POLITECHNIKA LUBELSKA
WYDZIAŁ PODSTAW TECHNIKI
Kierunek: MATEMATYKA

Praca inżynierska

Zastosowanie modeli mieszanych w analizie rozwoju pandemii choroby COVID-19 na świecie

The use of mixed-effects models in the analysis of the COVID-19 pandemic in the world

Praca wykonana pod kierunkiem:
dra Dariusza Majerka

Autor:
Alicja Hołowiecka
nr albumu: 89892

Lublin 2020

Spis treści

Wstęp 5

Rozdział 1. Teoretyczne podstawy badań własnych 7

1.1. Modele liniowe 7

1.1.1. Metody estymacji parametrów modelu liniowego 7

1.1.2. Badanie istotności parametrów 8

1.2. Modele mieszane 8

1.2.1. Metody estymacji 9

1.2.2. Badanie istotności parametrów 9

1.2.3. Wybór najlepszego modelu 9

1.2.4. Interpretacja parametrów modelu mieszanego 10

1.2.5. Predykcja z modelu mieszanego 10

Rozdział 2. Badania własne 11

2.1. Zbiór danych i jego wstępne przygotowanie 11

2.2. Dyskusja wyników 12

2.2.1. Model 1 12

2.2.2. Model 2 13

2.2.3. Model 3 15

2.2.4. Model 4 17

2.2.5. Model 5 17

2.2.6. Model 6 18

2.2.7. Model 7 19

2.2.8. Model 8 20

2.2.9. Model 9 20

2.2.10. Model 10 21

Podsumowanie i wnioski 25

Bibliografia 27

Spis rysunków 29

Spis tabel 31

Załączniki 33

Streszczenie (Summary) 35

Wstęp

Pandemia choroby COVID-19 jest wydarzeniem, które wstrząsnęło całym światem w roku 2019. Właściwie nikt chyba nie może powiedzieć, że nie poczuł się dotknięty przez sytuację związaną z rozprzestrzenianiem się wirusa. Pierwsze przypadki pojawiły się pod koniec 2019 roku we wschodnich Chinach, w mieście Wuhan. Na początku 2020 roku chorowali już obywatele większości państw na świecie. Na moment pisania tej pracy, sytuacja nadal nie jest opanowana i nie wiadomo, jak się rozwinie.

Biorąc to pod uwagę, tym ważniejszy wydaje się temat poruszany w tej pracy. Wiele jednostek naukowych podejmuje próby znalezienia odpowiedniego modelu, aby przewidzieć rozwój pandemii. Przedstawione w tej pracy modele mieszane co prawda nie pozwalają na dokładną predykcję, ale są dobrym narzędziem, aby odkryć, które czynniki mają wpływ na rozwój pandemii w przeciętnym kraju.

Rozdział 1

Teoretyczne podstawy badań własnych

W tej części pracy przedstawimy metody matematyczne, które zostaną użyte w części praktycznej tej pracy. Zgodnie z tematem, będą to głównie modele mieszane.

1.1. Modele liniowe

Na początek przypomnimy podstawowe wiadomości o modelach liniowych.
Model regresji prostej ma postać

$$y = x\beta_1 + \beta_0 + \varepsilon$$

gdzie oszacowania parametrów β_1, β_0 obliczamy następująco:

$$\hat{\beta}_1 = \frac{Cov(x, y)}{Var(x)},$$
$$\hat{\beta}_0 = \overline{y} - \overline{x}\hat{\beta}_1.$$

Model interpretujemy w ten sposób, że jeżeli zmienna x wzrośnie o 1, to zmienna y zmieni się o β_1.

1.1.1. Metody estymacji parametrów modelu liniowego

1. Metoda najmniejszych kwadratów, OLS (ang. *Ordinary Least Squares*) - w metodzie tej minimalizujemy błąd kwadratowy, czyli sumę kwadratów reszt, którą oznaczamy RSS (ang. *Residual Sum of Squares*).

   $$RSS = \sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2$$

   Twierdzenie Gaussa-Markowa: taki estymator jest BLUE (Best Linear Unbiased Estimator), przy odpowiednich założeniach.
2. Metoda największej wiarogodności, ML (ang.*Maximum Likelihood*) polega na maksymalizacji wartości funkcji prawdopodobieństwa ze względu na β (w praktyce maksymalizujemy zwykle logarytm z tej funkcji)

$$\hat{\sigma}^2_{ML} = RSS/n$$

Estymując σ^2, maksymalizujemy funkcję wiarogodności zarówno ze względu na β, jak i σ^2.

Estymatory uzyskane tą metodą są asymptotycznie nieobciążone.

3. Resztowa metoda największej wiarogodności, REML (ang. *Residual/Restricted Maximum Likelihood Method*) - z estymacji parametru σ^2 usuwamy wpływ parametrów zakłócających β.

$$\hat{\sigma}^2_{REML} = RSS/(n-p)$$

Estymatory uzyskane tą metodą są nieobciążone [1].

