Science des données : module 11

ANOVA à 2 facteurs

Philippe Grosjean & Guyliann Engels

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

http://biodatascience-course.sciviews.org
sdd@sciviews.org

UMONS

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

UMONS

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)

UMONS

ANOVA à un facteur - Rappel 2

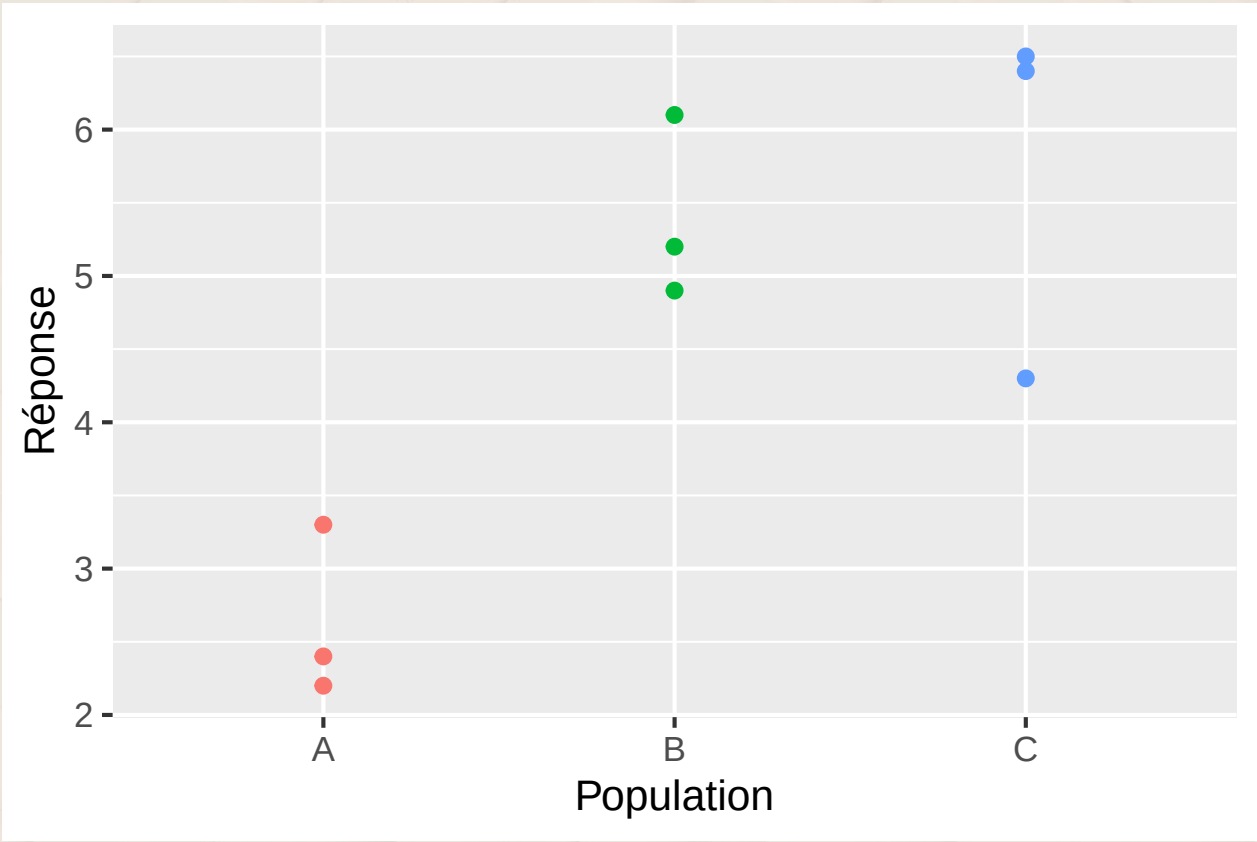
- Hypothèses:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = ... = \mu_p$$

$$H_1 : \text{au moins une moyenne est différente}$$

- 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 $j^{\text{ème}}$ population:

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

- 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_{obs}	P (>
Inter (facteur)	p - 1	S_{inter}	S_{inter}/ddl_{inter}	CM_{inter}/CM_{intra}	...
Intra (résidus)	n - p	S_{intra}	S_{intra}/ddl_{intra}		

