Обобщенные линейные модели с нормальным распределением остатков

Линейные модели…

Марина Варфоломеева, Вадим Хайтов

Кафедра Зоологии беспозвоночных, Биологический факультет, СПбГУ

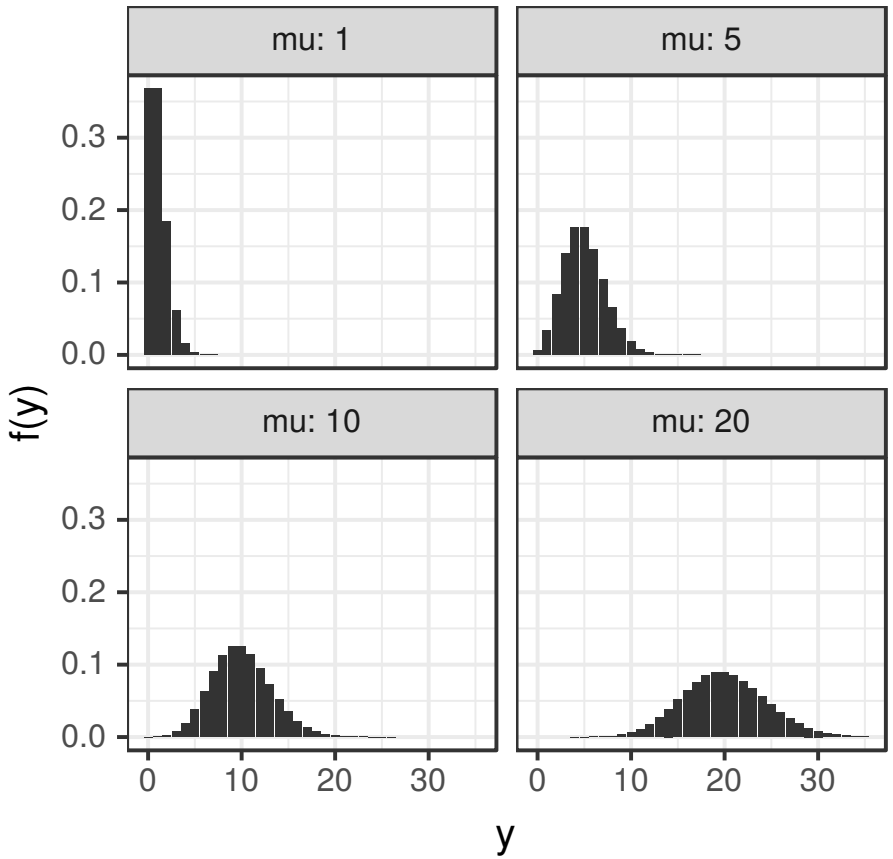
Мы рассмотрим

- Варианты анализа для случаев, когда зависимая перменная — счетная величина (целые неотрицательные числа)

Вы сможете

- Объяснить особенности разных типов распределений, принадлежащих экспоненциальному семейству.
- Построить пуасоновскую и квази-пуассоновскую линейную модель
- Объяснить проблемы, связанные с избыточностью дисперсии в модели
- Построить модель, основанную на отрицательном биномиальном распределении

Распределение Пуассона



$$f(y) = \frac{\mu^y \cdot e{-}\mu}{y!}$$

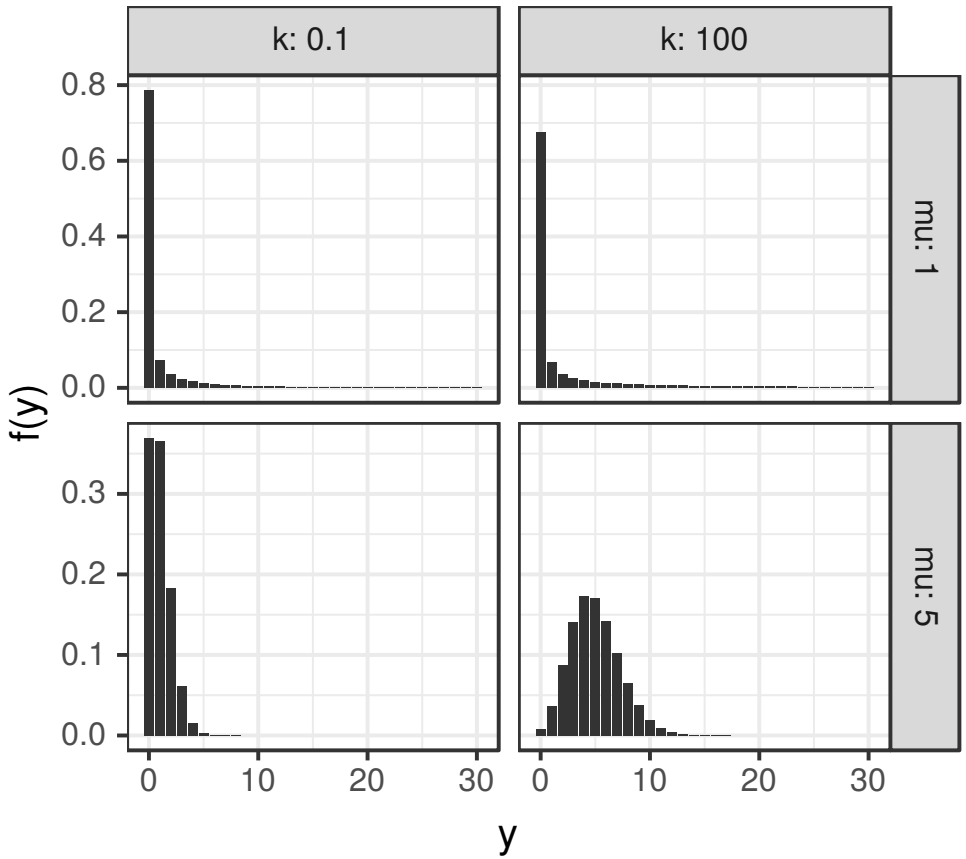
Параметр:

- μ – задает среднее и дисперсию

Свойства:

- $E(y) = \mu$ — мат.ожидание
- $var(y) = \mu$ — функция дисперсии
- $0 \leq y \leq +\infty$, $y \in \mathbb{N}$ — диапазон значений

Отрицательное биномиальное распределение



$$f(y) = \frac{\Gamma(y+k)}{\Gamma(k)\cdot\Gamma(y+1)}\cdot(\frac{k}{\mu+k})^k\cdot(1-\frac{k}{\mu+k})^y$$

Параметры:

- μ – среднее
- k – определяет степень избыточности дисперсии

Свойства:

- $E(y) = \mu$ – мат.ожидание
- $var(y) = \mu + \frac{\mu^2}{k}$ – функция дисперсии
- $0 \leq y \leq +\infty$, $y \in \mathbb{N}$ – диапазон значений

Гадючий лук, копеечник и визиты опылителей

Гадючий лук (мускари, *Leopoldia comosa*) — представитель родной флоры острова Менорка. В 18-19вв на остров завезли копеечник венечный (*Hedysarum coronarium*), который быстро натурализовался. Оба вида цветут одновременно и нуждаются в опылении насекомыми.

Как зависит число визитов опылителей на цветки мускари от присутствия вселенца и разнообразия флоры в ближайшей окрестности? (Данные Montero-Castaño, Vilà, 2015)

Muscari à toupet (Muscari comosum), Dordogne, France — Père Igor

French-honeysuckle. Close to Santadi Basso, Sardinia, Italy — Hans Hillewaert

Дизайн исследования

Подсчитывали число визитов опылителей на выбранное растение гадючьего лука (в пунктирной рамке) на трех типах участков.

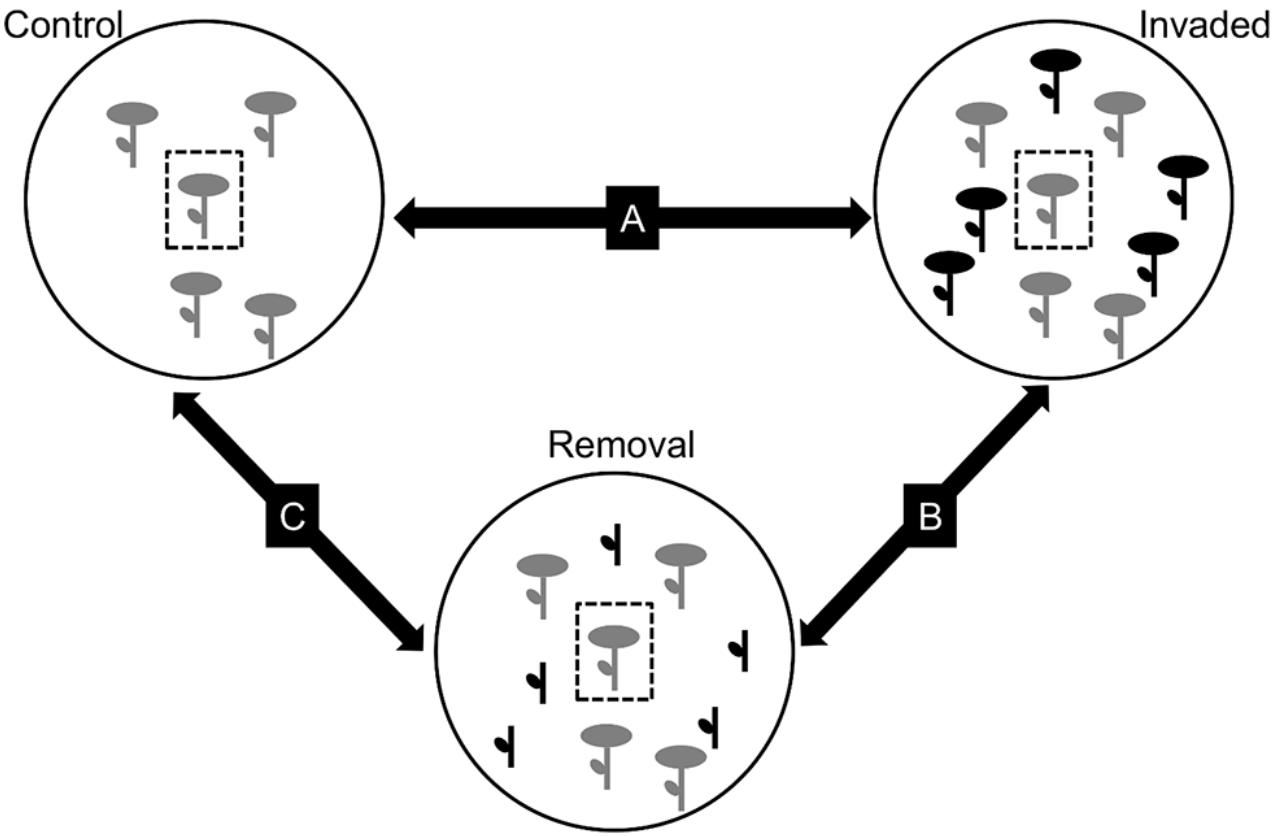


Fig.2 из Montero-Castaño, Vilà, 2015

https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128595

Переменные

- `Visits` — число визитов всех опылителей на цветок *Leopoldia*
- `Treatment` — тип площадки, тритмент (фактор с 3 уровнями):
  - `Invaded` — *Leopoldia* в смеси с видом-вселенцем;
  - `Removal` — *Leopoldia* в смеси с видом-вселенцем с удаленными цветками;
  - `Control` — *Leopoldia* без вида вселенца.
- `DiversityD_1` — Разнообразие флоры на площадке ($exp(H')$, где H' — индекс Шеннона-Уивера)
  (на луг с более разнообразной растительностью прилетит больше опылителей).
- `Flowers` — число цветков *Leopoldia* на площадке (чем больше, тем больше опылителей).
- `Hours` — продолжительность наблюдений (чем дольше, тем больше насчитали).

