

TD 3 — Régression multinomiale (R)

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

Pierre Beaucoral

Objectifs du TD

- Manipuler un **modèle logit multinomial nominal** (SUBTYPE).
- Manipuler un **modèle logit ordinal** (GRADE).
- Savoir :
 - préparer les données (codage en facteurs / variables ordinaires) ;
 - estimer, simplifier et interpréter un modèle ;
 - tester :
 - * l'ajustement (Hosmer–Lemeshow multinomial) ;
 - * des interactions via test de rapport de vraisemblance (LR).

Données : *cancer.dta* (288 femmes avec cancer de l'endomètre).

Introduction

Un **modèle de régression multinomiale** est un modèle Logit ou Probit dans lequel la variable à expliquer Y est une variable qualitative à $k > 2$ modalités. Cette variable peut être qualitative **nominale** ou **ordinale**.

Cas d'une variable expliquée nominale

Dans le cas d'une variable expliquée **nominale**, on prend n'importe quelle modalité comme modalité de référence (modalité 0), et on estime des *pseudo-côtes*, c'est-à-dire :

- $\frac{\Pr(Y = 1)}{\Pr(Y = 0)}$

- $\frac{\Pr(Y = 2)}{\Pr(Y = 0)}$
- etc.

Par exemple, dans le cas $k = 3$ modalités de Y , on a :

$$\Pr(Y = 0) + \Pr(Y = 1) + \Pr(Y = 2) = 1$$

MAIS $\Pr(Y = 0) + \Pr(Y = 1) < 1$ et $\Pr(Y = 0) + \Pr(Y = 2) < 1$

On estime alors les paramètres β_g tels que :

$$\ln \left(\frac{\Pr(Y = g)}{\Pr(Y = 0)} \right) = \beta_{g0} + \sum_{j=1}^p \beta_{gj} X_j$$

avec $g = 1, \dots, k - 1$.

On estime donc :

- $(k - 1)$ paramètres pour chaque variable explicative quantitative ;
- $(k - 1)(q - 1)$ paramètres pour une variable explicative qualitative à q modalités.

Cas d'une variable expliquée ordinaire

Dans le cas d'une variable expliquée **ordinale**, $Y = 0$ ou 1 ou 2 , etc. représente une réponse graduée.

La résolution suppose l'existence d'une variable continue sous-jacente Y^* , et de $(k - 1)$ bornes c_j telles que :

- si $y_i^* < c_1$ alors $y_i = 1$
- si $c_{j-1} < y_i^* < c_j$ alors $y_i = j$
- si $y_i^* > c_{k-1}$ alors $y_i = k$

On a :

$$y_i^* = X_i B + \varepsilon_i$$

et on estime conjointement :

- les paramètres β_j correspondant à chaque variable explicative ;
- les seuils c_g ($g = 1, \dots, k - 1$).

On prédit alors l'appartenance de chaque individu à chaque classe par les formules :

$$\Pr(Y_i = 0) = \Phi(c_1 - X_i B)$$

$$\Pr(Y_i = g) = \Phi(c_g - X_i B) - \Phi(c_{g-1} - X_i B)$$

où Φ est :

- la fonction de répartition d'une loi gaussienne centrée réduite dans le cas du **modèle Probit multivarié** ;
- l'inverse de la fonction Logit dans le cas du **Logit multivarié**.

Présentation de l'étude et des données

Les données étudiées proviennent de *Hill et al.* (1995) et sont utilisées comme exemple dans l'ouvrage de Kleinbaum et Klein.

- 288 femmes avec un cancer de l'endomètre participent à l'étude.

Dictionnaire des variables

- **ID** : identifiant individuel.
- **GRADE** : variable ordinaire indiquant le stade de la tumeur
 - 0 : bien différenciée
 - 1 : modérément différenciée
 - 2 : peu différenciée
- **RACE** : variable indicatrice à deux modalités
 - 1 : peau noire
 - 0 : peau blanche
- **ESTROGEN** : variable indicatrice à deux modalités
 - 1 : la femme a déjà pris des œstrogènes
 - 0 : sinon
- **SUBTYPE** : variable qualitative à trois modalités codant le sous-type de tissu cancéreux
 - 0 : Adénocarcinome
 - 1 : Adenosquamous
 - 2 : Autre

