



# ➤ Approche Bayésienne pour écrire et estimer les modèles de méta-analyse: caractéristiques et intérêts

Frédéric Gosselin, UR EFNO & Département Ecodiv,  
INRAE, Nogent-sur-Vernisson

I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusions



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de trois modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



# I-1 Modèles statistiques paramétriques



# I.1 Les modèles statistiques paramétriques

\* Ici, nous ne parlerons que de techniques statistiques basées sur **des modèles**

= *Statistiques paramétriques*

\* On suppose que la (densité de) probabilité de l'observation  $x$  a une forme précise  $g(x|\theta)$ , qui dépend de  $\theta$ , le ou les paramètres du modèle statistique

\* A  $\theta$  **fixé et connu**,  $g(x|\theta)$  définit un **modèle probabiliste**

on peut simuler/tirer au sort des observations  $x$  à partir de  $g(.|\theta)$



# I.1 Les modèles statistiques paramétriques

\* A partir d'observations  $x$  connues, un **modèle statistique paramétrique** est défini par  $g(x|\theta)$

on veut estimer  $\theta$  à partir de  $g(x|.)$

⇒ on va estimer la distribution de probabilité de  $\theta$  compte tenu de  $x$   
ou ses caractéristiques  
(Théorème Central Limite)



# I.1 Les modèles statistiques paramétriques

Modèle statistique paramétrique = « inverse » d'un modèle probabiliste

$$x \rightarrow \theta$$

$$\theta \rightarrow x$$

avec une structure probabiliste commune  $g(x|\theta)$





# I.1 Les modèles statistiques paramétriques

Exemple :

$$RS_i = a + b Hdom_i + \varepsilon_i$$

avec  $RS_i$  : richesse en espèces de carabiques au point i

$Hdom_i$  : hauteur dominante au point

$a$  : ordonnée à l'origine ou « intercept »

$b$  : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

$\varepsilon_i$  : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance  $\sigma^2$

les  $\varepsilon_i$  sont supposés être indépendants les uns des autres



$$RS_i = a + b Hdom_i + \varepsilon_i$$

avec  $RS$  : richesse en espèces de carabiques

$Hdom$ : hauteur dominante au point

$a$  : ordonnée à l'origine ou « intercept »

$b$  : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

$\varepsilon$  : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance  $\sigma^2$

**Question** : quelles sont les observations  $x$  ?

quels sont les paramètres  $\theta$  ?

quelle est la forme de la densité de probabilité

$g(x|\theta)$  ?



$$RS_i = a + b \text{ Hdom}_i + \varepsilon_i$$

avec  $RS$  : richesse en espèces de carabiques

$Hdom$ : hauteur dominante au point

$a$  : ordonnée à l'origine ou « intercept »

$b$  : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

$\varepsilon$  : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance  $\sigma^2$

**Réponses** :  $x = (RS_i)$  et les  $Hdom_i$  sont aussi observés

$$\theta = c(a, b, \sigma)$$

$$g(x|\theta) = g((RS_i), c(a, b, \sigma)) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma^2} \sum_i (RS_i - a - b \text{ Hdom}_i)^2\right]$$

# I-2 Principes de l'approche Bayésienne



# Différence entre Bayésien et fréquentiste

## Fréquentiste

- \* Les observations  $x$  suivent une loi de probabilité  $g(x|\theta)$  (incertitude aléatoire)
- \* Les paramètres  $\theta$  sont considérés comme fixes ; on ne cherche pas à décrire notre incertitude sur leurs valeurs (incertitude épistémique)

## Bayésien

- \* Les observations  $x$  suivent une loi de probabilité  $g(x|\theta)$  (incertitude aléatoire)
- \* On cherche à décrire notre incertitude sur les valeurs des paramètres  $\theta$  (incertitude épistémique)

# Différence entre Bayésien et fréquentiste

Une des grosses différences entre Bayésien et fréquentiste est donc qu'en Bayésien, on définit une distribution de probabilité  $p(\theta)$  sur les paramètres, avant d'observer les données  $x$  :

C'est la **distribution de probabilités a priori** (« prior distribution » ou « prior ») des paramètres.