Другие переменные:

- `Total_1` — общая плотность цветков
- `Visits_NO_Apis` — посещения опылителей без учета пчел
- `Fruit` — число цветов с плодами через месяц
- `No_Fruit` — число цветов без плодов через месяц

Открываем из знакомимся с данными

```
library(readxl)
pol <- read_excel("data/Pollinators_Montero-Castano, Vila, 2015.xlsx", sheet = 1)
head(pol)
```

```
# # A tibble: 6 x 10
#   Individual Treatment DiversityD_1 Visits Visits_NO_Apis Total_1
#        <dbl> <chr>            <dbl>  <dbl>          <dbl>   <dbl>
# 1          1 Removal           2.66      4              4   53.9
# 2          2 Removal           1         6              6    2.45
# 3          3 Removal           1.44      5              5   41.6
# 4          4 Removal           2.21      1              1   58.8
# 5          5 Removal           2.83      6              6   19.6
# 6          6 Removal           2.40      2              2   78.4
# # ... with 4 more variables: Fruit <dbl>, No_Fruit <dbl>,
# #   Flowers <dbl>, Hours <dbl>
```

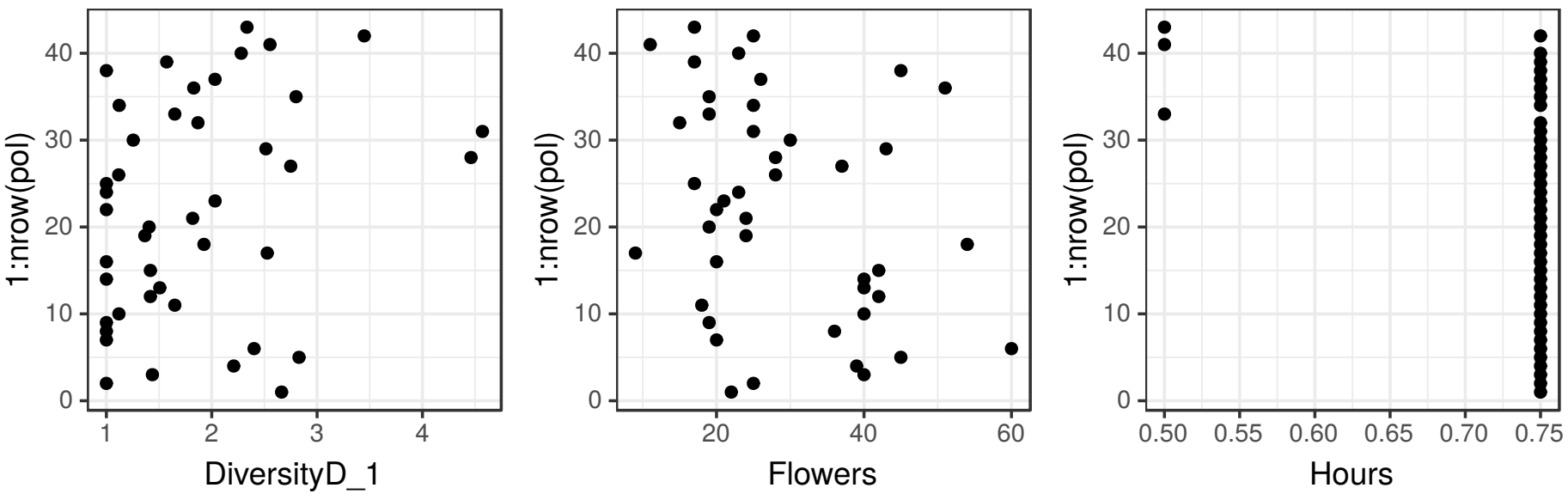
Сколько пропущенных значений?

```
colSums(is.na(pol))
```

```
#     Individual      Treatment   DiversityD_1         Visits
#              0              0              0              0
# Visits_NO_Apis        Total_1          Fruit       No_Fruit
#              0              0              0              0
#        Flowers          Hours
#              0              0
```

Есть ли выбросы?

```
library(cowplot)
library(ggplot2)
theme_set(theme_bw())

dot_plot <- ggplot(pol, aes(y = 1:nrow(pol))) + geom_point()
plot_grid(dot_plot + aes(x = DiversityD_1), dot_plot + aes(x = Flowers),
          dot_plot + aes(x = Hours), nrow = 1)
```



Выбросов нет.

Периоды наблюдений имеют разную продолжительность. Нужно это учесть в модели.

Каков объем выборки?

```
table(pol$Treatment)
```

```
#
# Control Invaded Removal
#      14      11      18
```

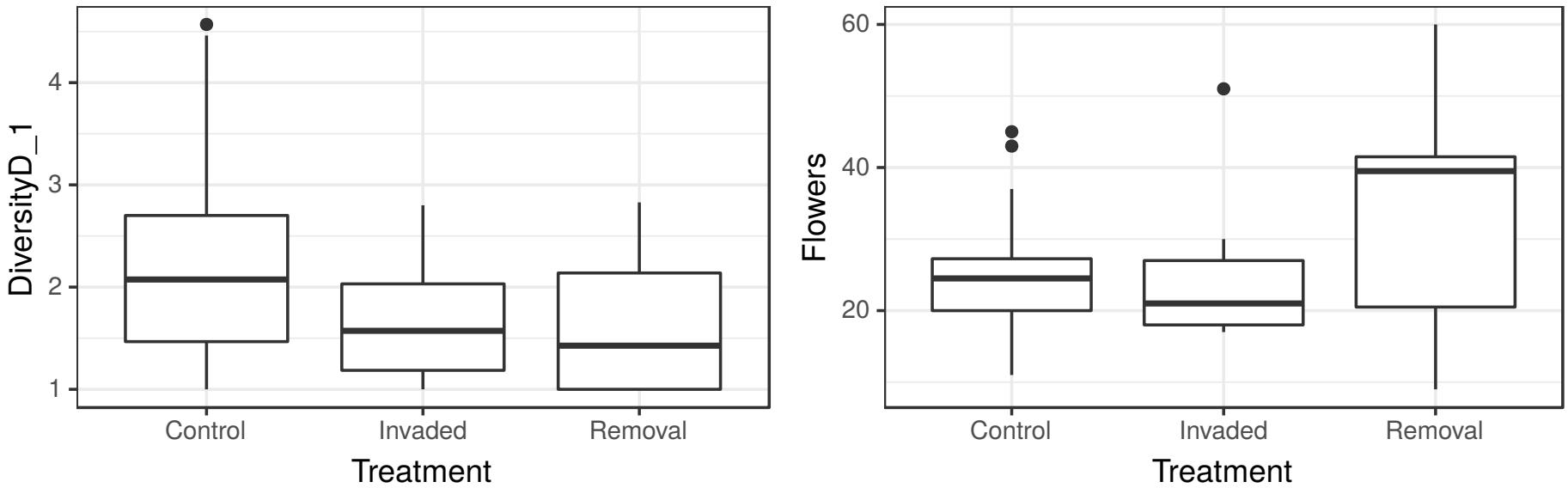
Как распределены короткие периоды наблюдений по тритментам?

```
table(pol$Hours, pol$Treatment)
```

```
#
#        Control Invaded Removal
#   0.5        2       1       0
#   0.75      12      10      18
```

Коллинеарны ли непрерывные и дискретные предикторы?

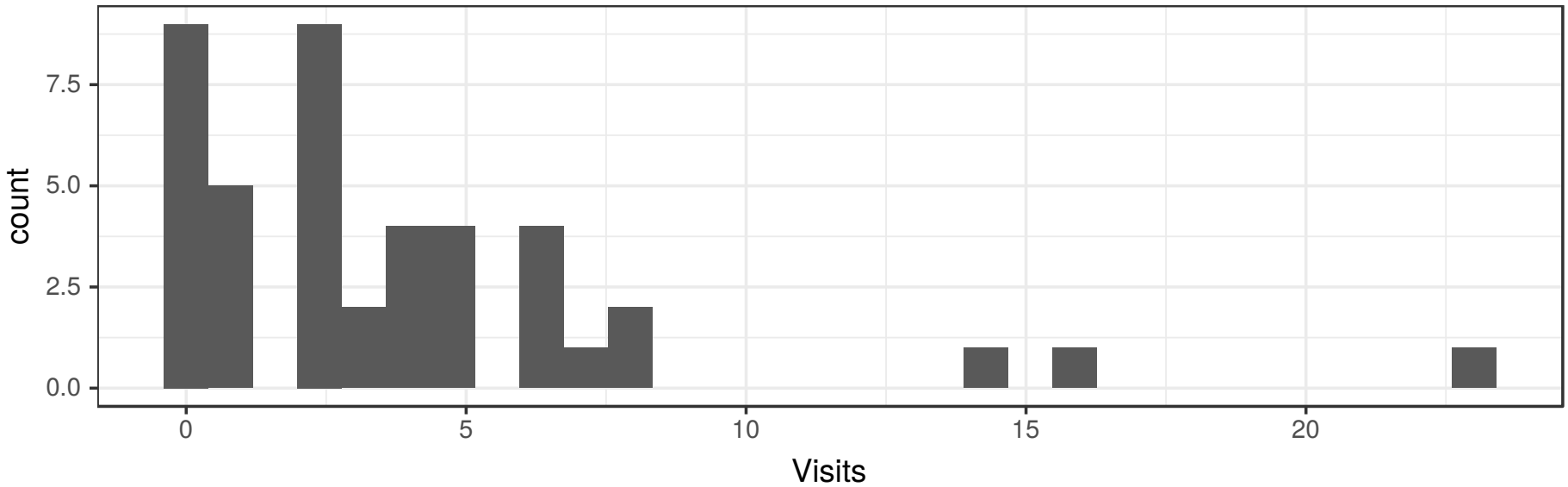
```
box_plot <- ggplot(pol, aes(x = Treatment)) + geom_boxplot()

plot_grid(box_plot + aes(y = DiversityD_1),
          box_plot + aes(y = Flowers), nrow = 1)
```



Возможно, есть коллинеарность.

