

Обобщенные линейные модели с нормальным распределением остатков

Линейные модели...

Марина Варфоломеева, Вадим Хайтов

Кафедра Зоологии беспозвоночных, Биологический факультет, СПбГУ



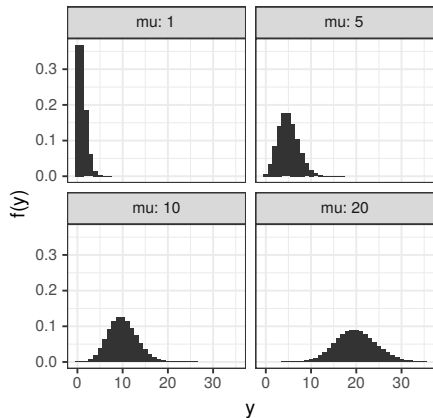
Мы рассмотрим

- ▶ Варианты анализа для случаев, когда зависимая переменная — счетная величина (целые неотрицательные числа)

Вы сможете

- ▶ Объяснить особенности разных типов распределений, принадлежащих экспоненциальному семейству.
- ▶ Построить пуассоновскую и квази-пуассоновскую линейную модель
- ▶ Объяснить проблемы, связанные с избыточностью дисперсии в модели
- ▶ Построить модель, основанную на отрицательном биномиальном распределении

Распределение Пуассона



$$f(y) = \frac{\mu^y \cdot e^{-\mu}}{y!}$$

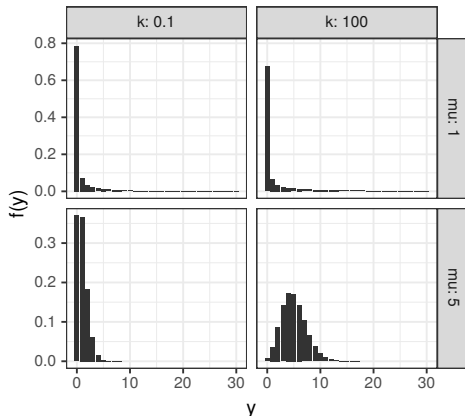
Параметр:

- ▶ μ — задает среднее и дисперсию

Свойства:

- ▶ $E(y) = \mu$ — мат. ожидание
- ▶ $var(y) = \mu$ — дисперсия
- ▶ $0 \leq y \leq +\infty, y \in \mathbb{N}$ — значения

Отрицательное биномиальное распределение



$$f(y) = \frac{\Gamma(y+k)}{\Gamma(k) \cdot \Gamma(y+1)} \cdot \left(\frac{k}{\mu+k}\right)^k \cdot \left(1 - \frac{k}{\mu+k}\right)^y$$

Параметры:

- ▶ μ – среднее
- ▶ k – определяет степень избыточности дисперсии

Свойства:

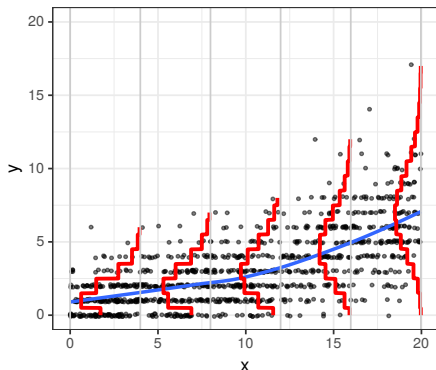
- ▶ $E(y) = \mu$ – мат.ожидание
- ▶ $var(y) = \mu + \frac{\mu^2}{k}$ – дисперсия
- ▶ $0 \leq y \leq +\infty, y \in \mathbb{N}$ – значения

GLM в "туннеле" из распределений

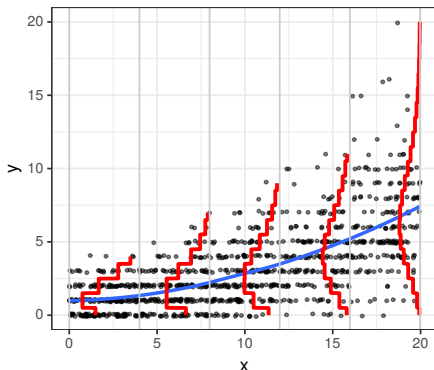
В каждом конкретном случае при анализе данных нам предстоит выяснить, какое из распределений больше подходит для моделирования отклика.

- ▶ Достаточно ли возможностей распределения Пуассона, чтобы описать связь среднего и дисперсии?
- ▶ Если нет, то справится ли отрицательное биномиальное распределение, у которого есть параметр, для описания этой связи?

GLM с Пуассоновским распределением отклика



GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика



Гадючий лук, копеечник и визиты опылителей

Гадючий лук (мускари, *Leopoldia comosa*) — представитель родной флоры острова Менорка. В 18-19вв на остров завезли копеечник венечный (*Hedysarum coronarium*), который быстро натурализовался. Оба вида цветут одновременно и нуждаются в опылении насекомыми.

Как зависит число визитов опылителей на цветки мускари от присутствия вселенца и разнообразия флоры в ближайшей окрестности? (Данные Montero-Castaño, Vilà, 2015)



Muscari à toupet (*Muscari comosum*), Dordogne, France — Père Igor



French-honeysuckle. Close to Santadi Basso, Sardinia, Italy — Hans Hillewaert

Дизайн исследования

Подсчитывали число визитов опылителей на выбранное растение гадючьего лука (в пунктирной рамке) на трех типах участков.

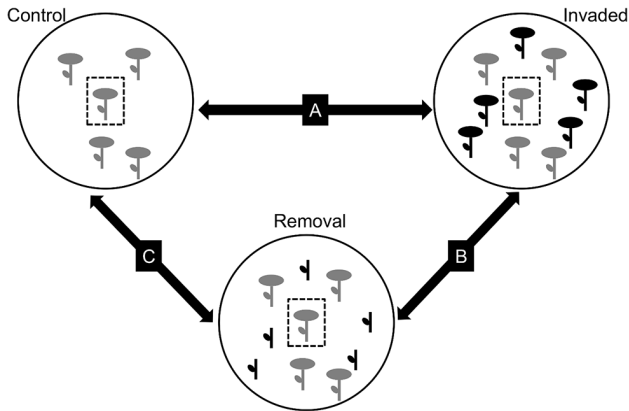


Fig.2 из Montero-Castaño, Vilà, 2015

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128595>

Переменные

- ▶ Visits — число визитов всех опылителей на цветок *Leopoldia*
- ▶ Treatment — тип площадки, тритмент (фактор с 3 уровнями):
 - ▶ Invaded — *Leopoldia* в смеси с видом-вселенцем;
 - ▶ Removal — *Leopoldia* в смеси с видом-вселенцем с удаленными цветками;
 - ▶ Control — *Leopoldia* без вида вселенца.
- ▶ DiversityD_1 — Разнообразие флоры на площадке ($\exp(H')$, где H' — индекс Шеннона-Уивера)
(на луг с более разнообразной растительностью прилетит больше опылителей).
- ▶ Flowers — число цветков *Leopoldia* на площадке (чем больше, тем больше опылителей).
- ▶ Hours — продолжительность наблюдений (чем дольше, тем больше насчитали).

