S1_4_Modèles

Table des matières

1 Modèle linéaire

1.A Principe et mise en œuvre

Modèle linéaire = modèle de régression linéaire = régression linéaire.

Utilisé quand une variable quantitative (continue) normalement distribuée Y doit être mise en relation avec une ou plusieurs variables $X_1, X_2, ..., X_p$ (quantitatives ou qualitatives, binaires ou catégorielles (dans le cas de variables catégorielles, elles sont automatiquement transformées en variables binaires)).

- Y = variable dépendante, expliquée, à prédire
- $X_1, X_2, ..., X_p$ = variables indépendantes, explicatives, prédictives, ou régresseurs

Équation du modèle linéaire :

$$Y = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \alpha_2 X_2 + ... + \alpha_p X_p + \epsilon$$

où :

- α_0 = ordonnée à l'origine (intercept)
- $\alpha_1, \alpha_2, ..., \alpha_p$ = coefficients de régression (pentes)
- ϵ = terme d'erreur (résidus), supposé suivre une loi normale centrée réduite (d'espérance nulle = 0, avec espérance = moyenne)

Objectif de l'algorithme = estimer les coefficients de régression $(\alpha_0, \alpha_1, \alpha_2, ..., \alpha_p)$ de façon à minimiser la variance estimée de ϵ (méthode des moindres carrés).

En gros : l'objectif est de trouver le modèle pour lequel le bruit est minimal.

Conditions de validité

- Normalité de la variable résiduelle ϵ
- Homoscédasticité des résidus (variance constante de ϵ pour toutes les valeurs de X)
- Indépendance des résidus ε (les résidus doivent être indépendants les uns des autres, c'est à dire pas de structure d'autocorrélation en particulier pas de structure temporelle)

> **Note**
>
> **Relation régression linéaire et ANOVA**
> L'ANOVA (analyse de la variance) est en fait un cas particulier de la régression linéaire où toutes les variables explicatives sont catégorielles. Ainsi, une ANOVA à un facteur est équivalente à une régression linéaire avec une variable explicative binaire.

1.B Exemple avec le jeu de données `smp`

Objectif : modéliser la durée de l'entretien en fonction de différentes variables explicatives.

La variable à expliquer est : durée de l'entretien (quantitative, donc régression linéaire adaptée)

- âge (quantitative)

- trouble psychiatrique
- trouble de la personnalité
- traumatisme pendant l'enfance
- type de prison

1. Description des variables :

- Étude descriptive des variables
- Vérification des conditions de validité du modèle : notament la normalité de la variable à expliquer

2. Construction du modèle linéaire

```
smp2 <- smp[smp$duree.interv>15,] # exclut valeurs aberrantes
mod <- lm(
    duree.interv~
    schizophrenie + depression + abus.subst + gravite + charactere + trauma.enfant
 ↪  + age + factor(type.centre),
    data=smp2)
summary(mod)
```

```
Call:
lm(formula = duree.interv ~ schizophrenie + depression + abus.subst +
    gravite + charactere + trauma.enfant + age + factor(type.centre),
    data = smp2)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-38.578 -13.855  -1.769  10.922  64.405

Coefficients:
                     Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)          42.48996    3.99998  10.623  < 2e-16 ***
schizophrenie         3.06420    2.80997   1.090 0.275911
depression            6.71269    1.64793   4.073 5.21e-05 ***
abus.subst            4.60037    1.79854   2.558 0.010760 *
gravite               1.06236    0.56548   1.879 0.060737 .
charactere            1.62547    0.93536   1.738 0.082723 .
trauma.enfant        -0.66805    1.66931  -0.400 0.689144
age                   0.20788    0.06066   3.427 0.000649 ***
factor(type.centre)2  4.09540    2.53401   1.616 0.106546
factor(type.centre)3 -1.29681    2.44159  -0.531 0.595509
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 18.02 on 645 degrees of freedom
  (144 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.1086,    Adjusted R-squared:  0.09619
```

```
F-statistic: 8.734 on 9 and 645 DF,  p-value: 1.919e-12
```

- Schizophrénie : augmentation de la durrée moyenne de 3 minutes, non significatif (p=0,28)
- Dépression : augmentation de la durée moyenne de 6 minutes, significatif
- Gravité : augmentation de la durée moyenne de **1 minute par point de gravité**, significatif
- Type de centre : deux lignes, car recodée en deux variables binaires (centre 2 vs centre 3, centre 3 vs centre 1)

Mais la présentation ne permet pas de tester l'effet global de la variable « type de centre » , c'est-à-dire répondre à la question : la durée d'entretien est-elle indépendante du type de centre, à valeur égale des autres variables ?

Dans ce cas : fonction `drop1()` :

La fonction `drop1()` permet de tester l'effet global d'une variable explicative en comparant le modèle complet avec un modèle sans cette variable.

Ici : `drop1(mod, test="F")` permet de tester l'effet global de chaque variable explicative en comparant le modèle complet avec un modèle sans cette variable, en utilisant un test F (test F = test de comparaison de modèles (ANOVA)).

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

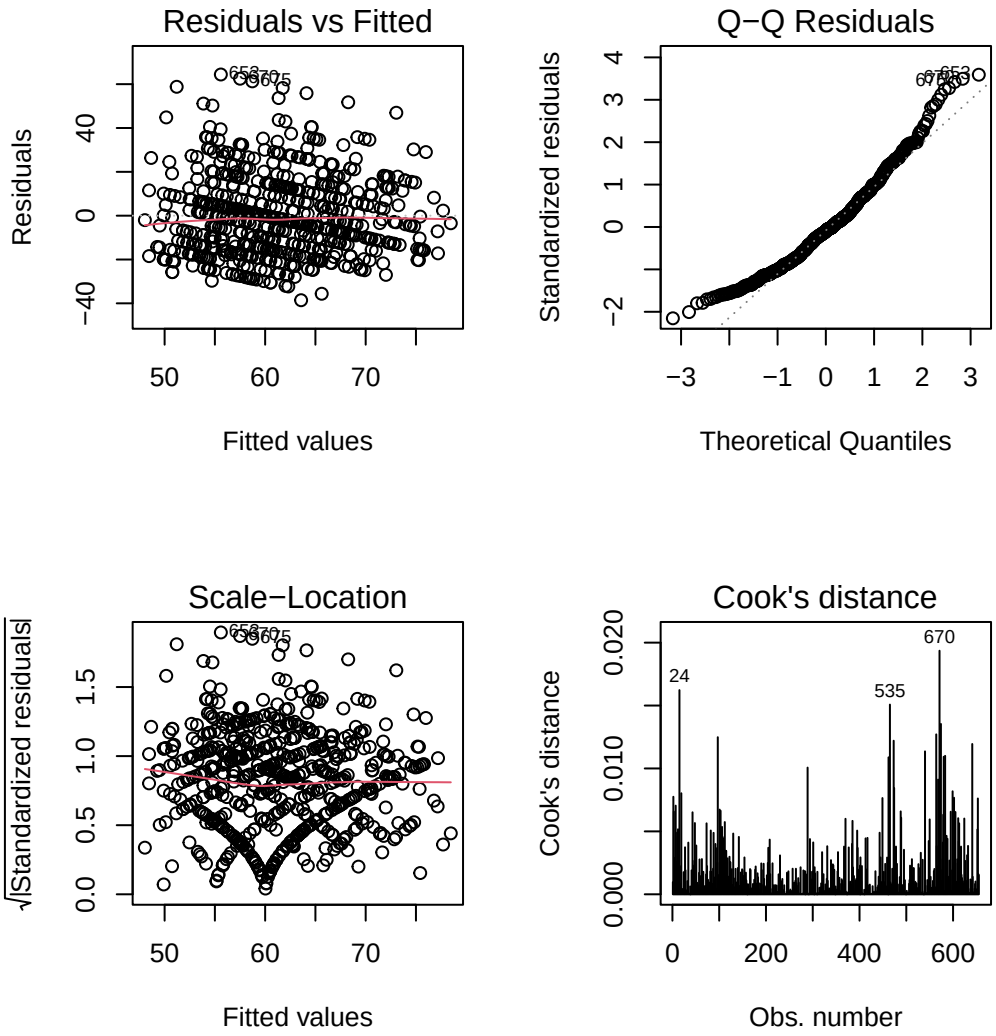
```
Single term deletions

Model:
duree.interv ~ schizophrenie + depression + abus.subst + gravite +
    charactere + trauma.enfant + age + factor(type.centre)
                   Df Sum of Sq    RSS    AIC F value    Pr(>F)
<none>                           209523 3798.0
schizophrenie       1     386.3 209910 3797.2  1.1891 0.2759114
depression          1    5390.0 214913 3812.6 16.5927  5.21e-05 ***
abus.subst          1    2125.3 211649 3802.6  6.5425 0.0107602 *
gravite             1    1146.5 210670 3799.6  3.5295 0.0607370 .
charactere          1     981.0 210504 3799.1  3.0199 0.0827234 .
trauma.enfant       1      52.0 209575 3796.2  0.1602 0.6891441
age                 1    3814.8 213338 3807.8 11.7436 0.0006493 ***
factor(type.centre) 2    3446.2 212970 3804.7  5.3044 0.0051888 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Le type de centre a donc un effet global significatif (p=0,005) sur la durée de l'entretien.

3. Vérification des conditions de validité du modèle

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(mod, which=1:4)
```



Residuals vs Fitted : permet de vérifier que la variance des résidus est constante et globalement indépendante des valeurs prédites (homoscédasticité).

Normal Q-Q : permet de vérifier la normalité des résidus (les points doivent être proches de la diagonale).

Cook's distance : permet d'identifier les points influents (points avec une grande distance de Cook, au-dessus de la ligne pointillée).

1.C Corrélation et modèle linéaire

Rappel sur le coefficient de corrélation de Pearson (r) :

- r varie entre -1 et 1
- $r = 1$: corrélation positive parfaite (lorsque X augmente, Y augmente de façon linéaire)
- $r = -1$: corrélation négative parfaite (lorsque X augmente, Y diminue de façon linéaire)
- $r = 0$: absence de corrélation linéaire entre X et Y

Donc quand 2 variables X et Y sont parfaitement corrélées ($r = 1$ ou -1), elles sont linéairement déterminées ($Y = a0 + a1X$).

