베이즈데이터분석 / 이재용 교수

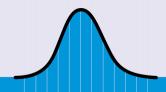
11강\_

해밀턴 <del>몬</del>테 카를로와 스탠



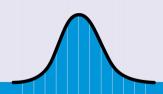


- → 해밀턴 몬테 카를로
- 스탠





- → 해밀턴 몬테 카를로
- 스탠

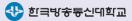


### 해밀톤 몬테 카를로

의 목표 밀도함수가  $\pi(\theta)$   $\propto e^{-U(\theta)}$ 일 때, 해밀턴(Hamiltonian) 몬테 카를로 혹은 해밀턴 MCMC는

$$\pi(\theta,\eta) \propto e^{-H(\theta,\eta)} = e^{-U(\theta)-K(\eta)}, K(\eta) = \frac{1}{2} \sum_i \frac{\eta_i^2}{m_i^2}$$
를 정상분포로 갖는 마르코프 체인을 생성한다.

- 0 ( $\eta$ 는 잠재변수)  $\int \pi(\theta,\eta)d\eta = \pi(\theta).$
- $\bullet$  MCMC 표본  $(\theta^{(t)}, \eta^{(t)})_{t=1}^m$  이 있을 때  $(\theta^{(t)})_{t=1}^m \approx \pi(\theta).$



# 해밀톤동역학

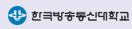
୬ 해밀톤 동역학(Hamiltonian dynamics)는 k —차원의 위치( $\theta = (\theta_i, 1 \le i \le k)$ )와 운동량( $\eta = (\eta_i, 1 \le i \le k)$ )으로 물체의 운동을 표현하는 방정식이다.

$$rac{d heta_i}{dt}=rac{\partial H}{\partial \eta_i}$$
 
$$rac{d\eta_i}{dt}=-rac{\partial H}{\partial heta_i}, i=1,2,\ldots,k.$$
  $\Rightarrow H( heta,\eta)$ 는 해밀토니안(Hamiltonian)이라 하고,

시스템의 총에너지를 나타낸다. 식으로는

$$H = U + K$$

와 같다. U는 위치에너지이고, K는 운동에너지를 나타낸다.



# 해밀톤동역학

▶ 해밀톤 동역학은 해밀토니안 즉 에너지를 보존한다.

즉, 해밀톤 동역학으로 이동한 값은

밀도함수  $\pi(\theta, \eta) \propto e^{-H(\theta, \eta)}$ 의 값을 보<del>존</del>한다.

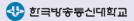
#### 해밀톤 MCMC: 알고리듬

단계 1 (초기화)  $\theta^{(0)}$ 와  $\eta^{(0)}$ 를 정한다.

# 단계 2 (HMC 반복)

t = 1, 2, ..., m에 대해서 다음을 수행한다.

- (i) (운동량 변수 추출)  $\eta^+ \sim e^{-K(\eta)}$ 에서 추출한다.
- (ii) (해밀톤 동역학을 이용한 위치와 운동량 변수 추출: 등넘기(leapfrog) 알고리듬)
  - (등넘기 알고리듬으로 후보 추출) 현재의  $\theta$ 와  $\eta = \eta^+$ 값을  $\theta(t)$ 와  $\eta(t)$ 라 놓고, 후보값  $\theta^* = \theta(t + \epsilon)$ 과  $\eta^* = \eta(t + \epsilon)$ 를 다음과 같이 구한다.



# 해밀톤 MCMC: 알고리듬

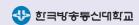
$$\eta_{i} (t + \frac{\epsilon}{2}) = \eta_{i}(t) - \frac{\epsilon}{2} \frac{dU(\theta(t))}{d\theta_{i}}$$

$$\theta_{i} (t + \epsilon) = \theta_{i}(t) + \epsilon \frac{\eta_{i} (t + \epsilon/2)}{m_{i}^{2}}$$

$$\eta_{i} (t + \epsilon) = \eta_{i} \left( t + \frac{\epsilon}{2} \right) - \frac{\epsilon}{2} \frac{dU(\theta(t + \frac{\epsilon}{2}))}{d\eta_{i}}$$

후보추출을 보통 L번 반복한다.

- (합격-불합격 결정) 
$$\alpha = \min\{1, e^{-U(\theta^*) + U(\theta^{(t-1)}) - K(\eta^*) + K(\eta^+)}\}$$
 의 확률로  $(\theta^{(t)}, \eta^{(t)}) = (\theta^*, \eta^*)$ 로 놓고, 
$$-2 \text{외에는 } (\theta^{(t)}, \eta^{(t)}) = (\theta^{(t-1)}, \eta^+)$$
로 놓는다.