# Différence entre Bayésien et fréquentiste

## Fréquentiste

- \* Les observations  $x$  suivent une loi de probabilité  $g(x|\theta)$  (incertitude aléatoire)
- \* Les paramètres  $\theta$  sont considérés comme fixes ; on ne cherche pas à décrire notre incertitude sur leurs valeurs (incertitude épistémique)
- \* L'incertitude fréquentiste fait intervenir des fréquences de résultats/décisions/tests à  $\theta$  constant mais jeux de données  $x$  répliqués suivant la loi  $g(x|\theta)$

## Bayésien

- \* Les observations  $x$  suivent une loi de probabilité  $g(x|\theta)$  (incertitude aléatoire)
- \* On cherche à décrire notre incertitude sur les valeurs des paramètres  $\theta$  (incertitude épistémique)
- \* On cherche à mettre à jour notre incertitude sur les valeurs des paramètres  $\theta$  en tenant compte des données collectées  $x$  et du modèle probabiliste  $g(x|\theta)$

# Différence entre Bayésien et fréquentiste

En Bayésien, on cherche à mettre à jour notre incertitude sur les paramètres, une fois les données *x observées* :

C'est la ***distribution de probabilités a posteriori***

(« *posterior distribution* » ou « *posterior* ») des paramètres :

$$p(\theta|x)$$





La **distribution de probabilités a posteriori** (« *posterior distribution* ») est obtenue à partir du **prior** et du modèle probabiliste ou vraisemblance en appliquant le « **théorème de Bayes** »



# Théorème de Bayes

Origine: définition des probabilités conditionnelles :

$$p(\theta, x) = p(x|\theta) p(\theta)$$

$$p(\theta, x) = p(\theta|x) p(x)$$



Distribution des données sachant les paramètres = Vraisemblance des paramètres

$$p(\theta, x) = p(x|\theta) p(\theta) = g(x|\theta) p(\theta)$$

Distribution jointe des données et des paramètres

Distribution a priori des paramètres

$$p(\theta, x) = p(\theta|x) p(x)$$

Distribution a posteriori des paramètres

Distribution des données



# Théorème de Bayes

Le théorème de Bayes s'écrit donc :

$$p(\theta|x) = \frac{p(x|\theta) p(\theta)}{p(x)}$$

Et pratiquement, on s'en tient à ( $x$  étant considéré comme fixé) :

$$p(\theta|x) \propto p(x|\theta) p(\theta)$$

← « est proportionnel à »

# Théorème de Bayes

Le théorème de Bayes s'écrit donc :

$$p(\theta|x) = \frac{p(x|\theta) p(\theta)}{p(x)}$$

Et pratiquement, on s'en tient à ( $x$  étant considéré comme fixé) :

$$p(\theta|x) \propto p(x|\theta) p(\theta)$$

Distribution a  
posteriori des  
paramètres

Vraisemblance

Distribution a priori  
des paramètres

# **I-3 Principaux avantages et faiblesses de l'approche Bayésienne**



# Avantage et inconvénient

*Bayésien=Approche totalement probabiliste*

- \* distribution a priori critiquée pour être souvent trop subjective

- \* résultats différents si prior différent (+/- suivant l'influence du prior sur le posterior)

- \* mise à jour de notre incertitude sur les paramètres, manière naturelle de représenter l'apprentissage ou l'accumulation des connaissances



# Avantage

*Bayésien=Approche non-asymptotique*

\* mise à jour de notre incertitude sur les paramètres ne fait pas référence au comportement asymptotique de la vraisemblance (contrairement à la plupart des procédures fréquentistes)





# Avantage

*Bayésien = Prise en compte complète de tous les niveaux d'incertitude*

\* là où souvent en fréquentiste on conditionne l'estimation d'un paramètre par une valeur « optimale » d'un autre paramètre, en Bayésien, les différents niveaux de variabilité sont inclus.



# Avantage et **inconvénient**

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser  
presque ce qu'on veut*

\* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres  
(notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds**  
**sur le plan numérique et difficiles à faire converger**



# Avantage et **incon**vé<sup>n</sup>ient

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser  
presque ce qu'on veut*

\* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres  
(notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds**  
**sur le plan numérique et difficiles à faire converger**  
↳ **réintroduction d'une seconde forme**  
**d' « asymptotique » (convergence de la chaîne de Markov)**



# Avantage et **incon**vé

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser  
presque ce qu'on veut*

\* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres  
(notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds**  
**sur le plan numérique et difficiles à faire converger**

↳ nous ne sommes pas obligés de rentrer dans le  
carcan des méthodes classiques (modèle linéaire, modèle  
linéaire généralisé, modèles mixtes).



