

Introduction à la modélisation statistique bayésienne

Un cours en R, Stan, et brms

Ladislav Nalborczyk (LPC, LNC, CNRS, Aix-Marseille Univ)

Planning

Cours n°01 : Introduction à l'inférence bayésienne

Cours n°02 : Modèle Beta-Binomial

Cours n°03 : Introduction à brms, modèle de régression linéaire

Cours n°04 : Modèle de régression linéaire (suite)

Cours n°05 : Markov Chain Monte Carlo

Cours n°06 : Modèle linéaire généralisé

Cours n°07 : Comparaison de modèles

Cours n°08 : Modèles multi-niveaux

Cours n°09 : Modèles multi-niveaux généralisés

Cours n°10 : Data Hackathon



Rappels

On considère un modèle de régression linéaire gaussien avec un prédicteur continu. Ce modèle contient trois paramètres à estimer : l'intercept α , la pente β , et l'écart-type des "résidus" σ .

$$y_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta x_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(100, 10)$$

$$\beta \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$



Rappels

Ce modèle s'implémente simplement via `brms::brm()`.

```
1 library(brms)
2
3 priors <- c(
4   prior(normal(100, 10), class = Intercept),
5   prior(normal(0, 10), class = b),
6   prior(exponential(0.01), class = sigma)
7 )
8
9 model <- brm(
10   y ~ 1 + x,
11   family = gaussian(),
12   prior = priors,
13   data = df
14 )
```



Régression multiple

On va étendre le modèle précédent en ajoutant plusieurs prédicteurs, continus et/ou catégoriels.
Pourquoi ?

- “Contrôle” des facteurs de confusion (e.g., [spurious correlations](#), [simpson's paradox](#)). Un facteur de confusion est un facteur (une variable aléatoire) qui “perturbe” l’association entre deux variables d’intérêts.
- Multiples causes : un phénomène peut émerger sous l’influence de multiples causes.
- Interactions : l’influence d’un prédicteur sur la variable observée peut dépendre de la valeur d’un autre prédicteur.



Associations fortuites

```
1 library(tidyverse)
2 library(imsb)
3
4 df1 <- open_data(waffle) # import des données dans une dataframe
5 str(df1) # affiche la structure des données
```

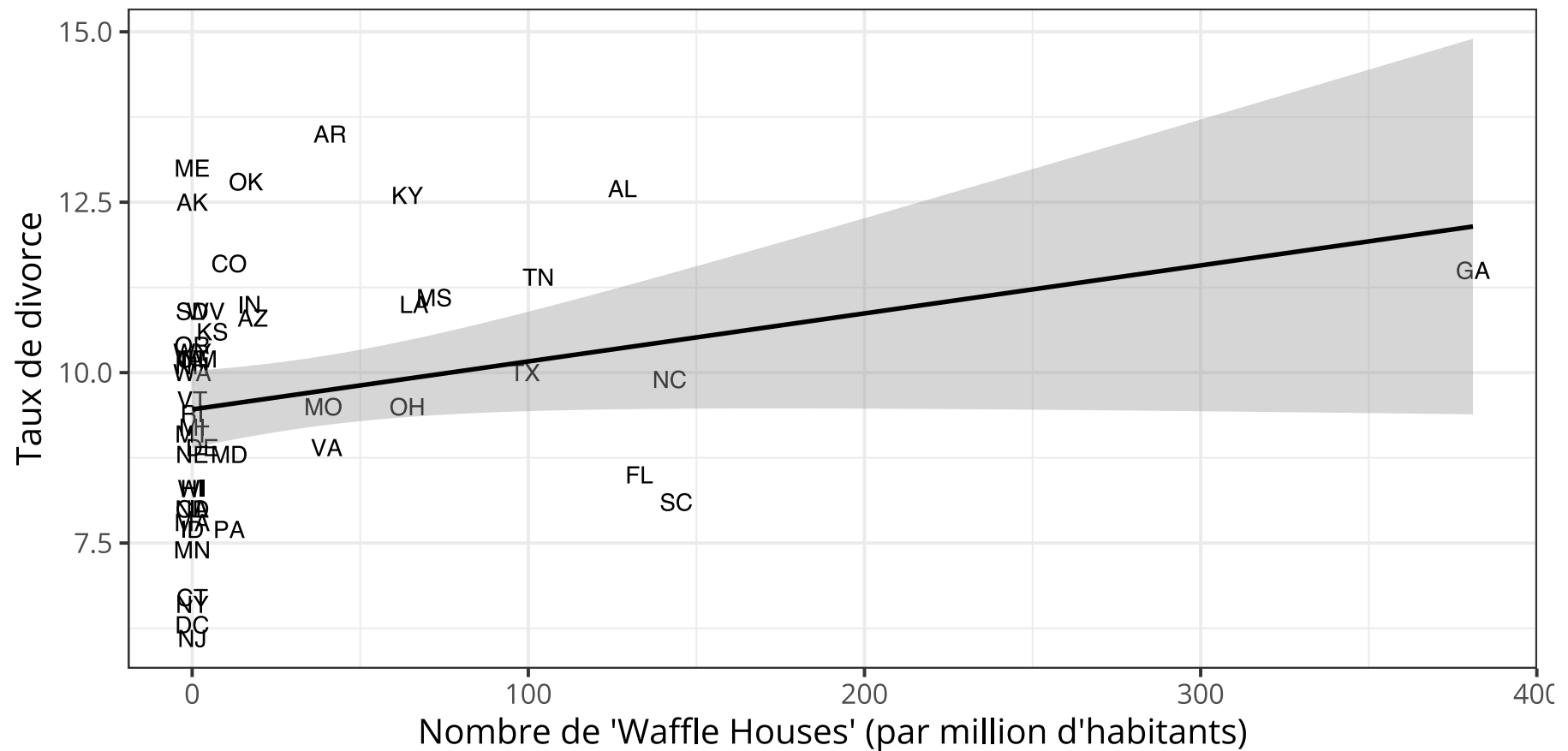
```
'data.frame':  50 obs. of  13 variables:
 $ Location      : chr  "Alabama" "Alaska" "Arizona" "Arkansas" ...
 $ Loc           : chr  "AL" "AK" "AZ" "AR" ...
 $ Population    : num  4.78 0.71 6.33 2.92 37.25 ...
 $ MedianAgeMarriage: num  25.3 25.2 25.8 24.3 26.8 25.7 27.6 26.6 29.7 26.4 ...
 $ Marriage       : num  20.2 26 20.3 26.4 19.1 23.5 17.1 23.1 17.7 17 ...
 $ Marriage.SE    : num  1.27 2.93 0.98 1.7 0.39 1.24 1.06 2.89 2.53 0.58 ...
 $ Divorce       : num  12.7 12.5 10.8 13.5 8 11.6 6.7 8.9 6.3 8.5 ...
 $ Divorce.SE    : num  0.79 2.05 0.74 1.22 0.24 0.94 0.77 1.39 1.89 0.32 ...
 $ WaffleHouses  : int   128 0 18 41 0 11 0 3 0 133 ...
 $ South         : int    1 0 0 1 0 0 0 0 0 1 ...
 $ Slaves1860    : int  435080 0 0 111115 0 0 0 1798 0 61745 ...
 $ Population1860: int  964201 0 0 435450 379994 34277 460147 112216 75080 140424 ...
 $ PropSlaves1860: num    0.45 0 0 0.26 0 0 0 0.016 0 0.44 ...
```



Associations fortuites

On observe un lien positif entre le nombre de “waffle houses” et le taux de divorce...

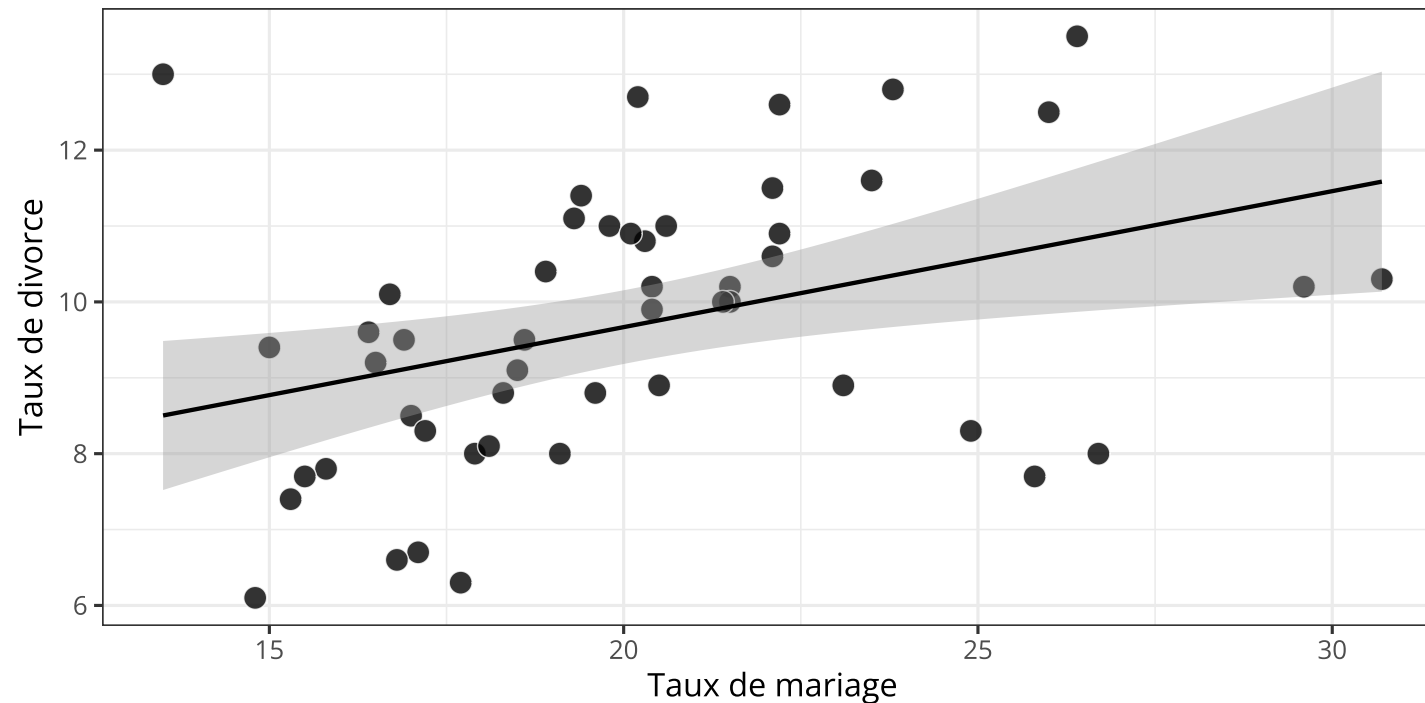
```
1 df1 %>%
2   ggplot(aes(x = WaffleHouses, y = Divorce) ) +
3   geom_text(aes(label = Loc) ) +
4   geom_smooth(method = "lm", color = "black", se = TRUE) +
5   labs(x = "Nombre de 'Waffle Houses' (par million d'habitants)", y = "Taux de divorce")
```



Associations fortuites

On laisse de côté les Waffle Houses. On observe un lien positif entre le taux de mariage et le taux de divorce... mais est-ce qu'on peut vraiment dire que le mariage "cause" le divorce ?

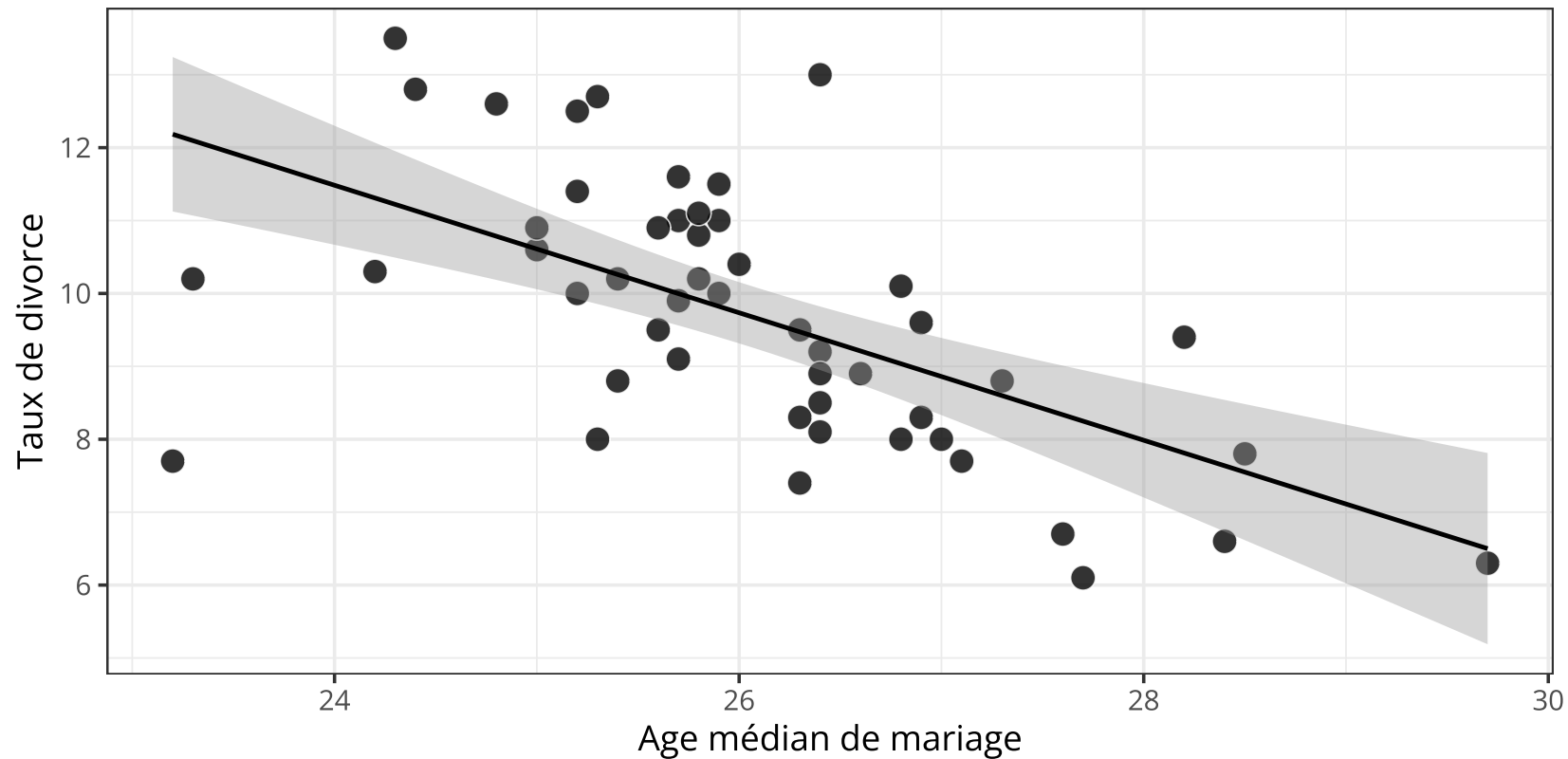
```
1 df1$Divorce.s <- scale(x = df1$Divorce, center = TRUE, scale = TRUE)
2 df1$Marriage.s <- scale(x = df1$Marriage, center = TRUE, scale = TRUE)
3
4 df1 %>%
5   ggplot(aes(x = Marriage, y = Divorce) ) +
6   geom_point(pch = 21, color = "white", fill = "black", size = 5, alpha = 0.8) +
7   geom_smooth(method = "lm", color = "black", se = TRUE) +
8   labs(x = "Taux de mariage", y = "Taux de divorce")
```



