

POLITECHNIKA LUBELSKA

WYDZIAŁ PODSTAW TECHNIKI

Kierunek: MATEMATYKA



Praca inżynierska

Zastosowanie modeli mieszanych w analizie rozwoju pandemii
wywołanej wirusem 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 2021

Spis treści

Wstęp	5
Rozdział 1. Teoretyczne podstawy badań własnych	7
1.1. Modele liniowe	7
1.1.1. Metody estymacji parametrów modelu liniowego	8
1.1.2. Badanie istotności parametrów	8
1.1.3. Interpretacja parametrów modelu liniowego	9
1.1.4. Transformacja zmiennych	10
1.2. Modele mieszane	11
1.2.1. Metody estymacji parametrów modelu mieszanego	12
1.2.2. Badanie istotności parametrów i wybór najlepszego modelu	15
1.2.3. Predykcja z modelu mieszanego	17
1.2.4. Interpretacja parametrów modelu mieszanego	17
Rozdział 2. Modele rozwoju pandemii	21
2.1. Opis zbioru badawczego	21
2.2. Wyniki	22
2.2.1. Zależność między liczbą zachorowań a czasem	23
2.2.2. Zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów na COVID-19	31
2.2.3. Zależność między liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia	36
2.2.4. Zależność między liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia	38
2.2.5. Zależność między liczbą zachorowań a siłą obostrzeń	39
2.2.6. Zależność między liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego	46
2.2.7. Zależność między liczbą zachorowań a powszechnością cukrzycy	48
2.2.8. Zależność między liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie	49
2.2.9. Zależność między liczbą zachorowań a wysokością PKB na osobę	51
Dyskusja wyników i wnioski	53
Bibliografia	57

Spis rysunków	61
Spis tabel	63
Załączniki	65
Streszczenie (Summary)	67

Wstęp

Matematyka jest często uważana za dyscyplinę teoretyczną, dla której ciężko znaleźć praktyczne zastosowanie. Jednakże śledząc historię cywilizacji można zauważyć, że postęp w tej dziedzinie okazuje się niezbędny, by rozwijać inne gałęzie nauki. Modelowanie matematyczne jest działem matematyki, który pozwala użyć formalnego języka tej nauki do opisu zjawisk rzeczywistych. Poprawne zbudowanie modelu matematycznego pozwala lepiej zrozumieć zależności w otaczającym nas świecie i wyciągnąć użyteczne wnioski. Modele matematyczne można budować właściwie dla każdego zjawiska rzeczywistego. W tej pracy skupimy się na zastosowaniu modelowania matematycznego do opisu rozwoju pandemii choroby COVID-19.

Pierwsza próba matematycznego modelowania epidemii pojawiła się w XVIII w., kiedy Daniel Bernoulli przedstawił opis rozprzestrzeniania się choroby zakaźnej oparty na równaniach różniczkowych [11]. Jego pomysł był wykorzystywany aż do lat 70-tych XX w. W ostatnich czasach gwałtowny rozwój technologii komputerowych umożliwił przeprowadzanie bardziej skomplikowanych obliczeń, co spowodowało ogromny rozwój w dziedzinie modelowania matematycznego.

Obecnie matematyczne modele epidemii są bardzo cenione. Korzystają z nich chociażby władze państwowe przy podejmowaniu decyzji mających na celu ochronę zdrowia obywateli. Można stworzyć modele, które pozwolą zidentyfikować czynniki wpływające na rozwój lub wygaszenie epidemii, bądź też takie, które umożliwią przybliżone prognozowanie liczby chorych lub zgonów. Takie predykcje pozwolą chociaż do pewnego stopnia przygotować się na wzrost liczby zachorowań i ograniczyć liczbę zgonów. W czasie pandemii koronawirusa, dzięki ogólnemu dostępowi do internetu i mediów społecznościowych, ludzie na wół świadomie bardzo często odwoływali się do modeli epidemii, mówiąc na przykład o „spłaszczeniu krzywej zachorowań”.

Na moment pisania tej pracy cały świat trwa w ogłoszonym przez WHO stanie pandemii. Mimo ogromnego rozwoju medycyny, nie jesteśmy w stanie całkowicie opanować rozprzestrzeniania się koronawirusa. Tym ważniejsze są podejmowane próby budowy odpowiednich modeli matematycznych. Doświadczenie zdobyte podczas obec-

nej sytuacji może także pomóc przyszłym pokoleniom, ponieważ z powodu globalizacji mówi się także o groźbie wybuchu kolejnych pandemii.

Niniejsza praca ma na celu pokazanie zastosowania modeli mieszanych oraz modeli liniowych do analizy rozwoju pandemii choroby COVID-19. Modele te co prawda nie pozwolą na dokładną predykcję liczby zachorowań, ale umożliwią identyfikację czynników, które wpływają na wzrost liczby zachorowań na całym świecie. Rozdział teoretyczny stanowi wprowadzenie do pojęć związanych z modelami liniowymi oraz modelami mieszanymi. Przedstawione są podstawowe metody estymacji oraz badania istotności parametrów modelu liniowego, jak również interpretacja ich wartości. Krótko wspomniano także o transformacji zmiennych w modelu. Następnie wprowadzone zostało pojęcie modelu mieszanego. Szczególny nacisk jest położony na estymację parametrów takiego modelu przy użyciu macierzy rzadkich. Opisano także metody doboru najlepszego modelu oraz interpretację efektów stałych i losowych. Drugą część pracy to rozdział badawczy, w którym przedstawione są hipotezy mające na celu określenie wpływu różnych efektów na liczbę zachorowań na COVID-19. Zbadane zostaną czynniki takie jak czas, liczba wykonywanych testów na COVID-19, siła obostrzeń, oczekiwana długość życia, gęstość zaludnienia oraz inne wskaźniki rozwoju gospodarczo-społecznego w kraju (m. in. PKB i HDI). Wyniki, które otrzymamy, dotyczą przede wszystkim przeciętnej sytuacji na świecie, więc mogą być punktem wyjścia do bardziej szczegółowych rozważań na temat poszczególnych państw.

Rozdział 1

Teoretyczne podstawy badań własnych

W tej części pracy przedstawimy metody matematyczne, które zostaną użyte w rozdziale poświęconym modelom rozwoju pandemii. Przybliżymy zagadnienia związane z modelami liniowymi: regresję prostą i wieloraką, metody estymacji parametrów modelu liniowego i badania ich istotności oraz interpretację takich modeli. Powiemy także o tym, kiedy jest potrzebna transformacja zmiennych. Następnie rozszerzymy te pojęcia o modele mieszane, skupiając się przede wszystkim na estymacji, wyborze najlepszego modelu oraz interpretacji efektów stałych i losowych.

1.1. Modele liniowe

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

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

i ma on przedstawiać relację pomiędzy dwoma zmiennymi ilościowymi. Oszacowania parametrów β_1 i β_0 obliczamy następująco:

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\text{Cov}(x, y)}{\text{Var}(x)},$$

$$\hat{\beta}_0 = \bar{y} - \bar{x}\hat{\beta}_1.$$

Zmienną y nazywamy zmienną zależną, a x - niezależną.

Jeżeli w modelu występuje więcej niż jedna zmienna niezależna, to mówimy o **regresji wielorakiej** (lub wielokrotnej). Wówczas model ma postać:

$$y = \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_2 + \dots + \beta_kx_k + \varepsilon,$$

lub w zapisie macierzowym

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \varepsilon,$$

gdzie ε to niezależne (tzn. $\text{Cov}(\varepsilon_i, \varepsilon_j) = 0$ dla $i \neq j$) zakłócenie losowe o rozkładzie normalnym ze średnią 0 i wariancją σ^2 .

1.1.1. Metody estymacji parametrów modelu liniowego

Aby oszacować wartości parametrów modelu liniowego, możemy wykorzystać poniższe metody estymacji:

1. **Metoda najmniejszych kwadratów** (ang. *Ordinary Least Squares, OLS*) - 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 mówi, że taki estymator jest najlepszym (w sensie najmniejszej wariancji) liniowym nieobciążonym estymatorem (ang. *BLUE, Best Linear Unbiased Estimator*) przy założeniach, że $E(\varepsilon_i) = 0$ i $\text{Var}(\varepsilon_i) = \sigma^2$ dla każdego i oraz $\text{Cov}(\varepsilon_i, \varepsilon_j) = 0$ dla $i \neq j$.

2. **Metoda największej wiarygodności** (ang. *Maximum Likelihood, ML*) polega na maksymalizacji wartości funkcji prawdopodobieństwa ze względu na β (w praktyce maksymalizujemy zwykle logarytm z tej funkcji). Estymator wariancji otrzymany tą metodą wygląda następująco:

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

Estymując σ^2 , maksymalizujemy funkcję wiarygodności zarówno ze względu na β , jak i σ^2 . Estymatory uzyskane tą metodą są asymptotycznie nieobciążone.

3. **Resztowa metoda największej wiarygodności** (ang. *Residual/Restricted Maximum Likelihood Method, REML*) - z estymacji parametru σ^2 usuwamy wpływ parametrów zakłócających β . W tym celu redukuje się wektor y do podprzestrzeni ortogonalnej do macierzy X . Estymator wariancji otrzymany metodą REML wygląda następująco:

$$\hat{\sigma}_{REML}^2 = \frac{RSS}{n - p}.$$

Estymatory uzyskane tą metodą są nieobciążone [2].

W przypadku modeli liniowych, estymacja współczynników β jest prosta, więc rzadko używa się do tego metody REML. Metoda ta jest wykorzystywana przy szacowaniu parametrów bardziej skomplikowanych modeli. Do modeli liniowych najczęściej stosuje się estymację metodą najmniejszych kwadratów.

1.1.2. Badanie istotności parametrów

Aby zbadać istotność współczynników modelu liniowego, weryfikujemy hipotezę postaci $H_0 : \beta_i = 0$ przeciw hipotezie alternatywnej $H_1 : \beta_i \neq 0$. Do zweryfikowania

tej hipotezy wykorzystujemy **test Walda**. Statystyka testowa ma postać

$$T = \frac{\hat{\beta}_i}{\text{se}(\hat{\beta}_i)}$$

i jest nazywana **statystyką t**. Przy założeniu prawdziwości H_0 statystyka ta ma rozkład t-Studenta o $n - k - 1$ stopniach swobody (n - liczba obserwacji, k - liczba parametrów w modelu, nie licząc wyrazu wolnego).

Badanie efektów brzegowych poszczególnych zmiennych należy poprzedzić **testem F** (testem globalnym), który weryfikuje hipotezę

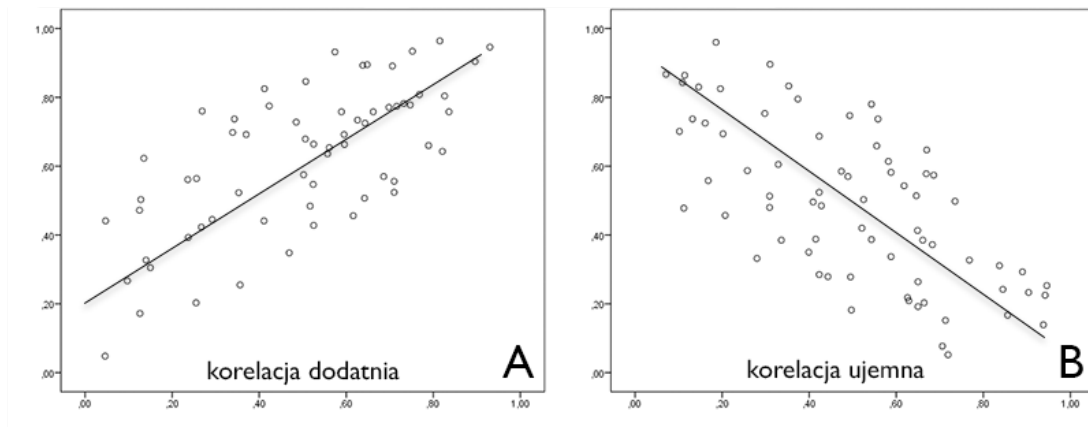
$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_k = 0$$

przeciwko hipotezie alternatywnej

$$H_1 : \exists j \beta_j \neq 0.$$

1.1.3. Interpretacja parametrów modelu liniowego

W modelu postaci $y = \beta_0 + \beta_1 x$ dodatnia wartość β_1 oznacza, że wzrostowi x towarzyszy wzrost y , a ujemna wartość β_1 , że wraz ze wzrostem x , maleje y [12]. Jeżeli model jest dobrze dopasowany do danych, to możemy go interpretować w ten sposób, że wzrost zmiennej x o 1, powoduje zmianę zmiennej y o β_1 . Przykłady takich zależności widać na rysunku 1.1.



Rysunek 1.1: Przykładowe modele regresji prostej,

po lewej dla $\beta_1 > 0$, po prawej dla $\beta_1 < 0$

Źródło: [17]

Podobnie w przypadku modelu regresji wielorakiej $y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \dots + \beta_k x_k$, wzrost zmiennej x_i o jedną jednostkę, przy niezmiennych poziomach pozostałych zmiennych, powoduje zmianę wartości y o β_i .

Miarami jakości dopasowania modelu do danych są m. in. współczynnik determinacji R^2 oraz skorygowany współczynnik determinacji. **Współczynnik determinacji** informuje o tym, jaka część zmienności (wariancji) zmiennej zależnej w próbie jest wyjaśniona zmiennością modelu. Przyjmuje wartości z przedziału $[0, 1]$. Jeżeli w modelu występuje wyraz wolny, a do estymacji wykorzystano metodę najmniejszych kwadratów, to współczynnik determinacji można interpretować jako procent wariancji zmiennej zależnej, która jest wyjaśniana przez model (więc dopasowanie jest tym lepsze, im wartość R^2 jest bliższa jedności [27]). Współczynnik determinacji jest wyrażony wzorem:

$$R^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2},$$

gdzie y_i - i -ta obserwacja zmiennej zależnej, \hat{y}_i - oszacowanie i -tej wartości zmiennej zależnej na podstawie modelu, \bar{y} - średnia arytmetyczna zaobserwowanych empirycznie wartości zmiennej zależnej.

W przypadku modeli zawierających więcej niż jedną zmienną, zdarza się, że dodanie do modelu nowej zmiennej podniesie współczynnik R^2 , mimo że faktycznie nie będzie poprawiała dopasowania modelu. Dlatego można także korzystać z miary nazywanej **skorygowanym współczynnikiem determinacji**, określonej wzorem:

$$\tilde{R}^2 = 1 - \frac{n-1}{n-k-1}(1-R^2),$$

gdzie R^2 - współczynnik determinacji, n - liczba obserwacji, k - liczba zmiennych w modelu (nie licząc wyrazu wolnego) [23]. Interpretacja \tilde{R}^2 jest taka sama, jak R^2 , ale jeśli te dwie wartości znacznie się od siebie różnią, to warto interpretować raczej skorygowany współczynnik determinacji niż zwykłe R^2 .

1.1.4. Transformacja zmiennych

Jeżeli obserwacje charakteryzują się wariancją, która rośnie lub maleje wraz ze wzrostem zmiennej niezależnej, to przydatna może być **transformacja zmiennych**. Często używana jest na przykład **transformacja logarytmiczna**, która jest łatwa w interpretacji (zmiany wartości zlogarytmowanej odpowiadają zmianom procentowym w oryginalnej skali). Przekształcenie takie warto stosować, kiedy zaobserwowane wartości zmiennej charakteryzują się silną asymetrią prawostronną. Jednakże, nie można go stosować, jeśli pojawiają się wartości niedodatnie. Jeżeli oryginalne obserwacje oznaczmy jako x_1, x_2, \dots, x_n , to przekształcone obserwacje w_1, w_2, \dots, w_n będą takie, że $w_i = \log(x_i)$ dla $i \in \{1, 2, \dots, n\}$ [9].

Innym rodzajem transformacji są **transformacje potęgowe**, np. pierwiastki kwadratowe lub sześciennie. Te przekształcenia nie zawsze są tak proste w interpretacji

jak logarytmiczne. Zapisujemy je jako $w_i = x_i^p$, gdzie $i \in \{1, 2, \dots, n\}$, a p to potęga, jaką przekształcamy obserwacje [9].

Transformacja Boxa-Coxa jest rodziną transformacji zawierającą zarówno przekształcenia logarytmiczne, jak i potęgowe. Przekształcenie Boxa-Coxa ma postać [24]:

$$g^{(\lambda)}(X) = \begin{cases} \log(X), & \text{gdy } \lambda = 0 \\ \frac{X^\lambda - 1}{\lambda}, & \text{gdy } \lambda \neq 0 \end{cases}.$$

1.2. Modele mieszane

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

Modeli mieszanych używamy w przypadku powtarzanych pomiarów bądź hierarchicznej, czyli zagnieżdżonej struktury. Takie dane charakteryzują się korelacją między obserwacjami z tej samej grupy, co nie pozwala na użycie modelu liniowego z efektami stałymi, ponieważ założenie o braku seryjnej korelacji błędu modelu nie jest spełnione. 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 [6]. W przypadku efektu stałego interesuje nas jego wielkość (średnia), natomiast przy efektach losowych bierzemy pod uwagę jedynie fakt, że wprowadzona zmienna wnosi do modelu pewną zmienność (a dokładniej, pozwala odjąć tę zmienność od całkowitej zmienności) i szacujemy wariancję lub odchylenie standardowe, a nie parametry rozkładu. Ponadto efektów losowych można się spodziewać wtedy, gdy nie kontrolujemy wszystkich poziomów zmiennej niezależnej. 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 efekt konkretnego pacjenta, ale raczej wpływ leku na przeciętną osobę. Dodatkowo zakładamy, że pacjenci byli losowo wybrani. W modelu mieszanym, wpływ konkretnego pacjenta będzie traktowany jako czynnik zakłócający.