# Avantage et inconvénient

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser  
presque ce qu'on veut*

\* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres  
(notamment MCMC), très souples mais aussi parfois lourds  
sur le plan numérique et difficiles à faire converger  
↳ meilleure compréhension de la structure  
probabiliste du modèle au détriment d'un temps de  
programmation plus long



# Historique

Statistiques :

- \* d'abord «Bayésiennes » (Bayes, Laplace), notion de probabilité inverse sur des cas simples
- \* puis fréquentistes (possibilité d'estimation sur des cas plus compliqués)
- \* aujourd'hui davantage de Bayésien (possibilité d'estimer des modèles encore plus variés).



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



## II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

Données/modèle issu de Jactel et al. (2012) *Global Change Biology* : **effets du stress hydrique sur les dégâts de ravageurs et pathogènes sur les arbres** :

Métrique de la MA (y): dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

Variables explicatives/modérateurs (x): intensité du stress, type de ravageur (primaire vs secondaire), l'organe touché (tronc vs feuille)





## II.1- Analyse Bayésienne du premier modèle

*Métrique de la MA (y):* dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

*Variable explicative/modérateur (x):* l'organe touché (tronc vs feuille)



## II.1- Analyse Bayésienne du premier modèle

```
> WBout.modref$summary
```

	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
● Intercept	0.3116017	0.10851468	0.0994440	0.238200	0.3116	0.383025	0.5275175	1.001540	2800
● CoefStem	-0.8934742	0.19399351	-1.2780250	-1.021000	-0.8925	-0.763500	-0.5155825	1.001217	5200
sd	0.5645043	0.07871662	0.4267975	0.509775	0.5591	0.613000	0.7331025	1.000876	9000
● var	0.3248613	0.09213497	0.1821950	0.259875	0.3126	0.375725	0.5374025	1.000876	9000
deviance	50.9059467	10.80977692	31.3100000	43.307500	50.4800	57.800000	73.6802500	1.001188	5600

➡ Les résultats sont cohérents avec ceux du modèle metafor fréquentiste

```
##
## Mixed-Effects Model (k = 60; tau^2 estimator: REML)
##
● ## tau^2 (estimated amount of residual heterogeneity):      0.3008 (SE = 0.0806)
## tau (square root of estimated tau^2 value):              0.5484
## I^2 (residual heterogeneity / unaccounted variability):  78.05%
## H^2 (unaccounted variability / sampling variability):     4.56
## R^2 (amount of heterogeneity accounted for):              33.97%
##
## Test for Residual Heterogeneity:
## QE(df = 58) = 240.4485, p-val < .0001
##
## Test of Moderators (coefficient(s) 2):
## QM(df = 1) = 22.6056, p-val < .0001
##
## Model Results:
##
##              estimate      se      zval      pval      ci.lb      ci.ub
● ## intrcpt          0.3090  0.1050   2.9430  0.0033   0.1032   0.5148   **
● ## OrganStem       -0.8886  0.1869  -4.7545 <.0001  -1.2550  -0.5223  ***
##
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

## II.2- Analyse Bayésienne du second modèle

*Métrique de la MA (y):* dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

*Variable explicative/modérateur (x):* interaction entre l'organe touché (tronc vs feuille) et l'intensité du stress hydrique

Code fréquentiste sous metafor:

```
model.inter <- rma(yi ~ Intensity * Organ, vi, data = data.organ)
```



# Code Bayésien du modèle sous WinBugs

```
model<-function()  
{  
  #partie "vraisemblance"  
    for (i in 1:N) {  
      #couche mesurée: métrique de Hedge  
      y[i]~dnorm(mu[i],taud[i])  
      #couche latente  
      mu[i]~dnorm(xb[i],tau)  
      #paramètres déterministes associés  
      xb[i]<-  
        Intercept+CoefIntensity*Intensity[i]+CoefStem*OrganStem[i]+CoefIntensityforStem*Intensity  
        [i]*OrganStem[i]  
      taud[i]<-1/vary[i]  
    }  
  # partie prior distributions  
    Intercept~ dnorm(0,1.0E-06)  
    CoefStem~ dnorm(0,1.0E-06)  
    CoefIntensity~ dnorm(0,1.0E-06)  
    CoefIntensityforStem~ dnorm(0,1.0E-06)  
  
    sd ~ dunif(0,100)  
    var <-( sd*sd)  
    tau <-1/var  
}
```

## II.2- Analyse du second modèle