Другие переменные:

- ▶ Total_1 — общая плотность цветков
- ▶ Visits_NO_Apis — посещения опылителей без учета пчел
- ▶ Fruit — число цветов с плодами через месяц
- ▶ No_Fruit — число цветов без плодов через месяц

Открываем из знакомимся с данными

```
library(readxl)
pol <- read_excel("data/Pollinators_Montero-Castano, Vila, 2015.xlsx", sheet = 1)
head(pol)
```

```
# # A tibble: 6 x 10
#   Individual Treatment DiversityD_1 Visits Visits_NO_Apis Total_1
#   <dbl> <chr> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
# 1      1 Removal      2.66      4      4    53.9
# 2      2 Removal      1      6      6     2.45
# 3      3 Removal      1.44     5      5    41.6
# 4      4 Removal      2.21     1      1    58.8
# 5      5 Removal      2.83     6      6    19.6
# 6      6 Removal      2.40     2      2    78.4
# # ... with 4 more variables: Fruit <dbl>, No_Fruit <dbl>,
# #   Flowers <dbl>, Hours <dbl>
```

Сколько пропущенных значений?

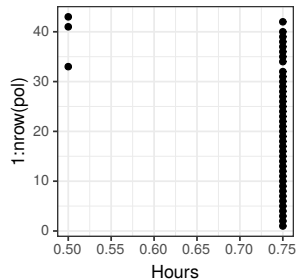
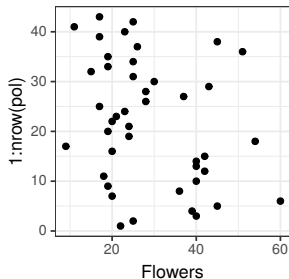
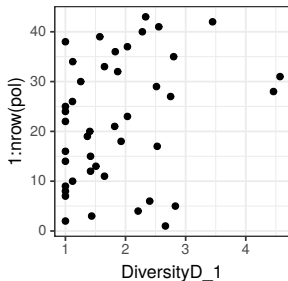
```
colSums(is.na(pol))
```

```
#   Individual      Treatment DiversityD_1      Visits
#           0              0             0           0
# Visits_NO_Apis      Total_1          Fruit      No_Fruit
#           0              0             0           0
#   Flowers          Hours
#           0              0
```

Есть ли выбросы?

```
library(cowplot)
library(ggplot2)
theme_set(theme_bw())
```

```
dot_plot <- ggplot(pol, aes(y = 1:nrow(pol))) + geom_point()
plot_grid(dot_plot + aes(x = DiversityD_1), dot_plot + aes(x = Flowers),
          dot_plot + aes(x = Hours), nrow = 1)
```



Выбросов нет.

Периоды наблюдений имеют разную продолжительность. Нужно это учесть в модели.

Каков объем выборки?

```
table(pol$Treatment)
```

```
#  
# Control Invaded Removal  
#      14      11      18
```

Как распределены короткие периоды наблюдений по тритментам?

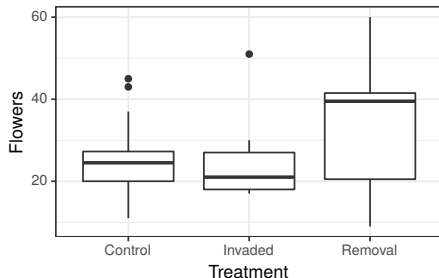
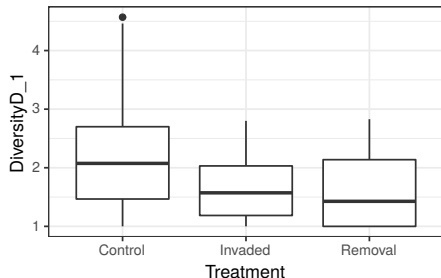
```
table(pol$Hours, pol$Treatment)
```

```
#  
#      Control Invaded Removal  
# 0.5         2         1         0  
# 0.75        12        10        18
```

Коллинеарны ли непрерывные и дискретные предикторы?

```
box_plot <- ggplot(pol, aes(x = Treatment)) + geom_boxplot()
```

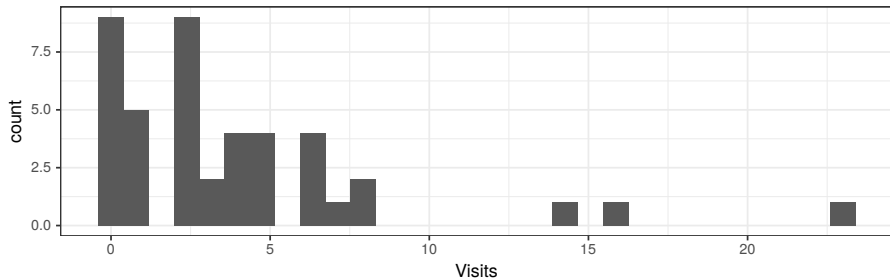
```
plot_grid(box_plot + aes(y = DiversityD_1),  
          box_plot + aes(y = Flowers), nrow = 1)
```



Возможно, есть коллинеарность.

Как распределена переменная-отклик?

```
ggplot(pol, aes(x = Visits)) + geom_histogram()
```



```
mean(pol$Visits == 0) # Какова пропорция нулей?
```

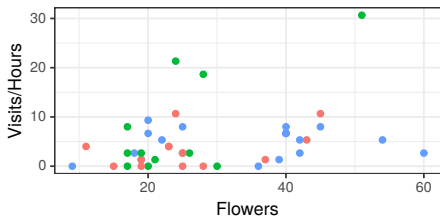
```
# [1] 0.2093023
```

Число визитов насекомых – счетная переменная. Для ее моделирования нужно использовать подходящее распределение.

