

## 순서화 모수에 대한 베이지안 추정

정 광 모<sup>1)</sup>, 정 윤 식<sup>2)</sup>

### 요 약

분포함수의 모수가 순서제약조건을 갖는 경우에 깁스샘플러(Gibbs sampler)를 이용한 모수 추정에 관해 논의하였다. 순서화 모수를 갖는 지수분포족 및 이항분포모형을 고려하고 완전조건부 분포를 유도하였으며 순서제약 조건을 만족하는 표본추출을 위해 일 대 일 대응 추출 알고리즘을 적용하였다. 동위회귀 최우추정량 및 동위베이지안 추정량과 그 결과를 비교하였다.

### 1. 서 론

모수들이 순서제약(order restriction)을 갖는 문제는 많은 연구자들에 의해 연구되어 왔는데, 이와 같은 연구는 베이지안 또는 *frequentist*, 모수 및 비모수적 방법등 여러 관점에서 연구되었다. Barlow, Bartholomew, Bremner 와 Brunk(1972), Robertson, Wright 및 Dykstra(1988) 등은 순서제약조건 하에서 통계적추론을 광범위하게 논의하였다. 최우추정량을 구한 후 인접한 추정량이 순서관계를 만족하지 않는 경우에 이들을 합병해서 추정하는 알고리즘이 잘 알려져 있으며 *pooling-adjacents-violators* 알고리즘 이라 한다.

Broffitt(1984, 1989)는 보험통계 분야에서 대두되는 사망률의 추정에 베이지안 추정방법을 제안하였으며, 또한 Broffitt(1987)는 bioassay 데이터에서 약품의 투여수준별 개체 사망률에 대해 순서제약 하에서 동위베이지안(isotonic Bayesian) 추정량을 구하였다. 순서제약조건을 갖는 문제는 bioassay 및 보험통계분야 뿐만 아니라 서열형 범주형데이터, 반응표면분석, 신뢰성검정, 분산성분모형 등에서 많이 이용되기 때문에 그 활용범위가 매우 넓다.

순서제약조건을 갖는 모형에 대한 모수적 베이지안 접근법은 순서제약을 반영하는 사전분포를 택할 수 있다는 점에서 매우 매력적이다. 그러나, 사후분포를 구하기 위해서는 다중적분을 해야하는 문제가 커다란 장벽으로 대두되어왔다. Broffitt(1984, 1987, 1989)는 매우 복잡한 수치계산을 통해 순서제약 하에서의 베이지안 추정량을 계산하였다.

Gelfand, Smith 및 Lee(1992)는 깁스샘플러를 이용하여 사후분포를 구할 때의 복잡한 다중적분 문제를 해결하였다. 깁스샘플러는 Geman 및 Geman(1984)에 의해 화상처리(image processing) 분야에 처음 도입되었는데, 그 후 Gelfand 와 Smith(1990)는 베이지안 계산문제에 일반화 하였으며, 그 밖에 Casella 및 George(1992) 등이 있다. 깁스샘플러는 마코프연쇄 원

1) 정보통신연구소 연구원, 609-735, 부산시 금정구 장전동 부산대학교 통계학과 부교수.

2) 정보통신연구소 연구원, 609-735, 부산시 금정구 장전동 부산대학교 통계학과 조교수.

리를 이용하는 몬테칼로적분 기법이다.  $p$ 개의 확률변수  $U_1, \dots, U_p$ 의 완전조건부분포(full conditional distribution: FCD)를 기호로  $[U_s | U_r, r \neq s], s = 1, \dots, p$ , 와 같이 나타낼 때 이들 FCD로 부터 확률표본을 반복 생성함으로써 이들 표본에 의해 구하고자 하는 모수나 사후분포를 추정하게된다. 알려진 사실에 의하면 적당한 조건하에서 이들 FCD는 결합분포  $[U_1, \dots, U_p]$ 를 완전히 결정하며, 이로 부터 모든 주변분포  $[U_1], \dots, [U_p]$ 가 구해진다. FCD로 부터의  $t$  회째 반복된 표본값  $(U_1^{(t)}, \dots, U_p^{(t)})$ 라 할 때, Geman 과 Geman(1984)에 의하면 적당한 조건하에서  $(U_1^{(t)}, \dots, U_p^{(t)})$ 의 확률분포는  $t \rightarrow \infty$ 일 때 결합확률분포  $[U_1, \dots, U_p]$ 에 수렴한다. 수렴성을 검토하는 방법이나 반복 수행횟수의 결정등에 대해서는 아직 충분히 연구되지 못한 실정이며 본 연구에서도 이 부분에 대한 깊이 있는 논의는 생략하고자한다.

