Sélection-"validation" de modèles

L. Rouvière
laurent.rouviere@univ-rennes2.fr

JANVIER 2015

1 Quelques jeux de données

2 Sélection-choix de modèles
- Critères de choix de modèles
  - Basés sur l'ajustement (AIC-BIC)
  - Basés sur la prévision (probabilité d'erreur-courbe ROC)
- Sélection de variables

3 Validation de modèles
- Test d'adéquation de la déviance
- Examen des résidus
- Points leviers et points influents

Bibliographie

1 Quelques jeux de données

2 Sélection-choix de modèles
- Critères de choix de modèles
  - Basés sur l'ajustement (AIC-BIC)
  - Basés sur la prévision (probabilité d'erreur-courbe ROC)
- Sélection de variables

3 Validation de modèles
- Test d'adéquation de la déviance
- Examen des résidus
- Points leviers et points influents

Bibliographie

Quelques jeux de données

Pannes de machines

- Un chef d'entreprise souhaite vérifier la qualité d'un type de machines en fonction de l'âge et de la marque des moteurs. Il dispose
  1. d'une variable binaire Y (1 si le moteur a déjà connu une panne, 0 sinon) ;
  2. d'une variable quantitative `age` repésentant l'âge du moteur ;
  3. d'une variable qualitative à 3 modalités `marque` représentant la marque du moteur,

- et de $n = 33$ observations :

```
> panne
   etat age marque
1     0   4      A
2     0   2      C
3     0   3      C
4     0   9      B
5     0   7      B
```

Pannes de machines

- Un chef d'entreprise souhaite vérifier la qualité d'un type de machines en fonction de l'âge et de la marque des moteurs. Il dispose
  1. d'une variable binaire Y (1 si le moteur a déjà connu une panne, 0 sinon) ;
  2. d'une variable quantitative `age` repésentant l'âge du moteur ;
  3. d'une variable qualitative à 3 modalités `marque` représentant la marque du moteur,

- et de $n = 33$ observations :

```
> panne
   etat age marque
1     0   4      A
2     0   2      C
3     0   3      C
4     0   9      B
5     0   7      B
```

Role des femmes

- Il s'agit d'une étude effectuée en 1975 aux Etats-Unis. Il s'agit d'expliquer l'accord/désaccord d'individus avec la phrase

> Women should take care of running their homes and leave running the country up to men

par le sexe et le nombre d'années d'études des répondants.

```
> data("womensrole",package="HSAUR")
> womensrole <- womensrole[-24,]
> womensrole[1:5,]
  education  sex agree disagree
1         0 Male     4        2
2         1 Male     2        0
3         2 Male     4        0
4         3 Male     6        3
5         4 Male     5        5
```

Remarque

On est en présence de données répétées.

Role des femmes

- Il s'agit d'une étude effectuée en 1975 aux Etats-Unis. Il s'agit d'expliquer l'accord/désaccord d'individus avec la phrase

Women should take care of running their homes and leave running the country up to men

par le sexe et le nombre d'années d'études des répondants.

```
> data("womensrole",package="HSAUR")
> womensrole <- womensrole[-24,]
> womensrole[1:5,]
  education  sex agree disagree
1         0 Male     4        2
2         1 Male     2        0
3         2 Male     4        0
4         3 Male     6        3
5         4 Male     5        5
```

Remarque

On est en présence de données répétées.

Role des femmes

- Il s'agit d'une étude effectuée en 1975 aux Etats-Unis. Il s'agit d'expliquer l'accord/désaccord d'individus avec la phrase

> Women should take care of running their homes and leave running the country up to men

par le sexe et le nombre d'années d'études des répondants.

```
> data("womensrole",package="HSAUR")
> womensrole <- womensrole[-24,]
> womensrole[1:5,]
  education  sex agree disagree
1         0 Male     4        2
2         1 Male     2        0
3         2 Male     4        0
4         3 Male     6        3
5         4 Male     5        5
```

Remarque

On est en présence de données répétées.

Maladie cardiovasculaire

- Il s'agit d'expliquer la présence/absence d'une maladie cardiovasculaire (`chd`) par 9 variables. On dispose de $n = 462$ individus.

```
> data(SAheart,package="bestglm")
> SAheart[1:5,]
  sbp tobacco  ldl adiposity famhist typea obesity alcohol age chd
1 160   12.00 5.73     23.11 Present    49   25.30   97.20  52   1
2 144    0.01 4.41     28.61  Absent    55   28.87    2.06  63   1
3 118    0.08 3.48     32.28 Present    52   29.14    3.81  46   0
4 170    7.50 6.41     38.03 Present    51   31.99   24.26  58   1
5 134   13.60 3.50     27.78 Present    60   25.99   57.34  49   1
```

Maladie cardiovasculaire

- Il s'agit d'expliquer la présence/absence d'une maladie cardiovasculaire (`chd`) par 9 variables. On dispose de $n = 462$ individus.

```
> data(SAheart,package="bestglm")
> SAheart[1:5,]
  sbp tobacco  ldl adiposity famhist typea obesity alcohol age chd
1 160   12.00 5.73     23.11 Present    49   25.30   97.20  52   1
2 144    0.01 4.41     28.61  Absent    55   28.87    2.06  63   1
3 118    0.08 3.48     32.28 Present    52   29.14    3.81  46   0
4 170    7.50 6.41     38.03 Present    51   31.99   24.26  58   1
5 134   13.60 3.50     27.78 Present    60   25.99   57.34  49   1
```

Sélection-choix de modèles

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

- Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
- On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
- On présentera deux types de critère :
  - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
  - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

   Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Le problème de sélection/choix de modèles est ici abordé sous 2 angles (différents mais pas nécessairement indépendants) :

1. On est en présence de $\mathcal{M}_1, \ldots, \mathcal{M}_k$ modèles et on se pose le problème d'en choisir un.

   - Il n'existe pas de critère universel permettant de définir la notion de meilleur modèle.
   - On parlera toujours de meilleur modèle par rapport à un critère donné.
   - On présentera deux types de critère :
     - ajustement du modèle (vraisemblances pénalisées)
     - capacité de prédiction du modèle

2. Etant donnés Y une variable à expliquer et $X_1, \ldots, X_p$ p variables explicatives, comment sélectionner automatiquement un modèle logistique ?

Il s'agit de trouver automatiquement un sous-groupe des variables explicatives permettant d'expliquer Y. On parle de sélection de variables.

Critères de choix de modèles

Tests entre modèles emboités

- Afin de simplifier les notations, on supposera que l'on est en présence de deux modèles candidats $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.
- Nous nous plaçons dans le cas particulier où le modèle $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$ ($\mathcal{M}_1$ est un cas particulier de $\mathcal{M}_2$).

Exemple

$\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ sont respectivement définis par

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3 + \beta_4 x_4$$

et

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2.$$

Un moyen naturel de comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ consiste à tester

$$H_0 : \beta_3 = \beta_4 = 0 \quad \text{contre} \quad H_1 : \beta_3 \neq 0 \text{ ou } \beta_4 \neq 0.$$

Tests entre modèles emboités

- Afin de simplifier les notations, on supposera que l'on est en présence de deux modèles candidats $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.
- Nous nous plaçons dans le cas particulier où le modèle $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$ ($\mathcal{M}_1$ est un cas particulier de $\mathcal{M}_2$).

Exemple

$\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ sont respectivement définis par

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3 + \beta_4 x_4$$

et

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2.$$

Un moyen naturel de comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ consiste à tester

$$H_0 : \beta_3 = \beta_4 = 0 \quad \text{contre} \quad H_1 : \beta_3 \neq 0 \text{ ou } \beta_4 \neq 0.$$

Tests entre modèles emboités

- Afin de simplifier les notations, on supposera que l'on est en présence de deux modèles candidats $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.
- Nous nous plaçons dans le cas particulier où le modèle $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$ ($\mathcal{M}_1$ est un cas particulier de $\mathcal{M}_2$).

Exemple

$\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ sont respectivement définis par

$$\operatorname{logit} p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3 + \beta_4 x_4$$

et

$$\operatorname{logit} p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2.$$

Un moyen naturel de comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ consiste à tester

$$H_0 : \beta_3 = \beta_4 = 0 \quad \text{contre} \quad H_1 : \beta_3 \neq 0 \text{ ou } \beta_4 \neq 0.$$

Tests entre modèles emboités

- Afin de simplifier les notations, on supposera que l'on est en présence de deux modèles candidats $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.
- Nous nous plaçons dans le cas particulier où le modèle $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$ ($\mathcal{M}_1$ est un cas particulier de $\mathcal{M}_2$).

Exemple

$\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ sont respectivement définis par

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3 + \beta_4 x_4$$

et

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2.$$

Un moyen naturel de comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ consiste à tester

$$H_0 : \beta_3 = \beta_4 = 0 \quad \text{contre} \quad H_1 : \beta_3 \neq 0 \text{ ou } \beta_4 \neq 0.$$

- Plus généralement, considérons $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ deux modèles logistiques à p_1 et p_2 paramètres tels que $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$.
- Tester $\mathcal{M}_1$ contre $\mathcal{M}_2$ revient à tester la nullité des coefficients de $\mathcal{M}_2$ que ne sont pas dans $\mathcal{M}_1$.
- On sait faire... On peut mettre en oeuvre un test de Wald, du rapport de vraisemblance ou du score.
- Sous H_0 ces 3 statistiques de test suivent une loi du $\chi^2_{p_2-p_1}$.

- Plus généralement, considérons $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ deux modèles logistiques à p_1 et p_2 paramètres tels que $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$.
- Tester $\mathcal{M}_1$ contre $\mathcal{M}_2$ revient à tester la nullité des coefficients de $\mathcal{M}_2$ que ne sont pas dans $\mathcal{M}_1$.
- On sait faire... On peut mettre en oeuvre un test de Wald, du rapport de vraisemblance ou du score.
- Sous H_0 ces 3 statistiques de test suivent une loi du $\chi^2_{p_2-p_1}$.

- Plus généralement, considérons $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ deux modèles logistiques à p_1 et p_2 paramètres tels que $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$.
- Tester $\mathcal{M}_1$ contre $\mathcal{M}_2$ revient à tester la nullité des coefficients de $\mathcal{M}_2$ que ne sont pas dans $\mathcal{M}_1$.
- On sait faire... On peut mettre en oeuvre un test de Wald, du rapport de vraisemblance ou du score.
- Sous H_0 ces 3 statistiques de test suivent une loi du $\chi^2_{p_2-p_1}$.

- Plus généralement, considérons $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ deux modèles logistiques à p_1 et p_2 paramètres tels que $\mathcal{M}_1$ est emboité dans $\mathcal{M}_2$.
- Tester $\mathcal{M}_1$ contre $\mathcal{M}_2$ revient à tester la nullité des coefficients de $\mathcal{M}_2$ que ne sont pas dans $\mathcal{M}_1$.
- On sait faire... On peut mettre en oeuvre un test de Wald, du rapport de vraisemblance ou du score.
- Sous H_0 ces 3 statistiques de test suivent une loi du $\chi^2_{p_2-p_1}$.

Exemple

- Pour le problème sur la maladie cardiovasculaire, on souhaite comparer les modèles

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                        family=binomia
```

  à l'aide d'un test de rapport de vraisemblance.

- On peut calculer la probabilité critique à la main

```
> stat <- 2*(logLik(model2)-logLik(model1))
> stat[1]
[1] 11.11016
> 1-pchisq(stat,df=length(model2$coef)-length(model1$coef))
[1] 0.003867751
```

- Ou directement avec la fonction **anova**

```
> anova(model1,model2,test="LRT")
Analysis of Deviance Table

Model 1: chd ~ tobacco + famhist
Model 2: chd ~ tobacco + famhist + adiposity + alcohol
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1       459     524.58
2       457     513.47  2    11.11 0.003868 **
```

Exemple

- Pour le problème sur la maladie cardiovasculaire, on souhaite comparer les modèles

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                        family=binomia
```

  à l'aide d'un test de rapport de vraisemblance.

- On peut calculer la probabilité critique à la main

```
> stat <- 2*(logLik(model2)-logLik(model1))
> stat[1]
[1] 11.11016
> 1-pchisq(stat,df=length(model2$coef)-length(model1$coef))
[1] 0.003867751
```

- Ou directement avec la fonction **anova**

```
> anova(model1,model2,test="LRT")
Analysis of Deviance Table

Model 1: chd ~ tobacco + famhist
Model 2: chd ~ tobacco + famhist + adiposity + alcohol
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1       459     524.58
2       457     513.47  2    11.11 0.003868 **
```

Exemple

- Pour le problème sur la maladie cardiovasculaire, on souhaite comparer les modèles

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                        family=binomia
```

  à l'aide d'un test de rapport de vraisemblance.

- On peut calculer la probabilité critique à la main

```
> stat <- 2*(logLik(model2)-logLik(model1))
> stat[1]
[1] 11.11016
> 1-pchisq(stat,df=length(model2$coef)-length(model1$coef))
[1] 0.003867751
```

- Ou directement avec la fonction **anova**

```
> anova(model1,model2,test="LRT")
Analysis of Deviance Table

Model 1: chd ~ tobacco + famhist
Model 2: chd ~ tobacco + famhist + adiposity + alcohol
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
1       459     524.58
2       457     513.47  2    11.11 0.003868 **
```

AIC-BIC

- Idée : utiliser la vraisemblance pour comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.

Problème

Si $\mathcal{M}_1 \subset \mathcal{M}_2$ alors $\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_1) \leq \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_2)$ où $\hat{\beta}_j$ désigne l'emv du modèle $\mathcal{M}_j, j = 1, 2$.

- Conséquence : la vraisemblance sélectionnera toujours le modèle le plus complexe.

Solution

Pénaliser la vraisemblance par la complexité du modèle.

AIC-BIC

- Idée : utiliser la vraisemblance pour comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.

Problème

Si $\mathcal{M}_1 \subset \mathcal{M}_2$ alors $\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_1) \leq \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_2)$ où $\hat{\beta}_j$ désigne l'emv du modèle $\mathcal{M}_j, j = 1, 2$.

- Conséquence : la vraisemblance sélectionnera toujours le modèle le plus complexe.

Solution

Pénaliser la vraisemblance par la complexité du modèle.

AIC-BIC

- Idée : utiliser la vraisemblance pour comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.

Problème

Si $\mathcal{M}_1 \subset \mathcal{M}_2$ alors $\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_1) \leq \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_2)$ où $\hat{\beta}_j$ désigne l'emv du modèle $\mathcal{M}_j, j = 1, 2$.

- Conséquence : la vraisemblance sélectionnera toujours le modèle le plus complexe.

Solution

Pénaliser la vraisemblance par la complexité du modèle.

AIC-BIC

- Idée : utiliser la vraisemblance pour comparer $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$.

Problème

Si $\mathcal{M}_1 \subset \mathcal{M}_2$ alors $\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_1) \leq \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_2)$ où $\hat{\beta}_j$ désigne l'emv du modèle $\mathcal{M}_j, j = 1, 2$.

- Conséquence : la vraisemblance sélectionnera toujours le modèle le plus complexe.

Solution

Pénaliser la vraisemblance par la complexité du modèle.

Définition

Soit $\mathcal{M}$ un modèle logistique à p paramètres. On note $\hat{\beta}_n$ l'emv des paramètres du modèle.

- L'AIC (Akaike Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$AIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + 2p.$$

- Le BIC (Bayesian Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$BIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + p \log n.$$

- Le modèle retenu sera celui qui minimise l'AIC ou le BIC.
- $\log n > 2$ (pour $n \geq 8$) BIC aura tendance a choisir des modèles plus parcimonieux que AIC.

Définition

Soit $\mathcal{M}$ un modèle logistique à p paramètres. On note $\hat{\beta}_n$ l'emv des paramètres du modèle.

- L'AIC (Akaike Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$AIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + 2p.$$

- Le BIC (Bayesian Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$BIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + p \log n.$$

- Le modèle retenu sera celui qui minimise l'AIC ou le BIC.
- $\log n > 2$ (pour $n \geq 8$) BIC aura tendance a choisir des modèles plus parcimonieux que AIC.

Définition

Soit $\mathcal{M}$ un modèle logistique à p paramètres. On note $\hat{\beta}_n$ l'emv des paramètres du modèle.

- L'AIC (Akaike Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$AIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + 2p.$$

- Le BIC (Bayesian Information Criterion) du modèle $\mathcal{M}$ est défini par

$$BIC(\mathcal{M}) = -2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n) + p \log n.$$

- Le modèle retenu sera celui qui minimise l'AIC ou le BIC.
- $\log n > 2$ (pour $n \geq 8$) BIC aura tendance a choisir des modèles plus parcimonieux que AIC.

Exemple

- On considère les mêmes modèles que precédemment :

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                    family=binomial)
```

- On les compare en terme d'AIC et de BIC.

```
> c(AIC(model1),AIC(model2))
[1] 530.5759 523.4657
> c(BIC(model1),BIC(model2))
[1] 542.9826 544.1436
```

Conclusion

AIC sélectionne `model2` tandis que BIC sélectionne `model1`.

Exemple

- On considère les mêmes modèles que precédemment :

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                    family=binomial)
```

- On les compare en terme d'AIC et de BIC.

```
> c(AIC(model1),AIC(model2))
[1] 530.5759 523.4657
> c(BIC(model1),BIC(model2))
[1] 542.9826 544.1436
```

Conclusion

AIC sélectionne `model2` tandis que BIC sélectionne `model1`.

Exemple

- On considère les mêmes modèles que precédemment :

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=SAheart,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=SAheart,
                                                        family=binomial)
```

- On les compare en terme d'AIC et de BIC.

```
> c(AIC(model1),AIC(model2))
[1] 530.5759 523.4657
> c(BIC(model1),BIC(model2))
[1] 542.9826 544.1436
```

Conclusion

AIC sélectionne `model2` tandis que BIC sélectionne `model1`.

Prévision

- L'idée est de chercher à comparer les pouvoirs de prédiction des modèles concurents et de choisir celui qui prédit le mieux.
- L'approche consiste à définir une règle de classification à partir d'un modèle logistique :

$$\hat{g} : \mathbb{R}^p \to \{0, 1\}$$

qui à une valeur observée des variables explicatives associe une valeur prédicte pour Y.

- Il existe plusieurs critères permettant de mesurer la performance d'une règle $\hat{g}$.
- Un des critère les plus classiques consiste à chercher à estimer la probabilité d'erreur

$$\mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y).$$

Prévision

- L'idée est de chercher à comparer les pouvoirs de prédiction des modèles concurents et de choisir celui qui prédit le mieux.
- L'approche consiste à définir une règle de classification à partir d'un modèle logistique :

$$\hat{g} : \mathbb{R}^p \to \{0, 1\}$$

qui à une valeur observée des variables explicatives associe une valeur prédicte pour Y.

- Il existe plusieurs critères permettant de mesurer la performance d'une règle $\hat{g}$.
- Un des critère les plus classiques consiste à chercher à estimer la probabilité d'erreur

$$\mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y).$$

Prévision

- L'idée est de chercher à comparer les pouvoirs de prédiction des modèles concurents et de choisir celui qui prédit le mieux.
- L'approche consiste à définir une règle de classification à partir d'un modèle logistique :

$$\hat{g} : \mathbb{R}^p \to \{0, 1\}$$

qui à une valeur observée des variables explicatives associe une valeur prédicte pour Y.

- Il existe plusieurs critères permettant de mesurer la performance d'une règle $\hat{g}$.
- Un des critère les plus classiques consiste à chercher à estimer la probabilité d'erreur

$$\mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y).$$

Prévision avec un modèle logistique

- Modèle logistique permettant d'expliquer Y par $X_1, \ldots, X_p$:

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p = x'\beta.$$

- On peut estimer $p_\beta(x)$ par

$$p_{\hat{\beta}_n}(x) = \frac{\exp(x'\hat{\beta}_n)}{1 + \exp(x'\hat{\beta}_n)}.$$

- Un moyen naturel de prédire le label y_{n+1} d'un nouvel individu x_{n+1} est de poser

$$\hat{Y}_{n+1} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

Remarque

Le seuil s doit être choisi par l'utilisateur. Les logiciels prennent souvent par défaut $s = 0.5$.