1.1.2. Badanie istotności parametrów

$$H_0 : \beta_i = 0$$

1.2. Modele mieszane

W powyżej opisanych modelach liniowych z efektami stałymi zakładamy niezależność kolejnych pomiarów, dlatego nie są to odpowiednie modele, kiedy mamy np. kilka pomiarów dla pojedynczego elementu. W takim przypadku możemy użyć modeli liniowych z efektami mieszanymi (stałymi i losowymi), które krótko nazywamy modelami mieszanymi.

Modeli mieszanych używamy w przypadu powtarzanych pomiarów bądź w przypadku hierarchicznej lub zagnieżdżonej struktury. Takie dane charakteryzują się korelacją między obserwacjami z tej samej grupy, co nie pozwala na użycie modelu liniowego z efektami stałymi. Dlatego do modelu wprowadza się czynnik losowy.

Czynnik stały jest pewnym parametrem, którego wartość estymujemy na podstawie próbki, natomiast czynnik losowy jest zmienną losową, dla której próbujemy oszacować parametry jej rozkładu [2].

Przykładową sytuacją, gdzie możemy użyć modelu mieszanego, jest badanie działania leku na grupie pacjentów, gdzie dokonujemy kilku pomiarów na danym pacjencie. W tym przypadku nie interesuje nas konkretny pacjent, ale raczej wpływ leku na przeciętnego pacjenta. Dodatkowo, traktujemy pacjentów jako losowo wybranych. Podejście modelu mieszanego będzie polegało na potraktowaniu wpływu pacjenta jako czynnik zakłócający.

Rozważamy model postaci

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

gdzie X - macierz zmiennych będących efektami stałymi, Z - macierz zmiennych będących efektami losowymi, β to wektor nieznanych efektów stałych, $\varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2 I_{n\times n})$ to zakłócenie losowe, a $u \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2 D)$ to wektor zmiennych losowych odpowiadających efektom losowym [1].

Znając D, możemy estymować parametry β uogólnioną metodą najmniejszych kwadratóW. Do estymowania nieznanego D możemy użyć np. metodą największej wiarogodności.

1.2.1. Metody estymacji

Do oceny wartości parametrów modelu mieszanego można stosować metody ML (Największej Wiarogodności) oraz REML (Resztowej Największej Wiarogodności), wspomniane w tej pracy przy okazji modeli liniowych. W przypadku modeli mieszanych obydwoma metodami możemy uzyskać estymatory obciążone, ale to obciążenie jest zazwyczaj mniejsze w przypadku estymatorów uzyskanych metodą REML.

Różnica między metodą REML i ML polega na tym, że w metodzie REML najpierw usuwamy wpływ efektów stałych.

1.2.2. Badanie istotności parametrów

$$H_0 : \sigma_j^2 = 0$$

1.2.3. Wybór najlepszego modelu

Metody, które mają zastosowanie dla modeli liniowych z efektami stałymi, nie zawsze dają się zastosować w przypadku modeli mieszanych. Wymienimy teraz kilka metod doboru najlepszego modelu i opiszemy, które z nich są najskuteczniejsze [2].

1. Wskaźnik wiarygodności(ang. `likelihood ratio`) - tworzymy dwa modele, model 0, który nie zawiera elementów, których istotność chcemy zbadać, i model 1, który zawiera te elementy. Pozostałe zmienne muszą być takie same w obu modelach. Statystyka testowa wygląda następująco:

   $$2(l(\hat{\beta}_1, \hat{\sigma_1}, \hat{D}_1|y) - l(\hat{\beta}_0, \hat{\sigma_0}, \hat{D}_0|y)),$$

   gdzie l - logarytm z funkcji prawdopodobieństwa.
   Tego testu nie można używać do modeli wyznaczonych metodą `REML`.

2. Test F dla efektów stałych - metoda taka sama jak ta używana przy modelach z efektami stałymi. W przypadku modeli mieszanych może sprawiać problemy, ponieważ statystyka testowa niekoniecznie musi mieć rozkład F. Należy także wprowadzać poprawkę na liczbę stopni swobody.
   Na ogół ta metoda daje dobre rezultaty dla mniej skomplikowanych modeli, gdy układ jest zbalansowany (wszystkie grupy są równoliczne). Dla modeli bardziej skomplikowanych, lub kiedy brak równoliczności, wartości p oraz statystyki t mogą być błędne.
3. Użycie metod *bootstrapowych*, aby znaleźć dokładniejsze wartości p-value. Należy wygenerować dane z modelu 0 (na podstawie oszacowanych parametrów) i obliczyć statystykę *likelihood ratio*. Tą procedurę powtarzamy wielokrotnie i oceniamy istotność.
4. Kryteria informacyjne - służą do wyboru najlepszego spośród modeli. Najpopularniejszym jest Kryterium Informacyjne Akaikego (ang. `Akaike Information Criterion, AIC`). Jest ono zdefiniowane następującym wzorem:

$$-2(\texttt{max log likelihood}) + 2p,$$

   gdzie p to liczba parametrów modelu.
   Można stosować to kryterium do modeli, które różnią się jedynie efektami stałymi, gdzie liczba efektów losowych jest identyczna dla wszystkich modeli, które porównujemy. Gdyby modele różniły się liczbą efektów losowych, należałoby rozważyć, w jaki sposób zliczyć liczbę parametrów p.
   Kryterium Akaikego jest miarą utraconej informacji, więc po obliczeniu go dla roważanych modeli, należy wybrać ten, gdzie otrzymana wartość jest najmniejsza.

