# Science des données : module 10



#### Philippe Grosjean & Guyliann Engels

Université de Mons, Belgique Laboratoire d'Écologie numérique des Milieux aquatiques



 $\label{eq:http://biodatascience-course.sciviews.org} $$ sdd@sciviews.org $$$ 



## Objectifs du cours

- Se rappeler le principe de l'ANOVA à 1 facteur
- Etendre à un modèle à 2 facteurs
- Déterminer les différents types de modèes à 2 facteurs et choisir l'analyse correspondante



## ANOVA à un facteur - Rappel 1

- Les tests de Student sont limités à la comparaison de **deux** variables quantitatives (deux échantillons indépendants).
- Comment comparer les moyennes de plus de deux échantillons simultanément ?
- En faisant autant de tests de Student qu'il y a de couples de moyennes à comparer, le risque de se tromper dans au moins une de ces comparaisons vaut :

échantillons	2	3	4	6	8	10
risque $\alpha = 5\%$	5%	12%	20%	37%	51%	63%

=> Il faut travailler différemment : ANOVA (ANalysis Of VAriance)



# ANOVA à un facteur - Rappel 2

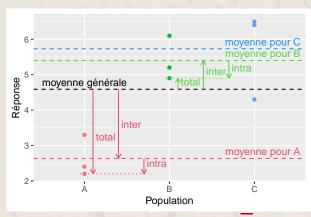
■ Hypothèses:

$$\mathbf{H}_0: \mu_1 = \mu_2 = \ldots = \mu_p$$

 $\mathbf{H}_1:$  au moins une moyenne est différente

 Décomposition de la variance

Comme pour la variance, les parts de variance *inter* et *intra* se calculent par la somme des carrés des distances divisées par les ddl.



#### ANOVA à un facteur - Rappel 3

Calcul des sommes des carrés (inter- et intragroupes)

i= indice des observations au sein du jeu de données de 1 à n, j= facteurs (sous-populations de 1 à p),  $\bar{y_j}=$  moyenne de la  $j^{\rm ème}$  population:

$$S_{inter} = \sum_{i=1}^n{(\bar{y_j} - \bar{y})^2} \quad S_{intra} = \sum_{i=1}^n{(y_{ij} - \bar{y_j})^2} \label{eq:sinter}$$

- Association du nombre de degrés de liberté :
  - p-1 pour l'intergroupe
  - n p pour l'intragroupe
- Construction du tableau de l'ANOVA :

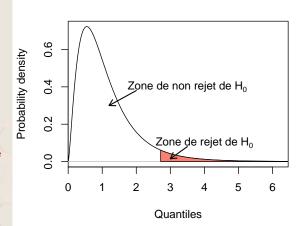
Type	Ddl	Somme carrés	Carré moyen ( $CM$ )	Statistique $F_{\rm obs}$	P (>
Inter (facteur) Intra (résidus)	-	$S_{inter} \\ S_{intra}$	$S_{inter}/ddl_{inter} \ S_{intra}/ddl_{intra}$	$CM_{inter}/CM_{intra}$	- X

lacktriangle Calcul de la statistique  $F_{
m obs}$  comme le rapport des carrés moyens lacktriangle

## La distribution F - Rappel

 Distribution asymétrique, n'admettant que des valeurs nulles ou positives.

La zone de rejet a une aire égale au seuil  $\alpha$  choisi Il suffit de positionner la valeur de  $F_{\rm obs}$  sur le graphe pour savoir où l'on se situe



**Deux paramètres :** les degrés de liberté au numérateur et au dénominateur (ici =  $ddl_{inter}$  et  $ddl_{inter}$ , respectivement).

## ANOVA à un facteur - Conditions d'application

■ Modèle correspondant :

$$y_{ij} = \mu + \tau_j + \epsilon_{ij}$$

avec :  $\tau_j = \text{cste et } \epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma) = \text{r\'esidus (residuals)}$ 

- Conditions d'application du test :
  - échantillon aléatoire,
  - observations indépendantes,
  - variable réponse quantitative,
  - une variable explicative qualitative à 3 niveaux ou plus,
  - distribution normale des résidus,
  - homoscédasticité (même variance intragroupes, homoscedasticity en anglais opposé
    à hétéroscédasticité = variance différente entre les groupes).

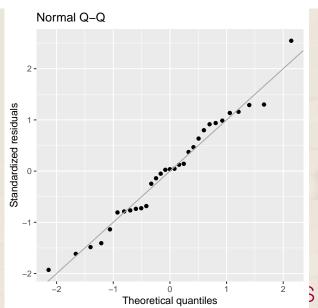


#### Vérification de la normalité des résidus

- Résidus =  $y_i j \bar{y_i}$
- Graphe

# quantile-quantile

Si les points s'alignent le long d'une droite, les quantiles respectifs correspondent => la distribution observée se conforme à la distribution théorique



#### Test de l'homoscédasticité

Différents tests d'hypothèse existent (Batlett, Levene, etc.).