Associations fortuites

On observe l'association inverse entre le taux de divorce et l'âge médian de mariage.

```
1 df1$MedianAgeMarriage.s <- scale(x = df1$MedianAgeMarriage, center = TRUE, scale = TRUE)
2
3 df1 %>%
4   ggplot(aes(x = MedianAgeMarriage, y = Divorce) ) +
5   geom_point(pch = 21, color = "white", fill = "black", size = 5, alpha = 0.8) +
6   geom_smooth(method = "lm", color = "black", se = TRUE) +
7   labs(x = "Age médian de mariage", y = "Taux de divorce")
```



Influence du taux de mariage

$$D_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_R R_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\beta_R \sim \text{Normal}(0, 1)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(1)$$

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 1), class = b),  
4   prior(exponential(1), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod1 <- brm(  
8   Divorce.s ~ 1 + Marriage.s,  
9   family = gaussian(),  
10  prior = priors,  
11  # for prior predictive checking  
12  sample_prior = TRUE,  
13  data = df1  
14 )
```



Prior predictive checking

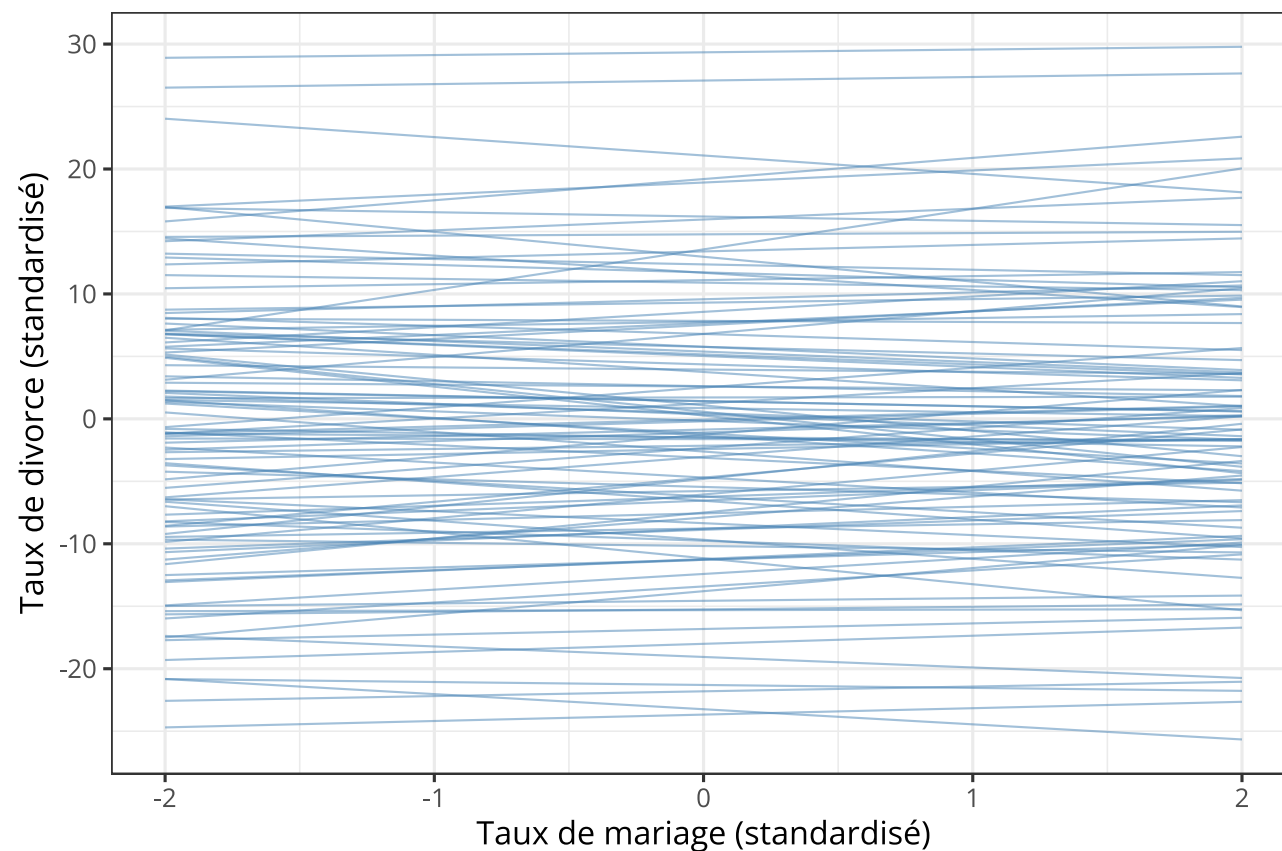
```
1 # getting the samples from the prior distribution
2 prior <- prior_samples(mod1)
3
4 # displaying the first six samples
5 head(prior)
```

	Intercept	b	sigma
1	5.8734540	0.2766970	0.06269174
2	-8.8591351	-0.9349592	0.49543238
3	1.9761783	-1.6145878	2.12140464
4	0.1877263	0.1496973	0.64570339
5	-4.8094311	0.2054807	1.23730704
6	2.4771607	-1.4171604	1.02461502



Prior predictions

```
1 prior %>%  
2   sample_n(size = 1e2) %>%  
3   rownames_to_column("draw") %>%  
4   expand(nesting(draw, Intercept, b), a = c(-2, 2) ) %>%  
5   mutate(d = Intercept + b * a) %>%  
6   ggplot(aes(x = a, y = d)) +  
7   geom_line(aes(group = draw), color = "steelblue", size = 0.5, alpha = 0.5) +  
8   labs(x = "Taux de mariage (standardisé)", y = "Taux de divorce (standardisé)")
```



Influence du taux de mariage

```
1 summary(mod1)
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: Divorce.s ~ 1 + Marriage.s
Data: dfl (Number of observations: 50)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000
```

Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	-0.00	0.14	-0.27	0.27	1.00	3639	2762
Marriage.s	0.37	0.13	0.11	0.63	1.00	3892	2840

Family Specific Parameters:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	0.95	0.10	0.79	1.17	1.00	3733	2865

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).

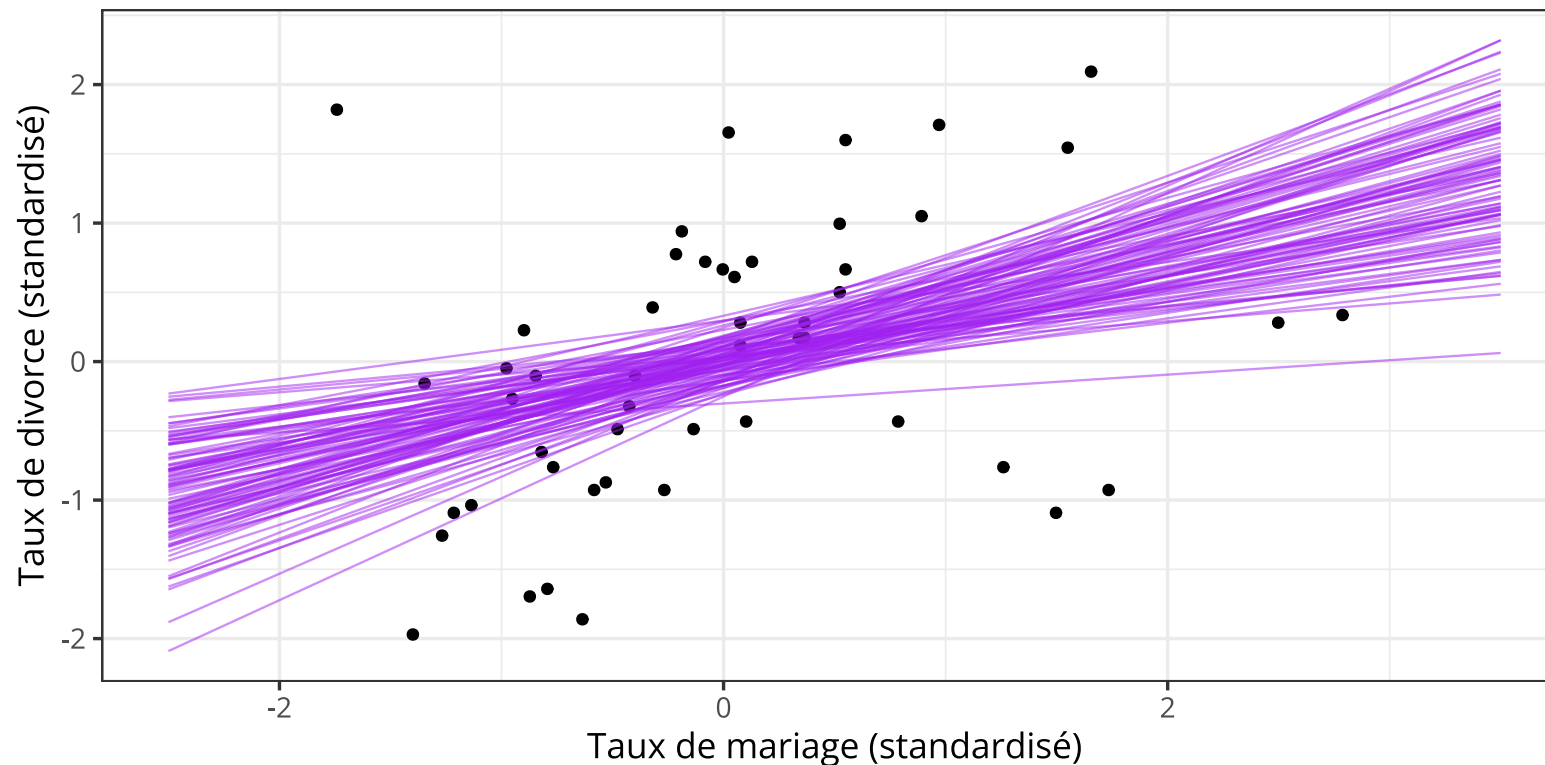


Posterior predictions

```

1 nd <- data.frame(Marriage.s = seq(from = -2.5, to = 3.5, length.out = 1e2) )
2
3 as_draws_df(x = mod1, pars = "^b_") %>%
4   sample_n(size = 1e2) %>%
5   expand(nesting(.draw, b_Intercept, b_Marriage.s), a = c(-2.5, 3.5) ) %>%
6   mutate(d = b_Intercept + b_Marriage.s * a) %>%
7   ggplot(aes(x = a, y = d) ) +
8   geom_point(data = df1, aes(x = Marriage.s, y = Divorce.s), size = 2) +
9   geom_line(aes(group = .draw), color = "purple", size = 0.5, alpha = 0.5) +
10  labs(x = "Taux de mariage (standardisé)", y = "Taux de divorce (standardisé)")

```



Influence de l'âge médian de mariage

$$D_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_A A_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\beta_A \sim \text{Normal}(0, 1)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(1)$$

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 1), class = b),  
4   prior(exponential(1), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod2 <- brm(  
8   Divorce.s ~ 1 + MedianAgeMarriage.s,  
9   family = gaussian(),  
10  prior = priors,  
11  data = df1  
12 )
```



Influence de l'âge médian de mariage

```
1 summary(mod2)
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: Divorce.s ~ 1 + MedianAgeMarriage.s
Data: dfl (Number of observations: 50)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000

Population-Level Effects:
              Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
Intercept          0.00     0.12   -0.22    0.23  1.00     3738     2971
MedianAgeMarriage.s -0.59     0.11   -0.82   -0.37  1.00     3941     2653

Family Specific Parameters:
              Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
sigma          0.83      0.09    0.68    1.01  1.00     3369     2604

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```

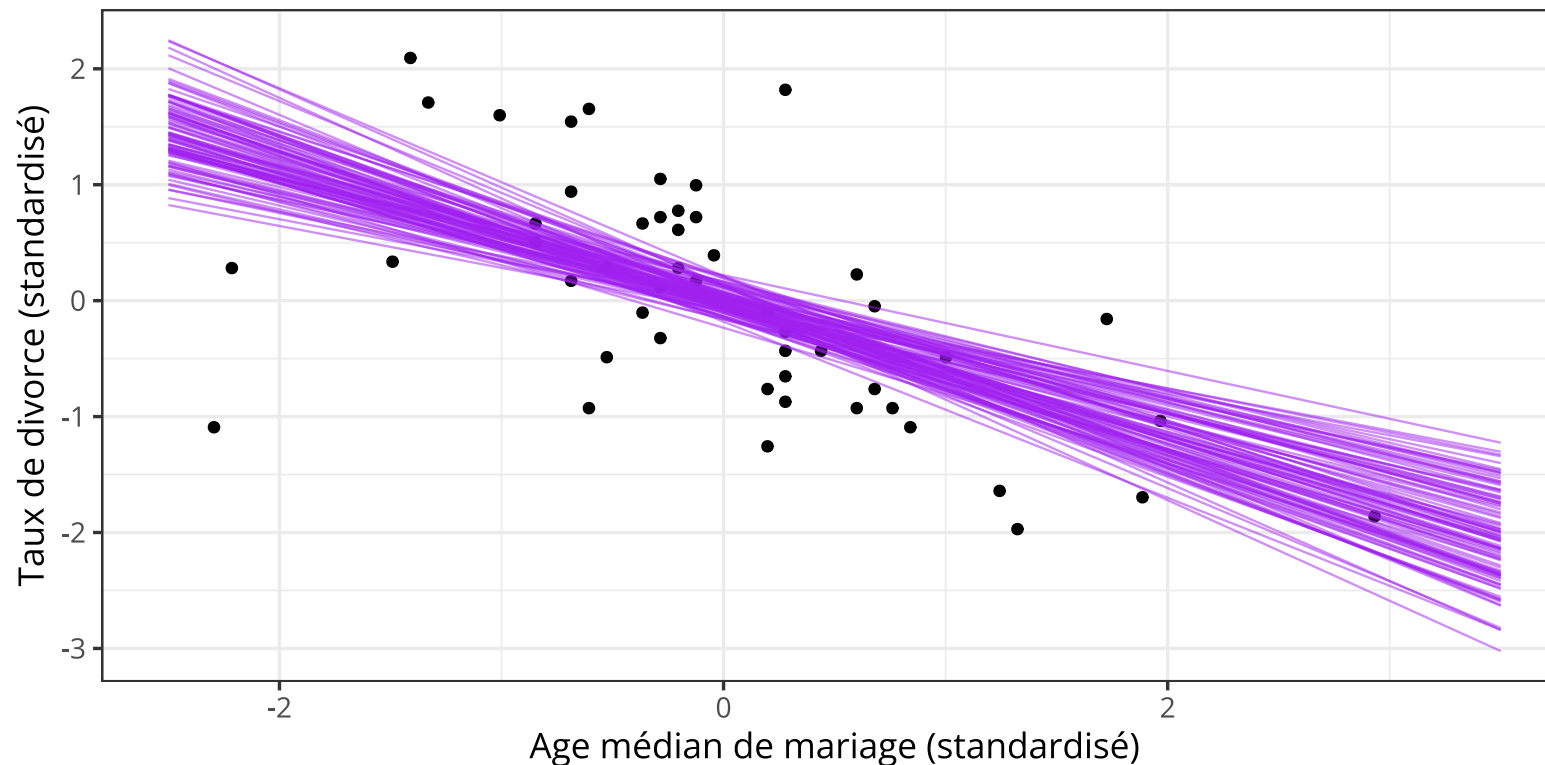


Posterior predictions

