LSTAT2100 - Exercices - Série 3

Solutions

Pour ce TP nous allons utiliser les données de 200 patients issus d'un hôpital. Le jeu de données se trouve dans le fichier dt.csv. Il s'agit de données récoltées au cours d'une étude clinique sur une certaine maladie, dont la description précise n'a aucun intérêt ici.

Partie 1

Pour l'instant, nous n'utiliserons que les variables suivantes:

- `STA`: Variable binaire indiquant si le patient est décédé (1) ou pas (0).
- `AGE`: L'âge du patient au début de l'étude.

Commencez par charger le jeu de données dans R puis *examinez sa structure*.

(a) À partir de la variable `AGE`, créez la variable `AGECAT` qui correspond aux catégories d'âge suivantes:

$$(15-24] \quad (24-34] \quad (34-44] \quad (44-54] \quad (54-64] \quad (64-74] \quad (74-84] \quad (84-94]$$

Quelle est la proportion de décès par catégorie d'âge? Visualisez graphiquement ces chiffres. Que pouvez-vous conclure quant à l'effet de l'âge sur la survie des patients ?

Solution:

Pour charger les données, nous allons utiliser la fonction `read.csv` et pour la structure la fonction `str` (il faut toujours examiner rapidement les données avant de commencer l'analyse.)

```
data <- read.csv("Data/dt.csv", sep = ";", header = TRUE)
str(data)
```

```
'data.frame':   200 obs. of  21 variables:
 $ ID : int  8 12 14 28 32 38 40 41 42 50 ...
 $ STA: int  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ AGE: int  27 59 77 54 87 69 63 30 35 70 ...
 $ SEX: int  2 1 1 1 2 1 1 2 1 2 ...
 $ RAC: int  1 1 1 1 1 1 1 1 2 1 ...
 $ SER: int  1 1 2 1 2 1 2 1 1 2 ...
 $ CAN: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 ...
 $ CRN: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ INF: int  2 1 1 2 2 2 1 1 1 1 ...
 $ CPR: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ SYS: int  142 112 100 142 110 110 104 144 108 138 ...
 $ HRA: int  88 80 70 103 154 132 66 110 60 103 ...
 $ PRE: int  1 2 1 1 2 1 1 1 1 1 ...
 $ TYP: int  2 2 1 2 2 2 1 2 2 1 ...
 $ FRA: int  1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 ...
 $ PO2: int  1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 ...
 $ PH : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ PCO: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

```
 $ BIC: int  1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 ...
 $ CRE: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ LOC: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Remarquez que ***toutes les variables sont sous forme numérique***. Nous recommandons de transformer les variables catégorielles en facteurs avant de les analyser avec R.

```
data$STA <- factor(data$STA)
data$AGECAT <- cut(data$AGE, breaks = c(15, 24, 34, 44, 54, 64, 74, 84, 94))
```

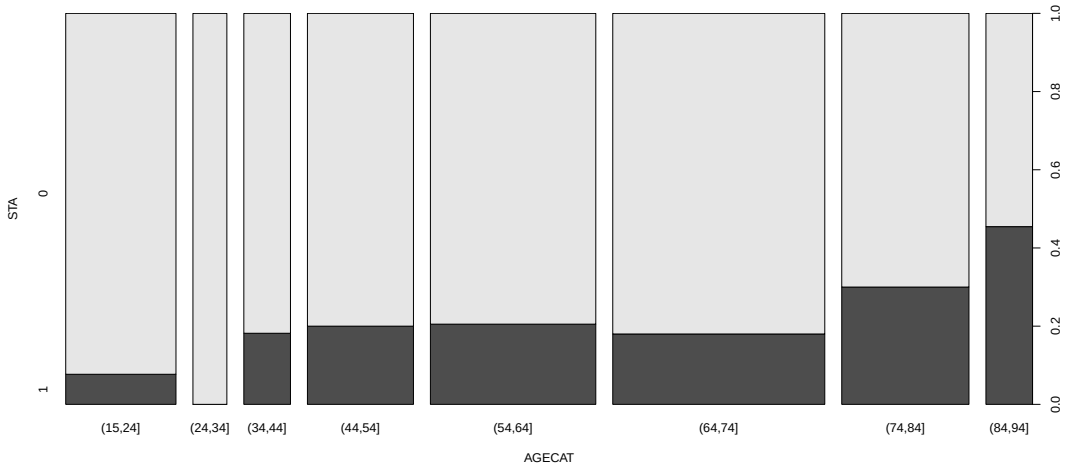
Calculons les proportions.

```
pdata1 <- xtabs(~ AGECAT + STA, data = data) |> proportions("AGECAT") |> print()
```

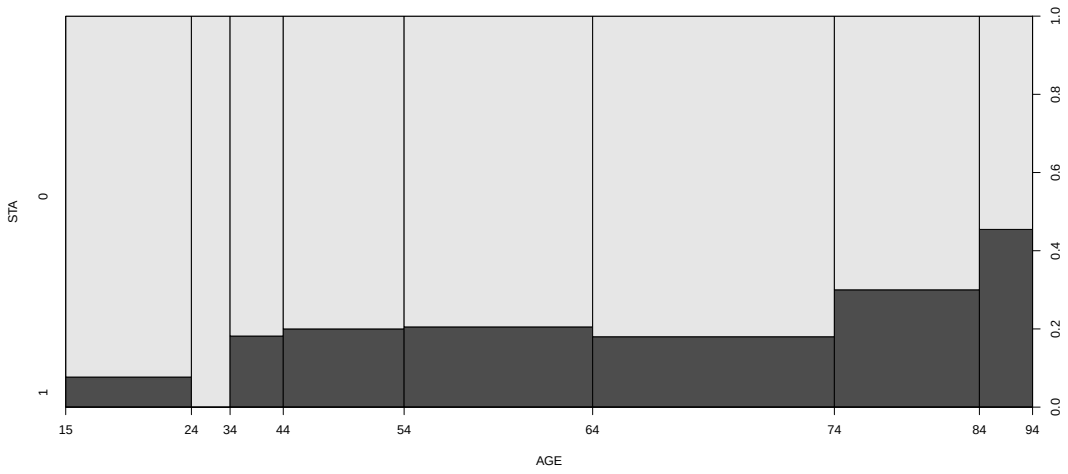
```
         STA
AGECAT         0      1
  (15,24] 0.9231 0.0769
  (24,34] 1.0000 0.0000
  (34,44] 0.8182 0.1818
  (44,54] 0.8000 0.2000
  (54,64] 0.7949 0.2051
  (64,74] 0.8200 0.1800
  (74,84] 0.7000 0.3000
  (84,94] 0.5455 0.4545
```

Et voici un graphe qui résume ces calculs.

```
plot(STA ~ AGECAT, data = data)
```




```
# ou
plot(STA ~ AGE, data = data, breaks = c(15, 24, 34, 44, 54, 64, 74, 84, 94))
```

