

Projet HAB904B

Basile Pajot (DARWIN), Marion Themeze-Leroy (ECOSYSTEMES),

2023-12-21

Contents

1	Lecture et exploration des données	1
1.1	La variable à expliquer	1
1.2	Les variables explicatives	1
1.3	Exploration des données	2
2	Ajustement d'un modèle simple	5
3	Comparaison de modèles	9
4	Inférence et interprétation des résultats	10
5	Discussion	11

1 Lecture et exploration des données

1.1 La variable à expliquer

La variable d'intérêt à expliquer, est **Shells**, soit le nombre de carapaces de tortues récentes trouvées lors des relevés sur le terrain. Cette variable est un proxy pour estimer le nombre de tortues mortes d'une année sur l'autre.

1.2 Les variables explicatives

- **Prev** est une variable explicative qualitative qui correspond à la prévalence pour *Mycoplasma agassizii*, soit le rapport entre le nombre de tortues séropositives sur l'effectif total de tortues par année pour chaque site.
- **Site** est une variable qualitative qui correspond au site d'échantillonnage. Elle a 10 modalités : le parc national *Big Shoals* (*BS*), l'aire de gestion de la faune sauvage *Camp Blanding* (*CB*), l'aire de gestion de la faune sauvage et de l'environnement *Cecil Field/Branan Field* (*CF*), une *propriété privé en Floride centrale* (*Cent*), le parc national *Fort Cooper* (*FC*), l'aire de gestion de la faune sauvage *Flying Eagle* (*FE*), le parc national *Gold Head Branch* (*GH*), l'aire de gestion de la faune sauvage et de l'environnement *Perry Oldenburg* (*Old*), la station biologique *Ordway-Swisher* (*Ord*), l'aire de gestion de la pêche *Tenoroc Fish* (*TE*).

- **Area** est une variable quantitative qui correspond à l'aire couverte par site lors des relevés.
- **Year** est une variable qualitative qui correspond à l'année pour laquelle les relevés ont été faits. Elle a 3 modalités : 2004, 2005, 2006.

1.3 Exploration des données

Nous regardons un résumé statistique des variables de notre jeu de donnée.

```
##      Site      year      shells      type      Area
## BS      : 3  Length:30      Min.    :0.00  Fresh:30  Min.    : 5.30
## CB      : 3  Class :character  1st Qu.:0.00      1st Qu.:15.20
## Cent    : 3  Mode  :character  Median :1.00      Median :27.30
## CF      : 3      Mean  :1.80      Mean  :29.02
## FC      : 3      3rd Qu.:2.75      3rd Qu.:43.20
## FE      : 3      Max.    :9.00      Max.    :61.00
## (Other):12
##      density      prev      total_turtle      standprev
## Min.    : 1.80  Min.    : 1.00  Min.    : 44.80  Min.    : -0.9163
## 1st Qu.: 2.50  1st Qu.: 1.20  1st Qu.: 74.75  1st Qu.: -0.9088
## Median : 3.50  Median :15.95  Median :104.22  Median : -0.3559
## Mean    : 8.76  Mean    :25.45  Mean    :119.72  Mean    : 0.0000
## 3rd Qu.: 4.80  3rd Qu.:42.05  3rd Qu.:174.90  3rd Qu.: 0.6223
## Max.    :33.00  Max.    :80.70  Max.    :200.79  Max.    : 2.0709
##
##      H      Cov_2004      Cov_2005      Cov_2006
## Min.    :0.0000  Min.    :0.0000  Min.    :0.0000  Min.    :0.0000
## 1st Qu.:0.0000  1st Qu.:0.0000  1st Qu.:0.0000  1st Qu.:0.0000
## Median :0.0000  Median :0.0000  Median :0.0000  Median :0.0000
## Mean    :0.4333  Mean    :0.3333  Mean    :0.3333  Mean    :0.3333
## 3rd Qu.:1.0000  3rd Qu.:1.0000  3rd Qu.:1.0000  3rd Qu.:1.0000
## Max.    :1.0000  Max.    :1.0000  Max.    :1.0000  Max.    :1.0000
##
```

Nous avons un plan d'expérience équilibré avec un même nombre d'observations par site et par année.

Pour la prevalence **prev** la moyenne est supérieure à la médiane, c'est-à-dire que plus de 50% des valeurs sont inférieures à la moyenne. Il en est de même pour le nombre de carapces **shells**. De plus, pour la prévalence, la différence entre le troisième quartile et le minimum est d'environ 40, tout comme la différence entre le maximum et le 3ème quartile. Ainsi, la gamme de valeurs prise par 25% des données est égales à celle prise par 75% des données. Pour le nombre de carapaces, la gamme de valeurs prise par 25% des données est plus de trois fois supérieur à celle prise par 75% des données. Ceci est illustré par les *figures 1 et 2*.

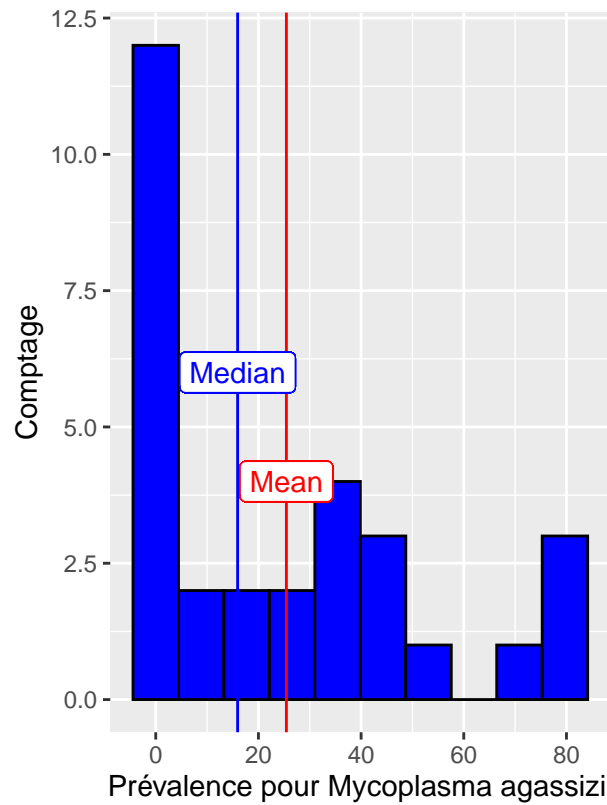


Figure 1 : Distribution de la prévalen

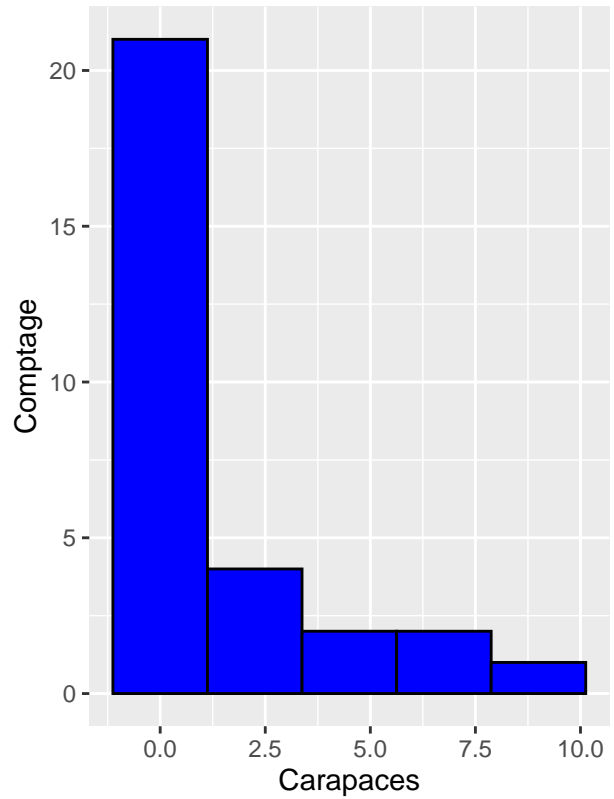


Figure 2 : Distribution du nombre de c

La distribution du nombre de carapaces ressemble à une distribution de Poisson.

