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

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.

Przeredagować wstęp jak już cała praca będzie napisana, dopisać o metodach analizy.

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:

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

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

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:

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \ldots + \beta_k x_k + \varepsilon,$$

lub w zapisie macierzowym

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

gdzie ε to niezależne (tzn. $Cov(\varepsilon_i, \varepsilon_j) = 0$ 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, wykorzystujemy poniższe metody estymacji:

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 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 $Var(\varepsilon_i) = \sigma^2$ dla każdego i oraz $Cov(\varepsilon_i, \varepsilon_j) = 0$ dla $i \neq j$.
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].

Opisać dokładniej REML, zastanowić się czy opisywać tu czy przy mieszanych

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

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

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

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

przeciwko hipotezie alternatywnej

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

1.1.3. Interpretacja parametrów modelu

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 [15].

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.

Podobnie w przypadku modelu regresji wielorakiej

$$y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \ldots + \beta_k x_k$$

wzrost zmiennej x_i o jedną jednostkę, przy niezmienionych 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 [18]. 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, który określony jest 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) [19]. 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 oznaczymy jako $x_1, x_2, \ldots, x_n$, to przekształcone obserwacje $w_1, w_2, \ldots, w_n$ będą takie, że $w_i = log(x_i)$ dla $i \in \{1, 2, \ldots, n\}$ [16].

Innym rodzajem transformacji są transformacje potęgowe, np. pierwiastki kwadratowe lub sześcienne. Te przekształcenia nie zawsze są tak proste w interpretacji jak logarytmiczne. Zapisujemy je jako $w_i = x_i^p$, gdzie $i \in \{1, 2, \ldots, n\}$, a p to potęga, jaką przekształcamy obserwacje [16].

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

$$g^{(\lambda)}(X) = \begin{cases} \log(X), & \text{gdy } \lambda = 0 \\ \frac{X^\lambda - 1}{\lambda}, & \text{gdy } \lambda \neq 0 \end{cases} .[17]$$

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 [2]. 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 rą 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, traktujemy pacjentów jako losowo wybranych. W modelu mieszanym, wpływ konkretnego pacjenta będzie traktowany jako czynnik zakłócający.

Aby lepiej ukazać modele mieszane, przeanalizujemy prosty przykład modelu mieszanego z jednym komponentem wariancyjnym. Skorzystamy ze zbioru danych `pulp`, gdzie dane pochodzą z eksperymentu mającego na celu sprawdzenie jasności papieru (kolumna `bright`) w zależności od operatora zmiany (kolumna `operator`). W zbiorze danych mamy po pięć pomiarów dla każdego z czterech operatorów. Dane są przedstawione w tabeli 1.1.

Dla powyższych danych możemy zapisać model jednokierunkowej analizy wariancji, tzn.

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, \text{ gdzie } i \in \{1,2,3,4\},\ j \in \{1,2,3,4,5\} \tag{1.1}$$

α i ε mają średnie równe 0, a wariancje wynoszą odpowiednio σ_α^2 i σ_ε^2

Korelacja między obserwacjami, które mają taką samą wartość zmiennej grupującej, wynosi

$$\rho = \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma_\alpha^2 + \sigma_\varepsilon^2}$$

Wielkość tą nazywamy współczynnikiem korelacji wewnątrzgrupowej (ang. *Interclass Correlation Coefficient, ICC*). W granicznych przypadkach możemy spotkać się z sytuacją, że różnice pomiędzy grupami są nieistotne, wówczas $\sigma_\alpha^2 \approxeq 0$, więc także $\rho \approxeq 0$. Inną możliwością jest, że wariancja między grupami jest znacznie większa niż wariancja wewnątrzgrupowa, wtedy wartości ρ będą bliskie 1.

Jeżeli zmienna grupująca ma a poziomów, a w każdej grupie jest równa liczba obserwacji n, to dekompozycji wariancji możemy dokonać w następujący sposób:

$$\sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{n}(y_{ij} - \bar{y}_{..})^2 = \sum_{j=1}^{n}(y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2 + \sum_{j=1}^{n}(y_{i.} - \bar{y}_{..})^2$$

bright	operator
59.8	a
60.0	a
60.8	a
60.8	a
59.8	a
59.8	b
60.2	b
60.4	b
59.9	b
60.0	b
60.7	c
60.7	c
60.5	c
60.9	c
60.3	c
61.0	d
60.8	d
60.6	d
60.5	d
60.5	d

Tabela 1.1: Zbiór danych `pulp`
Źródło: [13]

czyli $SST = SSB + SSW$, gdzie SST oznacza całkowitą sumę kwadratów odchyleń od średniej populacyjnej, SSW to suma kwadratów odchyleń od średnich grupowych, SSB to suma kwadratów odchyleń średnich grupowych od średniej populacyjnej. Dzieląc przez odpowiednie liczby stopni swobody, otrzymamy średnie kwadraty odchyleń MSW i MSB. Mamy, że

$$E(SSW) = a(n-1)\sigma_\varepsilon^2 \text{ oraz } E(SSB) = (a-1)(n\sigma_\alpha^2 + \sigma_\varepsilon^2),$$

skąd otrzymujemy estymatory

$$\hat{\sigma}_\varepsilon^2 = \frac{SSW}{a(n-1)} = MSW \text{ oraz } \hat{\sigma}_\alpha^2 = \frac{\frac{SSB}{a-1} - \hat{\sigma}_\varepsilon^2}{n} = \frac{MSB - MSW}{n}$$

Takie estymatory nazywamy estymatorami ANOVA [2]. Ich zaletą jest forma pozwalająca na użycie ich w ręcznych obliczeniach, niestety poza tym mają wiele wad:

1. Estymatory mogą przyjmować ujemne wartości (jeśli $MSB < MSW$, to $\hat{\sigma}^2_\alpha < 0$).
2. W przypadku układu niezrównoważonego (kiedy liczby obserwacji w poszczególnych grupach nie są takie same) nie dają poprawnych wyników.
3. Wymagają skomplikowanych przekształceń algebraicznych dla bardziej złożonych modeli.

Dla modelu na danych ze zbioru `pulp` mamy następujące wyniki:

$$\mu = 60.4 \text{ - średnia populacyjna zmiennej } \texttt{bright}$$

$$\mu_a = 60.24 \text{ - średnia w grupie operatora a}$$

$$\mu_b = 60.06 \text{ - średnia w grupie operatora b}$$

$$\mu_c = 60.62 \text{ - średnia w grupie operatora c}$$

$$\mu_d = 60.68 \text{ - średnia w grupie operatora d}$$

Całkowita suma kwadratów wynosi $SST = 3.04$, sumy kwadratów wewnątrz- i międzygrupowe wynoszą odpowiednio $SSW = 1.7$ oraz $SSB = 1.34$. Stąd łatwo policzyć średnie kwadratów:

$$MSW = \frac{SSW}{a(n-1)} = \frac{1.7}{4 \cdot 4} = 0.10625$$

$$MSB = \frac{SSB}{a-1} = \frac{1.34}{3} = 0.44667$$

Następnie możemy obliczyć wartości estymatorów wariancji wewnątrz- i międzygrupowej:

$$\hat{\sigma}^2_\varepsilon = MSW = 0.10625$$

$$\hat{\sigma}^2_\alpha = \frac{MSB - MSW}{n} = \frac{0.44667 - 0.10625}{5} = 0.06808333$$

Obliczymy także współczynnik ICC:

$$\rho = \frac{\sigma^2_\alpha}{\sigma^2_\alpha + \sigma^2_\varepsilon} = \frac{0.0680833}{0.0680833 + 0.10625} = 0.3905354$$

Jak zostało wspomniane, ta metoda estymacji ma wiele wad i została pokazana ze względu na łatwość obliczeń ręcznych. W następnej części pracy przedstawione zostaną metody pozbawione wyżej wymienionych wad.

1.2.1. Metody estymacji

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.

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, które w modelach mieszanych są traktowane jako czynniki zakłócające.

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 wiarogodności. Przykładową metodą jest np. użycie algorytmu Newtona-Rapshona - iteracyjnej metody optymalizacji. To podejście jest dobre dla zbioru danych o praktycznie dowolnym rozmiarze, ale ze względu na złożoność pamięciową rzędu $O((p+q)^2)$, źle sprawdza się dla modelu z dużą liczbą parametrów do oszacowania. Pod tym względem bardziej efektywne jest rozwiązanie przy wykorzystaniu własności macierzy rzadkich. To podejście 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 maja często tak wielki rozmiar, że niemożliwe by było opracowanie na nich zwykłymi algorytmami.

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 (ponieważ D jest macierzą kowariancji, to zawsze można znaleźć taki rozkład). Macierz D (a przez to także macierz Λ) jest parametry-

zowana wektorem θ. Do tego obierzmy 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 reguły Bayesa mamy

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

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

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

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 oznaczamy $PRSS$ (*Penalized Residual Sum of Squares*). Przez r_θ określimy $\min\limits_{w,\beta} r^2(\theta, \beta, w)$. Wartości minimalizujące $PRSS$ po w i β można znaleźć, rozwiązując układ równań liniowych.

$$\begin{bmatrix} X^T X & X^T Z\Lambda \\ \Lambda^T Z^T X & \Lambda^T Z^T Z\Lambda + I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ w \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T y \\ \Lambda^T Z^T y \end{bmatrix} \tag{1.2}$$

To zadanie da się rozwiązać efektywnie nawet dla bardzo dużych q, używając rzadkiej dekompozycji Choleskiego. Po lewej stronie równania przynajmniej 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 sama jest rzadka, 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 1.2. Co więcej

$$-2\log l(\theta,\beta,\sigma|y) = \log(2\pi\sigma^2) + \log(|L|^2) + \frac{r_\theta^2}{\sigma^2}, \tag{1.3}$$

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 1.3, otrzymujemy funkcję wariancji sprofilowaną do 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 wiarogodności zależy jedynie od parametru θ, którego wymiar g jest zazwyczaj nieduży (jest to liczba komponentów wariancyjnych). Maksymalizację tak opisanej funkcji wiarogodności po przestrzeni parametrów o niewielkim wymiarze wykonuje się stamdardowymi 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 protą 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

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

Dla takiej macierzy D macierz wariancji y można wyrazić jako

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

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, np.

— 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 wiarogodności 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 wiarogodności 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].

Dla przedstawionego na początku rozdziału modelu dla danych `pulp`, model mieszany wygląda następująco:

$$y_{bright} = \mu + Z_{operator} u_{operator} + \varepsilon$$

Macierz Z ma postać

$$Z = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Przypomnijmy, że ręcznie otrzymaliśmy następujące estymatory: średnią populacyjną $\hat{\mu} = 60.4$, wariancję wewnątrzgrupową $\hat{\sigma}^2_\varepsilon = 0.10625$ oraz międzygrupową $\hat{\sigma}^2_\alpha = 0.0680833$. Oznacza to, że $u \sim \mathcal{N}(0, 0.0680833)$ oraz $\varepsilon \sim \mathcal{N}(0, 0.10625)$.

Wyniki uzyskane metodą $REML$ za pomocą pakietu R są następujące:

	Model 1
(Intercept)	60.40***
	(0.15)
AIC	24.63
BIC	27.61
Log Likelihood	−9.31
Num. obs.	20
Num. groups: operator	4
Var: operator (Intercept)	0.06808
Var: Residual	0.10625

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

Tabela 1.2: Wyniki dla modelu mieszanego dla danych `pulp`

Widzimy, że wartości estymatorów wariancji są identyczne z uzyskanymi za pomocą ANOVA. Tak jest w przypadku układów zrównoważonych - w innych przypadkach wyniki mogłyby się różnić. Z tabeli podsumowującej (tabela 1.2) możemy także odczytać wartości kryteriów dopasowania modelu, takie jak p-value, AIC, BIC i Log Likelihood. Te kryteria są opisane w następnym podrozdziale.

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 [2].

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.

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.
3. Test permutacyjny -można go stosować do dokładniejszego wyznaczenia wartości p dla efektu stałego. Funkcja wiarogodności może być użyta jako statystyka testowa. Rozkład statystyki testowej otrzymujemy wykonując permutacje na tej kolumnie macierzy X, która odpowiada interesującemu nas efektowi [1]. Dla każdej permutacji wyliczamy logarytm funkcji wiarogodności i sprawdzamy, ile z nich przekroczyło logarytm funkcji wiarogodności dla modelu z niepermutowanymi kolumnami. Testy permutacyjne mają wiele zalet, między innymi, nie muszą być spełnione założenia dotyczące rozkładu normalnego danych w próbce. Przy dostatecznie dużej liczbie permutacji, zwykle dają dokładne wartości p, niezależnie od wielkości próby [14].
4. Kryteria informacyjne - służą do wyboru najlepszego spośród modeli. Najpopularniejszym jest Kryterium Informacyjne Akaikego (ang. *Akaike Information Criterion, AIC*). Jest ono zdefiniowane następującym wzorem:

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

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 rozważanych modeli, należy wybrać ten, gdzie otrzymana wartość jest najmniejsza.