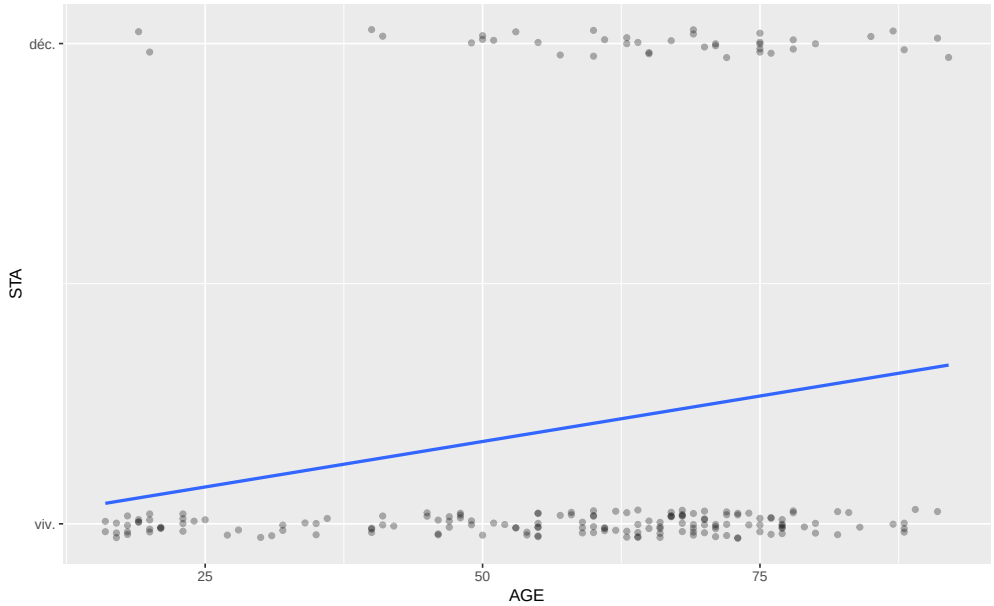


La proportion de décès parmi les patients étudiés tend manifestement à augmenter avec l'âge. Cette augmentation est plus prononcée dans les catégories d'âges les plus élevées (60 ans et plus).

(b) Réalisez un scatterplot de `STA` versus `AGE`. Ajoutez la droite des moindres carrés à votre graphique et calculez le coefficient de détermination (R^2 classique).

Solution:

```
ggplot(data, aes(x = AGE, y = ifelse(STA == "1", 1, 0))) +
  geom_jitter(height = 0.03, width = 0, alpha = 0.3) +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE) +
  scale_y_continuous(breaks = c(0, 1), labels = c("viv.", "déc.")) +
  labs(y = "STA")
```




```
cor(data$AGE, data$STA |> as.character() |> as.numeric())^2
```

```
[1] 0.0359
```

Clairement un modèle linéaire entre ces deux variables est à exclure.

(c) Écrivez l'équation du modèle logistique reliant `Y=STA` (réponse) et `X=AGE` (prédicteur). *L'événement de "succès" ($Y = 1$) doit être le décès.* Écrivez le log-vraisemblance de votre modèle et maximisez-le ***numériquement*** (sans passer par la fonction `glm()`) en utilisant la fonction `optim()`. Celle-ci permet de trouver le *minimum* d'une fonction donnée; voir le Help pour plus de détails.

Solution:

Le modèle est $\log\left(\frac{p(x)}{1-p(x)}\right) = \beta_0 + \beta_1 x$, où $p(x) = P(STA = 1|Age = x) \equiv P(Y = 1|X = x)$.

Soit $p_i = P(Y_i = 1|X_i = x_i)$ et $z_i = \beta_0 + \beta_1 x_i, i = 1, \ldots, n$.

Puisque $Y_i|X_i = x_i \sim Ber(p_i)$, avec $p_i = \frac{1}{1+e^{-z_i}}$, la log-vraisemblance est donnée par $l = \sum_{i=1}^{n} l_i$, où

$$\begin{aligned} l_i &= y_i \log(p_i) + (1-y_i)\log(1-p_i) \\ &= y_i \log\left(\frac{1}{1+e^{-z_i}}\right) + (1-y_i)\log\left(\frac{e^{-z_i}}{1+e^{-z_i}}\right) \\ &= -(1-y_i)z_i - \log(1+e^{-z_i}). \end{aligned}$$

Notez que, puisque $z + log(1+e^{-z}) = log(1+e^{z})$, on peut écrire cette dernière ligne comme $y_i z_i - log(1+e^{z_i})$.

```
nl <- function(b, x, y) {
  z <- b[1] + b[2] * x
  l <- sum(-(1 - y) * z - log(1 + exp(-z))) # ou l<-sum(y * z - log(1 + exp(z)))
  return(-l) # car la fonction optim() calcule le minimum  alors qu'on cherche le max.
}
optim(par = c(0, 1), fn = nl, x = data$AGE, y = data$STA |> as.character() |> as.numeric())$par
```

```
[1] -3.0592  0.0275
```

(d) Utilisez la fonction `glm()` pour estimer le modèle tel que défini en (c). Comparez avec les estimations obtenues avec `optim()`. Visualisez le modèle à l'aide d'un graphique adéquat.

Solution:

Avant de continuer, si ce n'est pas déjà fait, il est conseillé de transformer `STA` en `Factor`. Pour rappel, par défaut, R ordonne les niveaux d'un facteur par ordre alphanumerique croissant. Aussi, par défaut, le premier niveau (le plus "petit") sera le niveau de référence.

```
levels(data$STA)
```

```
[1] "0" "1"
```

`STA` n'a que deux niveaux "1" et "0". Ce dernier sera donc choisi, par R, comme référence.

Pour rappel, pour une variable aléatoire W à I catégories ("cat1", ..., "catI"), le fait que, par exemple, "cat1" soit la référence implique qu'en interne, R utilisera les variables indicatrices $I(W = \text{"cat2"}), \ldots, I(W = \text{"catI"})$, à la place de W. Ainsi, dans le cas présent, R utilisera la variable indicatrice $I(STA = \text{"1"})$ à la place de `STA`. Vous pouvez vérifier cela à l'aide de la fonction `contrasts`.

```
contrasts(data$STA)
```

```
  1
0 0
1 1
```