Proximité entre corrélation et régression linéaire :

- Si X et et Y sont deux variables aléatoires, la régression linéaire de Y en fonction de X permet de prédire les valeurs de Y à partir des valeurs de X.
- Si X et Y sont linéairement liés, le modèle de régression linéaire permet de quantifier cette relation linéaire.
- La corrélation sert uniquement à dire s'il existe un lien entre deux variables et si ce lien va dans le même sens ou en sens inverse.
- La régression sert à utiliser une variable pour estimer la valeur attendue d'une autre variable.
- La dispersion d'une variable correspond au fait que ses valeurs sont plus ou moins éloignées les unes des autres.
- Dire qu'une partie de la dispersion est expliquée signifie qu'une partie des différences observées dans Y est liée aux valeurs de X.
- Le carré de la corrélation correspond à la fraction de la dispersion de Y qui est expliquée par X à travers la relation linéaire.
- Une fraction signifie simplement une partie du tout, par exemple 40 % de ce qui varie dans Y.
  - Si cette fraction est faible, alors connaître X aide très peu à estimer Y.
  - Si cette fraction est élevée, alors connaître X aide beaucoup à estimer Y.
- Même si une grande partie de la dispersion est expliquée, cela ne prouve jamais que X est la cause de Y.
- Corrélation et régression décrivent donc le même lien linéaire, mais la corrélation mesure la force du lien et la régression sert à faire des estimations chiffrées de Y. Si un exemple numérique concret doit accompagner ces phrases pour ancrer chaque notion, cela peut être ajouté.

```r
## 1. Simulation des données

set.seed(123)          # pour rendre l'exemple reproductible
n <- 100               # nombre d'observations

X <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)     # génération X
bruit <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1) # génération du bruit

Y <- 2 * X + bruit # création de Y en fonction de X avec du bruit
```

Corrélation entre X et Y :

```
r <- cor(X, Y)
r
```

```
[1] 0.8786993
```

r = 0.8786 : forte corrélation positive entre X et Y.

3. Régression linéaire de Y sur X

Faire une régression linéaire de Y en fonction de X permet de construire une règle numérique qui permet de prédire Y à partir de X, à partir de données réelles (bruitées)

```
mod <- lm(Y ~ X)
summary(mod)
```

```
Call:
lm(formula = Y ~ X)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.9073 -0.6835 -0.0875  0.5806  3.2904

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -0.10280    0.09755  -1.054    0.295
X            1.94753    0.10688  18.222   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.9707 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.7721,    Adjusted R-squared:  0.7698
F-statistic:   332 on 1 and 98 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Affiche les coefficients, l'ordonnée à l'origine (intercept), la pente, le R^2, etc.

r^2 correspond à la proportion de la variance de Y expliquée par X dans le modèle linéaire, c'est à dire la fraction de la variance de Y qui est expliquée par X à travers la relation linéaire.

4. Valeurs ajustées (prédictions pour les X observés)

```
Y_chapeau <- fitted(mod)
```

L'instruction `fitted(mod)` permet d'obtenir les valeurs prédites de Y (notées $Y_{chapeau}$) pour chaque valeur observée de X, en utilisant le modèle de régression linéaire.

5. Vérification r^2 = Var(Y_chapeau) / Var(Y)

On vérifie ici que le r^2 obtenu dans le résumé du modèle est bien égal à la variance des valeurs prédites ($Y_{chapeau}$) divisée par la variance de Y.

```
var_Y <- var(Y)
var_Y_chapeau <- var(Y_chapeau)

r2_via_cor <- r^2
r2_via_var <- var_Y_chapeau / var_Y

r2_via_cor
```

```
[1] 0.7721124
```

```
r2_via_var
```

```
[1] 0.7721124
```

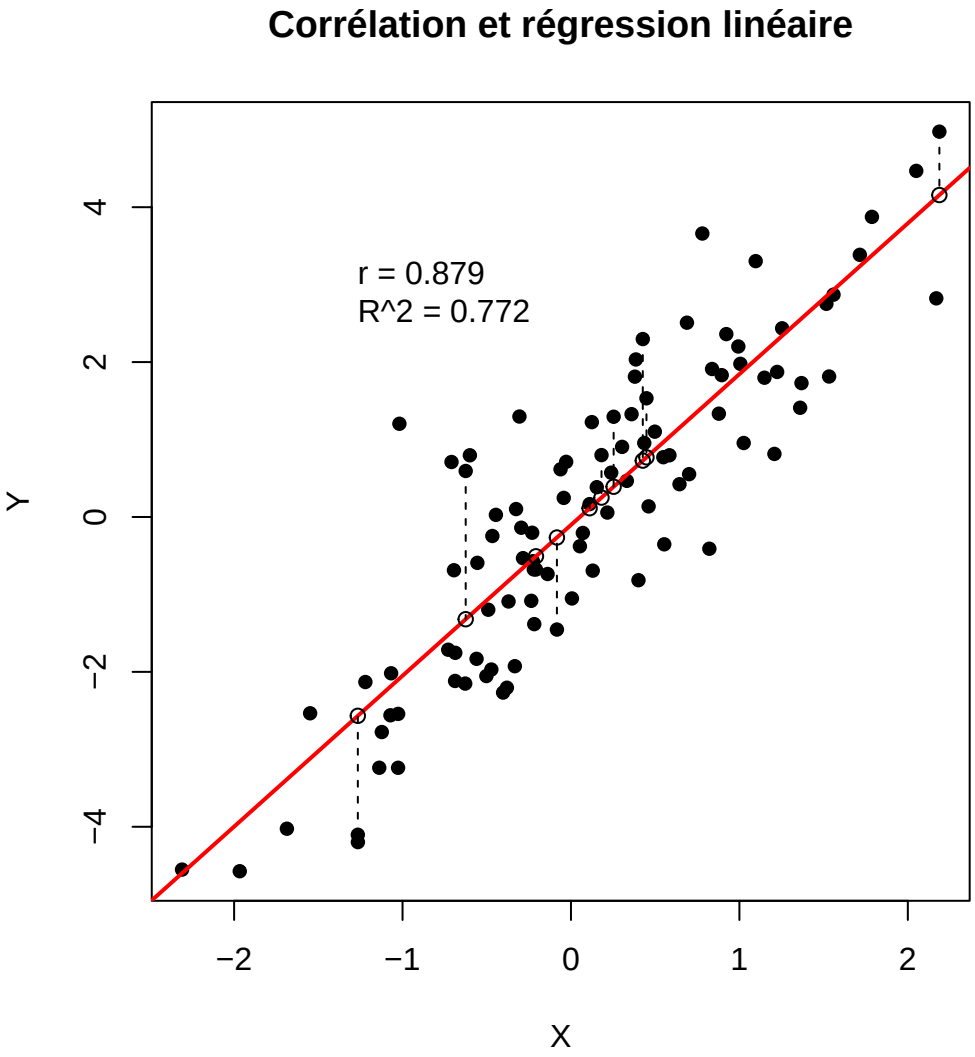
Si les deux valeurs sont égales, cela confirme que le r^2 du modèle linéaire correspond bien à la fraction de la variance de Y expliquée par X.

Cela revient à dire :

- La corrélation dit à quel point X et Y vont ensemble.
- La régression dit combien des différences de Y on peut retrouver grâce à X (quelle est la part de la variance de Y expliquée par X = quelle part des variations de Y est liée aux variations de X).
- Le pourcentage de la variance de Y expliquée par X est donné par le carré du coefficient de corrélation (r^2).
- Dans le cas d'une régression avec une seule variable X, ces deux informations sont numériquement équivalentes une fois mises au carré.

Avec une seule variable explicative X :

- r^2 = carré du coefficient de corrélation
- = part de la variabilité de Y prédite par la régression
- = % de la variance de Y expliquée par X.



! Important

Résumé : relation entre corrélation et régression linéaire
La corrélation mesure à quel point deux variables X et Y varient ensemble de façon linéaire. La régression utilise cette relation linéaire pour prédire les valeurs de Y à partir des valeurs de X, dans le cas où il y a une **seule** variable explicative X.

1.D Le test t : un cas particulier du modèle linéaire

Rappel : le test t permet de comparer **la moyenne** d'une variable quantitative entre deux groupes.

Dans le cadre d'un modèle linéaire, on peut considérer que le test t est un cas particulier où :

- la variable à expliquer Y est quantitative
- la variable explicative X est binaire (deux groupes)
- le modèle linéaire devient un modèle de régression linéaire avec une seule variable binaire explicative (un facteur à deux modalités).

$$Y = \alpha_0 + \alpha_1 \text{groupe}_i + \epsilon_i$$

où groupe_i est une variable binaire (0 ou 1) indiquant le groupe auquel appartient l'observation i.

Dans ce cas, le modèle linéaire permet de tester si la moyenne de Y est significativement différente entre les deux groupes.

1.D.1 Exemple R

1.D.1.1 Test t On avait vu un test t qui comprarait la moyenne d'âge des détenus selon qu'ils étaient ou non déprimés.

