

Les cycles d'apprentissage de BioSP - Pôle M2SUD

Automne 2021 - Cycle 1 - Introduction à la statistique

Bayésienne

- 06/09 Rappels en probabilité (Emily)
- 20/09 Principes de la démarche bayésienne en statistique (Samuel)
- 04/10 Initiation aux modèles graphiques (Emily)
- 18/10 Distributions a priori
Présentation des logiciels WinBUGS JAGS STAN (Emily)
- 08/11 Vérification et évaluation de modèles (Samuel)
- 22/11 Estimation des distributions a posteriori avec des méthodes numériques (Samuel)
- 29/11 Séminaire 1 d'ouverture : Estimation de la distribution spatio-temporelle de mammifères marins (Matthieu Authier)
- 06/12 Séminaire 2 d'ouverture : Approche bayésienne pour la prévision probabiliste de températures à partir de post-traitements de données d'ensemble (Eric Parent)
- 13/12 Séminaire 3 d'ouverture : Reconstruction de l'histoire évolutive de langues humaines (Robin Ryder)

Les cycles d'apprentissage de BioSP - Pôle M2SUD

Automne 2021 - Cycle 1 - Introduction à la statistique

Bayésienne

- 06/09 Rappels en probabilité (Emily)
- 20/09 Principes de la démarche bayésienne en statistique (Samuel)
- 04/10 Initiation aux modèles graphiques (Emily)
- 18/10 Distributions a priori
Présentation des logiciels WinBUGS JAGS STAN (Emily)
- 08/11 **Vérification et évaluation de modèles** (Samuel)
- 22/11 Estimation des distributions a posteriori avec des méthodes numériques (Samuel)
- 29/11 Séminaire 1 d'ouverture : Estimation de la distribution spatio-temporelle de mammifères marins (Matthieu Authier)
- 06/12 Séminaire 2 d'ouverture : Approche bayésienne pour la prévision probabiliste de températures à partir de post-traitements de données d'ensemble (Eric Parent)
- 13/12 Séminaire 3 d'ouverture : Reconstruction de l'histoire évolutive de langues humaines (Robin Ryder)

Evaluation des modèles

David Makowski

INRA

david.makowski@inra.fr

Incluant des ajouts de Samuel Soubeyrand (notamment des diapositives de la soutenance de thèse de Candy Abboud) pour le cycle d'apprentissage « Introduction à la statistique Bayésienne » - 8 nov. 2021

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

1. Introduction

2. Analyse de sensibilité

3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori

4. Validation croisée

5. Facteur de Bayes

6. Vraisemblance pénalisée et déviance

7. Combinaison de modèles

8. Conclusion

En pratique,

- on procède à la sélection du « meilleur » modèle (5-6) (ou on agrège les modèles (7))
- puis on étudie la stabilité des résultats (2) et le goodness-of-fit (3-4)

1. Introduction

2. Analyse de sensibilité

3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori

4. Validation croisée

5. Facteur de Bayes

6. Vraisemblance pénalisée et déviance

7. Combinaison de modèles

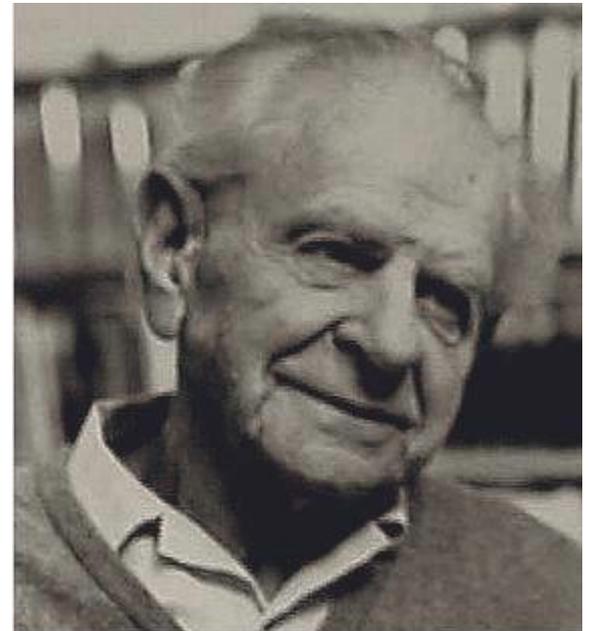
8. Conclusion

Une myriade d'approches pour l'évaluation de modèles

Cet exposé n'en donne qu'un éclairage très partiel à travers des méthodes relativement simples et généralement intuitives

Karl Popper (philosophe né en 1902 à Vienne)

- K. Popper a publié plusieurs ouvrages importants, notamment “The logic of scientific discovery” en 1959
- Certaines de ses idées sont utiles pour comprendre les objectifs et limites de l'évaluation des modèles



Sir Karl Popper (1902-1994)

Quelques idées de Popper

- Scientifiques = « problem-solvers »
- Nous ne pouvons jamais prouver nos théories scientifiques, nous pouvons simplement les confirmer (provisoirement) ou réfuter (définitivement)
- Les théories non falsifiées restent, les autres sont remplacées par d'autres théories

Comprendre « non réfutées »

Théorie de la vie (i.e., de l'évolution) et théorie de la connaissance répondent pour Popper à un même processus de progression par essai et élimination de l'erreur

Hirotsugu Akaike (statisticien né en 1927 au Japon)

- H. Akaike est célèbre pour avoir proposé un critère d'évaluation pour les modèles : le critère d'Akaike
- Ce critère est actuellement l'un des plus utilisés pour évaluer les modèles

et est à la base de nombreux autres critères dans sa façon de faire l'équilibre entre ajustement aux données et complexité du modèle



Le critère d'Akaike (AIC, 1973)

$$AIC = - 2 \ln(L) + 2p$$

Vraisemblance

Nombre de paramètres

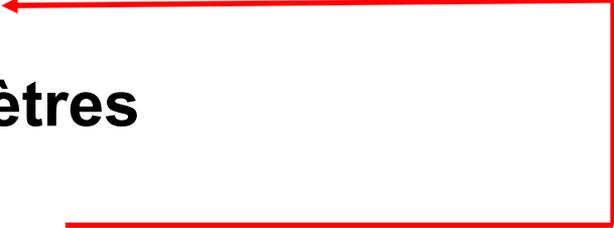
- Estimation de la distance entre deux distributions de probabilité :
la distribution définie par le modèle et le vrai processus qui génère les données
- Un outil populaire pour le choix des modèles :
le meilleur modèle est celui avec le plus petit AIC

Georges Box (statisticien né en 1919 en Angleterre)

Il est connu pour avoir défini une procédure pour développer, évaluer et sélectionner des modèles statistiques permettant d'analyser des séries chronologiques.



La procédure de Box-Jenkins pour l'analyse des séries chronologiques (1979)

- i. Définir un modèle**
 - ii. Estimer les paramètres**
 - iii. Evaluer le modèle**
 - iv. Prédire**
- 

"Essentially, all models are wrong, but some are useful"

Quelques idées importantes

- Un modèle **n'est jamais validé**, mais peut être **évalué**
- Il est souvent utile de considérer **plusieurs modèles candidats** pour résoudre un problème donné
(pour en sélectionner un ou pour les associer)
- Important d'évaluer les modèles avec des **critères explicites** liés à leurs **utilisations pratiques**
- L'évaluation de modèle est un **processus itératif**

1. Introduction

2. Analyse de sensibilité

3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori

4. Validation croisée

5. Facteur de Bayes

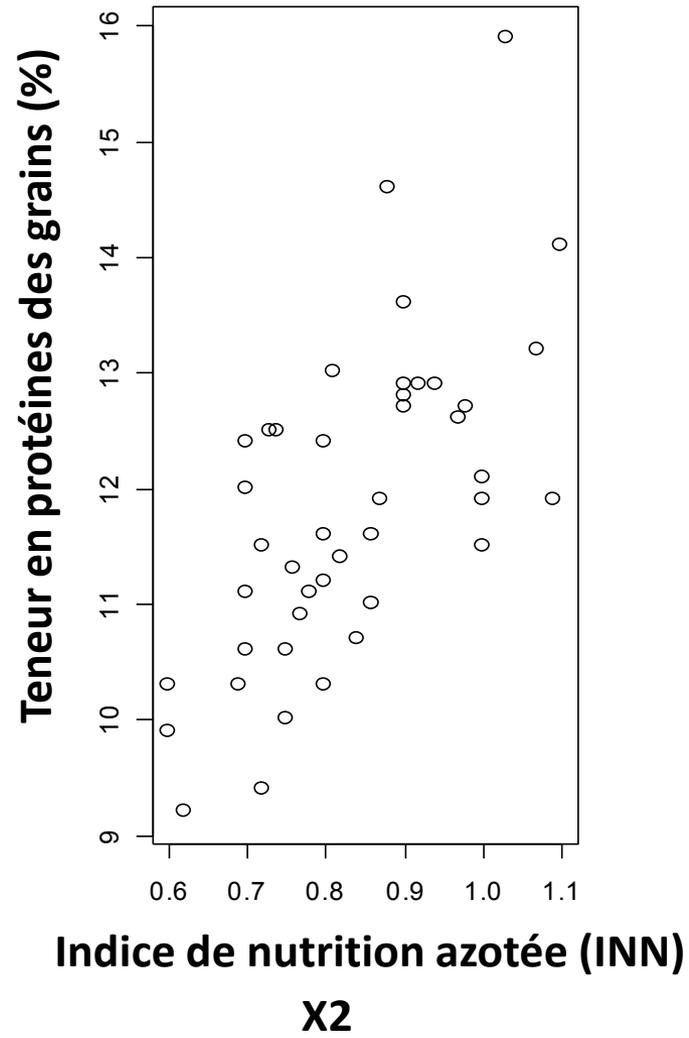
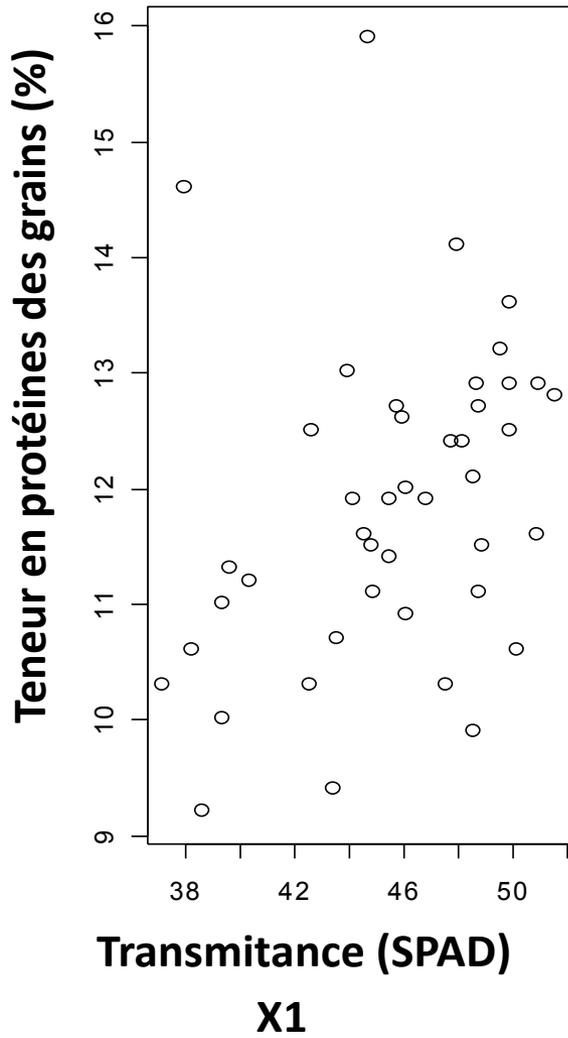
6. Vraisemblance pénalisée et déviance

7. Combinaison de modèles

8. Conclusion

Sensibilité à quoi ?