Как распределена переменная-отклик?

```
ggplot(pol, aes(x = Visits)) + geom_histogram()
```




```
mean(pol$Visits == 0) # Какова пропорция нулей?
```

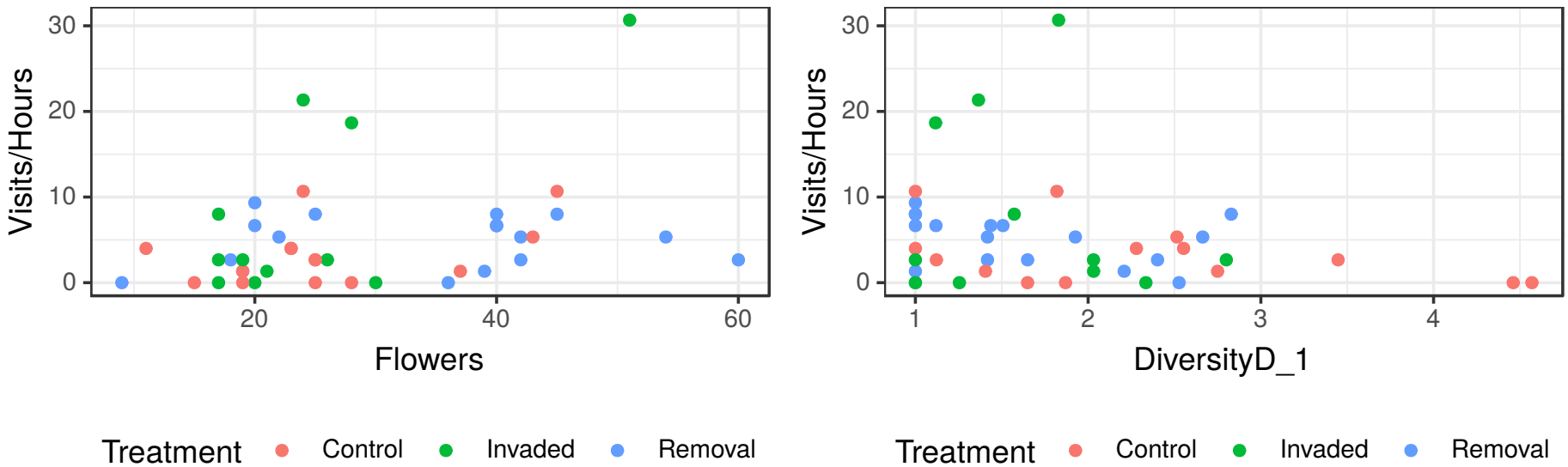
```
# [1] 0.2093023
```

Число визитов насекомых – счетная переменная. Для ее моделирования нужно использовать подходящее распределение.

Примерно 21 % наблюдений – нули. Иногда из-за избытка нулей (Zero inflation) в модели может появиться избыточность дисперсии. Будем иметь это в виду.

Линейна ли связь между предикторами и откликом?

```
gg_shape <- ggplot(pol, aes(y = Visits/Hours, colour = Treatment)) +
  theme(legend.position = 'bottom')
plot_grid(
  gg_shape + geom_point(aes(x = Flowers)),
  gg_shape + geom_point(aes(x = DiversityD_1)),
nrow = 1)
```



Связь практически линейна.

Если мы (ошибочно) подберем GLM с нормальным распределением отклика?

$Visits_i \sim N(\mu_i, \sigma)$

$E(Visits_i) = \mu_i$, $var(Visits_i) = \mu_i$

$\mu_i = \eta_i$ – функция связи “идентичность”

$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$

```
M_norm <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol)
coef(M_norm)
```

```
#      (Intercept) TreatmentInvaded TreatmentRemoval     DiversityD_1
#        -3.254511         2.890799        -1.061720        -1.204077
#          Flowers            Hours
#         0.143856         6.654556
```

```
sigma(M_norm)
```

```
# [1] 4.173941
```

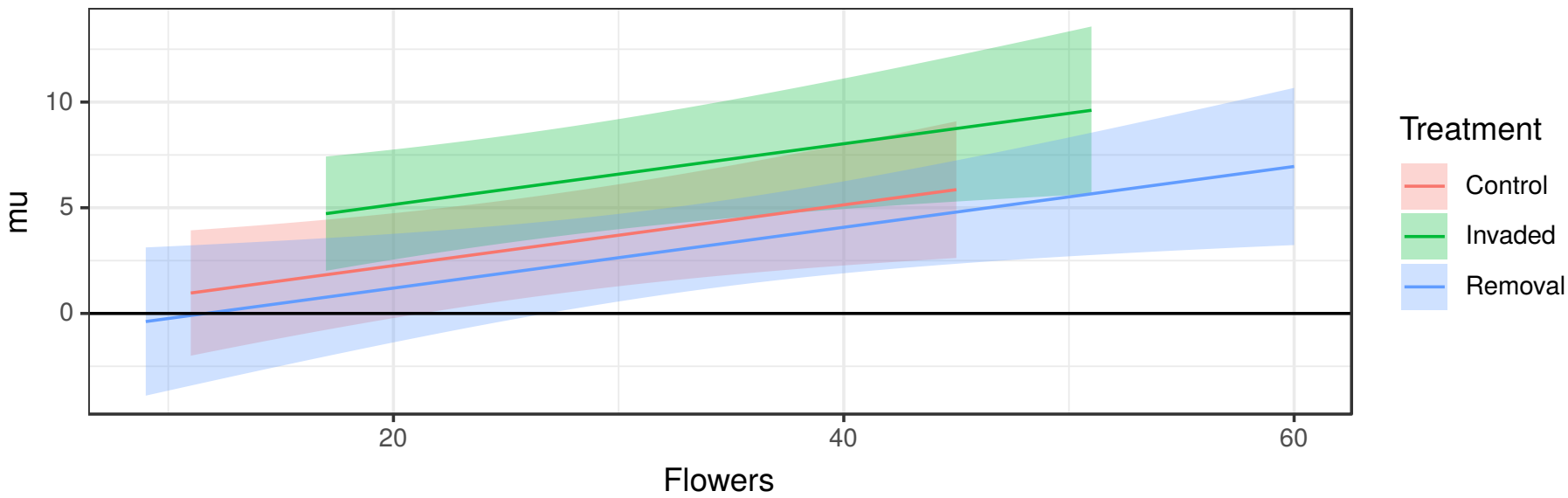
Данные для графика предсказаний простой линейной модели

```
library(dplyr)
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%
  do(data.frame(Flowers = seq(min(.$Flowers), max(.$Flowers), length.out=50))) %>%
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),
         Hours = mean(pol$Hours))

# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
b <- coef(M_norm)
# Предсказания в масштабе функции связи (eta) совпадают с масштабом отклика (mu)
NewData$mu <- X %*% b
NewData$SE_mu <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_norm) %*% t(X)))  # SE

head(NewData, 3)
```

```
# # A tibble: 3 x 6
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours    mu SE_mu
#   <chr>       <dbl>        <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
# 1 Control      11           1.86 0.733 0.966  1.48
# 2 Control      11.7         1.86 0.733 1.07   1.46
# 3 Control      12.4         1.86 0.733 1.17   1.44
```

График предсказаний

```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = mu, fill = Treatment)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = mu - 2 * SE_mu, ymax = mu + 2 * SE_mu), alpha=0.3)+
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +
  geom_hline(yintercept = 0)
```



Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_norm)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#     data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#     Min       1Q   Median       3Q      Max
# -7.4320  -2.3611  -0.3929   1.0335  13.2385
#
# Coefficients:
#                  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# (Intercept)      -3.25451    7.73105  -0.421   0.6762
# TreatmentInvaded  2.89080    1.76262   1.640   0.1095
# TreatmentRemoval -1.06172    1.67758  -0.633   0.5307
# DiversityD_1     -1.20408    0.78510  -1.534   0.1336
# Flowers           0.14386    0.05851   2.458   0.0188 *
# Hours             6.65456   10.64239   0.625   0.5356
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for gaussian family taken to be 17.42178)
#
#     Null deviance: 891.86  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 644.61  on 37  degrees of freedom
# AIC: 252.45
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

Анализ девиансы для модели с нормальным распределением отклика

```
drop1(M_norm, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#              Df Deviance    AIC scaled dev. Pr(>Chi)
# <none>            644.61 252.45
# Treatment     2   744.02 254.62      6.1672  0.04579 *
# DiversityD_1  1   685.58 253.10      2.6502  0.10354
# Flowers       1   749.91 256.95      6.5062  0.01075 *
# Hours         1   651.42 250.90      0.4520  0.50138
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- НЕ зависит от присутствия вселенца и его цветов,
- НЕ зависит от разнообразия флоры на участке,
- зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Пока не известно.

Нет ли коллинеарности предикторов