깁스샘플러를 이용함으로써 요구되는 복잡한 계산을 쉽게 수행할 수 있는 데, 특히, 다루고자 하는 문제의 차원이 복잡할 수록 깁스샘플러의 유용성이 증대된다. 이와 같은 깁스샘플러는 제약조건 하에서 모수의 추정 뿐만 아니라 많은 분야에 활용될 수 있으며, 일반화선형모형, 혼합분포모형, 계산알고리즘의 평가, 일반적인 정규성데이터문제, 이상치문제 및 로지스틱 회귀문제 등에 널리 이용된다.

## 2. 순서화 모수를 갖는 지수분포족

다음과 같은 분포모형

$$f(x | \theta) = u(x)\theta^{v(x)}e^{-\theta u(x)}, \quad \theta > 0, \tag{2.1}$$

에서  $k$  개의 분포함수에 대한 모수  $\theta_i$  들이 순서제약조건  $0 < \theta_1 \leq \theta_2 \leq \dots \leq \theta_k < \infty$  을 갖는다고 가정하자. 평균이 알려진 정규분포, 형태모수(shape parameter)가 알려진 감마분포, 포아송 분포등이 이에 속한다. Broffitt(1984)는 보험통계 분야에서 자주 이용되는 이러한 모형에 대한 베이지안 추정법을 제안하였다. 예를 들어, 모수  $\theta_i$ 가 연령별 사망률을 나타낼 때 연령이 증가함에 따라 사망률이 점차적으로 증가한다는 가정 하에서 사망률을 추정하고자 할 때 이러한 문제가 대두되며 *그래듀에이션(graduation)* 문제로 알려져있다.

모수  $a_i$  및  $b_i$ 를 갖는  $\theta = (\theta_1, \dots, \theta_k)$ 의 사전분포를

$$\pi_1(\theta | a, b) = C_k(a_1, \dots, a_k; b_1, \dots, b_k) \prod_{i=1}^k \frac{\theta_i^{a_i-1} e^{-\theta_i/b_i}}{b_i^{a_i} \Gamma(a_i)}, \tag{2.2}$$

라 하자. 단,  $C_k(\cdot)$ 는 정규화 상수이고,  $\theta \in S_k = \{\theta | 0 < \theta_1 \leq \dots \leq \theta_k\}$ 이다. 만약 순

서제약조건을 갖지 않는다면 식 (2.2)는 서로 독립인 감마분포들의 곱이 된다.

Gelfand, Smith 및 Lee (1992) 는  $\theta_i$  의 사후분포를 추정하는 데 깃스샘플러의 이용을 제안하였다. 본 연구에서는 식 (2.2)에 의해 주어진 사전분포에서 형태모수  $a_i$ 는 알려진 상수로 가정하고 척도모수(scale parameter)  $b_i, i = 1, 2, \dots, k$ , 가 이단계의 사전분포를 갖는 계층적 베이지안모형으로 확장하고자 한다.  $a_i$ 에 대해서 계층적 사전분포를 고려하는 경우 깃스샘플러의 유도과정이 복잡해지므로 본 논의에서는 생략한다.  $b_i$  의 사전분포를 서로 독립인 역감마분포  $IG(c_i, d_i)$  라 하면  $b = (b_1, \dots, b_k)$ 의 사전분포는

$$\pi_2(b) = \prod_{i=1}^k \frac{b_i^{-(c_i+1)} e^{-1/b_i d_i}}{\Gamma(c_i) d_i^{c_i}}, \tag{2.3}$$

와 같다. 분포함수  $f(\cdot | \theta_i)$  로 부터의 서로 독립인 관찰값을  $X_{ij}, i = 1, 2, \dots, k, j = 1, 2, \dots, n_i$ , 라 할 때,  $X_{ij}, \theta_i, b_i$  의 우도함수는 식 (2.1)-(2.3) 으로 부터

$$\begin{aligned} L(x, \theta, b) &= C_k(a_1, \dots, a_k; b_1, \dots, b_k) \prod_i \{ \prod_j u(x_{ij}) \theta_i^{u(x_{ij})} e^{-\theta u(x_{ij})} \} \\ &\times \left\{ \frac{\theta_i^{a_i-1} e^{-\theta/b_i}}{b_i^{a_i} \Gamma(a_i)} \right\} \left\{ \frac{b_i^{-(c_i+1)} e^{-1/b_i d_i}}{\Gamma(c_i) d_i^{c_i}} \right\} \\ &\propto \prod_i \{ \theta_i^{\sum_j u(x_{ij}) + a_i - 1} e^{-\theta_i (\sum_j u(x_{ij}) + 1/b_i)} b_i^{-(a_i + c_i + 1)} e^{-1/b_i d_i} \} \end{aligned}$$

와 같이 표현되고,  $0 < \theta_{i-1} \leq \theta_i \leq \theta_{i+1} < \infty, i = 1, 2, \dots, k, \theta_0 = 0$ , 이다.