1.2.1. Metody estymacji parametrów modelu mieszanego

Modelem mieszanym nazywamy model postaci

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

gdzie X - macierz zmiennych będących efektami stałymi, Z - macierz zmiennych będących efektami losowymi, β to wektor nieznanymi 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 [2].

Znając macierz D , możemy estymować parametry β uogólnioną metodą najmniejszych kwadratów. Do estymowania D możemy użyć metody ML lub REML, wspomnianych w tej pracy przy okazji modeli liniowych. W przypadku modeli mieszanych obydwa metodami możemy uzyskać estymatory obciążone, ale to obciążenie jest zazwyczaj mniejsze w przypadku estymatorów uzyskanych metodą REML.

Estymacja parametrów modelu mieszanego jest trudnym zagadnieniem. Można wyróżnić dwa podejścia, jedno z nich wykorzystuje własności macierzy ZDZ^T , a drugie polega na rozwijaniu metod numerycznych używanych do znalezienia maksimum funkcji wiarygodności. Przykładową metodą jest użycie algorytmu Newtona-Rapshona - iteracyjnej metody optymalizacji. To podejście jest dobre dla zbioru danych o praktycznie dowolnym rozmiarze, ale ze względu na kwadratową złożoność pamięciową, źle sprawdza się dla modelu z dużą liczbą parametrów do oszacowania. Pod tym względem bardziej efektywne jest rozwiązanie przy wykorzystaniu własności macierzy rzadkich. Ta właśnie metoda zostanie przedstawione poniżej.

Macierz rzadka jest to macierz, w której większość elementów ma wartość zero. Algorytmy dla macierzy rzadkich są zwykle szybsze niż analogiczne algorytmy dla macierzy gęstych. Zamiast przechowywać wszystkie wartości takiej macierzy, wystarczy zapisać w pamięci wartości i indeksy elementów, które są różne od zera. Macierze rzadkie w praktyce mają często tak wielki rozmiar, że niemożliwe by było opracowanie na nich zwykłymi algorytmami [22]. W modelu mieszanym macierz Z jest macierzą rzadką. Często również macierz X jest taką macierzą.

Z definicji modelu mieszanego $u \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2 D)$, gdzie σ^2 to wariancja wektora ε . Niech

$$D = \Lambda \Lambda^T,$$

gdzie Λ to macierz trójkątna dolna. Macierz D (a przez to także macierz Λ) jest parametryzowana wektorem θ . Obierzmy także wektor w taki, że

$$u = \Lambda w.$$

Taki wektor w ma rozkład $\mathcal{N}(0, I_{q \times q})$.

Rozkład warunkowy $y|u$ jest rozkładem $\mathcal{N}(X\beta + Zu, \sigma^2 I)$. Ale ponieważ nie obserwujemy u , a jedynie y , to aby wnioskować o u , będziemy rozważać gęstość $u|y$. Z twierdzenia Bayesa [25] mamy

$$f_{u|y} = \frac{f_{y|u}f_u}{f_y}.$$

Zacniemy od wyznaczenia gęstości łącznej $f_{y,u} = f_{y|u}f_u$.

$$\begin{aligned} f_{y,u}(\beta, \theta, \sigma^2) &= f_{y|u}(\beta, \theta, \sigma^2)f_u(\beta, \theta, \sigma^2) = \\ &= \frac{\exp(-(y - X\beta - Z\Lambda u)^T(y - X\beta - Z\Lambda u)/(2\sigma^2))}{(2\pi\sigma^2)^{n/2}} \cdot \frac{\exp(-u^T u/(2\sigma^2))}{(2\sigma^2)^{q/2}} = \\ &= \frac{\exp(-(\|y - X\beta - Z\Lambda u\|^2 + \|u\|^2)/(2\sigma^2))}{(2\pi\sigma^2)^{(n+q)/2}}, \end{aligned}$$

gdzie $\|a\|^2$ to suma kwadratów współrzędnych wektora a .

Minimalizacja tej gęstości po u lub β jest równoważna minimalizacji sumy kwadratów reszt z karą za współczynniki u :

$$r^2(\theta, \beta, w) = \|y - X\beta - Z\Lambda w\|^2 + \|w\|^2.$$

Funkcję $r^2(\theta, \beta, w)$ nazywamy **sumą kwadratów reszt z karą** i oznaczamy *PRSS* (ang. *Penalized Residual Sum of Squares*). Przez r_θ określimy $\min_{w, \beta} r^2(\theta, \beta, w)$. Wartości minimalizujące *PRSS* po w i β można znaleźć, rozwiązując poniższy układ równań liniowych:

$$\begin{bmatrix} X^T X & X^T Z \Lambda \\ \Lambda^T Z^T X & \Lambda^T Z^T Z \Lambda + I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ w \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T y \\ \Lambda^T Z^T y \end{bmatrix}. \quad (1.1)$$

Ten układ jest rozwiązywalny efektywnie nawet dla bardzo dużych q , dzięki wykorzystaniu rzadkiej dekompozycji Choleskiego [21]. Po lewej stronie równania macierz $\Lambda^T Z^T Z \Lambda + I$ jest macierzą rzadką. Można ją przedstawić jako

$$\begin{bmatrix} A & 0 \\ B & L \end{bmatrix} \begin{bmatrix} A^T & B^T \\ 0 & L \end{bmatrix},$$

gdzie A i B to nieduże macierze (o ile p jest nieduże), a L to rzadki pierwiastek Choleskiego macierzy $\Lambda^T Z^T Z \Lambda + I_{q \times q}$, czyli jest to rzadka macierz trójkątna dolna spełniająca warunek

$$LL^T = \Lambda^T Z^T Z \Lambda + I_{q \times q}.$$

Użycie dekompozycji Choleskiego macierzy rzadkich, która w wyniku także daje macierz rzadką, jest kluczowym momentem pozwalającym na operowanie na dużych macierzach. W tym celu kolumny macierzy Z odpowiednio się permutuje. Dzięki temu można operować na macierzach, które w postaci pełnej nie mieściłyby się w pamięci.

Po wyznaczeniu dekompozycji Choleskiego łatwo rozwiązać układ równań 1.1. Co więcej, mamy następującą zależność:

$$-2 \log l(\theta, \beta, \sigma|y) = \log(2\pi\sigma^2) + \log(|L|^2) + \frac{r_\theta^2}{\sigma^2}, \quad (1.2)$$

gdzie $|L|$ to wyznacznik macierzy L (która jest trójkątna, więc łatwo go policzyć). Minimalizując powyższe wyrażenie po σ^2 , otrzymujemy warunkowy estymator wariancji (dla zadanego θ):

$$\hat{\sigma}_\theta^2 = \frac{r_\theta^2}{n}.$$

Podstawiając tą ocenę wariancji do równości 1.2, otrzymujemy funkcję wariancji w zależności od parametru θ

$$-2 \log l(\theta|y) = \log(|L|^2) + n + n \log \left(\frac{2\pi r_\theta^2}{n} \right).$$

Wartość tej funkcji możemy wyznaczyć efektywnie, nawet dla dużych $p+q$, a sama funkcja wiarygodności zależy jedynie od parametru θ , którego wymiar g jest zazwyczaj nieduży (jest to liczba komponentów wariancyjnych). Maksymalizację tak opisaną funkcji wiarygodności po przestrzeni parametrów o niewielkim wymiarze wykonuje się standardowymi algorytmami numerycznymi. Wyznaczywszy metodą ML (lub REML) ocenę parametru $\hat{\theta}$, możemy obliczyć oceny pozostałych parametrów modelu.

W powyższej metodzie macierz $V = \sigma^2(I + ZDZ^T)$ mogła mieć prawie dowolną postać. W wielu praktycznych sytuacjach macierz D , a tym samym macierz V , ma bardzo prostą strukturę. Rozważmy model niezależnych g komponentów losowych, każdy komponent złożony z niezależnych q_i efektów takich, że $\sum_i q_i = q$. Dodatkowo oznaczmy wariancję kolejnych q_i przez $\sigma_i^2 = \sigma^2\theta_i$. W takim modelu macierz D jest macierzą diagonalną postaci

$$D = \begin{bmatrix} \theta_1 I_{q_1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \theta_2 I_{q_2} & \cdots & 0 \\ \cdots & \cdots & \ddots & \cdots \\ 0 & 0 & \cdots & \theta_g I_{q_g} \end{bmatrix}.$$

Dla takiej macierzy D macierz wariancji y można wyrazić jako

$$\text{Var}(y) = V = \sigma^2(I + ZDZ^T) = I\sigma^2 + \sum_{i=1}^g \sigma_i^2 Z_i Z_i^T,$$

gdzie Z_i to macierz złożona z kolumn macierzy Z odpowiadających tym efektom losowym, które mają wariancję σ_i^2 . Każda Z_i to jeden komponent wariancyjny.

Uwaga 1.1. Może się zdarzyć, że w wyniku estymacji otrzymamy ujemne oceny pewnych parametrów σ_i^2 . Oczywiście nie można takich wartości interpretować jako oceny wariancji. Problem z ujemnymi wartościami $\hat{\sigma}_i^2$ można rozwiązać na kilka sposobów, na przykład [2]:

- wartość ujemną zastąpić przez 0. Jest to metoda najprostsza, ale generuje obciążenie;
- zastosować optymalizację z ograniczeniami. Na przestrzeni parametrów zadajemy liniowe ograniczenia i szukamy maksimum funkcji wiarygodności na zbiorze ograniczonym do nieujemnych parametrów;
- zamiast σ_i^2 można używać innych parametrów, które da się przekształcić w nieujemne oceny σ_i^2 . Przykładowo dla nowej parametryzacji $\gamma_i = \log(\sigma_i^2)$ możemy optymalizować funkcję wiarygodności ze względu na parametry γ_i po całej prostej, a następnie otrzymane oceny $\hat{\gamma}_i$ możemy przekształcić na dodatnie oceny $\hat{\sigma}_i^2 = \exp(\hat{\gamma}_i)$. Wadą tego podejścia jest niemożliwość uzyskania oceny z brzegu przedziału, tzn. nie otrzymamy nigdy oceny $\hat{\sigma}_i^2 = 0$.

1.2.2. Badanie istotności parametrów i wybór najlepszego modelu

W modelach mieszanych konieczne jest zbadanie istotności dla efektów stałych oraz losowych. Dla efektów stałych testujemy hipotezę $H_0 : \beta_i = 0$ przeciwko hipotezie alternatywnej $H_1 : \beta_i \neq 0$, a dla komponentów wariancyjnych weryfikujemy hipotezę $H_0 : \sigma_j^2 = 0$ przy jednostronnej hipotezie alternatywnej $H_1 : \sigma_j^2 > 0$.

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 [6].

1. **Iloraz wiarygodności** (ang. *likelihood ratio*) - tworzymy dwa zagnieżdżone modele: model 0 - niezawierający 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 (ang. *Log Likelihood*). Tego testu nie można używać do modeli wyznaczonych metodą REML [6].

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 wówczas 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 [6].
3. **Test permutacyjny** - można go stosować do dokładniejszego wyznaczenia wartości p dla efektu stałego. Funkcja wiarygodności może być użyta jako statystyka testowa. Rozkład statystyki testowej otrzymujemy wykonując permutacje na tej kolumnie macierzy X , która odpowiada interesującemu nas efektowi [2]. Dla każdej permutacji wyliczamy logarytm funkcji wiarygodności i sprawdzamy, ile z nich przekroczyło logarytm funkcji wiarygodności dla modelu z niepermutowanymi kolumnami. Testy permutacyjne mają wiele zalet, między innymi, nie muszą być spełnione założenia dotyczące rozkładu normalnego danych w próbie. Przy dostatecznie dużej liczbie permutacji, zwykle dają dokładne wartości p , niezależnie od wielkości próby [8].
4. **Kryteria informacyjne** - służą do wyboru najlepszego spośród modeli. Pozwalają ocenić jakość dopasowania modelu, kontrolując jednocześnie jego stopień złożoności, aby uniknąć przeuczenia (z ang. *overfitting*) [30]. Najpopularniejszym jest Kryterium Informacyjne Akaikego (ang. *Akaike Information Criterion, AIC*). Jest ono zdefiniowane następującym wzorem:

$$-2 \max(l(\hat{\beta}, \hat{\sigma}, \hat{D}|y)) + 2p,$$

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 [6]. Kryterium Akaikego jest miarą utraconej informacji, więc po obliczeniu go dla rozważanych modeli, należy wybrać ten, gdzie otrzymana wartość jest najmniejsza. Inne popularne kryteria informacyjne to m. in. Skorygowane Kryterium Informacyjne Akaikego (ang. *Corrected AIC, AIC_c*) oraz Bayesowskie Kryterium Informacyjne Schwarza (ang. *Bayesian Information Criterion, BIC*), które interpretuje się tak samo jak kryterium Akaikego [30].

Przy obliczeniach dotyczących stosunkowo małych zbiorów danych, można użyć każdej z tych metod, ale w przypadku dużej liczby obserwacji, niektóre obliczenia mogą zająć zbyt wiele czasu. Najmniej skomplikowany obliczeniowo jest test Walda, gdzie dokonujemy tylko jednej estymacji współczynników. Przy użyciu testu ilorazu wiarygodności, należy dokonać dwóch estymacji - dla modelu z i bez testowanego efektu. Stosując testy permutacyjne, musimy dokonać obliczeń setki lub tysiące razy. Dlatego w przypadku najbardziej skomplikowanych problemów zwykle stosuje się dla efektów stałych test Walda, mimo jego gorszych właściwości statystycznych [2].

1.2.3. Predykcja z modelu mieszanego

Proces predykcji jest trudniejszy w przypadku modelu mieszanego niż dla zwykłego modelu liniowego. Musimy zdecydować, czy uwzględnić, czy wykluczyć efekt losowy z predykcji. Efekty losowe mogą mieć różny wkład w predykcję. Mogą być całkowicie pominięte, mogą być uśrednione lub mogą być na pewnym ustalonym poziomie. Uśrednienie efektów losowych powoduje predykcję zależną od wartości efektów losowych, które zostały zaobserwowane do tej pory. Pominięcie efektów losowych powoduje predykcję na poziomie średniej populacyjnej [28].

Aby lepiej przybliżyć zagadnienie predykcji z modelu mieszanego, posłużymy się przykładem badania mleczności krów. Dla 10 krów (oznaczonych literami od A do J) zmierzono ilość mleka wyprodukowaną przez każdą z nich w ciągu dnia. Pomiary powtórzono pięciokrotnie [2]. Model ma postać

$$y_{milk.amount} = \mu + Z_{cow}u_{cow} + \varepsilon,$$

$$u_{cow} \sim \mathcal{N}(0, \sigma_{cow}^2).$$

Jeżeli chcielibyśmy dokonać predykcji dla nieznanej lub do tej pory niezbadanej przez nas krowy, to wynikiem byłaby ocena średniej dla całej populacji, czyli $\hat{\mu}$. Aby dokonać predykcji dla konkretnej krowy spośród tych przebadanych, potrzebne nam są oceny efektów osobniczych krów. Znając macierz D i parametry β , **predykcje efektów losowych** \tilde{u} można wyznaczyć ze wzoru

$$\tilde{u} = DZ^TV^{-1}(y - X\beta),$$

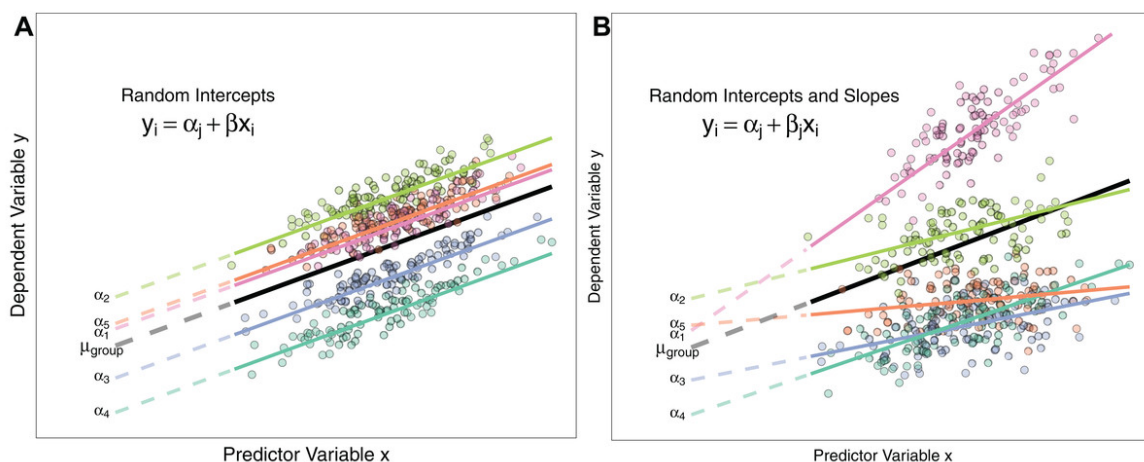
gdzie V to macierz $\sigma^2(I + ZDZ^T)$ [2]. Wówczas predykcja będzie sumą $\hat{\mu}$ oraz oceny efektu losowego dla odpowiedniego osobnika.

