

Application de la méthode à  
un sondage agricole

# Origines des données



- L'enquête RHoMIS comprend plusieurs modules centraux sur les pratiques agricoles, les moyens de subsistance et la sécurité alimentaire.
- Il existe 30 modules facultatifs supplémentaires couvrant une gamme étendue de sujets.
- La durée typique pour compléter l'enquête de base est de 45 minutes.

[Modèle du sondage](#)

# Forme des données

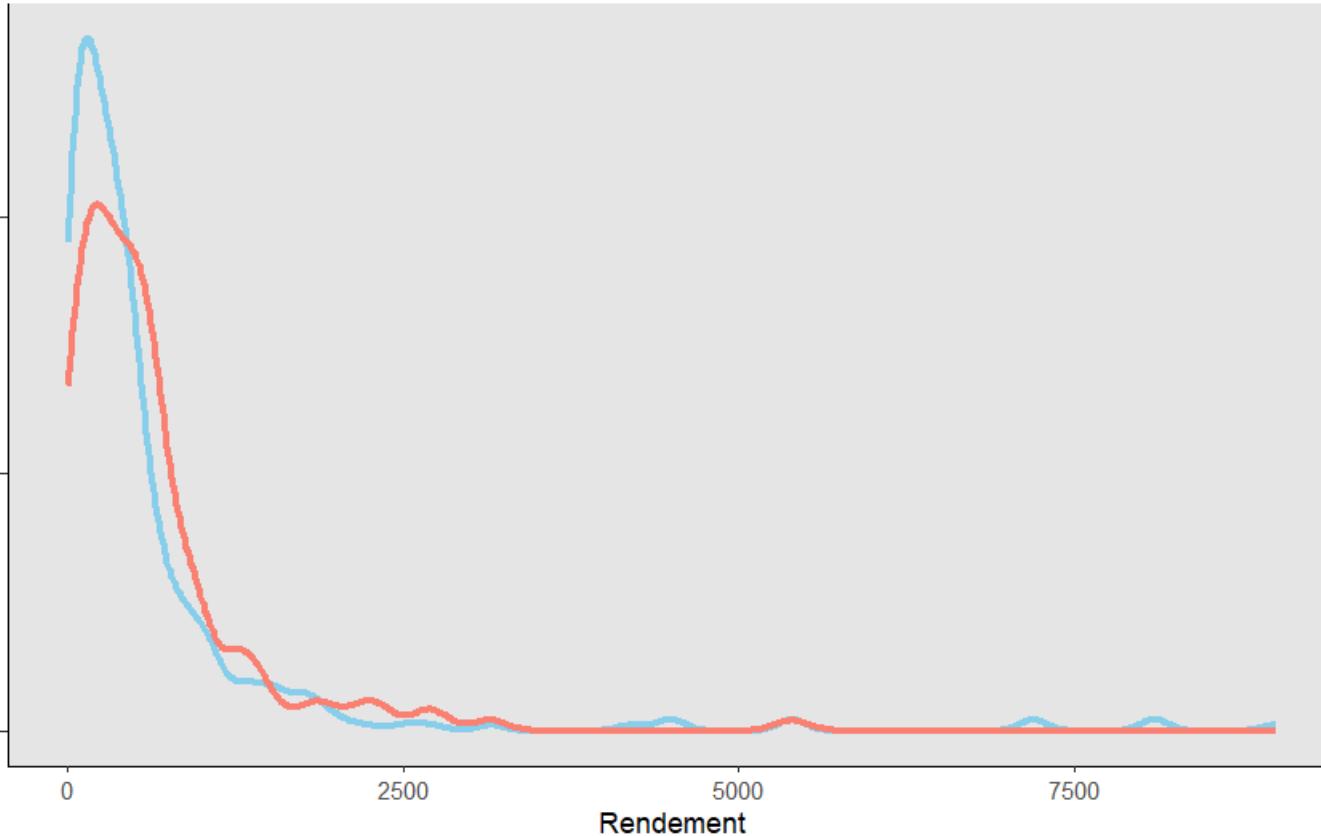
- Au départ :
  - 13310 Observations
  - 758 Variables
- Extraction d'un jeu de données selon deux critères principaux:
  - Culture principale du Maïs
  - Unité de production en Kg
- Après tri :
  - 461 Observations
  - 39 Variables

# Les 39 variables résumées :

- Caractéristiques du foyer :
  - Composition / Niveau éducation
- Exploitation :
  - Surface / Proportion dédiée à la culture principale / Utilité de la culture / Pratiques
- Indicateurs :
  - Accessibilité à la nourriture / Pauvreté / Aides

Quel est l'effet de l'agroforesterie  
sur les rendements ?