La figure 3 donne plusieurs informations sur notre jeu de données.

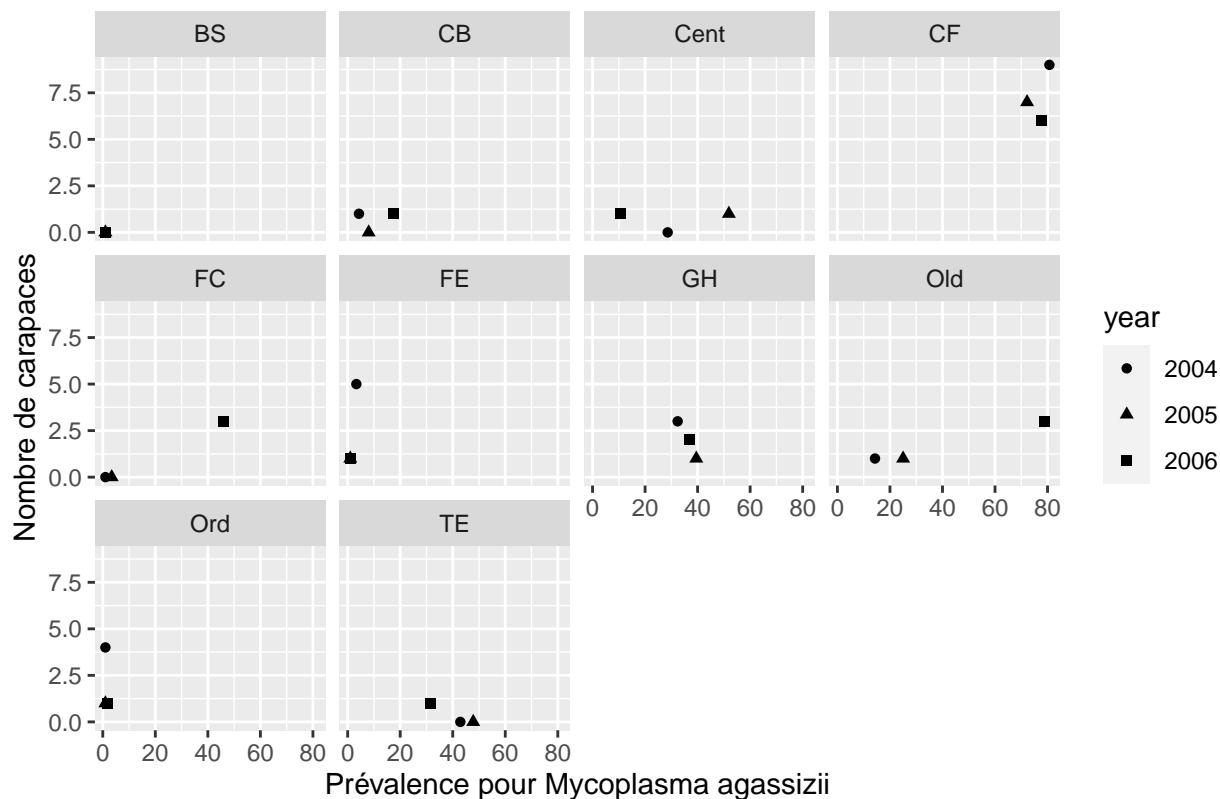


Figure 3 : Le nombre de carapaces en fonction de la prevalence par site par année

Tout d'abord, le nombre de carapaces récentes trouvées varie ou non en fonction des années et cette variation n'est pas la même en fonction des sites. Le nombre de carapaces récentes par rapport à l'année précédente reste constante augmente ou diminue. On observe des évolutions différentes pour les sites : on observe une diminution du nombre de carapaces pour le site CF sur les trois ans ou un changement de tendance se traduisant par une diminution puis une augmentation pour le site CB.

Ensuite, la prévalence en fonction des sites peut également varier en fonction des années. Comme précédemment, cette variation n'est pas la même en fonction des sites. La prévalence reste constante, augmente ou diminue. La variation peut être globale sur les trois années d'étude (augmentation de la prévalence pour le site Old) ou changer (augmentation puis diminution pour le site Cent). Lorsque la prévalence augmente d'une année à l'autre $prev[n] < prev[n+1]$, le nombre de carapaces récentes trouvées l'année suivante augmente $shells[n+2] > shells[n+1]$ (sites CB, Old), et inversement (sites CF).

Ainsi, les variations du nombre de carapaces récentes trouvées pourrait être expliquée par les variations de la prévalence.

Il apparaît également que certains sites ont de faibles prévalences (BS, Ord, FE) quelque soit l'année et d'autres des prévalences élevées (CF, GH, TE). Ceci concourt avec les observations faites précédemment avec le résumé de la variable `prev` et la distribution de la prévalence. Ainsi, nous pourrions séparer les sites en deux catégories, ceux à faible ou forte prévalence. Cette variable sera donc traitée de deux manières : de manière continue et de manière discontinue avec deux catégories :

- faible prévalence (0) : $Prev < 0.25$
- haute prévalence (1) : $Prev > 0.25$

Nous allons donc essayer de déterminer si la prévalence et l'année permettent d'expliquer les variations du nombre de carapaces. Nous avons vu que la prévalence et le nombre de carapaces trouvées diffère entre les sites et entre les années. Afin de pouvoir nous concentrer sur l'effet de la prévalence, nous allons mettre un

effet aléatoire sur la variable **Site**. Nous pourrions faire de même pour la variable **Année** mais par souci de simplification, nous allons garder cette variable en effet fixe.