Prévision avec un modèle logistique

- Modèle logistique permettant d'expliquer Y par $X_1, \ldots, X_p$:

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p = x'\beta.$$

- On peut estimer $p_\beta(x)$ par

$$p_{\hat{\beta}_n}(x) = \frac{\exp(x'\hat{\beta}_n)}{1 + \exp(x'\hat{\beta}_n)}.$$

- Un moyen naturel de prédire le label y_{n+1} d'un nouvel individu x_{n+1} est de poser

$$\hat{Y}_{n+1} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Remarque

Le seuil s doit être choisi par l'utilisateur. Les logiciels prennent souvent par défaut $s = 0.5$.

Prévision avec un modèle logistique

- Modèle logistique permettant d'expliquer Y par $X_1, \ldots, X_p$:

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p = x'\beta.$$

- On peut estimer $p_\beta(x)$ par

$$p_{\hat{\beta}_n}(x) = \frac{\exp(x'\hat{\beta}_n)}{1 + \exp(x'\hat{\beta}_n)}.$$

- Un moyen naturel de prédire le label y_{n+1} d'un nouvel individu x_{n+1} est de poser

$$\hat{Y}_{n+1} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

Remarque

Le seuil s doit être choisi par l'utilisateur. Les logiciels prennent souvent par défaut $s = 0.5$.

Prévision avec un modèle logistique

- Modèle logistique permettant d'expliquer Y par $X_1, \ldots, X_p$:

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p = x'\beta.$$

- On peut estimer $p_\beta(x)$ par

$$p_{\hat{\beta}_n}(x) = \frac{\exp(x'\hat{\beta}_n)}{1 + \exp(x'\hat{\beta}_n)}.$$

- Un moyen naturel de prédire le label y_{n+1} d'un nouvel individu x_{n+1} est de poser

$$\hat{Y}_{n+1} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

Remarque

Le seuil s doit être choisi par l'utilisateur. Les logiciels prennent souvent par défaut $s = 0.5$.

Intervalles de confiance pour la probabilité estimée

- Etant donnée un nouvel individu x_{n+1}, il peut être intéressant de construire un intervalle de confiance pour la probabilité $p_\beta(x_{n+1})$.
- $\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) un vecteur gaussien d'espérance β et de matrice de variance-covariance $\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}$.
- Par conséquent, $x'_{n+1}\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) une var de loi gaussienne

$$\mathcal{N}(x'_{n+1}\beta, x'_{n+1}\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}x_{n+1}).$$

En posant $\hat{\sigma}^2 = x'_{n+1}(\mathbb{X}'W_{\hat{\beta}}\mathbb{X})^{-1}x_{n+1}$, on déduit

$$IC_{1-\alpha}(p_\beta(x_{n+1})) = \left[\frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}; \frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}\right]$$

- **Remarque** : il est possible de construire un IC centré en utilisant la delta-méthode.

Intervalles de confiance pour la probabilité estimée

- Etant donnée un nouvel individu x_{n+1}, il peut être intéressant de construire un intervalle de confiance pour la probabilité $p_\beta(x_{n+1})$.
- $\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) un vecteur gaussien d'espérance β et de matrice de variance-covariance $\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}$.
- Par conséquent, $x'_{n+1}\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) une var de loi gaussienne

$$\mathcal{N}(x'_{n+1}\beta, x'_{n+1}\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}x_{n+1}).$$

En posant $\hat{\sigma}^2 = x'_{n+1}(\mathbb{X}'W_{\hat{\beta}}\mathbb{X})^{-1}x_{n+1}$, on déduit

$$IC_{1-\alpha}(p_\beta(x_{n+1})) = \left[\frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}; \frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}\right]$$

- **Remarque** : il est possible de construire un IC centré en utilisant la delta-méthode.

Intervalles de confiance pour la probabilité estimée

- Etant donnée un nouvel individu x_{n+1}, il peut être intéressant de construire un intervalle de confiance pour la probabilité $p_\beta(x_{n+1})$.
- $\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) un vecteur gaussien d'espérance β et de matrice de variance-covariance $\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}$.
- Par conséquent, $x'_{n+1}\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) une var de loi gaussienne

$$\mathcal{N}(x'_{n+1}\beta, x'_{n+1}\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}x_{n+1}).$$

En posant $\hat{\sigma}^2 = x'_{n+1}(\mathbb{X}'W_{\hat{\beta}}\mathbb{X})^{-1}x_{n+1}$, on déduit

$$IC_{1-\alpha}(p_\beta(x_{n+1})) = \left[\frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}; \frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}\right]$$

- **Remarque** : il est possible de construire un IC centré en utilisant la delta-méthode.

Intervalles de confiance pour la probabilité estimée

- Etant donnée un nouvel individu x_{n+1}, il peut être intéressant de construire un intervalle de confiance pour la probabilité $p_\beta(x_{n+1})$.
- $\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) un vecteur gaussien d'espérance β et de matrice de variance-covariance $\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}$.
- Par conséquent, $x'_{n+1}\hat{\beta}_n$ est (pour n grand) une var de loi gaussienne

$$\mathcal{N}(x'_{n+1}\beta, x'_{n+1}\mathcal{I}_n(\beta)^{-1}x_{n+1}).$$

En posant $\hat{\sigma}^2 = x'_{n+1}(\mathbb{X}'W_{\hat{\beta}}\mathbb{X})^{-1}x_{n+1}$, on déduit

$$IC_{1-\alpha}(p_\beta(x_{n+1})) = \left[\frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n - u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}; \frac{\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}{1+\exp(x'_{n+1}\hat{\beta}_n + u_{1-\alpha_2}\hat{\sigma})}\right]$$

- **Remarque** : il est possible de construire un IC centré en utilisant la delta-méthode.

Un critère de prévision : la probabilité d'erreur

- On suppose dans cette section que les variables explicatives sont aléatoires et on note $\mathcal{D}_n = (X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ un n-échantillon i.i.d de même loi que (X, Y).
- L'approche consiste à comparer deux modèles $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ en comparant les probabilités d'erreur

$$L(\hat{g}) = \mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y)$$

des règles de classification issues de ces deux modèles.

La probabilité $L(\hat{g})$ est inconnue et doit être estimée.

Un critère de prévision : la probabilité d'erreur

- On suppose dans cette section que les variables explicatives sont aléatoires et on note $\mathcal{D}_n = (X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ un n-échantillon i.i.d de même loi que (X, Y).
- L'approche consiste à comparer deux modèles $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ en comparant les probabilités d'erreur

$$L(\hat{g}) = \mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y)$$

des règles de classification issues de ces deux modèles.

La probabilité $L(\hat{g})$ est inconnue et doit être estimée.

Un critère de prévision : la probabilité d'erreur

- On suppose dans cette section que les variables explicatives sont aléatoires et on note $\mathcal{D}_n = (X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ un n-échantillon i.i.d de même loi que (X, Y).
- L'approche consiste à comparer deux modèles $\mathcal{M}_1$ et $\mathcal{M}_2$ en comparant les probabilités d'erreur

$$L(\hat{g}) = \mathbf{P}(\hat{g}(X) \neq Y)$$

des règles de classification issues de ces deux modèles.

La probabilité $L(\hat{g})$ est inconnue et doit être estimée.

- Première idée : estimer $L(\hat{g})$ en
  1. appliquant la règle $\hat{g}$ sur les variables X_i pour en déduire une prévision $\hat{Y}_i = \hat{g}(X_i)$ de la variable Y pour chaque individu.
  2. comparant la prévision $\hat{Y}_i$ avec la valeur observée Y_i

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}.$$

Table de confusion

- On dresse généralement la table de confusion

	$\hat{Y}=0$	$\hat{Y}=1$
$Y=0$	OK	E_1
$Y=1$	E_2	OK

- La probabilité d'erreur est alors estimée par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{E_1 + E_2}{n}.$$

- Première idée : estimer $L(\hat{g})$ en
  1. appliquant la règle $\hat{g}$ sur les variables X_i pour en déduire une prévision $\hat{Y}_i = \hat{g}(X_i)$ de la variable Y pour chaque individu.
  2. comparant la prévision $\hat{Y}_i$ avec la valeur observée Y_i

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}.$$

Table de confusion

- On dresse généralement la table de confusion

	$\hat{Y}=0$	$\hat{Y}=1$
$Y=0$	OK	E_1
$Y=1$	E_2	OK

- La probabilité d'erreur est alors estimée par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{E_1 + E_2}{n}.$$

- Première idée : estimer $L(\hat{g})$ en
  1. appliquant la règle $\hat{g}$ sur les variables X_i pour en déduire une prévision $\hat{Y}_i = \hat{g}(X_i)$ de la variable Y pour chaque individu.
  2. comparant la prévision $\hat{Y}_i$ avec la valeur observée Y_i

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}.$$

Table de confusion

- On dresse généralement la table de confusion

	$\hat{Y}=0$	$\hat{Y}=1$
$Y=0$	OK	E_1
$Y=1$	E_2	OK

- La probabilité d'erreur est alors estimée par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{E_1 + E_2}{n}.$$

- Première idée : estimer $L(\hat{g})$ en
  1. appliquant la règle $\hat{g}$ sur les variables X_i pour en déduire une prévision $\hat{Y}_i = \hat{g}(X_i)$ de la variable Y pour chaque individu.
  2. comparant la prévision $\hat{Y}_i$ avec la valeur observée Y_i

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}.$$

Table de confusion

- On dresse généralement la table de confusion

	$\hat{Y}=0$	$\hat{Y}=1$
$Y=0$	OK	E_1
$Y=1$	E_2	OK

- La probabilité d'erreur est alors estimée par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{E_1 + E_2}{n}.$$

Problème

- $L_n(\hat{g})$ n'est généralement pas un bon estimateur de $L(\hat{g})$ (sous-estimation).
- La loi des grands nombres ne peux s'appliquer car les variables

$$\mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}$$

  ne sont pas indépendantes.
- Le problème vient du fait que l'échantillon $\mathcal{D}_n$ est utilisé deux fois (pour calculer $\hat{g}$ puis pour estimer $L(\hat{g})$).

Solution

Découper l'échantillon en deux :

- un échantillon d'apprentissage utilisé pour calculer la règle $\hat{g}$ (estimer les paramètres du modèle logistique).
- un échantillon test ou de validation utilisé pour estimer la probabilité d'erreur $L(\hat{g})$.

Problème

- $L_n(\hat{g})$ n'est généralement pas un bon estimateur de $L(\hat{g})$ (sous-estimation).
- La loi des grands nombres ne peux s'appliquer car les variables

$$\mathbf{1}_{\hat{g}(X_i)\neq Y_i}$$

ne sont pas indépendantes.

- Le problème vient du fait que l'échantillon $\mathcal{D}_n$ est utilisé deux fois (pour calculer $\hat{g}$ puis pour estimer $L(\hat{g})$).

Solution

Découper l'échantillon en deux :

- un échantillon d'apprentissage utilisé pour calculer la règle $\hat{g}$ (estimer les paramètres du modèle logistique).
- un échantillon test ou de validation utilisé pour estimer la probabilité d'erreur $L(\hat{g})$.

La procédure A/V

Estimateur de $L(\hat{g})$ par A/V

L'échantillon $\mathcal{D}_n = (X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ est séparé aléatoirement en deux sous échantillons :

1. un échantillon d'apprentissage $\mathcal{D}_\ell = \{(X_i, Y_i), i \in \mathcal{I}_\ell\}$ de taille ℓ utilisé pour estimer les paramètres du modèle et en déduire la règle $\hat{g}$.
2. un échantillon test ou de validation $\mathcal{D}_m = \{(X_i, Y_i), i \in \mathcal{I}_m\}$ de taille m utilisé pour estimer $L(\hat{g})$ par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{m} \sum_{i \in \mathcal{I}_m} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i) \neq Y_i},$$

avec $\mathcal{I}_\ell \cup \mathcal{I}_m = \{1, \ldots n\}$ et $\mathcal{I}_\ell \cap \mathcal{I}_m = \emptyset$.

Propriété

L'estimateur $L_n(\hat{g})$ est un estimateur sans biais de $L(\hat{g})$.

La procédure A/V

Estimateur de $L(\hat{g})$ par A/V

L'échantillon $\mathcal{D}_n = (X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ est séparé aléatoirement en deux sous échantillons :

1. un échantillon d'apprentissage $\mathcal{D}_\ell = \{(X_i, Y_i), i \in \mathcal{I}_\ell\}$ de taille ℓ utilisé pour estimer les paramètres du modèle et en déduire la règle $\hat{g}$.
2. un échantillon test ou de validation $\mathcal{D}_m = \{(X_i, Y_i), i \in \mathcal{I}_m\}$ de taille m utilisé pour estimer $L(\hat{g})$ par

$$L_n(\hat{g}) = \frac{1}{m} \sum_{i \in \mathcal{I}_m} \mathbf{1}_{\hat{g}(X_i) \neq Y_i},$$

avec $\mathcal{I}_\ell \cup \mathcal{I}_m = \{1, \ldots n\}$ et $\mathcal{I}_\ell \cap \mathcal{I}_m = \emptyset$.

Propriété

L'estimateur $L_n(\hat{g})$ est un estimateur sans biais de $L(\hat{g})$.

Exemple

On estime la probabilité d'erreur pour deux modèles logistiques concurrents sur les données concernant la maladie cardiovasculaire.

- Construction des échantillons d'apprentissage et test

```
n <- nrow(SAheart)
l <- 250 #taille de l'ech d'apprentissage
set.seed(1234)
perm <- sample(n)
dapp <- SAheart[perm[1:l],]
dtest <- SAheart[-perm[1:l],]
```

- Ajustement des modèles sur l'échantillon d'apprentissage.

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=dapp,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=dapp,famil
```

- Estimation de la probabilité d'erreur sur l'échantillon test.

```
> prev1 <- round(predict(model1,newdata=dtest,type="response"))
> prev2 <- round(predict(model2,newdata=dtest,type="response"))
>
> mean(prev1!=dtest$chd)
[1] 0.3113208
> mean(prev2!=dtest$chd)
[1] 0.2877358
```

Exemple

On estime la probabilité d'erreur pour deux modèles logistiques concurrents sur les données concernant la maladie cardiovasculaire.

- Construction des échantillons d'apprentissage et test

```
n <- nrow(SAheart)
l <- 250 #taille de l'ech d'apprentissage
set.seed(1234)
perm <- sample(n)
dapp <- SAheart[perm[1:l],]
dtest <- SAheart[-perm[1:l],]
```

- Ajustement des modèles sur l'échantillon d'apprentissage.

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=dapp,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=dapp,famil
```

- Estimation de la probabilité d'erreur sur l'échantillon test.

```
> prev1 <- round(predict(model1,newdata=dtest,type="response"))
> prev2 <- round(predict(model2,newdata=dtest,type="response"))
>
> mean(prev1!=dtest$chd)
[1] 0.3113208
> mean(prev2!=dtest$chd)
[1] 0.2877358
```

Exemple

On estime la probabilité d'erreur pour deux modèles logistiques concurrents sur les données concernant la maladie cardiovasculaire.

- Construction des échantillons d'apprentissage et test

```
n <- nrow(SAheart)
l <- 250 #taille de l'ech d'apprentissage
set.seed(1234)
perm <- sample(n)
dapp <- SAheart[perm[1:l],]
dtest <- SAheart[-perm[1:l],]
```

- Ajustement des modèles sur l'échantillon d'apprentissage.

```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=dapp,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=dapp,famil
```

- Estimation de la probabilité d'erreur sur l'échantillon test.

```
> prev1 <- round(predict(model1,newdata=dtest,type="response"))
> prev2 <- round(predict(model2,newdata=dtest,type="response"))
>
> mean(prev1!=dtest$chd)
[1] 0.3113208
> mean(prev2!=dtest$chd)
[1] 0.2877358
```

Exemple

On estime la probabilité d'erreur pour deux modèles logistiques concurrents sur les données concernant la maladie cardiovasculaire.

- Construction des échantillons d'apprentissage et test

```
n <- nrow(SAheart)
l <- 250 #taille de l'ech d'apprentissage
set.seed(1234)
perm <- sample(n)
dapp <- SAheart[perm[1:l],]
dtest <- SAheart[-perm[1:l],]
```

- Ajustement des modèles sur l'échantillon d'apprentissage.

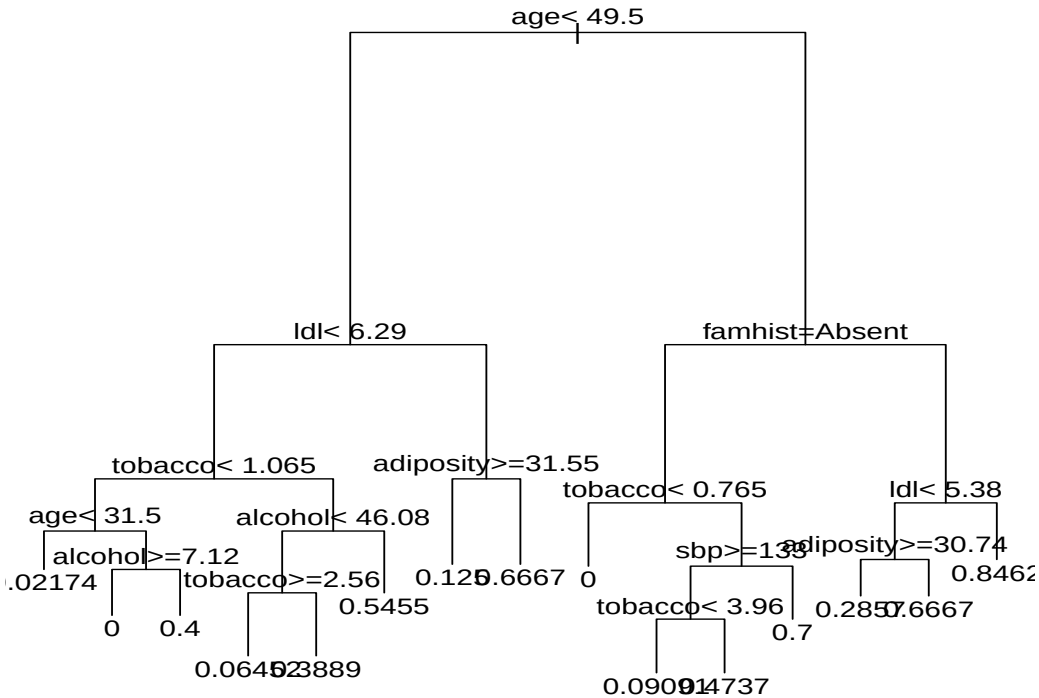
```
> model1 <- glm(chd~tobacco+famhist,data=dapp,family=binomial)
> model2 <- glm(chd~tobacco+famhist+adiposity+alcohol,data=dapp,famil
```

- Estimation de la probabilité d'erreur sur l'échantillon test.

```
> prev1 <- round(predict(model1,newdata=dtest,type="response"))
> prev2 <- round(predict(model2,newdata=dtest,type="response"))
>
> mean(prev1!=dtest$chd)
[1] 0.3113208
> mean(prev2!=dtest$chd)
[1] 0.2877358
```

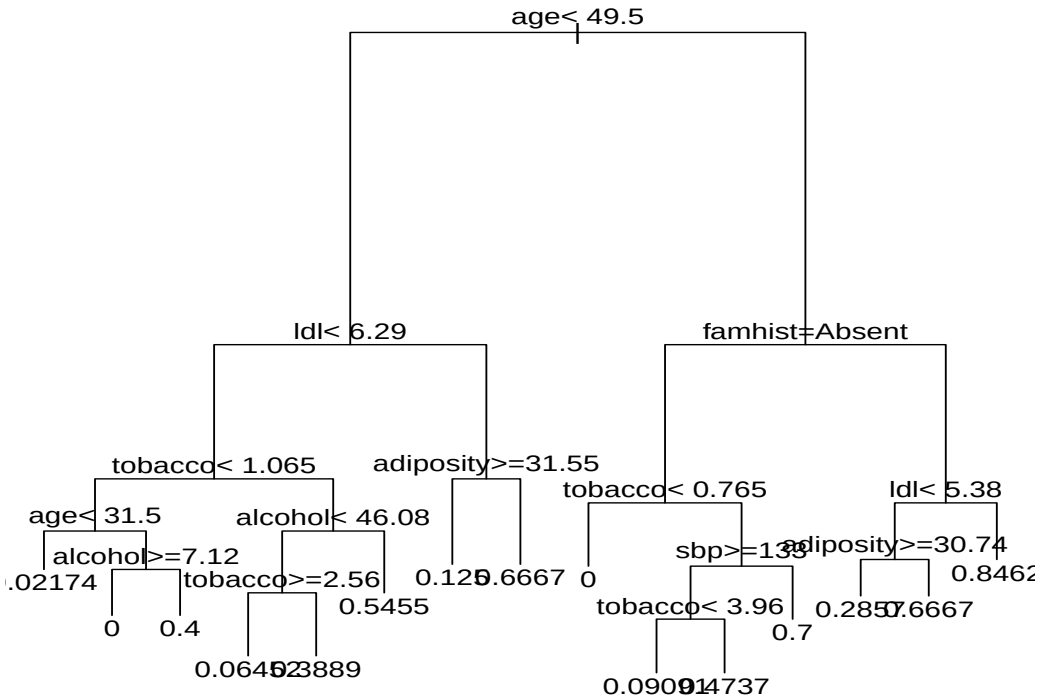
- Un des avantages de la probabilité d'erreur est qu'elle permet de comparer différents modèles issus de différentes méthodes.
- Construisons par exemple un arbre de classification.

```
> arbre <- rpart(chd~.,data=dapp)
> plot(arbre)
> text(arbre,pretty=0)
```



- Un des avantages de la probabilité d'erreur est qu'elle permet de comparer différents modèles issus de différentes méthodes.
- Construisons par exemple un arbre de classification.

```
> arbre <- rpart(chd~.,data=dapp)
> plot(arbre)
> text(arbre,pretty=0)
```



- Et estimons sa probabilité d'erreur sur l'échantillon test

```
> prev3 <- predict(arbre,newdata=dtest,type="class")
> mean(prev3!=dtest$chd)
[1] 0.3490566
```

Probabilités d'erreur estimées

modèle	logit1	logit2	arbre
erreur estimée	0.31	0.29	0.35

- Pour ce critère, on privilégiera le second modèle logistique.