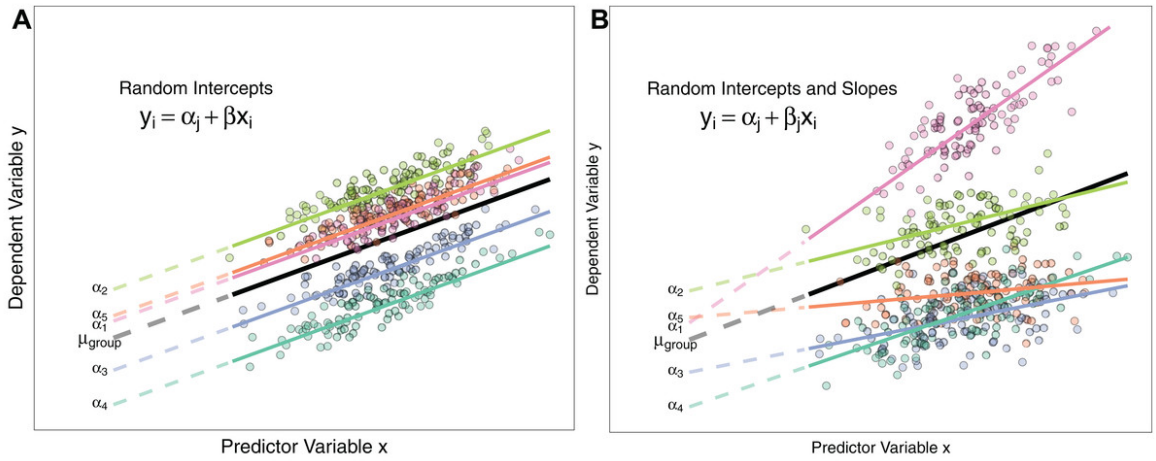
Przy obliczeniach dotyczących stosunkowo małych zbiorów danych, można użyć każdej z tych metod, ale w przypadku dużej liczby obserwacji, niektóre obliczenia mogą zająć zbyt wiele czasu. Najmniej skomplikowany obliczeniowo jest test Walda, gdzie dokonujemy tylko jednej estymacji współczynników. Przy użyciu 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 [1].

1.2.3. 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 [7].

Można wyróżnić dwa rodzaje efektów losowych: losowy wyraz wolny (rysunek 1.1, wykres A) oraz losowy wyraz wolny i współczynnik nachylenia (rysunek 1.1, wykres B). W pierwszym przypadku, prosta regresji dla poszczególnych obiektów badań może być przesunięta w górę lub w dół w stosunku do średniej globalnej, a w drugim przypadku może dodatkowo być nachylona do osi OX pod mniejszym lub większym kątem.



Rysunek 1.1: Rodzaje modeli mieszanych
Źródło: [8]

1.2.4. 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 [6].

Aby lepiej przybliżyć zagadnienie predykcji z modelu mieszanego, wrócimy do przykładu badania jasności papieru w zależności od operatora zmiany. Przypomnijmy, że model ma postać

$$y_{bright} = \mu + Z_{operator} u_{operator} + \varepsilon,$$

Jeżeli chcielibyśmy dokonać predykcji dla nieznanego lub do tej pory niezbadanego przez nas operatora, to wynikiem byłaby ocena średniej dla całej populacji, czyli $\hat{\mu}$.

Aby dokonać predykcji dla konkretnego operatora spośród zaobserwowanych, potrzebne nam są oceny efektów osobniczych operatora.

Znając macierz D i parametry β, predykcje efektów losowych $\widetilde{u}$ można wyznaczyć ze wzoru

$$\widetilde{u} = DZ^T V^{-1}(y - X\beta),$$

gdzie V to macierz $\sigma^2(I + ZDZ^T)$ [1]. Wówczas predykcja będzie sumą $\hat{\mu}$ oraz oceny efektu losowego dla odpowiedniego operatora.

Otrzymujemy następujące wyniki

grpvar	term	grp	condval	condsd
operator	(Intercept)	a	-0.1219403	0.1272603
operator	(Intercept)	b	-0.2591231	0.1272603
operator	(Intercept)	c	0.1676679	0.1272603
operator	(Intercept)	d	0.2133955	0.1272603

Tabela 1.3: Ocena efektów losowych dla operatorów
Źródło: Opracowanie własne

Efekty losowe znajdują się w kolumnie `condval`. Predykcja jasności papieru dla konkretnego operatora jest sumą średniej globalnej oraz oceny efektu losowego, więc np. dla operatora a dostajemy predykcję $60.4 - 0.12194 = 60.27806$. Dla nieznanego operatora moglibyśmy jako predykcję podać średnią populacyjną czyli 60.4.

komentarz: brakuje mi na zakończenie jakiegoś porównania efektów stałych i losowych.

Rozdział 2

Badania własne

2.1. Opis zbioru badawczego

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, 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 (`total cases per million`) - jest to liczba potwierdzonych przypadków koronawirusa w danym kraju od momentu rozpoczęcia epidemii. Zamiast wartośći 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 między-

ludzkich itp. Może przyjmować wartości od 0 do 100, im większa wartość, tym silniejsze obostrzenia w danym kraju [4],
— gęstość zaludnienia (`population density`),
— PKB 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.

Dane były zbierane do dnia 1 grudnia 2020 r.

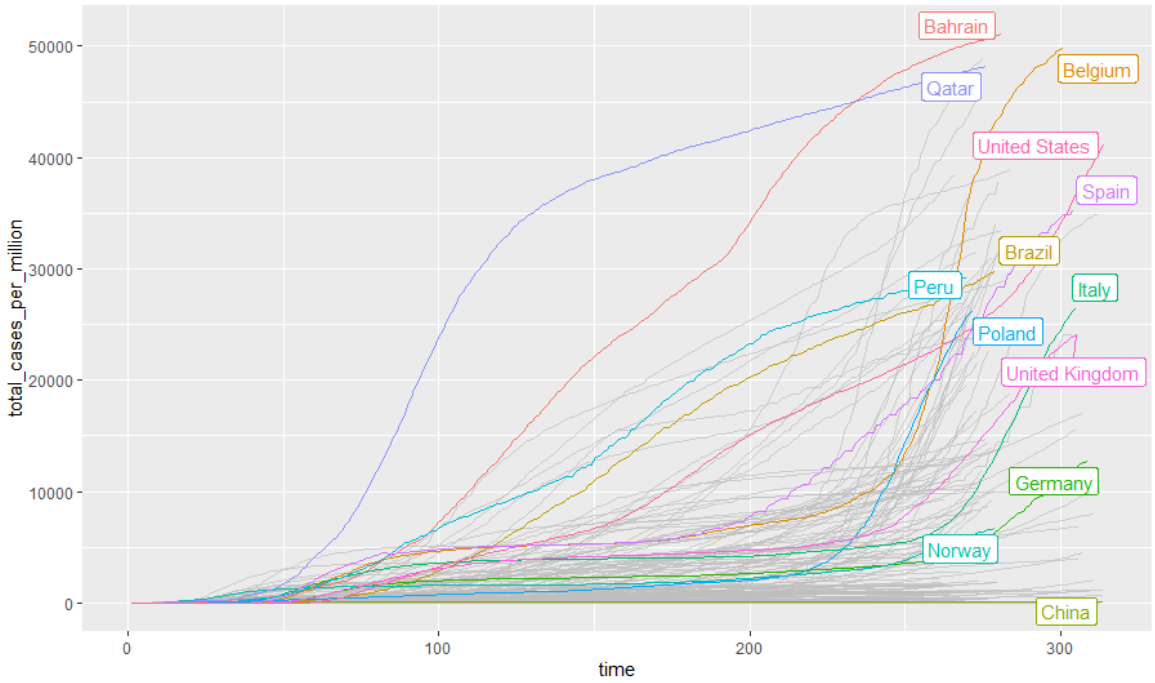
2.2. Dyskusja wyników

We wszystkich modelach mieszanych kraj jest czynnikiem losowym. Modele mieszane są budowane na podstawie całego zbioru danych. Modele liniowe są budowane na podstawie zbioru danych, gdzie znajdują się po maksymalnie cztery obserwacje dla każdego kraju: po 3, po 6, po 9 i po 12 miesiącach trwania epidemii.

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 [9]. Pakiet `lmerTest` umożliwia obliczenie wartości p dla parametrów modelu mieszanego [10]. W przypadku modeli liniowych użyto funkcji `lm` z pakietu bazowego R. Funkcja ta wykorzystuje metodę najmniejszych kwadratów estymacji parametrów modelu liniowego [11]. W modelach, gdzie dokonano transformacji zmiennych, została użyta funkcja `powerTransform` z pakietu `car`. Funkcja ta wykorzystuje transformację Boxa-Coxa [12].

2.2.1. Model 1: zależność między liczbą zachorowań a czasem

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

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + Z_{location}u_{location} + \varepsilon$$

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

ujednolicić nazwę zmiennej total cases/total cases per million

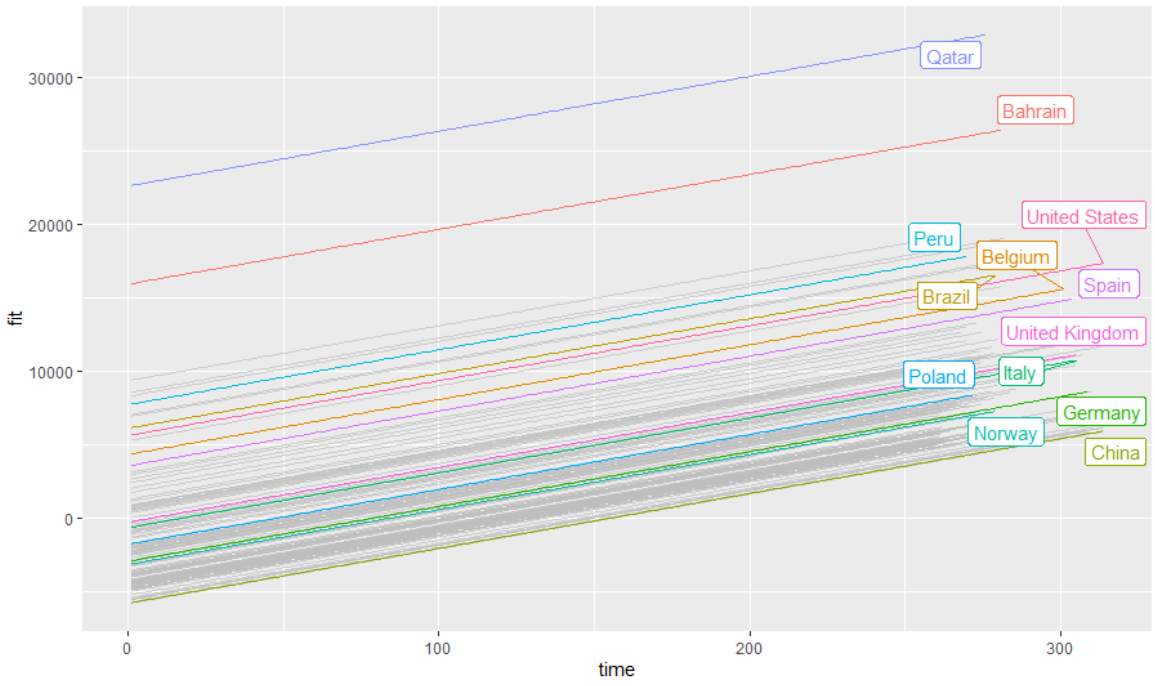
	Model 1
(Intercept)	-1941.35^{***}
	(337.72)
time	37.31^{***}
	(0.26)
AIC	806648.05
BIC	806682.57
Log Likelihood	−403320.03
Num. obs.	41287
Num. groups: location	151
Var: location (Intercept)	16967251.36
Var: Residual	17530563.89

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

Tabela 2.1: Wyniki dla modelu 1
Źródło: Opracowanie własne

Widać, że efekt losowy jest odpowiedzialny za ponad połowę wariancji resztowej. Oznacza to, że zmienność liczby zachorowań dla danego kraju jest ponad dwukrotnie mniejsza niż zmienność liczby zachorowań dla różnych krajów.

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



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

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, jak różnią się średnie poziomy liczby zachorowań między krajami.