```
library(car)
vif(M_norm)
```

```
#                  GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
# Treatment    1.356502  2        1.079208
# DiversityD_1 1.162061  1        1.077989
# Flowers      1.226279  1        1.107375
# Hours        1.133910  1        1.064852
```

Коллинеарности нет.

Задание 1

Постройте график пирсоновских остатков от предсказанных значений для модели `M_norm`.

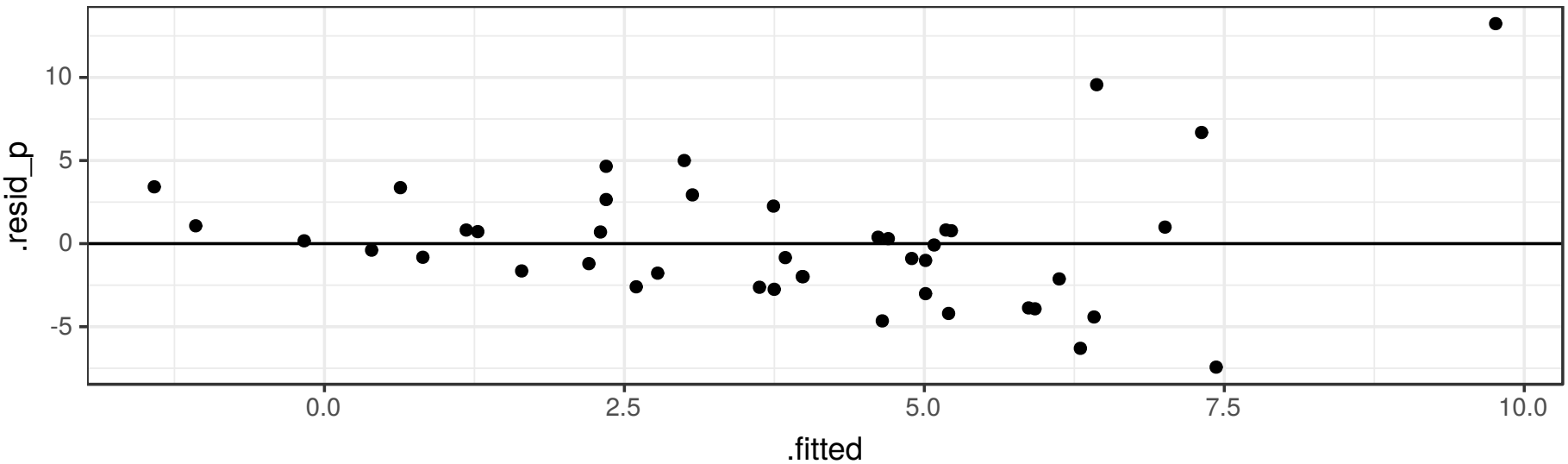
Какие нарушения условий применимости вы на нем видите?

Дополните код:

```
M_norm_diag <- data.frame(.fitted = fitted(),
                          .resid_p = residuals())

ggplot(data = , aes()) + geom_hline( = 0) +
  geom_point()
```

График остатков от предсказанных значений

```
M_norm_diag <- data.frame(.fitted = predict(M_norm, type = "response"),
                          .resid_p = residuals(M_norm, type = "pearson"))

ggplot(M_norm_diag, aes(y = .resid_p)) + geom_hline(yintercept = 0) +
  geom_point(aes(x = .fitted))
```



Гетерогенность дисперсий остатков.

Отрицательные предсказания!

Модель с нормальным распределением отклика не подходит

Два способа решения проблем с моделью:

1. Грубый способ: логарифмировать зависимую переменную и построить модель для нее.
2. Лучше построить модель, основанную на распределении, подходящем для счетных данных:
   - распределение Пуассона,
   - отрицательное биномиальное распределение.

GLM с Пуассоновским распределением отклика

$Visits_i \sim Poisson(\mu_i)$

$E(Visits_i) = \mu_i$, $var(Visits_i) = \mu_i$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
M_pois <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,
                    family = "poisson")
```

Уравнение модели с Пуассоновским распределением отклика

$$Visits_i \sim Poisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \; var(Visits_i) = \mu_i$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -2.66 + 0.71 Treatment_{Invaded\ i} - 0.22 Treatment_{Removal\ i} - 0.46 DiversityD1_i + 0.04 Flowers_i + 4.69 Hours_i$$

```
coef(M_pois)
```

```
#      (Intercept) TreatmentInvaded TreatmentRemoval
#       -2.66090631       0.71341797      -0.21537935
#     DiversityD_1          Flowers             Hours
#       -0.45740225       0.03731004       4.68668983
```

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_pois)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#     family = ”poisson”, data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#     Min       1Q   Median       3Q      Max
# -4.0675  -1.3189  -0.3523   0.7068   3.2346
#
# Coefficients:
#                   Estimate Std. Error z value     Pr(>|z|)
# (Intercept)      -2.660906   2.174439  -1.224     0.221058
# TreatmentInvaded  0.713418   0.214155   3.331     0.000864 ***
# TreatmentRemoval -0.215379   0.222648  -0.967     0.333368
# DiversityD_1     -0.457402   0.128586  -3.557     0.000375 ***
# Flowers           0.037310   0.006835   5.459 0.0000000479 ***
# Hours             4.686690   2.903254   1.614     0.106465
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
#
#     Null deviance: 189.75  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 119.88  on 37  degrees of freedom
# AIC: 238.78
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Анализ девиансы для модели с Пуассоновским распределением отклика

```
drop1(M_pois, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#              Df Deviance    AIC     LRT      Pr(>Chi)
# <none>            119.88 238.78
# Treatment     2   145.29 260.19 25.4091 0.00000303722 ***
# DiversityD_1  1   134.31 251.21 14.4290     0.0001455 ***
# Flowers       1   148.67 265.56 28.7871 0.00000008079 ***
# Hours         1   123.64 240.53  3.7561     0.0526148 .
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Пока не известно.

Данные для предсказаний

```
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%
  do(data.frame(Flowers = seq(min(.$Flowers), max(.$Flowers), length.out=50))) %>%
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),
         Hours = mean(pol$Hours))
```

Давайте получим предсказания двумя способами:

- при помощи операций с матрицами,
  чтобы своими глазами увидеть работу функции связи,
- при помощи функции `predict()`.

```
?predict.glm
```

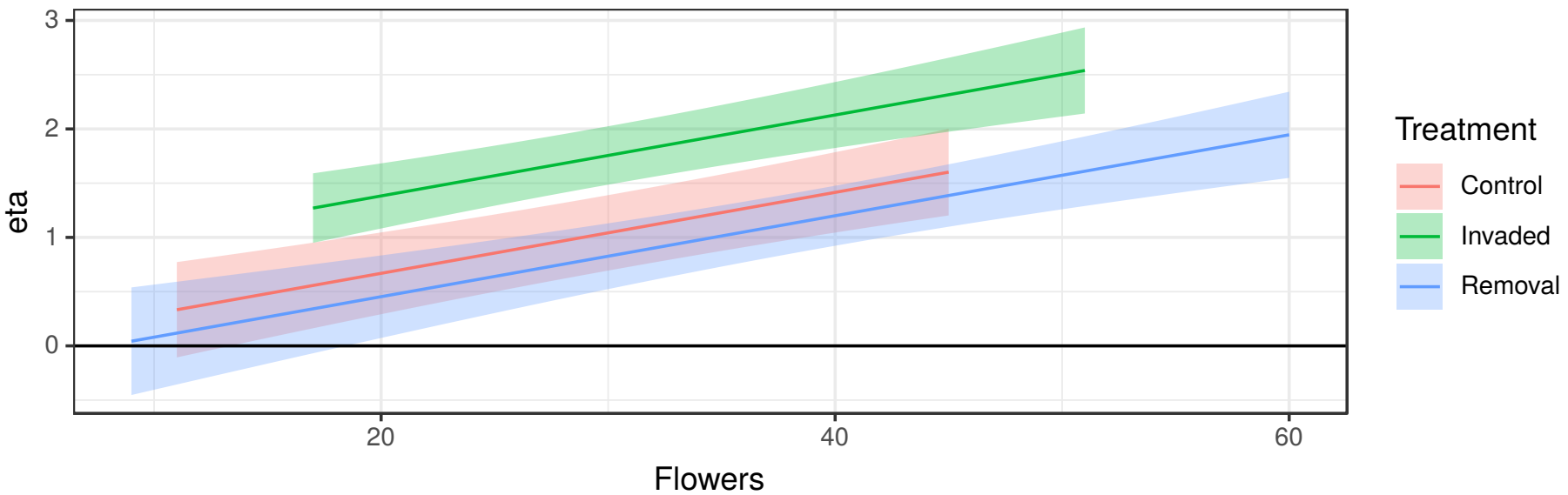
Предсказания модели при помощи операций с матрицами

```r
# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
b <- coef(M_pois)

# Предсказанные значения и стандартные ошибки...
# ...в масштабе функции связи (логарифм)
NewData$fit_eta <- X %*% b
NewData$SE_eta <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_pois) %*% t(X)))

# ...в масштабе отклика (применяем функцию, обратную функции связи)
NewData$fit_mu <- exp(NewData$fit_eta)
NewData$SE_mu <- exp(NewData$SE_eta)