# Distributions des rendements selon la pratique de l'agroforesterie

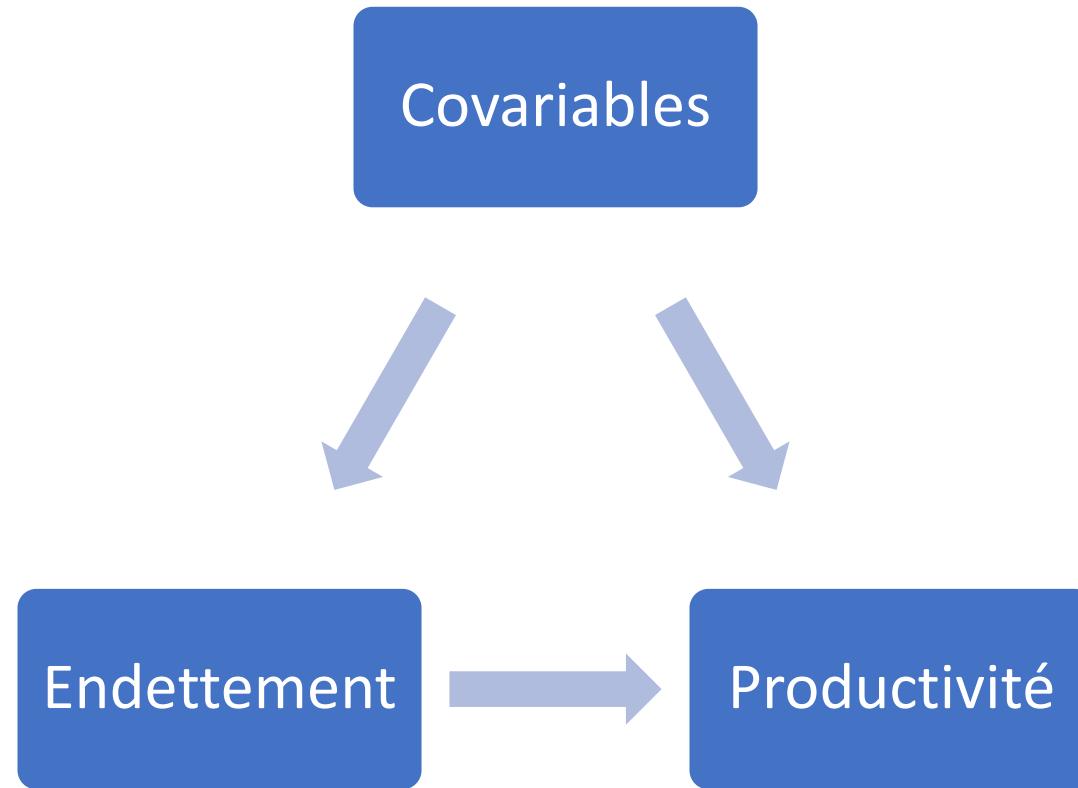


Avec agroforesterie : 140  
Sans agroforesterie : 321  
Total : 461

Welch Two Sample t-test

```
data: dfkg$crop_yield_1[dfkg$agroforestry == "y"] and
dfkg$crop_yield_1[dfkg$agroforestry == "n"]
t = -0.22445, df = 411.26, p-value = 0.8225
alternative hypothesis: true difference in means is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
-194.9208 154.9705
sample estimates:
mean of x mean of y
612.6214 632.5966
```

