TD 1 — Modèle de Poisson (R)

Année universitaire 2025–2026 • Parcours Économie de la santé & Développement durable

Pierre Beaucoral

Contexte: On étudie d'anciennes données reliant tabagisme et décès par cancer du poumon. Variables : age (classes), smoking status (4 classes), population (centaines de milliers), deaths (décès annuels).

Préparation

Objectifs de ce TD

- Importer et préparer un tableau comptages + exposition (population à risque).
- Ajuster un **GLM Poisson** avec *offset* (log-exposition).
- Évaluer l'ajustement : **déviance** (vs modèle saturé) & **Pearson**.
- Comparer des modèles via tests de rapport de vraisemblance (LR).
- Interpréter en ratios de taux d'incidence (IRR) et produire des comptes attendus.

Packages

```
# installer si nécessaire : install.packages(c("readxl","dplyr","tidyr","janitor","ggplot2",
library(readxl)
library(dplyr)
library(tidyr)
library(janitor)
library(ggplot2)
library(broom)
library(gt)
library(performance)  # check_overdispersion
library(DescTools)  # PChisq for GOF (si besoin)
```

Import et manipulation des données

Importer les données smoking_dat.xlsx

Dans l'énoncé, les données à importer sont smoking_dat.xlsx et les variables age, smoking status, population, deaths.

Note

Dictionnaire des variables :

- age: en classes (40-44, 45-49, 50-54, 55-59, 60-64, 65-69, 70-74, 75-79, 80+).
- smoking status: 4 classes (ne fume pas / fume le cigare ou la pipe / fume la cigarette et le cigare ou la pipe ; fume seulement la cigarette)
- population: en centaine de milliers de personnes
- deaths: comptage des décès par cancer du poumon en un an.

```
# Chemin suggéré : placez le fichier dans data/smoking_dat.xlsx
# Si vous avez un CSV, remplacez read_excel par read.csv(...)
data_path <- "data/smoking_dat.xlsx"

df <- read_excel(data_path) |>
    clean_names()

# Harmonisation de noms
# On s'attend à des colonnes: age (classes), smoking_status (4 classes), population, deaths
df <- df |>
    rename(
    age = matches("^age$|^age_class|^agecat"),
    smoking_status = matches("^smoking|^smoke"),
    population = matches("^pop|^population"),
    deaths = matches("^deaths|^dead")
)
glimpse(df)
```

Coder les deux variables enregistrées en texte avec des chiffres

En Stata on ferait encode + i.variable.

En R, il suffit de déclarer les variables comme factor.

```
df <- df |>
  mutate(
    age = factor(age, ordered = FALSE),
    smoking_status = factor(smoking_status, ordered = FALSE)
)

# Vérification des niveaux
levels(df$age); levels(df$smoking_status)
```

```
[1] "40-44" "45-59" "50-54" "55-59" "60-64" "65-69" "70-74" "75-79" "80+"
```

[1] "cigarPipeOnly" "cigarretteOnly" "cigarrettePlus" "no"

Note

Rappel : Les facteurs indiquent à R qu'il s'agit de variables qualitatives. Chaque modalité sera transformée en variable indicatrice (dummy) dans la régression.

Unité d'exposition

L'énoncé précise que population est en centaines de milliers. Pour une interprétation plus intuitive, on peut ramener l'exposition à l'unité personne (facultatif) :

```
# Ici, on transforme 'population' en nombre de personnes si besoin.
# Exemple: si population = 2.3 signifie 2.3 * 100 000 personnes :
expo_personnes <- TRUE
scale_factor <- 1e5

df <- df |>
    mutate(
        exposure = if (expo_personnes) population * scale_factor else population
    )
summary(df$exposure)
```

```
Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu. Max.
9800000 36925000 85850000 155894444 230550000 605200000
```

Estimations

Appliquer un premier modèle de régression log-linéaire

Modèle Poisson log-linéaire avec effets de smoking_status et age, et offset log(exposure) : c'est l'équivalent de Stata poisson deaths i.smokecod i.agecod, exposure(pop).



Pourquoi un modèle de Poisson?

Les données sont des comptages (nombre de décès).

Le modèle de Poisson relie l'**espérance** de ces comptages à des variables explicatives par une fonction de lien log :

$$\log(\mathbb{E}[Y]) = X\beta$$

Cette structure garantit que la prédiction est **positive** et que la variance est proportionnelle à la moyenne (hypothèse de Poisson).

Nous voulons expliquer le nombre de décès par l'âge et le statut tabagique, en tenant compte de l'exposition.

