Negative Binomial Regression

Jieun Shin

2022-08-26

1. 음이항 회귀모형

y를 음이항 분포를 따르는 계수형 (count) 값이라 하자. 포아송 분포에서는 평균과 분산이 같지만, 음이항 분포에서는 평균이 분산보다 작다고 가정한다. 음이항 모형은 (1)반응변수 y가 어떤 사건이나 현상에 대한 계수값을 가지고 (2) 음이항 분포를 구성하는 모수를 가지는 일반화 선형모형 (GLM; generalized linear model)이다. y의 평균 μ 와 산포모수 $\alpha>0$ 를 갖는 음이항 분포는 다음과 같이 정의된다.

$$f(y) = \mathbb{P}(Y = y) = \frac{\Gamma(y + \frac{1}{\alpha})}{\Gamma(y + 1)\Gamma(\frac{1}{\alpha})} \left(\frac{1}{1 + \alpha\mu}\right)^{\frac{1}{\alpha}} \left(\frac{\alpha\mu}{1 + \alpha\mu}\right)^{y}$$

연결함수 (link function)에 의해 $\ln \mu = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_p X_p$ 로 표현되고 여기서 X_1, X_2, \dots, X_p 는 독립변수, $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_p$ 는 회귀계수이다. 각 변수는 n개의 관측값 $(x_{1j}, x_{2j}, \dots, x_{nj})^T$ 을 가지고, $\boldsymbol{\beta} = (\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p)^T$ 는 모수벡터라 하자. 그러면 설계행렬 (design matrix) \boldsymbol{X} 는

$$\boldsymbol{X} = \begin{bmatrix} 1 & x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1p} \\ 1 & x_{21} & x_{12} & \cdots & x_{1p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & x_{n1} & x_{n2} & \cdots & x_{np} \end{bmatrix}$$

와 같이 나타내어진다. 음이항 분포를 $i=1,2,\ldots,n$ 번째 관측치에 대하여

$$f(y_i) = \mathbb{P}(Y = y_i) = \frac{\Gamma(y_i + \frac{1}{\alpha})}{\Gamma(y_i + 1)\Gamma(\frac{1}{\alpha})} \left(\frac{1}{1 + \alpha\mu_i}\right)^{\frac{1}{\alpha}} \left(\frac{\alpha\mu_i}{1 + \alpha\mu_i}\right)^{y_i}$$
$$= \frac{\Gamma(y_i + \frac{1}{\alpha})}{\Gamma(y_i + 1)\Gamma(\frac{1}{\alpha})} \left(\frac{1}{1 + \alpha\exp(X_i\boldsymbol{\beta})}\right)^{\frac{1}{\alpha}} \left(\frac{\alpha\exp(X_i\boldsymbol{\beta})}{1 + \alpha\exp(X_i\boldsymbol{\beta})}\right)^{y_i}$$

와 같이 정리할 수 있다.

2. 로그가능도 (log-likelihood) 함수

음이항 분포의 로그 가능도함수는 다음과 같다.

$$\log L(\alpha, \boldsymbol{\beta}) = \sum_{i=1}^{n} \left\{ y_i \log \alpha + \left(y_i + \frac{1}{\alpha} \right) \log(1 + \alpha \exp(X_i \boldsymbol{\beta})) + \log \Gamma \left(y_i + \frac{1}{\alpha} \right) - \log(y_i + 1) - \log \Gamma \left(\frac{1}{\alpha} \right) \right\}$$

3. 음이항분포의 유도

 λ 와 u가 주어졌을 때, y의 분포를 $f(y_i; \lambda, u) = \frac{e^{-\lambda_i u_i}(\lambda_i u_i)^{y_i}}{y_i!}$ 라 하자.

감마분포에 의해 g(u)를 정의하는 방법으로부터 y의 분포는 $u=\exp(\epsilon)$ 이 된다. 여기서 $\log \mu_i=x_i\pmb{\beta}+\epsilon_i$ 이고 평균은 감마분포의 평균과 같다. 감마분포와 u가 주어졌을 때의 평균을 갖는 포아송분포의 혼합분포의 평균은 u가 주어졌을 때 y의 평균이며 분산은 u가 주어졌을 때 y의 분산이다. 포아송-감마 혼합분포는 다음과 같이 정의된다.