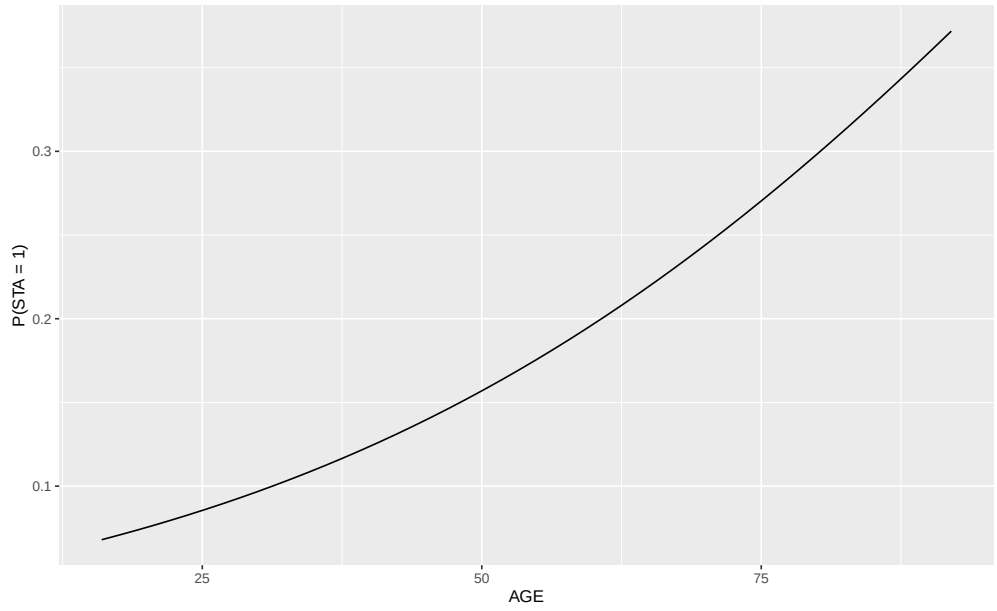
Estimons le modèle avec la fonction `glm`.

```
mdAge <- glm(STA ~ AGE, data = data, family = binomial)
summary(mdAge)
```

```
Call:
glm(formula = STA ~ AGE, family = binomial, data = data)

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -3.0585     0.6961   -4.39  1.1e-05 ***
AGE           0.0275     0.0106    2.61   0.0091 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 200.16  on 199  degrees of freedom
Residual deviance: 192.31  on 198  degrees of freedom
AIC: 196.3

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Voici un graphe qui montre la courbe estimée.

```
require(marginaleffects)
plot_predictions(mdAge, condition = "AGE", vcov = FALSE) + labs(y = "P(STA = 1)")
```



(e) Interprétez les paramètres de votre modèle. Selon ce dernier, quelle est la probabilité de mourir pour une personne âgée de 60 ans ? Construisez un intervalle de confiance, à 95%, pour cette probabilité.

Solution:

L'équation du modèle estimé est

$$\frac{\hat{p}(STA = \text{"1"}|Age)}{\hat{p}(STA = \text{"0"}|Age)} = \exp(\hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 Age) = \exp(-3.059 + 0.028 Age).$$

Selon cette équation, on peut dire que la cote de décès quand $Age = 0$ (!) est $exp(\hat{\beta}_0) = 0.047$. Et comme $\hat{\beta}_1 = 0.028 > 0$, on peut dire que cette cote (et donc la probabilité de décès) augmente avec l'âge. Plus précisément, une augmentation de l'âge d'une unité (ici d'une année), multiplie la cote de décès par $exp(\hat{\beta}_1) = 1.028$.

Pour la prédiction et l'intervalle de confiance, nous pouvons utiliser la fonction (de base) `predict()` ou (plus simplement) la fonction `marginaleffects::predictions()`

```
pred <- predict(mdAge, newdata = data.frame(AGE = 60), se = TRUE)
c(pred = pred$fit, ic = pred$fit + c(-1, 1) * qnorm(0.975) * pred$se.fit) |> plogis()
```

```
pred.1    ic1    ic2
 0.197  0.146  0.260
```

```
predictions(mdAge, newdata = data.frame(AGE = 60))
```

rowid	estimate	p.value	s.value	conf.low	conf.high	AGE	STA
1	0.197	0	45.3	0.146	0.26	60	0

Il faut regarder les colonnes `estimate`, `conf.low` (ou 2.5%) et `conf.high` (ou 97.5%).

(f) Utilisez la fonction `fitted()` pour calculer les résidus de la **déviance** *à l'aide de la formule* qui définit ces derniers dans le cours. Vérifiez vos calculs à l'aide de la fonction `residuals()`.

Représentez ces résidus en fonction des valeurs ajustées. Que pouvez-vous en conclure ? Au besoin, proposez une autre approche pour une analyse des résidus adaptée aux données.

Solution:

Puisqu'il s'agit ici de données sans répétitions ($t_i = 1$ et $s_i = y_i$; voir le cours), les résidus de la déviance sont

$$\begin{aligned} d_i &= sign(y_i - \hat{p}_i)\sqrt{2\left(y_i \log\left(\frac{y_i}{\hat{p}_i}\right) + (1 - y_i)\log\left(\frac{1 - y_i}{1 - \hat{p}_i}\right)\right)} \\ &= \sqrt{-2\log(\hat{p}_i)}I(y_i = 1) - \sqrt{-2\log(1 - \hat{p}_i)}I(y_i = 0) \end{aligned}$$

```
pr <- fitted(mdAge)
y <- data$STA
for.res <- sqrt(-2 * log(pr)) * (y == "1") - sqrt(-2 * log(1 - pr)) * (y == "0")
```

Nous pouvons vérifier que c'est bien ce que R calcule avec la fonction `residuals()`.

```
glm.res <- residuals(mdAge)   #ou glm.res <- diagnost(mdAge, plot = FALSE, type = "deviance")
cbind(for.res, glm.res) |> head()
```

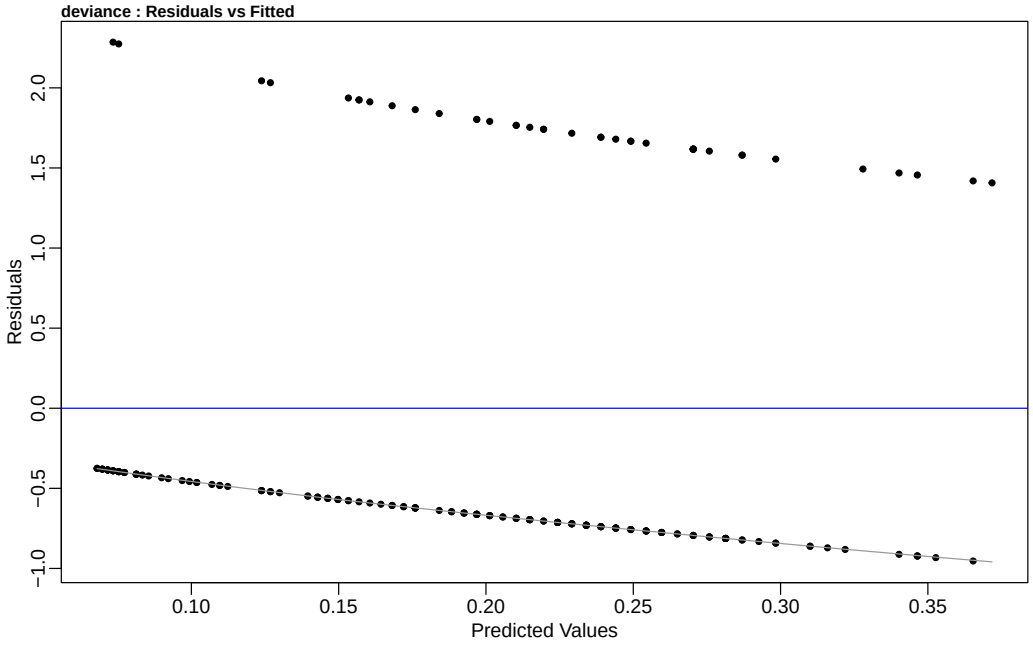
```
  for.res glm.res
1  -0.434  -0.434
2  -0.654  -0.654
3  -0.813  -0.813
4  -0.614  -0.614
5  -0.912  -0.912
6  -0.739  -0.739
```