따라서, 각  $\theta_i$  의 FCD는

$$[ \theta_i | x, \theta_j, j \neq i, b ] \propto G(a_i + \sum_j u(x_{ij}), (\sum_j u(x_{ij}) + 1/b_i)^{-1}),$$

단,  $0 < \theta_{i-1} \leq \theta_i \leq \theta_{i+1} < \infty, i = 1, 2, \dots, k, \theta_0 = 0$ , 이고,  $G(\alpha, \beta)$ 는 감마분포를 나타낸다. 즉,  $\theta_i$  의 FCD는 제약구간  $[ \theta_{i-1}, \theta_{i+1} ]$  에서 절단된(truncated) 감마분포가 된다. 또한,  $b_i$  의 FCD는

$$[ b_i | x, \theta, b_j, j \neq i ] = IG(a_i + c_i, (\theta_i + 1/d_i)^{-1}), \tag{2.4}$$

가 된다. 여기서  $a_i, c_i, d_i$  는 주어진 상수이다.

계층적 베이지안모형에 대한 FCD 에서 확률표본을 추출하는 방법에 대해 알아보자. 먼저

$\theta_i$  의 FCD 로부터 제약조건을 만족하는 표본을 얻는 방법으로는 Gelfand, Smith 및 Lee (1992) 에서 언급된 기각방법(rejection method) 과 일 대 일 대응 추출방법(one-for-one method)이 있다. 기각방법은 주어진 분포로부터 표본을 택하여 이 값이 제약조건을 만족하면 표본으로 택하고 그렇지 않으면 버리고 다시 추출하여 위와 같은 과정을 반복하는 방법이다. 그러나, 제약조건을 나타내는 구간  $[\theta_{i-1}, \theta_{i+1}]$  이 좁은 경우에는 기각방법이 비효율적이므로 여기서는 일 대 일 대응 추출방법을 사용하기로 하자. 순서화된 정규분포의 모평균문제에서 Gelfand, Hills, Racine-Poon 및 Smith(1990) 은 일 대 일 대응 추출방법을 적용하였다. 일 대 일 대응 추출법은 다음 두 단계에 의해 주어진 분포함수  $F(\cdot)$  로부터 표본을 얻는다.

### 일 대 일 대응 추출 알고리즘

**단계 1:** 균일분포  $U(0, 1)$ 로 부터의 랜덤포본을  $U$ 라 하자.

**단계 2:**  $\theta = F^{-1}(F(\theta_{i-1}) + U\{F(\theta_{i+1}) - F(\theta_{i-1})\})$  라 놓으면  $\theta$  는 구간  $[\theta_{i-1}, \theta_{i+1}]$  에서 절단된  $F(\cdot)$  로 부터의 표본이 된다.

위 절차를 써서  $\theta_i$  의 감마분포로부터 조건  $a < \theta_{i-1} \leq \theta_i \leq \theta_{i+1} < \infty$  을 만족하는 표본을 쉽게 얻을 수 있고, 또한, 식 (2.4)에 주어진 역감마분포로부터의 표본은 감마분포에서 표본을 추출한 후 이것의 역수를 취하면 된다. 깃스샘플러 알고리즘을 적용하여  $(\theta_1^{(t)}, \dots, \theta_k^{(t)}; b_1^{(t)}, \dots, b_k^{(t)})$  을 얻고, 이 과정을 독립적으로  $m$  회 반복하면 크기  $m$ 인 확률 표본을 얻는다.

**예 2-1** 표 2.1의 데이터는 보험통계의 그래듀에이션 문제와 관련된 데이터로서 Broffitt(1984)에서 재인용하였다. 연령(x)이 많아짐에 따라 사망률이 높다는 가정하에서 각 연령별 사망률( $\theta_x$ )을 깃스샘플러를 이용하여 추정하고 Broffitt(1984)의 결과와 비교하고자 한다. 표에서  $d_x$ 는 연령별 사망자 수 이고, 식 (2.1)의  $w(x)$ 는 근사적으로  $e^{-x} - d_x/2$  이다. ML은 최우추정량으로  $d_x/w(x)$  이고, IML은 동위회귀 최우추정치, IB 는 동위베이지안 추정치, IG 는 깃스샘플러에 의해 구해진 추정치이다.