$$\begin{split} f(y_i;\lambda,u) &= \int_0^\infty \frac{e^{-\lambda_i u_i} (\lambda_i u_i)^{y_i}}{y_i!} \frac{v^v}{\Gamma(v)} u_i^{v-1} e^{-vu_i} du_i \\ &= \frac{\lambda_i^{y_i}}{\Gamma(y_i+1)} \frac{v^v}{\Gamma(v)} \int_0^\infty e^{-\lambda_i u_i} \cdot u_i^{(y_i+v)-1} du_i \\ &= \frac{\Gamma(y_i+v)}{\Gamma(y_i+1)\Gamma(v)} \cdot \left(\frac{v}{\lambda_i+v}\right)^v \cdot \left(\frac{\lambda_i}{\lambda_i+v}\right)^{y_i} \\ &= \frac{\Gamma(y_i+v)}{\Gamma(y_i+1)\Gamma(v)} \cdot \left(\frac{1}{1+\frac{\lambda_i}{v}}\right)^v \cdot \left(1 - \frac{1}{1+\frac{\lambda_i}{v}}\right)^{y_i} \end{split}$$

감마분포의 척도모수 (scale parameter) α 가 v의 역수 꼴이며, 음이항 분포에서 과산포 (overdispersion)모수 혹은 이질성 (heterogeneity)모수라 부른다. 최종적으로 음이항 분포가 다음과 같이 정의된다.

$$f(y_i; \mu, \alpha) = \frac{\Gamma(y_i + \frac{1}{\alpha})}{\Gamma(y_i + 1)\Gamma(\frac{1}{\alpha})} \cdot \left(\frac{1}{1 + \lambda_i \alpha}\right)^{\frac{1}{\alpha}} \cdot \left(1 - \frac{1}{1 + \lambda_i \alpha}\right)^{y_i}$$

4. 추정방법

 α 와 β 는 IRLS (iteratively reweighted least square)로 추정한다. 이 방법은 피셔 스코어 함수 (Fisher score function)를 이용하는 방법이며, 이는 1차 미분한 행렬로 선형모형을 추정하기 위해 사용되는 최대 우도 (ML; maximum likelikhood) 추정의 일부이다.

지수족 분포는 $f(y_i;\theta,\phi) = \exp\left\{\frac{y_i\theta_i - b(\theta_i)}{\alpha_i(\phi)} + c(y_i;\phi)\right\}$ 와 같이 나타내어지는데, 여기서 θ_i 는 정준 모수 (canonical parameter) 또는 연결함수이고, $b(\theta_i)$ 는 누적량 (cumulant), $\alpha(\phi)$ 는 척도모수, $c(y_i;\phi)$ 는 정규화 상수 (normalization term)이다. 지수족 분포의 장점은 특정 분포의 θ 에 대한 1차, 2차미분으로부터 유일한 (unique)한 평균과 분산을 알 수 있다는 것이다:

$$b'(\theta_i) = \text{mean}, \quad b''(\theta_i) = \text{variance}$$

일반화 선형모형의 pdf는 $f(y_i;\theta,\phi)$ 이고 여기서 y_i 는 반응변수 (response variable), θ_i 는 위치모수 (location parameter), ϕ 는 척도모수이다. 로그 가능도함수를 $L(\theta_i,\phi;y_i)$ 라 하면 IRLS는 테일러 전개 (Taylor expansion)를 기반으로 유도된다:

$$0 = f(y_0) + f(y_1 - y_0)f'(y_0) + \frac{(y_1 - y_0)^2}{2!}f''(y_0) + \cdots$$

처음 두 번째 항까지만 고려하면,

$$0 = f(y_0) + f(y_1 - y_0)f'(y_0)$$

$$\Rightarrow y_1 = y_0 - \frac{f(y_0)}{f'(y_0)}$$

의 관계식을 얻는다.

로그 가능도 함수는 최대점 (peak)이 존재한다. ML추정은 그래디언트 (gradient) 혹은 피셔 스코어 (로그 가능도함수의 β 에 대한 1차 도함수)를 0으로 놓고 푸는 것이다. 로그 가능도 함수의 2차 도함수 행렬을 정보행렬 (information matrix) 또는 헤시안 행렬 (Hessian matrix)라고 부르며 분산-공분산 행렬이 된다. 분산-공분산 행렬의 대각원소로부터 추정량의 표준오차를 알 수 있다.