```

1 nd <- data.frame(MedianAgeMarriage.s = seq(from = -3, to = 3.5, length.out = 1e2) )
2
3 as_draws_df(x = mod2, pars = "^b_") %>%
4   sample_n(size = 1e2) %>%
5   expand(nesting(.draw, b_Intercept, b_MedianAgeMarriage.s), a = c(-2.5, 3.5) ) %>%
6   mutate(d = b_Intercept + b_MedianAgeMarriage.s * a) %>%
7   ggplot(aes(x = a, y = d) ) +
8   geom_point(data = df1, aes(x = MedianAgeMarriage.s, y = Divorce.s), size = 2) +
9   geom_line(aes(group = .draw), color = "purple", size = 0.5, alpha = 0.5) +
10  labs(x = "Age médian de mariage (standardisé)", y = "Taux de divorce (standardisé)")

```



Régression multiple

Quelle est la valeur prédictive d'une variable, une fois que je connais tous les autres prédicteurs ?

$$D_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_R R_i + \beta_A A_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\beta_R, \beta_A \sim \text{Normal}(0, 1)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(1)$$

Ce modèle répond à deux questions :

- Une fois connu le taux de mariage, quelle valeur ajoutée apporte la connaissance de l'âge médian de mariage ?
- Une fois connu l'âge médian de mariage, quelle valeur ajoutée apporte la connaissance du taux de mariage ?



Régression multiple

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 1), class = b),  
4   prior(exponential(1), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod3 <- brm(  
8   Divorce.s ~ 1 + Marriage.s + MedianAgeMarriage.s,  
9   family = gaussian(),  
10  prior = priors,  
11  data = df1  
12 )
```



Régression multiple

Interprétation : Une fois qu'on connaît l'âge median de mariage dans un état, connaître le taux de mariage de cet état n'apporte pas vraiment d'information supplémentaire...

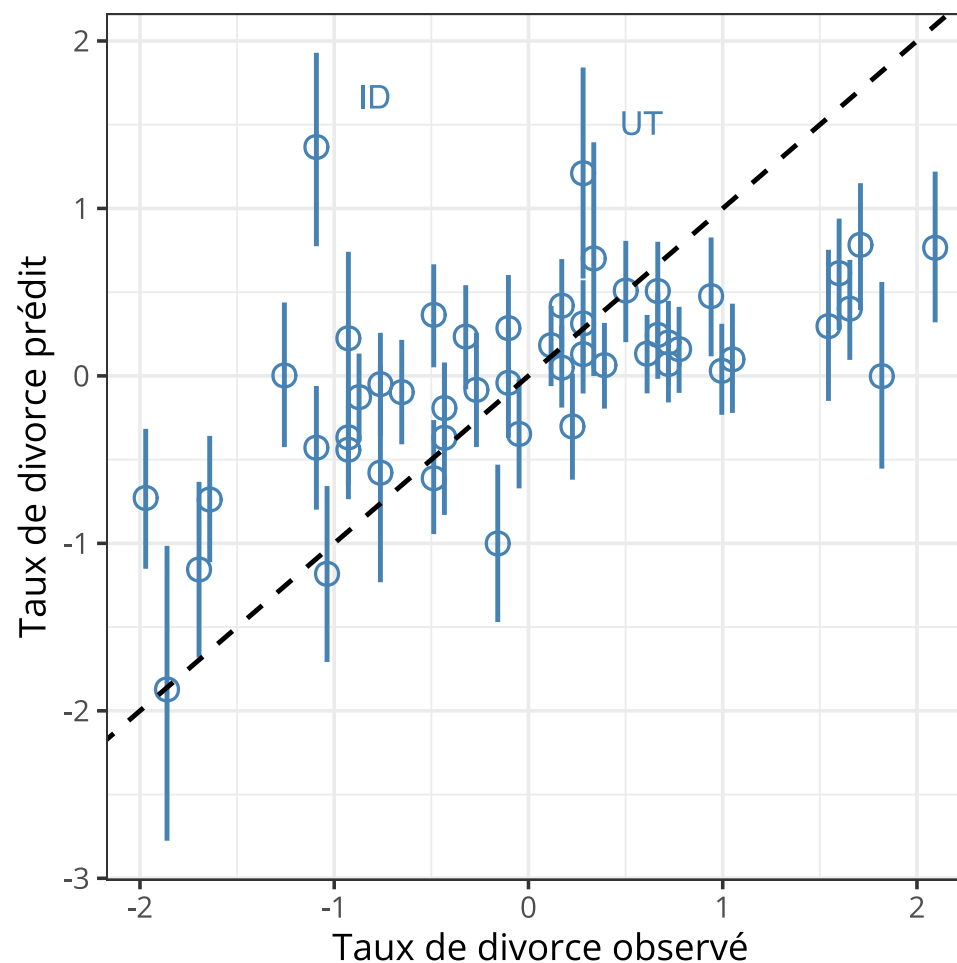
```
1 posterior_summary(mod3, pars = "^b_")
```

	Estimate	Est.Error	Q2.5	Q97.5
b_Intercept	0.002390096	0.1161689	-0.2257375	0.2323724
b_Marriage.s	-0.103279872	0.1694472	-0.4388055	0.2303094
b_MedianAgeMarriage.s	-0.661856270	0.1692931	-0.9946967	-0.3299188



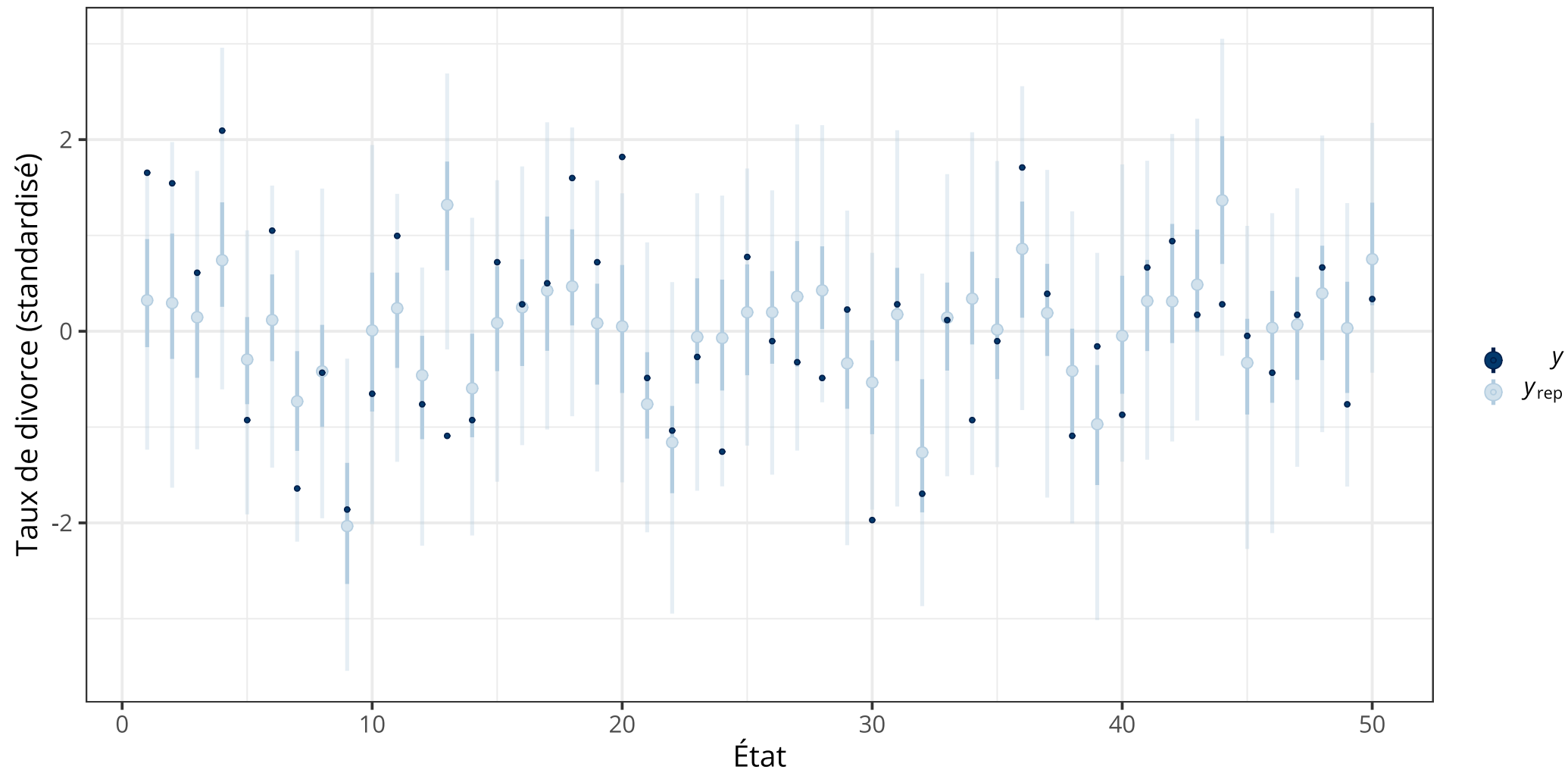
Visualiser les prédictions du modèle

En plus de l'interprétation des paramètres, il est important d'évaluer les prédictions du modèle en les comparant aux données observées. Cela nous permet de savoir si le modèle rend bien compte des données et (surtout) où est-ce que le modèle échoue. On peut comparer le taux de divorce observé dans chaque état au taux de divorce prédit par notre modèle (la ligne diagonale représente une prédiction parfaite).

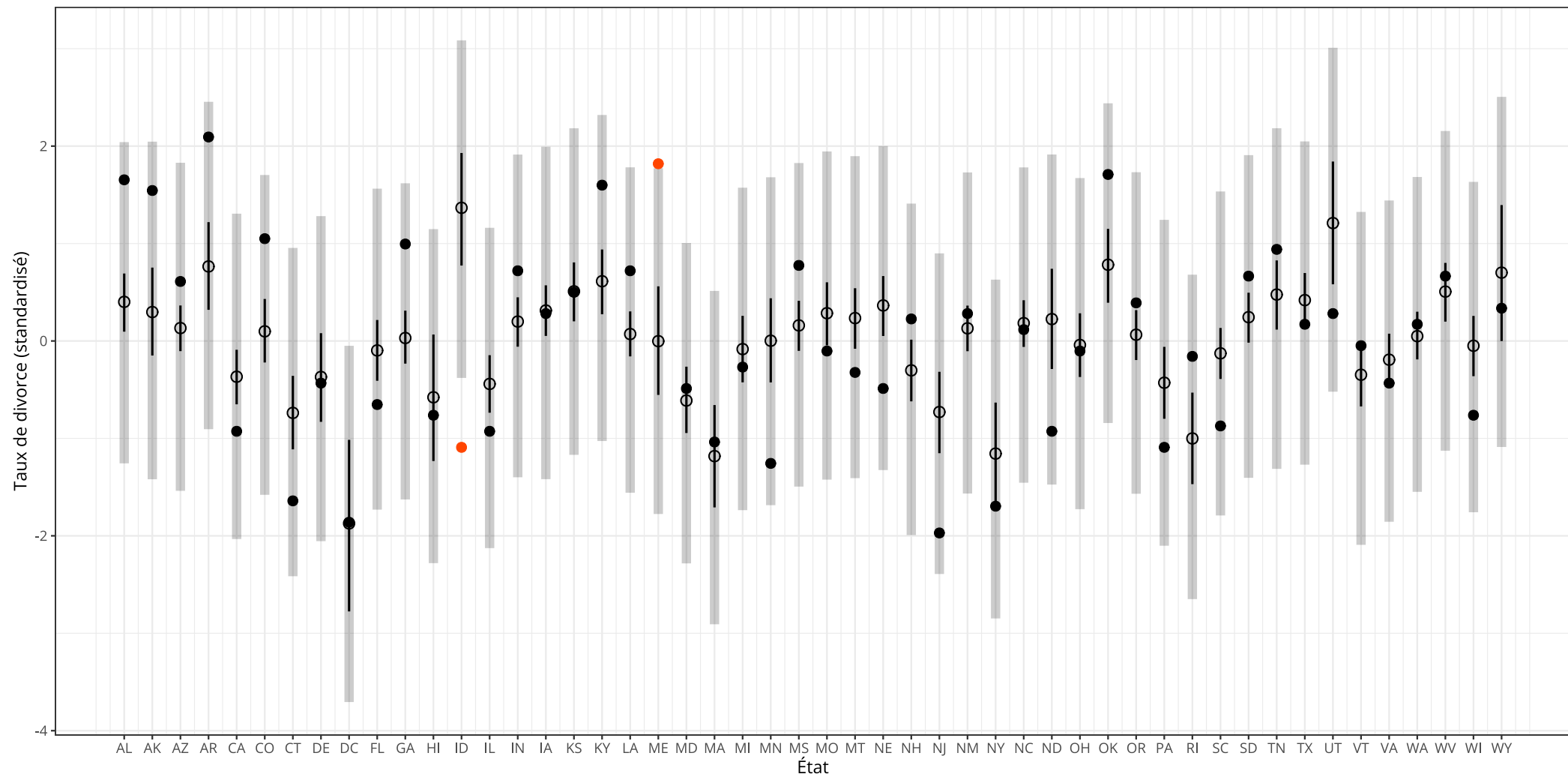


Visualiser les prédictions du modèle

```
1 pp_check(mod3, type = "intervals", ndraws = 1e2, prob = 0.5, prob_outer = 0.95) +  
2   labs(x = "État", y = "Taux de divorce (standardisé)")
```



Visualiser les prédictions du modèle



Toujours plus de prédicteurs

Pourquoi ne pas simplement construire un modèle incluant tous les prédicteurs et regarder ce qu'il se passe ?

- Raison n°1 : Multicolinéarité
- Raison n°2 : Post-treatment bias
- Raison n°3 : Overfitting (cf. Cours n°07)



Multicolinéarité

Situation dans laquelle certains prédicteurs sont très fortement corrélés. Par exemple, essayons de prédire la taille d'un individu par la taille de ses jambes.

```
1 set.seed(666) # afin de pouvoir reproduire les résultats
2
3 N <- 100 # nombre d'individus
4 height <- rnorm(n = N, mean = 178, sd = 10) # génère N observations
5 leg_prop <- runif(n = N, min = 0.4, max = 0.5) # taille des jambes (proportion taille totale)
6 leg_left <- leg_prop * height + rnorm(n = N, mean = 0, sd = 1) # taille jambe gauche (+ erreur)
7 leg_right <- leg_prop * height + rnorm(n = N, mean = 0, sd = 1) # taille jambe droite (+ erreur)
8 df2 <- data.frame(height, leg_left, leg_right) # création d'une dataframe
9
10 head(df2) # affiche les six première lignes
```

	height	leg_left	leg_right
1	185.5331	75.92846	76.92202
2	198.1435	84.11099	86.25709
3	174.4487	70.25378	70.37146
4	198.2817	86.82322	86.28113
5	155.8313	75.84092	78.42467
6	185.5840	86.41507	85.08914



Multicolinéarité

On fit un modèle avec deux prédicteurs : un pour la taille de chaque jambe.