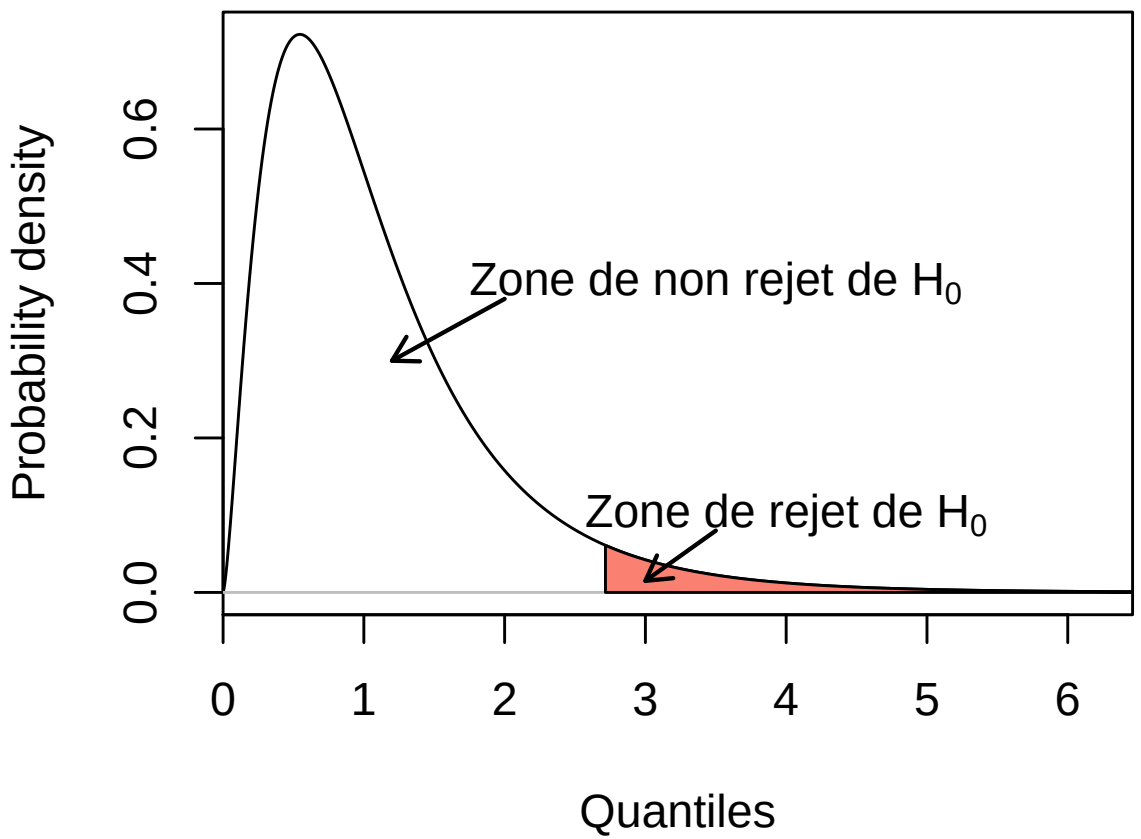
- Calcul de la **statistique F_{obs} comme le rapport des carrés moyens.**

UMONS

La distribution F - Rappel

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

La zone de rejet a une aire égale au seuil α choisi
Il suffit de positionner la valeur de F_{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_{intra}, respectivement).

UMONS

ANOVA à un facteur - Conditions d'application

- Modèle correspondant :

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

avec : τ_j = cste et $\epsilon_{ij} \sim \mathrm{N}(0, \sigma)$ = résidus (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).

