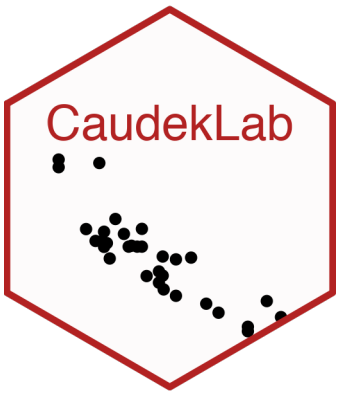
Psicometria

Corrado Caudek

2021-10-17

Questo documento è stato realizzato con:

- LaTeX e la classe memoir (http://www.ctan.org/pkg/memoir);
- R (http://www.r-project.org/) e RStudio (http://www.rstudio.com/);
- bookdown (http://bookdown.org/) e memoiR (https://ericmarcon.github.io/memoiR/).



Nel blog della mia pagina personale sono forniti alcuni approfondimenti degli argomenti qui trattati.

https://ccaudek.github.io/caudeklab/

Indice

Prefazione

Data Science per psicologi contiene il materiale delle lezioni dell'insegnamento di *Psicometria B000286* (A.A. 2021/2022) rivolto agli studenti del primo anno del Corso di Laurea in Scienze e Tecniche Psicologiche dell'Università degli Studi di Firenze.

L'insegnamento di Psicometria si propone di fornire agli studenti un'introduzione all'analisi dei dati in psicologia. Le conoscenze/competenze che verranno sviluppate in questo insegnamento sono quelle della *Data science*, ovvero le conoscenze/competenze che si pongono all'intersezione tra statistica (ovvero, richiedono la capacità di comprendere teoremi statistici) e informatica (ovvero, richiedono la capacità di sapere utilizzare un software).

La psicologia e la Data Science

> It's worth noting, before getting started, that this material is hard. If you find yourself confused at any point, you are normal. Any sense of confusion you feel is just your brain correctly calibrating to the subject matter. Over time, confusion is replaced by comprehension [...] — Richard McElreath

Sembra sensato spendere due parole su un tema che è importante per gli studenti: quello indicato dal titolo di questo Capitolo. È ovvio che agli studenti di psicologia la statistica non piace. Se piacesse, forse studierebbero Data Science e non psicologia; ma non lo fanno. Di conseguenza, gli studenti di psicologia si chiedono: "perché dobbiamo perdere tanto tempo a studiare queste cose quando in realtà quello che ci interessa è tutt'altro?' ' Questa è una bella domanda.

C'è una ragione molto semplice che dovrebbe farci capire perché la Data Science è così importante per la psicologia. Infatti, a ben pensarci, la psicologia è una disciplina intrinsecamente statistica, se per statistica intendiamo quella disciplina che studia la variazione delle caratteristiche degli individui nella popolazione. La psicologia studia *gli individui* ed è proprio la variabilità inter- e intra-individuale ciò che vogliamo descrivere e, in certi casi, predire. In questo senso, la psicologia è molto diversa dall'ingegneria, per esempio. Le proprietà di un determinato ponte sotto certe condizioni, ad esempio, sono molto simili a quelle di un altro ponte, sotto le medesime condizioni. Quindi, per un ingegnere la statistica è poco importante: le proprietà dei materiali sono unicamente dipendenti dalla loro composizione e restano costanti. Ma lo stesso non può dirsi degli individui: ogni individuo è unico e cambia nel tempo. E le variazioni tra gli individui, e di un individuo nel tempo, sono l'oggetto di studio proprio della

psicologia: è dunque chiaro che i problemi che la psicologia si pone sono molto diversi da quelli affrontati, per esempio, dagli ingegneri. Questa è la ragione per cui abbiamo tanto bisogno della *data science* in psicologia: perché la *data science* ci consente di descrivere la variazione e il cambiamento. E queste sono appunto le caratteristiche di base dei fenomeni psicologici.

Sono sicuro che, leggendo queste righe, a molti studenti sarà venuta in mente la seguente domanda: perché non chiediamo a qualche esperto di fare il "lavoro sporco" (ovvero le analisi statistiche) per noi, mentre noi (gli psicologi) ci occupiamo solo di ciò che ci interessa, ovvero dei problemi psicologici slegati dai dettagli "tecnici" della *data science*? La risposta a questa domanda è che non è possibile progettare uno studio psicologico sensato senza avere almeno una comprensione rudimentale della *data science*. Le tematiche della *data science* non possono essere ignorate né dai ricercatori in psicologia né da coloro che svolgono la professione di psicologo al di fuori dell'Università. Infatti, anche i professionisti al di fuori dall'università non possono fare a meno di leggere la letteratura psicologica più recente: il continuo aggiornamento delle conoscenze è infatti richiesto dalla deontologia della professione. Ma per potere fare questo è necessario conoscere un bel po' di *data science*! Basta aprire a caso una rivista specialistica di psicologia per rendersi conto di quanto ciò sia vero: gli articoli che riportano i risultati delle ricerche psicologiche sono zeppi di analisi statistiche e di modelli formali. E la comprensione della letteratura psicologica rappresenta un requisito minimo nel bagaglio professionale dello psicologo.

Le considerazioni precedenti cercano di chiarire il seguente punto: la *data science* non è qualcosa da studiare a malincuore, in un singolo insegnamento universitario, per poi poterla tranquillamente dimenticare. Nel bene e nel male, gli psicologi usano gli strumenti della *data science* in tantissimi ambiti della loro attività professionale: in particolare quando costruiscono, somministrano e interpretano i test psicometrici. È dunque chiaro che possedere delle solide basi di *data science* è un tassello imprescindibile del bagaglio professionale dello psicologo. In questo insegnamento verrano trattati i temi base della *data science* e verrà adottato un punto di vista bayesiano, che corrisponde all'approccio più recente e sempre più diffuso in psicologia.

Come studiare

> I know quite certainly that I myself have no special talent. Curiosity, obsession and dogged endurance, combined with self-criticism, have brought me to my ideas. — Albert Einstein

Il giusto metodo di studio per prepararsi all'esame di Psicometria è quello di seguire attivamente le lezioni, assimilare i concetti via via che essi vengono presentati e verificare in autonomia le procedure presentate a lezione. Incoraggio gli studenti a farmi domande per chiarire ciò che non è stato capito appieno. Incoraggio gli studenti a utilizzare i forum attivi su Moodle e, soprattutto, a svolgere gli esercizi proposti su Moodle. I problemi forniti su Moodle rappresentano il livello di difficoltà richiesto per superare l'esame e consentono allo studente di comprendere se le competenze sviluppate fino a quel punto sono sufficienti rispetto alle richieste dell'esame.

La prima fase dello studio, che è sicuramente individuale, è quella in cui è necessario acquisire le conoscenze teoriche relative ai problemi che saranno presentati all'esame. La seconda fase di studio, che può essere facilitata da scambi con altri e da incontri di gruppo, porta ad acquisire la capacità di applicare le conoscenze: è necessario capire come usare un software (R) per applicare i concetti statistici alla specifica situazione del problema che si vuole risolvere. Le due fasi non sono però separate: il saper fare molto spesso ci aiuta a capire meglio.

Sviluppare un metodo di studio efficace

> Memorization is not learning. — Richard Phillips Feynman

Avendo insegnato Psicometria molte volte in passato ho notato nel corso degli anni che gli studenti con l'atteggiamento mentale che descriverò qui sotto generalmente ottengono ottimi risultati. Alcuni studenti sviluppano naturalmente questo approccio allo studio, ma altri hanno bisogno di fare uno sforzo per maturarlo. Fornisco qui sotto una breve descrizione del "metodo di studio'' che, nella mia esperienza, è il più efficace per affrontare le richieste di questo insegnamento.

- Dedicate un tempo sufficiente al materiale di base, apparentemente facile; assicuratevi di averlo capito bene. Cercate le lacune nella vostra comprensione. Leggere presentazioni diverse dello stesso materiale (in libri o articoli diversi) può fornire nuove intuizioni.

- Gli errori che facciamo sono i nostri migliori maestri. Istintivamente cerchiamo di dimenticare subito i nostri errori. Ma il miglior modo di imparare è apprendere dagli errori che commettiamo. In questo senso, una soluzione corretta è meno utile di una soluzione sbagliata. Quando commettiamo un errore questo ci fornisce un'informazione importante: ci fa capire qual è il materiale di studio sul quale dobbiamo ritornare e che dobbiamo capire meglio.

