feyerabend, in “Against Method” (1975), argues that most of historical breakthroughs occurred disregarding the scientific method.

Personal beliefs and biographical details are responsible for changes in our knowledge. Moreover, using falsifiability and the hypothetical-deductive method would have made us reject heliocentrism and other key ideas for progress. In fact, Ptolemy’s geocentric system (Earth at the center of the system) was better than that of Copernicus (Sun at the center) using the same number of parameters for calculations of orbits. The Copernican model was closer to reality as it is understood today, but the intermediate stage of theoretical conception was ‘worse’¹.

In addition to being less accurate, it was more complex in some respects, including more epicycles: auxiliary orbits used as artifice for calculations. The Copernican Revolution only consolidated the paradigm shift with subsequent contributions by Tycho Brahe, Kepler, Galileo, and Newton, about 1 century later.



Faced with the conflicts between a method and the inevitable unpredictability of human endeavor to know the Universe, Feyerabend proposes epistemic anarchism under the motto “Anything goes”. That is, any assets are valid when attempting to attack a problem or designing a model of reality.

It is tempting to think that, given the depth of the work, defending such a blunt posture is an application of the precepts defended in the book as necessary to disseminate an idea. Other philosophers help us to conceive of a science not based on a hypothetical-deductive method in a less radical way.

¹Stanley E. Babb, “Accuracy of Planetary Theories, Particularly for Mars,” *Isis*, Sep. 1977, pp. 426

Rudolph Carnap (1891 - 1970)

Carnap, a member of the Vienna Circle, also countered Popper. In “Testability and Meaning” (1936-7), he argues that falsifiability does not differ from verificationism. It involves testing each assertion itself, a problem that [others] (<https://plato.stanford.edu/entries/wittgenstein/>) also addressed.

Faced with unexpected results in an experiment, the instinctive procedure for a scientist involves checking the integrity of the drawn conditions. Verifying sample composition, collection methods, data loss mechanisms, exclusion and inclusion criteria, assumptions of the analysis. This is not intellectual dishonesty: they are plausible, easily fixable factors that may have invalidated the underlying theory given result experiments. The same goes for techniques of analysis and conceptualization of constructs.

Addressing these points is desirable and exposes the inevitable Achilles heel in falsifiability. It is impossible to refute a hypothesis / assertive in isolation. Each experimental or logical procedure involves an interdependence between its components.

Willard van Orman Quine (1908 - 2000)

A philosophical school starts from the problem above. Duhem-Quine’s thesis postulates that it is impossible to test any scientific hypothesis, since there are always assumptions postulated to be true.

In ‘The Two Dogmas of Empiricism’, Quine considers propositions and logical relations between to be a single system, which can only be studied as a whole.

The exercises illustrated in the previous volume test the adequacy of the data to the distribution family t . It also assumes that beak sizes are measurable using numbers and that these can be compared with values from other samples.

At first these statements seem trivial. However, considering the human aspects of science, changes in perspective are significant. Arguably, addressing a problem in this way is historically more fruitful. The most compelling contributions come from scientists dedicated to studying a context or problem as a whole. It is rare, perhaps unheard of, that a group testing hypotheses without a strong underlying theoretical axis has made remarkable strides.

In that sense, freely estimating the parameters we are talking about naturally is much more intuitive than tailoring an idea to hypothetical-deductive procedures.

Bayesian Inference

In Chapter 1, during a t test, we compute the t statistic corresponding to the differences found and then the probability of obtaining equal or more extreme values. It is possible to use Bayesian inference to analyze an identical situation. However, we are no longer interested in the p value. The question is “*What are the likely values for the difference between A and B?*”.

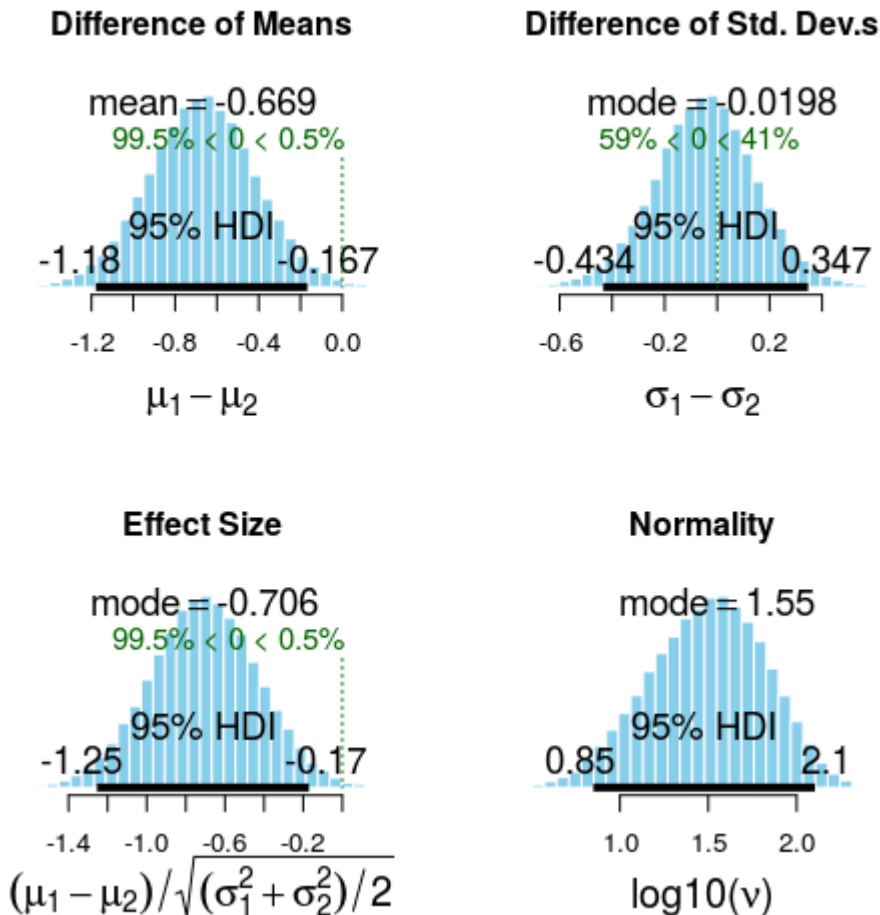
The probabilistic distribution obtained is a representation of our beliefs in the plausibility of each value.

Using the library BEST and 30 observations taken from normally distributed samples ($\mu_a = 0$; $\mu_b = 0.6$; $\sigma_a = \sigma_b = 1$).

```
> library(ggthemes)
> library(rstan)
> library(reshape2)
> library(BEST)
> library(ggplot2)
> options(mc.cores = parallel::detectCores() - 1)
> set.seed(2600)
> a <- rnorm(n = 30, sd = 1, mean = 0)
> b <- rnorm(n = 30, sd = 1, mean = 0.6)
```

```
# BEST
> BESTout <- BESTmcmc(a, b)

### BEST plots
> par(mfrow=c(2,2))
> sapply(c("mean", "sd", "effect", "nu"), function(p) plot(BESTout, which=p))
> layout(1)
```



The distribution on the upper left corner corresponds to our estimates for plausible values of the difference between A and B. We can use the mean as a point estimate: ($diff_{\mu_a \mu_b} = -0.669$). The range labeled as ‘95% HDI’ (High Density Interval) contains 95% of the distribution.