head(NewData, 2)
```

```
# # A tibble: 2 x 8
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours fit_eta SE_eta fit_mu SE_mu
#   <chr>       <dbl>        <dbl> <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl> <dbl>
# 1 Control      11           1.86 0.733   0.333  0.220   1.40  1.25
# 2 Control      11.7         1.86 0.733   0.359  0.217   1.43  1.24
```

График предсказаний в масштабе функции связи

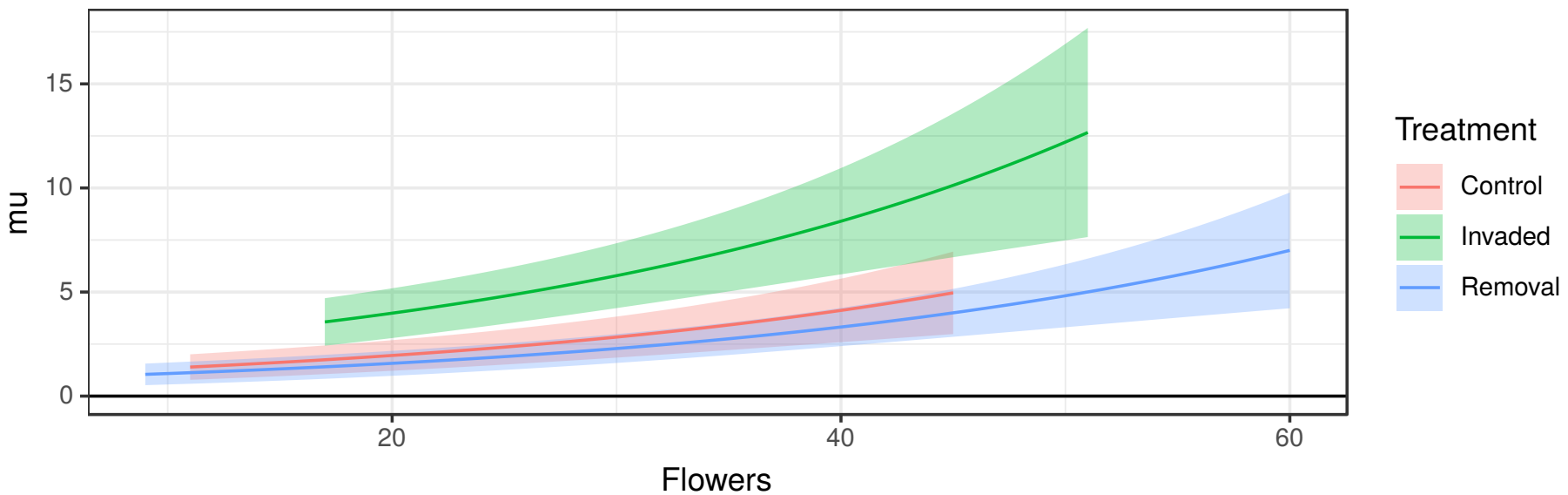
```
predict_eta <- predict(M_pois, newdata = NewData, se.fit = TRUE)
NewData$eta <- predict_eta$fit
NewData$SE_eta <- predict_eta$se.fit

ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = eta, fill = Treatment)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = eta - 2 * SE_eta, ymax = eta + 2 * SE_eta), alpha=0.3)+
  geom_line(aes(colour = Treatment)) + geom_hline(yintercept = 0)
```



В масштабе функции связи мы моделируем линейную зависимость логарифмов мат. ожидания отклика от предикторов.

График предсказаний в масштабе переменной-отклика

```
predict_mu <- predict(M_pois, newdata = NewData,
                      se.fit = TRUE, type = 'response')
NewData$mu <- predict_mu$fit
NewData$SE_mu <- predict_mu$se.fit

ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = mu, fill = Treatment)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = mu - 2 * SE_mu, ymax = mu + 2 * SE_mu), alpha=0.3)+
  geom_line(aes(colour = Treatment)) + geom_hline(yintercept = 0)
```

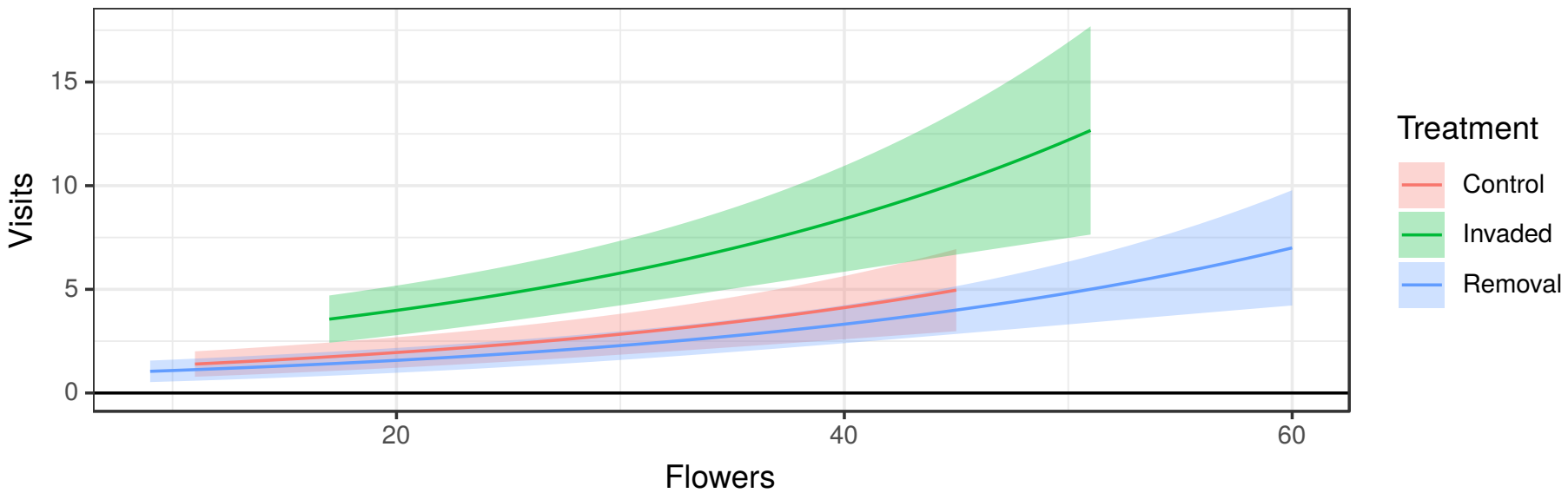


GLM с Пуассоновским распределением отклика моделирует его нелинейную связь предикторами за счет функции связи $log()$.

Возможные проблемы GLM с Пуассоновским распределением отклика

GLM с Пуассоновским распределением отклика учитывает гетерогенность дисперсии ($var(y_i) = mu_i = E(y_i)$). Стандартные ошибки возрастают с увеличением предсказанного значения.

Но достаточно ли этого для моделирования данных? Нет ли здесь сверхдисперсии?

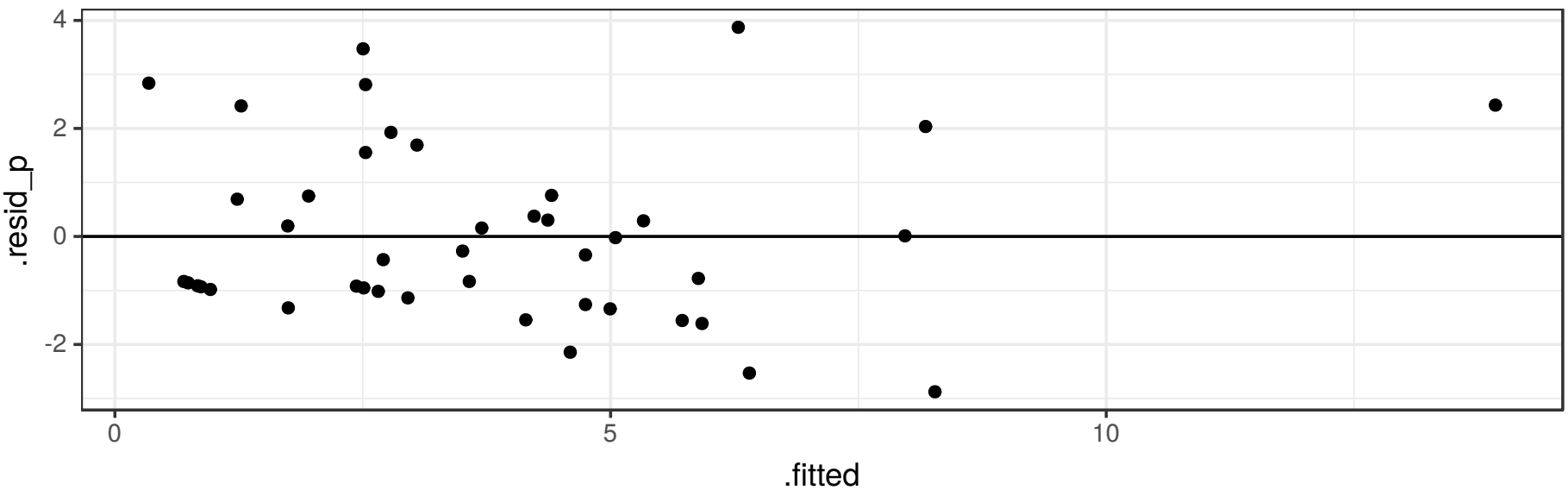


Условия применимости GLM с Пуассоновским распределением отклика

- Случайность и независимость наблюдений внутри групп.
- Отсутствие сверхдисперсии. (Дисперсия остатков равна мат.ожиданию при каждом уровне значений предикторов).
- Отсутствие коллинеарности предикторов.

График остатков

```
M_pois_diag <- data.frame(.fitted = predict(M_pois, type = "response"),
                          .resid_p = residuals(M_pois, type = "pearson"))
ggplot(M_pois_diag, aes(x = .fitted, y = .resid_p)) +
  geom_point() +
  geom_hline(yintercept = 0)
```



Избыточность дисперсии (overdispersion)

Если данные подчиняются распределению Пуассона, то дисперсия должна быть равна среднему значению.

- $E(y_i) = \mu_i$
- $var(y_i) = \mu_i$

Если это не так, то мы не сможем доверять результатам. Это будет значить, что мы применяем модель, основанную на Пуассоновском распределении, к данным, которые не подчиняются этому распределению.

Проверка на сверхдисперсию

Используем предложенную Беном Болкером функцию проверки на сверхдисперсию

```
# Функция для проверки наличия сверхдисперсии в модели (автор Ben Bolker)
# http://bbolker.github.io/mixedmodels-misc/glmmFAQ.html
overdisp_fun <- function(model) {
    rdf <- df.residual(model) # Число степеней свободы N - p
    rp <- residuals(model,type="pearson") # Пирсоновские остатки
    Pearson.chisq <- sum(rp^2) # Сумма квадратов остатков
    prat <- Pearson.chisq/rdf  # Степень избыточности дисперсии
    pval <- pchisq(Pearson.chisq, df=rdf, lower.tail=FALSE) # Уровень значимости
    c(chisq=Pearson.chisq,ratio=prat,rdf=rdf,p=pval)        # Вывод результатов
}
```

Ben Bolker's glmmFAQ
http://bbolker.github.io/mixedmodels-misc/glmmFAQ.html