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(178, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 10), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod4 <- brm(  
8   height ~ 1 + leg_left + leg_right,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df2  
12 )
```



Multicolinéarité

Les estimations semblent étranges... mais le modèle ne fait que répondre à la question qu'on lui pose :
Une fois que je connais la taille de la jambe gauche, quelle est la valeur prédictive de la taille de la jambe droite (et vice versa) ?

```
1 summary(mod4) # look at the SE...
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: height ~ 1 + leg_left + leg_right
Data: df2 (Number of observations: 100)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000

Population-Level Effects:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
Intercept    101.09     9.85   81.81  120.39 1.00   4384   2750
leg_left       0.70     0.59   -0.41    1.84 1.00   1799   2190
leg_right      0.25     0.60   -0.91    1.40 1.00   1851   2097

Family Specific Parameters:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
sigma       8.27     0.61    7.18    9.57 1.00   2654   2224

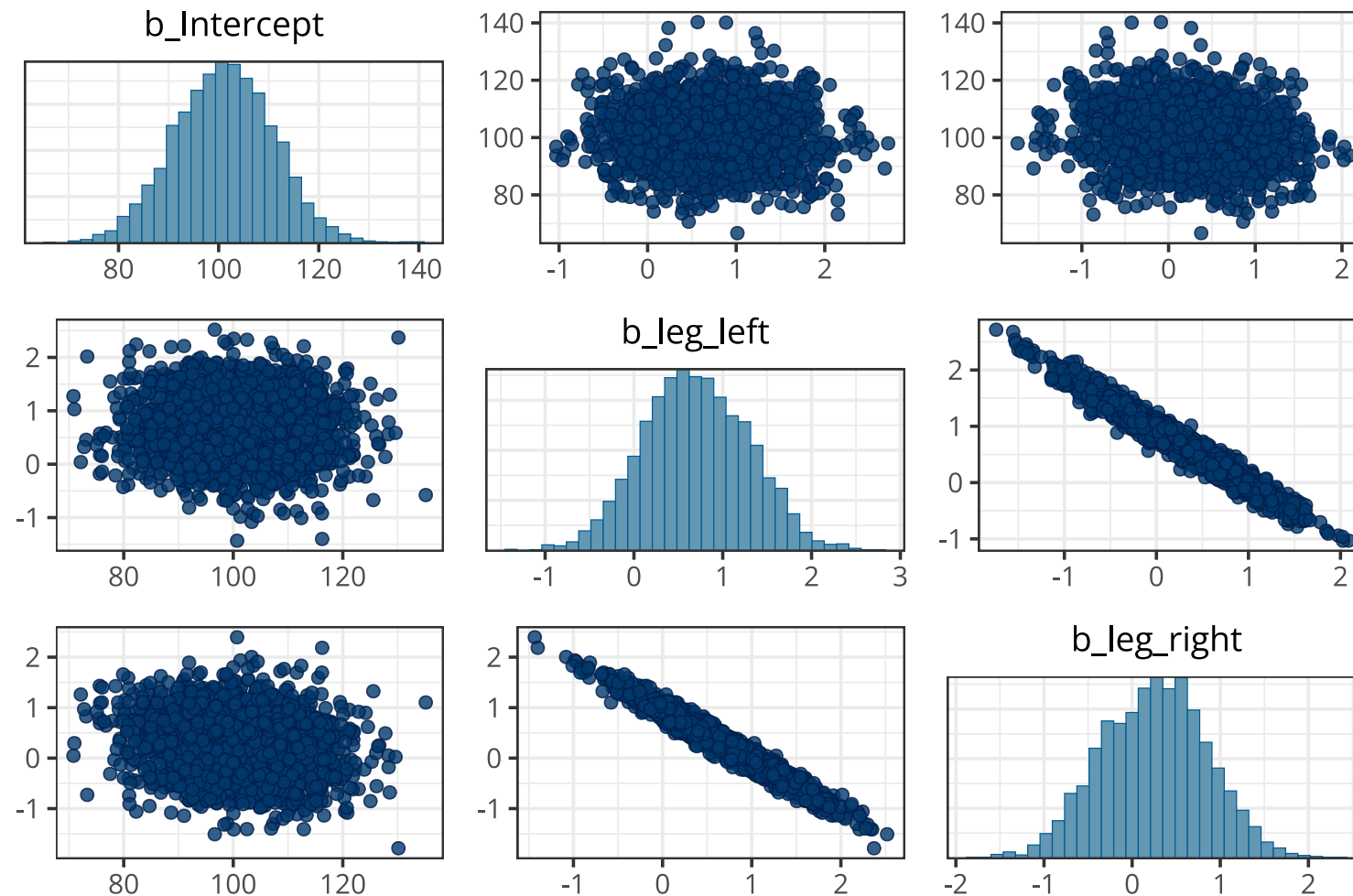
Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```



Multicolinéarité

Comment traquer la colinéarité de deux prédicteurs ? On peut examiner la distribution postérieure de ces deux paramètres.

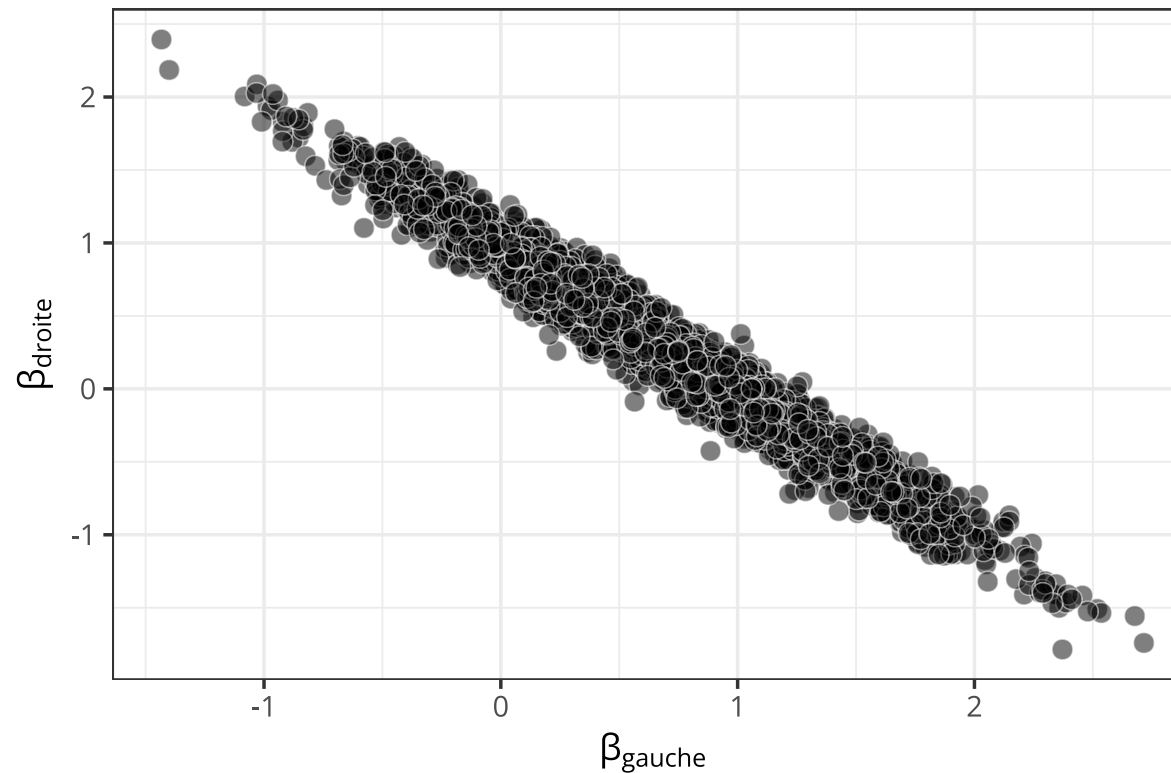
```
1 pairs(mod4, pars = parnames(mod4)[1:3])
```



Multicolinéarité

Comment traquer la colinéarité de deux prédicteurs ? On peut examiner la distribution postérieure de ces deux paramètres.

```
1 post <- as_draws_df(x = mod4)
2
3 post %>%
4   ggplot(aes(x = b_leg_left, y = b_leg_right)) +
5   geom_point(pch = 21, size = 4, color = "white", fill = "black", alpha = 0.5) +
6   labs(x = expression(beta[gauche]), y = expression(beta[droite]))
```



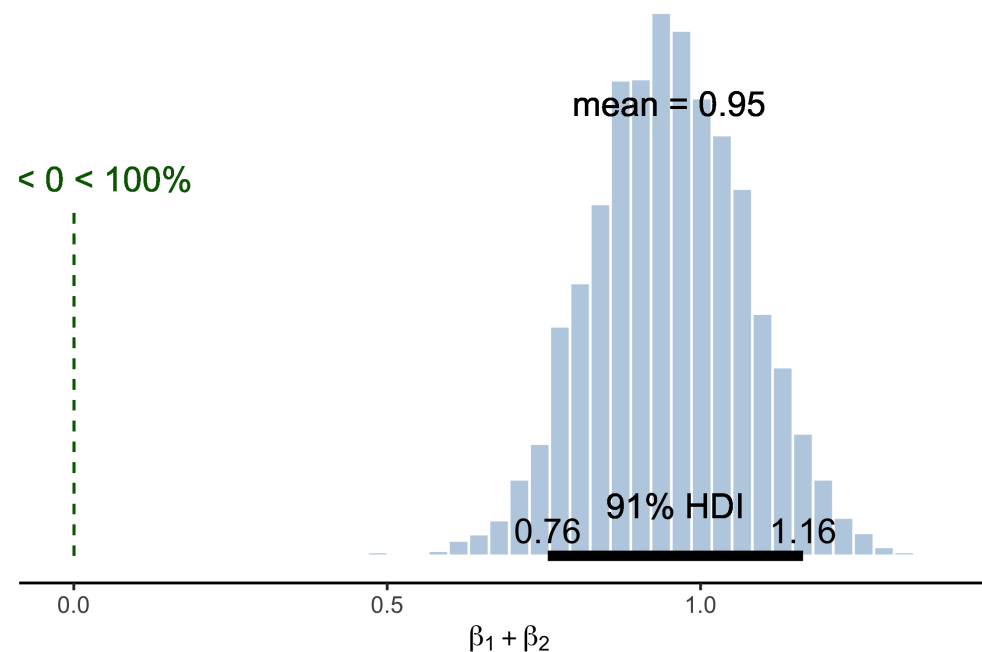
Multicolinéarité

Lorsqu'on inclut deux prédicteurs qui contiennent presque exactement la même information dans un modèle, c'est comme si on incluait deux fois le même prédicteur x_i . Du point de vue du modèle, les deux pentes ne sont pas dissociables, ils agissent sur le même prédicteur. C'est comme si on avait fitté le modèle suivant :

$$y_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + (\beta_1 + \beta_2)x_i$$

```
1 sum_legs <- post$b_leg_left + post$b_leg_right
2 posterior_plot(samples = sum_legs, compval = 0) + labs(x = expression(beta[1] + beta[2]))
```



Multicolinéarité

On crée un nouveau modèle avec seulement une jambe.

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(178, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 10), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod5 <- brm(  
8   height ~ 1 + leg_left,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df2  
12 )
```



Régression multiple

En utilisant comme prédicteur une seule jambe, on retrouve l'estimation qui correspondait à la somme des deux pentes dans le modèle précédent.

```
1 posterior_summary(mod5)
```

	Estimate	Est.Error	Q2.5	Q97.5
b_Intercept	101.8605751	9.696873207	82.5347342	120.732679
b_leg_left	0.9391071	0.120387246	0.7017779	1.178855
sigma	8.2347568	0.608468941	7.1587824	9.509749
lprior	-11.1407152	0.009965081	-11.1643132	-11.126440
lp__	-360.8516620	1.253797407	-364.0393715	-359.440774

Conclusion : Lorsque deux variables sont fortement corrélées (conditionnellement aux autres variables du modèle), les inclure toutes les deux dans un même modèle de régression peut produire des estimations aberrantes.



Post-treatment bias

Problèmes qui arrivent lorsqu'on inclut des prédicteurs qui sont eux-mêmes définis directement ou indirectement par d'autres prédicteurs inclus dans le modèle.

Supposons par exemple qu'on s'intéresse à la pousse des plantes en serre. On voudrait savoir quel traitement permettant de réduire la présence de champignons améliore la pousse des plantes.

On commence donc par planter et laisser germer des graines, mesurer la taille initiale des pousses, puis appliquer différents traitements.

Enfin, on mesure à la fin de l'expérience la taille finale de chaque plante et la présence de champignons.



Post-treatment bias

```

1 # nombre de plantes
2 N <- 100
3
4 # on simule différentes tailles à l'origine
5 h0 <- rnorm(n = N, mean = 10, sd = 2)
6
7 # on assigne différents traitements et on
8 # simule la présence de fungus et la pousse des plantes
9 treatment <- rep(x = 0:1, each = N / 2)
10 fungus <- rbinom(n = N, size = 1, prob = 0.5 - treatment * 0.4)
11 h1 <- h0 + rnorm(n = N, mean = 5 - 3 * fungus)
12
13 # on rassemble les données dans une dataframe
14 df3 <- data.frame(h0, h1, treatment, fungus)
15
16 # on affiche les six premières lignes
17 head(df3)

```

	h0	h1	treatment	fungus
1	8.842591	13.820383	0	0
2	5.094913	7.844256	0	1
3	9.423155	10.763637	0	1
4	13.008697	17.141846	0	0
5	11.566223	17.161368	0	0
6	9.520248	16.648277	0	0



Post-treatment bias

$$h_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_1 h0_i + \beta_2 T_i + \beta_3 F_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\beta_1, \beta_2, \beta_3 \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 10), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod6 <- brm(  
8   h1 ~ 1 + h0 + treatment + fungus,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df3  
12 )
```



Post-treatment bias

On remarque que l'effet du traitement est négligeable. La présence des champignons (**fungus**) est une conséquence de l'application du **treatment**. On demande au modèle si le traitement a une influence sachant que la plante a (ou n'a pas) développé de champignons...

```
1 posterior_summary(mod6)
```

	Estimate	Est.Error	Q2.5	Q97.5
b_Intercept	4.32289232	0.49119965	3.3691446	5.2828338
b_h0	1.07389161	0.04402179	0.9874015	1.1581437
b_treatment	-0.08794191	0.19699560	-0.4853146	0.3081456
b_fungus	-2.64533143	0.22875460	-3.0913774	-2.1776099
sigma	0.91150440	0.06653265	0.7933060	1.0523592
lprior	-18.59996634	0.01443303	-18.6296282	-18.5712757
lp__	-150.63975547	1.64034492	-154.6316308	-148.5302365



