

Introduction aux méthodes quantitatives en sciences sociales avec R

Philippe Apparicio et Jérémy Gelb

2020-10-20

Table des matières

Préface	21
Comment lire ce livre	21
Structure du livre	21
Remerciements	22
À propos des auteurs	23
Première partie Découverte de R	25
1 Prise en main de R	27
1.1 Histoire et philosophie de R	27
1.2 Environnement de travail	30
1.2.1 Installer R	30
1.2.2 L'environnement RStudio	31
1.2.3 Installer et charger un <i>package</i>	34
1.2.4 Obtenir de l'aide	35
1.3 Les bases du langage R	36
1.3.1 Hello World!	37
1.3.2 Objets et expressions	38
1.3.3 Fonctions et arguments	39
1.3.4 Principaux types de données	40
1.3.5 Opérateurs	41
1.3.6 Structures de données	43
1.4 Manipuler des données	51
1.4.1 Charger un <i>DataFrame</i> depuis un fichier	52
1.4.2 Manipuler un <i>DataFrame</i>	55
1.5 Conclusion et ressources pertinentes	73

Deuxième partie Analyses univariées	75
2 Statistiques descriptives univariées	77
2.1 Notion de variable	77
2.1.1 La variable : l'opérationnalisation d'un concept	77
2.1.2 Les types de variables	80
2.2 Les types de données	81
2.2.1 Données secondaires <i>versus</i> données primaires	81
2.2.2 Données transversales <i>versus</i> données longitudinales	82
2.2.3 Données spatiales <i>versus</i> données aspatiales	82
2.2.4 Données individuelles <i>versus</i> données agrégées	83
2.3 Statistique descriptive et statistique inférentielle	84
2.3.1 Population, échantillon et inférence	84
2.3.2 Deux grandes familles de méthodes statistiques	84
2.4 La notion de distribution	85
2.4.1 Définitions générales	85
2.4.2 Anatomie d'une distribution	87
2.4.3 Principales distributions	89
2.4.4 Conclusion sur les distributions	105
2.5 Statistiques descriptives sur des variables quantitatives	105
2.5.1 Les paramètres de tendance centrale	105
2.5.2 Les paramètres de position	106
2.5.3 Les paramètres de dispersion	107
2.5.4 Les paramètres de forme	111
2.5.5 La transformation des variables	127
2.5.6 Mise en œuvre dans R	130
2.6 Statistiques descriptives sur des variables qualitatives et semi-qualitatives	143
2.6.1 Les fréquences	143
2.6.2 Mise en œuvre dans R	144
2.7 Pour aller un peu plus loin : les statistiques descriptives pondérées	146
3 La magie des graphiques	151
3.1 Philosophie du ggplot2	154
3.1.1 Une grammaire	154
3.1.2 Les types de géométries	157
3.1.3 L'habillage	158

3.1.4 Utiliser des thèmes	160
3.1.5 Composer une figure avec plusieurs graphiques	165
3.1.6 La couleur	168
3.2 Principaux graphiques	170
3.2.1 Histogramme	170
3.2.2 Graphique de densité	175
3.2.3 Nuage de points	176
3.2.4 Graphique en lignes	183
3.2.5 Boites à moustache	186
3.2.6 Graphique en violons	188
3.2.7 Graphique en barres	189
3.2.8 Graphique circulaire	193
3.3 Graphiques spéciaux	195
3.3.1 Graphique en radar	196
3.3.2 Diagramme d'accord	198
3.3.3 Nuage de mots	201
3.3.4 Treemaps	203
3.4 Les cartes	204
3.5 Exporter des graphiques	208
3.6 Conclusion sur les graphiques	210
 Troisième partie Analyses bivariées	 211
4 Analyses bivariées	213
4.1 Relation linéaire entre deux variables quantitatives	214
4.1.1 Bref retour sur le postulat de la relation linéaire	214
4.1.2 Covariance	216
4.1.3 Corrélation	217
4.1.4 Régression linéaire simple	234
4.2 Relation entre deux variables qualitatives	244
4.2.1 Construction de tableau de contingence	244
4.2.2 Test du χ^2	247
4.2.3 Mise en œuvre dans	248
4.2.4 Interprétation d'un tableau de contingence	255
4.3 Relation entre une variable quantitative et une variable qualitative à deux modalités	257

4.3.1	Test <i>t</i> et ses différentes variantes	257
4.3.2	Test non paramétrique de Wilcoxon	275
4.4	Relation entre une variable quantitative et une variable qualitative à plus de deux modalités	277
4.4.1	Analyse de variance	277
4.4.2	Test non paramétrique de Kruskal-Wallis	282
4.4.3	Mise en œuvre dans	282
4.4.4	Comment rapporter les résultats d'une ANOVA et du test de Kruskal-Wallis . . .	292
Quatrième partie Modèles de régression		295
5 La régression linéaire multiple		297
5.1	Objectifs de la régression linéaire multiple et construction d'un modèle de régression . .	298
5.2	Principes de base de la régression linéaire multiple	300
5.2.1	Un peu d'équations...	300
5.2.2	Les hypothèses de la régression linéaire multiple	301
5.3	Mesurer la qualité d'ajustement du modèle	302
5.3.1	Mesurer la qualité d'un modèle	303
5.3.2	Comparer des modèles incrémentiels	305
5.4	Les différentes mesures pour les coefficients de régression	308
5.4.1	Les coefficients de régression : évaluer l'effet des variables indépendantes	308
5.4.2	Coefficients de régression standardisés : repérer les variables les plus importantes du modèle	310
5.4.3	Significativité des coefficients de régression : valeurs de T et de P	312
5.4.4	Intervalle de confiance des coefficients	315
5.5	Introduction de variables explicatives particulières	318
5.5.1	Explorer des relations non linéaires	318
5.5.2	Variable indépendante qualitative dichotomique	325
5.5.3	Variable indépendante qualitative polytomique	326
5.5.4	Variables d'interaction	330
5.6	Diagnostics de la régression	335
5.6.1	Nombre d'observations	335
5.6.2	Normalité des résidus	335
5.6.3	Linéarité et homoscédasticité des résidus	336
5.6.4	Absence de multicolinéarité excessive	337
5.6.5	Absence d'observations aberrantes	339
5.7	Mise en œuvre dans R	341

5.7.1	Les fonctions <code>lm</code> , <code>summary()</code> et <code>confint()</code>	341
5.7.2	Comparer des modèles	344
5.7.3	Diagnostic sur un modèle	347
5.7.4	Graphiques pour les effets marginaux	359
5.8	Régression linéaire multiple robuste	364
6	Régressions linéaires généralisées (GLM)	367
6.1	Qu'est qu'un modèle GLM?	367
6.1.1	Formulation d'un GLM	367
6.1.2	Autres distributions et rôle de la fonction de Lien	368
6.1.3	Conditions d'application	371
6.1.4	Résidus et déviance	371
6.1.5	Vérifier l'ajustement	372
6.1.6	Comparer deux modèles GLM	378
6.2	Les principaux modèles GLM	378
6.2.1	Les modèles GLM pour des variables qualitatives	378
6.2.2	Les modèles GLM pour des variables de comptage	427
6.2.3	Les modèles GLM pour des variables continues	463
7	Régressions à effets mixtes (GLMM) et régression multiniveaux	473
7.1	Principes de base des GLMM	473
7.2	Application à une variable continue	473
7.3	Régressions multiniveaux	473
8	Modèles généralisés additifs	475
8.1	Principes de base des GAM	475
8.2	Extensions des GAM	475
8.2.1	GAMM	475
8.2.2	GAMMAR	475
Cinquième partie	Analyses exploratoires multivariées	477
9	Méthodes factorielles	479
9.1	Un petit historique	479
9.2	Analyses de composantes principales (ACP)	479
9.3	Analyses factorielles de correspondances (AFC)	479
9.4	Analyses factorielles de correspondances multiples (AFM)	479
9.5	Analyses factorielles de correspondances mixte	479

10 Méthodes de classification non-supervisées	481
10.1 Un aperçu sur la multitude des méthodes de classifications	481
10.2 Combinaisons méthodes factorielles et méthodes de classifications	481
10.3 Classification ascendantes hiérachiques	481
10.4 Nuées dynamiques	481
10.4.1 k-means	481
10.4.2 k-median	481
10.4.3 Les extensions en logique floues : c-means, c-median	481
11 Conclusion	483
11.1 Synthèse des méthodes abordées	483
11.2 Autres méthodes non abordées	483
11.2.1 Régressions par quantile	483
11.2.2 Régressions par panel	483
11.2.3 Régressions par Tobit	483
11.2.4 Analyses de survie	483
11.2.5 Équations structurelles	483
11.3 Deux écoles de statistique inférielle : fréquentiste et bayésienne	483
11.4 Éthique en méthodes quantitatives	483
12 Annexes	485
12.1 Tableau des valeurs critiques de χ^2	485
12.2 Tableau des valeurs critiques de F	485
12.3 Tableau des valeurs critiques de t	486

Liste des tableaux

1.1	Opérateurs mathématiques	41
1.2	Opérateurs relationnels	42
1.3	Opérateurs logiques	43
1.4	Un premier DataFrame	49
1.5	Temps nécessaire pour lire les données en fonction du type de fichiers	56
1.6	Avantages et inconvénients du tidyverse	56
1.7	Ressources pertinente pour en apprendre plus sur R	74
2.1	Revenus moyens et médians des ménages en dollars, municipalités de l'île de Montréal, 2015	106
2.2	Stastistiques descriptives de l'exposition au bruit des cyclistes par minute dans trois villes (dB(A), Laeq 1min)	107
2.3	Calcul des mesures de dispersion sur des données fictives	110
2.4	Illustration de la sensibilité des mesures de dispersion à l'unité de mesure et aux valeurs extrêmes	111
2.5	Résumé de la sensibilité de la moyenne et des mesures de dispersion	111
2.6	Les différents tests d'hypothèse pour la normalité	117
2.7	Calculs des tests de normalité pour différentes distributions	117
2.8	Comparaison des LogLikelihood des trois distributions	123
2.9	Illustration des trois tranformations	130
2.10	Les différents types de fréquences sur une variable qualitative ou semi-qualitative	144
2.11	Les différents types de fréquences sur une variable semi-qualitative	145
2.12	Calcul de la moyenne pondérée	146
2.13	Statistiques de l'aire de jeux la plus proche par secteur de recensement pondérées par la population de moins de 10 ans	147
3.1	Principales géométries proposée par ggplot2	157
4.1	Intervalles pour l'interprétation du coefficient de corrélation habituellement utilisés en sciences sociales	219

4.2	Comparaison de différentes corrélations pour les variables densité de population et pourcentage de personnes ayant 65 ans et plus	224
4.3	Données fictives sur l'utilisation du vélo par municipalité	238
4.4	Valeurs observées, prédites et résidus	240
4.5	Calcul du coefficient de détermination	242
4.7	Mesures d'association entre deux variables qualitatives	254
4.8	Conventions pour l'interprétation du <i>d</i> de Cohen	265
4.9	Données fictives et calcul des trois variances (cas 1)	279
4.10	Données fictives et calcul des trois variances (cas 2)	280
5.1	Statistiques descriptives pour les variables du modèle	303
5.2	Les différentes mesures pour les coefficients	309
5.3	Calcul des coefficients standardisés	312
5.4	Modèle avec une variable indépendante sous forme logarithmique	324
5.5	Modèle avec une variable dichotomique	326
5.6	Transformation d'une variable qualitative en variables muettes pour chaque modalité	327
5.7	Modèle avec une variable polytomique (Ville de Montréal en catégorie de référence)	329
5.8	Modèle avec une variable polytomique (Senneville en catégorie de référence)	329
5.9	Modèle avec une variable polytomique (Montréal-Est en catégorie de référence)	330
5.10	Modèle avec la distance au centre-ville (km)	331
5.11	Modèle avec une variable d'interaction entre deux VI continues	332
5.12	Modèle avec les variables d'interaction entre une VI continue et une VI dichotomique	334
6.1	Principaux pseudo R^2	374
6.2	Exemple de matrice de confusion	376
6.3	Exemple de matrice de confusion multinomiale	377
6.4	Indicateurs de qualité de prédiction	377
6.5	Interprétation des valeurs du coefficient de Kappa	378
6.6	Carte d'identité du modèle logistique binomial	379
6.7	Variable indépendantes utilisées pour prédire le mode de transport le plus utilisé	382
6.8	Matrice de confusion pour le modèle binomial	391
6.9	Matrice de confusion pour le modèle binomial	392
6.10	Résultats du modèle binomial	394
6.11	Carte d'identité du modèle probit binomial	398
6.12	Carte d'identité du modèle logistique des cotes proportionnelles	399
6.13	Variable indépendantes utilisées pour prédire la catégorie de prix de logements Airbnb	401

6.14 Coefficients du modèle logistique des cotes proportionnelles	411
6.15 Carte d'identité du modèle probit binomial	414
6.16 Variable indépendantes utilisées dans le modèle logistique multinomial	416
6.17 Coefficients du modèle multinomial A versus B	425
6.18 Coefficients du modèle multinomial A VS C	426
6.19 Coefficients du modèle multinomial A VS D	426
6.20 Carte d'identité du modèle de Poisson	427
6.21 Variable indépendantes utilisées dans le modèle de Poisson	429
6.22 Résultats du modèle de quasi-Poisson	441
6.23 Carte d'identité du modèle Négatif Binomial	442
6.24 Résultats du modèle Négatif Binomial	450
6.25 Carte d'identité du modèle de Poisson avec excès fixe de zéros	451
6.26 Carte d'identité du modèle de Poisson avec excès ajusté de zéros	452
6.27 Résultats de la partie Poisson du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté	461
6.28 Résultats de la partie logistique du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté	462
6.29 Carte d'identité du modèle Gaussien	464
6.30 Résultats du modèle Gaussien	471
12.1 Distribution des valeurs critiques du khi2	486
12.2 Distribution des valeurs critiques de F avec p=0,05	487
12.3 Distribution des valeurs critiques de t	488

Table des figures

1	Cargo, le plus beau	22
1.1	Lieu de pélerinage de R	28
1.2	Nombre d'articles trouvés sur Google Scholar (Source : Robert A. Muenchen)	28
1.3	Métaphore sur les langages et programmes d'analyse statistique	30
1.4	Icône des encadrés dédiés aux packages	30
1.5	La console de base de R	31
1.6	Environnement de base de RStudio	32
1.7	RStudio avec le style pastel on dark	32
1.8	Les quatre fenêtres de RStudio	33
1.9	Les quatre fenêtres de RStudio	34
1.10	Description des packages	36
1.11	Arguments de la fonction round	40
1.12	Du vecteur à la matrice	47
1.13	Un array avec trois dimension	48
1.14	De la donnée au DataFrame	49
1.15	Répartition temporelle des accidents à vélo	66
1.16	Fusion de DataFrames	70
1.17	Jointure de DataFrames	72
2.1	Les types de variables	80
2.2	Exemple d'agrégation de données individuelles	83
2.3	Distribution théorique d'un lancé de dé	86
2.4	Distribution empirique d'un lancé de dé (n=10)	86
2.5	Distribution empirique d'un lancé de dé (n=10)	87
2.6	Distributions uniformes continues	88
2.7	18 distributions essentielles, design inspiré de Sean (2018)	90
2.8	La distribution binomiale	91

2.9 La distribution géométrique	92
2.10 La distribution binomiale négative	93
2.11 La distribution de poisson	94
2.12 La distribution de poisson avec excès de zéros	95
2.13 La distribution Gaussienne	96
2.14 La distribution skew-Gaussienne	97
2.15 La distribution log-gaussienne	98
2.16 La distribution de Student	98
2.17 La distribution de Cauchy	99
2.18 La distribution du Chi ²	100
2.19 La distribution exponentielle	101
2.20 La distribution de Gamma	101
2.21 La distribution de Beta	102
2.22 La distribution de Weibull	103
2.23 La distribution de Pareto	104
2.24 Exemples de cartographie avec une discréétisation selon les quantiles	107
2.25 Graphique en violon, boîte à moustaches et intervalle interquartile	108
2.26 Formes d'une distribution et les coefficients d'asymétrie et d'aplatissement	112
2.27 Asymétrie d'une distribution	113
2.28 Aplatissement d'une distribution	114
2.29 Distributions et courbe normale	116
2.30 Diagrammes quantile-quantile	116
2.31 Distribution empirique des temps de retard des bus à Toronto en janvier 2019	121
2.32 Comparaison des distributions ajustées aux données de retard des bus	123
2.33 Distribution empirique du nombre d'accidents par intersection impliquant un cycliste à Montréal en 2017 dans les quartiers centraux	125
2.34 Ajustement des distributions de poisson et poisson avec excès de zéros	126
2.35 Histogramme avec courbe normale	135
2.36 Histogramme des transformations	143
2.37 Différents graphiques pour représenter les fréquences absolues et relatives	145
2.38 Accessibilité aux aires de jeux par secteur de recensement, Communauté métropolitaine de Montréal, 2016	147
3.1 Noyer dans le plastique selon Reuters Graphics	152
3.2 Changement climatique et vulnérabilité par Verisk Maplecroft	153
3.3 Trois composantes d'un graphique, adapté de @wickham2010layered	154

3.4	Base d'un graphique	155
3.5	Ajout des dimensions au graphique	156
3.6	Autre spécification des arguments mapping et data	156
3.7	Ajouter les annotations	157
3.8	Ajouter des annotations textuelles	158
3.9	Ajouter des annotations géométriques	159
3.10	Gérer l'ordre des annotations	160
3.11	Thème classique	161
3.12	Thème gris	162
3.13	Thème noir et blanc	162
3.14	Thème minimal	163
3.15	Thème tufte	164
3.16	Thème economist	164
3.17	Thème solarized	165
3.18	Graphique à facettes	166
3.19	Graphique à facette en une ligne	167
3.20	Figure avec plusieurs graphiques avec ggarrange	168
3.21	Couleurs de base	169
3.22	palette de couleurs de ColorBrewer	170
3.23	Histogrammes	171
3.24	Empiler les données d'un dataframe	172
3.25	Histogrammes en facettes	173
3.26	Histogrammes de densité	173
3.27	Histogrammes et courbe normale	174
3.28	Histogramme coloré	175
3.29	Graphiques de densité en facette	176
3.30	Graphiques de densité	177
3.31	NUAGE DE POINTS SIMPLE	177
3.32	NUAGE DE POINTS SIMPLE SANS DONNÉES ABERRANTES	179
3.33	NUAGE DE POINTS SIMPLE AVEC TRANSPARENCE	179
3.34	DENSITÉ EN DEUX DIMENSIONS PAR CARRÉS	180
3.35	DENSITÉ EN DEUX DIMENSIONS PAR HEXAGONES	180
3.36	DENSITÉ EN DEUX DIMENSIONS LISSÉE	181
3.37	NUAGE DE POINTS AVEC DROITE DE RÉGRESSION	182
3.38	NUAGE DE POINTS AVEC DROITE DE RÉGRESSION EXPONENTIELLE	182

3.39 Nuage de points avec droite de régression non linéaire	183
3.40 Graphique en ligne	184
3.41 Graphique en ligne avec barres d'erreur	185
3.42 Graphique en ligne avec marge d'erreur	186
3.43 Boîte à moustache	187
3.44 Boîte à moustache améliorée	187
3.45 Boîte à moustache avec observations	188
3.46 Graphique en violon	189
3.47 Graphique en violon et boîte à moustaches	190
3.48 Grands secteurs de Québec	190
3.49 Graphiques en barres simples	192
3.50 Graphique en barres empilées	194
3.51 Graphique en pointes de tarte	195
3.52 Graphique en anneau	196
3.53 Graphique en anneau	198
3.54 Diagramme d'accord	200
3.55 Nuage de mots pour le SAD de Montréal	203
3.56 Nuage de mots pour le SAD de Québec	204
3.57 Treemap	205
3.58 Carte thématique avec ggplot2	207
3.59 Carte thématique avec tmap	208
3.60 Combiner des cartes avec tmap	209
3.61 Exporter un graphique dans RStudio	209
4.1 Les principales méthodes bivariées	213
4.2 Relations linéaires et curvilinéaires entre deux variables continues	215
4.3 Exemples de relations curvilinéaires	216
4.4 Covariance et unités de mesure	217
4.5 Relations entre deux variables continues et coefficients de corrélation de Pearson	219
4.6 Coefficient de corrélation et proportion de la variance expliquée	220
4.7 Illustration de l'effet des valeurs extrêmes sur le coefficient de Pearson	220
4.8 Comparaison des coefficients de Pearson, Spearman et Kendall sur deux variables anormalement distribuées	222
4.9 Histogramme pour les valeurs de corrélation issues du Bootstrap	227
4.10 Matrice de corrélation avec corrplot (chiffres)	233
4.11 Matrice de corrélation avec corrplot (chiffres et ellipses)	234

4.12 Corrélations significatives obtenues aléatoirement	238
4.13 Relation linéaire entre l'utilisation du vélo et la distance au centre-ville	239
4.14 Droite de régression, valeurs observées, prédites et résidus	240
4.15 Taille des ensembles HLM selon la période de construction	256
4.16 Boîtes à moustaches sur des échantillons fictifs non appariés	261
4.17 Boites à moustaches sur des échantillons fictifs appariées	263
4.18 Pourcentage de locataires par secteur de recensement, RMR de Montréal, 2016	266
4.19 Graphiques de densité et en violons	284
4.20 QQ Plot pour les groupes	285
4.21 Graphique de densité et en violons	288
4.22 QQ Plot pour les groupes	289
 5.1 Exemple de cadre conceptuel	299
5.2 Relations linéaire et curvilinearéaire	323
5.3 Effet marginal de la densité de population	325
5.4 Effet marginal d'une variable dichotomique	327
5.5 Effet marginal d'une variable polytomique	331
5.6 Effet marginal de l'interraction entre deux variables continues	333
5.7 Effets marginaux de deux variables continues en cas d'absence d'interraction	333
5.8 Graphique de l'effet marginal de l'interraction entre une variable quantitative et qualitative	334
5.9 Vérifier la normalité des résidus	336
5.10 Distribution des résidus en fonction des valeurs prédites	337
5.11 Repérer graphiquement les valeurs influentes du modèle	340
5.12 Les différentes parties obtenues à la fonction summary(Modele)	343
5.13 Diagnostic : normalité des résidus ?	349
5.14 Distribution des résidus en fonction des valeurs prédites	350
5.15 Repérer graphiquement les valeurs influentes du modèle	353
5.16 Normalité des résidus avant et après la suppression des valeurs influentes	356
5.17 Amélioration de l'homoscédasticité des résidus	358
5.18 Effets marginaux pour des variables continues	360
5.19 Effet marginal d'une variable avec un fonction polynomiale d'ordre 2	361
5.20 Effet du logarithme de la densité	362
5.21 Effet marginal d'une variable dichotomique	363
5.22 Effet marginal d'une variable polytomique	363
5.23 Effet marginal de l'interraction entre deux variables continues	364
5.24 Graphique de l'effet marginal de l'interraction entre une variable quantitative et qualitative	365

6.1	Exemple de données issues d'une distribution de Bernoulli	369
6.2	Ajustement d'une droite de régression aux données issues d'une distribution de Bernoulli	370
6.3	Utilisation de la fonction de lien logistique	370
6.4	Distances de Cook pour le modèle binomial avec toutes les observations	383
6.5	Distances de Cook pour le modèle binomial sans les valeurs aberrantes	385
6.6	Distribution des résidus simulé pour le modèle binomial	386
6.7	Diagnostic des résidus simulés par le package DHARMA	387
6.8	Point d'équilibre entre sensibilité et spécificité	390
6.9	Rapports de cote pour les différents pays de l'UE	393
6.10	Rapports de cote pour les différents lieux de résidence	395
6.11	Impact de l'âge sur la probabilité d'utiliser le vélo comme moyen de déplacement pour son trajet le plus fréquent	398
6.12	Distribution des prix des logements Airbnb	400
6.13	Distances de Cook pour le modèle logistique des cotes proportionnelles	403
6.14	Diagnostic général des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles	405
6.15	Diagnostic variable par variable des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles	406
6.16	Diagnostic variable par variable des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles (après correction)	407
6.17	Prédiction de la probabilité d'appartenance aux trois catégories de prix en fonction de la densité de végétation	413
6.18	Distances de Cook pour le modèle logistique multinomial	418
6.19	Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle multinomial	420
6.20	Diagnostic par variable des résidus simulés pour le modèle multinomial	421
6.21	Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle multinomial (version 3)	422
6.22	Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle multinomial (version 4)	423
6.23	Distribution originale du nombre d'accident par intersection	430
6.24	Distance de Cook pour le modèle de Poisson	431
6.25	Distance de Cook pour le modèle de Poisson après avoir retiré les valeurs aberrantes	433
6.26	Représentation de la sur-dispersion des données dans le modèle de Poisson	435
6.27	Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de quasi-Poisson	437
6.28	Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de Poisson	437
6.29	Analyse globale des résidus simulés pour le modèle de quasi-Poisson	438
6.30	Comparaison des résidus simulés et de chaque variable indépendante	439
6.31	Distances de Cook pour le modèle négatif binomial	444
6.32	Distances de Cook pour le modèle négatif binomial (après avoir retiré deux observations fortement influentes)	445

6.33 Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle Négatif Binomial	446
6.34 Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle Négatif binomial	448
6.35 Représentation de la sur-dispersion des données dans le modèle de Poisson	449
6.36 Diagnostic général des résidus simulés du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté .	454
6.37 Diagnostic général des résidus simulés du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté (sans valeurs aberrantes)	456
6.38 Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté	458
6.39 Processus de sélection d'un modèle pour une variable de comptage	463
6.40 Distances de Cook pour le modèle Gaussien	466
6.41 Distances de Cook pour le modèle Gaussien après suppression des observations influentes	467
6.42 Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle Gaussien	468
6.43 Comparaison de la distribution originale de la variable et des simulations issues du modèle	469
6.44 Comparaison de la distribution originale de la variable et des simulations issues du modèle	470

Préface

Comment lire ce livre

Si vous googlez l'expression «comment lire un livre?», vous trouverez une multitude de conseils et astuces. Pour ce livre, nous conseillons de le lire de gauche à droite et page par page. Plus sérieusement, il comprend plusieurs types de blocs de texte qui, on l'espère, faciliteront la lecture.



Bloc packages : habituellement localisé en début du chapitre, il comprend la liste des packages R utilisés pour un chapitre.



Bloc objectif : comprend une description des objectifs d'une section.



Bloc notes : comprend une information secondaire sur une notion, un élément, une idée abordée dans une section.



Bloc pour aller plus loin : peut comprendre des références ou des extensions d'une méthode statistique abordée dans une section.



Bloc astuce : décrit un élément qui vous facilera la vie : une propriété statistique, un *package*, une fonction, une syntaxe R.



Bloc attention : comprend une notion ou un élément important à bien maîtriser.

Structure du livre

À écrire plus tard.

Remerciements

Note au beau Cargo (chien Mira) qui nous supporte dans l'écriture du livre !



FIG. 1 : Cargo, le plus beau

À propos des auteurs

Philippe Apparicio (<http://www.ucs.inrs.ca/philippe-apparicio>) est professeur titulaire au Centre Urbanisation Culture Société de l'INRS (<http://www.ucs.inrs.ca/>). Il enseigne au programme de maîtrise en études urbaines (<http://www.ucs.inrs.ca/ucs/etudier/programmes/etudes-urbaines>) les cours *méthodes quantitatives appliquées aux études urbaines* et *analyses spatiales appliquées aux études urbaines*. Il a aussi créé et enseigné, il y a plusieurs années, le cours *systèmes d'information géographique appliqués aux études urbaines*. Durant les dernières années, il a offert plusieurs formations aux Écoles d'été du Centre interuniversitaire québécois de statistiques sociales (CIQSS, <https://www.ciqss.org/>). Titulaire de la Chaire de recherche du Canada (niveau 2) sur l'équité environnementale et la ville, il est le directeur du **laboratoire d'équité environnementale** (<http://laeq.ucs.inrs.ca>). Géographe de formation, ses intérêts de recherche actuels incluent la justice et l'équité environnementale, la pollution atmosphérique et le bruit et le vélo en ville. Il a publié une centaine d'articles dans différents domaines des études urbaines et de la géographie.

Jérémy Gelb est candidat au doctorat en études urbaines à l'INRS (sous la supervision de Philippe Apparicio) et membre du **laboratoire d'équité environnementale** (<http://laeq.ucs.inrs.ca>). Son sujet de thèse porte sur l'exposition des cyclistes aux pollutions atmosphériques et sonores en milieu urbain. Il utilise quotidiennement des systèmes d'information géographique (SIG) et est tombé dans la marmite de l'*open source* avec le triptyque QGIS, R et Python au début de sa maîtrise. Il a récemment développé deux packages R : **geocmeans** et **spNetwork**, permettant respectivement d'effectuer des analyses de classification floue non-supervisée pondérée spatialement et des estimations de densité par kernel sur réseau.

Philippe et Jérémy travaillent étroitement ensemble depuis déjà plusieurs années. Avec d'autres collègues, ils ont copubliés plusieurs articles (Apparicio and Gelb, 2020; Buregeya et al., 2020; Gelb and Apparicio, 2020a; Apparicio et al., 2019; Delaunay et al., 2019; Gelb and Apparicio, 2019; Apparicio and Gelb, 2020; Buregeya et al., 2020; Apparicio et al., 2018a, 2017, 2016a). Tous deux s'intéressent à l'exposition des cyclistes à la pollution atmosphérique et sonore dans plusieurs villes à travers le monde : Philippe ayant une préférence pour les collectes dans les villes du Sud Global (notamment indiennes, africaines et latino-américaines) et Jérémy dans les villes du Nord (européennes et nord-américaines).

Première partie

Découverte de R

Chapitre 1

Prise en main de R

Dans ce chapitre, nous reviendrons brièvement sur l'histoire de R et la philosophie qui entoure le logiciel. Nous donnerons quelques conseils pour son installation et la mise en place d'un environnement de développement. Nous présenterons les principaux objets qui sous-tendent le travail effectué avec R (dataframe, vecteur, matrice, etc.) et comment les manipuler avec des exemples appliqués. Enfin, nous terminerons cette section avec un tour d'horizon des capacités graphiques de R. Si vous maîtrisez déjà R, nullement besoin de lire ce chapitre !



Dans cette section, nous utiliserons principalement les *packages* suivants :

- Pour importer des fichiers externes :
 - * **foreign** pour entre autres les fichiers *dbase* et ceux des logiciels SPSS et Stata
 - * **sas7bdat** pour les fichiers du logiciel SAS
 - * **xlsx** pour les fichiers Excel
- Pour manipuler des chaînes de caractères et des dates :
 - * **stringr** pour les chaînes de caractères
 - * **lubridate** pour les dates
- Pour manipuler des données :
 - * **dplyr** du **tidyverse** propose une grammaire pour manipuler et structurer des données.

1.1 Histoire et philosophie de R

R est à la fois un langage de programmation et un logiciel libre (sous la licence publique générale GNU) dédié à l'analyse statistique et supporté par une fondation : *R foundation for Statistical computing*. Il est principalement écrit en C et Fortran.

R a été créé par Ross Ihaka et Robert Gentleman à l'Université d'Auckland en Nouvelle-Zélande. Si vous avez un jour l'occasion de passer dans le coin, une plaque est affichée dans le département de statistique de l'université, ça mérite le détour (figure 1.1). Une première version a été publiée en 1996, mais la première version stable ne date que de 2000, il s'agit donc d'un logiciel relativement récent si on le compare à ses concurrents SAS (1976), SPSS (1968) et Stata (1984).

R a cependant réussi à s'imposer tant dans la milieu de la recherche que dans le secteur privé. Pour s'en convaincre, il suffit de lire l'excellent article concernant la popularité des logiciels d'analyse de données

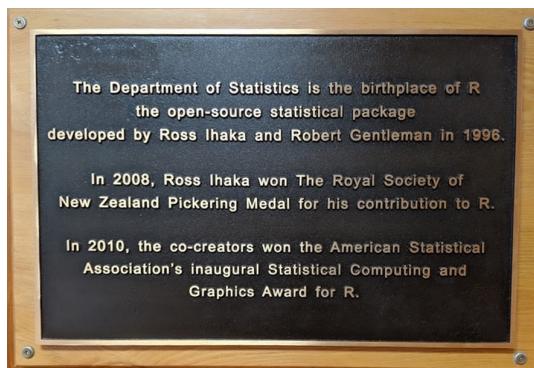


FIG. 1.1 : Lieu de pélerinage de R

tiré du site r4stats.com¹ (figure 1.2).

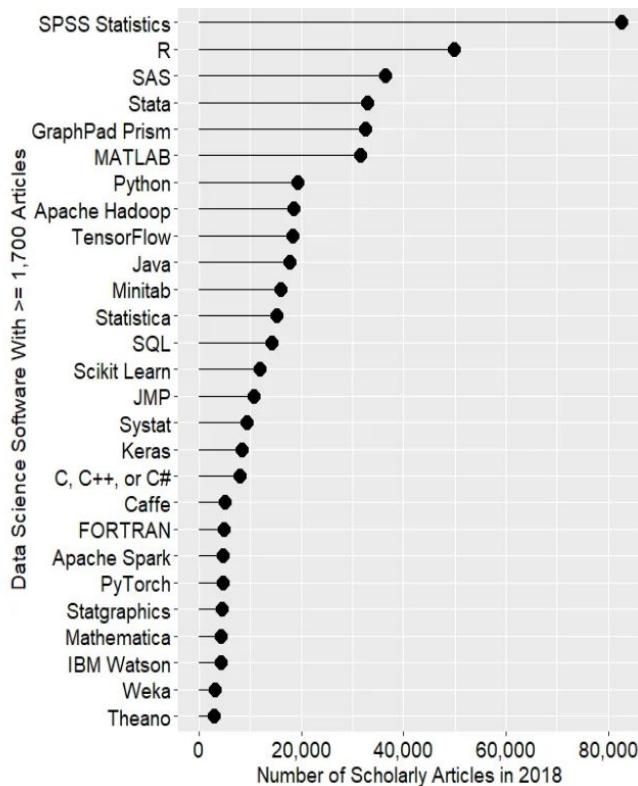


FIG. 1.2 : Nombre d'articles trouvés sur Google Scholar (Source : Robert A. Muenchen)

Les nombreux atouts de R justifient largement sa popularité sans cesse croissante :

- R est un logiciel à code source ouvert (*open source*) et ainsi accessible à tous gratuitement.
- Le développement du langage R est centralisé, mais la communauté peut créer et partager facilement des *packages*. Les nouvelles méthodes sont ainsi rapidement implémentées comparativement aux logiciels propriétaires.
- R est un logiciel multi-plateforme, fonctionnant sur Linux, Unix, Windows et Mac.
- Comparativement à ses concurrents, R dispose d'excellentes solutions pour manipuler des données et réaliser des graphiques.

¹<http://r4stats.com/articles/popularity>

- R dispose de nombreuses interfaces lui permettant de communiquer, notamment avec des systèmes de bases de données SQL et non SQL (MySQL, PostgreSQL, MongoDB, etc.), à des systèmes de *big data* (Spark, Hadoop), à des systèmes d'information géographique (QGIS, ArcGIS) et même à des services en ligne comme Microsoft Azure ou Amazon AWS.
- R est un langage de programmation à part entière, ce qui lui donne plus de flexibilité que ses concurrents dans le domaine privé (SPSS, SAS, STATA). Avec R, vous pouvez accomplir des tâches aussi variées que : monter un site web, créer un robot collectant des données en ligne, effectuer des analyses qualitatives, combiner des fichiers PDF, composer des diapositives pour une présentation ou même éditer un livre (comme celui-ci), mais aussi, réaliser des analyses statistiques.

Un des principaux attrait de R est la quantité astronomique de *packages* actuellement disponibles. Un *package* est un ensemble de nouvelles fonctionnalités développées par un ou plusieurs utilisateurs de R et mises à disposition de l'ensemble de la communauté. Par exemple, le *package ggplot2* est dédié à la réalisation de graphiques; les *packages* **data.table** et **plyr** permettent de manipuler des tableaux de données; le *package car* apporte de nombreux outils pour faciliter l'analyse de modèles de régressions, etc. Ce partage des *packages* rend accessible à tous des méthodes d'analyses complexes et récentes et favorise grandement la reproductibilité de la recherche. Cependant, ce fonctionnement implique quelques désavantages :

- il existe généralement plusieurs *packages* pour effectuer le même type d'analyse, ce qui peut devenir une source de confusion;
- certains *packages* cessent d'être mis à jour au fil des années, ce qui nécessite de leur trouver d'autres alternatives (et ainsi apprendre la syntaxe des nouveaux *packages*);
- il est impératif de s'assurer de la fiabilité des *packages* que vous souhaitez utiliser, car n'importe qui peut proposer un *package*.

Il nous semble important de relativiser d'emblée la portée du dernier point. Il est rarement nécessaire de lire et analyser le code source d'un *package* pour s'assurer de sa fiabilité. Nous ne sommes pas des spécialistes de tous les sujets et il peut être extrêmement ardu de comprendre la logique d'un code écrit par quelqu'un d'autre. Nous vous recommandons donc de privilégier l'utilisation de *packages* qui :

- ont fait l'objet d'une publication dans une revue à comité de lecture ou qui ont déjà été cités dans des études ayant fait l'objet d'une publication revue par les pairs;
- font partie de projets comme ROpenSci² prônant la vérification par les pairs ou subventionnés par des organisations comme R Consortium³.
- sont disponibles sur l'un des deux principaux répertoires de *packages* R CRAN⁴ ou Bioconductor⁵.

Toujours pour nuancer notre propos, il convient de distinguer *package* de *package!* Certains d'entre eux sont des ensembles très complexes de fonctions permettant de réaliser des analyses poussées alors que d'autres sont des projets plus modestes dont l'objectif principal est de simplifier le travail des utilisateurs. Ces derniers ressemblent à des petites boîtes à outils et font généralement moins l'objet d'une vérification intensive.

Pour conclure cette section, l'illustration partagée sur Twitter par Darren L Dahly résume avec humour la force du logiciel R et de sa communauté (1.3) : R apparaît clairement comme une communauté hétéroclète, mais diversifiée et adaptable.

²<https://ropensci.github.io/reproducibility-guide/sections/introduction/>

³<https://www.r-consortium.org/>

⁴<https://cran.r-project.org/>

⁵<https://www.bioconductor.org/>

If statistics programs/languages were cars...



FIG. 1.3 : Métaphore sur les langages et programmes d'analyse statistique

Dans ce livre, nous détaillerons les **packages** utilisés dans chaque section avec un encadré spécifique, accompagné de l'icône suivant :



FIG. 1.4 : Icône des encadrés dédiés aux packages

1.2 Environnement de travail

Dans cette section, nous vous proposons une visite de l'environnement de travail classique R.

1.2.1 Installer R

La première étape pour travailler avec R est bien sûr de l'installer. Pour ce faire, il suffit de visiter le site web de CRAN⁶ et de télécharger la dernière version de R en fonction de votre système d'exploitation : Windows, Linux ou Mac. Une fois installé, si vous démarrez R immédiatement, vous aurez alors accès à une console, plutôt rudimentaire, attendant sagement vos instructions (figure 1.5).

Notez que vous pouvez aussi télécharger des versions plus anciennes de R en allant sur ce lien⁷. Ceci peut être intéressant lorsque vous voulez reproduire des résultats d'une autre étude ou que certains *packages* ne sont plus disponibles dans les nouvelles versions.

⁶<https://cran.r-project.org/>

⁷<https://cran.r-project.org/bin/windows/base.old/>

R version 4.0.2 (2020-06-22) -- "Taking Off Again"
Copyright (C) 2020 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R est un logiciel libre livré sans AUCUNE GARANTIE.
Vous pouvez le redistribuer sous certaines conditions.
Tapez 'license()' ou 'licence()' pour plus de détails.

R est un projet collaboratif avec de nombreux contributeurs.
Tapez 'contributors()' pour plus d'information et
'citation()' pour la façon de le citer dans les publications.

Tapez 'demo()' pour des démonstrations, 'help()' pour l'aide
en ligne ou 'help.start()' pour obtenir l'aide au format HTML.
Tapez 'q()' pour quitter R.

```
> 4+4
[1] 8
> -
```

FIG. 1.5 : La console de base de R

1.2.2 L'environnement RStudio

Rares sont les utilisateurs de R qui préfèrent travailler directement avec la console classique. Nous vous recommandons vivement d'utiliser RStudio, soit un environnement de développement dédié à R, offrant une intégration très intéressante d'une console, d'un éditeur de texte, d'une fenêtre de visualisation des données, d'une autre pour les graphiques, d'un accès à la documentation, etc. En d'autres termes, si R est un vélo minimalist, RStudio permet d'y rajouter des freins, des vitesses, un porte-bagage, des gardes-boues et une selle confortable. Vous pouvez télécharger⁸ et installer RStudio sur Windows, Linux et Mac. La version de base est gratuite, mais l'entreprise qui développe ce logiciel propose aussi des versions commerciales du logiciel qui assurent essentiellement un support technique. Il existe d'autres environnements de développement pour travailler avec R (VisualStudio, Jupyter, Tinn-R, Radiant, RIDÉ, etc.), mais RStudio offre à ce jour la meilleure option en terme de facilité d'installation, de prise en main et de fonctionnalités proposées (voir l'interface de RStudio à la figure 1.6).

Avant d'aller plus loin, notez que :

- La console actuellement ouverte dans RStudio vous informe de la version de R que vous utilisez. Vous pouvez en effet avoir plusieurs versions de R installées sur votre ordinateur et passer de l'une à l'autre avec RStudio. Pour cela, naviguez dans l'onglet *Tools / Global Options* et dans le volet *General*, vous pouvez sélectionner la version de R que vous souhaitez utiliser.
- L'aspect de RStudio peut être modifié en navigant dans l'onglet *Tools / Global Options* et dans le volet *Appearance*. Nous avons une préférence pour le mode sombre avec le style *pastel on dark*, mais libre à chacun de choisir le style qui lui convient.

Une fois ces détails réglés, vous pouvez ouvrir votre première feuille de code en allant dans l'onglet *File / New File/ R Script*, votre environnement est maintenant découpé en quatre fenêtres (figure 1.8) :

1. L'éditeur de code, vous permettant d'écrire le script que vous voulez exécuter et permettant de garder une trace de votre travail. Ce script peut être enregistré sur votre ordinateur avec l'extension **.R**, mais ce n'est qu'un simple fichier texte.