- Sensibilité à la distribution a priori
- Sensibilité à certaines caractéristiques de la fonction de vraisemblance
- Sensibilité à certaines données



Vraisemblance

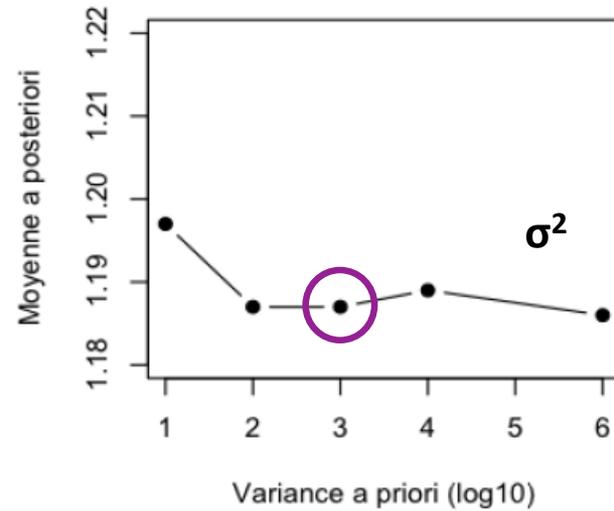
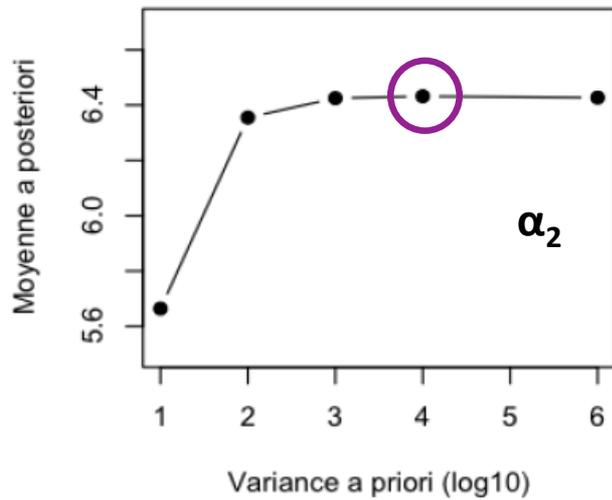
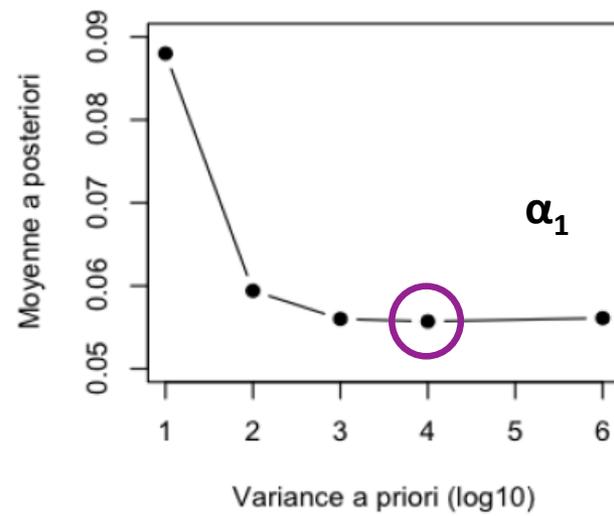
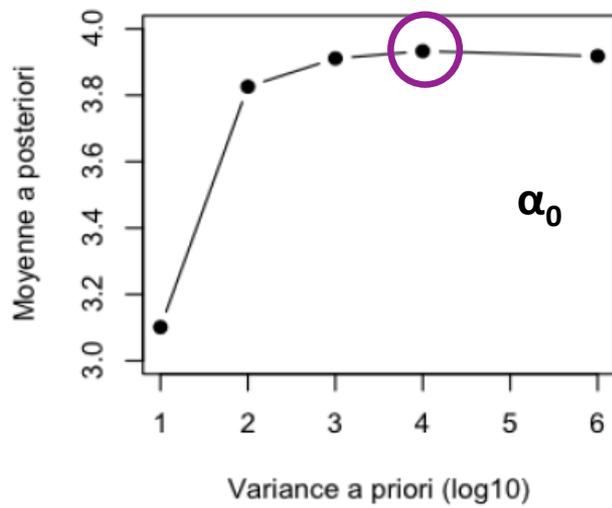
$$Y = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \alpha_2 X_2 + \varepsilon$$

$$\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$$

A priori

$$\alpha_0, \alpha_1, \alpha_2 \sim N(0, 10^4)$$

$$\sigma^2 \sim \text{Unif}(0, 1000)$$



Moyennes a posteriori de α_0 (A), α_1 (B), α_2 (C) et σ^2 (D) obtenues pour cinq variances a priori différentes (10 , 10^2 , 10^3 , 10^4 , 10^6) à partir d'une chaîne MCMC de 30000 valeurs.

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

Principe

- Vérifier que le modèle s'ajuste de manière satisfaisante aux données
- Comparer une quantité $Q(y)$ à des valeurs simulées de cette quantité, notées $Q(y_s)$
où y et y_s sont respectivement le jeu de données utilisé pour construire le modèle et le jeu de données simulées avec ce modèle.
- On calcule la probabilité que $Q(y_s) > Q(y)$ ou $Q(y_s) < Q(y)$, c'est-à-dire la probabilité que le modèle soit plus extrême que les observations.
- Exemples

$$Q(y) = y_{\min}$$

$$Q(y) = y_{\max}$$

$$Q(y_i, \theta) = \frac{[y_i - E(Y_i | \theta)]^2}{\text{var}(Y_i | \theta)}$$

$$P[Q(y_s) < Q(y)]$$

$$P[Q(y_s) > Q(y)]$$

$$P[Q(y_{s_i}, \theta) > Q(y_i, \theta)]$$

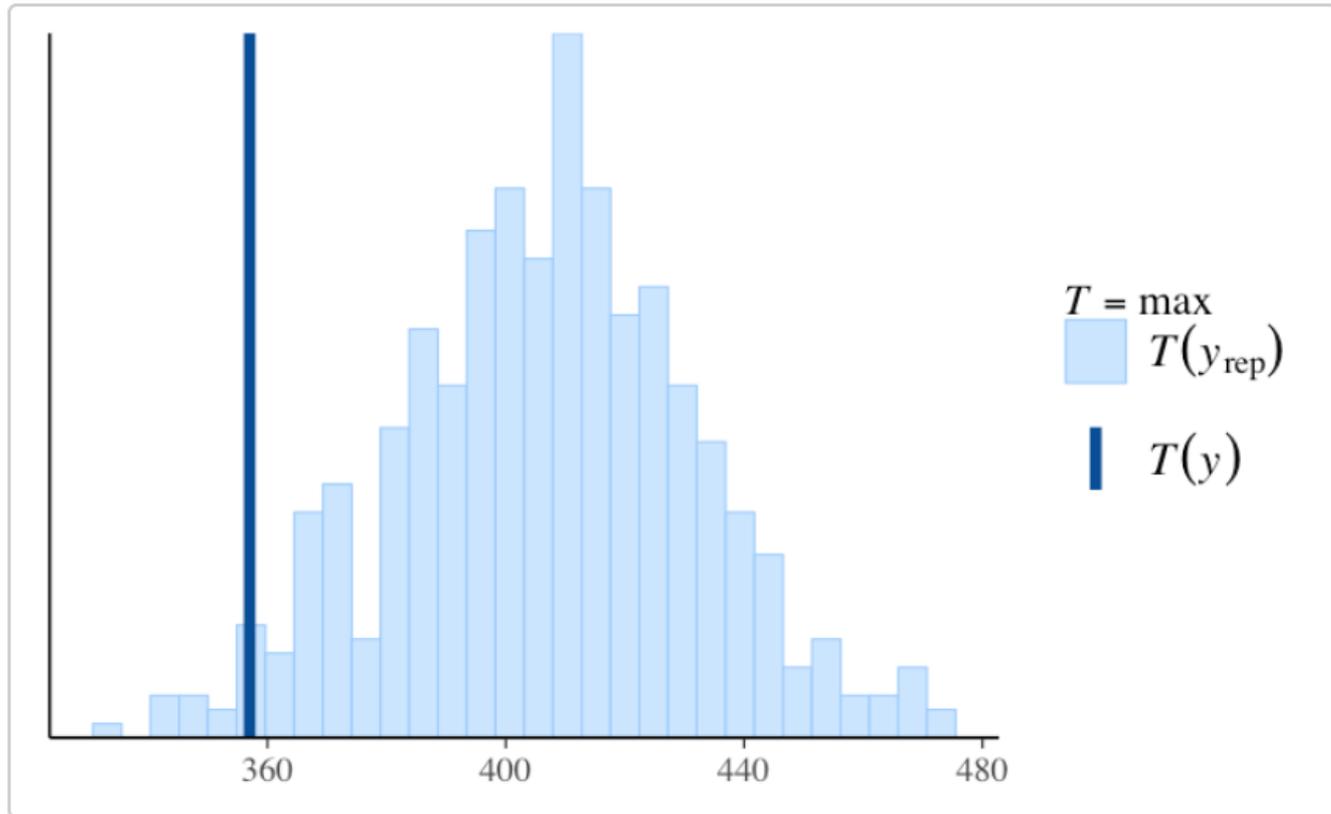
```
> summary(roaches$y)
```

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
0.00	0.00	3.00	25.65	24.00	357.00

$Y \sim \text{Poisson}(\lambda)$

$$\ln(\lambda) = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \alpha_2 X_2 + \alpha_3 X_3$$

<https://cran.r-project.org/web/packages/bayesplot/vignettes/graphical-ppcs.html>

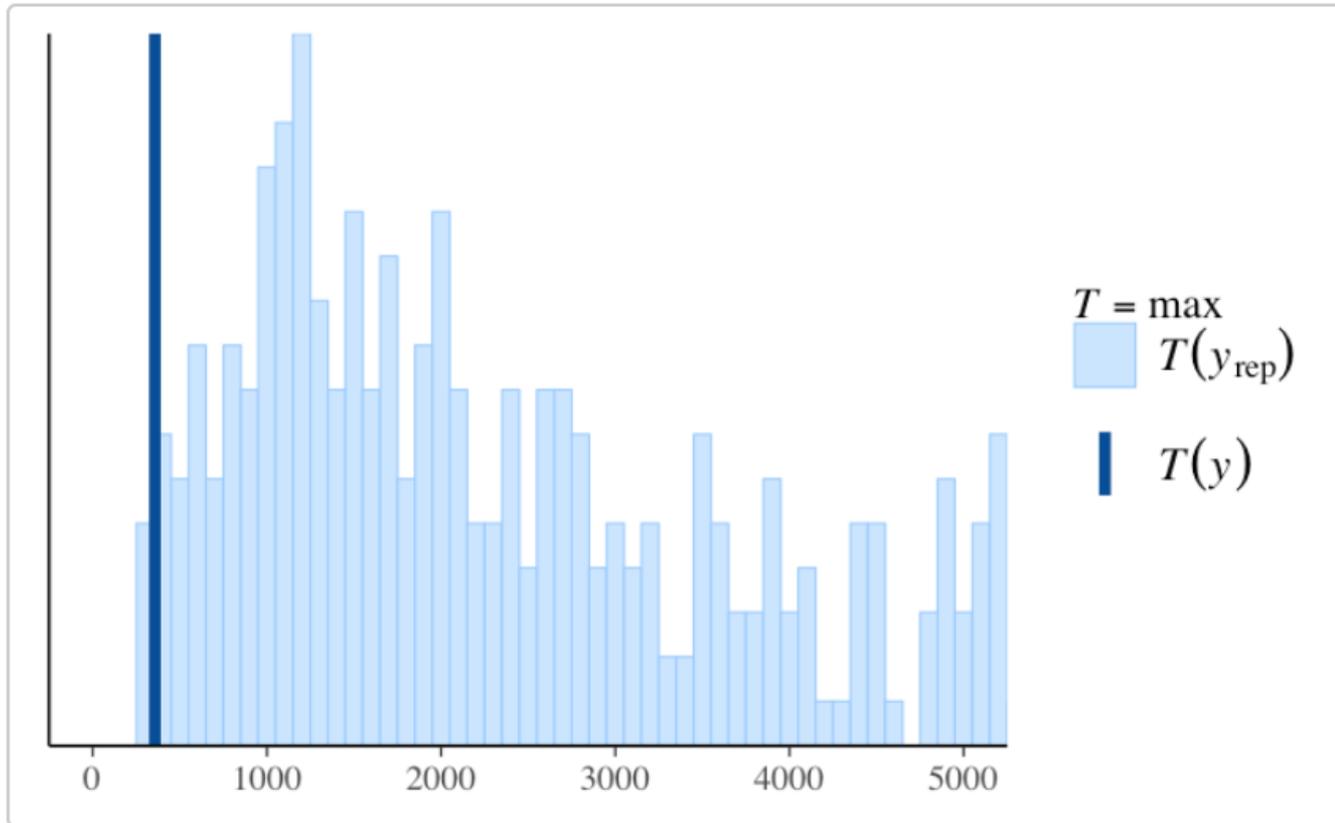


Max number of roaches in an apartment

Model Poisson

Une densité-dépendance certainement mal représentée par le modèle

<https://cran.r-project.org/web/packages/bayesplot/vignettes/graphical-ppcs.html>