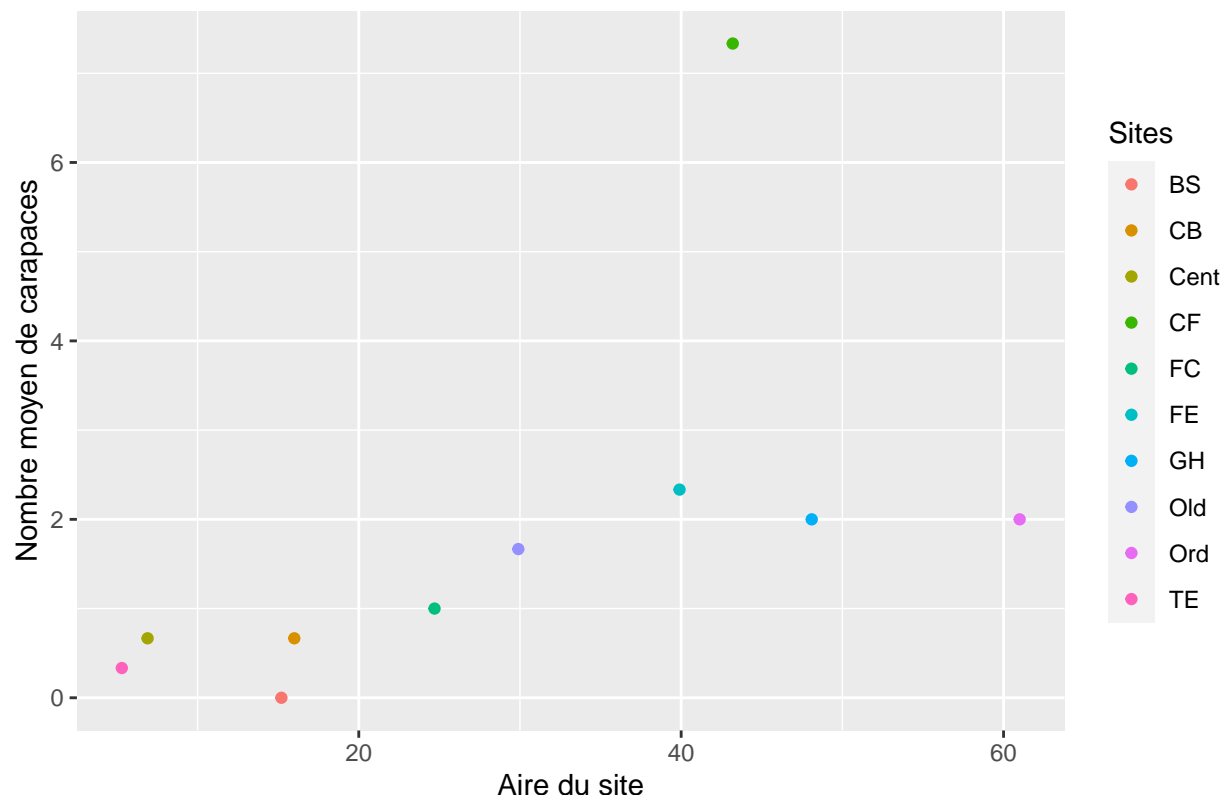


Figure 4 : Le nombre moyen de carapaces en fonction de l'aire du site d'étude

D'après la *figure 4* les sites n'ont pas tous la même aire et il semble qu'un plus grand nombre de carapces sont trouvés sur les sites avec une plus grande aire. Afin de pouvoir comparer les sites entre eux, nous allons prendre le rapport entre le nombre de carapces trouvées par site et l'aire du site.

D'après les observations faites précédemment, nous souhaitons donc déterminer si :

- le nombre de carapces récentes trouvées est corrélée avec la prevalence pour *Mycoplasma agassizii* pour une année donnée.
- le nombre de carapces récentes trouvées est plus grand dans les sites à haute prévalence par rapport aux sites à basse prévalence.

2 Ajustement d'un modèle simple

Nous commençons par un modèle simple M1 en considérant uniquement l'effet de la prévalence sur le nombre de carapces récentes trouvées.

L'équation (approche fréquentiste) du modèle linéaire simple est la manière suivante :

$$\frac{shells}{aire_{site}} = \mu_0 + \beta * prev$$

Ceci se traduit en approche bayésienne par un modèle considérant les hypothèses suivantes :

- **shells** suit un loi de poisson de paramètre λ (*cf figure 2*), c'est-à-dire que c'est une variable discrète de comptage dans un intervalle de temps et un espace donnés ; avec une variance égale à la moyenne $E(shells) = V(shells) = \lambda$
- toutes les observations de **shells** sont **indépendantes**
- le logarithme de la moyenne de **shells** peut être exprimée comme la combinaison linéaire des variables explicatives sélectionnées.
- que les paramètres à estimer (ordonnée à l'origine et coefficients de regression) suivent des lois connues, explicités ci-après.

Nous avons donc :

$$Shells_i \stackrel{i.i.d}{\sim} Pois(\lambda_i) \text{ avec } i = 1, \dots, 30 \text{ le nombre d'observations}$$

$$\log(\lambda_i) = \log(aire_i) + \mu_0 + \beta * prev_i$$

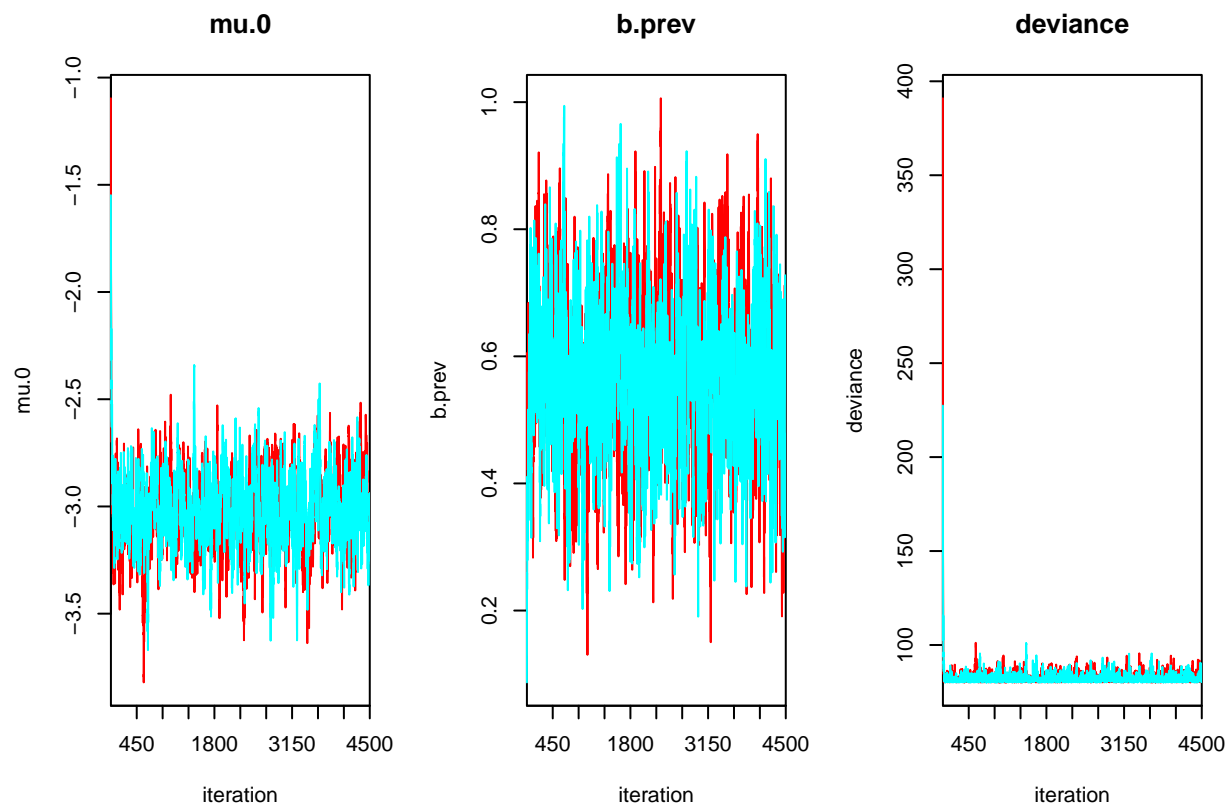
Nous utilisons comme priors les distribution suivantes :

$$\mu_0 \sim \mathcal{N}(0, 100)$$

$$\beta \sim \mathcal{N}(0, 100)$$

```
## Inference for Bugs model at "/var/folders/l9/dzz054qd4_q8g63vvgsts36w0000gn/T//Rtmpaj8XW3/model17d5c3
## 2 chains, each with 9000 iterations (first 4500 discarded)
## n.sims = 9000 iterations saved
##          mu.vect sd.vect   2.5%    25%    50%    75%   97.5%  Rhat n.eff
## b.prev      0.570   0.123   0.326   0.490   0.570   0.652   0.812  1.003  2700
## mu.0       -3.013   0.178  -3.362  -3.128  -3.015  -2.897  -2.687  1.005   930
## deviance   82.422   4.804  80.165  80.722  81.613  83.120  88.679  1.018   400
##
## For each parameter, n.eff is a crude measure of effective sample size,
## and Rhat is the potential scale reduction factor (at convergence, Rhat=1).
##
## DIC info (using the rule, pD = var(deviance)/2)
## pD = 11.5 and DIC = 93.9
## DIC is an estimate of expected predictive error (lower deviance is better).
```