1.2.4. Interpretacja parametrów modelu mieszanego

W modelu mieszanym efekty stałe należy interpretować tak jak w przypadku regresji, analizy wariancji lub analizy kowariancji, w zależności od rodzaju zmiennej

niezależnej. Trzeba jednak pamiętać, że oszacowane wartości współczynników reprezentują wartość średnią dla całej populacji, a dla poszczególnych obiektów badania będą się różnić o wartość oceny efektu osobniczego. Dla efektu losowego możemy oszacować jego wariancję. Informuje nas ona o tym, jak bardzo mogą się różnić współczynniki efektów stałych dla poszczególnych obiektów badania [20].

Można wyróżnić dwa główne rodzaje modeli mieszanych. Pierwszym typem jest **model z losowym wyrazem wolnym** (ang. *Random Intercept Model*). W takim modelu jedynie wyraz wolny różni się pomiędzy grupami obserwacji [10]. Przykład takiego modelu jest przedstawiony na rysunku 1.2 na wykresie A. Widać, że prosta regresji dla poszczególnych grup może być przesunięta w górę lub w dół w stosunku do średniej globalnej (μ_{group}). Innym rodzajem modelu mieszanego jest model, w którym także współczynniki przy niektórych zmiennych także różnią się pomiędzy grupami [10]. Przykładem takiego modelu jest **model z losowym wyrazem wolnym i współczynnikiem nachylenia** (ang. *Random Intercept and Slope*) pokazany na rysunku 1.2 na wykresie B. Oprócz zmian w wyrazie wolnym między grupami, widać, że prosta regresji może być nachylona do osi OX pod mniejszym lub większym kątem niż prosta regresji dla całej populacji (oznaczona kolorem czarnym).



Rysunek 1.2: Rodzaje modeli mieszanych

Źródło: [7]

Warto dodać, że model mieszany dla danych dotyczących zmian w czasie (ang. *longitudinal data*) lub dla danych grupowanych (ang. *clustered data*) może być używany z odpowiedniego modelu dla danych przekrojowych (ang. *cross-sectional data*) poprzez wprowadzenie do niego efektów losowych. Oznacza to, że oprócz omawianych w tej pracy modeli liniowych z efektami stałymi i losowymi (ang. *Linear Mixed Effects Models*, *LME models*) wyróżniamy także nieliniowe modele mieszane (ang. *Nonlinear Mixed Effects Models*, *NLME models*) oraz uogólnione liniowe modele mieszane (ang.

Generalized Linear Mixed Model, GLMM), które uzyskujemy odpowiednio z modeli nieliniowej regresji oraz uogólnionych modeli liniowych (*GLM*). Z kolei w analizie przeżycia pojawiają się mieszane modele przeżycia nazywane *frailty models* [10]. W części praktycznej tej pracy będziemy mieli do czynienia jedynie z modelami liniowymi z efektami stałymi i losowymi.

Rozdział 2

Modele rozwoju pandemii

2.1. Opis zbioru badawczego

Zbiór danych pochodzi z witryny internetowej Our World In Data [14], 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, dni są numerowane kolejnymi liczbami całkowitymi. Ze zbioru danych zostały usunięte wszystkie kraje o populacji poniżej miliona mieszkańców, ponieważ w większości były to nieduże wyspy, 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 [13]:

- liczba zachorowań (*total_cases_per_million*) - jest to liczba potwierdzonych przypadków koronawirusa w danym kraju od momentu rozpoczęcia epidemii. Zamiast wartości liczby zachorowań, będziemy używać liczby zachorowań na milion mieszkańców,
- czas (*time*) - numer dnia od początku pandemii w danym kraju,
- liczba wykonanych testów (*total_tests_per_thousand*) - będziemy używać liczby wykonanych testów w przeliczeniu na tysiąc mieszkańców danego kraju,
- wskaźnik siły obostrzeń (*stringency_index*) - wskaźnik tego, jak silne obostrzenia wprowadził rząd danego kraju. Jest to kombinacja dziewięciu 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 [1],

- gęstość zaludnienia (*population_density*),
 - PKB danego kraju na osobę (*GDP_per_capita*) - Produkt Krajowy Brutto, przeliczony na hipotetyczną walutę dolara międzynarodowego [15],
 - część społeczeństwa żyjąca w skrajnym ubóstwie (*extreme_poverty*) - stan na możliwie aktualny rok po 2010,
 - 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,
 - wskaźnik rozwoju społecznego, tzw. HDI (*human_development_index*) - miara opisująca stopień rozwoju społeczno-ekonomicznego poszczególnych krajów, do którego pomiaru służą m. in. oczekiwana długość życia, średnia liczba lat edukacji otrzymanej przez mieszkańców w wieku co najmniej 25 lat, oczekiwana liczba lat edukacji, PKB na osobę [26],
 - oczekiwana długość życia (*life_expectancy*) - stan na 2019 r.
- Dane były zbierane do dnia 1 grudnia 2020 r.

2.2. Wyniki

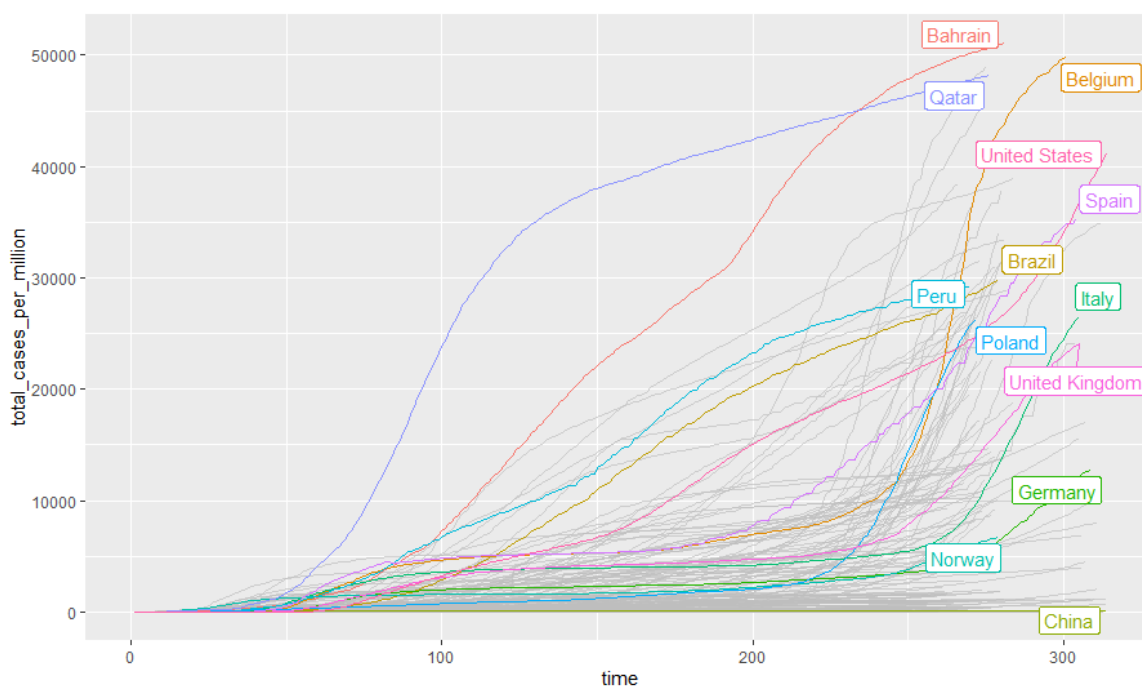
We wszystkich modelach mieszanych kraj jest czynnikiem losowym. Modele mieszane są budowane na podstawie całego zbioru danych. Modele regresji prostej są budowane na podstawie zbioru danych, gdzie znajdują się po maksymalnie cztery obserwacje dla każdego kraju: po 3, 6, 9 i 12 miesiącach trwania epidemii. W przypadku modeli liniowych zastosowano konieczne przekształcenia zmiennych za pomocą transformacji Boxa-Coxa.

Modele są dopasowywane przy użyciu środowiska R. Do dopasowania modeli mieszanych zostały wykorzystane pakiety `lme4` oraz `lmerTest`. Funkcja `lmer` z pakietu `lme4` wykorzystuje opisaną w części teoretycznej metodę oszacowania parametrów modelu mieszanego - algorytm używający macierzy rzadkich oraz dekompozycji Choleskiego [3]. Pakiet `lmerTest` umożliwia obliczenie *p*-value dla parametrów modelu mieszanego [4]. W przypadku modeli liniowych użyto funkcji `lm` z pakietu bazowego R. Funkcja ta wykorzystuje metodę najmniejszych kwadratów estymacji parametrów modelu liniowego [18]. W modelach, gdzie dokonano transformacji zmiennych, została użyta funkcja `powerTransform` z pakietu `car`. Funkcja ta wykorzystuje transformację Boxa-Coxa [19].

Dla uproszczenia zapisu, we wszystkich poniższych modelach nazwa *total_cases* oznacza zmienną *total_cases_per_million*, a *total_tests* jest używane zamiennie z *total_tests_per_thousand*.

2.2.1. Zależność między liczbą zachorowań a czasem

Na początek interesuje nas dynamika rozwoju pandemii, badamy więc hipotezę, że **czas ma istotny wpływ na liczbę zachorowań w poszczególnych krajach**. Na rysunku 2.1 jest pokazana zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem (gdzie czas rozumiemy jako kolejne dni trwania epidemii). Widzimy, że największa liczba zachorowań (na milion mieszkańców) pojawia się w Bahrajnie i Katarze. W krajach takich jak Polska, Niemcy, Włochy, Wielka Brytania, początkowo wzrost liczby zachorowań jest dość wolny, dopiero pomiędzy dwusetnym a trzysetnym dniem epidemii następuje bardziej gwałtowna zmiana. Jest to szczególnie widoczne na przykładzie Belgii, gdzie pod koniec badanego okresu są notowane bardzo wysokie liczby zachorowań. Dla Chin wykres jest dość płaski, prawdopodobnie z powodu bardzo dużej populacji - w przeliczeniu na milion mieszkańców, zachorowań w Chinach było najmniej.



Rysunek 2.1: Wykres przedstawiający zależność liczby zachorowań na milion mieszkańców od czasu w podziale na kraje

Źródło: Opracowanie własne

Zaczynamy od budowy modelu z losowym wyrazem wolnym. Ma on postać

$$y_{total_cases} = \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + Z_{location}u_{location} + \varepsilon,$$

a więc przedstawia zależność liczby zachorowań od czasu, a kraj jest efektem losowym. Podsumowanie tego modelu jest przedstawione w tabeli 2.1. Widać, że efekt losowy jest odpowiedzialny za około połowę wariancji resztowej. Oznacza to, że zmienność liczby

zachorowań dla danego kraju jest około dwukrotnie mniejsza niż zmienność liczby zachorowań dla różnych krajów. Zarówno wyraz wolny, jak i współczynnik przy zmiennej $time$ są istotne statystycznie (p -value poniżej 0.001). Dodatkowo, β_{time} wynosi 37.31, jest dodatni, więc upływający czas sprawia, że liczba zachorowań rośnie.

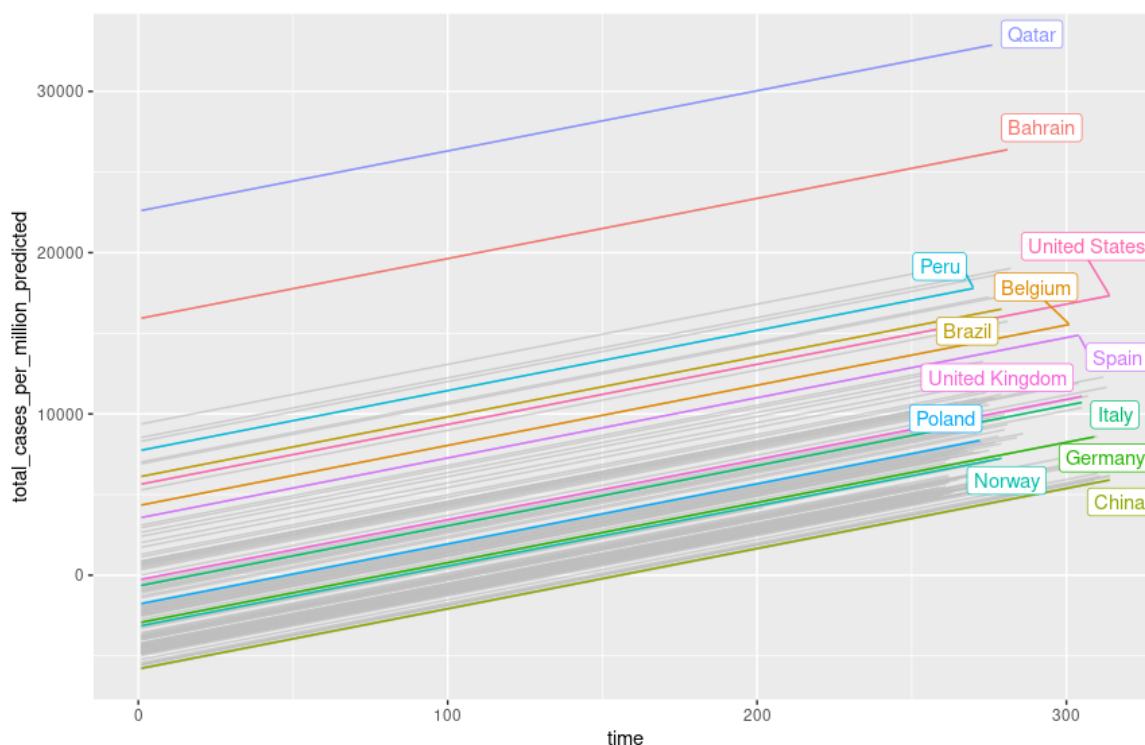
Tabela 2.1: Wyniki dla modelu mieszanego z uwzględnieniem wpływu kraju na wyraz wolny; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem

	Model 1.1
(Intercept)	−1941.35*** (337.72)
time	37.31*** (0.26)
AIC	806648.05
BIC	806682.57
Log Likelihood	−403320.03
Num. obs.	41287
Num. groups: location	151
Var: location (Intercept)	16967251.36
Var: Residual	17530563.89

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Na rysunku 2.2 widzimy linie dopasowane do liczby zachorowań w poszczególnych krajach. Każda prosta ma taki sam współczynnik kierunkowy, jedynie punkt przecięcia z osią OY (*Intercept*) różni się pomiędzy poszczególnymi krajami. Z tego wykresu możemy odczytać jedynie, jak różnią się średnie poziomy liczby zachorowań między krajami, widać na przykład, że w Katarze i Bahrajnie jest średnio najwięcej zachorowań, a w Chinach najmniej. Nie ma tu żadnej informacji na temat różnic w dynamice rozwoju pandemii.



Rysunek 2.2: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu mieszanego z losowym wyrazem wolnym

Źródło: Opracowanie własne

Oprócz powyższego modelu, w którym tylko wyraz wolny różni się pomiędzy krajami, można rozważyć także model, gdzie współczynnik nachylenia prostej także będzie zależał od efektu losowego, czyli model postaci:

$$y_{total_cases} = \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + Z_{0,location}u_{0,location} + \\ + Z_{time,location}u_{time,location} + \varepsilon,$$

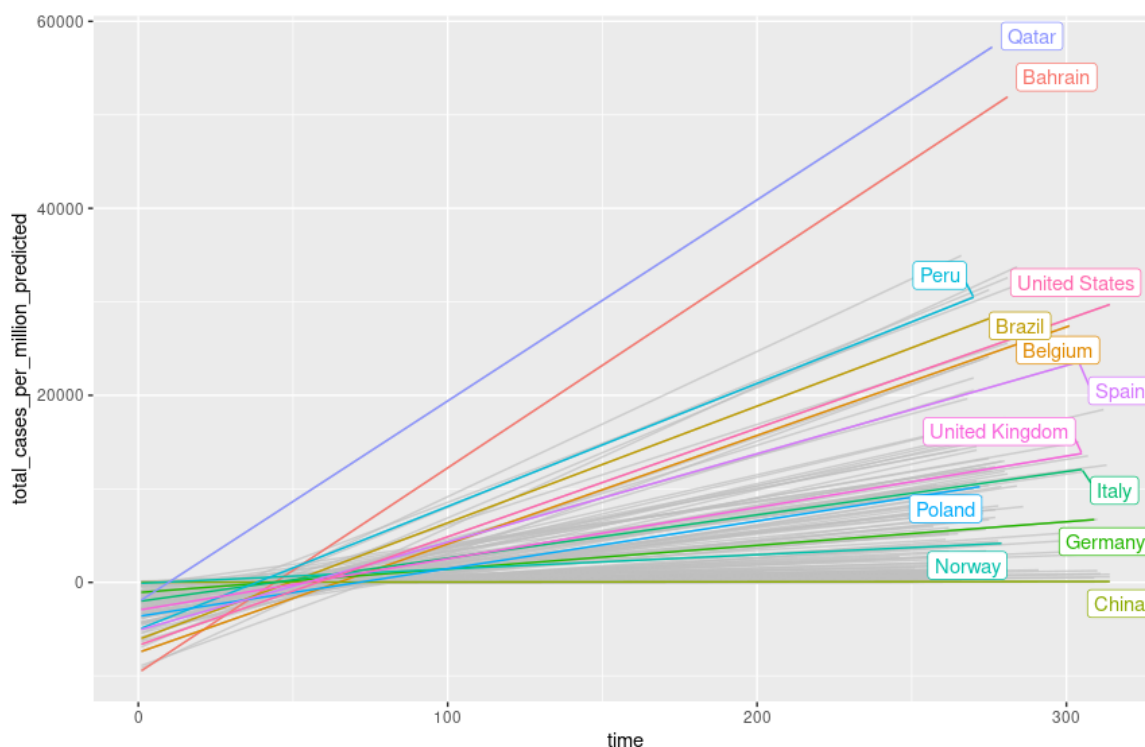
dla którego podsumowanie jest przedstawione w tabeli 2.2.