Call:

```
glm(formula = deaths ~ smoking_status + age + offset(log(exposure)),
    family = poisson(link = "log"), data = df)
```

Coefficients:

```
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -15.14514 0.06783 -223.293 < 2e-16 ***
smoking_statuscigarretteOnly 0.36915 0.03791 9.737 < 2e-16 ***
smoking_statuscigarrettePlus 0.17015 0.03643 4.671 3.00e-06 ***
```

```
-1.017
                                                               0.309
smoking_statusno
                              -0.04781
                                          0.04699
age45-59
                               0.55388
                                          0.07999
                                                     6.924 4.38e-12 ***
age50-54
                               0.98039
                                          0.07682
                                                     12.762 < 2e-16 ***
                                                     21.138 < 2e-16 ***
age55-59
                               1.37946
                                          0.06526
                                                     26.439 < 2e-16 ***
age60-64
                               1.65423
                                          0.06257
                                                     31.824 < 2e-16 ***
age65-69
                               1.99817
                                          0.06279
age70-74
                               2.27141
                                          0.06435
                                                     35.296
                                                            < 2e-16 ***
age75-79
                               2.55858
                                          0.06778
                                                     37.746 < 2e-16 ***
                                          0.07242
age80+
                               2.84692
                                                     39.310 < 2e-16 ***
                0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Signif. codes:
(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
    Null deviance: 4055.984
                             on 35
                                    degrees of freedom
                                    degrees of freedom
Residual deviance:
                     21.487
                             on 24
AIC: 285.51
```

Number of Fisher Scoring iterations: 4

! Important

L'argument offset (log(exposure)) ajoute le log de l'exposition avec un coefficient fixé à 1. Cela revient à modéliser un taux de décès (décès / population).

Calculer la déviance du modèle ajusté. DEV1

Quel est l'effet de l'âge sur la probabilité de décès par cancer du poumon ?

Interprétez les coefficients associés aux **modalités d'âge** (comparées à la catégorie de référence) en termes d'IRR (voir section IRR) et/ou d'impact sur le **taux de décès** (à exposition fixée). (Discussion attendue.)

Interprétez les coefficients d'âge (IRR = exp(coef)) :

- IRR > 1 : taux de décès plus élevé que la catégorie de référence.
- IRR < 1: taux plus faible.

Sauvegarde du modèle (utile pour LR tests)

```
# En R, on garde l'objet en mémoire (mod1). Pas besoin d'"estimates store".
# On peut aussi l'ajouter à une liste si on veut gérer plusieurs modèles :
models <- list(mod1 = mod1)</pre>
```

Tester l'ajustement de ce modèle

Pour cela nous allons réaliser deux tests :

- Deviance GOF (modèle ajusté vs saturé).
- Pearson GOF (comparaison effectifs attendus vs observés). Les degrés de liberté correspondent ici au nombre de cellules moins le nombre de paramètres estimés (y compris l'interception). L'énoncé suggère 24 df pour chacun de ces tests (voir justification plus bas).

```
# Deviance test (déjà calculé ci-dessus)
dev_stat <- deviance(mod1)</pre>
          <- df.residual(mod1)
dev df
          <- pchisq(dev_stat, dev_df, lower.tail = FALSE)</pre>
dev_p
# Pearson GOF (somme (y - mu)^2 / mu) et chi2 approx avec mêmes df résiduels)
          <- fitted(mod1)
                                    # comptages attendus
mu hat
y_obs
          <- df$deaths
pearson <- sum((y_obs - mu_hat)^2 / mu_hat)</pre>
pearson_p <- pchisq(pearson, dev_df, lower.tail = FALSE)</pre>
tibble(
  test = c("Deviance GOF", "Pearson GOF"),
  statistic = c(dev_stat, pearson),
  df = c(dev_df, dev_df),
  p_value = c(dev_p, pearson_p)
) |>
  gt()
```

test	statistic	df	p_value
Deviance GOF	21.48674	24	0.6098720
Pearson GOF	20.61936	24	0.6610658

Justifiez pourquoi ces tests sont effectués avec le même df.



Rappel : pour un GLM Poisson, df = N - p, où N est le nombre de cellules et p le nombre de paramètres estimés (y compris l'interception). Discuter les conditions d'un ² (souvent $\hat{\mu} \geq 5$ dans la plupart des cellules).

Ajuster un modèle sans la variable smoke, et effectuer un test de rapport de vraisemblance entre ce nouveau modèle et celui précédemment sauvegardé

On ajuste un modèle sans tabac et on compare à mod1 par LR test. En Stata : lrtest. En R: anova(mod0, mod1, test="Chisq").

```
mod0 <- glm(deaths ~ age + offset(log(exposure)),</pre>
            family = poisson, data = df)
anova(mod0, mod1, test = "Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

```
Model 1: deaths ~ age + offset(log(exposure))
Model 2: deaths ~ smoking_status + age + offset(log(exposure))
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1
        27
              191.723
2
        24
                           170.24 < 2.2e-16 ***
               21.487 3
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1
```

Conclure sur l'impact de l'usage du tabac sur la probabilité de décès par cancer du poumon.

Construire une nouvelle variable qui prend la valeur 1 si l'individu fume des cigarettes, 0 s'il n'en fume pas.

Créer une variable cigarette_user égale à 1 si l'individu fume des cigarettes, 0 sinon : l'énoncé demande de distinguer le type de produit et de concentrer l'attention sur la cigarette.

