



HAL
open science

Approche Bayésienne pour écrire et estimer les modèles de méta-analyse : caractéristiques et intérêts

Frédéric Gosselin

► **To cite this version:**

Frédéric Gosselin. Approche Bayésienne pour écrire et estimer les modèles de méta-analyse : caractéristiques et intérêts. Doctorat. Montpellier, France. 2023, 61 p. hal-04541352

HAL Id: hal-04541352

<https://hal.inrae.fr/hal-04541352v1>

Submitted on 10 Apr 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

INRAE

- **Présentation donnée le 04/10/2023 dans le cadre de la formation CESAB aux méta-analyses**



➤ Approche Bayésienne pour écrire et estimer les modèles de méta-analyse: caractéristiques et intérêts

Frédéric Gosselin

INRAE - UR EFNO, Nogent-sur-Vernisson



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusions



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de trois modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



I-1 Modèles statistiques paramétriques



I.1 Les modèles statistiques paramétriques

* Ici, nous ne parlerons que de techniques statistiques basées sur **des modèles**

= *Statistiques paramétriques*

* On suppose que la (densité de) probabilité de la variable à expliquer y a une forme précise $f(y|\theta, x)$, qui dépend de θ , le ou les paramètres du modèle statistique, et des variables explicatives x .

* A θ (et x) **fixés et connus**, $f(y|\theta, x)$ définit un **modèle probabiliste**

on peut simuler/tirer au sort des observations y à partir de $f(\cdot|\theta, x)$



I.1 Les modèles statistiques paramétriques

* A partir d'observations y connues, $f(y|\theta, x)$ définit un **modèle statistique paramétrique**.

on veut estimer θ à partir de $f(y|., x)$

↪ on va estimer la distribution de probabilité de θ compte tenu de y et x
ou ses caractéristiques
(Théorème Central Limite)

I.1 Les modèles statistiques paramétriques

Modèle statistique paramétrique = « inverse » d'un modèle probabiliste

$$y \rightarrow \theta$$

$$\theta \rightarrow y$$

avec une structure probabiliste commune $f(y|\theta, x)$

I.1 Les modèles statistiques paramétriques

Exemple :

$$RS_i = a + b Hdom_i + \varepsilon_i$$

avec RS_i : richesse en espèces de carabiques au point i

$Hdom_i$: hauteur dominante au point

a : ordonnée à l'origine ou « intercept »

b : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

ε_i : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance σ^2

les ε_i sont supposés être indépendants les uns des autres



$$RS_i = a + b Hdom_i + \varepsilon_i$$

avec RS : richesse en espèces de carabiques

$Hdom$: hauteur dominante au point

a : ordonnée à l'origine ou « intercept »

b : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

ε : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance σ^2

Question : quelles sont les observations à expliquer y ?

quels sont les paramètres à estimer θ ?

quelles sont les variables explicatives x ?

quelle est la forme de la densité de probabilité $f(y|\theta, x)$?



$$RS_i = a + b Hdom_i + \varepsilon_i$$

avec RS : richesse en espèces de carabiques

$Hdom$: hauteur dominante au point

a : ordonnée à l'origine ou « intercept »

b : coefficient de la Hauteur dominante ou pente

ε : variable aléatoire suivant une gaussienne centrée, de variance σ^2

Réponses : $y = (RS_i)$, $\theta = c(a, b, \sigma)$, $x = (Hdom_i)$

$$f(y|\theta, x) = f((RS_i) | c(a, b, \sigma), (Hdom_i)) = \frac{1}{(\sqrt{2\pi}\sigma)^N} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma^2} \sum_{i=1}^N (RS_i - a - b Hdom_i)^2\right]$$

I-2 Principes de l'approche Bayésienne



Différence entre Bayésien et fréquentiste

Fréquentiste

- * Les observations y suivent une loi de probabilité $f(y|\theta, x)$ (incertitude aléatoire)
- * Les paramètres θ sont considérés comme fixes ; on ne cherche pas à décrire notre incertitude sur leurs valeurs (incertitude épistémique)

Bayésien

- * Les observations y suivent une loi de probabilité $f(y|\theta, x)$ (incertitude aléatoire)
- * On cherche à décrire notre incertitude sur les valeurs des paramètres θ (incertitude épistémique)



Différence entre Bayésien et fréquentiste

Une des grosses différences entre Bayésien et fréquentiste est donc qu'en Bayésien, on définit une distribution de probabilité $p(\theta)$ sur les paramètres, avant d'observer les données y :

C'est la **distribution de probabilités a priori** (« prior distribution » ou « prior ») des paramètres.



