

Projet HAB904B

Basile Pajot (DARWIN), Marion Themeze-Leroy (ECOSYSTEMES),

2023-12-20

Contents

1	Lecture et exploration des données	1
1.1	La variable à expliquer	1
1.2	Les variables explicatives	1
1.3	Exploration des données	2
2	Ajustement d'un modèle simple	3
3	Comparaison de modèles	4
4	Inférence et interprétation des résultats	4
5	Discussion	4

1 Lecture et exploration des données

1.1 La variable à expliquer

La variable d'intérêt à expliquer, est **Shells**, soit le nombre de carapaces de tortues récentes trouvées lors des relevés sur le terrain. Cette variable est un proxy pour estimer le nombre de tortues mortes d'une année sur l'autre.

1.2 Les variables explicatives

- **Prev** est une variable explicative qualitative qui correspond à la prévalence pour *Mycoplasma agassizii*, soit le rapport entre le nombre de tortues séropositives sur l'effectif total de tortues par année pour chaque site.
- **Site** est une variable qualitative qui correspond au site d'étude où ont été faits les relevés. Elle a 10 modalités : le parc national *Big Shoals (BS)*, l'aire de gestion de la faune sauvage *Camp Blanding (CB)*, l'aire de gestion de la faune sauvage et de l'environnement *Cecil Field/Branan Field (CF)*, une *propriété privé en Floride centrale (CE)*, le parc national *Fort Cooper (FC)*, l'aire de gestion de la faune sauvage *Flying Eagle (FE)*, le parc national *Gold Head Branch (GH)*, l'aire de gestion de la faune sauvage et de l'environnement *Perry Oldenburg (OL)*, la station biologique *Ordway-Swisher (OR)*, l'aire de gestion de la pêche *Tenoroc Fish (TE)*.

- **Area** est une variable quantitative qui correspond à l'aire couverte par site lors des relevés.
- **Year** est une variable qualitative qui correspond à l'année pour laquelle les relevés ont été faits. Elle a 3 modalités : 2004, 2005, 2006.

1.3 Exploration des données

Lisez les données, et assurez vous que les variables sont au bon format. Calculez des statistiques descriptives des données, et proposez des visualisations graphiques. Commentez ce que vous retenez de l'exploration des données.