```
overdisp_fun(M_pois)
```

```
#        chisq        ratio          rdf            p
# 1.115831e+02 3.015760e+00 3.700000e+01 2.079463e-09
```

Избыточность дисперсии есть! Дисперсия в 3 раза выше среднего.

Если есть избыточность дисперсии...

Пуассоновские модели недооценивают (приуменьшают) “раздувшиеся” стандартные ошибки.

Если данные подчиняются распределению Пуассона, то:

$$var(y_i) = \mu_i$$

$$var(E(y_i)) = \mu_i/n$$

$$SE_{E(y_i)} = \sqrt{var(E(y_i))}$$

Если данные не подчиняются распределению Пуассона, и дисперсия в φ раз больше среднего ($\varphi > 1$), то:

$$var^*(y_i) = \varphi\mu_i$$

Тогда дисперсии и стандартные ошибки “раздуты”:

$$var(E(y_i)) = \varphi\mu_i/n$$

$$SE_{E(y_i)} = \sqrt{\varphi\ var(E(y_i))}$$

Проблемы из-за неучтенной избыточности дисперсии

Когда есть избыточность дисперсии, использование распределения Пуассона приведет к проблемам:

- Доверительная зона предсказаний модели будет заужена из-за того, что оценки стандартных ошибок занижены.
- Тесты Вальда для коэффициентов модели дадут неправильные результаты из-за того, что оценки стандартных ошибок занижены. Уровень значимости будет занижен.
- Тесты, основанные на сравнении правдоподобий дадут смещённые результаты, т.к. соотношение девианс уже не будет подчиняться χ^2-распределению.

Причины избыточности дисперсии

- Наличие выбросов.
- В модель не включен важный предиктор или взаимодействие предикторов.
- Нарушена независимость выборок (есть внутригрупповые корреляции).
- Нелинейная связь между ковариатами и зависимой переменной.
- Выбрана неподходящая связывающая функция.
- Количество нулей больше, чем предсказывает выбранное распределение отклика (Zero inflation) .
- Выбрана неподходящая функция распределения для отклика.

Причины избыточности дисперсии

- Наличие выбросов.
- В модель не включен важный предиктор или взаимодействие предикторов.
- Нарушена независимость выборок (есть внутригрупповые корреляции).
- Нелинейная связь между ковариатами и зависимой переменной.
- Выбрана неподходящая связывающая функция.
- Количество нулей больше, чем предсказывает выбранное распределение отклика (Zero inflation) .
- Выбрана неподходящая функция распределения для отклика.

Как бороться с избыточностью дисперсии

Взвесив все, что известно о данных, можно решить, как именно усовершенствовать модель.

Для модели числа визитов опылителей мы попробуем два варианта действий:

- Можно построить квази-пуассоновскую модель.
- Можно построить модель, основанную на отрицательном биномиальном распределении.

Квази-пуассоновские модели

$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$

$E(Visits_i) = \mu_i$, $var(y_i) = \varphi\ \mu_i$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

Помните, не бывает “квази-пуассоновского распределения”!

В этих моделях используется распределение Пуассона, но вводится поправка на степень избыточности дисперсии φ.

Величина φ показывает, во сколько раз дисперсия превышает среднее.

φ оценивается по данным.

Особенности квази-пуассоновской GLM

- Оценки параметров β такие же как в Пуассоновской GLM.
- Стандартные ошибки оценок коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- Доверительные интервалы к оценкам коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- Логарифмы правдоподобий уменьшаются в φ раз.

Особенности квази-пуассоновской GLM

- Оценки параметров β такие же как в Пуассоновской GLM.
- Стандартные ошибки оценок коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- Доверительные интервалы к оценкам коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- Логарифмы правдоподобий уменьшаются в φ раз.

Особенности работы с квази-моделями

1. В тестах параметров используются t-тесты (и t-распределение) вместо z-тестов Вальда (и стандартного нормального распределения).
2. Для анализа девиансы используются F-тесты.
3. Для квази-пуассоновских моделей не определена функция максимального правдоподобия, поэтому нельзя вычислить AIC (но иногда считают квази-AIC = QAIC).

Подбираем квази-пуассоновскую модель

$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$

$E(Visits_i) = \mu_i$, $var(Visits_i) = \varphi\ \mu_i$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
M_quasi <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,
                  family = "quasipoisson")
```

Уравнение квази-пуассоновской модели

$$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \; var(Visits_i) = 3.016 \; \mu_i$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -2.66 + 0.71 Treatment_{Invaded\ i} - 0.22 Treatment_{Removal\ i} - 0.46 DiversityD1_i + 0.04 Flowers_i + 4.69 Hours_i$$

```
coef(M_quasi)
```

```
#      (Intercept) TreatmentInvaded TreatmentRemoval     DiversityD_1
#      -2.66090631       0.71341797      -0.21537935      -0.45740225
#          Flowers            Hours
#       0.03731004       4.68668983
```

```
summary(M_quasi)$dispersion
```

```
# [1] 3.01578
```

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_quasi)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#     family = ”quasipoisson”, data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#     Min       1Q   Median       3Q      Max
# -4.0675  -1.3189  -0.3523   0.7068   3.2346
#
# Coefficients:
#                  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# (Intercept)      -2.66091    3.77613  -0.705  0.48543
# TreatmentInvaded  0.71342    0.37190   1.918  0.06282 .
# TreatmentRemoval -0.21538    0.38665  -0.557  0.58086
# DiversityD_1     -0.45740    0.22330  -2.048  0.04767 *
# Flowers           0.03731    0.01187   3.143  0.00328 **
# Hours             4.68669    5.04179   0.930  0.35862
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 3.01578)
#
#     Null deviance: 189.75  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 119.88  on 37  degrees of freedom
# AIC: NA
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Анализ девианс для квази-пуассоновской модели

```
drop1(M_quasi, test = "F")
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#              Df Deviance F value  Pr(>F)
# <none>            119.88
# Treatment     2   145.29  3.9211 0.02854 *
# DiversityD_1  1   134.31  4.4533 0.04166 *
# Flowers       1   148.67  8.8848 0.00506 **
# Hours         1   123.64  1.1593 0.28859
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Это приблизительные результаты.
Не стоит доверять p близким к $\alpha = 0.05$.

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика

$$Visits_i \sim NB(\mu_i, k)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \; var(Visits_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{k}$$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ – функция связи логарифм

$$\eta = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
library(MASS)
M_nb <- glm.nb(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,
                link = "log")
```

Уравнение модели с отрицательным биномиальным распределением отклика

$$Visits_i \sim NB(\mu_i, 1.936)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \; var(Visits_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{1.936}$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -1.97 + 0.57Treatment_{Invaded\ i} - 0.11Treatment_{Removal\ i} - \\ -0.49DiversityD1_i + 0.03Flowers_i + 4.10Hours_i$$

```
coef(M_nb)
```

```
#      (Intercept) TreatmentInvaded TreatmentRemoval     DiversityD_1
#      -1.97122318       0.56873105      -0.10895602      -0.48867762
#          Flowers            Hours
#       0.03092964       4.10245668
```

```
summary(M_nb)$theta
```

```
# [1] 1.93593
```

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_nb)
```

```
#
# Call:
# glm.nb(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers +
#     Hours, data = pol, link = ”log”, init.theta = 1.935929584)
#
# Deviance Residuals:
#     Min       1Q   Median       3Q      Max
# -2.4604  -0.9716  -0.2443   0.4706   1.5442
#
# Coefficients:
#                  Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept)      -1.97122    2.45300  -0.804   0.4216
# TreatmentInvaded  0.56873    0.38823   1.465   0.1429
# TreatmentRemoval -0.10896    0.37690  -0.289   0.7725
# DiversityD_1     -0.48868    0.19901  -2.456   0.0141 *
# Flowers           0.03093    0.01279   2.419   0.0156 *
# Hours             4.10246    3.29490   1.245   0.2131
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for Negative Binomial(1.9359) family taken to be 1)
#
#     Null deviance: 70.826  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 48.891  on 37  degrees of freedom
# AIC: 208.85
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 1
#
#
#               Theta:  1.936
```

Анализ девианс модели с отрицательным биномиальным распределением отклика

```
drop1(M_nb, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#              Df Deviance    AIC    LRT Pr(>Chi)
# <none>            48.891 206.85
# Treatment     2   53.389 207.35 4.4981  0.10550
# DiversityD_1  1   54.732 210.69 5.8414  0.01565 *
# Flowers       1   55.402 211.36 6.5110  0.01072 *
# Hours         1   50.384 206.34 1.4927  0.22180
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- не зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Это нужно еще проверить.

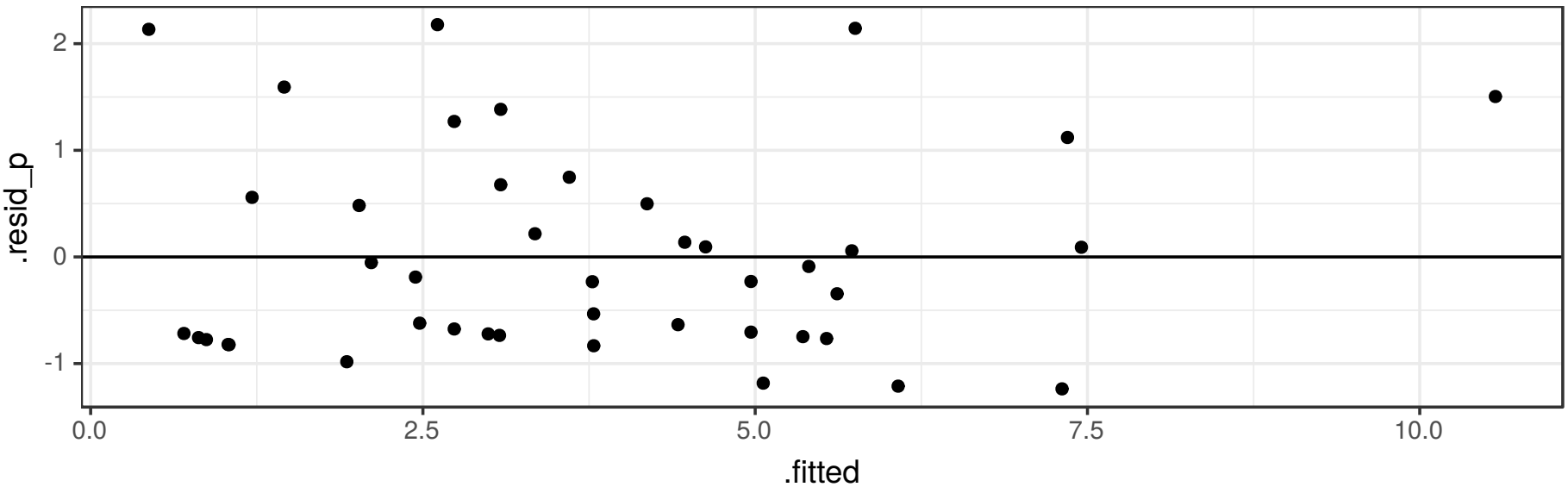
Задание 2

Проведите диагностику модели `M_nb`.