```
t.test(smp$age ~ smp$depression, var.equal=TRUE)
```

```
    Two Sample t-test

data:  smp$age by smp$depression
t = 2.6337, df = 795, p-value = 0.008611
alternative hypothesis: true difference in means between group 0 and group 1 is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.6425038 4.4032412
sample estimates:
mean in group 0 mean in group 1
       39.93182        37.40895
```

t = 2.634 : la moyenne d'âge des détenus déprimés est significativement plus basse que celle des détenus non déprimés.

p-value = 0.008611 : la différence de moyenne est significative (p < 0,05).

1.D.1.2 Régression linéaire On peut aussi faire une régression linéaire avec la variable binaire `depression` comme variable explicative :

```
summary(lm(age ~ depression, data=smp))
```

```
Call:
lm(formula = age ~ depression, data = smp)
```

```
Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-20.932 -10.932  -1.409   8.068  46.591

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  39.9318     0.6003  66.519  < 2e-16 ***
depression   -2.5229     0.9579  -2.634  0.00861 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 13.21 on 795 degrees of freedom
  (2 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.008649,  Adjusted R-squared:  0.007402
F-statistic: 6.936 on 1 and 795 DF,  p-value: 0.008611
```

t value = - 2,634 et p value = 0,008611 : les résultats sont identiques à ceux du test t.

1.D.2 Relation entre test t et régression linéaire

Le test t est donc un cas particulier de la régression linéaire où la variable explicative est binaire (un facteur à deux modalités).

Dans ce cas, le modèle linéaire permet de tester si la moyenne de la variable à expliquer est significativement différente entre les deux groupes.

Considérer le modèle llinéaire comme une généralisation du test t permet de transposer une partie des propriétés du test t à la régression linéaire :

- **Normalité des résidus** : **hypothèse faible**, pouvant être facilement compensée par un échantillon suffisamment grand
- **Indépendance des observations** : reste nécessaire
- **Homoscédasticité** : = égalité de la variance : peut être supprimée par un estimateur robuste
  - Estimateur “sandwich” : fonctionne en utilisant la matrice de variance-covariance des résidus pour ajuster les erreurs standards des coefficients du modèle.
  - Bootstrap : méthode de rééchantillonnage qui permet d’estimer la variance des coefficients du modèle en générant de multiples échantillons à partir des données originales.
- **Défaut de linéarité d’une variable quantitative** : peut poser problème, mais peut être compensé par une transformation de la variable (logarithmique, racine carrée, etc.) ou par l’utilisation de modèles non linéaires.

> **Note**
>
> **Méthode des moindres carrés**
> La régression linéaire utilise la méthode des moindres carrés pour estimer les coefficients du modèle, de manière à minimiser la somme des carrés des résidus (différences entre les valeurs

observées et les valeurs prédites).
L'objectif est de trouver les coefficients α_0 et α_1 qui minimisent la somme des carrés des erreurs (résidus) entre les valeurs observées de Y et les valeurs prédites par le modèle.

2 Introduction aux GLM

2.A Comment ça marche les GLM ?

Les modèles linéaires généralisés reposent sur 3 éléments:

1. Un prédicteur linéaire
2. Une fonction de lien
3. Une structure des erreurs

2.B Le prédicteur linéaire

« prédicteur linéaire« , c'est un terme un peu complexe pour dire, que comme dans les modèles linéaires classiques, les réponses prédites par les modèles vont l'être à partir d'une **combinaison linéaire des variables prédictives**

Le prédicteur linéaire est : η_i

$$\eta_i = \sum_{j=1}^{p} \beta_j X_{ij}$$

où :

- η_i : **prédicteur linéaire** pour l'individu i.
  - C'est la combinaison linéaire de toutes les variables explicatives.
  - Dans un GLM, **c'est la quantité que la fonction de lien va transformer** pour produire la moyenne du modèle (ex : logit, log, identité…).
- X_{ij} : **valeur de la variable explicative** j pour l'individu i.
  - Chaque individu a un ensemble de covariables (âge, sexe, exposition, etc.), notées $X_{i1}, X_{i2}, \dots, X_{ip}$.
- β_j : **coefficient associé à la variable explicative** j.
  - Il quantifie l'effet de X_{ij} sur la quantité modélisée.
  - Dans un GLM :
    - en régression linéaire : effet moyen sur Y
    - en logistique : effet sur les log-odds
    - en Poisson : effet sur le log de l'incidence
    - etc.
- p : **nombre total de variables explicatives** incluses dans le modèle.
- La somme $\sum_{j=1}^{p} \beta_j X_{ij}$
  - signifie qu'on multiplie chaque covariable par son coefficient, puis qu'on additionne le tout pour obtenir le **résultat global pour l'individu** i.

En résumé :

Le prédicteur linéaire η_i est la "combinaison linéaire" de toutes les covariables.

C'est lui que le modèle va ensuite transformer (via la fonction de lien) en **probabilité**, **moyenne**, ou **taux**, selon le type de GLM.

2.C La fonction de lien

= étape délicate des GLM !

Contrairement aux modèles linéaires classiques, les valeurs prédites par le prédicteur linéaire ne correspondent pas à la prédiction moyenne d'une observation, mais à la transformation (par une fonction mathématique) de celle-ci.

En pratique, cela signifie que les valeurs du prédicteur linéaire sont obtenues en transformant préalablement les valeurs observées par la fonction de lien.

Autrement dit, les beta sont estimés après transformation des réponses selon la fonction de lien choisie.

Le prédicteur linéaire et la fonction de lien sont ainsi liés par une équation qui contraint les valeurs prédites par le modèle à être dans l'échelle des valeurs observées.

Les formules sont complexes et incompréhnsibles mais globalement :

2.C.1 Tableau synthétique des modèles linéaires généralisés (GLM)

Type de réponse	Domaine des valeurs possibles	Distribution des erreurs	Fonction de lien	Comment la moyenne est obtenue	Fonction de la variance
Quantitative continue	Toutes les valeurs réelles (négatives ou positives)	Gaussienne (normale) = modèle linéaire classique	Identité : combinaison linéaire des variables explicatives = **la moyenne des résultats**	La moyenne est la somme des effets des variables explicatives Donc effet **additif**	La variance est constante = **homoscédasticité**
Comptage (0,1,2,3,...)	Nombres entiers positifs	Poisson	Logarithme : transforme la moyenne avec un logarithme pour pouvoir modéliser des valeurs qui ne peuvent être que positives.	La moyenne est obtenue en appliquant l'exponentielle à la combinaison linéaire des variables. Donc effet **multiplicatif**	La variance est proportionnelle à la moyenne Plus la moyenne est grande, plus la variance l'est aussi
Binaire (oui/non)	0 ou 1	Binomiale	Logit	La moyenne (probabilité) est obtenue en appliquant une fonction « en S » à la combinaison linéaire des variables Fonction **sigmoïde**	La variance dépend à la fois de la probabilité et de sa complémentaire (1 - probabilité) Si probabilité est faible ou élevée : faible variance Si probabilité 50% : variance maximale

En gros : dans les GLM, les données sont d'abord transformées et que cette transformation permet ensuite aux prédictions d'avoir des contraintes identiques aux réponses observées (par exemple, d'être toujours positives ou nulles), autrement dit de fournir des prédictions cohérentes !

2.D La structure d'erreur

A une fonction de lien donnée, correspond généralement une structure d'erreur particulière.

Il s'agit d'une famille de distribution des erreurs.

Par exemple, pour les données de comptage, la fonction de lien est le log et la structure d'erreur correspondante est la distribution de Poisson.

Cette structure d'erreur, permet notamment de spécifier correctement la relation entre la moyenne et la variance.

Cette relation est utilisée par l'approche de maximum de vraisemblance pour estimer les coefficients des paramètres (les beta) du GLM.

2.E Maximum de vraisemblance et déviance

Les coefficients des paramètres d'un GLM sont estimés par la méthode du maximum de vraisemblance, qui fait appelle à la notion de déviance.

La déviance est en quelque sorte une généralisation de la variance.

Elle mesure l'écart entre le modèle ajusté et le modèle saturé (modèle qui s'ajuste parfaitement aux données).

L'objectif est de minimiser la déviance, c'est-à-dire de trouver les coefficients des paramètres qui rendent le modèle aussi proche que possible des données observées.

3 Modèle logistique

3.A Modèle linéaire inadapté pour cas témoins

En étude cas-témoins :

- on choisit un certain nombre de cas (Y=1) et un certain nombre de témoins (Y=0) de manière artificielle,
- donc la proportion de cas dans les données ne reflète pas le vrai risque dans la population.

On ne peut donc pas interpréter :

- ni la moyenne de Y comme un risque,
- ni la différence de moyennes comme une différence absolue de risque.

Or le modèle linéaire sur Y (0/1) raisonne justement en termes de moyennes et de différences absolues, donc ça ne marche pas en cas-témoins.

En revanche, en cas-témoins, l'odds-ratio reste interprétable → d'où l'intérêt de la logistique.

3.B Principe et mise en œuvre

Objectif du modèle logistique : modéliser une variable binaire (0 ou 1) en fonction de variables explicatives quantitatives ou qualitatives.

Modèle logistique = régression logistique.

Équation du modèle logistique :

$$Y = \log\left(\frac{p}{1-p}\right) = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + ... + \alpha_p X_p + \epsilon$$

Il est très peu probable que ε suive une loi normale :

- Y est binaire (0 ou 1), donc la variance de Y n'est pas constante (elle dépend de la valeur de p)
- Les valeurs de à droites varient entre $-\infty$ et $+\infty$

NB : les résidus se calculent $\varepsilon = Y - (\alpha_0 + \alpha_1 X_1 + ... + \alpha_p X_p)$.

En fait l'équation n'a pas de sens !

- À gauche : Y = 0 ou 1
- À droite : une combinaison linéaire + une erreur → ça peut être n'importe quel réel, positif ou négatif.
- Un modèle linéaire peut prédire des valeurs < 0 ou > 1, or on veut prédire quelque chose qui ressemble à une probabilité.
- Il n'y a ni log-linéarité, ni proportionnalité des risques.

L'objectif est donc de modéliser la "probabilité" que Y = 1 en fonction des variables explicatives $X_1, X_2, ..., X_p$.

C'est à dire $P(Y = 1|X_1, X_2, ..., X_p)$. (pour probabilité de Y sachant X1, X2, …, Xp)

3.C Transformation de Y

3.C.1 Odds

L'objectif est de modéliser la probabilité que Y = 1 en fonction des variables explicatives $X_1, X_2, ..., X_p$.
Donc on cherche à modéliser $p = P(Y = 1|X_1, X_2, ..., X_p)$.

- p est compris entre 0 et 1.
- on cherche en fait à calculer l'odds = la cote = la probabilité que Y = 1 / probabilité que Y = 0 = $p/(1-p)$.

Les odds varient entre 0 et $+\infty$. Exemple :

- si p = 0.5 $\rightarrow$ odds = 0.5 / 0.5 = 1
- si p = 0.8 $\rightarrow$ odds = 0.8 / 0.2 = 4

3.C.2 Log-odds

On applique la transformation logarithmique aux odds afin d'obtenir une variable qui varie entre $-\infty$ et $+\infty$ et de la rendre compatible avec une régression linéaire.

Attention, on supprime ε car :

- on ne peut pas avoir de terme d'erreur dans une régression logistique
- en fait, comme on modélise la probabilité que $Y = 1$ à partir des données observées, l'erreur est "contenue" dans les données elles-mêmes.

$$\log\left(\frac{p(Y=1)}{1-p(Y=1)}\right) = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + ... + \alpha_p X_p$$

3.D Maximum de vraisemblance

L'estimation des coefficients du modèle logistique se fait par la méthode du maximum de vraisemblance.

Vraisemblance = probabilité d'observer les données réelles, en fonction des paramètres du modèle.

L'idée est de trouver les coefficients $\alpha_0, \alpha_1, ..., \alpha_p$ qui maximisent la probabilité d'observer les données réelles, en supposant que le modèle est correct.

Quand on dit "maximiser la log-vraisemblance", c'est équivalent à maximiser la vraisemblance, mais c'est plus facile à calculer avec des logarithmes.

L'utilisation des logarithmes facilite les calculs car :

- la log-vraisemblance transforme les produits en sommes, ce qui est plus simple à manipuler mathématiquement.
- elle permet d'éviter des problèmes numériques liés à la manipulation de très petites probabilités.
- Elle est souvent utilisée en statistique pour simplifier les calculs d'optimisation.

3.E Conditions de validité

La condition de validité la plus importante : au moins 10 évènements par variable explicative dans le modèle (10 événements = 10 cas où Y=1).

Cela permet d'assurer que les estimations des coefficients du modèle sont stables et fiables.

3.F Exemple R

La fonction `glm()` permet de faire une régression logistique en R.

Objectif : modéliser l'existence d'un risque suicidaire élevé à l'aide des variables :

- abus dans l'enfance (oui/non),
- procédure disciplinaire pendant l'incarcération (oui/non),
- durée de la peine (<1 mois, 1-6 mois, 6-12 mois, 1-5 ans, >5 ans),
- âge (continue)
- type de prison (« 1 » pour maison centrale, « 2 » pour centre de détention et « 3 » pour maison d'arrêt).

3.F.1 Description des variables