⁸<https://rstudio.com/products/rstudio/download>

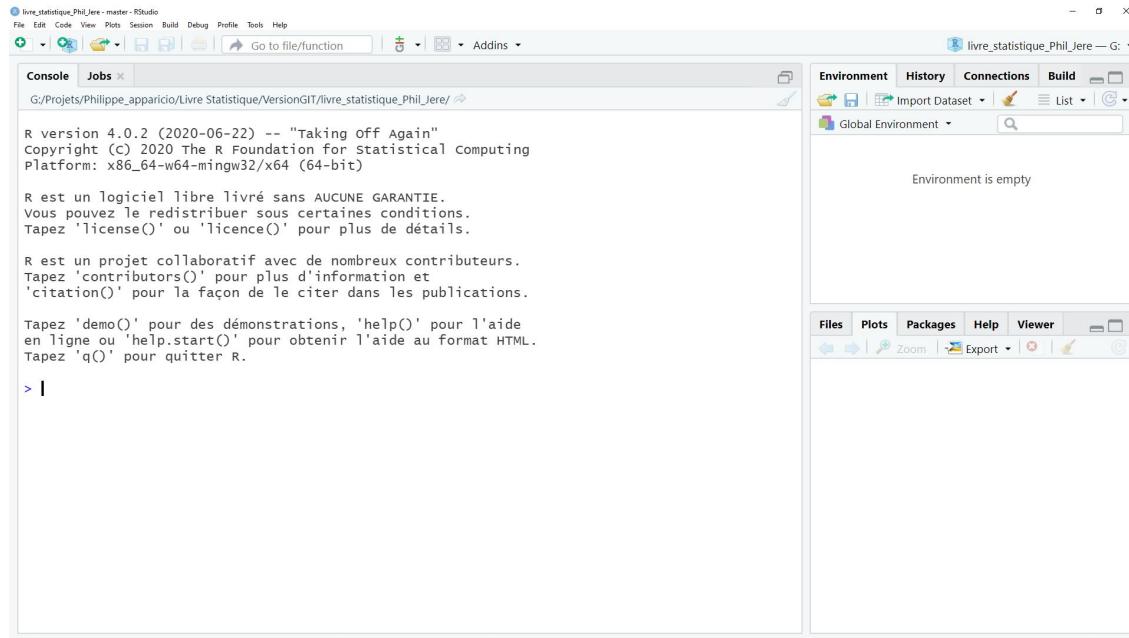


FIG. 1.6 : Environnement de base de RStudio

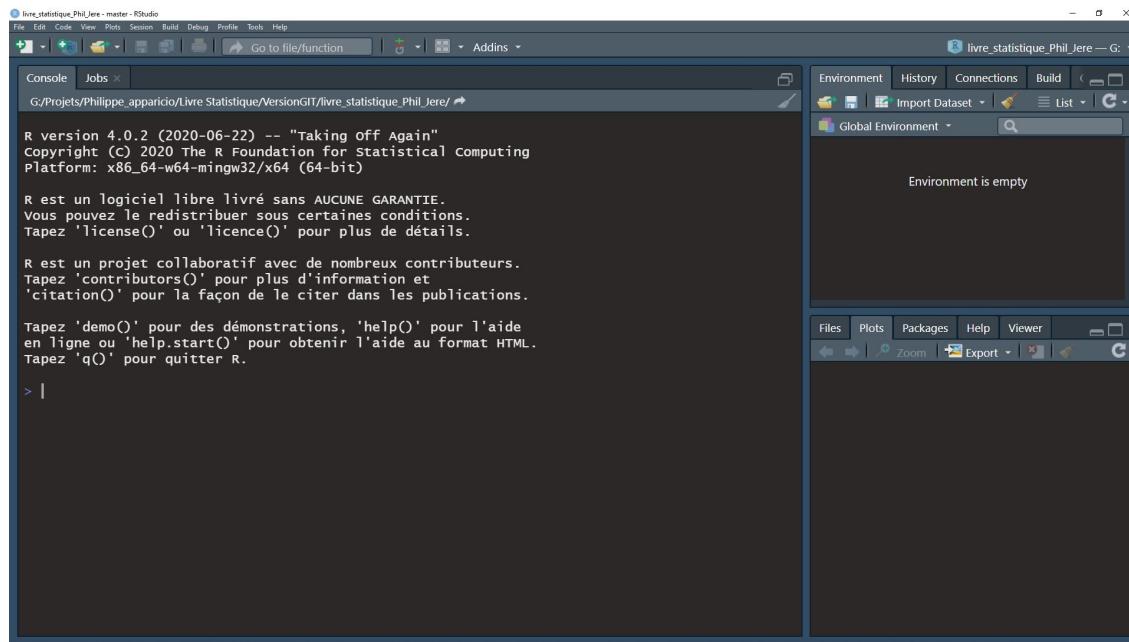


FIG. 1.7 : RStudio avec le style pastel on dark

2. La console vous permettant d'exécuter votre code R et de voir les résultats s'afficher au fur et à mesure.
3. La fenêtre d'environnement vous montrant les objets, fonctions et jeux de données actuellement disponibles dans votre session (chargés dans la mémoire vive).
4. La fenêtre de l'aide, des graphiques et de l'explorateur de fichiers. Vous pouvez accéder ici à la documentation de R et des *packages* que vous utilisez, aux sorties graphiques que vous produisez et aux dossier de votre environnement de travail.

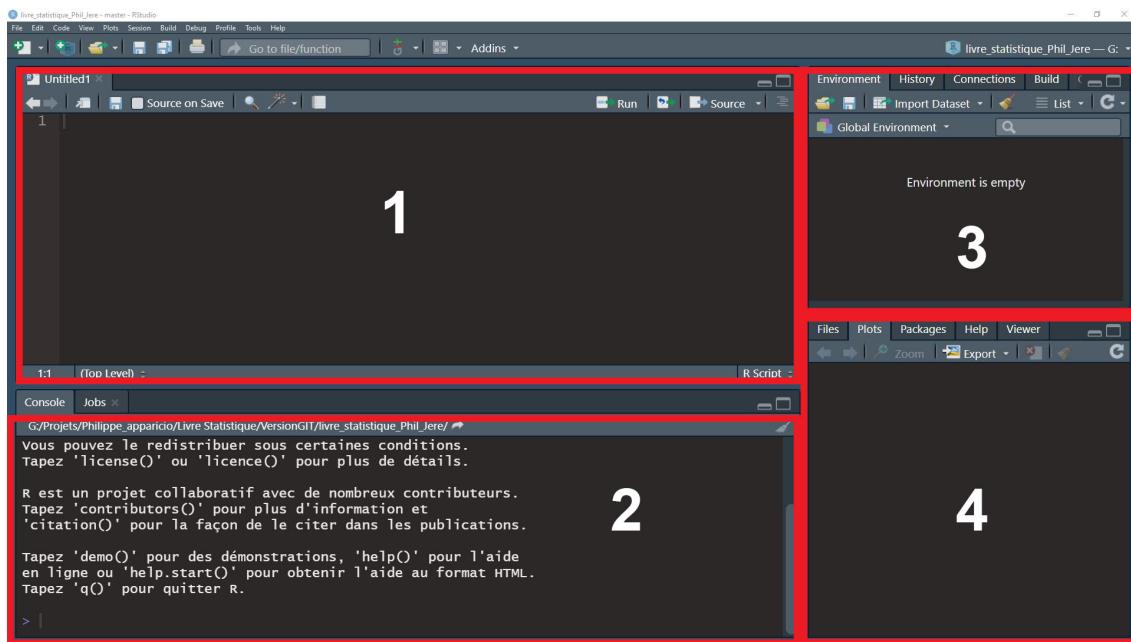


FIG. 1.8 : Les quatre fenêtres de RStudio

Prenons un bref exemple, tapez la syntaxe suivante dans l'éditeur de code (fenêtre 1 à la figure 1.8) :

```
ma_somme <- 4+4
```

Sélectionnez ensuite cette syntaxe (mettre en surbrillance avec votre souris), quand vous utilisez le raccourci *Ctrl+Enter* ou cliquez sur le bouton *Run* (avec la flèche verte), cette syntaxe est envoyée à la console qui l'exécute immédiatement. Notez que rien ne se passe tant que le code n'est pas envoyé à la console. Il s'agit donc de deux étapes distinctes : écrire son code, puis l'envoyer à la console. Vous constaterez également qu'un objet *ma_somme* est apparu dans votre environnement et que sa valeur est bien 8. Votre console se "souvient" de cette valeur, elle est actuellement stockée dans votre mémoire vive sous le nom de *ma_somme* (figure 1.9).

Pour conclure cette section, nous vous invitons à enregistrer votre première syntaxe R (*File / Save As*) dans un fichier **.R** que vous pouvez appeler par exemple "mon_premier_script.R". Fermez ensuite RStudio, redémarrez-le et ouvrez (*File / Open File*) votre fichier "mon_premier_script.R". Vous pouvez constater que votre code est toujours présent, mais que votre environnement est vide tant que vous n'exécutez pas votre syntaxe. En effet, lorsque vous fermez RStudio, l'environnement est vidé pour libérer de la mémoire vive. Ceci peut poser problème lorsque certains codes sont très longs à exécuter, nous verrons donc plus tard comment enregistrer l'environnement en cours pour le recharger par la suite.

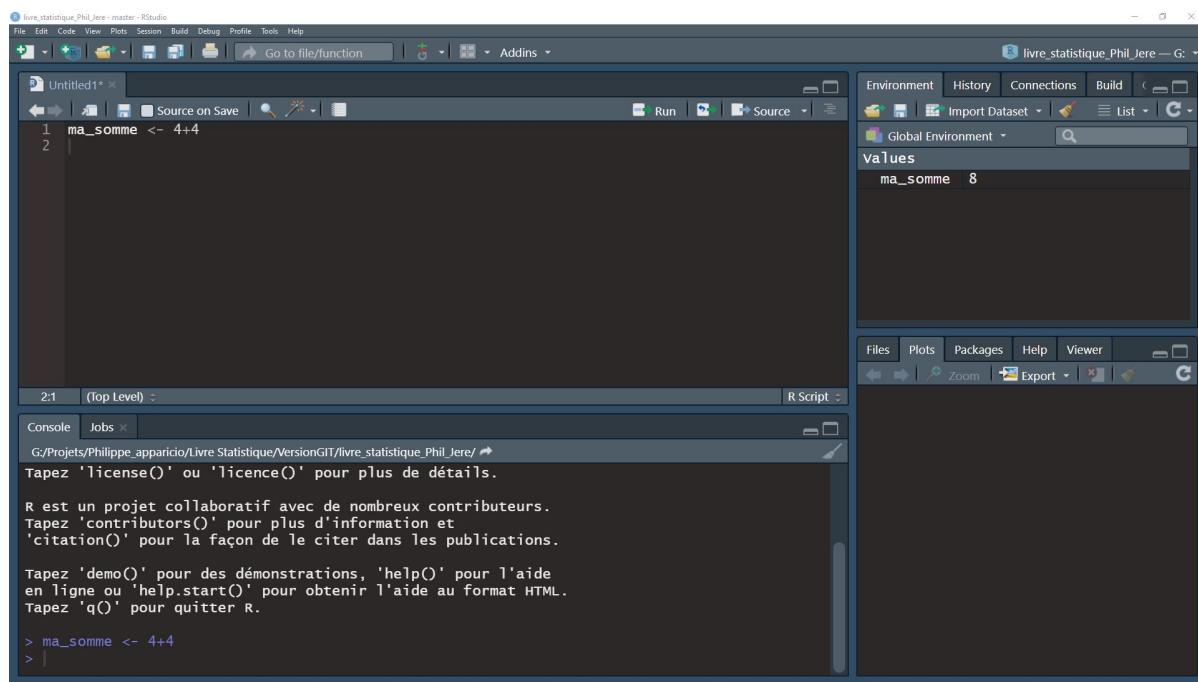


FIG. 1.9 : Les quatre fenêtres de RStudio

1.2.3 Installer et charger un package

Dans la section sur la Philosophie de R, nous avons souligné la place centrale jouée par les *packages*. Voyons ensemble comment installer un *package* intitulé **lubridate**, qui nous permettra plus tard de manipuler des données temporelles.

1.2.3.1 Installer un package depuis CRAN

Pour installer un *package*, vous devez être connecté à internet; en effet, R va accéder au répertoire de *packages CRAN* pour télécharger le *package* et l'installer sur votre machine. Cette opération est réalisée avec la fonction `install.packages`.

```
install.packages("lubridate")
```

Notez qu'une fois que le *package* est installé, vous n'aurez plus besoin de le refaire. Le *package* est disponible localement sur votre ordinateur, à moins de le désinstaller explicitement avec la fonction `remove.packages`.

1.2.3.2 Installer un package depuis GitHub

CRAN est le répertoire officiel des *packages* de R. Vous pouvez cependant télécharger des *packages* provenant d'autres sources. Très souvent, les *packages* sont disponibles sur le site web GitHub⁹ et l'on peut même y trouver des versions en développement avec des fonctionnalités encore non intégrées dans

⁹<https://github.com/>

la version sur CRAN. Reprenons le cas de **lubridate**, sur GitHub, il est disponible à la page suivante¹⁰. Pour l'installer nous devons d'abord installer un autre package appelé **devtools** (depuis CRAN).

```
install.packages("devtools")
```

Maintenant que nous disposons de **devtools**, nous pouvons utiliser la fonction d'installation `devtools::install_github` pour directement télécharger **lubridate** depuis GitHub.

```
devtools::install_github("tidyverse/lubridate")
```

1.2.3.3 Charger un package

Maintenant que **lubridate** est installé, nous pouvons le charger dans notre session actuelle de R et accéder aux fonctions qu'il propose. Pour cela, suffit d'utiliser la fonction `library`. Notez que conventionnellement, l'appel des *packages* se fait au tout début du script que vous rédigez. Rien ne vous empêche de le faire au fur et à mesure de votre code mais vous perdez alors en lisibilité.

```
library(lubridate)
```

Si vous obtenez un message d'erreur du type :

Error in library(mon_package) : aucun package nommé 'mon_package' n'est trouvé

C'est que le *package* que vous tentez de charger n'est pas encore installé sur votre ordinateur. Dans ce cas, réessayer de l'installer avec la fonction `install.packages`. Si le problème persiste, vérifiez que vous n'avez pas fait de faute de frappe dans le nom du *package*. Vous pouvez également redémarrer RStudio et réessayer d'installer le *package*.

1.2.4 Obtenir de l'aide

Lorsque vous installez des *packages* dans R, vous téléchargez aussi leur documentation. Tous les *packages* de CRAN disposent d'une documentation, mais ceci n'est pas forcément vrai pour GitHub. Dans RStudio, vous pouvez accéder à la documentation des *packages* dans l'onglet **Packages** (figure 1.10). Vous pouvez utiliser la barre de recherche pour retrouver rapidement un *package* installé. Si vous cliquez sur le nom du *package*, vous accédez directement à sa documentation dans cette fenêtre.

Vous pouvez également accéder à ces informations en utilisant la syntaxe suivante dans votre console :

```
help(package = 'lubridate')
```

Souvent, vous aurez besoin d'accéder à la documentation d'une fonction spécifique d'un *package*. Affichons la documentation de la fonction `now` de **lubridate** :

¹⁰ <https://github.com/tidyverse/lubridate>

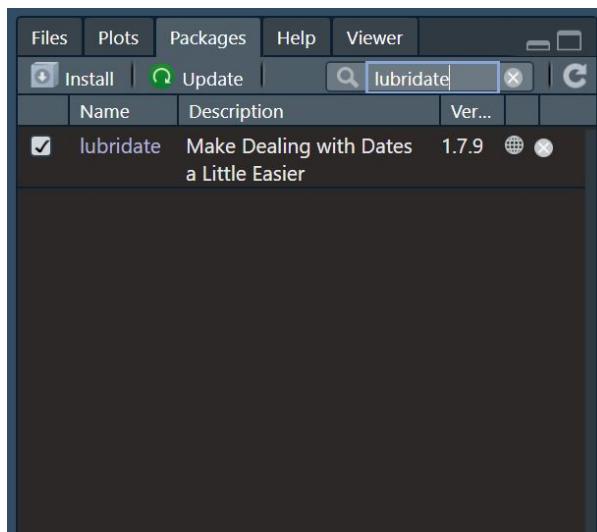


FIG. 1.10 : Description des packages

```
help(now, package = 'lubridate')
```

ou plus simplement :

```
?lubridate::now
```

Vous pouvez aussi utiliser le raccourci suivant :

```
?now
```

Si vous connaissez le nom d'une fonction, mais vous ne vous souvenez plus à quel *package* elle appartient, lancez une recherche en utilisant un double point d'interrogation :

```
??now
```

Vous allez ainsi découvrir que la fonction `now` n'existe pas que dans **lubridate**, ce qui souligne l'importance de bien connaître les *packages* que l'on installe et que l'on charge dans notre session !

Maintenant que nous avons fait le tour de l'environnement de travail, nous allons pouvoir entamer les choses sérieuses avec les bases du langage R.

1.3 Les bases du langage R

R est un langage de programmation. Il vous permet de communiquer avec votre ordinateur pour lui donner des tâches à accomplir. Dans cette section, nous aborderons les bases du langage. Ce type de section introductory à R est présente dans tous les manuels sur R; elle est donc incontournable. À la

première lecture, elle vous semblera probablement aride, et ce, d'autant plus que nous ne réalisons pas d'analyse à proprement parler. Gardez en tête que l'analyse de données requiert au préalable une phase de structuration de ces dernières, opération qui nécessite la maîtrise des notions abordées dans cette section. Nous vous recommandons une première lecture de ce chapitre pour comprendre quelles manipulations vous pouvez effectuer avec R, la lecture des chapitres suivants dédiés aux statistiques, puis de consulter à nouveau cette section au besoin. Notez aussi que la maîtrise des différents objets et opérations de base de R ne s'acquiert qu'en pratiquant. Vous gagnerez cette expertise au fil de vos prochains codes R, période durant laquelle vous pourrez consulter ce chapitre tel un guide de références des différents objets et notions fondamentales de R.

1.3.1 Hello World!

Une introduction à un langage de programmation se doit de commencer par le rite de passage **Hello World**. Il s'agit d'une forme de tradition consistant à montrer aux nouveaux utilisateurs comment afficher le message "Hello World" à l'écran avec le langage en question.

En C, cela donne :

```
#include <stdio.h>

main()
{
    printf("hello, world\n");
}
```

En COBOL :

```
IDENTIFICATION DIVISION.
PROGRAM-ID. HELLO-WORLD.

ENVIRONMENT DIVISION.

DATA DIVISION.

PROCEDURE DIVISION.
    DISPLAY "Hello, world!".
    STOP RUN.
```

et plus simplement en R :

```
print("Hello World")
```

```
## [1] "Hello World"
```

Bravo! Vous venez officiellement de faire votre premier pas dans R!

1.3.2 Objets et expressions

Dans R, nous passons notre temps à manipuler des **objets** à l'aide d'**expressions**. Prenons un exemple concret, si vous tapez la syntaxe `4 + 3`, vous manipulez deux objets (4 et 3) au travers d'une expression indiquant que vous souhaitez obtenir la somme des deux objets.

```
4 + 3
```

```
## [1] 7
```

Cette expression est correcte, R comprend vos indications et effectue le calcul.

Il est possible d'enregistrer le résultat d'une expression et de la conserver dans un nouvel objet. On appelle cette opération déclarer une variable.

```
ma_somme <- 4 + 3
```

Concrètement, nous venons de demander à R d'enregistrer le résultat de `4 + 3` dans un espace spécifique de notre mémoire vive. Si vous regardez dans votre fenêtre **Environment**, vous verrez en effet qu'un objet appelé `ma_somme` est actuellement en mémoire et a pour valeur 7.

Notez ici que le nom des variables ne peut être composé que de lettres, de chiffres, de points(.) et de tiret bas (_) et doit commencer par une lettre. R est sensible à la case, en d'autre termes, les variables `Ma_somme`, `ma_sommE`, `ma_SOMME`, et `MA_SOMME` renvoient toutes à un objet différent. Attention donc aux fautes de frappes. Si vous déclarez une variable en utilisant le nom d'une variable existante, la première est écrasée par la seconde :

```
age <- 35
age
```

```
## [1] 35
```

```
age <- 45
age
```

```
## [1] 45
```

Attention donc aux noms de variables que vous utilisez et réutilisez.

Réutilisons notre objet `ma_somme` dans une nouvelle expression :

```
ma_somme2 <- ma_somme + ma_somme
```

Avec cette nouvelle expression, nous indiquons à R que nous souhaitons déclarer une nouvelle variable appelée `ma_somme2`, et que cette variable aura pour valeur `ma_somme + ma_somme`, soit $7 + 7$. Sans surprise, `ma_somme2` a pour valeur 14.

Notez que la mémoire vive (l'environnement) est vidée lorsque vous fermez R. En d'autres termes, R perd complètement la mémoire lorsque vous le fermez. Vous pouvez bien sûr recréer vos objets en relançant les mêmes syntaxes. C'est pourquoi vous devez conserver vos feuilles de codes et ne pas seulement travailler dans la console. La console ne garde aucune trace de votre travail. Pensez donc à bien enregistrer votre code!

Nous verrons dans un autre chapitre comment sauvegarder des objets et les recharger dans une session ultérieure de R (LIEN SECTION). Ce type d'opération est pertinent quand le temps de calcul nécessaire à la production de certains objets est très long.

1.3.3 Fonctions et arguments

Dans R, nous manipulons le plus souvent nos objets avec des **fonctions**. Une fonction est elle-même un objet, mais qui a la particularité de pouvoir effectuer des opérations sur d'autres objets. Par exemple, déclarons l'objet `taille` avec une valeur de 175.897 :

```
taille <- 175.897
```

Nous allons utiliser la fonction `round` dont l'objectif est d'arrondir un nombre à virgule pour obtenir un nombre entier.

```
round(taille)
```

```
## [1] 176
```

Pour effectuer leurs opérations, les fonctions ont généralement besoin d'**arguments**. Ici, `taille` est un argument passé à la fonction `round`. Si nous regardons la documentation de `round` avec `help(round)`, nous constatons que cette fonction prend en réalité deux arguments : `x` et `digits`. Le premier est le nombre que nous souhaitons arrondir et le second le nombre de décimales à conserver. On peut lire dans la documentation que la valeur par défaut de `digits` est 0, ce qui explique que `round(taille)` a produit le résultat de 176.

Réutilisons maintenant la fonction `round` mais en gardant une décimale :

```
round(taille, digits = 1)
```

```
## [1] 175.9
```

Il est aussi possible que certaines fonctions ne requièrent pas d'arguments. Par exemple, la fonction `now` va indiquer la date précise (avec l'heure) et n'a besoin d'aucun argument pour le faire :

```
round(x, digits = 0)
signif(x, digits = 6)
```

Arguments

- x a numeric vector. Or, for `round` and `signif`, a complex vector.
- digits integer indicating the number of decimal places (`round`) or significant digits (`signif`) to be used. Negative values are allowed (see ‘Details’).

FIG. 1.11 : Arguments de la fonction `round`

```
now()
```

```
## [1] "2020-10-20 22:37:41 EDT"
```

Par contre, si nous essayons de lancer la fonction `round` sans argument, nous obtiendrons une erreur :

```
round()
```

Erreur : 0 arguments passed to ‘`round`’ which requires 1 or 2 arguments

Le message est très clair, `round` a besoin d’au moins un argument pour fonctionner. Si au lieu d’un nombre, nous avions donné du texte à la fonction `round`, nous aurions aussi obtenu une erreur :

```
round("Hello World")
```

Error in `round("Hello World")` : non-numeric argument to mathematical function

À nouveau le message est très explicite : nous avons passé un argument non-numérique à une fonction mathématique. Lisez toujours vos messages d’erreurs qui vous permettront d’identifier des coquilles et de corriger votre code !

Une fonction essentielle est la fonction `print` qui permet d’afficher la valeur d’une variable.

```
print(ma_somme)
```

```
## [1] 7
```

1.3.4 Principaux types de données

Depuis le début de ce chapitre, nous avons déclaré plusieurs variables et essentiellement des données numériques. Dans R, il existe trois principaux types de données de base :

- Les données numériques, qui peuvent être des nombres entiers (appelés *integers*), ou des nombres décimaux (appelés *floats*), 15 et 15.3.
- Les données textuelles, qui sont des chaînes de caractères (appelées *strings*) et déclarées entre guillemets "abcdefg"
- Les données booléennes (*booleans*) qui représentent les concepts de vrai (TRUE) ou de faux (FALSE).

Déclarons une variable pour chacun de ces types :

```
age <- 35
taille <- 175.5
adresse <- '4225 rue de la gauchetiere'
proprietaire <- TRUE
```

Notez également qu'il existe des types pour représenter l'absence de données :

- pour représenter un objet vide, on utilisera l'objet **NULL**,
- pour représenter une données manquante, on utilisera l'objet **NA**,
- pour représenter un texte vide, on utilisera une chaîne de caractère de longueur 0 "".

```
age2 <- NULL
taille2 <- NA
adresse2 <- ''
```

1.3.5 Opérateurs

Nous avons vu que les fonctions nous permettent de manipuler des objets. Nous pouvons également effectuer un grand nombre d'opérations avec des opérateurs.

1.3.5.1 Opérateurs mathématiques

Les opérateurs mathématiques permettent d'effectuer du calcul avec des données de type numérique.

TAB. 1.1 : Opérateurs mathématiques

Opérateur	Description	Syntaxe	Résultat
+	Addition	4 + 4	8,0
-	Soustraction	4 - 3	1,0
*	Multiplication	4 * 3	12,0
/	Division	12 / 4	3,0
^	Exponentiel	4 ^ 3	64,0
**	Exponentiel	4 ** 3	64,0
%%	Reste de division	15.5 %% 2	1,5
/%%	Division entière	15.5 %/% 2	7,0

1.3.5.2 Opérateurs relationnels

Les opérateurs relationnels permettent de vérifier des conditions dans R. Ils renvoient un booléen, TRUE si la condition est vérifiée et FALSE si ce n'est pas le cas.

1.3.5.3 Opérateurs logiques

Les opérateurs logiques permettent de combiner plusieurs conditions :

- L'opérateur **ET** permet de vérifier que deux conditions (l'une ET l'autre) sont TRUE. Si l'une des deux est FALSE, il renvoie FALSE.
- L'opérateur **OU** permet de vérifier que l'une des deux conditions est TRUE (l'une OU l'autre). Si les deux sont FALSE, alors il renvoie FALSE.
- L'opérateur **NOT** permet d'inverser une condition. Ainsi NOT TRUE est FALSE et NOT FALSE est TRUE.

Prenons le temps pour un rapide exemple :

```
a <- 4
b <- 10
c <- -5

# produit TRUE car a est bien plus petit que b et c est bien plus petit que a
a < b & c < a
```

```
## [1] TRUE
```

```
# produit FALSE car si a est bien plus petit que b,
# b est en revanche plus grand que c
a < b & b < c
```

```
## [1] FALSE
```

TAB. 1.2 : Opérateurs relationnels

Opérateur	Description	Syntaxe	Résultat
==	Égalité	$4 == 4$	TRUE
!=	Déférence	$4 != 4$	FALSE
>	Est supérieur	$5 > 4$	TRUE
<	Est inférieur	$5 < 4$	FALSE
>=	Est supérieur ou égal	$5 >= 4$	TRUE
<=	Est inférieur ou égal	$5 <= 4$	FALSE

TAB. 1.3 : Opérateurs logiques

Opérateur	Description	Syntaxe	Résultat
&	ET	TRUE & FALSE	FALSE
	OU	TRUE FALSE	TRUE
!	NOT	! TRUE	FALSE

```
# produit TRUE car la seconde condition est inversée
a < b & ! b < c
```

```
## [1] TRUE
```

```
# produit TRUE car au moins une des deux conditions est juste
a < b | b < c
```

```
## [1] TRUE
```

Notez que l'opérateur **ET** est prioritaire sur l'opérateur **OU** et que les parenthèses sont prioritaires sur tous les opérateurs :

```
# produit TRUE car on va commencer par tester a < b ET b < c ce qui donne FALSE
# on obtient ensuite
# FALSE | a > c
# enfin, a est bien supérieur à c, donc l'une des deux conditions est vraie
a < b & b < c | a > c
```

```
## [1] TRUE
```

Notez qu'en arrière-plan, les opérateurs sont en réalité des fonctions déguisées. Il est donc possible de définir de nouveau comportements pour les opérateurs. Il est par exemple possible d'additionner ou comparer des objets spéciaux comme des dates, des géométries, des graphes, etc.

1.3.6 Structures de données

Jusqu'ici, nous avons travaillé avec des objets ne comprenant qu'une seule valeur. Lors d'une analyse statistique, nous allons travailler avec des volumes de données bien plus conséquents. Pour stocker plusieurs valeurs, nous allons travailler avec les structures de données que sont les vecteurs, les matrices, les *dataframes* et les listes.

1.3.6.1 Vecteurs

Les vecteurs sont la brique élémentaire de R. Ils permettent de stocker une série de valeur du même type dans une seule variable. Pour déclarer un vecteur, on utilise la fonction `c()` :

```
ages <- c(35,45,72,56,62)
tailles <- c(175.5,180.3,168.2,172.8,167.6)
adresses <- c('4225 rue de la gauchetiere',
             '4223 rue de la gauchetiere',
             '4221 rue de la gauchetiere',
             '4219 rue de la gauchetiere',
             '4217 rue de la gauchetiere')
proprietaires <- c(TRUE,TRUE, FALSE, TRUE, TRUE)
```

Nous venons ainsi de déclarer quatre nouvelles variables étant chacune un vecteur de longueur cinq (comprenant chacun cinq valeurs). Ces vecteurs représentent, par exemple, les réponses de plusieurs répondants à un questionnaire.



Il existe dans R une subtilité à l'origine de nombreux malentendus : la distinctions entre un vecteur de type texte et un vecteur de type facteur. Dans l'exemple précédent, le vecteur `adresses` est un vecteur de type texte. Chaque nouvelle valeur ajoutée dans le vecteur peut être n'importe quelle nouvelle adresse. Déclarons un nouveau vecteur qui contiendrait cette fois-ci la couleur des yeux de personnes ayant répondu au questionnaire.

```
couleurs_yeux <- c('marron','marron','bleu','bleu','marron','vert')
```

Contrairement aux adresses, il y a un nombre limité de couleurs que nous pouvons mettre dans ce vecteur. Il serait intéressant de fixer les valeurs possibles du vecteur pour s'assurer que de nouvelles ne soient pas ajoutées par erreur. Pour cela, nous pouvons convertir ce vecteur texte en vecteur de type facteur avec la fonction `as.factor`.

```
couleurs_yeux_facteur <- as.factor(couleurs_yeux)
```

Notez que à présent, nous pouvons ajouter une nouvelle couleur dans le 1er vecteur, mais pas dans le second.

```
couleurs_yeux[7] <- "rouge"
couleurs_yeux_facteur[7] <- "rouge"
```

```
## Warning in `[<-.factor`(`*tmp*`, 7, value = "rouge"): invalid factor level, NA
## generated
```

Le message d'erreur nous informe que nous avons tenté d'introduire une valeur invalide dans le facteur.

Les facteurs peuvent sembler restrictifs et très régulièrement, on préfère travailler avec de simples vecteurs de type texte plutôt que des facteurs. Cependant, de nombreuses fonctions d'analyse nécessitent d'utiliser des facteurs car ils assurent une certaine cohérence dans les données. Il est donc essentiel de savoir passer

du texte au facteur avec la fonction `as.factor`. À l'inverse, il est parfois nécessaire de revenir à une variable de type texte avec la fonction `as.character`.

Notez que des vecteurs numériques peuvent aussi être convertis en facteurs :

```
tailles_facteur <- as.factor(tailles)
```

Cependant, si vous souhaitez reconvertis ce facteur en format numérique, il faudra passer dans un premier temps par le format texte :

```
as.numeric(tailles_facteur)
```

```
## [1] 4 5 2 3 1
```

Comme vous pouvez le voir, convertir un facteur en valeur numérique renvoie des nombres entiers. Ceci est dû au fait que les valeurs dans un facteur sont recodées sous forme de nombres entiers, chaque nombre correspondant à une des valeurs originales (appelées niveaux). Si on convertit un facteur en valeurs numériques, on obtient donc ces nombres entiers.

```
as.numeric(as.character(tailles_facteur))
```

```
## [1] 175.5 180.3 168.2 172.8 167.6
```

Moralité de l'histoire, ne confondez pas les données de type texte et de type facteur. Dans le doute, vous pouvez demander à R quel est le type d'un vecteur avec la fonction `class`.

```
class(tailles)
```

```
## [1] "numeric"
```

```
class(tailles_facteur)
```

```
## [1] "factor"
```

```
class(couleurs_yeux)
```

```
## [1] "character"
```

```
class(couleurs_yeux_facteur)
```

```
## [1] "factor"
```

Quasiment toutes les fonctions utilisent des vecteurs. Par exemple, on pourrait calculer la moyenne du vecteur *ages* en utilisant la fonction *mean* présente de base dans R.

```
mean(ages)
```

```
## [1] 54
```

Quand nous disons que le vecteur est la brique élémentaire de R, ce n'est pas juste une façon de parler. Toutes les variables que nous avons déclarés dans les sections précédentes sont aussi des vecteurs, mais de longueur 1 !

1.3.6.2 Matrices

Il est possible de combiner des vecteurs pour former des matrices. Une matrice est un tableau en deux dimensions (colonnes et lignes) généralement utilisé pour représenter certaines structures de données comme des images (pixels), effectuer du calcul matriciel ou plus simplement présenter des matrices de corrélations. Vous aurez rarement à travailler directement avec des matrices, mais il est bon de savoir ce qu'elles sont. Créons deux matrices à partir de nos précédents vecteurs.

```
matrice1 <- cbind(ages,tailles)
# afficher la matrice 1
print(matrice1)
```

```
##      ages tailles
## [1,]    35   175.5
## [2,]    45   180.3
## [3,]    72   168.2
## [4,]    56   172.8
## [5,]    62   167.6
```

```
# afficher les dimensions de la matrice 1
print(dim(matrice1))
```

```
## [1] 5 2
```

```
matrice2 <- rbind(ages, tailles)
# afficher la matrice 2
print(matrice2)
```

```
##      [,1]  [,2]  [,3]  [,4]  [,5]
## ages     35.0  45.0  72.0  56.0  62.0
## tailles  175.5 180.3 168.2 172.8 167.6
```

```
# afficher les dimensions de la matrice 2
print(dim(matrice2))
```

```
## [1] 2 5
```

Comme vous pouvez le constater, la fonction `cbind` permet de concaténer des vecteurs comme s'ils étaient les colonnes d'une matrice, alors que `rbind` les combine comme s'ils étaient des lignes d'une matrice. La figure 1.12 présente graphiquement le passage du vecteur à la matrice.

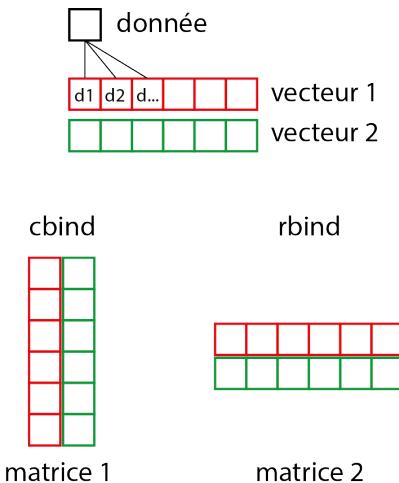


FIG. 1.12 : Du vecteur à la matrice

Notez que vous pouvez transposer une matrice avec la fonction `t`. Si nous essayons maintenant de comparer la matrice 1 et la matrice 2 nous allons avoir une erreur car elles n'ont pas les mêmes dimensions.

```
matrice1 == matrice2
```

Error in matrice1 == matrice2 : non-conformable arrays

En revanche, on pourrait transposer la matrice 1 et refaire cette comparaison :

```
t(matrice1) == matrice2
```

```
## [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## ages   TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## tailles TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

Le résultat souligne bien que l'on a les mêmes valeurs dans les deux matrices. Il est aussi possible de construire des matrices directement avec la fonction `matrix`, ce que nous montrons dans la prochaine section.

1.3.6.3 Arrays

S'il est rare de travailler directement avec des matrices, il est encore plus rare de travailler avec des *arrays*. Un *array* est une matrice spéciale qui peut avoir plus que deux dimensions. Un cas simple serait un *array* en trois dimensions : lignes, colonnes, profondeur, que l'on pourrait se représenter comme un cube divisé en sous cubes. Au delà de trois dimensions, il devient difficile de se les représenter. Cette structure de données peut être utilisée pour représenter les différentes bandes spectrales d'une image satellitaire. Les lignes et les colonnes délimiteraient les pixels de l'image, la profondeur quant à elle délimiterait les différents bandes composant l'image (figure 1.12).

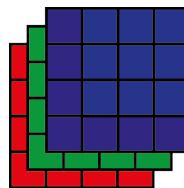


FIG. 1.13 : Un array avec trois dimension

Créons un array en combinant trois matrices avec la fonction `array`. Chacune de ces matrices sera composée respectivement de 1, de 2 et de 3 et aura une dimension de 5×5 . L'array final aura donc des dimensions de $5 \times 5 \times 3$.

```
mat1 <- matrix(1, nrow = 5, ncol = 5)
mat2 <- matrix(2, nrow = 5, ncol = 5)
mat3 <- matrix(3, nrow = 5, ncol = 5)

mon_array <- array(c(mat1, mat2, mat3), dim = c(5,5,3))

print(mon_array)
```

```
## , , 1
##
## [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]    1    1    1    1    1
## [2,]    1    1    1    1    1
## [3,]    1    1    1    1    1
## [4,]    1    1    1    1    1
## [5,]    1    1    1    1    1
##
## , , 2
##
## [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]    2    2    2    2    2
## [2,]    2    2    2    2    2
## [3,]    2    2    2    2    2
## [4,]    2    2    2    2    2
## [5,]    2    2    2    2    2
##
## , , 3
##
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]    3    3    3    3    3
## [2,]    3    3    3    3    3
## [3,]    3    3    3    3    3
## [4,]    3    3    3    3    3
## [5,]    3    3    3    3    3
```

1.3.6.4 DataFrames

S'il est rare de manipuler des matrices et des *arrays*, le *DataFrame* (tableau de données en français) est la structure de données avec laquelle vous travaillerez le plus souvent. Dans cette structure, chaque ligne du tableau représente un individu et chaque colonne représente une caractéristique de ces individus. Ces colonnes ont des noms, ce qui permet facilement d'accéder à leurs valeurs. Créons ensemble un *DataFrame* à partir de nos quatres vecteurs et de la fonction `data.frame`.

```
df <- data.frame(
  "age" = ages,
  "taille" = tailles,
  "adresse" = adresses,
  "proprietaire" = proprietaires
)
```

Dans Rstudio, vous pouvez visualiser votre tableau de données avec la fonction `View(df)`. Comme vous pouvez le constater, chaque vecteur est devenu une colonne de votre tableau de données *df*. La figure 1.14 résume ce passage d'une simple donnée à un DataFrame en passant par un vecteur.

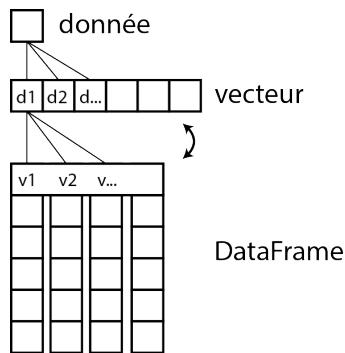


FIG. 1.14 : De la donnée au DataFrame

Plusieurs fonctions de base de R fournissent des informations importantes sur un *DataFrame* :

TAB. 1.4 : Un premier DataFrame

age	taille	adresse	proprietaire
35	175,5	4225 rue de la gauchetiere	TRUE
45	180,3	4223 rue de la gauchetiere	TRUE
72	168,2	4221 rue de la gauchetiere	FALSE
56	172,8	4219 rue de la gauchetiere	TRUE
62	167,6	4217 rue de la gauchetiere	TRUE

- `names` renvoie les noms des colonnes du DataFrame;
- `nrow` renvoie le nombre de lignes;
- `ncol` renvoie le nombre de colonnes.

```
names(df)
```

```
## [1] "age"          "taille"        "adresse"       "proprietaire"
```

```
nrow(df)
```

```
## [1] 5
```

```
ncol(df)
```

```
## [1] 4
```

Vous pouvez accéder à chaque colonne de *df* en utilisant le symbole `$` ou `["nom_de_la_colonne"]`. Recalculons ainsi la moyenne des âges :

```
mean(df$age)
```

```
## [1] 54
```

```
mean(df[["age"]])
```

```
## [1] 54
```

1.3.6.5 Listes

La dernière structure de données à connaître est la liste. Elle ressemble à un vecteur, au sens où elle permet de stocker un ensemble d'objets les uns à la suite des autres. Cependant, une liste peut contenir n'importe quel type d'objets. Vous pouvez ainsi construire des listes de matrices, des listes d'*arrays*, des listes mixant des vecteurs, des graphiques, des *DataFrames*, des listes de listes...

Créons ensemble une liste qui va contenir des vecteurs et des matrices à l'aide de la fonction `list`.

```
ma_liste <- list(c(1,2,3,4),
                  matrix(1, ncol = 3, nrow = 5),
                  matrix(5, ncol = 3, nrow = 7),
                  'A'
)
```

Il est possible d'accéder aux éléments de la liste par leur position dans cette dernière en utilisant les doubles crochets `[[]]` :

```
print(ma_liste[[1]])
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```
print(ma_liste[[4]])
```

```
## [1] "A"
```

Il est aussi possible de donner des noms aux éléments de la liste et d'utiliser le symbole `$` pour y accéder. Créons une nouvelle liste de vecteurs et donnons leurs des noms avec la fonction `names`.

```
liste2 <- list(c(35,45,72,56,62),
                 c(175.5,180.3,168.2,172.8,167.6),
                 c(TRUE,TRUE,FALSE,TRUE,TRUE)
)
names(liste2) <- c("age",'taille','proprietaire')

print(liste2$age)
```

```
## [1] 35 45 72 56 62
```

Si vous avez bien suivi, vous devez avoir compris qu'un *DataFrame* n'est en fait rien d'autre qu'une liste de vecteurs avec des noms !

Bravo! Vous venez de faire le tour des bases du langage R. Nous allons pouvoir passer à la suite et apprendre à manipuler des données dans des *DataFrames*!

1.4 Manipuler des données

Dans cette section, vous apprendrez à charger et manipuler des *DataFrames* en vue d'effectuer des opérations classiques de gestion de données.

1.4.1 Charger un *DataFrame* depuis un fichier

Il sera rarement nécessaire de créer vos *DataFrames* manuellement comme réalisé dans la section précédente. Le plus souvent, vous disposerez de fichiers contenant vos données et utiliserez des fonctions pour les importer dans R sous forme d'un *DataFrame*. Les formats à importer les plus répandus sont :

- *.csv*, soit un fichier texte dont chaque ligne représente une ligne du tableau de données dont les colonnes sont séparées par un délimiteur (généralement une virgule ou un point-virgule).
- *.dbf*, ou fichier *dBase*, souvent associés à des fichiers d'information géographique au format *ShapeFile*.
- *.xls* et *.xlsx*, soit des fichiers générés par Excel.
- *.json*, soit un fichier texte utilisant la norme d'écriture propre au langage JavaScript.

Plus rarement, il se peut que vous ailliez à charger des fichiers provenant de logiciels propriétaires :

- *.sas7bdat* (SAS),
- *.sav* (SPSS) et
- *.dta* (STATA).

Pour lire la plupart de ces fichiers, nous allons utiliser le package **foreign** dédié à l'importation d'une multitude de formats. Commencez donc par l'installer (`install.packages("foreign")`). Nous allons charger cinq fois le même jeu de données enregistré dans des formats différents (*csv*, *dbf*, *dta*, *sas7bdat* et *xlsx*). Aussi, nous mesurerons le temps nécessaire pour importer chacun de ces fichiers avec la fonction `Sys.time`.

1.4.1.1 Lire un fichier *csv*

Pour le format *csv*, il n'y a pas besoin d'utiliser un package puisque R dispose d'une fonction de base pour lire ce format.