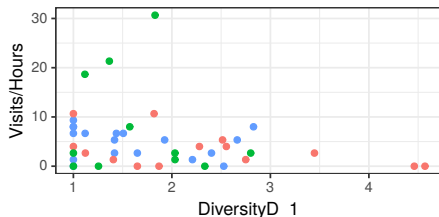
Примерно 21 % наблюдений – нули. Иногда из-за избытка нулей (Zero inflation) в модели может появиться избыточность дисперсии. Будем иметь это в виду.

Линейна ли связь между предикторами и откликом?

```
gg_shape <- ggplot(pol, aes(y = Visits/Hours, colour = Treatment)) +  
  theme(legend.position = 'bottom')  
plot_grid(  
  gg_shape + geom_point(aes(x = Flowers)),  
  gg_shape + geom_point(aes(x = DiversityD_1)),  
  nrow = 1)
```



Treatment Control Invaded Removal



Treatment Control Invaded Removal

Связь практически линейна.

Если мы (ошибочно) подберем GLM с нормальным распределением отклика?

$$Visits_i \sim N(\mu_i, \sigma)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \sigma^2$$

$\mu_i = \eta_i$ – функция связи “идентичность”

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
M_norm <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol)
coef(M_norm)
```

```
#      (Intercept) TreatmentInvaded TreatmentRemoval      DiversityD_1
#      -3.254511      2.890799      -1.061720      -1.204077
#      Flowers      Hours
#      0.143856      6.654556
```

```
sigma(M_norm)
```

```
# [1] 4.173941
```

Данные для графика предсказаний простой линейной модели

```
library(dplyr)
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%
  do(data.frame(Flowers = seq(min(. $Flowers), max(. $Flowers), length.out=50))) %>%
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),
         Hours = 0.75)

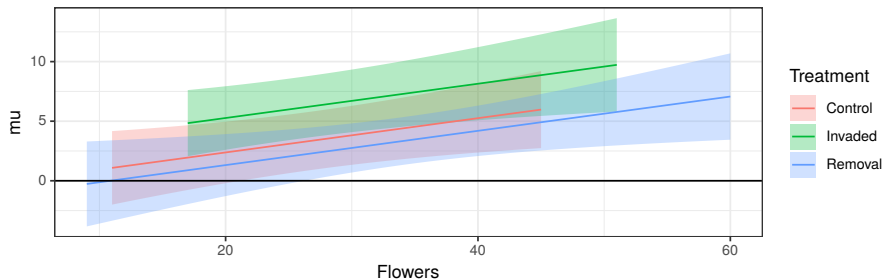
# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
betas <- coef(M_norm)
# Предсказания в масштабе функции связи (eta) совпадают с масштабом отклика (mu)
NewData$mu <- X %*% betas
NewData$SE_mu <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_norm) %*% t(X))) # SE

head(NewData, 3)
```

```
# # A tibble: 3 x 6
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours mu[,1] SE_mu
#   <chr>      <dbl>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
# 1 Control      11         1.86  0.75  1.08  1.54
# 2 Control     11.7         1.86  0.75  1.18  1.52
# 3 Control     12.4         1.86  0.75  1.28  1.49
```


График предсказаний

```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = mu, fill = Treatment)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = mu - 2 * SE_mu, ymax = mu + 2 * SE_mu), alpha=0.3) +  
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```



Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_norm)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#      data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -7.4320  -2.3611  -0.3929   1.0335  13.2385
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# (Intercept)  -3.25451    7.73105  -0.421  0.6762
# TreatmentInvaded  2.89080    1.76262   1.640  0.1095
# TreatmentRemoval -1.06172    1.67758  -0.633  0.5307
# DiversityD_1    -1.20408    0.78510  -1.534  0.1336
# Flowers         0.14386    0.05851   2.458  0.0188 *
# Hours          6.65456   10.64239   0.625  0.5356
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for gaussian family taken to be 17.42178)
#
#      Null deviance: 891.86  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 644.61  on 37  degrees of freedom
# AIC: 252.45
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

Анализ девиансы для модели с нормальным распределением отклика

```
drop1(M_norm, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#
#          Df Deviance    AIC scaled dev. Pr(>Chi)
# <none>          644.61 252.45
# Treatment      2   744.02 254.62      6.1672 0.04579 *
# DiversityD_1   1   685.58 253.10      2.6502 0.10354
# Flowers        1   749.91 256.95      6.5062 0.01075 *
# Hours          1   651.42 250.90      0.4520 0.50138
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- ▶ НЕ зависит от присутствия вселенца и его цветов,
- ▶ НЕ зависит от разнообразия флоры на участке,
- ▶ зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Пока не известно.

Нет ли коллинеарности предикторов

```
library(car)
vif(M_norm)
```

#		GVIF	Df	$GVIF^{(1/(2*Df))}$
#	Treatment	1.356502	2	1.079208
#	DiversityD_1	1.162061	1	1.077989
#	Flowers	1.226279	1	1.107375
#	Hours	1.133910	1	1.064852

Коллинеарности нет.

Задание 1

Постройте график пирсоновских остатков от предсказанных значений для модели `M_norm`.

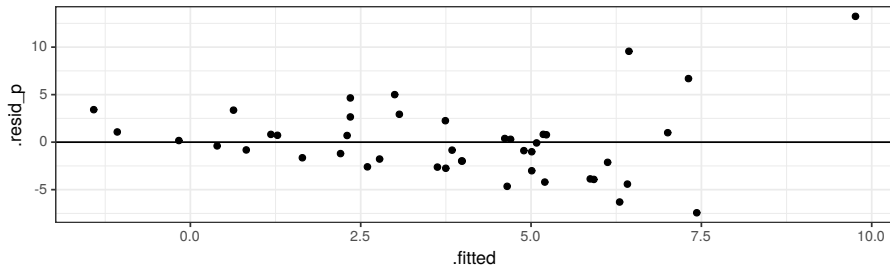
Какие нарушения условий применимости вы на нем видите?

Дополните код:

```
M_norm_diag <- data.frame(.fitted = fitted(),  
                           .resid_p = residuals())  
  
ggplot(data = , aes()) + geom_hline( = 0) +  
  geom_point()
```

График остатков от предсказанных значений