```r
summary(abs(for.res - glm.res)) #--> for.res = glm.res
```

```
    Min.  1st Qu.   Median     Mean  3rd Qu.     Max.
0.00e+00 0.00e+00 0.00e+00 6.13e-17 1.11e-16 2.22e-16
```

Voici le graphe des résidus versus les valeurs ajustées.

```r
## plot(glm.res ~ pr)
## # ou
## ggplot() + aes(x = pr, y = glm.res, color = y) + geom_point()
## # ou
diagnost(mdAge, plot = "fitted", type = "deviance")
```

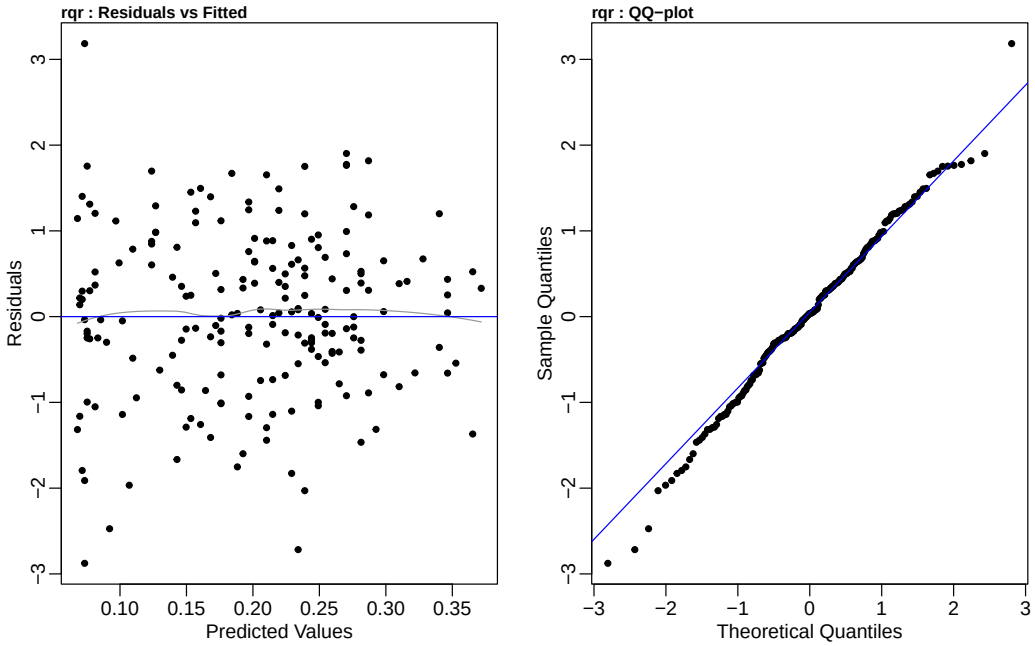


Contrairement au cas des données avec répétitions (voir le cours), ces résidus (ou les résidus de Pearson) ne sont pas d'une grande utilité pour juger de la qualité du modèle.

En conclusion, avec l'information dont on dispose, il n'est pas possible de juger de la qualité de ce modèle.

Une alternative plus appropriée consiste à utiliser des résidus de quantiles randomisés.

```r
diagnost(mdAge, plot = c("fitted", "qqplot"))
```



Ces graphiques suggèrent que le modèle ajusté est adéquat.

(g) Que pensez-vous de la qualité d'ajustement du modèle ? Répondez à cette question de deux façons différentes: (i) en utilisant les calculs réalisés au point (a); (ii) en utilisant la courbe ROC.

Solution:

Dans (a), on a calculé les proportions de décès pour différentes catégories d'âge.

```
pdata1[,2]
```

```
(15,24] (24,34] (34,44] (44,54] (54,64] (64,74] (74,84] (84,94]
 0.0769  0.0000  0.1818  0.2000  0.2051  0.1800  0.3000  0.4545
```

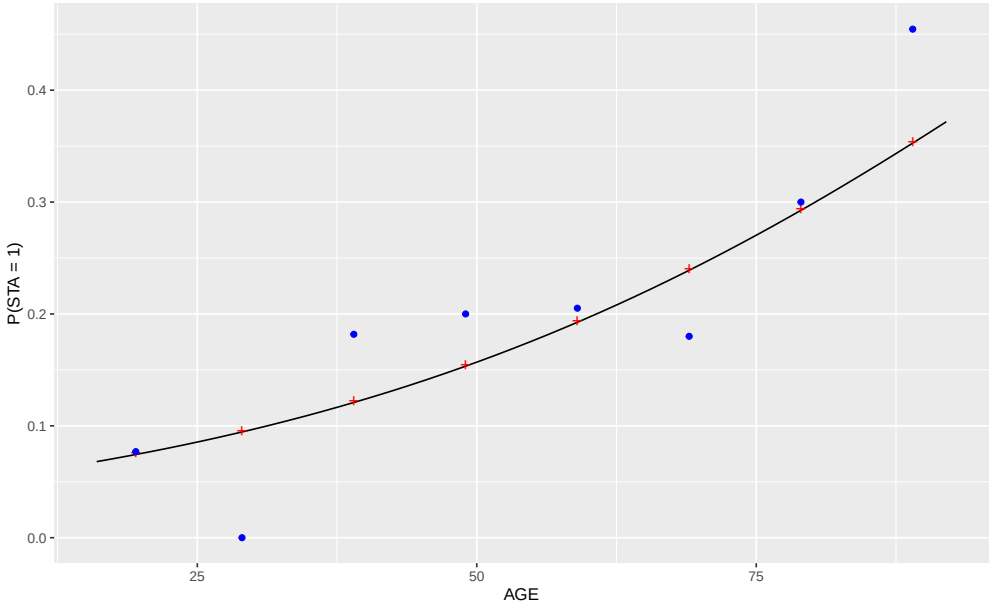
On peut comparer ces proportions avec celles estimées par le modèle:

```
pred <- predictions(mdAge, newdata = data.frame(AGE = c(19.5, 29, 39, 49, 59, 69, 79, 89)))$estimate
predata <- data.frame(AGE = c(19.5, 29, 39, 49, 59, 69, 79, 89), obs = pdata1[,2], pred) |> print()
```

```
         AGE    obs   pred
(15,24] 19.5 0.0769 0.0744
(24,34] 29.0 0.0000 0.0945
(34,44] 39.0 0.1818 0.1209
(44,54] 49.0 0.2000 0.1533
(54,64] 59.0 0.2051 0.1926
(64,74] 69.0 0.1800 0.2390
(74,84] 79.0 0.3000 0.2926
(84,94] 89.0 0.4545 0.3527
```

L'écart entre les proportions observées (`obs`) et celles estimées (`pred`) peut être visualisé à travers le graphique suivant.