Post-treatment bias

Nous nous intéressons plutôt à l'influence du traitement sur la pousse. Il suffit de fitter un modèle sans la variable **fungus**. Remarque : il fait sens de prendre en compte h_0 , la taille initiale, car les différences de taille initiale pourraient masquer l'effet du traitement.

```
1 mod7 <- brm(  
2   h1 ~ 1 + h0 + treatment,  
3   prior = priors,  
4   family = gaussian,  
5   data = df3  
6   )
```

Note : on pourrait également utiliser la méthode **update()**.

```
1 mod7 <- update(mod6, formula = h1 ~ 1 + h0 + treatment)
```



Post-treatment bias

```
1 summary(mod7)
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: h1 ~ 1 + h0 + treatment
Data: df3 (Number of observations: 100)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000

Population-Level Effects:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
Intercept    2.24     0.70   0.80   3.59 1.00    4401    3233
h0           1.17     0.07   1.04   1.31 1.00    4277    3165
treatment     0.74     0.28   0.19   1.29 1.00    4764    3296

Family Specific Parameters:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
sigma     1.42     0.10   1.24   1.63 1.00    4106    2988

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```

L'influence du traitement est maintenant forte et positive.



Prédicteurs catégoriels

```
1 df4 <- open_data(howell1)
2 str(df4)
```

```
'data.frame':  544 obs. of  4 variables:
 $ height: num  152 140 137 157 145 ...
 $ weight: num  47.8 36.5 31.9 53 41.3 ...
 $ age   : num  63 63 65 41 51 35 32 27 19 54 ...
 $ male  : int   1 0 0 1 0 1 0 1 0 1 ...
```

Le sexe est codé comme une **dummy variable**, c'est à dire une variable où chaque modalité est représentée soit par 0 soit par 1. On peut imaginer que cette nouvelle variable **active** le paramètre uniquement pour la catégorie codée 1, et le **désactive** pour la catégorie codée 0.



Prédicteurs catégoriels

$$h_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_m m_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(178, 20)$$

$$\beta_m \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(178, 20), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 10), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod8 <- brm(  
8   height ~ 1 + male,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df4  
12 )
```



Prédicteurs catégoriels

L'intercept α représente la taille moyenne des femmes, car $\mu_i = \alpha + \beta_m(m_i = 0) = \alpha$.

```
1 fixef(mod8) # retrieves fixed effects
```

	Estimate	Est.Error	Q2.5	Q97.5
Intercept	134.995853	1.613690	131.821575	138.19525
male	7.261489	2.302763	2.763581	11.76059

La pente β nous indique la différence de taille moyenne entre les hommes et les femmes. Pour obtenir la taille moyenne des hommes, il suffit donc d'ajouter α et β , car $\mu_i = \alpha + \beta_m(m_i = 1) = \alpha + \beta_m$.

```
1 post <- as_draws_df(x = mod8)
2 mu.male <- post$b_Intercept + post$b_male
3 quantile(x = mu.male, probs = c(0.025, 0.5, 0.975) )
```

2.5%	50%	97.5%
139.0340	142.2233	145.5671



Prédicteurs catégoriels

Au lieu d'utiliser un paramètre pour la différence entre les deux catégories, on pourrait estimer un paramètre par catégorie...

$$h_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha_f(1 - m_i) + \alpha_h m_i$$

Cette formulation est strictement équivalente à la précédente car :

$$\mu_i = \alpha_f(1 - m_i) + \alpha_h m_i$$

$$= \alpha_f + (\alpha_m - \alpha_f)m_i$$

où $(\alpha_m - \alpha_f)$ est égal à la différence entre la moyenne des hommes et la moyenne des femmes (i.e., β_m).



Prédicteurs catégoriels

```
1 # on crée une nouvelle colonne pour les femmes
2 df4 <- df4 %>% mutate(female = 1 - male)
3
4 priors <- c(
5   # il n'y a plus d'intercept dans ce modèle
6   # prior(normal(178, 100), class = Intercept),
7   prior(normal(178, 20), class = b),
8   prior(exponential(0.01), class = sigma)
9 )
10
11 mod9 <- brm(
12   height ~ 0 + female + male,
13   prior = priors,
14   family = gaussian,
15   data = df4
16 )
```



Prédicteurs catégoriels

```
1 summary(mod9)
```



```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: height ~ 0 + female + male
Data: df4 (Number of observations: 544)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000
```

Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
female	134.92	1.61	131.73	138.11	1.00	3964	3144
male	142.58	1.73	139.24	145.94	1.00	3727	2726

Family Specific Parameters:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	27.42	0.84	25.84	29.10	1.00	4586	2886

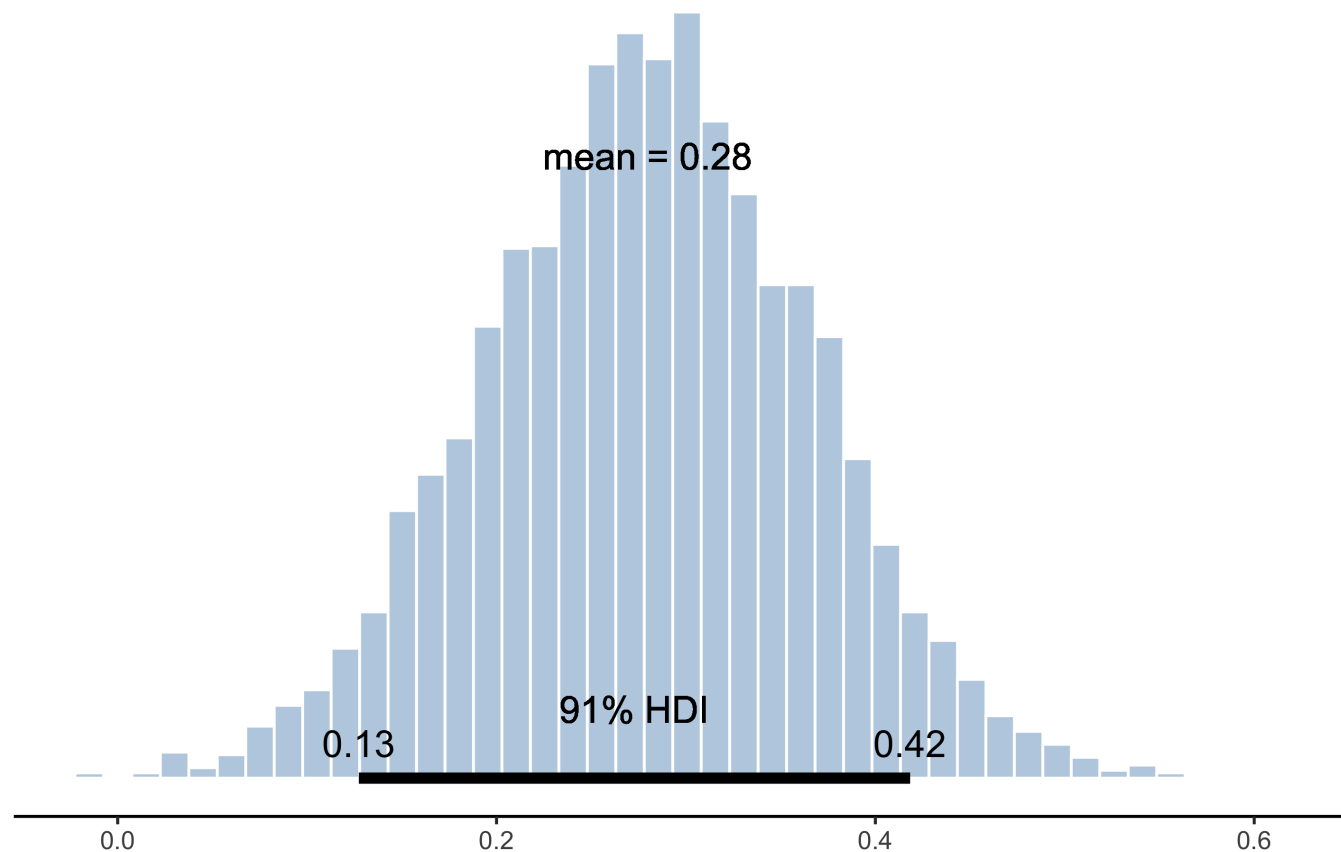
Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).



Prédicteurs catégoriels

$$\text{Cohen's } d = \frac{\text{différence de moyennes}}{\text{écart-type}}$$

```
1 post <- as_draws_df(x = mod9)
2
3 posterior_plot(samples = (post$b_male - post$b_female) / post$sigma) +
4   labs(x = expression(delta))
```



Prédicteurs catégoriels

Nombre de catégories ≥ 3 .

```
1 df5 <- open_data(milk)
2 str(df5)
```

```
'data.frame':  29 obs. of  8 variables:
 $ clade      : chr  "Strepsirrhine" "Strepsirrhine" "Strepsirrhine" "Strepsirrhine" ...
 $ species    : chr  "Eulemur fulvus" "E macaco" "E mongoz" "E rubriventer" ...
 $ kcal.per.g : num  0.49 0.51 0.46 0.48 0.6 0.47 0.56 0.89 0.91 0.92 ...
 $ perc.fat   : num  16.6 19.3 14.1 14.9 27.3 ...
 $ perc.protein : num  15.4 16.9 16.9 13.2 19.5 ...
 $ perc.lactose : num  68 63.8 69 71.9 53.2 ...
 $ mass       : num  1.95 2.09 2.51 1.62 2.19 5.25 5.37 2.51 0.71 0.68 ...
 $ neocortex.perc: num  55.2 NA NA NA NA ...
```

Règle : pour k catégories, nous aurons besoin de $k - 1$ dummy variables. Pas la peine de créer une variable pour **ape**, qui sera notre intercept.

```
1 df5$clade.NWM <- ifelse(df5$clade == "New World Monkey", 1, 0)
2 df5$clade.OWM <- ifelse(df5$clade == "Old World Monkey", 1, 0)
3 df5$clade.S <- ifelse(df5$clade == "Strepsirrhine", 1, 0)
```



Prédicteurs catégoriels

$$k_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_{NWM}NWM_i + \beta_{OWM}OWM_i + \beta_S S_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(0.6, 10)$$

$$\beta_{NWM}, \beta_{OWM}, \beta_S \sim \text{Normal}(0, 1)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$

Category	NWM_i	OWM_i	S_i	μ_i
Ape	0	0	0	$\mu_i = \alpha$
New World monkey	1	0	0	$\mu_i = \alpha + \beta_{NWM}$
Old World monkey	0	1	0	$\mu_i = \alpha + \beta_{OWM}$
Strepsirrhine	0	0	1	$\mu_i = \alpha + \beta_S$



Prédicteurs catégoriels

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0.6, 10), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 1), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod10 <- brm(  
8   kcal.per.g ~ 1 + clade.NWM + clade.OWM + clade.S,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df5  
12 )
```



Prédicteurs catégoriels

```
1 summary(mod10)
```



```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: kcal.per.g ~ 1 + clade.NWM + clade.OWM + clade.S
Data: df5 (Number of observations: 29)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000

Population-Level Effects:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
Intercept    0.55     0.04   0.46   0.63 1.00    3283    2606
clade.NWM     0.17     0.06   0.04   0.29 1.00    3340    2561
clade.OWM     0.24     0.07   0.10   0.37 1.00    3397    2943
clade.S     -0.04     0.07  -0.18   0.11 1.00    3400    2890

Family Specific Parameters:
      Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
sigma     0.13     0.02   0.10   0.18 1.00    3226    2843

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```



Prédicteurs catégoriels

```





1 # retrieves posterior samples
2 post <- as_draws_df(x = mod10)
3
4 # retrieves posterior samples for each category
5 mu.ape <- post$b_Intercept
6 mu.NWM <- post$b_Intercept + post$b_clade.NWM
7 mu.OWM <- post$b_Intercept + post$b_clade.OWM
8 mu.S <- post$b_Intercept + post$b_clade.S

```

```

1 # displays a summary of the posterior samples
2 rethinking::precis(data.frame(mu.ape, mu.NWM, mu.OWM, mu.S), prob = 0.95)

```

	mean	sd	2.5%	97.5%	histogram
mu.ape	0.5472530	0.04416200	0.4632161	0.6345129	
mu.NWM	0.7145580	0.04381130	0.6283760	0.8001637	
mu.OWM	0.7866443	0.05449798	0.6804187	0.8938789	
mu.S	0.5092347	0.05951719	0.3911451	0.6296908	



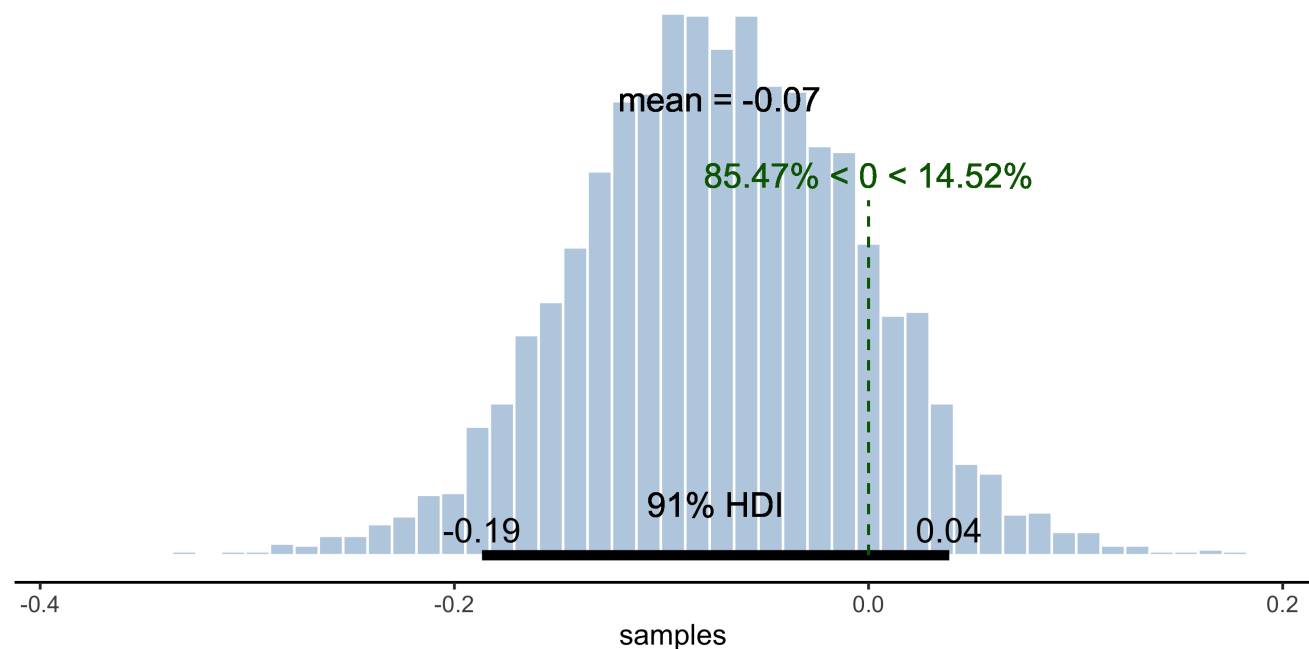
Prédicteurs catégoriels

Si on s'intéresse à la différence entre deux groupes, on peut calculer la distribution postérieure de cette différence.

```
1 diff.NWM.OWM <- mu.NWM - mu.OWM
2 quantile(diff.NWM.OWM, probs = c(0.025, 0.5, 0.975) )
```

```
      2.5%      50%      97.5%
-0.20781665 -0.07280640  0.05937144
```

```
1 posterior_plot(samples = diff.NWM.OWM, compval = 0)
```



Prédicteurs catégoriels

Une autre manière de considérer les variables catégorielles consiste à construire un vecteur d'intercepts, avec un intercept par catégorie.

$$k_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha_{\text{clade}[i]}$$

$$\alpha_{\text{clade}[i]} \sim \text{Normal}(0.6, 10)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$



Prédicteurs catégoriels

Comme on a vu avec l'exemple du sexe, **brms** “comprend” automatiquement que c’est ce qu’on veut faire lorsqu’on fit un modèle sans intercept et avec un prédicteur catégoriel (codé en facteur).