```
t1 <- Sys.time()
df1 <- read.csv("data/priseenmain/SR_MTL_2016.csv",
                 header = TRUE, sep = ",", dec = ".",
                 stringsAsFactors = FALSE)
t2 <- Sys.time()
d1 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df1 a ',nrow(df1),' observations',
    'et ',ncol(df1),"colonnes\n")

## le dataframe df1 a  951  observations et  48 colonnes
```

Rien de bien compliqué! Notez tout de même que :

- Lorsque vous chargez un fichier *csv*, vous devez connaître le **séparateur**, soit le caractère utilisé pour délimiter les colonnes. Dans le cas présent, il s'agit d'une virgule (spécifiez avec l'argument `sep = ","`), mais il pourrait tout aussi bien être un point virgule (`sep = ";"`) une tabulation (`sep = " "`), etc.

- Vous devez également spécifier le caractère utilisé comme séparateur de décimales. Le plus souvent, ce sera le point (`dec = ".")`, mais certains logiciels avec des paramètres régionaux de langue française (notamment Excel) exportent des fichiers *csv* avec des virgules comme séparateur de décimales (utilisez alors `dec = ","`).
- L'argument `header` indique si la première ligne (l'entête) du fichier comprend ou non les noms des colonnes du jeu de données (avec les valeurs `TRUE` ou `FALSE`). Il arrive que certains fichiers *csv* soient fournis sans entête et que les noms et descriptions des colonnes soient fournis dans un autre fichier.
- L'argument `stringsAsFactors` permet d'indiquer à R que les colonnes comportant du texte doivent être chargées comme des vecteurs de type texte et nom de type facteur.

1.4.1.2 Lire un fichier *dbase*

Pour lire un fichier *dbase* (.dbf), nous utilisons la fonction `read.dbf` du *package foreign* installé précédemment :

```
library(foreign)

t1 <- Sys.time()
df2 <- read.dbf("data/priseenmain/SR_MTL_2016.dbf")
t2 <- Sys.time()
d2 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df2 a ',nrow(df2),' observations',
  'et ',ncol(df2),"colonnes\n")

## le dataframe df2 a  951  observations et  48 colonnes
```

Comme vous pouvez le constater, nous obtenons les mêmes résultats qu'avec le fichier *csv*.

1.4.1.3 Lire un fichier *dta* (Stata)

Si vous travaillez avec des collègues utilisant le logiciel Stata, il se peut que ces derniers vous partagent des fichiers *dta*. Toujours en utilisant le *package foreign*, vous serez en mesure de les charger directement dans R.

```
t1 <- Sys.time()
df3 <- read.dta("data/priseenmain/SR_MTL_2016.dta")
t2 <- Sys.time()
d3 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df3 a ',nrow(df3),' observations',
  'et ',ncol(df3),"colonnes\n", sep = "")

## le dataframe df3 a 951 observationset 48colonnes
```

1.4.1.4 Lire un fichier *sav* (SPSS)

SPSS est encore utilisé dans le milieu académique, surtout au premier cycle, bien que de moins en moins. Pour importer un fichier *sav*, vous pourrez utiliser la fonction `read.spss` package **foreign**.

```
t1 <- Sys.time()
df4 <- as.data.frame(read.spss("data/priseenmain/SR_MTL_2016.sav"))
t2 <- Sys.time()
d4 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df4 a ',nrow(df4),' observations',
  'et ',ncol(df4),"colonnes\n", sep = "")

## le dataframe df4 a 951 observationset 48colonnes
```

1.4.1.5 Lire un fichier *sas7bdat* (SAS)

SAS est encore utilisé dans les milieux académiques, gouvernementaux et privés. Pour importer un fichier *sas7bdat*, vous pourrez utiliser le package **sas7bdat** que vous devrez préalablement installer (`install.packages("sas7bdat")`) et charger (`library(sas7bdat)`).

```
library(sas7bdat)

t1 <- Sys.time()
df5 <- read.sas7bdat("data/priseenmain/SR_MTL_2016.sas7bdat")
t2 <- Sys.time()
d5 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df5 a ',nrow(df5),' observations',
  'et ',ncol(df5),"colonnes\n", sep = "")

## le dataframe df5 a 951 observationset 48colonnes
```

1.4.1.6 Lire un fichier *xlsx* (Excel)

Lire un fichier Excel dans R n'est pas toujours une tâche facile. Généralement, nous recommandons d'exporter les fichiers en question au format *csv* dans un premier temps, puis de le lire avec la fonction `read.csv` dans un second temps (LIEN SECTION). Il est néanmoins possible de lire directement un fichier *xlsx* avec le package **xlsx**. Ce dernier requiert que le logiciel JAVA soit installé sur votre ordinateur (Windows, Mac ou Linux). Si vous utilisez la version 64 bit de R, vous devrez télécharger et installer la version 64 bit de JAVA. Une fois que ce logiciel tiers est installé, il ne vous restera plus qu'à installer (`install.packages("xlsx")`) et charger (`library(xlsx)`) le package **xlsx**.

```
library(xlsx)

t1 <- Sys.time()
df6 <- read.xlsx(file="data/priseenmain/SR_MTL_2016.xlsx",
                  sheetIndex = 1,
                  as.data.frame = TRUE)
t2 <- Sys.time()
d6 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df6 a ',nrow(df6),' observations',
    'et ',ncol(df6),"colonnes\n", sep = "")
```

le dataframe df6 a 951 observationset 48colonnes

Il est possible d'accélérer significativement la vitesse de lecture d'un fichier *xlsx* en utilisant la fonction `read.xlsx2`. Il faut cependant indiquer à cette dernière le type de données de chaque colonne. Dans le cas présent, les cinq premières colonnes contiennent des données au format texte (`character`), alors que les 43 autres sont des données numériques (`numeric`). Nous utilisons la fonction `rep` afin de ne pas avoir à écrire plusieurs fois `character` et `numeric`.

```
library(xlsx)

t1 <- Sys.time()
df7 <- read.xlsx2(file="data/priseenmain/SR_MTL_2016.xlsx",
                  sheetIndex = 1,
                  as.data.frame = TRUE,
                  colClasses = c(rep("character",5),rep("numeric",43)))
)
t2 <- Sys.time()
d7 <- as.numeric(difftime(t2,t1,units="secs"))

cat('le dataframe df6 a ',nrow(df7),' observations',
    'et ',ncol(df7),"colonnes\n", sep = "")
```

le dataframe df6 a 951 observationset 48colonnes

Si l'on compare les temps d'exécution (tableau 1.5), on constate que la lecture des fichiers *xlsx* peut être extrêmement longue si l'on ne spécifie pas le type des colonnes. Ceci peut devenir problématique pour des fichiers volumineux. Notez également que la lecture des fichiers *csv* devient de plus en plus laborieuse à mesure que la taille du fichier *csv* augmente. Si vous devez un jour charger des fichiers *csv* de plusieurs gigaoctets, nous vous recommandons vivement d'utiliser la fonction `fread` du package `data.table` qui est beaucoup plus rapide.

1.4.2 Manipuler un *DataFrame*

Une fois le *DataFrame* chargé, voyons comment il est possible de le manipuler.

TAB. 1.5 : Temps nécessaire pour lire les données en fonction du type de fichiers

Durée (s)	fonction
0,03	read.csv
0,05	read.dbf
0,01	read.spss
0,02	read.dta
1,30	read.sas7bdat
22,50	read.xlsx
0,55	read.xlsx2

1.4.2.1 Un petit mot sur le tidyverse

Tidyverse est un ensemble de *packages* conçus pour faciliter la structuration et la manipulation des données dans R. Avant d'aller plus loin, il est important d'aborder brièvement un débat actuel dans la Communauté R. Entre 2010 et 2020, l'utilisation du **tidyverse** s'est peu à peu répandue. Développé et maintenu par Hadley Wickham, **tidyverse** introduit une philosophie et une grammaire spécifiques qui diffèrent du langage R traditionnel. Une partie de la communauté a pour ainsi dire complètement embrassé le **tidyverse** et de nombreux *packages* en dehors du **tidyverse** ont adopté sa grammaire et sa philosophie. À l'inverse, une autre partie de la communauté est contre cette évolution (voir l'article du blogue suivant¹¹). Les arguments pour et contre **tidyverse** sont résumés dans le tableau suivant.

Le dernier point est probablement le plus problématique. Dans sa volonté d'évoluer au mieux et sans restriction, le *package* **tidyverse** n'offre aucune garantie de rétro-compatibilité. En d'autre termes, des changements importants peuvent être introduits d'une version à l'autre rendant potentiellement obsolète votre propre code. Nous n'avons pas d'opinion tranchée sur le sujet : **tidyverse** est un outil très intéressant dans de nombreux cas ; nous évitons simplement de l'utiliser systématiquement et préférons charger directement des sous-packages (comme **dplyr** ou **ggplot2**) du **tidyverse**. Notez que le *package* **data.table** offre une alternative au **tidyverse** dans la manipulation de données. Au prix d'une syntaxe généralement un peu plus complexe, le *package* **data.table** offre une vitesse de calcul bien supérieure au **tidyverse** et assure une bonne rétro-compatibilité.

1.4.2.2 Gérer les colonnes d'un *DataFrame*

Repartons du *DataFrame* que nous avons chargé précédemment grâce à un fichier *csv*.

¹¹ <https://blog.ephorie.de/why-i-dont-use-the-tidyverse>

TAB. 1.6 : Avantages et inconvénients du tidyverse

Avantage du tidyverse	Problème posé par le tidyverse
Simplicité d'écriture et d'apprentissage	Nouvelle syntaxe à apprendre
Ajout de l'opérateur %>% permettant d'enchaîner les traitements	Perte de lisibilité avec l'opérateur ->
La meilleure librairie pour réaliser des graphiques : ggplot2	Certaines fonctions de base sont remplacées par tidyverse lors de son chargement, pouvant créer des erreurs.
Crée un écosystème cohérent	Ajoute une dépendance dans le code
Package en développement et de plus en plus utilisé	Philosophie d'évolution agressive, aucune assurance de rétro-compatibilité

```
df <- read.csv(file="data/priseenmain/SR_MTL_2016.csv",
               header = TRUE, sep = ",", dec = ".",
               stringsAsFactors = FALSE)
```

1.4.2.2.1 Sélectionner une colonne

Pour rappel, il est possible d'accéder aux colonnes dans ce *DataFrame* en utilisant le symbole dollar \$ma_colonne ou les doubles crochets [[ma_colonne]].

```
# Calcul de la superficie totale de l'Île de Montréal
sum(df$KM2)
```

```
## [1] 4680.543
```

```
sum(df[["KM2"]])
```

```
## [1] 4680.543
```

1.4.2.2.2 Sélectionner plusieurs colonnes

Il est possible de sélectionner plusieurs colonnes d'un *DataFrame* et filtrer ainsi les colonnes inutiles. Pour cela, on peut utiliser un vecteur contenant soit la position de la colonne (1 pour la première colonne, 2 pour la seconde et ainsi de suite), soit les noms des colonnes.

```
# Conserver les 5 premières colonnes
df2 <- df[1:5]

# Conserver les colonnes 1,5,10 et 15
df3 <- df[c(1,5,10,15)]

# Cela peut aussi être utilisé pour changer l'ordre des champs
df3 <- df[c(10,15,1,5)]

# Conserver les colonnes 1 à 5, 7 à 12, 17 et 22
df4 <- df[c(1:5,7:12,17,22)]

# Conserver les colonnes avec leurs noms
df5 <- df[c("SRIDU","KM2","Pop2016","MaisonIndi","LoyerMed")]
```

1.4.2.2.3 Supprimer des colonnes

Il est parfois plus intéressant et rapide de directement supprimer des colonnes plutôt que de recréer un nouveau *DataFrame*. Pour ce faire, on attribue la valeur `NULL` à ces colonnes.

```
# Supprimer le colonnes 2, 3 et 5
df3[c(2,3,5)] <- list(NULL)

# Supprimer une colonne avec son nom
df4$OID <- NULL

# Supprimer plusieurs colonnes par leur nom
df5[c("SRIDU","LoyerMed")] <- list(NULL)
```

Notez que si vous supprimez une colonne, vous ne pouvez pas revenir en arrière. Il faudra recharger votre jeu de données ou éventuellement relancer les calculs qui avaient produit cette colonne.

1.4.2.2.4 Renommer des colonnes

Il est possible de changer le nom d'un colonne. Cette opération est importante pour faciliter la lecture du *DataFrame* ou encore s'assurer que l'exportation du *DataFrame* dans un format ne posera pas de problème.

```
# Voici les noms des colonnes
names(df5)

## [1] "KM2"          "Pop2016"       "MaisonIndi"

# Renommer toutes les colonnes
names(df5) <- c('superficie_km2','population_2016', 'maison_individuelle_prt')
names(df5)

## [1] "superficie_km2"      "population_2016"
## [3] "maison_individuelle_prt"
```

```
# Renommer avec dplyr
library(dplyr)
df4 <- rename(df4, "population_2016" = "Pop2016",
              "prs_moins_14ans_prt" = "A014",
              "prs_15_64_ans_prt" = "A1564",
              "prs_65plus_ans_prt" = "A65plus"
            )
```

1.4.2.3 Calculer de nouvelles variables

Il est possible d'utiliser les colonnes de type numérique pour calculer de nouvelles colonnes en utilisant les opérateurs mathématiques vus dans la section @ref(sect01_35). Prenons un exemple concret : calculons la densité de population par secteur de recensement dans notre *DataFrame* et affichons un résumé de cette nouvelle variable.

```
# Calcul de la densité
df$pop_density_2016 <- df$Pop2016 / df$KM2

# Statistiques descriptives
summary(df$pop_density_2016)
```

```
##      Min.    1st Qu.     Median      Mean    3rd Qu.      Max.
##    17.45   1946.96  3700.50  5465.03  7918.39 48811.79
```

Nous pouvons aussi calculer le ratio entre le nombre de maisons et le nombre d'appartements.

```
# Calcul du ratio
df$total_maison <- (df$MaisonIndi + df$MaisJumule + df$MaisRangee + df$AutreMais)
df$total_apt <- (df$AppDuplex + df$App5Moins + df$App5Plus)
df$ratio_maison_apt <- df$total_maison / df$total_apt
```

Retenez ici que R va appliquer le calcul à chaque ligne de votre jeu de données et stocker le résultat dans une nouvelle colonne. Cette opération est du calcul vectoriel : toute la colonne est calculée en une seule fois. R est d'ailleurs optimisé pour le calcul vectoriel.

1.4.2.4 Fonctions mathématiques

R propose un ensemble de fonctions de base pour effectuer du calcul. Voici une liste non-exhaustive des principales fonctions :

- `abs` calcule les valeurs absolues des valeurs d'un vecteur
- `sqrt` calcule les racines carrées des valeurs d'un vecteur
- `log` calcule les logarithmes des valeurs d'un vecteur
- `exp` calcule les exponentiels des valeurs d'un vecteur
- `factorial` calcule la factorielle des valeurs d'un vecteur
- `round` arrondit les valeurs d'un vecteur
- `ceiling, floor` arrondit à l'unité supérieure ou inférieure les valeurs d'un vecteur
- `sin, asin, cos, acos, tan, atan` sont des fonctions de trigonométrie classiques
- `cumsum` calcule la somme cumulative des valeurs d'un vecteur.

Ces fonctions sont des fonctions vectorielles puisqu'elles s'appliquent à tous les éléments d'un vecteur. Si votre vecteur en entrée comprend cinq valeurs, le vecteur en sortie comprendra aussi cinq valeurs.

À l'inverse, les fonctions suivantes s'appliquent directement à l'ensemble d'un vecteur et ne vont renvoyer qu'une seule valeur :

- `sum` calcule la somme des valeurs d'un vecteur
- `prod` calcule le produit des valeurs d'un vecteur
- `min, max` renvoient les valeurs maximale et minimale d'un vecteur
- `mean, median` renvoient la moyenne et la médiane d'un vecteur
- `quantile` renvoie les percentiles d'un vecteur.

1.4.2.5 Fonctions pour manipuler du texte

En plus des données numériques, vous aurez à travailler avec des données textuelles. Le `tidyverse` avec le package `stringr` offre des fonctions très intéressantes pour manipuler ce type de données. Pour un aperçu de toutes les fonctions offertes par `stringr`, référez-vous à sa Cheat Sheet¹². Commençons avec un `DataFrame` assez simple comprenant des adresses et des noms de personnes.

```
library(stringr)

df <- data.frame(
  noms = c("Jérémie Toutanplace", "constant Tinople", "dino Resto", "Luce tancil"),
  adresses = c('15 rue Levy', '413 Blvd Saint-Laurent', '3606 rue Duké', '2457 route St Marys')
)
```

1.4.2.5.1 Majuscules et minuscules

Pour harmoniser ce `dataframe`, nous allons dans un premier temps mettre des majuscules au premier caractère des prénoms et noms des individus avec la fonction `str_to_title`.

```
df$noms_corr <- str_to_title(df$noms)
print(df$noms_corr)

## [1] "Jérémie Toutanplace" "Constant Tinople"    "Dino Resto"
## [4] "Luce Tancil"
```

On pourrait également tout mettre en minuscule ou tout en majuscule.

```
df$noms_min <- tolower(df$noms)
df$noms_maj <- toupper(df$noms)
print(df$noms_min)

## [1] "jérémie toutanplace" "constant tinople"    "dino resto"
## [4] "luce tancil"
```

¹²<https://github.com/rstudio/cheatsheets/blob/master/strings.pdf>

```
print(df$noms_maj)

## [1] "JÉRÉMY TOUTANPLACE" "CONSTANT TINOPLE"    "DINO RESTO"
## [4] "LUCE TANCIL"
```

1.4.2.5.2 Remplacer du texte

Dans les adresses, nous avons des caractères accentués. Ce type de caractères pose régulièrement des problèmes d'encodage et nous pourrions décider de les remplacer par des caractères simples avec la fonction `str_replace_all`.

```
df$adresses_1 <- str_replace_all(df$adresses, 'é', 'e')
print(df$adresses_1)

## [1] "15 rue Levy"           "413 Blvd Saint-Laurent" "3606 rue Duke"
## [4] "2457 route St Marys"
```

Nous pouvons utiliser la même fonction pour remplacer les *St* par *Saint* et les *Blvd* par *Boulevard*.

```
df$adresses_2 <- str_replace_all(df$adresses_1, ' St ', ' Saint ')
df$adresses_3 <- str_replace_all(df$adresses_2, ' Blvd ', ' Boulevard ')
print(df$adresses_3)

## [1] "15 rue Levy"           "413 Boulevard Saint-Laurent"
## [3] "3606 rue Duke"         "2457 route Saint Marys"
```

1.4.2.5.3 Découper du texte

Il est parfois nécessaire de découper du texte pour en extraire des éléments. On doit alors choisir un caractère de découpage. Dans notre exemple, on pourrait vouloir extraire les numéros civiques des adresses, en utilisant le premier espace comme caractère de découpage, en utilisant la fonction `str_split_fixed`.

```
df$num_civique <- str_split_fixed(df$adresses_3, ' ', n=2) [,1]
print(df$num_civique)

## [1] "15"    "413"   "3606"  "2457"
```

Pour être exact, sachez que pour notre exemple, la fonction `str_split_fixed` renvoie deux colonnes de texte : une avec le texte avant le premier espace (donc le numéro civique) et une avec le reste du texte. Le nombre de colonnes est contrôlé par l'argument `n`. Si `n = 1`, la fonction ne fait aucun découpage, avec `n = 2` la fonction va découper en deux parties le texte avec la première occurrence du délimiteur, et ainsi de suite. En ajoutant `[,1]` à la fin, nous indiquons que nous souhaitons seulement garder la première des deux colonnes.

1.4.2.5.4 Coller du texte

À l'inverse du découpage, il est parfois nécessaire de concaténer des éléments de texte, ce qu'il est possible de faire avec la fonction `paste`.

```
df$texte_complet <- paste(df$noms_corr, df$adresses_3, sep = " : ")
print(df$texte_complet)
```

```
## [1] "Jérémie Toutanplace : 15 rue Levy"
## [2] "Constant Tinople : 413 Boulevard Saint-Laurent"
## [3] "Dino Resto : 3606 rue Duke"
## [4] "Luce Tancil : 2457 route Saint Marys"
```

Le paramètre `sep` permet de choisir le ou les caractères à intercaler entre les éléments à concaténer. Notez qu'il est possible de concaténer plus que deux éléments.

```
df$ville <- c('Montreal','Montreal','Montreal','Montreal')
paste(df$noms_corr, df$adresses_3, df$ville, sep = ", ")
```

```
## [1] "Jérémie Toutanplace, 15 rue Levy, Montreal"
## [2] "Constant Tinople, 413 Boulevard Saint-Laurent, Montreal"
## [3] "Dino Resto, 3606 rue Duke, Montreal"
## [4] "Luce Tancil, 2457 route Saint Marys, Montreal"
```

1.4.2.6 Manipuler des colonnes de type date

Nous avons vu que les principaux types de données dans R sont le numérique, le texte, le booléen et le facteur. Il existe d'autres types, introduits par différent *packages*. Nous abordons ici les types date et temps (*date and time*). Pour les manipuler, nous privilégions l'utilisation du package ***lubridate*** du ***tidyverse***. Pour illustrer le tout, nous l'appliquerons avec un jeu de données ouvertes de la ville de Montréal représentant les accidents de la route incluant au moins un vélo après le premier janvier 2017.

```
accidents_df <- read.csv(file="data/priseenmain/accidents.csv", sep = ", ")
names(accidents_df)
```

```
## [1] "HEURE_ACCDN"          "DT_ACCDN"           "NB_VICTIMES_TOTAL"
```

Nous disposons de trois colonnes représentant respectivement l'heure, la date et le nombre de victimes impliquées dans l'accident.

1.4.2.6.1 Du texte à la date

Actuellement, les colonnes *HEURE_ACCDN* et *DT_ACCDN* sont au format texte. Nous pouvons afficher quelques lignes du jeu de données avec la fonction `head` pour visualiser comment elles ont été saisies.

```
head(accidents_df, n = 5)
```

```
##          HEURE_ACCDN    DT_ACCDN NB_VICTIMES_TOTAL
## 1 16:00:00-16:59:00 2017/11/02                  0
## 2 06:00:00-06:59:00 2017/01/16                  1
## 3 18:00:00-18:59:00 2017/04/18                  0
## 4 11:00:00-11:59:00 2017/05/28                  1
## 5 15:00:00-15:59:00 2017/05/28                  1
```

Un peu de ménage s'impose : les heures sont indiquées comme des périodes d'une heure. Nous utilisons la fonction `str_split_fixed` du package `stringr` pour ne garder que la première partie de l'heure (avant le tiret). Nous allons ensuite concaténer l'heure et la date avec la fonction `paste`, puis nous convertirons ce résultat en un objet *date-time*.

```
library(lubridate)

# Étape 1 : découper la colonne Heure_ACCDN
accidents_df$heure <- str_split_fixed(accidents_df$HEURE_ACCDN, "-", n=2)[,1]

# Étape 2 : concaténer l'heure et la date
accidents_df$date_heure <- paste(accidents_df$DT_ACCDN,
                                    accidents_df$heure,
                                    sep = ' ')

# Étape 3 : convertir au format datetime
accidents_df$datetime <- as_datetime(accidents_df$date_heure,
                                       format = "%Y/%m/%d %H:%M:%S")
```

Pour effectuer la conversion, nous avons utilisé la fonction `as_datetime` du package **lubridate**. Elle prend comme paramètre un vecteur de texte et une indication du format de ce vecteur de texte. Il existe de nombreuses façons de spécifier une date et une heure et l'argument *format* permet de spécifier quelle nomenclature est utilisée. Dans cet exemple, la date est structurée comme suit : année/mois/jour heure:minute:seconde, ce qui se traduit par le format `%Y/%m/%d %H:%M:%S`.

- `%Y` signifie une année indiquée avec quatre caractères : 2017
- `%m` signifie un mois, indiqué avec deux caractères : 01, 02, 03, ... 12
- `%d` signifie un jour, indiqué avec deux caractères : 01, 02, 03, ... 31
- `%H` signifie une heure, au format 24 heures avec deux caractères : 00, 02, ... 23
- `%M` signifie des minutes indiquées avec deux caractères : 00, 02, ... 59
- `%S` signifie des secondes, indiquées avec deux caractères : 00, 02, ... 59

Notez que les caractères séparant les années, jours, heures, etc. sont aussi à indiquer dans le format. Dans notre exemple, nous utilisons des / pour séparer les éléments de la date, des : pour l'heure, et un espace pour séparer la date et l'heure.

Il existe d'autres nomenclatures pour spécifier un format *datetime* : par exemple, des mois renseignés par leur nom, l'indication AM-PM, etc. Vous pouvez vous référer à la documentation de la fonction `strptime` (`help(strptime)`) pour explorer les différentes nomenclatures et choisir celle qui vous convient. Bien évidemment, il est **nécessaire** que toutes les dates de votre colonne soient renseignées dans le même format. Sinon, la fonction renverra des valeurs NA aux endroits où elle a échoué à lire le format.

Après toutes ces opérations, rejettons un œil à notre *DataFrame*.

```
head(accidents_df, n = 5)
```

```
##           HEURE_ACCDN DT_ACCDN NB_VICTIMES_TOTAL      heure      date_heure
## 1 16:00:00-16:59:00 2017/11/02                         0 16:00:00 2017/11/02 16:00:00
## 2 06:00:00-06:59:00 2017/01/16                         1 06:00:00 2017/01/16 06:00:00
## 3 18:00:00-18:59:00 2017/04/18                         0 18:00:00 2017/04/18 18:00:00
## 4 11:00:00-11:59:00 2017/05/28                         1 11:00:00 2017/05/28 11:00:00
## 5 15:00:00-15:59:00 2017/05/28                         1 15:00:00 2017/05/28 15:00:00
##               datetime
## 1 2017-11-02 16:00:00
## 2 2017-01-16 06:00:00
## 3 2017-04-18 18:00:00
## 4 2017-05-28 11:00:00
## 5 2017-05-28 15:00:00
```

1.4.2.6.2 Extraire des informations d'une date

À partir de la nouvelle colonne `datetime`, nous sommes en mesure d'extraire des informations intéressantes comme :

- le nom du jour de la semaine avec la fonction `weekdays`

```
accidents_df$jour <- weekdays(accidents_df$datetime)
```

- la période de la journée avec les fonctions `am` et `pm`

```
accidents_df$AM <- am(accidents_df$datetime)
accidents_df$PM <- pm(accidents_df$datetime)
```

```
head(accidents_df[c("jour", "AM", "PM")], n=5)
```

```
##      jour   AM   PM
## 1 jeudi FALSE TRUE
## 2 lundi  TRUE FALSE
## 3 mardi FALSE TRUE
## 4 dimanche  TRUE FALSE
## 5 dimanche FALSE TRUE
```

Il est aussi possible d'accéder aux sous-éléments d'un *datetime* comme l'année, le mois, le jour, l'heure, la minute, la seconde avec les fonctions `year()`, `month()`, `day()`, `hour()`, `minute()` et `second()`.

1.4.2.6.3 Calculer une durée entre deux *datetime*

Une autre utilisation intéressante du format *datetime* est de calculer des différences de temps. Par exemple, nous pourrions utiliser le nombre de minutes écoulées depuis 07 :00 le matin comme une variable dans une analyse visant à déterminer le moment critique des accidents durant l'heure de pointe du matin. Pour cela, nous devons créer un *datetime* de référence en concaténant la date de chaque observation, et le temps 07 :00 :00 qui sera notre point de départ.

```
accidents_df$date_heure_07 <- paste(accidents_df$DT_ACCDN,
                                         '07:00:00',
                                         sep = ' ')
accidents_df$ref_datetime <- as_datetime(accidents_df$date_heure_07,
                                           format = "%Y/%m/%d %H:%M:%S")
```

Il ne nous reste plus qu'à calculer la différence de temps entre la colonne *datetime* et notre temps de référence *ref_datetime*.

```
accidents_df$diff_time <- difftime(accidents_df$datetime,
                                       accidents_df$ref_datetime,
                                       units = 'min')
```

Notez qu'ici la colonne *diff_time* est d'un type spécial : une différence temporelle (*difftime*). Il faut encore la convertir au format numérique pour pouvoir l'utiliser avec la fonction `as.numeric`.

Par curiosité, réalisons rapidement un histogramme avec la fonction `hist` pour analyser rapidement cette variable d'écart de temps !

```
accidents_df$diff_time_num <- as.numeric(accidents_df$diff_time)
hist(accidents_df$diff_time_num, breaks = 50)
```

On observe clairement deux pics, un premier entre 0 et 100 (donc entre 07 :00 08 :30 environ) et un second plus important entre 550 et 650 (entre 16 :00 et 17 :30 environ), ce qui correspond sans surprise aux heures de pointe. Il est intéressant de noter que plus d'accidents se produisent à l'heure de pointe du soir qu'à celle du matin.

1.4.2.7 Recoder des variables

Recoder des variables signifie changer la valeur d'une variable selon une condition afin d'obtenir une nouvelle variable. Si nous reprenons notre exemple précédent avec les accidents à vélo, nous pourrions créer une nouvelle colonne nous indiquant si l'accident a eu lieu en heure de pointe ou hors heure de pointe. On obtiendrait ainsi une nouvelle variable avec seulement deux catégories plutôt que la variable numérique originale. Nous pourrions aussi définir trois catégories avec l'heure de pointe du matin, l'heure de pointe du soir, le reste de la journée et la nuit.

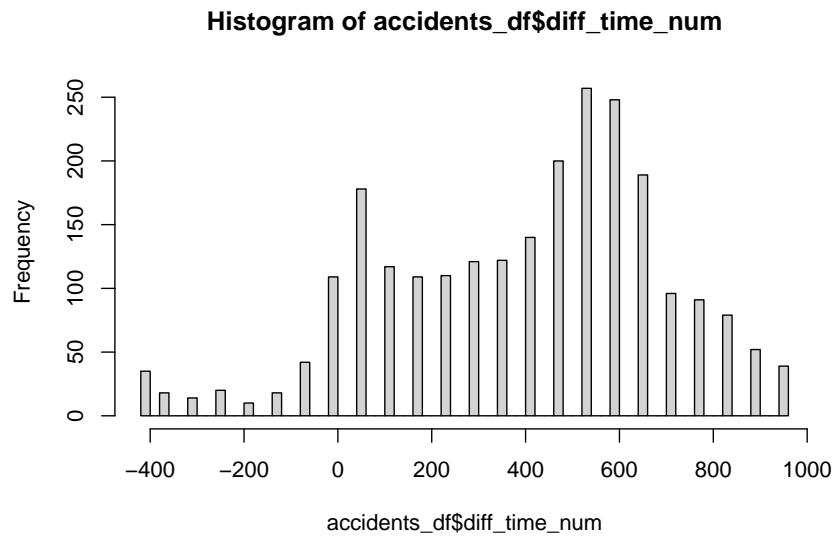


FIG. 1.15 : Répartition temporelle des accidents à vélo

1.4.2.7.1 Le cas binaire avec `ifelse`

Si l'on ne souhaite créer que deux catégories, le plus simple est d'utiliser la fonction `ifelse`. Cette fonction va évaluer une condition (section @ref(sect01_35)) pour chaque ligne d'un *DataFrame* et produire un nouveau vecteur. Créons donc une variable binaire indiquant si un accident a eu lieu durant les heures de pointe ou hors heures de pointe. Nous devons alors évaluer les conditions suivantes :

Est-ce que l'accident a eu lieu entre 07 :00 (0) ET 09 :00 (120), OU est ce que l'accident a eu lieu entre 16 :30 (570) ET 18 :30 (690)?

```
Cond1 <- accidents_df$diff_time_num >= 0 & accidents_df$diff_time_num <= 120
Cond2 <- accidents_df$diff_time_num >= 570 & accidents_df$diff_time_num <= 690

accidents_df$moment_bin <- ifelse(Cond1 | Cond2,
                                    "en heures de pointe",
                                    "hors heures de pointe")
```

Comme vous pouvez le constater, la fonction `ifelse` nécessite trois arguments :

- Une condition, pouvant être `TRUE` ou `FALSE`,
- La valeur à renvoyer si la condition est `TRUE`
- La valeur à renvoyer si la condition est `FALSE`

Avec la fonction `table`, nous pouvons rapidement compter les effectifs des deux catégories ainsi créées :

```
table(accidents_df$moment_bin)
```

```
## en heures de pointe hors heures de pointe
## 841 1573
```

Les heures de pointes représentent quatre heures de la journée, ce qui nous laisse neuf heures hors heure de pointe entre 07 :00 et 20 :00.

```
# Ratio d'accidents en heures de pointe
(841 / 2414) / (4 / 13)
```

```
## [1] 1.132249
```

```
# Ratio d'accidents hors heure de pointe
(1573 / 2414) / (9 / 13)
```

```
## [1] 0.9412225
```

En rapportant les accidents aux durées des deux périodes, on observe une nette sur-représentation des accidents impliquant un vélo pendant les heures de pointe d'environ 13% comparativement à la période hors des heures de pointe.

1.4.2.7.2 Le cas multiple avec la fonction `case_when`

Lorsque l'on souhaite créer plus que deux catégories, il est possible soit d'enchaîner plusieurs fonctions `ifelse` (ce qui produit un code plus long et moins lisible), soit d'utiliser la fonction `case_when` provenant du package `dplyr` du `tidyverse`. Reprenons notre exemple et créons quatre catégories :

- En heures de pointe du matin
- En heures de pointe du soir
- Le reste de la journée (entre 07 :00 et 20 :00)
- La nuit (entre 21 :00 et 07 :00)

```
library(dplyr)

accidents_df$moment_multi <- case_when(
  accidents_df$diff_time_num >= 0 & accidents_df$diff_time_num <= 120 ~ "pointe matin",
  accidents_df$diff_time_num >= 570 & accidents_df$diff_time_num <= 690 ~ "pointe soir",
  accidents_df$diff_time_num > 690 & accidents_df$diff_time_num < 780 ~ "journee",
  accidents_df$diff_time_num > 120 & accidents_df$diff_time_num < 570 ~ "journee",
  accidents_df$diff_time_num < 0 | accidents_df$diff_time_num >= 780 ~ "nuit"
)

table(accidents_df$moment_multi)
```

```
##          journee      nuit pointe matin   pointe soir
##          1155           418        404         437
```

La syntaxe de cette fonction est un peu particulière. Elle accepte un nombre illimité d'arguments. Chaque argument est composé d'une condition et d'une valeur à renvoyer si la condition est vraie; ces deux éléments étant reliés par le symbole ~. Notez que toutes les évaluations sont effectuées dans l'ordre des arguments. En d'autres termes, la fonction va d'abord tester la première condition et assigner ces valeurs, puis recommencer pour les prochaines conditions. Ainsi, si une observation (ligne du tableau de données) obtient TRUE à plusieurs conditions, elle obtiendra la valeur de la dernière condition qu'elle a validée.

1.4.2.8 Sous-sélection d'un *DataFrame*

Dans cette section, nous verrons comment extraire des sous-parties d'un *DataFrame*. Il est possible de sous-sélectionner des lignes et des colonnes en se basant sur des conditions ou leurs index. Pour cela, nous allons utiliser un jeu de données fourni avec R : le jeu de données **iris** décrivant des fleurs du même nom.

```
data("iris")
dim(iris)
```

```
## [1] 150    5
```

1.4.2.8.1 Sous-sélection des lignes

Sous-sélectionner des lignes par index est relativement simple. Admettons que nous souhaitons sélectionner les lignes 1 à 5, 10 à 25, 37 et 58.

```
sub_iris <- iris[c(1:5, 10:25, 37, 58),]
nrow(sub_iris)
```

```
## [1] 23
```

Sous-sélectionner des lignes avec une condition peut être effectué soit avec une syntaxe similaire, soit en utilisant la fonction `subset`. Sélectionnons toutes les fleurs de l'espèce Virginica.

```
iris_virginical <- iris[iris$Species == "virginica",]
iris_virginica2 <- subset(iris, iris$Species == "virginica")
```

```
# Vérifions que les deux dataframes ont le même nombre de lignes
nrow(iris_virginical) == nrow(iris_virginica2)
```

```
## [1] TRUE
```

Vous pouvez utiliser dans les deux cas tous les opérateurs vus dans les sections @ref(sect01_352) et @ref(sect01_353). L'enjeu est d'arriver à un vecteur booléen final permettant d'identifier les observations à conserver.

1.4.2.8.2 Sous-sélectionner des colonnes

Nous avons déjà vu comment sélectionner des colonnes en utilisant leur nom ou leur index dans la section @ref(sect01_4221). Ajoutons ici un cas particulier où nous souhaiterions sélectionner des colonnes selon une condition. Par exemple, nous pourrions vouloir conserver que les colonnes comprenant le mot *Length*. Pour cela, nous utiliserons la fonction `grepl`, permettant de déterminer si des caractères sont présents dans une chaîne de caractères.

```
nom_cols <- names(iris)
print(nom_cols)

## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width"   "Petal.Length" "Petal.Width"   "Species"

test_nom <- grepl("Length", nom_cols, fixed = TRUE)
ok_nom <- nom_cols[test_nom]

iris_2 <- iris(ok_nom)
print(names(iris_2))

## [1] "Sepal.Length" "Petal.Length"
```

Il est possible d'obtenir ce résultat en une seule ligne de code, mais elle est un peu moins lisible.

```
iris2 <- iris[names(iris)[grepl("Length", names(iris), fixed = TRUE)]]
```

1.4.2.8.3 Sélectionner des colonnes et des lignes

Nous avons vu qu'avec les crochets, nous pouvons extraire les colonnes et les lignes d'un *DataFrame*. Il est possible de combiner les deux opérations en même temps. Pour cela, il faut indiquer en premier les indices ou la condition permettant de sélectionner une ligne, puis les indices ou la condition pour sélectionner les colonnes : `[index_lignes , index_colonnes]`. Sélectionnons les trois premières colonnes et les cinq premières lignes du jeu de données iris :

```
iris_5x3 <- iris[c(1,2,3,4,5),c(1,2,3)]
print(iris_5x3)

##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length
## 1          5.1        3.5         1.4
## 2          4.9        3.0         1.4
## 3          4.7        3.2         1.3
## 4          4.6        3.1         1.5
## 5          5.0        3.6         1.4
```

Combinons nos deux exemples précédents pour sélectionner uniquement les lignes avec des fleurs de l'espèce virginica, et les colonnes avec le mot Length.

```
iris_virginica3 <- iris[iris$Species == "virginica",
                      names(iris)[grep("Length", names(iris), fixed = TRUE)]]
head(iris_virginica3, n=5)
```

```
##      Sepal.Length Petal.Length
## 101       6.3          6.0
## 102       5.8          5.1
## 103       7.1          5.9
## 104       6.3          5.6
## 105       6.5          5.8
```

1.4.2.9 Fusionner des *DataFrames*

Terminons cette section avec la fusion de *DataFrames* qu'il est possible de réaliser de deux façons : par ajout ou par jointure.

1.4.2.9.1 Fusionner des *DataFrame* par ajout

Ajouter deux *DataFrames* peut se faire en fonction de leurs colonnes, ou en fonction de leurs lignes. Dans ces deux cas, on utilisera respectivement les fonctions `cbind` et `rbind`. La figure 1.16 résume graphiquement le fonctionnement des deux fonctions.

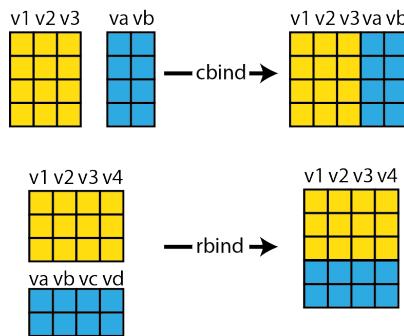


FIG. 1.16 : Fusion de DataFrames

Pour que `cbind` fonctionne, il faut que les deux *DataFrames* aient le même nombre de lignes. Pour `rbind`, les deux *DataFrames* doivent avoir le même nombre de colonnes.

Prenons à nouveau comme exemple le jeu de données iris. Nous allons commencer par le séparer en trois sous-jeux de données comprenant chacun une espèce d'iris. Puis, nous fusionnerons deux d'entre eux avec la fonction `rbind`.

```
iris1 <- subset(iris, iris$Species == "virginica")
iris2 <- subset(iris, iris$Species == "versicolor")
iris3 <- subset(iris, iris$Species == "setosa")

iris_comb <- rbind(iris2,iris3)
```

Nous pourrions aussi extraire dans les deux *DataFrames* les colonnes comprenant le mot *Length* et le mot *Width*, puis les fusionner.

```
iris_l <- iris[names(iris)[grepl("Length",names(iris), fixed = TRUE)]]
iris_w <- iris[names(iris)[grepl("Width",names(iris), fixed = TRUE)]]

iris_comb <- cbind(iris_l,iris_w)
names(iris_comb)
```

```
## [1] "Sepal.Length" "Petal.Length" "Sepal.Width"   "Petal.Width"
```

1.4.2.9.2 Joindre des *DataFrame*

Une jointure est une opération un peu plus complexe qu'un simple ajout. L'idée est d'associer des informations de plusieurs *DataFrames* en utilisant une colonne (appelée une clef) présente dans les deux jeux de données. On distingue plusieurs types de jointure :

- Les jointures internes permettant de combiner les éléments communs entre un *DataFrame* A et B
- La jointure complète permettant de combiner les éléments présents dans A ou B
- La jointure à gauche, permettant de ne conserver que les éléments présents dans A même s'ils ne trouvent pas leur correspondance dans B.

Ces trois jointures sont présentées à la figure 1.16; dans ces trois cas, la colonne commune se nomme *id*.

Vous noterez que les deux dernières jointures peuvent produire des valeurs manquantes. Pour réaliser ces opérations, il est possible d'utiliser la fonction `merge`. Prenons un exemple simple à partir d'un petit jeu de données.