### 해밀톤 MCMC: 알고리듬

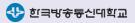
## 결과.

HMC 알고리듬으로 생성된

마르코프 체인  $(\theta^{(t)})$ 는  $\pi(\theta)$ 를 정상분포로 갖는다.

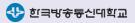
 $(\theta^{(t)})$ 의 표본평균은  $\pi(\theta)$ 의 기대값을 근사하고,

 $(\theta^{(t)})$ 의 표본분위수는  $\pi(\theta)$ 의 분위수를 근사한다.



#### 해밀톤 MCMC: 특징들

- ▶ 임의보행 MH 알고리듬에 비해, 점프가 커서 마르코프 체인이 수렴상태로 빠르게 도달한다.
- 이산형 변수가 있는 분포에는 적용할 수 없다.
- ightarrow L과  $\epsilon$ 의 튜닝
  - (NUTS, No-U-Turn-Sampler) NUTS는 HMC의 변형으로 등넘기단계의 L을 정할 필요가 없게 해준다.
  - €의 튜닝은 적응 메트로폴리스의 아이디어를 쓴다.
     즉, 본격적인 변수들의 추출을 하기 전에
     미리 샘플링을 해서 자기상관계수를
     적당한 값으로 맞추도록 €을 정한다.



#### 해밀톤 MCMC: 특징들

#### 결과.

HMC 알고리듬으로 생성된 마르코프 체인  $(\theta^{(t)})$ 는  $\pi(\theta)$ 를 정상분포로 갖는다.

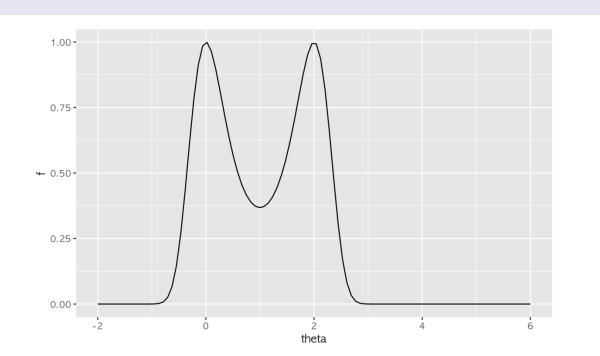
 $(\theta^{(t)})$ 의 표본평균은  $\pi(\theta)$ 의 기대값을 근사하고,

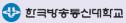
 $(\theta^{(t)})$ 의 표본분위수는  $\pi(\theta)$ 의 분위수를 근사한다.

# 예. 봉이 2개인 분포

# 목표 밀도함수

$$\pi(\theta) = e^{-\theta^2 (\theta - d)^2}, \theta \in \mathbb{R}, d > 0$$





# 예. 봉이 2개인 분포

## 해밀토니안

$$H(\theta, \eta) = U(\theta) + K(\eta)$$

$$U(\theta) = \theta^2 (\theta - d)^2$$

$$K(\eta) = \frac{\eta^2}{2m}$$

$$\pi(\theta, \eta) = e^{-H(\theta, \eta)} = e^{-\theta^2 (\theta - d)^2 - \frac{\eta^2}{2m}}$$

## 예. 봉이 2개인 분포

#### 해밀토니안의 도함수

$$\frac{dU(\theta)}{d\theta} = \frac{d}{d\theta} (\theta^4 - 2d\theta^3 + d^2\theta^2)$$

$$= 4\theta^3 - 6d\theta^2 + 2d^2\theta$$

$$\frac{dK(\eta)}{d\eta} = \frac{d}{d\eta} \frac{\eta^2}{2m}$$

$$=\frac{\eta}{m}$$

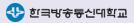
### 해밀톤 MCMC 알고리듬

단계 1 (초기화)  $\theta^{(0)}$ ,  $\eta^{(0)}$ ,  $\epsilon > 0$ , L을 정한다.

단계 2 (HMC 반복)

t = 1, 2, ..., m에 대해서 다음을 수행한다.

- (i)(운동량 변수 추출) $\eta^+ \sim N(0,m)$
- (ii)(해밀톤 동역학을 이용한 위치와 운동량 변수 추출: 등넘기(leapfrog) 알고리듬)



# 해밀톤 MCMC 알고리듬

• (등넘기 알고리듬으로 후보 추출)  $\theta^* = \theta^{(t-1)}, \eta^* = \eta^+$ 이라 놓고, j = 1, 2, ..., L에 대해 다음을 수행한다.