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0.6, 10), class = b),  
3   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
4 )  
5  
6 mod11 <- brm(  
7   # modèle sans intercept avec seulement un prédicteur catégoriel (facteur)  
8   kcal.per.g ~ 0 + clade,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df5  
12 )
```



Prédicteurs catégoriels

```
1 summary(mod11)
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: kcal.per.g ~ 0 + clade
Data: df5 (Number of observations: 29)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000

Population-Level Effects:
              Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
cladeApe          0.54      0.04    0.46    0.63 1.00    4789    2503
cladeNewWorldMonkey 0.72      0.04    0.63    0.81 1.00    5125    2714
cladeOldWorldMonkey 0.79      0.05    0.69    0.89 1.00    4834    2979
cladeStrepsirrhine  0.51      0.06    0.40    0.63 1.00    4667    2685

Family Specific Parameters:
              Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS Tail_ESS
sigma          0.13      0.02    0.10    0.17 1.00    3367    3005

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```



Interaction

Jusque maintenant, les prédicteurs du modèle entretenaient des relations mutuellement indépendantes. Et si nous souhaitions que ces relations soient **conditionnelles**, ou **dépendantes** les unes des autres ?

Par exemple : on s'intéresse à la pousse des tulipes selon la quantité de lumière reçue et l'humidité du sol. Il se pourrait que la relation entre quantité de lumière reçue et pousse des tulipes soit différente selon l'humidité du sol. En d'autres termes, il se pourrait que la relation entre quantité de lumière reçue et pousse des tulipe soit **conditionnelle** à l'humidité du sol...



Interaction

```
1 df6 <- open_data(tulips)
2 head(df6, 10)
```

	bed	water	shade	blooms
1	a	1	1	0.00
2	a	1	2	0.00
3	a	1	3	111.04
4	a	2	1	183.47
5	a	2	2	59.16
6	a	2	3	76.75
7	a	3	1	224.97
8	a	3	2	83.77
9	a	3	3	134.95
10	b	1	1	80.10



Interaction

Modèle sans interaction :

$$B_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$
$$\mu_i = \alpha + \beta_W W_i + \beta_S S_i$$

Modèle avec interaction :

$$B_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$
$$\mu_i = \alpha + \beta_W W_i + \beta_S S_i + \beta_{WS} W_i S_i$$

On centre les prédicteurs (pour faciliter l'interprétation des paramètres).

```
1 df6$shade.c <- df6$shade - mean(df6$shade)
2 df6$water.c <- df6$water - mean(df6$water)
```



Interaction

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(130, 100), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 100), class = b),  
4   prior(exponential(0.01), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod12 <- brm(  
8   blooms ~ 1 + water.c + shade.c,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = df6  
12 )
```

```
1 mod13 <- brm(  
2   blooms ~ 1 + water.c * shade.c,  
3   # equivalent to blooms ~ 1 + water.c + shade.c + water.c:shade.c  
4   prior = priors,  
5   family = gaussian,  
6   data = df6  
7 )
```



Interaction

On compare les estimations des deux modèles.

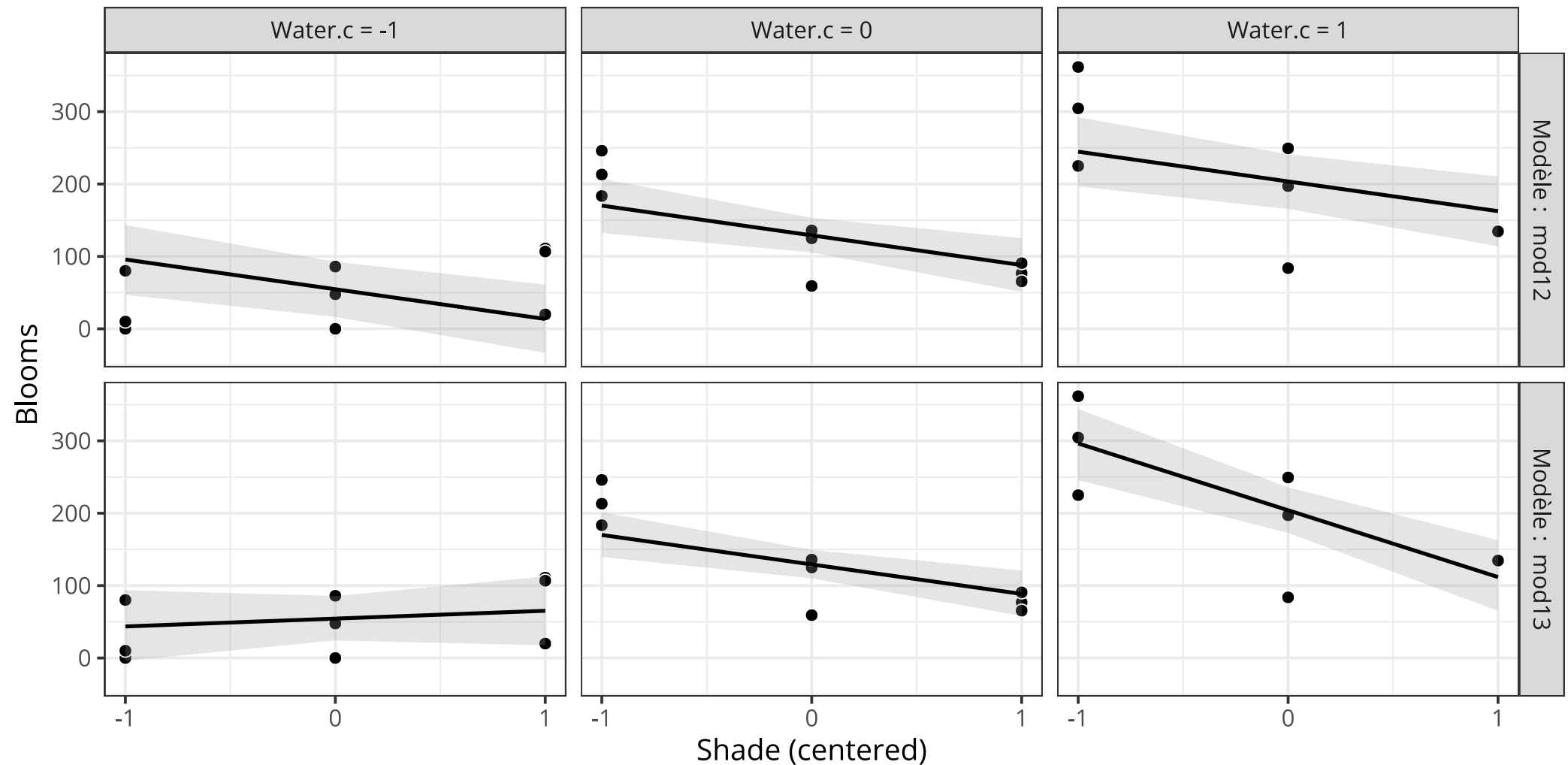
	term	mod12	mod13
1	b_Intercept	129.12581	129.24273
2	b_water.c	74.47215	74.84815
3	b_shade.c	-41.06619	-40.72284
4	sigma	63.28024	51.15140
5	lprior	-22.20149	-27.73942
6	b_water.c:shade.c	NA	-51.55219

- L'intercept α représente la valeur attendue de **blooms** quand **water** et **shade** sont à 0 (i.e., la moyenne générale de la variable dépendante).
- La pente β_W nous donne la valeur attendue de changement de **blooms** quand **water** augmente d'une unité et **shade** est à sa valeur moyenne. On voit qu'augmenter la quantité d'eau est très bénéfique.
- La pente β_S nous donne la valeur attendue de changement de **blooms** quand **shade** augmente d'une unité et **water** est à sa valeur moyenne. On voit qu'augmenter la "quantité d'ombre" (diminuer l'exposition à la lumière) est plutôt délétère.
- La pente β_{WS} nous renseigne sur l'effet attendu de **water** sur **blooms** quand **shade** augmente d'une unité (et réciproquement).



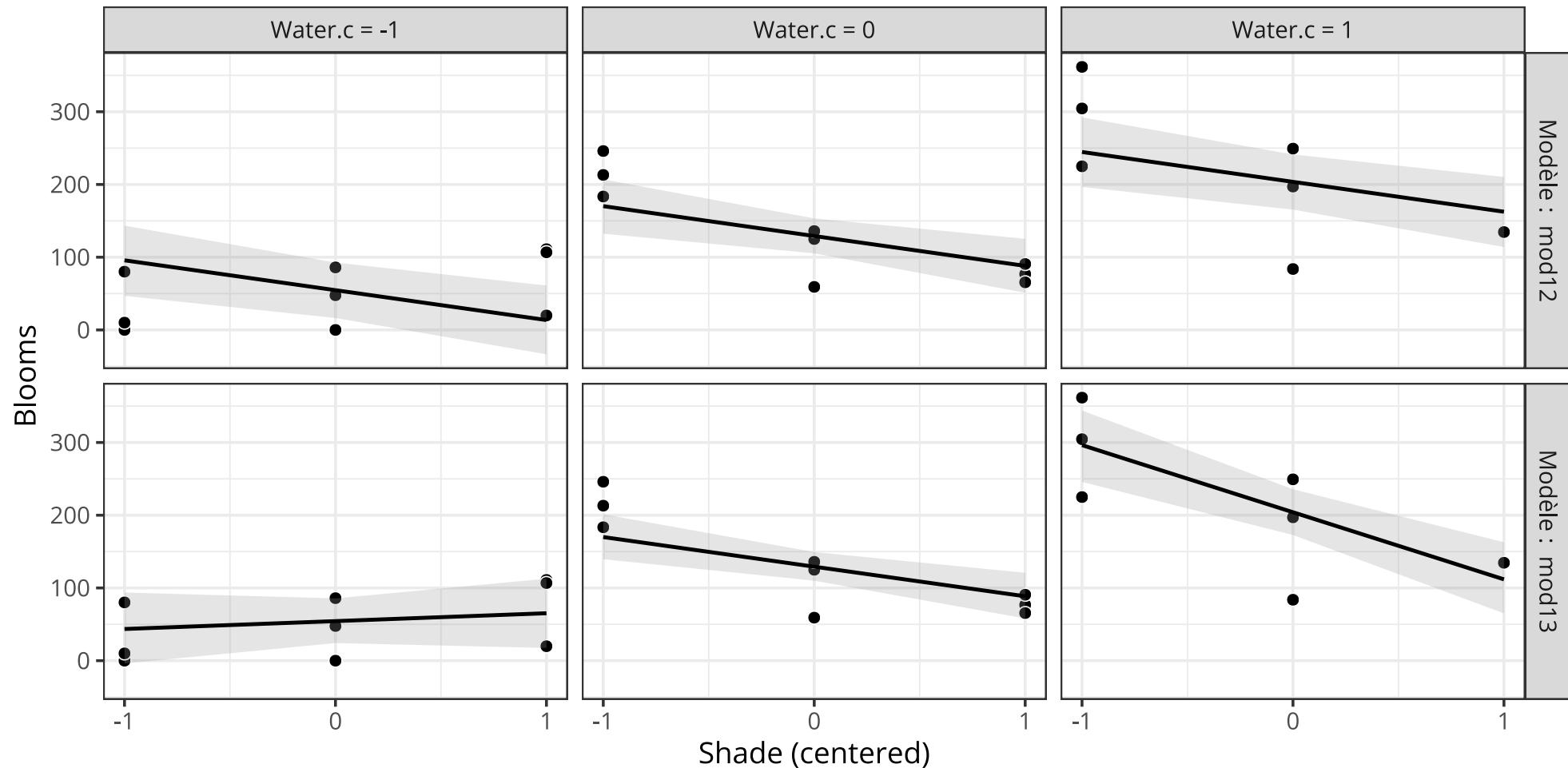
Interaction

Dans un modèle qui inclut un effet d'interaction, l'effet d'un prédicteur sur la mesure va dépendre de la valeur de l'autre prédicteur. La meilleure manière de représenter cette dépendance est de représenter visuellement la relation entre un prédicteur et la mesure, à différentes valeurs de l'autre prédicteur.



Interaction

L'effet d'interaction nous indique que les tulipes ont besoin à la fois d'eau et de lumière pour pousser, mais aussi qu'à de faibles niveaux d'humidité, la luminosité a peu d'effet, tandis que cet effet est plus important à haut niveau d'humidité. Cette explication vaut de manière **symétrique** pour l'effet de l'humidité sur la relation entre luminosité et pousse des plantes.



Résumé du cours

Nous avons étendu le modèle de régression à plusieurs prédicteurs. Ce modèle de régression multiple permet de distinguer les influences causales de différents prédicteurs, lorsque les prédicteurs sont inclus (ou pas) dans le modèle, en considérant la structure causale sous-jacente.

Nous avons étendu le modèle de régression aux prédicteurs catégoriels, et introduit le concept d'interaction entre différentes variables prédictrices.

Plus nous ajoutons de variables dans notre modèle, plus les estimations “brutes” (numériques) sont difficiles à interpréter. Il devient donc plus simple, pour comprendre les prédictions du modèle, de les représenter graphiquement. Nous avons également souligné l'importance des prior et posterior predictive checks dans ce contexte.

Comme précédemment, le théorème de Bayes est utilisé pour mettre à jour nos connaissances a priori quant à la valeur des paramètres en une connaissance a posteriori, synthèse entre nos priors et l'information contenue dans les données.



Exercice #1

Cet exemple est basé sur le jeu de données `mtcars`, issu du volume de 1974 de “Motor Trend US”. La mesure qui nous intéresse est la consommation de carburant, en miles per gallon (mpg).

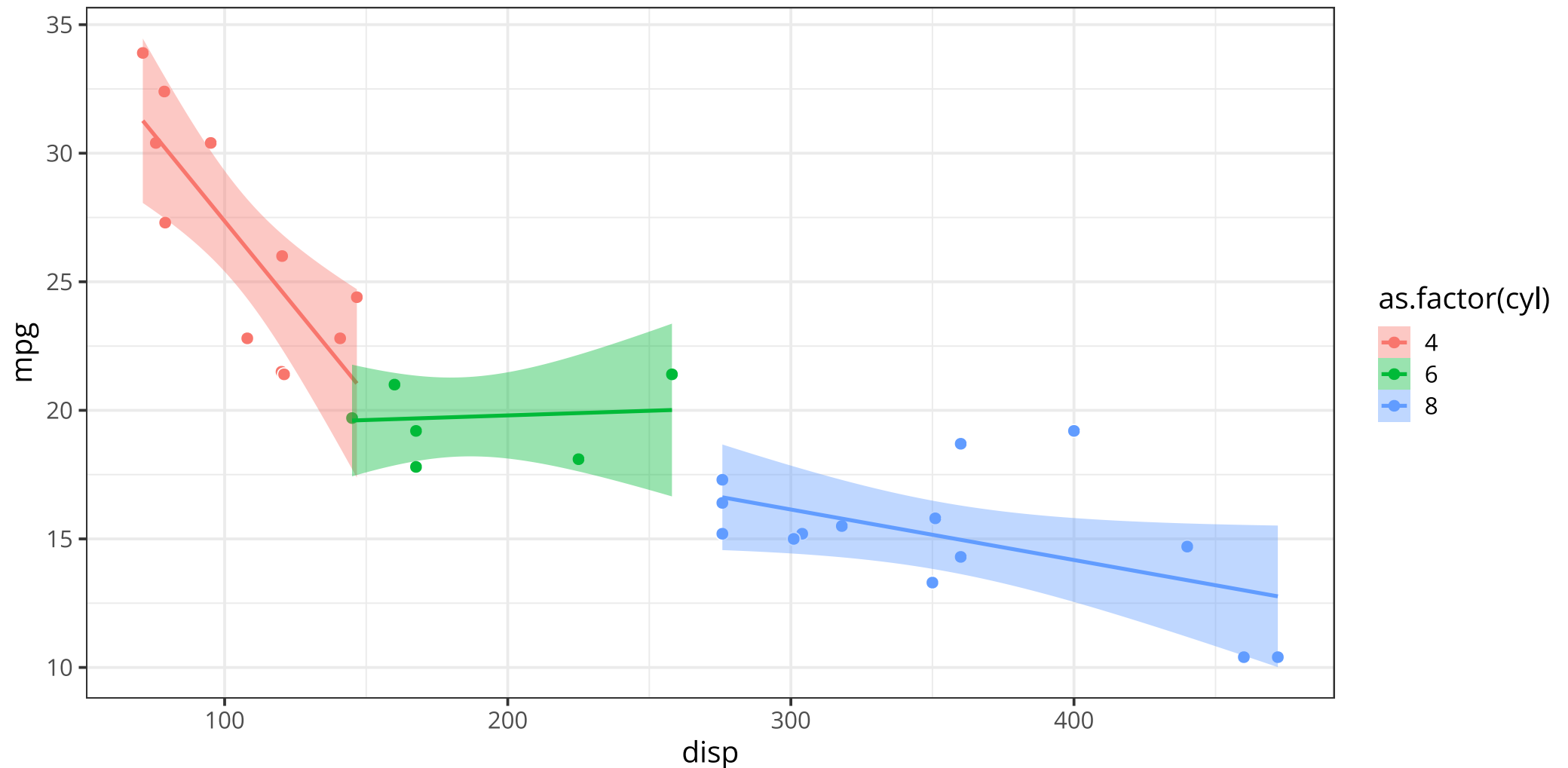
```
1 data(mtcars)
2 head(mtcars, 10)
```

	mpg	cyl	disp	hp	drat	wt	qsec	vs	am	gear	carb
Mazda RX4	21.0	6	160.0	110	3.90	2.620	16.46	0	1	4	4
Mazda RX4 Wag	21.0	6	160.0	110	3.90	2.875	17.02	0	1	4	4
Datsun 710	22.8	4	108.0	93	3.85	2.320	18.61	1	1	4	1
Hornet 4 Drive	21.4	6	258.0	110	3.08	3.215	19.44	1	0	3	1
Hornet Sportabout	18.7	8	360.0	175	3.15	3.440	17.02	0	0	3	2
Valiant	18.1	6	225.0	105	2.76	3.460	20.22	1	0	3	1
Duster 360	14.3	8	360.0	245	3.21	3.570	15.84	0	0	3	4
Merc 240D	24.4	4	146.7	62	3.69	3.190	20.00	1	0	4	2
Merc 230	22.8	4	140.8	95	3.92	3.150	22.90	1	0	4	2
Merc 280	19.2	6	167.6	123	3.92	3.440	18.30	1	0	4	4



Exercice #1

Imaginons que nous souhaitions savoir comment la cylindrée affecte la relation entre le nombre de cylindres et la consommation de carburant et / ou comment le nombre de cylindres affecte la relation entre la cylindrée et la consommation de carburant. Ce genre d'effet appelle une analyse d'interaction.



Exercise #1