- C'è ovviamente un aspetto "psicologico" nello studio. Quando un esercizio o problema ci sembra incomprensibile, la cosa migliore da fare è dire: "mi arrendo", "non ho idea di cosa fare!". Questo ci rilassa: ci siamo già arresi, quindi non abbiamo niente da perdere, non dobbiamo più preoccuparci. Ma non dobbiamo fermarci qui. Le cose "migliori" che faccio (se ci sono) le faccio quando non ho voglia di lavorare. Alle volte, quando c'è qualcosa che non so fare e non ho idea di come affontare, mi dico: "oggi non ho proprio voglia di fare fatica", non ho voglia di mettermi nello stato mentale per cui "in 10 minuti devo risolvere il problema perché dopo devo fare altre cose". Però ho voglia di *divertirmi* con quel problema e allora mi dedico a qualche aspetto "marginale" del problema, che so come affrontare, oppure considero l'aspetto più difficile del problema, quello che non so come risolvere, ma invece di cercare di risolverlo, guardo come altre persone hanno affrontato problemi simili, opppure lo stesso problema in un altro contesto. Non mi pongo l'obiettivo "risolvi il problema in 10 minuti", ma invece

quello di farmi un'idea "generale" del problema, o quello di capire un caso più specifico e più semplice del problema. Senza nessuna pressione. Infatti, in quel momento ho deciso di non lavorare (ovvero, di non fare fatica). Va benissimo se "parto per la tangente", ovvero se mi metto a leggere del materiale che sembra avere poco a che fare con il problema centrale (le nostre intuizioni e la nostra curiosità solitamente ci indirizzano sulla strada giusta). Quando faccio così, molto spesso trovo la soluzione del problema che mi ero posto e, paradossalmente, la trovo in un tempo minore di quello che, in precedenza, avevo dedicato a "lavorare" al problema. Allora perché non faccio sempre così? C'è ovviamente l'aspetto dei "10 minuti" che non è sempre facile da dimenticare. Sotto pressione, possiamo solo agire in maniera automatica, ovvero possiamo solo applicare qualcosa che già sappiamo fare. Ma se dobbiamo imparare qualcosa di nuovo, la pressione è un impedimento.

- È utile farsi da soli delle domande sugli argomenti trattati, senza limitarsi a cercare di risolvere gli esercizi che vengono assegnati. Quando studio qualcosa mi viene in mente: "se questo è vero, allora deve succedere quest'altra cosa". Allora verifico se questo è vero, di solito con una simulazione. Se i risultati della simulazione sono quelli che mi aspetto, allora vuol dire che ho capito. Se i risultati sono diversi da quelli che mi aspettavo, allora mi rendo conto di non avere capito e ritorno indietro a studiare con più attenzione la teoria che pensavo di avere capito – e ovviamente mi rendo conto che c'era un aspetto che avevo frainteso. Questo tipo di verifica è qualcosa che dobbiamo fare da soli, in prima persona: nessun altro può fare questo al posto nostro.

- Non aspettatevi di capire tutto la prima volta che incontrate un argomento nuovo. È utile farsi una nota mentalmente delle lacune nella vostra comprensione e tornare su di esse in seguito per carcare di colmarle. L'atteggiamento naturale, quando non capiamo i dettagli di qualcosa, è quello di pensare: "non importa, ho capito in maniera approssimativa questo punto, non devo preoccuparmi del resto". Ma in realtà non è vero: se la nostra comprensione è superficiale, quando il problema verrà presentato in una nuova forma, non riusciremo a risolverlo. Per cui i dubbi che ci vengono quando studiamo qualcosa sono il nostro alleato più prezioso: ci dicono esattamente quali sono gli aspetti che dobbiamo approfondire per potere migliorare la nostra preparazione.

- È utile sviluppare una visione d'insieme degli argomenti trattati, capire l'obiettivo generale che si vuole raggiungere e avere chiaro il contributo che i vari pezzi di informazione forniscono al raggiungimento di tale obiettivo. Questa organizzazione mentale del materiale di studio facilita la comprensione. È estremamente utile creare degli schemi di ciò che si sta studiando. Non aspettate che sia io a fornirvi un riepilogo di ciò che dovete imparare: sviluppate da soli tali schemi e tali riassunti.

- Tutti noi dobbiamo imparare l'arte di trovare le informazioni, non solo nel caso di questo insegnamento. Quando vi trovate di fronte a qualcosa

che non capite, o ottenete un oscuro messaggio di errore da un software, ricordatevi: “Google is your friend”.

Corrado Caudek

Febbraio 2022

CAPITOLO 1

Distribuzione predittiva a posteriori

Oltre ad una sintesi della distribuzione a posteriori attraverso il computo di indici caratteristici e alla verifica delle ipotesi, un altro compito dell'analisi bayesiana è la predizione di nuovi dati futuri.

Definizione 1.1. La *distribuzione predittiva a posteriori* (*posterior predictive distribution*, PPD)

$$p(\tilde{y} \mid y) = \int_{\theta} p(\tilde{y} \mid \theta) p(\theta \mid y) d\theta \tag{1.1}$$

è la distribuzione di un nuovo campione di possibili osservazioni $\tilde{Y}$ avendo già osservato n manifestazioni dello stesso fenomeno $Y = y$.

La (1.1) descrive la nostra incertezza sui dati previsti futuri data la distribuzione a posteriori per θ che abbiamo ottenuto, ovvero tenendo conto della scelta del modello e della stima dei parametri mediante i dati osservati. La distribuzione predittiva a posteriori viene usata per fare inferenze predittive, cioè per prevedere la distribuzione di nuovi dati non osservati.

1.1 Schema Beta-Binomiale

Consideriamo un'altra volta il campione di pazienti clinici depressi di Zetsche et al. (2019) – si veda l'Appendice **??**. Supponiamo di volere esaminare in futuro altri 20 pazienti clinici e ci chiediamo quanti di essi ($\tilde{y} \in \{0, 1, \dots, 20\}$) manifesteranno una depressione grave.

Se vogliamo fare predizioni su $\tilde{y}$ dobbiamo innanzitutto riconoscere che i valori $\tilde{y} \in [0, 20]$ non sono tutti egualmente plausibili. Sappiamo che $\tilde{y}$ è una v.c. binomiale con distribuzione

$$p(\tilde{y} \mid \theta) = \binom{20}{\tilde{y}} \theta^{\tilde{y}} (1 - \theta)^{20 - \tilde{y}} . \tag{1.2}$$

La v.c. $\tilde{y}$ dipende da θ, ma θ è essa stessa una variabile casuale. Avendo osservato $y = 23$ successi in $n = 30$ prove nel campione a disposizione (laddove la

presenza di una depressione grave è considerata un "successo"), e avendo assunto come distribuzione a priori per θ una Beta$(2, 10)$, per continuare con l'esempio precedente, la distribuzione a posteriori di θ sarà una Beta$(25, 9)$. Per trovare la distribuzione sui possibili dati previsti futuri $\tilde{y}$ dobbiamo dunque applicare la (1.1):

$$p(\tilde{y} \mid y = 23) = \int_0^1 p(\tilde{y} \mid \theta) p(\theta \mid y = 23) d\theta \,. \tag{1.3}$$

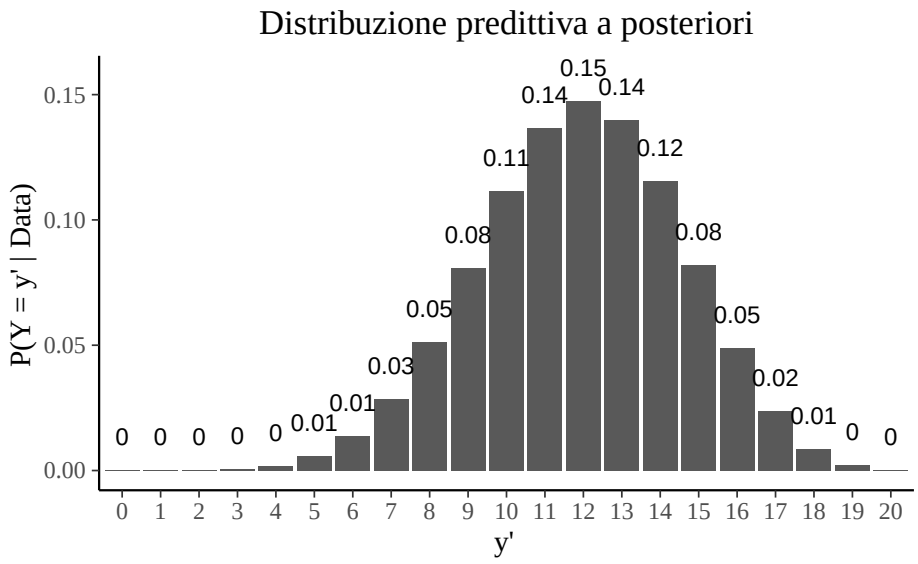
Per il modello Beta-Binomiale, che stiamo discutendo, è possibile trovare una soluzione analitica all'equazione (1.1):

$$\begin{aligned}
p(\tilde{y} \mid y) &= \int_0^1 p(\tilde{y} \mid \theta) p(\theta \mid y) \, d\theta \\
&= \int_0^1 \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \theta^{\tilde{y}} (1-\theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}} \text{Beta}(a+y, b+n-y) \, d\theta \\
&= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \int_0^1 \theta^{\tilde{y}} (1-\theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}} \frac{1}{B(a+y, b+n-y)} \theta^{a+y-1} (1-\theta)^{b+n-y-1} \\
&= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \frac{1}{B(a+y, b+n-y)} \int_0^1 \theta^{\tilde{y}+a+y-1} (1-\theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}+b+n-y-1} \\
&= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \frac{B(\tilde{y}+a+y, b+n-y+\tilde{n}-\tilde{y})}{B(a+y, b+n-y)} \,.
\end{aligned} \tag{1.4}$$