1.2.4. Interpretacja parametrów modelu mieszanego

1.2.5. Predykcja z modelu mieszanego

Rozdział 2

Badania własne

2.1. Zbiór danych i jego wstępne przygotowanie

Zbiór danych pochodzi z witryny internetowej Our World In Data [3], gdzie dane zostały zebrane z różnych źródeł, m. in. ze Światowej Organizacji Zdrowia (WHO) oraz Europejskiego Centrum ds. Zapobiegania i Kontroli Chorób (ECDC). W zbiorze znajduje się 210 krajów, dane dotyczące terytoriów międzynarodowych oraz łącznie dla całego świata. Mamy ponad 40 kolumn z różnymi parametrami - w dalszej części pracy opiszemy, które zmienne będą przez nas użyte.

W zbiorze znajdowało się wiele braków danych. Dla każdego kraju zostały usunięte dane sprzed rozpoczęcia się epidemii na jego terytorium (`total cases=0`), dni są numerowane kolejnymi liczbami całkowitymi.

Ze zbioru danych zostały usunięte wszystkie kraje o populacji poniżej miliona mieszkańców, ponieważ w większości były to nieduże wysepki, dla których dane były wybrakowane. Oprócz tego, kilka innych krajów zostało usuniętych, ponieważ mimo większej populacji, dane były niepełne.

Do formułowania hipotez i budowania modeli będziemy się posługiwać następującymi zmiennymi:

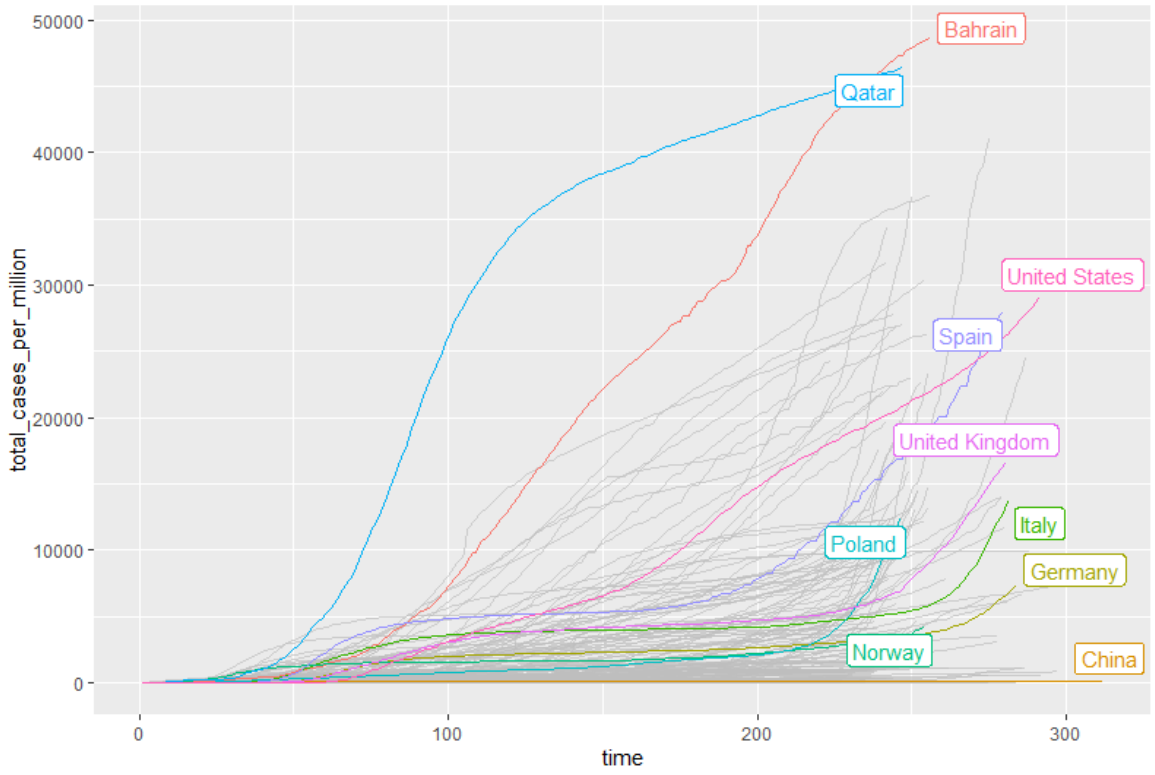
— liczba zachorowań - jest to liczba potwierdzonych przypadków koronawirusa w danym kraju od momentu rozpoczęcia epidemii. Zamiast wartośći liczby zachorowań, będziemy używać liczby zachorowań na milion mieszkańców (`total cases per million`),
— liczba wykonanych testów - będziemy używać liczby wykonanych testów w przeliczeniu na tysiąc mieszkańców danego kraju (`total tests per thousand`),
— wskaźnik siły obostrzeń (`sringency index`) - wskaźnik tego, jak silne obostrzenia wprowadził rząd danego kraju. Jest to kombinacja dziewięciu innych zmiennych, m.in. zamykanie szkół, polityka wykonywania testów, ograniczenie kontaktów międzyludzkich itp. Może przyjmować wartości od 0 do 100, im większa wartość, tym silniejsze obostrzenia w danym kraju [4],