깃스샘플러의 반복횟수( $t$ )는 50, 표본수( $m$ )는 30으로 하였으며 표 2.1에 주어진 IG 열의 수치는 표본평균을 나타낸다. 초기치는 순서관계를 고려치 않은 최우추정치를 계산한 후 이 값을 중심으로 적당한 구간내의 값이 매 반복표본에 대해 랜덤하게 택해지도록 하였다. 깃스샘플러의 수렴성을 검토하기 위해서는 Gelman 과 Rubin(1992)의 S 프로그램을 이용하였는데, 우선 표본 수(30)를 정한 후 반복 수를 증가시켜 S 프로그램의 수렴정도가 양호하게 되는 반복횟수(50)를 결정하였다.

식 (2.3)의 이단계 사전분포에서  $c_i = d_i = 10^{-5}$ 으로 택하여 비정보적(noninformative)인 것이 되도록 했으며, 식 (2.2)에서 상수  $a_i$ 는 데이터로 부터 추정하여 사용하는 것이 바람직하지만 표2-1의 깃스샘플러 추정치는 문제를 간단히 하기 위해  $a_i = 1$ 로 놓고 구해진 것이다. 또한,  $a_i$  값에 따른 추정치의 변화를 알아보기 위해  $a_i = 0, 0.5$  및  $1$  일 때 추정치를 그림 2.2

표 2.1: 데이터 및 추정치

x	$e_x$	$d_x$	ML	IML	IB	IG
35	1 730	0	.00000	.00000	.00105	.00032
36	1 904	4	.00210	.00135	.00119	.00082
37	2 425	2	.00082	.00135	.00132	.00104
38	2 680	4	.00149	.00135	.00147	.00129
39	2 619	3	.00115	.00135	.00162	.00149
40	2 811	6	.00213	.00172	.00181	.00172
41	3 009	4	.00133	.00172	.00199	.00192
42	3 377	12	.00355	.00201	.00222	.00217
43	3 738	5	.00134	.00201	.00238	.00234
44	3 693	6	.00162	.00201	.00261	.00255
45	4 149	7	.00169	.00201	.00292	.00286
46	4 259	14	.00329	.00329	.00349	.00349
47	4 218	16	.00379	.00379	.00415	.00419
48	4 627	31	.00670	.00581	.00500	.00510
49	5 111	30	.00587	.00581	.00542	.00551
50	6 122	33	.00539	.00581	.00579	.00586
51	6 501	36	.00554	.00581	.00623	.00628
52	7 384	47	.00637	.00637	.00684	.00685
53	8 167	56	.00686	.00686	.00762	.00758
54	8 833	87	.00985	.00960	.00904	.00903
55	8 779	82	.00934	.00960	.00978	.00973
56	9 444	111	.01175	.01076	.01070	.01060
57	9 321	91	.00976	.01076	.01121	.01104
58	9 549	105	.01100	.01100	.01214	.01185
59	9 990	150	.01501	.01398	.01394	.01355
60	9 603	124	.01291	.01398	.01467	.01421
61	8 786	134	.01525	.01525	.01620	.01566
62	9 259	160	.01728	.01728	.01831	.01773
63	8 885	216	.02431	.02431	.02313	.02356
64	8 720	213	.02443	.02443	.02492	.02548

(주) Broffitt(1984)에 주어진 수치와 비교하기 위해  $1 - \exp(-\theta_x)$  값을 나타내었다.

에 나타내었다. 수렴성을 검토한 결과 수행된 반복횟수에서 전반적으로 양호하게 수렴하였으며, 39세에서 45세 사이의 연령층에서는 다른 연령층에 비해 수렴정도가 다소 낮은 것으로 나타났다. 표 2.1과 그림 2.1에서 보는 바와 같이 본 연구에서 깃스샘플러를 이용해서 구해진 추정치는 Broffitt(1984)가 복잡한 수치계산을 통해 얻은 동위배이지만 추정치와 매우 근사한 수치