Its meaning is closer to the intuition of a region likely to contain real values than standard confidence intervals obtained in frequentist procedures.

Behind the curtains

Obviously, we will understand the art involved here. The flexibility and power of Bayesian models allow us to deal with a series of problems that are difficult to treat in any other way. However, it is also easier to find pitfalls or run into difficulties during the process.

It is extremely important to understand the components involved, so as not to make major mistakes.

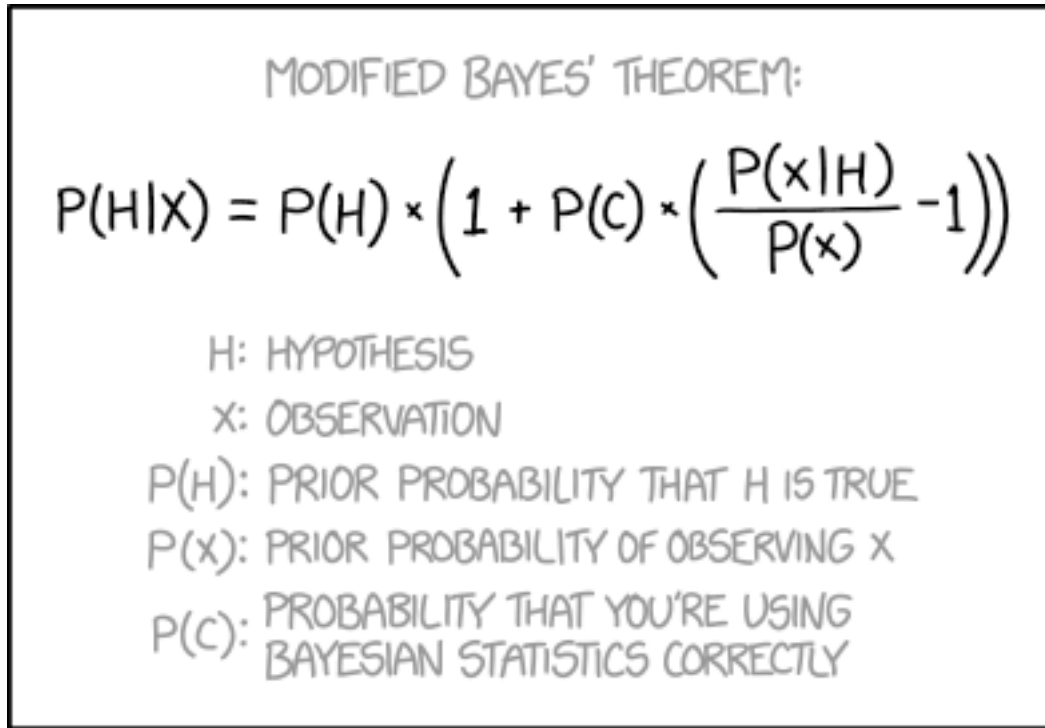


Figure 1: <https://xkcd.com/2059/> Modified Bayes Theorem, including the probability that you are currently using Bayesian statistics

The Bayes Theorem

$$P(B | A) = \frac{(A | B)P(B)}{P(A)}, P(A) \neq 0$$

The classical form of the theorem tells us about probabilities of subsequent/concurrent events.

It is often presented to treat simple problems: *Knowing the result of a positive medical test, how likely is the patient to have the disease?* Bayes' theorem relates the baseline probability of disease with the probability a subsequent positive test. Some results contradict intuition: even if the test has good sensitivity (high probability of positive results in the face of the disease), the probability will remain low if the baseline chances are also low.

The theorem was conceived in a greater effort of the Reverend Thomas Bayes (1701-1761) for an inference problem. Curiously, it is quite similar to what we will face.

Suppose we assign a probability $p(0 \leq p \leq 1)$ to coin trials *tails* result. By looking at some results, we can make our estimate. We can start by assuming an honest 0.5 coin. With a high frequency of *tails*, it is rational to increase our estimate of p ($p \sim 1$). Bayes demonstrated how to make these updates in the face of new evidence.

Intuitions

The text of **An essay towards solving the Problem in the Doctrine of Chances (1773)** presents a series of demonstrations until arriving at the statement:

Proposition 4 : *If there be two subsequent events be determined every day, and each day the probability of the 2nd [event] is $\frac{b}{N}$ and the probability of both $\frac{P}{N}$, and I am to receive N if both of the events happen the 1st day on which the 2nd does; I say, according to these conditions, the probability of my obtaining N is $\frac{P}{b}$. (...)*

The style is a bit complicated. Rephrasing:

Consider two subsequent events: (1) the probability of the second happening is $\frac{b}{N} (P(A))$, (2) the probability of both occurring is $\frac{P}{N} (P(A \cap B))$. (3) Knowing that the second happened, the probability that the first one also happened is $\frac{P}{b}$. N é cancelado e (3) é a razão entre (2) e (1):

$$P(B | A) = \frac{P(A \cap B)}{P(A)}, P(A) \neq 0$$

Considering two events, **A** and **B**, the probability of B occurring knowing that A happened ($P(B | A)$) is identical to the probability of A and B ($P(A \cap B)$) occurring, normalized by the probability of A occurring individually.

By the definition of conditional probability, $P(A \cap B) = P(A | B)P(B)$, then:

$$P(B | A) = \frac{(A | B)P(B)}{P(A)}, P(A) \neq 0$$

Thus, we can estimate probability for events. In Bayesian inference, we use the theorem to estimate plausible values (probabilistic distribution) for a given parameter (θ) on the face of observations (X).

$$P(\theta | X) = \frac{P(X | \theta)P(\theta)}{P(X)}, P(X) \neq 0$$

Posterior

Chamamos o primeiro termo, a estimativa do parâmetro após a calibração pelas observações $P(\theta | X)$, de **distribuição posterior** (*posterior distribution* traduz bem para o português). Todos os procedimentos são desenhados para calculá-la e representa a distribuição usada nas inferências finais.

Por exemplo, queremos a distribuição posterior dos valores para a diferença entre A e B.

Probabilidade marginal

O denominador do termo à direita é a probabilidade independente para a ocorrência dos dados ($P(X)$). É usada para normalizar as quantidades e chamada de probabilidade/verossimilhança marginal, **marginal likelihood**, ou ainda evidência do modelo, **model evidence**.

Likelihood

O primeiro termo à direita, $P(X | \theta)$, chamamos de verossimilhança (**likelihood**) e determina a probabilidade de ocorrência das observações $P(X)$ dado um parâmetro θ .

Provavelmente, é o ponto mais sensível na modelagem, pois descreve como se dá a relação entre modelo teórico e observações. Como discutido antes, equações correspondem a leis precisas envolvendo mais de um construto. O mapeamento entre observações $P(X)$ e um parâmetro é dado pela *função de verossimilhança* (**likelihood function**) escolhida, $f(\theta)$.

Exemplo: o número de células de combate do sistema imune circulante no sangue está associado a uma resposta inflamatória. Quanto mais alto, mais provável é uma infecção para o médico. Mas qual a lei que associa o número de células (entre 0 e 10^5) com a probabilidade de infecção?