- **AGE** : âge recodé en deux classes
 - 0 : 50–64 ans
 - 1 : 65–79 ans
- **SMK** : variable binaire indiquant le statut tabagique au moment de l'étude
 - 1 : fumeuse
 - 0 : non-fumeuse

Références

-
- Hill, H.A., Coates, R.J., Austin, H., Correa, P., Robboy, S.J., Chen, V., Click, L.A., Barrett, R.J., Boyce, J.G., Kotz, H.L., and Harlan, L.C., *Racial differences in tumor grade among women with endometrial cancer*, Gynecol. Oncol. 56: 154–163, 1995.
 - David G. Kleinbaum, Mitchel Klein, *Logistic Regression – A Self-Learning Text*, Third Edition, Springer, 2010.

Packages utilisés

```
library(tidyverse)
library(janitor)
library(haven)
library(broom)
library(dplyr)
library(gt)
library(nnet)          # multinom (logit multinomial nominal)
library(generalhoslem) # logitgof : test de Hosmer-Lemeshow multinomial
library(MASS)          # polr : logit ordinal

theme_set(theme_minimal())
```

Import des données et préparation

On suppose que le fichier `cancer.dta` se trouve dans le dossier `./data/`.

```
cancer_raw <- read_dta("./data/cancer.dta") |>
  clean_names()

glimpse(cancer_raw)
```

Rows: 288
 Columns: 7

	\$ id	\$ grade	\$ race	\$ estrogen	\$ subtype	\$ age	\$ smoking
1	<dbl> 10009, 10025, 10038, 10042, 10049, 10113, 10131, 10160, 10164~	<dbl+lbl> 1, 0, 1, 0, 0, 0, 1, 0, 1, 0, 0, 0, 1, 1, 2, 1, 2, 2, ~	<dbl+lbl> 0, ~	<dbl+lbl> 0, 1, 0, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, ~	<dbl+lbl> 1, 2, 1, 0, 0, 0, 2, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 2, 0, 0, ~	<dbl+lbl> 0, 0, 1, 1, 0, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 0, ~	<dbl+lbl> 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, ~

On dispose notamment des variables :

- `grade` (3 modalités ordonnées),
 - `race`,
 - `estrogen`,
 - `subtype`,
 - `age`,
 - `smoking`.
-

Recodage des variables

On crée des facteurs explicites pour la régression, en choisissant des **références** cohérentes avec l'énoncé :

```
cancer <- cancer_raw |>
  mutate(
    # convertir les labels Stata en facteurs R
    grade_f      = as_factor(grade),
    subtype_f   = as_factor(subtype),
    race_f       = as_factor(race),
    estrogen_f  = as_factor(estrogen),
    age_f        = as_factor(age),
    smk_f        = as_factor(smoking),
```

```

# forcer l'ordre pour l'ordinal (adapter les noms à ce que tu vois)
grade_ord = fct_relevel(
  grade_f,
  "bien différencié",
  "moyennement différencié",
  "peu différencié"
)
)

cancer |>
  dplyr::select(grade, grade_ord, subtype, subtype_f,
    race_f, estrogen_f, age_f, smk_f) |>
  head()

```

	grade	grade_ord	subtype	subtype_f	race_f	estrogen_f	age_f	smk_f	
1	1 [moyennement diff~	moyennem~	1 [ade~	adenosqu~	blanc~	never	too~	50-64	yes
2	0 [bien différencié]	bien dif~	2 [oth~	other	blanc~	took oest~	50-64		no
3	1 [moyennement diff~	moyennem~	1 [ade~	adenosqu~	blanc~	never	too~	65-79	no
4	0 [bien différencié]	bien dif~	0 [ade~	adenocar~	blanc~	never	too~	65-79	no
5	0 [bien différencié]	bien dif~	0 [ade~	adenocar~	blanc~	took oest~	50-64		no
6	0 [bien différencié]	bien dif~	0 [ade~	adenocar~	blanc~	took oest~	65-79		no

Modèle multinomial pour expliquer SUBTYPE

Variables explicatives : RACE, ESTROGEN, SMK, AGE.