```
describe(
    smp[, c("hr.suicide","abus.enfant","discipline", "duree.peine","age")],
    num.desc=c("mean","sd","median", "min","max","valid.n"))
```

```
Description of smp[, c("hr.suicide", "abus.enfant", "discipline", "duree.peine",      "age")]

 Numeric
              mean    sd median min max valid.n
hr.suicide    0.20  0.40      0   0   1     760
abus.enfant   0.28  0.45      0   0   1     792
discipline    0.23  0.42      0   0   1     793
duree.peine   4.32  0.85      5   1   5     575
age          38.94 13.26     37  19  84     797
```

3.F.2 Fonction glm

```
mod <- glm(
    hr.suicide ~
        abus.enfant + discipline + duree.peine + age + factor(type.centre),
    data=smp,
    family = "binomial")
summary(mod)
```

```
Call:
glm(formula = hr.suicide ~ abus.enfant + discipline + duree.peine +
    age + factor(type.centre), family = "binomial", data = smp)

Coefficients:
                     Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)          -0.329750   0.787283  -0.419  0.67533
abus.enfant           0.633421   0.228495   2.772  0.00557 **
discipline            0.454877   0.254880   1.785  0.07431 .
duree.peine          -0.295252   0.149316  -1.977  0.04800 *
age                  -0.005002   0.009468  -0.528  0.59729
factor(type.centre)2 -0.045704   0.333694  -0.137  0.89106
factor(type.centre)3  0.273555   0.371157   0.737  0.46110
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 555.49  on 548  degrees of freedom
Residual deviance: 531.28  on 542  degrees of freedom
  (250 observations deleted due to missingness)
AIC: 545.28

Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
exp(coefficients(mod))
```

```
         (Intercept)          abus.enfant           discipline
           0.7191038            1.8840458            1.5759788
        duree.peine                  age factor(type.centre)2
           0.7443441            0.9950108            0.9553243
factor(type.centre)3
           1.3146295
```

```
exp(confint(mod))
```

```
Waiting for profiling to be done...

                         2.5 %    97.5 %
(Intercept)          0.1526791 3.3673241
abus.enfant          1.1996784 2.9433962
discipline           0.9514471 2.5901545
duree.peine          0.5549039 0.9978941
age                  0.9764391 1.0134442
factor(type.centre)2 0.5042208 1.8782340
factor(type.centre)3 0.6406323 2.7632295
```

Pour afficher tous les résultats en un seul tableau facilement exportable en latex (tableau gtsummary)

```
res_table1 <- tbl_regression(
    mod,
    exponentiate = TRUE
    ) |>
    modify_table_styling(
        columns = estimate,
        footnote = "Estimates are odds ratios from a logistic regression model."
    )

res_table1
```

Characteristic	OR[1]	95% CI	p-value
abus.enfant	1.88	1.20, 2.94	0.006
discipline	1.58	0.95, 2.59	0.074
duree.peine	0.74	0.55, 1.00	0.048
age	1.00	0.98, 1.01	0.6
factor(type.centre)			
1	—	—	
2	0.96	0.50, 1.88	0.9
3	1.31	0.64, 2.76	0.5

[1]Estimates are odds ratios from a logistic regression model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, OR = Odds Ratio

3.F.3 Tester l'absence d'effet d'une variable

Fonction `drop1` permet de tester si "globalement", l'effet d'une variable catégorielle a un effet sur `hr.suicide`

La fonction `drop1` permet de "supprimer" la variable du modèle.

```
drop1(mod,.~.,test="Chisq")
```

```
Single term deletions

Model:
hr.suicide ~ abus.enfant + discipline + duree.peine + age + factor(type.centre)
                    Df Deviance    AIC    LRT Pr(>Chi)
<none>                   531.28 545.28
abus.enfant          1   538.78 550.78 7.5010 0.006166 **
discipline           1   534.41 546.41 3.1287 0.076924 .
duree.peine          1   535.18 547.18 3.8968 0.048379 *
age                  1   531.56 543.56 0.2810 0.596049
```

```
factor(type.centre)  2   532.72 542.72 1.4368 0.487522
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

On utilise ici un test du Chi2 car on utilise le Maximum de Vraisemblance, qui suit une loi du Chi2 asymptotiquement.

Pour un modèle linéaire, on utilisait un test F car on utilisait la méthode des moindres carrés, qui suit une loi F (pour Fisher) asymptotiquement.

> **Note**
>
> **Différence entre test F et test du Chi2 dans le contexte des modèles linéaires et logistiques**
>
> - Test F : utilisé dans les modèles linéaires (régression linéaire) basés sur la méthode des moindres carrés. Il compare la variance expliquée par le modèle à la variance résiduelle pour évaluer la signification des variables explicatives.
> - Test du Chi2 : utilisé dans les modèles logistiques basés sur le maximum de vraisemblance. Il compare la log-vraisemblance du modèle complet avec celle d'un modèle réduit (sans la variable testée) pour évaluer l'effet global de la variable explicative.

4 Modèle log-binomial

Problème du modèle logistique : les odds-ratios sont ajustés et donc difficiles à interpréter.

Comment traduire un OR en truc du quotidien (si la maladie est fréquente) ?

Solution : modèle log-binomial.

4.A Principe et mise en œuvre

Objectif du modèle log-binomial : modéliser une variable binaire (0 ou 1) en fonction de variables explicatives quantitatives ou qualitatives, **en estimant directement les risques relatifs (RR) au lieu des odds-ratios (OR).**

Modèle log-binomial = régression log-binomial.

Équation du modèle log-binomial :

$$\log[p(Y=1)] = a_0 + a_1 X_1 + ... + a_p X_p$$

où $p(Y=1)$ est la probabilité que Y = 1 (risque).

Problème mathématique :

- à gauche : $\log[p(Y=1)]$ varie entre $-\infty$ et 0 (car $p(Y=1)$ varie entre 0 et 1) donc $\log[p(Y=1)]$ ne peut pas prendre toutes les valeurs réelles.
- à droite : une combinaison linéaire de variables explicatives qui peut prendre toutes les valeurs réelles (entre $-\infty$ et $+\infty$).

On a donc un problème de convergence (on dit que l'algorithme converge quand il trouve une solution stable) :

- une probabilité doit être 1,
- mais exp(·) peut dépasser 1 très facilement.

Le modèle log-binomial fonctionne donc avec des contraintes :

- $\exp(a_0 + a_1 X_1 + ...) \leq 1$: le modèle interdit des combinaisons de variables explicatives qui donneraient des probabilités > 1.
- donc les coefficients sont fortement contraints à se rapprocher de 0.

4.B Exemple R

On utilise la fonction `logbin()` du package `logbin`.