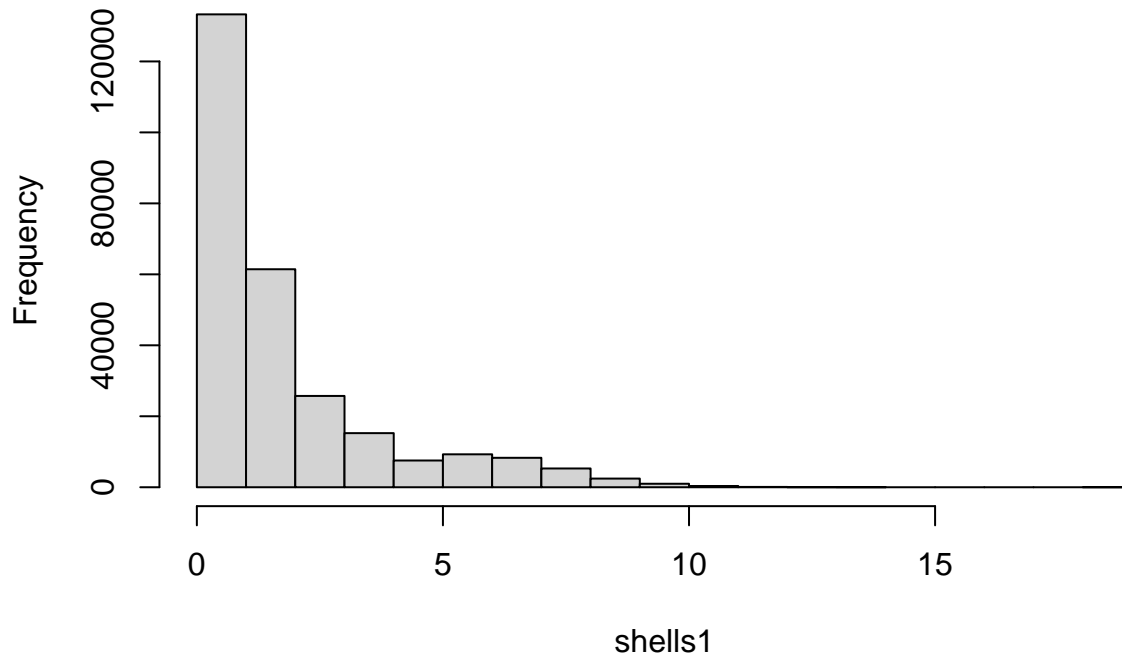
Nous vérifions que le modèle a bien convergé.



Les 2 chaînes se mélangent bien et convergent toutes deux. Ceci est aussi confirmé par la statistique de Gelman-Rubin \hat{R} qui est inférieure à 1.1 pour chaque paramètre estimé. Nous notons aussi que `n.eff` est supérieur à 100.

Nous avons donc des estimations de nos paramètres qui sont stables et des chaînes peu autocorrélées.

Histogram of shells1



```
## [1] 1.802633
```

Les valeurs estimées du modèle se prettent assez bien à prédire la distribution du nombre de carapaces. Regardons ce qu'il en est sur le nombre de carapaces en fonction de la prévalence en fonction du site et de l'année.

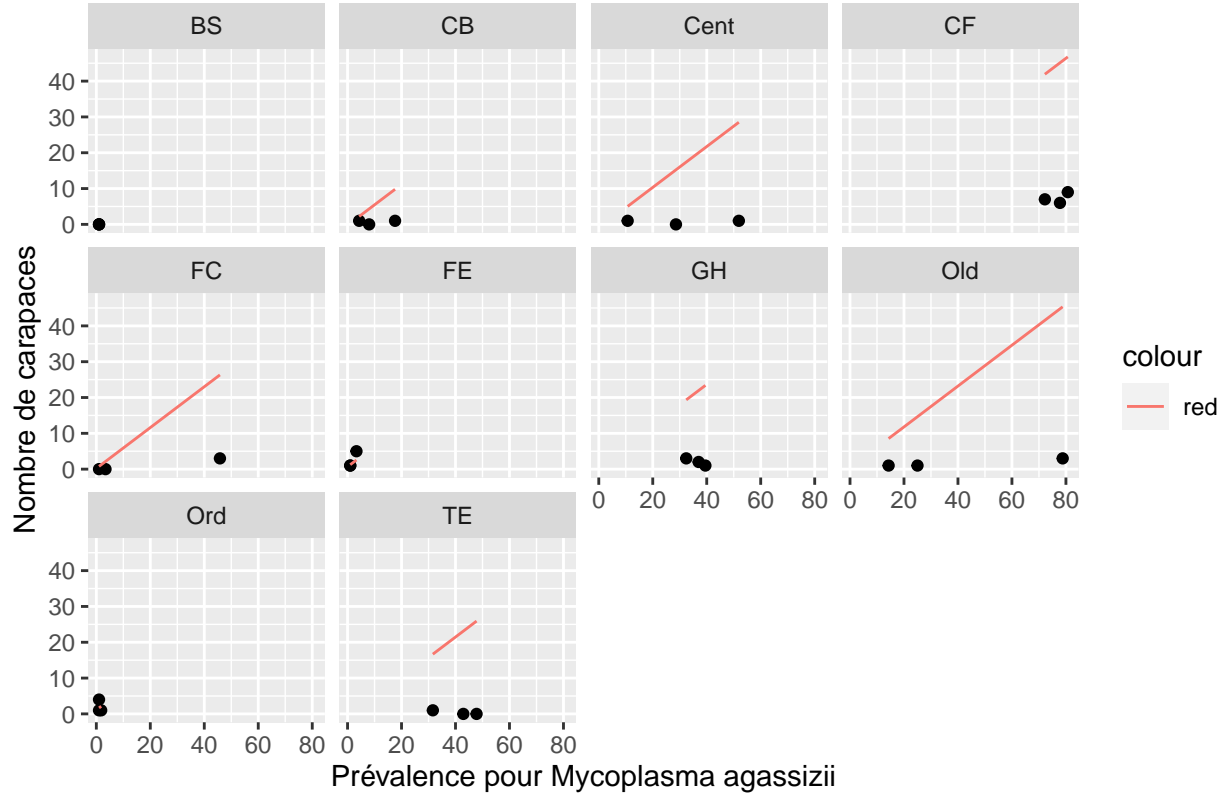


Figure 5 : Le nombre de carapaces en fonction de la prevalence par site par année

Notre modèle M1 prédit bien la distribution des carapaces mais elle ne prend pas en compte la variabilité des sites comme le montre les droites de regressions construites à partir de le moyenne de distributions postérieures de nos paramètres (cf. figure 5).

3 Comparaison de modèles

D'après nos observations de la *partie 1*, nous pouvons faire l'hypothèse que le nombre de carapaces récentes trouvées peut être expliqué par un effet de l'année, par la prévalence pour *Mycoplasma agassizii* et par un effet du site.

Bien qu'il y ait une variabilité entre sites, nous souhaitons avant tout connaître l'effet de la prévalence sur le nombre de carapaces récentes d'une année sur l'autre, quel que soit le site. Afin de pouvoir généraliser à tout site, nous allons mettre un effet aléatoire du site sur l'ordonnée à l'origine pour prendre en compte cette variabilité, sans pour autant l'estimer.