```
auteurs <- data.frame(
  name = c("Tukey", "Venables", "Tierney", "Ripley", "McNeil", "Apparicio"),
  nationality = c("US", "Australia", "US", "UK", "Australia", "Canada"),
  retired = c("yes", rep("no", 5)))
livres <- data.frame(
  aut = c("Tukey", "Venables", "Tierney", "Ripley", "Ripley", "McNeil", "Wickham"),
  title = c("Exploratory Data Analysis",
            "Modern Applied Statistics ...",
            "LISP-STAT",
            "Spatial Statistics", "Stochastic Simulation",
            "Interactive Data Analysis", "R for Data Science"))
```

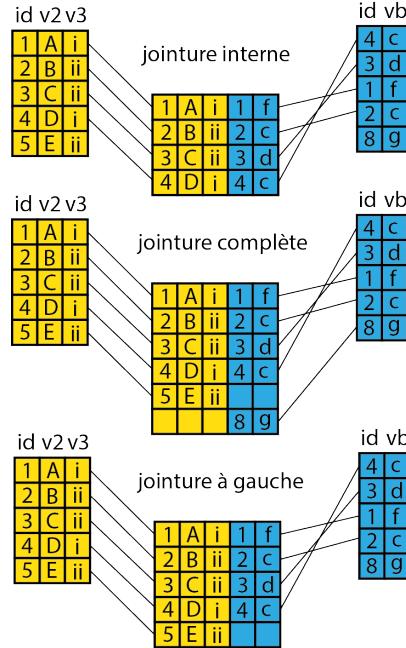


FIG. 1.17 : Jointure de DataFrames

Nous avons donc deux *DataFrames*, le premier décrivant des auteurs et le second des livres. Effectuons une première jointure interne afin de savoir pour chaque livre la nationalité de son auteur et si ce dernier est à la retraite.

```
df1 <- merge(livres, auteurs, #les deux DataFrames
              by.x = "aut", by.y = 'name', #les noms des colonnes de jointures
              all.x = FALSE, all.y = FALSE)

print(df1)
```

```
##          aut                  title nationality retired
## 1   McNeil  Interactive Data Analysis    Australia     no
## 2   Ripley      Spatial Statistics        UK         no
## 3   Ripley  Stochastic Simulation        UK         no
## 4 Tierney           LISP-STAT       US         no
## 5  Tukey    Exploratory Data Analysis       US       yes
## 6 Venable Modern Applied Statistics ...    Australia     no
```

Cette jointure est interne car les deux paramètres `all.x` et `all.y` ont pour valeur `FALSE`. Ainsi, nous indiquons à la fonction que nous ne souhaitons ni garder tous les éléments du premier *DataFrame* ni tous les éléments du second, mais uniquement les éléments présents dans les deux. Vous noterez ainsi que le livre "R for Data Science" n'est pas présent dans le jeu de données final car son auteur "Wickham" ne fait pas partie du *DataFrame* auteurs. De même, l'auteur "Apparicio" n'apparaît pas dans la jointure, car aucun livre dans le *DataFrame* books n'a été écrit par cet auteur.

Pour conserver tous les livres, nous pouvons effectuer une jointure à gauche en renseignant `all.x = TRUE`. Nous allons ainsi forcer la fonction à garder tous les livres et mettre des valeurs vides aux informations manquantes des auteurs.

```
df2 <- merge(livres, auteurs, #les deux DataFrames
             by.x = "aut", by.y = 'name', #les noms des colonnes de jointures
             all.x = TRUE, all.y = FALSE)

print(df2)
```

	aut	title	nationality	retired
## 1	McNeil	Interactive Data Analysis	Australia	no
## 2	Ripley	Spatial Statistics	UK	no
## 3	Ripley	Stochastic Simulation	UK	no
## 4	Tierney	LISP-STAT	US	no
## 5	Tukey	Exploratory Data Analysis	US	yes
## 6	Venables	Modern Applied Statistics ...	Australia	no
## 7	Wickham	R for Data Science	<NA>	<NA>

Et pour garder tous les livres et tous les auteurs, nous pouvons faire une jointure complète en indiquant `all.x = TRUE` et `all.y = TRUE`.

```
df3 <- merge(livres, auteurs, #les deux DataFrames
             by.x = "aut", by.y = 'name', #les noms des colonnes de jointures
             all.x = TRUE, all.y = TRUE)

print(df3)
```

	aut	title	nationality	retired
## 1	Apparicio	<NA>	Canada	no
## 2	McNeil	Interactive Data Analysis	Australia	no
## 3	Ripley	Spatial Statistics	UK	no
## 4	Ripley	Stochastic Simulation	UK	no
## 5	Tierney	LISP-STAT	US	no
## 6	Tukey	Exploratory Data Analysis	US	yes
## 7	Venables	Modern Applied Statistics ...	Australia	no
## 8	Wickham	R for Data Science	<NA>	<NA>

1.5 Conclusion et ressources pertinentes

Voilà qui conclut ce chapitre sur les bases du langage R. Vous avez maintenant les connaissances nécessaires pour commencer à travailler. N'hésitez pas à revenir sur les différentes sous-sections au besoin! Pour aller plus loin dans l'apprentissage du langage, vous pouvez également vous plonger dans le chapitre R AVANCÉ. Cependant, nous vous recommandons de faire vos premiers pas avec cette base avant de vous lancer dans cette partie davantage orientée programmation. Quelques ressources pertinentes qui pourraient vous être utiles sont aussi reportées au tableau ci-dessous.

TAB. 1.7 : Ressources pertinente pour en apprendre plus sur R

Ressource	Description	Url
Rbloggers	Un recueil de nombreux blogues sur R : parfait pour être tenu au courant des nouveautés et faire des découvertes	https://www.r-bloggers.com
CRAN packages by date	Les derniers packages publiés sur CRAN : cela permet de garder un oeil sur les nouvelles fonctionnalités de ses packages préférés	https://cran.r-project.org/web/packages
Introduction à R et au TidyVerse	Une excellente ressource en français pour en apprendre plus sur le tidyverse	https://juba.github.io/tidyverse
Numyard	Une chaîne YouTube pour revoir les bases de R en vidéo	https://www.youtube.com/user/TheLearnR
Cheatsheets	Des feuilles de triche résumant les fonctionnalités de nombreux packages	https://rstudio.com/resources/cheatsheets

Deuxième partie

Analyses univariées

Chapitre 2

Statistiques descriptives univariées

Dans ce chapitre, nous décrirons la notion de variable, permettant l'opérationnalisation d'un concept. Comprendre les différents types de variables est essentiel en statistiques. En effet, en fonction du type de variable à l'étude, les tests d'hypothèse et les méthodes de statistique inférentielle que l'on pourra appliquer seront différents. Nous distinguerons ainsi cinq types de variables : nominale, ordinaire, discrète, continue et semi-quantitative. Aussi, nous abordons un concept central de la statistique : les distributions. Nous présenterons ensuite les différentes statistiques descriptives univariées qui peuvent s'appliquer à ces types de variables.



Dans cette section, nous utiliserons principalement les packages suivants (À MODIFIER PLUS TARD) :

- Pour créer des graphiques :
 - * **ggplot2**, le seul, l'unique
 - * **ggbpubr** pour combiner des graphiques et réaliser des diagrammes
- Pour créer des distribution :
 - * **fitdistrplus** pour générer différentes distributions
 - * **actuar** pour la fonction de densité de Pareto
 - * **gamlss.dist** pour des distributions de Poisson
- Pour les statistiques descriptives :
 - **stats** pour les statistiques descriptives
 - **nortest** pour le test de Kolmogorov-Smirnov
 - **DescTools** pour les tests de Lilliefors, Shapiro-Wilk, Anderson-Darling et Jarque-Bera
 - Autres *packages* :
 - **Hmisc** et **Weighted.Desc.Stat** pour les statistiques descriptives pondérées
 - **foreign** pour importer des fichiers externes

2.1 Notion de variable

2.1.1 La variable : l'opérationnalisation d'un concept

Une variable permet d'opérationnaliser un concept, soit une « idée générale et abstraite que se fait l'esprit humain d'un objet de pensée concret ou abstrait, et qui lui permet de rattacher à ce même objet les

diverses perceptions qu'il en a, et d'en organiser les connaissances» (Larousse¹). Pour valider un modèle théorique, il convient alors d'opérationnaliser ses différentes concepts et d'établir les relations qu'ils partagent. L'opérationnalisation d'un concept nécessite soit de mesurer (dans un intervalle de valeurs, c'est-à-dire de manière quantitative), soit de qualifier (avec plusieurs catégories, c'est-à-dire de manière qualitative) un phénomène.

Selon Statistique Canada², «une variable est une caractéristique d'une unité statistique que l'on observe et pour laquelle une valeur numérique ou une catégorie d'une classification peut être attribuée». Il convient alors de bien saisir à quelle unité statistique (ou unité d'observation) s'applique les valeurs d'une variable : des personnes, des ménages, des municipalités, etc.

Prenons deux exemples concrets tirées du Recensement de 2016 de Statistique Canada :

- Le concept **famille de recensement** est défini comme étant «un couple marié et les enfants, le cas échéant, du couple et/ou de l'un ou l'autre des conjoints; un couple en union libre et les enfants, le cas échéant, du couple et/ou de l'un ou l'autre des partenaires; ou un parent seul, peu importe son état matrimonial, habitant avec au moins un enfant dans le même logement et cet ou ces enfants. Tous les membres d'une famille de recensement particulière habitent le même logement. Un couple peut être de sexe opposé ou de même sexe. Les enfants peuvent être des enfants naturels, par le mariage, par l'union libre ou par adoption, peu importe leur âge ou leur état matrimonial, du moment qu'ils habitent dans le logement sans leur propre conjoint marié, partenaire en union libre ou enfant. Les petits-enfants habitant avec leurs grands-parents, alors qu'aucun des parents n'est présent, constituent également une famille de recensement» (Statistique Canada³). À partir de cette définition, les familles de recensement peuvent être qualifiées selon plusieurs modalités : couples mariés sans enfant, couples mariés avec enfants, couples en union libre sans enfant, couples en union libre avec enfant, famille monoparentale (avec un parent de sexe féminin), famille monoparentale (avec un parent de sexe masculin).
- Le concept de **revenu d'emploi** est défini comme étant «tous les revenus reçus sous forme de traitements, salaires et commissions d'un travail rémunéré ou le revenu net d'un travail autonome dans une entreprise agricole ou non agricole non constituée en société et/ou dans l'exercice d'une profession au cours de la période de référence. Pour le Recensement de 2016, la période de référence est l'année civile 2015 pour toutes les variables de revenu» (Statistique Canada⁴). Il est donc mesurée en dollars pour chaque individu de 15 ans et plus. Pour l'ensemble de la population de 15 ans et plus, il peut ensuite être classé en déciles de revenu d'emploi, soit en dix groupes (Statistique Canada⁵).



Maîtriser la définition des variables que vous utilisez : un enjeu crucial!

Nous avons vu qu'une variable est l'opérationnalisation d'un concept. Par conséquent, ne pas maîtriser la définition d'une variable revient à ne pas bien saisir le concept sous-jacent qu'elle tente de mesurer. Si vous exploitez des données secondaires – par exemple, issues d'un recensement de population ou d'une enquête longitudinale ou transversale –, il faut impérativement lire les définitions des variables que vous souhaiteriez utiliser. Ne pas le faire risque d'aboutir à :

- Une mauvaise opérationnalisation de votre modèle théorique, même si votre analyse est bien menée statistiquement parlant. Autrement dit, vous risquez de ne pas sélectionner les bonnes variables.

¹<https://www.larousse.fr/dictionnaires/francais/concept/17875?q=concept#17749>

²<https://www.statcan.gc.ca/fra/concepts/variable>

³<https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/ref/dict/fam004-fra.cfm>

⁴<https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/ref/dict/pop027-fra.cfm>

⁵<https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/ref/dict/pop204-fra.cfm%22%7D>

Prenez un exemple concret. Vous avez construit un modèle théorique dans lequel vous souhaitez inclure un concept sur la langue des personnes. Dans le recensement canadien de 2016, plusieurs variables relatives à la langue sont disponibles : connaissance des langues officielles⁶, langue parlée à la maison⁷, langue maternelle⁸, première langue officielle parlée⁹, connaissance des langues non officielles¹⁰ et langue de travail¹¹ (Statistique Canada, 2019¹²). La sélection de l'une de ces variables doit être faite de manière rigoureuse, c'est-à-dire en lien avec votre cadre théorique et suite à une bonne compréhension des définitions des variables. Dans une étude sur le marché du travail, on sélectionnerait probablement la variable *sur la connaissance des langues officielles du Canada*, afin d'évaluer son effet sur l'employabilité, toutes choses étant égales par ailleurs. Dans une autre étude portant sur la réussite ou la performance scolaire, il est probable qu'on utilise plutôt la *langue maternelle*.

- Une mauvaise interprétation et discussion de vos résultats en lien avec votre cadre théorique.
- Une mauvaise identification des pistes de recherche.

Finalement, la définition d'une variable peut évoluer à travers plusieurs recensements de population : la société évolue, les variables aussi ! Par conséquent, si vous comptez utiliser plusieurs années de recensement dans une même étude, assurez-vous que les définitions des variables soient similaires d'un jeu de données à l'autre et qu'elles mesurent ainsi la même chose.

Comprendre les variables utilisées dans un article scientifique : un exercice indispensable dans l'élaboration d'une revue de littérature

Une lecture rigoureuse d'un article scientifique suppose, entre autres, de bien comprendre les concepts et variables mobilisés. Il convient alors de lire attentivement la section méthodologique (pas uniquement la section des résultats ou pire le résumé), sans quoi vous risquez d'aboutir à une revue de littérature approximative. Ayez aussi un **regard critique** sur les variables visant à opérationnaliser les concepts clés de l'étude. Certains concepts sont très difficiles à traduire en variables ; leurs opérationnalisations (mesures) peuvent ainsi faire l'objet de vifs débats parmi les chercheurs. Très succinctement, c'est notamment le cas du concept de capital social. D'une part, les définitions et ancrages sont biens différents selon Bourdieu (sociologue, ancrage au niveau des individus) et Putman (politologue, ancrage au niveau des collectivités) ; d'autre part, aucun consensus ne semble clairement se dégager quant à la définition de variables permettant de le mesurer efficacement (de manière quantitative).

Variable de substitution (*proxy variable* en anglais)

On fait la moins pire des recherches ! En effet, les données disponibles sont parfois imparfaites pour répondre avec précision à une question de recherche ; on peut toujours les exploiter, tout en signalant honnêtement leurs faiblesses et limites, et ce, tant pour les données que les variables utilisées.

- Des bases de données peuvent être en effet imparfaites. Par exemple, en criminologie, des chercheur.e.s exploitant des données policières signalent habituellement la limite du **chiffre noir** : les données policières comprennent uniquement les crimes et délits découverts par la police et occultent ainsi les crimes non-découverts ; ils ne peuvent ainsi refléter la criminalité réelle sur un territoire donné.
- Des variables peuvent aussi être imparfaites. Dans un jeu de données, il est fréquent qu'une variable opérationnalisant un concept précis ne soit pas disponible ou qu'elle n'ait tout simplement pas été mesurée. On cherchera alors une variable de substitution (*proxy*) pour la remplacer. Prenez un exemple concret portant sur l'exposition des cyclistes à la pollution atmosphérique ou au bruit environnemental. L'un des principaux facteurs d'exposition à ces pollutions est le trafic routier : plus ce dernier est élevé, plus le cycliste risque de rouler dans un environnement bruyant et pollué. Toutefois, il est rare de disposer de mesures du trafic en temps réel qui nécessitent des comptages de véhicules pendant le trajet des cyclistes (par exemple, à partir de vidéos captées par une caméra fixée sur le guidon). Pour pallier à l'absence de mesures directes, plusieurs auteurs utilisent des variables de substitution de la densité du trafic, comme la typologie des types d'axes (primaire, secondaire, tertiaire, rue locale, etc.), supposant ainsi qu'un axe primaire supporte un volume de véhicules supérieur à un axe secondaire.

2.1.2 Les types de variables

On distingue habituellement les variables qualitatives (nominale ou ordinale) des variables quantitatives (discrète ou continue). Tel qu'illustré à la figure 2.1, l'opérationnalisation du concept en variable est réalisée par différents mécanismes visant à qualifier, classer, compter ou mesurer afin de caractériser les unités statistiques (observations) d'une population ou d'un échantillon.

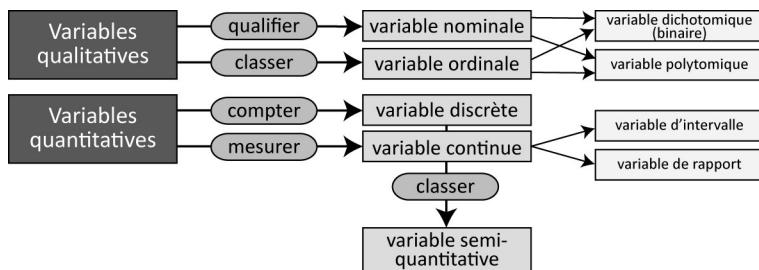


FIG. 2.1 : Les types de variables

2.1.2.1 Les variables qualitatives

Une **variable nominale** permet de **qualifier** des observations (individus) à partir de plusieurs catégories dénommées modalités. Par exemple, la variable *couleur des yeux* pourrait comprendre les modalités *bleu*, *marron*, *vert* tandis que les *types de familles* comprendrait les modalités *couple marié*, *couple en union libre* et *famille monoparentale*.

Une **variable ordinale** permet de **classer** des observations à partir de plusieurs modalités hiérarchisées. L'exemple le plus connu est certainement l'échelle de Likert, très utilisée dans les sondages évaluant le degré d'accord d'une personne à une affirmation avec les modalités suivantes : *tout à fait d'accord*, *d'accord*, *ni en désaccord ni d'accord*, *pas d'accord* et *pas du tout d'accord*. Une multitude de variantes sont toutefois possibles pour classer la fréquence d'un phénomène (*Très souvent*, *souvent*, *parfois*, *rarement*, *jamais*), l'importance accordée à un phénomène (*Pas du tout important*, *peu important*, *plus ou moins important*, *important*, *très important*) ou la proximité perçue d'un lieu (*très éloigné*, *loin*, *plus ou moins proche*, *proche*, *très proche*).

En fonction du nombre de modalités qu'elle comprend, une variable qualitative (nominale ou ordinale) est soit **dichotomique (binaire)** (deux modalités), soit **polytomique** (plus de deux modalités). Par exemple, dans le recensement canadien, le *sexe* est une variable binaire (avec les modalités *sexe masculin*, *sexe féminin*), tandis que le *genre* est une variable polytomique (avec les modalités *genre masculin*, *genre féminin* et *diverses identités de genre*).



Les variables nominales et ordinaires sont habituellement encodées avec des valeurs numériques entières (par exemple, 1 pour *couple marié*, 2 pour *couple en union libre* et 3 pour *famille monoparentale*). Toutefois, aucune opération arithmétique (moyenne ou écart-type par exemple) n'est possible sur ces valeurs. Dans R, on utilisera un facteur pour attribuer un intitulé à chacune des valeurs numériques de la variable qualitative :

```
df$Famille <- factor(df$Famille, c(1,2,3), labels = c("couple marié", "couple en union libre", "famille monoparentale"))
```

On calculera toutefois les fréquences des différentes modalités pour une variable nominale ou ordinale. Il est aussi possible de calculer la médiane sur une variable ordinale.

2.1.2.2 Les variables quantitatives

Une variable discrète permet de **compter** un phénomène dans un ensemble fini de valeurs, comme le nombre d'accidents impliquant un cycliste à une intersection sur une période de cinq ans ou encore le nombre de vélos en libre service disponibles à une station. Il existe ainsi une variable binaire sous-jacente : la présence ou non d'un accident à l'intersection ou d'un vélo ou non à la station pour laquelle on opère un comptage. Habituellement, une variable discrète ne peut prendre que des valeurs entières (sans décimales), comme le nombre de personnes fréquentant un parc.

Une variable continue permet de **mesurer** un phénomène avec un nombre infini de valeurs réelles (avec décimales) dans un intervalle donné. Par exemple, une variable relative à la distance de dépassement d'un cycliste par un véhicule motorisé pourrait varier de 0 à 5 mètres ($X \in [0, 5]$); toutefois cette distance peut être de 0,759421 ou de 4,785612 mètres. Le nombre de décimales de la valeur réelle dépendra de la précision et de la fiabilité de la mesure. Pour un capteur de distance de dépassement, le nombre de décimales dépendra de la précision du lidar ou du sonar de l'appareil; aussi, l'utilisation de trois décimales – soit une précision au millimètre – est largement suffisant pour mesurer la distance de dépassement. Une variable continue est soit une variable d'intervalle, soit une variable de rapport. Les **variables d'intervalle** ont une échelle relative, c'est-à-dire que les intervalles entre les valeurs de la variables ne sont pas constants; elles n'ont pas de vrai zéro. Ces valeurs peuvent être manipulées uniquement par addition et soustraction et non par multiplication et division. La variable d'intervalle la plus connue est certainement celle de la température. S'il fait 10 degrés Celsius à Montréal et 30°C à Mumbai (soit 50 et 86 degrés en Fahrenheit), on peut affirmer qu'il y a 20°C ou 36°F d'écart entre les deux villes, mais on ne peut pas affirmer qu'il fait trois fois plus chaud à Mumbai. Presque toutes les mesures statistiques sur une variable d'intervalle peuvent être calculées, exceptés le coefficient de variation et la moyenne géométrique puisqu'il n'y a pas de vrai zéro et d'intervalles constants entre les valeurs. À l'inverse, les **variables de rapport** ont une échelle absolue, c'est-à-dire que les intervalles entre les valeurs sont constants et elles ont un vrai zéro. Elles peuvent ainsi être manipulées par addition, soustraction, multiplication et division. Par exemple, le prix d'un produit exprimé dans une unité monétaire ou la distance exprimée dans le système métrique sont des variables de rapport. Un vélo dont le prix affiché est de 1000\$ est bien deux fois plus cher qu'un autre à 500\$, une piste cyclable hors rue à 25 mètres du tronçon routier le plus proche est bien quatre fois plus proche qu'une autre à 100 mètres.

Une variable semi-quantitative, appelée aussi variable quantitative ordonnée, est une variable discrète ou continue dont les valeurs ont été regroupées en classes hiérarchisées. Par exemple, l'âge est une variable continue pouvant être transformée avec les groupes d'âge ordonnés suivants : *moins 25 ans, 25 à 44 ans, 45 à 64 ans et 65 ans et plus*.

2.2 Les types de données

Différents types de données sont utilisés en sciences sociales. L'objectif ici n'est pas de les décrire en détail, mais plutôt de donner quelques courtes définitions. En fonction de votre question de recherche et des bases des données disponibles ou non, il s'agira de sélectionner le ou les types de données les plus appropriés à votre sujet.

2.2.1 Données secondaires *versus* données primaires

Les **données secondaires** sont des données qui existent déjà au début de votre projet de recherche : pas besoin de les collecter, il suffit de les exploiter! Une multitude de données de recensements ou d'enquêtes de Statistique Canada sont disponibles et largement exploitées en sciences sociales (par

exemple, l'enquête nationale auprès des ménages – ENM, l'enquête sur la dynamique du marché du travail et du revenu – EDTR, l'enquête longitudinale auprès des immigrants – ELIC, etc.).



Au Canada, les chercheurs (étudiants et professeurs) ont accès aux microdonnées des enquêtes de Statistique Canada dans les Centres de données de recherche (CDR). Vous pouvez consulter le moteur de recherche du RCCDR¹³) afin d'explorer les différentes enquêtes disponibles.

Au Québec, l'accès à ces enquêtes est possible dans les différentes antennes du Centre interuniversitaire québécois de statistiques sociales de Statistique Canada (CIQSS¹⁴).

Par opposition, les **données primaires** n'existent pas quand vous démarrez votre projet : vous devez les collecter spécifiquement pour votre étude ! Par exemple, une chercheure souhaitant analyser l'exposition des cyclistes au bruit et à la pollution dans une ville donnée devra réaliser une collecte de données avec idéalement plusieurs participants (équipés de différents capteurs), et ce, sur plusieurs jours. Une collecte de données primaires est peut aussi être réalisée avec une enquête par sondage. Brièvement, réaliser une collecte de données primaires nécessite différentes phases complexes comme la définition de la méthode de collecte, de la population à l'étude, l'estimation de la taille de l'échantillon, la validation des outils de collecte avec une phase de test, la réalisation de la collecte, la structuration, la gestion et l'exploitation de données collectées. Finalement, dans le milieu académique, une collecte de données primaires auprès d'individus doit être approuvée par le comité d'éthique de la recherche de l'université à laquelle est affilié le responsable du projet de recherche (qu'il soit professeur, chercheur ou étudiant).

2.2.2 Données transversales *versus* données longitudinales

Les **données transversales** sont des mesures pour une période relativement courte. L'exemple classique est un jeu de données constitué des variables extraites d'un recensement de population pour une année donnée (comme celui 2016 de Statistique Canada).

Les **données longitudinales**, appelées aussi données par panel, sont des mesures répétées pour plusieurs observations au cours du temps (N observations pour T dates). Par exemple, des observations pourraient être des pays, les dates pourraient être différentes années (de 1990 à 2019) pour lesquelles différentes variables seraient disponibles (population totale, taux d'urbanisation, produit intérieur brut par habitant, émissions de gaz à effet de serre par habitant, etc.).

2.2.3 Données spatiales *versus* données aspatiales

Les observations des **données spatiales** sont des unités spatiales géoréférencées (points, lignes, polygones ou encore pixels d'une image). Elles peuvent être par exemple :

- des points (x,y) ou (*lat-long*) représentant des entreprises avec plusieurs variables (adresse, date de création, nombre d'employés, secteurs d'activité, etc.);
- les lignes représentant des tronçons de rues pour lesquels plusieurs variables sont disponibles (types d'axe, longueur en mètres, nombre de voies, débit journalier moyen annuel, etc.);
- des polygones délimitant des régions ou des arrondissements pour lesquels une multitude de variables sociodémographiques et socioéconomiques sont disponibles.

À l'inverse, aucune information spatiale n'est disponible pour des **données aspatiales**.

2.2.4 Données individuelles *versus* données agrégées

Comme son nom l'indique, pour des **données individuelles**, chaque observation correspond à un individu. Les microdonnées de recensement ou d'enquêtes, par exemple, sont des données individuelles pour lesquelles toute une série de variables est disponible. Une étude analysant les caractéristiques de chaque arbre d'un quartier nécessite aussi des données individuelles : l'information doit être disponible pour chaque arbre. Pour les microdonnées des recensements canadiens, «chaque enregistrement au niveau de la personne comprend des identifiants (comme les identifiants du ménage et de la famille), des variables géographiques et des variables directes et dérivées tirées du questionnaire» (Statistique Canada¹⁵). Comme signalé plus haut, ces microdonnées de recensement ou d'enquêtes sont uniquement accessibles dans les Centres de données de recherche (CDR).

Les données individuelles peuvent être **agrégées** à un niveau supérieur. Prenons le cas de microdonnées d'un recensement. Les informations disponibles pour chaque individu sont agrégées par territoire géographique (province, région économique, division de recensement, subdivision de recensement, région et agglomération de recensement, secteurs de recensement, aires de diffusion, etc.) en fonction du lieu d'habitation des individus. Des sommaires statistiques – basés sur la moyenne, la médiane, la somme ou la proportion de chacune des variables mesurées au niveau individuel (âge, sexe, situation familiale, revenu, etc.) – sont alors construits pour ces différents découpages géographiques (Statistique Canada¹⁶).

L'agrégation n'est pas nécessairement géographique. En éducation, il est fréquent de travailler avec des données concernant les élèves, mais agrégées au niveau des écoles. La figure 2.2 donne un exemple simple d'agrégation de données individuelles.

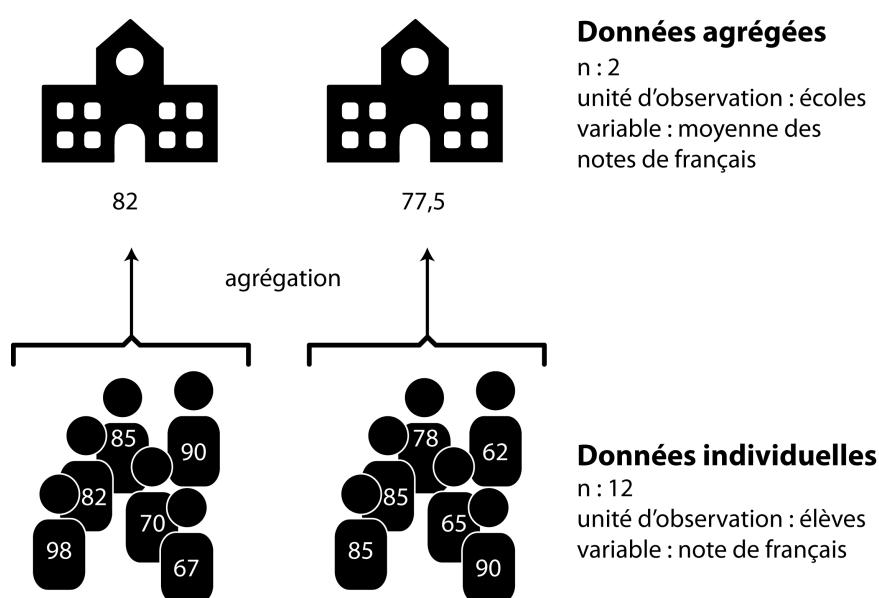


FIG. 2.2 : Exemple d'agrégation de données individuelles

Pour le cas de l'agrégation géographique, il convient alors de bien comprendre la hiérarchie des régions géographiques délimitées par l'organisme ou l'agence ayant la responsabilité de produire, gérer et diffuser les données des recensements et des enquêtes, puis de sélectionner le découpage géographique qui répond le mieux à votre question de recherche.

¹⁵<https://www150.statcan.gc.ca/n1/pub/12-002-x/2012001/article/11642-fra.htm>

¹⁶<https://www.statcan.gc.ca/fra/idd/trousse/section5#a4>



Pour le recensement de 2016 de Statistique Canada vous pourrez consulter :

- la hiérarchie des régions géographiques normalisées pour la diffusion¹⁷
- le glossaire illustré¹⁸ des régions géographiques
- les différents profils du recensement de 2016¹⁹ à télécharger pour les différentes régions géographiques.



Bien entendu, les différents types de données abordés ci-dessus ne sont pas exclusifs. Par exemple, des données pour des régions administratives extraites de plusieurs recensements sont en fait des données secondaires, spatiales, agrégées et longitudinales.

Une collecte de données sur la pollution atmosphérique et sonore réalisée à vélo (avec différents capteurs et un GPS) sont des données spatiales primaires.

2.3 Statistique descriptive et statistique inférentielle

2.3.1 Population, échantillon et inférence

Les notions de **population** et d'**échantillon** sont essentielles en statistique puisqu'elles sont le socle de l'inférence statistique. Un échantillon est un **sous-ensemble représentatif** d'une population donnée. Prenons un exemple concret. Une chercheure veut comprendre la mobilité des étudiants d'une université. Bien entendu, elle ne pourra interroger l'ensemble des étudiants de son université. Elle devra alors s'assurer d'obtenir un échantillon de taille suffisante et représentatif de la population étudiante. Une fois les données collectées (avec un sondage par exemple), elle pourra utiliser des techniques inférentielles pour analyser la mobilité des étudiants interrogés. Si son échantillon est représentatif, les résultats obtenus pourront être inférés – c'est-à-dire généralisés, extrapolés – à l'ensemble de la population.



Les méthodes d'échantillonnage

Nous n'abordons pas ici les méthodes d'échantillonnage. Sachez toutefois qu'il existe plusieurs méthodes probabilistes pour constituer un échantillon, notamment de manière aléatoire, systématique, stratifiée, par grappes (voir par exemple cette publique de Statistique Canada²⁰).

Autre exemple, une autre chercheure souhaite comprendre les facteurs influençant le sentiment de sécurité des cyclistes dans un quartier. De nouveau, elle ne pourra pas enquêter tous les cyclistes du quartier et devra constituer un échantillon représentatif. Par la suite, la mise en œuvre de techniques inférentielles lui permettra d'identifier les caractéristiques individuelles (âge, sexe, habiletés à vélo, etc.) et de l'environnement urbain (types de voies empruntés, niveaux de trafic, de pollution, de bruit, etc.) ayant des effets significatifs sur le sentiment de sécurité. Si l'échantillon est représentatif, les résultats pourront être généralisés à l'ensemble des cyclistes du quartier.

2.3.2 Deux grandes familles de méthodes statistiques

On distingue deux grandes familles de méthodes statistiques :

- « **La statistique descriptive et exploratoire** : elle permet, par des résumés et des graphiques plus ou moins élaborés, de décrire des ensembles de données statistiques, d'établir des relations entre les variables sans faire jouer de rôle privilégié à une variable particulière. Les conclusions ne portent dans cette phase de travail que sur les données étudiées, sans être inférées à une population plus large. L'analyse exploratoire s'appuie essentiellement sur des notions élémentaires telles que des indicateurs de moyenne et de dispersion, sur des représentations graphiques. [...]]
- **La statistique inférentielle et confirmatoire** : elle permet de valider ou d'infirmer, à partir de tests statistiques ou de modèles probabilistes, des hypothèses formulées a priori (ou après une phase exploratoire), et d'extrapoler, c'est-à-dire d'étendre certaines propriétés d'un échantillon à une population plus large. Les conclusions obtenues à partir des données vont au-delà de ces données. La statistique confirmatoire fait surtout appel aux méthodes dites explicatives et prévisionnelles, destinées comme leurs noms l'indiquent, à expliquer puis à prévoir, suivant des règles de décision, une variable privilégiée à l'aide d'une ou plusieurs variables explicatives (régressions multiples et logistiques, analyse de variance, analyse discriminante, segmentation, etc.) » (Lebart et al., 1995, p. 209).

2.4 La notion de distribution



Dans cette section, nous abordons un concept central de la statistique : les distributions. Prenez le temps de lire cette section à tête reposée et assurez-vous de bien comprendre chaque idée avant de passer à la suivante. N'hésitez pas à y revenir plusieurs fois si nécessaire, car la compréhension de ces concepts est essentielle pour utiliser adéquatement les méthodes que nous abordons dans ce livre.

2.4.1 Définitions générales

En statistique, on s'intéresse aux résultats d'expériences. Lancer un dé, mesurer la pollution atmosphérique, compter le nombre de collisions à une intersection, demander à une personne d'évaluer son sentiment de sécurité sur une échelle de 1 à 10 sont autant d'expériences pouvant produire des résultats.

Une distribution est une fonction permettant d'associer pour chaque résultat possible d'une expérience la probabilité d'obtenir ce résultat. En d'autres termes, il s'agit d'une fonction indiquant par exemple que pour l'expérience : «mesurer la concentration d'ozone à Montréal à 13h en été», la probabilité de mesurer une valeur inférieure à $15 \mu\text{g}/\text{m}^3$ est de seulement 2%.

Les distributions sont toujours définies dans un intervalle en dehors duquel elles sont indéfinies ; les valeurs dans cet intervalle sont appelées **l'espace d'échantillonnage**. Il s'agit donc des valeurs possibles que peut produire l'expérience. La somme des probabilités de l'ensemble des valeurs de l'espace d'échantillonnage est 1 (100%). Intuitivement, cela signifie que si l'on réalise l'expérience, on est obligé d'obtenir un résultat, et que cette probabilité totale est répartie entre tous les résultats possibles de l'expérience. En langage mathématique, on dit que l'intégrale des fonctions de distribution est 1 dans leur intervalle de définition.

Prenons un exemple concret avec l'expérience suivante : tirer à pile ou face avec une pièce de monnaie non truquée. Si l'on souhaite décrire la probabilité d'obtenir pile ou face, on peut utiliser une distribution qui aura comme espace d'échantillonnage [pile ; face] et ces deux valeurs auront chacune comme probabilité 0,5. Il est facile d'étendre cet exemple au cas d'un dé à six faces. La distribution de probabilité décrivant

l'expérience «lancer le dé» a pour espace d'échantillonnage [1,2,3,4,5,6], chacune de ces valeurs étant associée à la probabilité 1/6.

Les deux distributions précédentes appartiennent à la famille des distributions **discrètes**. Elles servent à décrire des expériences dont le nombre de valeurs possibles est fini. Par opposition, la seconde famille de distributions regroupe les distributions **continues**, décrivant des expériences dont le nombre de résultats possibles est infini. Par exemple, mesurer la taille d'une personne adulte sélectionnée au hasard peut produire un nombre infini de valeurs comprises entre 50 cm et 280 cm. Les distributions sont utiles pour décrire les résultats attendus d'une expérience. Reprenons notre exemple du dé. Nous savons que chaque face a une chance sur six d'être tirée au hasard. Nous pouvons représenter cette distribution avec un graphique (figure 2.3).

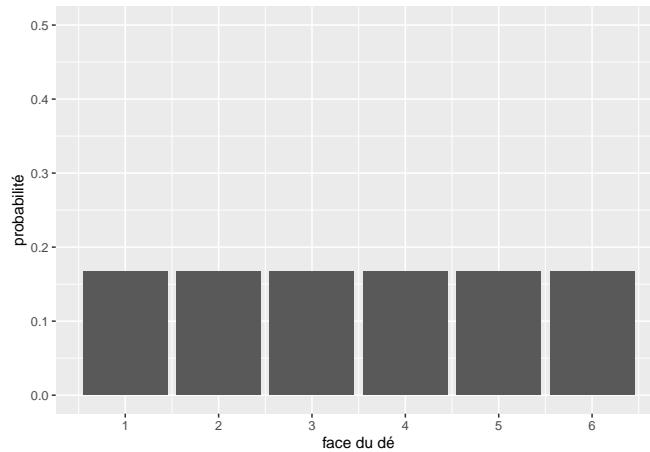


FIG. 2.3 : Distribution théorique d'un lancé de dé

Nous avons donc sous les yeux un modèle statistique décrivant le comportement attendu d'un dé, nous l'appelons la distribution **théorique**. Cependant, si nous effectuons l'expérience 10 fois (nous collectons donc un échantillon), nous obtiendrons une distribution différente de cette distribution théorique (figure 2.4).

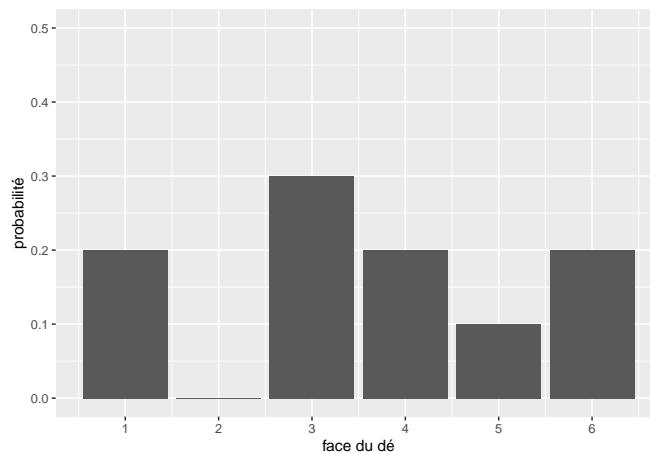


FIG. 2.4 : Distribution empirique d'un lancé de dé (n=10)

Nous appelons cette distribution la distribution **empirique**. Chaque échantillon aura sa propre distribution empirique. Cependant, comme le prédit la loi des grands nombres (ou théorème de Bernoulli) : si une expérience est répétée un grand nombre de fois, la probabilité empirique d'un résultat

se rapproche de la probabilité théorique à mesure que le nombre de répétitions augmente. Pour nous en convaincre, collectons trois échantillons de lancer de dé de respectivement 30, 100 et 1000 observations (figure 2.5).

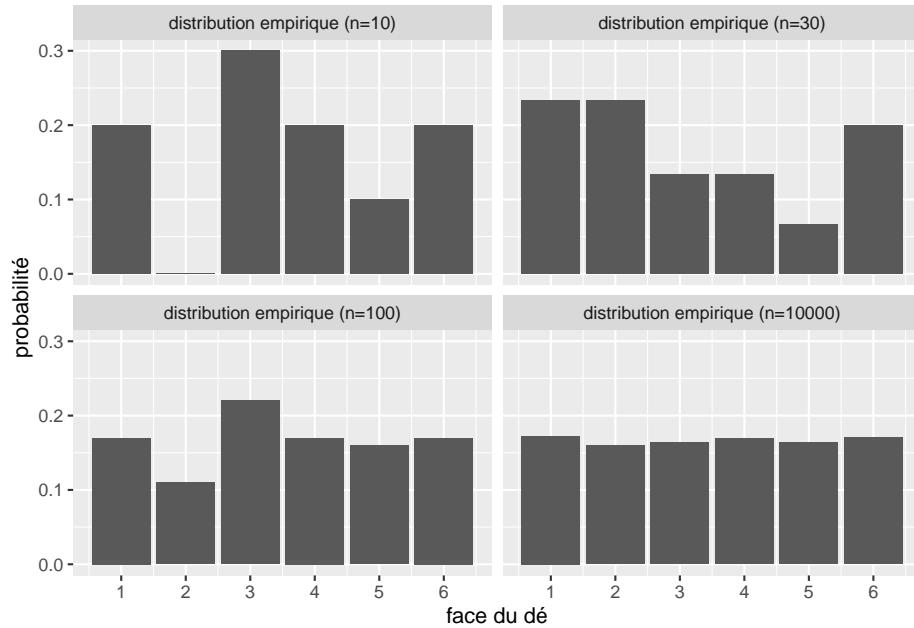


FIG. 2.5 : Distribution empirique d'un lancé de dé (n=10)

On constate bien qu'au fur et à mesure que la taille de l'échantillon augmente, on tend vers la distribution théorique. Ces dernières sont donc utilisées pour modéliser des phénomènes réels et sont à la base de presque tous les tests statistiques d'inférence fréquentiste ou bayésienne.

En pratique, la question que l'on se pose le plus souvent est : quelle distribution théorique peut le mieux décrire le phénomène empirique à l'étude ? Pour répondre à cette question, deux approches sont possibles :

- Considérant la littérature existante sur le sujet, les connaissances accumulées et la nature de la variable étudiée, il est possible de sélectionner des distributions théoriques pouvant vraisemblablement correspondre à la variable.
- Comparer visuellement ou à l'aide de tests statistiques la distribution empirique de la variable et diverses distributions théoriques pour trouver la plus adaptée.

Idéalement, le choix d'une distribution théorique devrait reposer sur ces deux méthodes combinées.

2.4.2 Anatomie d'une distribution

Puisqu'une distribution est une fonction, il est possible de la représenter à l'aide d'une formule mathématique (appelée **fonction de masse** pour les distributions discrètes et **fonction de densité** pour les distributions continues). Prenons un premier exemple concret avec la distribution théorique associée au lancer de pièce de monnaie : la distribution de **Bernoulli**. Sa formule est la suivante :

$$f(x; p) = \begin{cases} q = 1 - p & \text{si } x = 0 \\ p & \text{si } x = 1 \end{cases} \quad (2.1)$$

avec p la probabilité d'obtenir $x = 1$ (pile), et $1-p$ la probabilité d'avoir $x = 0$ (face). La distribution de Bernoulli ne dépend que d'un paramètre : p . Avec différentes valeurs de p , on peut obtenir différentes formes pour la distribution de Bernoulli. Si $p = 1/2$, la distribution de Bernoulli décrit parfaitement l'expérience : obtenir pile à un lancer de pièce de monnaie. Si $p = 1/6$, elle décrit alors l'expérience : obtenir 4 (tout comme n'importe quelle valeur de 1 à 6) à un lancer de dé. Pour un exemple plus appliqué, la distribution de Bernoulli est utilisée en analyse spatiale pour étudier la concentration d'accidents de la route ou de crimes en milieu urbain. En chaque endroit du territoire, il est possible de calculer la probabilité qu'un tel évènement ait lieu ou non en se basant sur les données observées et cette distribution. La distribution continue la plus simple à décrire est certainement la **distribution uniforme**. Il s'agit d'une distribution un peu spéciale puisqu'elle attribue la même probabilité à toutes ses valeurs dans son espace d'échantillonnage. Elle est définie sur l'intervalle $[-\text{Inf}; +\text{Inf}]$ et a la fonction de densité suivante :

$$f(x; a; b) = \begin{cases} \frac{1}{b-a} & \text{si } a \leq x \leq b \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.2)$$

La fonction uniforme a donc deux paramètres, a et b , représentant respectivement les valeurs maximale et minimale au-delà desquelles les valeurs ont une probabilité 0 d'être obtenues. Pour avoir une meilleure intuition de ce que décrit une fonction de densité, il est intéressant de la représenter avec un graphique (figure 2.6). Notez que sur ce graphique, l'axe des ordonnées n'indique pas précisément la probabilité associée à chaque valeur car celle-ci serait infinidécimale. Il sert uniquement à représenter la densité de la fonction de distribution.

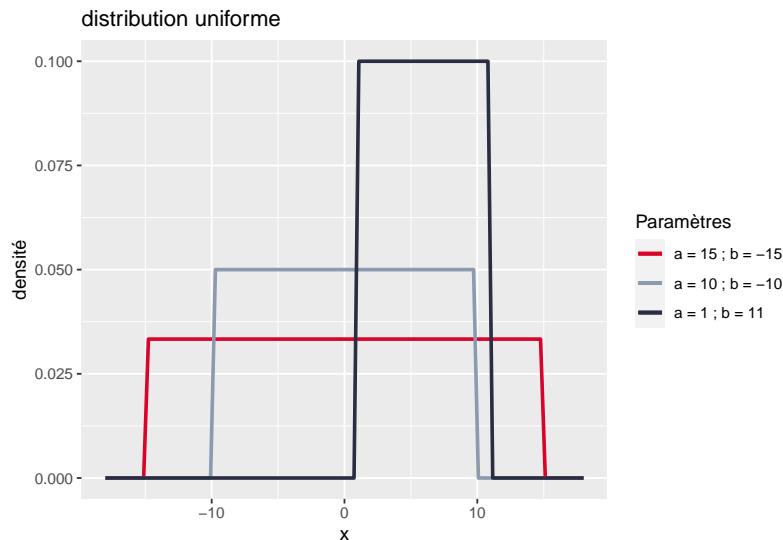


FIG. 2.6 : Distributions uniformes continues

On observe clairement que toutes les valeurs de x entre a et b ont la même probabilité pour chacune de trois distributions uniformes présentées dans le graphique. Plus l'étendue est grande ($a - b$), plus l'espace d'échantillonnage est grand et plus la probabilité totale est répartie dans cet espace. Cette distribution serait donc idéale pour décrire un phénomène pour lequel chaque valeur a autant de chance de se produire qu'une autre. Prenons pour exemple un cas fictif avec un jeu de hasard qui vous proposerait la situation suivante : en tirant sur la manette d'une machine à sous, un nombre est tiré aléatoirement entre -60 et +50. Si le nombre est négatif, vous perdez de l'argent et inversement si le nombre est positif. Nous pouvons représenter cette situation avec une distribution uniforme continue et l'utiliser pour calculer quelques informations essentielles :

1. Selon cette distribution, quelle est la probabilité de gagner de l'argent lors d'un tirage ($x > 0$)?
2. Quelle est la probabilité de perdre de l'argent? ($x < 0$)?
3. Si je perds moins de 30\$ au premier tirage, quelle est la probabilité que ai-je d'au moins récupérer ma mise au second tirage ($x > 30$)?

Il est assez facile de calculer ces probabilités en utilisant la fonction `punif` dans R. Concrètement, cela permet de calculer l'intégrale de la fonction de masse sur un intervalle donné.