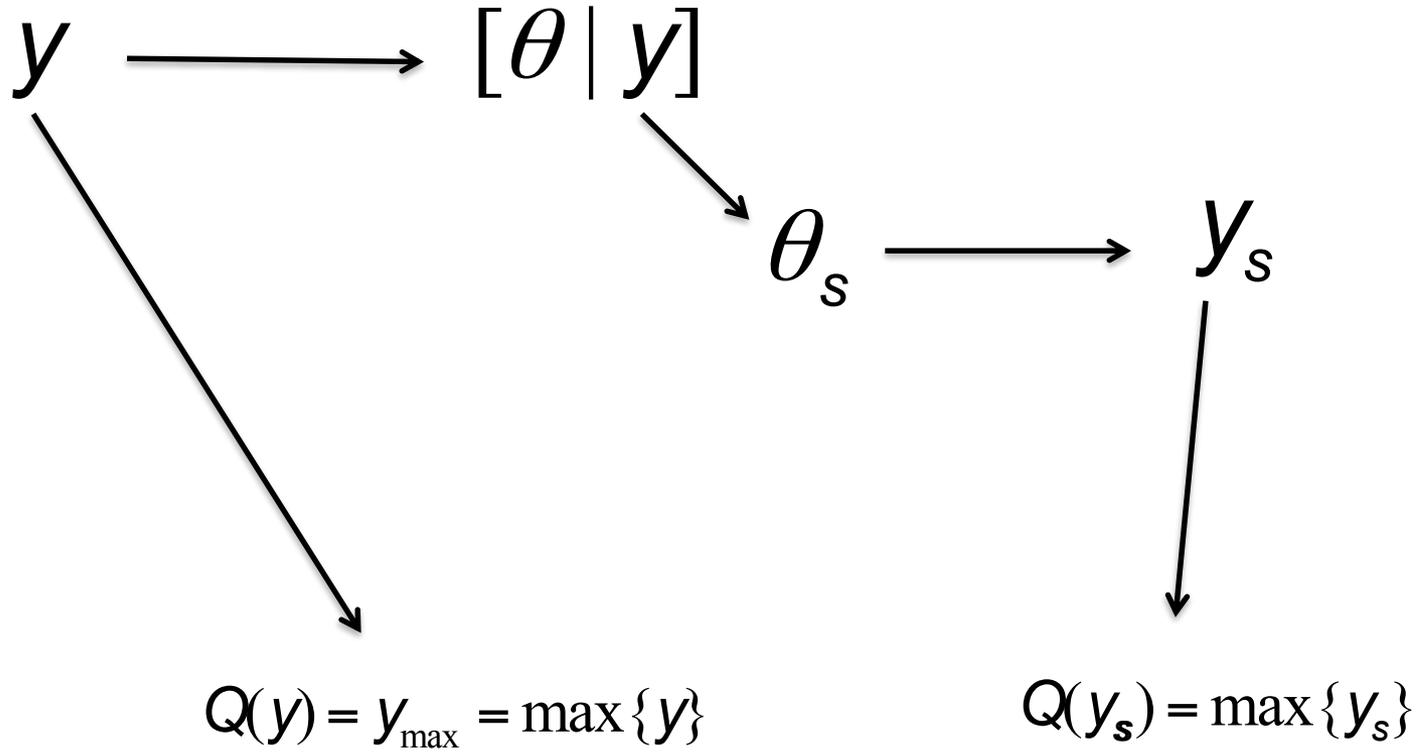
Max number of roaches in an apartment

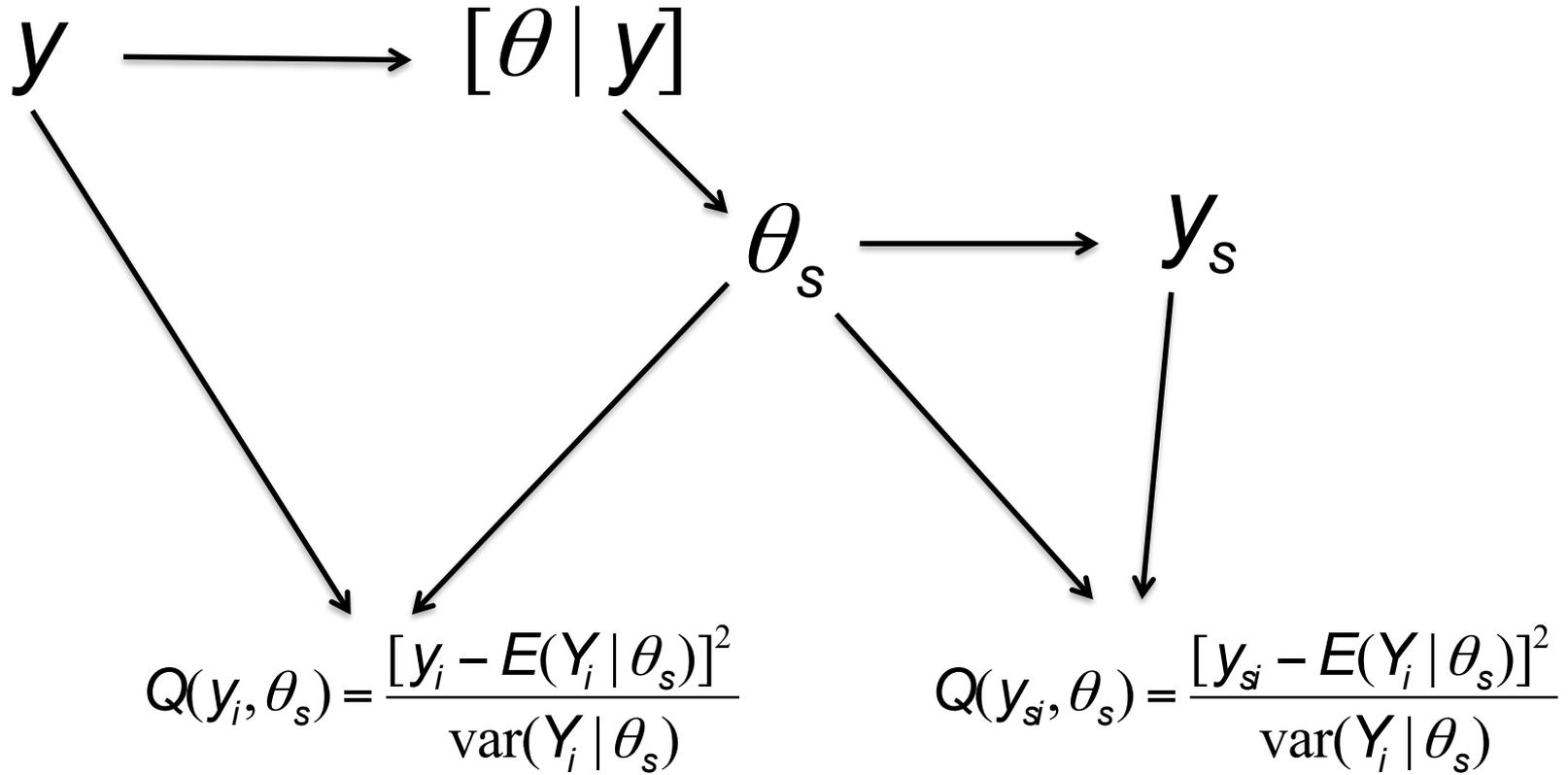
Model Negative binomial

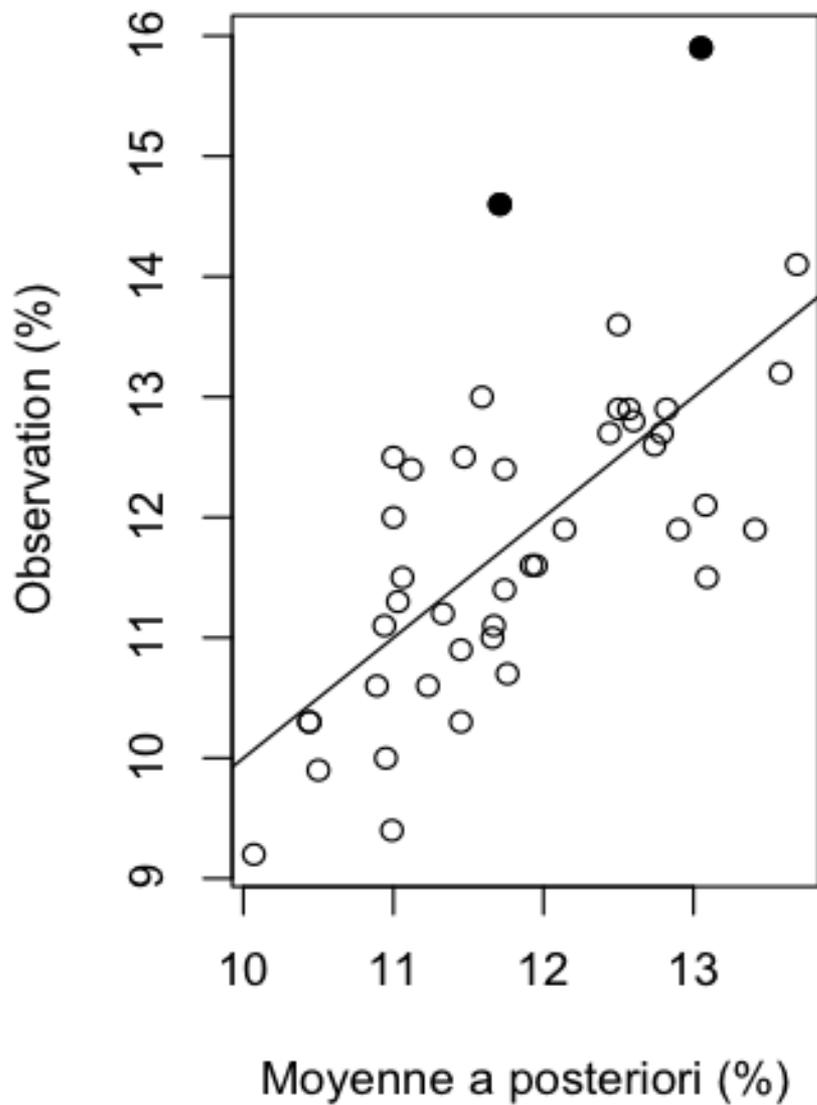
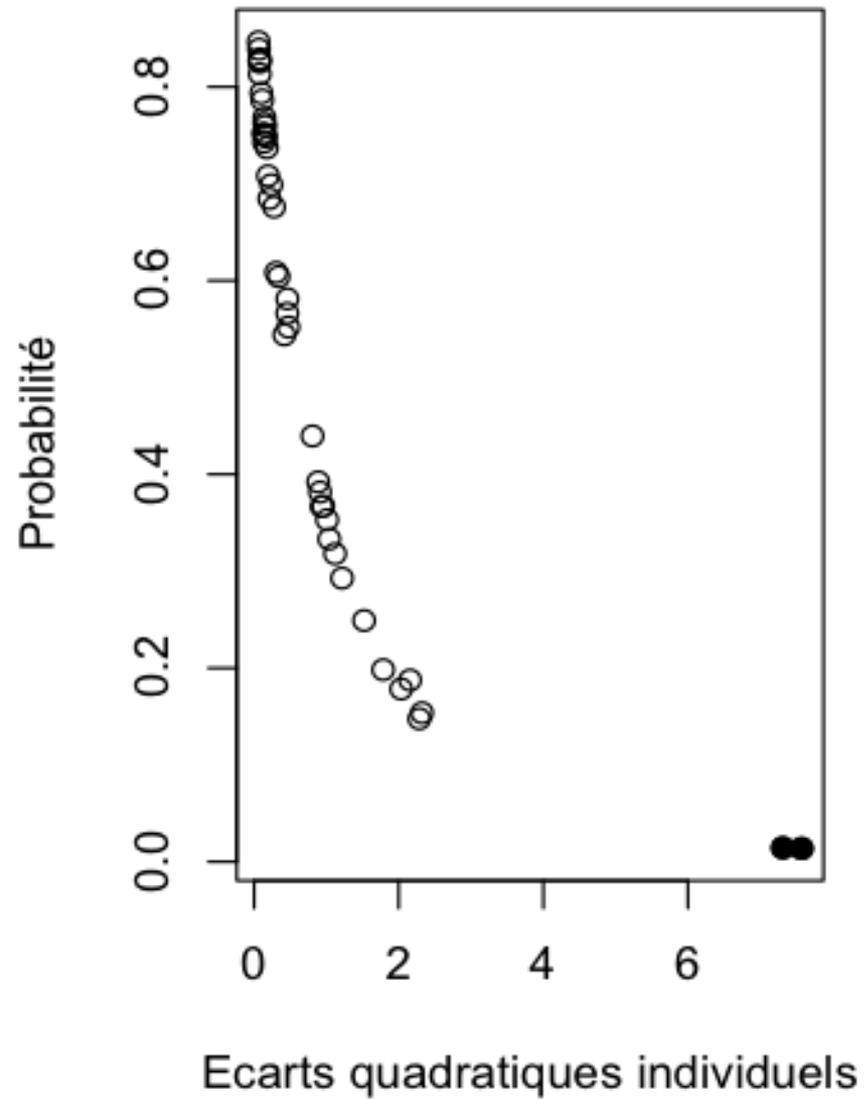
$$[\theta | y] \longrightarrow \theta_s = (\alpha_{0s}, \alpha_{1s}, \alpha_{2s}, \sigma_s)'$$