Estimation du premier modèle (logit multinomial nominal)

```

mod_sub_full <- multinom(
  subtype_f ~ race_f + estrogen_f + smk_f + age_f,
  data = cancer
)

```

```

# weights: 18 (10 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 247.216796
final value 246.965190
converged

res_sub_ful <- tidy(mod_sub_full,
                      exponentiate = TRUE, # passe en OR
                      conf.int = TRUE)      # ajoute IC 95%

res_sub_ful

# A tibble: 10 x 8
  y.level     term   estimate std.error statistic p.value conf.low conf.high
  <chr>       <chr>    <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
1 adenosquamous (Inter~  0.169     0.447    -3.97  7.18e-5  0.0705  0.407
2 adenosquamous race_f~  0.806     0.413    -0.521 6.02e-1  0.359   1.81
3 adenosquamous estrog~  0.483     0.378    -1.93  5.39e-2  0.230   1.01
4 adenosquamous smk_fy~  2.43      0.526    1.69   9.06e-2  0.869   6.82
5 adenosquamous age_f6~  2.66      0.412    2.38   1.75e-2  1.19    5.96
6 other          (Inter~  0.282     0.378    -3.35  8.07e-4  0.134   0.591
7 other          race_f~  1.13      0.376    0.319  7.49e-1  0.539   2.36
8 other          estrog~  0.943     0.343    -0.171 8.64e-1  0.482   1.85
9 other          smk_fy~  0.166     1.05    -1.71  8.67e-2  0.0214  1.29
10 other         age_f6~  1.33      0.329    0.872  3.83e-1  0.699   2.54

```

```

summary(mod_sub_full)

```

Call:

```

multinom(formula = subtype_f ~ race_f + estrogen_f + smk_f +
  age_f, data = cancer)

```

Coefficients:

	(Intercept)	race_fnoire	estrogen_ftook	oestrogen	treatment
adenosquamous	-1.775326	-0.2151038			-0.72813726
other	-1.266281	0.1201888			-0.05867755
	smk_fyes	age_f65-79			
adenosquamous	0.889793	0.9780758			
other	-1.793171	0.2865677			

Std. Errors:

	(Intercept)	race_fnoire	estrogen_ftook	oestrogen	treatment
adenosquamous	0.4471631	0.4127306			0.3777940
other	0.3779403	0.3762200			0.3425219
	smk_fyes	age_f65-79			
adenosquamous	0.5257988	0.4117731			
other	1.0467384	0.3285697			

Residual Deviance: 493.9304

AIC: 513.9304

On obtient, pour chaque modalité $g \neq$ référence, une équation :

$$\log \frac{P(\text{SUBTYPE}=g)}{P(\text{SUBTYPE}=\text{adenocarcinomous})} = \beta g_0 + \beta g, \text{race} + \dots$$

À caractéristiques identiques (race, oestrogènes, âge), les **fumeuses** ont environ **2,4 fois plus de chances (odds)** d'avoir un cancer *adenosquamous* plutôt que le sous-type de référence, comparées aux **non fumeuses**.

Résumé et odds-ratios

```
res_sub_full <- tidy(mod_sub_full, exponentiate = TRUE, conf.int = TRUE)
res_sub_full
```

```
# A tibble: 10 x 8
  y.level      term    estimate std.error statistic p.value conf.low conf.high
  <chr>       <chr>     <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
1 adenosquamous (Inter~  0.169     0.447    -3.97   7.18e-5  0.0705   0.407
2 adenosquamous race_f~  0.806     0.413    -0.521   6.02e-1  0.359    1.81 
3 adenosquamous estrogen~ 0.483     0.378    -1.93   5.39e-2  0.230    1.01 
4 adenosquamous smk_fy~  2.43      0.526    1.69    9.06e-2  0.869    6.82 
5 adenosquamous age_f6~  2.66      0.412    2.38    1.75e-2  1.19     5.96 
6 other          (Inter~  0.282     0.378    -3.35   8.07e-4  0.134    0.591
7 other          race_f~  1.13      0.376    0.319   7.49e-1  0.539    2.36 
8 other          estrogen~ 0.943     0.343    -0.171   8.64e-1  0.482    1.85 
9 other          smk_fy~  0.166     1.05    -1.71   8.67e-2  0.0214   1.29 
10 other         age_f6~  1.33      0.329    0.872   3.83e-1  0.699    2.54
```

Ici, `estimate = odds-ratio`, `conf.low / conf.high = IC 95 %`.