Objectif : idem que précédemment, modéliser l'existence d'un risque suicidaire élevé.

```
mod2 <- logbin(
    hr.suicide ~
        abus.enfant + discipline + duree.peine + age + factor(type.centre),
    data = smp
)
```

```r
summary(mod2)
```

```
Call:
logbin(formula = hr.suicide ~ abus.enfant + discipline + duree.peine +
    age + factor(type.centre), data = smp)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.4029  -0.6821  -0.5819  -0.4928   2.0684

Coefficients:
                     Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)          -0.928551   0.585717  -1.585  0.11289
abus.enfant           0.480690   0.167112   2.876  0.00402 **
discipline            0.275071   0.187525   1.467  0.14242
duree.peine          -0.191619   0.107833  -1.777  0.07557 .
age                  -0.004893   0.007487  -0.654  0.51343
factor(type.centre)2  0.011596   0.270326   0.043  0.96578
factor(type.centre)3  0.224932   0.294407   0.764  0.44486
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

    Null deviance: 555.49  on 548  degrees of freedom
Residual deviance: 532.19  on 542  degrees of freedom
  (250 observations deleted due to missingness)

  AIC: 546.19
AIC_c: 546.40

Number of iterations: 59719 (best: 2929)
```

```r
exp(coefficients(mod2))
```

```
         (Intercept)          abus.enfant           discipline
           0.3951260            1.6171894            1.3166236
         duree.peine                  age factor(type.centre)2
           0.8256215            0.9951193            1.0116637
factor(type.centre)3
           1.2522375
```

```r
exp(confint(mod2))
```

```
                        2.5 %   97.5 %
(Intercept)          0.1253640 1.245370
abus.enfant          1.1655076 2.243916
```

```
discipline            0.9116757 1.901441
duree.peine           0.6683343 1.019925
age                   0.9806236 1.009829
factor(type.centre)2 0.5955717 1.718455
factor(type.centre)3 0.7032138 2.229903
```

Et représentation en tableau :

```
res_table2 <- tbl_regression(mod2, exponentiate = TRUE) |>
    modify_table_styling(
        columns = estimate,
        footnote = "Estimates are risk ratios from a log-binomial model."
    )
```

```
Warning: The `tidy()` method for objects of class `logbin` is not maintained by the broom team,

This warning is displayed once per session.
```

```
res_table2
```

Characteristic	**RR**[1]	**95% CI**	**p-value**
abus.enfant	1.62	1.17, 2.24	0.004
discipline	1.32	0.91, 1.90	0.14
duree.peine	0.83	0.67, 1.02	0.076
age	1.00	0.98, 1.01	0.5
factor(type.centre)			
1	—	—	
2	1.01	0.60, 1.72	>0.9
3	1.25	0.70, 2.23	0.4

[1]Estimates are risk ratios from a log-binomial model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, RR = Relative Risk

4.C Problème du modèle log-binomial

4.D Limitations du modèle log-binomial et alternative pratique

Le modèle **log-binomial**, utilisé pour estimer directement un **risque relatif (RR)** ajusté lorsque la maladie est fréquente, présente plusieurs limites majeures :

- méthodes d'estimation instables lorsque la prévalence est élevée ou que de nombreuses covariables sont incluses ;
- problèmes fréquents de **convergence**, car les probabilités prédites doivent rester 1 alors que la forme exponentielle peut facilement dépasser cette limite ;

- les coefficients sont contraints vers 0, ce qui produit des **risques relatifs artificiellement proches de 1** ;
- le modèle estime des **RR conditionnels**, difficiles à interpréter en présence de nombreuses covariables ou de covariables corrélées ;
- pour des maladies fréquentes, l'hypothèse d'absence d'interaction est souvent intenable, menant soit à des probabilités > 100 %, soit à un aplatissement général des RR.

4.E Alternative : calculer un RR marginal à partir d'un modèle logistique

Une approche robuste consiste à :

1. ajuster une **régression logistique** ;
2. créer deux jeux de données contrefactuels :
   - un où l'exposition vaut 0 pour tous les sujets ;
   - un où l'exposition vaut 1 pour tous les sujets ;
3. prédire les probabilités dans chaque scénario ;
4. calculer :
   - le risque moyen non exposé : p_0 ;
   - le risque moyen exposé : p_1 ;
   - le risque relatif marginal : $RR = \dfrac{p_1}{p_0}$;
   - l'odds-ratio marginal : $OR = \dfrac{p_1/(1-p_1)}{p_0/(1-p_0)}$;
   - la différence absolue de risque : $DAR = p_1 - p_0$.

> **Note**
>
> **Régression logistique selon Firth**
> Firth modifie la régression logistique classique en ajoutant au critère à optimiser un terme supplémentaire qui devient très pénalisant quand un coefficient essaie de partir vers des valeurs extrêmes.
> Concrètement, ce terme repose sur la « courbure » de la vraisemblance : plus les données poussent un coefficient à devenir énorme (cas de séparation ou quasi-séparation), plus ce terme augmente et force la solution à rester finie.
> Mathématiquement, c'est exactement ce qu'on obtiendrait si on imposait une loi a priori très spécifique (la prior de Jeffreys) sur les coefficients, ce qui revient à ajouter une petite quantité d'« information artificielle » pour casser la séparation parfaite.
> Cette correction est construite pour compenser l'erreur systématique des estimateurs classiques, de sorte que, en situation de petits effectifs ou d'événement rare, les coefficients issus de Firth sont moins systématiquement trop grands en valeur absolue.

5 Modèle logistique pour *odds* proportionnels

Ces modèles sont adaptés quand la variable à expliquer est qualitative ordonnée. p151 du pdf

6 Modèle de Poisson et binomial négatif pour taux d'incidence

Variable de type "compte" (= entier positif)

= nombre d'occurences d'un évènement dans un intervalle de temps donné (= nombre de buts marqués, d'œufs pondus…)

Les modèles de Poisson et binomial négatif permettent de modéliser une variable de type "compte" en fonction de variables explicatives quantitatives ou qualitatives.

Définition :

- Ce sont des GLM (= modèles linéaires généralisés)
- Fonction lien log = logarithme naturel
- Structure d'erreur de type Poisson.

6.A Pourquoi les modèles linéaires classiques ne sont pas adaptés

Données de compte : ne remplissent pas les conditions de validité des modèles linéaires classiques.

- Ne suivent pas une loi normale (mais une loi de Poisson)
- Leur variance n'est pas constante (mais proportionnelle à la moyenne)

6.B La distribution de Poisson

La distribution de Poisson est une distribution de probabilité discrète qui décrit le nombre d'événements se produisant dans un intervalle de temps ou d'espace fixe, lorsque ces événements se produisent avec une moyenne constante et indépendamment les uns des autres.

Équation :

$$P(X = k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}$$

Avec :

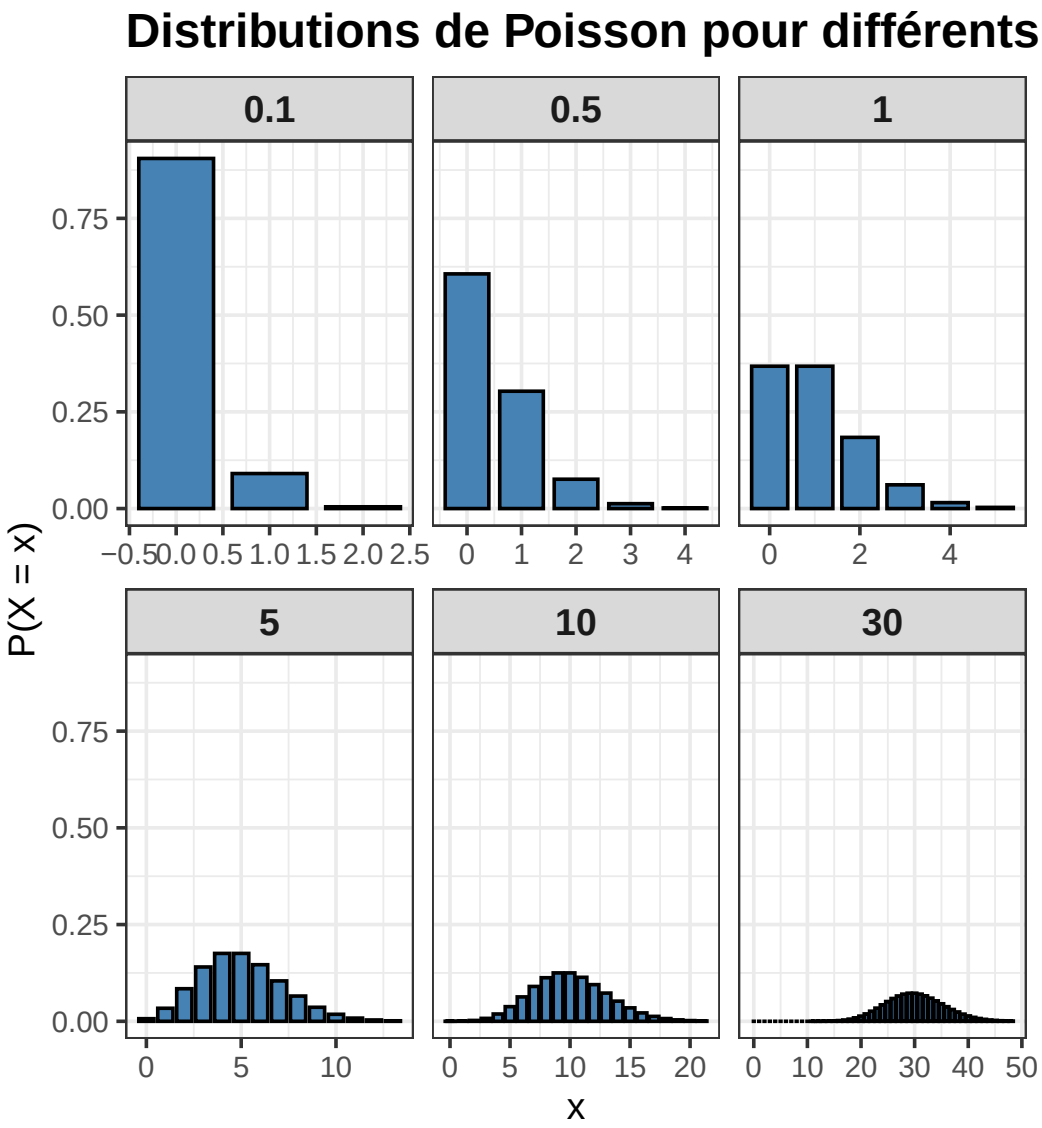
- $P(X = k)$: probabilité d'observer exactement k événements dans l'intervalle
- λ : moyenne (et variance) du nombre d'événements dans l'intervalle
- e : base du logarithme naturel (environ 2,71828)
- $k!$: factorielle de k (produit des entiers de 1 à k)

Donc la distribution de Poisson est ainsi définie par un seul paramètre : λ !

Exemples de distributions de poisson avec différentes valeurs de λ :

Plus λ augmente, plus la distribution de Poisson se rapproche d'une loi Normale.

On dit qu'une loi de Poisson peur être approximée par une loi Normale quand λ = égal 20 ou 30



La distribution de Poisson possède deux éléments remarquables :

- L'espérance (ou moyenne) d'une variable aléatoire distribuée selon une loi de poisson est égale à Lambda :$E(y) = \lambda$
- La variance d'une variable aléatoire distribuée selon une loi de poisson est aussi égale à Lambda : $Var(y) = \lambda$

6.C Caractéristique du GLM de Poisson

1. Prédicteur linéaire : combinaison linéaire des variables explicatives

- $\eta_i = \beta_0 + \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2} + ... + \beta_p X_{ip}$
- où η_i est le prédicteur linéaire pour l'observation i.