$$y_{sj} = \alpha_{0s} + \alpha_{1s}X_{1i} + \alpha_{2s}X_{2i} + \varepsilon_{sj}$$

$$\varepsilon_{sj} \sim N(0, \sigma_s^2)$$





A.**B.**

Limites

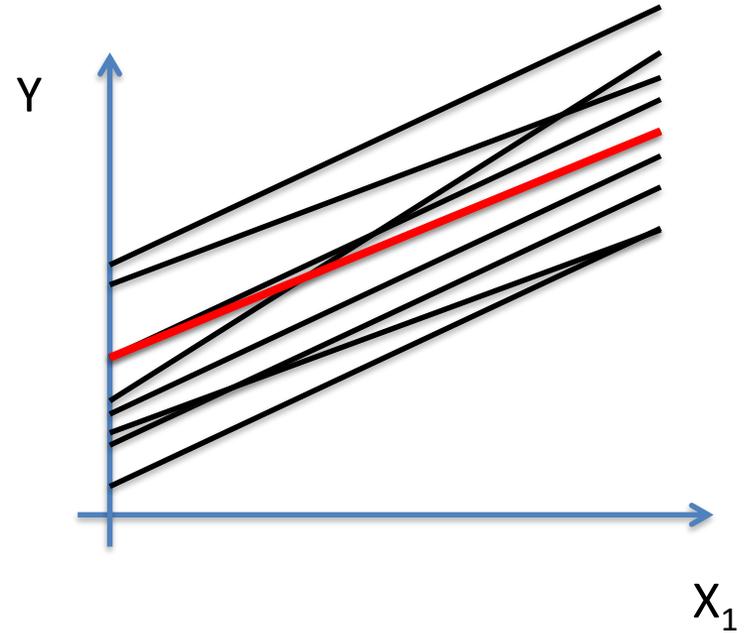
- Pas de seuil de probabilité objectif
- Les mêmes données sont utilisées pour estimer les paramètres et prédire
- Pas de vraies prédictions
- Vision trop optimiste

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

Principe

- Méthode souvent utilisée pour évaluer la précision des prédictions d'un modèle
- Evaluation des prédictions avec des données qui n'ont pas été utilisées pour développer le modèle
 - ✓ Le jeu de données est découpé en sous-groupes.
 - ✓ Les données de chaque sous-groupe sont prédites en développant le modèle avec les données non incluses dans ce sous-groupe
- Approche pas spécifiquement bayésienne
- Etat d'esprit « data science »
 - « statistique fréquentiste »

Prédire une teneur en protéines



Prédicteur:

$$P(X_1, X_2) = E(Y | X_1, X_2, \boxed{y_{1:N}})$$

$(x, y)_{1:N}$

Y_1

Y_2

Y_3

...

Y_{22}



$$[\theta | y_{1:22}]$$



$$E(Y_1 | X_{1,1}, X_{2,1}, y_{23:43})$$

$$E(Y_2 | X_{1,2}, X_{2,2}, y_{23:43})$$

$$E(Y_{22} | X_{1,22}, X_{2,22}, y_{23:43})$$



Y_{23}

Y_{24}

...

Y_{43}



$$[\theta | y_{23:43}]$$

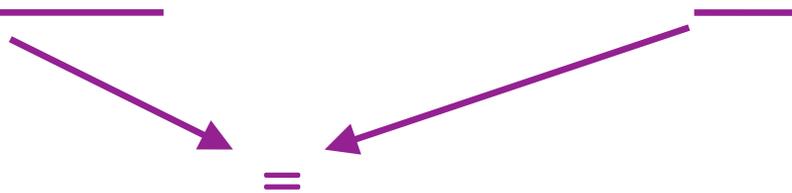


$$E(Y_{23} | X_{1,23}, X_{2,23}, y_{1:22})$$

$$E(Y_{24} | X_{1,24}, X_{2,24}, y_{1:22})$$

$$E(Y_{43} | X_{1,43}, X_{2,43}, y_{1:22})$$



$$E(Y|X_1, X_2, \underline{y_{1:i-1}}, y_{i+1:N}) = E(Y|X_1, X_2, y_{(i)}, \underline{\quad})$$


~~Y_1~~

Y_2

Y_3

...

Y_{22}

Y_{23}

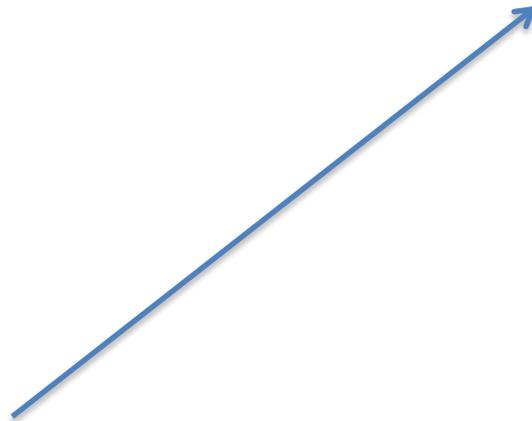
Y_{24}

...

Y_{43}



$[\theta | y_{(1)}]$



$E(Y_1 | X_{1,1}, X_{2,1}, y_{(1)})$

Y_1

~~Y_2~~

Y_3

...

Y_{22}

Y_{23}

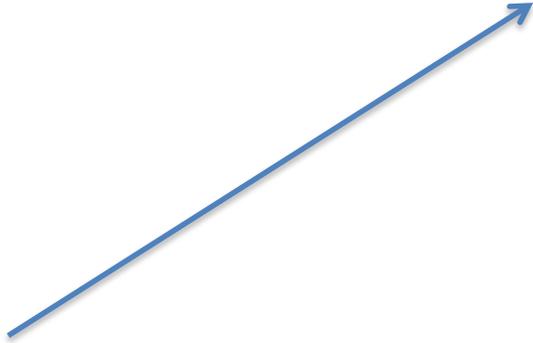
Y_{24}

...

Y_{43}

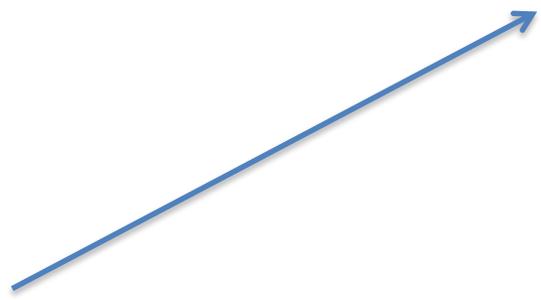
$[\theta | y_{(2)}]$

$E(Y_2 | X_{1,2}, X_{2,2}, y_{(2)})$



Y_1
 Y_2
 ~~Y_3~~
...
 Y_{22}
 Y_{23}
 Y_{24}
...
 Y_{43}

$[\theta | y_{(3)}]$

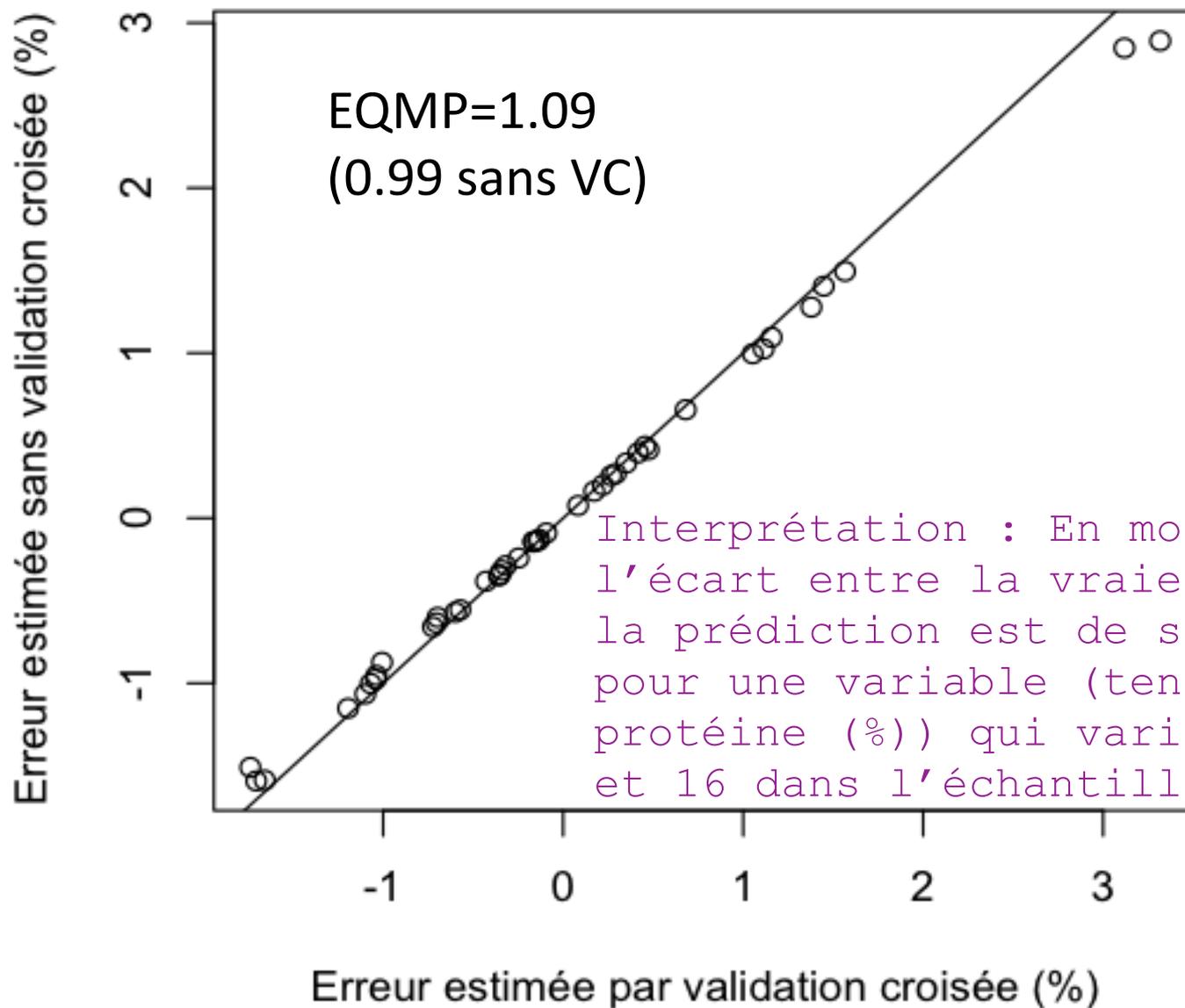


$E(Y_3 | X_{1,3}, X_{2,3}, y_{(3)})$

Formule de « l'erreur quadratique moyenne prédite » avec validation croisée :

$$EQMP = \frac{1}{43} \sum_{i=1}^{43} [y_i - E(Y_i | X_{1i}, X_{2i}, y_{(i)})]^2$$