Видите ли вы какие-нибудь нарушения условий применимости?

График остатков

```
M_nb_diag <- data.frame(.fitted = predict(M_nb, type = "response"),
                        .resid_p = residuals(M_nb, type = "pearson"),
                        pol)
gg_resid <- ggplot(M_nb_diag, aes(y = .resid_p)) + geom_hline(yintercept = 0)
gg_resid + geom_point(aes(x = .fitted))
```



Проверка на сверхдисперсию

Обратите внимание, у моделей с отрицательным биномиальным распределением добавляется еще один параметр

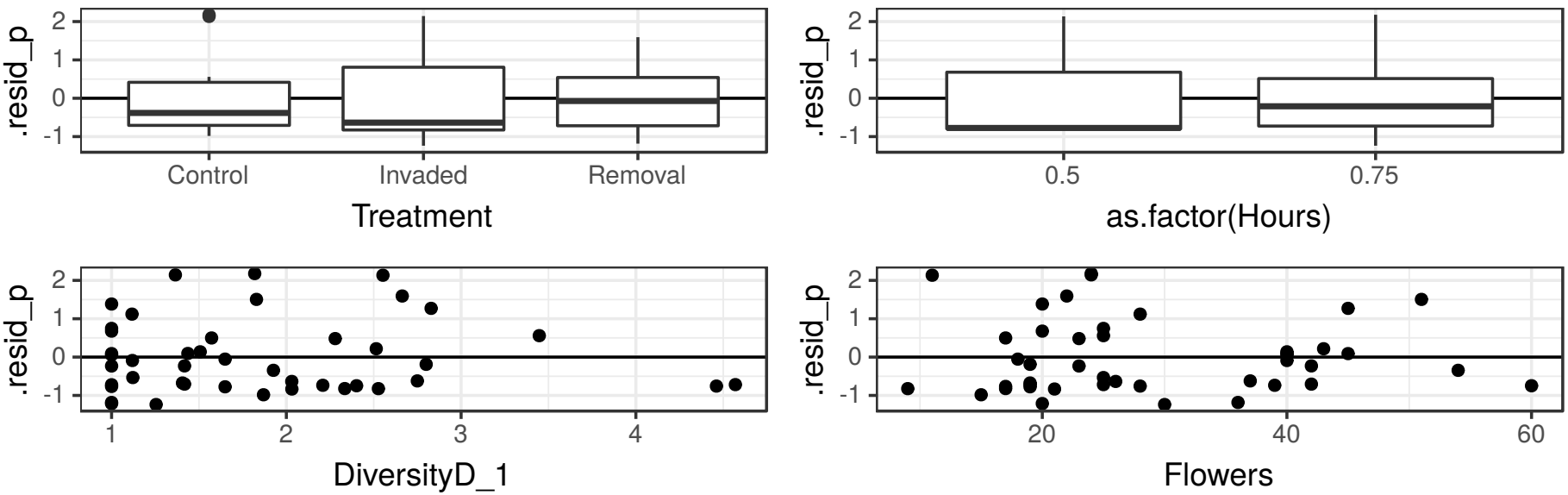
```
overdisp_fun(M_nb)
```

```
#     chisq     ratio       rdf         p
# 38.981747  1.053561 37.000000  0.380700
```

Избыточности дисперсии нет

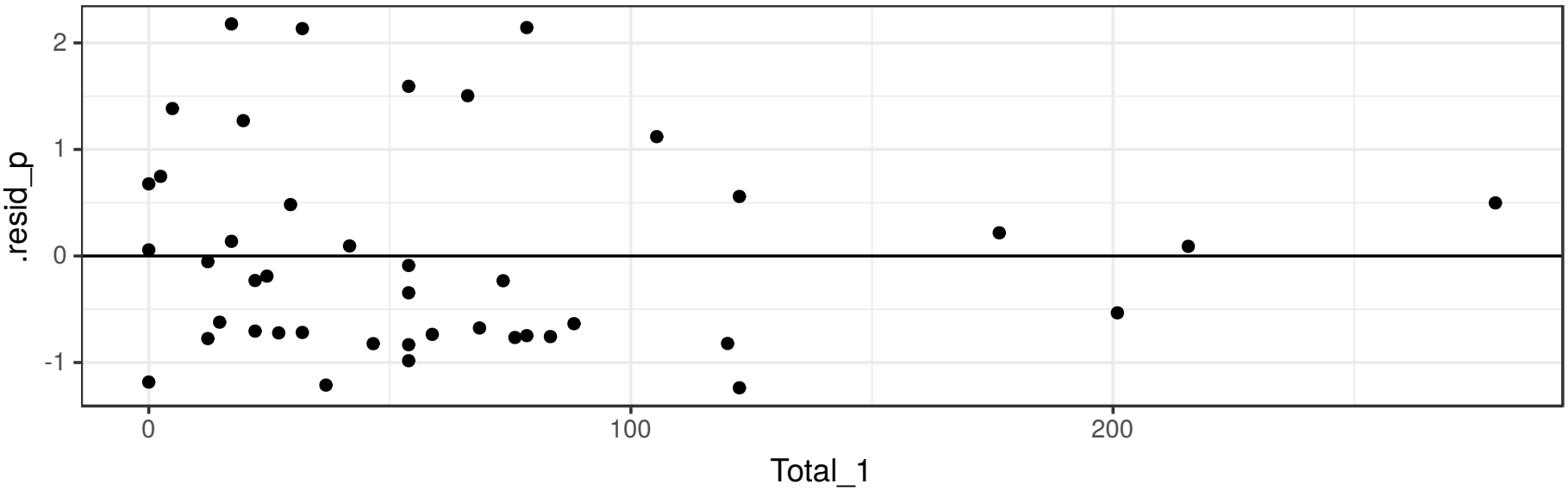
Графики остатков от переменных, которые есть в модели

```
plot_grid(gg_resid + geom_boxplot(aes(x = Treatment)),
          gg_resid + geom_boxplot(aes(x = as.factor(Hours))),
          gg_resid + geom_point(aes(x = DiversityD_1)),
          gg_resid + geom_point(aes(x = Flowers)),
          nrow = 2)
```



Графики остатков от переменных, которых нет в модели

```
gg_resid + geom_point(aes(x = Total_1))
```



Данные для предсказаний

```
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%
  do(data.frame(Flowers = seq(min(.$Flowers), max(.$Flowers), length.out=50))) %>%
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),
         Hours = mean(pol$Hours))
```

Как и в прошлый раз, мы получим предсказания двумя способами:

- при помощи операций с матрицами,
  чтобы своими глазами увидеть работу функции связи,
- при помощи функции `predict.glm()`.

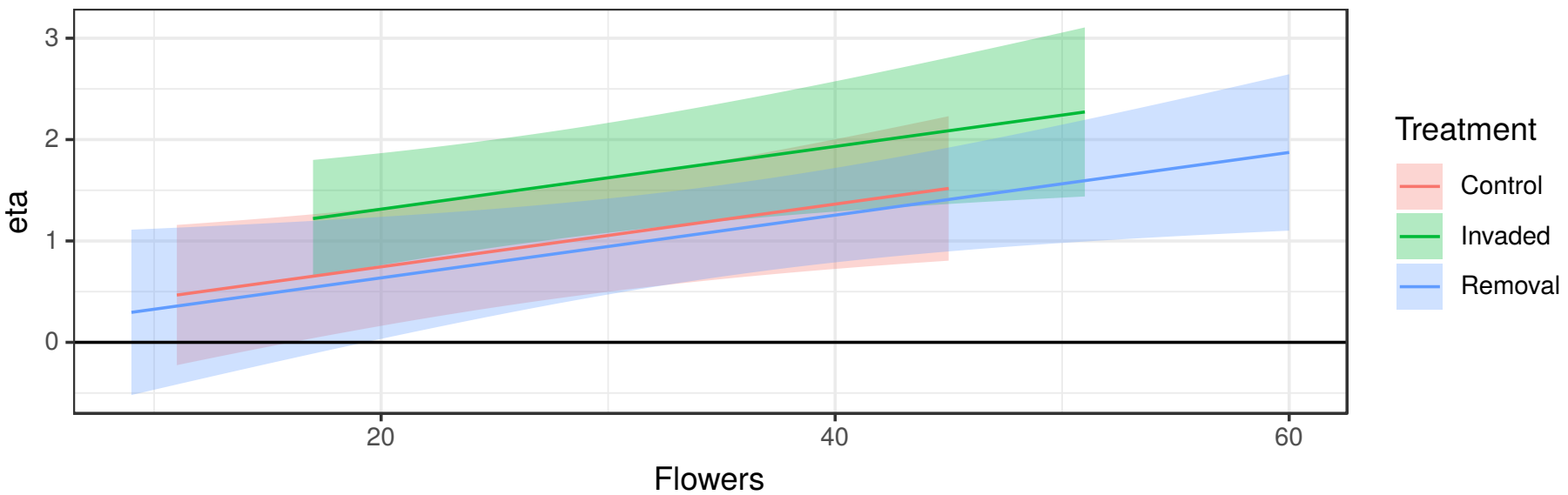
Предсказания модели при помощи операций с матрицами

```r
# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
b <- coef(M_nb)

# Предсказанные значения и стандартные ошибки...
# ...в масштабе функции связи (логарифм)
NewData$fit_eta <- X %*% b
NewData$SE_eta <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_nb) %*% t(X)))

# ...в масштабе отклика (применяем функцию, обратную функции связи)
NewData$fit_mu <- exp(NewData$fit_eta)
NewData$SE_mu <- exp(NewData$SE_eta)

head(NewData, 2)
```

```
# # A tibble: 2 x 8
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours fit_eta SE_eta fit_mu SE_mu
#   <chr>       <dbl>        <dbl> <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl> <dbl>
# 1 Control      11           1.86 0.733   0.467  0.346   1.59  1.41
# 2 Control      11.7         1.86 0.733   0.488  0.341   1.63  1.41
```

