

目 次

第I部	ブートストラップ	1
1.	ブートストラップ法	5
1.1	基本的事項	5
1.1.1	分布関数と期待値	5
1.1.2	経験分布関数	6
1.1.3	モンテカルロ法とブートストラップ標本	9
1.1.4	多次元確率分布	11
1.2	ブートストラップ法	11
1.2.1	推定量のバイアスと分散	12
1.2.2	推定量の分布とパーセント点	15
1.3	パラメトリックブートストラップ法	19
1.4	効率的ブートストラップシミュレーション	24
1.5	回帰モデルへの適用例	25
2.	ブートストラップ信頼区間	33
2.1	信頼区間の構成	33
2.1.1	ブートストラップ- t 法	33
2.1.2	BC_a 法	36
2.2	近似精度の評価	38
2.2.1	ブートストラップ分布の近似精度	39
2.2.2	ブートストラップ信頼区間の近似精度	41
3.	予測誤差推定	45
3.1	判別・識別	45

3.1.1	判別関数	45
3.1.2	ブートストラップ予測誤差推定	48
3.1.3	0.632 推定量	50
3.1.4	適用例	51
3.2	回帰分析	54
3.3	ブートストラップ情報量規準	56
4.	ブートストラップ関連手法	60
4.1	平滑化ブートストラップ法	60
4.2	ノンパラメトリック傾斜法	61
4.3	経験尤度法	62
4.4	重点サンプリング	63
文 献		65
第 II 部	EM アルゴリズム	69
5.	EM アルゴリズムの枠組み	71
5.1	最尤法と数値解法	71
5.1.1	最尤法の枠組み	71
5.1.2	数値解法	73
5.2	EM アルゴリズム	75
5.2.1	EM アルゴリズムの考え方	75
5.2.2	EM アルゴリズムの計算手順	77
6.	EM アルゴリズムの適用事例	79
6.1	1 変量正規分布の場合	79
6.2	遺伝的連鎖の場合——多項分布への応用	82
6.3	混合分布の場合	88
6.4	中途打ち切りデータと単回帰	95

7.	EM アルゴリズムの応用と調整	102
7.1	指数分布族における EM アルゴリズム	102
7.2	一般化 EM(GEM) アルゴリズム	104
7.2.1	GEM アルゴリズム	104
7.2.2	1 ステップ・ニュートン・ラフソンによる GEM	105
7.3	EM アルゴリズムとベイズ推測	108
7.3.1	EM アルゴリズムとベイズ推測	108
7.3.2	遺伝連鎖の事例 (続き)	109
8.	EM アルゴリズムの性質	113
8.1	尤度の単調性と停留点への収束	113
8.2	正則条件	116
8.3	EM(GEM) アルゴリズムにおけるパラメータ系列の収束	119
8.4	欠測情報	121
8.5	標準誤差の評価	122
8.5.1	標準誤差の評価法	122
8.5.2	遺伝連鎖の場合 (続き)	125
8.6	加速法	126
9.	EM アルゴリズムの拡張と関連手法	131
9.1	ECM アルゴリズムとその拡張	131
9.2	その他の拡張	133
9.3	データ拡大アルゴリズム	134
文 献		138
第 III 部	マルコフ連鎖モンテカルロ法	143
10.	ベイズ統計学の基礎	145
10.1	ベイズの定理と事前分布・事後分布	145
10.2	自然共役事前分布	148

10.3	事前情報の少ない場合	151
10.4	ベイズ推論	153
10.4.1	周辺事後分布・事後平均・信用区間	153
10.4.2	仮説検定・予測分布	155
10.4.3	モデル選択	155
10.4.4	事後予測分析——モデルの特定化は正しいか	156
10.5	参考文献	157
10.6	補論：DIC	158
11.	マルコフ連鎖モンテカルロ法	159
11.1	基礎的なモンテカルロ法	159
11.1.1	受容-棄却法	159
11.1.2	サンプリング/重点サンプリング法	161
11.1.3	モンテカルロ積分と重点サンプリング法	162
11.2	ギブス・サンプラー	164
11.2.1	ギブス・サンプラーのアルゴリズム	165
11.2.2	事後予測分析	173
11.3	メトロポリス-ヘイスティングス (MH) アルゴリズム	175
11.3.1	MH アルゴリズム	175
11.3.2	酔歩連鎖 MH アルゴリズム	177
11.3.3	独立連鎖 MH アルゴリズム	181
11.3.4	AR-MH アルゴリズム	183
11.3.5	MH アルゴリズムとギブス・サンプラー	186
11.4	参考文献	187
11.5	補論：マルコフ連鎖	187
12.	マルコフ連鎖の収束判定と効率性の診断	189
12.1	マルコフ連鎖の収束判定	189
12.1.1	標本経路は安定的か	189
12.1.2	標本平均は安定的か	190
12.2	サンプリングの効率性の診断	192

12.2.1	標本自己相関関数	192
12.2.2	非効率性因子・有効標本数	193
12.2.3	サンプリングの効率性を改善する	196
12.3	プログラミングの正しさを診断する	196
12.4	参考文献	198
13.	周辺尤度	199
13.1	重点サンプリング法による推定法	199
13.2	周辺尤度の恒等式に基づく推定法	200
13.2.1	ギブス・サンプラー	201
13.2.2	MH アルゴリズム	203
13.2.3	AR-MH アルゴリズム	205
13.3	参考文献	206
13.4	補 論	207
13.4.1	MH アルゴリズムを用いた周辺尤度の推定	207
13.4.2	AR-MH アルゴリズムを用いた周辺尤度の推定	210
文 献	索 引	213
		219