# Estimation du score de propension

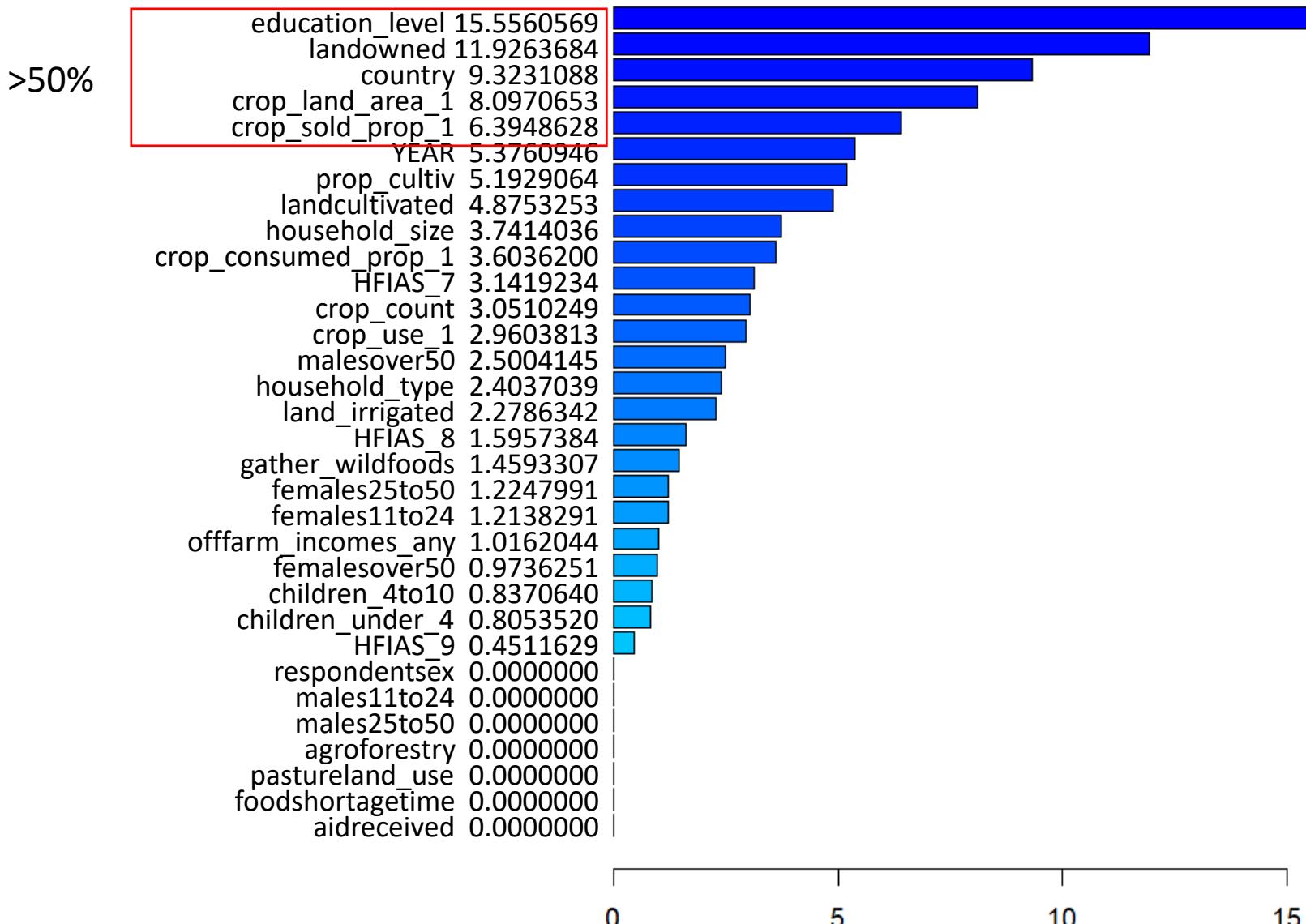


# Estimation du score de propension

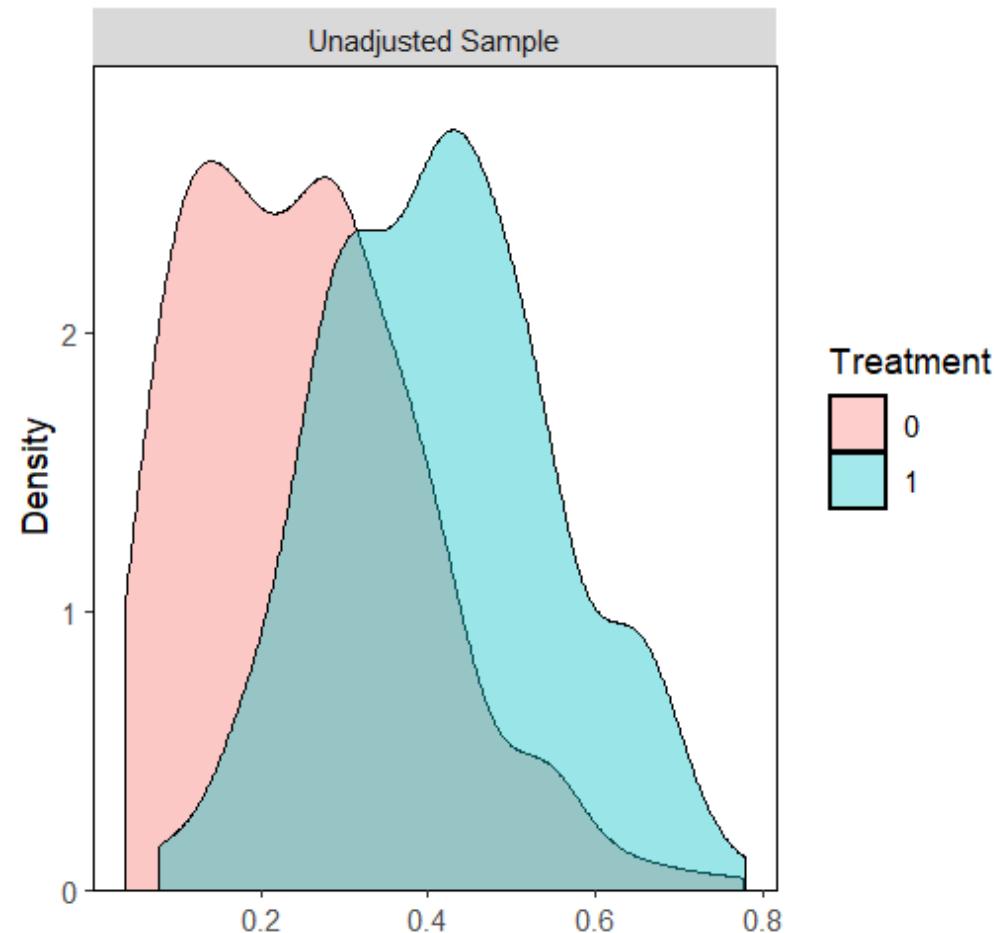
gbm(traitement ~ covariables)

```
treat ~ YEAR + country + respondentsex + household_type +  
education_level + children_under_4 + children_4to10 + males11to24 +  
females11to24 + males25to50 + females25to50 + malesover50 +  
femalesover50 + landcultivated + landowned + crop_count +  
crop_land_area_1 + crop_use_1 + crop_consumed_prop_1 +  
crop_sold_prop_1 + land_irrigated + agroforestry + pastureland_use +  
gather_wildfoods + foodshortagetime + HFIAS_9 + HFIAS_8 + HFIAS_7 +  
aidreceived + offfarm_incomes_any + household_size + prop_cultiv
```

# Contributions au modèle



# Scores estimés



# Appariement

```
Appariement = Match(Y = dfkg$crop_yield_1, Tr = dfkg$treat,  
X = dfkg$pscoregbm,  
estimand = "ATT",  
M = 2, # Nombre de voisins  
caliper = 0.20,  
replace=TRUE,  
ties=FALSE)
```