Tabela 2.2: Wyniki dla modelu mieszanego z uwzględnieniem wpływu kraju na wyraz wolny i przesunięcie linii regresji; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem

	Model 1.2
(Intercept)	−1784.78*** (145.44)
time	35.49*** (2.93)
AIC	759067.36
BIC	759119.13
Log Likelihood	−379527.68
Num. obs.	41287
Num. groups: location	151
Var: location (Intercept)	3113329.04
Var: location time	1296.95
Cov: location (Intercept) time	−53442.24
Var: Residual	5450792.56

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$ *Źródło:* Opracowanie własne

Wykres 2.3 pozwala na dostrzeżenie różnic w tempie rozwoju pandemii w poszczególnych krajach. Widać, że dla Kataru i Bahrajnu tempo rozwoju jest najszybsze, a dla Chin najwolniejsze. Jednakże, model ten nie uwzględnia fazy gwałtownego wzrostu, która występowała pod koniec badanego okresu (widać to było na przykładzie Belgii, Polski czy Włoch na rys. 2.1). Dlatego do modelu spróbujemy włączyć kolejne potęgi zmiennej *time*.



Rysunek 2.3: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu, gdzie zarówno wyraz wolny, jak i współczynnik nachylenia prostej różnią się pomiędzy krajami

Źródło: Opracowanie własne

Zbudujemy model mieszany, gdzie zależność liczby zachorowań od czasu jest opisana funkcją kwadratową:

$$y_{total_cases} = \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + X_{time^2}\beta_{time^2} + \\ + Z_{0,location}u_{0,location} + Z_{time,location}u_{time,location} + \\ Z_{time^2,location}u_{time^2,location} + \varepsilon.$$

Wyniki dla tego modelu znajdują się w tabeli 2.3.

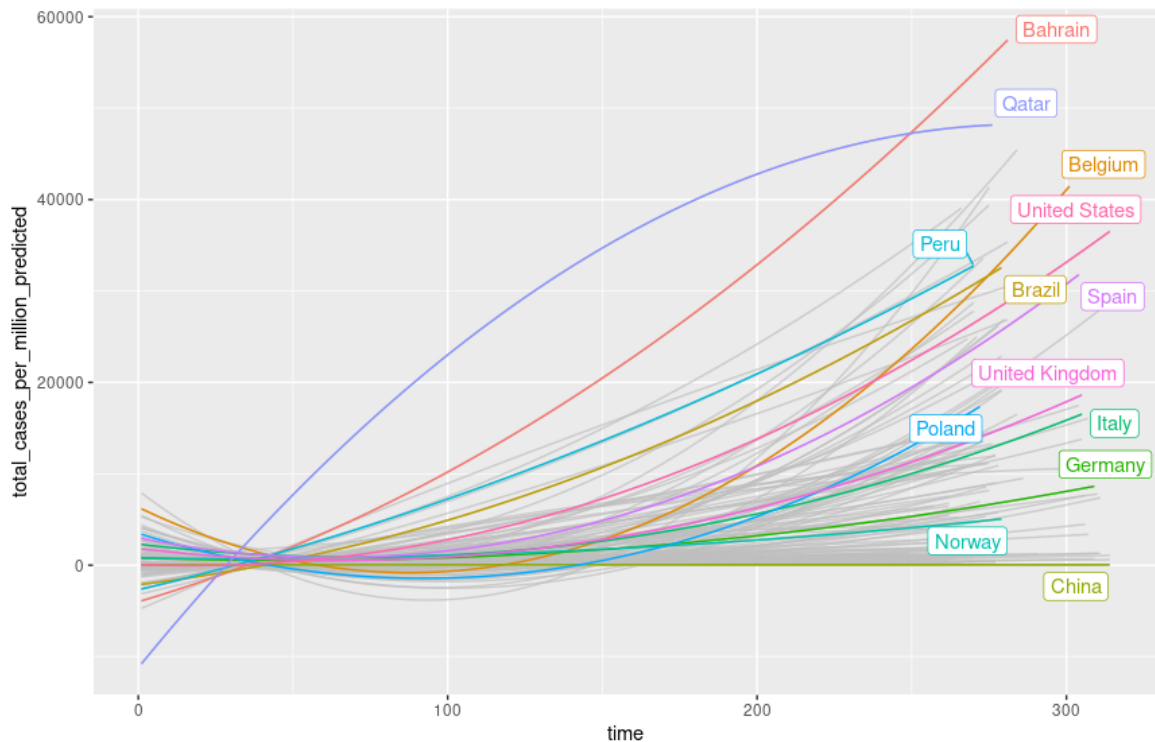
Tabela 2.3: Wyniki dla modelu wielomianowego mieszanego uwzględniającego wpływ kraju; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem

	Model 1.3
(Intercept)	383.14*** (107.34)
time	−10.66 (161.66)
time ²	0.16 (0.21)
AIC	721041.58
BIC	721127.86
Log Likelihood	−360510.79
Num. obs.	41287
Num. groups: location	151
Var: location (Intercept)	1671050.31
Var: location time	3946212.95
Var: location time ²	6.52
Cov: location (Intercept) time	24812.00
Cov: location (Intercept) time ²	279.78
Cov: location time time ²	5030.38
Var: Residual	2045067.48

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Wizualnie model z drugą potęgą zmiennej *time* wydaje się być lepiej dopasowany do danych (rys. 2.4), jednakże w tym modelu ani pierwsza, ani druga potęga zmiennej niezależnej nie są istotne statystycznie.



Rysunek 2.4: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu, gdzie zarówno wyraz wolny, jak i współczynniki przy $time$ i $time^2$ zależą od kraju

Źródło: Opracowanie własne

Wracając do rysunku 2.1, można podejrzewać, że do danych będzie dobrze pasował model mieszany, w którym efekt czasu jest opisany wielomianem trzeciego stopnia, czyli

$$\begin{aligned}
 y_{total_cases} = & \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + X_{time^2}\beta_{time^2} + X_{time^3}\beta_{time^3} + \\
 & + Z_{0,location}u_{0,location} + Z_{time,location}u_{time,location} + \\
 & + Z_{time^2,location}u_{time^2,location} + Z_{time^3,location}u_{time^3,location} + \varepsilon.
 \end{aligned}$$

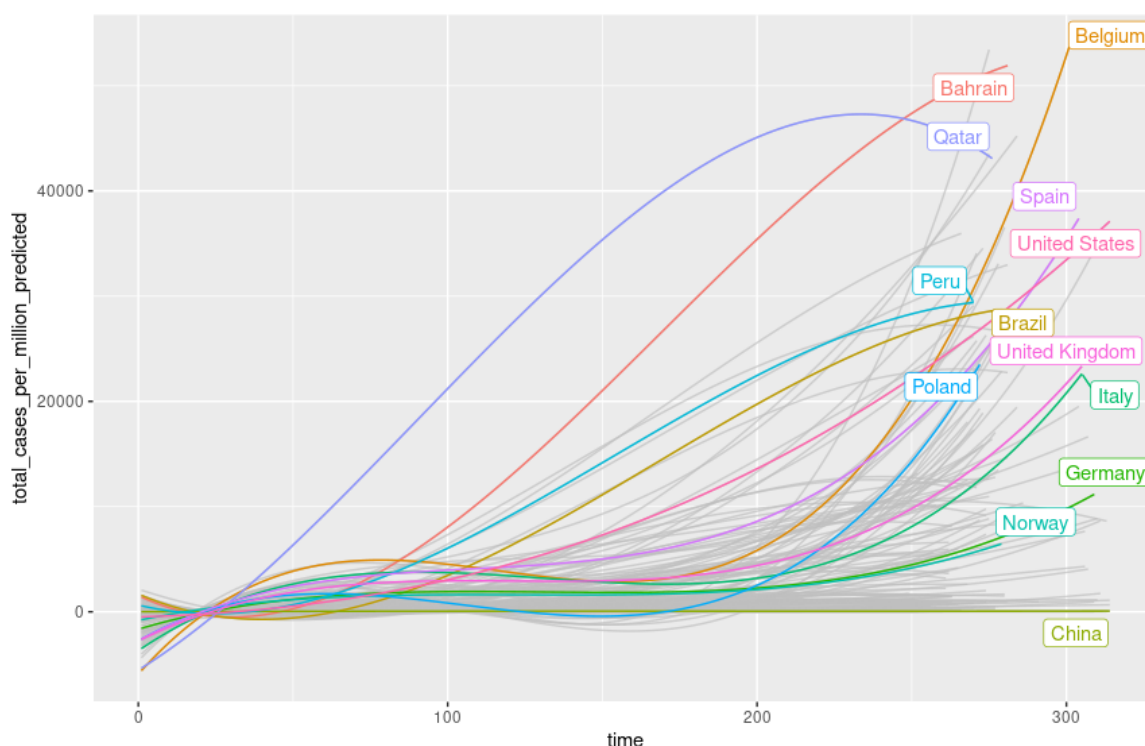
Podsumowanie tego modelu można odczytać z tabeli 2.4.

Tabela 2.4: Wyniki dla modelu mieszanego wielomianowego stopnia trzeciego; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem

	Model 1.4
(Intercept)	3101.45*** (320.37)
time	577597.25*** (54939.11)
time ²	202728.96*** (28196.37)
time ³	71609.14*** (20647.78)
AIC	675017.16
BIC	675146.58
Log Likelihood	−337493.58
Num. obs.	41287
Num. groups: location	151
Var: location (Intercept)	15495330.05
Var: location time	455584118475.42
Var: location time ²	119854000709.20
Var: location time ³	64197657040.51
Cov: location (Intercept) time	2548609171.19
Cov: location (Intercept) time ²	329435355.67
Cov: location (Intercept) time ³	−105891364.41
Cov: location time time ²	113956385885.80
Cov: location time time ³	10930922943.81
Cov: location time ² time ³	68483035447.11
Var: Residual	681134.37

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$ *Źródło:* Opracowanie własne

Wszystkie trzy potęgi zmiennej *time* są istotne statystycznie (p -value poniżej 0.001), w dodatku przy każdej z nich współczynnik jest dodatni. Wykresy dopasowane na podstawie tego modelu są przedstawione na rysunku 2.5. Ten model uwzględnia fazę wzrostu liczby zachorowań pod koniec obserwowanego okresu. Dla większości badanych krajów epidemię można z grubsza podzielić więc na trzy fazy: początkowy powolny wzrost, następnie stabilizacja, a jeszcze później - gwałtowny wzrost.



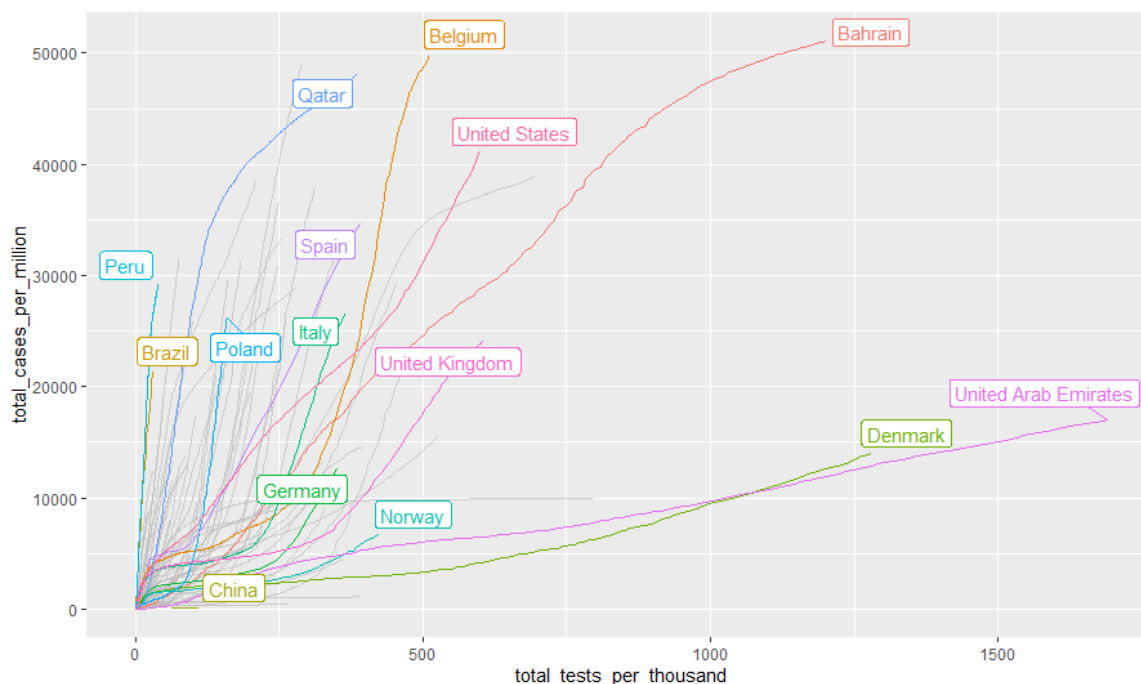
Rysunek 2.5: Model mieszany, gdzie zależność liczby zachorowań od czasu jest opisana wielomianem trzeciego stopnia

2.2.2. Zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów na COVID-19

Liczba zachorowań jest ustalana na podstawie liczby pozytywnych wyników testów na COVID-19. W niektórych krajach potwierdzić zachorowanie można także na podstawie innych badań, na przykład tomografii albo RTG płuc, jednakże najpopularniejszą metodą diagnozowania tej choroby są testy. Z tego powodu zbadamy hipotezę, że **istnieje związek pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów na COVID-19**.

Na rysunku 2.6 przedstawiona jest zależność liczby zachorowań od liczby wykonywanych testów. Na pierwszy rzut oka widać, że wraz ze wzrostem liczby testów rośnie liczba zachorowań. W niektórych krajach (np. Peru, Brazylia) ten wzrost jest bardzo

gwałtowny, mimo stosunkowo niewielkiej liczby testów. W krajach takich jak Polska czy Włochy widać też fazy epidemii, o których była mowa przy okazji zależności liczby zachorowań od czasu. W Danii i Zjednoczonych Emiratach Arabskich wykonywane jest bardzo dużo testów, ale wzrost liczby zachorowań jest wolniejszy niż w większości krajów.



Rysunek 2.6: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów w poszczególnych krajach

Źródło: Opracowanie własne

Model mieszany ma postać:

$$y_{total_cases} = \beta_0 + X_{total_tests}\beta_{total_tests} + Z_{location}u_{location} + \varepsilon.$$

Badamy tutaj, czy liczba wykonywanych testów (w przeliczeniu na 1000 mieszkańców) ma wpływ na liczbę zachorowań. Dla tego modelu otrzymujemy wyniki przedstawione w tabeli 2.5.