Probabilités prédites

On génère les probabilités prédites pour chaque modalité de SUBTYPE :

```
phat_sub <- predict(mod_sub_full, type = "probs")
head(phat_sub)
```

	adenocarcinomous	adenosquamous	other
1	0.6852096	0.2826449	0.03214548
2	0.7420517	0.0607007	0.19724761
3	0.5476498	0.2467524	0.20559787
4	0.5476498	0.2467524	0.20559787
5	0.7420517	0.0607007	0.19724761
6	0.6363103	0.1384208	0.22526893

```
colMeans(phat_sub) # moyennes des proba par modalité
```

	adenocarcinomous	adenosquamous	other
	0.6433555	0.1573435	0.1993010

On recolle ces probabilités aux données :

```
# 1) Sous-échantillon sans NA sur les variables du modèle
cancer_complete <- cancer |>
  drop_na(subtype_f, race_f, estrogen_f, smk_f, age_f)

# 2) Modèle multinomial sur cancer_complete
mod_sub_full <- multinom(
  subtype_f ~ race_f + estrogen_f + smk_f + age_f,
  data = cancer_complete
)
```

```
# weights: 18 (10 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 247.216796
final value 246.965190
converged
```

```
# 3) Probabilités prédites (286 x 3)
phat_sub <- predict(mod_sub_full, type = "probs")
colMeans(phat_sub)
```

adenocarcinomous	adenosquamous	other
0.6433555	0.1573435	0.1993010

```
# 4) On transforme en tibble et on renomme
phat_sub_tbl <- as_tibble(phat_sub)
names(phat_sub_tbl) <- paste0("p_", levels(cancer_complete$subtype_f))
# ex : "p_adenocarcinomous" "p_adenosquamous" "p_other"

# 5) On colle aux données *complètes* (286 lignes)
cancer_sub <- bind_cols(cancer_complete, phat_sub_tbl)

cancer_sub |>
  dplyr::select(subtype_f, starts_with("p_")) |>
  slice(1:5)
```

```
# A tibble: 5 x 4
  subtype_f      p_adenocarcinomous p_adenosquamous p_other
  <fct>                <dbl>            <dbl>        <dbl>
1 adenosquamous       0.685           0.283     0.0321
2 other                 0.742           0.0607    0.197 
3 adenosquamous       0.548           0.247     0.206 
4 adenocarcinomous     0.548           0.247     0.206 
5 adenocarcinomous     0.742           0.0607    0.197
```

Test d'ajustement (Hosmer–Lemeshow multinomial)

On utilise `logitgof()` du package `generalhoslem`.

- `obs` : modalités de SUBTYPE sous forme numérique (1, 2, 3).
- `exp` : matrice de probabilités prédictes.
- `g` : nombre de groupes (à ajuster si nécessaire).

```
y_num    <- as.numeric(cancer_sub$subtype_f)
exp_mat <- as.matrix(phat_sub)

# Exemple avec 10 groupes
gof_10 <- logitgof(obs = y_num, exp = exp_mat, g = 10)
gof_10
```

```
Hosmer and Lemeshow test (multinomial model)

data: y_num, exp_mat
X-squared = 4.0727, df = 10, p-value = 0.944
```

Le test de Hosmer–Lemeshow (généralisé au multinomial et implémenté par `logitgof()` dans `generalhoslem`) compare, dans des groupes de probabilités prédictes similaires, les effectifs observés de chaque catégorie de la variable dépendante aux effectifs attendus selon le modèle. La statistique de test est de type ². Une grande p-value indique que l'on ne détecte pas de mauvais ajustement global du modèle aux données ; une petite p-value suggère un manque d'adéquation (modèle mal calibré).

Si le test ne passe pas (classes attendues trop petites), on réduit le nombre de groupes :

```
library(purrr)

map_df(4:10, ~{
  out <- try(logitgof(y_num, exp_mat, g = .x), silent = TRUE)
  tibble(
    g      = .x,
    stat   = if (inherits(out, "try-error")) NA_real_ else out$statistic,
    p_value = if (inherits(out, "try-error")) NA_real_ else out$p.value
  )
})
```

```
# A tibble: 7 x 3
  g   stat p_value
  <int> <dbl>    <dbl>
1     4  1.69  0.792
2     5  2.01  0.735
3     6 15.7   0.0474
4     7  2.63  0.955
5     8  2.63  0.955
6     9 16.5   0.170
7    10  4.07  0.944
```

Lecture :

- p-value **grande** → pas d'évidence de mauvais ajustement.
- p-value **petite** → modèle mal ajusté (au moins pour certains groupes).