Estimate... -33.047

SE..... 88.568

T-stat.... -0.37312

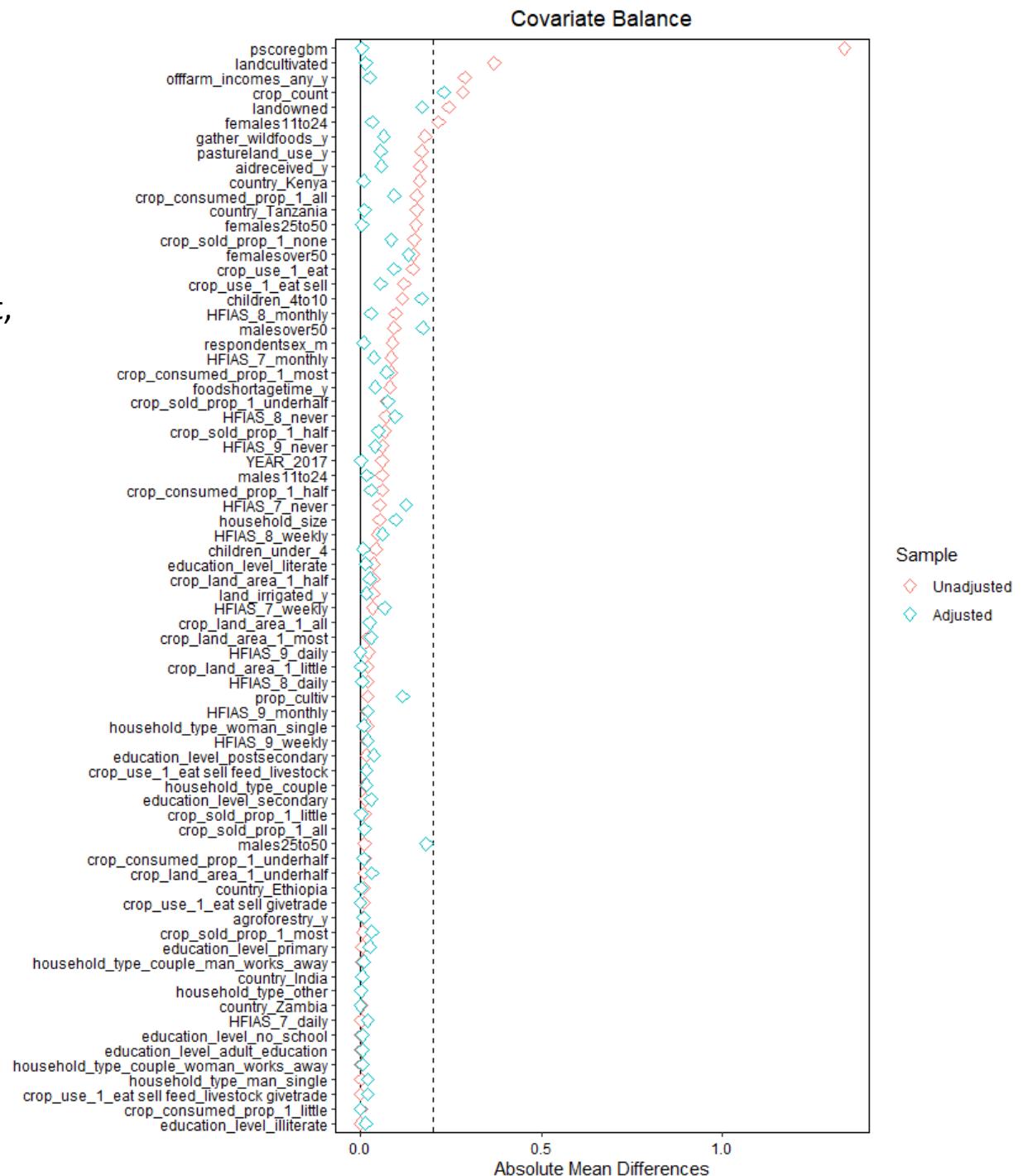
p.val..... 0.70906

Original number of observations..... 461

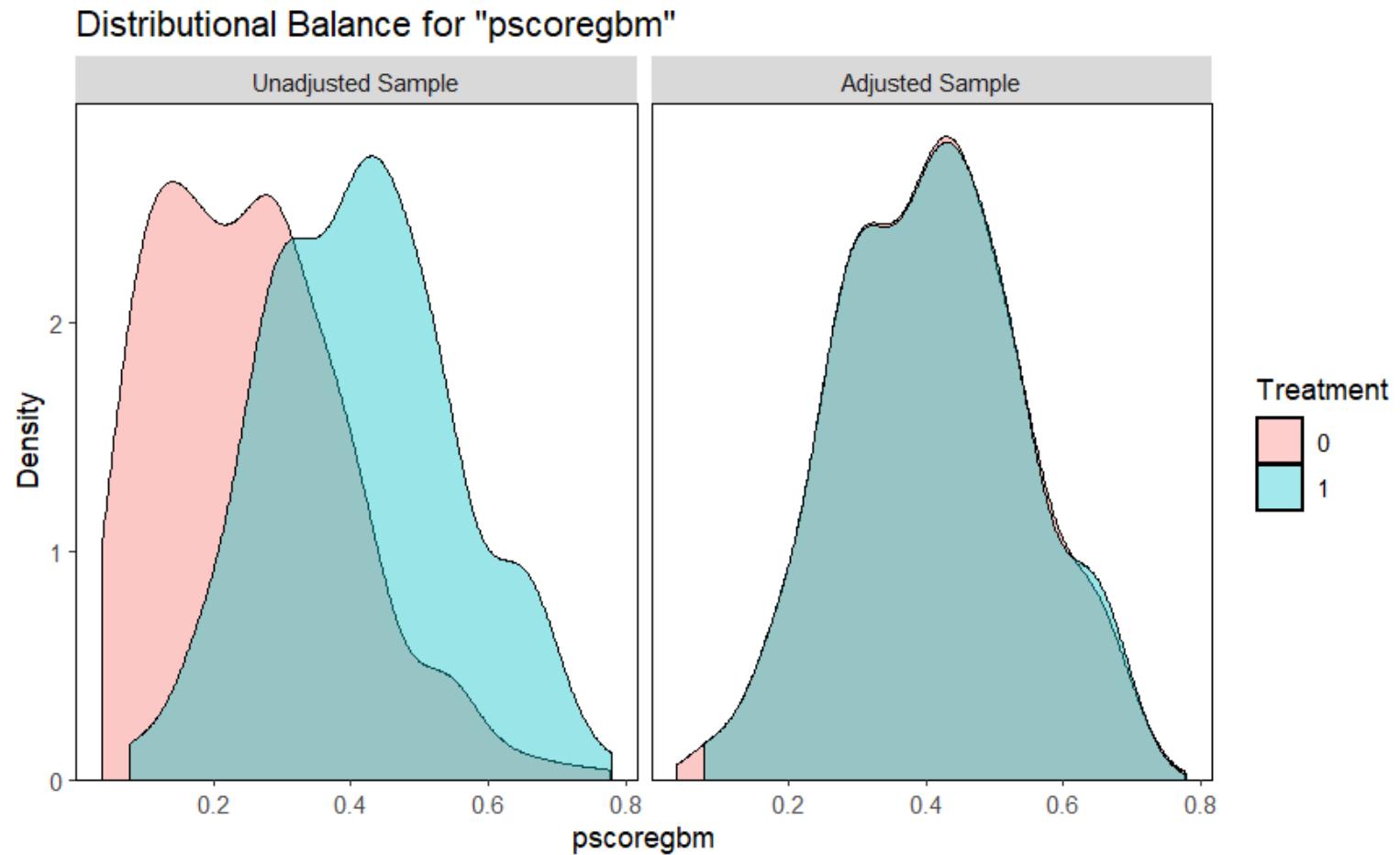
Original number of treated obs..... 175

Matched number of observations..... 171

Matched number of observations (unweighted). 342