Différence entre Bayésien et fréquentiste

Fréquentiste

- * Les observations y suivent une loi de probabilité $f(y|\theta, x)$ (incertitude aléatoire)
- * Les paramètres θ sont considérés comme fixes ; on ne cherche pas à décrire notre incertitude sur leurs valeurs (incertitude épistémique)
- * L'incertitude fréquentiste fait intervenir des fréquences de résultats/décisions/tests à θ constant mais jeux de données y répliqués suivant la loi $f(y|\theta, x)$

Bayésien

- * Les observations y suivent une loi de probabilité $f(y|\theta, x)$ (incertitude aléatoire)
- * On cherche à décrire notre incertitude sur les valeurs des paramètres θ (incertitude épistémique)
- * On cherche à mettre à jour notre incertitude sur les valeurs des paramètres θ en tenant compte des données collectées y et du modèle probabiliste $f(y|\theta, x)$

Différence entre Bayésien et fréquentiste

En Bayésien, on cherche à mettre à jour notre incertitude sur les paramètres, une fois les données *y observées* :

C'est la ***distribution de probabilités a posteriori***

(« *posterior distribution* » ou « *posterior* ») des paramètres :

$$p(\theta|y, x)$$



La **distribution de probabilités a posteriori** (« *posterior distribution* ») est obtenue à partir du **prior** et du modèle *probabiliste* ou *vraisemblance* en appliquant le « **théorème de Bayes** »



Théorème de Bayes

Origine: définition des probabilités conditionnelles :

$$p(\theta, y|x) = p(y|\theta, x) p(\theta|x)$$

$$p(\theta, y|x) = p(\theta|y, x) p(y|x)$$



Distribution des données sachant les paramètres =Vraisemblance des paramètres

$$p(\theta, y|x) = p(y|\theta, x) p(\theta|x) = f(y|\theta, x) p(\theta)$$

Distribution jointe des données et des paramètres

Distribution a priori des paramètres

$$p(\theta, y|x) = p(\theta|y, x) p(y|x)$$

Distribution a posteriori des paramètres

Distribution des données



Théorème de Bayes

Le théorème de Bayes s'écrit donc :

$$p(\theta|y, x) = \frac{p(y|\theta, x) p(\theta)}{p(y|x)}$$

Et pratiquement, on s'en tient à (x étant considéré comme fixé) :

$$p(\theta|y, x) \propto p(y|\theta, x) p(\theta)$$

« est proportionnel à »

Théorème de Bayes

Le théorème de Bayes s'écrit donc :

$$p(\theta|y, x) = \frac{p(y|\theta, x) p(\theta)}{p(y|x)}$$

Et pratiquement, on s'en tient à (x étant considéré comme fixé) :

$$p(\theta|y, x) \propto p(y|\theta, x) p(\theta)$$

Distribution a
posteriori des
paramètres

Vraisemblance

Distribution a priori
des paramètres

I-3 Principaux avantages et faiblesses de l'approche Bayésienne



Avantage et inconvénient

Bayésien=Approche totalement probabiliste

* distribution a priori critiquée pour être souvent trop subjective

* résultats différents si prior différent (+/- suivant l'influence du prior sur le posterior)

* mise à jour de notre incertitude sur les paramètres, manière naturelle de représenter l'apprentissage ou l'accumulation des connaissances



Avantage

Bayésien=Approche non-asymptotique

* mise à jour de notre incertitude sur les paramètres ne fait pas référence au comportement asymptotique de la vraisemblance (contrairement à la plupart des procédures fréquentistes)



Avantage

*Bayésien = Prise en compte complète de tous les niveaux
d'incertitude*

* là où souvent en fréquentiste on conditionne l'estimation d'un paramètre par une valeur « optimale » d'un autre paramètre, en Bayésien, les différents niveaux de variabilité sont inclus.