Svolgendo i calcoli in R, per i dati dell'esempio otteniamo:

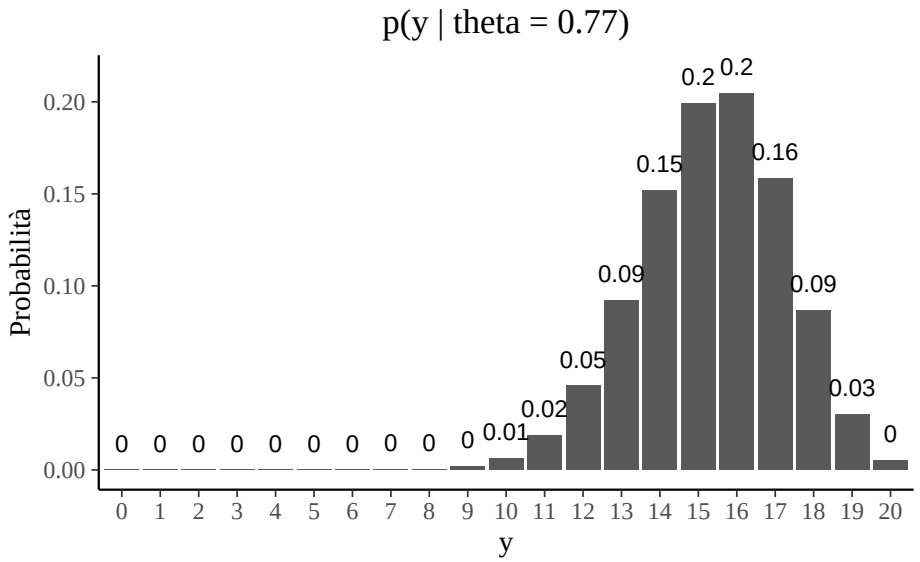
```
# Beta Binomial Predictive distribution function
# https://rpubs.com/FJRubio/BetaBinomialPred
BetaBinom <- Vectorize(
  function(rp) {
    log_val <- lchoose(np, rp) +
      lbeta(rp + a + y, b + n - y + np - rp) -
      lbeta(a + y, b + n - y)
    return(exp(log_val))
  }
)

n <- 30
y <- 23
a <- 2
b <- 10
np <- 20
data.frame(
  heads = 0:20,
  pmf = BetaBinom(0:20)
) %>%
  ggplot(aes(x = factor(heads), y = pmf)) +
  geom_col() +
  geom_text(
```

```
    aes(label = round(pmf, 2), y = pmf + 0.01),
    position = position_dodge(0.9),
    size = 3,
    vjust = 0
  ) +
  labs(
    title = "Distribuzione predittiva a posteriori",
    x = "y'",
    y = "P(Y = y' | Data)"
  )
```



È facile vedere che, in questo esempio, la distribuzione predittiva a posteriori $p(\tilde{y} \mid y)$ è diversa dalla binomiale di parametro $\theta = 23/30$:

```
tibble(
  heads = 0:20,
  pmf = dbinom(x = 0:20, size = 20, prob = 23 / 30)
) %>%
  ggplot(aes(x = factor(heads), y = pmf)) +
  geom_col() +
  geom_text(
    aes(label = round(pmf, 2), y = pmf + 0.01),
    position = position_dodge(0.9),
    size = 3,
    vjust = 0
  ) +
  labs(
    title = "p(y | theta = 0.77)",
    x = "y",
    y = "Probabilità"
  )
```



In particolare, la $p(\tilde{y} \mid y)$ ha una varianza maggiore di $\text{Bin}(y \mid \theta = 0.77, n = 20)$. Questa maggiore varianza riflette le due fonti di incertezza che sono presenti nella (1.1): l'incertezza sul valore del parametro (descritta dalla distribuzione a posteriori) e l'incertezza dovuta alla variabilità campionaria (descritta dalla funzione di verosimiglianza). Possiamo concludere la discussione di questo esempio dicendo che, nel caso di 20 nuovi pazienti clinici, ci aspettiamo di osservare 12 pazienti che manifestano una depressione severa, anche se è ragionevole aspettarci un numero compreso, diciamo, tra 8 e 16.

Una volta trovata la distribuzione predittiva a posteriori $p(\tilde{y} \mid y)$ diventa possibile rispondere a domande come: qual è la probabilità che almeno 10 dei 20 pazienti futuri mostrino una depressione grave? Rispondere a domande di questo tipo è possibile, ma richiede un po' di lavoro — non ci sono funzioni R che svolgano questi calcoli per noi. Tuttavia, non è importante imparare a risolvere problemi di questo tipo perché, in generale, anche per problemi solo leggermente più complessi di quello discusso qui, non sono disponibili espressioni analitiche della distribuzione predittiva a posteriori. Mediante simulazioni MCMC, invece, è possibile trovare una approssimazione numerica della $p(\tilde{y} \mid y)$. In tali circostanze, è più facile rispondere alle domande che ci siamo posti.

1.2 Metodi MCMC per la distribuzione predittiva a posteriori

Utilizzando la notazione di Gelman et al. (2014), chiamiamo y^{rep} i dati previsti futuri che potrebbero venire osservati se l'esperimento casuale che ha prodotto y venisse ripetuto, ovvero una realizzazione futura del modello statistico con gli stessi valori dei parametri θ che hanno prodotto y. Gelman et al. (2014) distinguono y^{rep} (repliche sotto lo stesso modello statistico) da $\tilde{y}$, che corrisponde invece ad un effettivo campione empirico di dati osservato in qualche futura occasione.

Mostreremo qui come ottenere $p(y^{rep} \mid y)$ quale stima di $p(\tilde{y} \mid y)$. Se svolgiamo l'analisi bayesiana con il metodo MCMC, $p(y^{rep} \mid y)$ può essere ottenuta nel modo seguente:

- campionare $\theta_i \sim p(\theta \mid y)$, ovvero campionare un valore del parametro dalla distribuzione a posteriori;
- campionare $y^{rep} \sim p(y^{rep} \mid \theta_i)$, ovvero campionare il valore di un'osservazione dalla funzione di verosimiglianza condizionata al valore del parametro definito nel passo precedente.

Se i due passaggi descritti sopra vengono ripetuti un numero sufficiente di volte, l'istogramma risultante approssimerà la distribuzione predittiva a posteriori che, in teoria (ma non in pratica) potrebbe essere ottenuta per via analitica (si deva il Paragrafo 1.1).

Vediamo ora come calcolare $p(y^{rep} \mid y)$ usando Stan. Qui di seguito è riportato il codice Stan per fare inferenza su una proporzione — si veda il Capitolo **??**:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  int<lower=0, upper=1> y[N];
}
parameters {
  real<lower=0, upper=1> theta;
}
model {
  theta ~ beta(2, 10);
  y ~ bernoulli(theta);
}
generated quantities {
  int y_rep[N];
  real log_lik[N];
  for (n in 1:N) {
    y_rep[n] = bernoulli_rng(theta);
    log_lik[n] = bernoulli_lpmf(y[n] | theta);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/betabin23-30-2-10.stan")
```

Si noti che nel nel blocco `generated quantities` sono state aggiunte le istruzioni necessarie per simulare y^{rep}, ovvero, `y_rep[n] = bernoulli_rng(theta);`.

Svolgiamo ora la simulazione. I dati dell'esempio che stiamo discutendo sono:

```
data_list <- list(
  N = 30,
```

```
  y = c(rep(1, 23), rep(0, 7))
)
```

Compiliamo il codice Stan

```
file <- file.path("code", "betabin23-30-2-10.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
```

ed eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit <- mod$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

Per comodità, trasformiamo l'oggetto `fit` in un oggetto di classe `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

Il contenuto dell'oggetto `stanfit` si può esaminare nel modo seguente:

```
list_of_draws <- extract(stanfit)
print(names(list_of_draws))
#> [1] "theta"   "y_rep"   "log_lik" "lp__"
```

Occupiamoci ora della distribuzione predittiva a posteriori[1]. Usando l'oggetto `stanfit` creiamo `y_bern`:

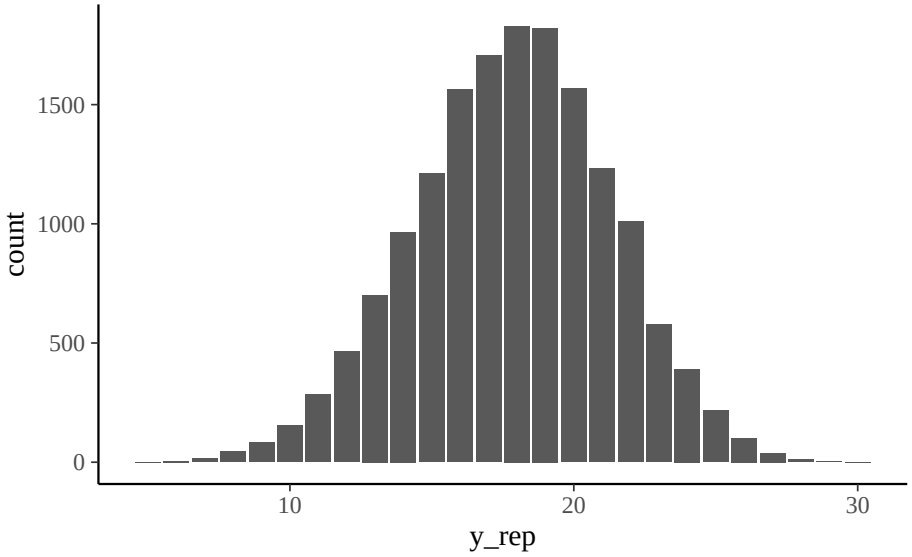
```
y_bern <- list_of_draws$y_rep
dim(y_bern)
#> [1] 16000    30
head(y_bern)
#>
#> iterations [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9]
#>       [1,]    0    1    1    0    0    1    1    1    1
#>       [2,]    1    0    1    0    1    1    1    1    1
#>       [3,]    1    1    0    1    1    1    0    1    1
#>       [4,]    0    1    1    1    0    1    1    1    1
#>       [5,]    0    1    1    0    0    1    1    0    1
#>       [6,]    1    1    1    0    0    0    0    1    0
```

[1] Un approfondimento di questa analisi statistica è fornita nell'Appendice **??**