```
1 mtcars$disp.s <- as.numeric(scale(mtcars$disp) )
2 mtcars$cyl.s <- as.numeric(scale(mtcars$cyl) )
3
4 m_cyl <- lm(mpg ~ disp.s * cyl.s, data = mtcars)
5 summary(m_cyl)
```

Call:

```
lm(formula = mpg ~ disp.s * cyl.s, data = mtcars)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-4.0809	-1.6054	-0.2948	1.0546	5.7981

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	17.0242	1.0663	15.966	1.36e-15	***
disp.s	-5.8784	1.5176	-3.873	0.000589	***
cyl.s	0.4511	1.5088	0.299	0.767156	
disp.s:cyl.s	3.5092	1.0952	3.204	0.003369	**

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

Residual standard error: 2.66 on 28 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.8241, Adjusted R-squared: 0.8052

F-statistic: 43.72 on 3 and 28 DF, p-value: 1.078e-10



Proposition de réponse

```
1 priors <- c(  
2   prior(normal(0, 100), class = Intercept),  
3   prior(normal(0, 10), class = b),  
4   prior(exponential(0.1), class = sigma)  
5 )  
6  
7 mod14 <- brm(  
8   mpg ~ 1 + disp.s * cyl.s,  
9   prior = priors,  
10  family = gaussian,  
11  data = mtcars  
12 )
```



Proposition de réponse

```
1 summary(mod14)
```



```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: mpg ~ 1 + disp.s * cyl.s
Data: mtcars (Number of observations: 32)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000
```

Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	17.14	1.10	14.93	19.32	1.00	1910	2181
disp.s	-5.68	1.53	-8.77	-2.57	1.01	1506	1930
cyl.s	0.26	1.52	-2.79	3.33	1.01	1489	1891
disp.s:cyl.s	3.39	1.13	1.14	5.58	1.00	1858	2386

Family Specific Parameters:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	2.76	0.37	2.13	3.58	1.00	2700	2419

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).

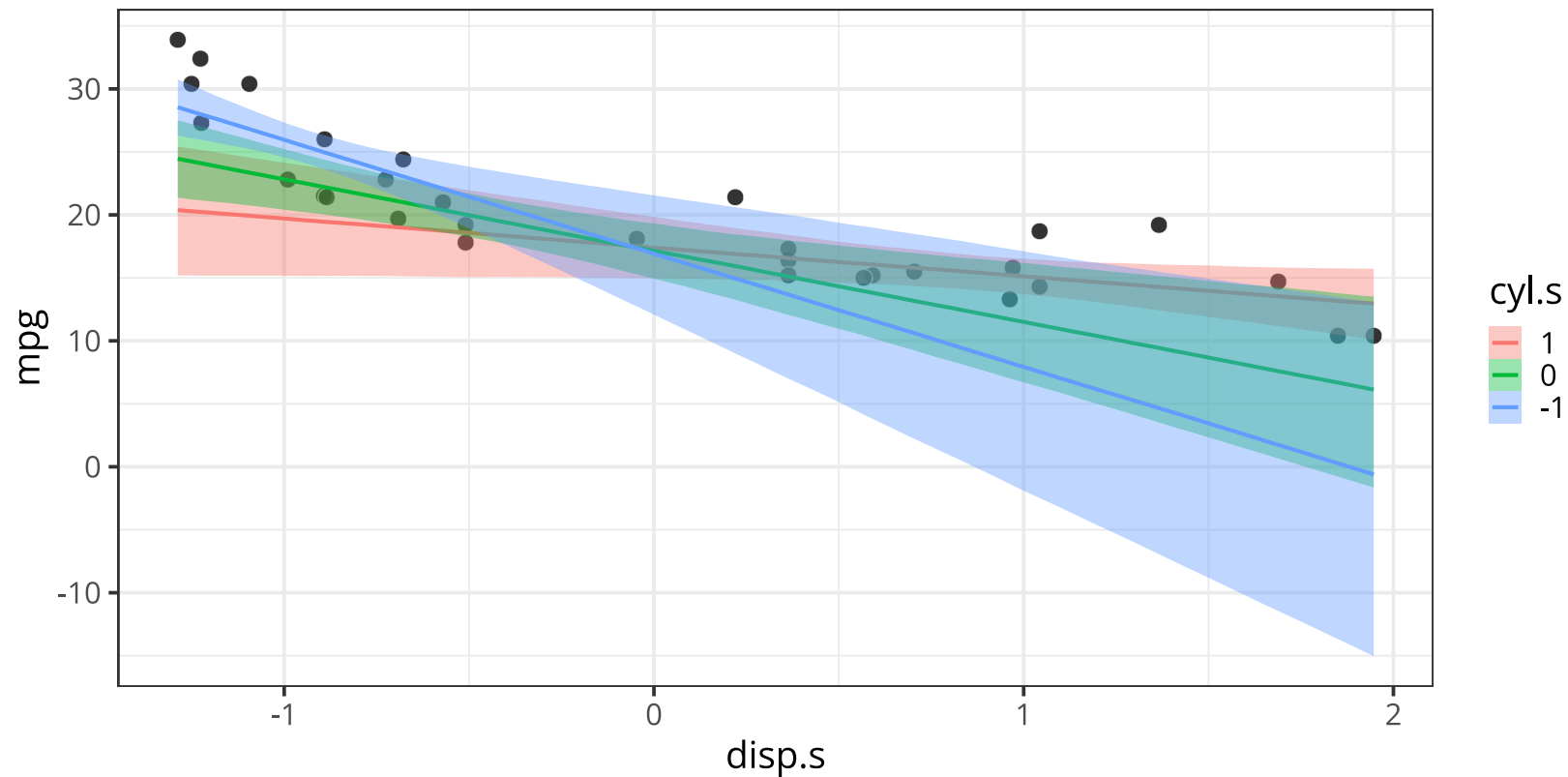


Proposition de réponse

```

1 plot(
2   conditional_effects(modl4, effects = "disp.s:cyl.s"),
3   points = TRUE,
4   point_args = list(
5     alpha = 0.8, shape = 21, size = 4,
6     color = "white", fill = "black"
7   ),
8   theme = theme_bw(base_size = 20, base_family = "Open Sans")
9 )