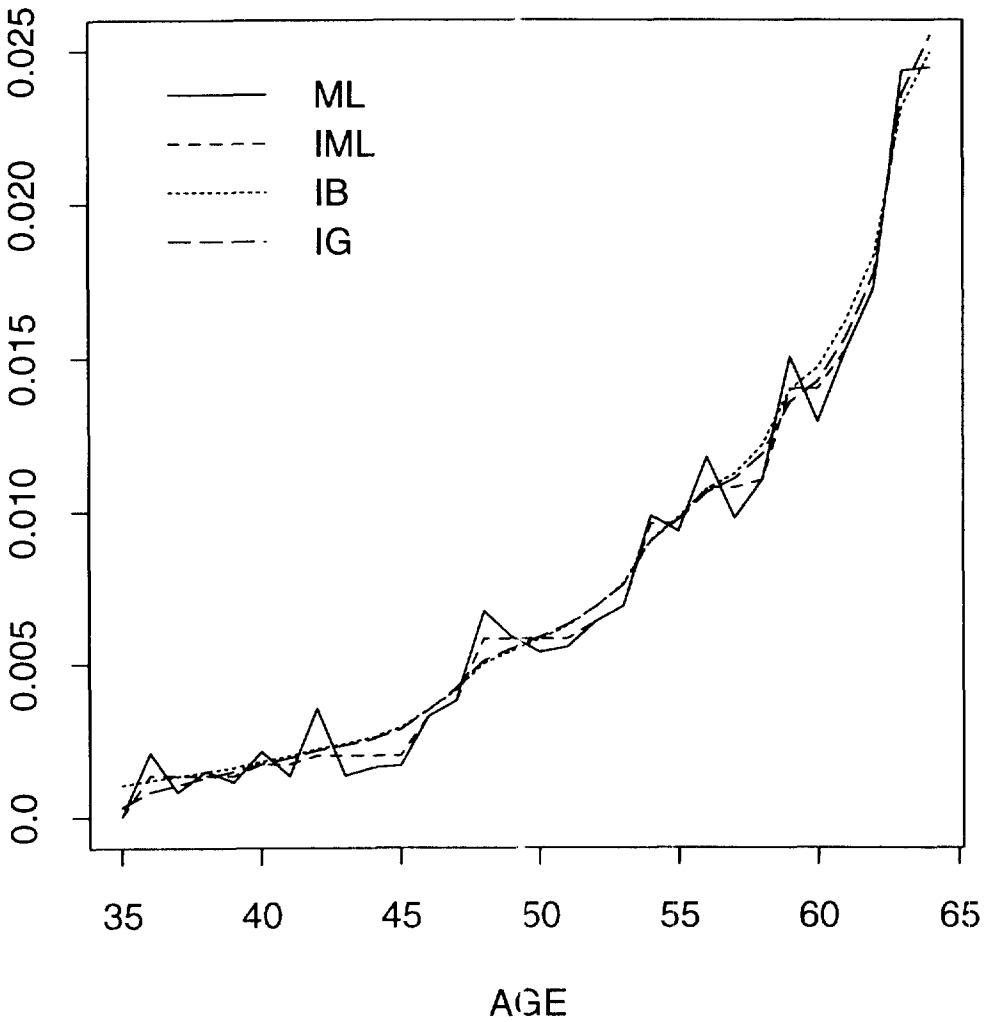


그림 2.1: 연령별 추정치의 산점도

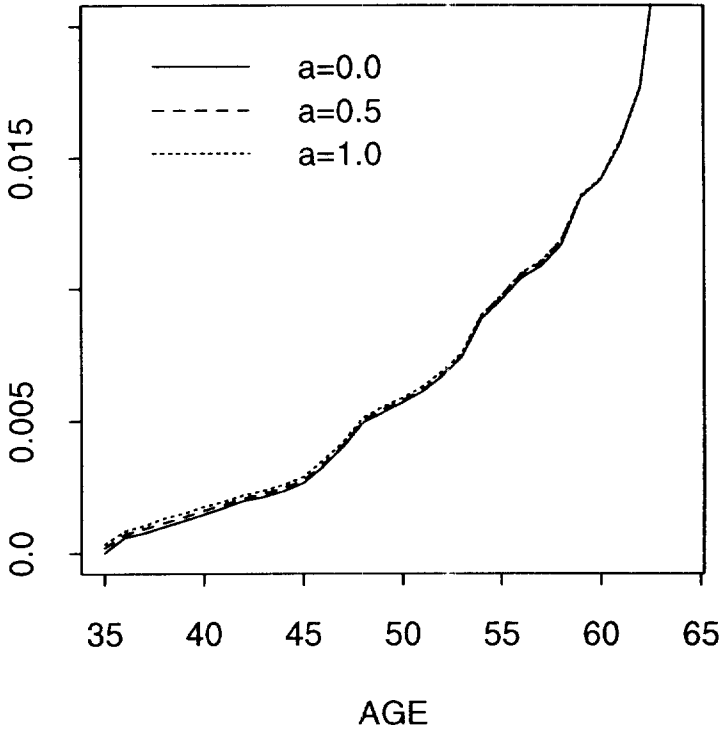


그림 2.2:  $a_i$  값에 따른 깃스샘플러 추정치

치를 나타냄을 알 수 있다. 최우추정치는 순서제약을 전혀 만족하지 않으며 동위회귀 최우추정치는 다른 두 베이지안 추정치에 비해 평활의 정도가 낮음을 알 수 있다.

### 3. 순서화 모수를 갖는 이항분포모형

이항분포  $B(n_i, p_i)$ 에서 확률  $p_i$ 가 순서제약조건  $0 < p_1 \leq p_2 \leq \dots \leq p_k < 1$  을 갖는 경우  $p_i$  의 추정에 대해 논의하자. 이러한 예로서 특극물의 투여량이 증가함에 따라 각 수준에서의 사망률  $p_i$  가 증가하는 경우를 들 수 있다. frequentist 접근방법으로는 동위회귀 추정

량을 생각할 수 있으나 여기서는 베이지안 추정법에 대해 알아보자. Broffitt(1987)는 동위베이지안(isotonic Bayesian) 추정량을 제안하였는 데 매우 복잡한 수치계산을 수행해야 하는 어려움이 있으므로 깁스샘플러를 이용한 추정법을 제안하고자 한다.

확률표본  $X_1, X_2, \dots, X_k$ 의 결합확률밀도함수는

$$f(x | p) = \prod_{i=1}^k \binom{n_i}{x_i} p_i^{x_i} (1-p_i)^{n_i-x_i}, \quad 0 < p_1 \leq p_2 \leq \dots \leq p_k < 1$$

와 같다. 또한, 모수  $p_i$ 의 사전분포를 서로 독립인 베타분포  $\beta(\alpha_i, \beta_i)$ 라 하자. 즉,