Le modèle le plus complet qui répond à cette hypothèse est le suivant :

$$\log(\lambda_i) = \log(aire_i) + \mu_0 + \gamma_j + \alpha_0 * cov_{2004} + \alpha_1 * cov_{2005} + \alpha_2 * cov_{2006} + \beta * prev_i, \text{ avec } i = 1, \dots, 30 \text{ et } j = 1, \dots, 10$$

Il est possible que seulement l'une de ces variables ou des combinaisons deux par deux expliquent le mieux la variabilité du nombre de carapaces récentes. Nous allons donc ajuster différents modèles qui prennent en compte ces trois variables individuellement ou en les combinant pour étudier uniquement l'effet de l'année, l'effet de l'année et du site, ou l'effet de l'année et de la prévalence. Dans les modèles avec la prévalence comme variable continue, celle-ci est standardisée.

Pour répondre à notre deuxième question concernant l'influence des sites à haute prévalence par rapport aux sites à faible prévalence, nous allons étudier trois modèles utilisant la prévalence en tant que covariable

discontinue H , avec $H = \begin{cases} 1 & \text{si prevalence} > 25 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$.

Le premier avec l'effet de la prévalence uniquement, un deuxième avec l'effet de l'année et de la prévalence, et un troisième avec l'effet de l'année, de la prévalence et un effet aléatoire du site sur l'ordonnée à l'origine.

Pour l'ensemble des modèles, nous utilisons comme priors les distributions suivantes :

- $\mu_0 \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec μ_0 l'ordonnée à l'origine
- $\beta \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec β la pente de regression associée à la prévalence
- $\alpha_0 \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec α_0 le coefficient associé à l'année 2004
- $\alpha_0 \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec α_0 le coefficient associé à l'effet spécifique de l'année 2004
- $\alpha_1 \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec α_1 le coefficient associé à l'effet spécifique de l'année 2005
- $\alpha_2 \sim \mathcal{N}(0, 100)$, avec α_2 le coefficient associé à l'effet spécifique de l'année 2006
- $\gamma_j \sim \mathcal{N}(0, \tau)$, avec γ_j le coefficient spécifique sur l'intercept associé à l'effet du $j^{\text{ème}}$ site, avec $\tau = \sigma_s^2$
- $\sigma_s \sim \mathcal{U}(0, 100)$

Le modèle null M2 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0$$

Un modèle avec uniquement l'année M3 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \alpha_0 * \text{cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{cov}_{2006}$$

Un modèle avec l'année et la prévalence (continue) M4 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \alpha_0 * \text{cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{cov}_{2006} + \beta * \text{prev}_i$$

Modèle avec année et site M5 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \alpha_0 * \text{cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{cov}_{2006} + \gamma_j \text{ avec } j = 1, \dots, 10$$

Modèle avec année et site et la prévalence M6 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \alpha_0 * \text{cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{cov}_{2006} + \gamma_j + \beta * \text{prev}_i \text{ avec } j = 1, \dots, 10$$

Modèle avec la prévalence (discontinue) M7 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \beta * \text{disc_prev}_i \text{ avec } j = 1, \dots, 10$$

Modèle avec l'année et la prévalence (discontinue) M8 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \beta * \text{disc_prev}_i + \alpha_0 * \text{Cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{Cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{Cov}_{2006}$$

Modèle avec l'année, le site et la prévalence (discontinue) M9 :

$$\log(\lambda_i) = \log(\text{aire}_i) + \mu_0 + \beta * \text{disc_prev}_i + \alpha_0 * \text{Cov}_{2004} + \alpha_1 * \text{Cov}_{2005} + \alpha_2 * \text{Cov}_{2006} + \gamma_j \text{ avec } j = 1, \dots, 10$$

Partir directement avec les effets aléatoires (prendre en compte la structuration des données)

4 Inférence et interprétation des résultats

Sur la base du meilleur modèle, donnez les estimations des paramètres ainsi qu'une mesure de l'incertitude associée. Interprétez vos résultats.

5 Discussion

Comparez vos résultats à ceux du papier. Sont-ils semblables ou différents? Pourquoi selon vous? Si cela vous semble pertinent, proposez des pistes d'amélioration de l'analyse.

```
random_model <- function(){
  # This model takes into account a random effect for the site
  # Likelihood
  for(i in 1:N){
    S[i] ~ dpois(lambda[i])
    log(lambda[i]) <- mu.0 + gamma[site[i]] + b.prev * prev[i] + alpha_0* Cov_2004[i] + alpha_1 * Cov_2005[i] + alpha_2 * Cov_2006[i]
  }
  for (j in 1:nb.sites){
    gamma[j] ~ dnorm(0, tau.s)
  }
  # Priors
  mu.0 ~ dnorm(0, 0.001)
  sd.s ~ dunif(0, 100)
  tau.s <- 1 / (sd.s * sd.s)
  b.prev ~ dnorm(0, 1/100)
  alpha_0 ~ dnorm(0, 1/100)
  alpha_1 ~ dnorm(0, 1/100)
  alpha_2 ~ dnorm(0, 1/100)
}

# Make the data to use in jags
datax <- list(
  N = gopher$year %>%
    length(),
  S = gopher$shells,
  prev = gopher$standprev,
  A = gopher$Area,
  site = gopher$Site %>%
    as.numeric(),
  nb.sites = gopher$Site %>%
    unique() %>%
    length(),
  Cov_2004 = ifelse(gopher$year == 2004, 1, 0),
  Cov_2005 = ifelse(gopher$year == 2005, 1, 0),
  Cov_2006 = ifelse(gopher$year == 2006, 1, 0)
)

# Make a list of parameters to save
params = c("mu.0", "b.prev", "sd.s", "alpha_0", "alpha_1", "alpha_2")

# Initial conditions
init1 <- list(
  "mu.0" = 0.5,
  "b.prev" = 0.5,
  "alpha_0" = 0.5,
  "alpha_1" = 0.5,
  "alpha_2" = 0.5,
  "sd.s" = 0.5
)
```

```

init2 <- list(
  "mu.0" = - 0.5,
  "b.prev" = - 0.5,
  "alpha_0" = -0.5,
  "alpha_1" = -0.5,
  "alpha_2" = -0.5,
  "sd.s" = 1.5
)
init <- list(init1, init2)

# Iteration parameters
nb.iterations <- 9000
nb.burnin <- 4500

# Run the model
M6 <- jags(
  data = datax,
  parameters.to.save = params,
  inits = init,
  model.file = random_model,
  n.chains = 2,
  n.iter = nb.iterations,
  n.burnin = nb.burnin,
  n.thin = 1
)

```

```

## Compiling model graph
##   Resolving undeclared variables
##   Allocating nodes
## Graph information:
##   Observed stochastic nodes: 30
##   Unobserved stochastic nodes: 16
##   Total graph size: 334
##
## Initializing model