```
#>
#> iterations [,10] [,11] [,12] [,13] [,14] [,15] [,16] [,17]
#>       [1,]     1     1     0     0     0     1     1     0
#>       [2,]     1     1     1     1     1     0     1     0
#>       [3,]     0     0     1     1     1     1     1     1
#>       [4,]     1     1     1     0     1     0     0     1
#>       [5,]     0     1     1     0     1     1     1     0
#>       [6,]     1     1     1     1     0     1     1     0
#>
#> iterations [,18] [,19] [,20] [,21] [,22] [,23] [,24] [,25]
#>       [1,]     1     0     1     1     0     1     0     0
#>       [2,]     0     1     1     1     0     1     1     1
#>       [3,]     1     1     1     0     1     0     1     0
#>       [4,]     1     1     1     1     1     1     1     1
#>       [5,]     1     1     1     0     0     1     1     1
#>       [6,]     0     1     0     0     1     0     1     1
#>
#> iterations [,26] [,27] [,28] [,29] [,30]
#>       [1,]     0     1     1     1     0
#>       [2,]     1     0     1     1     1
#>       [3,]     1     0     1     1     0
#>       [4,]     0     0     1     0     1
#>       [5,]     1     0     1     0     0
#>       [6,]     1     1     1     1     0
```

Dato che il codice Stan definisce un modello per i dati grezzi (ovvero, per ciascuna singola prova Bernoulliana del campione), ogni riga di `y_bern` include 30 colonne, ciascuna delle quali è una stima di un nuovo futuro valore possibile $y_i \in \{0, 1\}$. Per ottenere `y_rep`, ovvero, il numero previsto di "successi" in nuove future $N = 30$ prove è sufficiente calcolare la somma dei valori di ciascuna riga. Ripetendo questa operazione per tutte le 16000 righe otteniamo una stima della distribuzione predittiva a posteriori:

```
data.frame(y_rep = rowSums(y_bern)) %>%
  ggplot(aes(x = y_rep)) +
  stat_count()
```



Si noti che la simulazione di `y_rep` assume che l'ampiezza del campione di dati futuri sia uguale all'ampiezza del campione di dati osservati — nel caso presente $n = 30$.

1.3 Posterior predictive checks

La distribuzione predittiva a posteriori viene utilizzata per eseguire i cosiddetti *Posterior Predictive Checks* (PPC). I PPC vengono utilizzati per valutare l'*accuratezza predittiva* del modello, ovvero per confrontare con metodi grafici la distribuzione dei dati osservati y con la stima della distribuzione predittiva a posteriori $p(y^{rep} \mid y)$. Confrontando visivamente gli aspetti chiave dei dati previsti futuri y^{rep} e dei dati osservati y possiamo determinare se il modello è adeguato. Se il modello si adatta bene ai dati, la distribuzione di y^{rep} è molto simile alla distribuzione dei dati osservati. In altre parole, i dati osservati devono risultare plausibili alla luce della distribuzione predittiva a posteriori.

Oltre al confronto tra le distribuzioni di y e di y^{rep} è anche possibile un confronto tra la distribuzione di varie statistiche descrittive, i cui valori sono calcolati su diversi campioni y^{rep}, e le corrispondenti statistiche descrittive calcolate sui dati osservati. Vengono solitamente considerate statistiche descrittive quali la media, la varianza, la deviazione standard, il minimo o il massimo. Ma confronti di questo tipo sono possibili per qualunque statistica descrittiva. Questi confronti sono appunto chiamati PPC.

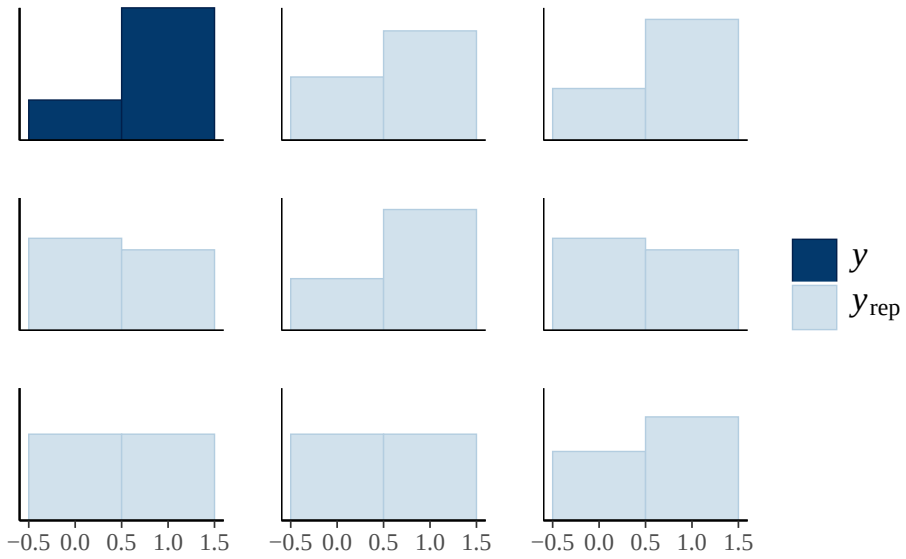
Per l'esempio presente, una volta eseguito il campionamento MCMC e ottenuto un oggetto di classe `stanfit`, è possibile usare le funzionalità del pacchetto `bayesplot` per eseguire i PPC. Nel caso presente, il campione di dati ha dimensioni esigue, per cui i PPC rifletteranno la grande incertezza dell'inferenza.

Dall'oggetto `stanfit` estraiamo y^{rep}:

```
y_rep <- as.matrix(stanfit, pars = "y_rep")
dim(y_rep)
#> [1] 16000    30
```

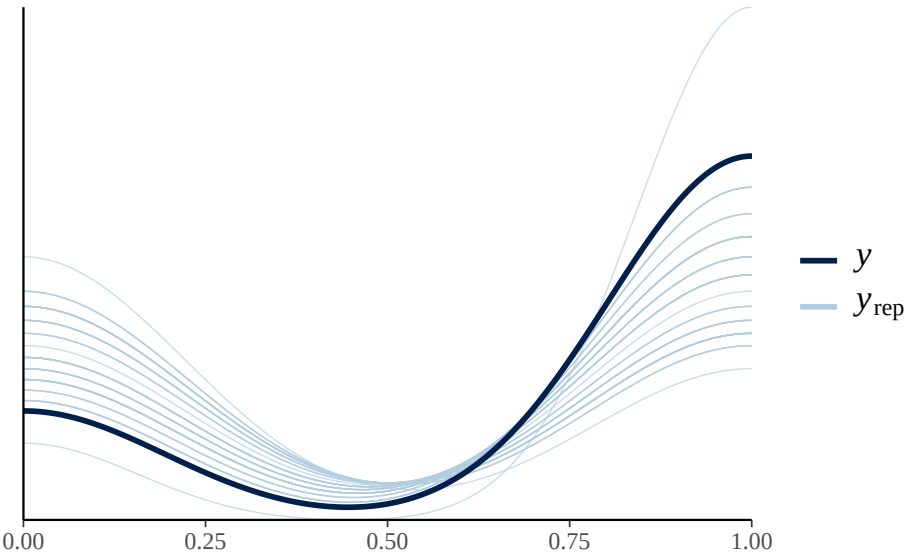
Qui sotto esaminiamo la distribuzione della y insieme alla distribuzione di 8 campioni y^{rep}:

```
ppc_hist(data_list$y, y_rep[1:8, ], binwidth = 1)
```



La corrispondenza tra le distribuzioni della y e di y^{rep} è solo parziale. Il confronto è più facile se sovrapponiamo graficamente i kernel density plot della y e di y^{rep} (qui usiamo 50 campioni y^{rep}):

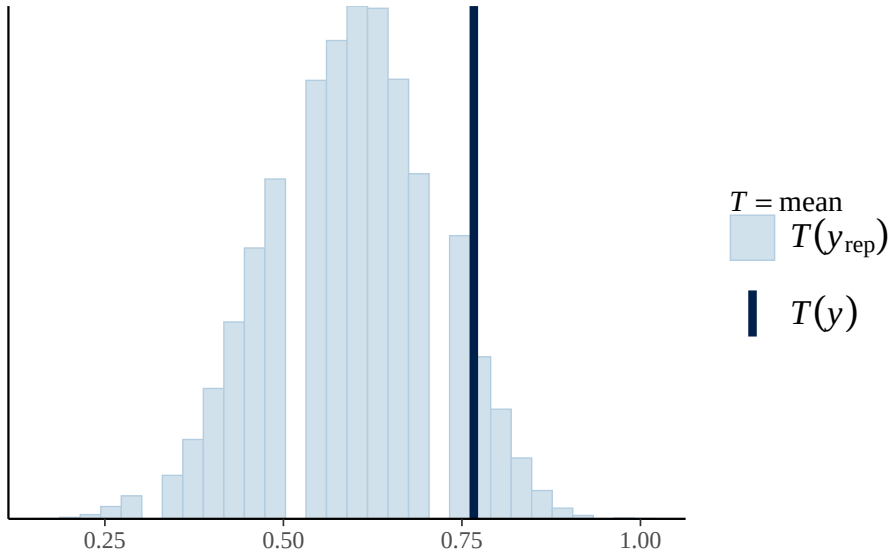
```
ppc_dens_overlay(data_list$y, y_rep[1:50, ])
```



Anche in questo caso c'è una corrispondenza solo approssimativa tra l'istogramma lisciato della y e quello di y^{rep} — ciò è dovuto al fatto che il campione è molto piccolo.

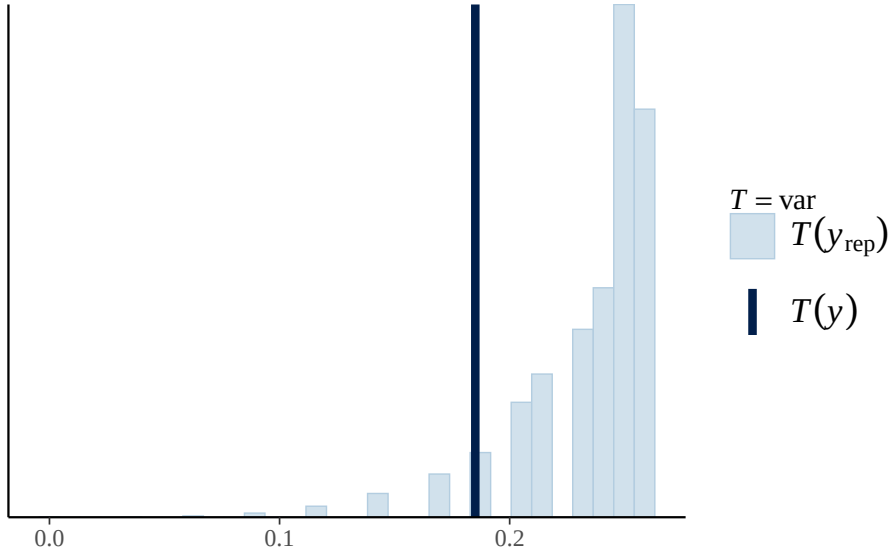
La distribuzione predittiva a posteriori è comunque in grado di rappresentare abbastanza bene la media di y:

```
ppc_stat(data_list$y, y_rep, stat = "mean")
```



Lo stesso si può dire della varianza:

```
ppc_stat(data_list$y, y_rep, stat = "var")
```



Nell'esempio successivo considereremo un campione più grande e vedremo come i PPC possano fornirci delle indicazioni sulla mancanza di adattamento del modello ai dati.

PPC per il modello di Poisson

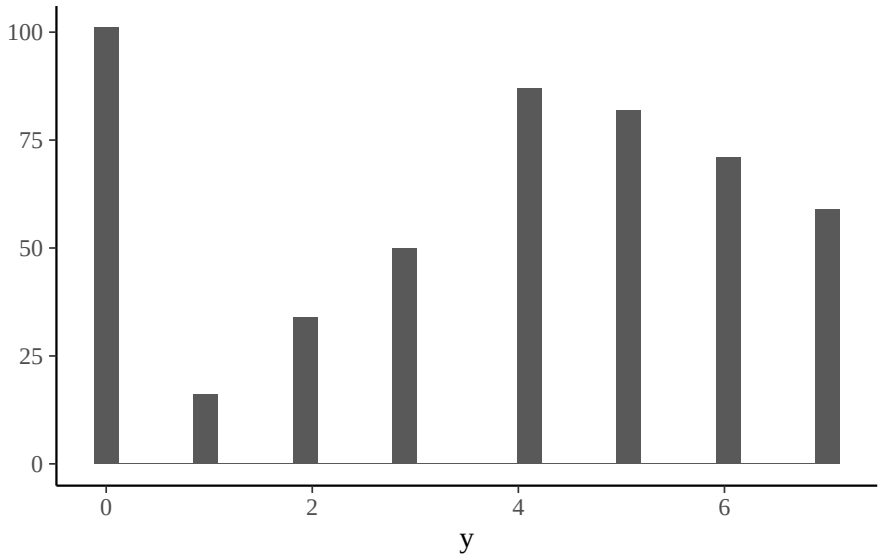
Le istruzioni R qui utilizzate sono state recuperate dalla seguente pagina web. Nell'esempio discusso da Jonah Gabry e Aki Vehtari vengono usati i seguenti dati:

```
y <- c(
  0L, 3L, 5L, 0L, 4L, 7L, 4L, 2L, 3L,
  6L, 7L, 0L, 0L, 3L, 7L, 5L, 5L, 0L,
  4L, 0L, 4L, 4L, 6L, 3L, 7L, 5L, 3L,
  0L, 0L, 2L, 0L, 1L, 0L, 1L, 5L, 4L,
  4L, 2L, 3L, 6L, 4L, 5L, 0L, 7L, 7L,
  4L, 4L, 4L, 0L, 6L, 1L, 5L, 6L, 5L,
  6L, 7L, 3L, 6L, 2L, 3L, 0L, 2L, 0L,
  6L, 6L, 0L, 3L, 4L, 4L, 5L, 5L, 0L,
  5L, 7L, 5L, 5L, 6L, 4L, 2L, 3L, 4L,
  6L, 4L, 6L, 6L, 4L, 0L, 6L, 5L, 5L,
  7L, 0L, 1L, 6L, 7L, 0L, 5L, 0L, 0L,
  5L, 6L, 5L, 1L, 0L, 7L, 1L, 2L, 6L,
  5L, 4L, 0L, 4L, 0L, 4L, 4L, 6L, 3L,
  0L, 0L, 3L, 3L, 4L, 2L, 5L, 3L, 4L,
  3L, 2L, 5L, 2L, 4L, 4L, 0L, 2L, 7L,
  5L, 7L, 5L, 5L, 7L, 7L, 0L, 4L, 6L,
  0L, 4L, 6L, 7L, 4L, 0L, 4L, 1L, 5L,
  0L, 3L, 5L, 7L, 6L, 0L, 5L, 5L, 6L,
  7L, 6L, 7L, 3L, 4L, 3L, 7L, 7L, 2L,
  5L, 4L, 5L, 5L, 0L, 6L, 2L, 4L, 5L,
  4L, 0L, 0L, 5L, 5L, 7L, 7L, 0L, 3L,
  0L, 3L, 3L, 6L, 1L, 4L, 2L, 0L, 4L,
  7L, 5L, 5L, 0L, 3L, 7L, 0L, 6L, 6L,
  4L, 1L, 6L, 7L, 6L, 0L, 3L, 6L, 4L,
  7L, 0L, 5L, 5L, 4L, 0L, 0L, 2L, 4L,
  6L, 0L, 5L, 0L, 2L, 7L, 2L, 7L, 5L,
  4L, 6L, 2L, 4L, 0L, 4L, 0L, 0L, 3L,
  5L, 4L, 3L, 5L, 5L, 7L, 7L, 0L, 6L,
  4L, 5L, 1L, 5L, 3L, 5L, 5L, 5L, 0L,
  2L, 7L, 6L, 2L, 3L, 2L, 5L, 4L, 7L,
  6L, 7L, 3L, 3L, 4L, 4L, 6L, 4L, 6L,
  7L, 1L, 5L, 6L, 3L, 3L, 6L, 3L, 4L,
  0L, 7L, 0L, 3L, 6L, 5L, 0L, 0L, 0L,
  5L, 4L, 4L, 0L, 4L, 7L, 5L, 5L, 3L,
  3L, 0L, 0L, 5L, 4L, 0L, 7L, 6L, 0L,
  6L, 2L, 0L, 6L, 1L, 0L, 4L, 0L, 4L,
  3L, 0L, 4L, 5L, 5L, 7L, 6L, 6L, 5L,
  4L, 7L, 0L, 6L, 4L, 7L, 7L, 5L, 0L,
  1L, 4L, 7L, 6L, 4L, 5L, 4L, 7L, 2L,
  5L, 2L, 6L, 3L, 2L, 7L, 4L, 3L, 4L,
  6L, 6L, 6L, 6L, 7L, 1L, 0L, 0L, 7L,
  7L, 4L, 2L, 4L, 5L, 5L, 7L, 4L, 1L,
  7L, 6L, 5L, 6L, 5L, 4L, 0L, 0L, 7L,
  0L, 0L, 5L, 6L, 6L, 3L, 6L, 0L, 0L,
  0L, 4L, 4L, 3L, 0L, 7L, 5L, 4L, 2L,
  7L, 0L, 4L, 0L, 0L, 2L, 4L, 5L, 0L,
  4L, 2L, 5L, 2L, 0L, 6L, 6L, 3L, 6L,
```