- Et estimons sa probabilité d'erreur sur l'échantillon test

```
> prev3 <- predict(arbre,newdata=dtest,type="class")
> mean(prev3!=dtest$chd)
[1] 0.3490566
```

Probabilités d'erreur estimées

modèle	logit1	logit2	arbre
erreur estimée	0.31	0.29	0.35

- Pour ce critère, on privilégiera le second modèle logistique.

- Et estimons sa probabilité d'erreur sur l'échantillon test

```
> prev3 <- predict(arbre,newdata=dtest,type="class")
> mean(prev3!=dtest$chd)
[1] 0.3490566
```

Probabilités d'erreur estimées

modèle	logit1	logit2	arbre
erreur estimée	0.31	0.29	0.35

- Pour ce critère, on privilégiera le second modèle logistique.

Un inconvénient de la probabilité d'erreur

- Le critère de la probabilité d'erreur porte sur une règle de classification.
- Il impose donc d'avoir fixé le seuil s tel que

$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

  et il dépend du seuil fixé.
- Il existe des indicateurs plus flexibles (toujours basés sur la prévision) qui n'imposent pas de fixer le seuil.
- La courbe ROC basée sur la notion de score fait partie de ces critères.

Un inconvénient de la probabilité d'erreur

- Le critère de la probabilité d'erreur porte sur une règle de classification.
- Il impose donc d'avoir fixé le seuil s tel que

$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

  et il dépend du seuil fixé.

- Il existe des indicateurs plus flexibles (toujours basés sur la prévision) qui n'imposent pas de fixer le seuil.
- La courbe ROC basée sur la notion de score fait partie de ces critères.

Un inconvénient de la probabilité d'erreur

- Le critère de la probabilité d'erreur porte sur une règle de classification.
- Il impose donc d'avoir fixé le seuil s tel que

$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

  et il dépend du seuil fixé.
- Il existe des indicateurs plus flexibles (toujours basés sur la prévision) qui n'imposent pas de fixer le seuil.
- La courbe ROC basée sur la notion de score fait partie de ces critères.

Un inconvénient de la probabilité d'erreur

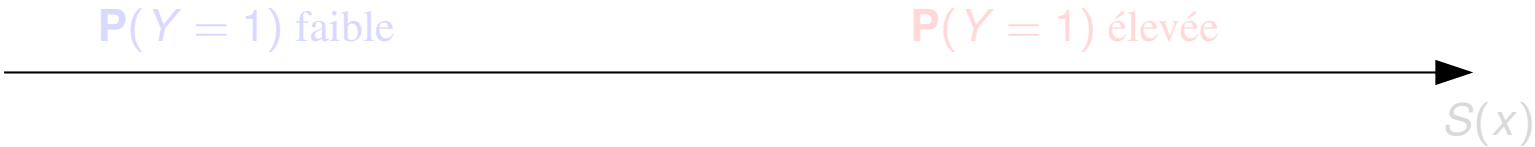
- Le critère de la probabilité d'erreur porte sur une règle de classification.
- Il impose donc d'avoir fixé le seuil s tel que

$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } p_{\hat{\beta}_n}(x) \geq s \\ 0 & \textit{sinon.} \end{cases}$$

  et il dépend du seuil fixé.
- Il existe des indicateurs plus flexibles (toujours basés sur la prévision) qui n'imposent pas de fixer le seuil.
- La courbe ROC basée sur la notion de score fait partie de ces critères.

Score : définition

- Un score est une fonction $S : \mathbb{R}^p \to \mathbb{R}$.
- Etant données n un échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ le job du statisticien consiste à construire une fonction $S(x)$ qui permettent d'expliquer Y *au mieux*.



- Une fois le score construit, la décision s'effectue selon la procédure

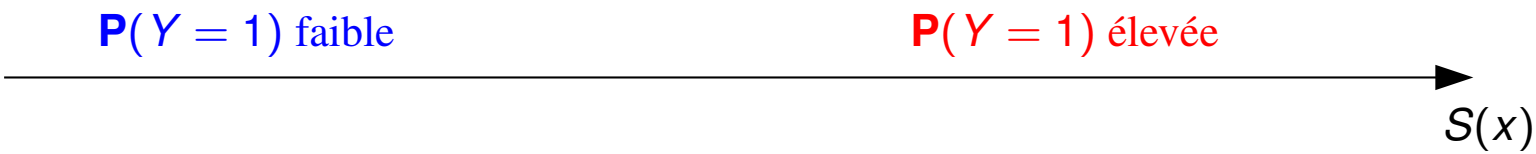
$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } \hat{S}(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon,} \end{cases}$$

où s est un seuil choisi par l'utilisateur.

- La construction de scores s'effectue généralement avec les modèles de régression classiques.

Score : définition

- Un score est une fonction $S : \mathbb{R}^p \to \mathbb{R}$.
- Etant données n un échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ le job du statisticien consiste à construire une fonction $S(x)$ qui permettent d'expliquer Y *au mieux*.



- Une fois le score construit, la décision s'effectue selon la procédure

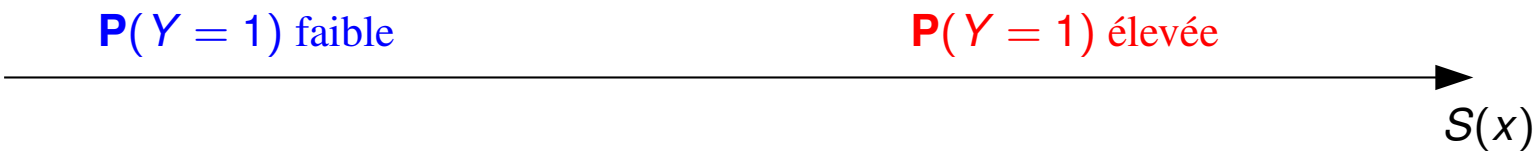
$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } \hat{S}(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon,} \end{cases}$$

où s est un seuil choisi par l'utilisateur.

- La construction de scores s'effectue généralement avec les modèles de régression classiques.

Score : définition

- Un score est une fonction $S : \mathbb{R}^p \to \mathbb{R}$.
- Etant données n un échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ le job du statisticien consiste à construire une fonction $S(x)$ qui permettent d'expliquer Y *au mieux*.



- Une fois le score construit, la décision s'effectue selon la procédure

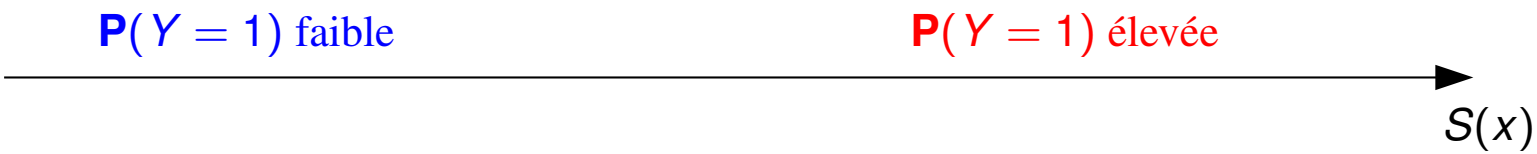
$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } \hat{S}(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon,} \end{cases}$$

où s est un seuil choisi par l'utilisateur.

- La construction de scores s'effectue généralement avec les modèles de régression classiques.

Score : définition

- Un score est une fonction $S : \mathbb{R}^p \to \mathbb{R}$.
- Etant données n un échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ le job du statisticien consiste à construire une fonction $S(x)$ qui permettent d'expliquer Y *au mieux*.



- Une fois le score construit, la décision s'effectue selon la procédure

$$\hat{Y} = \begin{cases} 1 & \text{si } \hat{S}(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon,} \end{cases}$$

où s est un seuil choisi par l'utilisateur.

- La construction de scores s'effectue généralement avec les modèles de régression classiques.

Score logistique

- de loin le plus utilisé...
- On considère le modèle logistique

$$\log \frac{p_\beta(x)}{1-p_\beta(x)} = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p$$

- Il suffit de poser $S(x) = p_\beta(x)$ ou

$$S(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p.$$

Score logistique

- de loin le plus utilisé...
- On considère le modèle logistique

$$\log \frac{p_\beta(x)}{1-p_\beta(x)} = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p$$

- Il suffit de poser $S(x) = p_\beta(x)$ ou

$$S(x) = \beta_1 x_1 + \ldots + \beta_p x_p.$$

Illustration

- On calcule un score logistique sur l'exemple suivant :
  - On dispose d'un échantillon de taille $n = 150$ pour construire les fonctions de score (table `dapp`) :

```
           X1         X2 Y
1  -1.2070657  0.3158544 1
2   0.2774292 -2.1866448 0
3   1.0844412 -0.3307386 0
4  -2.3456977 -1.9001806 1
5   0.4291247 -0.3691092 0
```

  - On souhaite calculer le score pour 100 nouveaux individus (table `dtest`) :

```
             X1          X2
151 -0.37723765 -0.01545427
152  0.09761946  1.65997581
153  1.63874465  1.24334905
154 -0.87559247 -0.00564424
155  0.12176000  0.44504449
```

Illustration

- On calcule un score logistique sur l'exemple suivant :
  - On dispose d'un échantillon de taille $n = 150$ pour construire les fonctions de score (table `dapp`) :

```
           X1         X2 Y
1  -1.2070657  0.3158544 1
2   0.2774292 -2.1866448 0
3   1.0844412 -0.3307386 0
4  -2.3456977 -1.9001806 1
5   0.4291247 -0.3691092 0
```

  - On souhaite calculer le score pour 100 nouveaux individus (table `dtest`) :

```
              X1          X2
151 -0.37723765 -0.01545427
152  0.09761946  1.65997581
153  1.63874465  1.24334905
154 -0.87559247 -0.00564424
155  0.12176000  0.44504449
```

- On ajuste le modèle logistique sur l'échantillon d'apprentissage :

```
> model_logit <- glm(Y~.,data=dapp,family=binomial)
```

- On calcule le score des nouveaux individus :

```
> S1 <- predict(model_logit,newdata=dtest,type="response")
```

- On peut afficher le score de ces nouveaux individus :

```
> S1[1:5]
      151       152       153       154       155
0.7772434 0.5692736 0.0248639 0.9247941 0.5131082
```

- On ajuste le modèle logistique sur l'échantillon d'apprentissage :

```
> model_logit <- glm(Y~.,data=dapp,family=binomial)
```

- On calcule le score des nouveaux individus :

```
> S1 <- predict(model_logit,newdata=dtest,type="response")
```

- On peut afficher le score de ces nouveaux individus :

```
> S1[1:5]
      151       152       153       154       155
0.77724343 0.56927363 0.02486394 0.92479413 0.51310825
```

Table de confusion

- Etant donnés un score et un seuil s, on peut se donner une règle de décision

$$\hat{Y} = \hat{Y}_s = \begin{cases} 1 & \text{si } S(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

- Cette règle définit la table de confusion

	$\hat{Y} = 0$	$\hat{Y} = 1$
$Y = 0$	OK	E_1
$Y = 1$	E_2	OK

- On définit :
  - Spécificité : $sp(s) = \mathbf{P}(S(X) < s | Y = 0)$
  - Sensibilité : $se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$

Table de confusion

- Etant donnés un score et un seuil s, on peut se donner une règle de décision

$$\hat{Y} = \hat{Y}_s = \begin{cases} 1 & \text{si } S(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

- Cette règle définit la table de confusion

	$\hat{Y} = 0$	$\hat{Y} = 1$
$Y = 0$	OK	E_1
$Y = 1$	E_2	OK

- On définit :
  - Spécificité : $sp(s) = \mathbf{P}(S(X) < s | Y = 0)$
  - Sensibilité : $se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$

Table de confusion

- Etant donnés un score et un seuil s, on peut se donner une règle de décision

$$\hat{Y} = \hat{Y}_s = \begin{cases} 1 & \text{si } S(x) \geq s \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

- Cette règle définit la table de confusion

	$\hat{Y} = 0$	$\hat{Y} = 1$
$Y = 0$	OK	E_1
$Y = 1$	E_2	OK

- On définit :
  - Spécificité : $sp(s) = \mathbf{P}(S(X) < s | Y = 0)$
  - Sensibilité : $se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$

Courbe ROC

Définition

C'est une courbe paramétrée par le seuil :

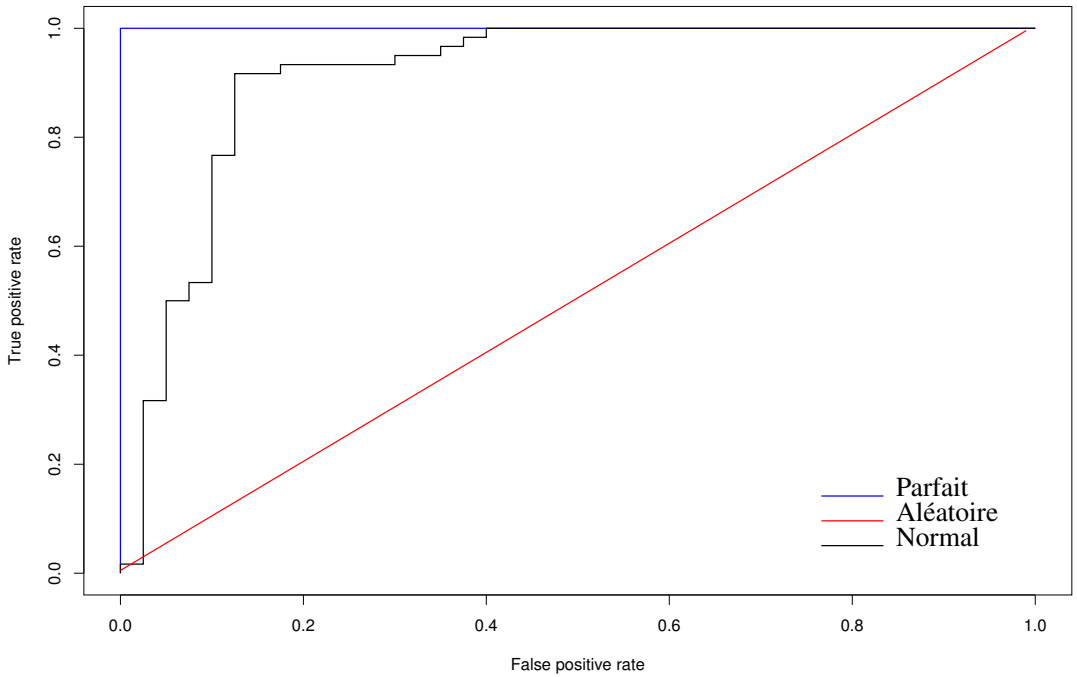
$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$

Courbe ROC

Définition

C'est une courbe paramétrée par le seuil :

$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$



Estimation

- La courbe ROC associée à une fonction de score S nécessite le calcul des probabilités $\mathbf{P}(S(X) > s|Y = 0)$ et $\mathbf{P}(S(X) \geq s|Y = 1)$.
- Ces probabilités ne sont pas calculables en pratique et doivent être estimées.
- L'estimation s'effectue à l'aide d'un échantillon indépendant de celui utilisé pour construire la fonction de score.

Estimation

- La courbe ROC associée à une fonction de score S nécessite le calcul des probabilités $\mathbf{P}(S(X) > s|Y = 0)$ et $\mathbf{P}(S(X) \geq s|Y = 1)$.
- Ces probabilités ne sont pas calculables en pratique et doivent être estimées.
- L'estimation s'effectue à l'aide d'un échantillon indépendant de celui utilisé pour construire la fonction de score.

Estimation

- La courbe ROC associée à une fonction de score S nécessite le calcul des probabilités $\mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0)$ et $\mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$.
- Ces probabilités ne sont pas calculables en pratique et doivent être estimées.
- L'estimation s'effectue à l'aide d'un échantillon indépendant de celui utilisé pour construire la fonction de score.

Apprentissage validation

- 2 quantités sont à estimer :
  1. La fonction de score $S(x)$
  2. Les paramètres de la courbe ROC : $\mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0)$ et $\mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$.

- L'échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ est séparé deux :
  1. un échantillon d'apprentissage $(X_1, Y_1), \ldots, (X_\ell, Y_\ell)$ utilisé pour estimer la fonction de score (par exemple les paramètres du modèle logistique pour le score logistique).
  2. un échantillon test $(X_{\ell+1}, Y_{\ell+1}), \ldots, (X_n, Y_n)$ pour estimer la courbe ROC.

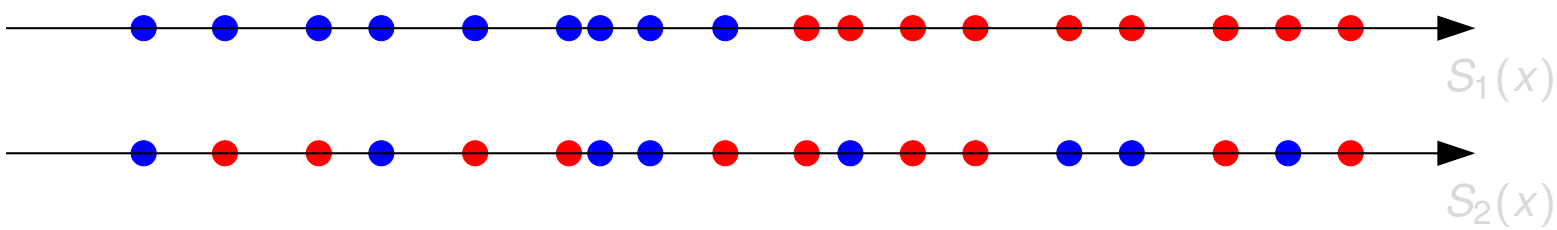
Apprentissage validation

- 2 quantités sont à estimer :
  1. La fonction de score $S(x)$
  2. Les paramètres de la courbe ROC : $\mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0)$ et $\mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1)$.

- L'échantillon $(X_1, Y_1), \ldots, (X_n, Y_n)$ est séparé deux :
  1. un échantillon d'apprentissage $(X_1, Y_1), \ldots, (X_\ell, Y_\ell)$ utilisé pour estimer la fonction de score (par exemple les paramètres du modèle logistique pour le score logistique).
  2. un échantillon test $(X_{\ell+1}, Y_{\ell+1}), \ldots, (X_n, Y_n)$ pour estimer la courbe ROC.