```
plot_predictions(mdAge, condition = "AGE", vcov = FALSE) + labs(y = "P(STA = 1)") +
  geom_point(predata, mapping = aes(x = AGE, y = pred), color = "red", shape = "+", size = 4) +
  geom_point(predata, mapping = aes(x = AGE, y = obs), color = "blue")
```



Mais il est difficile de juger objectivement de l'écart qui sépare les observations et les prédictions ainsi.

Une meilleure façon d'évaluer la qualité de notre modèle est d'utiliser la courbe ROC et son AUC.

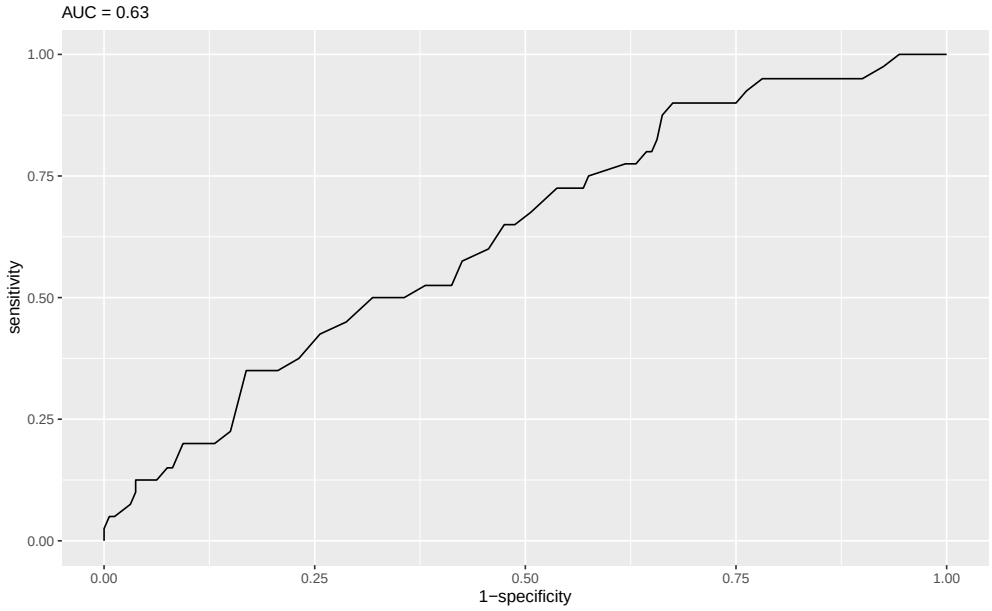
```
require(pROC)

roc <- cbind(data, pred = fitted(mdAge)) |> roc(response = STA, predictor = pred)

coords(roc, x = "best")
```

threshold	specificity	sensitivity
0.152	0.325	0.9

```
roc$auc
```

```
Area under the curve: 0.63
```

```
ggroc(roc, legacy.axes = TRUE) + labs(subtitle = paste("AUC =", round(roc$auc, 2)))
```



Même si le modèle ne présente pas de failles évidentes (comme l'indique l'analyse des résidus), cette étude montre que le pouvoir discriminatoire du modèle, tel que mesuré par l'AUC, est médiocre.

On peut aussi penser à calculer le pseudo$-R^2$

```
pr2(mdAge)
```

```
[1] 3.92
```

Cependant, pour les données avec peu ou pas de répétitions, le pseudo$-R^2$ est peu utile (voir le cours pour plus de détails).

Partie 2

(a) On aimerait ajuster un modèle logistique avec `STA` comme variable expliquée et `CPR` comme variable explicative. En précisant vos notations et en prenant $CPR = 2$ et $STA = 0$ comme niveaux de référence,

(i) réalisez un tableau croisé entre les variables `STA` et `CPR`
(ii) donnez l'équation théorique du modèle logistique en question
(iii) estimez les paramètres "***à la main***", càd sans utiliser la fonction `glm()`
(iv) toujours à la main, calculez un intervalle de confiance pour la pente (β_1)
(v) comparez vos calculs avec un ajustement fait avec la fonction `glm()`

Solution:

(i)

```
data$STA <- factor(data$STA, levels = c("0", "1"))
data$CPR <- factor(data$CPR, levels = c("2", "1"))
```

```
tab <- xtabs(~ CPR + STA, data = data) |> print()
```

```
   STA
CPR   0   1
  2   6   7
  1 154  33
```

(ii)

$$\ln \frac{P(STA=1|CPR)}{1-P(STA=1|CPR)} = \beta_0 + \beta_1 I(CPR=1)$$
$$\Leftrightarrow \ln \frac{p_i}{1-p_i} = \beta_0 + \beta_i, \text{ avec } \beta_2 = 0,$$

où $p_i = P(STA=1|CPR=i)$, $i=1,2$.

Ce qui est équivalent à écrire

$$\ln \frac{p_2}{1-p_2} = \beta_0, \text{ et } \ln \frac{p_1}{1-p_1} = \beta_0 + \beta_1$$

(iii)

D'après les deux dernières équations, on peut estimer ces paramètres à l'aide de

$$\hat{\beta}_0 = \ln \frac{\hat{p}_2}{1-\hat{p}_2}, \text{ et } \hat{\beta}_1 = \ln \frac{\hat{p}_1/(1-\hat{p}_1)}{\hat{p}_2/(1-\hat{p}_2)}$$

Les $\hat{p}_i$, $i=1,2$, sont donnés par

```
p <- proportions(tab, "CPR")[, 2] |>  print()
```

```
    2     1
0.538 0.176
```

et voici les $\hat{\beta}_i$

```
o <- p / (1 - p)
or <- o[2] / o[1]
beta <- log(c(o[1], or))
names(beta) <- c("beta0", "beta1")
beta
```

```
 beta0  beta1
 0.154 -1.695
```

(iv)

Un IC pour $\beta_1 = \log(or)$ est donné par

```
log(or) + c(-1, 1) * qnorm(1 - 0.05 / 2) * sqrt(sum(1 / tab))
```

```
[1] -2.848 -0.541
```

```
#ou
vcd::loddsratio(tab, log = TRUE) |> confint()
```

	2.5 %	97.5 %
2:1/0:1	-2.85	-0.541

(v)

```
m <- glm(STA ~ CPR, data = data, family = binomial)
summary(m) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	0.154	0.556	0.277	0.782
CPR1	-1.695	0.588	-2.880	0.004

```
confint.default(m)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-0.936	1.245
CPR1	-2.848	-0.541

On obtient exactement les mêmes estimations. Les intervalles de confiance (calculés "à la main" et à l'aide de `glm`) sont très similaires, mais, en réalité, pas identiques puisque la fonction `glm()` utilise la formule classique $\hat{\theta} \pm 1.96 \times \hat{\sigma}$.

Remarque:
Une autre façon d'estimer ce modèle est la suivante.