```
M_norm_diag <- data.frame(.fitted = fitted(M_norm, type = "response"),  
                          .resid_p = residuals(M_norm, type = "pearson"))  
  
ggplot(M_norm_diag, aes(y = .resid_p)) + geom_hline(yintercept = 0) +  
  geom_point(aes(x = .fitted))
```



Гетерогенность дисперсий остатков.

Отрицательные предсказания!

Модель с нормальным распределением отклика не подходит

Два способа решения проблем с моделью:

1. Грубый способ: логарифмировать зависимую переменную и построить модель для нее.
2. Лучше построить модель, основанную на распределении, подходящем для счетных данных:
 - ▶ распределение Пуассона,
 - ▶ отрицательное биномиальное распределение.

GLM с Пуассоновским распределением отклика

$$Visits_i \sim Poisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \mu_i$$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
M_pois <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,  
              family = "poisson")
```


Уравнение модели с Пуассоновским распределением отклика

$$Visits_i \sim Poisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \mu_i$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -2.66 + 0.71Treatment_{Invaded\ i} - 0.22Treatment_{Removal\ i} - \\ - 0.46DiversityD1_i + 0.04Flowers_i + 4.69Hours_i$$

`coef(M_pois)`

#	(Intercept)	TreatmentInvaded	TreatmentRemoval
#	-2.66090631	0.71341797	-0.21537935
#	DiversityD_1	Flowers	Hours
#	-0.45740225	0.03731004	4.68668983

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_pois)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#      family = "poisson", data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -4.0675  -1.3189  -0.3523   0.7068   3.2346
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept) -2.660906   2.174439  -1.224  0.221058
# TreatmentInvaded  0.713418   0.214155   3.331  0.000864 ***
# TreatmentRemoval -0.215379   0.222648  -0.967  0.333368
# DiversityD_1    -0.457402   0.128586  -3.557  0.000375 ***
# Flowers         0.037310   0.006835   5.459 0.0000000479 ***
# Hours          4.686690   2.903254   1.614  0.106465
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
#
#      Null deviance: 189.75  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 119.88  on 37  degrees of freedom
# AIC: 238.78
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Угловые коэффициенты показывают, на сколько единиц меняется значение логарифма отклика, если соответствующий предиктор изменяется на единицу.

Это значит, что сам отклик изменяется в e^{b_k} раз при изменении предиктора на единицу.

Анализ девиансы для модели с Пуассоновским распределением отклика

```
drop1(M_pois, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#
```

	Df	Deviance	AIC	LRT	Pr(>Chi)	
# <none>		119.88	238.78			
# Treatment	2	145.29	260.19	25.4091	0.00000303722	***
# DiversityD_1	1	134.31	251.21	14.4290	0.0001455	***
# Flowers	1	148.67	265.56	28.7871	0.00000008079	***
# Hours	1	123.64	240.53	3.7561	0.0526148	.

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

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- ▶ зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- ▶ зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- ▶ зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Пока не известно.

Данные для предсказаний

```
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%  
  do(data.frame(Flowers = seq(min(. $Flowers), max(. $Flowers), length.out=50))) %>%  
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),  
         Hours = 0.75)
```

Давайте получим предсказания при помощи операций с матрицами, чтобы своими глазами увидеть работу функции связи.

Еще можно получить предсказания при помощи функции `predict()`. Но будьте осторожны, **`predict()` возвращает стандартные ошибки все время только в масштабе функции связи!**

```
?predict.glm
```

Предсказания модели при помощи операций с матрицами

```
# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
betas <- coef(M_pois)

# Предсказанные значения и стандартные ошибки...
# ...в масштабе функции связи (логарифм)
NewData$fit_eta <- X %*% betas
NewData$SE_eta <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_pois) %*% t(X)))

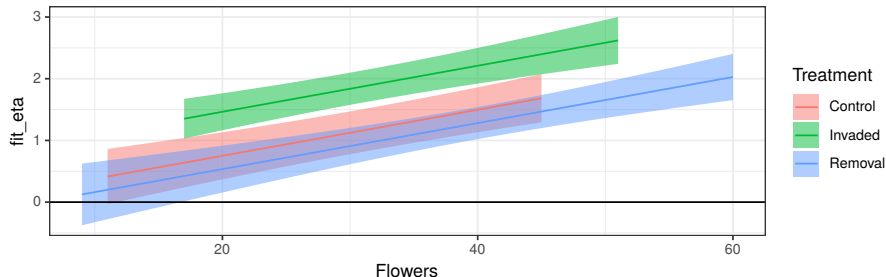
# ...в масштабе отклика (применяем функцию, обратную функции связи)
NewData$fit_mu <- exp(NewData$fit_eta)
NewData$lwr <- exp(NewData$fit_eta - 2 * NewData$SE_eta)
NewData$upr <- exp(NewData$fit_eta + 2 * NewData$SE_eta)

head(NewData, 2)
```

```
# # A tibble: 2 x 9
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours fit_eta[,1] SE_eta fit_mu[,1]
#   <chr>      <dbl>      <dbl> <dbl>      <dbl> <dbl>      <dbl>
# 1 Control      11          1.86  0.75      0.415  0.224      1.51
# 2 Control     11.7          1.86  0.75      0.441  0.221      1.55
# # ... with 2 more variables: lwr[,1] <dbl>, upr[,1] <dbl>
```

График предсказаний в масштабе функции связи

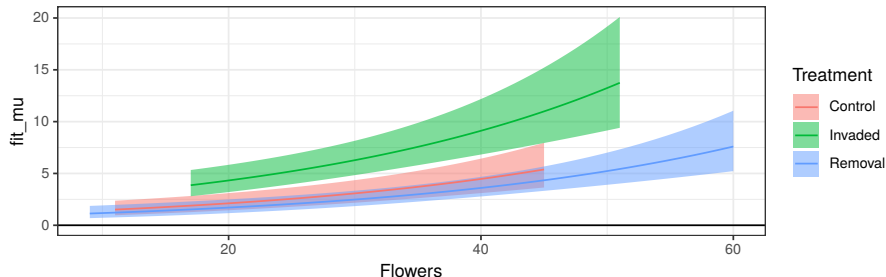
```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = fit_eta, fill = Treatment)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = fit_eta - 2 * SE_eta,  
                ymax = fit_eta + 2 * SE_eta),  
            alpha = 0.5) +  
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```



В масштабе функции связи мы моделируем линейную зависимость логарифмов мат. ожидания отклика от предикторов.

График предсказаний в масштабе переменной-отклика

```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = fit_mu, fill = Treatment)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = lwr,  
                ymax = upr),  
            alpha = 0.5) +  
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```

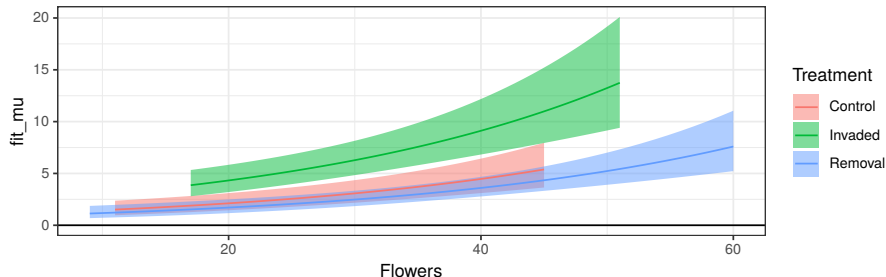


GLM с Пуассоновским распределением отклика моделирует его нелинейную связь предикторами за счет функции связи $\log()$.