```
> WBout.modinteraction$summary
```

	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
● Intercept	0.5465224	0.30234060	-0.04748175	0.347725	0.5455	0.742750	1.1431000	1.001076	8200
● CoefIntensity	-0.6820580	0.82529400	-2.32802500	-1.216000	-0.6823	-0.141475	0.9617500	1.001020	9000
● CoefStem	-1.3238433	0.49829649	-2.30402500	-1.653000	-1.3260	-0.993575	-0.3457900	1.000858	9000
● CoefIntensityforStem	1.4584429	1.66500099	-1.84922500	0.352425	1.4570	2.581250	4.7211750	1.000844	9000
sd	0.5687107	0.08262135	0.42619750	0.511200	0.5623	0.619600	0.7431075	1.001470	3100
var	0.3302582	0.09803010	0.18169500	0.261375	0.3162	0.383825	0.5522100	1.001470	3100
deviance	51.2967344	10.98158559	31.89000000	43.507500	50.5900	58.422500	74.6600000	1.001020	9000

➡ Les résultats sont aussi cohérents avec ceux de Jactel et al. (2012)

	b	se	pval	ci.lb	ci.ub
● intrcpt	0.54	0.30	0.068	-0.04	1.12
● Intensity	-0.67	0.80	0.402	-2.25	0.90
● OrganStem	-1.32	0.49	0.007	-2.28	-0.35
● Intensity:OrganStem	1.44	1.64	0.378	-1.77	4.65

## II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

### Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
- Tendence à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)

↗ pas mal de données  $\Rightarrow$  équivalence

asymptotique Bayésien-fréquentiste

↗ prise en compte complète de tous les

## II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

### Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
  - ↗ pas mal de données  $\Rightarrow$  équivalence asymptotique Bayésien-fréquentiste
- Tendance à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)

↗ prise en compte complète de tous les

## II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

### Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
  - ↗ pas mal de données  $\Rightarrow$  équivalence asymptotique Bayésien-fréquentiste
- Tendance à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)
  - ↗ prise en compte complète de tous les niveaux d'incertitude en Bayésien



### III- Analyse des modèles d'hier

On pourrait s'attendre à plus de différences entre modèles Bayésiens et fréquentistes « équivalents » si

- Il y avait moins de données ou les priors contenaient plus d' « information »
- il y avait plus de problèmes d'estimations des modèles dans un des formalismes (exemples: modèles non-linéaires avec des effets aléatoires; modèles avec dépendance spatiale)



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



# III- Extensions Bayésiennes

- L'un des intérêts du Bayésien est **sa souplesse pour l'écriture des modèles**
- Deux exemples proposés ci-dessous:
  - hétéroscédasticité
  - différentes formes d'hétérogénéité résiduelle



## III.1- 1ère Extension Bayésienne

- Reprise du modèle initial (modérateur Organe seul) et introduction d'une possibilité de variance différente suivant l'Organe étudié (tronc ou canopée)



```

model<-function()
{
#partie "vraisemblance"
  for (i in 1:N) {
    #couche mesurée: métrique de Hedge
    y[i]~dnorm(mu[i],taud[i])
    #couche latente
    mu[i]~dnorm(xb[i],tau[i])
    #paramètres déterministes associés
    xb[i]<-Intercept+CoefStem*OrganStem[i]
    tau[i]<-1/vary[i]
    tau[i]<-(1-OrganStem[i])* tau.crown + OrganStem[i]* tau.stem
  }

```

# partie prior distributions.

```

Intercept~ dnorm(0,1.0E-06)
CoefStem~ dnorm(0,1.0E-06)

```

```

sd.crown ~ dunif(0,100)
var.crown <-( sd.crown*sd.crown)
tau.crown <-1/var.crown
sd.stem ~ dunif(0,100)
var.stem <-( sd.stem*sd.stem)
tau.stem <-1/var.stem

```



## III.1- 1<sup>ère</sup> Extension Bayésienne

- Résultat: il y a peut-être un peu d'hétéroscédasticité...

```
> WBout.modref.heterosc$summary
```

	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
Intercept	0.3063668	0.10576779	0.0985555	0.2364	0.30640	0.376500	0.5142050	1.000894	9000
CoefStem	-0.8971304	0.21612681	-1.3340000	-1.0350	-0.89660	-0.751800	-0.4909975	1.000839	9000
● sd.crown	0.5395886	0.09155096	0.3834975	0.4746	0.53190	0.595225	0.7370200	1.001059	8800
var.crown	0.2995365	0.10402701	0.1470975	0.2253	0.28290	0.354300	0.5432300	1.001059	8800
● sd.stem	0.6822654	0.17420699	0.4067000	0.5596	0.66165	0.780325	1.0820500	1.001365	3800
var.stem	0.4958333	0.26714181	0.1654000	0.3132	0.43780	0.608950	1.1710749	1.001365	3800
deviance	50.7810089	11.04192446	30.8797500	42.9775	50.08500	57.960000	73.9600000	1.000974	9000

## III.1- 1<sup>ère</sup> Extension Bayésienne

- Résultat: ... mais cela a peu d'impacts sur les effets des modérateurs