— gęstość zaludnienia (`population density`),
— PKP danego kraju na osobę (`GDP per capita`) - Produkt Krajowy Brutto, przeliczony na hipotetyczną walutę dolara międzynarodowego [5],
— część społeczeństwa żyjąca w skrajnym ubóstwie (`extreme poverty`)
— śmiertelność z powodu chorób sercowych (`cardiovasc death rate`) - stan na rok 2017
— powszechność występowania cukrzycy (`diabetes prevalence`) - odsetek populacji z cukrzycą, brane pod uwagę są osoby w wieku od 20 do 70 lat, stan na rok 2017
— oczekiwana długość życia (`life expectancy`) - kraje zostaną podzielone na kategorie ze względu na tą zmienną, wyróżnimy kraje, w których oczekiwana długość życia jest poniżej 50 lat, między 50 a 54, między 55 a 59 i tak dalej aż do grupy krajów z oczekiwaną długością życia powyżej 80 lat.

2.2. Dyskusja wyników

2.2.1. Model 1

Hipoteza 1: Czas ma istotny wpływ na liczbę zachorowań.

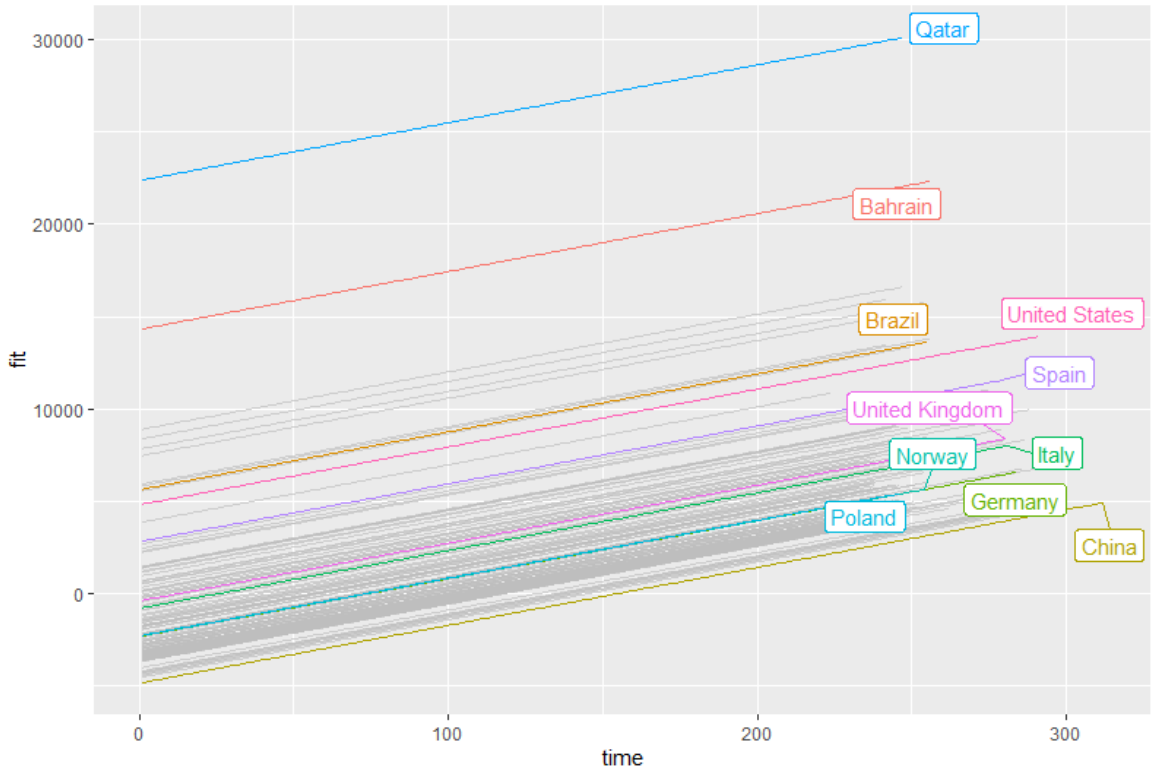


Rysunek 2.1: Wykres przedstawiający zależność liczby zachorowań na milion mieszkańców w zależności od czasu z podziałem na kraje
Źródło: Opracowanie własne

Pierwszy model ma postać

```
mod <- lme(total_cases_per_million~time,
random = ~1|location,
data = covid)
```

a więc przedstawia zależność liczby zachorowań od czasu, a kraj jest efektem losowym.