```

```

# Regardons le modèle et les traces
M6

```

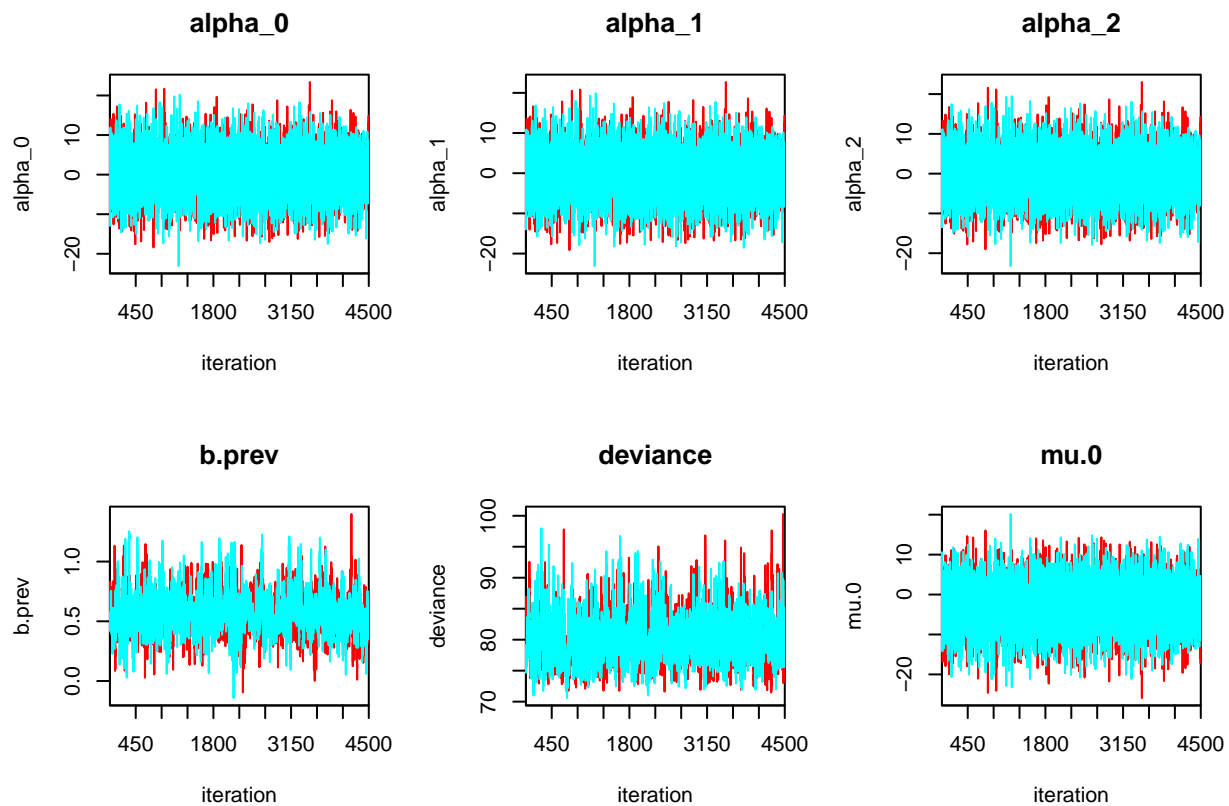
```

## Inference for Bugs model at "/var/folders/l9/dzz054qd4_q8g63vvgsts36w0000gn/T//Rtmpaj8XW3/model7d5c7"
## 2 chains, each with 9000 iterations (first 4500 discarded)
## n.sims = 9000 iterations saved
##          mu.vect sd.vect   2.5%   25%   50%   75%  97.5%  Rhat n.eff
## alpha_0    0.200   5.707 -10.890 -3.588  0.190  4.015 11.398 1.001  9000
## alpha_1   -0.454   5.710 -11.437 -4.266 -0.445  3.326 10.726 1.001  9000
## alpha_2   -0.213   5.713 -11.349 -4.017 -0.230  3.609 10.991 1.001  9000
## b.prev     0.572   0.165  0.260  0.468  0.567  0.670  0.923 1.002  1700
## mu.0      -2.928   5.714 -14.121 -6.727 -2.931  0.885  8.201 1.001  9000
## sd.s       0.316   0.259  0.013  0.123  0.260  0.439  0.984 1.001  4600
## deviance  79.690   3.598  73.874 77.202 79.151 81.718 88.205 1.001  9000
##
## For each parameter, n.eff is a crude measure of effective sample size,
## and Rhat is the potential scale reduction factor (at convergence, Rhat=1).

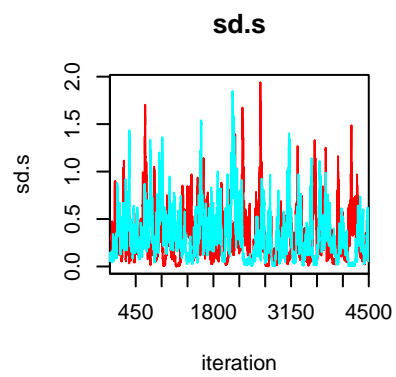
```

```
##
## DIC info (using the rule, pD = var(deviance)/2)
## pD = 6.5 and DIC = 86.2
## DIC is an estimate of expected predictive error (lower deviance is better).
```

```
traceplot(M6, mfrow=c(2, 3), ask=FALSE)
```