```
> WBout.modref$summary
```

	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
● Intercept	0.3116017	0.10851468	0.0994440	0.238200	0.3116	0.383025	0.5275175	1.001540	2800
● CoefStem	-0.8934742	0.19399351	-1.2780250	-1.021000	-0.8925	-0.763500	-0.5155825	1.001217	5200
sd	0.5645043	0.07871662	0.4267975	0.509775	0.5591	0.613000	0.7331025	1.000876	9000
var	0.3248613	0.09213497	0.1821950	0.259875	0.3126	0.375725	0.5374025	1.000876	9000
deviance	50.9059467	10.80977692	31.3100000	43.307500	50.4800	57.800000	73.6802500	1.001188	5600

```
> WBout.modref.heterosc$summary
```

	mean	sd	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Rhat	n.eff
● Intercept	0.3063668	0.10576779	0.0985555	0.2364	0.30640	0.376500	0.5142050	1.000894	9000
● CoefStem	-0.8971304	0.21612681	-1.3340000	-1.0350	-0.89660	-0.751800	-0.4909975	1.000839	9000
sd.crown	0.5395886	0.09155096	0.3834975	0.4746	0.53190	0.595225	0.7370200	1.001059	8800
var.crown	0.2995365	0.10402701	0.1470975	0.2253	0.28290	0.354300	0.5432300	1.001059	8800
sd.stem	0.6822654	0.17420699	0.4067000	0.5596	0.66165	0.780325	1.0820500	1.001365	3800
var.stem	0.4958333	0.26714181	0.1654000	0.3132	0.43780	0.608950	1.1710749	1.001365	3800
deviance	50.7810089	11.04192446	30.8797500	42.9775	50.08500	57.960000	73.9600000	1.000974	9000



## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Données/modèle issu de Langridge et al. (In Prep) : effets de l'arrêt d'exploitation en forêt sur la richesse spécifique de différents groupes « taxonomiques » :

Métrique de la MA (y): richesse spécifique plus exploité vs toujours exploité (métrique log response ratio)

Variables explicatives/modérateurs (x): règne taxonomique (Plantes, Animaux, Champignons), durée depuis l'arrêt d'exploitation (TSA.UNM) \* précipitations annuelles (Prec)





## III.2- 2<sup>nde</sup> Extension Bayésienne

Caractéristiques de cette méta-analyse avant modélisation :

- attention particulière portée à la **pseudo-réplication** des études => études pseudo-répliquées non prises en compte
- attention aux données ne remplissant pas les critères de Lajeunesse (2015) Ecology pour que le **log-response ratio ait un comportement « maîtrisé »**.



## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Extension du modèle classique d'hétérogénéité résiduelle :

$$\begin{aligned} y[i] &\sim \text{dnorm}(\mu[i], \text{var}[i]) \\ \mu[i] &\sim \text{dnorm}(\text{xb}[i], \text{extravar}) \end{aligned}$$

Équivalent à :

*NB: notation gaussienne  
avec variance comme  
second paramètre*

$$y[i] \sim \text{dnorm}(\text{xb}[i], \text{var}[i] + \text{extravar})$$

Donnée: Métrique  
moyenne de la MA

Donnée: métrique  
variance MA

Estimé: modélisation de  
la moyenne

Estimé: variance résiduelle  
supplémentaire  
(« hétérogénéité  
résiduelle »)

## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Extension du modèle classique d'hétérogénéité résiduelle :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(xb[i], \text{var}[i] + \text{extravar})$$

- ↳ Ici l'hétérogénéité résiduelle a la forme d'une **addition de variance**
- ↳ **Notion d'hétérogénéité résiduelle additive (c'est la forme a priori exclusive en méta-analyse en écologie)**



## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Autre forme possible d'hétérogénéité résiduelle :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(xb[i], \text{var}[i] * \text{extradisp})$$

↳ Ici l'hétérogénéité résiduelle a la forme d'une **multiplication des variances « observées »** par une dispersion supplémentaire