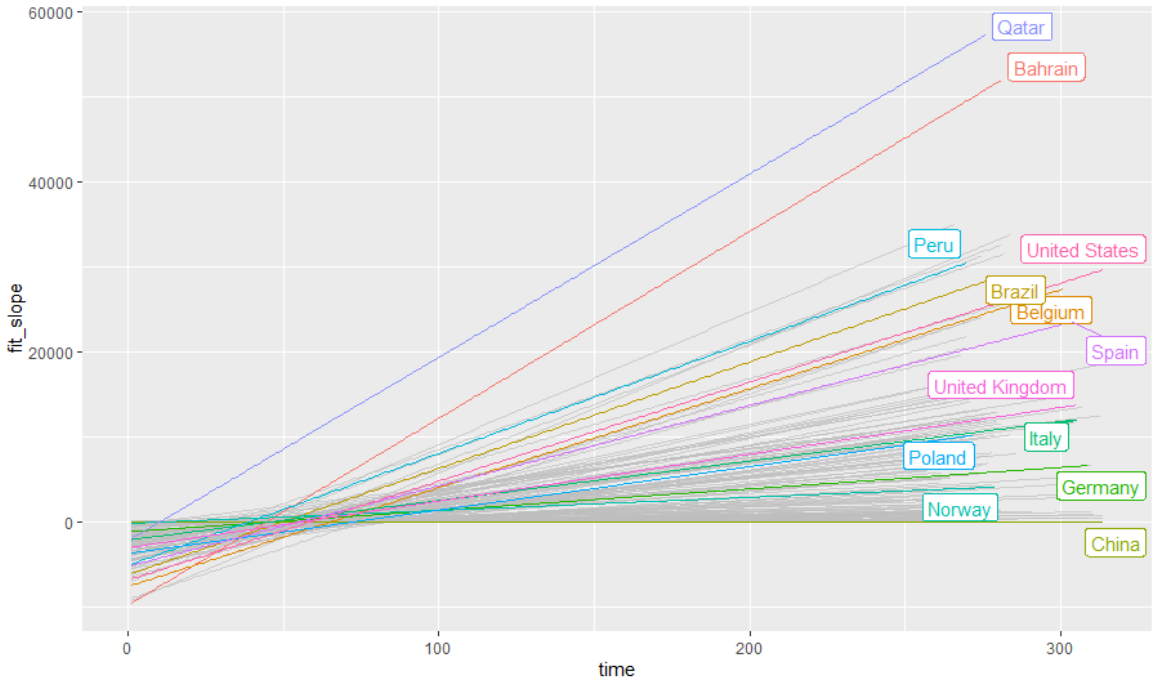
Oprócz powyższego modelu, w którym tylko wyraz wolny różni się pomiędzy krajami, można rozważyć także model, gdzie współczynnik nachylenia prostej także będzie zależał od efektu losowego, czyli model postaci:

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

	Model 1
(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

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

Tabela 2.2: Wyniki dla modelu 1
Źródło: Opracowanie własne



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

Na rysunku 2.3 można zaobserwować, jak różnią się tendencje rozwojowe pandemii w poszczególnych krajach.

W analogiczny sposób można zbudować model, gdzie zależność od czasu będzie funkcją kwadratową, to jest

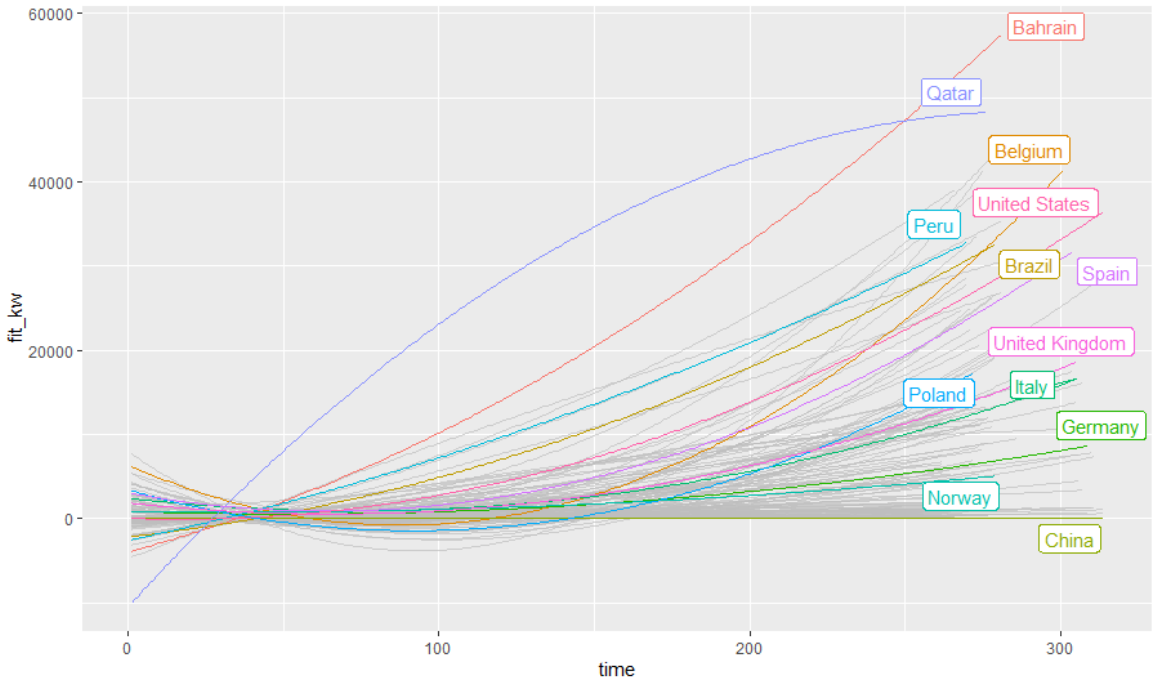
$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{time}\beta_{time} + X_{time^2}\beta_{time^2} +$$
$$+ Z_{0,location}u_{0,location} + Z_{time,location}u_{time,location} +$$
$$Z_{time^2,location}u_{time^2,location} + \varepsilon$$

	Model 1
(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 I(time^2)	6.52
Cov: location (Intercept) time	24812.00
Cov: location (Intercept) I(time^2)	279.78
Cov: location time I(time^2)	5030.38
Var: Residual	2045067.48

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

Tabela 2.3: Wyniki dla modelu 1 z czynnikiem kwadratowym
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

MODEL Z TRZECIĄ POTĘGĄ - JEGO ZOSTAWIĆ !!!!!

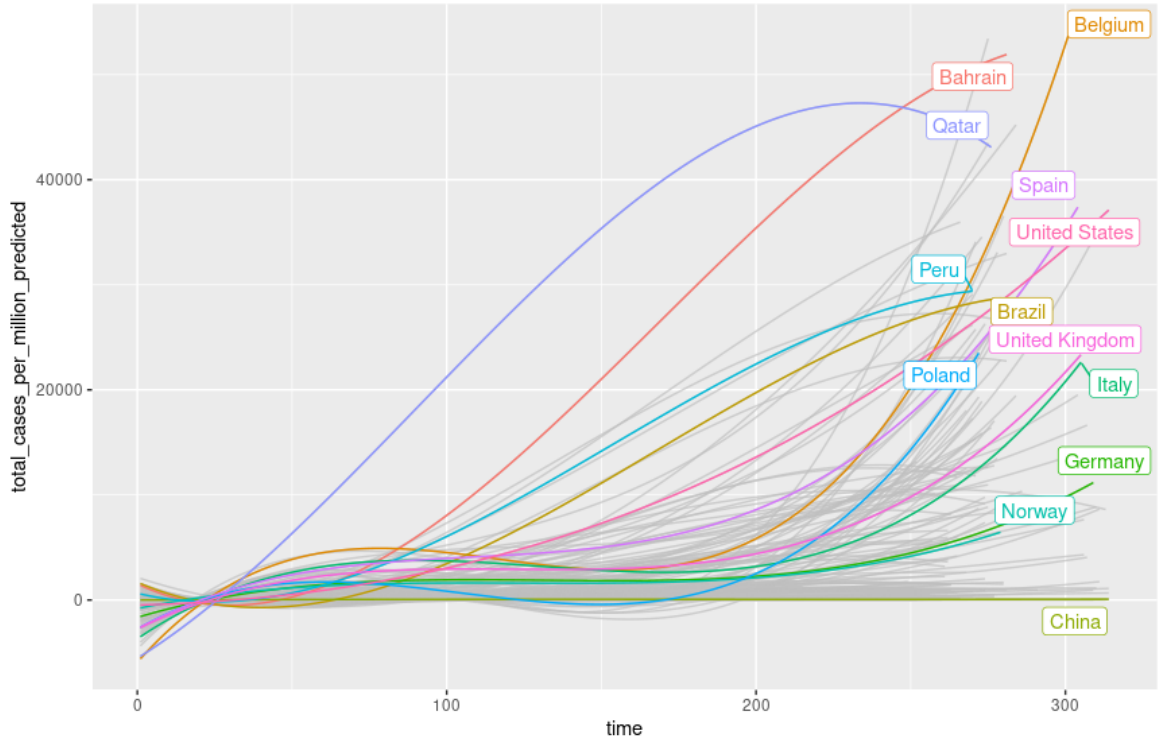
2.2.2. Model 2: zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów na COVID-19

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

	Model 1
(Intercept)	3101.45***
	(320.37)
poly(time, 3)1	577597.25***
	(54939.11)
poly(time, 3)2	202728.96***
	(28196.37)
poly(time, 3)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 poly(time, 3)1	455584118475.42
Var: location poly(time, 3)2	119854000709.20
Var: location poly(time, 3)3	64197657040.51
Cov: location (Intercept) poly(time, 3)1	2548609171.19
Cov: location (Intercept) poly(time, 3)2	329435355.67
Cov: location (Intercept) poly(time, 3)3	−105891364.41
Cov: location poly(time, 3)1 poly(time, 3)2	113956385885.80
Cov: location poly(time, 3)1 poly(time, 3)3	10930922943.81
Cov: location poly(time, 3)2 poly(time, 3)3	68483035447.11
Var: Residual	681134.37

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

Tabela 2.4: Wyniki dla modelu mieszanego z potęgami zmiennej *time* do trzeciej włącznie



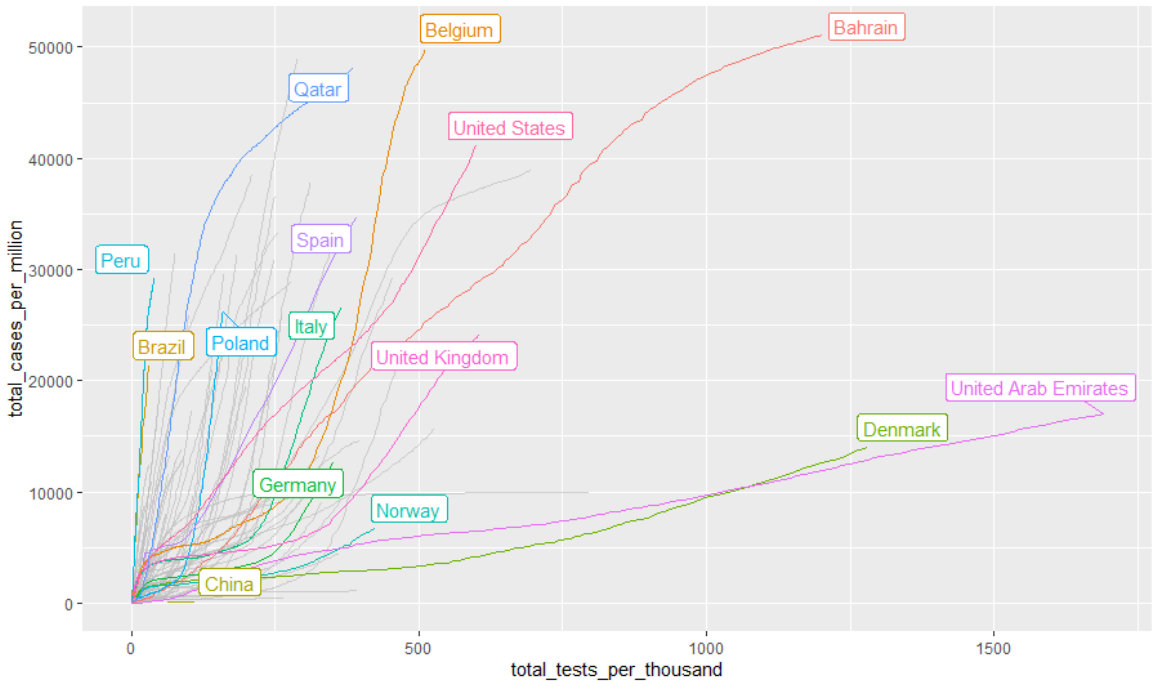
Rysunek 2.5: Model z 3 potęgą time

Drugi model to:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{total\_tests}\beta_{total\_tests} + Z_{location}u_{location} + \varepsilon$$

Badamy tutaj, czy liczba wykonywanych testów (w przeliczeniu na 1000 mieszkańców) ma wpływ na liczbę zachorowań.