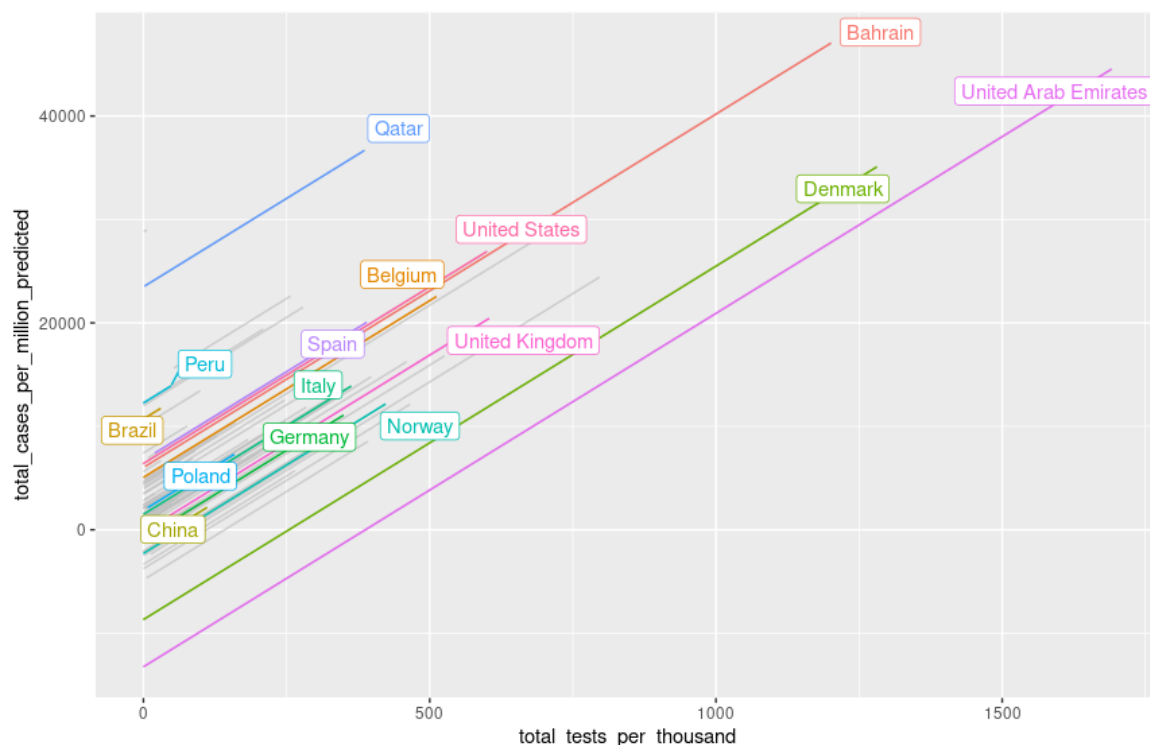
Tabela 2.5: Wyniki dla modelu mieszanego uwzględniającego wpływ kraju na wyraz wolny; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów

	Model 2.1
(Intercept)	1741.18*** (464.57)
total_tests_per_thousand	34.85*** (0.28)
AIC	430649.03
BIC	430681.01
Log Likelihood	−215320.52
Num. obs.	21907
Num. groups: location	97
Var: location (Intercept)	20699413.62
Var: Residual	19714018.35

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Widać po pierwsze, że efekt losowy jest odpowiedzialny za ponad połowę zmienności resztowej modelu. Po drugie, widać, że efekt stały liczby wykonywanych testów jest istotny statystycznie (p -value poniżej 0.001), i ma wpływ stymulujący na liczbę zachorowań (współczynnik β_{total_tests} wynosi 34.85). Dopasowanie tego modelu jest przedstawione na rysunku 2.7. Wykres pokazuje, gdzie średnia liczba zachorowań jest największa w zależności od liczby wykonywanych testów, ale nie pozwala na porównanie tego, jak szybko wzrasta liczba zachorowań w krajach.



Rysunek 2.7: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu mieszanego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów

Źródło: Opracowanie własne

Można także dopasować model, w którym współczynnik nachylenia prostej zależy od kraju:

$$y_{total_cases} = \beta_0 + X_{total_tests} \beta_{total_tests} + \\ + Z_{0,location} u_{0,location} + Z_{total_tests,location} u_{total_tests,location} + \varepsilon.$$

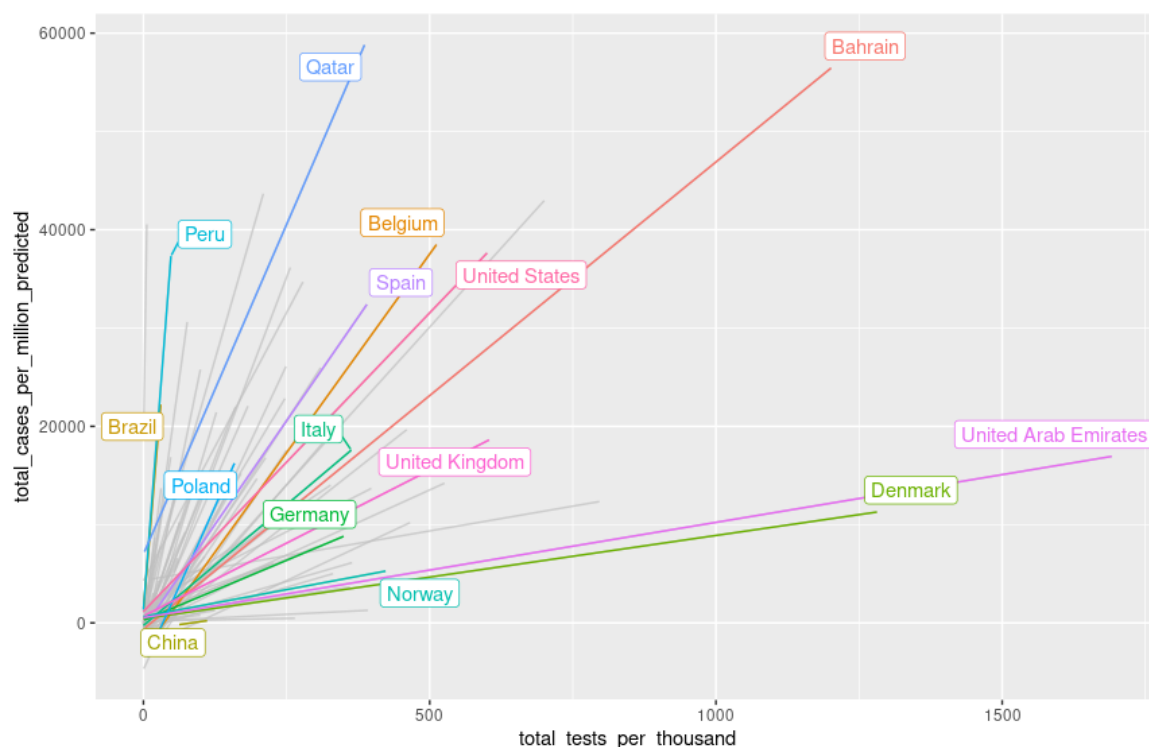
Dla takiego modelu otrzymujemy wyniki przedstawione w tabeli 2.6.

Tabela 2.6: Wyniki dla modelu liniowego uwzględniającego wpływ kraju na parametry modelu; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów

	Model 2.2
(Intercept)	−324.65 (175.92)
total_tests_per_thousand	109.17*** (13.83)
AIC	391507.90
BIC	391555.87
Log Likelihood	−195747.95
Num. obs.	21907
Num. groups: location	97
Var: location (Intercept)	2910697.88
Var: location total_tests_per_thousand	18059.27
Cov: location (Intercept) total_tests_per_thousand	−6245.44
Var: Residual	3206479.62

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$ *Źródło:* Opracowanie własne

Proste regresji dopasowane z tego modelu są widoczne na wykresie 2.8. Oddają one szybkość rozwoju pandemii w zależności od liczby testów w poszczególnych krajach. Widać przykładowo, że proste regresji dla Danii i Zjednoczonych Emiratów Arabskich są nachylone pod stosunkowo małym kątem, z kolei dla Brazylii i Peru kąt nachylenia jest duży. Wykres ten nie oddaje dokładnie dynamiki rozwoju pandemii, nie uwzględnia tego, że w międzyczasie krzywe wypłaszczały się, aby potem gwałtowniej wzrosnąć. Ten model umożliwia jednak proste porównanie tego, jak szybko w różnych krajach wzrastała liczba zachorowań w zależności od liczby wykonywanych testów.



Rysunek 2.8: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu typu *Random Intercept and Slope* do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów

Źródło: Opracowanie własne

2.2.3. Zależność między liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia

Można się spodziewać, że kraje o wyższej oczekiwanej długości życia charakteryzują się wyższą liczbą zachorowań, gdyż osoby starsze są bardziej narażone na zachorowanie, podczas gdy młodszy albo nie chorują, albo przechodzą infekcję bezobjawowo. Zbadamy hipotezę o tym, że **kraje o różnej oczekiwanej długości życia różnią się liczbą zachorowań**.

Trzeci model jest modelem liniowym, ponieważ cecha *life_expectancy* nie zmienia się dla danego kraju. Z transformacji Boxa-Coxa otrzymujemy następujące potęgi dla zmiennych: 3.72 dla *life_expectancy* oraz 0.09 dla *total_cases_per_million*. W przybliżeniu przyjmijmy czwartą potęgę dla pierwszej zmiennej, a dla drugiej logarytm, co daje model

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \beta_{life_expectancy} X_{life_expectancy}^4 + \varepsilon.$$

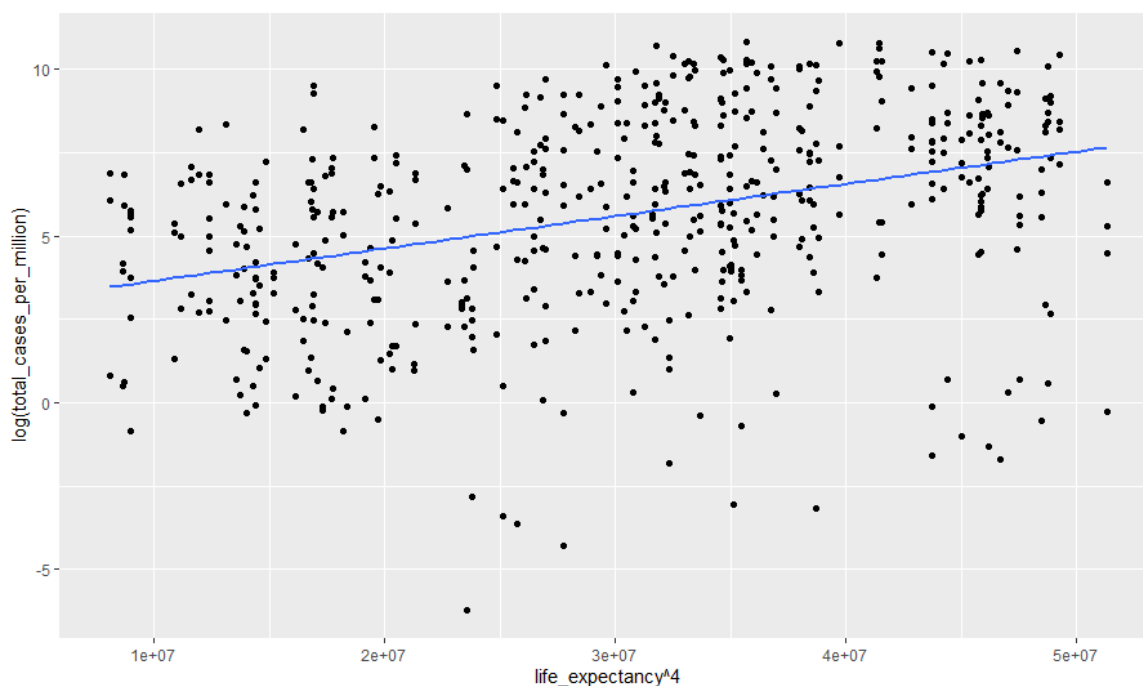
Podsumowanie tego modelu jest przedstawione w tabeli 2.7.

Tabela 2.7: Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia

	Model 3
(Intercept)	3.22*** (0.04)
life_expectancy ⁴	$8.54 \cdot 10^{-8}$ *** (0.00)
R ²	0.10
Adj. R ²	0.10
Num. obs.	41287

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.9: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia

Źródło: Opracowanie własne

Efekt *life_expectancy* jest istotny statystycznie (p -value poniżej 0.001). Współczynnik $\beta_{life_expectancy}$ wynosi około $8.54 \cdot 10^{-8}$. Jest on dodatni, co oznacza, że ze wzrostem oczekiwanej długości życia rośnie liczba zachorowań na COVID-19. Niska wartość tego współczynnika może wynikać z tego, że zmienna *life_expectancy* jest podniesiona do potęgi 4, więc obserwacje mają duże wartości. Współczynnik R^2 wynosi

około 0.1, więc jest niski. Dopasowanie modelu liniowego do danych po przekształceniu jest przedstawione na rysunku 2.9.

2.2.4. Zależność między liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia

Koronawirus rozprzestrzenia się drogą kropelkową, rozwojowi pandemii sprzyjają więc miejsca, gdzie dużo osób ma ze sobą kontakt osobisty. Dlatego rozważymy hipotezę, że **gęstość zaludnienia ma wpływ na liczbę zachorowań**.

Czwarty model również jest modelem regresji prostej. Stosujemy przekształcenie logarytmiczne obu zmiennych:

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \log(X_{population_density})\beta_{population_density} + \varepsilon.$$

Wykres rozrzutu obu zmiennych po przekształceniu znajduje się na rysunku 2.10. Wyniki dla modelu są przedstawione w tabeli 2.8.

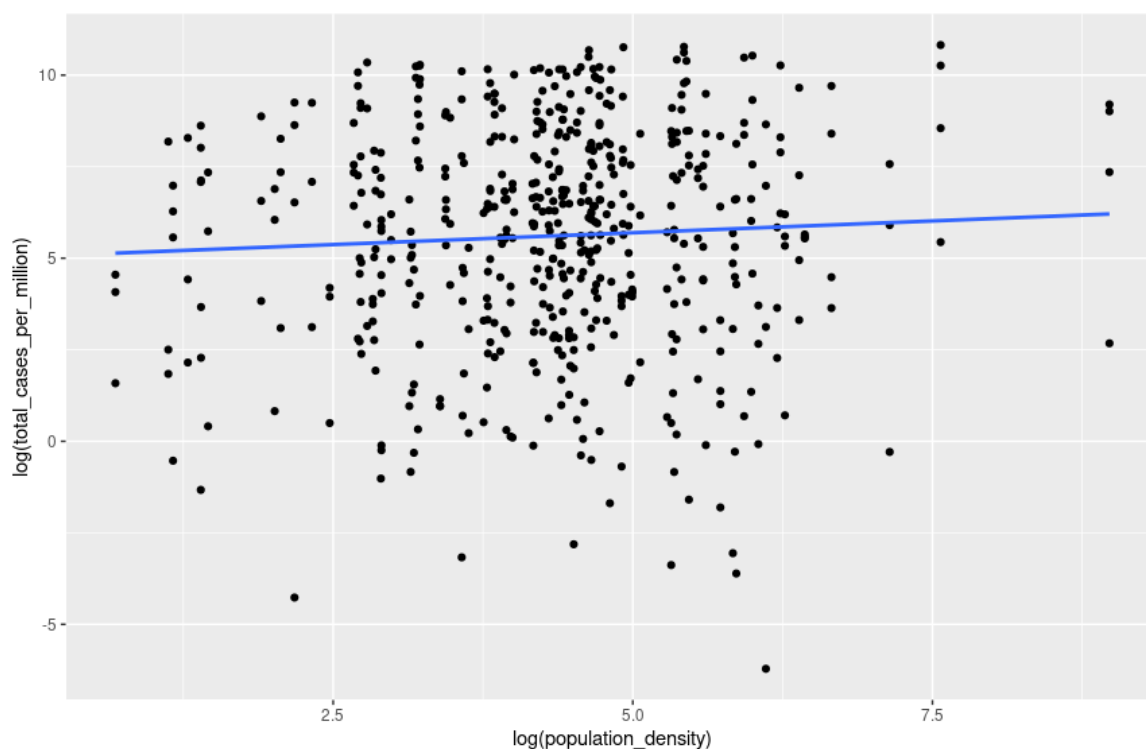
Tabela 2.8: Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem zmiennych; Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia

	Model 4
(Intercept)	5.05*** (0.46)
$\log(\text{population_density})$	0.13 (0.10)
R^2	0.00
Adj. R^2	0.00
Num. obs.	537

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Gęstość zaludnienia nie jest czynnikiem istotnym statystycznie (p -value powyżej 0.05), a R^2 jest bliskie 0. Nie można mówić o istotnym związku pomiędzy gęstością zaludnienia a liczbą zachorowań.