Rysunek 2.2: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą Modelu 1

Źródło: Opracowanie własne

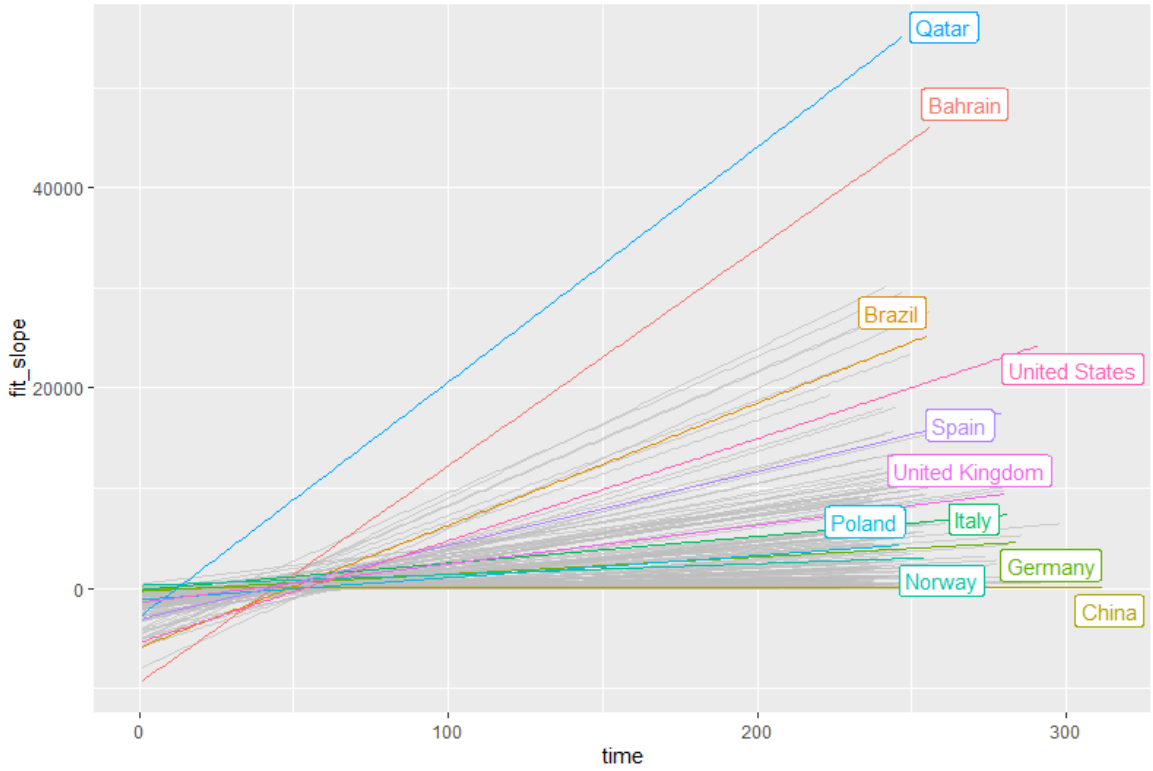
Dla efektu losowego otrzymujemy następujący wynik:

Widać zatem, że efekt losowy jest odpowiedzialny za około 45% wariancji resztowej.

Zarówno wyraz wolny, jak i współczynnik przy zmiennej Czas, są istotne statystycznie. Dodatkowo, korelacja pomiędzy liczbą zachorowań a czasem jest dodatnia, więc wraz z upływem czasu liczba zachorowań rośnie dla przeciętnego kraju.

2.2.2. Model 2

Hipoteza 2: Liczba wykonywanych testów na COVID-19 ma związek z liczbą zachorowań.



Rysunek 2.3: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu typu random intercept and slope

Źródło: Opracowanie własne

	Model 1
(Intercept)	-1321.86^{***}
	(294.61)
time	31.27^{***}
	(0.24)
AIC	715285.90
BIC	715320.03
Log Likelihood	−357638.95
Num. obs.	37529
Num. groups: location	152
Var: location (Intercept)	13018644.39
Var: Residual	10840327.89

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.1: Wyniki dla modelu 1

	Model 1
(Intercept)	1319.61***
	(399.12)
total_tests_per_thousand	31.95***
	(0.28)
AIC	363631.09
BIC	363662.51
Log Likelihood	−181811.54
Num. obs.	19045
Num. groups: location	95
Var: location (Intercept)	14965179.24
Var: Residual	11168063.61

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.2: Wyniki dla modelu 2

Drugi model to:

```
mod1 <- lme(total_cases_per_million~time+total_tests_per_thousand,
random = ~1|location,
data = covid_na)
```

Badamy tutaj, czy czas oraz liczba wykonywanych testów mają wpływ na liczbę zachorowań, jeżeli kraj traktujemy jako czynnik losowy.

Dla tego modelu otrzymujemy następujące wyniki:

Widać po pierwsze, że efekt losowy jest odpowiedzialny za ponad połowę zmienności resztowej modelu. Po drugie, widać, że oba efekty stałe są istotne statystycznie, i oba mają wpływ stymulujący na liczbę zachorowań.

2.2.3. Model 3

Hipoteza 3: kraje o różnej oczekiwanej długości życia różnią się liczbą zachorowań.