```
# Probabilité d'obtenir une valeur supérieure ou égale à 0
punif(0,min = -60, max = 50)
```

```
## [1] 0.5454545
```

```
# Probabilité d'obtenir une valeur inférieure à 0
punif(0,min = -60, max = 50, lower.tail = F)
```

```
## [1] 0.4545455
```

```
# Probabilité d'obtenir une valeur supérieure à 30
punif(30, min = -60, max = 50,lower.tail = F)
```

```
## [1] 0.1818182
```

Les paramètres permettent donc d'ajuster la fonction de masse ou de densité d'une distribution afin de lui permettre de prendre des formes différentes. Certains paramètres vont changer la localisation de la distribution (la déplacer vers la droite ou la gauche de l'axe des X), d'autres son degré de dispersion (distribution pointue ou aplatie) ou encore sa forme (symétrie). Les différents paramètres d'une distribution correspondent donc à sa carte d'identité et donnent une idée précise sur sa nature.

2.4.3 Principales distributions

Il existe un très grand nombre de distributions théoriques et parmi elles, de nombreuses sont en fait des cas spéciaux d'autres distributions. Pour un petit aperçu du bestiaire, vous pouvez faire un saut à la page Univariate Distribution Relationships²¹, qui liste près de 80 distributions.

Nous nous concentrons ici sur une sélection de 18 distributions très répandues en sciences sociales. La figure ?? présente graphiquement leurs fonctions de masse et de densité présentées dans cette section. Notez que ces graphiques correspondent tous à une forme possible de chaque distribution. En modifiant leurs paramètres, il serait possible de produire une figure très différente. Les distributions discrètes sont représentées avec des graphiques en barres, et les distributions continues avec des graphiques de densité.

²¹ <http://www.math.wm.edu/~leemis/chart/UDR/UDR.html>

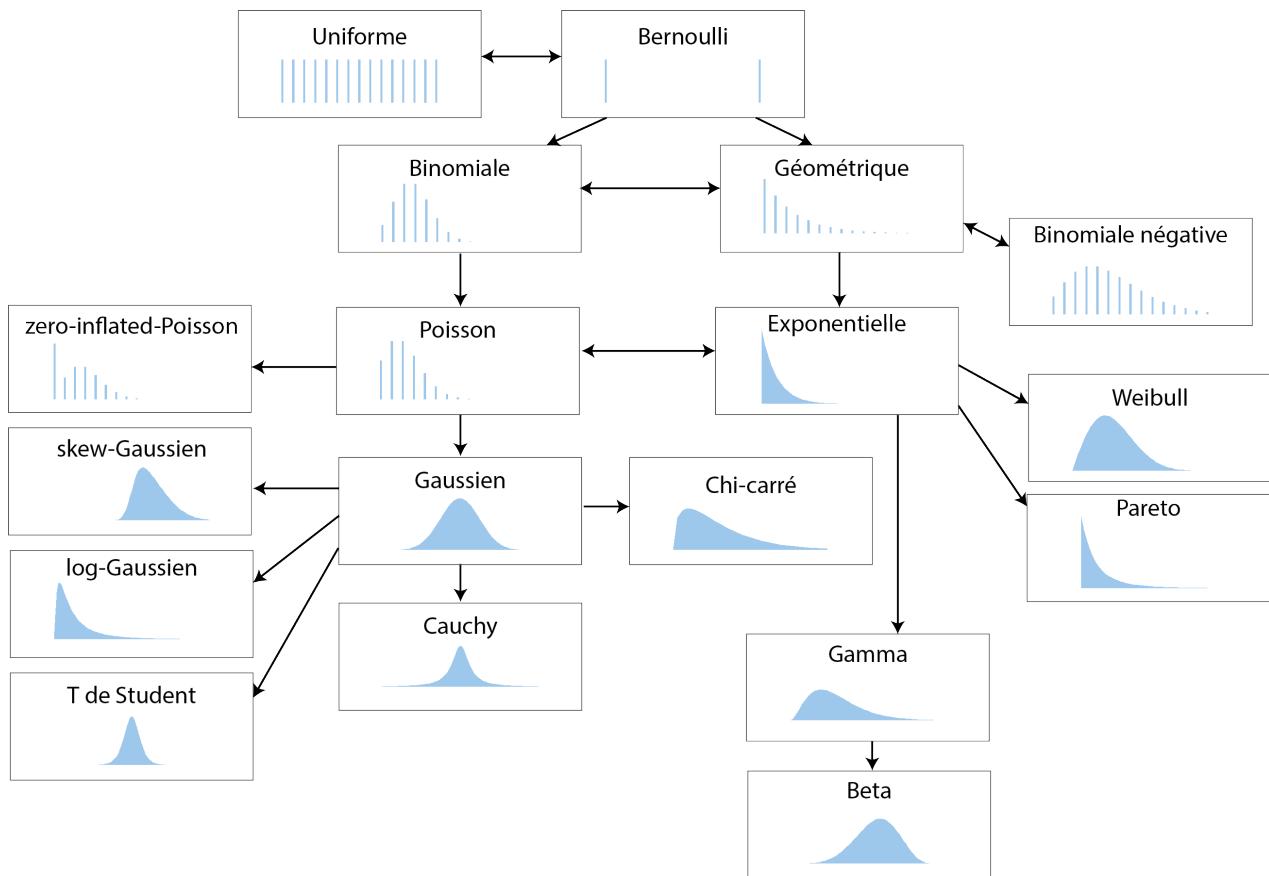


FIG. 2.7 : 18 distributions essentielles, design inspiré de Sean (2018)

2.4.3.1 La distribution uniforme discrète

Nous avons déjà abordé cette distribution dans les exemples précédents. Elle permet de décrire un phénomène dont tous les résultats possibles ont exactement la même probabilité de se produire. L'exemple classique est bien sûr un lancer de dé.

2.4.3.2 La distribution de Bernoulli

La distribution de Bernoulli permet de décrire une expérience pour laquelle deux résultats sont possibles. Son espace d'échantillonnage est donc $[0; 1]$. Sa fonction de masse est la suivante :

$$f(x; p) = \begin{cases} q = 1 - p & \text{si } x = 0 \\ p & \text{si } x = 1 \end{cases} \quad (2.3)$$

avec p , la probabilité d'obtenir $x = 1$ (réussite) et donc $1-p$, la probabilité d'avoir $x = 0$ (échec). La distribution de Bernoulli ne dépend que d'un paramètre : p contrôlant la probabilité de réussite de l'expérience. Notez que si $p = 1/2$, alors la distribution de Bernoulli est également une distribution uniforme. Un exemple d'application de la distribution de Bernoulli en études urbaines serait la modélisation de la survie d'un cycliste (1 pour survie, 0 pour décès) lors d'une collision avec une voiture selon une vitesse donnée.

2.4.3.3 La distribution binomiale

La distribution binomiale est utilisée pour caractériser une somme de distributions de Bernoulli. Un exemple simple serait l'accumulation des lancers d'une pièce de monnaie. Si l'on compte le nombre de fois où l'on fait pile, cette expérience est décrite par une distribution binomiale. Son espace d'échantillonnage est donc $[0; +\infty[$ (limité aux nombres entiers). Sa fonction de masse est la suivante :

$$f(x; n) = \binom{n}{x} p^x (1-p)^{n-x} \quad (2.4)$$

avec x le nombre de tirages réussis sur n essais avec une probabilité p de réussite à chaque tirage. Pour reprendre l'exemple précédent concernant les accidents de la route, une distribution binomiale permettrait de représenter la distribution du nombre de cyclistes survivants sur dix accidents impliquant une voiture à une intersection.

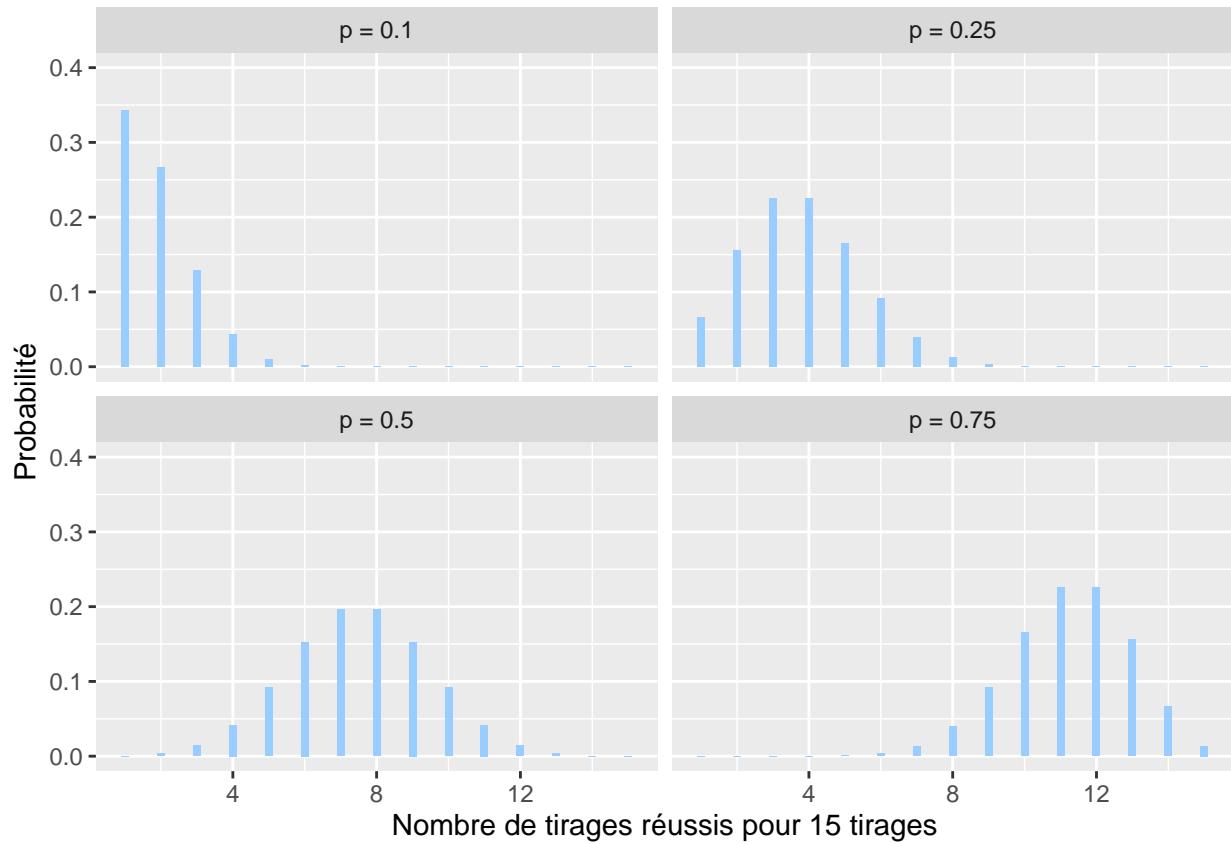


FIG. 2.8 : La distribution binomiale

2.4.3.4 La distribution géométrique

La distribution géométrique permet de représenter le nombre de tirages nécessaires avec une distribution de Bernoulli avant d'obtenir une réussite. Par exemple, avec un lancer de dé, l'idée serait de compter le nombre de lancers nécessaires avant de tomber sur un 6. Son espace d'échantillonnage est donc $[1; +\infty[$ (limité aux nombres entiers). Sa distribution de masse est la suivante :

$$f(x; p) = (1-p)^x p \quad (2.5)$$

avec x le nombre de tentatives avant d'obtenir une réussite, $f(x)$ la probabilité que le premier succès n'arrive qu'après x tentatives et p la probabilité de réussite à chaque tentative. Cette distribution est notamment utilisée en marketing pour modéliser le nombre d'appels nécessaires avant de réussir une vente.

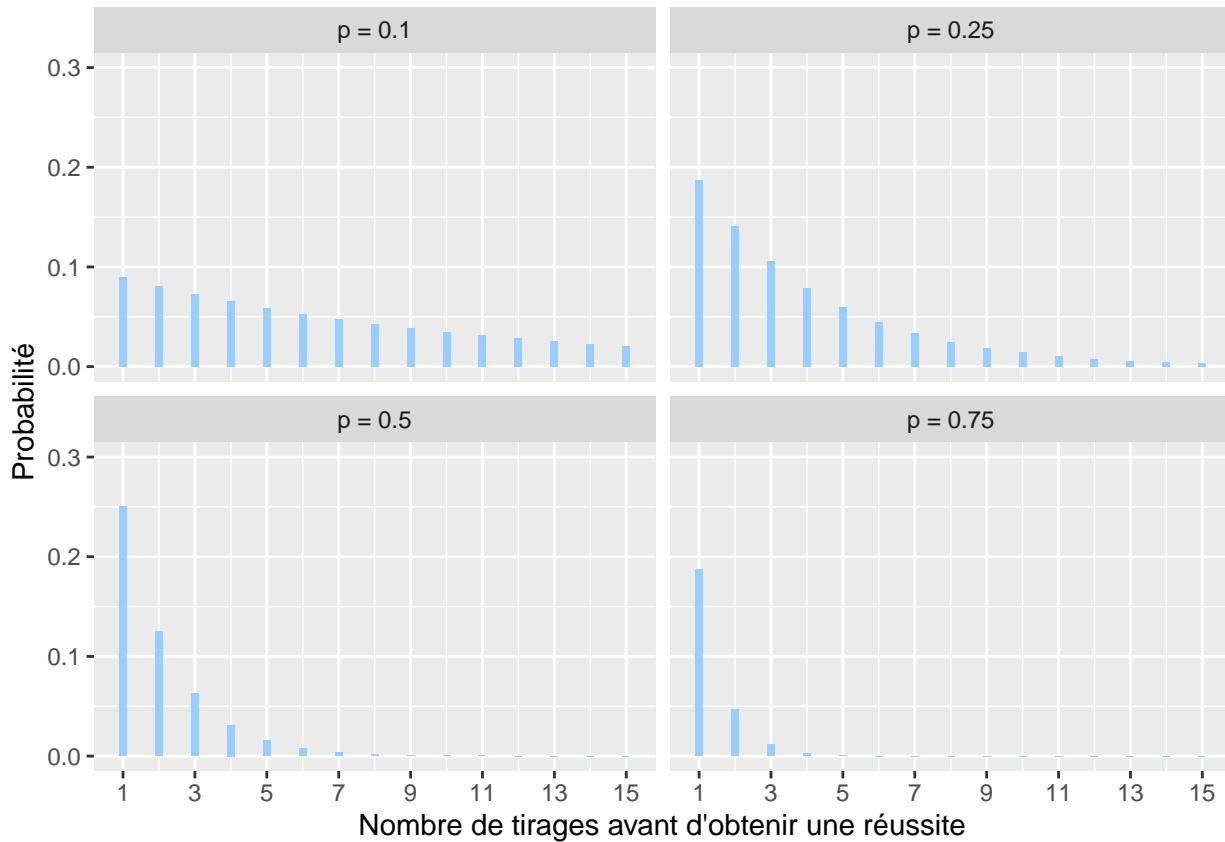


FIG. 2.9 : La distribution géométrique

2.4.3.5 La distribution binomiale négative

La distribution binomiale négative est proche de la distribution géométrique. Elle permet de représenter le nombre de tentatives nécessaires afin d'obtenir un nombre n de réussites $[1; +\infty[$ (limité aux nombres entiers positifs). Sa formule est la suivante :

$$f(x; n; p) = \binom{x+n-1}{n} p^n (1-p)^x \quad (2.6)$$

avec x le nombre de tentatives avant d'obtenir n réussites et p la probabilité d'obtenir une réussite à chaque tentative. Cette distribution pourrait être utilisée pour modéliser le nombre de questionnaires x à envoyer pour une enquête si l'on espère au moins n réponses, sachant que la probabilité d'une réponse est p .

2.4.3.6 La distribution de poisson

La distribution de poisson est utilisée pour modéliser des comptages. Son espace d'échantillonnage est donc $[0; +\infty[$ (limité aux nombres entiers positifs). Par exemple, il est possible de compter à une

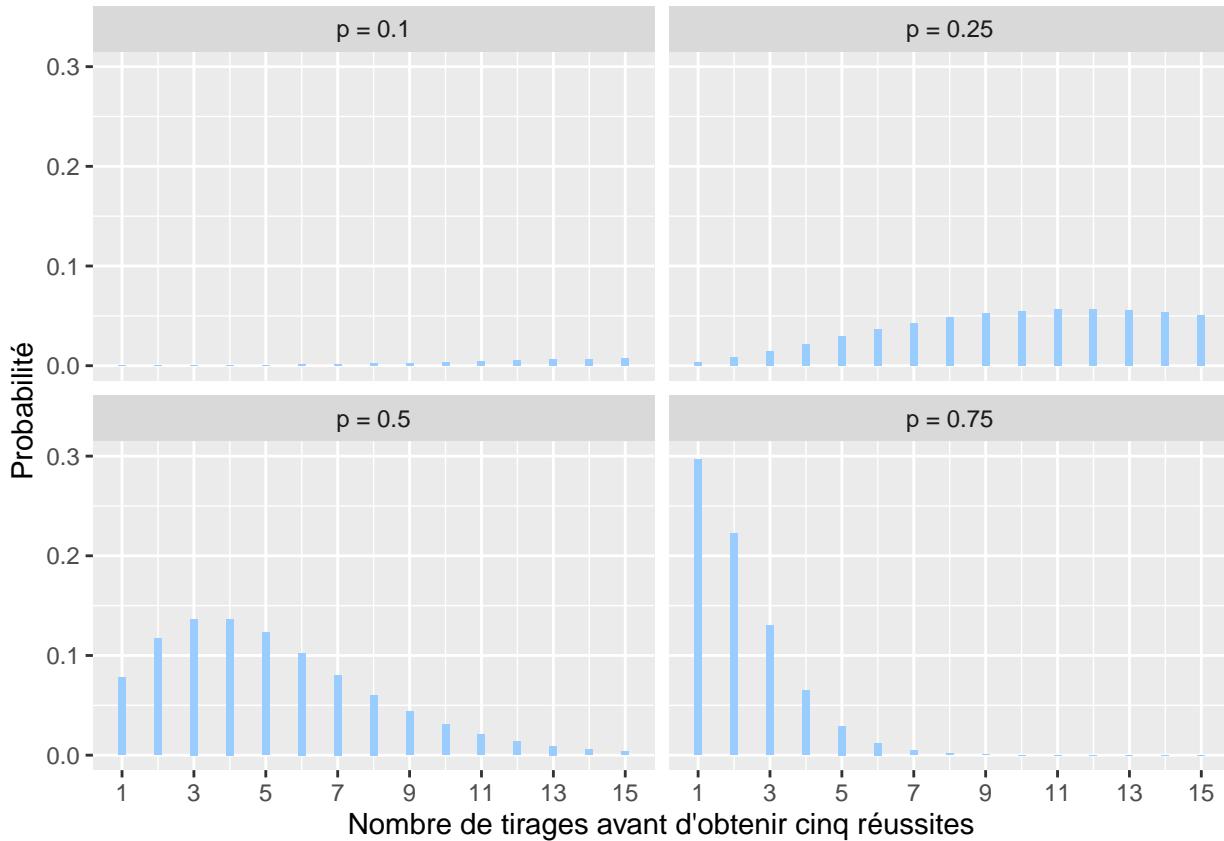


FIG. 2.10 : La distribution binomiale négative

intersection le nombre de collisions entre des automobilistes et des cyclistes sur une période donnée. Cet exemple devrait vous faire penser à la distribution binomiale vue plus haut. En effet, il serait possible de noter chaque rencontre entre une voiture et un cycliste et de considérer que leur collision est une « réussite » (0 : pas d'accidents, 1 : accident). Cependant, ce type de données serait fastidieux à collecter comparativement au simple comptage des accidents. La distribution de poisson à une fonction de densité avec un seul paramètre λ (lambda) et est décrite par la formule suivante :

$$f(x; \lambda) = \frac{\lambda^x}{x!} e^{-\lambda} \quad (2.7)$$

avec x le nombre de cas, $f(x)$ la probabilité d'obtenir x sachant λ . λ peut être vue comme le taux moyen d'occurrences (nombre d'événements divisé par la durée totale de l'expérience). Il permet à la fois de caractériser le centre et la dispersion de la distribution. Notez également que plus le paramètre λ augmente, plus la distribution de poisson tend vers une distribution normale.

2.4.3.7 La distribution de poisson avec excès de zéros

Il arrive régulièrement qu'une variable de comptage mesurée produise un très grand nombre de zéros. Prenons pour exemple le nombre de seringues de drogue injectable par tronçon de rue ramassées sur une période d'un mois. À l'échelle de toute une ville, un très grand nombre de tronçons n'auront tout simplement aucune seringue et dans ce contexte, la distribution classique de poisson n'est pas adaptée. On lui préfère alors sa version avec une inflation de zéros qui inclut un paramètre contrôlant la forte présence de zéros. Sa fonction de densité est la suivante :

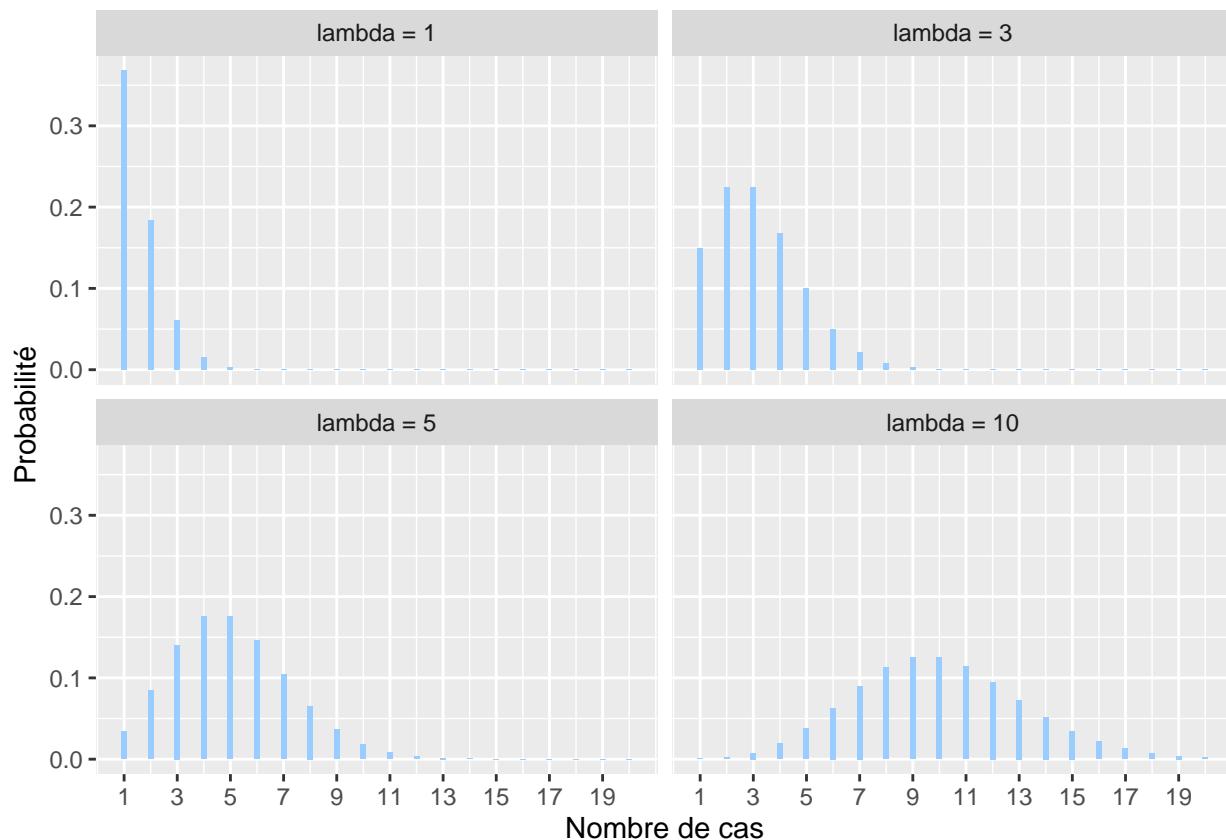


FIG. 2.11 : La distribution de poisson

$$f(x; \lambda; p) = (1 - p) \frac{\lambda^x}{x!} e^{-\lambda} \quad (2.8)$$

Plus exactement, la distribution de poisson avec excès de zéro (zero-inflated en anglais) est une combinaison de deux processus générant des zéros. En effet, un zéro peut être produit par la distribution de poisson originale (aussi appelé vrai zéro) ou alors par le processus menant à la surreprésentation des 0 dans le jeu de données, capturée par la probabilité p (faux zéro). p est donc le paramètre contrôlant la probabilité d'obtenir un zéro, indépendamment du phénomène étudié.