Avantage et **inconvenient**

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser
presque ce qu'on veut*

* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres
(notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds**
sur le plan numérique et difficiles à faire converger



Avantage et **inconvenient**

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser
presque ce qu'on veut*

* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres
(notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds**
sur le plan numérique et difficiles à faire converger

↳ réintroduction d'une seconde forme

d' « asymptotique » (convergence de la chaîne de Markov)



Avantage et **inconvenient**

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser
presque ce qu'on veut*

* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres (notamment MCMC), très souples **mais aussi parfois lourds sur le plan numérique et difficiles à faire converger**

↳ nous ne sommes pas obligés de rentrer dans le carcan des méthodes classiques (modèle linéaire, modèle linéaire généralisé, modèles mixtes).



Avantage et inconvénient

*Bayésien= souplesse, capacité pratique à modéliser
presque ce qu'on veut*

* grâce aux algorithmes d'estimation des paramètres (notamment MCMC), très souples mais aussi parfois lourds sur le plan numérique et difficiles à faire converger

↳ meilleure compréhension de la structure probabiliste du modèle au détriment d'un temps de programmation plus long



Historique

Statistiques :

- * d'abord «Bayésiennes » (Bayes, Laplace), notion de probabilité inverse sur des cas simples
- * puis fréquentistes (possibilité d'estimation sur des cas plus compliqués)
- * aujourd'hui davantage de Bayésien (possibilité d'estimer des modèles encore plus variés).



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

Données/modèle issus de Jactel et al. (2012) *Global Change Biology* : **effets du stress hydrique sur les dégâts de ravageurs et pathogènes sur les arbres** :

Métrique de la MA (y): dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

Variables explicatives/modérateurs (x): intensité du stress, type de ravageur (primaire vs secondaire), l'organe touché (tronc vs feuille)



II.1- Analyse Bayésienne du premier modèle

Métrique de la MA (y): dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

Variable explicative/modérateur (x): l'organe touché (tronc vs feuille)



II.1- Analyse Bayésienne du premier modèle

```
> WBout.modref$summary
```

| | mean | sd | 2.5% | 25% | 50% | 75% | 97.5% | Rhat | n.eff |
|-------------|------------|-------------|------------|-----------|---------|-----------|------------|----------|-------|
| ● Intercept | 0.3116017 | 0.10851468 | 0.0994440 | 0.238200 | 0.3116 | 0.383025 | 0.5275175 | 1.001540 | 2800 |
| ● CoefStem | -0.8934742 | 0.19399351 | -1.2780250 | -1.021000 | -0.8925 | -0.763500 | -0.5155825 | 1.001217 | 5200 |
| ● sd | 0.5645043 | 0.07871662 | 0.4267975 | 0.509775 | 0.5591 | 0.613000 | 0.7331025 | 1.000876 | 9000 |
| ● var | 0.3248613 | 0.09213497 | 0.1821950 | 0.259875 | 0.3126 | 0.375725 | 0.5374025 | 1.000876 | 9000 |
| deviance | 50.9059467 | 10.80977692 | 31.3100000 | 43.307500 | 50.4800 | 57.800000 | 73.6802500 | 1.001188 | 5600 |