Trzeci model wygląda następująco:

```
mod2 <- lme(total_cases_per_million~time+age,
random=~1|location,
data=covid)
```

	Model 1
(Intercept)	640.36
	(1343.96)
age60-64	−41.47
	(1502.59)
age65-69	−248.44
	(1551.85)
age70-74	1509.97
	(1476.43)
age75-79	3319.36*
	(1436.70)
age80 and above	4104.39**
	(1480.87)
agebelow 55	−371.40
	(1993.64)
AIC	729555.23
BIC	729632.03
Log Likelihood	−364768.62
Num. obs.	37529
Num. groups: location	152
Var: location (Intercept)	10768986.56
Var: Residual	15929745.12

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.3: Wyniki dla modelu 3

Prezentuje on zależność liczby zachorowań od czasu i od oczekiwanej długości życia w danym kraju. Występuje także efekt losowy kraju.

Dla modelu trzeciego otrzymujemy następujące wyniki:

Ponownie efekt losowy odpowiada za większą część wariancji resztowej. Czas ponownie jest istotny i ma wpływ stymulujący. Dla grupy wiekowej 75-79 różnica w średniej liczbie zachorowań jest na granicy istotności statystycznej. Dopiero dla krajów o oczekiwanej długości życia powyżej 80 lat pojawia się istotna różnica - liczba zachorowań w tych krajach jest największa. W pozostałych grupach wiekowych nie można mówić o istotnych różnicach.

	Model 1
(Intercept)	2402.87***
	(306.53)
population_density	0.78
	(0.44)
AIC	729672.88
BIC	729707.01
Log Likelihood	−364832.44
Num. obs.	37529
Num. groups: location	152
Var: location (Intercept)	13106475.48
Var: Residual	15929750.91

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.4: Wyniki dla modelu 4

2.2.4. Model 4

Hipoteza 4: Kraje o różnej gęstości zaludnienia różnią się liczbą zachorowań.

W czwartym modelu badamy zależnośc liczby zachorowań od czasu i gęstości zaludnienia, a kraj jest czynnikiem losowym.

```
mod3 <- lme(total_cases_per_million~time+population_density,
random=~1|location,
data = covid)
```

Wyniki są następujące:

Zatem gęstośc zaludnienia nie jest czynnikiem istotnie różnicującym liczbę zachorowań w krajach.

2.2.5. Model 5

Hipoteza 5: Kraje różniące się siłą obostrzeń mają istotne różnice w liczbie zachorowań.

Piaty model ma następującą postać:

```
covid_si <- drop_na(covid, stringency_index)
mod4 <- lme(total_cases_per_million~time+stringency_index,
random=~1|location,
data = covid_si)
```

	Model 1
(Intercept)	2932.54***
	(301.93)
stringency_index	−9.12***
	(1.16)
AIC	687061.29
BIC	687095.20
Log Likelihood	−343526.65
Num. obs.	35524
Num. groups: location	148
Var: location (Intercept)	12678743.39
Var: Residual	14372604.68

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.5: Wyniki dla modelu 5

W tym modelu sprawdzamy zależność liczby zachorowań od czasu i siły obostrzeń, kraj jest czynnikiem losowym.

Otrzymujemy następujące wyniki:

Tak jak w poprzednich modelach, czynnik losowy odpowiada za największą część zmienności resztowej. Czas jest istotny statystycznie. Wskaźnik siły obostrzeń także jest istotny i ma wpływ stymulujący, co oznaczałoby, że im silniejsze obostrzenia, tym więcej zachorowań. Ta interpretacja prawdopodobnie jest niepoprawna, można się domyślać, że raczej zachodzi odwrotna zależność - w krajach z największą liczbą zachorowań są wprowadzane najsurowsze obostrzenia.

2.2.6. Model 6

Hipoteza 6: Kraje o różnej wysokości wskaźnika rozwoju społecznego (HDI) różnią się liczbą zachorowań.

Szósty model przedstawia zależność liczby zachorowań od czasu i wskaźnika rozwoju społecznego, a kraj jest czynnikiem losowym.

```
covid_hdi <- drop_na(covid, human_development_index)
mod5 <- lme(total_cases_per_million~time+human_development_index,
random=~1|location,
covid_hdi)
```

Z tego modelu mamy następujący wynik:

	Model 1
(Intercept)	−4489.15***
	(1237.25)
human_development_index	9957.74***
	(1711.04)
AIC	720398.99
BIC	720433.07
Log Likelihood	−360195.50
Num. obs.	37070
Num. groups: location	150
Var: location (Intercept)	10865235.65
Var: Residual	15798887.42

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.6: Wyniki dla modelu 6

Efekty stałe są istotne i oba mają wpływ stymulujacy. W krajach z wyższym wskaźnikiem rozwoju społecznego, zachorowań jest znacząco więcej.

2.2.7. Model 7

Hipoteza 7: Kraje o różnej wysokości odsetka śmierci z powodu chorób sercowych różnią się liczbą zachorowań.