Une fois le score S estimé à l'aide de l'échantillon d'apprentissage, les paramètres de la courbe ROC sont estimés comme suit :

1. On calcule le score des individus de l'échantillon test.
2. On définit un nouvel échantillon $(S(X_{\ell+1}), Y_1), \ldots, (S(X_n), Y_n)$



3. Les paramètres de la courbes ROC

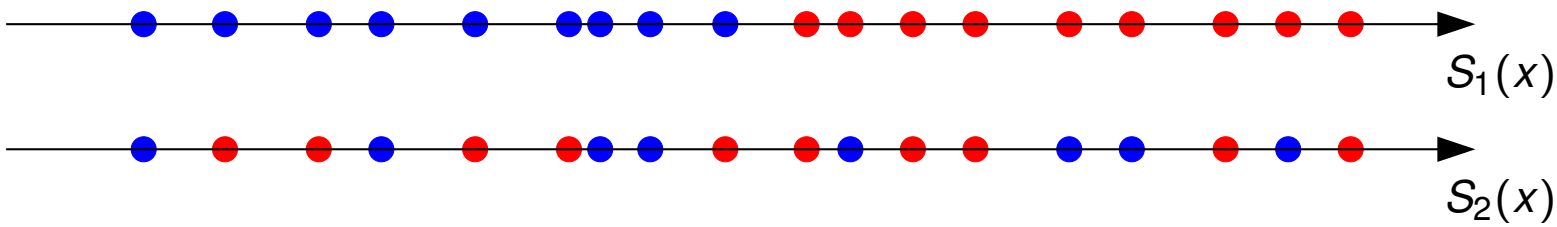
$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$

sont estimés par

$$\begin{cases} \hat{x}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 0\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=0} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \\ \\ \hat{y}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 1\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=1} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \end{cases}$$

Une fois le score S estimé à l'aide de l'échantillon d'apprentissage, les paramètres de la courbe ROC sont estimés comme suit :

1. On calcule le score des individus de l'échantillon test.
2. On définit un nouvel échantillon $(S(X_{\ell+1}), Y_1), \ldots, (S(X_n), Y_n)$



3. Les paramètres de la courbes ROC

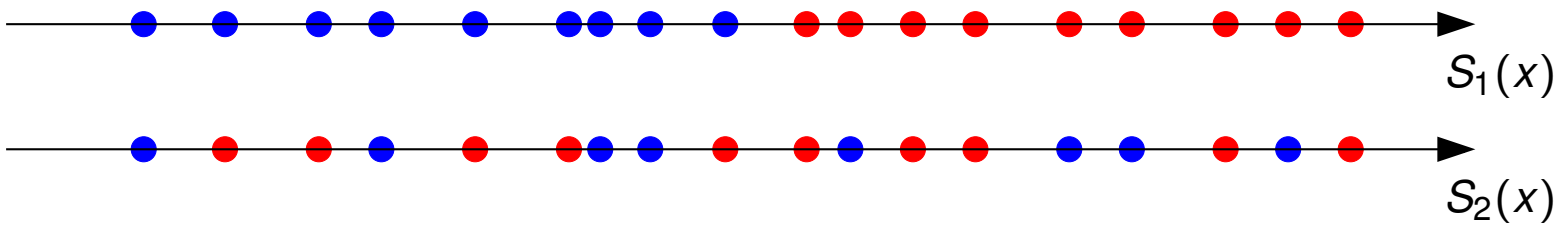
$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$

sont estimés par

$$\begin{cases} \hat{x}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 0\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=0} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \\ \\ \hat{y}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 1\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=1} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \end{cases}$$

Une fois le score S estimé à l'aide de l'échantillon d'apprentissage, les paramètres de la courbe ROC sont estimés comme suit :

1. On calcule le score des individus de l'échantillon test.
2. On définit un nouvel échantillon $(S(X_{\ell+1}), Y_1), \ldots, (S(X_n), Y_n)$



3. Les paramètres de la courbes ROC

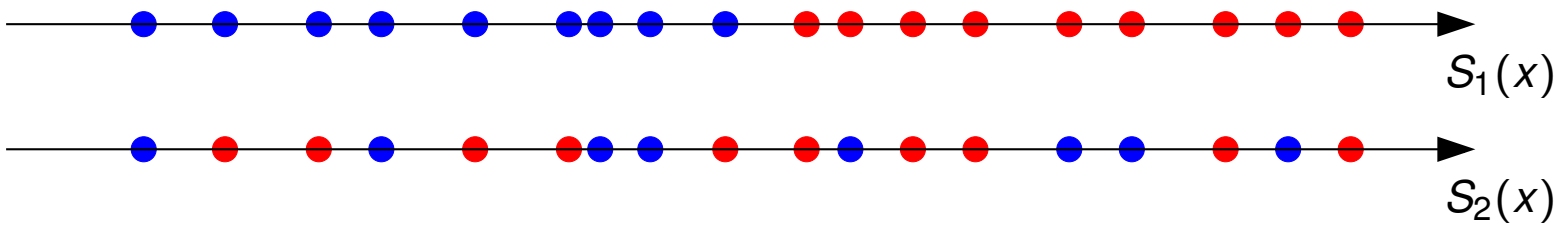
$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$

sont estimés par

$$\begin{cases} \hat{x}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 0\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=0} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \\ \hat{y}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 1\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=1} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \end{cases}$$

Une fois le score S estimé à l'aide de l'échantillon d'apprentissage, les paramètres de la courbe ROC sont estimés comme suit :

1. On calcule le score des individus de l'échantillon test.
2. On définit un nouvel échantillon $(S(X_{\ell+1}), Y_1), \ldots, (S(X_n), Y_n)$



3. Les paramètres de la courbes ROC

$$\begin{cases} x(s) = 1 - sp(s) = \mathbf{P}(S(X) > s | Y = 0) \\ y(s) = se(s) = \mathbf{P}(S(X) \geq s | Y = 1) \end{cases}$$

sont estimés par

$$\begin{cases} \hat{x}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 0\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=0} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \\ \\ \hat{y}(s) = \dfrac{1}{Card\{i : Y_i = 1\}} \displaystyle\sum_{i:Y_i=1} \mathbf{1}_{S(X_i)>s} \end{cases}$$

Exemple

- On reprend l'exemple sur la maladie cardiovasculaire et on compare les 3 modèles construits (2 logistique et un arbre) à l'aide de la courbe ROC.
- On calcule d'abord le score des individus de l'échantillon test.

```
> score1 <- predict(model1,newdata=dtest,type="response")
> score2 <- predict(model2,newdata=dtest,type="response")
> score3 <- predict(arbre,newdata=dtest)
```

- On trace ensuite la courbe roc à l'aide de la fonction **roc** du package pROC.

```
> roc(dtest$chd,score1,plot=TRUE)
> roc(dtest$chd,score2,plot=TRUE,col="red",add=TRUE)
> roc(dtest$chd,score3,plot=TRUE,col="blue",add=TRUE)
> legend("bottomright",legend=c("logit1","logit2","arbre"),
                       col=c("black","red","blue"),lty=1,lwd=2)
```

Exemple

- On reprend l'exemple sur la maladie cardiovasculaire et on compare les 3 modèles construits (2 logistique et un arbre) à l'aide de la courbe ROC.
- On calcule d'abord le score des individus de l'échantillon test.

```
> score1 <- predict(model1,newdata=dtest,type="response")
> score2 <- predict(model2,newdata=dtest,type="response")
> score3 <- predict(arbre,newdata=dtest)
```

- On trace ensuite la courbe roc à l'aide de la fonction **roc** du package pROC.

```
> roc(dtest$chd,score1,plot=TRUE)
> roc(dtest$chd,score2,plot=TRUE,col="red",add=TRUE)
> roc(dtest$chd,score3,plot=TRUE,col="blue",add=TRUE)
> legend("bottomright",legend=c("logit1","logit2","arbre"),
                       col=c("black","red","blue"),lty=1,lwd=2)
```

Exemple

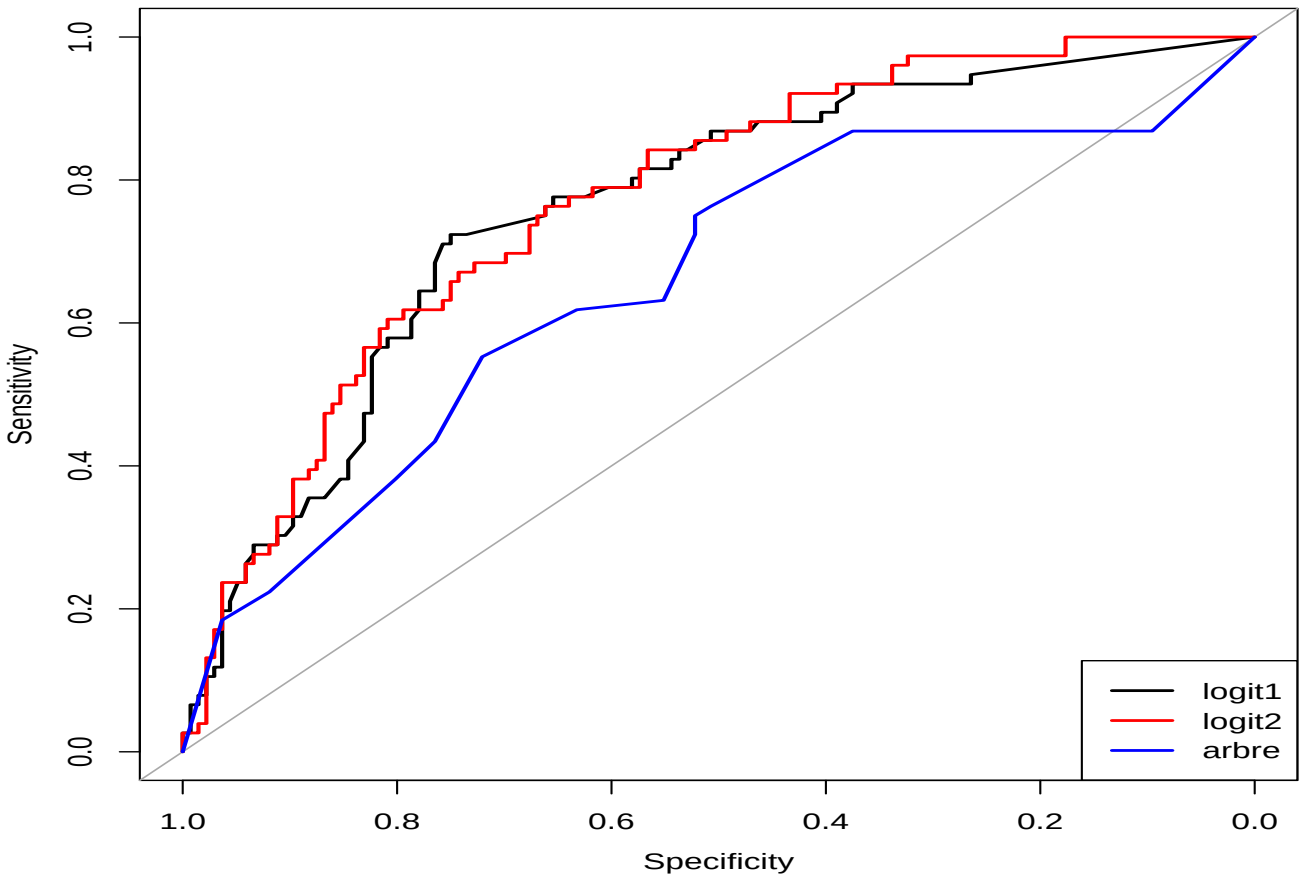
- On reprend l'exemple sur la maladie cardiovasculaire et on compare les 3 modèles construits (2 logistique et un arbre) à l'aide de la courbe ROC.
- On calcule d'abord le score des individus de l'échantillon test.

```
> score1 <- predict(model1,newdata=dtest,type="response")
> score2 <- predict(model2,newdata=dtest,type="response")
> score3 <- predict(arbre,newdata=dtest)
```

- On trace ensuite la courbe roc à l'aide de la fonction **roc** du package pROC.

```
> roc(dtest$chd,score1,plot=TRUE)
> roc(dtest$chd,score2,plot=TRUE,col="red",add=TRUE)
> roc(dtest$chd,score3,plot=TRUE,col="blue",add=TRUE)
> legend("bottomright",legend=c("logit1","logit2","arbre"),
                       col=c("black","red","blue"),lty=1,lwd=2)
```

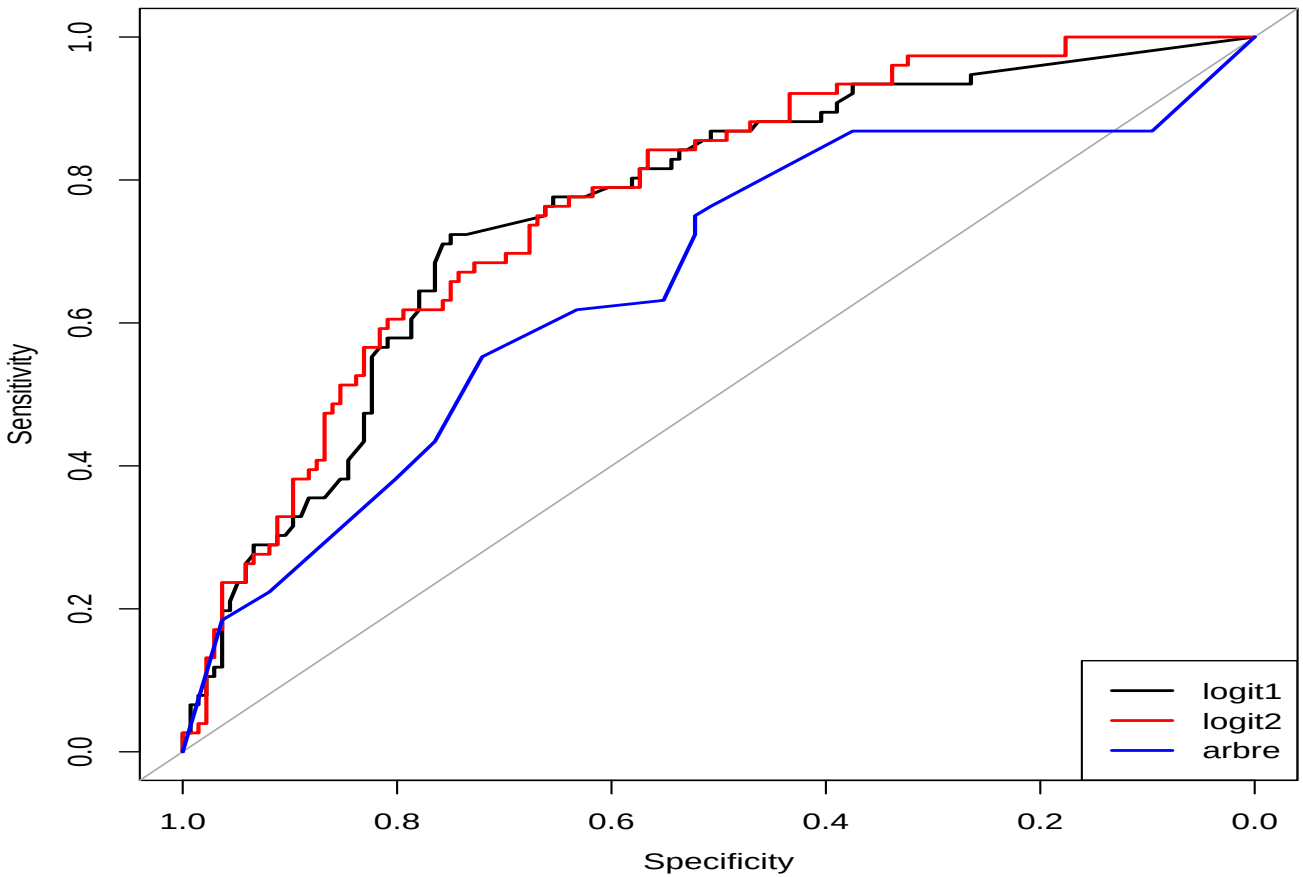
Courbes ROC



Conclusion

Pour le critère ROC, les modèles logistique sont plus performants que l'arbre de classification.

Courbes ROC



Conclusion

Pour le critère ROC, les modèles logistique sont plus performants que l'arbre de classification.

Sélection de variables

Motivations

- Dans la partie précédente, on a présenté des outils permettant de comparer des modèles construits.
- On se place dans un cadre différent : étant donné p variables explicatives $X_1, \ldots, X_p$, on cherche une procédure automatique permettant de trouver le "meilleur" sous-groupe de variables à mettre dans le modèle logistique.

Pourquoi ?

(Au moins) 2 raisons peuvent motiver cette démarche :

1. **Descriptif** : identifier les variables qui permettent d'expliquer la cible.
2. **Statistique** : la variance des estimateurs augmente avec le nombre de paramètres du modèle. Diminuer le nombre de variables permettra d'avoir des estimateurs plus précis.

Motivations

- Dans la partie précédente, on a présenté des outils permettant de comparer des modèles construits.
- On se place dans un cadre différent : étant donné p variables explicatives $X_1, \ldots, X_p$, on cherche une procédure automatique permettant de trouver le "meilleur" sous-groupe de variables à mettre dans le modèle logistique.

Pourquoi ?

(Au moins) 2 raisons peuvent motiver cette démarche :

1. **Descriptif** : identifier les variables qui permettent d'expliquer la cible.
2. **Statistique** : la variance des estimateurs augmente avec le nombre de paramètres du modèle. Diminuer le nombre de variables permettra d'avoir des estimateurs plus précis.

Motivations

- Dans la partie précédente, on a présenté des outils permettant de comparer des modèles construits.
- On se place dans un cadre différent : étant donné p variables explicatives $X_1, \ldots, X_p$, on cherche une procédure automatique permettant de trouver le "meilleur" sous-groupe de variables à mettre dans le modèle logistique.

Pourquoi ?

(Au moins) 2 raisons peuvent motiver cette démarche :

1. **Descriptif** : identifier les variables qui permettent d'expliquer la cible.
2. **Statistique** : la variance des estimateurs augmente avec le nombre de paramètres du modèle. Diminuer le nombre de variables permettra d'avoir des estimateurs plus précis.

Motivations

- Dans la partie précédente, on a présenté des outils permettant de comparer des modèles construits.
- On se place dans un cadre différent : étant donné p variables explicatives $X_1, \ldots, X_p$, on cherche une procédure automatique permettant de trouver le "meilleur" sous-groupe de variables à mettre dans le modèle logistique.

Pourquoi ?

(Au moins) 2 raisons peuvent motiver cette démarche :

1. **Descriptif** : identifier les variables qui permettent d'expliquer la cible.
2. **Statistique** : la variance des estimateurs augmente avec le nombre de paramètres du modèle. Diminuer le nombre de variables permettra d'avoir des estimateurs plus précis.