Возможные проблемы GLM с Пуассоновским распределением отклика

GLM с Пуассоновским распределением отклика учитывает гетерогенность дисперсии ($var(y_i) = \mu_i = E(y_i)$). Стандартные ошибки возрастают с увеличением предсказанного значения.

Но достаточно ли этого для моделирования данных? Нет ли здесь сверхдисперсии?

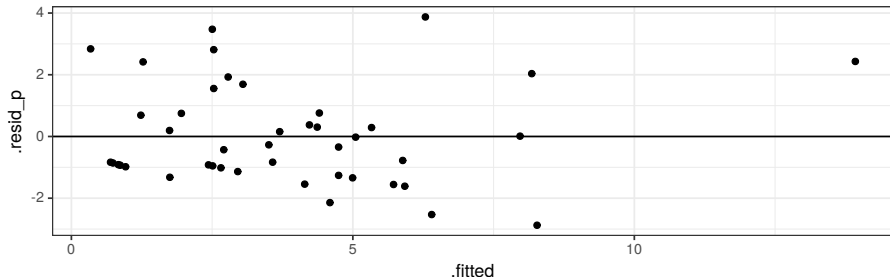


Условия применимости GLM с Пуассоновским распределением отклика

- ▶ Случайность и независимость наблюдений внутри групп.
- ▶ Отсутствие сверхдисперсии. (Дисперсия остатков равна мат.ожиданию при каждом уровне значений предикторов).
- ▶ Отсутствие коллинеарности предикторов.

График остатков

```
M_pois_diag <- data.frame(.fitted = fitted(M_pois, type = "response"),  
                          .resid_p = residuals(M_pois, type = "pearson"))  
ggplot(M_pois_diag, aes(x = .fitted, y = .resid_p)) +  
  geom_point() +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```



Избыточность дисперсии (overdispersion)

Если данные подчиняются распределению Пуассона, то дисперсия должна быть равна среднему значению.

$$\begin{aligned} \blacktriangleright E(y_i) &= \mu_i \\ \blacktriangleright \text{var}(y_i) &= \mu_i \end{aligned}$$

Если это не так, то мы не сможем доверять результатам. Это будет значить, что мы применяем модель, основанную на Пуассоновском распределении, к данным, которые не подчиняются этому распределению.

Проверка на сверхдисперсию

Используем предложенную Беном Болкером функцию проверки на сверхдисперсию

```
# Функция для проверки наличия сверхдисперсии в модели (автор Ben Bolker)
# http://bbolker.github.io/mixedmodels-misc/glmmFAQ.html
# Код модифицирован, чтобы учесть дополнительный параметр в NegBin GLMM, подобранных
overdisp_fun <- function(model) {
  rdf <- df.residual(model) # Число степеней свободы N - p
  if (any(class(model) == 'negbin')) rdf <- rdf - 1 ## учитываем k в NegBin GLMM
  rp <- residuals(model, type='pearson') # Пирсоновские остатки
  Pearson.chisq <- sum(rp^2) # Сумма квадратов остатков, подчиняется Хи-квадрат рас
  pratt <- Pearson.chisq/rdf # Отношение суммы квадратов остатков к числу степеней
  pval <- pchisq(Pearson.chisq, df=rdf, lower.tail=FALSE) # Уровень значимости
  c(chisq=Pearson.chisq, ratio=pratt, rdf=rdf, p=pval) # Вывод результатов
}
```

Ben Bolker's glmmFAQ

<http://bbolker.github.io/mixedmodels-misc/glmmFAQ.html>

```
overdisp_fun(M_pois)
```

```
#          chisq          ratio          rdf          p
# 1.115831e+02 3.015760e+00 3.700000e+01 2.079463e-09
```

Избыточность дисперсии есть! Дисперсия в 3 раза выше среднего.

Если есть избыточность дисперсии...

Пуассоновские модели недооценивают (приуменьшают) “раздувшиеся” стандартные ошибки.

Если данные подчиняются распределению Пуассона, то:

$$\text{var}(y_i) = \mu_i$$

$$\text{var}(E(y_i)) = \mu_i/n$$

$$SE_{E(y_i)} = \sqrt{\text{var}(E(y_i))}$$

Если данные не подчиняются распределению Пуассона, и дисперсия в φ раз больше среднего ($\varphi > 1$), то:

$$\text{var}^*(y_i) = \varphi \mu_i$$

Тогда дисперсии и стандартные ошибки “раздуты”:

$$\text{var}(E(y_i)) = \varphi \mu_i/n$$

$$SE_{E(y_i)} = \sqrt{\varphi \text{var}(E(y_i))}$$

Проблемы из-за неучтенной избыточности дисперсии

Когда есть избыточность дисперсии, использование распределения Пуассона приведет к проблемам:

- ▶ Доверительная зона предсказаний модели будет заужена из-за того, что оценки стандартных ошибок занижены.
- ▶ Тесты Вальда для коэффициентов модели дадут неправильные результаты из-за того, что оценки стандартных ошибок занижены. Уровень значимости будет занижен.
- ▶ Тесты, основанные на сравнении правдоподобий дадут смещённые результаты, т.к. соотношение девианс уже не будет подчиняться χ^2 -распределению.

Причины избыточности дисперсии

- ▶ Наличие выбросов.
- ▶ В модель не включен важный предиктор или взаимодействие предикторов.
- ▶ Нарушена независимость выборок (есть внутригрупповые корреляции).
- ▶ Нелинейная связь между ковариатами и зависимой переменной.
- ▶ Выбрана неподходящая связывающая функция.
- ▶ Количество нулей больше, чем предсказывает выбранное распределение отклика (Zero inflation) .
- ▶ Выбрана неподходящая функция распределения для отклика.

Причины избыточности дисперсии

- ▶ Наличие выбросов.
- ▶ В модель не включен важный предиктор или взаимодействие предикторов.
- ▶ Нарушена независимость выборок (есть внутригрупповые корреляции).
- ▶ Нелинейная связь между ковариатами и зависимой переменной.
- ▶ Выбрана неподходящая связывающая функция.
- ▶ Количество нулей больше, чем предсказывает выбранное распределение отклика (Zero inflation) .
- ▶ Выбрана неподходящая функция распределения для отклика.

Как бороться с избыточностью дисперсии

Взвесив все, что известно о данных, можно решить, как именно усовершенствовать модель.

Для модели числа визитов опылителей мы попробуем два варианта действий:

- ▶ Можно построить квази-пуассоновскую модель.
- ▶ Можно построить модель, основанную на отрицательном биномиальном распределении.

Квази-пуассоновские модели

$$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(y_i) = \varphi \mu_i$$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

В этих моделях используется распределение Пуассона, но вводится поправка на степень избыточности дисперсии φ .

Величина φ показывает, во сколько раз дисперсия превышает среднее.

φ оценивается по данным.

Помните, не бывает
“квази-пуассоновского
распределения”!

Особенности квази-пуассоновской GLM

- ▶ Оценки параметров β такие же как в Пуассоновской GLM.
- ▶ Стандартные ошибки оценок коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- ▶ Доверительные интервалы к оценкам коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- ▶ Логарифмы правдоподобий уменьшаются в φ раз.

Особенности квази-пуассоновской GLM

- ▶ Оценки параметров β такие же как в Пуассоновской GLM.
- ▶ Стандартные ошибки оценок коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- ▶ Доверительные интервалы к оценкам коэффициентов домножены на $\sqrt{\varphi}$.
- ▶ Логарифмы правдоподобий уменьшаются в φ раз.

Особенности работы с квази-моделями

1. В тестах параметров используются t -тесты (и t -распределение) вместо z -тестов Вальда (и стандартного нормального распределения).
2. Для анализа девиансы используются F -тесты.
3. Для квази-пуассоновских моделей не определена функция максимального правдоподобия, поэтому нельзя вычислить AIC (но иногда считают квази-AIC = QAIC).

Подбираем квази-пуассоновскую модель

$$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \varphi \mu_i$$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ — функция связи логарифм

$$\eta_i = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + \\ + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
M_quasi <- glm(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,  
              family = "quasipoisson")
```