Se os desfechos estudados são binários ($y_i \in \{0, 1\}$, e.g. diagnóstico positivo ou negativo), podemos usar uma relação logística (ver Cap. 4) para estimar probabilidades em função de variáveis observadas (X) e parâmetro(s) θ .

$$P(X | \theta) \sim f(X, \theta) : y_i = \frac{1}{1 + e^{-(\theta * x_i + c)}}$$

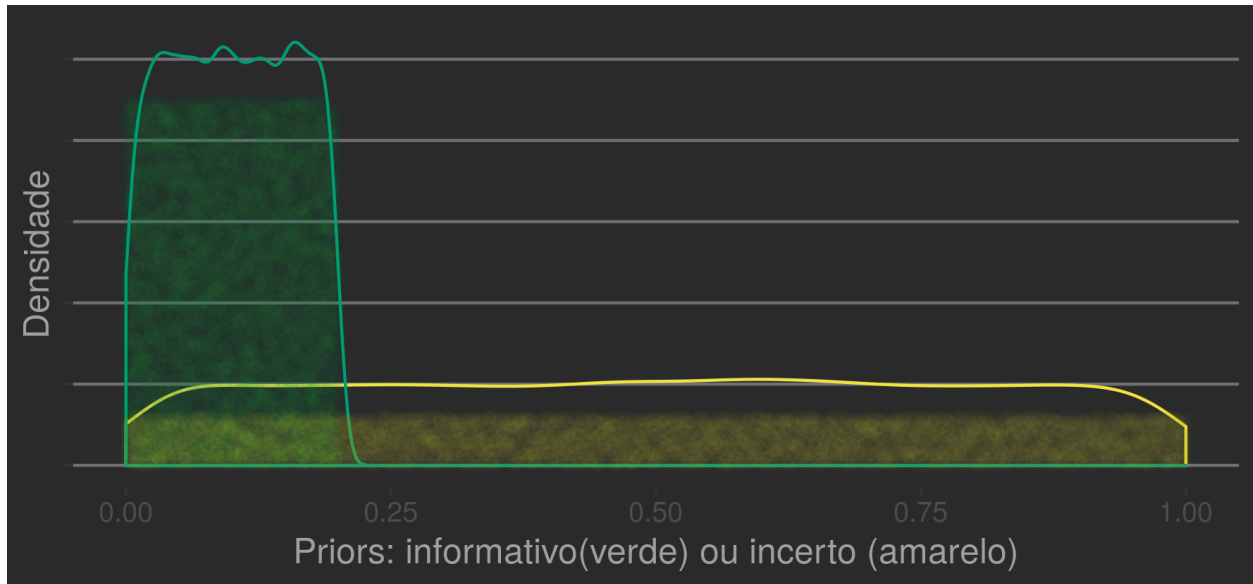


Figure 2: O prior verde supõe maiores probabilidades para valores baixos. O prior amarelo é pouco informativo, atribuindo probabilidades semelhantes em todo o intervalo

Outras funções poderia ser escolhidas (e.g. Heaviside step do capítulo anterior). Isto depende do do fenômeno, da teoria e das medidas analisadas.

Priors

Como estimamos as probabilidades infecção antes de ver os resultados do teste? Antes exame, temos alguma noção de como o parâmetro se comporta. Ela pode ser bem precisa ou trazer muita incerteza. Chamamos a estimativa basal $P(\theta)$ de **prior** e aparece na expressão multiplicando o valor da verossimilhança.

Em linguagem das probabilidades, ela é uma distribuição. Nossas crenças prévias podem ser pouco informativas (e.g. não examinamos o paciente; distribuição uniforme sobre os valores possíveis) ou bastante definidas (e.g. o paciente está assintomático; distribuição concentrada nas proximidades de 0).

```
> a <- runif(10000)
> b <- runif(10000, min = 0, max=0.2)
> priors <- data.frame(uniform=a, low=b)
> ggplot(priors)+
  geom_density(aes(x=uniform),color="#F0E442")+
  geom_jitter(aes(y=uniform*4.5,x=seq(0,0.2,length.out = 10000)),
    color="#009E73",alpha=0.015)+
  geom_density(aes(x=low),color="#009E73")+
  geom_jitter(aes(y=low*3,x=seq(0,1,length.out = 10000)),
    color="#F0E442",alpha=0.01)+ylab("Densidade")+
  xlab("Priors: informativo(verde) ou incerto (amarelo)")+
  theme_hc(style="darkunica")+theme(axis.text.y=element_blank())
```

Conhecendo nossos construtos, podemos então reescrever os procedimentos:

$$\text{Posterior} = \frac{\text{Prob. de observações dada por } f(X, \theta) * \text{Prior}}{\text{Prob. marginal para observações}}$$

Para obtermos o *posterior*, multiplicamos a probabilidade dada pela *função de verossimilhança* pelas nossas

estimativas prévias (*prior*) e normalizamos pela *probabilidade marginal* das observações.

As narrativas posteriores são construídas de acordo com a distribuição do *posterior*.

Mestre Foo e o Recrutador²

Um recrutador técnico, ao descobrir que os caminhos dos hackers Unix lhe eram estranhos, buscou conversar com Mestre Foo para aprender sobre o Caminho. Mestre Foo encontrou o recruta nos escritórios de recursos humanos de uma grande corporação.

O recruta disse, “Eu tenho observado que os hackers Unix desdenham ou ficam nervosos quando pergunto a eles quantos anos de experiência têm em uma linguagem de programação nova. Por que isso acontece?”

Mestre Foo levantou e começou a caminhar pelo escritório. O recrutador ficou intrigado, e perguntou “O que está fazendo?”

“Estou aprendendo a andar”, replicou Mestre Foo.

“Eu vi você entrar pela porta andando” o recrutador exclamou, “e você não está tropeçando em seus pés. Obviamente, você sabe como andar.”

“Sim, mas este piso é novo para mim” replicou Mestre Foo.

Ao ouvir isso, o recrutador foi iluminado.

Dear Stan

As implementações dos modelos Bayesianos são feitas em Stan, um pacote em C++ especializado em inferência bayesiana. Os modelos são escritos num dialeto próprio, mas a sintaxe é bastante semelhante à da notação matemática, então a tradução das análises do capítulo é direta.

Especificamos o modelo num arquivo auxiliar de extensão *.stan*, que é manipulado por pacotes em R para visualização e outras utilidades.

Lá e de volta outra vez

Reproduziremos à maneira bayesiana dois exemplos conhecidos: diferença entre médias (análogo ao test t) e correlação.

Aqui, fica claro que o racional é mais direto que o anterior.

Comparando amostras de distribuição normal

Lembremos (cap. 1) que, para comparar amostras usando o teste t: (1) assumimos normalidade na origem dos dados; (2) imaginamos a distribuição das médias normalizadas pelo erro padrão em amostras hipotéticas semelhantes, retiradas da mesma população; (3) calculamos o valor p conchendo a distribuição (Student's t).

Agora, podemos obter uma distribuição posterior para a diferença entre amostras.