Recherche exhaustive

- Une approche naturelle est de construire tous les modèles logistiques (2^p) et de retenir celui qui optimise un critère donné (AIC-BIC...).
- Les package leaps permet de faire cela pour la régression linéaire.
- Pour le modèle logistique, on peut utiliser le package bestglm.

```
> library(bestglm)
> model4 <- bestglm(dapp,family=binomial,IC="BIC")
Morgan-Tatar search since family is non-gaussian.
> model4$BestModel

Call:  glm(formula = y ~ ., family = family, data = Xi, weights = weights)

Coefficients:
   (Intercept)             ldl  famhistPresent             age
      -4.29645         0.18650         0.82172         0.05088

Degrees of Freedom: 249 Total (i.e. Null);  246 Residual
Null Deviance:      319.2
Residual Deviance: 267.5  AIC: 275.5
```

Recherche exhaustive

- Une approche naturelle est de construire tous les modèles logistiques (2^p) et de retenir celui qui optimise un critère donné (AIC-BIC...).
- Les package leaps permet de faire cela pour la régression linéaire.
- Pour le modèle logistique, on peut utiliser le package bestglm.

```
> library(bestglm)
> model4 <- bestglm(dapp,family=binomial,IC="BIC")
Morgan-Tatar search since family is non-gaussian.
> model4$BestModel

Call:  glm(formula = y ~ ., family = family, data = Xi, weights = weights)

Coefficients:
   (Intercept)             ldl  famhistPresent             age
      -4.29645         0.18650         0.82172         0.05088

Degrees of Freedom: 249 Total (i.e. Null);  246 Residual
Null Deviance:      319.2
Residual Deviance: 267.5  AIC: 275.5
```

Recherche exhaustive

- Une approche naturelle est de construire tous les modèles logistiques (2^p) et de retenir celui qui optimise un critère donné (AIC-BIC...).
- Les package leaps permet de faire cela pour la régression linéaire.
- Pour le modèle logistique, on peut utiliser le package bestglm.

```
> library(bestglm)
> model4 <- bestglm(dapp,family=binomial,IC="BIC")
Morgan-Tatar search since family is non-gaussian.
> model4$BestModel

Call:  glm(formula = y ~ ., family = family, data = Xi, weights = weights)

Coefficients:
   (Intercept)            ldl  famhistPresent            age
      -4.29645          0.18650          0.82172          0.05088

Degrees of Freedom: 249 Total (i.e. Null);  246 Residual
Null Deviance:      319.2
Residual Deviance: 267.5  AIC: 275.5
```

Recherche exhaustive

- Une approche naturelle est de construire tous les modèles logistiques (2^p) et de retenir celui qui optimise un critère donné (AIC-BIC...).
- Les package leaps permet de faire cela pour la régression linéaire.
- Pour le modèle logistique, on peut utiliser le package bestglm.

```
> library(bestglm)
> model4 <- bestglm(dapp,family=binomial,IC="BIC")
Morgan-Tatar search since family is non-gaussian.
> model4$BestModel

Call:  glm(formula = y ~ ., family = family, data = Xi, weights = weights)

Coefficients:
   (Intercept)             ldl  famhistPresent             age
      -4.29645         0.18650         0.82172         0.05088

Degrees of Freedom: 249 Total (i.e. Null);  246 Residual
Null Deviance:     319.2
Residual Deviance: 267.5  AIC: 275.5
```

- On peut également visualiser les variables retenues dans les meilleurs modèles pour le critère donné

```
> model4$BestModels
    sbp tobacco   ldl adiposity famhist typea obesity alcohol  age Criteri
1 FALSE   FALSE  TRUE      FALSE    TRUE FALSE   FALSE   FALSE TRUE  284.04
2 FALSE   FALSE  TRUE      FALSE   FALSE FALSE   FALSE   FALSE TRUE  286.05
3 FALSE    TRUE  TRUE      FALSE    TRUE FALSE   FALSE   FALSE TRUE  286.78
4 FALSE   FALSE FALSE      FALSE    TRUE FALSE   FALSE   FALSE TRUE  287.32
5 FALSE   FALSE  TRUE      FALSE    TRUE  TRUE   FALSE   FALSE TRUE  287.93
```

Lorsque le nombre de variables p est trop grand, balayer tous les modèles peut se révéler très couteux en tant de calcul. On a alors recours à des méthodes pas à pas.

Méthode pas à pas

L'approche consiste à :

- construire un modèle initial
- Ajouter (forward) ou supprimer (backward) la variable qui optimise un critère donné (BIC ou AIC) par exemple.
- Répéter le processus jusqu'à un critère d'arrêt.

Méthode pas à pas

L'approche consiste à :

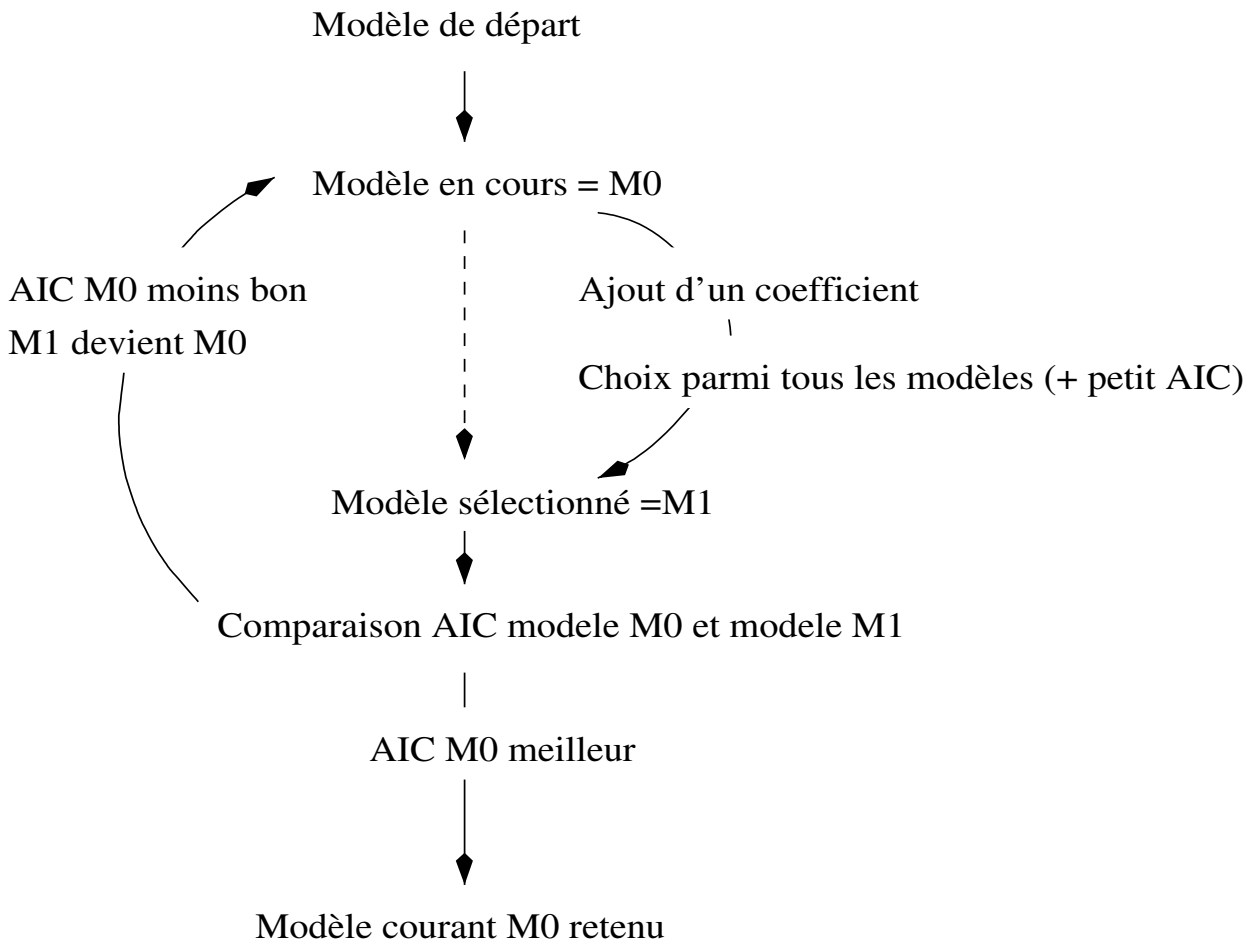
- construire un modèle initial
- Ajouter (forward) ou supprimer (backward) la variable qui optimise un critère donné (BIC ou AIC) par exemple.
- Répéter le processus jusqu'à un critère d'arrêt.

Méthode pas à pas

L'approche consiste à :

- construire un modèle initial
- Ajouter (forward) ou supprimer (backward) la variable qui optimise un critère donné (BIC ou AIC) par exemple.
- Répéter le processus jusqu'à un critère d'arrêt.

Technique ascendante utilisant l'AIC



Exemple sur R

- La fonction **step** permet de sélectionner des variables à l'aide de méthodes pas à pas.

```
> model_complet <- glm(chd~.,data=dapp,family=binomial)
> model_step <- step(model_complet,direction="backward",k=log(nrow(dapp)))
> model_step

Call:  glm(formula = chd ~ ldl + famhist + age, family = binomial,
                                                    data = dapp)

Coefficients:
   (Intercept)             ldl  famhistPresent             age
      -4.29645         0.18650         0.82172         0.05088
```

Validation de modèles

- Poser un modèle revient à faire une hypothèse : la loi de la variable d'intérêt appartient à une famille de loi donnée.
- Pour le modèle logistique cette hypothèse est que la loi des Y_i est une Bernoulli de paramètre $p_\beta(x_i)$ tel que

$$\text{logit}\, p_\beta(x_i) = \beta_1 x_{i1} + \ldots + \beta_p x_{ip}.$$

- Les résultats présentés précédemment sont vrais uniquement sous cette hypothèse. Il faut par conséquent la vérifier.

Les techniques permettant (dans une certaine mesure) de vérifier cette hypothèse sont similaires à celles du modèle de régression linéaire (tests d'adéquation, étude des résidus...).

- Poser un modèle revient à faire une hypothèse : la loi de la variable d'intérêt appartient à une famille de loi donnée.
- Pour le modèle logistique cette hypothèse est que la loi des Y_i est une Bernoulli de paramètre $p_\beta(x_i)$ tel que

$$\text{logit}\, p_\beta(x_i) = \beta_1 x_{i1} + \ldots + \beta_p x_{ip}.$$

- Les résultats présentés précédemment sont vrais uniquement sous cette hypothèse. Il faut par conséquent la vérifier.

Les techniques permettant (dans une certaine mesure) de vérifier cette hypothèse sont similaires à celles du modèle de régression linéaire (tests d'adéquation, étude des résidus...).

- Poser un modèle revient à faire une hypothèse : la loi de la variable d'intérêt appartient à une famille de loi donnée.
- Pour le modèle logistique cette hypothèse est que la loi des Y_i est une Bernoulli de paramètre $p_\beta(x_i)$ tel que

$$\text{logit}\, p_\beta(x_i) = \beta_1 x_{i1} + \ldots + \beta_p x_{ip}.$$

- Les résultats présentés précédemment sont vrais uniquement sous cette hypothèse. Il faut par conséquent la vérifier.

Les techniques permettant (dans une certaine mesure) de vérifier cette hypothèse sont similaires à celles du modèle de régression linéaire (tests d'adéquation, étude des résidus...).

Test d'adéquation de la déviance

La déviance

- Idée : se baser sur la vraisemblance. En effet, plus la vraisamblance est proche de 1, plus le modèle est "proche" des données.
- La valeur d'une vraisemblance est difficile à interpréter (elle dépend notamment du nombre de données).
- La déviance permet de comparer la vraisemblance du modèle à celle d'un modèle parfait en terme d'adequation aux données : le modèle saturé.

La déviance

- Idée : se baser sur la vraisemblance. En effet, plus la vraisamblance est proche de 1, plus le modèle est "proche" des données.
- La valeur d'une vraisemblance est difficile à interpréter (elle dépend notamment du nombre de données).
- La déviance permet de comparer la vraisemblance du modèle à celle d'un modèle parfait en terme d'adequation aux données : le modèle saturé.

La déviance

- Idée : se baser sur la vraisemblance. En effet, plus la vraisamblance est proche de 1, plus le modèle est "proche" des données.
- La valeur d'une vraisemblance est difficile à interpréter (elle dépend notamment du nombre de données).
- La déviance permet de comparer la vraisemblance du modèle à celle d'un modèle parfait en terme d'adequation aux données : le modèle saturé.

Le modèle saturé

- C'est le modèle qui ajuste "parfaitement" les observations. Il faut dissocier les types de données pour le définir.

Données individuelles

On note $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$ l'échantillon (tous les x_i sont différents). Le modèle saturé modélise la loi des Y_i par des Bernoulli de paramètre $p_{sat}(x_i)$ estimés selon $\hat{p}_{sat}(x_i) = Y_i$.

Données répétées

On note $(x_1, n_1, Y_1), \ldots, (x_T, n_T, Y_T)$ l'échantillon. Le modèle saturé modélise la loi des Y_t par des Binomiale de paramètres $(n_t, p_{sat}(x_t))$ avec $\hat{p}_{sat}(x_t) = Y_t/n_t$.

Le modèle saturé

- C'est le modèle qui ajuste "parfaitement" les observations. Il faut dissocier les types de données pour le définir.

Données individuelles

On note $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$ l'échantillon (tous les x_i sont différents). Le modèle saturé modélise la loi des Y_i par des Bernoulli de paramètre $p_{sat}(x_i)$ estimés selon $\hat{p}_{sat}(x_i) = Y_i$.

Données répétées

On note $(x_1, n_1, Y_1), \ldots, (x_T, n_T, Y_T)$ l'échantillon. Le modèle saturé modélise la loi des Y_t par des Binomiale de paramètres $(n_t, p_{sat}(x_t))$ avec $\hat{p}_{sat}(x_t) = Y_t/n_t$.

- On désigne par $\mathcal{L}_{sat}$ la log-vraisemblance du modèle saturé calculé au point défini par les $\hat{p}_{sat}(x_i)$.

Propriété

- Dans le cas de données individuelles, $\mathcal{L}_{sat} = 0$.
- Pour des données répétées, on a

$$\mathcal{L}_{sat} = \sum_{t=1}^{T} \log \binom{n_t}{y_t} + \sum_{t=1}^{T} y_t \log \hat{p}_{sat}(x_t) + (n_t - y_t) \log(1 - \hat{p}_{sat}(x_t)).$$

Remarque

- En terme d'ajustement, on ne peut pas faire mieux que le modèle saturé.
- Néanmoins, ce modèle n'est généralement pas bon : il est sur-paramétré (il contient autant de paramètres que de points d'observations), d'où son nom.

- On désigne par $\mathcal{L}_{sat}$ la log-vraisemblance du modèle saturé calculé au point défini par les $\hat{p}_{sat}(x_i)$.

Propriété

- Dans le cas de données individuelles, $\mathcal{L}_{sat} = 0$.
- Pour des données répétées, on a

$$\mathcal{L}_{sat} = \sum_{t=1}^{T} \log \binom{n_t}{y_t} + \sum_{t=1}^{T} y_t \log \hat{p}_{sat}(x_t) + (n_t - y_t) \log(1 - \hat{p}_{sat}(x_t)).$$

Remarque

- En terme d'ajustement, on ne peut pas faire mieux que le modèle saturé.
- Néanmoins, ce modèle n'est généralement pas bon : il est sur-paramétré (il contient autant de paramètres que de points d'observations), d'où son nom.

- On désigne par $\mathcal{L}_{sat}$ la log-vraisemblance du modèle saturé calculé au point défini par les $\hat{p}_{sat}(x_i)$.

Propriété

- Dans le cas de données individuelles, $\mathcal{L}_{sat} = 0$.
- Pour des données répétées, on a

$$\mathcal{L}_{sat} = \sum_{t=1}^{T} \log \binom{n_t}{y_t} + \sum_{t=1}^{T} y_t \log \hat{p}_{sat}(x_t) + (n_t - y_t) \log(1 - \hat{p}_{sat}(x_t)).$$

Remarque

- En terme d'ajustement, on ne peut pas faire mieux que le modèle saturé.
- Néanmoins, ce modèle n'est généralement pas bon : il est sur-paramétré (il contient autant de paramètres que de points d'observations), d'où son nom.

- On désigne par $\mathcal{L}_{sat}$ la log-vraisemblance du modèle saturé calculé au point défini par les $\hat{p}_{sat}(x_i)$.

Propriété

- Dans le cas de données individuelles, $\mathcal{L}_{sat} = 0$.
- Pour des données répétées, on a

$$\mathcal{L}_{sat} = \sum_{t=1}^{T} \log \binom{n_t}{y_t} + \sum_{t=1}^{T} y_t \log \hat{p}_{sat}(x_t) + (n_t - y_t) \log(1 - \hat{p}_{sat}(x_t)).$$

Remarque

- En terme d'ajustement, on ne peut pas faire mieux que le modèle saturé.
- Néanmoins, ce modèle n'est généralement pas bon : il est sur-paramétré (il contient autant de paramètres que de points d'observations), d'où son nom.

Déviance

- On note $\mathcal{M}$ un modèle logistique, $\hat{\beta}_n$ l'emv des paramètres et $\mathcal{L}_n$ la log-vraisemblance de ce modèle.

Définition

La déviance de $\mathcal{M}$ est définie par

$$D_{\mathcal{M}} = 2(\mathcal{L}_{sat} - \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n)).$$

- La déviance est positive $D_{\mathcal{M}} \geq 0$.
- Plus la déviance est faible, meilleur est le modèle en terme d'ajustement.

Déviance

- On note $\mathcal{M}$ un modèle logistique, $\hat{\beta}_n$ l'emv des paramètres et $\mathcal{L}_n$ la log-vraisemblance de ce modèle.

Définition

La déviance de $\mathcal{M}$ est définie par

$$D_{\mathcal{M}} = 2(\mathcal{L}_{sat} - \mathcal{L}_n(\hat{\beta}_n)).$$

- La déviance est positive $D_{\mathcal{M}} \geq 0$.
- Plus la déviance est faible, meilleur est le modèle en terme d'ajustement.

Illustration

- On reprend le jeu de données sur le "role des femmes" dans la société (données répétées).
- La déviance est présente dans les sorties de la fonction **glm** :

```
> model1 <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,family
> model1

Call:  glm(formula = cbind(agree, disagree) ~ sex + education,
         family = binomial, data = womensrole)

Coefficients:
(Intercept)    sexFemale    education
    2.74796     -0.04349     -0.28970

Degrees of Freedom: 29 Total (i.e. Null);  27 Residual
Null Deviance:      398.9
Residual Deviance: 36.89    AIC: 165.4
```

- On peut également la récupérer avec la fonction **deviance**

```
> deviance(model1)
[1] 36.89419
```

Illustration

- On reprend le jeu de données sur le "role des femmes" dans la société (données répétées).
- La déviance est présente dans les sorties de la fonction **glm** :

```
> model1 <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,family
> model1

Call:  glm(formula = cbind(agree, disagree) ~ sex + education,
         family = binomial, data = womensrole)

Coefficients:
(Intercept)    sexFemale    education
    2.74796     -0.04349     -0.28970

Degrees of Freedom: 29 Total (i.e. Null);  27 Residual
Null Deviance:      398.9
Residual Deviance: 36.89    AIC: 165.4
```

- On peut également la récupérer avec la fonction **deviance**

```
> deviance(model1)
[1] 36.89419
```

Le test d'adéquation de la déviance

- Idée : déviance faible $\Longrightarrow$ bonne adéquation.
- On pose H_0 : "le modèle est adéquat" (les données sont bien générées selon le modèle logistique en question) contre H_1 : "il ne l'est pas".

Propriété

En présence de données répétées, la déviance suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si $D_{\mathcal{M},obs}$ est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> 1-pchisq(model1$deviance,model1$df.resid)
[1] 0.09705949
```

Le test d'adéquation de la déviance

- Idée : déviance faible $\Longrightarrow$ bonne adéquation.
- On pose H_0 : "le modèle est adéquat" (les données sont bien générées selon le modèle logistique en question) contre H_1 : "il ne l'est pas".

Propriété

En présence de données répétées, la déviance suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si $D_{\mathcal{M},obs}$ est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> 1-pchisq(model1$deviance,model1$df.resid)
[1] 0.09705949
```

Le test d'adéquation de la déviance

- Idée : déviance faible $\Longrightarrow$ bonne adéquation.
- On pose H_0 : "le modèle est adéquat" (les données sont bien générées selon le modèle logistique en question) contre H_1 : "il ne l'est pas".

Propriété

En présence de données répétées, la déviance suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si $D_{\mathcal{M},obs}$ est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> 1-pchisq(model1$deviance,model1$df.resid)
[1] 0.09705949
```

Le test d'adéquation de la déviance

- Idée : déviance faible $\Longrightarrow$ bonne adéquation.
- On pose H_0 : "le modèle est adéquat" (les données sont bien générées selon le modèle logistique en question) contre H_1 : "il ne l'est pas".

Propriété

En présence de données répétées, la déviance suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si $D_{\mathcal{M},obs}$ est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> 1-pchisq(model1$deviance,model1$df.resid)
[1] 0.09705949
```

Le test d'adéquation de la déviance

- Idée : déviance faible $\Longrightarrow$ bonne adéquation.
- On pose H_0 : "le modèle est adéquat" (les données sont bien générées selon le modèle logistique en question) contre H_1 : "il ne l'est pas".