Dla tego modelu otrzymujemy następujące wyniki:



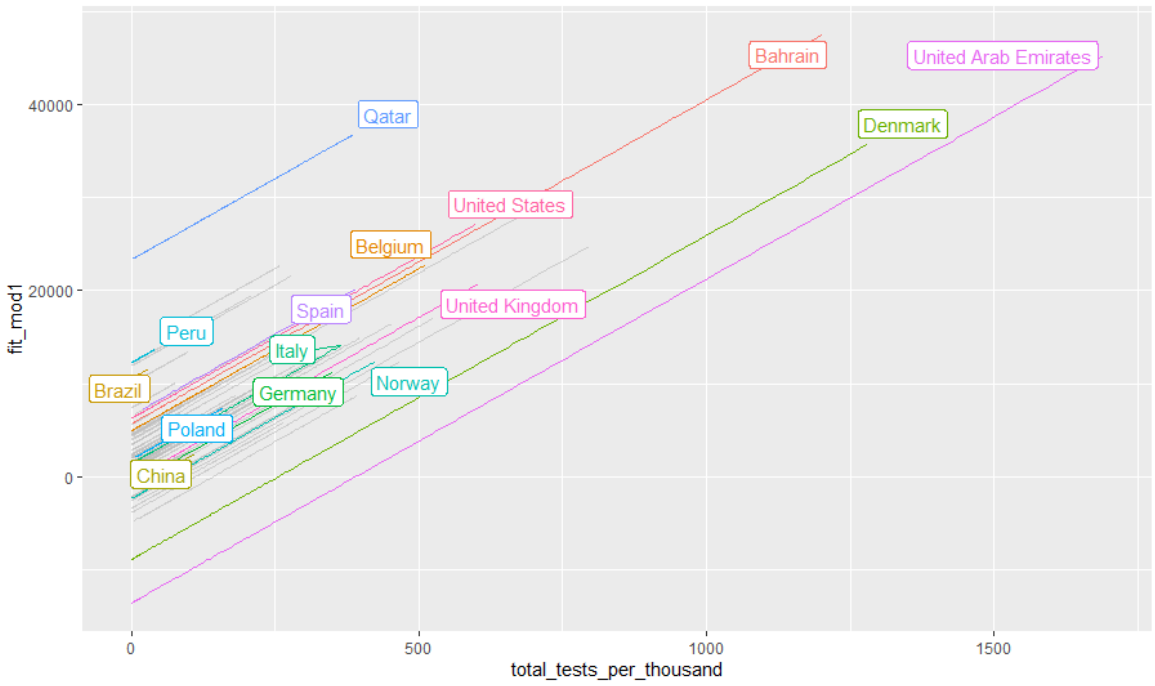
Rysunek 2.6: Wykres przedstawiający zależność między liczbą zachorowań a liczbą wykonywanych testów w poszczególnych krajach
Źródło: Opracowanie własne

	Model 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

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

Tabela 2.5: Wyniki dla modelu 2
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, i ma wpływ stymulujący na liczbę zachorowań.



Rysunek 2.7: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu random intercept
Źródło: Opracowanie własne

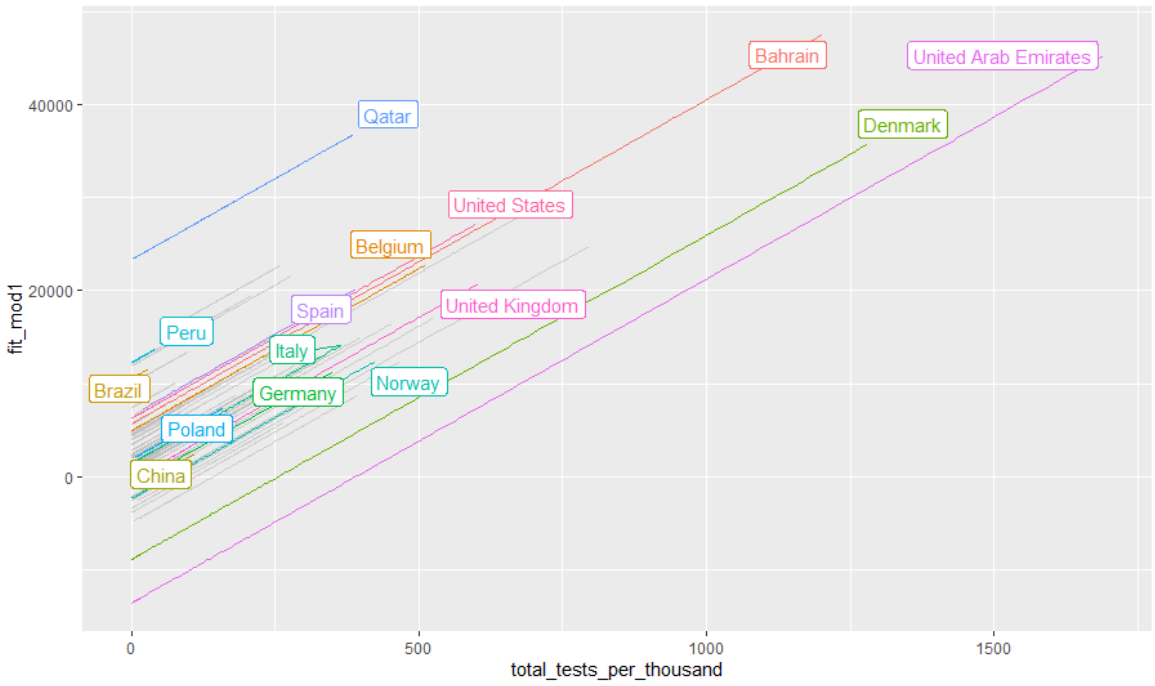
Można także dopasować model, w którym współczynnik nachylenia prostej zależy od kraju:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{total\_tests}\beta_{total\_tests} +$$
$$+ Z_{0,location}u_{0,location} + Z_{total\_tests,location}u_{total\_tests,location} + \varepsilon$$

	Model 1
(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

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

Tabela 2.6: Wyniki dla modelu 2 z losowym współczynnikiem nachylenia



Rysunek 2.8: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu random intercept and slope
Źródło: Opracowanie własne

2.2.3. Model 3: zależność między liczbą zachorowań a oczekiwaną długością życia

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

Trzeci model jest modelem liniowym:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{life\_expectancy}\beta_{life\_expectancy} + \varepsilon$$

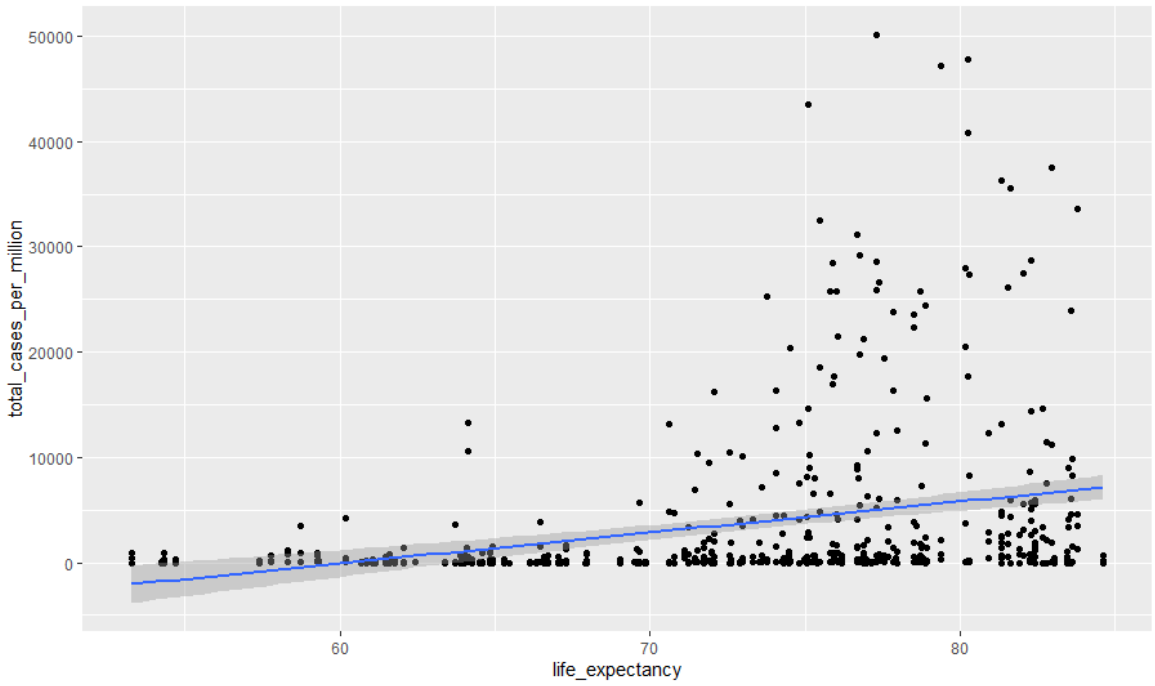
Prezentuje on zależność liczby zachorowań od oczekiwanej długości życia w danym kraju.

Dla modelu trzeciego otrzymujemy następujące wyniki:

	Model 1
(Intercept)	-14780.85^{***}
	(294.55)
life_expectancy	248.30^{***}
	(4.03)
R^2	0.08
Adj. R^2	0.08
Num. obs.	41287

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

Tabela 2.7: Wyniki dla modelu 3
Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.9: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego bez przekształcenia zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

Z analizy modelu liniowego wynika, że oczekiwana długość życia ma istotny wpływ na liczbę zachorowań. Im większa jest oczekiwana długość życia, tym więcej będzie potwierdzonych przypadków koronawirusa. Z wykresu oraz na podstawie niskiej wartości R^2 (około 8%) wynika, że model jest słabo dopasowany do danych. Można zastosować transformację zmiennych, aby poprawić dopasowanie.

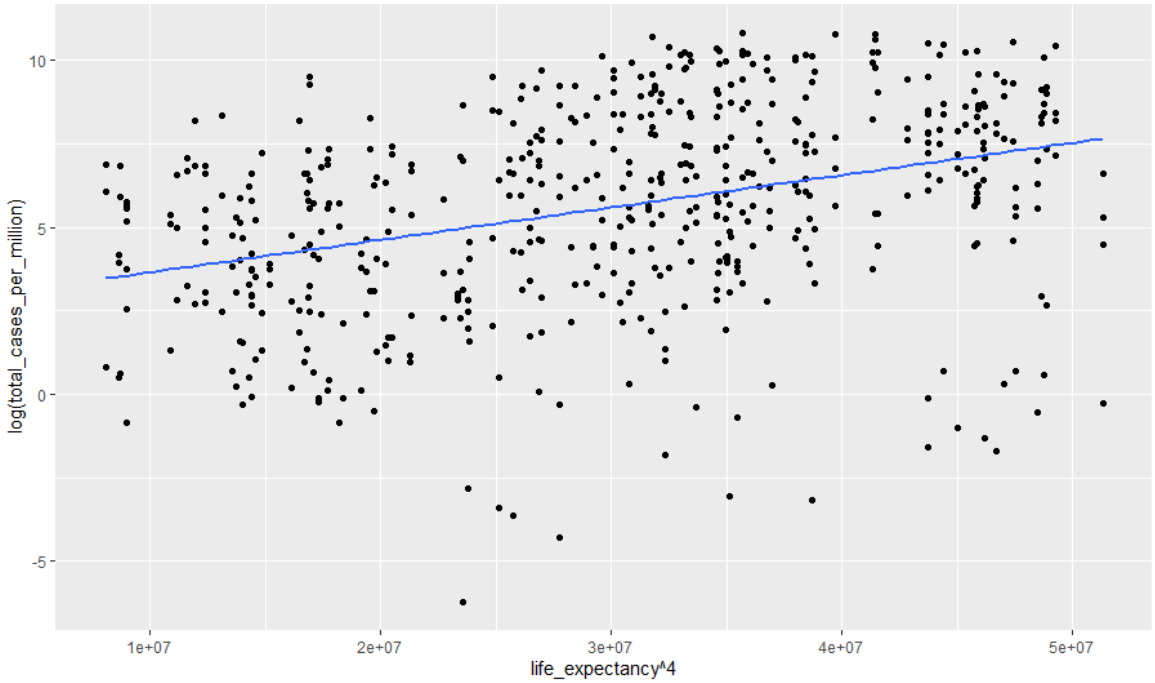
Z transformacji Boxa-Coxa otrzymujemy następujące potęgi dla zmiennych: 3.72 dla life_expectancy oraz 0.09 dla total_cases_per_million. W przybliżeniu przyjmiemy czwartą potęgę dla pierwszej cechy, a dla drugiej 0 czyli logarytm.

$$log(y_{total\_cases}) = \beta_0 + \beta_{life\_expectancy} X^4_{life\_expectancy} + \varepsilon$$

	Model 1
(Intercept)	3.22***
	(0.04)
life_expectancy^4	0.00***
	(0.00)
R^2	0.10
Adj. R^2	0.10
Num. obs.	41287

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

Tabela 2.8: Wyniki dla modelu 3 po przekształceniu zmiennych



Rysunek 2.10: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

Po przekształceniu, R^2 wzrosło nieznacznie, do 10%. Wniosek pozostaje ten sam - im wyższa oczekiwana długość życia, tym więcej osób chorych na COVID-19.