(1) Assumimos a normalidade na origem dos dados (likelihood function); (2) fornecemos nossas estimativas prévias (prior); (3) atualizamos os valores diante dos dados e para obter o posterior.

Adotamos a seguinte parametrização:

Valores observados nas amostras 1 e 2, vetores N dimensões: y_1, y_2

Parâmetros alvo desconhecidos, as médias em cada amostra e um desvio-padrão em comum: μ_1, μ_2, σ

Priors supondo média 0 em ambos os grupos e desvio-padrão de 1: $\mu_1 \sim N(0, 1), \mu_2 \sim N(0, 1), \sigma \sim N(1, 1)$

²<http://www.catb.org/~esr/writings/unix-koans/recruiter.html>

Função de verossimilhança, indicando que cada observação é de uma população com distribuição normal:
 $y \sim N(\mu, \sigma)$

Também especificamos para o Stan que gere (1) valores para diferença entre as distribuições posteriores de μ_1 e μ_2 , μ_{diff} e (2) tamanho de efeito com D de Cohen, dividindo o valor pelo desvio-padrão.

O código deve ser salvo num arquivo “.stan”.

```
data {  
  int<lower=0> N;  
  vector[N] y_1;  
  vector[N] y_2;  
}  
parameters {  
  real mu_1;  
  real mu_2;  
  real sigma;  
}  
model {  
  //priors  
  mu_1 ~ normal(0, 1);  
  mu_2 ~ normal(0, 1);  
  sigma ~ normal(1, 1);  
  
  //likelihood - Verossimilhança  
  for (n in 1:N){  
    y_1[n] ~ normal(mu_1, sigma);  
    y_2[n] ~ normal(mu_2, sigma);  
  }  
}  
generated quantities{  
  real mudiff;  
  real cohenD;  
  
  mudiff = mu_1 - mu_2;  
  cohenD = mudiff/sigma;  
}
```

Então, vamos iniciar as análises através da interface em R. Criamos uma lista com componentes homônimos às variáveis do arquivo Stan (y__1: amostral 1, y__2: amostra 2, N: tamanho amostral).

```
> a <- rnorm(n = 100, sd = 1, mean = 0)  
> b <- rnorm(n = 100, sd = 1, mean = 0.6)  
> sample_data <- list(y_1=a,y_2=b,N=length(a))  
> fit <- rstan::stan(file="aux/bayes-t.stan",  
  data=sample_data,  
  iter=3000, warmup=100, chains = 6)  
SAMPLING FOR MODEL 'bayes-t' NOW (CHAIN 1).  
(...)
```

O comando acima iniciará os cálculos. Vamos plotar as distribuições posteriores de μ_1 , μ_2 e a diferença entre essas (μ_{diff})

```
> obs_diff <- mean(a) - mean(b)  
> obs_diff  
[1] -0.5579295  
> posteriors <- extract(fit,par = c("mu_1","mu_2","mudiff"))
```

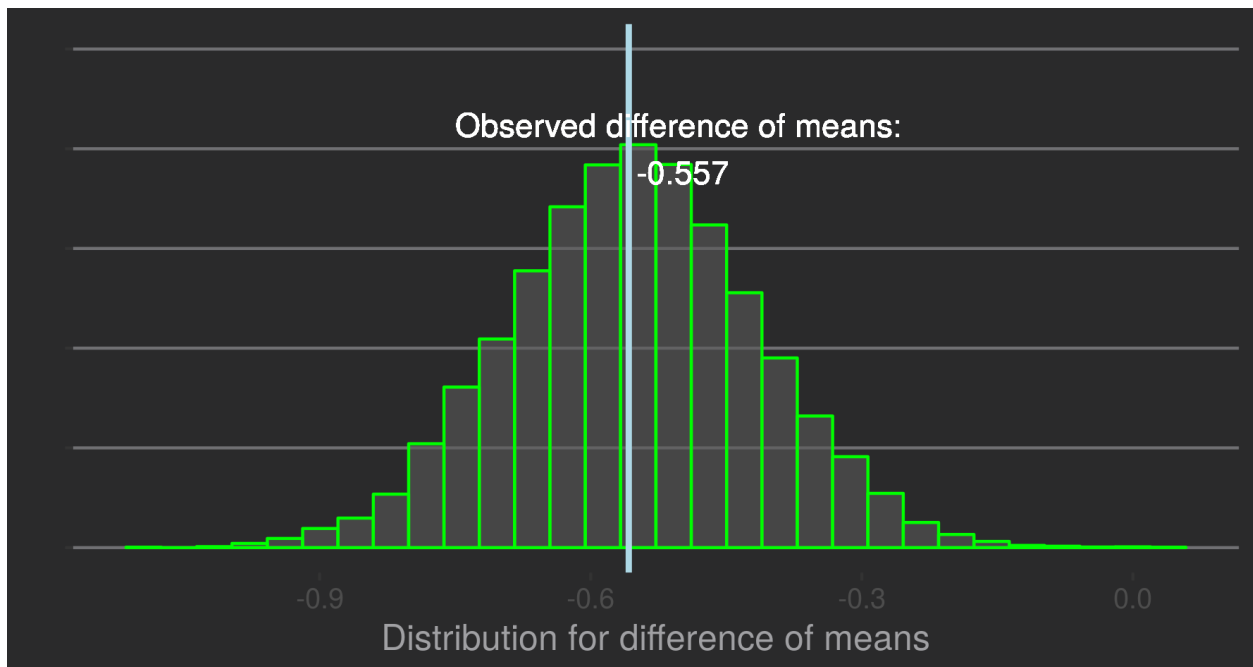
```

> lapply(posterior,mean)
$mu_1
[1] 0.07303457

$mu_2
[1] 0.6261336

$mudiff
[1] -0.553099
> ggplot(data.frame(muDiff=posterior$mudiff), aes(x=muDiff))+
  geom_histogram(alpha=0.6,color="green")+
  geom_vline(xintercept=obs_diff,
             color="light blue",size=1)+ # line for observed difference
  xlab("Distribuição para diferença de médias")+ylab("")+ ylim(0,2500)+
  geom_text(label="Diferença observada:\n -0.557",
            color="white",x=mean(muDiff)+0.05,y=2000)+
  theme_hc(style="darkunica")+
  theme(axis.text.y=element_blank())

```



A distribuição acima contém outras informações. Perdemos a elegante estimativa analítica de Student para testar a hipótese sobre um parâmetro (e.g. $H_0 : \mu_{\text{diff}} = 0$). Por outro lado, temos uma visão global sobre toda a distribuição estimada para μ_{diff} !

Correlação linear

Reproduziremos a análise de correlação do capítulo 2, quando falamos em indicadores de saúde. As variáveis importantes são o logaritmo do número de médicos e a expectativa de vida saudável (Health Adjusted Life Expectancy). O banco foi criado com nome `uni_df`, contendo as variáveis `log_docs` e `hale`.

Sistematizando nossa abordagem, vamos escolher **Priors**:

Correlação ρ : Vamos assumir que ela é positiva entre número de médicos e expectativa de vida saudável.