2. Fonction de lien dans le modèle de Poisson : logarithme naturel

- $\log(\mu_i) = \eta_i$ = prédicteur linéaire

En gros : les valeurs prédites par le prédicteur linéaire du GLM ne correspondent pas à la prédiction moyenne d'une observation, **mais à la transformation log de celle-ci**.

Pour obtenir la prédiction moyenne, on applique l'exponentielle au prédicteur linéaire :

- $\mu_i = \exp(\eta_i)$

3. Structure d'erreur : distribution de Poisson

- La variable à expliquer suit une loi de Poisson.
- C'est à dire que son espérance (sa moyenne) et sa variance sont égales à λ.

6.D Conditions de validité

1. les réponses sont indépendantes.
2. les réponses sont distribuées selon une loi de Poisson, de paramètre Lambda.
3. il n'existe pas de surdispersion

6.D.1 Indépendance des réponses

- Pas de structures de corrélation entre les données
- Par exemple pas de données répétées
- Si données répétées : utiliser un modèle linéaire généralisé à effet mixte (Generalized Linear Mixed Models, ou GLMM).

6.D.2 Distribution des réponses

- Généralement supposée
- On peut comparer la distribution des données *vs* une distribution théorique de Poisson

6.D.3 Absence de surdispersion

- Selon la loi de Poisson, la variance des réponses est égale à la moyenne des réponses.
- Surdispersion = variance réelle > variance théorique.
  - Dans ce cas : risque de sous-estimation de l'erreur standard des paramètres du modèle.
  - et donc de p-value excessivement faible.

6.D.3.1 Comment mesurer la surdispersion On calcule un paramètre appelé ϕ :

$$\phi = \frac{\text{variance observee}}{\text{variance theorique}} = \frac{\text{variance observee}}{\text{moyenne}}.$$

En pratique, comme la variance théorique d'un modèle de Poisson vaut la moyenne, ϕ indique directement à quel point les données sont plus dispersées que ce que le modèle prévoit.

Dans un modèle ajusté, on n'a pas accès à la vraie variance, donc ϕ est estimé par :

$$\hat{\phi} = \frac{\text{deviance residuelle}}{\text{nombre de degres de liberte}}.$$

Avec la déviance résiduelle = mesure de l'écart entre le modèle ajusté et les données observées.

- Si $\hat{\phi} \approx 1$: les données sont compatibles avec la loi de Poisson.
- Si $\hat{\phi} > 1$: il y a surdispersion.
- Il n'existe **pas de seuil universel** (1.5 ? 2 ?) : le seuil dépend aussi de la taille des données.

Certains packages (comme `AER`) proposent un test dédié pour aider à prendre la décision.

6.D.3.2 Causes fréquentes de surdispersion La surdispersion n'est pas un "bug", mais un symptôme d'un problème réel dans les données :

- corrélation entre les réponses (par exemple des mesures répétées),
- variable explicative importante manquante,
- excès de zéros par rapport à ce que prévoit une loi de Poisson.

6.D.3.3 Que faire en cas de surdispersion ? Si $\hat{\phi}$ est clairement supérieur à 1, il faut changer le modèle, car la régression de Poisson n'est plus adaptée.

Deux alternatives classiques :

- **quasi-Poisson** :
  - même structure que Poisson, mais avec variance ajustée ;
  - lève la contrainte d'égalité entre moyenne et variance.
- **binomiale négative** :
  - variance plus flexible, souvent adaptée aux données avec beaucoup de dispersion.
  - modèle plus complexe, mais souvent plus robuste.

Ces modèles corrigent l'erreur standard en la multipliant par :

$$\sqrt{\hat{\phi}}.$$

Ce qui remet les p-values à des niveaux plus réalistes.

6.E Exemple R

Modèle expliquant le nombre d'antécédents d'incarcération des détenus du df `smp`.

- Données de comptage d'événements non-indépendants car survenant chez un même sujet !
- Modèle de Poisson : inapproprié car adapté au comptage d'événements indépendant est manifestement inapproprié,
- Modèles quasi-Poisson ou binomial négatifs restent possibles car ne reposent pas sur l'hypothèse d'indépendance.

Pour mesurer le degré d'invalidité du modèle de Poisson, on compare la moyenne et la variance du nombre d'antécédents d'incarcération.

```
mean(smp$n.prison, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 1.839949
```

```
var(smp$n.prison, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 11.94743
```

```
var(smp$n.prison, na.rm=TRUE) / mean(smp$n.prison, na.rm=TRUE)
```

```
[1] 6.493348
```

6.E.1 Modèle de Poisson

Essayons de calculer un modèle de Poisson malgré tout incluant :

- `charactere` (intensité d'un trouble de la personnalité),
- `recherche.nouv` (dimension de recherche de la nouveauté),
- `famille.prison` (antécédents familiaux d'incarcération),
- `abus.enfant` (antécédents d'abus pendant l'enfance),
- `age` (l'âge)
- et `type.centre` (le type d'établissement pénitentiaire).

```
mod_pois <- glm(
    n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison + abus.enfant + age +
 ↪  factor(type.centre),
    data = smp,
    family = poisson()
)
summary(mod_pois)
```

```
Call:
glm(formula = n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison +
    abus.enfant + age + factor(type.centre), family = poisson(),
    data = smp)

Coefficients:
                     Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)         -1.232314   0.178078  -6.920 4.51e-12 ***
charactere           0.300950   0.029450  10.219  < 2e-16 ***
```

```
recherche.nouv        0.236566   0.037707   6.274 3.52e-10 ***
famille.prison        0.536230   0.059981   8.940  < 2e-16 ***
abus.enfant           0.402111   0.059269   6.785 1.16e-11 ***
age                   0.006819   0.002381   2.864  0.00419 **
factor(type.centre)2  0.322015   0.111315   2.893  0.00382 **
factor(type.centre)3  0.276732   0.109034   2.538  0.01115 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 2834.4  on 633  degrees of freedom
Residual deviance: 2360.4  on 626  degrees of freedom
  (165 observations deleted due to missingness)
AIC: 3289.6

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Affichage des résultats en tableau :

```
res_table_pois <- tbl_regression(
    mod_pois,
    exponentiate = TRUE
    ) |>
    modify_table_styling(
        columns = estimate,
        footnote = "Estimates are incidence rate ratios from a Poisson regression
         ↪  model."
    )
res_table_pois
```

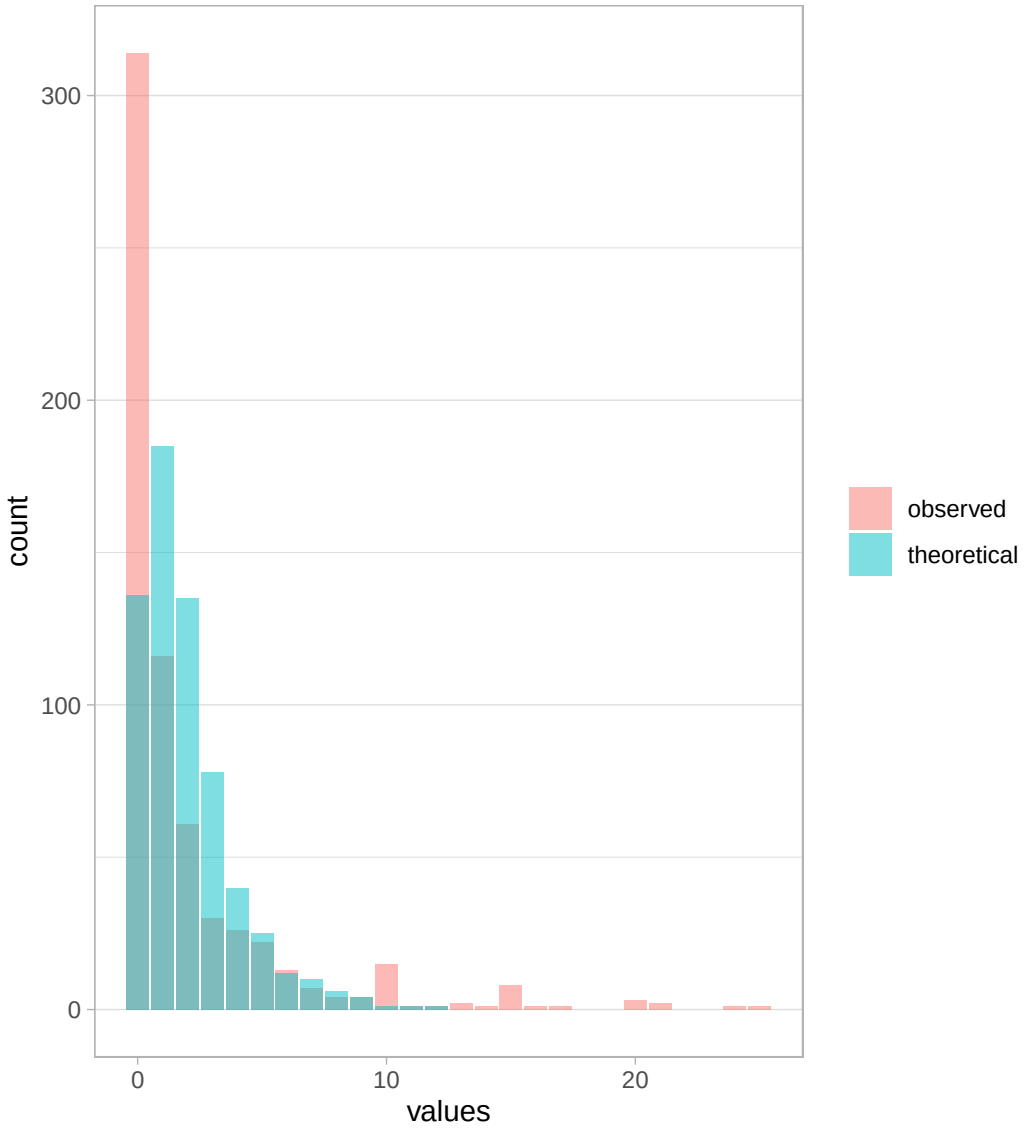
Characteristic	**IRR**[1]	**95% CI**	**p-value**
charactere	1.35	1.28, 1.43	<0.001
recherche.nouv	1.27	1.18, 1.36	<0.001
famille.prison	1.71	1.52, 1.92	<0.001
abus.enfant	1.49	1.33, 1.68	<0.001
age	1.01	1.00, 1.01	0.004
factor(type.centre)			
1	—	—	
2	1.38	1.11, 1.73	0.004
3	1.32	1.07, 1.64	0.011

[1]Estimates are incidence rate ratios from a Poisson regression model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, IRR = Incidence Rate Ratio

Le package `guideR` de Larmarange propose une fonction `guideR::observed_vs_theoretical()`

qui permet justement de comparer la distribution observée avec la distribution théorique d'un modèle.