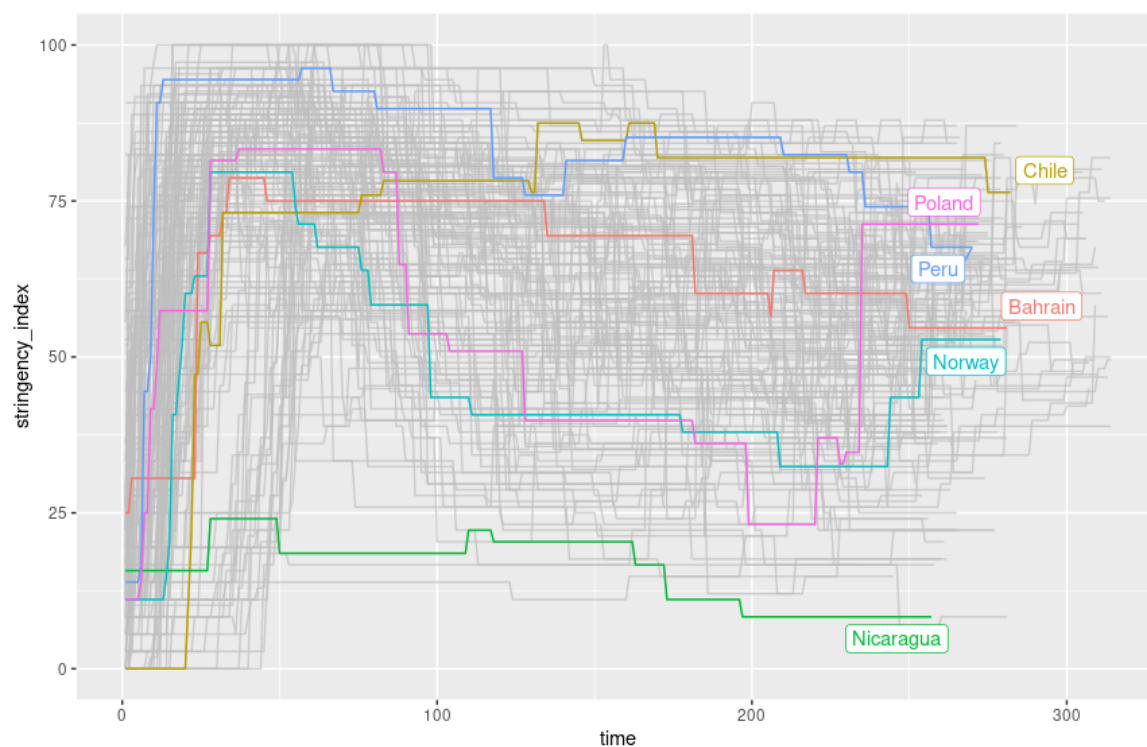
Rysunek 2.10: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia po przekształceniu logarytmicznym

Źródło: Opracowanie własne

2.2.5. Zależność między liczbą zachorowań a siłą obostrzeń

Aby spowolnić wzrost liczby zachorowań, kraje wprowadzają różne polityki obostrzeń takich jak ograniczenia w przemieszczaniu się, zamknięcie szkół itp. Sprawdźmy więc prawdziwość hipotezy, że **siła obostrzeń ma wpływ na liczbę zachorowań**.

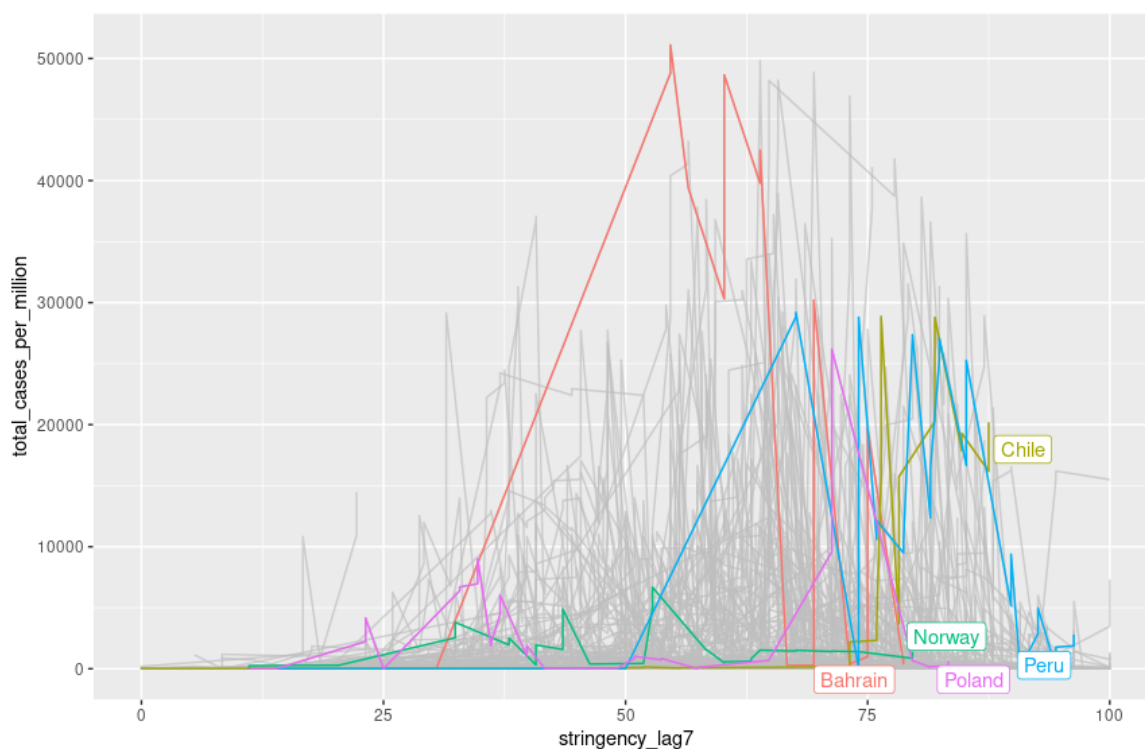
Siła obostrzeń jest mierzona za pomocą zmiennej *stringency_index*. Zarówno wartość średnia, jak i zmienność *stringency_index* bardzo się różnią pomiędzy krajami. Na rysunku 2.11 przedstawiono przebieg zmienności *stringency_index* w czasie. Jak widać, są kraje jak np. Nikaragua, gdzie siła obostrzeń jest na niskim poziomie i ma małą zmienność. Mamy też kraje takie jak Chile lub Peru, w których obostrzenia wzrastały silnie na początku pandemii, a potem zmieniały się już mniej znacznie. W Norwegii obostrzenia początkowo były wysokie, a potem znacząco spadły. W Polsce początkowo poziom siły obostrzeń zmieniał się podobnie jak w Norwegii, ale pod koniec badanego przedziału czasowego znacząco wzrósł.



Rysunek 2.11: Zmiany siły obostrzeń w poszczególnych krajach

Źródło: Opracowanie własne

Przed budową modelu, zostały przeanalizowane korelacje pomiędzy liczbą zachorowań, a zmienną *stringency_index* bez opóźnienia oraz z opóźnieniem kolejno 7, 14, 21, 28, 35 i 42 dni. Najwyższa korelacja wystąpiła przy opóźnieniu o 7 dni, więc tak opóźnionej zmiennej użyjemy do budowy modelu mieszanego. Rysunek 2.12 jest wykresem zależności liczby zachorowań od siły obostrzeń opóźnionej o 7 dni.



Rysunek 2.12: Zależność liczby zachorowań od siły obostrzeń opóźnionej o 7 dni; wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

Na początku zbudujemy model postaci

$$y_{total_cases} = \beta_0 + \beta_{stringency_lag7} X_{stringency_lag7} + Z_{location} u_{location} + \varepsilon.$$

Wyniki dla tego modelu są przedstawione w tabeli 2.9. Zmienna *stringency_lag7* jest istotna statystycznie, choć jest na granicy istotności, gdyż *p*-value wynosi około 0.0464. Współczynnik $\beta_{stringency_lag7}$ ma wartość -2.89 , jest ujemny, co oznacza, że im wyższą wartość przyjmuje *stringency_lag7*, tym mniejsza liczba zachorowań.

Tabela 2.9: Wyniki dla modelu mieszanego z losowym wyrazem wolnym; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni

	Model 5.1
(Intercept)	3377.31*** (364.95)
stringency_lag7	−2.89* (1.45)
AIC	780586.43
BIC	780620.73
Log Likelihood	−390289.21
Num. obs.	39190
Num. groups: location	147
Var: location (Intercept)	18340804.07
Var: Residual	25666097.17

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$ *Źródło:* Opracowanie własne

Spróbujemy także zbudować model, gdzie nachylenie prostej regresji również będzie zależało od kraju

$$y_{total_cases} = \beta_0 + \beta_{stringency_lag7} X_{stringency_lag7} + Z_{location} u_{location} + \\ + Z_{stringency_lag7, location} u_{stringency_lag7, location} + \varepsilon.$$

Podsumowanie tego modelu można odczytać z tabeli 2.10.

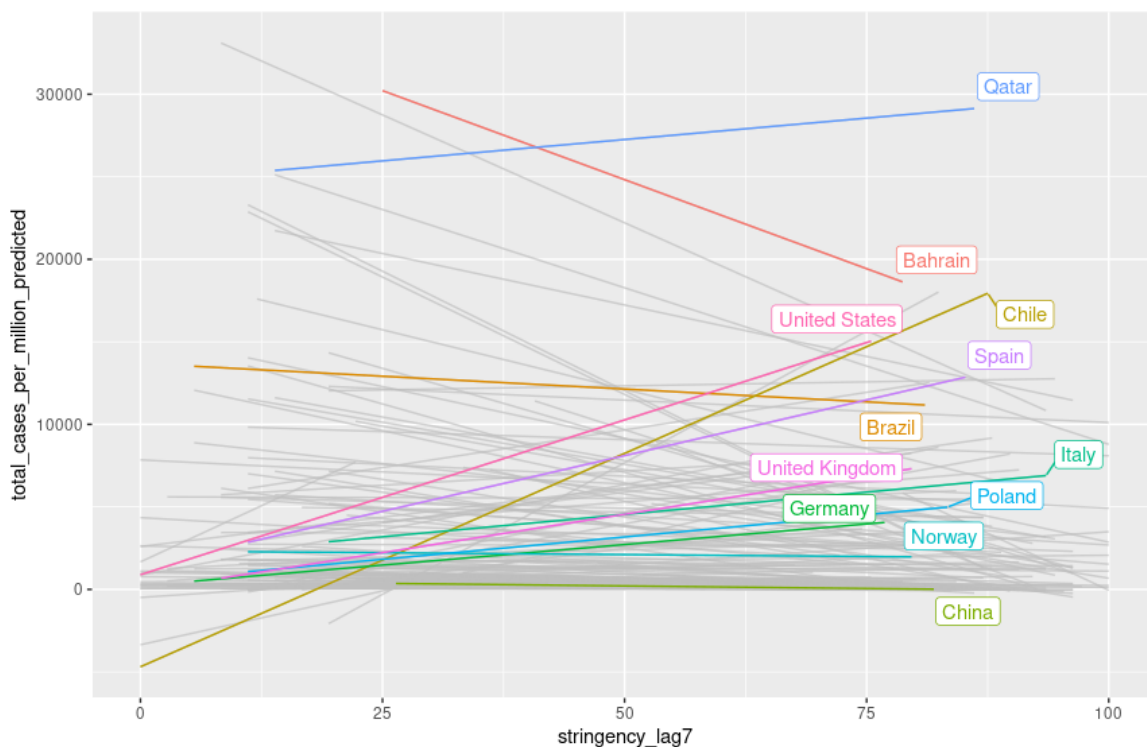
Tabela 2.10: Wyniki dla modelu mieszanego, w którym wyraz wolny oraz $\beta_{stringency_lag7}$ zależą od kraju; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni

	Model 5.2
(Intercept)	4570.86*** (403.65)
stringency_lag7	−14.86* (6.13)
AIC	777617.12
BIC	777668.58
Log Likelihood	−388802.56
Num. obs.	39190
Num. groups: location	147
Var: location (Intercept)	21876819.86
Var: location stringency_lag7	5020.82
Cov: location (Intercept) stringency_lag7	−200474.29
Var: Residual	23567356.48

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Współczynnik przy *stringency_lag7* jest istotny statystycznie (p -value około 0.0162) i wynosi −14.86, co oznacza, że w przeciętnym kraju siła obostrzeń wpływa na zmniejszenie liczby zachorowań po 7 dniach. Proste regresji dopasowane za pomocą tego modelu widać na rysunku 2.13. Z tego wykresu widać, że w niektórych krajach (np. Bahrain i Peru) zależność faktycznie jest malejąca. Z kolei np. w Norwegii zależność jest prawie nieistniejąca. Mamy też kraje takie jak Polska lub Chile, gdzie silniejszym obostrzeniom towarzyszy wyższa liczba zachorowań.



Rysunek 2.13: Proste regresji dopasowane do zależności między opóźnioną o 7 dni siłą obostrzeń a liczbą zachorowań

Źródło: Opracowanie własne

Ponieważ z wykresu 2.12 widać, że zależność między opóźnioną siłą obostrzeń a liczbą zachorowań raczej nie jest liniowa, to dopasujemy model mieszany z drugą potęgą zmiennej *stringency_lag7*:

$$\begin{aligned}
 y_{total_cases} = & \beta_0 + \beta_{stringency_lag7} X_{stringency_lag7} + \beta_{stringency_lag7^2} X_{stringency_lag7^2} + \\
 & + Z_{location} u_{location} + Z_{stringency_lag7,time} u_{stringency_lag7,time} + \\
 & + Z_{stringency_lag7^2,location} u_{stringency_lag7^2,location} + \varepsilon.
 \end{aligned}$$

Podsumowanie tego modelu widać w tabeli 2.11. Współczynnik przy drugiej potęgze *stringency_lag7* jest istotny statystycznie (*p*-value poniżej 0.001) i wynosi -402699.65 . Efekt pierwszej potęgi *stringency_lag7* nie jest istotny, ale nie możemy go usunąć z modelu, ponieważ jest istotny efekt wyższego rzędu.

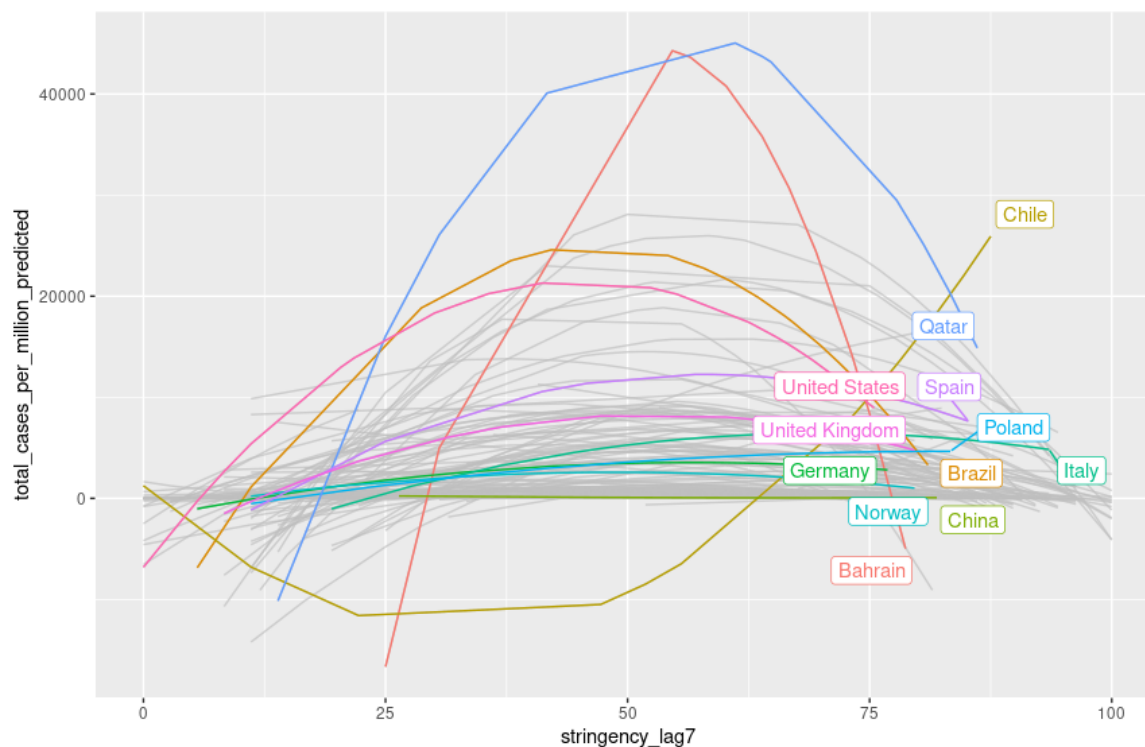
Tabela 2.11: Wyniki dla modelu mieszanego z drugą potęgą zmiennej *stringency_lag7*; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni

	Model 5.3
(Intercept)	3163.02*** (378.38)
<i>stringency_lag7</i>	−21460.51 (37503.93)
(<i>stringency_lag7</i>) ²	−402699.65*** (77604.12)
AIC	763894.16
BIC	763979.92
Log Likelihood	−381937.08
Num. obs.	39190
Num. groups: location	147
Var: location (Intercept)	20524092.27
Var: location <i>stringency_lag7</i>	188332308392.00
Var: location (<i>stringency_lag7</i>) ²	869155957279.70
Cov: location (Intercept) <i>stringency_lag7</i>	168631325.28
Cov: location (Intercept) (<i>stringency_lag7</i>) ²	−1952065450.06
Cov: location <i>stringency_lag7</i> (<i>stringency_lag7</i>) ²	125443897377.66
Var: Residual	16253620.55

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Wykres zależności liczby zachorowań od *stringency_lag7* i drugiej potęgi tej zmiennej widać na rysunku 2.14. W większości krajów współczynnik przy drugiej potędze *stringency_lag7* rzeczywiście jest ujemny, co oznacza, że po przekroczeniu pewnego punktu (a dokładniej wierzchołka paraboli) liczba zachorowań zaczyna spadać. Wyjątkiem jest tu np. Chile, gdzie zależność jest odwrotna.