Уравнение квази-пуассоновской модели

$$Visits_i \sim Quasipoisson(\mu_i)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = 3.016 \mu_i$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -2.66 + 0.71Treatment_{Invaded\ i} - 0.22Treatment_{Removal\ i} - \\ - 0.46DiversityD1_i + 0.04Flowers_i + 4.69Hours_i$$

```
coef(M_quasi)
```

#	(Intercept)	TreatmentInvaded	TreatmentRemoval	DiversityD_1
#	-2.66090631	0.71341797	-0.21537935	-0.45740225
#	Flowers	Hours		
#	0.03731004	4.68668983		

```
summary(M_quasi)$dispersion
```

```
# [1] 3.01578
```

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_quasi)
```

```
#
# Call:
# glm(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours,
#      family = "quasipoisson", data = pol)
#
# Deviance Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -4.0675  -1.3189  -0.3523   0.7068   3.2346
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# (Intercept)  -2.66091    3.77613  -0.705  0.48543
# TreatmentInvaded  0.71342    0.37190   1.918  0.06282 .
# TreatmentRemoval -0.21538    0.38665  -0.557  0.58086
# DiversityD_1    -0.45740    0.22330  -2.048  0.04767 *
# Flowers         0.03731    0.01187   3.143  0.00328 **
# Hours          4.68669    5.04179   0.930  0.35862
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 3.01578)
#
#      Null deviance: 189.75  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 119.88  on 37  degrees of freedom
# AIC: NA
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Анализ девиансы для квази-пуассоновской модели

```
drop1(M_quasi, test = "F")
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#
#          Df Deviance F value  Pr(>F)
# <none>          119.88
# Treatment      2   145.29   3.9211 0.02854 *
# DiversityD_1    1   134.31   4.4533 0.04166 *
# Flowers         1   148.67   8.8848 0.00506 **
# Hours           1   123.64   1.1593 0.28859
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- ▶ зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- ▶ зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- ▶ зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Это приблизительные результаты.
Не стоит доверять p близким к $\alpha = 0.05$.

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика

$$Visits_i \sim NB(\mu_i, k)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{k}$$

$\ln(\mu_i) = \eta_i$ – функция связи логарифм

$$\eta = b_0 + b_1 Treatment_{Invaded\ i} + b_2 Treatment_{Removal\ i} + b_3 DiversityD1_i + b_4 Flowers_i + b_5 Hours_i$$

```
library(MASS)
```

```
M_nb <- glm.nb(Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = pol,  
               link = "log")
```


Уравнение модели с отрицательным биномиальным распределением отклика

$$Visits_i \sim NB(\mu_i, 1.936)$$

$$E(Visits_i) = \mu_i, \text{ var}(Visits_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{1.936}$$

$$\ln(\mu_i) = \eta_i$$

$$\eta_i = -1.97 + 0.57Treatment_{Invaded\ i} - 0.11Treatment_{Removal\ i} - 0.49DiversityD1_i + 0.03Flowers_i + 4.10Hours_i$$

```
coef(M_nb)
```

#	(Intercept)	TreatmentInvaded	TreatmentRemoval	DiversityD_1
#	-1.97122318	0.56873105	-0.10895602	-0.48867762
#	Flowers	Hours		
#	0.03092964	4.10245668		

```
summary(M_nb)$theta
```

```
# [1] 1.93593
```

Смотрим на результаты подбора модели

```
summary(M_nb)
```

```
#
# Call:
# glm.nb(formula = Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers +
#       Hours, data = pol, link = "log", init.theta = 1.935929584)
#
# Deviance Residuals:
#      Min       1Q   Median       3Q      Max
# -2.4604  -0.9716  -0.2443   0.4706   1.5442
#
# Coefficients:
#              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
# (Intercept)  -1.97122    2.45300  -0.804   0.4216
# TreatmentInvaded  0.56873    0.38823   1.465   0.1429
# TreatmentRemoval -0.10896    0.37690  -0.289   0.7725
# DiversityD_1    -0.48868    0.19901  -2.456   0.0141 *
# Flowers         0.03093    0.01279   2.419   0.0156 *
# Hours          4.10246    3.29490   1.245   0.2131
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#
# (Dispersion parameter for Negative Binomial(1.9359) family taken to be 1)
#
#      Null deviance: 70.826  on 42  degrees of freedom
# Residual deviance: 48.891  on 37  degrees of freedom
# AIC: 208.85
#
# Number of Fisher Scoring iterations: 1
#
#              Theta:  1.936
#             Std. Err.:  0.723
#
# 2 x log-likelihood:  -194.849
```

Угловые коэффициенты показывают, на сколько единиц меняется значение логарифма отклика, если соответствующий предиктор изменяется на единицу.

Это значит, что сам отклик изменяется в e^{b_k} раз при изменении предиктора на единицу.

Анализ девиансы модели с отрицательным биномиальным распределением отклика