Vamos indicar um valor baixo (0,1) para essa correlação.

$$N(0.1, 1)$$

Médias e desvios μ e σ : Não temos muita ideia média para o logaritmo do número de médicos. Uma leve inspeção mostra que os valores têm baixa magnitude. Vamos indicar priors pouco informativos para $\mu_{\text{medicos}}, \sigma_{\text{medicos}}$ na forma de gaussianas de média 0 e desvios altos.

$$\mu_{\text{medicos}} \sim N(0, 2), \sigma_{\text{medicos}} \sim N(0, 10)$$

Uma breve consulta em mecanismos de busca sugere que uma média μ_{hale} de 60 anos seja um chute razoável. Vamos estimar o prior do desvio-padrão σ_{hale} em 5.

$$\mu_{\text{hale}} \sim N(60, 3), \sigma_{\text{hale}} \sim N(5, 2)$$

Likelihood function: Nosso modelo para os dados é de que eles são dados através de uma distribuição normal bivariada, com médias μ_1, μ_2 e desvios σ_1, σ_2 . Como vimos antes, a definição para o coeficiente de Pearson entre as amostras X e X' é

$$\rho_{XX'} = \frac{\text{cov}(X, X')}{\sigma_X \sigma_{X'}}$$

Então,

$$\text{cov}(X, X') = \sigma_X \sigma_{X'} * \rho_{XX'}$$

Podemos então definir a matriz de covariância de nossa distribuição bivariada:

$$\text{Cov. Matrix} = \begin{pmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1 \sigma_2 * \rho \\ \sigma_1 \sigma_2 * \rho & \sigma_2^2 \end{pmatrix}$$

Nosso código em Stan:

```
data {
  int<lower=1> N;
  vector[2] x[N];
}

parameters {
  vector[2] mu;
  real<lower=0> sigma[2];
  real<lower=-1, upper=1> rho;
}

transformed parameters {
  // Matriz de covariancias
  cov_matrix[2] cov = [[ sigma[1] ^ 2, sigma[1] * sigma[2] * rho],
                       [sigma[1] * sigma[2] * rho, sigma[2] ^ 2]];
}

model {
  // Priors
  sigma ~ normal(0,1);
  mu ~ normal(0.2, 1);

  // Likelihood - Bivariate normal
```

```

x ~ multi_normal_lpdf(mu, cov);
}

generated quantities {
  // Amostras com pares ordenados
  vector[2] x_rand;
  x_rand = multi_normal_rng(mu, cov);
}

```

E então podemos iniciar as estimativas.

```

# Stan não aceita missing values
> c_cases <- uni_df[complete.cases(uni_df[,c(3,4)]),]
> vec_2 <- matrix(data = c(c_cases$hale,c_cases$log_docs),ncol = 2,nrow = 145)
> health_data <- list(N=nrow(c_cases),x = vec_2)
> fit <- rstan::stan(file="aux/corr-docs.stan",
  data=health_data,
  iter=3000, warmup=120, chains = 6)
SAMPLING FOR MODEL 'corr-docs' NOW (CHAIN 1).
(...)

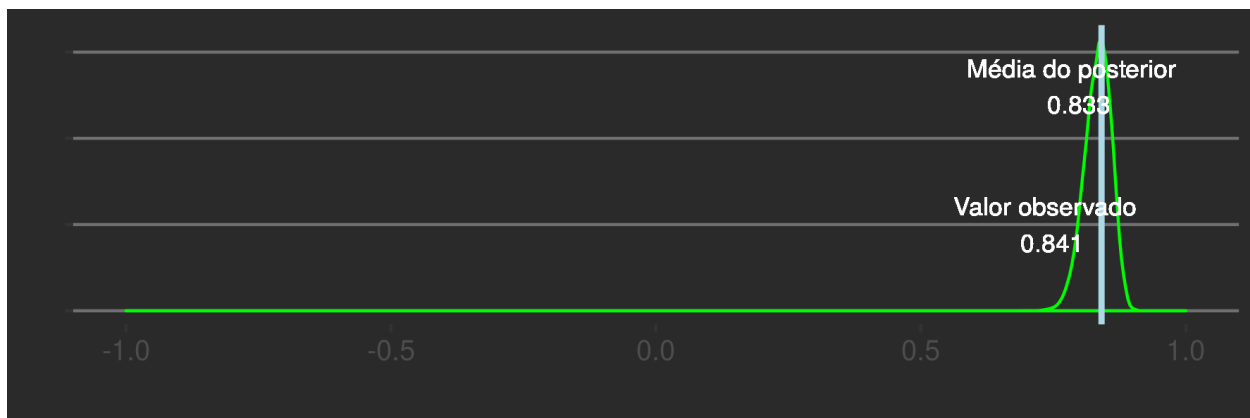
```

E então, vamos observar nossa estimativa posterior para o valor de ρ :

```

> obs_rho <- cor.test(vec_2[,1],vec_2[,2])$estimate
> posterior <- rstan::extract(fit,par = c("rho"))
> ggplot(data.frame(rho=posterior$rho), aes(x=rho))+
  geom_density(alpha=0.6,color="green")+
  geom_vline(xintercept=obs_rho,
    color="light blue",size=1)+ # line for observed difference
  xlab("")+ylab("")+ xlim(-1,1)+
  geom_text(label="Valor observado \n 0.841",
    color="white",x=obs_rho-0.1, y = 5,
    size=3)+
  geom_text(label="Média do posterior \n 0.833",
    color="white",x=obs_rho-0.05, y = 13,
    size=3)+
  theme_hc(style="darkunica")+
  theme(axis.text.y=element_blank())

```



Notamos que as estimativa posterior para ρ foram razoavelmente distruídas ao redor do valor empiricamente calculado na amostra. Podemos ainda observar na distribuição intervalos com alta densidade de probabilidade