IRLS 알고리즘의 설명을 위해 로그 가능도 함수의 1차 도함수 행렬을 U로, 2차 도함수 행렬을 H로 표기하자:

$$U = \partial L, \quad H = \partial^2 L$$

뉴튼-랩슨 (Newton-Raphson) 알고리즘을 이용한 모수 추정값은

$$\boldsymbol{\beta}^+ \to \boldsymbol{\beta} - H^{-1}U$$

를 반복함으로써 얻는다. 로그 가능도 함수는 지수족의 형태로 $L(\theta_i;y_i,\phi)=\sum_{i=1}^n \frac{y_i\theta_i-b(\theta_i)}{a_i(\phi)}+c(y_i;\phi)$ 이고, β_j 에 대하여 L을 풀기위해 연쇄법칙 (chain rule)을 이용하면

$$\frac{\partial L}{\partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \frac{\partial L}{\partial \theta_i} \frac{\partial \theta_i}{\partial \mu_i} \frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \frac{\partial \eta_i}{\partial \beta_j}$$

와 같이 전개할 수 있다. 각 term 을 차례대로 풀면,

$$\frac{\partial L}{\partial \beta_j} = \sum_{i=1}^n \frac{y_i \theta_i - b'(\theta_i)}{a_i(\phi)} + \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \mu_i}{a_i(\phi)}$$

이고, $b'(\theta_i) = \mu_i$ 임을 이용하여 두 번째 term

$$\frac{\partial \mu_i}{\partial \theta_i} = \frac{\partial b'(\theta_i)}{\partial \theta_i} = b''(\theta_i) = V(\mu_i)$$

$$\Rightarrow \frac{\partial \theta_i}{\partial \mu_i} = \frac{1}{V(\mu_i)}$$

을 얻을 수 있다.

그리고 $\eta_i = X_i^T \beta_i$ 이므로 네 번째 term,

$$\frac{\partial \eta_i}{\partial \beta_j} = \frac{\partial (X_i^T \beta_j)}{\partial \beta_j} = X_{ij}$$

을 얻을 수 있다. 그리고 세 번째 term,

$$\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} = [g^{-1}(\eta_i)]' = \frac{1}{\frac{\partial \eta_i}{\partial \mu_i}} = \frac{1}{g'(\mu_i)}$$

을 얻는다. 또한 μ_i 의 η_i 에 대한 미분은 연결함수의 역수임을 이용한다:

$$\sum_{i=1}^{n} \frac{(y_i - \mu_i)x_i}{a_i(\phi)V(\mu_i)g'(\mu_i)} = \sum_{i=1}^{n} \frac{(y_i - \mu_i)x_i}{a_i(\phi)V(\mu_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right) = 0$$

여기서 y_i 는 반응변수, μ_i 는 적합된 변수 (fitted variable)이다. 정보행렬을 $I=E\left[\frac{\partial^2 L}{\partial \beta_j \partial \beta_k}\right]=E\left[\frac{\partial L}{\partial \beta_j}\frac{\partial L}{\partial \beta_k}\right]$ 라 놓으면 다음과 같이 전개할 수 있다:

$$\begin{split} I &= \frac{\partial}{\partial \beta_j} \left[\frac{(y_i - \mu_i) x_j}{a_i(\phi) V(\mu_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right) \right] \cdot \frac{\partial}{\partial \beta_k} \left[\frac{(y_i - \mu_i) x_k}{a_i(\phi) V(\mu_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right) \right] \\ &= \frac{(y_i - \mu_i)^2 x_j x_k}{\{a_i(\phi) V(\mu_i)\}^2} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right)^2 \end{split}$$

이 때, $(y_i - \mu_i)^2 = a_i(\phi)V(\mu_i)$ 이므로 $V(y_i) = a_i(\phi)V(\mu_i) = (y_i - \mu_i)^2$ 라 하면

$$I = \frac{x_j x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2 = \frac{x_j x_k}{V(y_i) g'^2}$$

이 성립한다. 따라서 뉴튼-랩슨 알고리즘은

$$\boldsymbol{\beta}^{+} \leftarrow \boldsymbol{\beta} - \left[\frac{x_{j} x_{k}}{V(y_{i})} \left(\frac{\partial \mu_{i}}{\partial \eta_{i}} \right)^{2} \right]^{-1} \cdot \left[\frac{(y_{i} - \mu_{i}) x_{k}}{V(y_{i})} \left(\frac{\partial \mu_{i}}{\partial \eta_{i}} \right) \right]$$

이 된다.