↳ Les résultats sont cohérents avec ceux du modèle metafor fréquentiste

```
##
## Mixed-Effects Model (k = 60; tau^2 estimator: REML)
##
● ## tau^2 (estimated amount of residual heterogeneity):      0.3008 (SE = 0.0806)
## tau (square root of estimated tau^2 value):              0.5484
## I^2 (residual heterogeneity / unaccounted variability):  78.05%
## H^2 (unaccounted variability / sampling variability):    4.56
## R^2 (amount of heterogeneity accounted for):             33.97%
##
## Test for Residual Heterogeneity:
## QE(df = 58) = 240.4485, p-val < .0001
##
## Test of Moderators (coefficient(s) 2):
## QM(df = 1) = 22.6056, p-val < .0001
##
## Model Results:
##
##          estimate      se      zval      pval      ci.lb      ci.ub
● ## intrcpt      0.3090  0.1050   2.9430  0.0033   0.1032   0.5148   **
● ## OrganStem  -0.8886  0.1869  -4.7545 <.0001  -1.2550  -0.5223  ***
##
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



II.2- Analyse Bayésienne du second modèle

Métrique de la MA (y): dégâts sur arbres stressés vs non stressés (métrique de Hedges)

Variable explicative/modérateur (x): interaction entre l'organe touché (tronc vs feuille) et l'intensité du stress hydrique

Code fréquentiste sous metafor:

```
model.inter <- rma(yi ~ Intensity * Organ, vi, data = data.organ)
```



Code Bayésien du modèle sous Winbugs

```
model<-function()
{
# partie prior distributions
  Intercept~ dnorm(0,1.0E-06)
  CoefStem~ dnorm(0,1.0E-06)
  CoefIntensity~ dnorm(0,1.0E-06)
  CoefIntensityforStem~ dnorm(0,1.0E-06)

  sd ~ dunif(0,100)
  var <-( sd*sd)
  tau <-1/var

#partie "vraisemblance"
  for (i in 1:N) {
    #couche mesurée: métrique de Hedge
    y[i]~dnorm(mu[i],taud[i])
    #couche latente
    mu[i]~dnorm(xb[i],tau)
    #paramètres déterministes associés
    xb[i]<-
Intercept+CoefIntensity*Intensity[i]+CoefStem*OrganStem[i]+CoefIntensityforStem*Intensity
[i]*OrganStem[i]
    taud[i]<-1/vary[i]
  }
}
```



II.2- Analyse du second modèle

```
> WBout.modinteraction$summary
```

| | mean | sd | 2.5% | 25% | 50% | 75% | 97.5% | Rhat | n.eff |
|------------------------|------------|-------------|-------------|-----------|---------|-----------|------------|----------|-------|
| ● Intercept | 0.5465224 | 0.30234060 | -0.04748175 | 0.347725 | 0.5455 | 0.742750 | 1.1431000 | 1.001076 | 8200 |
| ● CoefIntensity | -0.6820580 | 0.82529400 | -2.32802500 | -1.216000 | -0.6823 | -0.141475 | 0.9617500 | 1.001020 | 9000 |
| ● CoefStem | -1.3238433 | 0.49829649 | -2.30402500 | -1.653000 | -1.3260 | -0.993575 | -0.3457900 | 1.000858 | 9000 |
| ● CoefIntensityforStem | 1.4584429 | 1.66500099 | -1.84922500 | 0.352425 | 1.4570 | 2.581250 | 4.7211750 | 1.000844 | 9000 |
| sd | 0.5687107 | 0.08262135 | 0.42619750 | 0.511200 | 0.5623 | 0.619600 | 0.7431075 | 1.001470 | 3100 |
| var | 0.3302582 | 0.09803010 | 0.18169500 | 0.261375 | 0.3162 | 0.383825 | 0.5522100 | 1.001470 | 3100 |
| deviance | 51.2967344 | 10.98158559 | 31.89000000 | 43.507500 | 50.5900 | 58.422500 | 74.6600000 | 1.001020 | 9000 |

↪ Les résultats sont aussi cohérents avec ceux de Jactel et al. (2012)

| | b | se | pval | ci.lb | ci.ub |
|-----------------------|-------|------|-------|-------|-------|
| ● intrcpt | 0.54 | 0.30 | 0.068 | -0.04 | 1.12 |
| ● Intensity | -0.67 | 0.80 | 0.402 | -2.25 | 0.90 |
| ● OrganStem | -1.32 | 0.49 | 0.007 | -2.28 | -0.35 |
| ● Intensity:OrganStem | 1.44 | 1.64 | 0.378 | -1.77 | 4.65 |

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
 - ↳ pas mal de données \Rightarrow équivalence asymptotique Bayésien-fréquentiste
- Tendance à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)
 - ↳ prise en compte complète de tous les

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
 - ↗ pas mal de données \Rightarrow équivalence asymptotique Bayésien-fréquentiste
- Tendance à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)

↗ prise en compte complète de tous les

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

Bilan:

- Globalement **assez grande concordance** entre modèles Bayésiens et fréquentistes
 - ↳ pas mal de données \Rightarrow équivalence asymptotique Bayésien-fréquentiste
- Tendence à estimer des **niveaux d'incertitude un peu plus élevés en Bayésien** (« erreurs-type »)
 - ↳ prise en compte complète de tous les niveaux d'incertitude en Bayésien

III- Analyse des modèles: Synthèse

On pourrait s'attendre à plus de différences entre modèles Bayésiens et fréquentistes « équivalents » si

- Il y avait **moins de données** ou les **priors** **contenaient plus d' « information »**
- il y avait plus de **problèmes d'estimations des modèles dans un des formalismes** (exemples: modèles non-linéaires avec des effets aléatoires; modèles avec dépendance spatiale)

Beale et al. (2010) *Ecology Letters*, Saas & Gosselin (2014) *Ecography*

I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusion



III- Extensions Bayésiennes

↳ L'un des intérêts du Bayésien est **sa souplesse pour l'écriture des modèles**

- Deux exemples proposés ci-dessous:
 - hétéroscédasticité
 - différentes formes d'hétérogénéité résiduelle



III.1- 1ère Extension Bayésienne

- Reprise du modèle initial (modérateur Organe seul) et introduction d'une possibilité de **variance différente** suivant l'**Organe étudié** (tronc ou canopée)