```
# Adaptez le motif à vos libellés (ex.: "fume seulement la cigarette", "cigarette + cigare/p
# On classera 1 si l'étiquette contient "cigarette", 0 sinon.
df <- df |>
    mutate(
        cigarette_user = as.integer(grepl("cigarrette", tolower(as.character(smoking_status)))))
table(df$cigarette_user, df$smoking_status)
```

```
cigarPipeOnly cigarretteOnly cigarrettePlus no 0 9 0 0 9 1 0 9 9 0
```

Ajuster un troisième modèle avec effet de l'âge et de cette variable d'usage de la cigarette.

```
0.26910
                          0.02757
                                 9.762 < 2e-16 ***
cigarette_user
                          0.07999
               0.55342
age45-59
                                    6.919 4.56e-12 ***
age50-54
               0.98480
                          0.07682 12.820 < 2e-16 ***
                          0.06526
                                   21.092 < 2e-16 ***
age55-59
               1.37640
                                   26.317 < 2e-16 ***
age60-64
               1.64629
                          0.06256
                          0.06277
                                   31.708 < 2e-16 ***
age65-69
               1.99023
age70-74
               2.26143
                          0.06432
                                   35.161 < 2e-16 ***
age75-79
               2.54560
                          0.06766
                                   37.626 < 2e-16 ***
               2.82907
                          0.07215
                                   39.211 < 2e-16 ***
age80+
```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 4055.984 on 35 degrees of freedom Residual deviance: 92.237 on 26 degrees of freedom

AIC: 352.26

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```
anova(mod2, test = "Chisq")
```

Analysis of Deviance Table

Model: poisson, link: log

Response: deaths

Terms added sequentially (first to last)

```
Df Deviance Resid. Df Resid. Dev Pr(>Chi)
NULL 35 4056.0
```

cigarette_user 1 58.3 34 3997.6 2.195e-14 *** age 8 3905.4 26 92.2 < 2.2e-16 ***

Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1

Comparer ce modèle avec le modèle initial par un test de rapport de vraisemblance

On compare le modèle multiniveaux par type de tabac (mod1) avec le modèle binaire cigarette vs non (mod2).

Le type de produit fumé semble-t-il influencer la probabilité de décès par cancer du poumon ?

En Poisson log-linéaire : IRR = exp(coef). On reporte aussi des IC 95% exponentiés.

```
tidy(mod1, conf.int = TRUE, exponentiate = TRUE) |>
  select(term, estimate, conf.low, conf.high, p.value) |>
  arrange(desc(estimate)) |>
  gt() |>
  tab_header(title = "IRR (modèle 1) - exp(coef) avec IC 95%")
```

Extensions

Comptes attendus & tableau Observé vs Attendu

IRR (modèle 1) — $\exp(\text{coef})$ avec IC 95%

term	estimate	conf.low	conf.high	p.value
age80+	1.723470e + 01	1.496968e + 01	1.988626e + 01	0.0000000e+00
age75-79	1.291740e+01	1.132626e+01	1.477500e+01	0.000000e+00
age 70-74	9.693017e+00	8.558760e+00	1.101560e+01	6.852385e-273
age65-69	7.375556e+00	6.533324e+00	8.357251e+00	2.978913e-222
age60-64	5.229045e+00	4.633991e+00	5.922596e+00	4.943059e-154
age 55-59	3.972749e+00	3.501347e+00	4.522490e+00	3.581870e-99
age 50-54	2.665487e + 00	2.294116e+00	3.100656e+00	2.658489e-37
age 45-59	1.739985e+00	1.487796e+00	2.036040e+00	4.376858e-12
smoking_statuscigarretteOnly	1.446509e+00	1.343418e+00	1.558691e+00	2.099342e-22
$smoking_statuscigarrettePlus$	1.185481e+00	1.104252e+00	1.273769e+00	3.001586e-06
smoking_statusno	9.533182e-01	8.692799e-01	1.045138e+00	3.090007e-01
(Intercept)	2.645745 e - 07	2.312255e-07	3.016715 e-07	0.000000e+00

```
df_preds <- df |>
  mutate(
    y_obs = deaths,
    mu_hat = fitted(mod1)
)

df_preds |>
  select(age, smoking_status, exposure, y_obs, mu_hat) |>
  arrange(age, smoking_status) |>
  gt() |>
  fmt_number(columns = c(exposure, y_obs, mu_hat), decimals = 2)
```