계속해서 역함수 term을 양 변에 곱해보자:

$$\left[\frac{x_j x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right] \boldsymbol{\beta}^+ = \left[\frac{x_j x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right] \boldsymbol{\beta} + \left[\frac{(y_i - \mu_i) x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)\right]$$

여기서 $W=\frac{1}{V(y_i)}\left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2$ 라 놓으면 선형 예측자 (linear predictor) $\eta_i=X_i$ 에 대하여 왼쪽 항은

$$\left[\frac{x_j x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right] \boldsymbol{\beta}^+ = (X^T W X) \boldsymbol{\beta}^+$$

로 표현되며, 오른 쪽 첫번째 항은

$$\left[\frac{x_j x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2\right] \boldsymbol{\beta} = X^T W \eta_i$$

이 되고, W와 $V(y_i)$ 의 정의에 의하여 오른쪽 두 번째 항은

$$\frac{(y_i - \mu_i)x_k}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right) = \frac{(y_i - \mu_i)x_k}{\frac{1}{W} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right) = x_k W(y_i - \mu_i) \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)$$

으로 표현할 수 있다.

정리하면

$$(X^T W X) \boldsymbol{\beta}^+ = X^T W \eta_i + x_k W (y_i - \mu_i) \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right)$$
$$= X^T W \eta_i + \frac{(y_i - \mu_i) x_k}{\frac{1}{W} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right)^2} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} \right)$$

이고, $z_i=\eta_i+(y_i-\mu_i)\left(rac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}
ight)$ 라 놓으면 최종적으로

$$(X^T W X) \beta^+ = X^T W Z$$

$$\Rightarrow \beta^+ = (X^T W X)^{-1} W Z$$

를 얻는다.

5. 예시

5-1. 포아송 회귀

포아송 확률변수 $Y_i \sim P(\mu_i)$ 는 평균과 분산이 각각 $\mathbb{E}(Y_i) = \mu_i, Var(Y_i) = \mu_i$ 이다. 포아송 회귀를 위한 연결함수 η_i , 조정된 반응변수 z_i , 가중치는 w_i 다음과 같이 정리된다.

$$\eta_i = \log \mu_i,
z_i = \eta_i + (y_i - \mu_i) \frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} = \eta_i + \frac{y_i - \mu_i}{\mu_i},
w_i = \frac{1}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2 = \frac{1}{\mu_i} \mu_i^2 = \mu_i$$

5-2. 음이항 회귀

음이항 확률변수 $Y_i \sim NB(\mu_i, \phi)$ 는 평균과 분산이 각각 $\mathbb{E}(Y_i) = \mu_i, \ Var(Y_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{\phi}$ 이다. 음이항 회귀를 위한 연결함수 η_i , 조정된 반응변수 z_i , 가중치는 w_i 다음과 같이 정리된다.

$$\eta_i = \log \mu_i,$$

$$z_i = \eta_i + (y_i - \mu_i) \frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i} = \eta_i + \frac{y_i - \mu_i}{\mu_i},$$

$$w_i = \frac{1}{V(y_i)} \left(\frac{\partial \mu_i}{\partial \eta_i}\right)^2 = \frac{1}{\mu_i + \frac{\mu_i^2}{\phi}} \frac{1}{\mu_i^2} = \frac{1}{1 + \mu_i \phi^{-1}}$$

6. 시뮬레이션

먼저 계수형 데이터를 다음과 같이 생성한다. 이어서 데이터의 생김새를 파악하자.

시뮬레이션 데이터 생성 require(foreign)

필요한 패키지를 로딩중입니다: foreign

require(ggplot2)