Propriété

En présence de données répétées, la déviance suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si $D_{\mathcal{M},obs}$ est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> 1-pchisq(model1$deviance,model1$df.resid)
[1] 0.09705949
```

Le test d'adéquation de Pearson

- Permet de tester les mêmes hypothèses que précédemment et toujours pour des données répétées.
- La statistique de test est la suivante :

$$P = \sum_{t=1}^{T} \frac{(y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t))^2}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}.$$

Propriété

En présence de données répétées, P suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 en présence de données répétées lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si P_{obs} est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> P <- sum(residuals(model1,type="pearson")^2)
> 1-pchisq(P,nrow(womensrole)-length(model1$coef))
```

Le test d'adéquation de Pearson

- Permet de tester les mêmes hypothèses que précédemment et toujours pour des données répétées.
- La statistique de test est la suivante :

$$P = \sum_{t=1}^{T} \frac{(y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t))^2}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}.$$

Propriété

En présence de données répétées, P suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 en présence de données répétées lorsque $n_t \to \infty$, $t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si P_{obs} est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> P <- sum(residuals(model1,type="pearson")^2)
> 1-pchisq(P,nrow(womensrole)-length(model1$coef))
```

Le test d'adéquation de Pearson

- Permet de tester les mêmes hypothèses que précédemment et toujours pour des données répétées.
- La statistique de test est la suivante :

$$P = \sum_{t=1}^{T} \frac{(y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t))^2}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}.$$

Propriété

En présence de données répétées, P suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 en présence de données répétées lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si P_{obs} est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> P <- sum(residuals(model1,type="pearson")^2)
> 1-pchisq(P,nrow(womensrole)-length(model1$coef))
```

Le test d'adéquation de Pearson

- Permet de tester les mêmes hypothèses que précédemment et toujours pour des données répétées.
- La statistique de test est la suivante :

$$P = \sum_{t=1}^{T} \frac{(y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t))^2}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}.$$

Propriété

En présence de données répétées, P suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 en présence de données répétées lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si P_{obs} est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> P <- sum(residuals(model1,type="pearson")^2)
> 1-pchisq(P,nrow(womensrole)-length(model1$coef))
```

Le test d'adéquation de Pearson

- Permet de tester les mêmes hypothèses que précédemment et toujours pour des données répétées.
- La statistique de test est la suivante :

$$P = \sum_{t=1}^{T} \frac{(y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t))^2}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}.$$

Propriété

En présence de données répétées, P suit une loi du χ^2_{T-p} sous H_0 en présence de données répétées lorsque $n_t \to \infty, t = 1, \ldots, T$.

- Conclusion : on rejette H_0 si P_{obs} est plus grande que le quantile d'ordre $1 - \alpha$ de la loi χ^2_{T-p}.
- Sur R, on calcule la probabilité critique avec

```
> P <- sum(residuals(model1,type="pearson")^2)
> 1-pchisq(P,nrow(womensrole)-length(model1$coef))
```

Commentaires

- Les deux tests d'adéquation sont asymptotiques et utilisables uniquement dans le cas de données répétées.
- Il faut par conséquent avoir suffisamment d'observations en chaque points du design pour pouvoir les appliquer.
- Le test de déviance est généralement privilégié.
- En présence de données individuelles, on utilise souvent le test de Hosmer et Lemeshow : l'approche consiste à regrouper les données et à définir une statistique de test de type Pearson.

Commentaires

- Les deux tests d'adéquation sont asymptotiques et utilisables uniquement dans le cas de données répétées.
- Il faut par conséquent avoir suffisamment d'observations en chaque points du design pour pouvoir les appliquer.
- Le test de déviance est généralement privilégié.
- En présence de données individuelles, on utilise souvent le test de Hosmer et Lemeshow : l'approche consiste à regrouper les données et à définir une statistique de test de type Pearson.

Commentaires

- Les deux tests d'adéquation sont asymptotiques et utilisables uniquement dans le cas de données répétées.
- Il faut par conséquent avoir suffisamment d'observations en chaque points du design pour pouvoir les appliquer.
- Le test de déviance est généralement privilégié.
- En présence de données individuelles, on utilise souvent le test de Hosmer et Lemeshow : l'approche consiste à regrouper les données et à définir une statistique de test de type Pearson.

Commentaires

- Les deux tests d'adéquation sont asymptotiques et utilisables uniquement dans le cas de données répétées.
- Il faut par conséquent avoir suffisamment d'observations en chaque points du design pour pouvoir les appliquer.
- Le test de déviance est généralement privilégié.
- En présence de données individuelles, on utilise souvent le test de Hosmer et Lemeshow : l'approche consiste à regrouper les données et à définir une statistique de test de type Pearson.

Test d'Hosmer Lemeshow

On est en présence de données individuelles $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$. La statistique de test se construit comme suit.

1. Les probabilités estimées $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ sont ordonnées par ordre croissant.
2. Ces probabilités ordonnées sont ensuite séparées en K groupes de taille égale (on prend souvent $K = 10$ si n est suffisamment grand). On note
   - m_k les effectifs du groupe k ;
   - o_k le nombre de succès ($Y = 1$) observé dans le groupe k ;
   - μ_k la moyenne des $\hat{p}_\beta(x_i)$ dans le groupe k.

- La statistique de test est alors

$$C^2 = \sum_{k=1}^{K} \frac{(o_k - m_k\mu_k)^2}{m_k\mu_k(1-\mu_k)}.$$

- Le test se conduit de manière identique au test de déviance, la statistique C^2 suivant approximativement sous H_0 un χ^2_{K-2}.

Test d'Hosmer Lemeshow

On est en présence de données individuelles $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$. La statistique de test se construit comme suit.

1. Les probabilités estimées $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ sont ordonnées par ordre croissant.
2. Ces probabilités ordonnées sont ensuite séparées en K groupes de taille égale (on prend souvent $K = 10$ si n est suffisamment grand). On note
   - m_k les effectifs du groupe k ;
   - o_k le nombre de succès ($Y = 1$) observé dans le groupe k ;
   - μ_k la moyenne des $\hat{p}_\beta(x_i)$ dans le groupe k.

- La statistique de test est alors

$$C^2 = \sum_{k=1}^{K} \frac{(o_k - m_k\mu_k)^2}{m_k\mu_k(1-\mu_k)}.$$

- Le test se conduit de manière identique au test de déviance, la statistique C^2 suivant approximativement sous H_0 un χ^2_{K-2}.

Test d'Hosmer Lemeshow

On est en présence de données individuelles $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$. La statistique de test se construit comme suit.

1. Les probabilités estimées $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ sont ordonnées par ordre croissant.
2. Ces probabilités ordonnées sont ensuite séparées en K groupes de taille égale (on prend souvent $K = 10$ si n est suffisamment grand). On note
   - m_k les effectifs du groupe k ;
   - o_k le nombre de succès ($Y = 1$) observé dans le groupe k ;
   - μ_k la moyenne des $\hat{p}_\beta(x_i)$ dans le groupe k.

- La statistique de test est alors

$$C^2 = \sum_{k=1}^{K} \frac{(o_k - m_k\mu_k)^2}{m_k\mu_k(1-\mu_k)}.$$

- Le test se conduit de manière identique au test de déviance, la statistique C^2 suivant approximativement sous H_0 un χ^2_{K-2}.

Test d'Hosmer Lemeshow

On est en présence de données individuelles $(x_1, Y_1), \ldots, (x_n, Y_n)$. La statistique de test se construit comme suit.

1. Les probabilités estimées $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ sont ordonnées par ordre croissant.
2. Ces probabilités ordonnées sont ensuite séparées en K groupes de taille égale (on prend souvent $K = 10$ si n est suffisamment grand). On note
   - m_k les effectifs du groupe k ;
   - o_k le nombre de succès ($Y = 1$) observé dans le groupe k ;
   - μ_k la moyenne des $\hat{p}_\beta(x_i)$ dans le groupe k.

- La statistique de test est alors

$$C^2 = \sum_{k=1}^{K} \frac{(o_k - m_k\mu_k)^2}{m_k\mu_k(1-\mu_k)}.$$

- Le test se conduit de manière identique au test de déviance, la statistique C^2 suivant approximativement sous H_0 un χ^2_{K-2}.

Illustration sous R

- Sous R, on peut effectuer le test avec la fonction **HLgof.test** du package MKmisc.
- On teste le modèle sélectionné par la fonction **bestglm** sur l'exemple de la maladie cardiovasculaire :

```
> library(MKmisc)
> HLgof.test(fit=fitted(model4),obs=dapp$chd)
$C

Hosmer-Lemeshow C statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 3.9695, df = 8, p-value = 0.8599


$H

Hosmer-Lemeshow H statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 4.5285, df = 8, p-value = 0.8066
```

Illustration sous R

- Sous R, on peut effectuer le test avec la fonction **HLgof.test** du package MKmisc.
- On teste le modèle sélectionné par la fonction **bestglm** sur l'exemple de la maladie cardiovasculaire :

```
> library(MKmisc)
> HLgof.test(fit=fitted(model4),obs=dapp$chd)
$C

Hosmer-Lemeshow C statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 3.9695, df = 8, p-value = 0.8599


$H

Hosmer-Lemeshow H statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 4.5285, df = 8, p-value = 0.8066
```

Illustration sous R

- Sous R, on peut effectuer le test avec la fonction **HLgof.test** du package MKmisc.
- On teste le modèle sélectionné par la fonction **bestglm** sur l'exemple de la maladie cardiovasculaire :

```
> library(MKmisc)
> HLgof.test(fit=fitted(model4),obs=dapp$chd)
$C

Hosmer-Lemeshow C statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 3.9695, df = 8, p-value = 0.8599


$H

Hosmer-Lemeshow H statistic

data:  fitted(model4) and dapp$chd
X-squared = 4.5285, df = 8, p-value = 0.8066
```

Examen des résidus

- L'analyse des résidus permet, dans une certaine mesure, d'affiner un modèle.
- Elle permet de détecter des individus atypiques ou aberrants ou encore de détecter des effets non linéaires.
- On distingue plusieurs types de résidus que nous présentons dans le cas de données répétées.

- L'analyse des résidus permet, dans une certaine mesure, d'affiner un modèle.
- Elle permet de détecter des individus atypiques ou aberrants ou encore de détecter des effets non linéaires.
- On distingue plusieurs types de résidus que nous présentons dans le cas de données répétées.

- L'analyse des résidus permet, dans une certaine mesure, d'affiner un modèle.
- Elle permet de détecter des individus atypiques ou aberrants ou encore de détecter des effets non linéaires.
- On distingue plusieurs types de résidus que nous présentons dans le cas de données répétées.

Les résidus de Pearson

On désigne par $(x_t, n_t, Y_t), t = 1, \ldots, T$ les données.

- Les résidus de Pearson sont définis par :

$$Rp_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rp_t est proche d'une $\mathcal{N}(0, 1)$. On peut ainsi analyser les résidus de Pearson de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La statistique de Pearson s'exprime en fonction des résidus de Pearson $P = \sum_{t=1}^{T} Rp_t^2$.

Les résidus de Pearson

On désigne par $(x_t, n_t, Y_t), t = 1, \ldots, T$ les données.

- Les résidus de Pearson sont définis par :

$$Rp_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rp_t est proche d'une $\mathcal{N}(0,1)$. On peut ainsi analyser les résidus de Pearson de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La statistique de Pearson s'exprime en fonction des résidus de Pearson $P = \sum_{t=1}^{T} Rp_t^2$.

Les résidus de Pearson

On désigne par $(x_t, n_t, Y_t), t = 1, \ldots, T$ les données.

- Les résidus de Pearson sont définis par :

$$Rp_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))}}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rp_t est proche d'une $\mathcal{N}(0, 1)$. On peut ainsi analyser les résidus de Pearson de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La statistique de Pearson s'exprime en fonction des résidus de Pearson $P = \sum_{t=1}^{T} Rp_t^2$.

Version standardisée

- Les résidus de Pearson définis précédemment ne sont pas de variance 1.
- Il est souvent préférable d'utiliser une version standardisée de ces résidus. Pour ce faire, on remarque que

$$\mathbf{V}[Y_t - np_{\hat{\beta}_n}(x_t)] \approx n_t p_\beta(x_t)(1 - p_\beta(x_t))(1 - h_t),$$

où h_t est le $t$eme élément de la diagonale de

$$\mathbb{H} = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n}.$$

Définition

Les résidus de Pearson standardisés sont définis par

$$Rps_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))(1 - h_t)}}, t = 1, \ldots, T.$$

Version standardisée

- Les résidus de Pearson définis précédemment ne sont pas de variance 1.
- Il est souvent préférable d'utiliser une version standardisée de ces résidus. Pour ce faire, on remarque que

$$\mathbf{V}[Y_t - np_{\hat{\beta}_n}(x_t)] \approx n_t p_\beta(x_t)(1 - p_\beta(x_t))(1 - h_t),$$

où h_t est le $t$eme élément de la diagonale de

$$\mathbb{H} = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n}.$$

Définition

Les résidus de Pearson standardisés sont définis par

$$Rps_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))(1 - h_t)}}, t = 1, \ldots, T.$$

Version standardisée

- Les résidus de Pearson définis précédemment ne sont pas de variance 1.
- Il est souvent préférable d'utiliser une version standardisée de ces résidus. Pour ce faire, on remarque que

$$\mathbf{V}[Y_t - np_{\hat{\beta}_n}(x_t)] \approx n_t p_\beta(x_t)(1 - p_\beta(x_t))(1 - h_t),$$

où h_t est le $t$eme élément de la diagonale de

$$\mathbb{H} = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}_n}.$$

Définition

Les résidus de Pearson standardisés sont définis par

$$Rps_t = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{\sqrt{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))(1 - h_t)}}, t = 1, \ldots, T.$$

Résidus de déviance

- Les résidus de déviance sont définis par

$$Rd_t = \sqrt{2\left[y_t \log \frac{\bar{Y}_t}{p_{\hat{\beta}_n}(x_t)} + (n_t - Y_t) \log \frac{n_t - Y_t}{n_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}\right]}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rd_t est proche d'une $\mathcal{N}(0,1)$. On peut ainsi analyser les résidus de déviance de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La déviance s'exprime en fonction des résidus de déviance $D = \sum_{t=1}^{T} Rd_t^2$.

- Là encore, il existe une version standardisée :

$$Rds_t = \frac{Rd_t}{\sqrt{1 - h_t}}, \quad t = 1, \ldots, T.$$

Résidus de déviance

- Les résidus de déviance sont définis par

$$Rd_t = \sqrt{2\left[y_t \log \frac{\bar{Y}_t}{p_{\hat{\beta}_n}(x_t)} + (n_t - Y_t) \log \frac{n_t - Y_t}{n_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}\right]}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rd_t est proche d'une $\mathcal{N}(0,1)$. On peut ainsi analyser les résidus de déviance de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La déviance s'exprime en fonction des résidus de déviance $D = \sum_{t=1}^{T} Rd_t^2$.

- Là encore, il existe une version standardisée :

$$Rds_t = \frac{Rd_t}{\sqrt{1 - h_t}}, \quad t = 1, \ldots, T.$$

Résidus de déviance

- Les résidus de déviance sont définis par

$$Rd_t = \sqrt{2\left[y_t \log \frac{\bar{Y}_t}{p_{\hat{\beta}_n}(x_t)} + (n_t - Y_t) \log \frac{n_t - Y_t}{n_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}\right]}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rd_t est proche d'une $\mathcal{N}(0,1)$. On peut ainsi analyser les résidus de déviance de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La déviance s'exprime en fonction des résidus de déviance $D = \sum_{t=1}^{T} Rd_t^2$.
- Là encore, il existe une version standardisée :

$$Rds_t = \frac{Rd_t}{\sqrt{1 - h_t}}, \quad t = 1, \ldots, T.$$

Résidus de déviance

- Les résidus de déviance sont définis par

$$Rd_t = \sqrt{2\left[y_t \log \frac{\bar{Y}_t}{p_{\hat{\beta}_n}(x_t)} + (n_t - Y_t) \log \frac{n_t - Y_t}{n_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}\right]}.$$

- Lorsque n_t est grand, la loi de Rd_t est proche d'une $\mathcal{N}(0,1)$. On peut ainsi analyser les résidus de déviance de la même manière que les résidus du modèle linéaire Gaussien.
- La déviance s'exprime en fonction des résidus de déviance $D = \sum_{t=1}^{T} Rd_t^2$.

- Là encore, il existe une version standardisée :

$$Rds_t = \frac{Rd_t}{\sqrt{1 - h_t}}, \quad t = 1, \ldots, T.$$

Examen des résidus

- Les diagnostics sont essentiellement graphiques :
  1. **Index plot** : numéro de l'observation en abcisse, valeur du résidu en ordonnée.
  2. **Prédiction/résidus** : probabilité prédite au point x_t en abcisse et résidu en ordonnée.
- On pourra identifier :
  1. Les valeurs élevées de résidus (individus atypiques...)
  2. Structures sur le nuage des résidus (si c'est le cas il faudra envisager de modifier la combinaison linéaire des variables explicatives)

Remarque importante

- Les résultats énoncés sur les résidus (Pearson ou déviance) sont vraies lorsque n_t est grand...
- Dans le cas de données individuelles, on observera (quasi)-systématiquement des structurations sur les nuages de résidus.

Examen des résidus

- Les diagnostics sont essentiellement graphiques :
  1. **Index plot** : numéro de l'observation en abcisse, valeur du résidu en ordonnée.
  2. **Prédiction/résidus** : probabilité prédite au point x_t en abcisse et résidu en ordonnée.
- On pourra identifier :
  1. Les valeurs élevées de résidus (individus atypiques...)
  2. Structures sur le nuage des résidus (si c'est le cas il faudra envisager de modifier la combinaison linéaire des variables explicatives)

Remarque importante

- Les résultats énoncés sur les résidus (Pearson ou déviance) sont vraies lorsque n_t est grand...
- Dans le cas de données individuelles, on observera (quasi)-systématiquement des structurations sur les nuages de résidus.

Examen des résidus

- Les diagnostics sont essentiellement graphiques :
  1. **Index plot** : numéro de l'observation en abcisse, valeur du résidu en ordonnée.
  2. **Prédiction/résidus** : probabilité prédite au point x_t en abcisse et résidu en ordonnée.
- On pourra identifier :
  1. Les valeurs élevées de résidus (individus atypiques...)
  2. Structures sur le nuage des résidus (si c'est le cas il faudra envisager de modifier la combinaison linéaire des variables explicatives)

Remarque importante

- Les résultats énoncés sur les résidus (Pearson ou déviance) sont vraies lorsque n_t est grand...
- Dans le cas de données individuelles, on observera (quasi)-systématiquement des structurations sur les nuages de résidus.

Examen des résidus

- Les diagnostics sont essentiellement graphiques :
  1. **Index plot** : numéro de l'observation en abcisse, valeur du résidu en ordonnée.
  2. **Prédiction/résidus** : probabilité prédite au point x_t en abcisse et résidu en ordonnée.
- On pourra identifier :
  1. Les valeurs élevées de résidus (individus atypiques...)
  2. Structures sur le nuage des résidus (si c'est le cas il faudra envisager de modifier la combinaison linéaire des variables explicatives)

Remarque importante

- Les résultats énoncés sur les résidus (Pearson ou déviance) sont vraies lorsque n_t est grand...
- Dans le cas de données individuelles, on observera (quasi)-systématiquement des structurations sur les nuages de résidus.

Examen des résidus

- Les diagnostics sont essentiellement graphiques :
  1. **Index plot** : numéro de l'observation en abcisse, valeur du résidu en ordonnée.
  2. **Prédiction/résidus** : probabilité prédite au point x_t en abcisse et résidu en ordonnée.
- On pourra identifier :
  1. Les valeurs élevées de résidus (individus atypiques...)
  2. Structures sur le nuage des résidus (si c'est le cas il faudra envisager de modifier la combinaison linéaire des variables explicatives)

Remarque importante

- Les résultats énoncés sur les résidus (Pearson ou déviance) sont vraies lorsque n_t est grand...
- Dans le cas de données individuelles, on observera (quasi)-systématiquement des structurations sur les nuages de résidus.

Exemple

- On reprend les données womensrole et on considère le modèle logistique

```
> model1 <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,
                                                        family=binomi
```

- Les fonctions **residuals** et **rstandard** permettent de calculer les différents type des résidus ainsi que leur version standardisée.