En diminuant le nombre de groupes, le test Hosmer–Lemeshow devient applicable. Les p-values varient avec g , ce qui montre que le test est assez instable dans ce petit échantillon multinomial. Néanmoins, pour la plupart des partitions ($g = 4, 5, 7, 8, 9, 10$), on ne rejette pas l'hypothèse d'un bon ajustement (p-value $> 5\%$). On peut donc conclure qu'il n'y a pas de signe clair de mauvais ajustement du modèle aux données, tout en rappelant que ce test doit être interprété avec prudence.

Simplification du modèle (tests LR)

On cherche un modèle **plus parcimonieux** en retirant les variables non significatives.

Exemple : on teste si on peut retirer `smk_f` puis `age_f`

```
# Modèle sans SMK
mod_sub_nosmk <- multinom(
  subtype_f ~ race_f + estrogen_f + age_f,
  data = cancer
)
```

```

# weights: 15 (8 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 251.550761
final value 251.468001
converged

# Test LR : mod_sub_nosmk vs mod_sub_full
anova(mod_sub_nosmk, mod_sub_full)

```

Likelihood ratio tests of Multinomial Models

```

Response: subtype_f
          Model Resid. df Resid. Dev   Test    Df
1      race_f + estrogen_f + age_f      564  502.9360
2 race_f + estrogen_f + smk_f + age_f      562  493.9304 1 vs 2      2
  LR stat.  Pr(Chi)
1
2 9.005622 0.01107781

```

Test 1 : peut-on retirer `smk_f` ?

Modèles comparés :

1. Modèle réduit : `subtype_f ~ race_f + estrogen_f + age_f`
2. Modèle complet : `subtype_f ~ race_f + estrogen_f + smk_f + age_f`

Résultat du test LR :

- À 5 %, on rejette H_0 “on peut enlever `smk_f`” : **le tabagisme (`smk_f`) apporte une information significative** pour expliquer le sous-type de cancer → on garde `smk_f`.

```

# Modèle sans AGE (à partir du modèle sans SMK par exemple)
mod_sub_noage <- multinom(
  subtype_f ~ race_f + estrogen_f + smk_f,
  data = cancer
)

```

```
# weights: 15 (8 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 250.492692
final value 250.192192
converged
```

```
anova(mod_sub_noage, mod_sub_full)
```

Likelihood ratio tests of Multinomial Models

Response: subtype_f

		Model	Resid.	df	Resid.	Dev	Test	Df
1	race_f + estrogen_f + smk_f			564		500.3844		
2	race_f + estrogen_f + smk_f + age_f			562		493.9304	1 vs 2	2
	LR stat.	Pr(Chi)						
1								
2	6.454004	0.03967628						

Interprétation :

- Si la p-value du test LR est $> 5\%$, on ne rejette pas H_0 : le modèle réduit n'est pas significativement pire → on peut **retirer** la variable.
- On garde donc **smk_f** mais pas **age**

Les degrés de liberté du test de rapport de vraisemblance sont égaux au **nombre de paramètres supprimés** entre le modèle complet et le modèle réduit.

Dans un modèle multinomial, retirer une variable facteur à L modalités enlève $(J - 1)(L - 1)$ coefficients, donc $(J - 1)(L - 1)$ degrés de liberté. J catégories et L modalités.

Test meilleur modèle

On teste sur les deux variables restantes

```
# Modèle sans RACE (à partir du modèle sans SMK par exemple)
mod_sub_norace <- multinom(
  subtype_f ~ age_f + estrogen_f + smk_f ,
  data = cancer
)
```

```
# weights: 15 (8 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 247.380882
final value 247.202541
converged
```

```
anova(mod_sub_norace, mod_sub_full)
```

Likelihood ratio tests of Multinomial Models

	Model	Resid.	df	Resid.	Dev	Test	Df
1	age_f + estrogen_f + smk_f		564	494.4051			
2	race_f + estrogen_f + smk_f + age_f		562	493.9304	1 vs 2		2
	LR stat.	Pr(Chi)					
1							
2	0.4747033	0.7887139					