```
mod_pois |>
    guideR::observed_vs_theoretical()
```



Il existe même une fonction automatique évaluent la surdispersion dans le package `DHARMa`, qui fait un test de surdispersion.

```
mod_pois |>
    performance::check_overdispersion()
```

```
# Overdispersion test

       dispersion ratio =    5.512
  Pearson's Chi-Squared = 3450.403
```

```
                p-value =  < 0.001

Overdispersion detected.
```

6.E.2 Modèle quasi-Poisson

```r
mod_quasi <- glm(
    n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison + abus.enfant + age +
 ↪  factor(type.centre),
    data = smp,
    family = quasipoisson()
)
summary(mod_quasi)
```

```
Call:
glm(formula = n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison +
    abus.enfant + age + factor(type.centre), family = quasipoisson(),
    data = smp)

Coefficients:
                     Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)         -1.232314   0.418080  -2.948 0.003322 **
charactere           0.300950   0.069140   4.353 1.57e-05 ***
recherche.nouv       0.236566   0.088526   2.672 0.007730 **
famille.prison       0.536230   0.140820   3.808 0.000154 ***
abus.enfant          0.402111   0.139148   2.890 0.003988 **
age                  0.006819   0.005590   1.220 0.223032
factor(type.centre)2 0.322015   0.261338   1.232 0.218345
factor(type.centre)3 0.276732   0.255984   1.081 0.280090
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for quasipoisson family taken to be 5.511868)

    Null deviance: 2834.4  on 633  degrees of freedom
Residual deviance: 2360.4  on 626  degrees of freedom
  (165 observations deleted due to missingness)
AIC: NA

Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

Affichage des résultats en tableau :

Characteristic	IRR[1]	95% CI	p-value
charactere	1.35	1.18, 1.55	<0.001
recherche.nouv	1.27	1.07, 1.51	0.008
famille.prison	1.71	1.30, 2.25	<0.001
abus.enfant	1.49	1.14, 1.96	0.004
age	1.01	1.00, 1.02	0.2
factor(type.centre)			
1	—	—	
2	1.38	0.85, 2.38	0.2
3	1.32	0.82, 2.25	0.3

[1]Estimates are incidence rate ratios from a quasi-Poisson regression model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, IRR = Incidence Rate Ratio

Comparaison avec un modèle théorique de quasi-Poisson : pas possible avec `guideR::observed_vs_theoretical()` car ne supporte pas le quasi-Poisson.

On peut quand même vérifier la surdispersion avec `performance::check_overdispersion()` :

```
mod_quasi |>
    performance::check_overdispersion()
```

```
# Overdispersion test

       dispersion ratio =    5.512
  Pearson's Chi-Squared = 3450.403
                p-value =  < 0.001

Overdispersion detected.
```

6.E.3 Modèle binomial négatif

Library `MASS` propose la fonction `glm.nb()` pour ajuster un modèle binomial négatif.

```
mod_nb <- glm.nb(
    n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison + abus.enfant + age +
 ↪  factor(type.centre),
    data = smp
)
summary(mod_nb)
```

```
Call:
glm.nb(formula = n.prison ~ charactere + recherche.nouv + famille.prison +
    abus.enfant + age + factor(type.centre), data = smp, init.theta = 0.4746238145,
    link = log)
```

```
Coefficients:
                      Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)          -1.330018   0.395188  -3.366 0.000764 ***
charactere            0.304019   0.081209   3.744 0.000181 ***
recherche.nouv        0.240279   0.081137   2.961 0.003063 **
famille.prison        0.604064   0.146477   4.124 3.72e-05 ***
abus.enfant           0.462282   0.147036   3.144 0.001667 **
age                   0.008619   0.005423   1.589 0.111979
factor(type.centre)2  0.216223   0.246183   0.878 0.379780
factor(type.centre)3  0.286117   0.240209   1.191 0.233607
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for Negative Binomial(0.4746) family taken to be 1)

    Null deviance: 680.90  on 633  degrees of freedom
Residual deviance: 593.39  on 626  degrees of freedom
  (165 observations deleted due to missingness)
AIC: 2212

Number of Fisher Scoring iterations: 1

              Theta:  0.4746
          Std. Err.:  0.0430

 2 x log-likelihood:  -2193.9550
```

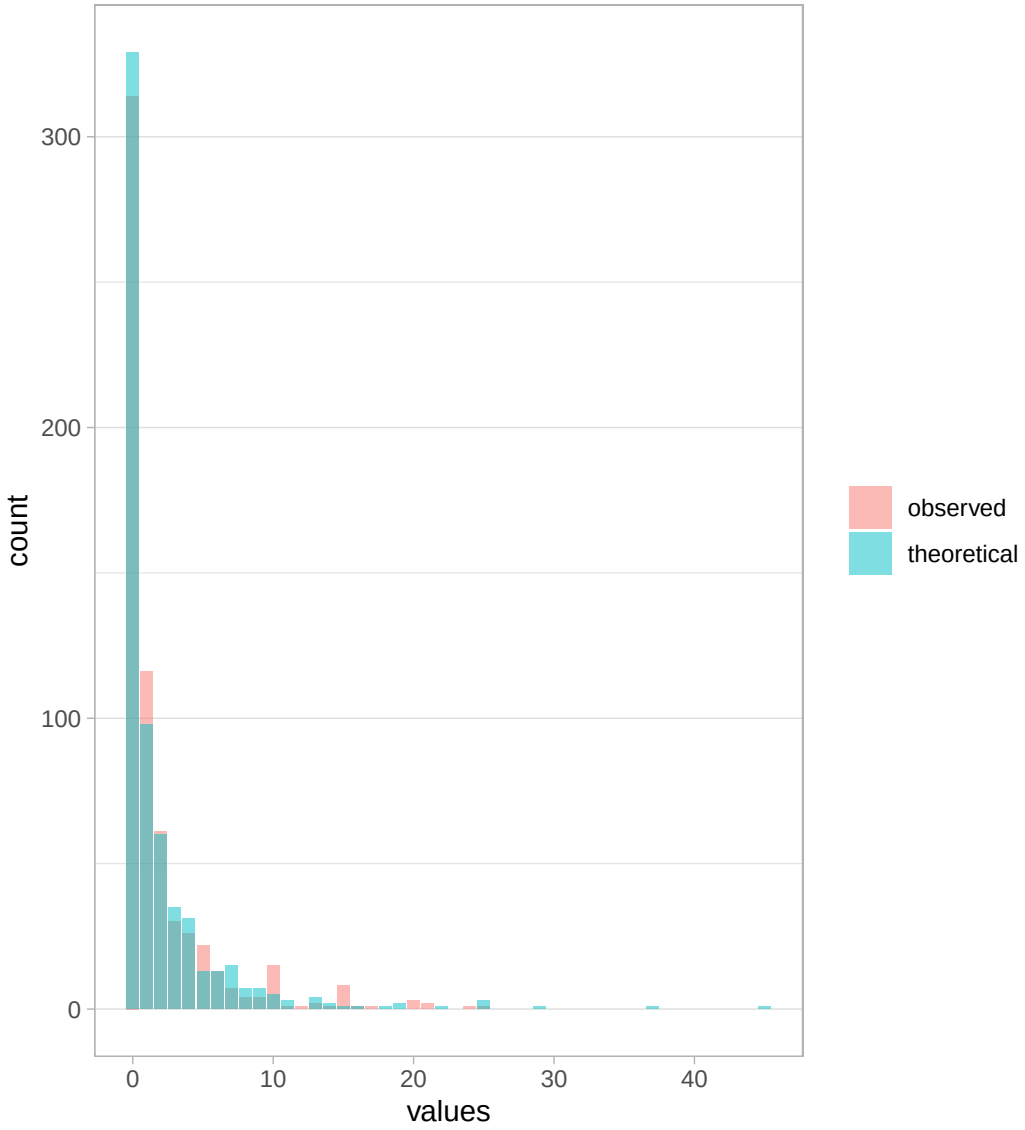
Affichage des résultats en tableau :

Characteristic	**IRR**[1]	**95% CI**	**p-value**
charactere	1.36	1.16, 1.59	<0.001
recherche.nouv	1.27	1.08, 1.49	0.003
famille.prison	1.83	1.39, 2.43	<0.001
abus.enfant	1.59	1.19, 2.14	0.002
age	1.01	1.00, 1.02	0.11
factor(type.centre)			
1	—	—	
2	1.24	0.75, 2.00	0.4
3	1.33	0.82, 2.12	0.2

[1]Estimates are incidence rate ratios from a negative binomial regression model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, IRR = Incidence Rate Ratio

Comparaison avec un modèle théorique de binomial négatif :

```
mod_nb |>
    guideR::observed_vs_theoretical()
```



Détection de surdispersion :

```
mod_nb |>
    performance::check_overdispersion()
```

```
# Overdispersion test

 dispersion ratio = 0.768
          p-value = 0.352

No overdispersion detected.
```

6.E.4 Comment choisir directement le meilleur modèle

Pour comparer objectivement les trois modèles ajustés ci-dessus (Poisson, quasi-Poisson, binomial négatif), on utilise :

- l'AIC (quand disponible),
- la surdispersion,
- et l'adéquation modèle/données.

7 Modèles de survie

7.A Modèles de survie paramétrique : Weibull etc

7.B Modèles de survie semi-paramétrique = Modèle de Cox

Modèle de Cox = régression de Cox = modèle des risques proportionnels de Cox.