$$\pi(p) \propto \prod_{i=1}^k p_i^{\alpha_i-1} (1-p_i)^{\beta_i-1}, \quad 0 < \alpha_i, \beta_i, \tag{3.1}$$

이 때,  $x_i$  와  $p_i$  의 우도함수  $L(x, p)$  는

$$L(x, p) \propto \prod_{i=1}^k p_i^{\alpha_i+x_i-1} (1-p_i)^{n_i-x_i+\beta_i-1}, \quad 0 < p_1 \leq p_2 \leq \dots \leq p_k < 1, \tag{3.2}$$

와 같다.

식 (3.2)로 부터  $p_i$  의 FCD는

$$[p_i | p_j, j \neq i, x] \propto \beta(\alpha_i+x_i, n_i-x_i+\beta_i), \quad \text{단, } p_{i-1} \leq p_i \leq p_{i+1}$$

이다. 따라서 각 FCD로 부터의 표본을 반복추출 함으로써  $p_i$  의 사후분포를 추정할 수 있다. 절단된분포로 부터의 표본추출은 앞 절에서 제시된 일 대 일 대응 추출 알고리즘에 의해 구할 수 있다.

**예 3-1** 표 3.1의 데이터는 bioassay에 관련된 것으로 독극물의 각 투여량( $d_i$ )에서 실험개체

표 3.1: 데이터 및 추정치

$d_i$	$n_i$	$x_i$	ML	IML	IB	IG
8	30	0	.000	.000	.016	.015
16	40	1	.025	.025	.043	.043
24	40	2	.050	.050	.088	.088
28	10	5	.500	.425	.357	.364
32	30	12	.400	.425	.456	.460
48	20	16	.800	.733	.680	.683
64	10	6	.600	.733	.752	.753
72	10	10	1.000	1.000	.930	.931