Grphe des erreurs individuelles avec et sans VC



Formule de « l'erreur quadratique moyenne prédite » avec validation croisée :

$$EQMP = \frac{1}{43} \sum_{i=1}^{43} [y_i - E(Y_i | X_{1i}, X_{2i}, y_{(i)})]^2$$

Si Y est une variable binaire $\{0,1\}$, alors la prédiction est la probabilité que $Y=1$ et l'EQMP correspond au Brier score (qui peut aussi être défini pour une variable catégorielle)

Noter que l'on peut donner :

- la probabilité a posteriori de l'EQMP plutôt qu'une seule valeur, afin de se ramener à un cadre bayésien
- un EQMP « local » en fonction d'une covariable d'intérêt (transmittance, position spatiale, temps...)

Goodness-of-fit

The Brier Score is computed as follows:

$$BS = \frac{1}{I} \sum_{i=1}^I (Y_i - u(t_i, \mathbf{x}_i))^2.$$

- I the number of sampled hosts
- Y_i observed sanitary status
- $u(t_i, \mathbf{x}_i)$ the solution of the model given Θ

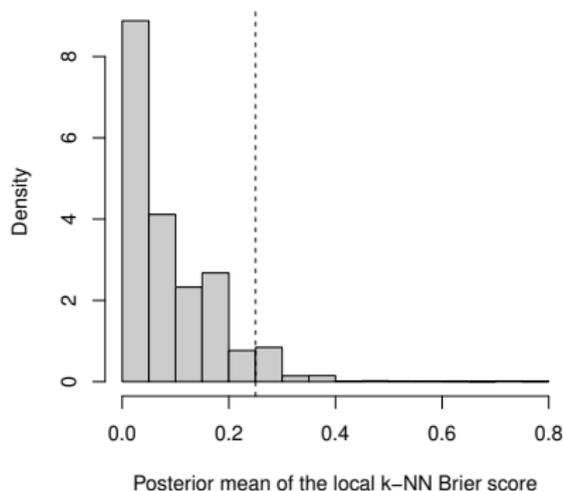
	Median	Mean	CI (95%)
BS	0.0828	0.0828	[0.0827; 0.0829]

Goodness-of-fit

The local Brier Score (LBS) based on the k -NN satisfies:

$$\text{LBS}_k(i) = \frac{1}{k+1} \sum_{i' \in i \cup \mathcal{V}_k(i)} (Y_{i'} - u(t_{i'}, \mathbf{x}_{i'}))^2; \quad i = 1, \dots, I.$$

Proportion of values larger than 0.25: 0.062



- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

Principe

- Permet de comparer deux modèles M_1 et M_2
- Rapport de probabilité des observations pour chacun des modèles

$$B_{12} = \frac{[y|M_1]}{[y|M_2]} = \frac{[M_1|y]}{[M_2|y]} / \frac{[M_1]}{[M_2]}$$

$$[y|M_1] = \int_{\Theta} [y|\theta_1][\theta_1]d\theta_1$$

$$[y|M_2] = \int_{\Theta} [y|\theta_2][\theta_2]d\theta_2$$

- Plus ce rapport est grand, plus les données sont en faveur du modèle 1
- Difficile à calculer en pratique mais des approximations existent

Principe

- Permet de comparer deux modèles M_1 et M_2
- Rapport de probabilité des observations pour chacun des modèles

$$B_{12} = \frac{[y|M_1]}{[y|M_2]} = \frac{[M_1|y]}{[M_2|y]} / \frac{[M_1]}{[M_2]}$$

$$[y|M_1] = \int_{\Theta} [y|\theta_1][\theta_1]d\theta_1$$

$$[y|M_2] = \int_{\Theta} [y|\theta_2][\theta_2]d\theta_2$$

Rappel: $[\theta | y] = \frac{[y | \theta][\theta]}{[y]}$

$$[y] = \int [y | \theta][\theta]d\theta$$

- Plus ce rapport est grand, plus les données sont en faveur du modèle 1
- Difficile à calculer en pratique mais des approximations existent

Ré-écrivons le facteur de Bayes

$$B_{12} = \frac{[y | M_1]}{[y | M_2]} = \frac{\frac{[M_1 | y][y]}{[M_1]}}{\frac{[M_2 | y][y]}{[M_2]}} = \frac{[M_1 | y] [M_2]}{[M_2 | y] [M_1]}$$

$$B_{12} = \frac{[M_1 | y]}{[M_2 | y]} \quad \text{si} \quad [M_1] = [M_2]$$

Que dire selon la valeur du facteur de Bayes (Kass and Raftery, 1995)

$\log_{10} B_{12}$	B_{12}	Strength of evidence
0 to 1/2	1 to 3.2	Not worth more than a bare mention
1/2 to 1	3.2 to 10	Substantial
1 to 2	10 to 100	Strong
> 2	> 100	Decisive

Approximation par Importance Sampling de $[y|M]$ pour calculer le facteur de bayes

$$m_{SI}(y) = \frac{\sum_{t=1}^T [y|\theta_t] \frac{[\theta_t]}{g(\theta_t)}}{\sum_{t=1}^T \frac{[\theta_t]}{g(\theta_t)}}$$

où les paramètres sont simulés selon une loi de proposition de densité g

$$m_{SI}(y) = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T [y|\theta_t]$$

où les paramètres sont simulés selon la loi a priori

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

$$L(\hat{\theta}_{ML}) = [y | \hat{\theta}_{ML}]$$

$$AIC = -2 \ln L(\hat{\theta}_{ML}) + 2p$$

$$BIC = -2 \ln L(\hat{\theta}_{ML}) + p \ln(n)$$

$$DIC = E\left\{-2 \ln L(\theta)\right\} + p_D$$

Ces critères dépendent de la qualité d'ajustement du modèle aux données et de la complexité du modèle

Ils ont différentes origines et différentes significations

Akaike Information Criterion

- L'AIC est dérivé de la distance Kullback-Leibler
- Il mesure la perte d'information qui résulte de l'utilisation d'un modèle pour estimer le processus à l'origine des données
- Son calcul est basé sur l'estimation des paramètres par maximum de vraisemblance

$$AIC = -2 \ln L(\hat{\theta}_{ML}) + 2p$$

Bayesian Information Criterion

(Schwarz' s criterion)

- Le BIC est dérivé d'une approximation du facteur de Bayes
- Son calcul est basé sur une estimation des paramètres par maximum de vraisemblance

$$BIC = -2 \ln(L(\hat{\theta}_{ML})) + p \ln(n)$$

Deviance Information Criterion

- Calculé à partir des simulations MCMC
- Pas besoin de l'estimateur du maximum de vraisemblance
- Calcul intégré à WinBUGS

$$Dev(\theta) = -2 \ln L(\theta)$$

$$DIC = E_{\theta} [Dev(\theta) | y] + \left\{ E_{\theta} [Dev(\theta) | y] - Dev [E_{\theta}(\theta | y)] \right\}$$

$$DIC = E_{\theta} [Dev(\theta) | y] + p_D$$

Spiegelhalter et al. (2002)

Exemple

Evaluation de trois modèles

$$M_1 : Y = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \varepsilon$$

seulement SPAD

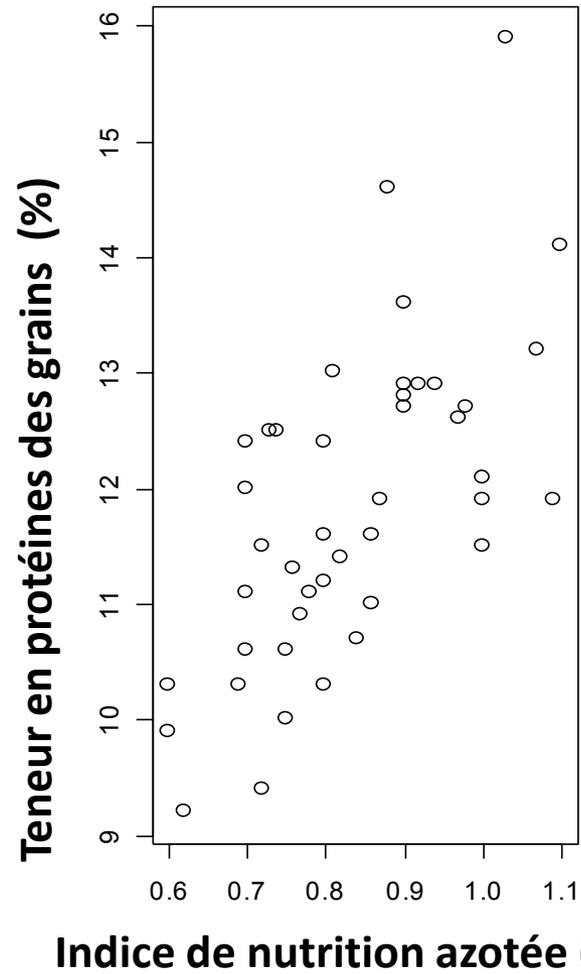
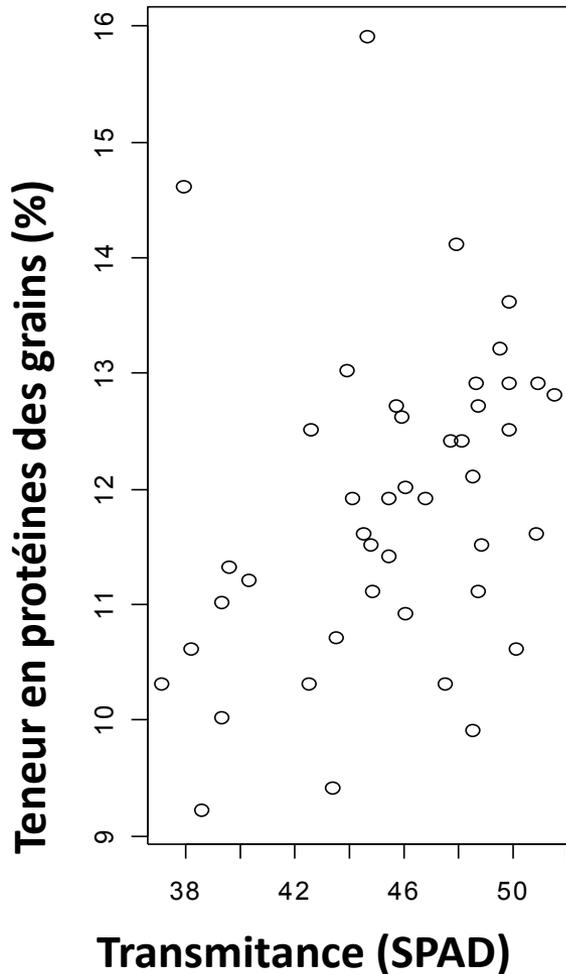
$$M_2 : Y = \alpha_0 + \alpha_2 X_2 + \varepsilon$$