2.2.4. Model 4: zależność między liczbą zachorowań a gęstością zaludnienia

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

W czwartym modelu badamy zależność liczby zachorowań od gęstości zaludnienia:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{population\_density}\beta_{population\_density} + \varepsilon$$

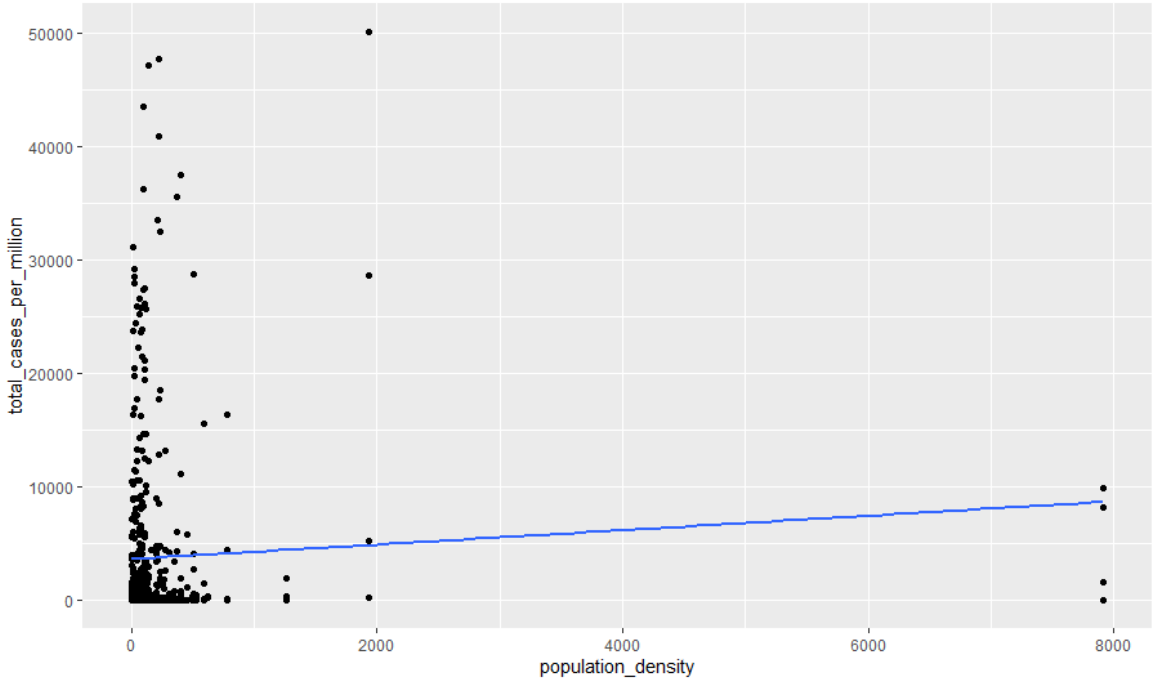
Wyniki są następujące:

	Model 1
(Intercept)	3606.05***
	(356.36)
population_density	0.64
	(0.49)
R^2	0.00
Adj. R^2	0.00
Num. obs.	537

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

Tabela 2.9: Wyniki dla modelu 4

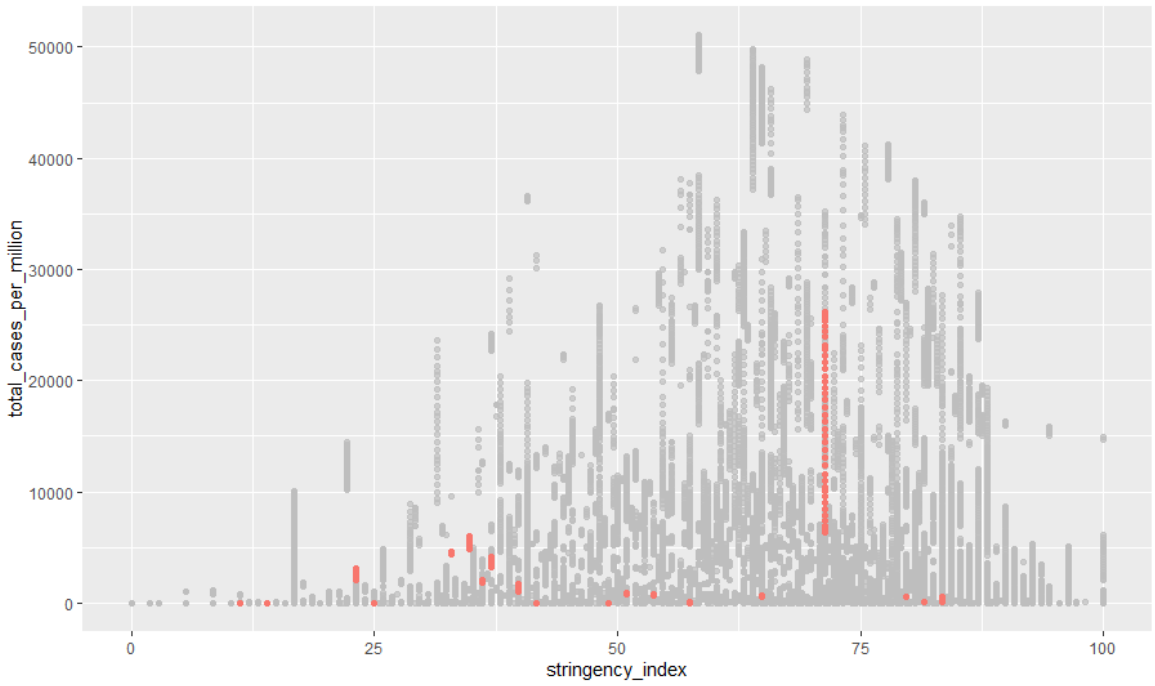
Gęstośc zaludnienia nie jest czynnikiem istotnym statystycznie, a R^2 wynosi 0. Zatem liczba zachorowań na COVID-19 nie zależy od gęstości zaludnienia.



Rysunek 2.11: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego
Źródło: Opracowanie własne

2.2.5. Model 5: zależność między liczbą zachorowań a siłą obostrzeń

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



Rysunek 2.12: Wykres przedstawiający zależność liczby zachorowań od współczynnika siły obostrzeń, kolorem zaznaczone dane dla Polski
Źródło: Opracowanie własne

Piąty model ma następującą postać:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{stringency\_index}\beta_{stringency\_index} + Z_{location}u_{location} + \varepsilon$$

W tym modelu sprawdzamy zależność liczby zachorowań od siły obostrzeń.

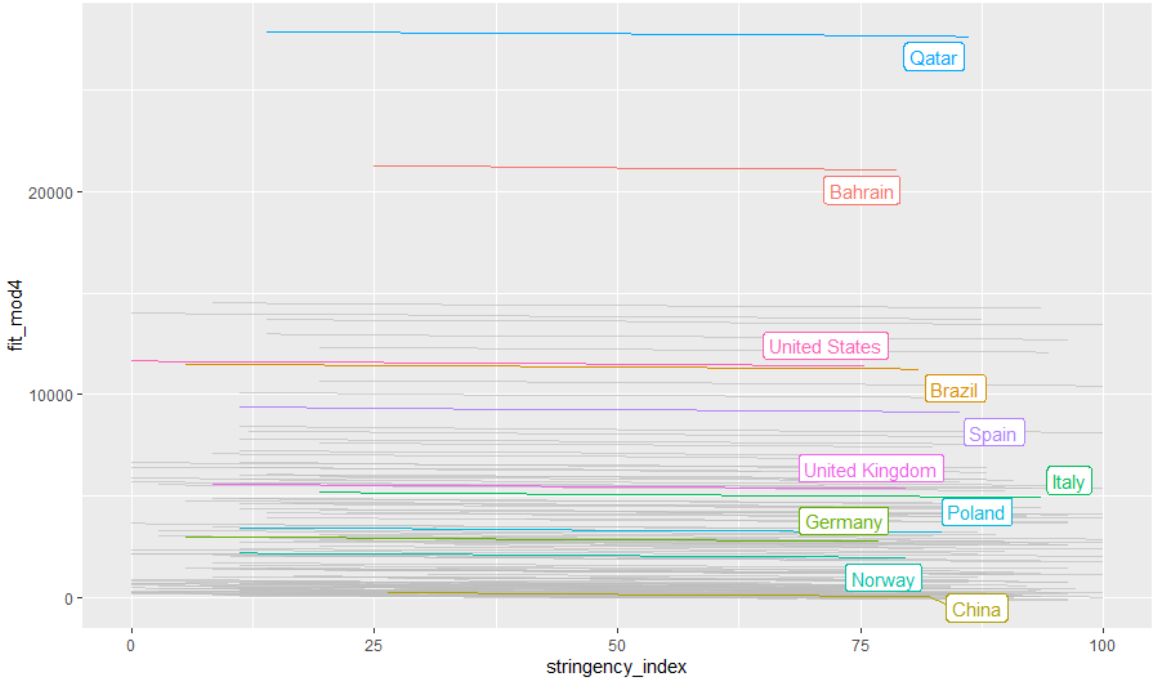
Otrzymujemy następujące wyniki:

	Model 1
(Intercept)	3319.47***
	(356.25)
stringency_index	−3.27*
	(1.43)
AIC	801139.90
BIC	801174.31
Log Likelihood	−400565.95
Num. obs.	40219
Num. groups: location	147
Var: location (Intercept)	17448313.08
Var: Residual	25718203.07

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

Tabela 2.10: Wyniki dla modelu 5
Źródło: Opracowanie własne

Wskaźnik siły obostrzeń jest istotny statystycznie i ma wpływ ograniczający, co oznacza, że im silniejsze obostrzenia, tym mniejsza liczba zachorowań w danym kraju.

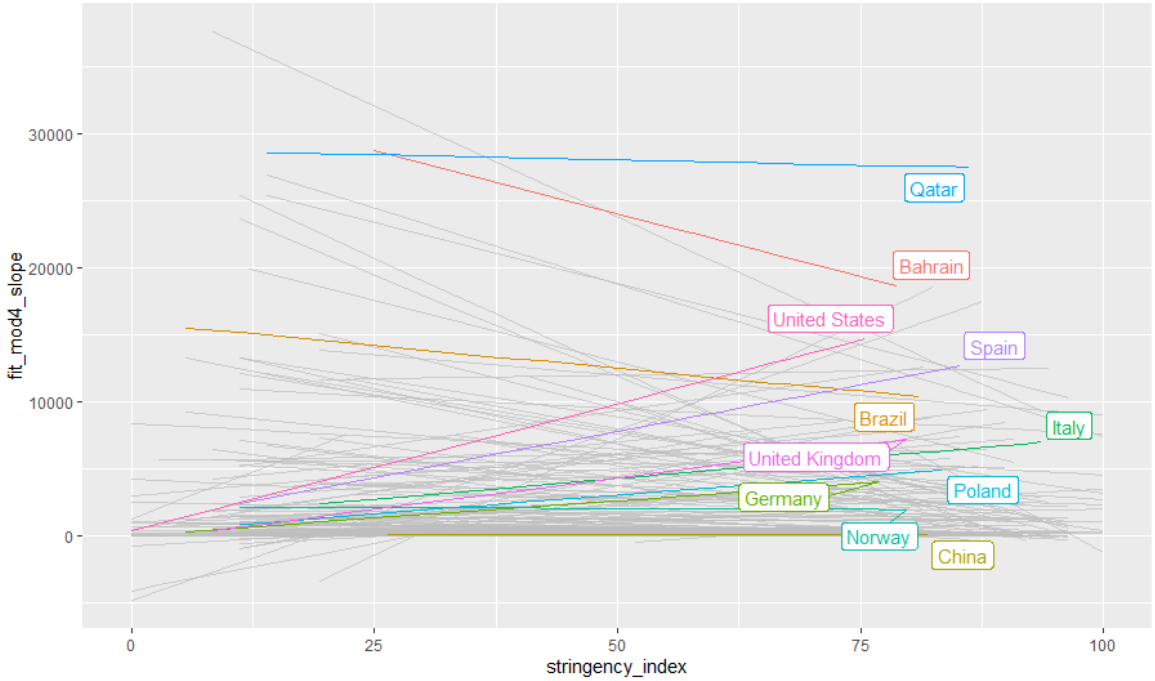


Rysunek 2.13: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu random intercept
Źródło: Opracowanie własne

	Model 1
(Intercept)	4607.01***
	(711.39)
stringency_index	−15.60
	(8.46)
AIC	797733.02
BIC	797784.63
Log Likelihood	−398860.51
Num. obs.	40219
Num. groups: location	147
Var: location (Intercept)	71934195.57
Var: location stringency_index	9970.86
Cov: location (Intercept) stringency_index	−699926.27
Var: Residual	23308070.03

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

Tabela 2.11: Wyniki dla modelu 5 z losowym współczynnikiem nachylenia



Rysunek 2.14: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu random intercept and slope
Źródło: Opracowanie własne

Z wykresu 2.14 widać, że w niektórych krajach przy wzroście siły obostrzeń, liczba zachorowań maleje, a w innych rośnie. Dla przeciętnego kraju wpływ jest ograniczający (co wynika z tabeli 2.11).