On retire la variable estrogen pour expliquer SUBTYPE :

```
# 1) Construire un sous-échantillon complet pour toutes les variables en jeu
cancer_lr <- cancer |>
  filter(
    !is.na(subtype_f),
    !is.na(age_f),
    !is.na(race_f),
    !is.na(smk_f),
    !is.na(estrogen_f)    # même si tu ne l'utilises pas dans tous les modèles
  )

# 2) Re-estimer les modèles sur CE MÊME jeu de données
mod_sub_full <- multinom(
```

```

    subtype_f ~ age_f + race_f + smk_f + estrogen_f,
    data = cancer_lr
)

```

```

# weights: 18 (10 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 247.216796
final value 246.965190
converged

```

```

mod_sub_noestro <- multinom(
  subtype_f ~ age_f + race_f + smk_f,
  data = cancer_lr
)

```

```

# weights: 15 (8 variable)
initial value 314.203115
iter 10 value 249.150731
final value 248.865000
converged

```

```

# 3) Maintenant, le test LR fonctionne
anova(mod_sub_noestro, mod_sub_full, test = "Chisq")

```

Likelihood ratio tests of Multinomial Models

	Model	Resid.	df	Resid.	Dev	Test	Df
1	age_f + race_f + smk_f		564		497.7300		
2	age_f + race_f + smk_f + estrogen_f		562		493.9304	1 vs 2	2
	LR stat.	Pr(Chi)					
1							
2	3.799621	0.1495969					

La fonction se base uniquement sur les **résultats passés** (modèles déjà estimés) et sélectionne celui qui minimise l'AIC (ou le BIC).

Interprétation économique du modèle final

```
mod_sub_final <- multinom(  
  subtype_f ~ age_f + smk_f,  
  data = cancer  
)  
  
# weights: 12 (6 variable)  
initial value 316.400339  
iter 10 value 250.030104  
final value 250.024195  
converged  
  
res_sub <- tidy(mod_sub_final,  
  exponentiate = TRUE, # passe en OR  
  conf.int = TRUE)      # ajoute IC 95%  
  
res_sub  
  
# A tibble: 6 x 8  
y.level term estimate std.error statistic p.value conf.low conf.high  
<chr>   <chr>    <dbl>     <dbl>     <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>  
1 adenosquamous (Intercept) 0.111     0.374    -5.88  4.16e-9  0.0535  0.231  
2 adenosquamous age_f65~ 2.67      0.409     2.40  1.63e-2  1.20   5.95  
3 adenosquamous smk_fyes 2.36      0.520     1.65  9.83e-2  0.853   6.54  
4 other       (Intercept) 0.283     0.271    -4.66  3.10e-6  0.166   0.481  
5 other       age_f65~  1.30      0.328     0.812 4.17e-1  0.686   2.48  
6 other       smk_fyes  0.167     1.05     -1.71  8.69e-2  0.0214  1.30
```

Principe d'interprétation :

- Un odds-ratio > 1 pour une modalité donnée signifie que la variable augmente les **cotes** d'appartenir à ce type de cancer par rapport à la référence (**adenocarcinomous**), toutes choses égales par ailleurs.
- Un odds-ratio < 1 signifie au contraire une diminution des cotes.

Tableau de contingence des individus bien / mal classés

(a) Effectifs par type de tumeur observée

```
cancer_sub |>
  count(subtype_f)

# A tibble: 3 x 2
  subtype_f      n
  <fct>     <int>
1 adenocarcinomous    184
2 adenosquamous       45
3 other                 57
```

(b) Classe prédictée par « probabilité max » (règle du 1er choix)

On attribue à chaque individu la **classe prédictée** correspondant à la probabilité la plus élevée :

```
phat_sub <- predict(mod_sub_final, type = "probs")
colMeans(phat_sub)
```

adenocarcinomous	adenosquamous	other
0.6458337	0.1562522	0.1979141

```
phat_sub_tbl <- as_tibble(phat_sub)
names(phat_sub_tbl) <- paste0("p_", levels(cancer_complete$subtype_f))
# ex : "p_adenocarcinomous" "p_adenosquamous" "p_other"

cancer <- bind_cols(cancer, phat_sub_tbl)

# vecteur des probas sous forme de matrice
probs_mat <- as.matrix(
  cancer[, c("p_adenocarcinomous", "p_adenosquamous", "p_other")]
)

# indices de la proba max par individu (1, 2 ou 3)
idx_max <- max.col(probs_mat)
```

```

# noms des modalités dans le bon ordre
lev <- c("adenocarcinomous", "adenosquamous", "other")

cancer <- cancer |>
  mutate(
    pred_subtype = factor(lev[idx_max],
                           levels = levels(subtype_f))
  )

cancer |>
  dplyr::select(subtype_f, pred_subtype, starts_with("p_")) |>
  slice(1:5)