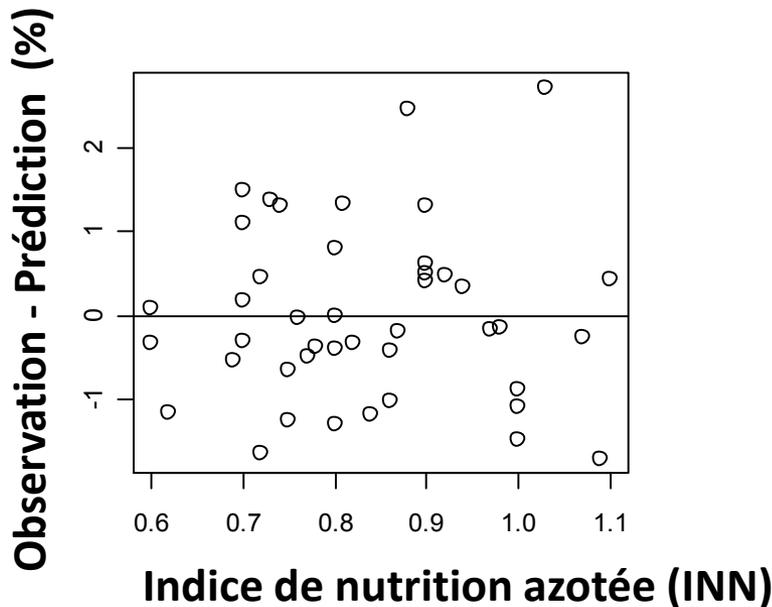
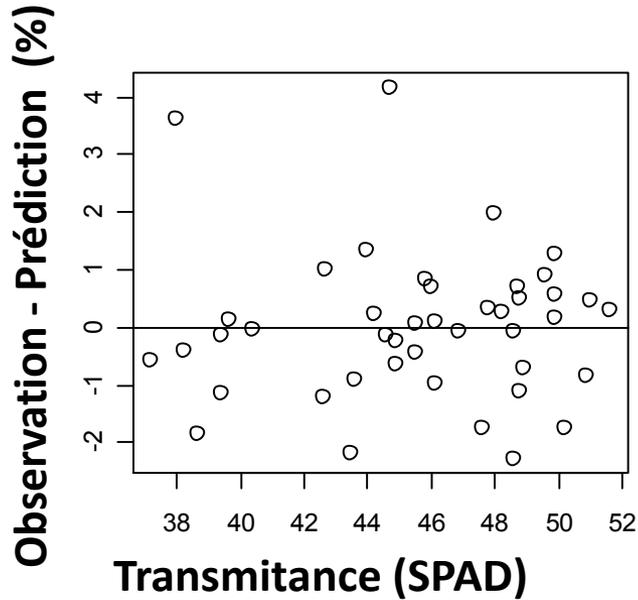
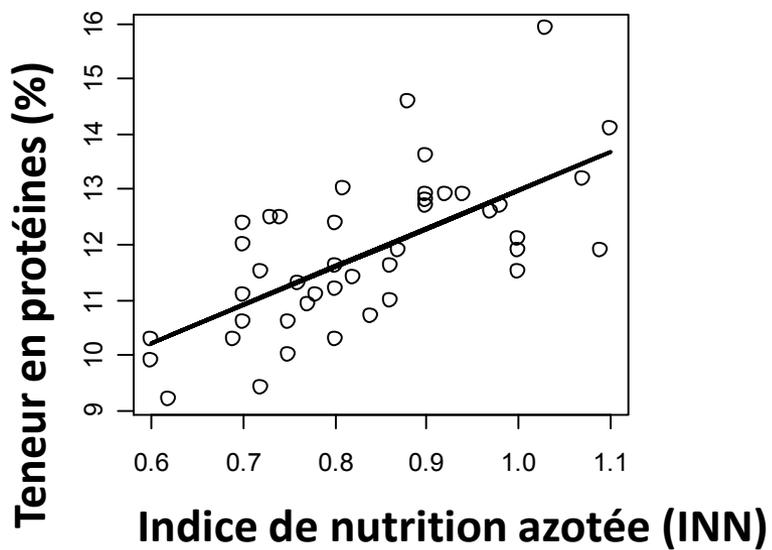
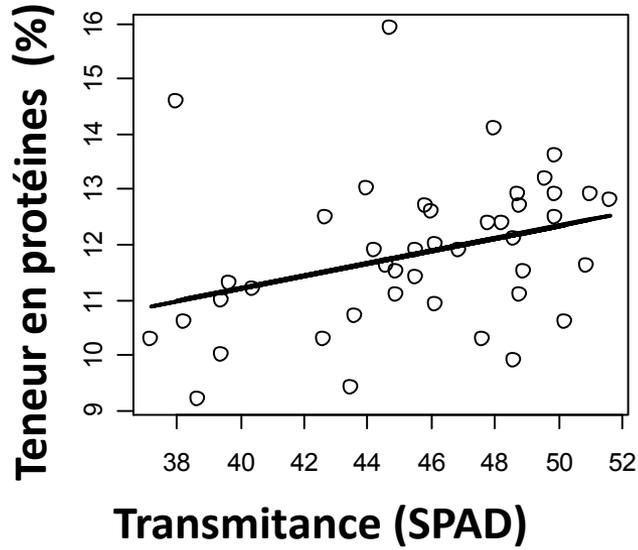
seulement INN

$$M_3 : Y = \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \alpha_2 X_2 + \varepsilon$$

SPAD et INN

Teneur en protéines des grains de blé vs. Transmittance et INN pour 43 sites-années en France





AIC, BIC et DIC des trois modèles

DIC calculé avec 20000 itérations de WinBUGS

AIC, BIC et R^2 calculés avec des valeurs de paramètres estimées avec glm de R

Modèle	<i>AIC</i>	<i>BIC</i>	<i>DIC</i>	R^2
M_1	149.22	152.74	149.41	0.11
M_2	129.74	133.26	129.93	0.43
M_3	129.82	135.10	130.11	0.46

Watanabe AIC (WAIC)



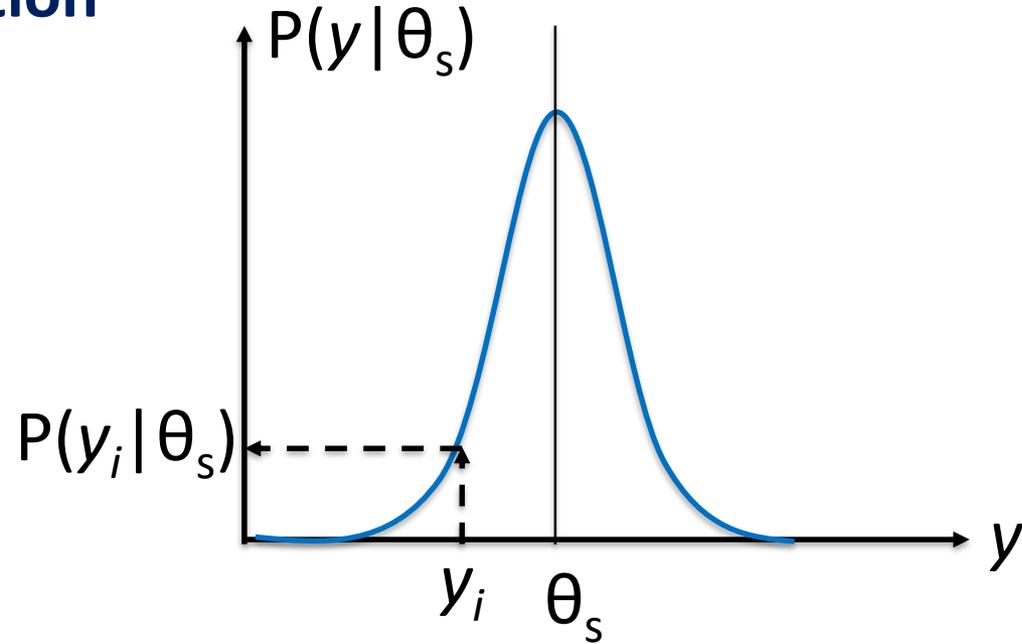
Sumio Watanabe

Tokyo Institute of Technology

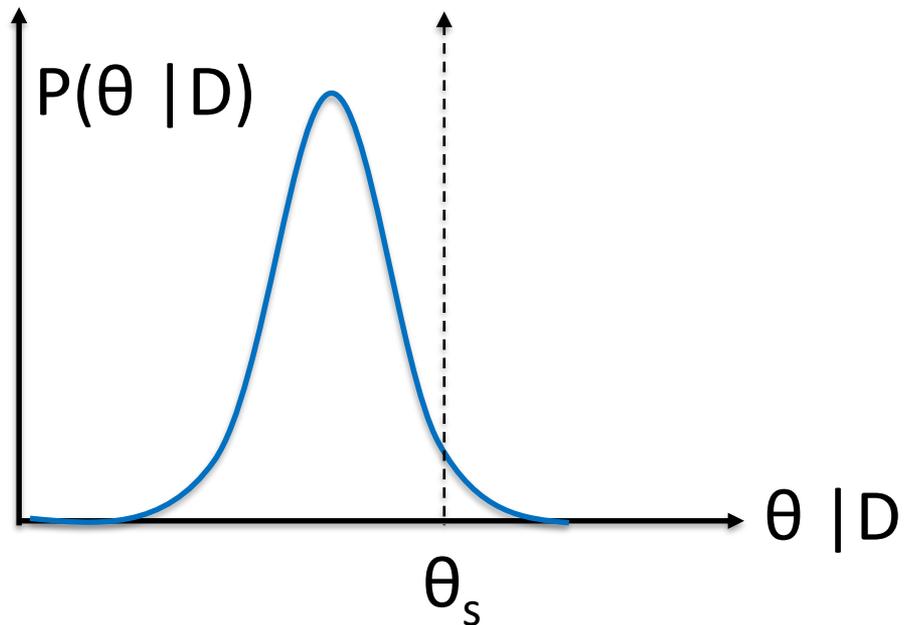
$$\begin{aligned}\text{lppd} &= \text{log pointwise predictive density} \\ &= \text{log} \prod_{i=1}^n p_{\text{post}}(y_i) = \sum_{i=1}^n \text{log} \int p(y_i|\theta)p_{\text{post}}(\theta)d\theta\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\widehat{\text{lppd}} &= \text{computed log pointwise predictive density} \\ &= \sum_{i=1}^n \text{log} \left(\frac{1}{S} \sum_{s=1}^S p(y_i|\theta^s) \right).\end{aligned}$$

Predictive distribution



Posterior distribution



$$\begin{aligned}\text{lppd} &= \text{log pointwise predictive density} \\ &= \text{log} \prod_{i=1}^n p_{\text{post}}(y_i) = \sum_{i=1}^n \text{log} \int p(y_i|\theta)p_{\text{post}}(\theta)d\theta\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\widehat{\text{lppd}} &= \text{computed log pointwise predictive density} \\ &= \sum_{i=1}^n \text{log} \left(\frac{1}{S} \sum_{s=1}^S p(y_i|\theta^s) \right).\end{aligned}$$

Trop optimiste

y_1, \dots, y_n utilisées deux fois (estimation & prédiction)

Méthode de Watanabe (2010) :

$$\widehat{\text{elppd}}_{\text{waic}} = \widehat{\text{lppd}} - \widehat{p}_{\text{waic}}$$

$$p_{\text{waic}} = \sum_{i=1}^n \text{var}_{\text{post}} (\log p(y_i | \theta))$$

$$\widehat{p}_{\text{waic}} = \sum_{i=1}^n V_{s=1}^S (\log p(y_i | \theta^s))$$

$$V_{s=1}^S a_s = \frac{1}{S-1} \sum_{s=1}^S (a_s - \bar{a})^2$$

$$\text{WAIC} = -2 \widehat{\text{elppd}}_{\text{waic}}.$$

Peut être facilement calculé avec le R package loo

School	Estimate (y_j)	Standard Error (σ_j)
A	28	15
B	8	10
C	-3	16
D	7	11
E	-1	9
F	1	11
G	18	10
H	12	18

$$y_j \sim \text{Normal}(\theta_j, \sigma_j), \quad j = 1, \dots, 8$$

$$\theta_j \sim \text{Normal}(\mu, \tau), \quad j = 1, \dots, 8$$

$$p(\mu, \tau) \propto 1,$$

```
library(rstan)
```

```
schools_data <- list(  
  J = 8,  
  y = c(28, 8, -3, 7, -1, 1, 18, 12),  
  sigma = c(15, 10, 16, 11, 9, 11, 10, 18)  
)
```

```
fit1 <- stan(  
  file = "school.stan", # Stan program  
  data = schools_data, # named list of data  
  chains = 4, # number of Markov chains  
  warmup = 1000, # number of warmup iterations per chain  
  iter = 2000, # total number of iterations per chain  
  cores = 2, # number of cores (could use one per chain)  
  refresh = 0 # no progress shown  
)
```

```
print(fit1, pars=c("theta", "mu", "tau", "lp__"), probs=c(.1,.5,.9))
```

```
library(loo)  
log_lik_1<-extract_log_lik(fit1)  
loo_1<-loo(log_lik_1)  
loo_1  
waic_1<-waic(log_lik_1)  
waic_1
```

Inference for Stan model: school.