필요한 패키지를 로딩중입니다: ggplot2

```
require(MASS)

dat <- read.dta("https://stats.idre.ucla.edu/stat/stata/dae/nb_data.dta")

dat <- within(dat, {
    prog <- factor(prog, levels = 1:3, labels = c("General", "Academic", "Vocational"))
    id <- factor(id)
})
summary(dat)</pre>
```

```
gender
##
          id
                                      math
                                                     daysabs
                                                                            prog
##
    1001
                   female:160
                                        : 1.00
                                                       : 0.000
                                                                   General
                                                                              : 40
           : 1
                                Min.
                                                 Min.
    1002
                   male :154
                                                 1st Qu.: 1.000
                                                                   Academic :167
##
                                 1st Qu.:28.00
    1003
                                Median :48.00
                                                 Median : 4.000
                                                                   Vocational:107
##
            : 1
##
    1004
                                 Mean
                                        :48.27
                                                 Mean : 5.955
##
    1005
                                 3rd Qu.:70.00
                                                 3rd Qu.: 8.000
##
    1006
                                 Max.
                                        :99.00
                                                 Max.
                                                       :35.000
    (Other):308
##
ggplot(dat, aes(daysabs, fill = prog)) + geom_histogram(binwidth = 1) + facet_grid(prog ~
    ., margins = TRUE, scales = "free")
    5 -
    4 -
                                                                          Genera
     3 -
    2 -
    1 -
    0 -
   20 -
                                                                          Academic
   15 -
                                                                                prog
   10 -
     5 -
                                                                                    General
 count
    0 -
                                                                                    Academic
   30 -
                                                                                    Vocational
                                                                          Vocational
   20 -
                                                                                    (all)
   10 -
    0 -
   40 -
   20 -
    0 -
                          10
                                           20
                                                           30
                                   daysabs
with(dat, tapply(daysabs, prog, function(x) {
    sprintf("M (SD) = %1.2f (%1.2f)", mean(x), sd(x))
}))
##
                    General
                                            Academic
                                                                    Vocational
## "M (SD) = 10.65 (8.20)" "M (SD) = 6.93 (7.45)"
                                                       "M (SD) = 2.67 (3.73)"
데이터 탐색을 했으면 glm 함수를 통해 음이항 회귀분석의 계수를 뽑는다.
# 음이항 회귀분석
summary(m1 <- glm.nb(daysabs ~ math + prog, data = dat))</pre>
##
## Call:
## glm.nb(formula = daysabs ~ math + prog, data = dat, init.theta = 1.032713156,
```