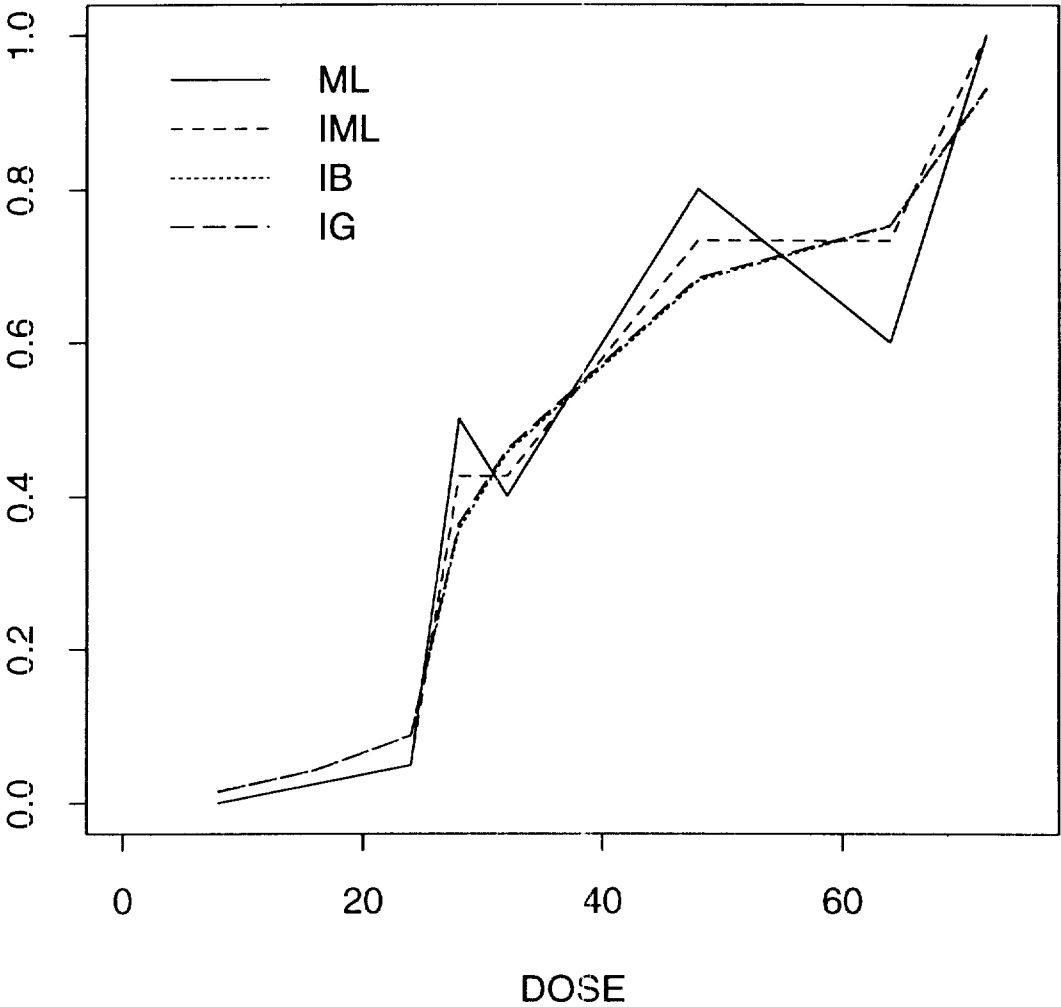


그림 3.1: 약의 투여수준별 추정치의 산점도

수( $n_i$ ) 및 죽은개체수( $x_i$ )를 나타낸다. 또한, 추정량 ML 과 IML 은 각각 최우추정량과 동위회귀 추정량을 나타낸다. 최우추정량은 순서제약을 고려하지 않고 단순히 계산되었다. 추정량 IB는 동위베이지안 추정량이고 IG 는 깁스샘플러를 이용한 사후분포로부터의 표본평균이다.

깁스샘플러의 경우에 반복횟수 및 표본크기는 각각 50으로 하였고, 식 (3.1)의 사전분포에서 상수  $\alpha_i = \beta_i = 1$  인 비정보적 사전분포를 사용하였다. 알고리즘의 수렴성을 검토하기 위해 서는 Gelman 과 Rubin(1992) 이 제안한 S 프로그램을 이용하였다. 검토 결과 매우 양호하게

수렴하는 것으로 나타났다. 또한 부수적으로  $t$  분포에 근거한  $p_i$  의 신뢰구간을 얻을 수 있으나 지면 관계상 생략한다. Broffitt(1987) 가 구한 추정량과 비교할 때 매우 근사한 값을 얻었으며 복잡한 계산 대신에 깃스샘플러를 이용한 추정법이 효율적임을 알 수 있다. 그림 3.1은 네 가지 추정량을 연령에 대해 산점도로 나타낸 것이다.