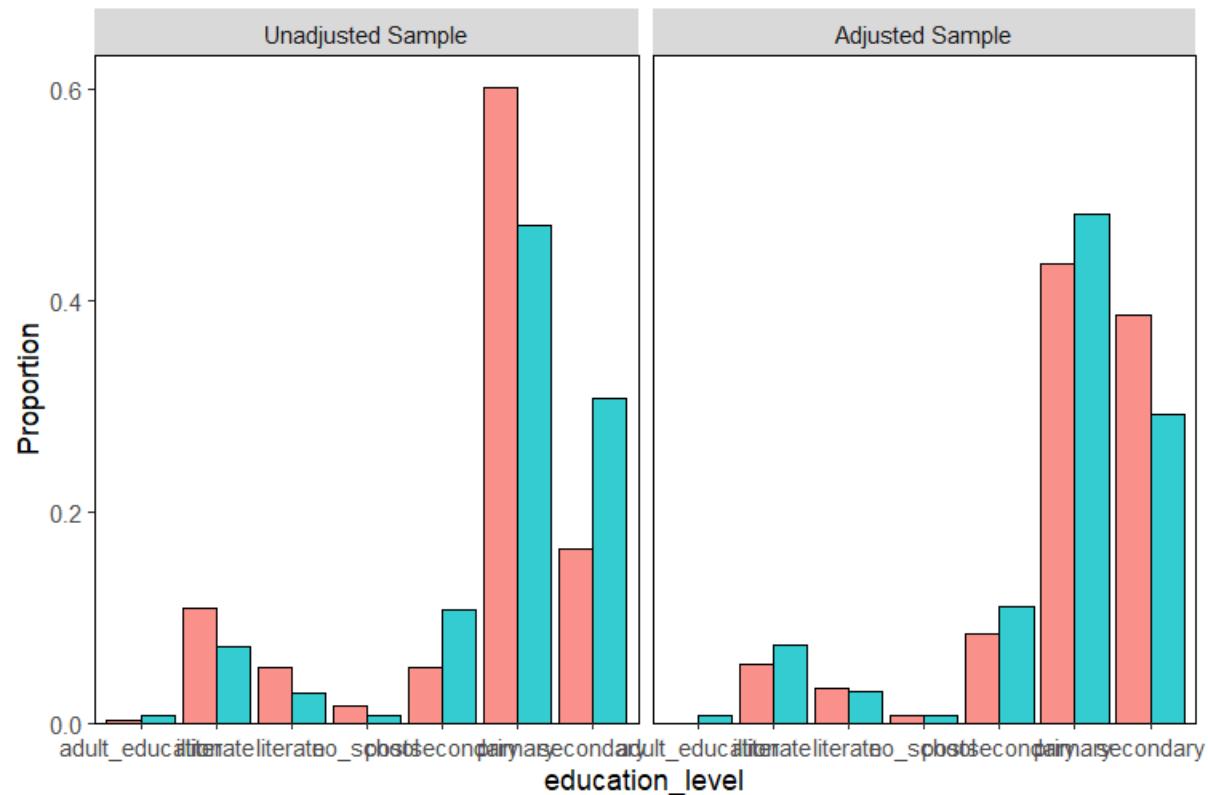


# Distributions des variables les plus représentatives du modèle av/ap ajustement

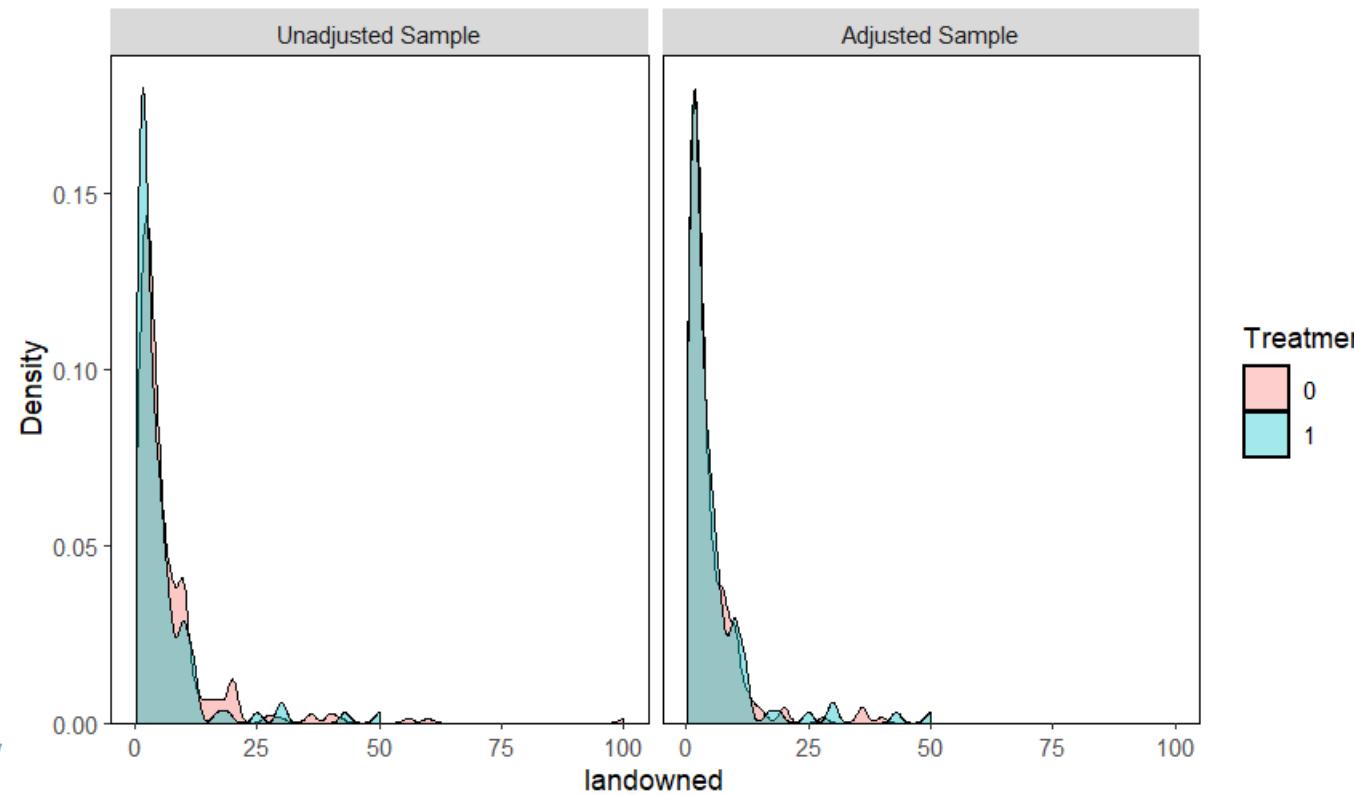


# Distributions des variables les plus représentatives du modèle av/ap ajustement

Distributional Balance for "education\_level"