4 chains, each with iter=2000; warmup=1000; thin=1;

post-warmup draws per chain=1000, total post-warmup draws=4000.

	mean	se_mean	sd	10%	50%	90%	n_eff	Rhat
theta[1]	11.36	0.16	8.35	2.29	10.20	22.15	2651	1
theta[2]	7.93	0.09	6.37	0.05	7.92	15.61	4619	1
theta[3]	6.09	0.13	7.71	-3.50	6.74	14.83	3378	1
theta[4]	7.66	0.10	6.58	-0.34	7.68	15.66	4164	1
theta[5]	5.26	0.11	6.39	-3.10	5.74	12.82	3458	1
theta[6]	6.22	0.10	6.72	-2.44	6.68	14.19	4248	1
theta[7]	10.73	0.12	6.86	2.73	10.13	19.68	3282	1
theta[8]	8.53	0.14	7.81	-0.41	8.23	17.91	3109	1
mu	7.88	0.11	5.18	1.41	7.78	14.32	2074	1
tau	6.55	0.15	5.58	0.87	5.20	13.75	1397	1
lp__	-39.54	0.07	2.60	-43.01	-39.35	-36.38	1221	1

```
> waic_1<-waic(log_lik_1)
> waic_1
```

Computed from 4000 by 8 log-likelihood matrix

	Estimate	SE
elpd_waic	-31.0	1.0
p_waic	1.4	0.3
waic	61.9	1.9

```
> loo_1
```

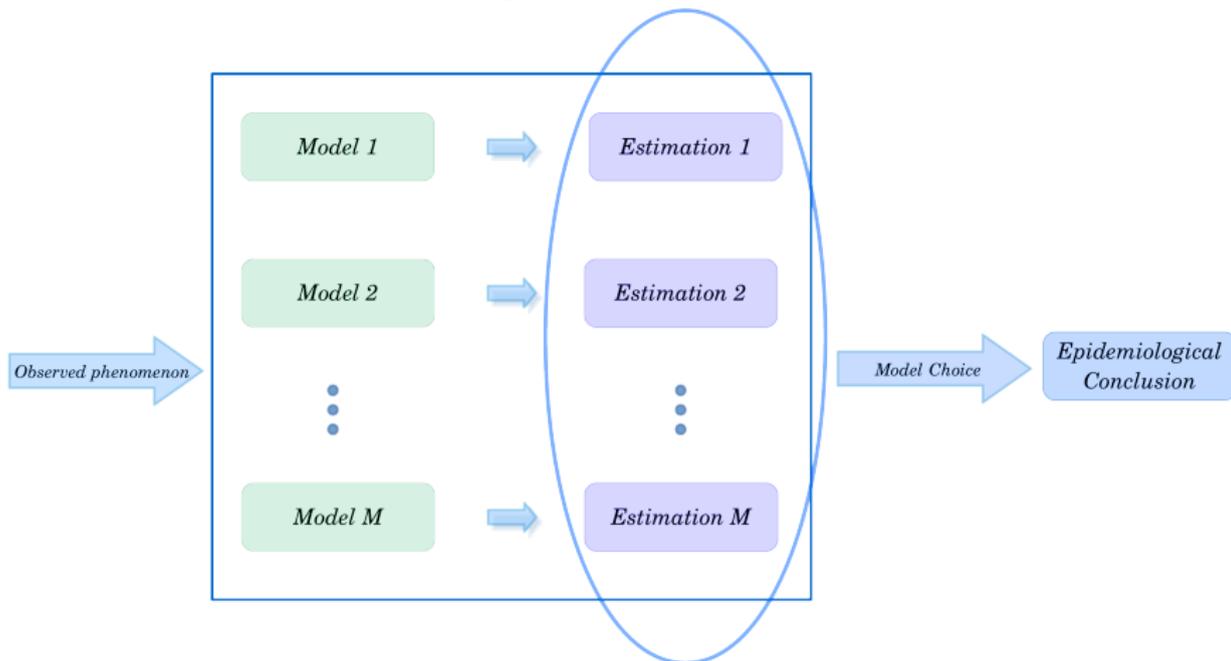
Computed from 4000 by 8 log-likelihood matrix

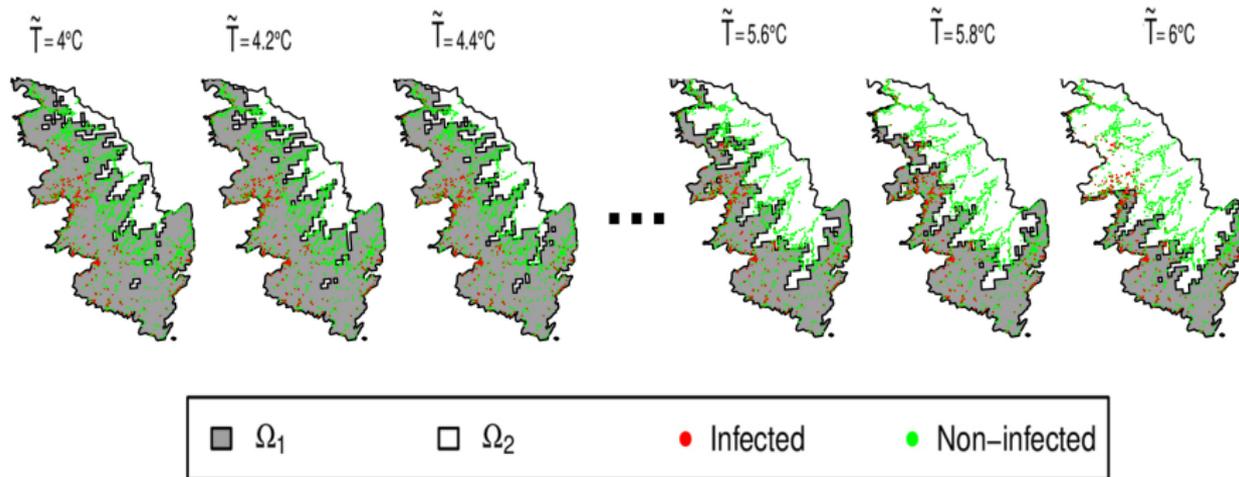
	Estimate	SE
elpd_loo	-31.2	0.9
p_loo	1.6	0.3
looic	62.4	1.9

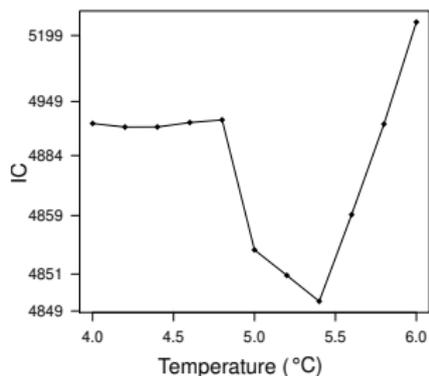
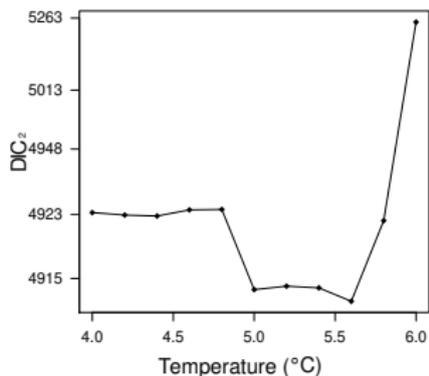
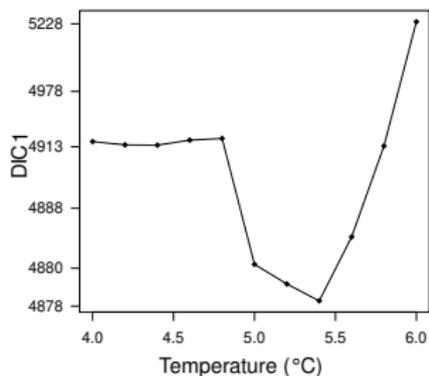
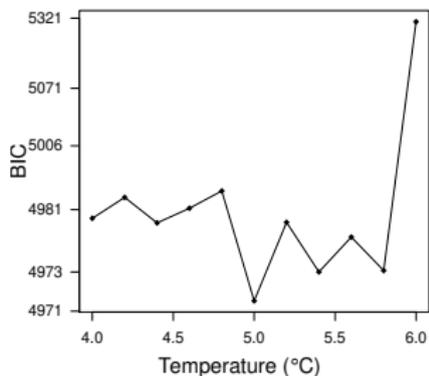
Strategy

Estimate the date and the location of the introduction point and the other parameters of the dynamics for different \tilde{T}

Select \tilde{T} by minimizing: BIC, DIC₁, DIC₂ and IC



Application: Selection of \tilde{T} 

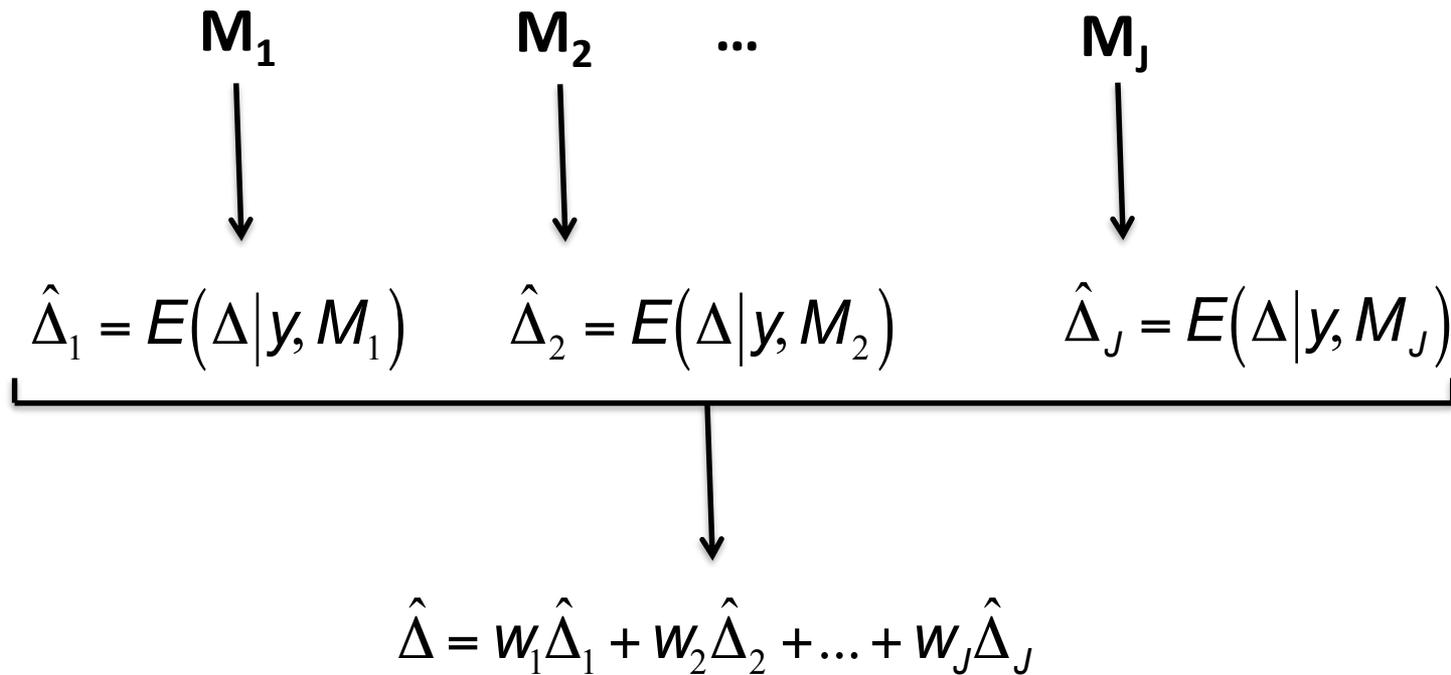
Application: Selection of \tilde{T} 

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

Les limites de la sélection

- Parfois, plusieurs modèles ont des performances très proches
- La sélection d'un modèle conduit à ignorer l'incertitude dans la procédure de sélection
- La sélection peut conduire à sous-estimer l'incertitude sur les valeurs des paramètres