Rysunek 2.14: Krzywe dopasowane do zależności między pierwszą i drugą potęgą opóźnionej o 7 dni siły obostrzeń a liczbą zachorowań

Źródło: Opracowanie własne

2.2.6. Zależność między liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego

Wskaźnik rozwoju społecznego mówi o tym, jak rozwinięty jest kraj pod względem m. in. gospodarki i edukacji, bierze się w nim pod uwagę także oczekiwaną długość życia. Zbadamy hipotezę mówiącą, że **kraje o różnej wysokości wskaźnika rozwoju społecznego (HDI) różnią się liczbą zachorowań**.

Ponieważ wartość HDI nie zmienia się dla kraju w trakcie trwania epidemii, to szósty model jest modelem regresji prostej. Z przekształcenia Boxa-Coxa otrzymujemy potęgę 2 dla zmiennej HDI oraz logarytm dla $total_cases_per_million$:

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \beta_{HDI} X_{HDI}^2 + \varepsilon.$$

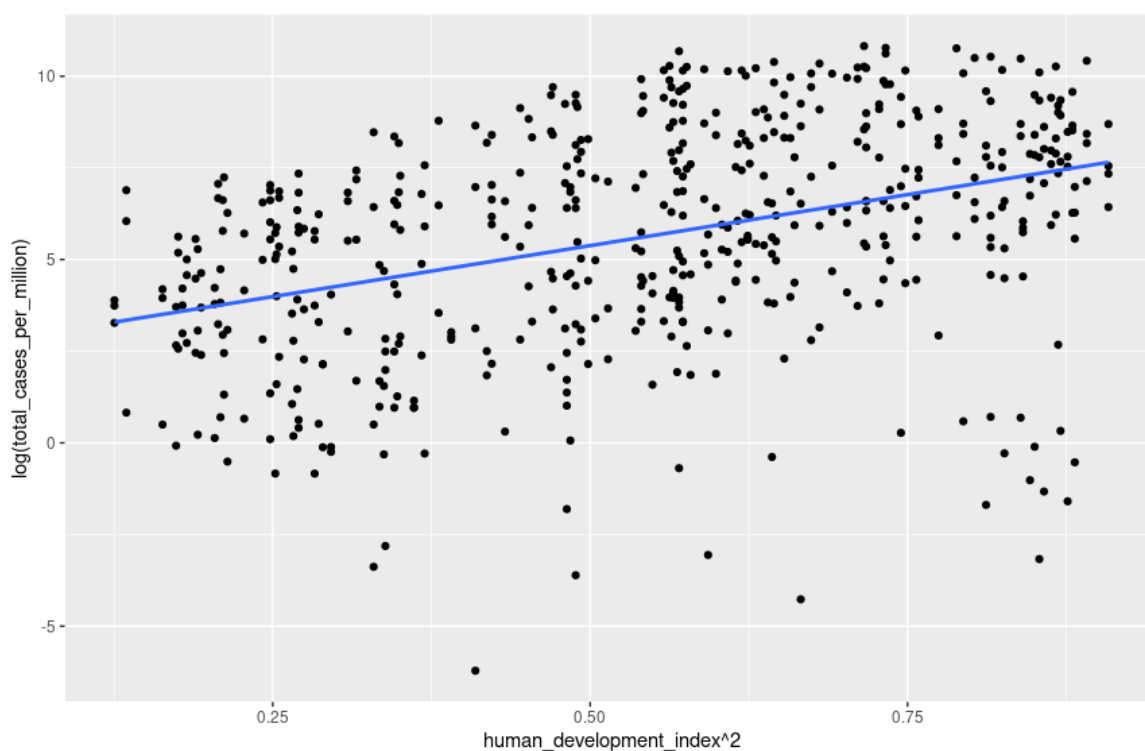
Podsumowanie modelu wygląda jak w tabeli 2.12. Współczynnik β_{HDI} wynosi około 5.57 i jest istotny statystycznie (p -value poniżej 0.001). Wartość tego współczynnika jest dodatnia, co oznacza, że im wyższy wskaźnik rozwoju społecznego w danym kraju, tym więcej potwierdzonych przypadków COVID-19. Współczynnik determinacji wynosi około 15%, więc jest dość niski. Dopasowanie modelu do danych jest ukazane na rysunku 2.15.

Tabela 2.12: Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego

	Model 6
(Intercept)	2.60*** (0.33)
human_development_index ²	5.57*** (0.57)
R ²	0.15
Adj. R ²	0.15
Num. obs.	534

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.15: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego po przekształceniu zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

2.2.7. Zależność między liczbą zachorowań a powszechnością cukrzycy

Wśród czynników osłabiających odporność organizmu często jest wymieniana cukrzyca. Dlatego zbadamy hipotezę, że **rozpowszechnienie cukrzycy wpływa na liczbę zachorowań na COVID-19**.

Model ten jest modelem regresji prostej. Na podstawie transformacji Boxa-Coxa otrzymujemy pierwiastek trzeciego stopnia ze zmiennej *diabetes_prevalence* oraz logarytm z *total_cases_per_million*:

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \beta_{diabetes_prevalence} \sqrt[3]{X_{diabetes_prevalence}} + \varepsilon.$$

Wyniki znajdują się w tabeli 2.13.

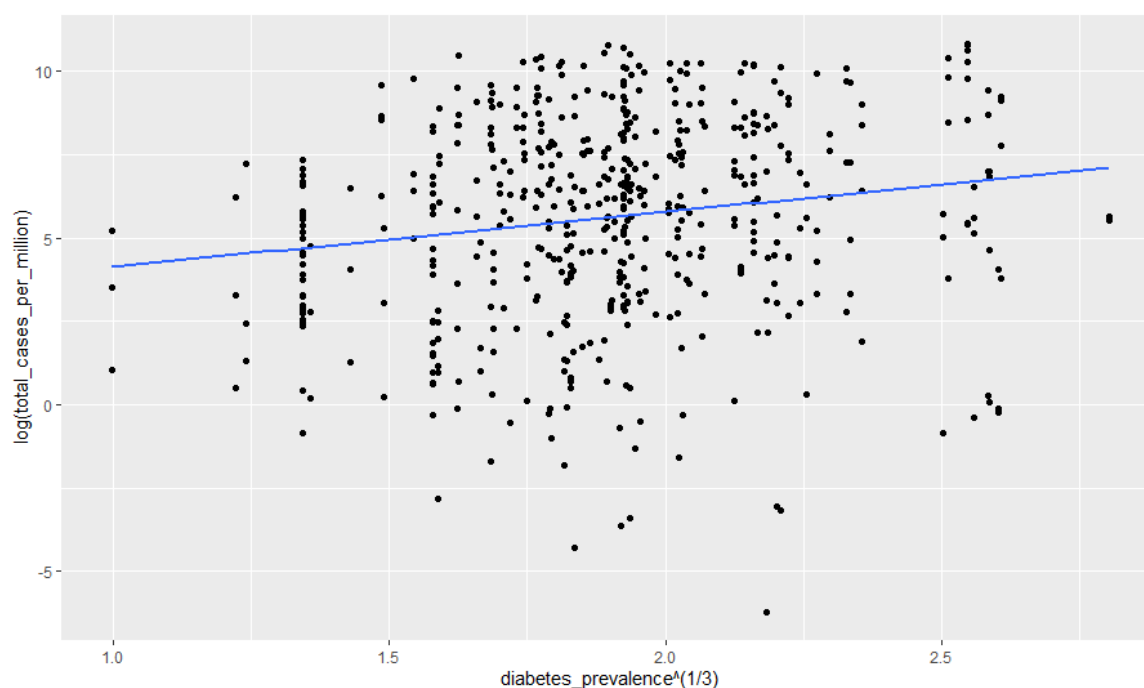
Tabela 2.13: Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a rozpowszechnieniem cukrzycy

	Model 7
(Intercept)	2.49** (0.79)
$diabetes_prevalence^{\wedge} (1/3)$	1.65*** (0.41)
R ²	0.03
Adj. R ²	0.03
Num. obs.	537

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne

Wartość współczynnika $\beta_{diabetes_prevalence}$ jest równa 1.65. Efekt ten jest istotny statystycznie (p -value poniżej 0.001). Ponieważ wartość współczynnika jest dodatnia, to wraz ze wzrostem części populacji chora na cukrzycę, rośnie liczba zachorowań. Dopasowanie modelu liniowego do danych po przekształceniu jest zaprezentowane na rysunku 2.16.



Rysunek 2.16: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy częścią populacji chorującą na cukrzycę a liczbą zachorowań na COVID-19

Źródło: Opracowanie własne

2.2.8. Zależność między liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie

Kraje, w których więcej osób żyje w ubóstwie na ogół charakteryzują się słabszym dostępem do służby zdrowia oraz niższym poziomem opieki medycznej. Zajmiemy się więc hipotezą mówiącą, że **kraje o różnej liczbie osób żyjących w skrajnej biedzie różnią się liczbą zachorowań**.

Ten model jest modelem regresji prostej. Stosując transformację Boxa-Coxa, otrzymujemy przekształcenie logarytmiczne dla obu zmiennych w modelu:

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \beta_{extreme_poverty} \log(X_{extreme_poverty}) + \varepsilon.$$

Podsumowanie dla modelu po przekształceniu zmiennych znajduje się w tabeli 2.14. Czynniki *extreme_poverty* jest istotny statystycznie (*p*-value poniżej 0.001). Współczynnik $\beta_{extreme_poverty}$ wynosi -0.46 . Jest on ujemny, więc im większy jest w danym kraju odsetek osób żyjących w biedzie, tym niższa liczba zachorowań. Prawdopodobnie jest to spowodowane mniejszą dostępnością do służby zdrowia w biedniejszych krajach i mniejszą liczbą wykonywanych testów. R^2 wynosi około 9%, co jest niską wartością. Na rysunku 2.17 przedstawiona jest zależność między przekształconymi logarytmicz-

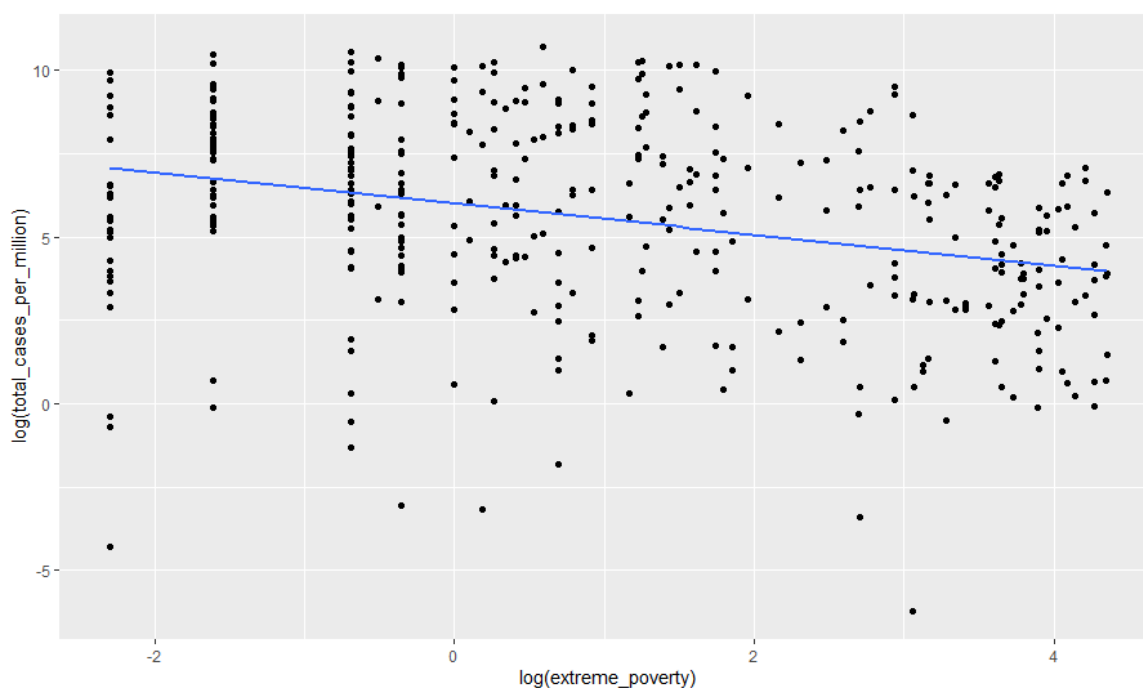
nie liczbą zachorowań a odsetkiem osób żyjących w skrajnej biedzie, z dopasowanym modelem liniowym.

Tabela 2.14: Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem logarytmicznym obu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie

	Model 8
(Intercept)	6.00*** (0.16)
$\log(\text{extreme_poverty})$	-0.46*** (0.07)
R^2	0.09
Adj. R^2	0.09
Num. obs.	389

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.17: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych dla zależności pomiędzy liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie

Źródło: Opracowanie własne

2.2.9. Zależność między liczbą zachorowań a wysokością PKB na osobę

Wysokie PKB na osobę wskazuje na kraje dobrze rozwinięte gospodarczo, spodziewamy się w nich dobrego dostępu do opieki medycznej. Sprawdzimy hipotezę, że **kraje o różnej wysokości PKB na osobę różnią się liczbą zachorowań.**

Model dziewiąty jest modelem regresji prostej. Na podstawie przekształcenia Boxa-Coxa otrzymujemy pierwiastek piątego stopnia z gdp_per_capita oraz logarytm z $total_cases_per_million$:

$$\log(y_{total_cases}) = \beta_0 + \beta_{GDP} \sqrt[5]{X_{GDP}} + \varepsilon.$$

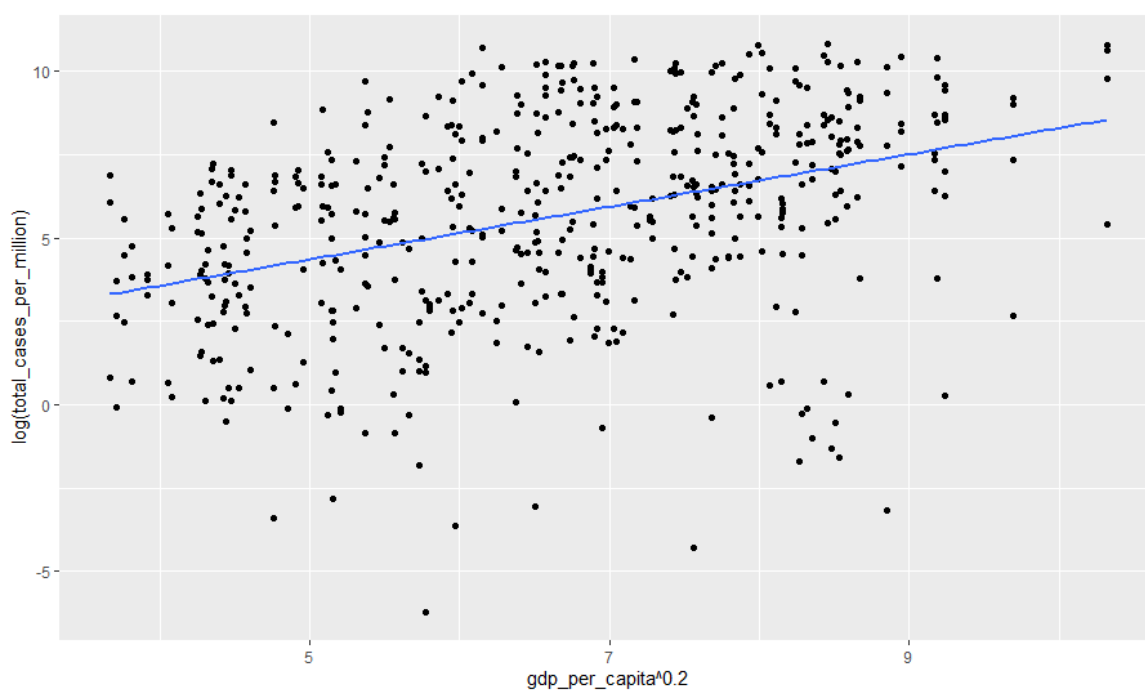
W tabeli 2.15 widać podsumowanie modelu 10 po przekształceniu zmiennych. Efekt PKB na osobę jest istotny statystycznie (p -value poniżej 0.001). Współczynnik β_{GDP} wynosi 0.79. Jest on dodatni, więc im wyższe PKB danego kraju, tym wyższa liczba zachorowań. Współczynnik R^2 wynosi 0.15, co oznacza, że zmienna gdp_per_capita wyjaśnia około 15% zmienności modelu. Procent wyjaśnionej zmienności jest więc niski. Na rysunku 2.18 widać wykres rozrzutu zmiennej $total_cases_per_million$ w zależności od gdp_per_capita po przekształceniu, z dopasowanym modelem liniowym.