```

```

# A tibble: 5 x 5
  subtype_f      pred_subtype    p_adenocarcinomous p_adenosquamous p_other
  <fct>          <fct>           <dbl>              <dbl>        <dbl>
1 adenosquamous adenocarcinomous     0.763            0.201       0.0360
2 other          adenocarcinomous     0.717            0.0798      0.203 
3 adenosquamous adenocarcinomous     0.600            0.178       0.221 
4 adenocarcinomous adenocarcinomous     0.600            0.178       0.221 
5 adenocarcinomous adenocarcinomous     0.717            0.0798      0.203

```

```

tab_sub <- table(
  Observed = cancer$subtype_f,
  Predicted = cancer$pred_subtype
)

tab_sub

```

	Predicted		
Observed	adenocarcinomous	adosquamous	other
adenocarcinomous	186	0	0
adosquamous	45	0	0
other	57	0	0

```

prop_ok <- sum(diag(tab_sub)) / sum(tab_sub)
1-prop_ok

```

```
[1] 0.3541667
```

B. Modèle ordinal pour expliquer GRADE

On modélise le **stade de la tumeur** (bien / moyennement / peu différenciée) en fonction de :

- RACE, ESTROGEN, SUBTYPE, AGE, SMK.
-

Modèle de base (logit ordinal)

On utilise `polr()` (MASS) avec `grade_ord` comme variable ordinaire.

```
mod_grade_base <- polr(  
  grade_ord ~ race_f + estrogen_f + subtype_f + age_f + smk_f,  
  data = cancer,  
  Hess = TRUE  
)  
  
summary(mod_grade_base)
```

Call:

```
polr(formula = grade_ord ~ race_f + estrogen_f + subtype_f +  
  age_f + smk_f, data = cancer, Hess = TRUE)
```

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value
race_fnoire	0.59764	0.2790	2.14222
estrogen_ftook oestrogen treatment	-0.61411	0.2549	-2.40904
subtype_fadenosquamous	1.78110	0.3252	5.47653
subtype_fother	0.07823	0.2991	0.26153
age_f65-79	0.13110	0.2486	0.52742
smk_fyes	0.01358	0.3992	0.03401

Intercepts:

Value	Std. Error	t value
-------	------------	---------

```
bien différencié|moyennement différencié -0.0205 0.2890      -0.0708
moyennement différencié|peu différencié   1.9682 0.3196      6.1589
```

```
Residual Deviance: 540.4501
AIC: 556.4501
(2 observations deleted due to missingness)
```

Les sorties donnent :

- Les coefficients β (effets sur le **score latent**),
 - Les seuils (cutpoints) séparant les catégories de GRADE.
-

Test d'ajustement via interactions (LR tests)

Interaction ESTROGEN × SUBTYPE

On ajoute l'interaction `estrogen_f * subtype_f` :

```
mod_grade_es <- polr(
  grade_ord ~ race_f + estrogen_f * subtype_f + age_f + smk_f,
  data = cancer,
  Hess = TRUE
)

anova(mod_grade_base, mod_grade_es)
```

Likelihood ratio tests of ordinal regression models

```
Response: grade_ord
                         Model Resid. df Resid. Dev  Test
1 race_f + estrogen_f + subtype_f + age_f + smk_f      278  540.4501
2 race_f + estrogen_f * subtype_f + age_f + smk_f      276  537.5181 1 vs 2
          Df LR stat.  Pr(Chi)
1
2      2 2.932012 0.2308457
```

- `anova()` réalise un **test LR** entre modèle sans interaction (`mod_grade_base`) et modèle avec interaction (`mod_grade_es`).
- On lit la **p-value** :

- si petite → l'interaction améliore le modèle ;
 - si grande → on peut s'en passer.
-

Autres interactions possibles

On peut tester d'autres interactions pertinentes, par exemple :

- ESTROGEN × AGE :

```
mod_grade_eage <- polr(
  grade_ord ~ race_f + estrogen_f * age_f + subtype_f + smk_f,
  data = cancer,
  Hess = TRUE
)

anova(mod_grade_base, mod_grade_eage)
```