```

model<-function()
{
#partie "vraisemblance"
  for (i in 1:N) {
    #couche mesurée: métrique de Hedge
    y[i]~dnorm(mu[i],taud[i])
    #couche latente
    mu[i]~dnorm(xb[i],tau[i])
    #paramètres déterministes associés
    xb[i]<-Intercept+CoefStem*OrganStem[i]
    taud[i]<-1/vary[i]
    tau[i]<-(1-OrganStem[i])* tau.crown + OrganStem[i]* tau.stem
  }

```

```

# partie prior distributions.
  Intercept~ dnorm(0,1.0E-06)
  CoefStem~ dnorm(0,1.0E-06)
  sd.crown ~ dunif(0,100)
  var.crown <-( sd.crown*sd.crown)
  tau.crown <-1/var.crown
  sd.stem ~ dunif(0,100)
  var.stem <-( sd.stem*sd.stem)
  tau.stem <-1/var.stem

```



III.1- 1^{ère} Extension Bayésienne

- Résultat: il y a peut-être un peu d'hétéroscédasticité...

```
> WBout.modref.heterosc$summary
              mean      sd      2.5%      25%      50%      75%      97.5%      Rhat n.eff
Intercept  0.3063668  0.10576779  0.0985555  0.2364  0.30640  0.376500  0.5142050  1.000894  9000
CoefStem  -0.8971304  0.21612681 -1.3340000 -1.0350 -0.89660 -0.751800 -0.4909975  1.000839  9000
● sd.crown  0.5395886  0.09155096  0.3834975  0.4746  0.53190  0.595225  0.7370200  1.001059  8800
var.crown  0.2995365  0.10402701  0.1470975  0.2253  0.28290  0.354300  0.5432300  1.001059  8800
● sd.stem   0.6822654  0.17420699  0.4067000  0.5596  0.66165  0.780325  1.0820500  1.001365  3800
var.stem   0.4958333  0.26714181  0.1654000  0.3132  0.43780  0.608950  1.1710749  1.001365  3800
deviance  50.7810089  11.04192446  30.8797500  42.9775  50.08500  57.960000  73.9600000  1.000974  9000
```



III.1- 1^{ère} Extension Bayésienne

- Résultat: ... mais cela a peu d'impacts sur les effets des modérateurs