```
  0L, 2L, 5L, 0L, 0L, 0L, 6L, 0L, 0L,
  6L, 5L, 4L, 6L, 4L, 5L, 5L, 4L, 0L,
  3L, 4L, 3L, 3L, 5L, 3L, 4L, 5L, 7L,
  0L, 0L, 1L, 4L, 6L, 3L, 5L, 7L, 6L,
  6L, 5L, 0L, 5L, 4L, 0L, 0L, 2L, 6L,
  0L, 6L, 0L, 4L, 5L, 6L, 3L, 4L, 2L,
  3L, 4L, 0L, 5L, 0L, 0L, 0L, 0L, 3L,
  4L, 7L, 6L, 7L, 7L, 3L, 4L, 4L, 7L,
  4L, 5L, 2L, 5L, 6L
)

N <- length(y)
```

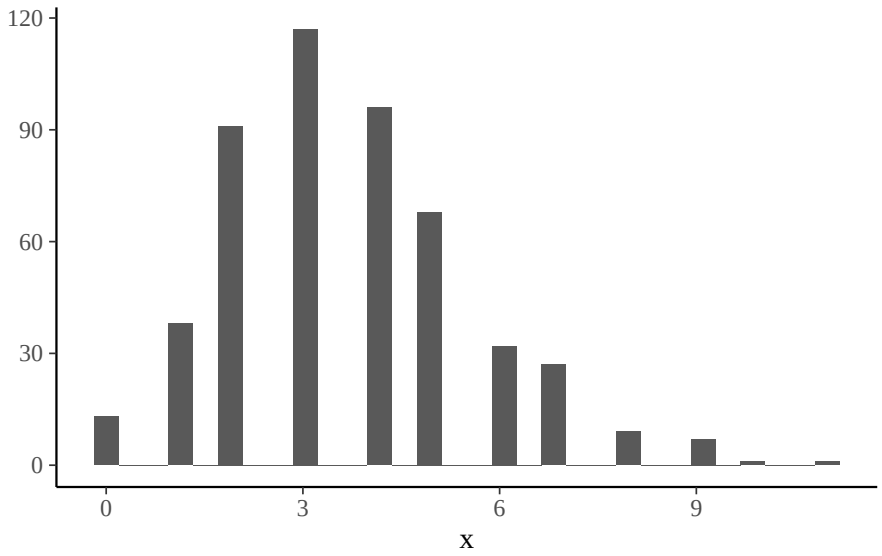
Per questi dati sembra appropriato un modello di Poisson.

```
qplot(y)
```



Un istogramma di un campione casuale della stessa ampiezza di y tratto dalla distribuzione di Poisson è il seguente:

```
x <- rpois(N, mean(y))
qplot(x)
```



È chiaro però che i due istogrammi sono molto diversi.

Anche se sospettiamo che non sarà un buon modello per questi dati, è comunque una buona idea iniziare adattando ai dati il modello più semplice, ovvero quello di Poisson. Partendo da lì possiamo poi cercare di capire in che modo il modello è inadeguato.

```
modelString <- "
data {
  int<lower=1> N;
  int<lower=0> y[N];
}
parameters {
  real<lower=0> lambda;
}
model {
  lambda ~ exponential(0.2);
  y ~ poisson(lambda);
}
generated quantities {
  int y_rep[N];
  for (n in 1:N) {
    y_rep[n] = poisson_rng(lambda);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/code_poisson.stan")
```

Creiamo un oggetto di tipo `list` dove inserire i dati:

```
data_list <- list(
  y = y,
```

```
  N = length(y)
)
```

Adattando il modello ai dati

```
file <- file.path("code", "code_poisson.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
fit <- mod$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

otteniamo la seguente stima del parametro λ:

```
fit$summary(c("lambda"))
#> # A tibble: 1 x 10
#>   variable  mean median     sd    mad    q5   q95  rhat
#>   <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 lambda    3.66   3.66 0.0839 0.0837  3.52  3.80  1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Confrontiamo λ con la media di y:

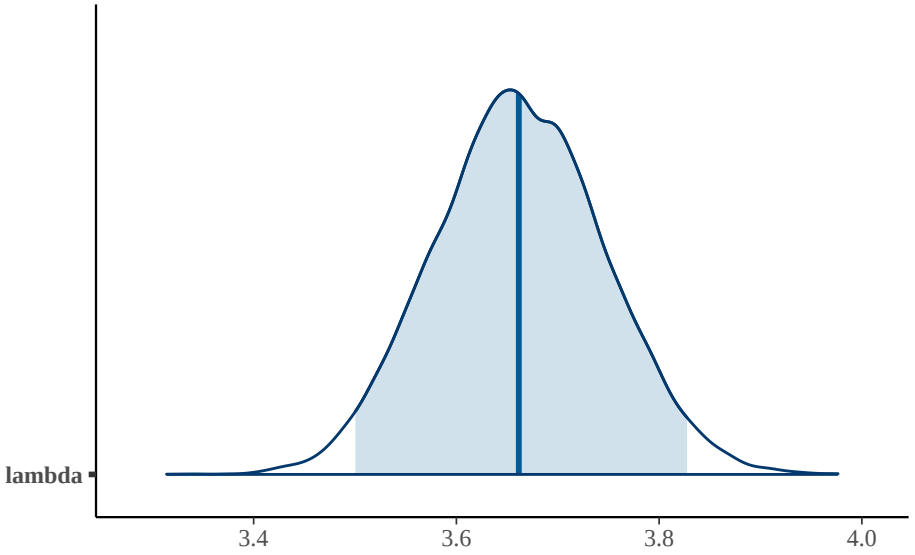
```
mean(y)
#> [1] 3.662
```

Anche se trova la media giusta, il modello non è comunque adeguato a prevedere le altre proprietà della y. Trasformiamo `fit` in un oggetto `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

La distribuzione a posteriori di λ è

```
lambda_draws <- as.matrix(stanfit, pars = "lambda")
mcmc_areas(lambda_draws, prob = 0.95) # color 95% interval
```

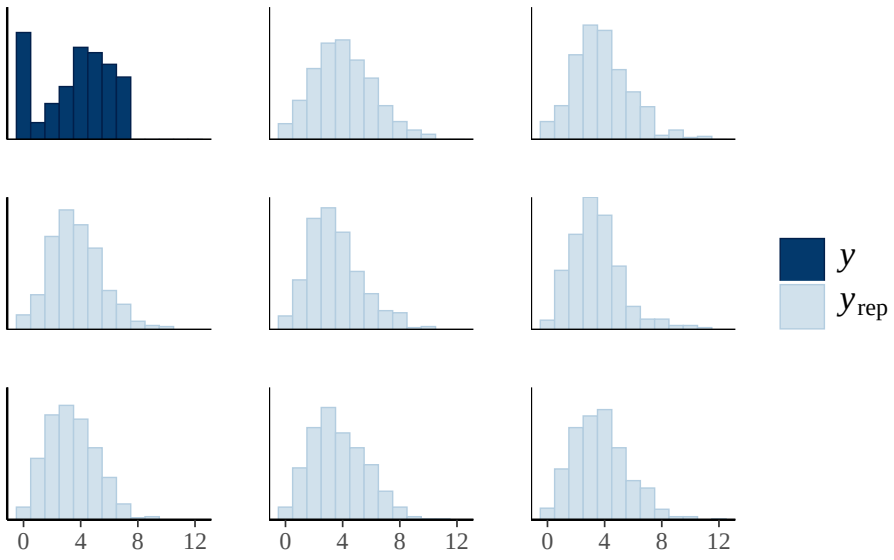


Estraiamo y^{rep} dall'oggetto `stanfit`:

```
y_rep <- as.matrix(stanfit, pars = "y_rep")
dim(y_rep)
#> [1] 16000   500
```

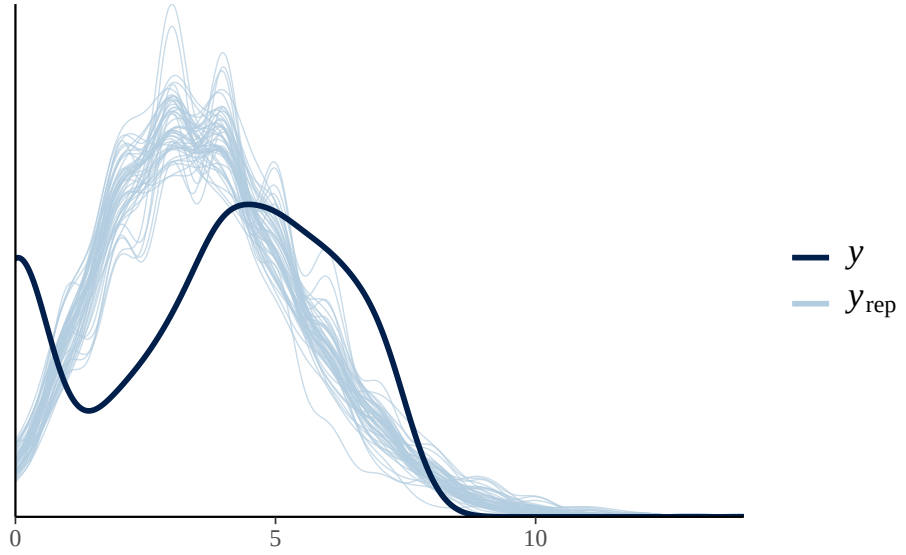
Il confronto tra l'istogramma della y e gli istogrammi di diversi campioni y^{rep} mostra una scarsa corrispondenza tra i due:

```
ppc_hist(y, y_rep[1:8, ], binwidth = 1)
```



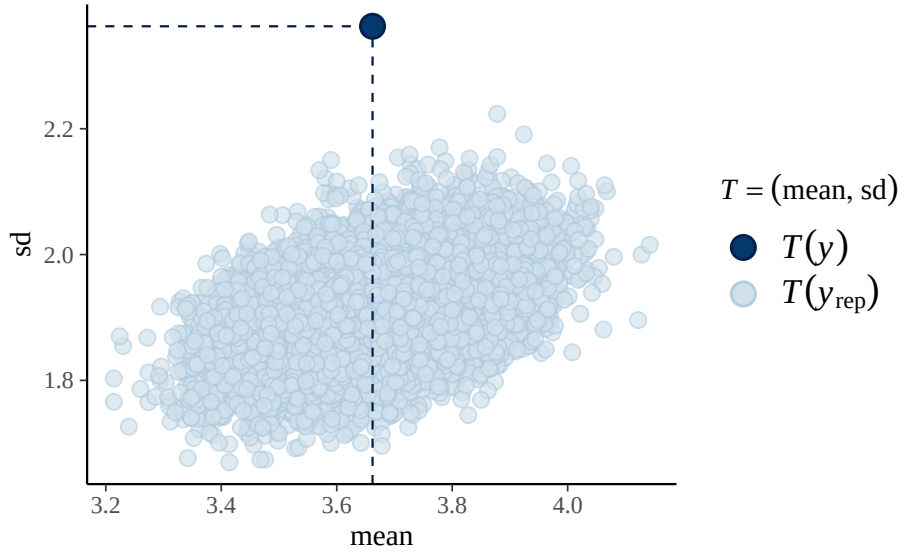
Alla stessa conclusione si giunge tramite un confronto tra la funzione di densità empirica della y e quella di diversi campioni y^{rep}:

```
ppc_dens_overlay(y, y_rep[1:50, ])
```



Eseguiamo ora i PPC per la media e la deviazine standard:

```
ppc_stat_2d(y, y_rep, stat = c("mean", "sd"))
```



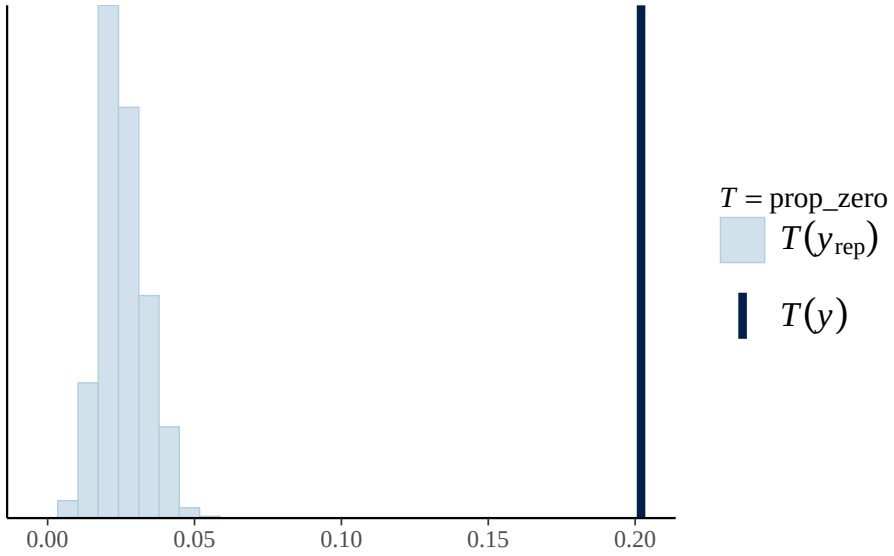
Mentre la media viene riprodotta accuratamente dal modello (come avevamo visto sopra), ciò non è vero per la deviazione stanard dei dati. La domanda è quale sia l'origine di questa mancanza di adattamento.

Calcoliamo ora la proporzione di zeri in y e nei campioni y^{rep}.

```
prop_zero <- function(x) mean(x == 0)
print(prop_zero(y))
#> [1] 0.202
```

Eseguendo il PPC sulla proporzione di zeri

```
ppc_stat(y, y_rep, stat = "prop_zero")
```



notiamo che il modello non è assolutamente in grado di catturare la proporzione di casi nei quali la variabile Y assume il valore 0. In altri termini, i dati presentano un'inflazione di valori 0 rispetto a quelli che sono previsti da un modello di Poisson. Questo è un problema che si verifica spesso nei dati empirici.

Per ovviare al problema dell'inflazione di valori pari a 0 è possibile definire un modello di tipo "hurdle" che consente la presenza di una proporzione di valori pari a 0 maggiore di quanto normalmente previsto dalla distribuzione di Poisson. Senza entrare nei dettagli di come questo viene fatto, Gabry e Vehtari definiscono il seguente modello:

```
modelString2 <- "
data {
  int<lower=1> N;
  int<lower=0> y[N];
}
transformed data {
  int U = max(y);  // upper truncation point
}
parameters {
  real<lower=0,upper=1> theta; // Pr(y = 0)
  real<lower=0> lambda; // Poisson rate parameter (if y > 0)
}
model {
  lambda ~ exponential(0.2);

  for (n in 1:N) {
    if (y[n] == 0) {
      target += log(theta);  // log(Pr(y = 0))
```

```
    } else {
      target += log1m(theta);  // log(Pr(y > 0))
      y[n] ~ poisson(lambda) T[1,U];  // truncated poisson
    }
  }
}
generated quantities {
  real log_lik[N];
  int y_rep[N];
  for (n in 1:N) {
    if (bernoulli_rng(theta)) {
      y_rep[n] = 0;
    } else {
      int w;  // temporary variable
      w = poisson_rng(lambda);
      while (w == 0 || w > U)
        w = poisson_rng(lambda);

      y_rep[n] = w;
    }
    if (y[n] == 0) {
      log_lik[n] = log(theta);
    } else {
      log_lik[n] = log1m(theta)
    + poisson_lpmf(y[n] | lambda)
    - log_diff_exp(poisson_lcdf(U | lambda),
                       poisson_lcdf(0 | lambda));
    }
  }
}
"
writeLines(modelString2, con = "code/code_poisson_hurdle.stan")
```

Adattiamo il modello ai dati:

```
file2 <- file.path("code", "code_poisson_hurdle.stan")
mod2 <- cmdstan_model(file2)

fit2 <- mod2$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

In questo caso otteniamo una stima di λ diversa da quella ottenuta in precedenza:

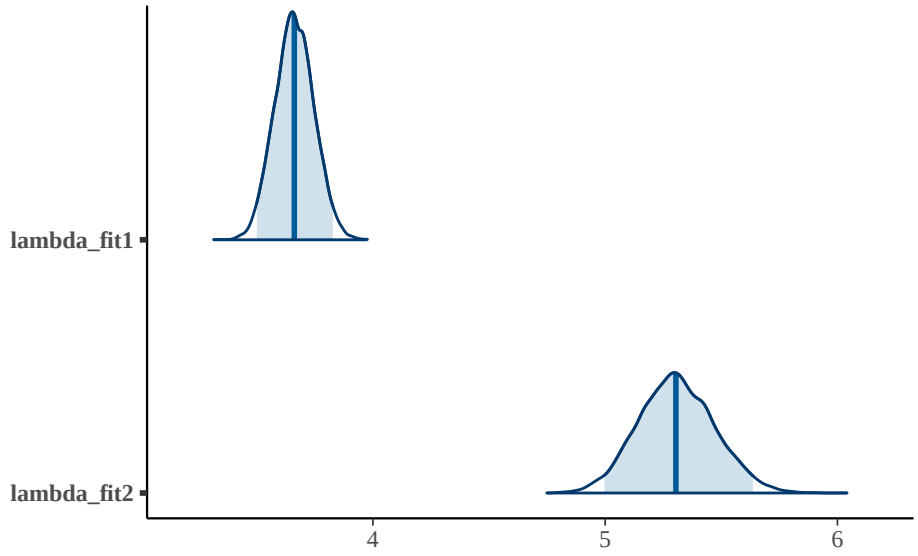
```
fit2$summary(c("lambda", "theta"))
#> # A tibble: 2 x 10
#>   variable  mean median     sd    mad    q5   q95  rhat
#>   <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 lambda   5.31   5.30  0.163  0.164  5.05  5.58   1.00
#> 2 theta    0.203  0.203 0.0177 0.0179 0.175 0.233  1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Si noti che il parametro θ viene usato per modellizzare l'eccesso di valori 0.

Eseguiamo un confronto tra le distribuzioni a posteriori di λ per i due modelli si ottiene nel modo seguente:

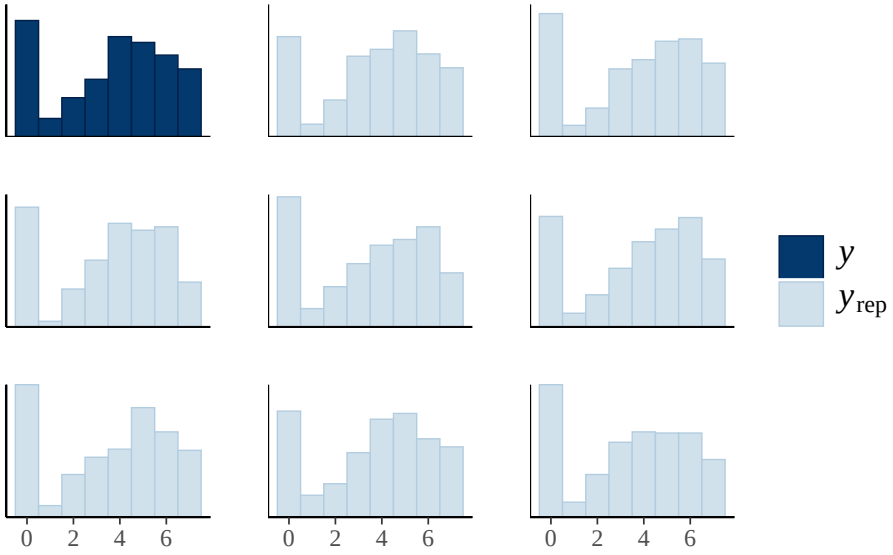
```
stanfit2 <- rstan::read_stan_csv(fit2$output_files())
```