```
drop1(M_nb, test = 'Chi')
```

```
# Single term deletions
#
# Model:
# Visits ~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours
#           Df Deviance    AIC    LRT Pr(>Chi)
# <none>          48.891 206.85
# Treatment      2   53.389 207.35 4.4981  0.10550
# DiversityD_1   1   54.732 210.69 5.8414  0.01565 *
# Flowers        1   55.402 211.36 6.5110  0.01072 *
# Hours          1   50.384 206.34 1.4927  0.22180
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука:

- ▶ не зависит от присутствия вида вселенца и его цветов,
- ▶ зависит от разнообразия флоры на данном участке,
- ▶ зависит от числа цветов самого гадючьего лука.

Можем ли мы доверять этим результатам? Это нужно еще проверить.

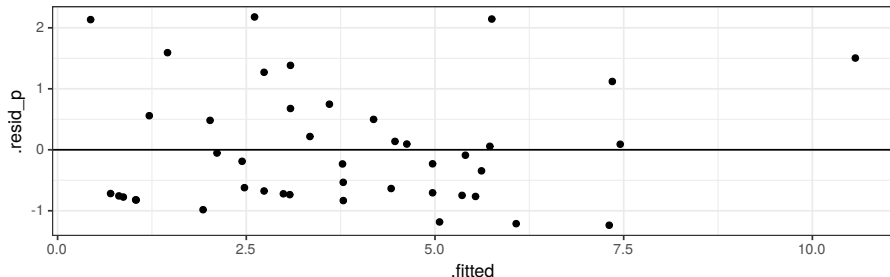
Задание 2

Проведите диагностику модели M_{nb} .

Видите ли вы какие-нибудь нарушения условий применимости?

График остатков

```
M_nb_diag <- data.frame(.fitted = fitted(M_nb, type = "response"),  
                        .resid_p = residuals(M_nb, type = "pearson"),  
                        pol)  
gg_resid <- ggplot(M_nb_diag, aes(y = .resid_p)) + geom_hline(yintercept = 0)  
gg_resid + geom_point(aes(x = .fitted))
```



Проверка на сверхдисперсию

Обратите внимание, у моделей с отрицательным биномиальным распределением добавляется еще один параметр

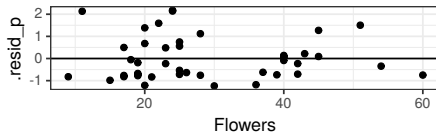
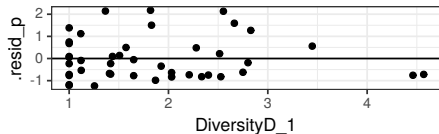
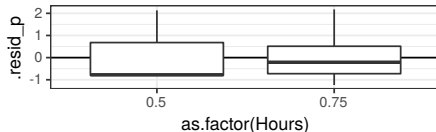
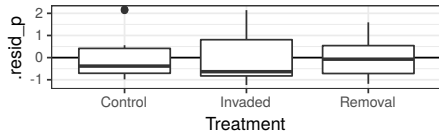
```
overdisp_fun(M_nb)
```

#	chisq	ratio	rdf	p
#	38.9817473	1.0828263	36.0000000	0.3371376

Избыточности дисперсии нет

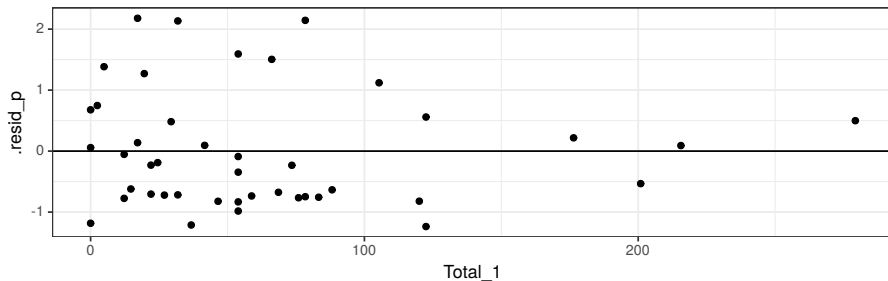
Графики остатков от переменных, которые есть в модели

```
plot_grid(gg_resid + geom_boxplot(aes(x = Treatment)),  
          gg_resid + geom_boxplot(aes(x = as.factor(Hours))),  
          gg_resid + geom_point(aes(x = DiversityD_1)),  
          gg_resid + geom_point(aes(x = Flowers)),  
          nrow = 2)
```



Графики остатков от переменных, которых нет в модели

```
gg_resid + geom_point(aes(x = Total_1))
```



Данные для предсказаний

```
NewData <- pol %>% group_by(Treatment)%>%  
  do(data.frame(Flowers = seq(min(. $Flowers), max(. $Flowers), length.out=50))) %>%  
  mutate(DiversityD_1 = mean(pol$DiversityD_1),  
         Hours = 0.75)
```

Как и в прошлый раз, давайте получим предсказания при помощи операций с матрицами,
чтобы своими глазами увидеть работу функции связи.