График предсказаний в масштабе функции связи

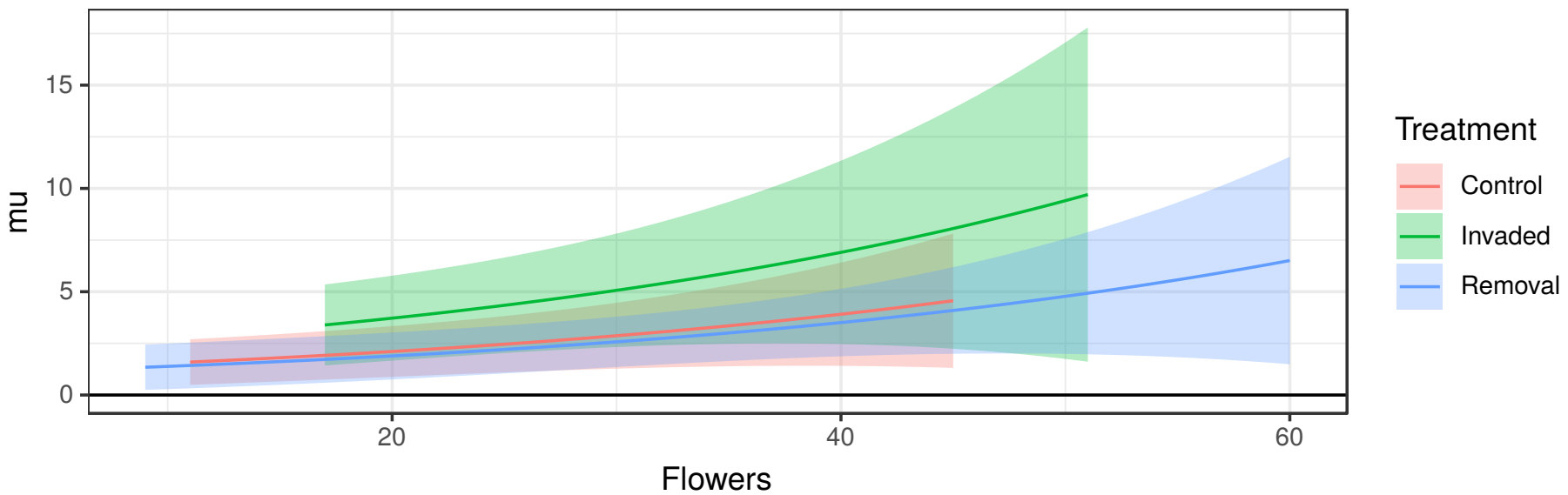
```
predict_eta <- predict(M_nb, newdata = NewData, se.fit = TRUE)
NewData$eta <- predict_eta$fit
NewData$SE_eta <- predict_eta$se.fit

ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = eta, fill = Treatment)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = eta - 2 * SE_eta, ymax = eta + 2 * SE_eta), alpha = 0.3) +
  geom_line(aes(colour = Treatment)) + geom_hline(yintercept = 0)
```



В масштабе функции связи мы моделируем линейную зависимость логарифмов мат. ожидания отклика от предикторов.

График предсказаний в масштабе переменной-отклика

```
predict_mu <- predict(M_nb, newdata = NewData, se.fit = TRUE, type = 'response')
NewData$mu <- predict_mu$fit
NewData$SE_mu <- predict_mu$se.fit

ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = mu, fill = Treatment)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = mu - 2 * SE_mu, ymax = mu + 2 * SE_mu), alpha = 0.3) +
  geom_line(aes(colour = Treatment)) + geom_hline(yintercept = 0)
```

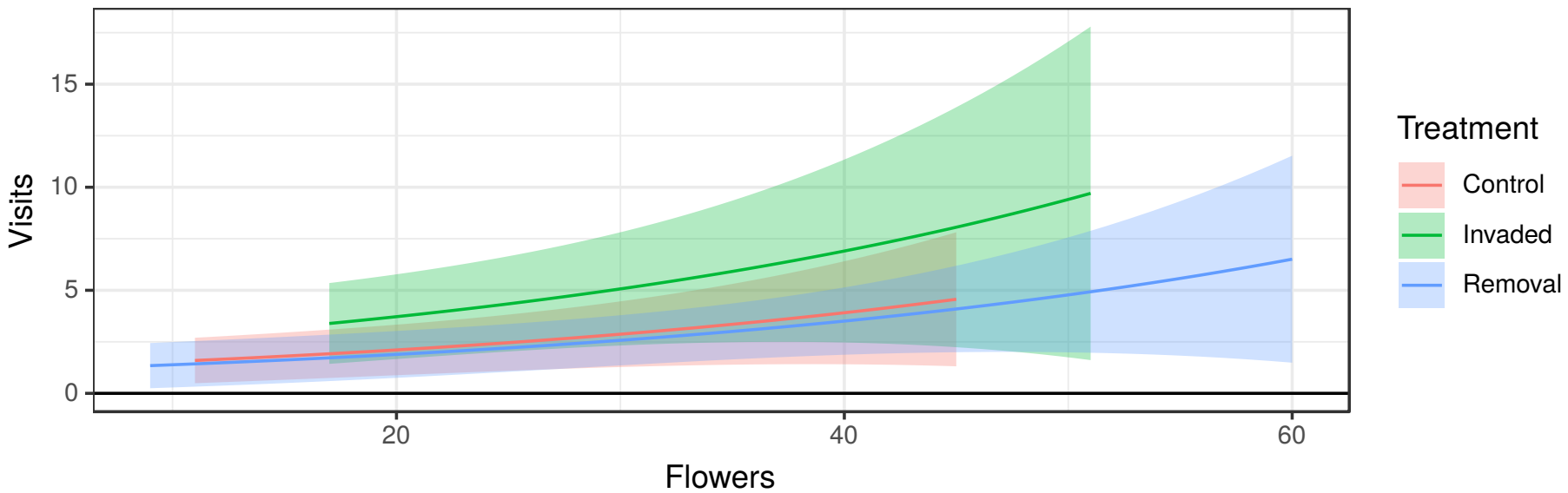


GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика моделирует его нелинейную связь предикторами за счет функции связи $log()$.

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика учитывает гетерогенность дисперсии ($E(y_i) = \mu_i$, $var(y_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{k}$). Стандартные ошибки возрастают с увеличением предсказанного значения даже сильнее, чем это было у Пуассоновской модели.

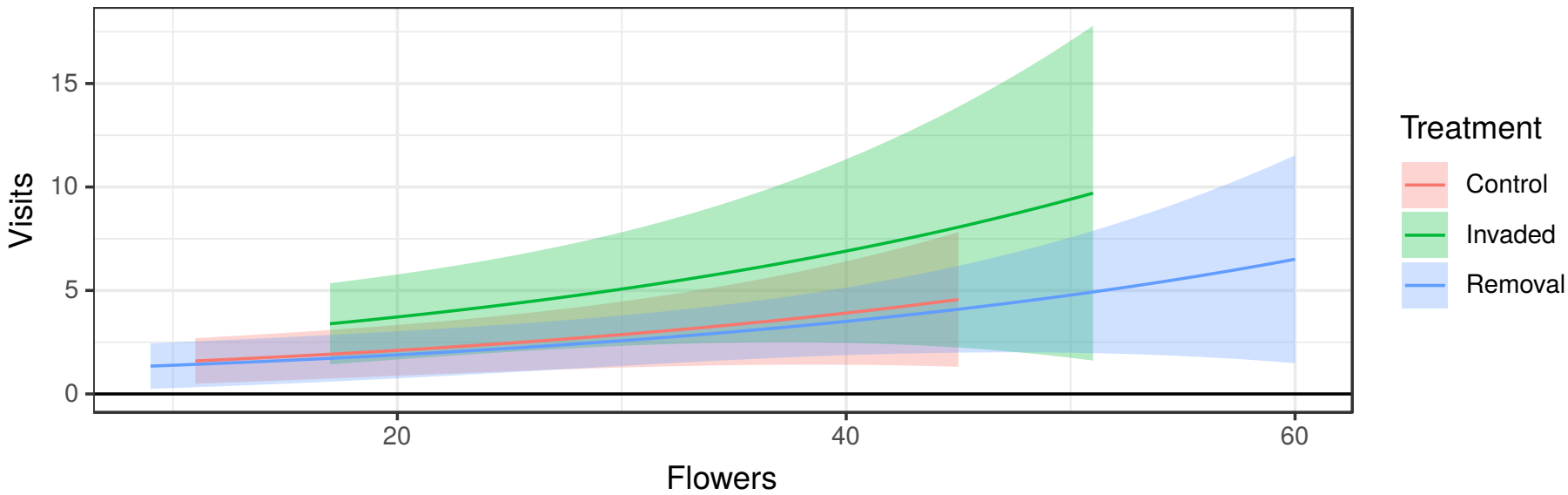
Этого оказалось вполне достаточно для моделирования данных (сверхдисперсии здесь нет).



Выводы.

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука зависит не от присутствия вида вселенца или его цветов, а от разнообразия флоры на данном участке (тест отношения правдоподобий, $p = 0.02$).

При этом, чем больше цветов самого гадючьего лука, тем больше прилетает опылителей (тест отношения правдоподобий, $p = 0.01$).



Take-home messages

Очень важно правильно формулировать модель для данных.

Для моделирования счетных зависимых переменных применяются модели, основанные на распределении Пуассона или отрицательном биномиальном распределении.

Одно из условий применимости этих моделей — отсутствие избыточности дисперсии.

Избыточность дисперсий может возникать в силу разных причин, поэтому единого рецепта борьбы с ней нет.

Квази-пуассоновские модели решают проблему сверхдисперсии в Пуассоновской GLM внося поправки для стандартных ошибок оценок коэффициентов модели.

Модели, основанные на отрицательном биномиальном распределении, учитывают избыточность дисперсии при помощи отдельного параметра.

Что почитать

- Zuur, A.F. and Ieno, E.N., 2016. A protocol for conducting and presenting results of regression□type analyses. Methods in Ecology and Evolution, 7(6), pp.636-645.
- Кабаков Р.И. R в действии. Анализ и визуализация данных на языке R. М.: ДМК Пресс, 2014
- Zuur, A., Ieno, E.N. and Smith, G.M., 2007. Analyzing ecological data. Springer Science & Business Media.