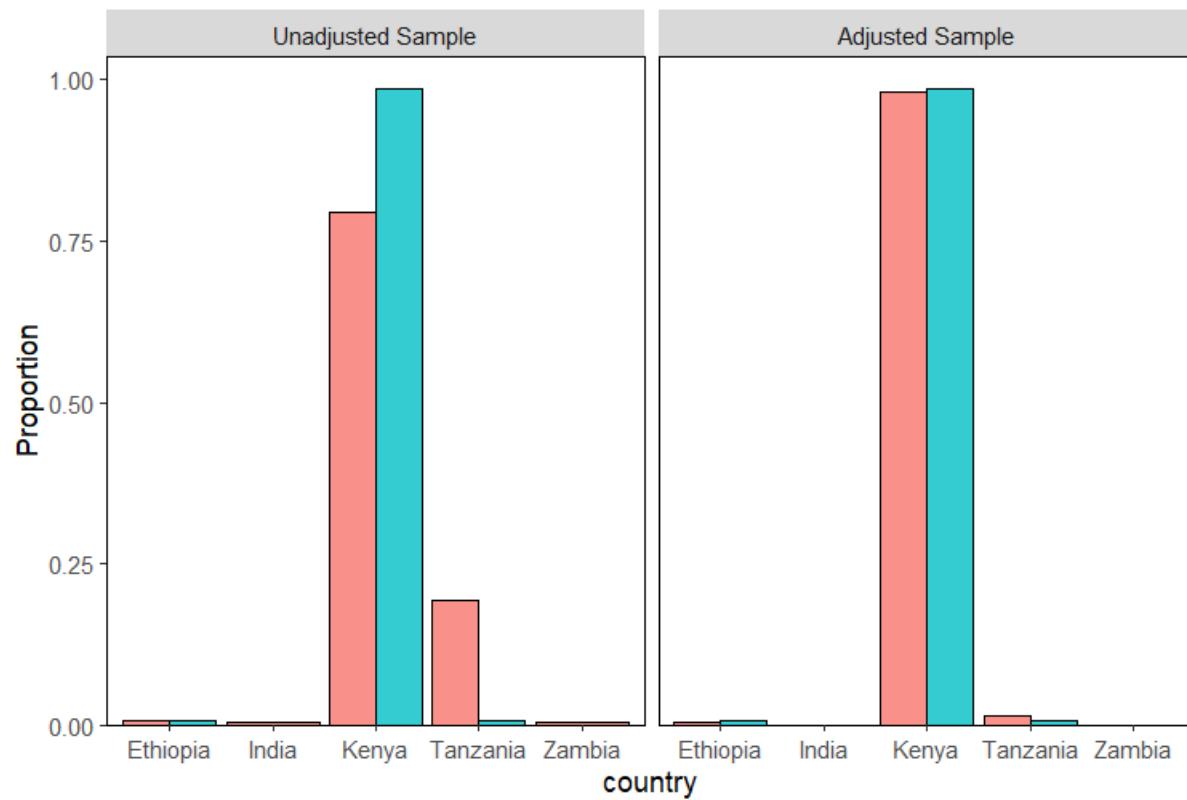


Distributional Balance for "landowned"