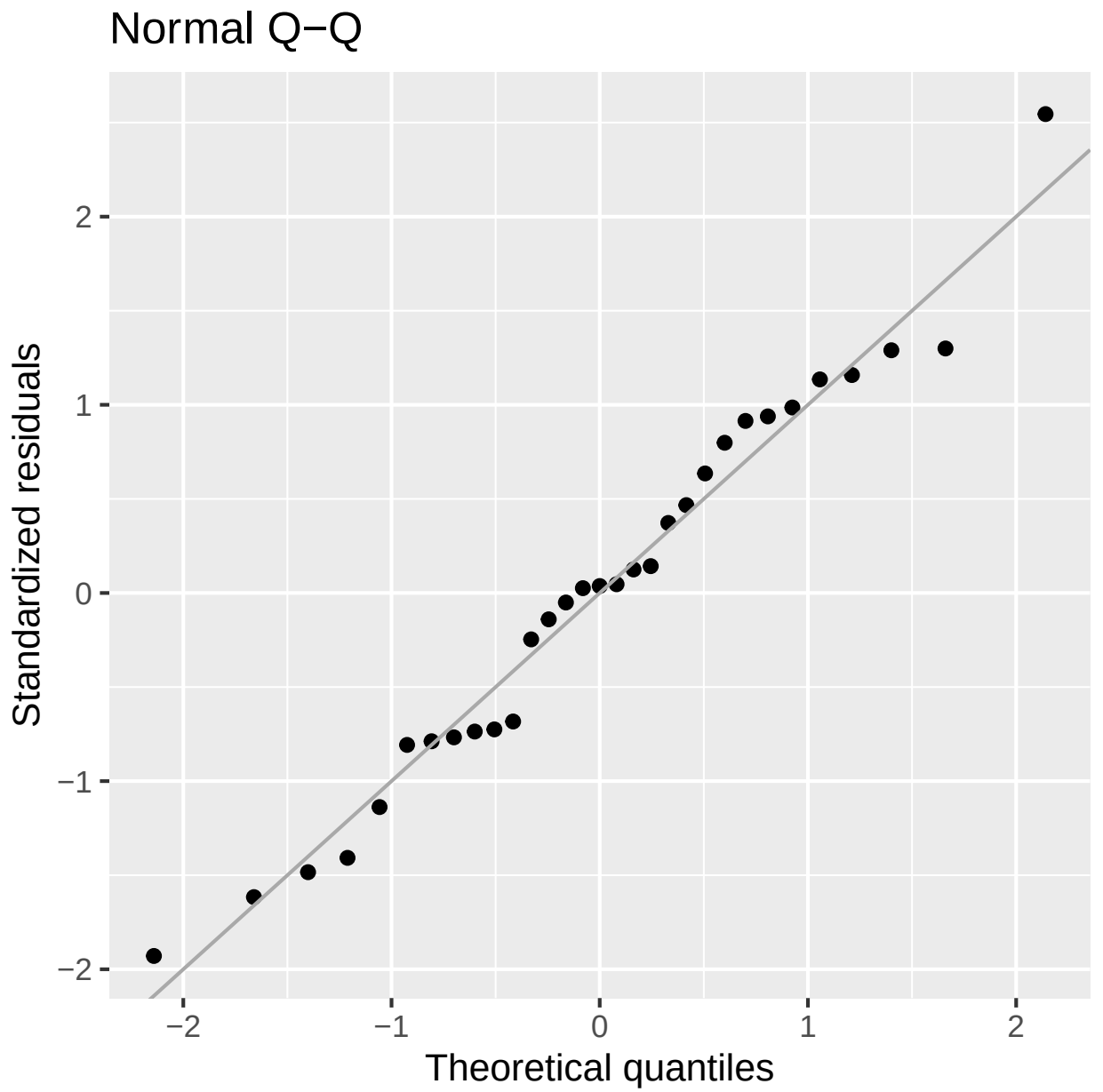
UMONS

Vérification de la normalité des résidus

- Résidus $= y_i j - \bar{y_j}$
- 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_1: hétéroscédasticité => au moins une variance différente

UMONS

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 α
- Si, par contre, H_0 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 α 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).

UMONS

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 :**

$$\text{Reponse} \sim \text{Facteur}$$

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

UMONS

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).
- 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 !

UMONS

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)!
- $y_{ijk} = \mu + \tau_{1j} + \tau_{2k} + \epsilon_{ijk}$
- $\epsilon_{ijk} \sim \mathrm{N}(0, \sigma)$ = résidus (residuals)
- **Dans R, le modèle s'écrit :**

$$\text{Reponse} \sim \text{Facteur1} + \text{Facteur2}$$

UMONS

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

UMONS

ANOVA à deux facteurs croisés avec réplicas

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

$$\text{Reponse} \sim \text{Facteur1} + \text{Facteur2} + \text{Facteur1} : \text{Facteur2}$$

ou en abbrégé :

$$\text{Reponse} \sim \text{Facteur1} * \text{Facteur2}$$

UMONS

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

UMONS

ANOVA à deux facteurs hiérarchisés

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

$$\text{Reponse} \sim \text{Facteur1} + \text{Facteur2 \%in\% Facteur1}$$

UMONS

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

UMONS