```
lambda_draws2 <- as.matrix(stanfit2, pars = "lambda")

lambdas <- cbind(
  lambda_fit1 = lambda_draws[, 1],
  lambda_fit2 = lambda_draws2[, 1]
)
mcmc_areas(lambdas, prob = 0.95) # color 95% interval
```



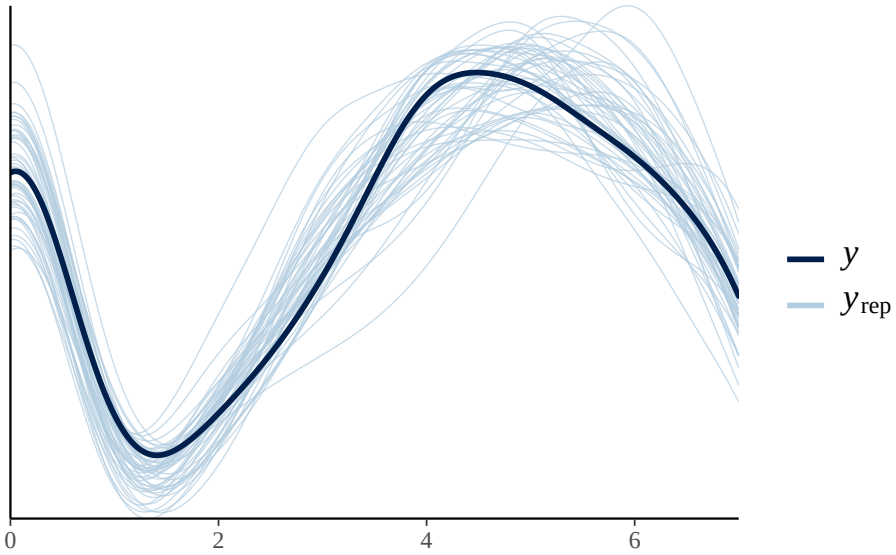
Rifacciamo i grafici esaminati in precedenza (e alcuni altri), ma questa volta eatraendo y^{rep} da `fit2`:

```
y_rep2 <- as.matrix(stanfit2, pars = "y_rep")
ppc_hist(y, y_rep2[1:8, ], binwidth = 1)
```

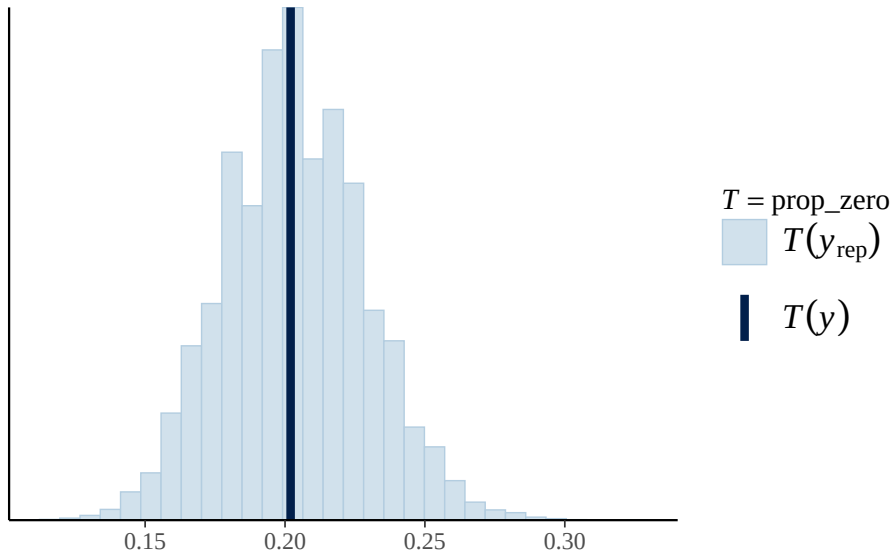


In questo caso la distribuzione di y^{rep} è molto simile alla distribuzione di y.

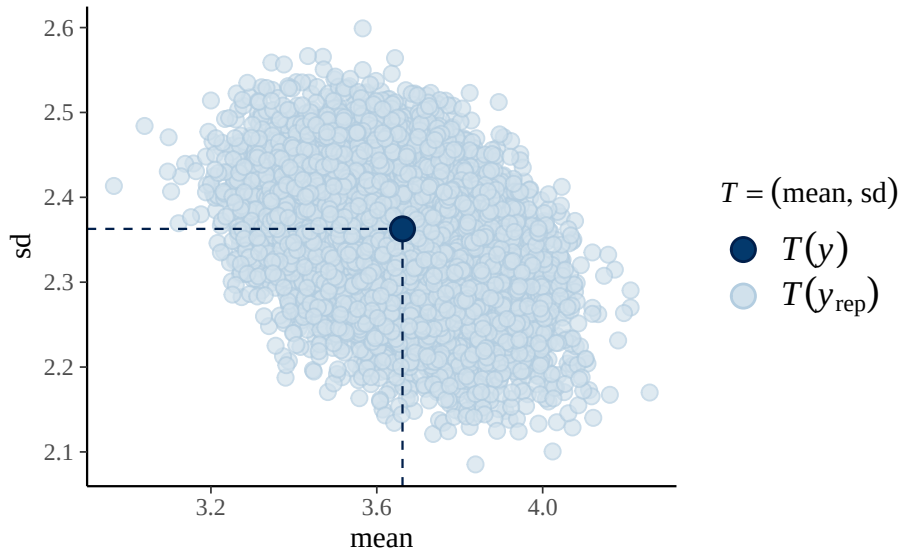
```
ppc_dens_overlay(y, y_rep2[1:50, ])
```




```
ppc_stat(y, y_rep2, stat = "prop_zero")
```




```
ppc_stat_2d(y, y_rep2, stat = c("mean", "sd"))
```



In conclusione, l'accuratezza predittiva del modello "hurdle" è chiaramente migliore di quella del modello di Poisson.

Considerazioni conclusive

Questo capitolo abbiamo discusso i controlli predittivi a posteriori. A questo proposito è necessario notare un punto importante: i controlli predittivi a posteriori, quando suggeriscono un buon adattamento del modello alle caratterische dei dati previsti futuri y^{rep}, non forniscono una forte evidenza della capacità del modello di generalizzarsi a nuovi campioni di dati. Infatti, una tale evidenza sulla generalizzabilità del modello può essere solo fornita da studi di *cross-validation*, ovvero da studi nei quali viene utilizzato un *nuovo* campione di dati. D'altra parte, invece, se i PPC mostrano un cattivo adattamento del modello ai dati

previsti futuri, questo fornisce una forte evidenza di una errata specificazione del modello.

Bibliografia

Gelman, A., Hwang, J. & Vehtari, A. (2014). Understanding predictive information criteria for Bayesian models. *Statistics and Computing*, *24*(6), 997–1016 (cit. a p. 4).

Zetsche, U., Bürkner, P.-C. & Renneberg, B. (2019). Future expectations in clinical depression: Biased or realistic? *Journal of Abnormal Psychology*, *128*(7), 678–688 (cit. a p. 1).

Elenco delle figure

Abstract This document contains the material of the lessons of Psicometria B000286 (2021/2022) aimed at students of the first year of the Degree Course in Psychological Sciences and Techniques of the University of Florence, Italy.

Keywords Data science, Bayesian statistics.