```
## Warning: package 'VGAM' was built under R version 4.0.3

## Loading required package: stats4

## Loading required package: splines

## 
## Attaching package: 'VGAM'

## The following object is masked from 'package:tidyverse':
## 
##     fill
```

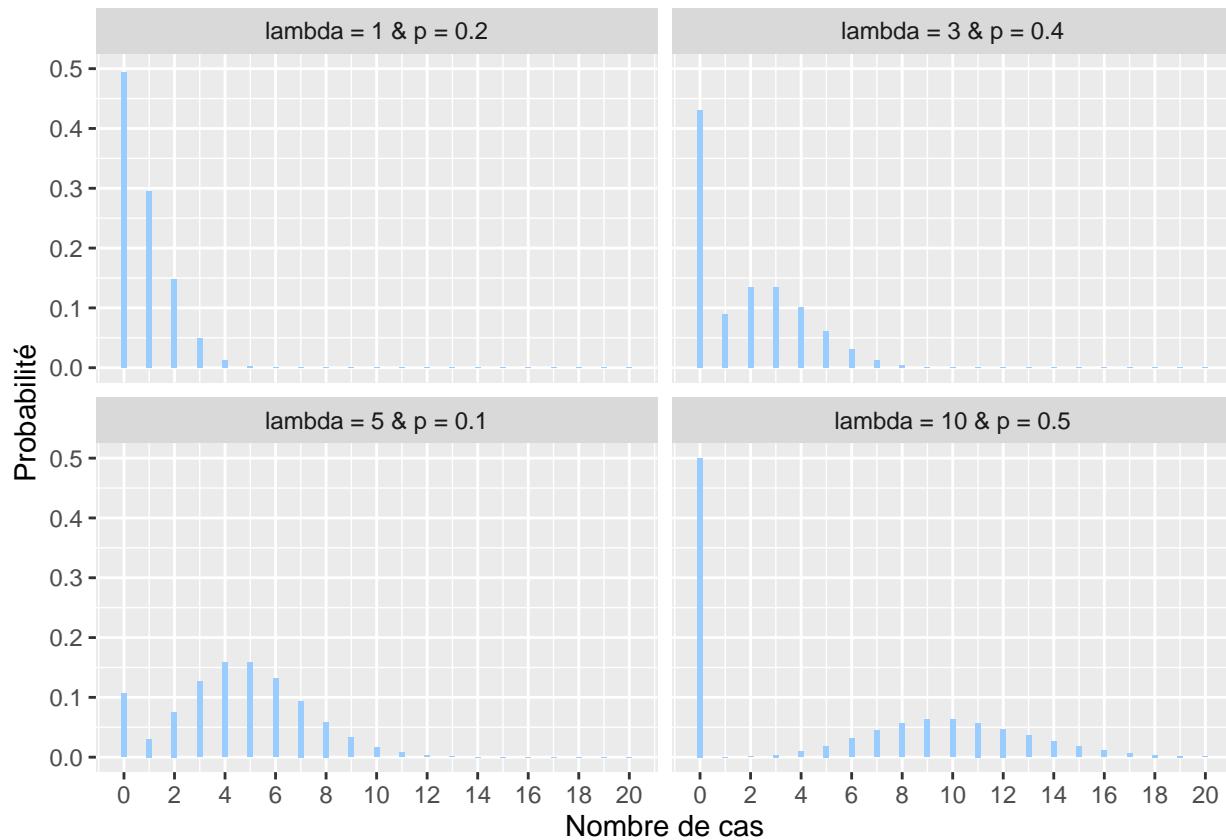


FIG. 2.12 : La distribution de poisson avec excès de zéros

2.4.3.8 La distribution gaussienne

Plus communément appelée la distribution normale, la distribution gaussienne est utilisée pour représenter des variables continues centrées sur leur moyenne. Son espace d'échantillonnage est $]-\infty; +\infty[$. Cette distribution joue un rôle central en statistique. Le théorème central limite stipule que la somme d'un grand nombre de distributions tend généralement vers une distribution normale. Autrement dit, lorsque nous répétons une même expérience et que nous conservons les résultats de ces expériences, la distribution du résultat de ces expériences tend vers la normalité. Ceci s'explique par le fait qu'en moyenne, chaque répétition de l'expérience produit le même résultat, mais qu'un ensemble de petits facteurs aléatoires viennent rajouter de la variabilité dans les données collectées. Prenons un exemple concret, si l'on plante une centaine d'arbres simultanément dans un parc avec un degré d'ensoleillement identique et qu'on leur apporte les mêmes soins pendant dix ans, la distribution de leurs tailles suivra une distribution normale. Un ensemble de facteurs aléatoires (composition du sol, exposition au vent, aléas génétiques, passage de nuages, etc.) auront affecté différemment chaque arbre, ajoutant ainsi un peu de hasard dans leurs tailles finales. Ces dernières seront cependant davantage affectées par des paramètres centraux (espèces, ensoleillement, arrosage, etc.), et seront donc centrées autour d'une moyenne. La fonction de densité de la distribution normale est la suivante :

$$f(x; \mu; \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(\frac{x-\mu}{\sigma})^2} \quad (2.9)$$

avec x une valeur dont on souhaite connaître la probabilité, $f(x)$ sa probabilité, μ (mu) la moyenne de la distribution normale (paramètre de localisation) et σ (sigma) son écart-type (paramètre de dispersion).

La courbe normale suit une forme de cloche. Notez que :

- 68,2% de la masse de la distribution normale est comprise dans l'intervalle $[\mu - \sigma \leq x \leq \mu + \sigma]$
- 95,4% dans l'intervalle $[\mu - 2\sigma \leq x \leq \mu + 2\sigma]$
- 99,7% dans l'intervalle $[\mu - 3\sigma \leq x \leq \mu + 3\sigma]$

Autrement dit, dans le cas d'une distribution normale, il est très invraisemblable d'observer des données situées à plus de trois écarts types de la moyenne. Notez ici que lorsque $\mu = 0$ et $\sigma = 0$, on obtient la loi normale générale (ou centrée-réduite) (section 2.5.5.2).

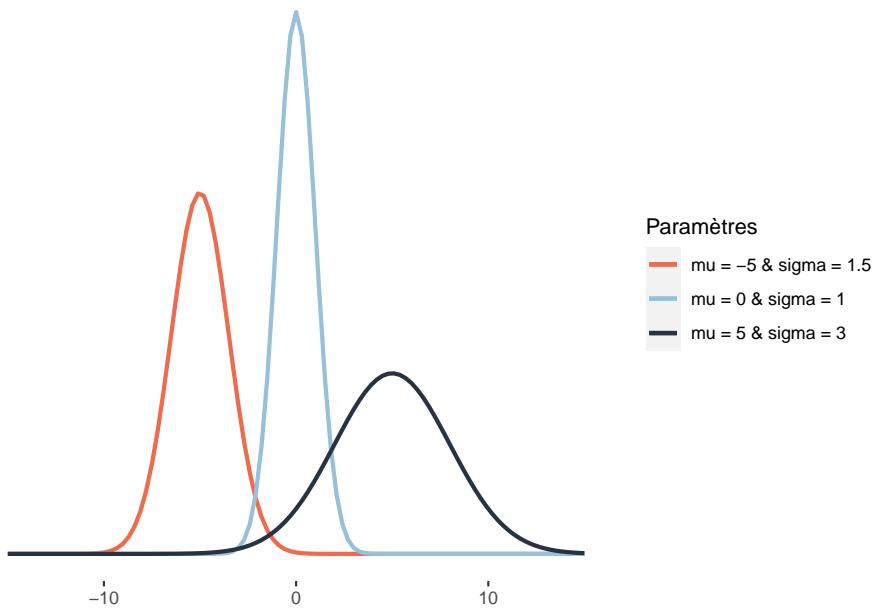


FIG. 2.13 : La distribution Gaussienne

2.4.3.9 La distribution gaussienne asymétrique

La distribution normale asymétrique (skew-normal) est une extension de la distribution gaussienne permettant de modifier la forme de la distribution normale pour qu'elle ne soit plus symétrique. Son espace d'échantillonnage est donc $]-\infty; +\infty[$. Sa fonction de densité est la suivante :

$$f(x; \xi; \omega; \alpha) = \frac{2}{\omega \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\xi)^2}{2\omega^2}} \int_{-\infty}^{\alpha \left(\frac{x-\xi}{\omega} \right)} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{t^2}{2}} dt \quad (2.10)$$

avec ξ (xi) le paramètre de localisation, ω (omega) le paramètre de dispersion (ou d'échelle) et α (alpha) le paramètre de forme (contrôlant le degré de symétrie). Si $\alpha = 0$, alors la distribution skew-normal est une simple distribution normale. Ce type de distribution est très utile lorsque que l'on souhaite modéliser une variable pour laquelle on sait que des valeurs plus extrêmes s'observeront d'un côté ou de l'autre de la distribution. Les revenus totaux annuels des personnes ou des ménages sont de très bons exemples puisqu'ils sont distribués généralement avec une asymétrie positive : bien qu'une moyenne existe, il y a généralement plus de personnes ou de ménages avec des revenus très faibles, que de personnes ou de ménages avec des revenus très élevés.

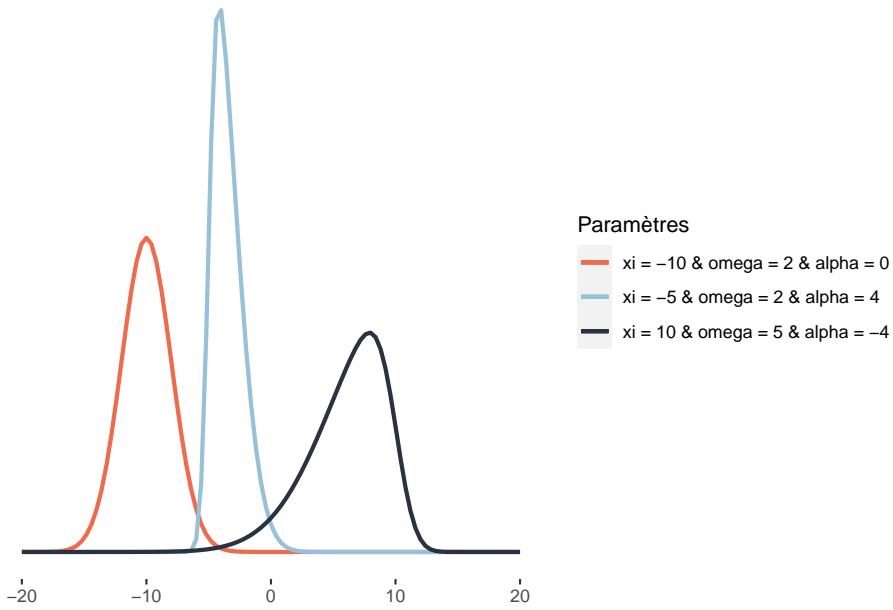


FIG. 2.14 : La distribution skew-Gaussienne

2.4.3.10 La distribution log-normale

Au même titre que la distribution skew-normal, la distribution log-normal est une version asymétrique de la distribution normale. Son espace d'échantillonnage est $]0; +\infty[$. Cela signifie que cette distribution ne peut décrire que des données continues et positives. Sa fonction de densité est la suivante :

$$f(x; \mu; \sigma) = \frac{1}{x \sigma \sqrt{2\pi}} e^{-\left(\frac{(\ln x - \mu)^2}{2\sigma^2}\right)} \quad (2.11)$$

À la différence la distribution skew-normal, la distribution log-normal ne peut avoir qu'une asymétrie positive (étirée vers la droite). Elle est cependant intéressante puisqu'elle ne compte que deux paramètres (μ et σ) ce qui la rend plus facile à ajuster. À nouveau, une distribution log-normal pourrait être utilisée pour décrire les revenus totaux annuels des individus ou des ménages ou les revenus d'emploi. Elle est aussi utilisée en économie sur les marchés financiers pour représenter les cours des actions et des biens (ces derniers ne pouvant pas être inférieurs à 0).

2.4.3.11 La distribution de Student

La distribution de Student joue un rôle important en statistique, elle est par exemple utilisée lors du test t pour calculer le degré de significativité du test. Comme la distribution gaussienne, la distribution de Student a une forme de cloche, est centrée sur sa moyenne et définie sur $]-\infty; +\infty[$. Elle a cependant des « queues plus lourdes » (*heavy tails* en anglais). Entendez par-là que les valeurs extrêmes ont une plus grande probabilité d'occurrence dans une distribution de Student que dans une distribution gaussienne. Sa fonction de densité est la suivante :

$$p(x; \nu; \hat{\mu}; \hat{\sigma}) = \frac{\Gamma(\frac{\nu+1}{2})}{\Gamma(\frac{\nu}{2}) \sqrt{\pi\nu} \hat{\sigma}} \left(1 + \frac{1}{\nu} \left(\frac{x - \hat{\mu}}{\hat{\sigma}}\right)^2\right)^{-\frac{\nu+1}{2}} \quad (2.12)$$

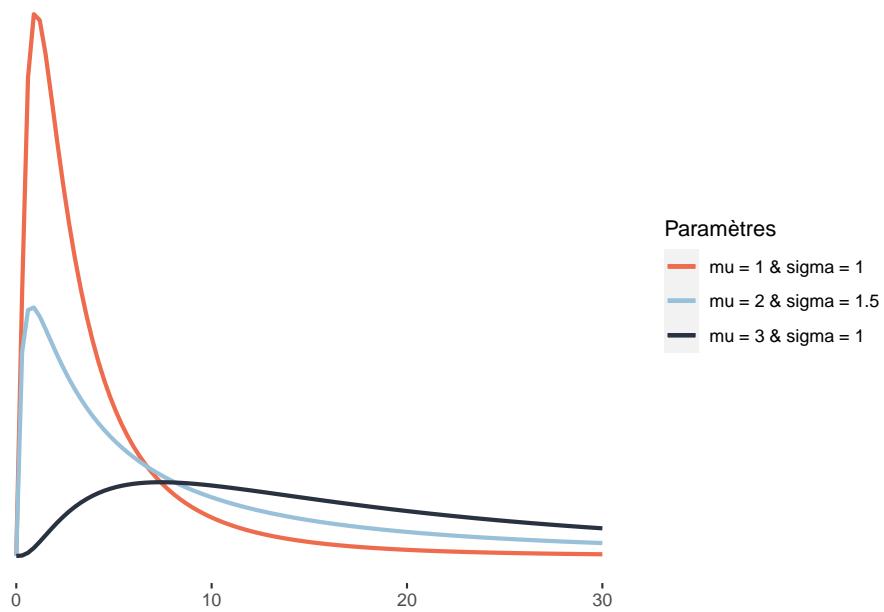


FIG. 2.15 : La distribution log-gaussienne

avec μ le paramètre de localisation, σ le paramètre de dispersion (qui n'est cependant pas un écart-type comme pour la distribution normale) et ν le nombre de degré de liberté. Plus ν est grand, plus la distribution de Student tend vers une distribution normale. Γ représente la fonction mathématique gamma (à ne pas confondre avec la distribution de Gamma). Un exemple d'application en études urbaines serait l'exposition au bruit environnemental de cyclistes. Cette distribution s'approcherait certainement d'une distribution normale, mais les cyclistes croisent régulièrement des secteurs peu bruyants (parcs, rues résidentielles, etc.) et des secteurs très bruyants (artères majeures, zones industrielles, etc.), ce qui conduit vers une distribution de Student.

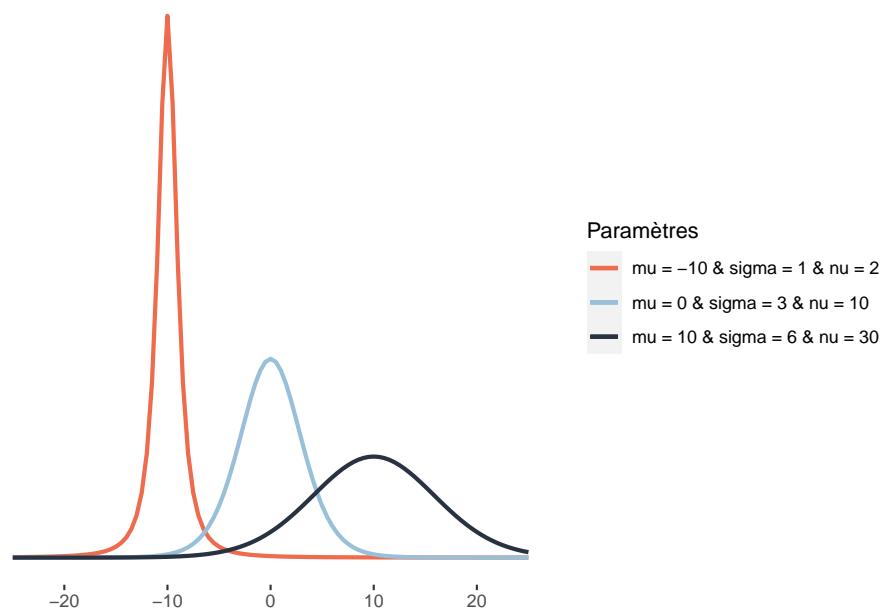


FIG. 2.16 : La distribution de Student

2.4.3.12 La distribution de Cauchy

La distribution de Cauchy est également une distribution symétrique définie sur l'intervalle $]-\infty; +\infty[$. Elle a comme particularité d'avoir des queues potentiellement plus lourdes que la distribution de Student. Elle est notamment utilisée pour modéliser des phénomènes extrêmes comme les précipitations maximales annuelles, les niveaux d'inondations maximaux annuels ou les *values at risk* pour les portefeuilles financiers. Il est également intéressant de noter que le quotient de deux variables indépendantes normalement distribuées suit une distribution de Cauchy. Sa fonction de densité est la suivante :

$$\frac{1}{\pi\gamma} \left[\frac{\gamma^2}{(x - x_0)^2 + \gamma^2} \right] \quad (2.13)$$

Elle dépend donc de deux paramètres : x_0 , le paramètre de localisation indiquant le pic de la distribution et γ , un paramètre de dispersion.

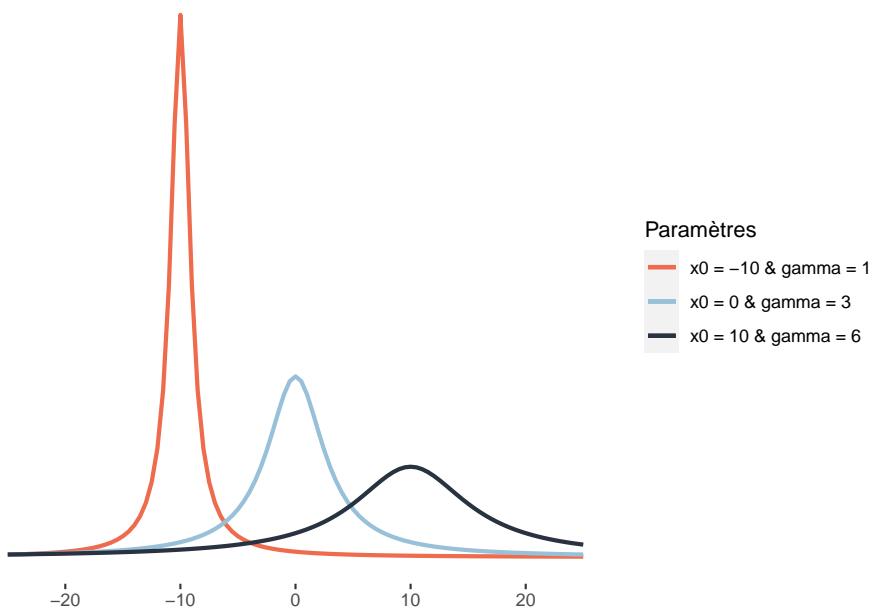


FIG. 2.17 : La distribution de Cauchy

2.4.3.13 La distribution du Chi-carré

La distribution du Chi² est utilisée dans de nombreux tests statistiques. Spécifiquement, le test du Chi² de Pearson est utilisé pour comparer les écarts au carré entre des fréquences attendues et observées de deux variables qualitatives. La distribution du Chi² décrit donc les sommes des carrés d'un nombre k de variables indépendantes normalement distribuées. Il est assez rare de modéliser un phénomène à l'aide d'une distribution du Chi², mais son omniprésence dans les tests statistiques justifie qu'elle soit mentionnée ici. Cette distribution est définie sur l'intervalle $[0; +\infty[$ et a pour fonction de densité :

$$f(x; k) = \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} x^{k/2-1} e^{-x/2} \quad (2.14)$$

Cette fonction n'a qu'un paramètre k , représentant donc le nombre de variables au carré sommées pour obtenir la distribution du Chi2

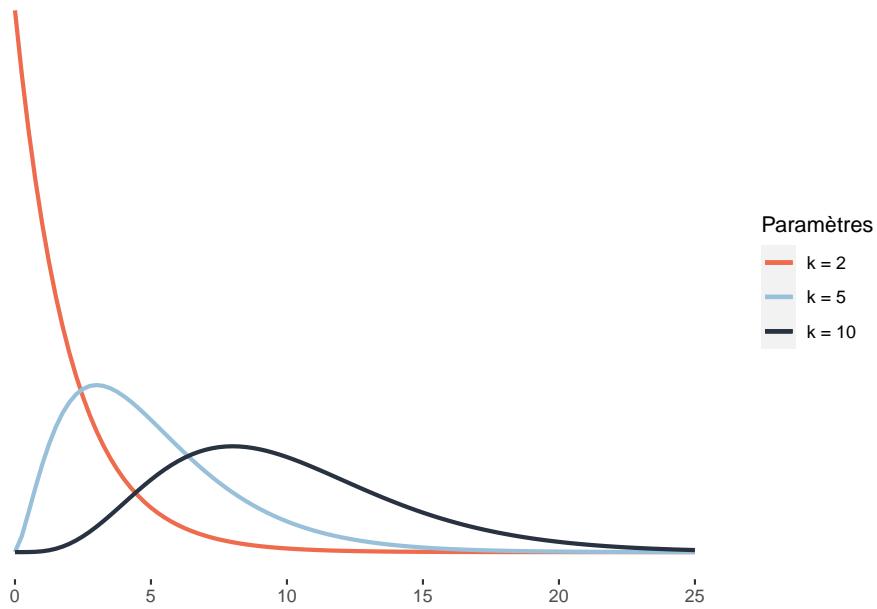


FIG. 2.18 : La distribution du Chi²

2.4.3.14 La distribution exponentielle

La distribution exponentielle est une version continue de la distribution géométrique. Pour cette dernière, on s'intéresserait au nombre de tentatives nécessaires pour obtenir un résultat positif, soit une dimension discrète. Pour la distribution exponentielle, cette dimension discrète est remplacée par une dimension continue. L'exemple le plus intuitif est sûrement le cas du temps. Dans ce cas, la distribution exponentielle servirait à décrire le temps d'attente nécessaire pour qu'un évènement se produise. Il pourrait aussi s'agir d'une force que l'on applique jusqu'à ce qu'un matériau cède. Cette distribution est donc définie sur l'intervalle $[0; +\infty[$ et a pour fonction de densité :

$$f(x; \lambda) = \lambda e^{-\lambda x} \quad (2.15)$$

2.4.3.15 La distribution de Gamma

La distribution de Gamma est une généralisation d'un grand nombre de distributions. Elle regroupe ainsi la distribution exponentielle et du Chi2. En d'autres termes, les distributions du chi2 et exponentielles sont des cas particuliers de la distribution de Gamma. Cette distribution est définie sur l'intervalle $]0; +\infty[$ (notez que le 0 est exclu) et sa fonction de densité est la suivante :

$$f(x; \alpha; \beta) = \frac{\beta^\alpha x^{\alpha-1} e^{-\beta x}}{\Gamma(\alpha)} \quad (2.16)$$

Elle comprend donc deux paramètres : α et β . Le premier est le paramètre de forme et le second un paramètre d'échelle (à l'inverse d'un paramètre de dispersion, plus sa valeur est petite, plus la distribution

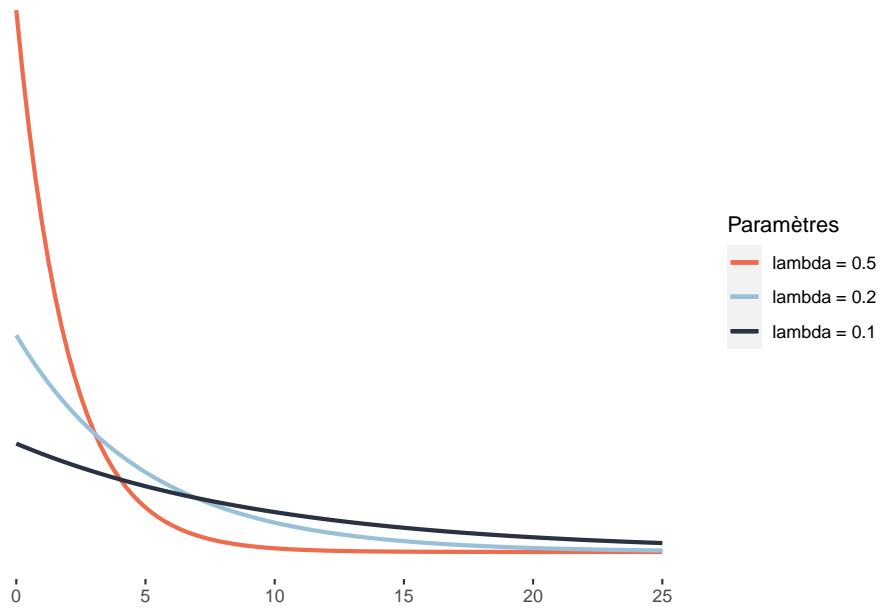


FIG. 2.19 : La distribution exponentielle

sera dispersée). Notez que cette distribution ne dispose pas d'un paramètre de localisation. Du fait de sa flexibilité, cette distribution est largement utilisée, que ce soit dans la modélisation des temps d'attente avant un évènement, la taille des réclamations d'assurance, les quantités de précipitations, etc.

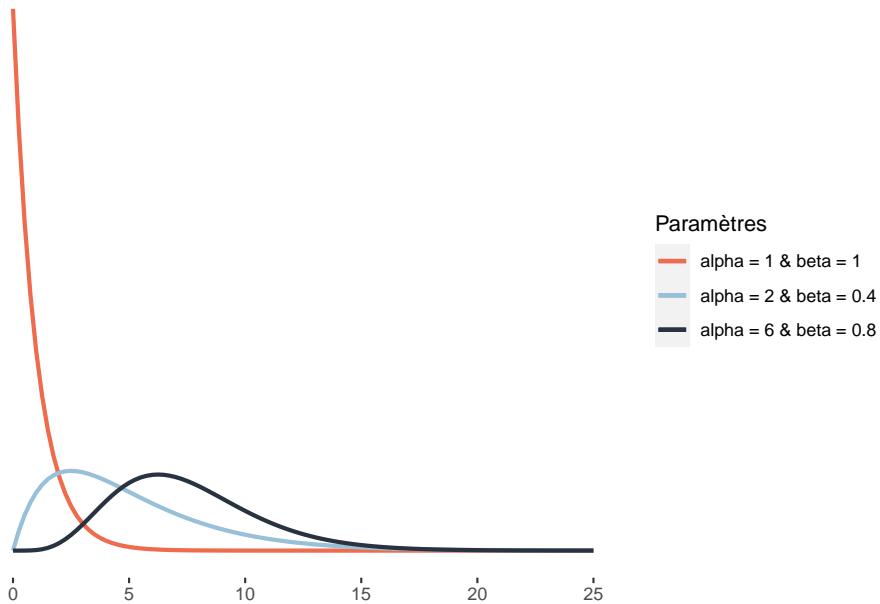


FIG. 2.20 : La distribution de Gamma

2.4.3.16 La distribution de Beta

La distribution de Beta est définie sur l'intervalle $[0; 1]$, elle est donc énormément utilisée pour représenter des variables étant des proportions ou des probabilités. Elle a aussi une utilité pratique en statistique, car en combinaison avec d'autres distributions, elle permet de modéliser leurs paramètres de probabilité (distribution beta-binomial, beta-negative-binomial, etc.). Un autre usage plus rare, mais intéressant est la modélisation de la fraction du temps représentée par une tâche dans le temps nécessaire à la réalisation de deux tâches de façon séquentielle. Ceci est dû au fait que la distribution d'une distribution gamma $g1$ divisée par la somme de $g1$ et d'une autre distribution gamma $g2$, suit une distribution beta. Un exemple concret serait par exemple la fraction du temps effectué à pied dans un déplacement multimodal. La distribution de beta a la fonction de densité suivante :

$$f(x; \alpha; \beta) = \frac{1}{B(\alpha, \beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \quad (2.17)$$

Elle a donc deux paramètres α et β contrôlant tous les deux la forme de la distribution. Cette caractéristique lui permet d'avoir une très grande flexibilité et même d'adopter des formes bimodales. B correspondant à la fonction mathématique Beta, à ne pas confondre avec la distribution de Beta et le paramètre Beta (β) de cette même distribution.

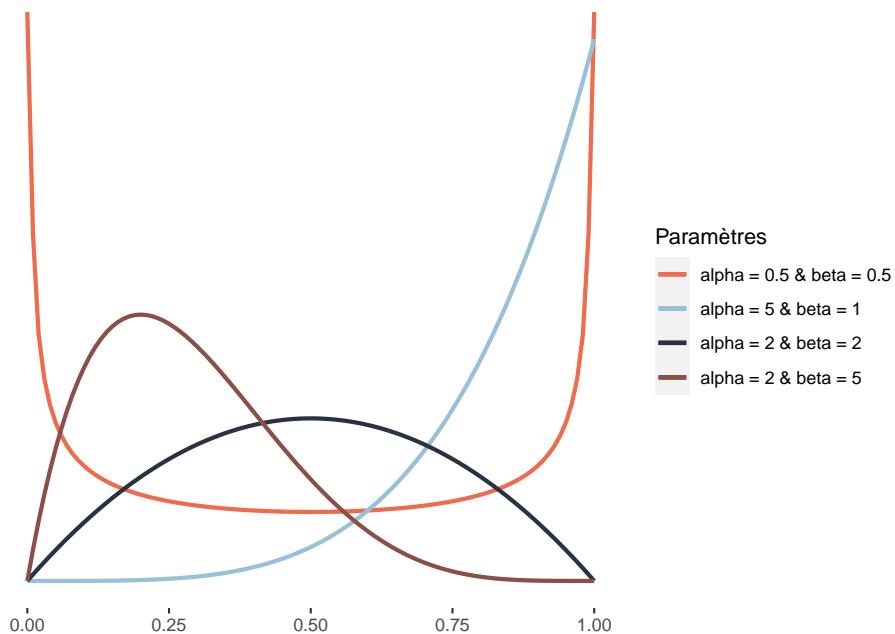


FIG. 2.21 : La distribution de Beta

2.4.3.17 La distribution de Weibull

La distribution de Weibull est directement liée à la distribution exponentielle, cette dernière étant en fait un cas particulier de distribution de Weibull. Elle sert donc à représenter une quantité x (souvent le temps) à accumuler pour qu'un événement se produise. La distribution de Weibull est définie sur l'intervalle $[0; +\infty[$ et a la fonction de densité suivante :

$$f(x; \lambda) = \frac{k}{\lambda} \left(\frac{x}{\lambda} \right)^{k-1} e^{-(\frac{x}{\lambda})^k} \quad (2.18)$$

λ est le paramètre de dispersion (analogue à celui d'une distribution exponentielle classique) et k le paramètre de forme. Pour bien comprendre le rôle de k , prenons un exemple : la propagation d'un champignon d'un arbre à son voisin. Si $k < 1$, cela signifie que la probabilité que l'évènement modélisé se produise diminue avec le temps. En d'autres termes, dans de nombreux cas la contamination se fait rapidement. Si $k = 1$, alors la probabilité que l'évènement se produise reste stable dans le temps. Si $k > 1$, alors la probabilité que l'évènement se produise augmente avec le temps, ce qui signifie une augmentation des risques de contamination à mesure que les deux arbres restent à proximité. La distribution de Weibull est très utilisée en analyse de survie, en météorologie, en ingénierie des matériaux et dans la théorie des valeurs extrêmes.

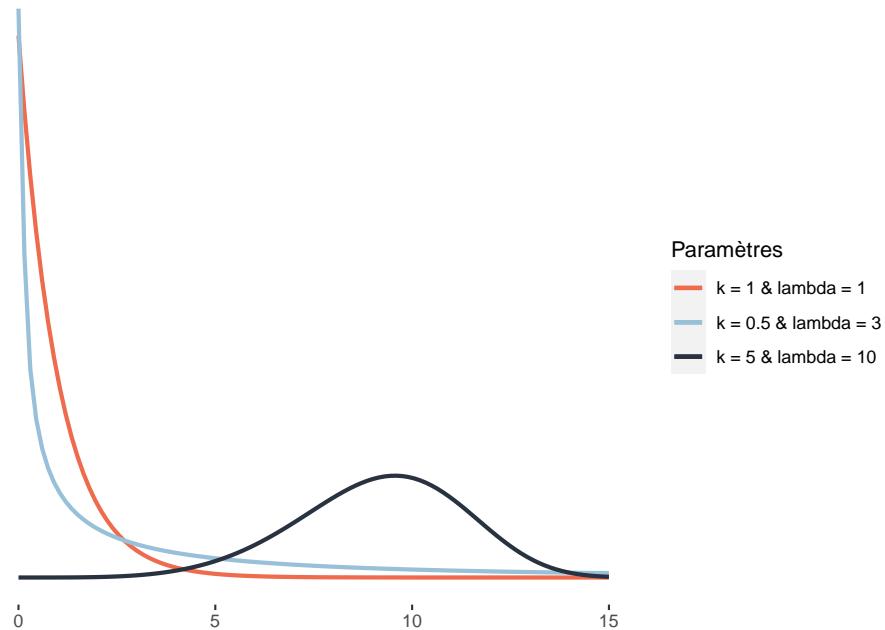


FIG. 2.22 : La distribution de Weibull

2.4.3.18 La distribution de Pareto

La distribution de Pareto est à la distribution exponentielle ce que la distribution log-normal est à la distribution gaussienne : la distribution de l'exponentiel (e) de cette distribution originale. Elle est définie sur l'intervalle $[x_m; +\infty[$ avec la fonction de densité suivante :

$$f(x; x_m; k) = \left(\frac{x_m}{x}\right)^k \quad (2.19)$$

Elle comprend donc deux paramètres, x_m étant un paramètre de localisation (décalant la distribution vers la droite ou vers la gauche) et k un paramètre de forme. Plus k augmente, plus la probabilité prédictive par la distribution décroît rapidement.

Originalement, le mathématicien Pareto a utilisé cette fonction pour décrire la répartition du capital parmi la population puisqu'une large partie du capital est détenue par une petite fraction de la population. Elle peut également être utilisée pour décrire la répartition de la taille des villes (Reed, 2002), la popularité des hommes sur tinder²² ou la taille des fichiers échangés sur internet (Reed and Jorgensen, 2004). Pour ces

²²<https://medium.com/@worstonlinedater/tinder-experiments-ii-guys-unless-you-are-really-hot-you-are-probably-better-off-not-wasting-your-2ddf370a6e9a>

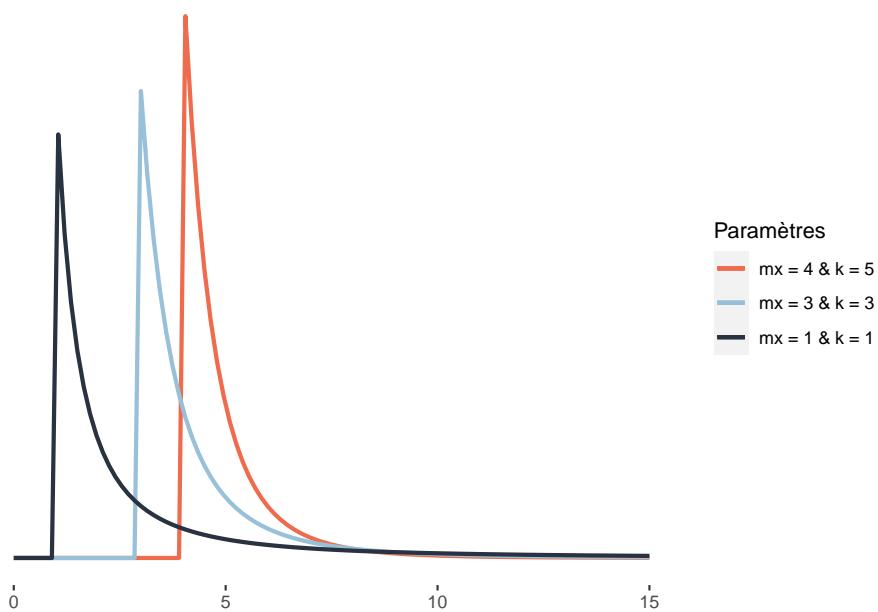


FIG. 2.23 : La distribution de Pareto

trois exemples, nous avons une situation avec : de nombreuses petites villes, profils peu attractifs, petits fichiers échangés et à l'inverse très peu de grandes villes, profils très attractifs, gros fichiers échangés.

2.4.3.19 Cas particuliers

Sachez également qu'il existe des formes « plus exotiques » de distributions que nous n'abordons pas ici, mais auxquelles vous pourriez être confrontés un jour :

- Les distributions sphériques, servant à décrire des données dont le 0 est équivalent à la valeur maximale. Par exemple, des angles puisque 0 et 360 degrés sont identiques.
- Les mixtures de distributions, décrivant des combinaisons de distributions. Par exemple, la distribution de la taille de tous les humains est en réalité un mixte entre deux distributions gaussiennes, une pour chaque sexe, puisque ces deux sous-distributions n'ont pas la même moyenne ni le même écart-type.
- Les distributions multivariées, permettant de décrire des phénomènes multidimensionnels. Par exemple, la réussite des élèves en français et en mathématique pourrait être modélisée comme une distribution gaussienne bivariée plutôt que deux distributions distinctes.
- Les distributions censurées décrivant des variables pour lesquels des valeurs sont possibles au-delà d'une certaine limite mais que l'on est incapable de mesurer. Un bon exemple serait la mesure de la pollution sonore avec un capteur incapable de détecter des niveaux sonores en dessous de 55 décibels. Il arrive parfois en ville que les niveaux sonores soient si faibles, mais les données collectées ne le montrent pas. Dans ce contexte, il est important d'utiliser des versions censurées des distributions présentées précédemment. Les observations au-delà de la limite sont conservées dans l'analyse, mais nous ne disposons que d'une information partielle à leur égard.
- Les distributions tronquées, souvent confondues avec les distributions censurées, décrivent des situations où des données qui au-delà d'une certaine limite sont retirées simplement de l'analyse.

2.4.4 Conclusion sur les distributions

Voilà qui conclut cette exploration des principales distributions à connaître. L'idée n'est bien sûr pas de toutes les retenir par cœur (et encore moins les formules mathématiques), mais plutôt de se rappeler dans quels contextes elles peuvent être utiles; et de revenir au besoin sur ce chapitre. Vous aurez certainement besoin de le relire avant d'aborder le chapitre portant sur les modèles linéaires généralisés (GLM). Wikipédia dispose d'informations très détaillées sur chaque distribution si vous avez besoin d'informations complémentaires. Pour un tour d'horizon plus exhaustif des distributions, vous pouvez aussi faire un tour sur les projets probonto²³ et the ultimate probability distribution explorer²⁴.

2.5 Statistiques descriptives sur des variables quantitatives

2.5.1 Les paramètres de tendance centrale

Trois mesures de tendance centrale permettent de résumer rapidement une variable quantitative :

- la **moyenne arithmétique** est simplement la somme des données d'une variable divisée par le nombre d'observations (n), soit $\frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$ notée μ (prononcez *mu*) pour des données pour une population et \bar{x} (prononcez *x barre*) pour un échantillon.
- la **médiane** est la valeur qui coupe la distribution d'une variable d'une population ou d'un échantillon en deux parties égales. Autrement dit, 50% des valeurs des observations lui sont supérieures et 50% lui sont inférieures.
- le **mode** est la valeur la plus fréquente parmi un ensemble d'observations pour une variable. Il s'applique ainsi à des variables discrètes (avec un nombre fini de valeurs discrètes dans un intervalle donné) et non à des variables continues (avec un nombre infini de valeurs réelles dans un intervalle donné). Prenons deux variables, l'une discrète relative au nombre d'accidents par intersection (avec $X \in [0, 20]$) et l'autre continue relative à la distance de dépassement (en mètres) d'un cycliste par un véhicule motorisé (avec $X \in [0, 5]$). Pour la première, le mode – la valeur la plus fréquente – est certainement 0. Pour la seconde, identifier le mode n'est pas pertinent puisqu'il peut y avoir un nombre infini de valeurs entre 0 et 5 mètres.

Il convient de ne pas confondre moyenne et médiane! Dans le tableau 2.1, nous avons reporté les valeurs moyennes et médianes des revenus des ménages pour les municipalités de l'île de Montréal en 2015. Par exemple, les 8685 ménages résidant à Westmount disposaient en moyenne d'un revenu de 295099\$; la moitié de ces 8685 ménages avaient un revenu inférieur à 100153\$ et l'autre moitié un revenu supérieur à cette valeur (médiane). Cela démontre clairement que la moyenne peut être grandement affectée par des valeurs extrêmes (faibles ou fortes); autrement dit, plus l'écart entre les valeurs de la moyenne et la médiane est importante, plus les données de la variable sont inégalement réparties. À Westmount, soit la municipalité la plus nantie de l'île de Montréal, les valeurs extrêmes sont des ménages avec des revenus très élevés tirant fortement la moyenne vers le haut. À l'inverse, le faible écart entre les valeurs moyenne et médiane dans la municipalité de Montréal-Est (58594\$ versus 50318\$) soulignent que les revenus des ménages sont plus également répartis. Cela explique que pour comparer les revenus totaux ou d'emploi entre différents groupes (selon le sexe, le groupe d'âge, le niveau d'éducation, la municipalité ou région métropolitaine, etc.), on privilégie habituellement l'utilisation des revenus médians.

²³<https://sites.google.com/site/probonto/screenshots>

²⁴<https://blog.wolfram.com/2013/02/01/the-ultimate-univariate-probability-distribution-explorer/>

TAB. 2.1 : Revenus moyens et médians des ménages en dollars, municipalités de l'île de Montréal, 2015

Municipalité	Nombre de ménages	Revenu moyen	Revenu médian
Baie-D'Urfé	1 330	171 390	118 784
Beaconsfield	6 660	187 173	123 392
Côte-Saint-Luc	13 490	94 570	58 935
Dollard-Des Ormeaux	17 210	102 104	78 981
Dorval	8 390	89 952	64 689
Hampstead	2 470	250 497	122 496
Kirkland	6 685	144 676	115 381
Montréal	779 805	69 047	50 227
Montréal-Est	1 730	58 594	50 318
Montréal-Ouest	1 850	159 374	115 029
Mont-Royal	7 370	205 309	109 540
Pointe-Claire	12 380	100 294	80 242
Sainte-Anne-de-Bellevue	1 960	102 969	67 200
Senneville	345	203 790	116 224
Westmount	8 685	295 099	100 153

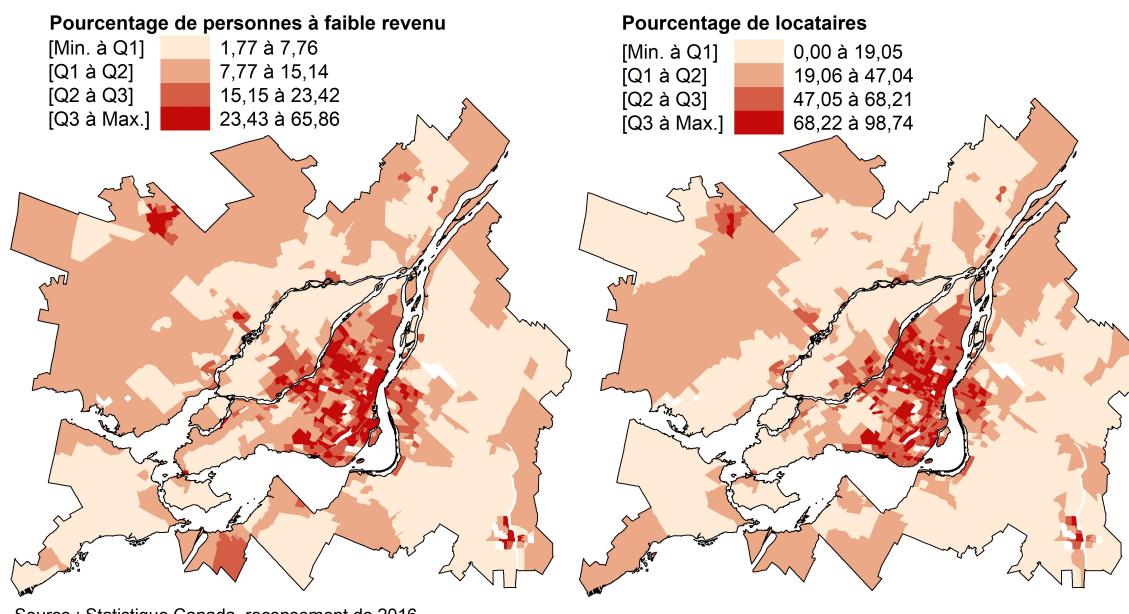
2.5.2 Les paramètres de position

Les paramètres de position permettent de diviser une distribution en n parties égales.

- Les **quartiles** qui divisent une distribution en quatre parties (25%) :
 - Q1 (25%), soit le quartile inférieur ou premier quartile ;
 - Q2 (50%), soit la médiane ;
 - Q3 (75%), soit le quartile supérieur ou troisième quartile.
- Les **quintiles** qui divisent une distribution en cinq parties égales (20%).
- Les **déciles** (de D1 à D9) qui divisent une distribution en dix parties égales (10%).
- Les **centiles** (de C1 à C99) qui divisent une distribution en cent parties égales (1%).

En cartographie, les quartiles et les quintiles sont souvent utilisés pour discréteriser une variable quantitative (continue ou discrète) en quatre ou cinq classes et plus rarement, en huit ou dix classes. Avec les quartiles, les bornes des classes qui comprendront chacune 25% des unités spatiales seront ainsi définies comme suit : [Min à Q1], [Q1 à Q2], [Q2 à Q3] et [Q3 à Max]. La méthode de discréterisation selon les quartiles ou quintiles permet alors de repérer, en un coup d'œil, à quelle tranche de 25% ou 20% des données appartient chacune des unités spatiales. Cette méthode de discréterisation est aussi utile pour comparer plusieurs cartes et vérifier si deux phénomènes sont ou non colocalisés ([Pumain and Béguin, 1994](#)). En guise d'exemple, les pourcentages de personnes à faible revenu et de locataires par secteur de recensement ont clairement des distributions spatiales très semblables dans la région métropolitaine de Montréal en 2016 (figure 2.24).

Une lecture attentive des valeurs des centiles permet de repérer la présence de valeurs extrêmes voire aberrantes dans un jeu de données. Il n'est donc pas rare de les voir reportées dans un tableau de statistiques descriptives d'un article scientifique, et ce, afin de décrire succinctement les variables à l'étude. Par exemple, dans une étude récente comparant les niveaux d'exposition au bruit des cyclistes dans trois villes ([Apparicio and Gelb, 2020](#)), les auteurs reportent à la fois les valeurs moyennes et celles de plusieurs centiles. Globalement, la lecture des valeurs moyennes permet de constater que, sur la base des données collectées, les cyclistes sont plus exposés au bruit à Paris qu'à Montréal et Copenhague (73,4 dB(A) contre 70,7 et 68,4, tableau 2.2). Compte tenu de l'échelle logarithmique du bruit, la différence de 5 dB(A) entre les valeurs moyennes du bruit de Copenhague et de Paris peut être considérée comme



Source : Statistique Canada, recensement de 2016.

FIG. 2.24 : Exemples de cartographie avec une discréétisation selon les quantiles

une multiplication de l'énergie sonore par plus de 3. Pour Paris, l'analyse des quartiles montre que durant 25% du temps des trajets à vélo (plus de 63 heures de collecte), les participants ont été exposés à des niveaux de bruit soit inférieurs à 69,1 dB(A) (premier quartile), soit supérieurs à 74 dB(A). Quant à l'analyse des centiles, elle permet de constater que durant 5% et 10% du temps, les participants étaient exposés à des niveaux de bruit très élevés, dépassant 77 dB(A) (C90=76 et C90=77,2).

2.5.3 Les paramètres de dispersion

Cinq principales mesures de dispersion permettent d'évaluer la variabilité des valeurs d'une variable quantitative : l'étendue, l'écart interquartile, la variance, l'écart-type et le coefficient de variation. Notez d'emblée que cette dernière mesure ne s'applique pas à des variables d'intervalle (section 2.1.2.2).

- **L'étendue** est la différence entre les valeurs minimale et maximale d'une variable, soit l'intervalle

TAB. 2.2 : Stastistiques descriptives de l'exposition au bruit des cyclistes par minute dans trois villes (dB(A), Laeq 1min)

Statistiques	Copenhague	Montréal	Paris
N	6 212,0	4 723,0	3 793,0
Moyenne de bruit	68,4	70,7	73,4
Centiles			
1	57,5	59,2	62,3
5	59,1	61,1	65,0
10	60,3	62,3	66,5
25 (premier quartile)	62,7	64,5	69,1
50 (médiane)	66,0	67,7	71,6
75 (troisième quartile)	69,2	71,0	74,0
90	71,9	73,7	76,0
95	73,3	75,2	77,2
99	76,5	78,9	81,0

des valeurs dans lequel elle a été mesurée. Il convient d'analyser avec prudence cette mesure puisqu'elle inclut dans son calcul des valeurs potentiellement extrêmes voire aberrantes (faibles ou fortes).

- **L'intervalle ou écart interquartile** est la différence entre les troisième et premier quartiles ($Q3 - Q1$). Il représente ainsi une mesure de la dispersion des valeurs de 50% des observations centrales de la distribution. Plus la valeur de l'écart interquartile est élevée, plus la dispersion des 50% des observations centrales est forte. Contrairement à l'étendue, cette mesure élimine l'influence des valeurs extrêmes puisqu'elle ne tient pas compte des 25% des observations les plus faibles [Min à $Q1$] et des 25% des observations les plus fortes [$Q3$ à Max]. Graphiquement, l'intervalle interquartile est représenté à l'aide d'une boîte à moustaches (*boxplot* en anglais) : plus l'intervalle interquartile sera grand, plus la boîte sera allongée (figure 2.25)

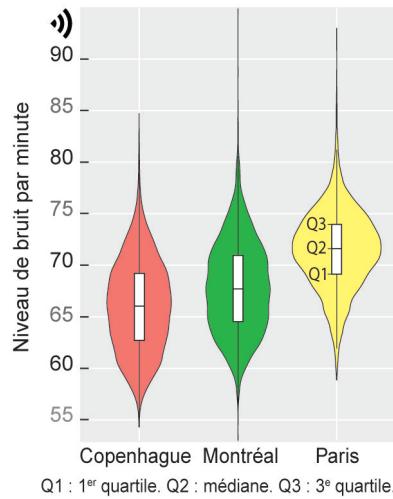


FIG. 2.25 : Graphique en violon, boîte à moustaches et intervalle interquartile

- **La variance** est la somme des déviations à la moyenne au carré (numérateur) divisée par le nombre d'observations pour une population (σ^2) ou divisée par le nombre d'observations moins une (s^2) pour un échantillon (eq. (2.20)). Puisque les déviations à la moyenne sont mises au carré, la valeur de la variance (tout comme celle de l'écart-type) sera toujours positive. Plus sa valeur est élevée, plus les observations sont dispersées autour de la moyenne. La variance représente ainsi l'écart au carré moyen des observations à la moyenne.

$$\sigma^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2}{n} \text{ ou } s^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1} \quad (2.20)$$

- **L'écart-type** est la racine carrée de la variance (eq. (2.21)). Rappelez-vous que la variance est calculée à partir des déviations à la moyenne mises au carré. Étant donné que l'écart-type est la racine carrée de la variance, il est donc évalué dans les mêmes unités que la variable, contrairement à la variance. Bien entendu, comme pour la variance, plus la valeur de l'écart-type est élevée, plus la distribution des observations autour de la moyenne est dispersée.

$$\sigma = \sqrt{\sigma^2} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2}{n}} \text{ ou } s = \sqrt{s^2} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}} \quad (2.21)$$



Les formules des variances et des écart-types pour une population et un échantillon sont très similaires : seul le dénominateur change avec n versus $n - 1$ observations. Par conséquent, plus le nombre d'observations de votre jeu de données sera important, plus l'écart entre ces deux mesures de dispersion pour une population et un échantillon sera minime.

Comme dans la plupart des logiciels de statistique, les fonctions de base `var` et `sd` de R calculent la variance et l'écart-type pour un échantillon ($n - 1$ au dénominateur). Si vous souhaitez les calculer pour une population, adaptez la syntaxe ci-dessous dans laquelle `df$var1` représente la variable intitulée `var1` présente dans un *dataframe* nommé `df`.