#### 4. 맺음말

순서제약 하에서 베이지안 접근법으로 모수추정을 다루었다. *frequentist* 측면에서는 동위회귀 최우추정법이 널리 쓰이고 있으며 *pooling-adjacents-violators* 알고리즘에 의해 구해진다. 베이지안 추정으로 Broffitt(1984, 1987, 1989)는 동키베이지안 추정을 논의하고 복잡한 수치계산 알고리즘에 의해 계산을 수행하였다. 본 연구에서는 순서화된 모수를 갖는 지수분포족 및 이항분포모형에 대해 깃스샘플러를 이용한 모수추정에 대해 논의하고 두 종류의 실제 예를 통해 추정결과를 설명하였다. 구해진 추정치는 Broffitt(1984)의 추정치와 매우 유사한 결과를 나타낸다.

깃스샘플러의 반복횟수 및 수렴성에 대해서는 깊이있게 논의하지 못했으며 Gelman 과 Rubin(1992)의 S 프로그램을 이용하여 수렴문제를 검토한 결과 수행된 실험횟수에서 양호한 결과를 나타내었다. 사전분포는 비정보적인 것이 되도록 택하였으며 그 밖에 주어진 상수들은 몇 가지 값에 대해 수행한 후 데이터에 잘 적합되는 것으로 택하였다. 그러나, 데이터로부터 이 값들을 추정하여 사용하면 더욱 좋은 결과를 얻을 수 있을 것으로 생각된다. 주어진 데이터로부터 가정된 상수를 추정하거나 계층적 사전분포를 고려하는 문제는 앞으로의 연구과제로 남기고자한다.

본 연구에서 고려된 두 가지 모형은 실제 문제에서 가장 많이 다루어지는 모형들을 포함하기 때문에 매우 실용적이지만 그 밖에 다른 형태의 모형들에 대해서도 유사한 방법으로 확장 또는 응용될 수 있다.

## 참 고 문 헌

- [1] Barlow, R.E., Bartholomew, D.J., Bremner, J.M., Brunk, H.D. (1972). *Statistical Inference Under Order Restrictions*, John Wiley and Sons.
- [2] Broffitt, J.D. (1984). A Bayes Estimator for Ordered Parameters and Isotonic Bayesian Graduation, *Scandinavian Actuarial Journal*, Vol. 4, 231-247.
- [3] Broffitt, J.D. (1987). Restricted Bayes Estimates for Binomial Parameters, *Probability and Bayesian Statistics*, Edited by Viert, R., New York, Plenum Press, 61-72.
- [4] Broffitt, J.D. (1989). Increasing and Increasing Convex Bayesian Graduation, *Transactions, Society of Actuaries*, XL, 115-148.
- [5] Casella, G. and George, E.I. (1992). Explaining the Gibbs Sampler, *The American Statistician*, Vol. 46, 167-174.
- [6] Gelfand, A.E., Hills, S.E., Racine-Poon, and Smith, A.F.M. (1990). Illustration of Bayesian Inference in Normal Data Models Using Gibbs Sampling, *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 85, 972-985.
- [7] Gelfand, A.E., Smith, A.F.M. (1990). Sampling Based Approaches to Calculating Marginal Densities, *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 85, 398-409.
- [8] Gelfand, A.E., Smith, A.F.M., and Lee, T.M. (1992). Bayesian Analysis of Constrained Parameter and Truncated Data Problems Using Gibbs Sampling, *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 87, 523-532.
- [9] Gelman, A. and Rubin, D.B. (1992). A Single Series from the Gibbs Sampler Provides a False Sense of Security, *Bayesian Statistics*, Vol. 4, 625-631.
- [10] Geman, D. and Geman, S. (1984). Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions, and the Bayesian Restoration of Images, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 6, 721-741.
- [11] Robertson, T., Wright, F.T., and Dykstra, R.L. (1988). *Order Restricted Statistical Inference*, John Wiley and Sons.

## Bayesian Estimation of Ordered Parameters

Kwang Mo Jeong<sup>3)</sup> and Younshik Chung<sup>4)</sup>

### Abstract

We discussed estimation of parameters using Gibbs sampler under order restriction on the parameters. Two well-known probability models, ordered exponential family and binomial distribution, are considered. We derived full conditional distributions(FCD) and also used one-for-one sampling algorithm to sample from the FCD's under order restrictions. Finally through two real data sets we compared three kinds of estimators; isotonic regression estimator, isotonic Bayesian estimator and the estimator using Gibbs sampler.

---

3) Associate Professor, Department of Statistics, JangJoon-Dong KumJung-Ku, Pusan, 609-735.

4) Assistant Professor, Department of Statistics, JangJoon-Dong KumJung-Ku, Pusan, 609-735.