```
> WBout.modref$summary
```

| | mean | sd | 2.5% | 25% | 50% | 75% | 97.5% | Rhat | n.eff |
|-------------|------------|-------------|------------|-----------|---------|-----------|------------|----------|-------|
| ● Intercept | 0.3116017 | 0.10851468 | 0.0994440 | 0.238200 | 0.3116 | 0.383025 | 0.5275175 | 1.001540 | 2800 |
| ● CoefStem | -0.8934742 | 0.19399351 | -1.2780250 | -1.021000 | -0.8925 | -0.763500 | -0.5155825 | 1.001217 | 5200 |
| sd | 0.5645043 | 0.07871662 | 0.4267975 | 0.509775 | 0.5591 | 0.613000 | 0.7331025 | 1.000876 | 9000 |
| var | 0.3248613 | 0.09213497 | 0.1821950 | 0.259875 | 0.3126 | 0.375725 | 0.5374025 | 1.000876 | 9000 |
| deviance | 50.9059467 | 10.80977692 | 31.3100000 | 43.307500 | 50.4800 | 57.800000 | 73.6802500 | 1.001188 | 5600 |

```
> WBout.modref.heterosc$summary
```

| | mean | sd | 2.5% | 25% | 50% | 75% | 97.5% | Rhat | n.eff |
|-------------|------------|-------------|------------|---------|----------|-----------|------------|----------|-------|
| ● Intercept | 0.3063668 | 0.10576779 | 0.0985555 | 0.2364 | 0.30640 | 0.376500 | 0.5142050 | 1.000894 | 9000 |
| ● CoefStem | -0.8971304 | 0.21612681 | -1.3340000 | -1.0350 | -0.89660 | -0.751800 | -0.4909975 | 1.000839 | 9000 |
| sd.crown | 0.5395886 | 0.09155096 | 0.3834975 | 0.4746 | 0.53190 | 0.595225 | 0.7370200 | 1.001059 | 8800 |
| var.crown | 0.2995365 | 0.10402701 | 0.1470975 | 0.2253 | 0.28290 | 0.354300 | 0.5432300 | 1.001059 | 8800 |
| sd.stem | 0.6822654 | 0.17420699 | 0.4067000 | 0.5596 | 0.66165 | 0.780325 | 1.0820500 | 1.001365 | 3800 |
| var.stem | 0.4958333 | 0.26714181 | 0.1654000 | 0.3132 | 0.43780 | 0.608950 | 1.1710749 | 1.001365 | 3800 |
| deviance | 50.7810089 | 11.04192446 | 30.8797500 | 42.9775 | 50.08500 | 57.960000 | 73.9600000 | 1.000974 | 9000 |



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Données/modèle issu de Langridge et al. (In Press) : effets de l'arrêt d'exploitation en forêt sur la richesse spécifique de différents groupes « taxonomiques » :

Métrique de la MA (y): richesse spécifique (non) plus exploité vs toujours exploité (métrique log response ratio)

Variables explicatives/modérateurs (x): règne taxonomique (Plantes, Animaux, Champignons), durée depuis l'arrêt d'exploitation (TSA.UNM) * précipitations annuelles (Prec)



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Caractéristiques de cette méta-analyse avant modélisation :

- attention particulière portée à la **pseudo-réplication** des études => études pseudo-répliquées non prises en compte, changement des N
- attention aux données ne remplissant pas les critères de Lajeunesse (2015) Ecology pour que le **log-response ratio ait un comportement « maîtrisé »**.