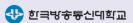
$$\eta^* = \eta^* - \frac{\epsilon}{2} (4(\theta^*)^3 - 6d(\theta^*)^2 + 2d^2\theta^*)$$

$$\theta^* = \theta^* + \epsilon \frac{\eta^*}{m}$$

$$\eta^* = \eta^* - \frac{\epsilon}{2} (4(\theta^*)^3 - 6d(\theta^*)^2 + 2d^2\theta^*).$$

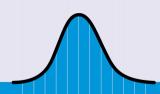
(합격-불합격 결정)

$$\alpha = \min\{1, e^{-U(\theta^*) + U(\theta^{(t-1)}) - K(\eta^*) + K(\eta^{(+)})}\}$$
의 확률로  $(\theta^{(t)}, \eta^{(t)}) = (\theta^*, \eta^*)$ 로 놓고,  
그 외에는  $(\theta^{(t)}, \eta^{(t)}) = (\theta^{(t-1)}, \eta^+)$ 로 놓는다.





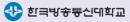
- 해밀턴 몬테 카를로
- ◇ 스탠



## STAN의 설치

- ▶ RStudio에서 아래의 코드를 수행한다.
- ▶ STAN을 따로 설치할 필요는 없다.

```
스탠을 설치한다.
remove.packages("rstan")
if (file.exists(".RData")) file.remove(".RData")
install.packages("rstan", repos = "https://cloud.r-project.org/", dependencies = TRUE)
```

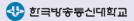


# 압정자료 분석

● 패키지 로딩

```
library(ggplot2) # 그림
library(GGally) # ggpairs
library(dplyr) # 자료 변형
library(rstan)
library(psych) # describe
library(reshape2) # 자료 변형 melt
```

● 병렬처리와 컴파일된 코드를 하드드라이브에 저장하기 위해. options(mc.cores = parallel::detectCores()) rstan\_options(auto\_write = TRUE)



# 압정자료 분석

▶ 자료 준비

$$x = 7$$
  
 $n = 10$   
 $data = list(x=x, n=n)$ 

○ 스탠 수행

```
pin.fit = stan(model_code=pin.code, data=data, seed=1234567, chains=4, iter=2000, thin=1)
```

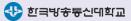
#### 압정자료 분석

# ♪ 스탠 코드

```
pin.code ="
data {
  // data
  int < lower = 0 > x:
  int < lower = 0 > n;
parameters {
  real<lower=0, upper=1> theta;
model {
  x \sim binomial(n, theta);
  theta \sim uniform(0,1);
```

# ♪ 사후분석

```
print(pin.fit)
plot(pin.fit, plotfun="plot")
plot(pin.fit, plotfun="dens")
plot(pin.fit, plotfun="hist")
plot(pin.fit, plotfun="trace")
plot(pin.fit, plotfun="ac")
```



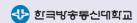
## 코멘트

- 한 줄에서 "//" 뒤는 코멘트로 처리된다.
- 혹은 "/\* .... \*/" 와 같이 쓸 수 있다.

## 데이터 타입

- 기본형(primitive types): real과 int
- 벡터와 행렬: vector(열벡터),row vector(행벡터), matrix
- 어레이(array)

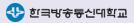
```
real x;
int a;
vector[10] x;
matrix[3,4] y;
array[10] real x;
array[6,7] matrix[3,3] m; // 각 원소
가 3x3 행렬인 6x7 어레이
```



## 변수 범위

• 범위는 "<lower=a, upper=b>"의 형태로 표시된다. lower, upper 하나만 써도 된다.

```
int<lower = 1> N;
real<upper = 0> log_p;
vector<lower = -1, upper = 1>[3] rho;
```



▶ 확률 분포들

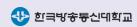
log(beta) ~ normal(mu, sigma);
target += normal\_lpdf(y | mu,sigma);

log(beta) ~ normal(mu, sigma) T[-0.5, 2.1]; // [-0.5, 2.1]에 제한된 정규분포

y ~ exponential(beta);
y ~ gamma(alpha, beta);

y ~ bernoulli(theta);
n ~ binomial(N, theta);
y ~ poisson(3.7);

자세한 내용은 stan reference manual과 stan function manual을 참조한다.



다음시간

**12**강\_

# 모형선택