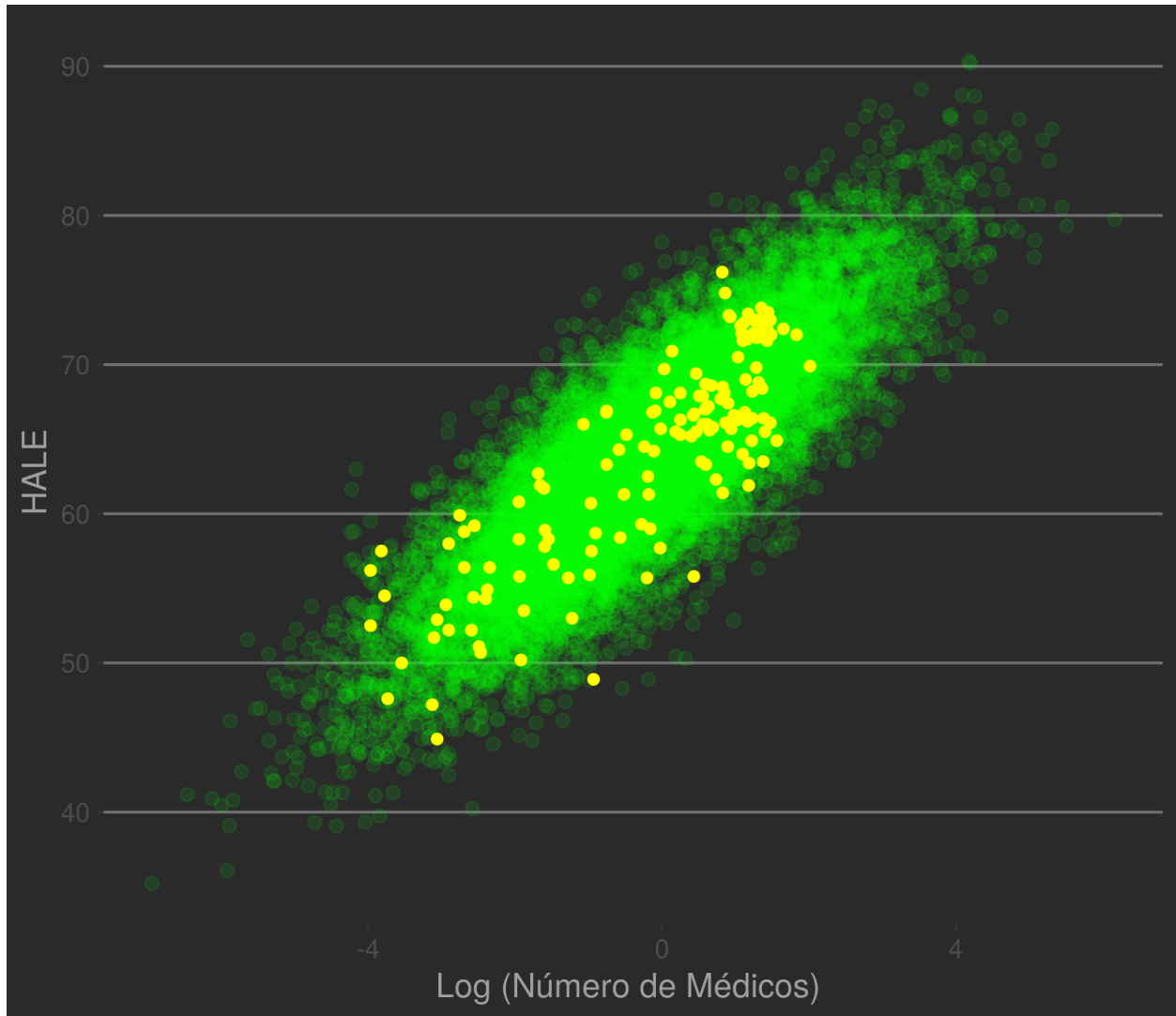
(HDI, High density intervals) ou ainda outros fins.

```
> quantile(posterior$rho, probs = c(0.025, 0.5, 0.975))
      2.5%      50%      97.5%
0.7790645 0.8353651 0.8777544
> cor.test(vec_2[,1], vec_2[,2])$conf.int
[1] 0.7854248 0.8828027
```

O HDI muitas vezes é próximo do intervalo de confiança como calculado tradicionalmente, mas isso não é garantido.

Podemos plotar nossa amostra aleatória gerada a partir do posterior e inspecionar visualmente como os valores da amostra estariam dentro da probabilidade estimada.

```
> x.rand = extract(fit, c("x_rand"))[[1]]
> plot(uni_df[, c("log_docs", "hale")],
      xlim=c(-5, 5), ylim=c(20, 100), pch=16)
> dataEllipse(x.rand, levels = c(0.75, 0.95, 0.99),
              fill=T, plot.points = FALSE)
> sample_data <- data.frame(x.rand)
> names(sample_data) <- c("HALE", "Logdocs")
> ggplot(sample_data, aes(x=Logdocs, y=HALE)) +
  geom_point(alpha=0.1, color="green", size=2) +
  xlab("Log (Número de Médicos) ") + ylab("HALE") +
  geom_point(data=uni_df, aes(x=log_docs, y=hale), color="yellow") +
  theme_hc(style="darkunica")
```



Você pode experimentar com diferentes priors (famílias e parâmetros) observando como o valor final muda.

Estimadores e métodos Markov Chain Monte Carlo

Nas implementações acima, partimos da equação envolvendo priors, likelihood e probabilidades marginais.

$$P(\theta | X) = \frac{P(X | \theta)P(\theta)}{P(X)}, P(X) \neq 0$$

Usando Stan, informamos priors, a função de verossimilhança, observações e todo o trabalho sujo é realizado sem mais esforços.

A estimativa de $P(\theta | X)$ pode ser feita de diferentes maneiras.

Uma delas envolve partir de uma distribuição $P(\kappa)$ e gradualmente minimizar uma medida da diferença (em geral, a *divergência de Kullback-Leibler*) entre ela e $P(\theta | X)$. Esses métodos (cálculo variacional, *Variational Bayesian methods*) envolvem soluções analíticas para cada modelo.

Abordaremos um outro método: **Markov Chain Monte Carlo**.

Nem todos que andam sem destino estão perdidos

Soluções fechadas

Quando falamos em regressão (Cap. 2), estimamos as inclinações de reta β_i . Lançamos mão de uma *função de verossimilhança* (*likelihood function*), com o mesmo sentido aqui empregado, definindo a probabilidade das observações dado um modelo teórico.

Obtivemos soluções que maximizassem essa função (*maximum likelihood*). Para o caso da regressão linear, apontamos soluções fechadas

$$\begin{aligned} & \text{Max log likelihood}(\beta_0, \beta_1, \sigma^2) \\ &= \text{Max log} \prod_{i=1}^n P(y_i | x_i; \beta_0, \beta_1, \sigma^2) \end{aligned}$$

Por exemplo, o coeficiente angular (β_1) é

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\text{cov}(XY)}{\sigma_x^2}$$

Gradient Descent

No capítulo 4, mostramos outra maneira de estimar parâmetros, analisando uma função de perda. Usando derivadas parciais, calculamos o gradiente, análogo à *inclinação* de uma superfície em 3 dimensões. Isso foi possível pois sabíamos as derivadas em cada nodo (neurônio). A rede consiste no sequenciamento de unidades em camadas, então a regra cadeia funciona perfeitamente (*backpropagation*).

$$(g \circ f)' = (g' \circ f)f'$$

Markov Chain Monte Carlo

Estimadores Markov Chain Monte Carlo (MCMC) funcionam para tratar problemas sem solução fechada e em que não sabemos os gradientes com exatidão.

Outras formas de tratamento existe. Aqui abordamos uma estratégia de MCMC chamada Metropolis-Hastings. Para estimar nosso posterior, $P(\theta \text{ mid } X)$, usamos um algoritmo que permite obter amostras representativas de $P(\theta \text{ mid } X)$. Para isso, a condição é de que exista uma função $f(x)$ proporcional à densidade de $P(\theta \text{ mid } X)$ e que possamos calculá-la.

1 - Começamos com parâmetros em um estado (e.g. $s_0 : \beta_0 = 0.1, \beta_1 = 0.2$) e analisamos a função (e.g. $f : \log \text{ likelihood function}$) naquele estado ($f(s_0)$) considerando os parâmetros em s_0 . 2 - Em seguida, damos um passo em direção aleatória, modificando dos valores de β_i . Uma opção bastante usada é a de uma gaussiana com centro no estado anterior (*random walk*). Reavaliemos o estado ($f(s_1)$).