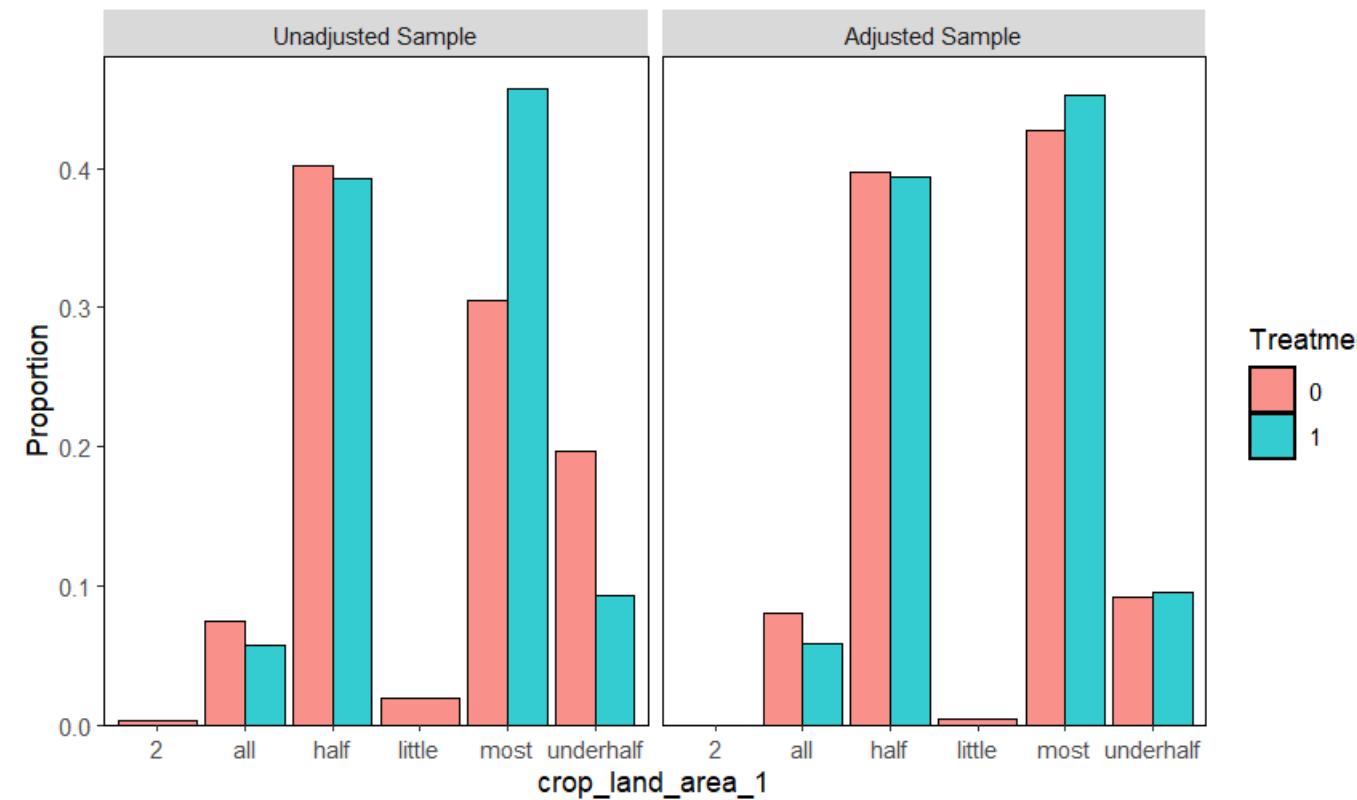


# Distributions des variables les plus représentatives du modèle av/ap ajustement

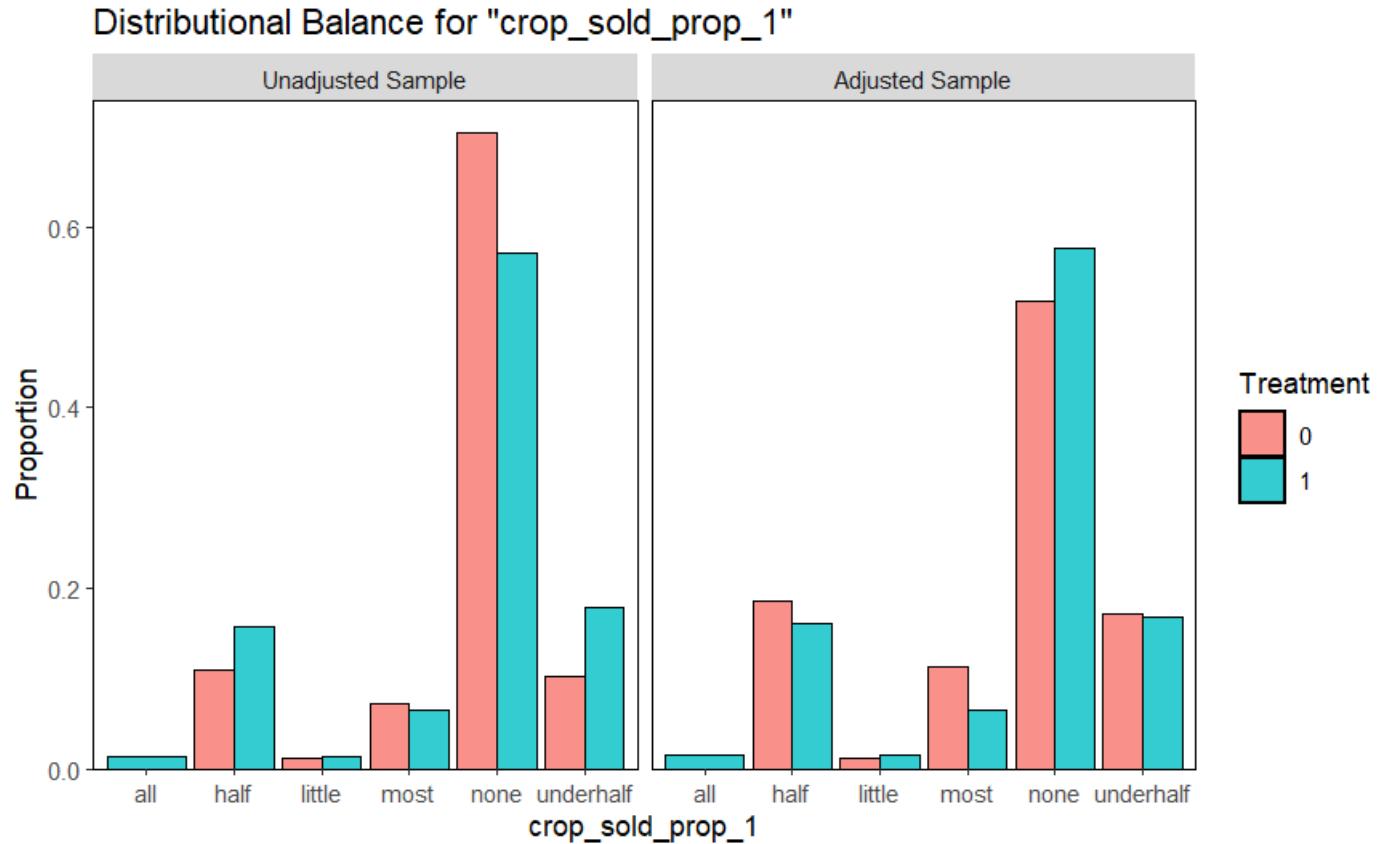
Distributional Balance for "country"



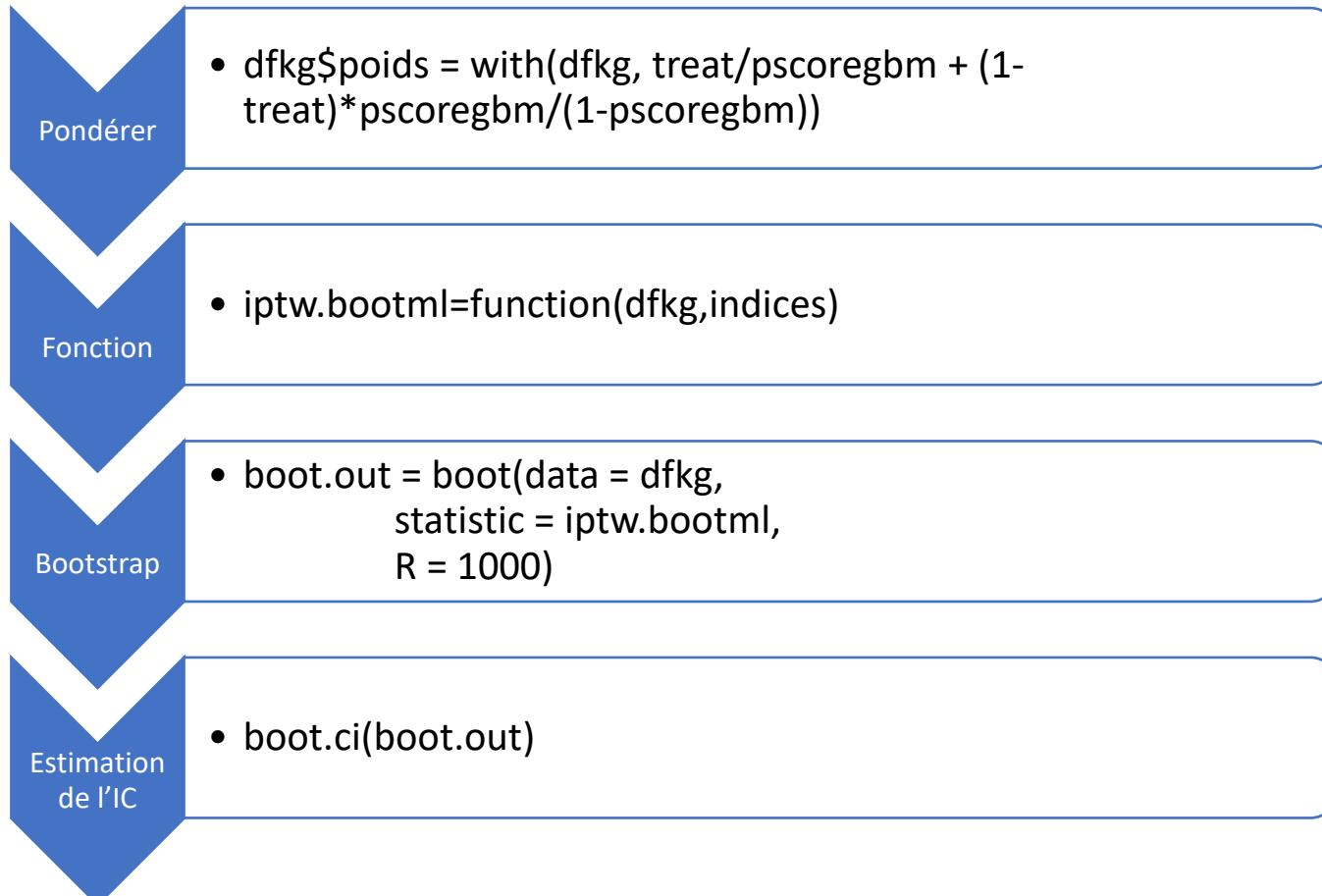
Distributional Balance for "crop\_land\_area\_1"