Еще можно получить предсказания при помощи функции `predict()`. Но будьте осторожны, **`predict()` возвращает стандартные ошибки все время только в масштабе функции связи!**

Предсказания модели при помощи операций с матрицами

```
# Модельная матрица и коэффициенты
X <- model.matrix(~ Treatment + DiversityD_1 + Flowers + Hours, data = NewData)
betas <- coef(M_nb)

# Предсказанные значения и стандартные ошибки...
# ...в масштабе функции связи (логарифм)
NewData$fit_eta <- X %*% betas
NewData$SE_eta <- sqrt(diag(X %*% vcov(M_nb) %*% t(X)))

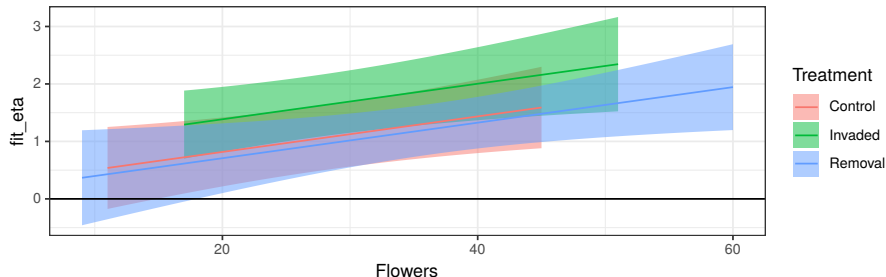
# ...в масштабе отклика (применяем функцию, обратную функции связи)
NewData$fit_mu <- exp(NewData$fit_eta)
NewData$lwr <- exp(NewData$fit_eta - 2 * NewData$SE_eta)
NewData$upr <- exp(NewData$fit_eta + 2 * NewData$SE_eta)

head(NewData, 2)
```

```
# # A tibble: 2 x 9
# # Groups:   Treatment [1]
#   Treatment Flowers DiversityD_1 Hours fit_eta[,1] SE_eta fit_mu[,1]
#   <chr>      <dbl>      <dbl> <dbl>      <dbl> <dbl>      <dbl>
# 1 Control      11          1.86  0.75      0.538  0.357      1.71
# 2 Control     11.7          1.86  0.75      0.560  0.351      1.75
# # ... with 2 more variables: lwr[,1] <dbl>, upr[,1] <dbl>
```

График предсказаний в масштабе функции связи

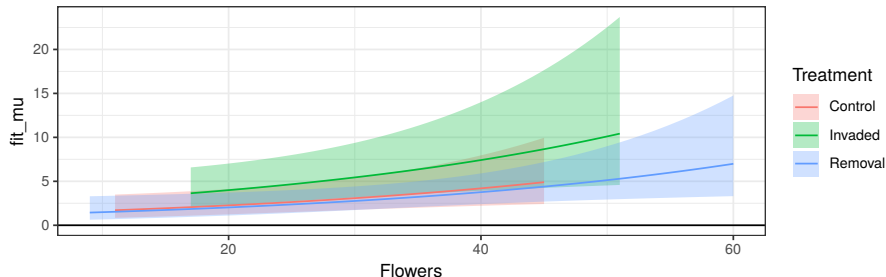
```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = fit_eta, fill = Treatment)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = fit_eta - 2 * SE_eta,  
                ymax = fit_eta + 2 * SE_eta),  
            alpha = 0.5) +  
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```



В масштабе функции связи мы моделируем линейную зависимость логарифмов мат. ожидания отклика от предикторов.

График предсказаний в масштабе переменной-отклика

```
ggplot(NewData, aes(x = Flowers, y = fit_mu, fill = Treatment)) +  
  geom_ribbon(aes(ymin = lwr,  
                ymax = upr),  
            alpha = 0.3) +  
  geom_line(aes(colour = Treatment)) +  
  geom_hline(yintercept = 0)
```

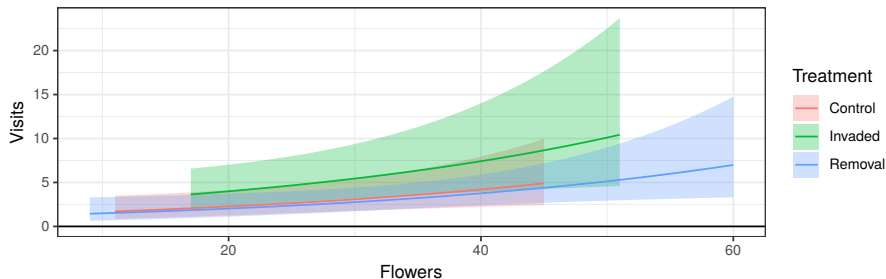


GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика моделирует его нелинейную связь предикторами за счет функции связи $\log()$.

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика

GLM с отрицательным биномиальным распределением отклика учитывает гетерогенность дисперсии ($E(y_i) = \mu_i$, $var(y_i) = \mu_i + \frac{\mu_i^2}{k}$). Стандартные ошибки возрастают с увеличением предсказанного значения даже сильнее, чем это было у Пуассоновской модели.

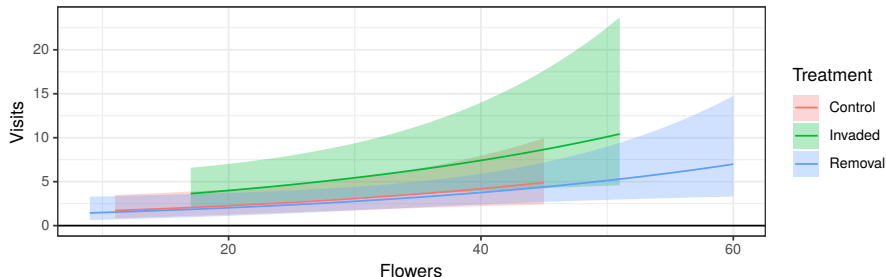
Этого оказалось вполне достаточно для моделирования данных (сверхдисперсии здесь нет).



Выводы

Число визитов опылителей на цветки гадючьего лука зависит не от присутствия вида вселенца или его цветов, а от разнообразия флоры на данном участке (тест отношения правдоподобий, $p = 0.02$).

При этом, чем больше цветов самого гадючьего лука, тем больше прилетает опылителей (тест отношения правдоподобий, $p = 0.01$).



Take-home messages

Очень важно правильно формулировать модель для данных.

Для моделирования счетных зависимых переменных применяются модели, основанные на распределении Пуассона или отрицательном биномиальном распределении.

Одно из условий применимости этих моделей — отсутствие избыточности дисперсии.

Избыточность дисперсий может возникать в силу разных причин, поэтому единого рецепта борьбы с ней нет.

Квази-пуассоновские модели решают проблему сверхдисперсии в Пуассоновской GLM внося поправки для стандартных ошибок оценок коэффициентов модели.

Модели, основанные на отрицательном биномиальном распределении, учитывают избыточность дисперсии при помощи отдельного параметра.

- ▶ Zuur, A.F. and Ieno, E.N., 2016. A protocol for conducting and presenting results of regression-type analyses. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(6), pp.636-645.
- ▶ Кабаков Р.И. R в действии. Анализ и визуализация данных на языке R. М.: ДМК Пресс, 2014
- ▶ Zuur, A., Ieno, E.N. and Smith, G.M., 2007. *Analyzing ecological data*. Springer Science & Business Media.