```
> res1 <- residuals(model1,type="deviance") #résidus de déviance
> res2 <- rstandard(model1,type="deviance") #résidus de déviance stan
```

- On trace les graphes avec

```
> par(mfrow=c(1,2))
> plot(res2,ylab="Residuals")
> abline(h=c(-2,2))
> plot(predict(model1,type="r"),res2,xlab="Fitted values",ylab="Resid
> abline(h=c(-2,2))
```

Exemple

- On reprend les données womensrole et on considère le modèle logistique

```
> model1 <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,
                                                    family=binomi
```

- Les fonctions **residuals** et **rstandard** permettent de calculer les différents type des résidus ainsi que leur version standardisée.

```
> res1 <- residuals(model1,type="deviance") #résidus de déviance
> res2 <- rstandard(model1,type="deviance") #résidus de déviance stan
```

- On trace les graphes avec

```
> par(mfrow=c(1,2))
> plot(res2,ylab="Residuals")
> abline(h=c(-2,2))
> plot(predict(model1,type="r"),res2,xlab="Fitted values",ylab="Resid
> abline(h=c(-2,2))
```

Exemple

- On reprend les données womensrole et on considère le modèle logistique

```
> model1 <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,
                                                        family=binomi
```

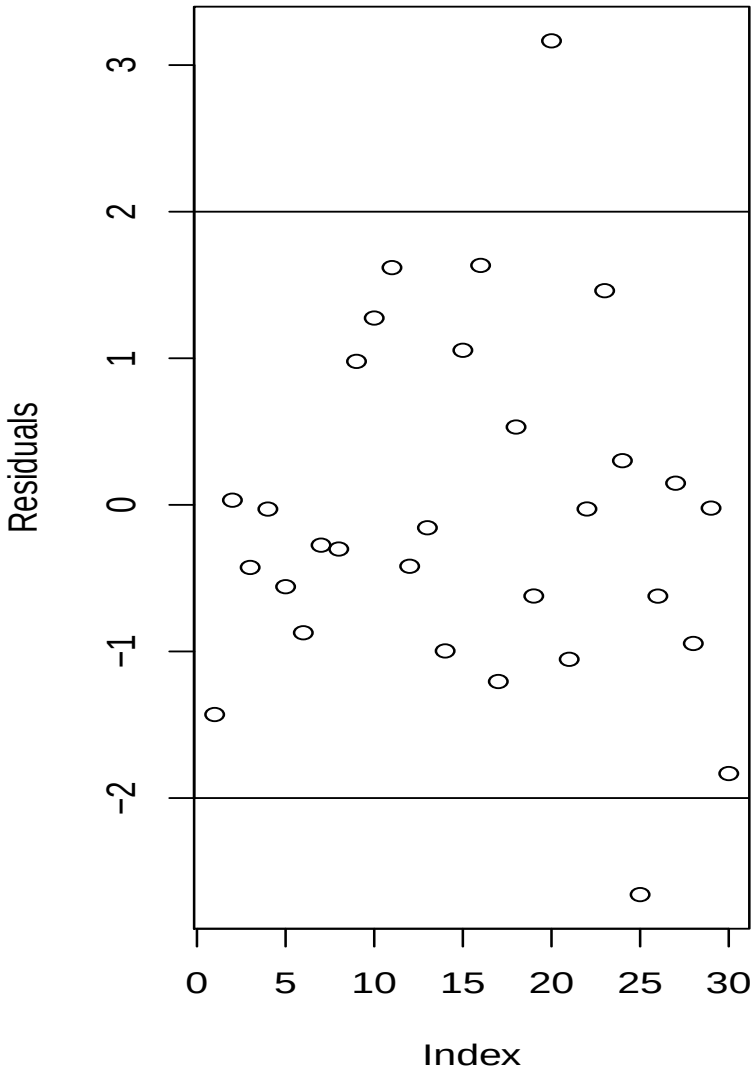
- Les fonctions **residuals** et **rstandard** permettent de calculer les différents type des résidus ainsi que leur version standardisée.

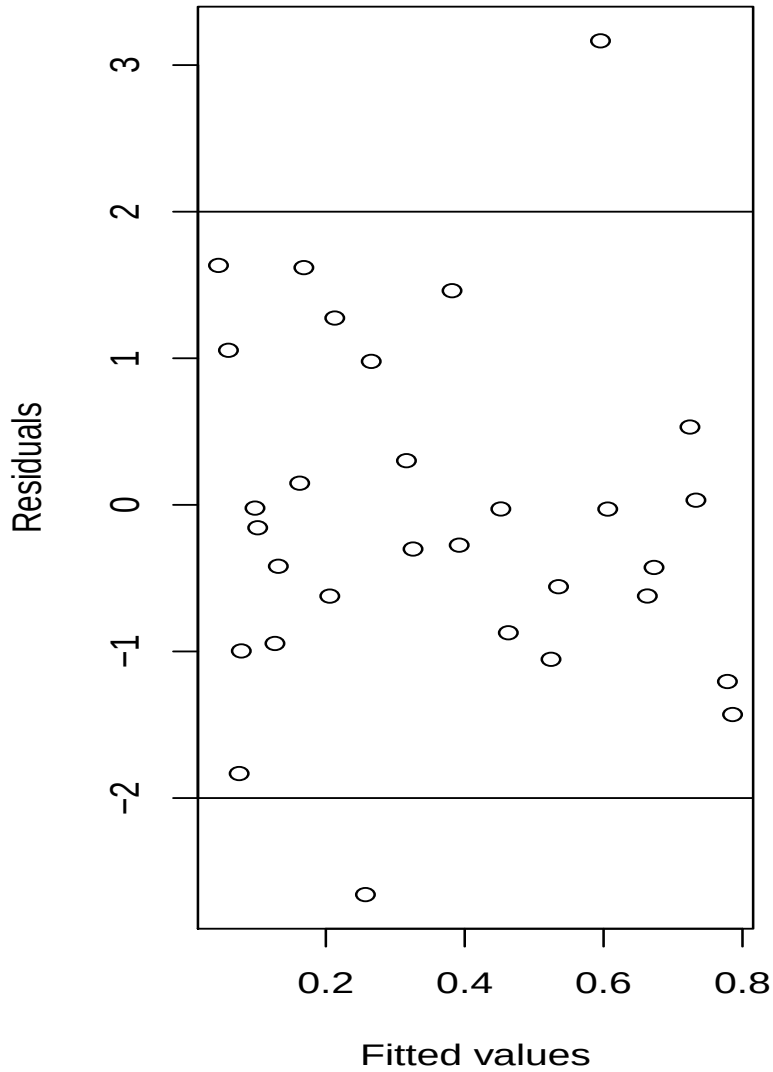
```
> res1 <- residuals(model1,type="deviance") #résidus de déviance
> res2 <- rstandard(model1,type="deviance") #résidus de déviance stan
```

- On trace les graphes avec

```
> par(mfrow=c(1,2))
> plot(res2,ylab="Residuals")
> abline(h=c(-2,2))
> plot(predict(model1,type="r"),res2,xlab="Fitted values",ylab="Resid
> abline(h=c(-2,2))
```

Tracé des résidus





Résidus Partiels

- On considère le modèle logistique

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots, \beta_p x_p.$$

- Les résidus partiels sont définis par :

$$r_{tj} = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))} + \hat{\beta}_j x_{ij}, \quad t = 1, \ldots T, j = 1 \ldots p.$$

Diagnostic

- L'analyse consiste à tracer pour toutes les variables j les T résidus $r_{tj}, t = 1, \ldots T$.
- Si le tracé est linéaire alors tout est "normal". Si par contre une tendance non linéaire se dégage, il faut remplacer la variable j par une fonction de celle ci donnant la même tendance que celle observée.

Résidus Partiels

- On considère le modèle logistique

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots, \beta_p x_p.$$

- Les résidus partiels sont définis par :

$$r_{tj} = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))} + \hat{\beta}_j x_{ij}, \quad t = 1, \ldots T, j = 1 \ldots p.$$

Diagnostic

- L'analyse consiste à tracer pour toutes les variables j les T résidus $r_{tj}, t = 1, \ldots T$.
- Si le tracé est linéaire alors tout est "normal". Si par contre une tendance non linéaire se dégage, il faut remplacer la variable j par une fonction de celle ci donnant la même tendance que celle observée.

Résidus Partiels

- On considère le modèle logistique

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots, \beta_p x_p.$$

- Les résidus partiels sont définis par :

$$r_{tj} = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))} + \hat{\beta}_j x_{ij}, \quad t = 1, \ldots T, j = 1 \ldots p.$$

Diagnostic

- L'analyse consiste à tracer pour toutes les variables j les T résidus $r_{tj}, t = 1, \ldots T$.
- Si le tracé est linéaire alors tout est "normal". Si par contre une tendance non linéaire se dégage, il faut remplacer la variable j par une fonction de celle ci donnant la même tendance que celle observée.

Résidus Partiels

- On considère le modèle logistique

$$\text{logit}\, p_\beta(x) = \beta_1 x_1 + \ldots, \beta_p x_p.$$

- Les résidus partiels sont définis par :

$$r_{tj} = \frac{Y_t - n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)}{n_t p_{\hat{\beta}_n}(x_t)(1 - p_{\hat{\beta}_n}(x_t))} + \hat{\beta}_j x_{ij}, \quad t = 1, \ldots T, j = 1 \ldots p.$$

Diagnostic

- L'analyse consiste à tracer pour toutes les variables j les T résidus $r_{tj}, t = 1, \ldots T$.
- Si le tracé est linéaire alors tout est "normal". Si par contre une tendance non linéaire se dégage, il faut remplacer la variable j par une fonction de celle ci donnant la même tendance que celle observée.

Exemple

- On considère le modèle logistique permettant d'expliquer `etat` par `marque` et `age` pour les données panne.
- La fonction **residuals** permet de calculer les résidus partiels

```
> model <- glm(etat~.,data=panne,family=binomial)
> residpartiel <- residuals(model,type="partial")
```

- On trace les résidus partiels pour la variable `age` avec :

```
> plot(panne$age,residpartiel[,"age"],cex=0.5)
> est <- loess(residpartiel[,"age"]~panne$age)
> ordre <- order(panne$age)
> matlines(panne$age[ordre],predict(est)[ordre])
> abline(lsfit(panne$age,residpartiel[,"age"]),lty=2)
```

Exemple

- On considère le modèle logistique permettant d'expliquer `etat` par `marque` et `age` pour les données panne.
- La fonction **residuals** permet de calculer les résidus partiels

```
> model <- glm(etat~.,data=panne,family=binomial)
> residpartiel <- residuals(model,type="partial")
```

- On trace les résidus partiels pour la variable `age` avec :

```
> plot(panne$age,residpartiel[,"age"],cex=0.5)
> est <- loess(residpartiel[,"age"]~panne$age)
> ordre <- order(panne$age)
> matlines(panne$age[ordre],predict(est)[ordre])
> abline(lsfit(panne$age,residpartiel[,"age"]),lty=2)
```

Exemple

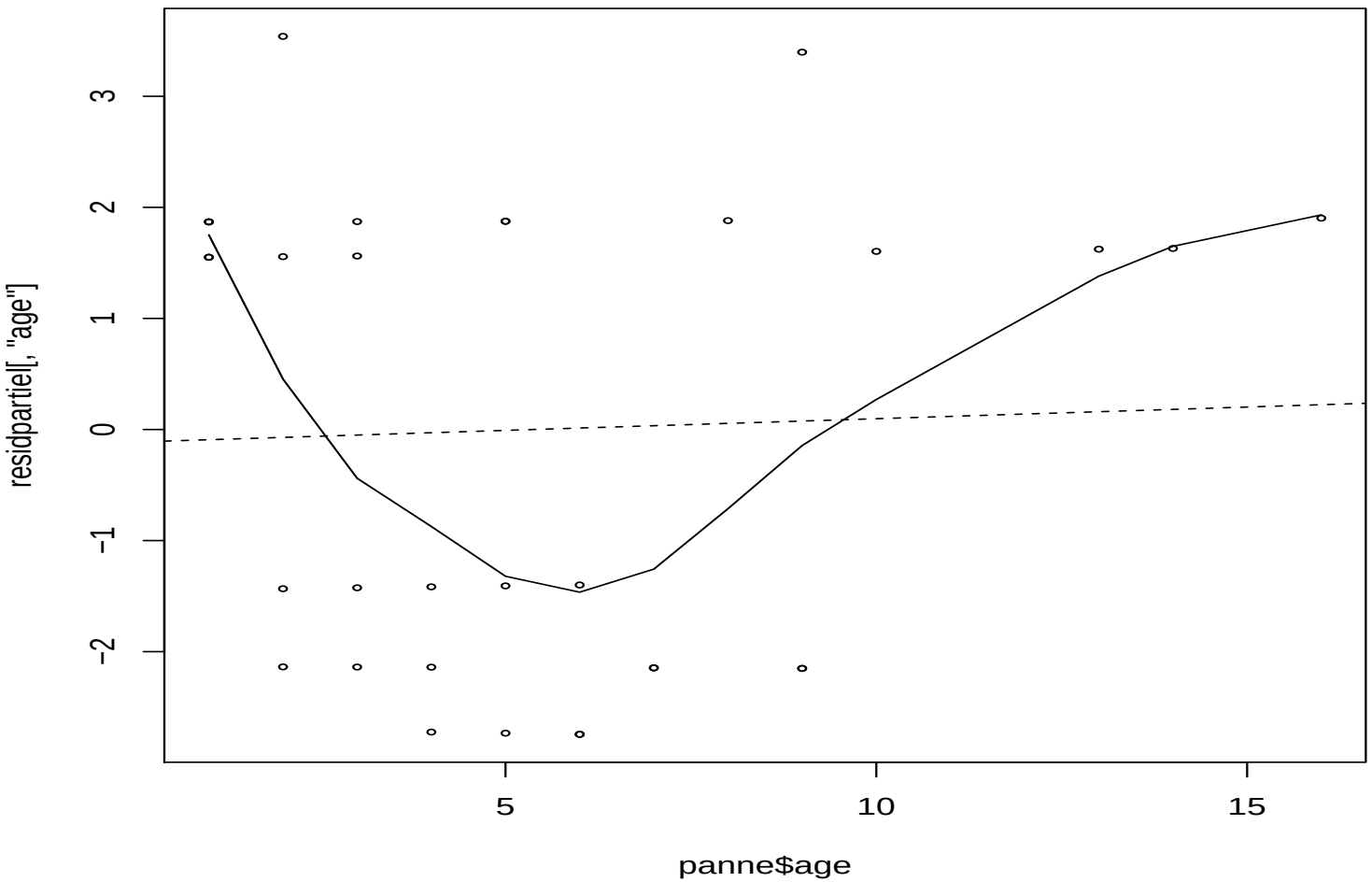
- On considère le modèle logistique permettant d'expliquer `etat` par `marque` et `age` pour les données panne.
- La fonction **residuals** permet de calculer les résidus partiels

```
> model <- glm(etat~.,data=panne,family=binomial)
> residpartiel <- residuals(model,type="partial")
```

- On trace les résidus partiels pour la variable `age` avec :

