

# JAGS MODELISATION ERRORS AND SOLUTION

Abdoulaye OUATTARA  
ORCID: 0009-0007-3024-3571  
[contact@abouattara.bf](mailto:contact@abouattara.bf)

2025-09-09

## Erreurs souvent rencontrées

**Erreur:** *Erreur dans chol.default(W) : the leading minor of order 2 is not positive*

Ce message, rencontré lors de l'utilisation de *gelman.diag()*, indique un échec dans le calcul du diagnostic de Gelman-Rubin. Les causes fréquentes incluent :

- Un nombre insuffisant d'itérations ou de chaînes MCMC ;
- Des chaînes constantes ou presque constantes ;
- Des problèmes numériques dans le calcul de la matrice de covariance ;
- Des paramètres non identifiables ou mal spécifiés dans le modèle.

*Comment y remédier ?*

### 1. Vérifier la structure des échantillons MCMC

- Utilisez au moins deux chaînes (idéalement trois ou plus).
- Chaque chaîne doit comporter un grand nombre d'itérations (généralement plusieurs milliers).
- Vérifiez que les chaînes varient (à l'aide de *plot(samples)*).

### 2. Augmenter le nombre d'itérations et la période d'adaptation

- Augmentez *n.iter* et *n.adapt* dans *coda.samples()* ou *jags.samples()*.

### 3. Vérifier la spécification du modèle

- Assurez-vous que les paramètres sont identifiables.
- Supprimez ou fixez certains paramètres pour simplifier le modèle.

### 4. Reparamétriser le modèle

- Appliquez des transformations (ex. *log*) pour des paramètres contraints.
- Centrez et réduisez les variables.

## 5. Inspecter les *diagnostics visuels*

- Utilisez `plot(samples)` pour observer les traces.
- Utilisez `densplot(samples)` pour analyser les densités marginales.

## 6. Exclure les *paramètres constants*

- `gelman.diag()` échoue sur des paramètres invariants.
- Supprimez ces paramètres du jeu d'échantillons.

## *Autres stratégies si la convergence échoue*

- Simplifiez le modèle (réduisez le nombre de paramètres).
- Vérifiez l'intégrité et le format des données.
- Utilisez des priors plus informatifs.
- Testez des versions simplifiées du modèle pour localiser le problème.
- Augmentez le nombre de chaînes et d'itérations.
- Testez d'autres outils (ex. *nimble*, *Stan*).

## References

- [The MCMC procedure – Gelman-Rubin Diagnostics, documentation SAS](#)
- [Bayesian Analysis: Gelman-Rubin Convergence, documentation Stata](#)
- [MCMC Diagnostics, support de cours \(University of Iowa\)](#)
- [Good convergence diagnostic, bad trace plot \(Stackexchange\)](#)