Modèle semi-paramétrique similaire à la régression linéaire multiple ou à la régression logistique multiple, mais il est spécialement conçu pour les données de survie.

Test du log-rank qui compare deux courbes de survie de manière univariée (non ajustée)

Équation du modèle de Cox :

$$h(t|Z_1, ..., Z_p) = h_0(t) \times \exp(\beta_1 Z_1 + \beta_2 Z_2 + ... + \beta_p Z_p)$$

- $h_0(t)$: fonction de risque de base (baseline hazard function) = fonction de risque instantané lorsque toutes les covariables Z_i sont égales à 0.
- $\exp(\beta_1 Z_1 + \beta_2 Z_2 + ... + \beta_p Z_p)$: effet multiplicatif constant des P covariables sur la fonction de risque instantané.
- β_i : coefficient associé à la covariable Z_i, représentant l'effet de cette covariable sur le risque instantané.
  - Relation entre β_i et le hazard ratio (HR) : $HR = \exp(\beta_i)$ (donc $\beta_i = \log(HR)$)

2 hypothèses principales : **proportionnalité des risques** et **log-linéarité**.

7.B.1 Hypothèse de proportionnalité des risques

Hypothèse de proportionnalité des risques : les rapports des risques entre les individus restent constants dans le temps, c'est à dire que l'effet des covariables sur le risque instantané est multiplicatif et ne dépend pas du temps.

$\frac{h(t|Z_k=1)}{h(t|Z_k=0)} = \exp(\beta k) = constante$

Quand on compare 2 groupes (exemple : fumeur vs non-fumeur), le rapport de leurs risques instantanés reste le même tout au long du suivi, et ce rapport de risques = hazard ratio (HR).

Dire que les risques sont proportionnels signifie :

- à chaque instant t, le groupe A a par exemple 1,5 fois plus de risque de l'événement que le groupe B ;
- ce facteur 1,5 ne change pas au cours du temps.

Exemple : On suit 100 patients opérés.

Variable explicative : fumeur (1) vs non-fumeur (0).

Supposons : HR = 2.

Cela veut dire :

- à tout moment du suivi, un fumeur a le double du risque instantané d'avoir une complication,

- même si le risque global diminue avec le temps (fin de la période postopératoire aiguë), le ratio reste stable entre fumeur et non fumeur.

Si cette hypothèse n'est pas vraie (ex : au début les fumeurs sont à très haut risque, mais plus tard le risque redevient identique), alors le modèle de Cox classique n'est plus adapté. (*Dans ce cas, on peut utiliser des modèles de Cox avec effets temporels*).

7.B.2 Hypothèse de log-linéarité

Hypothèse de log-linéarité : concerne les variables quantitatives.

L'effet des covariables est linéaire sur le logarithme du risque instantané et pas directement sur le risque.

C'est à dire que chaque unité d'augmentation de la covariable Z_i entraîne une augmentation constante du logarithme du risque instantané.

$\rightarrow$ Chaque augmentation d'une unité de la variable $\rightarrow$ produit le même pourcentage de variation du risque.

$\log(h(t|Z_1, ..., Z_p)) = \log(h_0(t)) + \beta_1 Z_1 + \beta_2 Z_2 + ... + \beta_p Z_p$

Exemple :

Variable explicative : âge (en années).

On suppose que $\beta = 0,05$ (avec β le coefficient associé à l'âge dans le modèle de Cox).

Cela veut dire :

- chaque année supplémentaire $\rightarrow$ multiplie le risque instantané par $exp(0,05) \approx 1,05$
- donc +5 % de risque par année d'âge.
  - Si on passe de 50 à 51 ans : +5 %.
  - Si on passe de 70 à 71 ans : encore +5 %.
- L'effet est proportionnel, constant.

7.B.3 Exemple R

295 patientes du jeu de données `ks` :

- `survival` : temps de survie en mois
- `eventdeath` : indicateur d'événement (1 = décès, 0 = censuré)
- `age` : âge en années
- `grade` : grade de la tumeur du sein (1, 2 ou 3)
- `hormonal` : statut hormonal (1 = positif, 0 = négatif)

Objectif : modéliser le risque de décès en fonction de l'âge (> 40 ans), en prenant en compte le grade de la tumeur et le statut hormonal.

```
mod <- coxph(
    Surv(survival,eventdeath)
    ~(age>40)+grade+ hormonal,
```

```
    data=ks)
summary(mod)
```

```
Call:
coxph(formula = Surv(survival, eventdeath) ~ (age > 40) + grade +
    hormonal, data = ks)

  n= 272, number of events= 77

                coef exp(coef) se(coef)      z Pr(>|z|)
age > 40TRUE -0.4279    0.6519   0.2439 -1.754   0.0794 .
grade         0.9528    2.5931   0.1822  5.229  1.7e-07 ***
hormonal     -0.1867    0.8297   0.4357 -0.428   0.6683
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

             exp(coef) exp(-coef) lower .95 upper .95
age > 40TRUE    0.6519     1.5340    0.4041     1.051
grade           2.5931     0.3856    1.8143     3.706
hormonal        0.8297     1.2053    0.3532     1.949

Concordance= 0.73  (se = 0.026 )
Likelihood ratio test= 41.41  on 3 df,   p=5e-09
Wald test            = 34.63  on 3 df,   p=1e-07
Score (logrank) test = 39.58  on 3 df,   p=1e-08
```

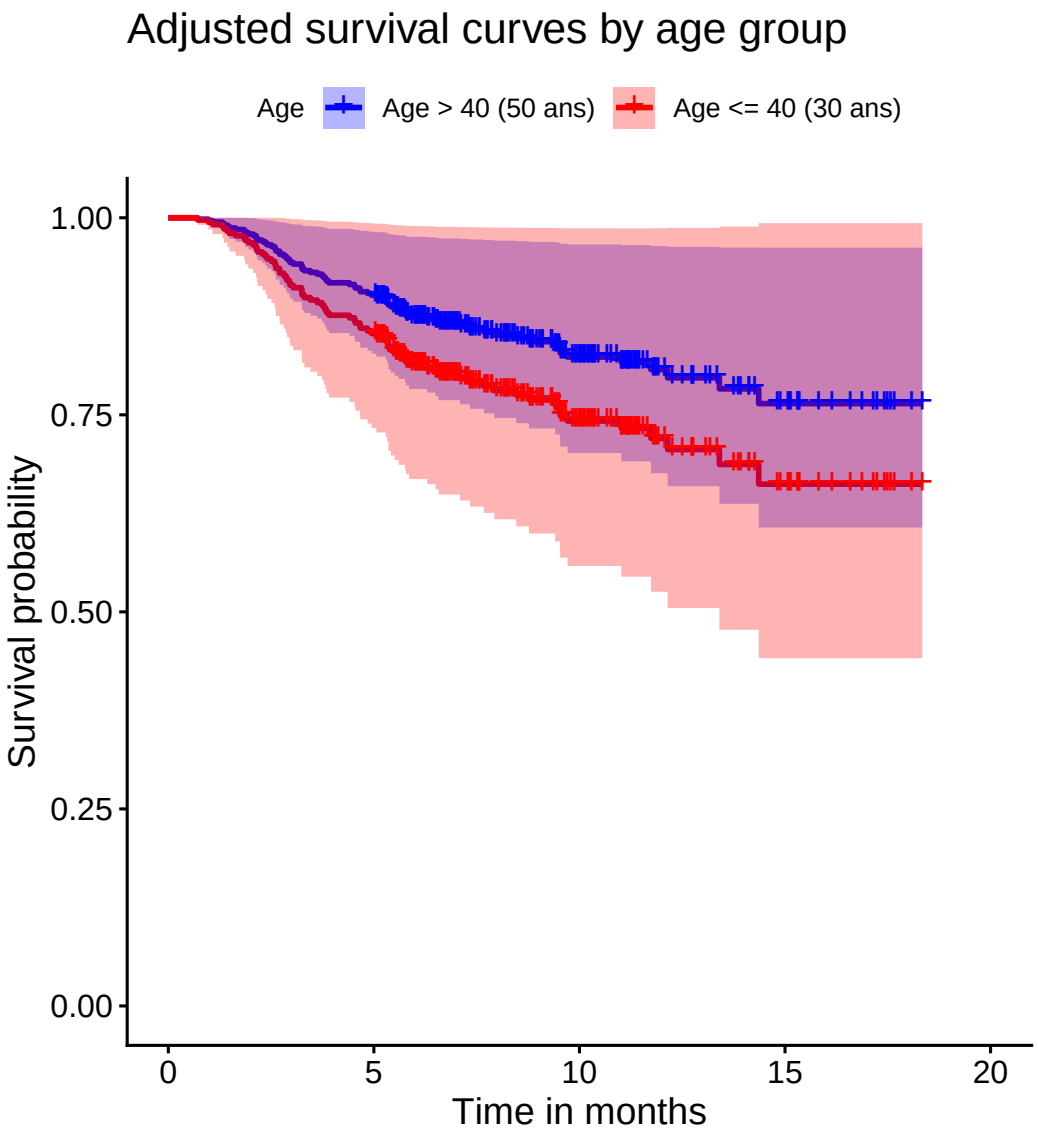
Affichage des résultats en tableau :

Characteristic	**HR**[1]	**95% CI**	**p-value**
age > 40			
FALSE	—	—	
TRUE	0.65	0.40, 1.05	0.079
grade	2.59	1.81, 3.71	<0.001
hormonal	0.83	0.35, 1.95	0.7

[1]Estimates are hazard ratios from a Cox proportional hazards model.
Abbreviations: CI = Confidence Interval, HR = Hazard Ratio

Courbes de survie ajustées :

```
Warning: Using `size` aesthetic for lines was deprecated in ggplot2 3.4.0.
i Please use `linewidth` instead.
i The deprecated feature was likely used in the ggpubr package.
  Please report the issue at <https://github.com/kassambara/ggpubr/issues>.
```


Adjusted survival curves by age group
Age
Age > 40 (50 ans)
Age <= 40 (30 ans)
1.00
0.75
0.50
0.25
0.00
Survival probability
0
5
10
15
20
Time in months