Model siódmy wygląda następująco:

```
mod6 <- lme(total_cases_per_million~time+cardiovasc_death_rate,
random=~1|location,
data= covid)
```

i oprócz zależności liczby zachorowań od czasu zawiera także zależność od odsetka śmierci spowodowanych chorobami sercowymi. Kraj jest traktowany jako efekt losowy.

Otrzymujemy następujące podsumowanie:

Czynnik losowy zachowuje się podobnie jak we wszystkich poprzednich modelach. Oba czynniki stałe są istotne. Co ciekawe, odsetek śmierci spowodowanych chorobami serca wpływa ograniczająco na liczbę zachorowań. Może to być związane z tym, że osoby chore na serce bardziej uważają, aby się nie zarazić, tym samym zmniejszają liczbę zachorowań w danym kraju.

	Model 1
(Intercept)	4982.81***
	(672.06)
cardiovasc_death_rate	−9.25***
	(2.32)
AIC	729657.48
BIC	729691.61
Log Likelihood	−364824.74
Num. obs.	37529
Num. groups: location	152
Var: location (Intercept)	12094158.57
Var: Residual	15929749.88

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.7: Wyniki dla modelu 7

2.2.8. Model 8

Hipoteza 8: Kraje o różnej wysokości odsetka osób chorych na cukrzycę różnią się liczbą zachorowań.

```
mod7 <- lme(total_cases_per_million~time+diabetes_prevalence,
random=~1|location,
data= covid)
```

Model ten jest analogiczny do poprzedniego, z tym że zamiast chorób sercowych mamy tu odsetek chorych na cukrzycę.

Otrzymujemy nastepujący wynik:

Czynnik losowy ma taką samą istotność jak poprzednio, czas także. Rozpowszechnienie cukrzycy wpływa stymulująco na liczbę zachorowań. Może to być spowodowane tym, że osoby chore na cukrzycę mają słabszy organizm i są bardziej narażone na zakażenie.

2.2.9. Model 9

Hipoteza 9: Kraje o różnej wysokości odsetka osób żyjących w skrajnej biedzie różnią się liczbą zachorowań.

W tym modelu sprawdzamy zależność liczby zachorowań od czasu i odsetka osób żyjących w skrajnym ubóstwie. Kraj jest czynnikiem losowym.

	Model 1
(Intercept)	93.18
	(612.83)
diabetes_prevalence	337.40***
	(74.81)
AIC	729646.52
BIC	729680.65
Log Likelihood	−364819.26
Num. obs.	37529
Num. groups: location	152
Var: location (Intercept)	11775109.20
Var: Residual	15929749.48

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.8: Wyniki dla modelu 8

```
covid_ep <- drop_na(covid, extreme_poverty)
mod8 <- lme(total_cases_per_million~time+extreme_poverty,
random=~1|location,
data= covid_ep)
```

Model ten ma następujące podsumowanie:

Czynnik losowy jest odpowiedzialny za niecałą połowę zmienności resztowej. Oba czynniki stałe są istotne. Im większy jest w danym kraju odsetek osób żyjących w biedzie, tym wyższa liczba zachorowań. Prawdopodobnie jest to spowodowane mniejszą dostępnością do służby zdrowia w biedniejszych krajach i mniejszą liczbą wykonywanych testów.

2.2.10. Model 10

Hipoteza 10: Kraje o różnej wysokości PKB różnią się liczbą zachorowań.

W modelu dziesiątym pojawia się zależność liczby zachorowań od czasu i PKB. Kraj jest efektem losowym.

```
covid_gdp <- drop_na(covid, gdp_per_capita)
mod9 <- lme(total_cases_per_million~time+gdp_per_capita,
random=~1|location,
data= covid_gdp)
```

Wyniki są następujące:

	Model 1
(Intercept)	3074.37***
	(306.39)
extreme_poverty	−55.02***
	(11.98)
AIC	520055.39
BIC	520088.22
Log Likelihood	−260023.70
Num. obs.	27083
Num. groups: location	110
Var: location (Intercept)	6944468.09
Var: Residual	12546263.85

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.9: Wyniki dla modelu 9

	Model 1
(Intercept)	546.41
	(338.86)
gdp_per_capita	0.11***
	(0.01)
AIC	720911.67
BIC	720945.75
Log Likelihood	−360451.83
Num. obs.	37057
Num. groups: location	150
Var: location (Intercept)	8906070.23
Var: Residual	16132368.91

$^{***}p < 0.001$; $^{**}p < 0.01$; $^{*}p < 0.05$

Tabela 2.10: Wyniki dla modelu 10

Efekt losowy odpowiada za niecałą połowę zmienności resztowej modelu. Efekty stałe są istotne statystycznie. Im wyższe PKB danego kraju, tym wyższa liczba zachorowań.