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Extension du modèle classique d'hétérogénéité résiduelle :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(\mu[i], \text{var}[i])$$
$$\mu[i] \sim \text{dnorm}(x_b[i], \text{extravar})$$

*NB: notation gaussienne
avec variance comme
second paramètre*

Équivalent à :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(x_b[i], \text{var}[i] + \text{extravar})$$

Donnée: Métrique
moyenne de la MA

Donnée: métrique
variance MA

Estimé: modélisation de
la moyenne

Estimé: variance résiduelle
supplémentaire
(« hétérogénéité
résiduelle »)



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Extension du modèle classique d'hétérogénéité résiduelle :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(xb[i], \text{var}[i] + \text{extravar})$$

- ↪ Ici l'hétérogénéité résiduelle a la forme d'une **addition de variance**
- ↪ **Notion d'hétérogénéité résiduelle additive (c'est la forme a priori exclusive en méta-analyse en écologie)**

III.2- 2nde Extension Bayésienne

Autre forme possible d'hétérogénéité résiduelle :

$$y[i] \sim \text{dnorm}(xb[i], \text{var}[i] * \text{extradisp})$$

- ↪ Ici l'hétérogénéité résiduelle a la forme d'une **multiplication des variances « observées »** par une dispersion supplémentaire
- ↪ Notion d'hétérogénéité résiduelle **multiplicative**

e.g. Mawdsley et al. (2017) *Research Synthesis Methods*



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Par ailleurs, question de savoir si cette dispersion ne concerne que les variances (diagonale de la matrice de variance-covariance => **forme restreinte d'hétérogénéité résiduelle**; forme codée dans metafor) ou aussi les éventuelles covariances (toute la matrice de variance-covariance)



III.2- 2nde Extension Bayésienne

Le meilleur modèle (suivant le Deviance Information Criterion - DIC) dépend de la forme d'hétérogénéité résiduelle :

| | Δ DIC |
|---|--------------|
| Modèle Règne _ hétérogénéité additive | 0,35 |
| Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité additive | 0 |
| Modèle Règne _ hétérogénéité additive restreinte | 2,22 |
| Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité additive restreinte | 3,47 |
| Modèle Règne _ hétérogénéité multiplicative | 8,95 |
| Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité multiplicative | 11,19 |
| Modèle Règne _ hétérogénéité multiplicative restreinte | 7,13 |
| Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité multiplicative restr. | 10,21 |

Meilleur modèle diffère
suivant la forme
d'hétérogénéité résiduelle

*Hétérogénéité résiduelle
additive **non restreinte** :
meilleure capacité
prédictive*

III.2- 2nde Extension Bayésienne

Modèle Règne _ hétérogénéité additive :

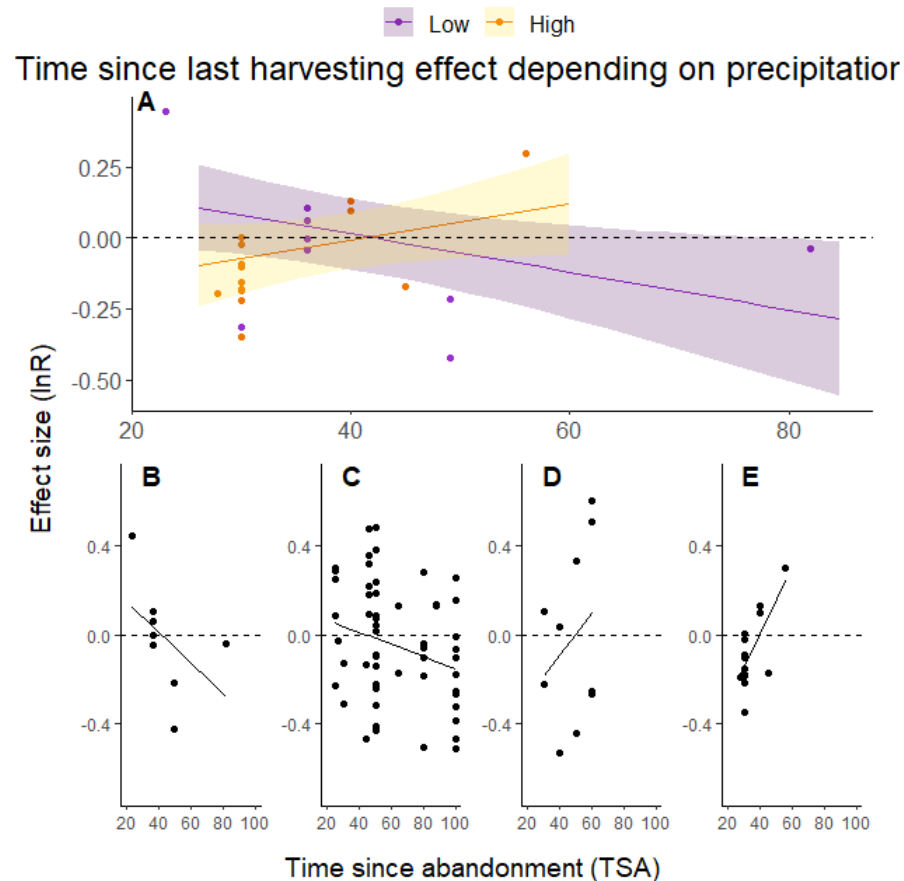
| | estimate | SE | CI.lw | CI.up | p | stars |
|-------------------------|----------|--------|---------|--------|--------|-------|