```
dtab <- data.frame(tab)
m <- glm(STA ~ CPR, weights = Freq, data = dtab, family = binomial)
```

(b) Qu'advient-il des paramètres estimés du modèle si l'on modifie le niveau de référence de la CPR ? Répondez ***sans utiliser R***, puis vérifiez avec R.

Solution:

Il suffit d'interchanger "1" et "2" dans les formules ci-dessus. Ainsi, en utilisant les mêmes notations qu'auparavant,

$$\tilde{\beta}_0 = \ln \frac{\hat{p}_1}{1-\hat{p}_1} = \hat{\beta}_1 + \hat{\beta}_0 = -1.54, \text{ et } \tilde{\beta}_1 = \ln \frac{\hat{p}_2/(1-\hat{p}_2)}{\hat{p}_1/(1-\hat{p}_1)} = -\hat{\beta}_1 = 1.7$$

En effet,

```
data$CPR <- relevel(data$CPR, "1")
m <- glm(STA ~ CPR, data = data, family = binomial)
summary(m) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-1.54	0.192	-8.03	0.000
CPR2	1.70	0.588	2.88	0.004

```
data$CPR <- relevel(data$CPR, "2") # On remet le niveau de référence à 2 pour la suite.
```

(c) Réalisez un tableau croisé entre les variables `STA` et `RAC` (c'est la race des individus: 1 = white, 2 = black, 3 = other). Prenez $RAC = 1$ comme niveau de référence. Calculez les deux $log-$OR's de la table de contingence; vous devez utiliser les groupes de références tel qu'indiqué ci-dessus. Ajustez ensuite un modèle logit avec `STA` comme variable expliquée et `RAC` comme variable explicative. Commentez.

Solution:

```r
data$RAC <- factor(data$RAC, levels = c("1","2","3"))
```

```r
tab <- xtabs(~ RAC + STA, data = data)
tab
```

RAC/STA	0	1
1	138	37
2	14	1
3	8	2

```r
vcd::loddsratio(tab, log = TRUE, ref = c(1, 1))
```

```
log odds ratios for RAC and STA

  1:2   1:3
-1.32 -0.07
```

```r
m <- glm(STA ~ RAC, data = data, family = binomial)
summary(m) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-1.32	0.185	-7.110	0.000
RAC2	-1.32	1.052	-1.258	0.208
RAC3	-0.07	0.812	-0.086	0.931

Nous observons à nouveau le lien entre les cotes et les β's du modèle logistique.

Les résultats suggèrent que pour $RAC = 2$, la probabilité de décès est inférieure à la référence ($RAC = 1$). La même remarque s'applique à $RAC = 3$ mais la différence (par rapport à la référence) est plus faible. Notez que les $p-$valeurs dépassent largement le seuil de 5%, ce qui indique que les diminutions (par rapport à la référence) sont statistiquement non significatives (à 5%).

(d) Utilisez le modèle ajusté au point précédent pour tester l'indépendance entre les variables `STA` et `RAC`.

Solution:

```r
drop1(m, test = "Rao")
```

```
Single term deletions

Model:
STA ~ RAC
       Df Deviance AIC Rao score Pr(>Chi)
<none>         198 204
RAC     2      200 202      1.81      0.4
```

à 95%, on conclut à l'indépendance entre ces deux variables. On aboutit à la même conclusion avec un test classique (de Pearson)

```r
summary(tab)
```

```
Call: xtabs(formula = ~RAC + STA, data = data)
Number of cases in table: 200
Number of factors: 2
```

```
Test for independence of all factors:
    Chisq = 1.8, df = 2, p-value = 0.4
    Chi-squared approximation may be incorrect
```

(e) Ajustez un modèle logit avec `STA` comme variable expliquée et `CRN` et `AGE` comme variables explicatives. Prenez $CRN = 2$ comme référence et incluez l'interaction entre `CRN` et `AGE` dans votre modèle. Cette interaction est-elle significative ? Le cas échéant, mettre à jour le modèle en supprimant cette interaction. Utilisez le modèle, éventuellement réduit, pour calculer la probabilité de décès d'une personne âgée de 30 ans dont le $CRN = 2$.

Solution:

```
data$CRN <- factor(data$CRN, levels = c("2", "1"))
```

```
m <- glm(STA ~ CRN * AGE, data = data, family = binomial)
summary(m) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	0.275	2.191	0.126	0.900
CRN1	-3.573	2.322	-1.539	0.124
AGE	-0.009	0.032	-0.277	0.782
CRN1:AGE	0.038	0.034	1.118	0.263

La $p-$valeur du test de Wald (visible dans le `summary()`) suggère que l'interaction n'est pas significative. Simplifions dès lors le modèle.

```
m <- glm(STA ~ CRN + AGE, data = data, family = binomial())
summary(m) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-2.010	0.870	-2.31	0.021
CRN1	-1.020	0.515	-1.98	0.048
AGE	0.025	0.011	2.33	0.020

Nous pouvons utiliser la fonction `predict()` ou `predictions()` pour calculer la probabilité demandée:

```
predict(m, newdata = data.frame(CRN = "2", AGE = 30), type = "response")
```

```
    1
0.221
```

```
predictions(m, newdata = data.frame(CRN = "2", AGE = 30))$estimate
```

```
[1] 0.221
```

Partie 3

En plus de la variable `AGE`, nous souhaitons ici expliquer la variable `STA` à l'aide des variables `CPR`, `CAN`, `INF`, ainsi que la variable `RAC` qu'on vous demande de *recoder* de façon à ce qu'elle soit dichotomique (1 = white, 0 = black or other); prenez "0" comme référence. Pour `CPR`, `CAN` et `INF`, prenez "2" comme niveau de référence.

(a) Écrivez à la main l'équation complète d'un modèle logistique, sans interactions, incluant les variables citées ci-dessus et estimez les paramètres de ce modèle.

Solution:

Soit RACR la variable dichotomique avec "1" = "white", "0" = "black or other". L'équation d'un modèle logistique sans interaction avec cette variable et les autres est

$$\log \frac{P(STA=1|AGE,CAN,CPR,INF,RACR)}{1-P(STA=1|AGE,CAN,CPR,INF,RACR)}$$
$$= \beta_0 + \beta_1 AGE + \beta_2 I(CAN = \text{"1"}) + \beta_3 I(CPR = \text{"1"}) + \beta_4 I(INF = \text{"1"}) + \beta_5 I(RACR = \text{"1"})$$

Estimons ce modèle.