#Tableau de statistiques descriptives à faire

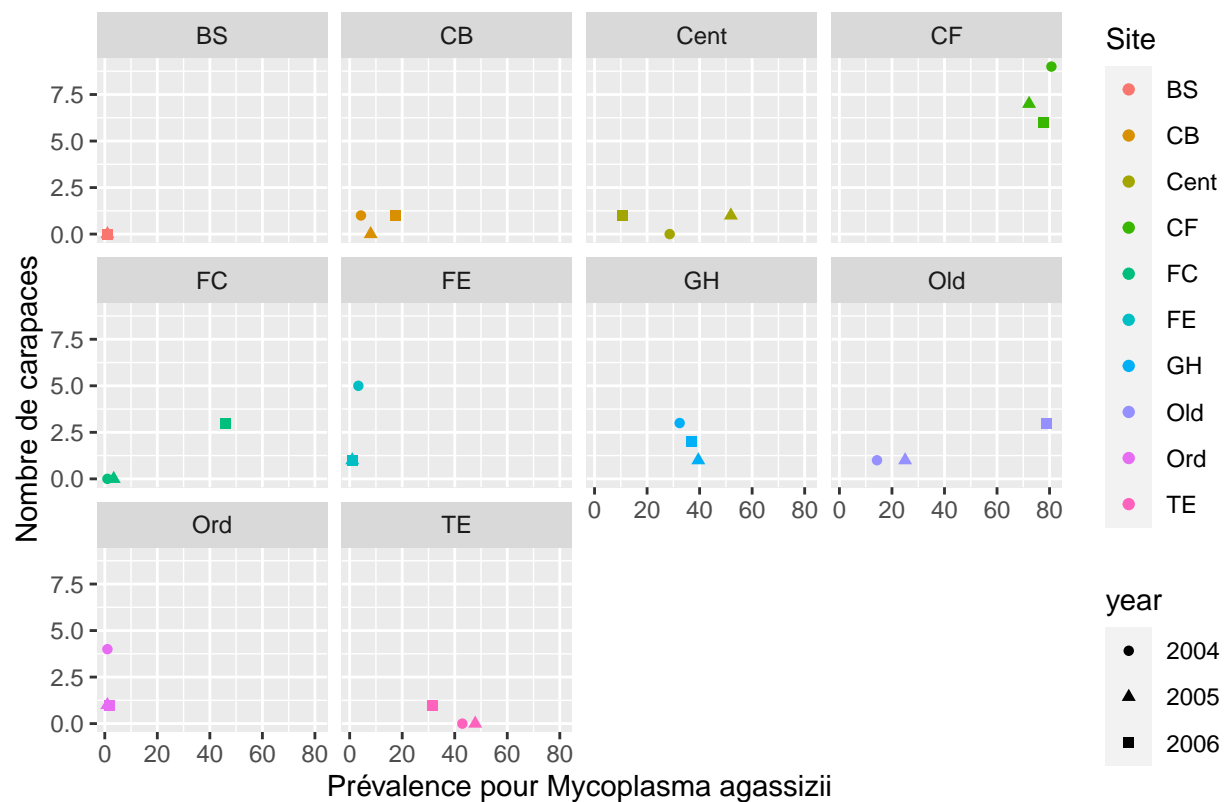


Figure 1 : Le nombre de carapaces en fonction de la prevalence par site par année

La figure 1 donne plusieurs informations sur notre jeu de données.

Tout d'abord, le nombre de carapaces récentes trouvées varie ou non en fonction des années et cette variation n'est pas la même en fonction des sites. Le nombre de carapaces récentes par rapport à l'année précédente reste constante, augmente ou diminue. Cette variation peut être globale sur les trois années d'étude (diminution du nombre de carapaces pour le site CF) ou changer (diminution puis augmentation pour le site CB).

Ensuite, la prévalence en fonction des sites peut également varier en fonction des années. Pareillement, cette variation n'est pas la même en fonction des sites. La prévalence reste constante, augmente ou diminue. La variation peut être globale sur les trois années d'étude (diminution du nombre de carapaces pour le site CF) ou changer (diminution puis augmentation pour le site CB). Lorsque la prévalence augmente d'une année à l'autre $prev[n] < prev[n+1]$, le nombre de carapaces récentes trouvées l'année suivante augmente $shells[n+2] > shells[n+1]$ (sites CB, OLD), et inversement (sites CF). Ainsi, les variations du nombre de carapaces récentes trouvées pourrait être expliquée par les variations de la prévalence. Nous remarquons

également que certains sites ont de faibles prévalences (BS, Ord, FE) quelque soit l'année et d'autres des prévalences élevées (CF, GH, TE). Ainsi, nous pourrions séparer les sites en deux catégories, ceux à faible ou forte prévalence. Cette variables sera donc traitée de deux manières : de manière continue et de manière discontinue avec deux catégories : - faible prévalence (0) : $Prev < 0.25$ - haute prévalence (1) : $Prev > 0.25$

Nous allons donc essayer de déterminer si la prévalence et l'année permettent d'expliquer les variations du nombre de carapaces. Nous avons vu que la prévalence et le nombre de carapaces trouvées diffère entre les sites et entre les années. Afin de pouvoir nous concentrer sur l'effet de la prévalence, nous allons mettre un effet aléatoire sur la variable **Site**. Nous pourrions faire de même pour la variable **Année** mais par souci de simplification, nous allons garder cette variable en effet fixe.