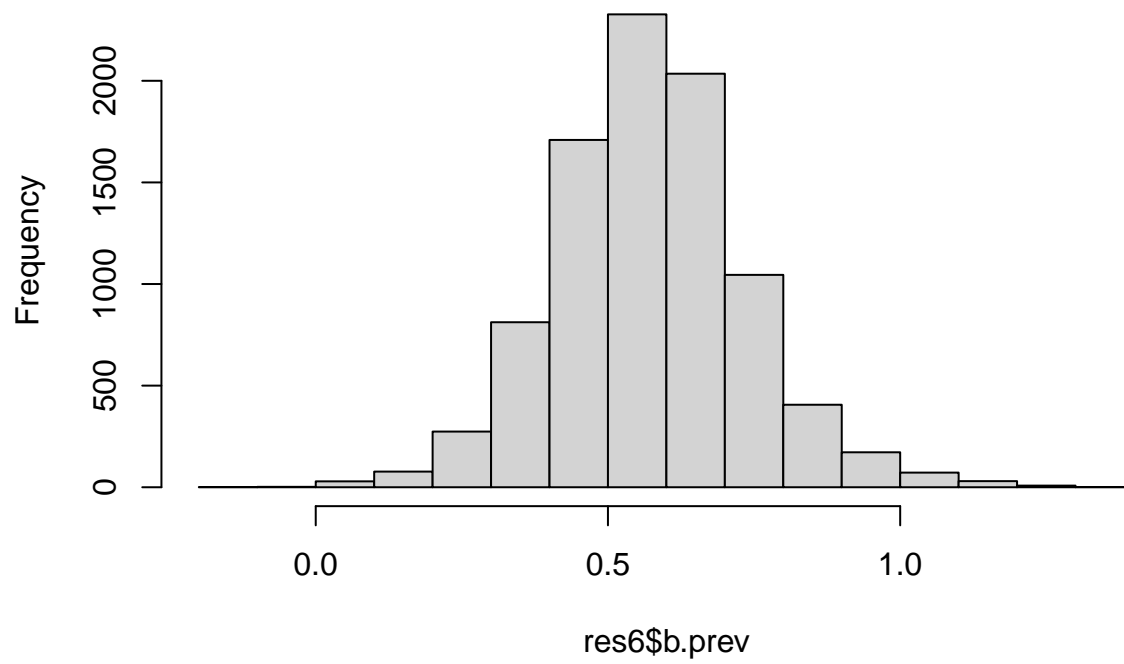


```
par(mfrow=c(1, 1))
```



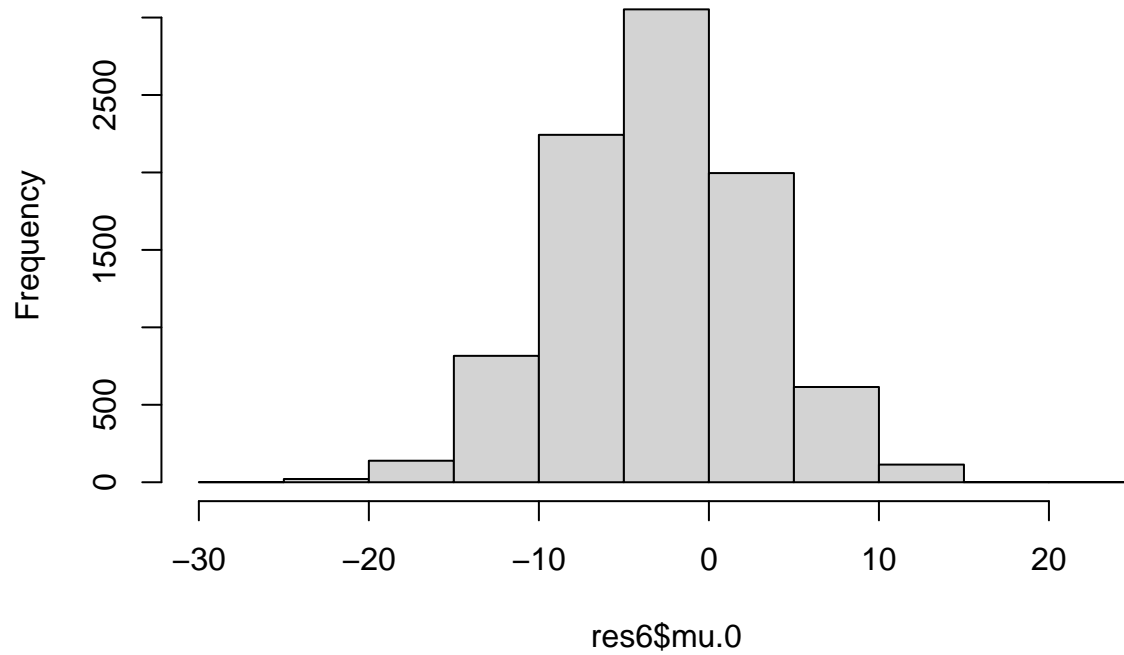
```
# On récupère les paramètres et on regarde leur distribution  
res6 <- M6$BUGSoutput$sims.matrix %>%  
  as.data.frame()  
hist(res6$b.prev)
```