```
data$RACR <- data$RAC
levels(data$RACR) <- list("0" = c("2", "3"), "1" = "1")
data$CAN <- factor(data$CAN, levels = c("2", "1"))
data$INF <- factor(data$INF, levels = c("2", "1"))
m1 <- glm(STA ~ AGE + CAN + CPR + INF + RACR, data, family = binomial)
summary(m1) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-1.301	1.125	-1.157	0.247
AGE	0.027	0.012	2.331	0.020
CAN1	-0.195	0.612	-0.318	0.750
CPR1	-1.652	0.620	-2.665	0.008
INF1	-0.689	0.379	-1.817	0.069
RACR1	0.329	0.683	0.481	0.630

(b) Utilisez les fonction `logLik()` et `pchisq()` pour réaliser un test LR pour tester le modèle actuel (H_1) versus un modèle avec seulement l'intercept (H_0). *Vous ne devez utiliser ni la fonction* ***`anova()`*** *ni la fonction* ***`drop1()`***. Écrivez explicitement vos hypothèses H_0 et H_1. Que concluez-vous ?

Solution:

En suivant les notations ci-dessus, voici l'hypothèse nulle et l'alternative.

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = \beta_4 = \beta_5 = 0 \quad \text{vs} \quad H_1 : \beta_1 \neq 0 \text{ ou } \beta_2 \neq 0 \text{ ou } \beta_3 \neq 0 \text{ ou } \beta_4 \neq 0 \text{ ou } \beta_5 \neq 0$$

```
m0 <- glm(STA ~ 1, data = data, family = binomial)
lr <- -2 * (logLik(m0) - logLik(m1)) #ou lr <- summary(m0)$deviance - summary(m1)$deviance
pchisq(lr, df = 5, lower.tail = FALSE)
```

```
'log Lik.' 0.00125 (df=1)
```

$\Rightarrow$ Au moins une des variables explicatives a un effet significatif sur `STA`.

Remarque: Avec `anova` cela donne

```
anova(m0, m1, test = "LRT")
```

```
Analysis of Deviance Table

Model 1: STA ~ 1
Model 2: STA ~ AGE + CAN + CPR + INF + RACR
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1       199        200
2       194        180  5       20   0.0013 **
```

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

(c) Simplifiez le modèle actuel en supprimant toutes les variables/termes non-significatives à 5%. Effectuez cette simplification étape par étape en supprimant un élément à la fois. Écrivez l'équation de votre modèle ainsi construit.

Solution:

On commence par supprimer `CAN` puisque c'est la variable avec la plus grande p-valeur supérieure à 5%.

```
#On commence par supprimer `CAN` puisque c'est la variable avec la plus grande p-valeur
m2 <- glm(STA ~ AGE + CPR + INF + RACR, data, family = binomial)
summary(m2) |> coef()
# puis RACR
m3 <- glm(STA ~ AGE + CPR + INF, data, family = binomial)
summary(m3) |> coef()
# puis INF
m4 <- glm(STA ~ AGE + CPR, data, family = binomial)
```

```
summary(m4) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-1.57	0.862	-1.82	0.069
AGE	0.03	0.011	2.66	0.008
CPR1	-1.78	0.607	-2.94	0.003

$$\log \frac{\hat{P}(STA = 1|AGE, CAN, CPR, INF, RACR)}{1 - \hat{P}(STA = 1|AGE, CAN, CPR, INF, RACR)} = -1.57 + 0.03AGE - 1.78I(CPR = \text{"1"})$$

(d) Maintenant que vous n'avez que des variables explicatives significatives, complétez le modèle en (c) en y ajoutant toutes les interactions. Peut-on simplifier ce dernier? Utilisez le BIC pour répondre à cette dernière question.

Solution:

```
m5 <- glm(STA ~ AGE * CPR, data, family = binomial)
BIC(m5, m4)
```

	df	BIC
m5	4	202
m4	3	200

```
# ou
drop1(m5, k = log(200))
```

	Df	Deviance	AIC
	NA	181	202
AGE:CPR	1	184	200

$\rightarrow$ on supprime l'interaction $AGE \times CPR$. Notez qu'au niveau $\alpha = 5\%$, cette interaction n'est pas significative.

```r
summary(m5) |> coef()
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>|z|)
(Intercept)	-6.765	4.150	-1.630	0.103
AGE	0.119	0.070	1.701	0.089
CPR1	3.723	4.215	0.883	0.377
AGE:CPR1	-0.094	0.071	-1.330	0.183

Par la suite nous continuons avec le modèle `m4` (sans interaction).

(e) Utilisez le modèle que vous avez choisi pour prédire la probabilité ***de survie*** pour deux patients avec $AGE = 25$ et $AGE = 80$ et un $CPR =$ "1". Même question pour un $CPR =$ "2". Accompagnez vos calculs d'intervalles de confiance à 95%.

Solution:

```r
predictions(m4, newdata=datagrid(AGE = c(25, 80, 25, 80), CPR = c("1", "2"))) |>
  transform(estimate = 1 - estimate, conf.high = 1- conf.low, conf.low = 1- conf.high)
```

rowid	estimate	p.value	s.value	conf.low	conf.high	STA	AGE	CPR
2	0.696	0.223	2.17	0.377	0.896	0	25	2
1	0.932	0.000	23.98	0.841	0.972	0	25	1
4	0.310	0.197	2.34	0.117	0.603	0	80	2
3	0.728	0.000	12.58	0.616	0.817	0	80	1

(f) Selon le modèle choisi, quel est l'effet de l'âge sur la mortalité ? Répondez par un **graphique** approprié. Même question, mais cette fois concernant l'effet de la variable `CPR`.