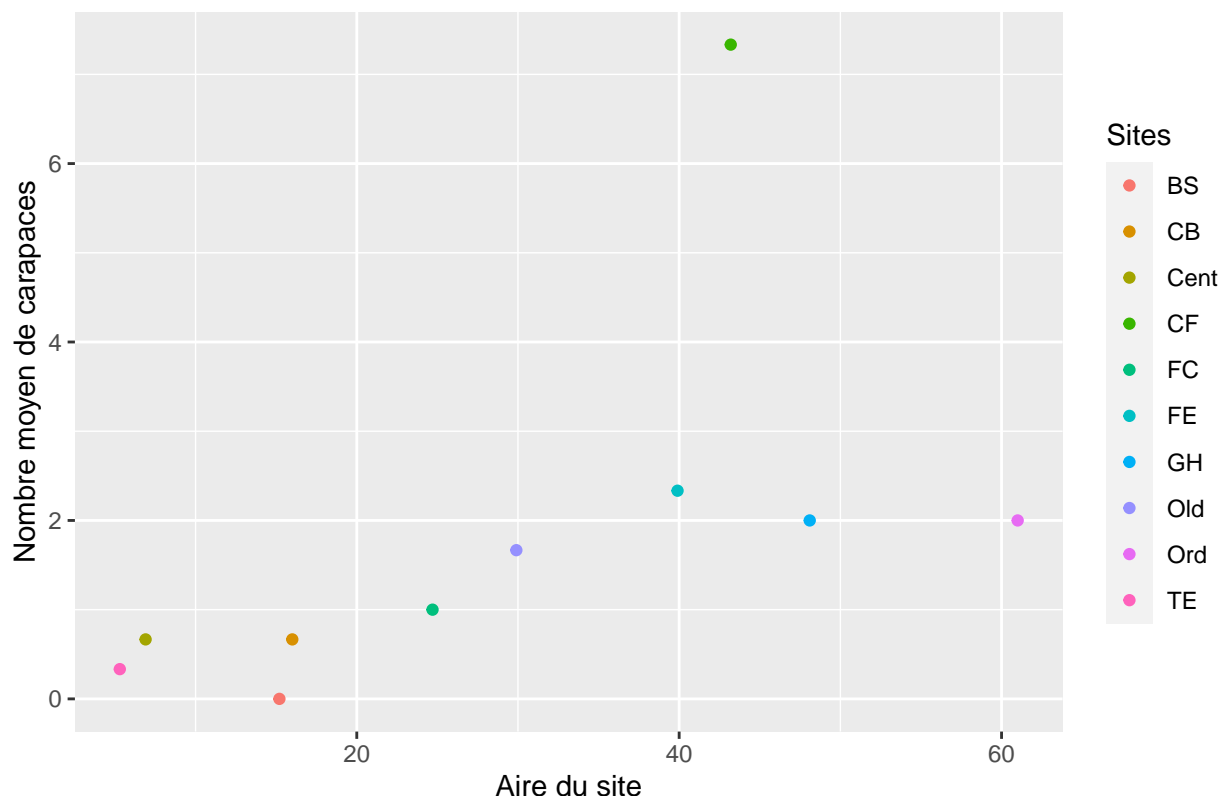


Figure 2 : Le nombre moyen de carapaces en fonction de l'aire du site d'étude

Les sites n'ont pas tous la même aire et il semble qu'un plus grand nombre de carapces sont trouvés sur les sites avec une plus grande aire. Afin de pourvoir comparer les sites entre eux, nous allons prendre le rapport entre le nombre de carapaces trouvées par site et l'aire du site.

D'après les observations faites précédemment, nous souhaitons donc déterminer si : - le nombre de carapaces récentes trouvées est corrélée avec la prevalence pour *Mycoplasma agassizii* pour une année donnée. - le nombre de carapces récentes trouvées est plus grand dans les sites à haute prévalence par rapport aux sites à basse prévalence.

2 Ajustement d'un modèle simple

Une analyse statistique passe toujours par l'ajustement d'un premier modèle simple. Commencez par décrire le modèle qui vous semble pertinent pour répondre à une des questions traitées dans l'article, en vous aidant d'équations ou pas, et en justifiant son utilisation. Rappelez les hypothèses sur lesquelles repose le modèle. Notez qu'il ne vous est pas demandé de vérifier la validité de ces hypothèses (l'analyse des résidus). Vous

pouvez ignorer les effets aléatoires sur les pentes (slopes) et ne considérer que des modèles avec un effet aléatoire sur l'ordonnée à l'origine (intercept).

Y_{ijk}

μ_0 l'intercept moyen

μ_1 la pente moyenne

α_i effet spécifique dû à la modalité i du facteur D β_j effet spécifique dû à la modalité j du facteur C γ_i terme correctif de la pente, associé à la modalité i du facteur B δ_j terme correctif de la pente, associé à la modalité j du facteur A U_{0k} l'écart de l'intercept pour le même X par rapport à l'intercept moyen

ϵ_{ijkl} erreur résiduelle

$$Y_{ijkl} = \mu_0 + \mu_1 * Time_{kl} + \alpha_i + \beta_j + \gamma_i * Time_{il} + \delta_j * Time_{jl} + U_{0k} + \epsilon_{ijkl} \quad i = 1, 2, 3, j = 1, 2, 3, k = 1, \dots, 20$$

3 Comparaison de modèles

En vous aidant de l'article, formez quelques hypothèses et construisez les modèles correspondant. Ajustez et comparez ces modèles pour déterminer l'hypothèse la mieux supportée par les données. N'oubliez de standardiser les variables explicatives continues avec la fonction `scale()` de R par exemple. Dans le cas d'une variable année, la standardisation est un peu différente, n'utilisez pas la fonction `scale()`. Si `year <- c(2006, 2007, ... 2021)` par exemple, utilisez simplement la variable `year - 2005` qui vaut (1, 2, ... 16) pour avoir toujours une variable entière, mais qui commence à 1 et ne prend plus de grandes valeurs.

Le modèle null : pas de covariable, pas d'effet aléatoire
Modèle où on ajoute les effets aléatoires
Modèle avec les covariables explicatives : une, l'autre, les deux
Eventuellement tester une interaction si elle est pertinente
Partir directement avec les effets aléatoires (prendre en compte la structuration des données)

4 Inférence et interprétation des résultats

Sur la base du meilleur modèle, donnez les estimations des paramètres ainsi qu'une mesure de l'incertitude associée. Interprétez vos résultats.

5 Discussion

Comparez vos résultats à ceux du papier. Sont-ils semblables ou différents? Pourquoi selon vous? Si cela vous semble pertinent, proposez des pistes d'amélioration de l'analyse.