Les hypothèses sont :

 $H_0$ : homoscédasticité =>  $var_1 = var_2 = ... = var_p$ 

H<sub>1</sub>: hétéroscédasticité => au moins une variance différente



## Rejet de $H_0$ - Tests de comparaisons multiples

- Si  $H_0$  n'est pas rejetée, pas de problèmes, on considère que les moyennes ne sont pas significativement différentes les unes des autres au seuil  $\alpha$
- Si, par contre, H<sub>0</sub> est rejetée, nous ne savons pas encore quelle(s) moyenne(s) est(sont) différente(s) des autres. Pour cela, il faut encore réaliser une comparaison multiple des moyennes (dit aussi test post hoc, car il doit nécessairement être précédé de l'ANOVA).
  - Le test le plus simple est celui de Bonferroni. Il consiste à effectuer des tests de Student 2 à 2, mais en apportant une correction au seuil  $\alpha$  utilisé par chaque test individuel.
  - Le test de Sheffé est une alternative, mais très conservatif (et peu utilisé)
  - Le meilleur test est celui de Tukey (implémenté dans R).
  - Pour mémoire : pour des comparaisons à un témoin, on peut utiliser le test de Dunnet (pas dans R).



#### ANOVA à un facteur - Démonstration

■ Iris, étude de la longueur des pétales en fonction de l'espèce.

Résolution de l'exemple dans R (démo...).

Pour mémoire : dans R, le modèle de l'ANOVA à un facteur s'écrit :

Reponse  $\sim$  Facteur

 Attention aux tranformations éventuellement nécessaires pour l'homoscédasticité et la distribution normale des résidus!



#### ANOVA à deux facteurs

- Extrêmement varié: de nombreux modèles différents existent (facteurs fixes ou aléatoires, plan balancé ou non, avec ou sans réplicas, facteurs imbriqués, etc.)
- Expérience/analyse factorielle (factorial analysis). Permet plus que de tester deux facteurs simultanément : permet aussi de déterminer s'il y a des interactions entre les deux facteurs (variations différentes du facteur B pour les différents niveaux du facteur A).
- $\blacksquare$  Exemple d'un jeu de données connu : ToothGrowth => facteur A = substitut alimentaire, facteur B = dose.
- Distinction entre plan balancé et non balancé : le plan balancé est à la fois plus puissant et plus facile à calculer. Donc, il vaut mieux essayer d'obtenir le même nombre d'observations par niveau, autant que possible.

#### Attention

Il faut des vrais réplicas pas des pseudo-réplicas!



## ANOVA à deux facteurs croisés sans réplicas

- Le manque de réplicas ne nous permet pas d'étudier les interactions entre les deux facteurs... nous devons considérer ici qu'elles n'existent pas (mais l'analyse sera incorrecte si cette hypothèse est fausse)!
- $y_{ijk} = \mu + \tau_{1j} + \tau_{2k} + \epsilon_{ijk}$
- $\bullet$   $\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma) = \text{r\'esidus (residuals)}$
- Dans R, le modèle s'écrit :

Reponse  $\sim$  Facteur1 + Facteur2



## ANOVA à deux facteurs croisés sans réplicas - Exemple

Rendement de blé (tonnes/ha) : 4 variétés testés dans 3 fermes :

	Variété A	Variété B	Variété C	Variété D
Ferme X	0.327	0.500	0.442	0.471
Ferme Y	0.532	0.599	0.516	0.638
Ferme Z	0.269	0.308	0.241	0.305



## ANOVA à deux facteurs croisés avec réplicas

- Cette fois-ci, on peut étudier les interactions
- $y_{ijk} = \mu + \tau_{1j} + \tau_{2k} + \tau_{1j} \cdot \tau_{2k} + \epsilon_{ijk}$
- $\bullet$   $\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma) = \text{résidus (residuals)}$
- Dans R, le modèle s'écrit :

Reponse  $\sim$  Facteur1 + Facteur2 + Facteur1 : Facteur2

ou en abbrégé :

Reponse  $\sim$  Facteur1 \* Facteur2



#### ANOVA à deux facteurs croisés avec réplicas - Exemple

Rendement de blé (tonnes/ha) : 4 variétés testés dans 3 fermes :

	Variété A	Variété B	Variété C	Variété D
Ferme X	0.327	0.500	0.442	0.471
	0.280	0.510	0.463	0.460
Ferme Y	0.532	0.599	0.516	0.638
	0.526	0.637	0.499	0.655
Ferme Z	0.269	0.308	0.241	0.305
	0.277	0.286	0.228	0.314



#### ANOVA à deux facteurs hiérarchisés

- Un facteur est imbriqué dans l'autre (hierarchically nested factor)
- $y_{ijk} = \mu + \tau_{1j} + \tau_{2k}(\tau_{1j}) + \epsilon_{ijk}$
- $\bullet$   $\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma) = \text{résidus (residuals)}$
- Dans R, le modèle s'écrit :

Reponse ~ Facteur1 + Facteur2 %in% Facteur1



#### ANOVA à deux facteurs hiérarchisés - Exemple

 Mesures de contamination bactérienne de différentes eaux par différents étudiants (un étudiant mesure une seule eau 3 fois) :

Eaux	Mesure 1	Mesure 2
Egout	(ét. A) 2700 / 2800 / 1700	(ét. B) 2600 / 3000 / 3200
Polluée	(ét. C) 52 / 49 / 61	(ét. D) 68 / 75 / 83
Propre	(ét. E) 5.9 / 7.6 / 16.0	(ét. F) 5.6 / 5.9 / 6.3