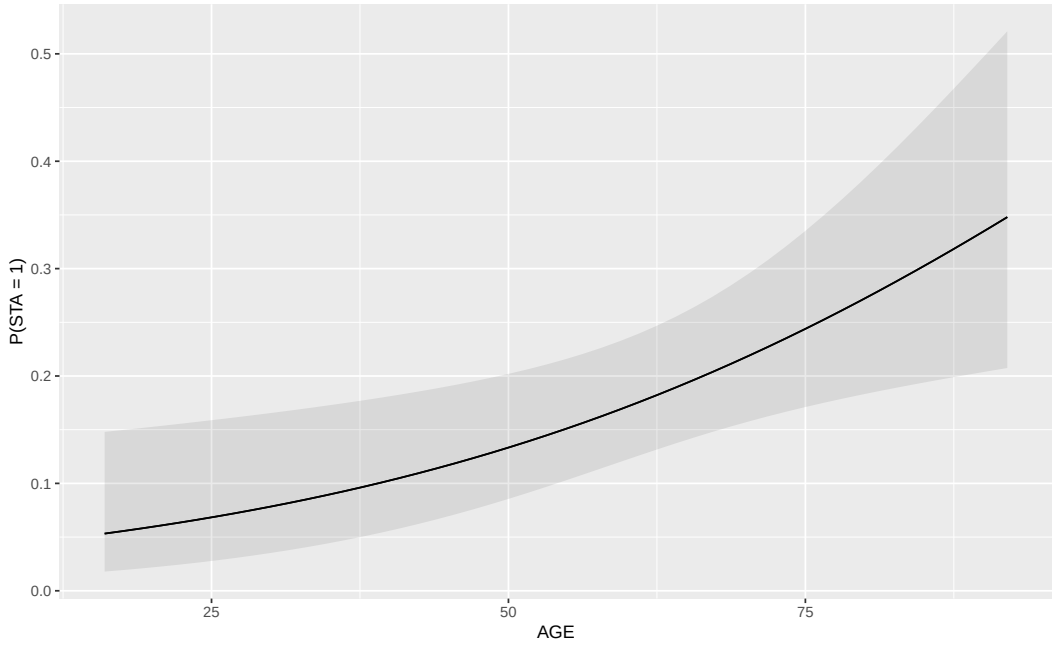
Solution:

Selon le modèle `m4`, la variable `AGE` a un effet positif qui peut être quantifié par l'odds ratio suivant

$$\exp(0.03) = 1.03 = \frac{o(STA = 1|AGE = x + 1, CPR)}{o(STA = 1|AGE = x, CPR)}$$

L'effet de `AGE` sur `STA` est illustré sur le graphique suivant.

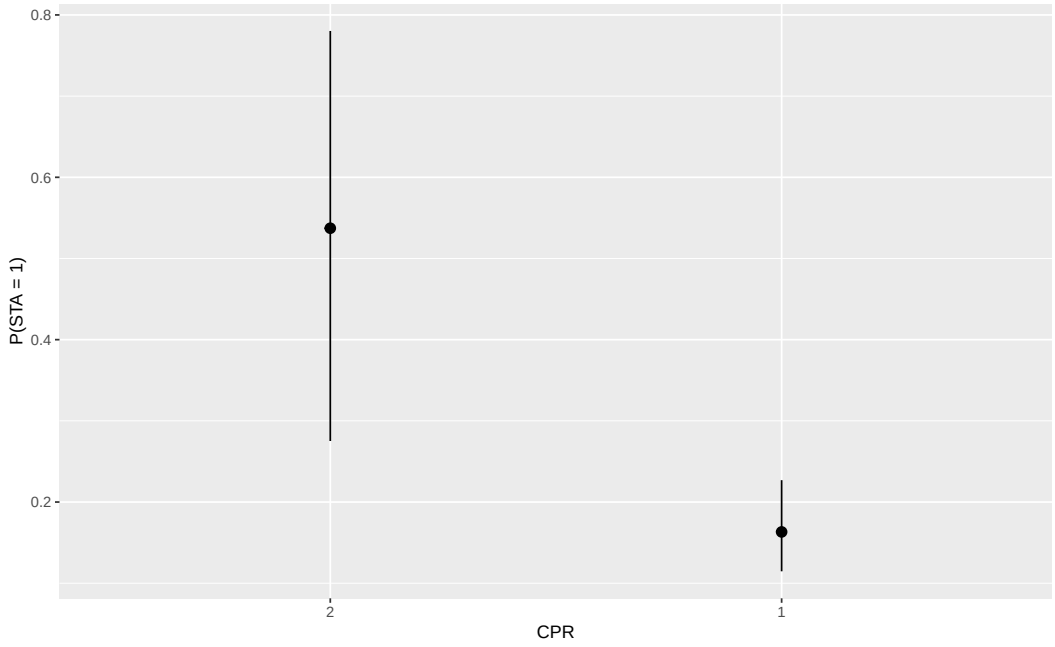
```r
plot_predictions(m4, condition = "AGE") + labs(y = "P(STA = 1)")
```



Pour `CPR`,

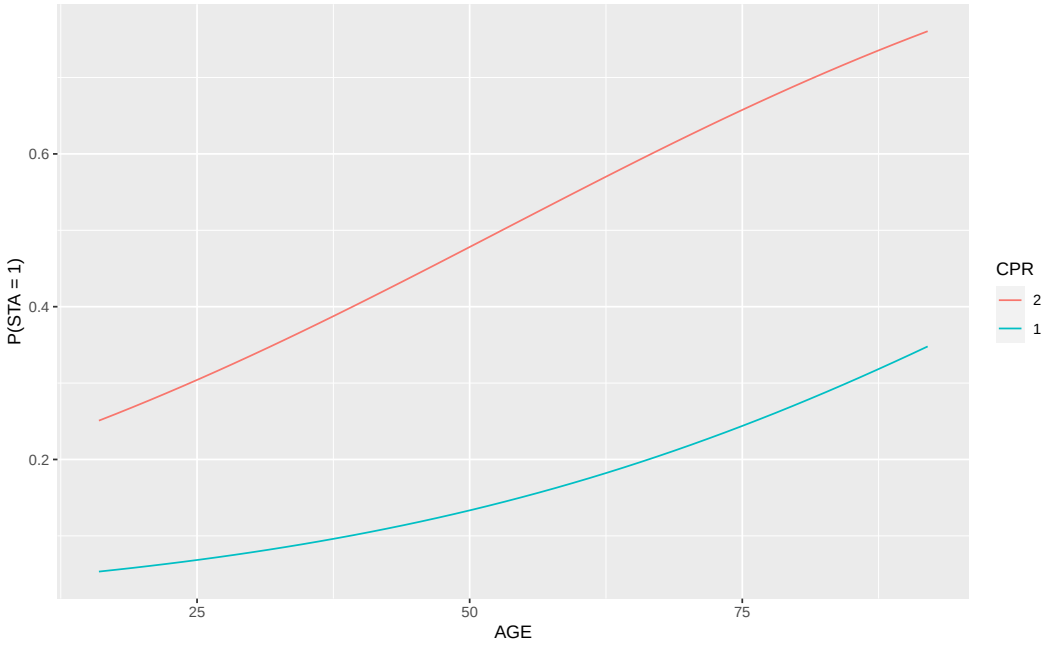
$$\exp(-1.78) = 0.169 = \frac{o(STA = 1|AGE, CPR = \text{"1"})}{o(STA = 1|AGE, CPR = \text{"2"})}$$

```
plot_predictions(m4, condition = "CPR") + labs(y = "P(STA = 1)")
```



Nous pouvons également voir les “deux effets” sur un seul graphique

```
plot_predictions(m4, condition = c("AGE", "CPR"), vcov = FALSE) + labs(y = "P(STA = 1)")
```


0.6
0.4
0.2
P(STA = 1)
25
50
75
AGE
CPR
2
1