```
var.p <- mean((df$var1 - mean(df$var1))^2)
sd.p <- sqrt(mean((df$var1 - mean(df$var1))^2))
```

- **Le coefficient de variation (CV)** est le rapport entre l'écart-type et la moyenne, représentant ainsi une standardisation de l'écart-type ou, en d'autres termes, une mesure de dispersion relative (eq. (2.22)). L'écart-type étant exprimé dans l'unité de mesure de la variable, il ne peut pas être utilisé pour comparer les dispersions de variables exprimées des unités de mesure différentes (par exemple, en pourcentage, en kilomètres, en dollars, etc.). Pour y remédier, on utilisera le coefficient de variation : une variable est plus dispersée qu'une autre si la valeur de son CV est plus élevée. Certains préfèreront multiplier la valeur du CV par 100 : l'écart-type est alors exprimé en pourcentage de la moyenne.

$$CV = \frac{\sigma}{\mu} \text{ ou } CV = \frac{s^2}{\bar{x}} \quad (2.22)$$

Illustrons comment calculer les cinq mesures de dispersion précédemment décrites à partir de valeurs fictives pour huit observations (colonne intitulée x_i au tableau 2.3). Les différentes statistiques reportées dans ce tableau sont calculées comme suit :

- La **moyenne** est la somme divisée par le nombre d'observations, soit $248/8 = 31$.
- L'**étendue** est la différence entre les valeurs maximale et minimale, soit $40 - 22 = 30$.
- Les quartiles coupent la distribution en quatre parties égales. Avec huit observations triées par ordre croissant, le **premier quartile** est égale à la valeur de la 2^e observation (soit 25), la **médiane** à celle de la 4^e (30), le **troisième quartile** à celle de la 6^e (35).
- L'**écart interquartile** est la différence entre Q3 et Q1, soit $35 - 25 = 10$.
- La seconde colonne du tableau est l'écart à la moyenne ($x_i - \bar{x}$), soit $22 - 31 = -9$ pour l'observation 1 ; la somme de ces écarts est toujours égale à 0. La troisième colonne est cette déviation mise au carré ($(x_i - \bar{x})^2$), soit $-9^2 = 81$, toujours pour l'observation 1. La somme de ces déviations à la moyenne au carré (268) représente le numérateur de la variance (eq. (2.20)). En divisant cette somme par le nombre d'observations, on obtient la **variance pour une population** ($268/8 = 33,5$) tandis que la **variance d'un échantillon** est égale à $268/(8 - 1) = 38,29$.
- L'**écart-type** est la racine carrée de la variance (eq. (2.21)), soit $\sigma = \sqrt{33,5} = 5,79$ et $s = \sqrt{38,29} = 6,19$.
- Finalement, les valeurs des coefficients de variation (eq. (2.22)) sont de $5,79/31 = 0,19$ pour une population et $6,19/31 = 0,20$ pour un échantillon.

TAB. 2.3 : Calcul des mesures de dispersion sur des données fictives

Observation	x_i	$x_i - \bar{x}$	$(x_i - \bar{x})^2$
1	22,00	-9	81,0
2	25,00	-6	36,0
3	27,00	-4	16,0
4	30,00	-1	1,0
5	32,00	1	1,0
6	35,00	4	16,0
7	37,00	6	36,0
8	40,00	9	81,0
Statistique			
N	8,00		
Somme	248,00	0	268,0
Moyenne (\bar{x} ou μ)	31,00	0	33,5
Étendue	18,00		
Premier quartile	25,00		
Troisième quartile	35,00		
Intervalle interquartile	10,00		
Variance (population, σ^2)	33,50		
Écart-type (population, σ)	5,79		
Variance (échantillon, s^2)	38,29		
Écart-type (échantillon, s)	6,19		
Coefficient de variation (σ/μ)	0,19		
Coefficient de variation (s/\bar{x})	0,20		

Le tableau 2.4 vise à démontrer à partir de trois variables comment certaines mesures de dispersion sont sensibles à l'unité de mesure et/ou aux valeurs extrêmes.

Concernant **l'unité de mesure**, nous avons créé deux variables A et B , avec B étant simplement A multiplié par 10. Pour A , les valeurs de la moyenne, l'étendue et l'intervalle interquartile sont respectivement de 31, 18 et 10. Sans surprise, celles de B sont multipliées par 10 (310, 180, 100). La variance étant la moyenne des déviations à la moyenne au carré, elle est égale à 33,50 pour A et donc à $33,50 \times 10^2 = 3350$ pour B ; l'écart-type de B est égal à celui de A multiplié par 10. Cela démontre que l'étendue, l'intervalle interquartile, la variance et l'écart-type sont des mesures de dispersion dépendantes de l'unité de mesure. Par contre, le coefficient de variation (CV) étant le rapport de l'écart-type avec la moyenne, il a la même valeur pour A et B , ce qui démontre que CV est bien une mesure de dispersion relative permettant de comparer des variables exprimées dans des unités de mesure différentes.

Concernant **la sensibilité aux valeurs extrêmes**, nous avons créé la variable C pour laquelle seule la huitième observation a une valeur différente (40 pour A et 105 pour B). Cette valeur de 105 pourrait être soit une valeur extrême positive mesurée, soit une valeur aberrante (par exemple, si l'unité de mesure était un pourcentage variant de 0 à 100%). Cette valeur a un impact important sur la moyenne (31 contre 39,12) et l'étendue (18 contre 83) et corollairement sur la variance (33,50 contre 641,86), l'écart-type (5,79 contre 25,33) et le coefficient de variation (0,19 contre 0,65). Par contre, l'intervalle interquartile étant calculé sur 50% des observations centrales ($Q3 - Q1$), il n'est pas affecté par cette valeur extrême.

TAB. 2.4 : Illustration de la sensibilité des mesures de dispersion à l'unité de mesure et aux valeurs extrêmes

Observation	A	B	C
1	22,00	220,00	22,00
2	25,00	250,00	25,00
3	27,00	270,00	27,00
4	30,00	300,00	30,00
5	32,00	320,00	32,00
6	35,00	350,00	35,00
7	37,00	370,00	37,00
8	40,00	400,00	105,00
Statistique			
Moyenne (μ)	31,00	310,00	39,12
Étendue	18,00	180,00	83,00
Intervalle interquartile	10,00	100,00	10,00
Variance (population, σ^2)	33,50	3 350,00	641,86
Écart-type (population, σ)	5,79	57,88	25,33
Coefficient de variation (σ/μ)	0,19	0,19	0,65

TAB. 2.5 : Résumé de la sensibilité de la moyenne et des mesures de dispersion

Statistique	Unité de mesure	Valeurs extrêmes
Moyenne	X	X
Étendue	X	X
Intervalle interquartile	X	
Variance	X	X
Écart-type	X	X
Coefficient de variation		X

2.5.4 Les paramètres de forme

2.5.4.1 Vérifier la normalité d'une variable quantitative



De nombreuses méthodes statistiques qui seront abordées dans les chapitres suivants – entre autres, la corrélation de Pearson, les test t et l'analyse de variance, les régressions simple et multiple – requièrent que la variable quantitative suive une **distribution normale** (nommée aussi **distribution gaussienne**).

Dans cette sous-section, nous décrirons trois démarches pour vérifier si la distribution d'une variable est normale : les coefficients d'asymétrie et d'aplatissement (*skewness* et *kurtosis* en anglais), les graphiques (histogramme avec courbe normale, diagramme quantile-quantile), les tests de normalité (tests de Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Smirnov, Lilliefors, Anderson-Darling et Jarque-Bera).

Il est vivement recommandé de réaliser les trois démarches !

Une distribution est normale quand elle est symétrique et mésokurtique (figure 2.26).

2.5.4.1.1 Vérifier la normalité avec les coefficients d'asymétrie et d'aplatissement

Une **distribution est dite symétrique** quand la moyenne arithmétique est au centre de la distribution, c'est-à-dire que les observations sont bien réparties de part et d'autre de la moyenne qui sera alors égale à la médiane et au mode (on utilisera uniquement le mode pour une variable discrète et non pour une

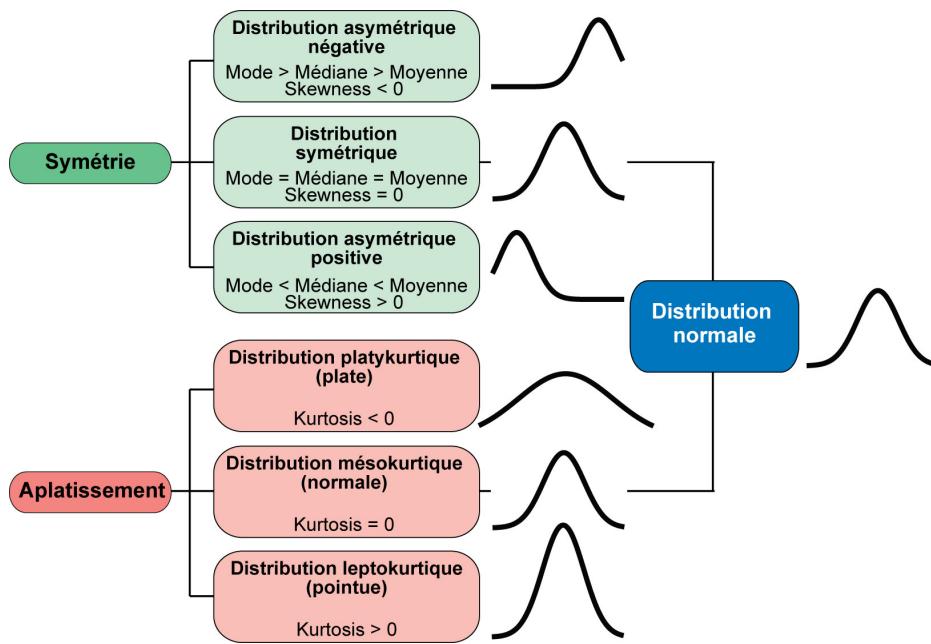


FIG. 2.26 : Formes d'une distribution et les coefficients d'asymétrie et d'aplatissement

variable continue). Pour évaluer l'asymétrie, on utilise habituellement le coefficient d'asymétrie (*skewness* en anglais).

Sachez toutefois qu'il existe trois façons (formules) pour le calculer (Joanes and Gill, 1998) : g_1 est la formule classique (eq. (2.23), disponible dans R avec la fonction *skewness* du package **moments**), G_1 est une version ajustée (eq. (2.24), utilisée dans les logiciels SAS et SPSS notamment) et b_1 est une autre version ajustée (eq. (2.25), utilisée par les logiciels MINITAB et BMDP). Nous verrons qu'avec les packages **DescTools** ou **e1071**, il possible de calculer ces trois méthodes. Aussi, pour des grands échantillons ($n > 100$), il y a très peu de différences entre les résultats produits par ces trois formules (Joanes and Gill, 1998). Quelle que soit la formule utilisée, le coefficient d'assymétrie s'interprète comme suit (figure 2.27) :

- quand la valeur du *skewness* est négative, la **distribution est asymétrique négative**. La distribution est alors tirée à gauche par des valeurs extrêmes faibles, mais peu nombreuses. On emploie souvent l'expression *la queue de distribution* est étirée vers la gauche. La moyenne est alors inférieure à la médiane.
- quand la valeur du *skewness* est égale à 0, la **distribution est symétrique** (la médiane sera égale à la moyenne). Pour une variable discrète, les valeurs du mode, de la moyenne et de la médiane seront égales.
- quand la valeur du *skewness* est positive, la **distribution est symétrique positive**. La distribution est alors tirée à droite par des valeurs extrêmes fortes, mais peu nombreuses. La queue de distribution est alors étirée vers la droite. La moyenne est alors supérieure à la médiane. En sciences sociales, les variables de revenu (totaux ou d'emploi, des individus ou des ménages) ont souvent des distributions asymétriques positives : la moyenne est affectée par quelques observations avec des valeurs de revenu très élevées et est ainsi supérieure à la médiane. En études urbaines, la densité de population pour des unités géographiques d'une métropole donnée (secteur de recensement par exemple) a aussi souvent une distribution asymétrique positive : quelques secteurs de recensement au centre de la métropole sont caractérisés par des valeurs de densité très élevées qui tirent la distribution vers la droite.

$$g_1 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3}{\left[\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right]^{\frac{3}{2}}} \quad (2.23)$$

$$G_1 = \frac{\sqrt{n(n-1)}}{n-2} g_1 \quad (2.24)$$

$$b_1 = \left(\frac{n-1}{n} \right)^{\frac{3}{2}} g_1 \quad (2.25)$$

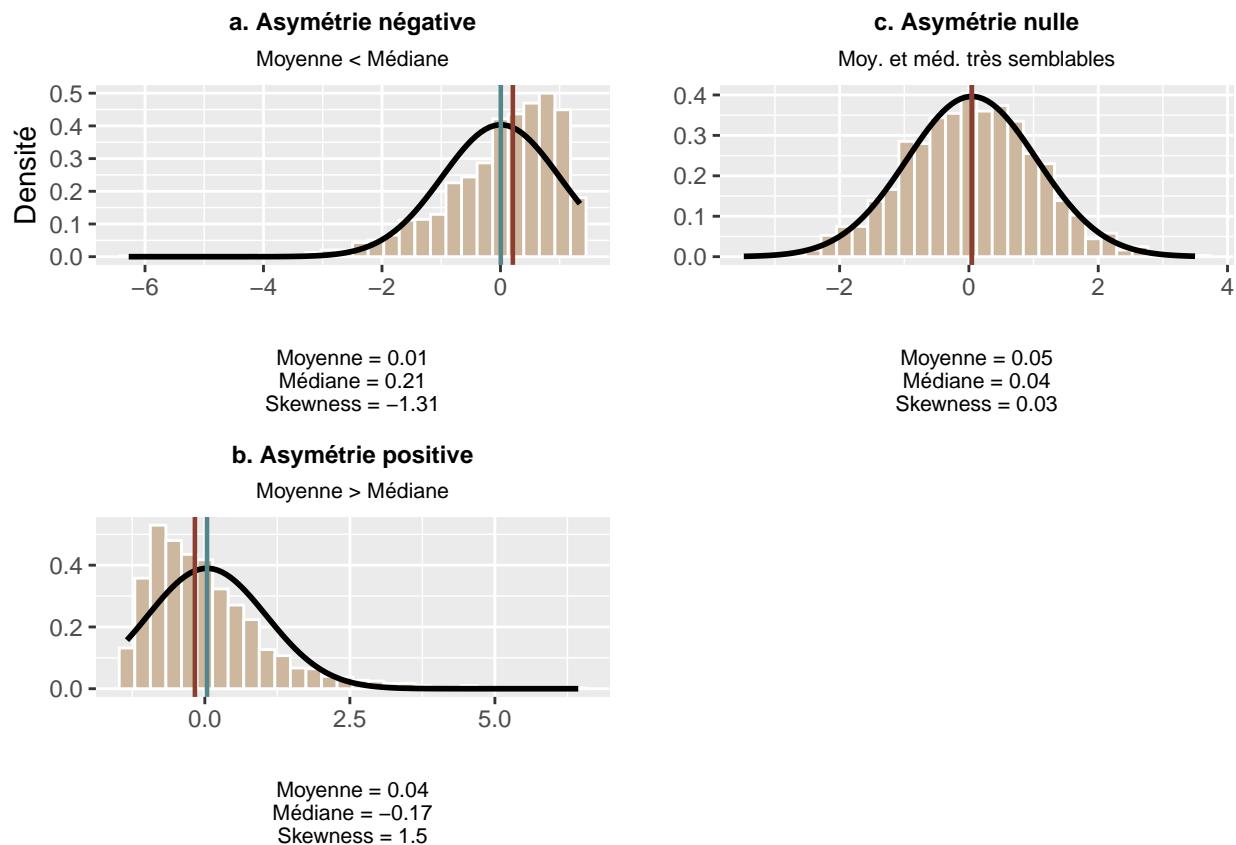


FIG. 2.27 : Asymétrie d'une distribution

Pour évaluer l'aplatissement d'une distribution, on utilisera le coefficient d'aplatissement (*kurtosis* en anglais). Là encore, il existe trois formules pour le calculer (eq. (2.26), (2.27), (2.28)) qui renverront des valeurs très semblables pour de grands échantillons (Joanes and Gill, 1998). Cette mesure s'interprète comme suit (figure 2.27) :

- quand la valeur du *kurtosis* est négative, la **distribution est platikurtique**. La distribution est dite plate, c'est-à-dire que la valeur de l'écart-type est importante (comparativement à une distribution normale), signalant une grande dispersion des valeurs de part et d'autre la moyenne.
- quand la valeur du *kurtosis* est égale à 0, la **distribution est mésokurtique**, ce qui est typique d'une distribution normale.
- quand la valeur du *kurtosis* est positive, la **distribution est leptokurtique**, signalant que l'écart-type (la dispersion des valeurs) est plutôt faible. Autrement dit, la dispersion des valeurs autour de la moyenne est faible.

$$g_2 = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^4}{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \right)^2} - 3 \quad (2.26)$$

$$G_2 = \frac{n-1}{(n-2)(n-3)} \{(n+1)g_2 + 6\} \quad (2.27)$$

$$b_2 = (g_2 + 3)(1 - 1/n)^2 - 3 \quad (2.28)$$

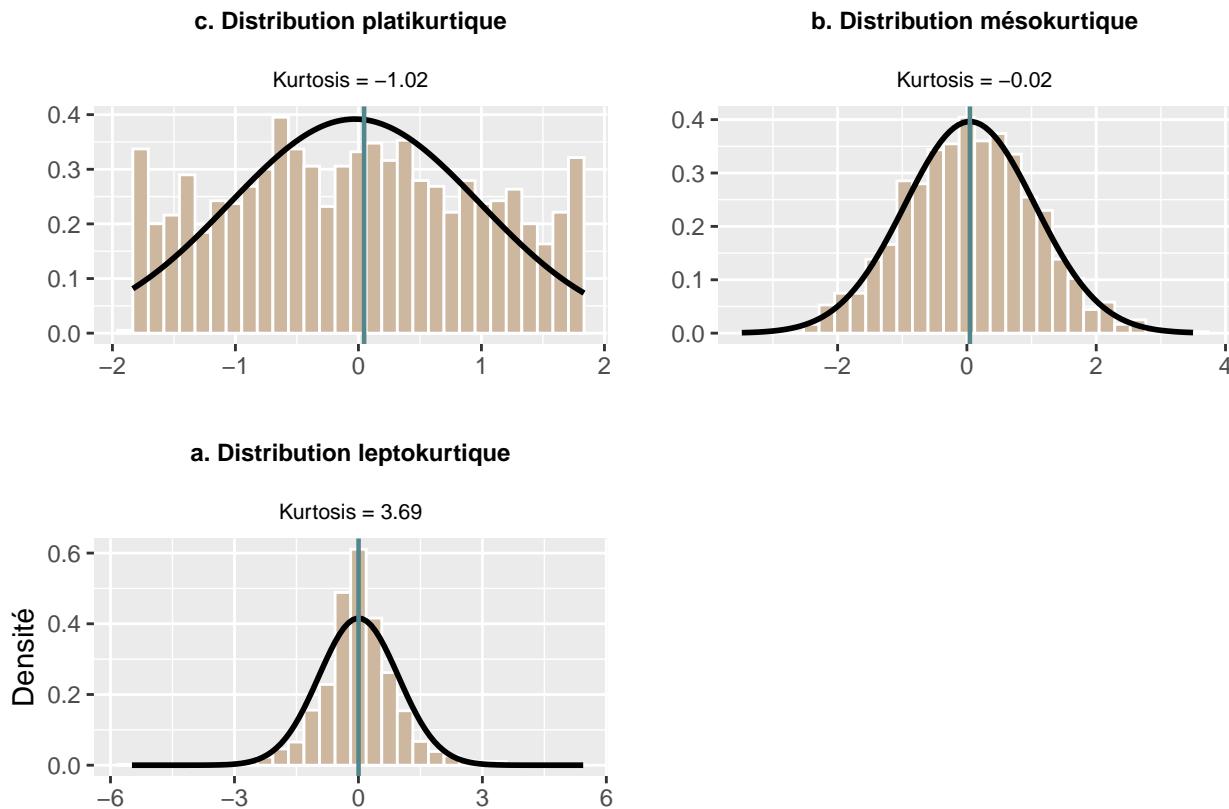


FIG. 2.28 : Applatissement d'une distribution



Regardez attentivement les équations (2.26), (2.27), (2.28); vous remarquez que pour g_2 et b_2 , il y a une soustraction de -3 et une addition $+6$ pour G_2 . On parle alors de *kurtosis* normalisé (*excess kurtosis* en anglais). Pour une distribution normale, il prendra la valeur de 0 , comparativement à la valeur de 3 pour un *kurtosis* non normalisé. Par conséquent, avant de calculer du *kurtosis*, il convient de s'assurer que la fonction que vous utilisez implémente une méthode de calcul normalisée (donnant une valeur de 0 pour une distribution normale). Par exemple, la fonction *Kurt* du package **DescTools** calcule les trois formules normalisées tandis que la fonction *kurtosis* du package **moments** renvoie un *kurtosis* non normalisé.

```
library(DescTools)
library(moments)
#Générer une variable normalement distribuée avec 1000 observations
Normale <- rnorm(1500,0,1)
round(DescTools:::Kurt(Normale),3)
```

```

## [1] 0.065

round(moments::kurtosis(Normale),3)

## [1] 3.069

```

2.5.4.1.2 Vérifier la normalité avec des graphiques

Les graphiques sont un excellent moyen de vérifier visuellement si une distribution est normale ou pas. Bien entendu, les histogrammes, que nous avons déjà largement utilisés, sont un incontournable; à titre de rappel, ils permettent de représenter la forme de la distribution des données (figure 2.29). Un autre type de graphique intéressant est le **diagramme quantile-quantile** (*Q-Q plot* en anglais) qui permet de comparer la distribution d'une variable avec une distribution gaussienne (normale). Trois éléments composent ce graphique tel qu'illustré à la figure 2.30 :

- les points, représentant les observations de la variable
- la distribution gaussienne (normale), représentée par une ligne
- l'intervalle de confiance à 5% de la distribution normale (en orange sur la figure).

Quand la variable est normale distribuée, les points seront situés le long de la ligne. Plus les points localisés en dehors de l'intervalle de confiance (bande orange) seront nombreux, plus la variable sera alors anormalement distribuée.

2.5.4.1.3 Vérifier la normalité avec des tests de normalité

Cinq principaux tests d'hypothèse permettent de vérifier la normalité d'une variable : les tests de **Kolmogorov-Smirnov** (KS), **Lilliefors** (LF), **Shapiro-Wilk** (SW), **Anderson-Darling**, et de **Jarque-Bera** (JB); sachez toutefois qu'il y en a d'autres non discutés ici (tests de D'Agostino-Pearson, Cramer-von Mises, de Ryan-Joiner, Shapiro-Francia, etc.). Pour les formules et une description détaillée de ces tests, vous pouvez consulter Razali et al. (2011) ou Yap et Sim (2011). **Quel test choisir?** Plusieurs auteurs ont comparé ces différents tests à partir de plusieurs échantillons, et ce, en faisant varier la forme de la distribution et le nombre d'observations (Razali et al., 2011; Yap and Sim, 2011). Selon Razali et al. (2011), le meilleur test semble être celui de Shapiro-Wilk, puis ceux de Anderson-Darling, Lilliefors et Kolmogorov-Smirnov. Yap et Sim (2011) concluent aussi que le Shapiro-Wilk semble être le plus performant.

Quoi qu'il en soit, ces cinq tests postulent que la variable suit une distribution gaussienne (hypothèse nulle, h_0). Cela signifie que si la valeur de P associée à la valeur de chacun des tests est supérieure au seuil alpha choisi (habituellement $\alpha = 0,05$), la distribution est normale. À l'inverse, si $P < 0,05$, on choisit l'hypothèse alternative (h_1), c'est-à-dire que la distribution est anormale.

Dans le tableau ci-dessous sont reportées les valeurs des différents tests pour les cinq types de distribution générées à la figure 2.29. Sans surprise, pour l'ensemble des tests, la valeur de P est inférieur à 0,05 pour la distribution normale.

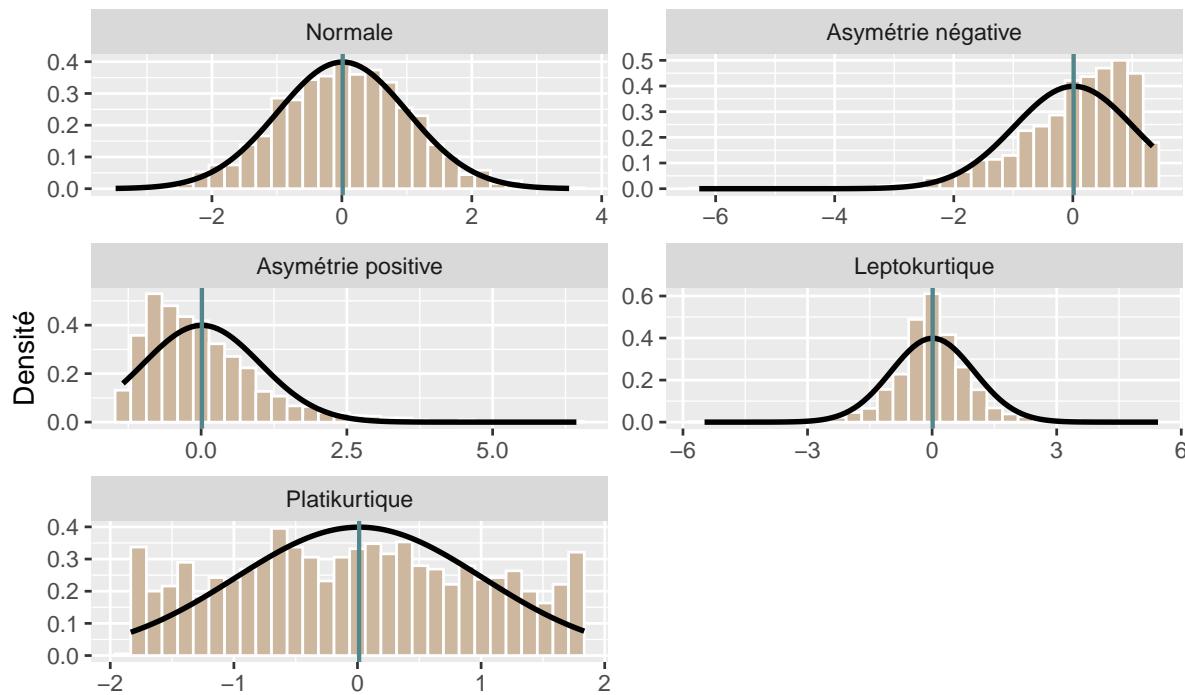


FIG. 2.29 : Distributions et courbe normale

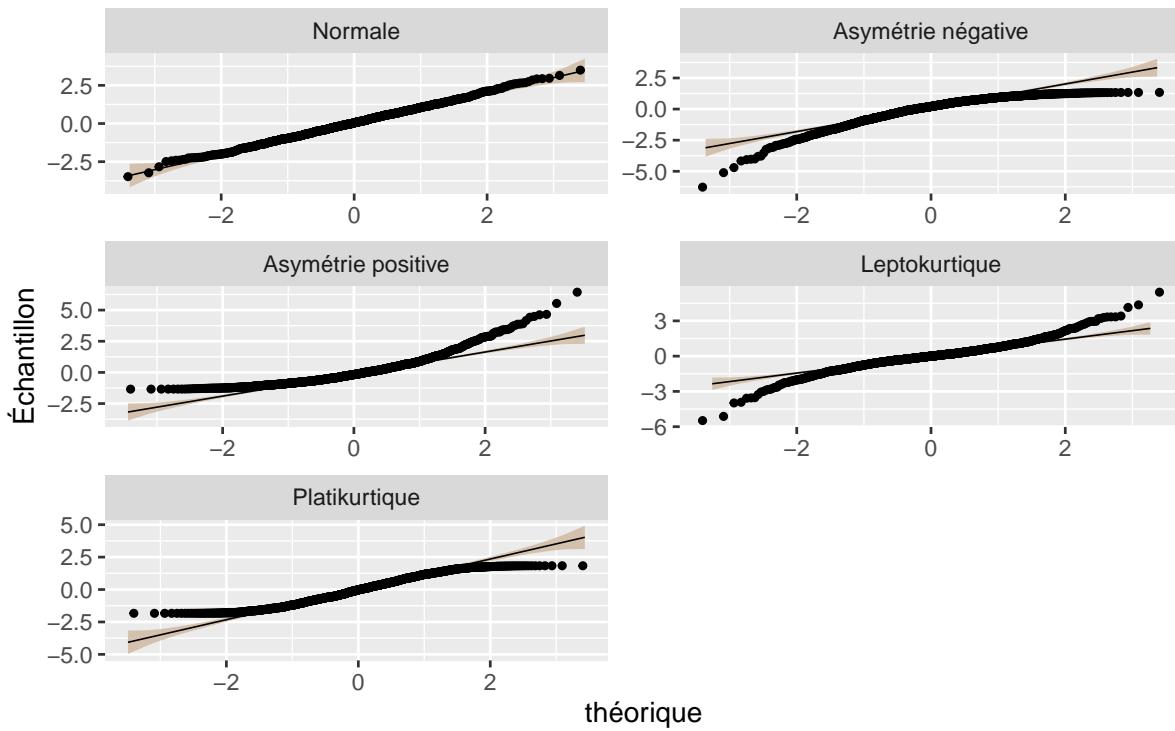


FIG. 2.30 : Diagrammes quantile-quantile

TAB. 2.6 : Les différents tests d'hypothèse pour la normalité

Test	Propriétés et interprétation	Fonction R
Kolmogorov-Smirnov	Plus sa valeur est proche de zéro, plus la distribution est normale. L'avantage de ce test est qu'il peut être utilisé pour vérifier si une variable suit la distribution de n'importe quelle loi (autre que la loi normale).	ks.test du package stats
Lilliefors	Ce test est une adaptation du test de Kolmogorov-Smirnov. Plus sa valeur est proche de zéro, plus la distribution est normale.	lillie.test du package nortest
Shapiro-Wilk	Si la valeur de la statistique de Shapiro-Wilk est proche de 1, alors la distribution est normale; et anormale quand elle est inférieure à 1.	shapiro.test du package stats
Anderson-Darling	Ce test est une modification du test de Cramer-von Mises (CVM). Il peut être aussi utilisé pour tester d'autres distributions (uniforme, log-normale, exponentielle, Weibull, distribution de pareto généralisée, logistique, etc.).	ad.test du package stats
Jarque-Bera	Basé sur un test du type multiplicateur de Lagrange, il utilise dans son calcul les valeurs du <i>Skewness</i> et du <i>Kurtosis</i> . Plus sa valeur s'approche de 0, plus la distribution est normale. Ce test est surtout utilisé pour vérifier si les résidus d'un modèle de régression linéaire sont normalement distribués, nous y reviendrons dans le chapitre sur la régression multiple. Il s'écrit $JB = \frac{1}{6} \left(g_1^2 + \frac{g_2 - 3}{4} \right)$ avec g_1 et g_2 qui sont respectivement les valeurs du <i>skewness</i> et du <i>kurtosis</i> de la variable (voir plus haut les équations 2.23 et 2.26).	JarqueBeraTest du package DescTools

TAB. 2.7 : Calculs des tests de normalité pour différentes distributions

	Normale	Asymétrie négative	Asymétrie positive	Leptokurtique	Platikurtique
Skewness	0.089	1.344	-1.403	-0.332	0.022
Kurtosis	0.306	2.099	2.689	4.928	-1.044
Kolmogorov-Smirnov (KS)	0.031	0.104	0.104	0.085	0.055
Lilliefors (LF)	0.031	0.104	0.104	0.085	0.055
Shapiro-Wilk (SW)	0.996	0.894	0.895	0.928	0.969
Anderson-Darling (AD)	0.53	13.17	12.059	8.246	3.179
Jarque-Bera (JB)	3.181	330.045	404.688	1169.189	17.037
KS (valeur p)	0.72	0	0	0.002	0.099
LF (valeur p)	0.284	0	0	0	0.001
SW (valeur p)	0.235	0	0	0	0
AD (valeur p)	0.175	0	0	0	0
JB (valeur p)	0.204	0	0	0	0



Attention! La plupart des auteurs s'entendent sur le fait que ces tests sont très restrictifs : plus la taille de votre échantillon (n) est importante, plus les tests risquent de vous signaler que vos distributions sont anormales (à la lecture des valeurs de P).

Certains conseillent même de ne pas les utiliser quand $n > 200$ et de vous fier uniquement aux graphiques (histogramme et diagramme Q-Q) !



Bref, vérifier la normalité d'une variable n'est pas une tâche si simple. De nouveau, nous vous conseillons vivement de :

- construire les graphiques pour analyser visuellement la forme de la distribution (histogramme avec courbe normale et diagramme Q-Q)
- calculer le *skewness* et le *kurtosis*,
- calculer plusieurs tests (minimamente Shapiro-Wilk et Kolmogorov-Smirnov)
- accorder une importance particulière aux graphiques lorsque vous traitez des grands échantillons ($n > 200$).

2.5.4.2 Vérifier d'autres formes de distributions

Comme nous l'avons vu, la distribution normale n'est que l'une des multiples distributions existantes. Dans de nombreuses situations, elle ne sera pas adaptée pour décrire vos variables. La démarche à adopter pour trouver une distribution adaptée est la suivante :

1. Définissez la nature de votre variable, identifier si elle est discrète ou continue et l'intervalle dans lequel elle est définie. Une variable dont les valeurs sont positives ou négatives ne pourra pas être décrite avec une distribution Gamma par exemple (à moins de la décaler).
2. Explorez votre variable, affichez son histogramme et son graphique de densité pour avoir une vue générale de sa morphologie.
3. Présélectionnez un ensemble de distributions candidates compte tenu des observations précédentes. Vous pouvez également vous reporter à la littérature existante sur votre sujet d'étude pour inclure d'autres distributions. Soyez flexible! Une variable strictement positive pourrait tout de même avoir une forme normale. De même, une variable décrivant des comptages suffisamment grands pourrait être mieux décrite par une distribution normale qu'une distribution de poisson.
4. Tentez d'ajuster chacune des distributions retenues à vos données et comparez les qualités d'ajustements pour retenir la plus adaptée.

Pour ajuster une distribution à un jeu de données, il faut trouver les valeurs des paramètres de cette distribution qui lui permettront d'adopter une forme la plus proche possible des données. On appelle cette opération **ajuster un modèle**, puisque la distribution théorique est utilisée pour modéliser les données. L'ajustement des paramètres est un problème d'optimisation que plusieurs algorithmes sont capables de résoudre (*gradient descent*, *Newton-Raphson method*, *Fisher scoring*, etc.). Dans R, le package **fitdistrplus** permet d'ajuster pratiquement n'importe quelle distribution à des données en offrant plusieurs stratégies d'optimisation grâce à la fonction **fitdist**. Il suffit de disposer d'une fonction représentant la distribution de densité ou de masse de la distribution en question, généralement noté **dnomdeladistribution** (**dnorm**, **dgamma**, **dpoisson**, etc.) dans R. Notez que certains packages comme **VGAM**

ou **gamlss.dist** ajoutent un grand nombre de fonctions de densité et de masse à celles déjà disponibles de base dans R.

Pour comparer l'ajustement de plusieurs distributions théoriques à des données, trois approches doivent être combinées :

- Observer graphiquement l'ajustement de la courbe théorique à l'histogramme des données. Cela permet d'éliminer au premier coup d'œil les distributions qui ne correspondent pas.
- Comparer les *loglikelihood*. Le *loglikelihood* est un score d'ajustement des distributions aux données. Pour faire simple, plus le *loglikelihood* est grand, plus la distribution théorique est proche des données. Référez-vous à l'encadré suivant pour une description plus en profondeur du *loglikelihood*.
- Utiliser le test de Kolmogorov-Smirnov pour déterminer si une distribution particulière est mieux ajustée pour les données.



Qu'est-ce-que le loglikelihood ?

Le *loglikelihood* est une mesure de l'ajustement d'un modèle à des données. Il est utilisé à peu près partout en statistique. Comprendre sa signification est donc un exercice important pour développer une meilleure intuition du fonctionnement général de nombreuses méthodes. Si les concepts de fonction de densité et de fonction de masse vous semblent encore flous, reportez-vous à la section 2.4 sur les distributions dans un premier temps.

Admettons que nous disposons d'une variable continue v que nous avons tenté de modéliser avec une distribution d (il peut s'agir de n'importe quelle distribution). d a une fonction de densité avec laquelle il est possible de calculer pour chacune des valeurs de v sa probabilité d'être observée selon le modèle d .

Prenons un exemple concret dans R. Admettons que nous avons une variable comprenant 10 valeurs (oui, c'est un petit échantillon, mais c'est pour faire un exemple simple).

```
v <- c(5,8,7,8,10,4,7,6,9,7)
moyenne <- mean(v)
ecart_type <- sd(v)
```

En calculant sa moyenne et son écart type, nous obtenons les paramètres d'une distribution normale que nous pouvons utiliser pour représenter les données observées. En utilisant la fonction `dnorm` (la fonction de densité de la distribution normale), nous pouvons calculer la probabilité d'observer chacune des valeurs de v selon cette distribution normale.

```
probas <- dnorm(v, moyenne, ecart_type)
df <- data.frame(valeur = v,
                  proba = probas)
print(df)
```

	valeur	proba
## 1	5	0.11203710
## 2	8	0.19624888
## 3	7	0.22228296
## 4	8	0.19624888
## 5	10	0.06009897
## 6	4	0.04985613

```
## 7      7 0.22228296
## 8      6 0.18439864
## 9      9 0.12689976
## 10     7 0.22228296
```

On observe ainsi que les valeurs 7 et 8 sont très probables selon le modèle alors que la valeur 10 est très improbable.

Le *likelihood* est simplement le produit de toutes ces probabilités. Il s'agit donc de **la probabilité conjointe** d'avoir observé toutes les valeurs de v **sous l'hypothèse** que d est la distribution produisant ces valeurs. Si d décrit efficacement v , alors le *likelihood* est plus grand que si d ne décrit pas efficacement v . Il s'agit d'une forme de raisonnement par l'absurde : après avoir observé v , on calcule la probabilité d'avoir observé v (*likelihood*) si notre modèle d était vrai. Si cette probabilité est très basse, alors c'est que notre modèle est mauvais puisqu'on a bien observé v .

```
likelihood_norm <- prod(probas)
print(likelihood_norm)
```

```
## [1] 3.322759e-09
```

Cependant, multiplier un grand nombre de valeurs inférieures à zéro tend à produire des chiffres infinitement petits et donc à complexifier grandement le calcul. On préfère donc utiliser le *loglikelihood*. L'idée étant de transformer les probabilités obtenues avec la fonction \log puis d'additionner leurs résultats, puisque $\log(xy) = \log(x) + \log(y)$.

```
loglikelihood_norm <- sum(log(probas))
print(loglikelihood_norm)
```

```
## [1] -19.52247
```

Comparons ce *loglikelihood* à celui d'un second modèle dans lequel nous utilisons toujours la distribution normale, mais avec une moyenne différente (faussée en rajoutant +3) :

```
probas2 <- dnorm(v, moyenne+3, ecart_type)
loglikelihood_norm2 <- sum(log(probas2))
print(loglikelihood_norm2)
```

```
## [1] -33.53631
```

Ce second *loglikelihood* est plus faible, indiquant clairement que le premier modèle est plus adapté aux données.

Passons à la pratique avec deux exemples.

2.5.4.2.1 Temps de retard des bus de la ville de Toronto

Analysons les temps de retard pris par les bus de la ville de Toronto lorsqu'un évènement perturbe la circulation. Ce jeu de données est disponible sur le site de l'Open Data²⁵ de la ville de Toronto. Compte tenu de la grande quantité d'observations, nous avons fait le choix de nous concentrer sur les évènements ayant eu lieu durant le mois de janvier 2019. Puisque la variable étudiée est une durée exprimée en minutes, elle est strictement positive (supérieure à 0), car un bus avec zéro minute de retard est à l'heure. Nous considérons également qu'un bus ayant plus de 150 minutes de retard (2h30) n'est tout simplement pas passé (personne ne risque d'attendre 2h30 pour prendre son bus). Commençons par charger les données et observer leur distribution empirique.

```
library(ggplot2)
# charger le jeu de données
data_trt_bus <- read.csv('data/univariee/bus-delay-2019_janv.csv', sep =';')
# retirer les observations aberrantes
data_trt_bus <- subset(data_trt_bus, data_trt_bus$Min.Delay > 0 &
                        data_trt_bus$Min.Delay < 150)
# représenter la distribution empirique du jeu de données
ggplot(data = data_trt_bus) +
  geom_histogram(aes(x=Min.Delay, y = ..density..), bins = 40) +
  geom_density(aes(x=Min.Delay), color = 'blue', bw = 2, size = 0.8) +
  labs(x = 'temps de retard (min)',
       y = '')
```

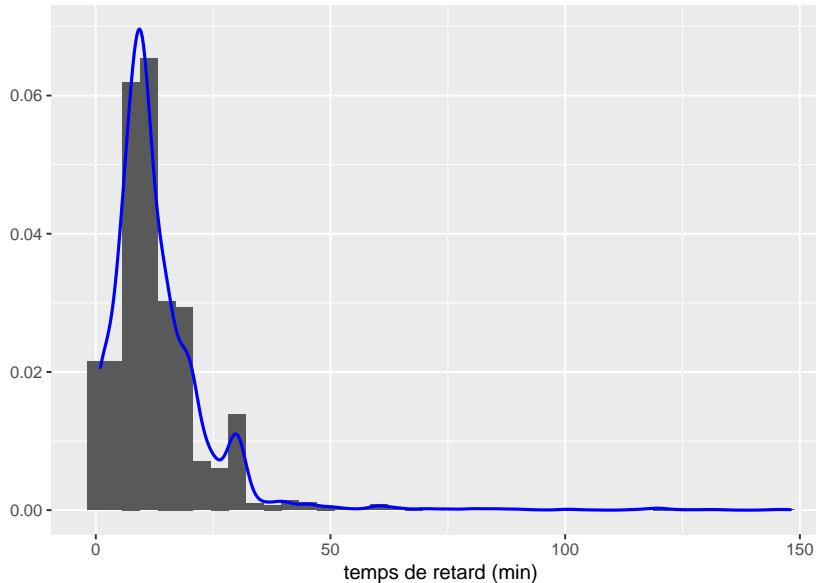


FIG. 2.31 : Distribution empirique des temps de retard des bus à Toronto en janvier 2019

Compte tenu de la forme de la distribution empirique et de sa nature, quatre distributions sont envisageables :

- La distribution Gamma, strictement positive et asymétrique, elle est aussi une généralisation de la distribution exponentielle utilisée pour modéliser des temps d'attente. Pour des raisons similaires,

²⁵ <https://open.toronto.ca/catalogue/?search=bus%20delay&sort=score%20desc>

on peut aussi retenir la distribution de Weibull et la distribution log-normale. Nous écartons ici la distribution skew-normale puisque le jeu de données n'a clairement pas une forme normale au départ.

- La distribution de Pareto, strictement positive et permettant de représenter ici le fait que la plupart des retards durent moins de 10 minutes, mais que quelques retards sont également beaucoup plus longs.

Commençons par ajuster les quatre distributions avec la fonction `fitdist` du package `fitdistrplus` et représentons-les graphiquement pour éliminer les moins bons candidats. Nous utilisons également le package `actuar` pour la fonction de densité de Pareto (`dpareto`).

```
library(fitdistrplus)
library(actuar)
library(ggpubr)
# ajustement des modèles
model_gamma <- fitdist(data_trt_bus$Min.Delay, distr = "gamma")
model_weibull <- fitdist(data_trt_bus$Min.Delay, distr = "weibull")
model_lognorm <- fitdist(data_trt_bus$Min.Delay, distr = "lnorm")
model_pareto <- fitdist(data_trt_bus$Min.Delay, distr = "pareto",
                        start = list(shape = 1, scale = 1),
                        method = "mse") # différentes méthodes d'optimisations
# réalisation des graphiques
plot1 <- ggplot(data = data_trt_bus) +
  geom_histogram(aes(x=Min.Delay, y = ..density..), bins = 40) +
  stat_function(fun = dgamma, color = 'red', size = 0.8,
                args = as.list(model_gamma$estimate)) +
  labs(x = 'temps de retard (min)',
       y = '',
       subtitle = "modèle Gamma")
plot2 <- ggplot(data = data_trt_bus) +
  geom_histogram(aes(x=Min.Delay, y = ..density..), bins = 40) +
  stat_function(fun = dweibull, color = 'red', size = 0.8,
                args = as.list(model_weibull$estimate)) +
  labs(x = 'temps de retard (min)',
       y = '',
       subtitle = "modèle Weibull")
plot3 <- ggplot(data = data_trt_bus) +
  geom_histogram(aes(x=Min.Delay, y = ..density..), bins = 40) +
  stat_function(fun = dlnorm, color = 'red', size = 0.8,
                args = as.list(model_lognorm$estimate)) +
  labs(x = 'temps de retard (min)',
       y = '',
       subtitle = "modèle log-normal")
plot4 <- ggplot(data = data_trt_bus) +
  geom_histogram(aes(x=Min.Delay, y = ..density..), bins = 40) +
  stat_function(fun = dpareto, color = 'red', size = 0.8,
                args = as.list(model_pareto$estimate)) +
  labs(x = 'temps de retard (min)',
       y = '',
       subtitle = "Modèle Pareto")
ggarrange(plotlist = list(plot1, plot2, plot3, plot4),
          ncol = 2, nrow = 2)
```

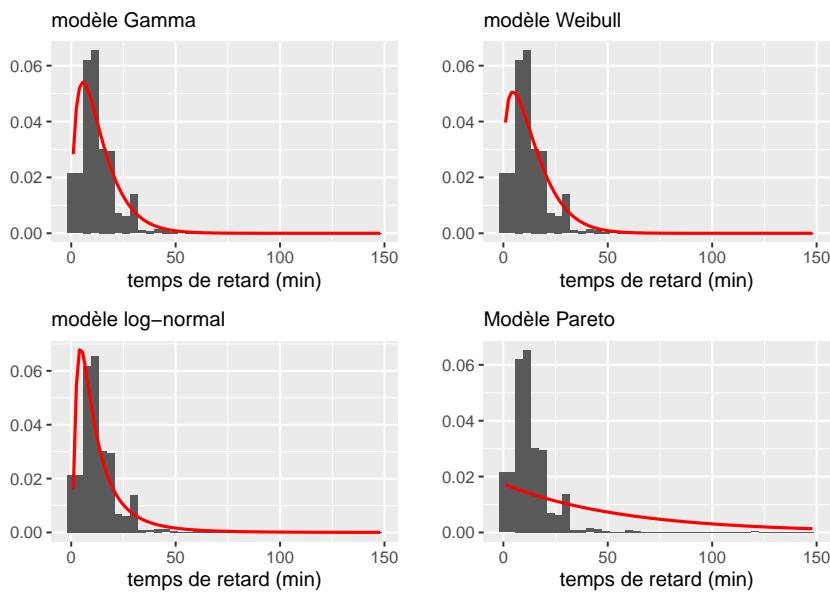


FIG. 2.32 : Comparaison des distributions ajustées aux données de retard des bus

Visuellement, on constate que la distribution de Pareto est un mauvais choix. Pour les trois autres distributions, la comparaison des *loglikelihood* s'impose.