link = log)

```
##
## Deviance Residuals:
      Min
                1Q
                    Median
                                  3Q
## -2.1547 -1.0192 -0.3694
                            0.2285
                                       2.5273
## Coefficients:
                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)
                             0.197460 13.245 < 2e-16 ***
                  2.615265
## math
                 -0.005993
                             0.002505 -2.392
                                               0.0167 *
                             0.182610 -2.414
## progAcademic
                 -0.440760
                                               0.0158 *
## progVocational -1.278651
                            0.200720 -6.370 1.89e-10 ***
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Dispersion parameter for Negative Binomial(1.0327) family taken to be 1)
##
##
      Null deviance: 427.54 on 313 degrees of freedom
## Residual deviance: 358.52 on 310 degrees of freedom
## AIC: 1741.3
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 1
##
##
##
                Theta: 1.033
##
            Std. Err.: 0.106
## 2 x log-likelihood: -1731.258
다음은 직접 알고리즘을 짜서 그 결과를 비교하고자 한다.
##데이터 정리
# dat = read.dta("https://stats.idre.ucla.edu/stat/stata/dae/nb_data.dta")
\# dat\$id = NULL
# dat$progAcademic = ifelse(dat$prog == 1, 1, 0)
# dat$progVocational = ifelse(dat$prog == 2, 1, 0)
# dat$prog = NULL
# dat$qender = NULL
#
\# n = nrow(dat)
\# p = ncol(dat)
\# dat = as.matrix(dat, n, p)
\# X = cbind(1, dat[,-2])
# y = dat[,2]
# # 함수 지정
\# D = function(X, y, phi, mu) \{
# n = nrow(X)
#
  p = ncol(X) - 1
#
  Dvec = matrix(0, nrow = p+2, ncol = 1)
#
#
  v1 = rep(0, n)
  for(i in 1:n){
  yy = y[i]
```

```
#
#
      if(yy == 0){
#
        v1[i] = v1[i] + 0
#
      else if (yy > 0)
#
        for(v \ in \ 0:(yy-1)) \ v1[i] = v1[i] + 1/(phi + v)
#
#
#
#
#
#
    for(i in 1:length(Dvec)){
#
#
      if(i == 1) \ Dvec[i] = sum(phi*(y-mu) / (mu + phi))
#
#
      if(i != 1 \&\& i != length(Dvec)) Dvec[i] = sum(phi*X[, i-1]*(y-mu) / (mu + phi))
#
#
      if(i == length(Dvec)) \ Dvec[i] = sum(v1) + sum( log(phi / (phi + mu)) + (y-mu) / (phi + mu))
#
#
#
    return(Dvec)
# }
#
\# H = function(X, y, phi, mu) \{
#
   n = nrow(X)
#
    p = ncol(X) - 1
#
#
    Hmat = matrix(0, nrow = p+2, ncol = p+2)
#
#
#
   v1 = rep(0, n)
#
    for(i in 1:n){
#
      yy = y[i]
#
#
      if(yy == 0){
#
       v1[i] = v1[i] + 0
#
      }else if (yy > 0){
#
        for(v \ in \ 0:(yy-1)) \ v1[i] = v1[i] - 1/(phi + v)^2
#
#
    7
#
#
    #
#
#
    for(i in 2:(nrow(Hmat) - 1)){
#
      for(j in 1:ncol(Hmat)){
        if(i < j) \iff i != 1 \iff i != nrow(Hmat) \iff j != nrow(Hmat))
#
#
          Hmat[i, j] = sum((-phi*mu*X[,(i-1)]*X[,(j-1)])/(mu + phi) - (-phi*(y-mu)*X[,(i-1)]*X[,(j-1)])
#
    }
#
#
#
    for(i in 2:(p+1)){}
#
      Hmat[1, i] = sum(-phi*mu*X[,i]/(mu + phi) - phi*X[,i]*(y-mu)/(mu+phi)^2)
#
```

```
#
    Hmat[1, ncol(Hmat)] = sum((y-mu)/(mu + phi) - phi*(y-mu)/(mu+phi)^2)
#
#
    for(j in 2:(p+1)){
#
     Hmat[j, ncol(Hmat)] = sum(X[,j]*(y-mu)/(mu + phi) - phi*X[,j]*(y-mu)/(mu+phi)^2)
#
#
#
   for(i in 1:nrow(Hmat)){
#
      if(i != nrow(Hmat)) \ diag(Hmat)[i] = sum(-phi*X[,i]^2*mu/(mu+phi) - phi*X[,i]^2*(y-mu)/(mu+phi)^2
#
      if(i == nrow(Hmat)) \ diag(Hmat)[i] = sum(v1) + sum( \ mu/phi/(phi+mu)^2 - (y-mu)/(phi+mu)^2)
#
#
#
   for(i in 1:nrow(Hmat)){
#
      for(j in 1:ncol(Hmat)){
#
        if(i > j) \ Hmat[i,j] = Hmat[j,i]
#
#
#
#
   return(Hmat)
# }
# # 뉴트랩슨 방법
\# eps = 1e-3
\# max_iter = 1e+2
# # initialize
# beta = runif(p)
# mu = exp(X \%*\% beta)
# phi = runif(1)
\# beta_phi = c(beta, phi)
# while(t < max_iter && abs(norm(beta_phi - beta_phi_new)) > eps){
#
   t = t + 1
#
#
   # update
#
   if( t != 1){
#
    beta_phi = beta_phi_new
#
#
     mu = exp(X \%*\% beta_phi[-5])
#
     phi = beta_phi[5]
#
#
#
   Dvec = D(X, y, phi, mu)
#
   Hmat = H(X, y, phi, mu)
#
   beta_phi_new = beta_phi - solve(Hmat) %*% Dvec
#
   mu_new = exp(X %*% beta_phi_new[-5])
#
#
   phi_new = beta_phi_new[5]
#
#
    }
#
# beta_phi_new
```

```
# # 음이항 회귀분석
\# eps = 1e-3
# max_iter = 1e+2
# # initialize
\# beta = runif(p)
# mu = exp(X \% *\% beta)
# phi = runif(1)
\# beta_phi = c(beta, phi)
\# t = 0
 \begin{tabular}{ll} \# \ while (t < max\_iter \ \&\& \ abs(norm(beta\_phi - beta\_phi\_new)) > eps) \{ \end{tabular} 
# t = t + 1
#
   # update
#
   if( t != 1){
#
    beta_phi = beta_phi_new
#
#
    mu = exp(X \%*\% beta_phi[-5])
   _ωp(Λ %*% be
phi = beta_phi[5]
}
#
#
#
#
   Dvec = D(X, y, phi, mu)
   Hmat = H(X, y, phi, mu)
#
#
   beta_phi_new = beta_phi - solve(Hmat) %*% Dvec
#
# mu_new = exp(X %*% beta_phi_new[-5])
#
   phi_new = beta_phi_new[5]
#
#
#
\# beta\_phi\_new
#
#
#
#
```