Bayesian Model Averaging (BMA)



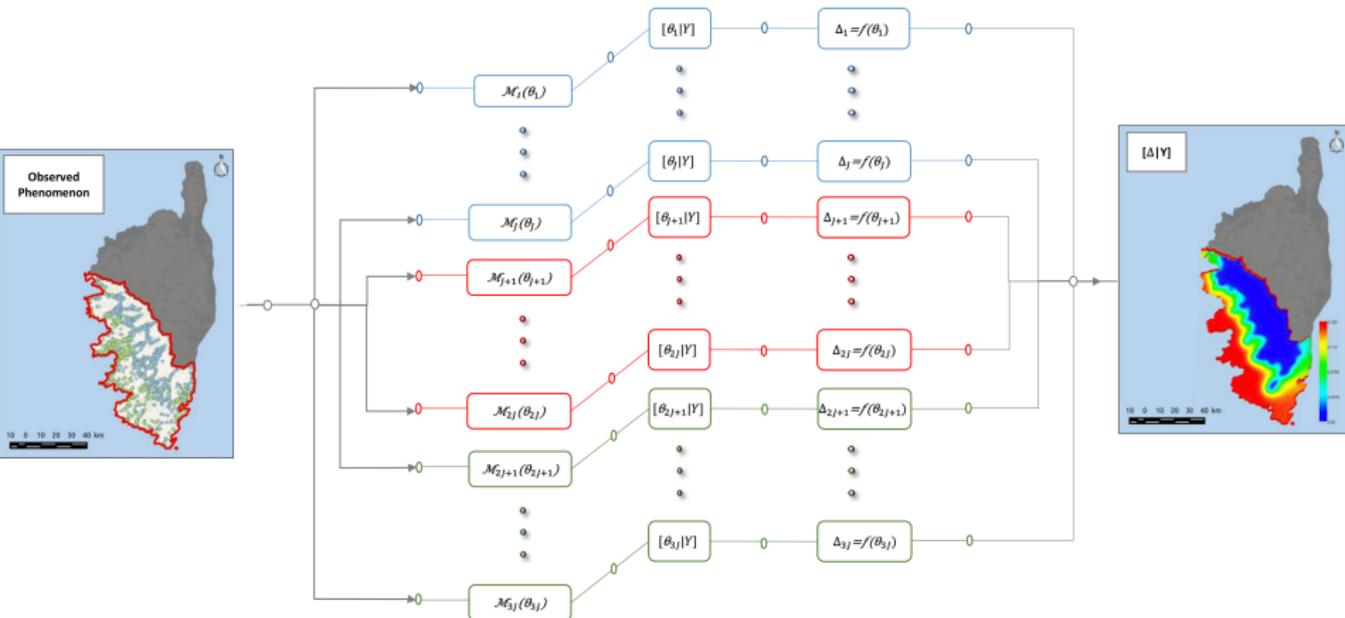
Bayesian Model Averaging (BMA)

$$E(\Delta | y) = \sum_{i=1}^J w_i \hat{\Delta}_i$$

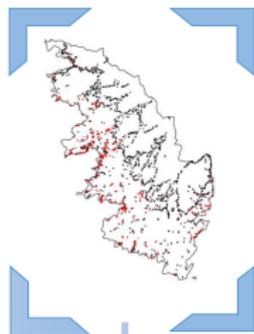
$$\hat{\Delta}_i = E(\Delta | y, M_i)$$

$$w_i = [M_i | y]$$

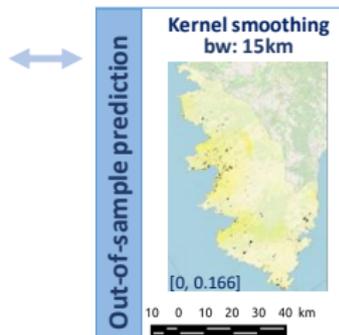
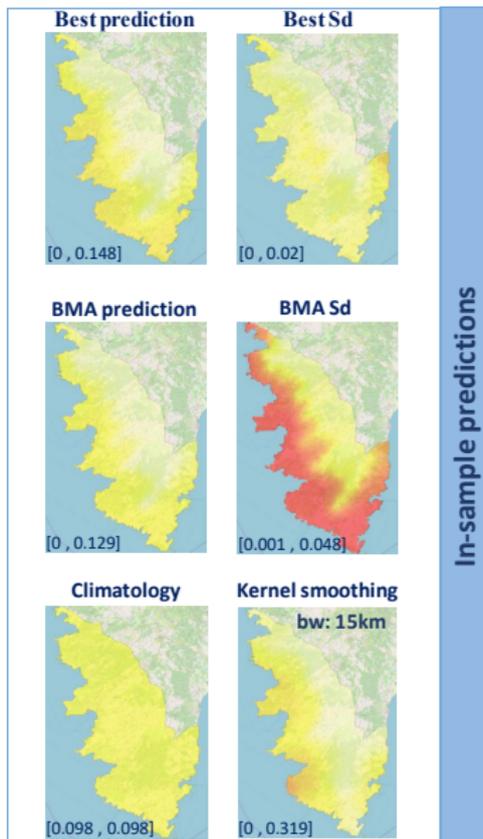
BMA Strategy



In & out-of-sample Predictions

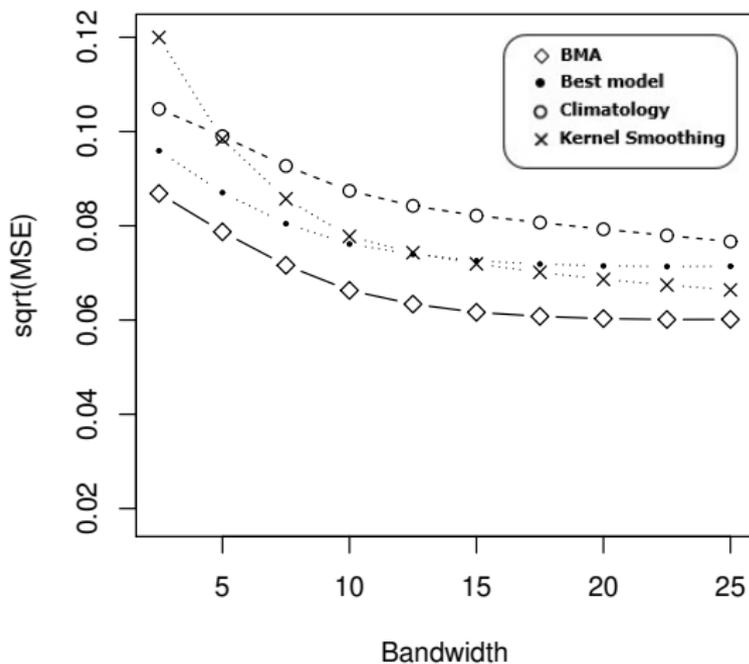


July 2015 – April 2017



May 2017 – January 2019

Root-mean-square error (RMSE)



RMSE curves showing the out-of-sample predictive behaviour of the BMA compared to the best model, the climatology and the kernel smoothing.

Utilisation de variables indicatrices

- Définition de variables aléatoires binaires indiquant si les variables explicatives sont incluses ou non dans le modèle
- Estimation des distributions a posteriori des variables binaires avec les données
- La probabilité de chaque variable binaire indique si la variable explicative correspondante a de bonne chance d'être incluse ou non

$$Y = \alpha_0 + \pi_1 \times \alpha_1 \times X_1 + \pi_2 \times \alpha_2 \times X_2 + \epsilon$$


0 ou 1


0 ou 1

A priori

$$\pi_1 \sim \text{Bern}(1/2)$$

$$\pi_2 \sim \text{Bern}(1/2)$$

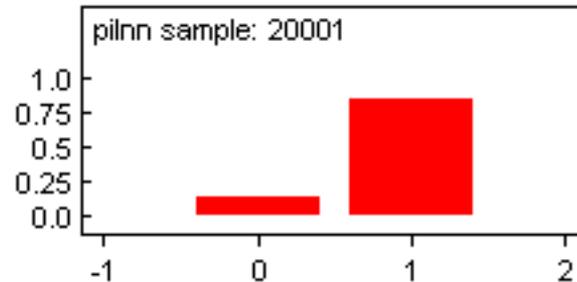
Node statistics

node	mean	sd	MC error	2.5%	median	97.5%	start	sample
piInn	0.8525	0.3546	0.004002	0.0	1.0	1.0	10000	20001

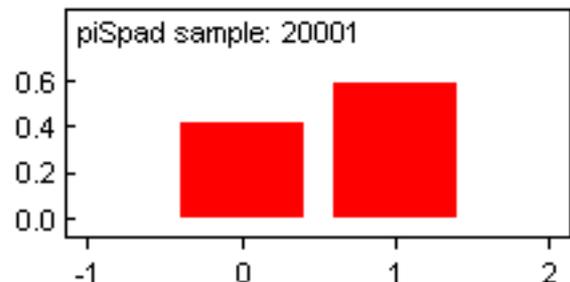
Node statistics

node	mean	sd	MC error	2.5%	median	97.5%	start	sample
piSpad	0.5825	0.4931	0.003945	0.0	1.0	1.0	10000	20001

Kernel density



Kernel density



- Pas toujours possible de tester tous les modèles possibles

Ex : 20 variables explicatives → 1 048 576 modèles linéaires

- On doit alors ... sélectionner un sous ensemble de modèles

- 1. Introduction**
- 2. Analyse de sensibilité**
- 3. Vérification de la qualité des prédictions a posteriori**
- 4. Validation croisée**
- 5. Facteur de Bayes**
- 6. Vraisemblance pénalisée et déviance**
- 7. Combinaison de modèles**
- 8. Conclusion**

Texte

Conclusion

- L'analyse de sensibilité permet d'étudier la robustesse des résultats à certaines hypothèses du modèle
- L'analyse prédictive a posteriori permet d'évaluer la plausibilité du modèle
Possibilité de donner la distribution a posteriori de votre critère d'évaluation favori (ex. Brier score)
- Différents critères peuvent être utilisés pour sélectionner un modèle parmi plusieurs modèles candidats. Il est recommandé d'utiliser plusieurs critères pour évaluer et sélectionner des modèles.
- Il peut parfois être intéressant de *associer* plusieurs modèles, plutôt que d'en utiliser un seul