# Distributions des variables les plus représentatives du modèle av/ap ajustement



# Pondération inverse



# Estimation de l'IC avec Bootstrap

Pondérer

- `dfkg$poids = with(dfkg, treat/pscoregbm + (1-treat)*pscoregbm/(1-pscoregbm))`

Fonction

- `iptw.bootml=function(dfkg,indices)`

Bootstrap

- `boot.out = boot(data = dfkg, statistic = iptw.bootml, R = 2000)`

Estimation  
de l'IC

- `boot.ci(boot.out)`

BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS  
Based on 2000 bootstrap replicates

CALL :

`boot.ci(boot.out = boot.out)`

Intervals :

Level	Normal	Basic	Studentized
95%	(-188.94, 149.34 )	(-189.61, 148.69 )	(-178.83, 174.02 )

Level Percentile BCa

95% (-188.64, 149.66 ) (-188.52, 149.98 )

Calculations and Intervals on Original Scale

# Double robustesse

- Modèle du score de propension
  - `propension = gbm(agroforestry ~ Covariables)`
- Modèle du rendement
  - `model_rendement <- gbm(crop_yield_1 ~ Variables)`
- Dupliques du jeu de données
  - `TreatOui = dfkg ; TreatNon = dfkg`
  - `TreatOui$agroforestry=1 ; TreatNon$agroforestry=0`
- Prédiction des valeurs du modèle et erreurs
  - `TreatOui$yieldpredict = predict(model_rendement, newdata = TreatOui)`
  - `TreatOui$residuals = TreatOui$crop_yield_1 - TreatOui$yieldpredict`
  - `TreatNon$yieldpredict = predict(model_rendement, newdata = TreatNon)`
  - `TreatNon$residuals = TreatNon$crop_yield_1 - TreatNon$yieldpredict`

# Double robustesse

- Estimateur E Y a=1
  - TreatOui\$estimation = with(TreatOui,(yieldpredict + (treat / pscoregbm) \* residuals))
- Estimateur E Y a=0
  - TreatNon\$estimation = with(TreatNon,(yieldpredict + ((1 - treat) / (1 - pscoregbm)) \* residuals))

# Double robustesse

BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS

Based on 2000 bootstrap replicates

CALL :

```
boot.ci(boot.out = boot.out)
```

Intervals :

Level	Normal	Basic
-------	--------	-------

95%	(-143.5, -105.4 )	(-143.2, -104.4 )
-----	-------------------	-------------------

Level	Percentile	BCa
-------	------------	-----

95%	(-122.1, -83.2 )	(-135.4, -105.1 )
-----	------------------	-------------------

Calculations and Intervals on Original Scale

Warning : BCa Intervals used Extreme Quantiles

Some BCa intervals may be unstable

# Comparaison des résultats

- T-test :
  - (-194.92 ; 154.97)
- Appariement :
  - (-203.74 ; 137.65)
- Pondération :
  - (-188.64, 149.66 )
- Double robustesse :
  - (-122.1, -83.2 )

# Validation croisée k-fold

```
# Définition des hyperparamètres à tester
grid <- expand.grid(n.trees = c(100,1000, 2000),
                     shrinkage = c(0.01, 0.05),
                     interaction.depth = c(3,5,7,9,11),
                     n.minobsinnode = c(5,10,20,40))
dfkg$treat = as.factor(dfkg$treat)

# Définition du contrôle de la validation croisée
ctrl <- trainControl(method = "cv", # Méthode de validation croisée
                      number = 10,      # Nombre de folds de la validation croisée
                      verboseIter = TRUE)

# Validation croisée avec caret
metrics = c("Accuracy", "ROC")
cv_results <- train(treat ~  YEAR + country + respondentsex + household_type + edu
                     females11to24 + males25to50 + females25to50 + malesover50 +
                     crop_land_area_1+crop_use_1+
                     crop_consumed_prop_1+crop_sold_prop_1+land_irrigated+agrofor
                     pastureland_use+gather_wildfoods+
                     foodshortagetime+HFIAS_9+HFIAS_8+HFIAS_7+
                     aidreceived+offfarm_incomes_any+household_size+prop_cultiv,
                     data = dfkg,
                     method = "gbm",
                     trControl = ctrl,
                     tuneGrid = grid)

# Affichage des résultats
print(cv_results$results)
cv_results$results[which.max(cv_results$results$Accuracy),]
```

# Rappel

- Estimer le score de propension
  - Régression logistique
  - Machine Learning
- Appariement
  - Vérifier les caractéristiques du nouvel échantillon
- IPTW
  - Pondérer
  - Modèle pondéré du rendement
  - Obtention de l'IC par Bootstrap
- Double robustesse
  - Définir le modèle de rendement
  - Estimer selon les formules
  - Obtenir l'IC par Bootstrap