2.2.6. Model 6: zależność między liczbą zachorowań a wskaźnikiem rozwoju społecznego

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

Szósty model przedstawia zależność liczby zachorowań od wskaźnika rozwoju społecznego:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{HDI}\beta_{HDI} + \varepsilon$$

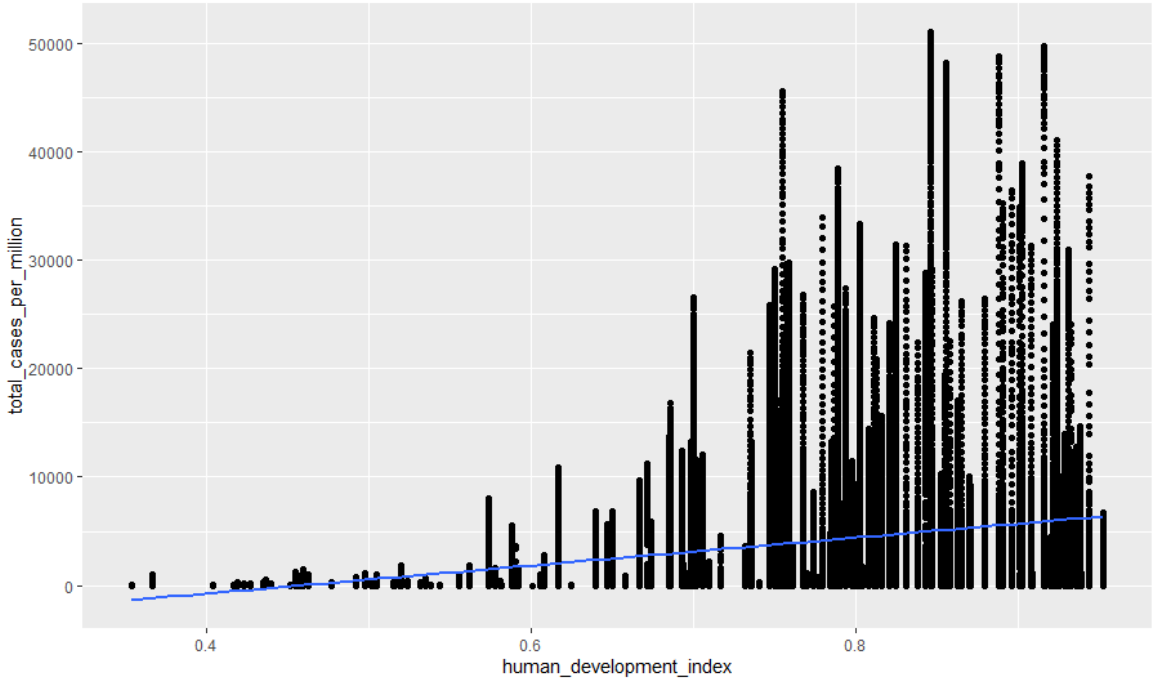
Z tego modelu mamy następujący wynik:

	Model 1
(Intercept)	−5916.47***
	(145.15)
human_development_index	12894.77***
	(198.99)
R^2	0.09
Adj. R^2	0.09
Num. obs.	41027

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

Tabela 2.12: Wyniki dla modelu 6

HDI jest istotny i ma wpływ stymulujacy. W krajach z wyższym wskaźnikiem rozwoju społecznego, zachorowań jest znacząco więcej.



Rysunek 2.15: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego
Źródło: Opracowanie własne

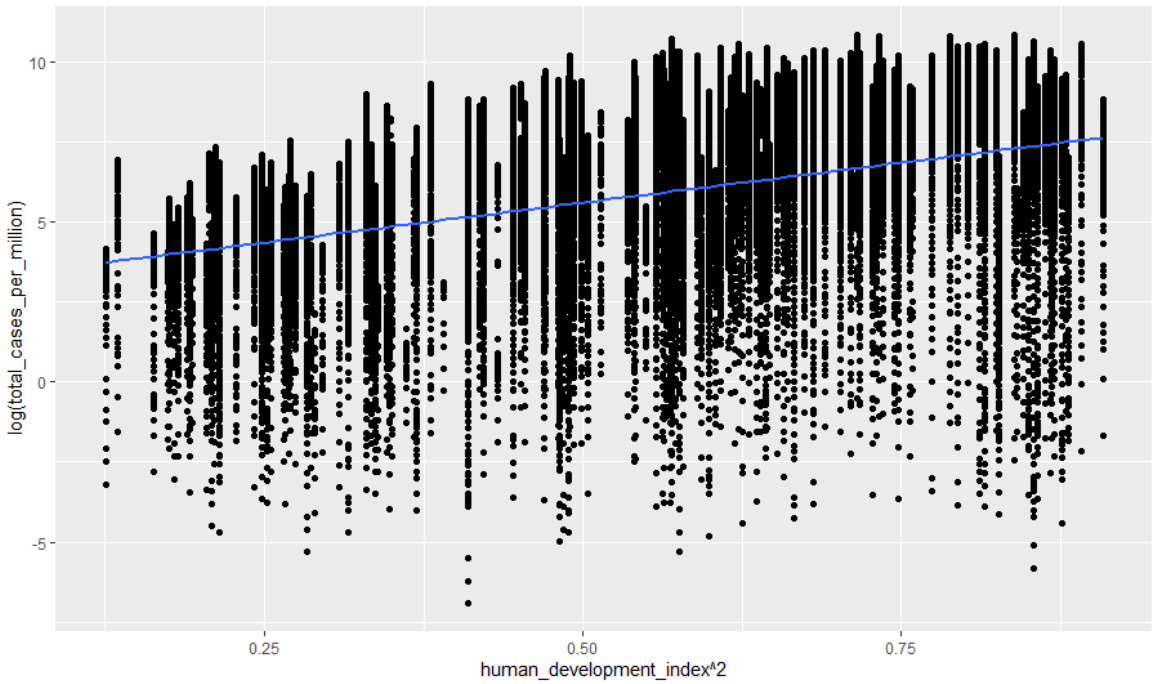
Z przekształcenia Boxa-Coxa otrzymujemy potęgę 2 dla zmiennej HDI oraz logarytm dla $total\_cases\_per\_million$.

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

	Model 1
(Intercept)	3.11***
	(0.04)
human_development_index^2	4.98***
	(0.07)
R^2	0.12
Adj. R^2	0.12
Num. obs.	41027

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

Tabela 2.13: Wyniki dla modelu 6 po przekształceniu zmiennych



Rysunek 2.16: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

2.2.7. Model 7: zależność między liczbą zachorowań a odsetkiem osób umierających na choroby serca

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

Model siódmy wygląda następująco:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{cardiovasc\_death\_rate}\beta_{cardiovasc\_death\_rate} + \varepsilon$$

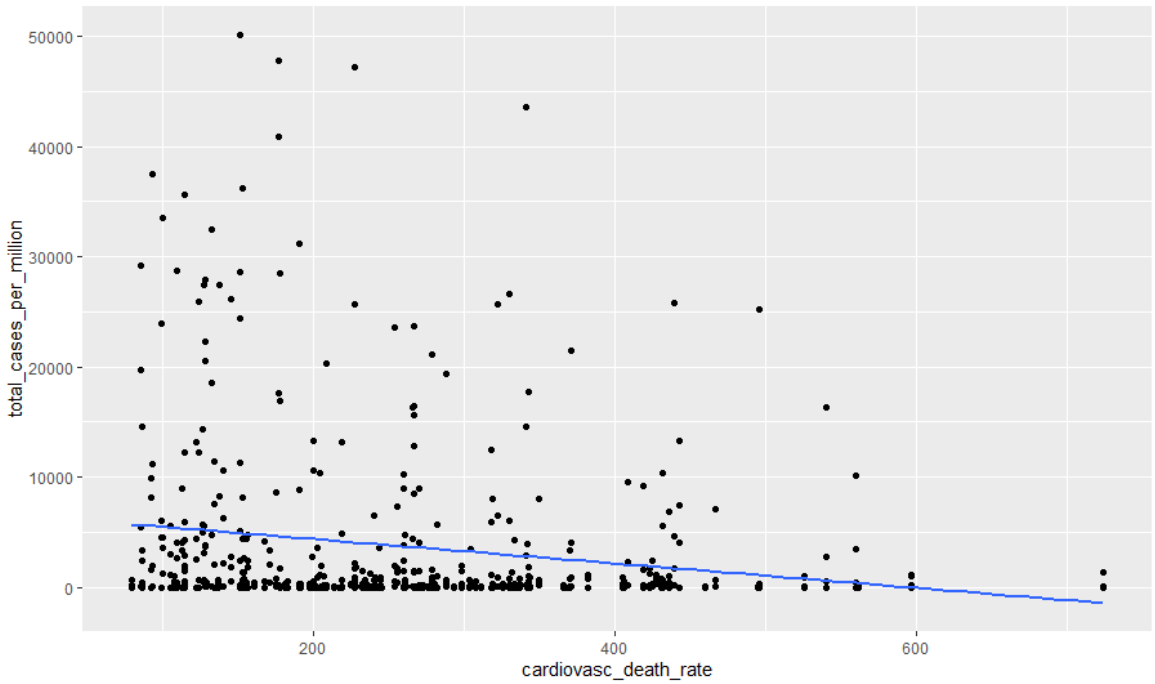
i zawiera zależność od odsetka śmierci spowodowanych chorobami serca w danym kraju.

Otrzymujemy następujące podsumowanie:

	Model 1
(Intercept)	6602.10***
	(792.12)
cardiovasc_death_rate	−11.06***
	(2.76)
R^2	0.03
Adj. R^2	0.03
Num. obs.	537

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

Tabela 2.14: Wyniki dla modelu 7
Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.17: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego
Źródło: Opracowanie własne

Efekt śmiertelności na choroby serca jest istotny statystycznie. 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.

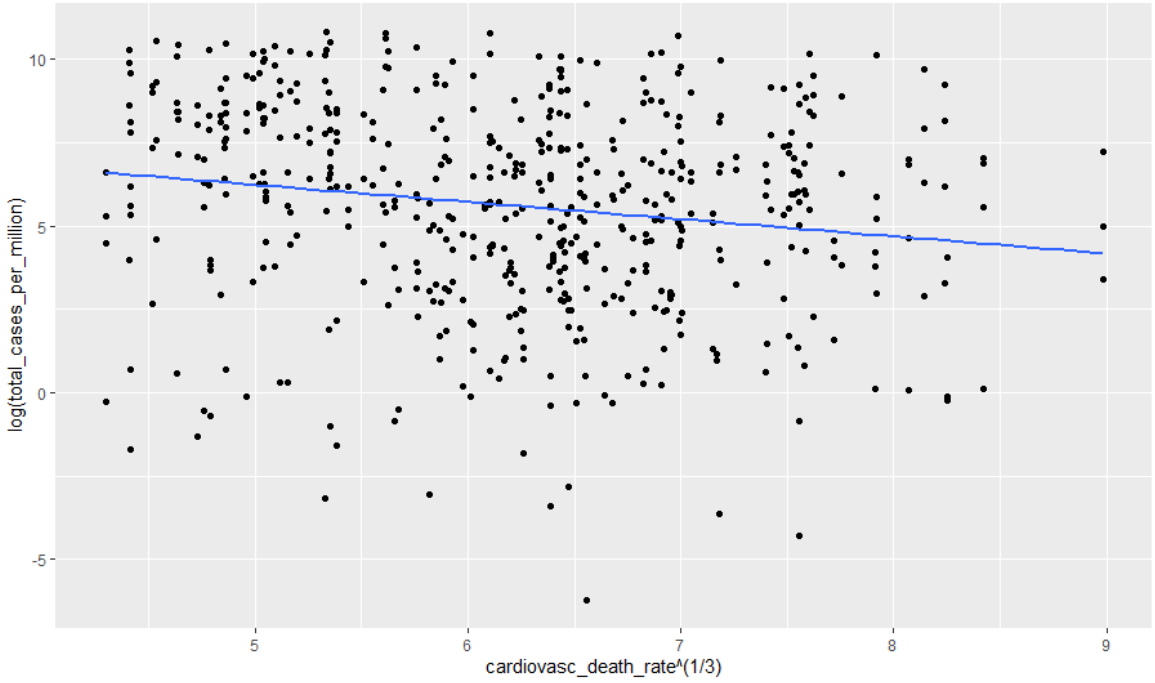
Na podstawie transformacji Boxa-Coxa otrzymujemy pierwiastek trzeciego stopnia ze zmiennej *cardiovasc_death_rate* oraz logarytm z *total_cases_per_million*.