```
> plot(panne$age,residpartiel[,"age"],cex=0.5)
> est <- loess(residpartiel[,"age"]~panne$age)
> ordre <- order(panne$age)
> matlines(panne$age[ordre],predict(est)[ordre])
> abline(lsfit(panne$age,residpartiel[,"age"]),lty=2)
```

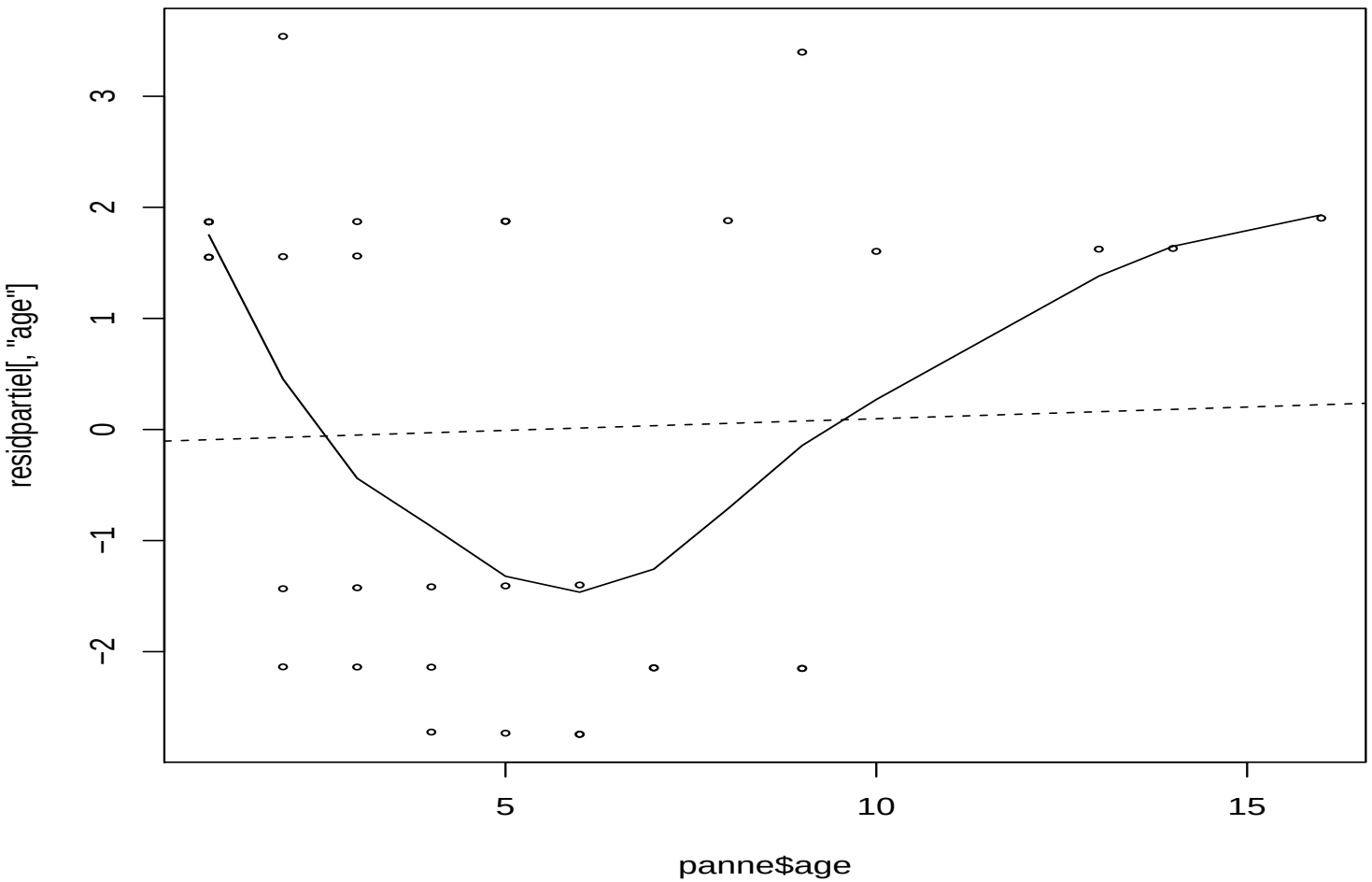
Tracé des résidus partiels



Conclusion

Le graphe suggère d'ajouter la variable $\texttt{age}^2$ dans le modèle.

Tracé des résidus partiels



Conclusion

Le graphe suggère d'ajouter la variable $\texttt{age}^2$ dans le modèle.

Points leviers et points influents

Points leviers

- Ce sont les points du design qui déterminent fortement leur propre estimation.
- L'analyse est similaire à celle du modèle de régression linéaire.

- On rappelle que l'emv $\hat{\beta}_n$ s'écrit

$$\hat{\beta}_n = (\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z.$$

- La prédiction linéaire des individus est donc donnée par

$$\mathbb{X}\hat{\beta}_n = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z = HZ,$$

- Et celle de l'individu i par

$$[\mathbb{X}\hat{\beta}_n]_i = H_{ii} Z_i + \sum_{j \neq i} H_{ij} Z_j.$$

Points leviers

- Ce sont les points du design qui déterminent fortement leur propre estimation.
- L'analyse est similaire à celle du modèle de régression linéaire.

- On rappelle que l'emv $\hat{\beta}_n$ s'écrit

$$\hat{\beta}_n = (\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z.$$

- La prédiction linéaire des individus est donc donnée par

$$\mathbb{X}\hat{\beta}_n = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z = HZ,$$

- Et celle de l'individu i par

$$[\mathbb{X}\hat{\beta}_n]_i = H_{ii} Z_i + \sum_{j \neq i} H_{ij} Z_j.$$

Points leviers

- Ce sont les points du design qui déterminent fortement leur propre estimation.
- L'analyse est similaire à celle du modèle de régression linéaire.

- On rappelle que l'emv $\hat{\beta}_n$ s'écrit

$$\hat{\beta}_n = (\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z.$$

- La prédiction linéaire des individus est donc donnée par

$$\mathbb{X}\hat{\beta}_n = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z = HZ,$$

- Et celle de l'individu i par

$$[\mathbb{X}\hat{\beta}_n]_i = H_{ii} Z_i + \sum_{j \neq i} H_{ij} Z_j.$$

Points leviers

- Ce sont les points du design qui déterminent fortement leur propre estimation.
- L'analyse est similaire à celle du modèle de régression linéaire.

- On rappelle que l'emv $\hat{\beta}_n$ s'écrit

$$\hat{\beta}_n = (\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z.$$

- La prédiction linéaire des individus est donc donnée par

$$\mathbb{X}\hat{\beta}_n = \mathbb{X}(\mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X})^{-1} \mathbb{X} W_{\hat{\beta}} Z = HZ,$$

- Et celle de l'individu i par

$$[\mathbb{X}\hat{\beta}_n]_i = H_{ii} Z_i + \sum_{j \neq i} H_{ij} Z_j.$$

- H étant un projecteur, on a $0 \leq H_{ii} \leq 1$. Par conséquent
  - Si $H_{ii} = 1$, alors $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ est entirèrement déterminé par la $i$eme observation.
  - Si $H_{ii} = 0$, la $i$eme observation n'influence pas $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$.

Conclusion

- Pour mesurer l'influence d'une observation sur sa propre estimation, on représente le diagramme en batons des H_{ii}.
- On compare généralement la valeur des H_{ii} à $2p/n$ ou $3p/n$ pour déclarer les points comme leviers.

- H étant un projecteur, on a $0 \leq H_{ii} \leq 1$. Par conséquent
  - Si $H_{ii} = 1$, alors $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ est entirèrement déterminé par la $i$eme observation.
  - Si $H_{ii} = 0$, la $i$eme observation n'influence pas $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$.

Conclusion

- Pour mesurer l'influence d'une observation sur sa propre estimation, on représente le diagramme en batons des H_{ii}.
- On compare généralement la valeur des H_{ii} à $2p/n$ ou $3p/n$ pour déclarer les points comme leviers.

- H étant un projecteur, on a $0 \leq H_{ii} \leq 1$. Par conséquent
  - Si $H_{ii} = 1$, alors $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ est entirèrement déterminé par la $i$eme observation.
  - Si $H_{ii} = 0$, la $i$eme observation n'influence pas $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$.

Conclusion

- Pour mesurer l'influence d'une observation sur sa propre estimation, on représente le diagramme en batons des H_{ii}.
- On compare généralement la valeur des H_{ii} à $2p/n$ ou $3p/n$ pour déclarer les points comme leviers.

- H étant un projecteur, on a $0 \leq H_{ii} \leq 1$. Par conséquent
  - Si $H_{ii} = 1$, alors $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ est entirèrement déterminé par la $i$eme observation.
  - Si $H_{ii} = 0$, la $i$eme observation n'influence pas $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$.

Conclusion

- Pour mesurer l'influence d'une observation sur sa propre estimation, on représente le diagramme en batons des H_{ii}.
- On compare généralement la valeur des H_{ii} à $2p/n$ ou $3p/n$ pour déclarer les points comme leviers.

- H étant un projecteur, on a $0 \leq H_{ii} \leq 1$. Par conséquent
  - Si $H_{ii} = 1$, alors $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$ est entirèrement déterminé par la $i$eme observation.
  - Si $H_{ii} = 0$, la $i$eme observation n'influence pas $p_{\hat{\beta}_n}(x_i)$.

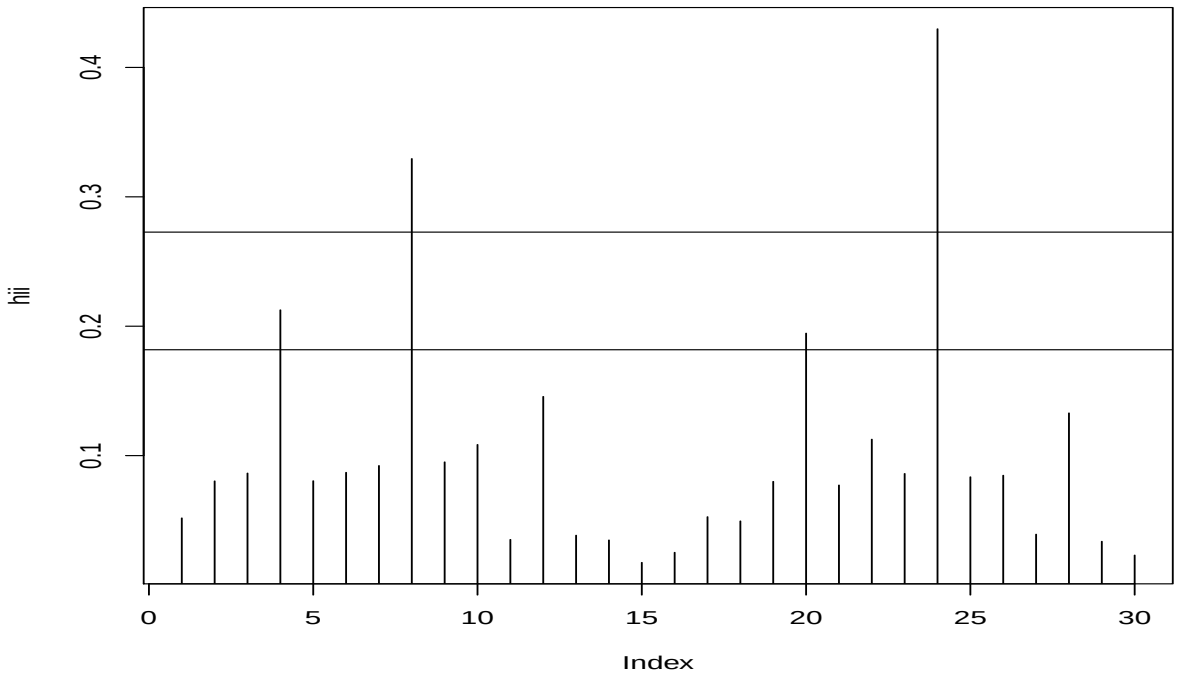
Conclusion

- Pour mesurer l'influence d'une observation sur sa propre estimation, on représente le diagramme en batons des H_{ii}.
- On compare généralement la valeur des H_{ii} à $2p/n$ ou $3p/n$ pour déclarer les points comme leviers.

Exemple

- On trace le diagramme en baton des H_{ii} pour le modèle construit sur les données womensrole.

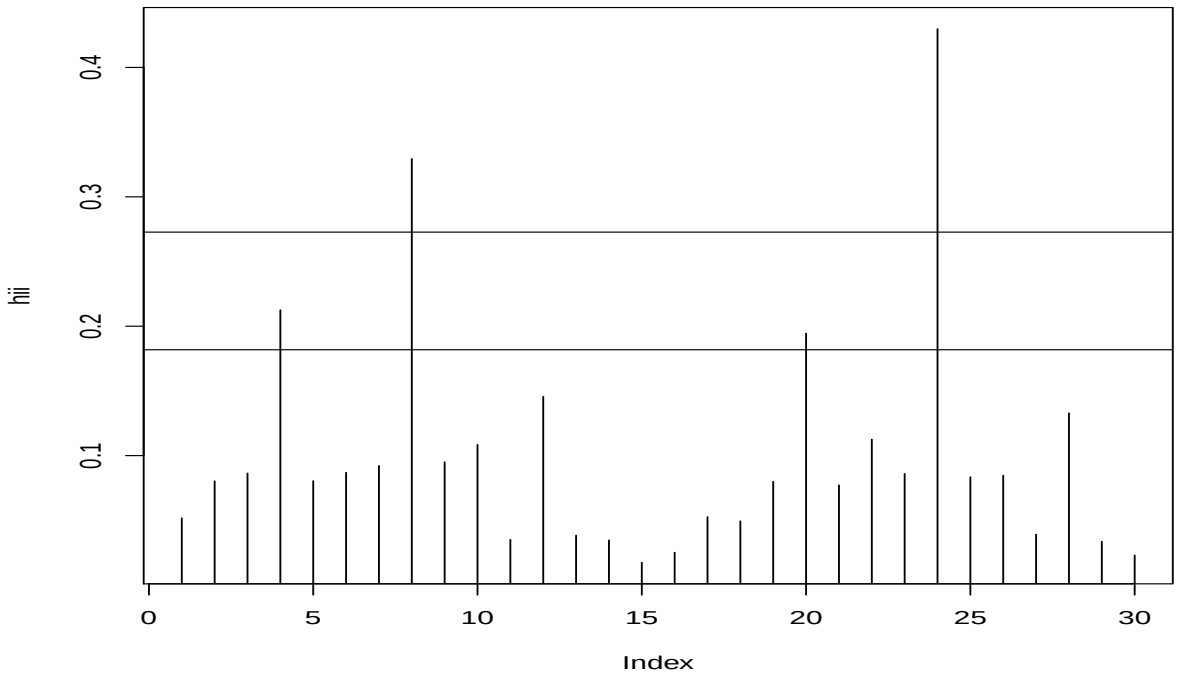
```
> model <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,
                                                        family=binomial
> p <- length(model$coef)
> n <- nrow(panne)
> plot(influence(model)$hat,type="h",ylab="hii")
> abline(h=c(2*p/n,3*p/n))
```



Exemple

- On trace le diagramme en baton des H_{ii} pour le modèle construit sur les données womensrole.

```
> model <- glm(cbind(agree,disagree)~sex+education,data=womensrole,
                                                    family=binomial
> p <- length(model$coef)
> n <- nrow(panne)
> plot(influence(model)$hat,type="h",ylab="hii")
> abline(h=c(2*p/n,3*p/n))
```



Points influents

- Les points influents sont des points qui influent sur le modèle de telle sorte que si on les enlève, alors l'estimation des coefficients sera fortement changée.
- La mesure la plus classique d'influence est la distance de Cook. Il s'agit d'une distance entre le coefficient estimé avec toutes les observations et celui estimé avec toutes les observations sauf une.

Définition

La distance de Cook pour l'individu i est définie par

$$DC_i = \frac{1}{p}(\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n)' \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X} (\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n) \approx \frac{r_{Pi}^2 H_{ii}}{p(1 - H_{ii})^2},$$

où r_{Pi} est le résidu de Pearson pour le $i$eme individu et $\hat{\beta}_{(i)}$ est l'emv calculé sans la $i$eme observation.

Points influents

- Les points influents sont des points qui influent sur le modèle de telle sorte que si on les enlève, alors l'estimation des coefficients sera fortement changée.
- La mesure la plus classique d'influence est la distance de Cook. Il s'agit d'une distance entre le coefficient estimé avec toutes les observations et celui estimé avec toutes les observations sauf une.

Définition

La distance de Cook pour l'individu i est définie par

$$DC_i = \frac{1}{p}(\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n)' \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X} (\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n) \approx \frac{r_{Pi}^2 H_{ii}}{p(1 - H_{ii})^2},$$

où r_{Pi} est le résidu de Pearson pour le $i$eme individu et $\hat{\beta}_{(i)}$ est l'emv calculé sans la $i$eme observation.

Points influents

- Les points influents sont des points qui influent sur le modèle de telle sorte que si on les enlève, alors l'estimation des coefficients sera fortement changée.
- La mesure la plus classique d'influence est la distance de Cook. Il s'agit d'une distance entre le coefficient estimé avec toutes les observations et celui estimé avec toutes les observations sauf une.

Définition

La distance de Cook pour l'individu i est définie par

$$DC_i = \frac{1}{p}(\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n)' \mathbb{X}' W_{\hat{\beta}} \mathbb{X} (\hat{\beta}_{(i)} - \hat{\beta}_n) \approx \frac{r_{Pi}^2 H_{ii}}{p(1 - H_{ii})^2},$$

où r_{Pi} est le résidu de Pearson pour le $i$eme individu et $\hat{\beta}_{(i)}$ est l'emv calculé sans la $i$eme observation.

Distance de Cook

- Là encore, on représente la distance de Cook de chaque point du design à l'aide d'un diagramme en batons.

- Si une distance se révèle grande par rapport aux autres, alors ce point sera considéré comme influent. Il convient alors de comprendre pourquoi il est influent :
  - il est levier ;
  - il est aberrant ;
  - (les deux !)

Dans tous les cas il convient de comprendre si une erreur de mesure, une différence dans la population des individus est à l'origine de ce phénomène. Eventuellement pour obtenir des conclusions robustes il sera bon de refaire l'analyse sans ce(s) point(s).

Distance de Cook

- Là encore, on représente la distance de Cook de chaque point du design à l'aide d'un diagramme en batons.
- Si une distance se révèle grande par rapport aux autres, alors ce point sera considéré comme influent. Il convient alors de comprendre pourquoi il est influent :
  - il est levier ;
  - il est aberrant ;
  - (les deux !)

Dans tous les cas il convient de comprendre si une erreur de mesure, une différence dans la population des individus est à l'origine de ce phénomène. Eventuellement pour obtenir des conclusions robustes il sera bon de refaire l'analyse sans ce(s) point(s).

Distance de Cook

- Là encore, on représente la distance de Cook de chaque point du design à l'aide d'un diagramme en batons.

- Si une distance se révèle grande par rapport aux autres, alors ce point sera considéré comme influent. Il convient alors de comprendre pourquoi il est influent :
  - il est levier ;
  - il est aberrant ;
  - (les deux !)

Dans tous les cas il convient de comprendre si une erreur de mesure, une différence dans la population des individus est à l'origine de ce phénomène. Eventuellement pour obtenir des conclusions robustes il sera bon de refaire l'analyse sans ce(s) point(s).

Distance de Cook

- Là encore, on représente la distance de Cook de chaque point du design à l'aide d'un diagramme en batons.

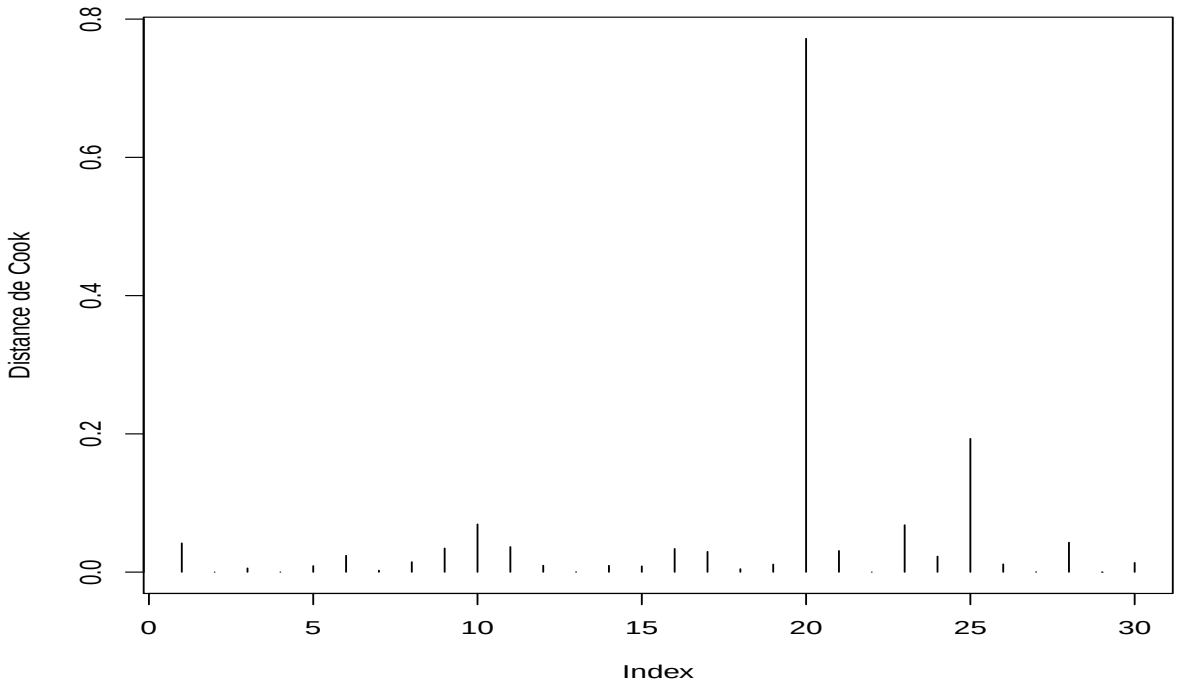
- Si une distance se révèle grande par rapport aux autres, alors ce point sera considéré comme influent. Il convient alors de comprendre pourquoi il est influent :
  - il est levier ;
  - il est aberrant ;
  - (les deux !)

Dans tous les cas il convient de comprendre si une erreur de mesure, une différence dans la population des individus est à l'origine de ce phénomène. Eventuellement pour obtenir des conclusions robustes il sera bon de refaire l'analyse sans ce(s) point(s).

Exemple

- La fonction **cooks.distance** permet de calculer les distances de Cook sur R :

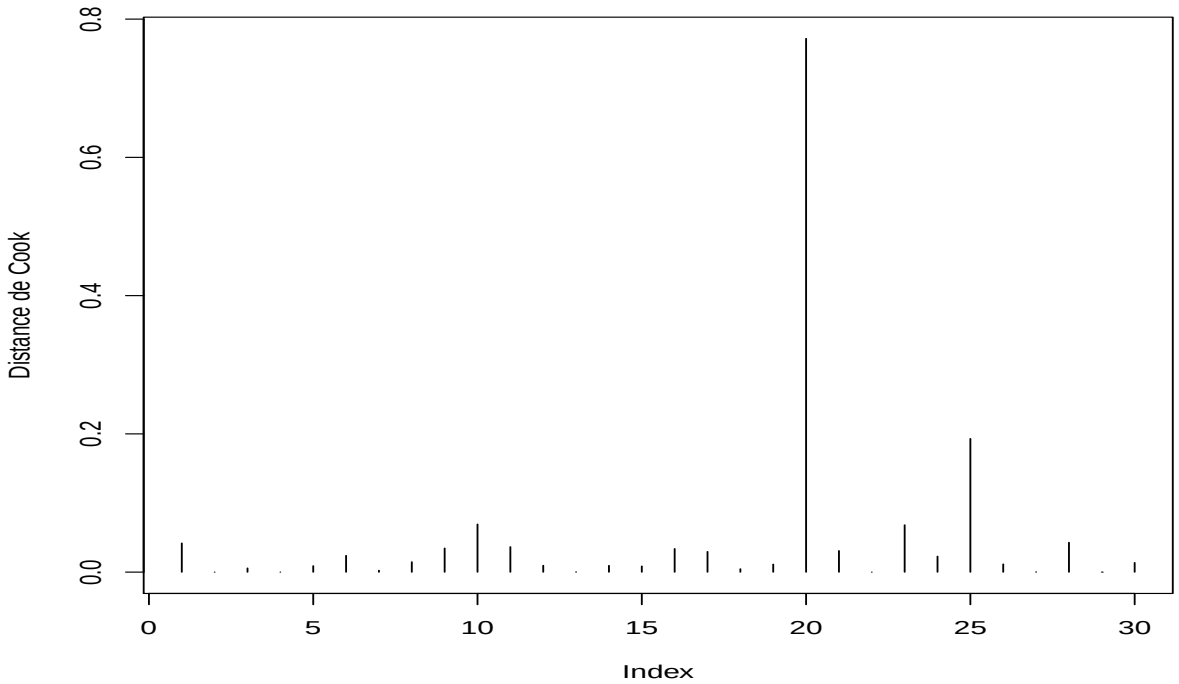
```
> plot(cooks.distance(model),type="h",ylab="Distance de Cook")
```



Exemple

- La fonction **cooks.distance** permet de calculer les distances de Cook sur R :

```
> plot(cooks.distance(model),type="h",ylab="Distance de Cook")
```



Références I