Tabela 2.15: Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a wysokością PKB na osobę

	Model 9
(Intercept)	0.42 (0.55)
$gdp_per_capita^{\wedge} 0.2$	0.79*** (0.08)
R^2	0.15
Adj. R^2	0.15
Num. obs.	531

*** $p < 0.001$; ** $p < 0.01$; * $p < 0.05$

Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.18: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a PKB na osobę

Źródło: Opracowanie własne

Dyskusja wyników i wnioski

W niniejszej pracy wpływ różnych czynników na liczbę zachorowań na COVID-19 w około 150 krajach został zbadany przy pomocy sześciu modeli liniowych oraz trzech mieszanych. Z modeli liniowych otrzymaliśmy cztery czynniki, których wzrost powoduje wyższą liczbę zachorowań. Są to: oczekiwana długość życia, wskaźnik rozwoju społecznego, powszechność występowania cukrzycy oraz PKB na osobę. Takie wnioski wydają się dość oczywiste. Wiele źródeł mówi, że na COVID-19 są szczególnie narażone osoby starsze oraz osoby z obniżoną odpornością lub chorobami współistniejącymi [16]. Szczególnie wiek, nadwaga i cukrzyca są wymieniane jako czynniki zwiększające prawdopodobieństwo zakażenia i ciężkiego przebiegu choroby [5]. Z kolei wysokie PKB oraz wskaźnik rozwoju społecznego sugerują, że w danym kraju opieka medyczna jest dobrze rozwinięta, co skutkuje większą liczbą wykonywanych testów, pozwalając wykryć więcej przypadków wirusa. Dodatkowo, w krajach wysoko rozwiniętych większą popularnością cieszą się podróże międzynarodowe (zarówno prywatne, jak i służbowe), co sprzyja rozprzestrzenianiu się pandemii.

Ograniczająco na liczbę wykrytych przypadków koronawirusa wpływa odsetek populacji żyjący w skrajnym ubóstwie. Jednakże najprawdopodobniej ubóstwo nie wpływa bezpośrednio na zmniejszenie liczby chorych. Można przypuszczać, że mniejsza liczba zachorowań jest raczej spowodowana słabiej rozwiniętą opieką medyczną i niższą liczbą wykonywanych testów, więc znaczna część osób chorych nie jest diagnozowana.

Czynnikiem niemającym wpływu na liczbę przypadków koronawirusa okazała się gęstość zaludnienia. Jest to zaskakujący wniosek, ponieważ zdawałoby się, że w krajach o większej gęstości zaludnienia wirus może łatwiej się rozprzestrzeniać, więc zachorowań powinno być więcej. Brak zależności może być spowodowany tym, że gęstość zaludnienia jest podawana dla całego kraju, a przecież może bardzo się różnić wewnątrz terytorium danego państwa.

Za pomocą modeli mieszanych w tej pracy zbadano wpływ czasu, liczby wykonywanych testów oraz wskaźnika siły obostrzeń na liczbę zachorowań. Zależność liczby zachorowań od czasu została opisana wielomianem trzeciego stopnia, którego

współczynniki różnią się pomiędzy krajami. W przypadku wielu krajów, dopasowany w ten sposób wielomian pozwala zauważyć trzy fazy epidemii: początkowy wzrost liczby zachorowań, następnie stabilizacja, a pod koniec badanego w tej pracy okresu - gwałtowny wzrost. Wpływ liczby testów na liczbę wykrytych przypadków koronawirusa jest stymulujący, czego można było się spodziewać, ponieważ liczba wykrytych przypadków to nic innego jak liczba testów z pozytywnym wynikiem (w niektórych krajach można także potwierdzić przypadek COVID-19 na podstawie innych badań, lecz zazwyczaj to właśnie testy są główną metodą). Model badający zależność liczby zachorowań od wskaźnika siły obostrzeń dawał niejednoznaczne wyniki, generalnie silniejsze obostrzenia sprawiały, że liczba zachorowań w danym kraju malała (po około tygodniu od wprowadzenia silniejszych obostrzeń), ale w niektórych państwach zależność ta nie zachodziła.

W tabeli 2.16 znajduje się podsumowanie istotności poszczególnych czynników, których wpływ na liczbę zachorowań był badany w tej pracy.

Tabela 2.16: Porównanie istotności i wpływu różnych czynników na liczbę zachorowań w przeciętnym kraju

Cecha	Wpływ na liczbę zachorowań
Czas	istotny, można do tej zależności dopasować wielomian trzeciego stopnia
Liczba wykonywanych testów na COVID-19	istotny, wraz ze wzrostem liczby testów rośnie liczba zachorowań
Oczekiwana długość życia	istotny, ze wzrostem oczekiwanej długości życia rośnie liczba zachorowań
Gęstość zaludnienia	nieistotny
Wskaźnik siły obostrzeń	istotny jest wskaźnik opóźniony o 7 dni, w większości krajów przy wysokiej sile obostrzeń jest mniej zachorowań
Wskaźnik rozwoju społecznego	istotny, w krajach o wysokim wskaźniku rozwoju jest więcej zachorowań
Powszechność występowania cukrzycy	istotny, im wyższy jest ten współczynnik, tym więcej przypadków koronawirusa
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

Źródło: Opracowanie własne

Modele mieszane jednoznacznie pokazały, że efekt kraju jako czynnika zakłócającego jest bardzo istotny, jako że wyjaśniał znaczną część wariancji resztowej modelu. Oznacza to, że zmienność liczby zachorowań między różnymi krajami jest znacznie większa niż wewnątrz danego kraju. Na to, co jest nazywane tutaj „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.

Przedstawione w tej pracy modele pozwoliły wstępnie zidentyfikować czynniki mające wpływ na rozwój pandemii koronawirusa. Należy jednak pamiętać, że te efekty są istotne dla „przeciętnego kraju”, więc nie w każdym kraju zależności te będą wyglądać tak samo - dobrze widać to na przykładzie modelu z siłą obostrzeń, który to czynnik bardzo różnił się pomiędzy badanymi krajami. Rozwój pandemii jest procesem niezwykle złożonym, jednakże widać, że nawet użycie prostych metod statystycznych pozwala na wyciągnięcie pewnych wniosków na ten temat.

Bibliografia

- [1] Blavatnik School of Government, University of Oxford, *Coronavirus Government Response Tracker* <https://www.bsg.ox.ac.uk/research/research-projects/coronavirus-government-response-tracker> (dostęp: 31.10.2020)
- [2] Biecek P., *Analiza danych z programem R. Modele liniowe z efektami stałymi, losowymi i mieszanymi*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Wydanie II, Warszawa 2013
- [3] CRAN, *lme4: Linear Mixed-Effects Models using 'Eigen' and S4* <https://cran.r-project.org/web/packages/lme4/index.html> (dostęp: 03.01.2021)
- [4] CRAN, *lmerTest: Tests in Linear Mixed Effects Models* <https://cran.r-project.org/web/packages/lmerTest/index.html> (dostęp: 03.01.2021)
- [5] Duszyński J., Afelt A., Ochab-Marcinek A., Owczuk R., Pyré K., Rosińska M., Rychard A., Smiatacz T., *Zrozumieć COVID-19. Opracowanie zespołu ds. COVID-19 przy Prezesie Polskiej Akademii Nauk*, Polska Akademia Nauk, 14 września 2020 r.
- [6] Faraway J., *Extending the Linear Model with R. Generalized Linear, Mixed Effects and Nonparametric Regression Models. Second Edition*, CRC Press Taylor & Francis Group, 2016
- [7] Harrison XA, Donaldson L, Correa-Cano ME, Evans J, Fisher DN, Goodwin CED, Robinson BS, Hodgson DJ, Inger R., *A brief introduction to mixed effects modelling and multi-model inference in ecology*, 2018, PeerJ 6:e4794 <https://doi.org/10.7717/peerj.4794> (dostęp: 11.11.2020)
- [8] Hesterberg T., Monaghan S., Moore D., Clipson A., Epstein R., *Bootstrap Methods and Permutation Tests. Companion Chapter 18 to the Practice of Business Statistics*, W. H. Freeman and Company, New York, 2003
- [9] Hyndman R.J., Athanasopoulos G. *Forecasting: principles and practice, 3rd edition*, OTexts: Melbourne, Australia, 2019, [OTexts.com/fpp3](https://otexts.com/fpp3) (dostęp: 07.01.2021)
- [10] de Jong P., Heller G., *Generalized Linear Models for Insurance Data*, Cambridge University Press, New York, 2008
- [11] Kosiński R., Grabowski A., *Modelowanie epidemii. Jak epidemie się szerzą i jak im przeciwdziałać*, Bezpieczeństwo Pracy 05/2009, str. 3-5, <http://www.bhportal.pl/32543> (dostęp: 21.01.2021)

- [12] naukowiec.org, *Interpretacja wykresów rozrzutu* https://www.naukowiec.org/wiedza/statystyka/interpretacja-wykresow-rozrzutu_769.html (dostęp: 07.01.2021)
- [13] Our World In Data, *Covid Codebook* <https://github.com/owid/covid-19-data/blob/master/public/data/owid-covid-codebook.csv> (dostęp: 09.01.2021)
- [14] Our World In Data, *Statistics and Research. Coronavirus Pandemic* <https://ourworldindata.org/coronavirus> (dostęp: 30.11.2020)
- [15] Our World In Data, Ortiz-Ospina E., Molteni M. *What are PPP adjustments and why do we need them?* <https://ourworldindata.org/what-are-ppps> (dostęp 31.10.2020)
- [16] Pawlak M., *Kto jest w największej grupie ryzyka koronawirusa?* <https://www.medonet.pl/koronawirus-pytania-i-odpowiedzi/sars-cov-2,kto-jest-w-najwiekszej-grupie-ryzyka-koronawirusa-,artykul,48398767.html> (dostęp: 09.01.2021)
- [17] Pogotowie Statystyczne, *Analizy statystyczne bez tajemnic, czyli dziwne wyniki analizy korelacji w podziale na podzbiory - cz.1* <https://pogotowiestatystyczne.pl/analizy-statystyczne-bez-tajemnic-czyli-dziwne-wyniki-analizy-korelacji-podziale-podzbiory-cz-1/> (dostęp: 21.01.2021)
- [18] R Documentation, *lm function* <https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/lm> (dostęp: 03.01.2021)
- [19] R Documentation, *powerTransform function* <https://www.rdocumentation.org/packages/car/versions/3.0-10/topics/powerTransform> (dostęp: 03.01.2021)
- [20] Seltman H., *Experimental Design and Analysis*, <http://www.stat.cmu.edu/~hseltman/309/Book/>
- [21] Taboga M. *Cholesky decomposition, Lectures on matrix algebra*. <https://www.statlect.com/matrix-algebra/Cholesky-decomposition>, 2017 (dostęp: 09.01.2021)
- [22] Wikipedia, *Macierz rzadka* https://pl.wikipedia.org/wiki/Macierz_rzadka (dostęp: 08.01.2021)
- [23] Wikipedia, *Model statystyczny. Skorygowany współczynnik determinacji* https://pl.wikipedia.org/wiki/Model_statystyczny#Skorygowany_wsp%C3%B3lczynnik_determinacji (dostęp: 08.01.2021)
- [24] Wikipedia, *Przekształcenie Boxa-Coxa* https://pl.wikipedia.org/wiki/Przekszta%C5%82cenie_Boxa-Coxa (dostęp: 07.01.2021)
- [25] Wikipedia, *Twierdzenie Bayesa* https://pl.wikipedia.org/wiki/Twierdzenie_Bayesa (dostęp: 08.01.2021)
- [26] Wikipedia, *Wskaźnik rozwoju społecznego* https://pl.wikipedia.org/wiki/Wska%C5%82nik_rozwoju_spo%C5%82ecznego (dostęp: 09.01.2021)
- [27] Wikipedia, *Współczynnik determinacji* https://pl.wikipedia.org/wiki/Wsp%C3%B3lczynnik_determinacji (dostęp: 08.01.2021)

- [28] Welham S, Cullis B., Gogel B., Gilmour A.R., Thompson R, *Prediction in linear mixed models*. Australian & New Zealand Journal of Statistics. vol. 46. (2004). p. 325 - 347. 10.1111/j.1467-842X.2004.00334.x.
- [29] Wu L., *Mixed Effects Models for Complex Data*, University of British Columbia, Vancouver, Canada, 2010
- [30] Zagdański A., Suchwałko A., *Analiza i prognozowanie szeregów czasowych. Praktyczne wprowadzenie na podstawie środowiska R*, PWN, Warszawa 2016
- [31] Zuur A., Ieno E., Walker N., Saveliev A., Smith G., *Mixed Effects Models and Extensions in Ecology with R*, Springer, New York 2009

Spis rysunków

1.1	Przykładowe modele regresji prostej, po lewej dla $\beta_1 > 0$, po prawej dla $\beta_1 < 0$.	9
1.2	Rodzaje modeli mieszanych	18
2.1	Wykres przedstawiający zależność liczby zachorowań na milion mieszkańców od czasu w podziale na kraje	23
2.2	Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu mieszanego z losowym wyrazem wolnym	25
2.3	Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu, gdzie zarówno wyraz wolny, jak i współczynnik nachylenia prostej różnią się pomiędzy krajami	27
2.4	Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a czasem oszacowaną za pomocą modelu, gdzie zarówno wyraz wolny, jak i współczynniki przy $time$ i $time^2$ zależą od kraju	29
2.5	Model mieszany, gdzie zależność liczby zachorowań od czasu jest opisana wielomianem trzeciego stopnia	31
2.6	Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów w poszczególnych krajach	32
2.7	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu mieszanego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów	34
2.8	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu typu <i>Random Intercept and Slope</i> do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów	36
2.9	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia	37
2.10	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia po przekształceniu logarytmicznym .	39
2.11	Zmiany siły obostrzeń w poszczególnych krajach	40
2.12	Zależność liczby zachorowań od siły obostrzeń opóźnionej o 7 dni; wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych	41
2.13	Proste regresji dopasowane do zależności między opóźnioną o 7 dni siłą obostrzeń a liczbą zachorowań	44

2.14	Krzywe dopasowane do zależności między pierwszą i drugą potęgą opóźnionej o 7 dni siły obostrzeń a liczbą zachorowań	46
2.15	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego po przekształceniu zmiennych	47
2.16	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy częścią populacji chorującą na cukrzycę a liczbą zachorowań na COVID-19	49
2.17	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych dla zależności pomiędzy liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie	50
2.18	Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a PKB na osobę	52

Spis tabel

2.1	Wyniki dla modelu mieszanego z uwzględnieniem wpływu kraju na wyraz wolny; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem	24
2.2	Wyniki dla modelu mieszanego z uwzględnieniem wpływu kraju na wyraz wolny i przesunięcie linii regresji; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem . . .	26
2.3	Wyniki dla modelu wielomianowego mieszanego uwzględniającego wpływ kraju; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem	28
2.4	Wyniki dla modelu mieszanego wielomianowego stopnia trzeciego; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a czasem	30
2.5	Wyniki dla modelu mieszanego uwzględniającego wpływ kraju na wyraz wolny; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów	33
2.6	Wyniki dla modelu liniowego uwzględniającego wpływ kraju na parametry modelu; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów .	35
2.7	Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia	37
2.8	Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem zmiennych; Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia	38
2.9	Wyniki dla modelu mieszanego z losowym wyrazem wolnym; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni	42
2.10	Wyniki dla modelu mieszanego, w którym wyraz wolny oraz $\beta_{stringency_lag7}$ zależą od kraju; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni	43
2.11	Wyniki dla modelu mieszanego z drugą potęgą zmiennej <i>stringency_lag7</i> ; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a siłą obostrzeń opóźnioną o 7 dni	45
2.12	Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego	47
2.13	Wyniki dla modelu regresji prostej po przekształceniu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a rozpowszechnieniem cukrzycy	48

2.14	Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem logarytmicznym obu zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a częścią populacji żyjącą w skrajnej biedzie	50
2.15	Wyniki dla modelu regresji prostej z przekształceniem zmiennych; zależność pomiędzy liczbą zachorowań a wysokością PKB na osobę	51
2.16	Porównanie istotności i wpływu różnych czynników na liczbę zachorowań w przeciętnym kraju	54

Załączniki

1. Płyta CD z niniejszą pracą w wersji elektronicznej.

Streszczenie (Summary)

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

Ta praca przedstawia zastosowanie modeli liniowych oraz modeli mieszanych w analizie rozwoju pandemii COVID-19 na świecie. Pierwszy rozdział jest poświęcony teorii matematycznej. Na początku omówione zostają zagadnienia dotyczące modeli liniowych. Następnie te pojęcia są poszerzane o modele liniowe z efektami stałymi i losowymi. Przedstawione zostały problemy takie jak: metody estymacji oraz badanie istotności parametrów modelu, predykcja z modelu mieszanego, jak również interpretacja modelu. W rozdziale drugim przeprowadzono badania na zbiorze danych dotyczącym zachorowań na COVID-19. Sprawdzanych jest dziewięć hipotez, które mają na celu zidentyfikowanie czynników istotnie wpływających na liczbę zachorowań na koronawirusa w różnych krajach. W ostatnim rozdziale zostały przedstawione wnioski wypływające z wyników badań własnych.

The Use of Mixed-Effects Models in the Analysis of the COVID-19 Pandemic in the World

This paper presents the use of linear and mixed-effects models in analysis of the development of the COVID-19 pandemic worldwide. The first chapter is dedicated to mathematical theory. At the beginning, issues concerning linear models are discussed. Then these concepts are extended with linear models with fixed and random effects. Problems such as: estimation methods and testing the significance of model parameters, prediction from a mixed-effects model, as well as model interpretation are presented. In the second chapter, a study was conducted on the COVID-19 dataset. Nine hypotheses are tested to identify the factors significantly affecting the number of coronavirus cases in different countries. The last chapter presents the conclusions drawn from the study.