2.1 - Se ele é mais provável, $f(s_1) > f(s_0)$, então s_1 é aceito como novo ponto de partida.

2.2 - Se ele é menos provável, mas próximo o suficiente do estado anterior, $f(s_1) - f(s_0) < \epsilon$, também tomamos s_1 como ponto de partida para o próximo passo aleatório.

2.3 - Se ele é menos provável com uma margem grande, $f(s_1) - f(s_0) > \epsilon$, rejeitamos s_1 e sorteamos um novo estado aleatório.

O processo caminha para estados mais prováveis, com alguma probabilidade de visitar estados menos prováveis. Se a função escolhida é proporcional à densidade do posterior, $f(x) \sim \text{dens}(P(\theta \text{ mid } X))$, as frequências de parâmetros na amostra de estados visitados, s_i , correspondem ao posterior. É uma prática comum descartar as primeiras iterações (*warm up*), pois os valores ser muito representativos de locais com baixa densidade.

³All that is gold does not glitter,/ *Not all those who wander are lost*; The old that is strong does not wither,/ Deep roots are not reached by the frost./ From the ashes, a fire shall be woken,/ A light from the shadows shall spring;/ Renewed shall be blade that was broken,/ The crownless again shall be king. **J.R.R. Tolkien. The Fellowship of the ring 1954,**

Equações

Para fins práticos, vamos trabalhar com um parâmetro desconhecido μ e considerar $\sigma^2 = 1$.

A função f proporcional deve ser proporcional à densidade do posterior.

$$\text{Posterior} \propto \frac{\text{Prior} \times \text{Likelihood}}{\text{Prob. Marginal}}$$

Probabilidades marginais É a probabilidade das observações $P(X)$. Elas são constantes no processo, servindo apenas para normalizar estimativas, então:

$$\text{Posterior} \propto \text{Prior} \times \text{Likelihood}$$

Priors

Nosso prior é normal, com média 0 e desvio-padrão 1, $P(\mu) \sim N(0, 1)$.

Likelihood Se as observações são independentes, precisamos apenas multiplicar a probabilidade cada uma delas.

Assumimos que a distribuição das medidas é normal, com média μ e desvio σ^2 . Para o estado s_i , a probabilidade das observações X considerando o μ_i é:

$$\begin{aligned} P(X|\mu_i) &= \\ \prod_{j=1}^n P(x_j|N(\mu_i, 1)) &= \\ \prod_{j=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x_j - \mu_i)^2}{2}} \end{aligned}$$

Função proporcional à densidade do posterior Usaremos o log likelihood pelas vantagens descritas antes: produtivo se torna um somatório e passamos o contradomínio do intervalo $[0; 1]$ para $[-\infty, 0)$ (ou $(0, +\infty]$ multiplicando por -1).

$$\log(\text{Posterior}) \propto \log(\text{Prior} \times \text{Likelihood})$$

$$\begin{aligned} f : L(s_i) &= \log(P(X|\mu_i, 1) \times N(0, 1)) \\ \log\left(\prod_{j=1}^n P(x_j|N(\mu_i, 1)) \times N(0, 1)\right) &= \\ \log\left(\prod_{j=1}^n P(x_j|N(\mu_i, 1))\right) + \log(N(0, 1)) &= \end{aligned}$$

O segundo termo é uma distribuição normal com média e variância conhecidas. Precisaremos apenas usar valores transformados por logaritmo.

O primeiro termo é⁴ :

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^n \log(P(x_j|N(\mu_i, 1))) &= \\ = -\frac{n}{2} \log(2\pi\sigma_i^2) - \frac{1}{2\sigma_i^2} \sum_{j=1}^n (x_j - \mu_i)^2 \end{aligned}$$

Finalmente, podemos calcular para cada estado um valor para os parâmetros μ_i, σ_i , aceitá-los ou rejeitá-los.

⁴Dedução em <https://www.statlect.com/fundamentals-of-statistics/normal-distribution-maximum-likelihood>

Implementação

Implementaremos MCMC como prova de conceito para ilustrar o mecanismo de convergência. Para uma aplicação real com resultados robustos, alguns esforços a mais seriam necessários. Por exemplo, os passos do nosso programa serão sempre idênticos, a normalização dos valores foi feita artesanalmente para a amostra e usamos apenas uma cadeia para estimar o posterior.

Stan usa uma versão altamente sofisticada de MCMC, em que a evolução do sistema é guiado por uma função (Hamiltoniana) da energia total. É possível observar um gradiente e, assim como em fenômenos físicos, estados com menores níveis de energia têm maior probabilidade de serem ocupados (e.g. distribuição de Boltzmann em mecânica estatística).

Usando o algoritmo descrito acima para a diferença entre médias, geramos as amostras **a** e **b**, $n = 400$, de populações com médias $\mu_a = 0$, $\mu_b = 0.6$, e distribuição normal.

```
>set.seed(2600)

>n_obs <- 400
>a <- rnorm(n=n_obs, sd=1, mean=0)
>b <- rnorm(n=n_obs, sd=1, mean=0.6)
```

Vamos definir nossa função de verossimilhança (usando transformação de $-\log$):

```
>likel <- function(n,x,mu,sigma){
  l_val <- (-n/2)*log(2*pi*sigma^2) - (1/2*sigma^2)*sum((x - mu)^2)
  return(-l_val) # multiplica(-1)
}
```

Definindo a função para fornecer $\log(N(0,1))$. Obteremos as probabilidades e o logaritmo delas para um n grande, representativo. Esse número será normalizado pelo tamanho de nossa amostra para permitir passos numa escala razoável nos cálculos da cadeia.

```
>log_norm <- function(n,mu,sigma){
  require(magrittr) # para o operador %>%
  # Truque para obter distribuicao ~ uniforme em [-Inf,+Inf]
  unif_dist <- 1/runif(n = n, min = -1,max = 1)
  l_val <- dnorm(x=unif_dist,mean = 0,sd = 1, log=T)
  l_val <- car::recode(l_val,"-Inf:-1000=-1000") %>% sum # recod. valores extremos
  return(-l_val)
}
```