↳ Notion d'hétérogénéité résiduelle **multiplicative**

e.g. Mawdsley et al. (2017) *Research Synthesis Methods*



## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Meilleur modèle (par validation croisée 10-fold) dépend de la forme d'hétérogénéité résiduelle :

	CV.ELPD	$\Delta$ CV.ELPD
Modèle Règne _ hétérogénéité multiplicative	<b>-160,2263</b>	<b>0</b>
Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité multiplicative	-160,55155	-0,3252516
Modèle Règne _ hétérogénéité additive	-164,036745	-3,81044864
Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité additive	<b>-163,728594</b>	<b>-3,50229828</b>

Meilleur modèle diffère  
suivant la forme  
d'hétérogénéité résiduelle

*Hétérogénéité résiduelle  
multiplicative : meilleure  
capacité prédictive  
qu'additive*

## III.2- 2<sup>nd</sup>e Extension Bayésienne

Modèle Règne \_ hétérogénéité multiplicative :

	Mean	SD	2.5%	25%	50%	75%	97.5%
coefSilv.KingdomAnimals	0.0559	0.0702	-0.08560	0.0100	0.0567	0.103	0.1910
coefSilv.KingdomFungi	0.1240	0.0634	-0.00119	0.0814	0.1240	0.167	0.2480
<b>coefSilv.KingdomPlants</b>	<b>-0.1500</b>	<b>0.0502</b>	<b>-0.24900</b>	<b>-0.1830</b>	<b>-0.1510</b>	<b>-0.118</b>	<b>-0.0499</b>
sd	2.0200	0.5470	1.11000	1.6300	1.9600	2.330	3.2700
sdPublizone	0.1370	0.0344	0.07700	0.1130	0.1340	0.158	0.2140

Modèle Règne+TAS\*PREC \_ hétérogénéité multiplicative:

	Mean	SD	2.5%	25%	50%	75%	97.5%
coefSilv.KingdomAnimals	0.0902	0.0792	-0.07070	0.03850	0.0914	0.1430	0.24100
<b>coefSilv.KingdomFungi</b>	<b>0.1630</b>	<b>0.0750</b>	<b>0.01530</b>	<b>0.11300</b>	<b>0.1630</b>	<b>0.2130</b>	<b>0.31000</b>
<b>coefSilv.KingdomPlants</b>	<b>-0.1130</b>	<b>0.0564</b>	<b>-0.22100</b>	<b>-0.15200</b>	<b>-0.1150</b>	<b>-0.0768</b>	<b>0.00217</b>
coefSilv.scale(TSA.UNM)	0.0231	0.0398	-0.05340	-0.00417	0.0230	0.0496	0.10300
coefSilv.scale(Prec)	0.0565	0.0643	-0.06960	0.01400	0.0557	0.0984	0.18300
<b>coefSilv.scale(TSA.UNM) : scale(Prec)</b>	<b>0.1130</b>	<b>0.0573</b>	<b>0.00126</b>	<b>0.07520</b>	<b>0.1130</b>	<b>0.1510</b>	<b>0.22800</b>
sd	1.8000	0.5170	0.95300	1.43000	1.7400	2.1000	2.98000
sdPublizone	0.1550	0.0365	0.09180	0.13000	0.1510	0.1760	0.23500



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusions



## IV- Conclusions

\* Le cadre Bayésien a un coût (pour la méta-analyse comme pour le reste) :

- demande plus de temps de mise en œuvre sur le plan numérique (codage, temps de calcul, convergence...)
- suivant le contenu et la complexité des modèles, différentes librairies R Bayésiennes fonctionneront plus ou moins bien (ex: jags, Nimble, Greta, Stan)
- la librairie R `runMCMC_btadjust` (à venir) simplifie certains de ces points pour jags, Nimble & Greta.





## IV- Conclusions

- \* Le cadre Bayésien est adapté pour la méta-analyse :
  - très souple pour la formulation du modèle : **permet de nombreuses extensions là où le cadre « metafor » est davantage contraint**
  - peut permettre de mieux comprendre ce qu'on fait
  - permet de mieux intégrer les différents niveaux d'incertitude
  - permet d'inclure dans l'analyse des connaissances « extérieures » (connaissances préalables...) à l'analyse

Schmid & Mengersen (2013) in: *Handbook of Meta-analysis in Ecology & Evolution*



## IV- Conclusions

- \* Le cadre Bayésien est adapté pour la méta-analyse :
  - cadre un peu plus naturel pour la critique des modèles
- que le cadre fréquentiste avec des outils comme la sampled posterior p-value (Gosselin 2011, Plos One)
- permet aussi la comparaison de modèles avec différents outils