Podsumowanie i wnioski

Cecha	Wpływ na liczbę zachorowań
Czas	istotny, wraz z upływem czasu rośnie liczba zachorowań
Liczba wykonywanych testów na COVID-19	istotny, wraz ze wzrostem liczby testów rośnie liczba zachorowań
Oczekiwana długość życia	istotny, o ile ta wartość przekracza 80 lat, wówczas zachorowań jest więcej niż dla krajów o krótszej oczekiwanej długości życia
Gęstość zaludnienia	nieistotny
Wskaźnik siły obostrzeń	istotny, jest wysoki w krajach o dużej liczbie zachorowań
Wskaźnik rozwoju społecznego	istotny, w krajach o wysokim wskaźniku rozwoju jest więcej zachorowań
Śmiertelność z powodu chorób sercowych	istotny, im wyższy jest ten współczynnik, tym mniej zachorowań na COVID-19
Powszechność występowania cukrzycy	istotny, im wyższy jest ten współczynnik, tym więcej zachorowań na COVID-19
Część populacji żyjąca w skrajnym ubóstwie	istotny, im większa jest część mieszkańców żyjąca w biedzie, tym mniej zachorowań
PKB na osobę	istotny, im wyższe PKB, tym więcej zachorowań

Tabela 2.11: Porównanie istotności i wpływu różnych czynników na liczbę zachorowań w przeciętnym kraju

Indeks Akaike jest miarą utraconej informacji. Im mniejszy jest indeks Akaike, tym lepiej model wyjaśnia badane zjawisko. Widzimy z tabeli 2.12, że najmniejsze AIC występuje dla modelu nr 2. Jest to model, gdzie występuje zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów. Ta zależność jest bardzo oczywista,

Nr modelu	AIC
1	715298.0
2	363631.1
3	729555.2
4	729672.9
5	687061.3
6	720399.0
7	729657.5
8	729646.5
9	520055.4
10	720911.7

Tabela 2.12: Porównanie indeksów Akaike dla poszczególnych modeli

ponieważ liczbę zachorowań zlicza się na podstawie tego, ile testów dało wynik pozytywny. Modelem z drugim najniższym AIC jest model nr 9, gdzie badamy istotność wskaźnika części populacji żyjącej w skrajnym ubóstwie.

Wszystkie modele jednoznacznie pokazują, że efekt kraju jako czynnika zakłócającego jest bardzo istotny, w wielu przypadkach bardziej niż jakikolwiek inny czynnik stały (np. czas).

Na to, co jest nazywane w tej pracy „efektem kraju", składa się tak naprawdę wiele innych czynników, m. in. gęstość zaludnienia, sytuacja ekonomiczna danego kraju, odsetek osób z chorobami towarzyszącymi, rozkład wieku, jak również przyjęta strategia walki z koronawirusem, na którą z kolei składają się m. in. liczba wykonywanych testów, przepisy w sprawie zamykania szkół, miejsc publicznych, ograniczenie kontaktów międzyludzkich, i wiele innych.

W mojej pracy nie zajmowałam się badaniem, w jaki sposób te czynniki wpływają na wzrost lub spadek liczby zachorowań, chcę jedynie zasygnalizować, że mogą być istotne, skoro wykazany został wpływ efektu kraju na liczbę zachorowań.

Bibliografia

[1] Przemysław Biecek, *Analiza danych z programem R. Modele liniowe z efektami stałymi, losowymi i mieszanymi*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Wydanie II, Warszawa 2013

[2] Julian J. Faraway, *Extending the Linear Model with R. Generalized Linear, Mixed Effects and Nonparametric Regression Models. Second Edition*, CRC Press Taylor & Francis Group, 2016

[3] `https://ourworldindata.org/coronavirus`

[4] `https://www.bsg.ox.ac.uk/research/research-projects/coronavirus-government-response-tracker` (dostęp 31.10.2020)

[5] `https://ourworldindata.org/what-are-ppps` (dostęp 31.10.2020)

Spis rysunków

2.1 Wykres przedstawiający zależność liczby zachorowań na milion mieszkańców w zależności od czasu z podziałem na kraje 12
2.2 Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą Modelu 1 13
2.3 Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu typu random intercept and slope 14

Spis tabel

2.1 Wyniki dla modelu 1 14
2.2 Wyniki dla modelu 2 15
2.3 Wyniki dla modelu 3 16
2.4 Wyniki dla modelu 4 17
2.5 Wyniki dla modelu 5 18
2.6 Wyniki dla modelu 6 19
2.7 Wyniki dla modelu 7 20
2.8 Wyniki dla modelu 8 21
2.9 Wyniki dla modelu 9 22
2.10 Wyniki dla modelu 10 22
2.11 Porównanie istotności i wpływu różnych czynników na liczbę zachorowań w przeciętnym kraju 25
2.12 Porównanie indeksów Akaike dla poszczególnych modeli 26

Załączniki

1. Płyta CD z niniejszą pracą w wersji elektronicznej.

Streszczenie (Summary)

Zastosowanie modeli mieszanych w analizie rozwoju pandemii choroby COVID-19 na świecie

W tej pracy przedstawione są pojęcia związane z modelami liniowymi z efektami stałymi i losowymi. Następnie opisane są badania własne na zbiorze danych dotyczącym rozprzestrzeniania się choroby COVID-19 w różnych krajach na świecie.

The use of mixed-effects models in the analysis of the COVID-19 pandemic in the world

In this paper, concepts related to linear models with fixed and random effects are presented. Then, our own research is described on the dataset on the spread of COVID-19 in various countries around the world.