E um loop para rodar a simulação MCMC:

```
# MCMC chain
>mc_chain <- function(obs,iter=4000,n_obs=length(obs)){
  # seeds e objetos
  sample <- matrix(nrow = iter, ncol = 2)
  s1_mu <- rnorm(n=1,mean=0) # media inicial
  s_sigma <- 1 # variancia = 1
  s1_lik <- 2000
  for (i in 1:iter){
    # Salva estado
    s0_mu <- s1_mu
    s0_lik <- s1_lik

    # Realiza um passo (random walk)
    s1_mu <- s1_mu + rnorm(n=1,mean = 0, sd=0.5)
```

```

s1_lik <- likel(n=n_obs,x=obs,mu=s1_mu,sigma=s_sigma) +
  # log do prior se baseian numa densidade de n=10000 e é normalizado por 1000
  log_norm(n=10000,mu=0,sigma=1)/1000

# Rejeita diferenças maiores que 5, assumindo o valor no estado anterior
if(s1_lik - s0_lik > 5)
  s1_mu <- s0_mu
sample[i,] <- c(s1_mu,s_sigma) # Salva
}
return(sample[1001:iter,1]) # Descarta as primeiras 1000 amostras (warm-up)
}

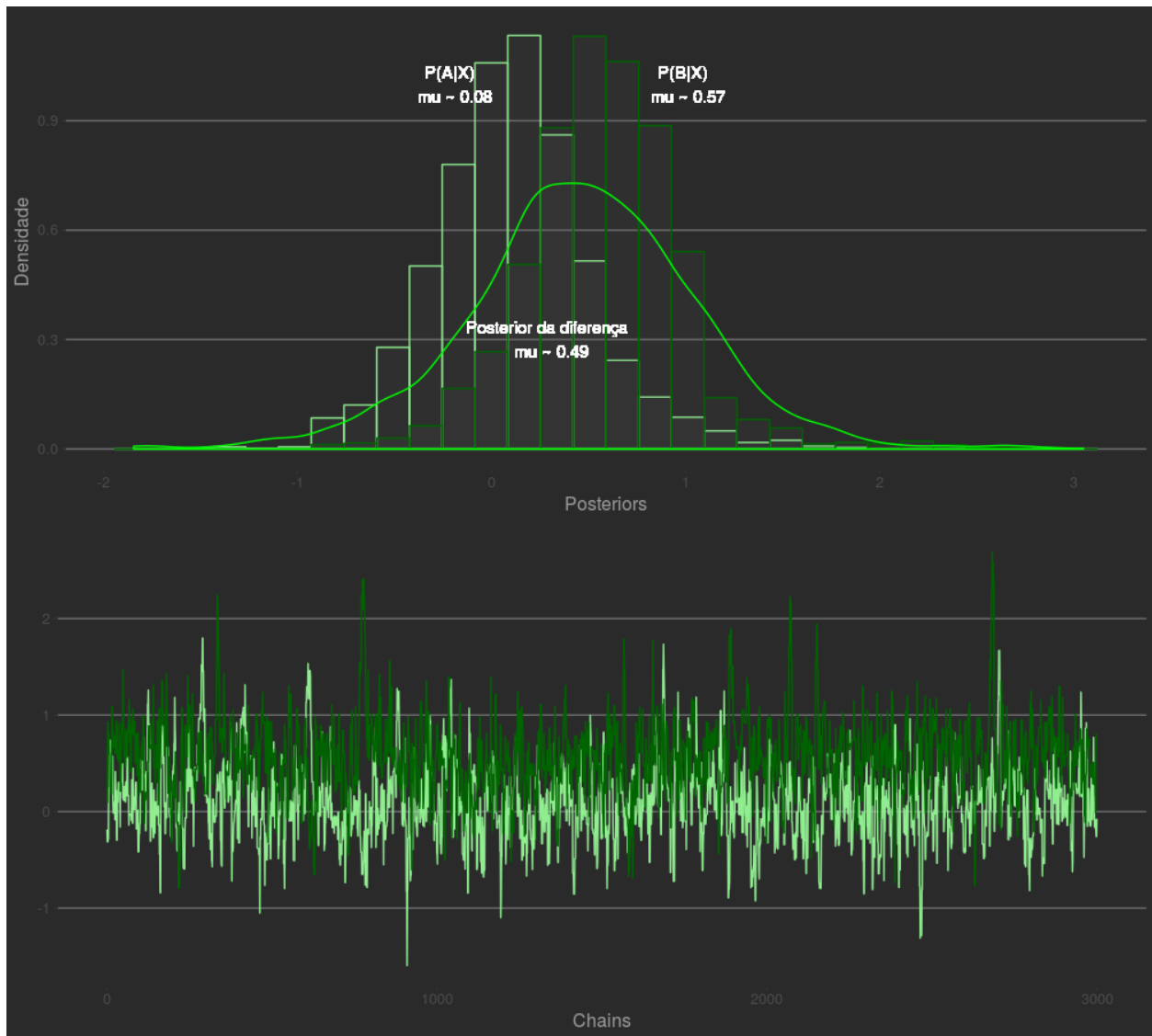
```

Podemos então obter nossas distribuições posteriores para μ_A, μ_B e para a diferença. Também vamos visualizar a evolução dos estados ao longo do tempo.

```

>posterior_a <- mc_chain(obs = a,iter = 4000)
>posterior_b <- mc_chain(obs = b,iter = 4000)
>posteriors_data <- data.frame(post_a=posterior_a, post_b=posterior_b)
>posts_plot <- ggplot(data = posteriors_data, aes(x=posterior_a)) +
  geom_histogram(aes(y=..density..),color = "light green", alpha=0.1) +
  geom_histogram(aes(x=posterior_b, y=..density..), alpha=0.1, color="dark green") +
  geom_density(aes(x=(posterior_b - posterior_a)), color="green") +
  xlab("Posteriors") + ylab("Densidade") +
  geom_text(label="P(A|X) \n mu ~ 0.08",color="white",x=-0.2,y=1)+
  geom_text(label="P(B|X) \n mu ~ 0.57",color="white",x=1,y=1)+
  geom_text(label="Posterior da diferença \n mu ~ 0.49",color="white",x=0.3,y=0.3)+
  theme_hc(style = "darkunica")
>traces_plot <- ggplot(data=posteriors_data,
  aes(y=posterior_a,x=1:nrow(posteriors_data)))+
  geom_line(color="light green")+xlab("Chains")+ylab("")+
  geom_line(aes(y=posterior_b,x=1:nrow(posteriors_data)),
  color="dark green")+
  theme_hc(style="darkunica")
> multiplot(posts_plot,traces_plot,cols = 1)

```



O painel superior da visualização destaca distribuições posteriores de A (verde claro) e B (verde escuro), assim como da diferença. Elas refletem razoavelmente bem as distribuições de origem ($N(0, 1)$, $N(0.6, 1)$) inferidas a partir dos dados.

No painel inferior, temos as cadeias para A (média menor, com sinal oscilando num nível menor) e B (média maior, com sinal oscilando acima). Ainda que seja um modelo ilustrativo, o resultado parece bom, com distribuições representativas.

Exercícios

1. Usando Stan, implemente regressão linear para dados à sua escolha. A *likelihood function* para observações pode ser uma gaussiana cuja média é pela equação de regressão. O guia de usuários deve ajudar. https://mc-stan.org/docs/2_18/stan-users-guide/linear-regression.html
 - Implemente regressão linear com mais de um preditor.
 - Compare a média dos posteriores para os coeficientes β com a estimativa pontual clássica usando `glm`.
2. Com a biblioteca **BEST** conduza a comparação de médias do exemplo final, invocando a função `BESTmcmc` e especifique o argumento `numSavedSteps = 3000`.
 - Extraia as distribuições posteriores, `mu1` e `mu2`, do objeto resultante.
 - Obtenha a diferença entre distribuições `mu1 - mu2` e compare visualmente (densidade ou histograma) com o posterior que geramos através do MCMC artesanal.
3. Aperfeiçoe a simulação MCMC modificando a função `mc_chain`.
 - Obtenha a amostra final para o posterior sorteando valores gerados por 4 cadeias independentes.
 - Faça com que o tamanho dos passos diminua linearmente com o número de simulações decorridas.