$$\log(y_{total\_cases}) = \beta_0 + \beta_{cardiovasc\_death\_rate} \sqrt[3]{X_{cardiovasc\_death\_rate}} + \varepsilon$$

	Model 1
(Intercept)	8.81***
	(0.82)
cardiovasc_death_rate^ (1/3)	−0.52***
	(0.13)
R^2	0.03
Adj. R^2	0.03
Num. obs.	537

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

Tabela 2.15: Wyniki dla modelu 7 po przekształceniu zmienych



Rysunek 2.18: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego po przekształceniu zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

2.2.8. Model 8: zależność między liczbą zachorowań a powszechnością cukrzycy

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

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{diabetes\_prevalence}\beta_{diabetes\_prevalence} + \varepsilon$$

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

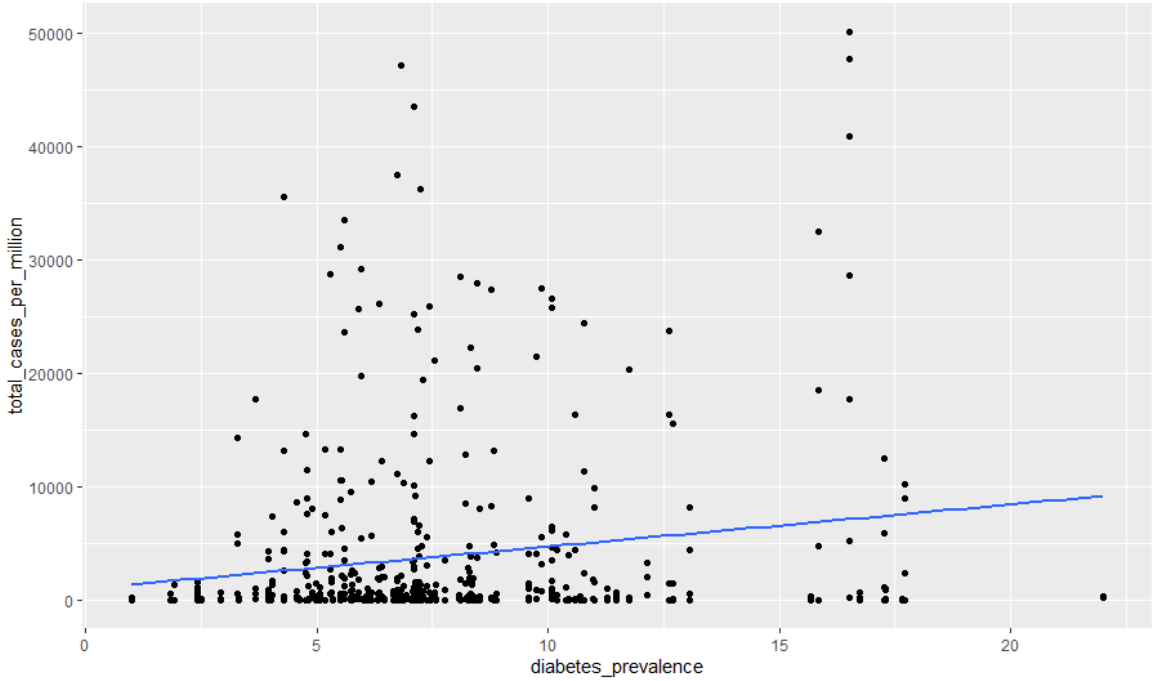
Otrzymujemy następujący wynik:

	Model 1
(Intercept)	991.31
	(754.70)
diabetes_prevalence	372.06***
	(91.52)
R^2	0.03
Adj. R^2	0.03
Num. obs.	537

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

Tabela 2.16: Wyniki dla modelu 8

Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.19: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego
Źródło: Opracowanie własne

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.

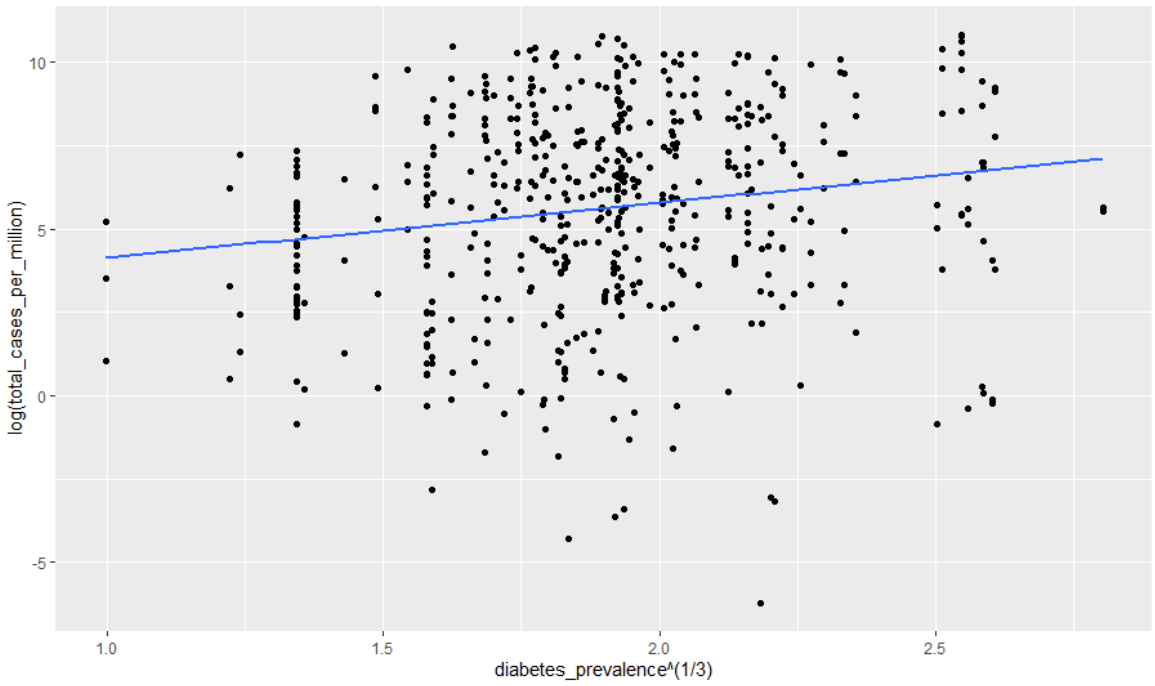
Na podstawie transformacji Boxa-Coxa otrzymujemy pierwiastek trzeciego stopnia ze zmiennej *diabetes_prevalence* oraz logarytm z *total_cases_per_million*.

$$\log(y_{total\_cases}) = \beta_0 + \beta_{diabetes\_prevalence}\sqrt[3]{X_{diabetes\_prevalence}} + \varepsilon$$

	Model 1
(Intercept)	2.49**
	(0.79)
diabetes_prevalence^ (1/3)	1.65***
	(0.41)
R^2	0.03
Adj. R^2	0.03
Num. obs.	537

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

Tabela 2.17: Wyniki dla modelu 8 po przekształceniu zmiennych



Rysunek 2.20: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych

Źródło: Opracowanie własne

2.2.9. Model 9: zależność między liczbą zachorowań a odsetkiem osób żyjących w skrajnej biedzie

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

W tym modelu sprawdzamy zależność liczby zachorowań od odsetka osób żyjących w skrajnym ubóstwie:

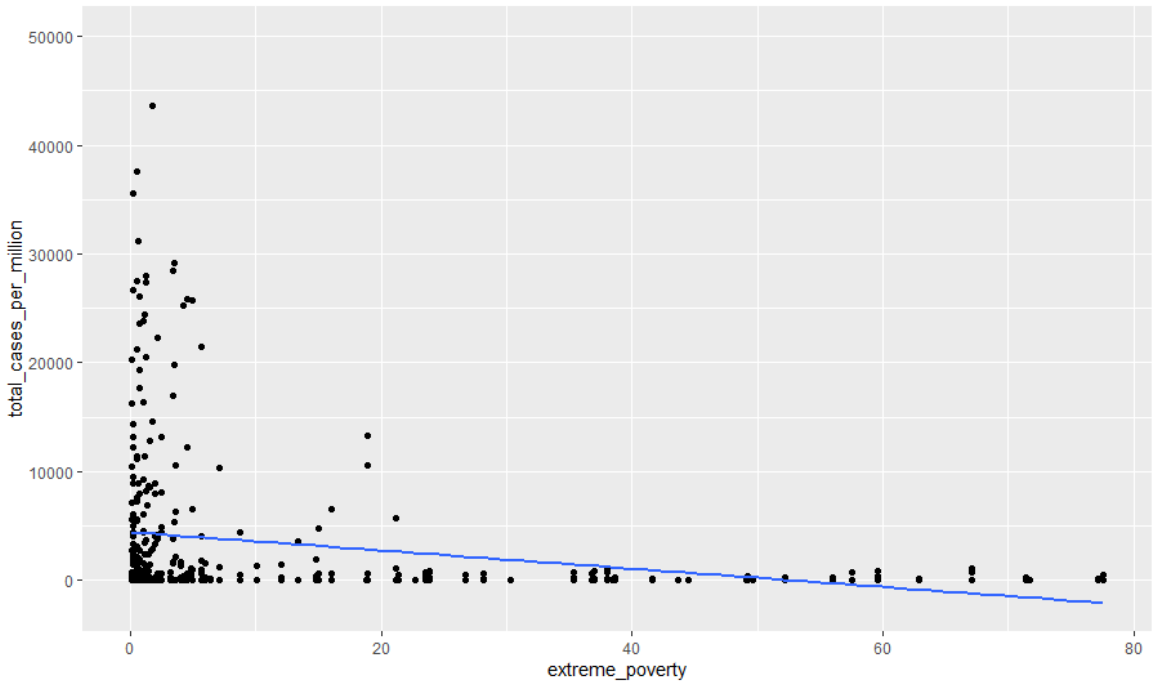
$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{extreme\_poverty}\beta_{extreme\_poverty} + \varepsilon$$

Model ten ma podsumowanie przedstawione w tabeli 2.18:

	Model 1
(Intercept)	4433.28***
	(406.29)
extreme_poverty	−83.75***
	(17.02)
R^2	0.06
Adj. R^2	0.06
Num. obs.	389

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

Tabela 2.18: Wyniki dla modelu 9
Źródło: Opracowanie własne



Rysunek 2.21: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego dla zależności pomiędzy liczbą zachorowań a odsetkiem osób żyjącym w skrajnej biedzie
Źródło: Opracowanie własne

Czynnik *extreme_poverty* jest istotny statystycznie (p-value poniżej 0.001). Współczynnik $\beta_{extreme\_poverty}$ wynosi -83.75. 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 6%, co jest bardzo niską wartością. Na rysunku 2.21 przedstawiona jest zależność między liczbą zachorowań a odsetkiem osób żyjących w skrajnej biedzie, z dopasowanym modelem liniowym. Widać, że najwięcej obserwacji to kraje, w których odsetek osób żyjących w skrajnej biedzie jest niski, a krajów z wysoką wartością *extreme_poverty* jest niewiele, i charakteryzują się one niskimi wartościami zmiennej zależnej.

Stosując transformację Boxa-Coxa, otrzymujemy przekształcenie logarytmiczne dla obu zmiennych w modelu:

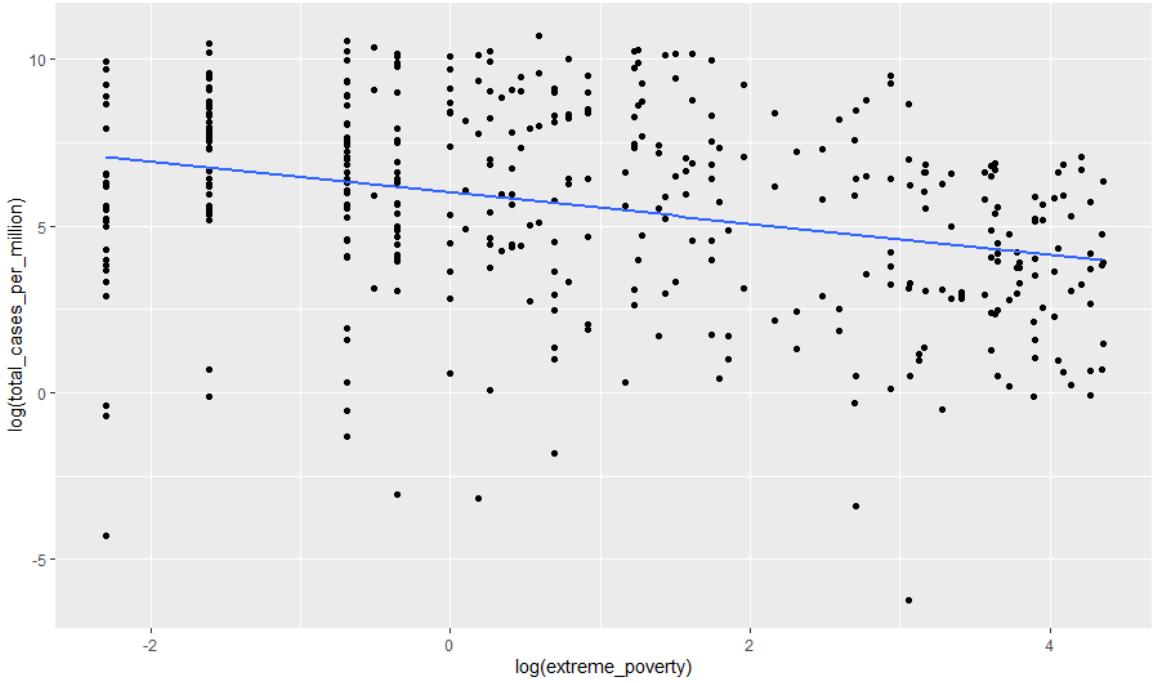
$$\log(y_{total\_cases}) = \beta_0 + \beta_{extreme\_poverty} \log(X_{extreme\_poverty}) + \varepsilon$$

Podsumowanie dla modelu 9 po przekształceniu zmiennych znajduje się w tabeli 2.19. Efekt $\log(extreme\_poverty)$ jest istotny statystycznie i ma wartość -0.46, co oznacza, że wraz ze wzrostem zmiennej niezależnej maleje liczba zachorowań. R^2 wzrosło do 9%, a więc nieznacznie w stosunku do modelu przed przekształceniem zmiennych. Dopasowanie modelu liniowego do danych po przekształceniu widać na rysunku 2.22.