Likelihood ratio tests of ordinal regression models

Response: grade_ord

		Model	Resid.	df	Resid.	Dev	Test
1	race_f + estrogen_f + subtype_f + age_f + smk_f			278		540.4501	
2	race_f + estrogen_f * age_f + subtype_f + smk_f			277		539.2085	1 vs 2
	Df	LR stat.	Pr(Chi)				
1							
2	1	1.241621	0.2651588				

- SUBTYPE × AGE :

```
mod_grade_sage <- polr(
  grade_ord ~ race_f + estrogen_f + subtype_f * age_f + smk_f,
  data = cancer,
  Hess = TRUE
)

anova(mod_grade_base, mod_grade_sage)
```

```
Likelihood ratio tests of ordinal regression models
```

```
Response: grade_ord
```

	Model	Resid.	df	Resid.	Dev	Test
1	race_f + estrogen_f + subtype_f + age_f + smk_f		278		540.4501	
2	race_f + estrogen_f + subtype_f * age_f + smk_f		276		538.9157	1 vs 2
Df	LR stat.	Pr(Chi)				
1						
2	2	1.534397	0.4643119			

Pour chaque interaction :

- Si la p-value LR est **faible** → interaction importante → à garder ;
- Sinon → pas de gain significatif → on privilégie le modèle sans interaction.

Sélection de modèle

```
summary(mod_grade_base)
```

Call:

```
polr(formula = grade_ord ~ race_f + estrogen_f + subtype_f +
      age_f + smk_f, data = cancer, Hess = TRUE)
```

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value
race_fnoire	0.59764	0.2790	2.14222
estrogen_ftook oestrogen treatment	-0.61411	0.2549	-2.40904
subtype_fadenosquamous	1.78110	0.3252	5.47653
subtype_fother	0.07823	0.2991	0.26153
age_f65-79	0.13110	0.2486	0.52742
smk_fyes	0.01358	0.3992	0.03401

Intercepts:

	Value	Std. Error	t value
bien différencié moyennement différencié	-0.0205	0.2890	-0.0708
moyennement différencié peu différencié	1.9682	0.3196	6.1589

Residual Deviance: 540.4501

AIC: 556.4501
(2 observations deleted due to missingness)

Interprétation du modèle ordinal final

- Race (noire vs non noire)
 - Coefficient = 0,60 (t 2,14) → **significatif**.
 - Les femmes noires ont des **cotes 1,8 fois plus élevées** d'avoir un grade plus mauvais (passer vers "moyennement/peu différencié"), toutes choses égales par ailleurs.
 - Traitement aux œstrogènes (oui vs non)
 - Coefficient = -0,61 (t -2,41) → **significatif**.
 - Les femmes ayant reçu un traitement œstrogénique ont des **cotes divisées par 2** d'avoir un grade plus mauvais. → Le traitement est associé à des **grades un peu meilleurs**.
 - Sous-type tumoral (réf. = adenocarcinomous)
 - *adenosquamous* : coef = 1,78 (t 5,48) → très significatif.
→ Cotes 6 fois plus élevées d'avoir un **grade plus défavorable** que l'adenocarcinome.
 - *other* : effet faible et **non significatif**.
 - Âge (65–79 ans) et tabagisme (smk_fyes)
 - Coefficients proches de 0, t très faibles → **pas d'association significative** avec le grade, une fois contrôlé pour race, sous-type et œstrogènes.
-

Conclusion TD3

- On a estimé :
 - un **logit multinomial nominal** pour SUBTYPE ;
 - un **logit ordinal** pour GRADE.
- On a :
 - testé l'ajustement du modèle nominal via un **Hosmer–Lemeshow multinomial** ;
 - utilisé des **tests de rapport de vraisemblance** pour :
 - * simplifier les modèles (variables non significatives),
 - * tester l'intérêt d'interactions dans le modèle ordinal ;
 - Choisi les spécifications finales.

À retenir :

- Pour les variables **nominales**, on compare chaque modalité à une **référence** via des odds-ratios.
- Pour les variables **ordinales**, le modèle logit/probit ordonné repose sur une **variable latente** et des **seuils**, avec une interprétation en termes de tendance vers des catégories plus élevées ou plus basses.