Histogram of res6\$b.prev



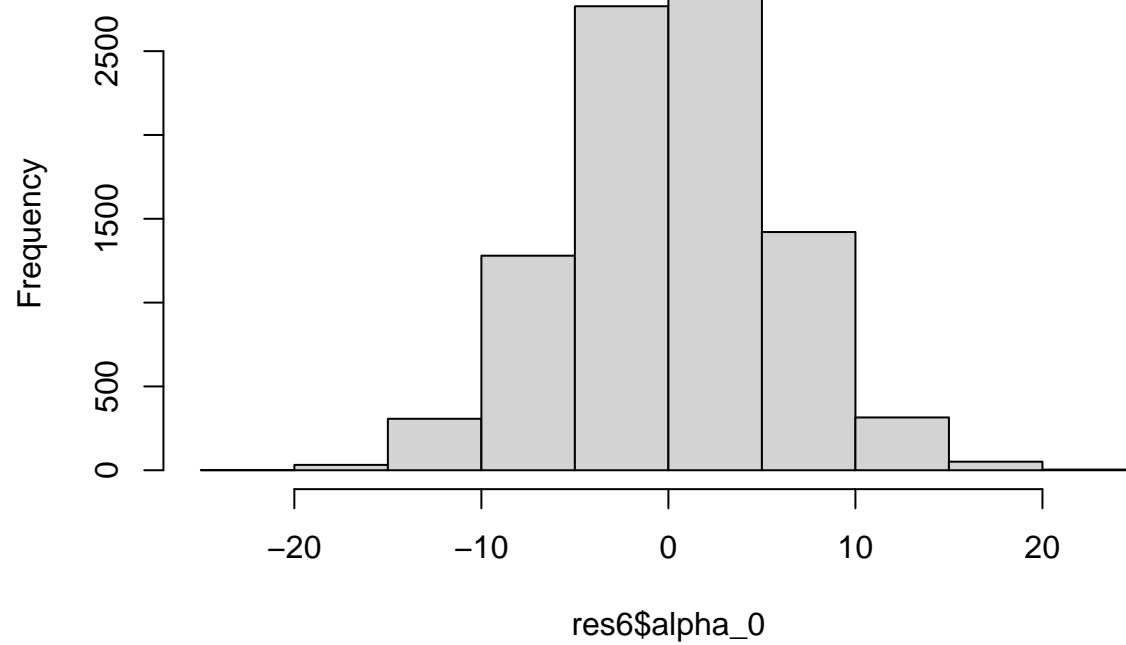
```
hist(res6$mu.0)
```

Histogram of res6\$mu.0



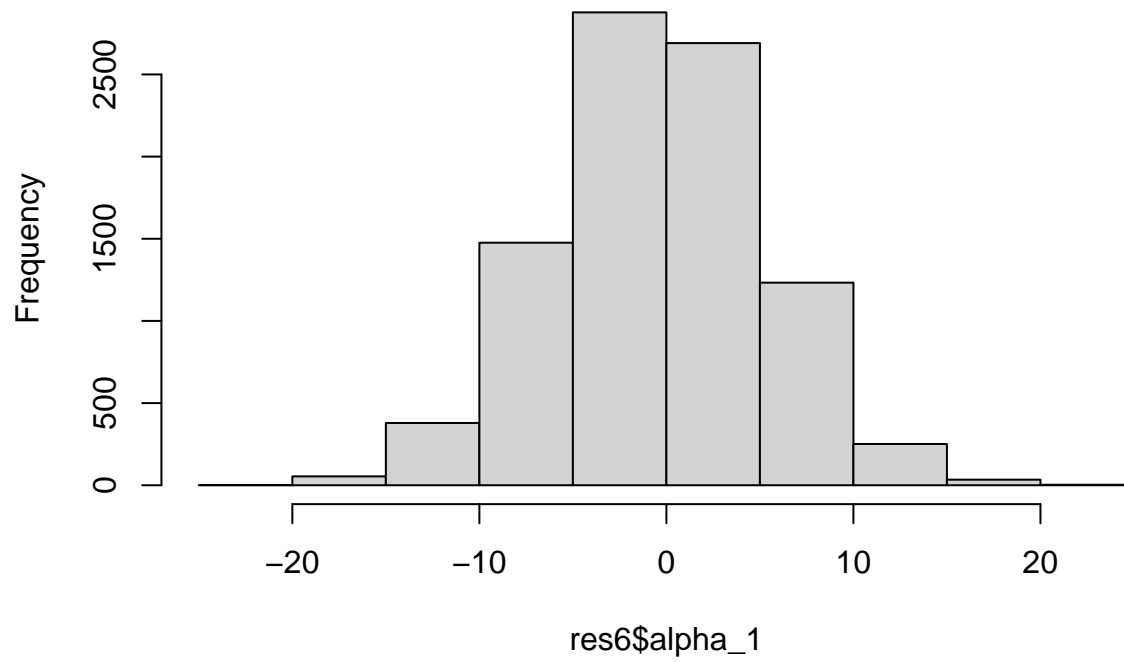
```
hist(res6$alpha_0)
```


Histogram of res6\$alpha_0



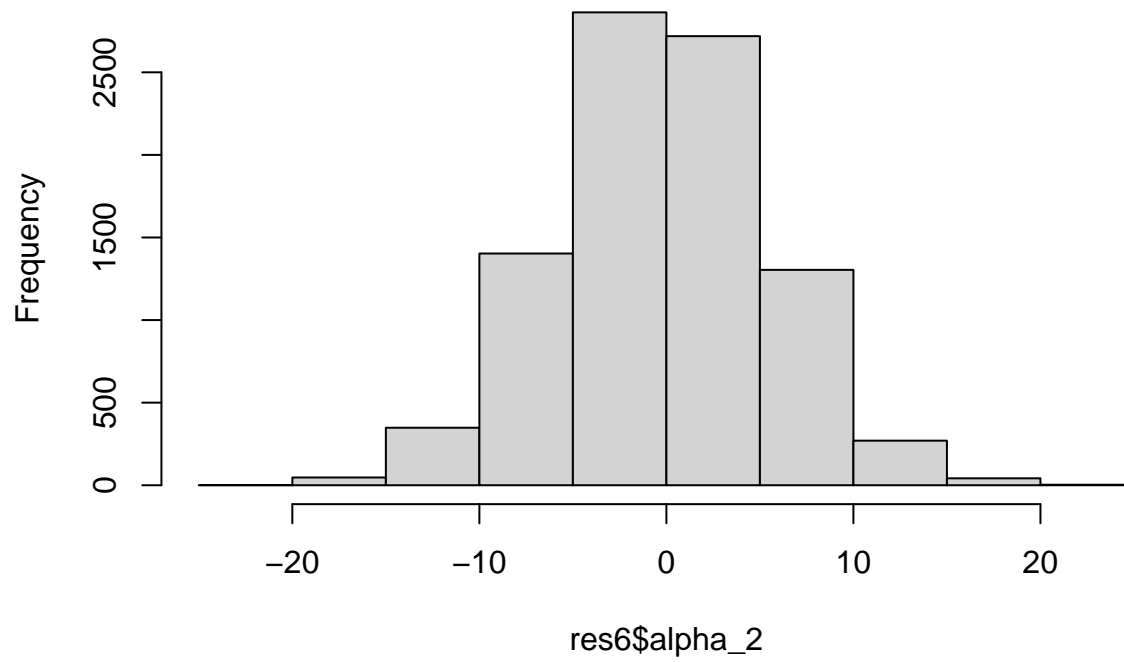
```
hist(res6$alpha_1)
```

Histogram of res6\$alpha_1



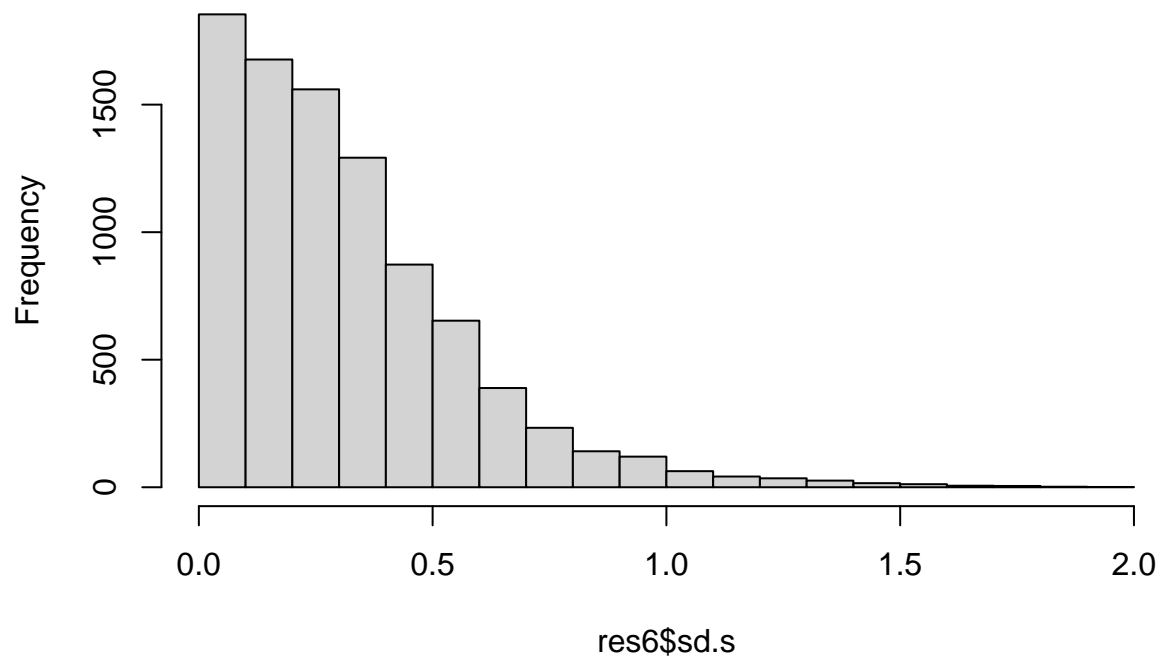
```
hist(res6$alpha_2)
```

Histogram of res6\$alpha_2



```
hist(res6$sd.s)
```

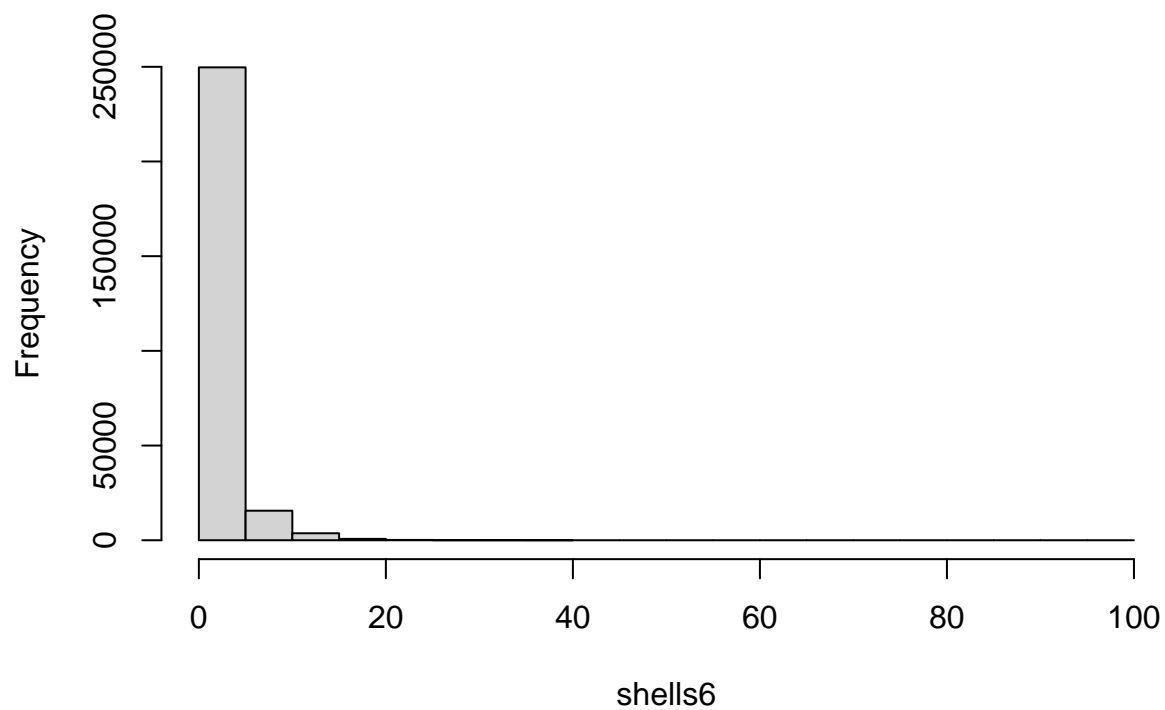
Histogram of res6\$sd.s



```
# Rétrotransformation
```

```
shells6 <- matrix(NA, ncol=nrow(gopher), nrow=nrow(res6))  
for (i in 1:nrow(gopher)){  
  shells6[,i] <- gopher$Area[i] * exp(res6$mu.0 + res6$alpha_0 * gopher$Cov_2004[i] + res6$alpha_1 * gopher$Cov_2004[i])  
}  
hist(shells6)
```

Histogram of shells6



```
mean(shells6)
```

```
## [1] 1.814883
```

```
# Récupérons le DIC
```

```
DIC6 <- M6$BUGSoutput$DIC
```