Vérification d'éventuelle sur-dispersion

Le GLM Poisson suppose Var(Y) = E[Y]. Si Var(Y) >> E[Y], la sur-dispersion peut invalider les tests usuels (SE sous-estimés).

```
check_overdispersion(mod1)
```

```
# Overdispersion test
```

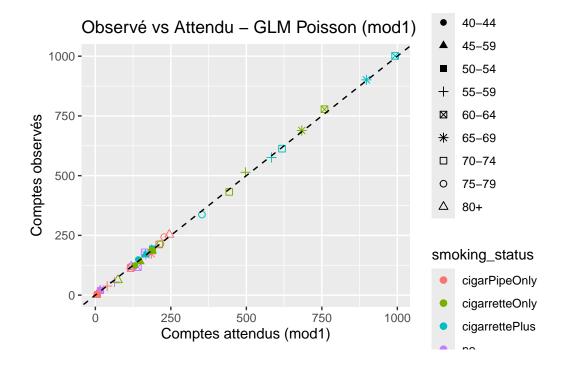
```
dispersion ratio = 0.859
```

age	$smoking_status$	exposure	y_obs	mu_hat
40-44	cigarPipeOnly	14,500,000.00	2.00	3.84
40-44	cigarretteOnly	341,000,000.00	124.00	130.50
40-44	cigarrettePlus	453,100,000.00	149.00	142.11
40-44	no	65,600,000.00	18.00	16.55
45-59	cigarPipeOnly	10,400,000.00	4.00	4.79
45-59	cigarretteOnly	223,900,000.00	140.00	149.10
45-59	cigarrettePlus	303,000,000.00	169.00	165.36
45-59	no	35,900,000.00	22.00	15.76
50-54	cigarPipeOnly	9,800,000.00	3.00	6.91
50-54	cigarretteOnly	185,100,000.00	187.00	188.82
50-54	cigarrettePlus	226,700,000.00	193.00	189.53
50-54	no	24,900,000.00	19.00	16.74
55-59	cigarPipeOnly	37,200,000.00	38.00	39.10
55-59	cigarretteOnly	327,000,000.00	514.00	497.17
55-59	cigarrettePlus	468,200,000.00	576.00	583.40
55-59	no	63,200,000.00	55.00	63.33
60-64	cigarPipeOnly	84,600,000.00	113.00	117.04
60-64	cigarretteOnly	379,100,000.00	778.00	758.66
60-64	cigarrettePlus	605,200,000.00	1,001.00	992.58
60-64	no	106,700,000.00	117.00	140.73
65-69	cigarPipeOnly	94,900,000.00	173.00	185.19
65-69	cigarretteOnly	242,100,000.00	689.00	683.37
65-69	cigarrettePlus	388,000,000.00	901.00	897.57
65-69	no	89,700,000.00	170.00	166.87
70-74	cigarPipeOnly	82,400,000.00	212.00	211.32
70-74	cigarretteOnly	119,500,000.00	432.00	443.30
70-74	cigarrettePlus	203,300,000.00	613.00	618.07
70-74	no	66,800,000.00	179.00	163.31
75-79	cigarPipeOnly	66,700,000.00	243.00	227.95
75-79	cigarretteOnly	43,600,000.00	214.00	215.54
75-79	cigarrettePlus	87,100,000.00	337.00	352.89
75-79	no	36,100,000.00	120.00	117.62
80+	cigarPipeOnly	53,700,000.00	253.00	244.86
80+	cigarretteOnly	11,300,000.00	63.00	74.53
80+	cigarrettePlus	34,500,000.00	189.00	186.49
80+	no	27,400,000.00	120.00	119.11

```
Pearson's Chi-Squared = 20.619
p-value = 0.661
```

En cas de sur-dispersion marquée, envisagez **Quasi-Poisson** (family = quasipoisson) ou **Négative Binomiale** (MASS::glm.nb) et comparez l'ajustement.

Graphiques (facultatifs)



Bilan

• Le modèle de Poisson permet d'estimer des **taux de décès** en fonction du tabagisme et de l'âge.

- Les tests d'ajustement (déviance, Pearson) valident le modèle si p-value élevée.
- Le tabagisme a un impact significatif sur la mortalité par cancer du poumon.
- Les IRR offrent une interprétation intuitive : par rapport à la catégorie de référence, combien de fois le taux de décès est-il multiplié.

Conseil pratique : en recherche appliquée, vérifiez toujours la sur-dispersion et documentez les hypothèses de variance (Poisson vs quasi-Poisson vs binomiale négative).