	Model 1
(Intercept)	6.00***
	(0.16)
log(extreme_poverty)	−0.46***
	(0.07)
R^2	0.09
Adj. R^2	0.09
Num. obs.	389

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

Tabela 2.19: Wyniki dla modelu 9 z przekształceniem logarytmicznym obu zmiennych



Rysunek 2.22: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych dla zależności pomiędzy liczbą zachorowań a odsetkiem osób żyjącym w skrajnej biedzie

Źródło: Opracowanie własne

2.2.10. Model 10: zależność między liczbą zachorowań a wysokością PKB na osobę

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

W modelu dziesiątym pojawia się zależność liczby zachorowań od PKB na osobę, więc badamy model postaci:

$$y_{total\_cases} = \beta_0 + X_{GDP}\beta_{GDP} + \varepsilon$$

Wyniki są przedstawione w tabeli 2.20:

	Model 1
(Intercept)	1174.04*
	(462.01)
gdp_per_capita	0.13***
	(0.02)
R^2	0.11
Adj. R^2	0.11
Num. obs.	531

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

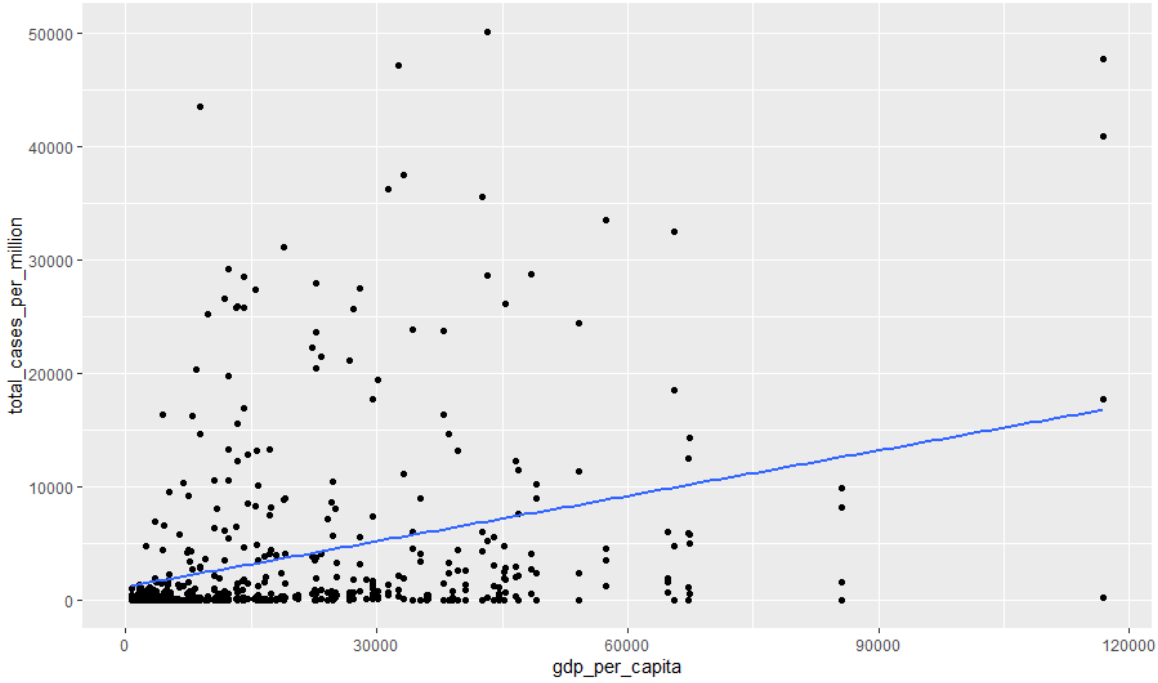
Tabela 2.20: Wyniki dla modelu 10
Źródło: Opracowanie własne

Efekt PKB na osobę jest istotny statystycznie (p-value poniżej 0.001). Współczynnik β_{GDP} wynosi 0.13. Jest on dodatni, więc im wyższe PKB danego kraju, tym wyższa liczba zachorowań. Współczynnik R^2 wynosi 0.11, co oznacza, że zmienna *gdp_per_capita* wyjaśnia około 11% zmienności modelu. Procent wyjaśnionej zmienności jest więc niski. Na rysunku 2.23 widać wykres rozrzutu zmiennej *total_cases_per_million* w zależności od *gdp_per_capita*. Obserwacje są rozłożone nierównomiernie, najwięcej jest takich, które mają niskie wartości obu zmiennych. Dlatego, aby poprawić model, dokonamy transformacji zmiennych.

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 2.21 widać podsumowanie modelu 10 po przekształceniu zmiennych. Współczynnik przy przekształconym *gdp_per_capita* wynosi 0.79 i jest istotny statystycznie, więc zależność między zmienną zależną a niezależną jest rosnąca. Po przekształceniu



Rysunek 2.23: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a PKB na osobę

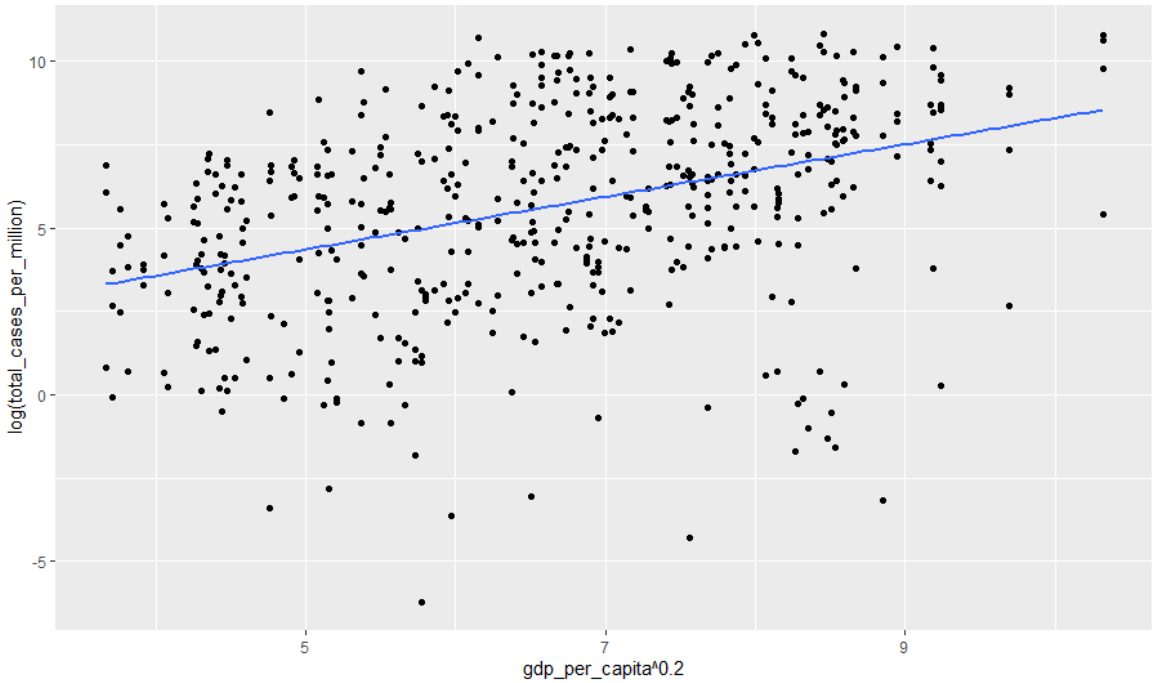
Źródło: Opracowanie własne

zmiennych procent wyjaśnianej wariancji wzrósł do 15%, co nadal jest niską wartością. Na rysunku 2.24 widać dopasowanie tego modelu do danych po przekształceniu zmiennych.

	Model 1
(Intercept)	0.42
	(0.55)
gdp_per_capitaˆ 0.2	0.79***
	(0.08)
R^2	0.15
Adj. R^2	0.15
Num. obs.	531

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

Tabela 2.21: Wyniki dla modelu 10 z przekształceniem zmiennych



Rysunek 2.24: Wykres przedstawiający dopasowanie modelu liniowego z przekształceniem zmiennych do zależności pomiędzy liczbą zachorowań a PKB na osobę
Źródło: Opracowanie własne

Podsumowanie i wnioski

Podsumowanie wymaga solidnych poprawek, ale zostawić to na koniec.

W tabeli 2.22 znajduje się podsumowanie istotności poszczególnych czynników, których wpływ na liczbę zachorowań był badany w tej pracy.

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, im wyższy, tym mniej 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 2.22: Porównanie istotności i wpływu różnych czynników na liczbę zachorowań w przeciętnym kraju

Źródło: Opracowanie własne

Nr modelu	AIC
1.1	715285
1.2	655232
2	363631
3	729555
4	729672
5	687061
6	720399
7	729657
8	729646
9	520055
10	720911

Tabela 2.23: Porównanie indeksów Akaike dla poszczególnych modeli
Źródło: Opracowanie własne

Indeks Akaike jest miarą utraconej informacji. Im mniejszy jest indeks Akaike, tym lepiej model wyjaśnia badane zjawisko. Widzimy z tabeli 2.23, 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, 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 wyjaśnia ponad połowę wariancji resztowej modelu, więc zmienność liczby zachorowań pomiędzy różnymi krajami jest około dwukrotnie większa niż zmienność liczby zachorowań w pojedynczym kraju.

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.

Ułożyć alfabetycznie bibliografię, dowiedzieć się jak z linkami do stron

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)

[6] Welham, Sue & Cullis, Brian & Gogel, Beverley & Gilmour, A.R. & Thompson, Robin. *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.

[7] Howard J. Seltman, *Experimental Design and Analysis*, `http://www.stat.cmu.edu/~hseltman/309/Book/`

[8] `https://peerj.com/articles/4794/` (dostęp: 11.11.2020)

[9] `https://cran.r-project.org/web/packages/lme4/index.html` (dostęp: 03.01.2021)

[10] `https://cran.r-project.org/web/packages/lmerTest/index.html` (dostęp: 03.01.2021)

[11] `https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/lm` (dostęp: 03.01.2021)

[12] `https://www.rdocumentation.org/packages/car/versions/3.0-10/topics/powerTransform` (dostęp: 03.01.2021)

[13] `https://www.rdocumentation.org/packages/faraway/versions/1.0.7/topics/pulp` (dostęp: 04.01.2021)

[14] Tim Hesterberg, Shaun Monaghan, David S. Moore, Ashley Clipson, Rachel Epstein, *Bootstrap Methods and Permutation Tests. Companion Chapter 18 to the Practice of Business Statistics*, W. H. Freeman and Company, New York, 2003

[15] `https://www.naukowiec.org/wiedza/statystyka/interpretacja-wykresow-rozrzutu_769.html` (dostęp: 07.01.2021)

[16] Hyndman, R.J., Athanasopoulos, G. *Forecasting: principles and practice, 3rd edition*, OTexts: Melbourne, Australia, 2019, OTexts.com/fpp3 (dostęp: 07.01.2021)

[17] https://pl.wikipedia.org/wiki/Przekszta%C5%82cenie_Boxa-Coxa (dostęp: 07.01.2021)

[18] https://pl.wikipedia.org/wiki/Wsp%C3%B3%C5%82czynnik_determinacji (dostęp: 08.01.2021)

[19] https://pl.wikipedia.org/wiki/Model_statystyczny#Skorygowany_wsp%C3%B3%C5%82czynnik_determinacji (dostęp: 08.01.2021)

Spis rysunków

Spis tabel

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.