```

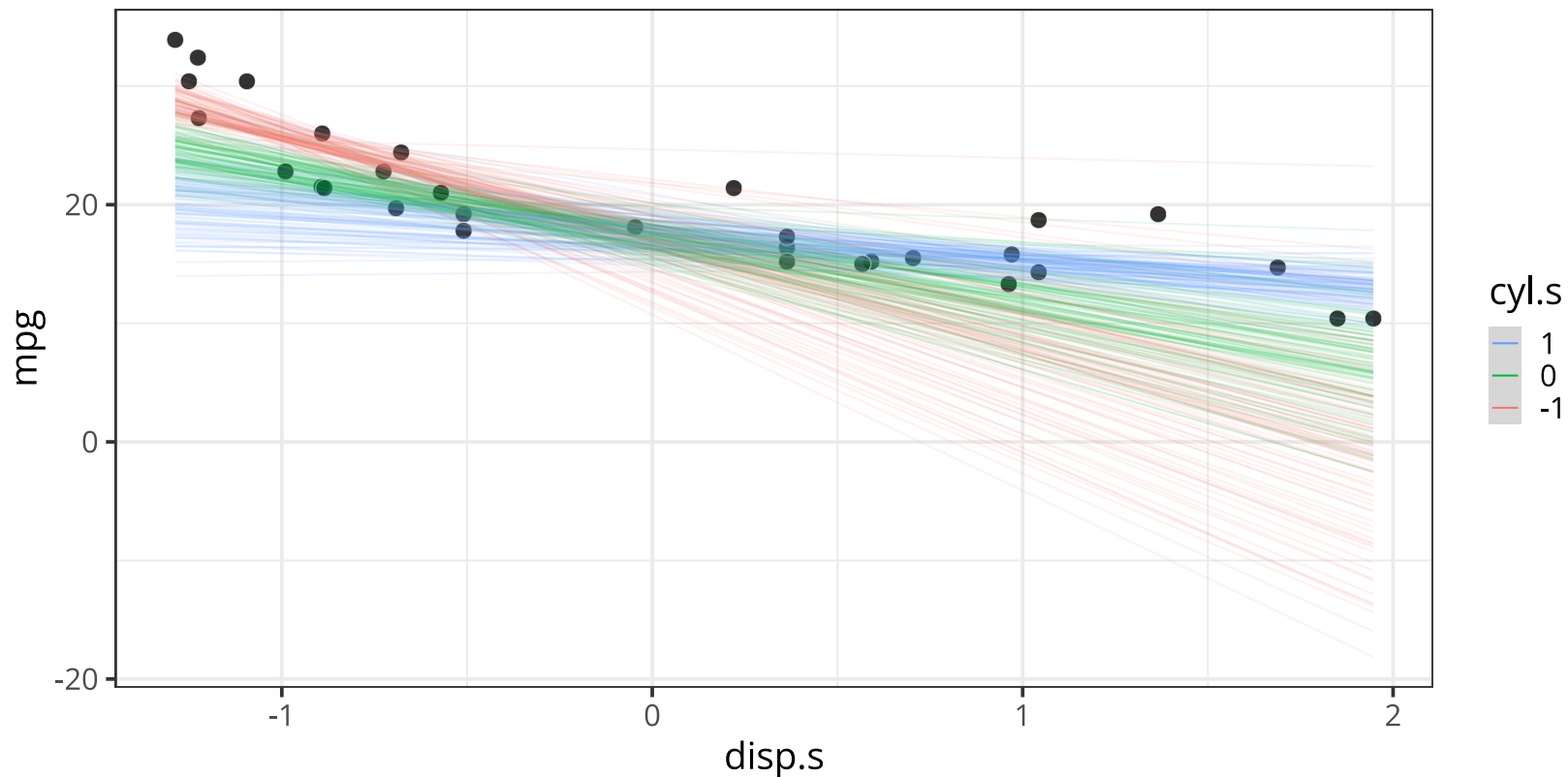


Proposition de réponse

```

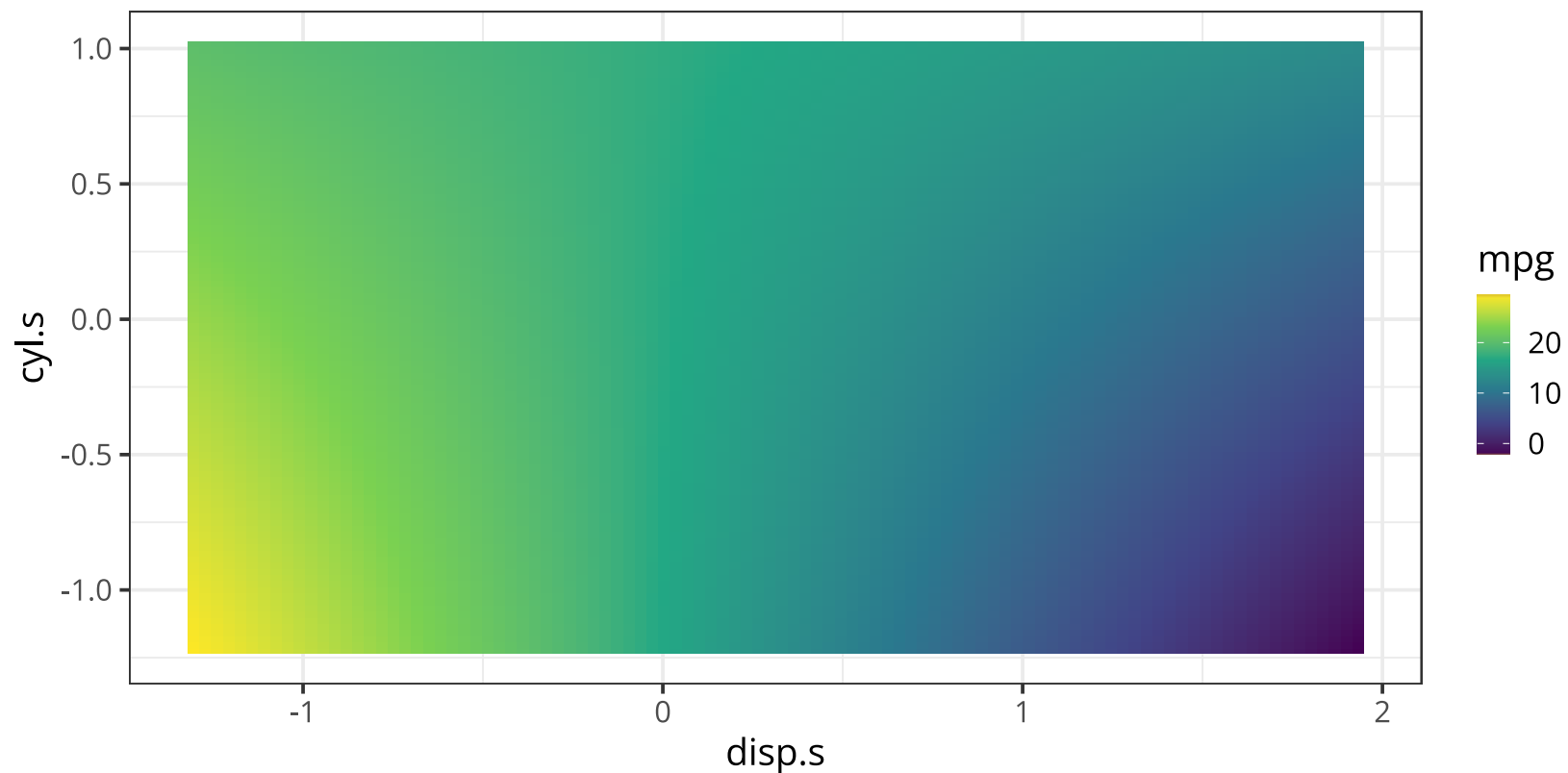
1 plot(
2   conditional_effects(modl4, effects = "disp.s:cyl.s", spaghetti = TRUE, ndraws = 1e2),
3   points = TRUE, mean = FALSE,
4   point_args = list(
5     alpha = 0.8, shape = 21, size = 4,
6     color = "white", fill = "black"
7   ),
8   theme = theme_bw(base_size = 20, base_family = "Open Sans")
9 )

```



Proposition de réponse

```
1 plot(  
2   conditional_effects(  
3     mod14, effects = "disp.s:cyl.s",  
4     surface = TRUE, resolution = 1e2  
5   ),  
6   stype = "raster", # contour or raster  
7   surface_args = list(hjust = 0),  
8   theme = theme_bw(base_size = 20, base_family = "Open Sans")  
9 )
```



Exercice #2

Le jeu de données `airquality` recense des mesures de la qualité de l'air réalisées à New York, de Mai à Septembre 1973.

```
1 data(airquality)
2 df7 <- airquality[complete.cases(airquality), ] # removes NAs
3
4 head(df7, 10)
```

	Ozone	Solar.R	Wind	Temp	Month	Day
1	41	190	7.4	67	5	1
2	36	118	8.0	72	5	2
3	12	149	12.6	74	5	3
4	18	313	11.5	62	5	4
7	23	299	8.6	65	5	7
8	19	99	13.8	59	5	8
9	8	19	20.1	61	5	9
12	16	256	9.7	69	5	12
13	11	290	9.2	66	5	13
14	14	274	10.9	68	5	14



Exercice #2

On s'intéresse à la concentration de l'air en Ozone en fonction de la force du vent et de la température.

- Écrire le modèle mathématique.
- Fitter ce modèle avec `brms::brm()`, interpréter les estimations du modèle, et conclure sur l'effet de la force du vent et de la température.
- Évaluer le modèle en faisant du **posterior predictive checking**.

Utilisez les fonctions suivantes (et lisez la documentation !) :

- `brms::brm()` : permet de construire le modèle
- `summary()` : affiche les estimations du modèle
- `brms::pp_check()` : posterior predictive checking



Proposition de réponse, modèle mathématique

On construit un modèle de régression multiple avec un intercept α et deux prédicteurs : la force du vent W et la température T , pour prédire la concentration de l'air en Ozone O .

$$O_i \sim \text{Normal}(\mu_i, \sigma)$$

$$\mu_i = \alpha + \beta_W W_i + \beta_T T_i$$

$$\alpha \sim \text{Normal}(50, 10)$$

$$\beta_W, \beta_T \sim \text{Normal}(0, 10)$$

$$\sigma \sim \text{Exponential}(0.01)$$



Proposition de réponse, fitter le modèle

```
1 df7$Wind.s <- scale(df7$Wind)
2 df7$Temp.s <- scale(df7$Temp)
3
4 priors <- c(
5   prior(normal(50, 10), class = Intercept),
6   prior(normal(0, 10), class = b),
7   prior(exponential(0.01), class = sigma)
8 )
9
10 mod15 <- brm(
11   Ozone ~ 1 + Wind.s + Temp.s,
12   prior = priors,
13   family = gaussian,
14   data = df7
15 )
```



Proposition de réponse, estimations du modèle

```
1 summary(mod15)
```

```
Family: gaussian
Links: mu = identity; sigma = identity
Formula: Ozone ~ 1 + Wind.s + Temp.s
Data: df7 (Number of observations: 111)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
       total post-warmup draws = 4000
```

Population-Level Effects:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	42.42	2.09	38.28	46.36	1.00	3426	2897
Wind.s	-11.55	2.36	-16.23	-7.00	1.00	3711	2799
Temp.s	16.73	2.32	12.13	21.21	1.00	3548	2985

Family Specific Parameters:

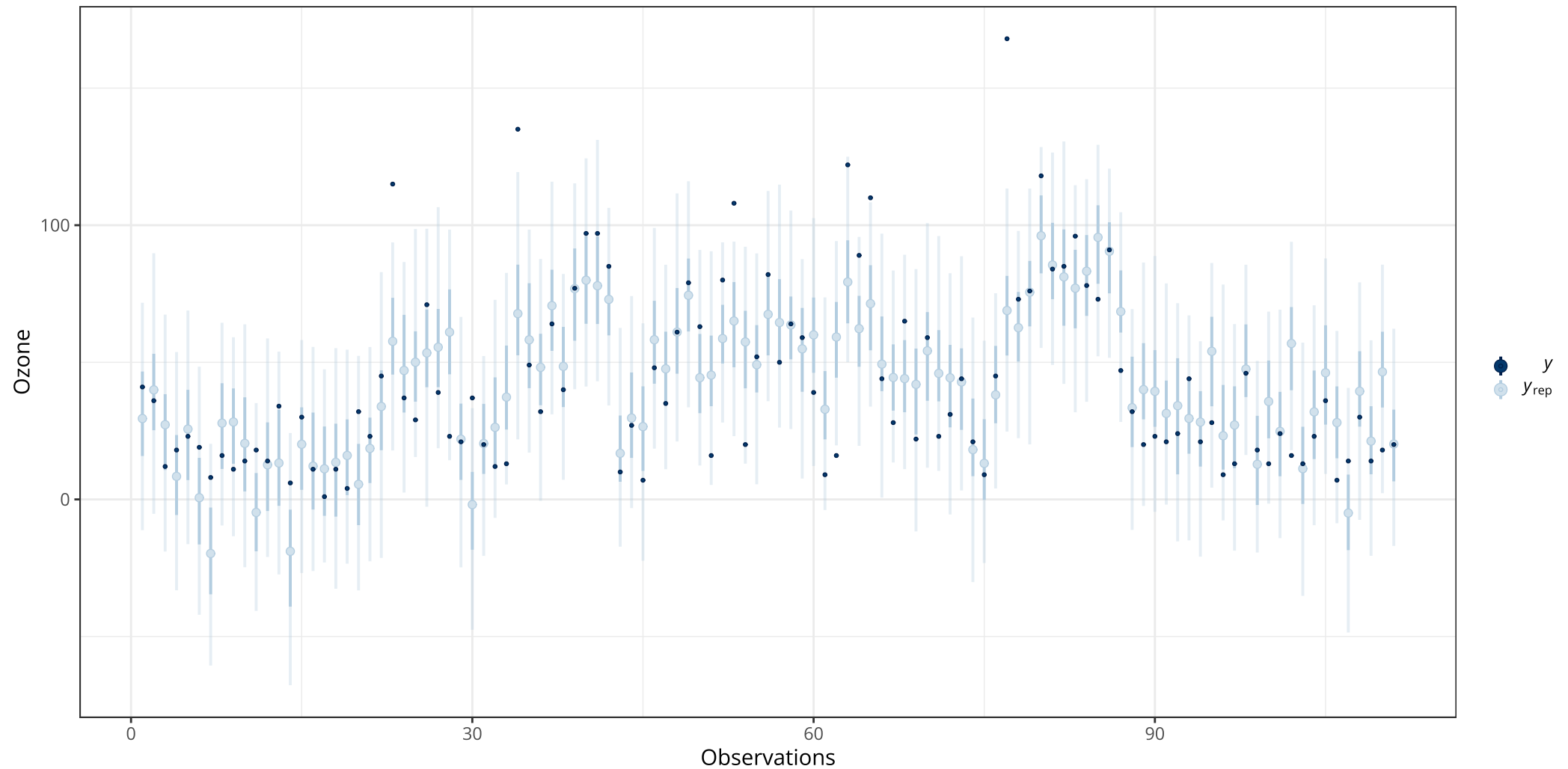
	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	22.00	1.49	19.37	25.33	1.00	3853	2635

Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).

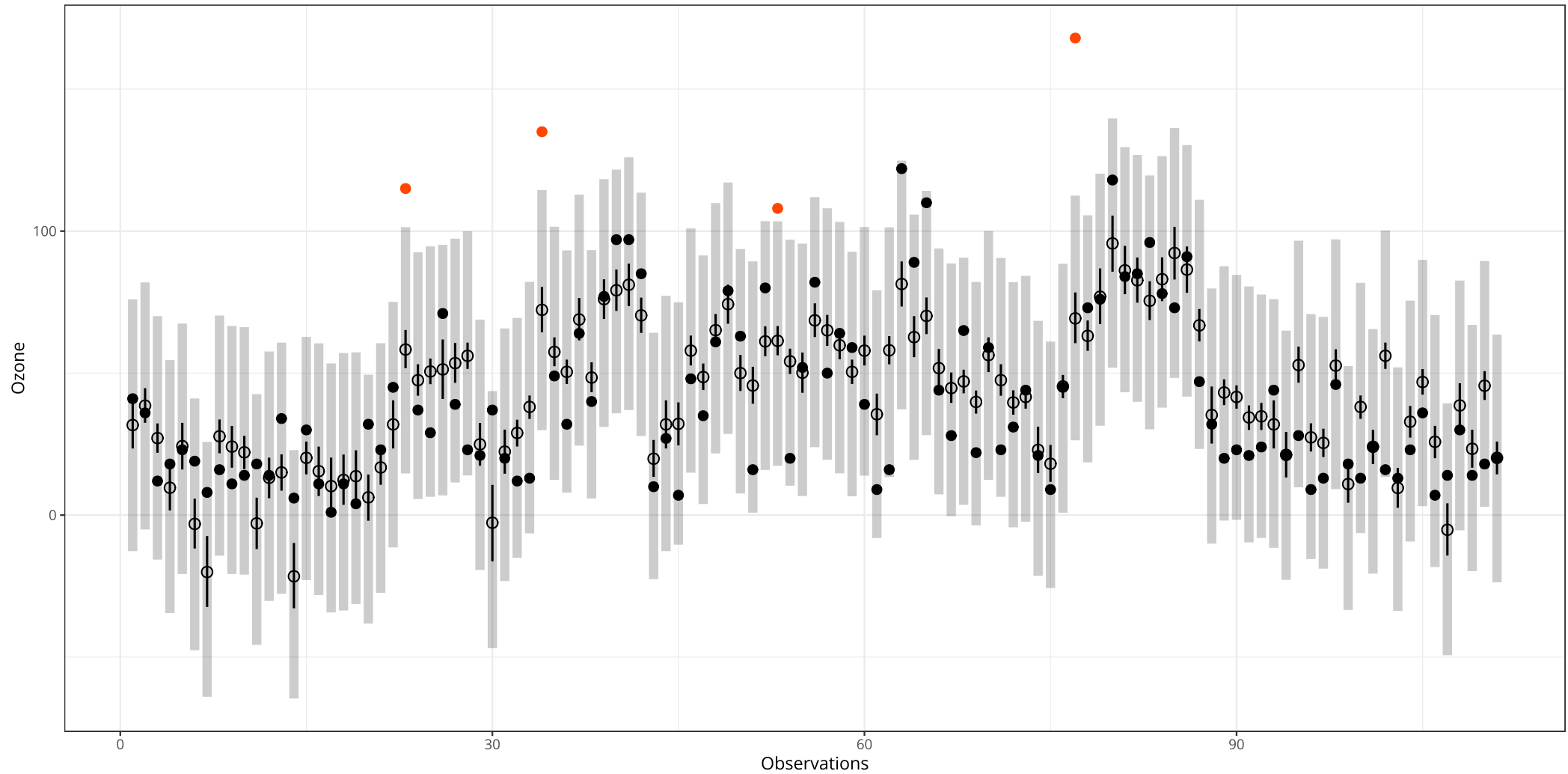


Proposition de réponse, posterior predictive checking

```
1 pp_check(mod15, type = "intervals", ndraws = 1e2, prob = 0.5, prob_outer = 0.95) +  
2   labs(x = "Observations", y = "Ozone")
```



Proposition de réponse, posterior predictive checking



Proposition de réponse, posterior predictive checking

```
1 pp_check(object = mod15, ndraws = 1e2) + labs(x = "Ozone", y = "Density")
```