| coefSilv.KingdomAnimals | 0.0797 | 0.0753 | -0.0712 | 0.2256 | 0.2789 | ns |
| coefSilv.KingdomFungi | 0.1084 | 0.0655 | -0.0211 | 0.2376 | 0.0947 | . |
| coefSilv.KingdomPlants | -0.1491 | 0.0527 | -0.2493 | -0.041 | 0.01 | * |
| sd | 0.2088 | 0.0271 | 0.159 | 0.265 | NA | NA |
| sdPublizione | 0.0933 | 0.0518 | 0.0065 | 0.2015 | NA | NA |

Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité additive:

| | estimate | SE | CI.lw | CI.up | p | stars |
|-------------------------------------|----------|--------|---------|---------|--------|-------|
| coefSilv.KingdomAnimals | 0.0914 | 0.0786 | -0.0607 | 0.2477 | 0.2422 | ns |
| coefSilv.KingdomFungi | 0.1664 | 0.075 | 0.0215 | 0.3129 | 0.0262 | * |
| coefSilv.KingdomPlants | -0.1138 | 0.0547 | -0.2193 | -0.0035 | 0.0442 | * |
| coefSilv.scale(TSA.UNM) | -0.0039 | 0.0419 | -0.084 | 0.0817 | 0.9131 | ns |
| coefSilv.scale(Prec) | 0.0679 | 0.0638 | -0.0569 | 0.1943 | 0.2876 | ns |
| coefSilv.scale(TSA.UNM):scale(Prec) | 0.1356 | 0.0593 | 0.0211 | 0.2549 | 0.0182 | * |
| sd | 0.2032 | 0.0267 | 0.1531 | 0.2576 | NA | NA |
| sdPublizione | 0.0962 | 0.0544 | 0.0062 | 0.2071 | NA | NA |

III.2- 2nde Extension Bayésienne

Modèle Règne+TAS*PREC _ hétérogénéité additive:



I- Modèles statistiques paramétriques fréquentistes et Bayésiens

II- Analyse comparée Bayésienne/fréquentiste de deux modèles de méta-analyse

III- Extensions Bayésiennes de modèles de méta-analyse

IV- Conclusions



IV- Conclusions

* Le cadre Bayésien a un coût (pour la méta-analyse comme pour le reste) :

- demande plus de temps de mise en œuvre sur le plan numérique (codage, temps de calcul, convergence...)

- suivant le contenu et la complexité des modèles, différentes librairies R Bayésiennes fonctionneront plus ou moins bien (ex: jags, Nimble, Greta, Stan)

- la librairie R runMCMCbtadjust simplifie certains de ces points pour jags, Nimble & Greta.



IV- Conclusions

- * Le cadre Bayésien est adapté pour la méta-analyse :
 - très souple pour la formulation du modèle : **permet de nombreuses extensions là où le cadre « metafor » est davantage contraint (autre ex: non-linéarités)**
 - peut permettre de mieux comprendre ce qu'on fait
 - permet de mieux intégrer les différents niveaux d'incertitude
 - permet d'inclure dans l'analyse des connaissances « extérieures » (connaissances préalables...) à l'analyse

Schmid & Mengersen (2013) in: *Handbook of Meta-analysis in Ecology & Evolution*



IV- Conclusions

- * Le cadre Bayésien est adapté pour la méta-analyse :
 - cadre un peu plus naturel pour la critique des modèles
- que le cadre fréquentiste avec des outils comme la sampled posterior p-value (Gosselin 2011, Plos One)
 - permet aussi la comparaison de modèles avec différents outils