```
df <- data.frame(model = c("Gamma", "Weibull",
                           "log-normal"),
                  loglikelihood = c(model_gamma$loglik,
                                    model_weibull$loglik,
                                    model_lognorm$loglik))

show_table(df,
           col.names = c("Distributon", "LogLikelihood"),
           caption = 'Comparaison des LogLikekelihood des trois distributions',
           )
```

Le plus grand *logLikelihood* est obtenu par la distribution de Gamma qui s'ajuste donc le mieux à nos données. Pour finir, nous pouvons tester formellement avec le test de Kolmogorov-Smirnov si nos données proviennent bien de cette distribution de Gamma.

```
params <- as.list(model_gamma$estimate)
ks.test(data_trt_bus$Min.Delay,
        y = pgamma, shape = params$shape, rate = params$rate)
```

##

TAB. 2.8 : Comparaison des LogLikekelihood des trois distributions

Distributon	LogLikelihood
Gamma	-23 062,56
Weibull	-23 195,54
log-normal	-23 375,74

```
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: data_trt_bus$Min.Delay
## D = 0.099912, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

La valeur de p est inférieure à 0,05, on ne peut donc pas accepter l'hypothèse que notre jeu de données suit effectivement un loi de Gamma. Considérant le nombre d'observations et le fait que de nombreux temps d'attente sont identiques (ce à quoi le test est très sensible), ce résultat n'est pas surprenant. La distribution de Gamma reste cependant la distribution qui représente le mieux nos données. Nous pouvons estimer grâce à cette distribution la probabilité qu'un bus ait un retard de plus de 10 minutes de la façon suivante :

```
pgamma(10, shape = params$shape, rate = params$rate, lower.tail = F)
```

```
## [1] 0.5409424
```

ce qui correspond à 54% de chance.

Pour moins de 10 minutes :

```
pgamma(10, shape = params$shape, rate = params$rate, lower.tail = T)
```

```
## [1] 0.4590576
```

soit 46%.

Un dernier exemple avec la probabilité qu'un retard dépasse 45 minutes :

```
pgamma(45, shape = params$shape, rate = params$rate, lower.tail = F)
```

```
## [1] 0.01348194
```

Soit seulement 1,3%.

Par conséquent, si un matin à Toronto votre bus a plus de 45 minutes de retard, bravo vous êtes tombé sur une des très rares occasions où un tel retard se produit

2.5.4.2.2 Les accidents de vélo à Montréal

Le second jeu de données représente le nombre d'accidents de la route impliquant un vélo sur les intersections dans les quartiers centraux de Montréal. Le jeu de données complet est disponible sur le site des données ouvertes²⁶ de la ville de Montréal. Puisque ces données correspondent à des comptages, la première distribution à envisager est la distribution de poisson. Cependant, puisque nous aurons également un grand nombre d'intersections sans accident, il serait judicieux de tester la distribution de poisson avec excès de zéro.

²⁶ <http://donnees.ville.montreal.qc.ca/dataset/collisions-routieres>

```

library(ggplot2)
# charger le jeu de données
data_accidents <- read.csv('data/univariee/accidents_mtl.csv', sep = ',', )
counts <- data.frame(table(data_accidents$nb_accident))
names(counts) <- c("nb_accident", 'fréquence')
counts$nb_accident <- as.numeric(as.character(counts$nb_accident))
counts$prop <- counts$fréquence / sum(counts$fréquence)
# représenter la distribution empirique du jeu de donnée
ggplot(data = counts) +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = fréquence), width = 0.5) +
  labs(x = "nombre d'accidents",
       y = 'fréquence')

```

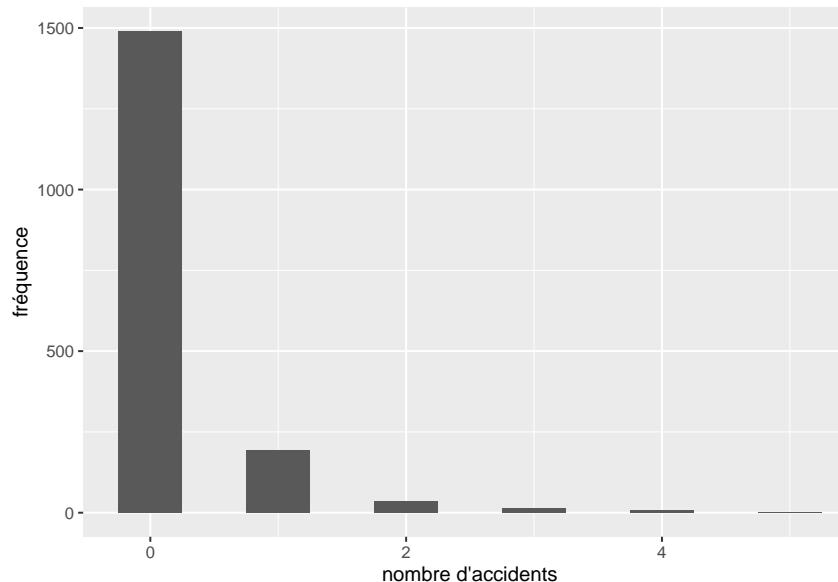


FIG. 2.33 : Distribution empirique du nombre d'accidents par intersection impliquant un cycliste à Montréal en 2017 dans les quartiers centraux

Nous avons effectivement de nombreux zéros ici, essayons d'ajuster nos deux distributions à ce jeu de données. Dans le graphique suivant, les barres grises représentent la distribution empirique du jeu de données et les barres rouges les distributions théoriques ajustées. Nous utilisons ici le package **gamlss.dist** pour avoir la fonction de masse d'une distribution de poisson avec excès de zéros.

```

library(gamlss.dist)
#ajuster le modèle de poisson
model_poisson <- fitdist(data_accidents$nb_accident, distr = "pois")
#ajuster le modèle de poisson avec excès de zéros
model_poissonzi <- fitdist(data_accidents$nb_accident, "ZIP",
  start = list(mu = 4, sigma = 0.15), # valeurs pour faciliter la convergence
  optim.method = "L-BFGS-B", # méthode d'optimisation recommandée dans la doc
  lower = c(0.00001, 0.00001),# valeurs minimales des deux paramètres
  upper = c(Inf, 1)# valeurs maximales des deux paramètres
)
dfpoisson <- data.frame(x=c(0:10),

```

```

y=dpois(0:10, model_poisson$estimate)
)
plot1 <- ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = prop), width = 0.6, data = counts) +
  geom_bar(aes(x=x, weight = y), width = 0.15, data = dfpoisson, fill = "red") +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  labs(subtitle = "modèle poisson",
       x = "nombre d'accidents",
       y = "")
dfpoissonzi <- data.frame(x=c(0:10),
                            y=dZIP(0:10, model_poissonzi$estimate[[1]],
                                   model_poissonzi$estimate[[2]]))
)
plot2 <- ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = prop), width = 0.6, data = counts) +
  geom_bar(aes(x=x, weight = y), width = 0.15, data = dfpoissonzi, fill = "red") +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  labs(subtitle = "modèle poisson avec excès de zéro",
       x = "nombre d'accident",
       y = "")
ggarrange(plotlist = list(plot1,plot2), ncol = 2)

```

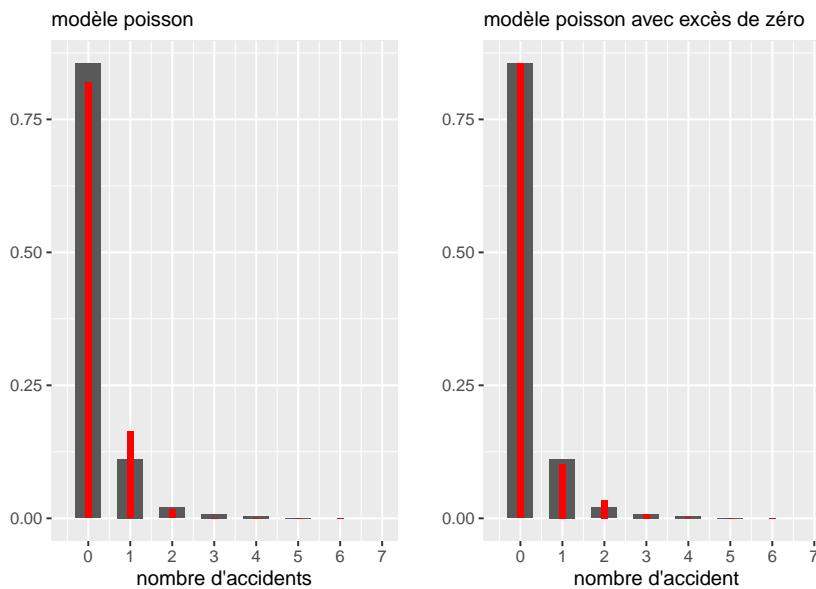


FIG. 2.34 : Ajustement des distributions de poisson et poisson avec excès de zéros

Visuellement, le modèle avec excès de zéro semble s'imposer. Nous pouvons vérifier cette impression avec la comparaison des *loglikelihood*.

```
print(model_poisson$loglik)
```

```
## [1] -989.83
```

```
print(model_poissonzi$loglik)
```

```
## [1] -931.8778
```

```
#afficher les paramètres ajustés
model_poissonzi$estimate
```

```
##          mu      sigma
## 0.6690301 0.7022605
```

Nous avons donc la confirmation que le modèle de poisson avec excès de zéros est mieux ajusté. Nous apprenons donc que 70% ($\sigma = 0,70$) des intersections sont en fait exclues du phénomène étudié (probablement parce que très peu de cyclistes les utilisent ou parce qu'elles sont très peu accidentogènes) et que pour les autres, le taux d'accidents par année en 2017 était de 0,67 ($\mu = 0,669$, μ signifiant λ pour le package **gamlss**). À nouveau, nous pouvons effectuer un test formel avec la fonction **ks.test**.

```
params <- as.list(model_poissonzi$estimate)
ks.test(data_accidents$nb_accident,
        y = pZIP, mu = params$mu, sigma = params$sigma)
```

```
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: data_accidents$nb_accident
## D = 0.85476, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
```

Encore une fois, on doit rejeter l'hypothèse selon laquelle le test suit une distribution de poisson avec excès de zéros. Ces deux exemples montrent à quel point ce test est restrictif.

2.5.5 La transformation des variables

2.5.5.1 Les transformations visant à atteindre la normalité

Comme énoncé au début de cette section, plusieurs méthodes statistiques nécessitent que la variable quantitative soit normalement distribuée. C'est notamment le cas de l'analyse de variance et des tests *t* (abordés dans les chapitres suivants) qui fourniront des résultats plus robustes lorsque la variable est normalement distribuée. Plusieurs transformations sont possibles, les plus courantes étant la racine carrée, le logarithme et l'inverse de la variable. Selon plusieurs auteurs (notamment, Tabacknick et *et al.* (2007, p. 89)), en fonction du type (positive ou négative) et du degré d'asymétrie, les transformations suivantes sont possibles afin d'améliorer la normalité de la variable :

- Asymétrie positive modérée : la racine carrée de la variable X avec la fonction `sqrt(df$x)`.

- Asymétrie positive importante : le logarithme de la variable avec `log10(df$x)`
- Asymétrie positive sévère : l'inverse de la variable avec `1/(df$x)`



Attention, pour une valeur égale ou inférieure à 0, on ne peut pas calculer une racine carrée ou un logarithme. Par conséquent, il convient de décaler simplement la distribution vers la droite afin de s'assurer qu'il n'y ait plus de valeurs négative ou égale à 0 :

- `sqrt(df$x - min(df$x+1))` avec pour une asymétrie positive avec des valeurs négatives ou égales à 0
- `log(df$x - min(df$x+1))` pour une asymétrie positive avec des valeurs négatives ou égales à 0

Par exemple, si la valeur minimale de la variable est égale à -10, la valeur minimale de variable décalée sera ainsi de 11.

- Asymétrie négative modérée : `sqrt(max(df$x+1) - df$x)`.
- Asymétrie négative importante : `log(max(df$x+1) - df$x)`
- Asymétrie négative sévère : `1/(max(df$x+1) - df$x)`



Transformation des variables pour atteindre la normalité : ce n'est pas toujours la panacée !

La transformation des données fait et fera encore longtemps débat à la fois parmi les statisticiens, les débutants et utilisateurs avancés des méthodes quantitatives. Field et al. (2012, pp. 193) résument le tout avec humour : « To transform or not transform, that is the question ».

Avantages de la transformation

- L'obtention de *résultats plus robustes*.
- Dans une régression linéaire multiple, la transformation de la variable dépendante peut *remédier au non-respect des hypothèses de base liées à la régression* (linéarité et homoscédasticité des erreurs, absence des valeurs aberrantes, etc.).

Inconvénients de la transformation

- *Une variable transformée est plus difficile à interpréter* puisque cela change l'unité de mesure de la variable. Prenons un exemple concret : vous souhaitez comparer les moyennes de revenu de deux groupes A et B. Vous obtenez une différence de 15000\$, soit une valeur facile à interpréter. Par contre, si la variable a été préalablement transformée en logarithme, il est possible que vous obteniez une différence de 9, ce qui est beaucoup moins parlant. Aussi, en transformant la variable en *log*, vous ne comparez plus les moyennes arithmétiques des deux groupes, mais plutôt leurs moyennes géométriques (Field et al., 2012, pp. 193).
- *Pourquoi perdre la forme initiale de la distribution du phénomène à expliquer ?* Il est possible pour de nombreuses méthodes de choisir la distribution que l'on souhaite utiliser, il n'est donc pas nécessaire de toujours se limiter à la distribution normale. Par exemple, dans les modèles de régression généralisés (GLM), on pourrait indiquer que notre variable indépendante suit une distribution de *Student* plutôt que de vouloir à tout prix la rendre normale. De même, certains tests non-paramétriques permettent d'analyser des variables ne suivant pas une distribution normale.

Démarche à suivre avant et après la transformation

- *La transformation est-elle nécessaire ?* Ne transformez jamais une variable sans avoir analyser rigoureusement sa forme (histogramme avec courbe normale, *skewness* et *kurtosis*, tests de normalité).

- *D'autres options à la transformation d'une variable dépendante (VD) sont-elles envisageables ?* Identifiez la forme de la distribution de la VD et utilisez au besoin un modèle GLM adapté à cette distribution. Autrement dit, ne transformez pas automatiquement votre VD pour simplement pouvoir l'introduire dans une régression linéaire multiple.
- *La transformation a-t-elle un apport significatif ?* Premièrement, vérifiez si la transformation utilisée (logarithme, racine carrée, inverse, etc.) améliore la normalité de la variable. Ce n'est toujours le cas, pourquoi c'est pire ! Prenez soin de comparer les histogrammes, les valeurs de *skewness*, *kurtosis* et des différents tests de normalité avant et après la transformation. Deuxièmement, comparez les résultats de vos analyses statistiques sans et avec transformation, et ce, dans une démarche coût-avantage. Vos résultats sont-ils bien plus robustes ? Par exemple, un R^2 qui passe de 0,597 à 0,602 avant et après la transformation des variables avec des associations significatives similaires, mais plus difficiles à interpréter (du fait des transformations), n'est pas forcément un gain significatif. La modélisation en sciences sociales ne vise pas à prédire la trajectoire d'un satellite ou l'atterrissement d'un engin sur Mars ! La précision à la quatrième décimale n'est pas une condition ! Par conséquent, un modèle un peu moins robuste, mais plus facile à interpréter est parfois préférable.

2.5.5.2 Autres types de transformations

Les trois transformations les plus couramment utilisées sont :

- **La côte z** (*z score* en anglais) qui consiste à soustraire à chaque valeur sa moyenne (soit un centrage), puis à la diviser par son écart-type (soit une réduction) (eq. (2.29)). Par conséquent, on parle aussi de variable centrée-réduite qui a comme propriétés intéressantes une moyenne égale à 0 et un écart-type égale à 1 (la variance est aussi égale à 1 puisque $1^2 = 1$). Nous verrons que cette transformation est largement utilisée dans les méthodes de classification (chapitre 9) et les méthodes factorielles (chapitre 10).

$$z = \frac{x_i - \mu}{\sigma} \quad (2.29)$$

- **La transformation en rangs** qui consiste simplement à trier une variable en ordre croissant, puis à affecter le rang de chaque observation de 1 à n . Cette transformation est très utilisée quand la variable est très anormalement distribuée, notamment pour calculer le coefficient de corrélation de Spearman (section 4.1.3.3) et certains tests non-paramétriques (sections 4.3.2 et 4.4.2).
- **La transformation sur une échelle de 0 à 1** (ou de 0 à 100) qui consiste à soustraire à chaque observation la valeur minimale et à diviser le tout par l'étendue (eq. (2.30)).

$$X_{\in[0-1]} = \frac{x_i - \min}{\max - \min} \text{ ou } X_{\in[0-100]} = \frac{x_i - \min}{\max - \min} \times 100 \quad (2.30)$$

Pour un *dataframe* nommé df comprenant une variable x , la syntaxe ci-dessous illustre comment obtenir quatre transformations (côte z , rangs, 0 à 1 et 0 à 100).

TAB. 2.9 : Illustration des trois transformations

Observation	x_i	Côte z	Rang	0 à 1
1	22,00	-1,45	1	0,00
2	27,00	-0,65	3	0,28
3	25,00	-0,97	2	0,17
4	30,00	-0,16	4	0,44
5	37,00	0,97	7	0,83
6	32,00	0,16	5	0,56
7	35,00	0,65	6	0,72
8	40,00	1,45	8	1,00
Moyenne	31,00	0,00		
Écart-type	6,19	1,00		

```
df2 <- data.frame(x = c(22,27,25,30,37,32,35,40))

# Transformation centrée-réduite : côte Z
df2$zx <- (df2$x-mean(df2$x))/sd(df2$x)

# Transformation en rangs avec la fonction rank
df2$rz <- rank(df2$x)

# Transformation en rangs de 0 à 1
df2$x01 <- (df2$x-min(df2$x))/(max(df2$x)-min(df2$x))

# Transformation en rangs de 0 à 100
df2$x0100 <- (df2$x-min(df2$x))/(max(df2$x)-min(df2$x))*100
```



Ces trois transformations sont parfois utilisées pour générer un indice composite à partir de plusieurs variables ou encore dans une analyse de sensibilité avec les indices de Sobol (1993).

2.5.6 Mise en œuvre dans R

Il existe une multitude de *packages* dédiés au calcul des statistiques descriptives univariées. Par parcimonie, nous en utiliserons uniquement trois : DescTools, nortest et stats. Libre à vous de faire vos recherches sur Internet pour utiliser d'autres *packages* au besoin. Les principales fonctions que nous utilisons ici sont :

- **summary** : pour obtenir un résumé sommaire des statistiques descriptives (minimum, Q1, Q2 Q3, Maximum)
- **mean** : moyenne
- **min** : minimum
- **max** : maximum
- **range** : minimum et maximum
- **quantile** : quartiles
- **quantile((x, probs = seq(.0, 1, by = .2)))** : quintiles
- **quantile((x, probs = seq(.0, 1, by = .1)))** : déciles
- **var** : variance

- `sd` : écart-type
- `Skew` du package `DescTools` : coefficient d'asymétrie
- `Kurt` du package `DescTools` : coefficient d'aplatissement
- `ks.test(x, "pnorm", mean=mean(x), sd=sd(x))` du package `nortest` : test de Kolmogorov-Smirnov
- `shapiro.test` du package `DescTools` : test de Shapiro-Wilk
- `lillie.test` du package `DescTools` : du package `nortest` : test de Lilliefors
- `ad.test` du package `DescTools` : test d'Anderson-Darling
- `JarqueBeraTest` du package `DescTools` : test de Jarque-Bera

2.5.6.1 Application à une seule variable

Admettons que vous voulez obtenir des statistiques pour une seule variable présente dans un *dataframe* (`dataMTL$PctFRev`) :

```
library(DescTools)
library(stats)
library(nortest)

# Importation du fichier csv dans un dataframe
dataMTL <- read.csv("data/univariee/DataSR2016.csv")
# Tableau sommaire pour la variable PctFRev
summary(dataMTL$PctFRev)
```

```
##      Min. 1st Qu. Median   Mean 3rd Qu.   Max.
## 1.846 11.242 15.471 16.822 20.229 68.927
```

```
# PARAMÈTRES DE TENDANCE CENTRALE
mean(dataMTL$PctFRev)    # Moyenne
```

```
## [1] 16.82247
```

```
median(dataMTL$PctFRev)    # Médiane
```

```
## [1] 15.471
```

```
# PARAMÈTRES DE POSITION
# Quartiles
quantile(dataMTL$PctFRev)
```

```
##      0%     25%     50%     75%    100%
## 1.8460 11.2420 15.4710 20.2285 68.9270
```

```
# Quintiles
quantile(dataMTL$PctFRev, probs = seq(.0, 1, by = .2))
```

```
##      0%     20%     40%     60%     80%    100%
## 1.846 10.294 13.626 16.918 21.756 68.927
```

```
# Déciles
quantile(dataMTL$PctFRev, probs = seq(.0, 1, by = .1))
```

```
##      0%     10%    20%    30%    40%    50%    60%    70%    80%    90%   100%
## 1.846  8.402 10.294 12.172 13.626 15.471 16.918 18.868 21.756 26.854 68.927
```

```
# Percentiles personnalisés avec apply
quantile(dataMTL$PctFRev, probs = c(0.01,.05,0.10,.25,.50,.75,.90,.95,.99))
```

```
##      1%      5%     10%     25%     50%     75%     90%     95%     99%
## 5.2290  7.1470  8.4020 11.2420 15.4710 20.2285 26.8540 31.7530 45.6010
```

```
# PARAMÈTRES DE DISPERSION
range(dataMTL$PctFRev) # Min et Max
```

```
## [1] 1.846 68.927
```

```
# Étendue
max(dataMTL$PctFRev)-min(dataMTL$PctFRev)
```

```
## [1] 67.081
```

```
# Écart interquartile
quantile(dataMTL$PctFRev)[4]-quantile(dataMTL$PctFRev)[2]
```

```
##      75%
## 8.9865
```

```
var(dataMTL$PctFRev) # Variance
```

```
## [1] 66.62482
```

```
sd(dataMTL$PctFRev) # Écart-type
```

```
## [1] 8.162403
```

```
sd(dataMTL$PctFRev) / mean(dataMTL$PctFRev) # CV
```

```
## [1] 0.4852083
```

```
# PARAMÈTRES DE FORME
```

```
Skew(dataMTL$PctFRev) # Skewness
```

```
## [1] 1.67367
```

```
Kurt(dataMTL$PctFRev) # Kurtosis
```

```
## [1] 4.858815
```

```
# TESTS D'HYPOTHÈSE SUR LA NORMALITÉ
```

```
# K-Smirnov
```

```
ks.test(dataMTL$PctFRev, "pnorm", mean=mean(dataMTL$PctFRev), sd=sd(dataMTL$PctFRev))
```

```
##
```

```
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
```

```
## data: dataMTL$PctFRev
```

```
## D = 0.10487, p-value = 1.646e-09
```

```
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
shapiro.test(dataMTL$PctFRev)
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dataMTL$PctFRev  
## W = 0.88748, p-value < 2.2e-16
```

```
lillie.test(dataMTL$PctFRev)
```

```
##  
## Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test  
##  
## data: dataMTL$PctFRev  
## D = 0.10487, p-value < 2.2e-16
```

```
ad.test(dataMTL$PctFRev)
```

```
##  
## Anderson-Darling normality test  
##  
## data: dataMTL$PctFRev  
## A = 21.072, p-value < 2.2e-16
```

```
JarqueBeraTest(dataMTL$PctFRev)
```

```
##  
## Robust Jarque Bera Test  
##  
## data: dataMTL$PctFRev  
## X-squared = 2173.1, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

Pour construire un histogramme avec la courbe normale, vous pourrez consulter la section 3.2.1.3 ou la syntaxe ci-dessous.

```
moyenne <- mean(dataMTL$PctFRev)  
ecart_type <- sd(dataMTL$PctFRev)  
  
ggplot(data = dataMTL) +  
  geom_histogram(aes(x = PctFRev, y = ..density..),  
    bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +  
  labs(y = "densité") +  
  stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = moyenne, sd = ecart_type),  
    color = "#e63946", size = 1.2, linetype = "dashed")
```

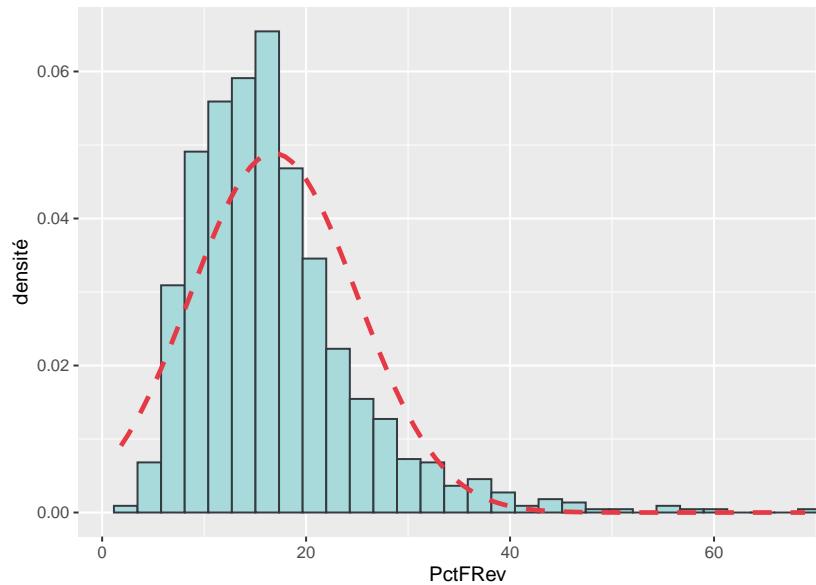


FIG. 2.35 : Histogramme avec courbe normale

2.5.6.2 Application à plusieurs variables

Pour obtenir des sorties de statistiques descriptives pour plusieurs variables, nous vous conseillons :

- de créer un vecteur avec les noms de variables (*VarsSelect* dans la syntaxe ci-dessous)
- d'utiliser ensuite les fonctions *sapply* et *apply*.

```
# Noms des variables du dataframe
names(dataMTL)

## [1] "CTNAME"                 "PopTotal"                "HabKm2"
## [4] "PctFRev"                 "TxChomage"               "PctImmigrant"
## [7] "PctImgRecent"            "PctMenage1pers"          "PctFamilleMono"
## [10] "PctLangueMaternelleFR"  "PctLangueMaternelleAN"  "PctLangueMaternelleAU"
```

```
# Vecteur pour trois variables
VarsSelect <- c("HabKm2", "TxChomage", "PctFRev")

# Tableau sommaire pour les 3 variables
summary(dataMTL[VarsSelect])
```

```
##      HabKm2        TxChomage        PctFRev
##  Min.   : 18   Min.   : 1.942   Min.   : 1.846
##  1st Qu.: 1980  1st Qu.: 5.482   1st Qu.:11.242
##  Median : 3773  Median : 7.130   Median :15.471
##  Mean   : 5513  Mean   : 7.743   Mean   :16.822
##  3rd Qu.: 7916  3rd Qu.: 9.391   3rd Qu.:20.229
##  Max.   :50282  Max.   :26.882   Max.   :68.927
```

```
# PARAMÈTRES DE TENDANCE CENTRALE
sapply(dataMTL[VarsSelect], mean) # Moyenne
```

```
##      HabKm2   TxChomage     PctFRev
## 5512.830705    7.743329  16.822470
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], median) # Médiane
```

```
##      HabKm2   TxChomage     PctFRev
## 3773.000    7.130        15.471
```

```
# PARAMÈTRES DE POSITION
# Quartiles
sapply(dataMTL[VarsSelect], quantile)
```

```
##      HabKm2   TxChomage     PctFRev
## 0%       18.0     1.9420  1.8460
## 25%     1980.5     5.4825 11.2420
## 50%     3773.0     7.1300 15.4710
## 75%     7915.5     9.3910 20.2285
## 100%    50282.0    26.8820 68.9270
```

```
# Quintiles
apply(dataMTL[VarsSelect], 2, function(x) quantile(x, probs = seq(.0, 1, by = .2)))
```

```
##      HabKm2   TxChomage     PctFRev
## 0%       18     1.942    1.846
## 20%     1525    5.116   10.294
## 40%     2953    6.422   13.626
## 60%     4971    7.973   16.918
## 80%     9509   10.000   21.756
## 100%    50282   26.882   68.927
```

```
# Déciles
apply(dataMTL[VarsSelect], 2, function(x) quantile(x, probs = seq(.0, 1, by = .1)))
```

```
##      HabKm2 TxChomage PctFRev
## 0%       18     1.942   1.846
## 10%      455     4.369   8.402
## 20%     1525     5.116  10.294
## 30%     2298     5.780  12.172
## 40%     2953     6.422  13.626
## 50%     3773     7.130  15.471
## 60%     4971     7.973  16.918
## 70%     6918     8.909  18.868
## 80%     9509    10.000  21.756
## 90%    13055    11.749  26.854
## 100%   50282    26.882  68.927
```

```
# Percentiles personnalés avec apply
apply(dataMTL[VarsSelect], 2,
      function(x) quantile(x, probs = c(0.01,.05,0.10,.25,.50,.75,.90,.95,.99)))
```

```
##      HabKm2 TxChomage PctFRev
## 1%      58.5     2.9665  5.2290
## 5%     178.0     3.8980  7.1470
## 10%     455.0     4.3690  8.4020
## 25%    1980.5     5.4825 11.2420
## 50%    3773.0     7.1300 15.4710
## 75%    7915.5     9.3910 20.2285
## 90%   13055.0    11.7490 26.8540
## 95%   15355.0    13.8400 31.7530
## 99%   18578.5    17.1920 45.6010
```

```
# PARAMÈTRES DE DISPERSION
sapply(dataMTL[VarsSelect], range) # Min et Max
```

```
##      HabKm2 TxChomage PctFRev
## [1,]     18     1.942   1.846
## [2,]   50282    26.882  68.927
```

```
# Étendue
sapply(dataMTL[VarsSelect], max) - sapply(dataMTL[VarsSelect], min)
```

```
##      HabKm2 TxChomage PctFRev
## 50264.000    24.940    67.081
```

```
# Écart interquartile
sapply(dataMTL[VarsSelect], quantile)[4,] - sapply(dataMTL[VarsSelect], quantile)[2,]
```

```
##      HabKm2 TxChomage   PctFRev
## 5935.0000     3.9085    8.9865
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], var)      # Variance
```

```
##      HabKm2      TxChomage      PctFRev
## 2.633462e+07 9.880932e+00 6.662482e+01
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], sd)      # Écart-type
```

```
##      HabKm2      TxChomage      PctFRev
## 5131.726785    3.143395    8.162403
```

```
# Coefficient de variation
sapply(dataMTL[VarsSelect], sd) / sapply(dataMTL[VarsSelect], mean)
```

```
##      HabKm2      TxChomage      PctFRev
## 0.9308696  0.4059488  0.4852083
```

```
# PARAMÈTRES DE FORME
sapply(dataMTL[VarsSelect], Skew)      # Skewness
```

```
##      HabKm2      TxChomage      PctFRev
## 1.967468  1.280216  1.673670
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], Kurt)      # Kurtosis
```

```
##      HabKm2      TxChomage      PctFRev
## 8.546403  2.892443  4.858815
```

```
# TESTS D'HYPOTHÈSE POUR LA NORMALITÉ
# K-Smirnov
apply(dataMTL[VarsSelect], 2, function(x) ks.test(x, "pnorm", mean=mean(x), sd=sd(x)))
```

```
## $HabKm2
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: x
## D = 0.14899, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: two-sided
##
## $TxChomage
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: x
## D = 0.080183, p-value = 9.778e-06
## alternative hypothesis: two-sided
##
## $PctFRev
##
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data: x
## D = 0.10487, p-value = 1.646e-09
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], shapiro.test)      # Shapiro-Wilk
```

```
##          HabKm2              TxChomage
## statistic 0.8385086          0.9235146
## p.value   5.648795e-30        1.451222e-21
## method    "Shapiro-Wilk normality test" "Shapiro-Wilk normality test"
## data.name "X[[i]]"           "X[[i]]"
##          PctFRev
## statistic 0.8874803
## p.value   1.00278e-25
## method    "Shapiro-Wilk normality test"
## data.name "X[[i]]"
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], lillie.test)      # Lilliefors

##          HabKm2
## statistic 0.148988
## p.value   5.689619e-58
## method    "Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test"
## data.name "X[[i]]"
##          TxChomage
## statistic 0.0801829
## p.value   7.758887e-16
## method    "Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test"
## data.name "X[[i]]"
##          PctFRev
## statistic 0.1048704
## p.value   7.43257e-28
## method    "Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test"
## data.name "X[[i]]"
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], ad.test)           # Anderson-Darling

##          HabKm2                  TxChomage
## statistic 36.40276              14.9237
## p.value   3.7e-24                3.7e-24
## method    "Anderson-Darling normality test" "Anderson-Darling normality test"
## data.name "X[[i]]"                "X[[i]]"
##          PctFRev
## statistic 21.07194
## p.value   3.7e-24
## method    "Anderson-Darling normality test"
## data.name "X[[i]]"
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], JarqueBeraTest)     # Jarque-Bera

##          HabKm2                  TxChomage
## statistic 4270.113               639.2741
## parameter 2                      2
## p.value   0                       0
## method    "Robust Jarque Bera Test" "Robust Jarque Bera Test"
## data.name "X[[i]]"                "X[[i]]"
##          PctFRev
## statistic 2173.082
## parameter 2
## p.value   0
## method    "Robust Jarque Bera Test"
## data.name "X[[i]]"
```

2.5.6.3 Transformer une variable dans R

La syntaxe ci-dessous illustre trois exemples de transformation (logarithme, racine carrée et inverse de la variable). Rappelez-vous qu'il faut comparer les valeurs de forme (*skewness* et *kurtosis*) et de forme (tests de Shapiro-Wilk) avant et après les transformations pour identifier celle qui est la plus efficace.

```
library(ggpubr)

# Importation du fichier csv dans un dataframe
dataMTL <- read.csv("data/univariee/DataSR2016.csv")

# Noms des variables du dataframe
names(dataMTL)
```

```
## [1] "CTNAME"          "PopTotal"        "HabKm2"
## [4] "PctFRev"         "TxChomage"       "PctImmigrant"
## [7] "PctImgRecent"    "PctMenage1pers"  "PctFamilleMono"
## [10] "PctLangueMaternelleFR" "PctLangueMaternelleAN" "PctLangueMaternelleAU"
```

```
# Transformations
dataMTL$HabKm2_log <- log10(dataMTL$HabKm2)
dataMTL$HabKm2_sqrt <- sqrt(dataMTL$HabKm2)
dataMTL$HabKm2_inv <- 1/dataMTL$HabKm2

# Vecteur pour la variable et les trois transformations
VarsSelect <- c("HabKm2", "HabKm2_log", "HabKm2_sqrt", "HabKm2_inv")

# paramètres de forme
sapply(dataMTL[VarsSelect], Skew)      # Skewness
```

```
##      HabKm2  HabKm2_log  HabKm2_sqrt  HabKm2_inv
## 1.9674683 -1.2071326   0.4179037   8.2536901
```

```
sapply(dataMTL[VarsSelect], Kurt)      # Kurtosis
```

```
##      HabKm2  HabKm2_log  HabKm2_sqrt  HabKm2_inv
## 8.54640302 1.55670769  0.04563433 82.85604898
```

```
# TESTS D'HYPOTHÈSE SUR LA NORMALITÉ
sapply(dataMTL[VarsSelect], shapiro.test)
```

```

##             HabKm2                  HabKm2_log
## statistic 0.8385086                0.9113234
## p.value   5.648795e-30              4.11156e-23
## method    "Shapiro-Wilk normality test" "Shapiro-Wilk normality test"
## data.name "X[[i]]"                  "X[[i]]"
##             HabKm2_sqrt               HabKm2_inv
## statistic 0.9771699                0.2530266
## p.value   4.638049e-11              8.324983e-52
## method    "Shapiro-Wilk normality test" "Shapiro-Wilk normality test"
## data.name "X[[i]]"                  "X[[i]]"

```

```

# Histogrammes avec courbe normale
Graph1 <- ggplot(data = dataMTL) +
  geom_histogram(aes(x = HabKm2, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  labs(x="Habitants au km2", y = "densité")+
  stat_function(fun = dnorm,
                args = list(mean = mean(dataMTL$HabKm2),
                            sd = sd(dataMTL$HabKm2)),
                color = "#e63946", size = 1.2)

Graph2 <- ggplot(data = dataMTL) +
  geom_histogram(aes(x = HabKm2_log, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  labs(x="habitants au km2 (logarithme)", y = "densité")+
  stat_function(fun = dnorm,
                args = list(mean = mean(dataMTL$HabKm2_log),
                            sd = sd(dataMTL$HabKm2_log)),
                color = "#e63946", size = 1.2)

Graph3 <- ggplot(data = dataMTL) +
  geom_histogram(aes(x = HabKm2_sqrt, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  labs(x="habitants au km2 (racine carrée)", y = "densité")+
  stat_function(fun = dnorm,
                args = list(mean = mean(dataMTL$HabKm2_sqrt),
                            sd = sd(dataMTL$HabKm2_sqrt)),
                color = "#e63946", size = 1.2)

Graph4 <- ggplot(data = dataMTL) +
  geom_histogram(aes(x = HabKm2_inv, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  labs(x="habitants au km2 (inverse)", y = "densité")+
  stat_function(fun = dnorm,
                args = list(mean = mean(dataMTL$HabKm2_inv), sd = sd(dataMTL$HabKm2_inv)),
                color = "#e63946", size = 1.2)

ggarrange(plotlist = list(Graph1, Graph2, Graph3, Graph4), ncol = 2, nrow=2)

```

La variable *HabKm2* est asymétrique positive et leptokurtique. Tant les valeurs des statistiques de forme, du test de Shapiro-Wilk que les histogrammes semblent démontrer que la transformation la plus efficace est la racine carrée. Si la variable originale est asymétrique positive, sa transformation logarithme est par

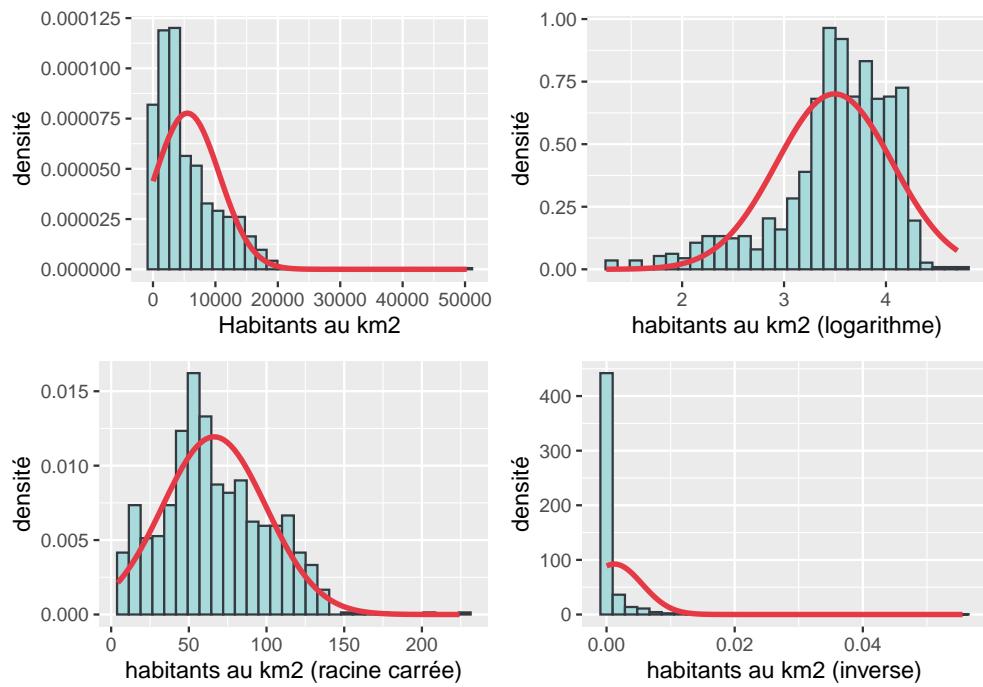


FIG. 2.36 : Histogramme des transformations

contre asymétrique négative. Cela démontre que la transformation logarithmique n'est pas toujours la panacée.

2.6 Statistiques descriptives sur des variables qualitatives et semi-qualitatives

2.6.1 Les fréquences

En guise de rappel, les variables nominales, ordinaires et semi-quantitatives comprennent plusieurs modalités pour lesquelles plusieurs types de fréquences sont généralement calculées. Pour illustrer le tout, nous avons extrait du recensement de 2016 de Statistique Canada les effectifs des modalités de la variable sur le principal mode de transport utilisé pour les déplacements domicile-travail, et ce, pour la subdivision de recensement (MRC) de l'île de Montréal (tableau 2.10). Les différents types de fréquences sont les suivantes :

- les fréquences absolues simples (**FAS**) ou fréquences observées représentent le nombre d'observations pour chacune des modalités. Par exemple, sur 857 540 navetteurs domicile-travail (ligne totale), seulement 30 645 optent pour le vélo, alors que 427 530 conduisent un véhicule motorisé (automobile, camion ou fourgonnette) comme principal mode de transport.
- les fréquences relatives simples (**FRS**) sont les proportions de chaque modalité sur le total ($30645/857540 = 0,036$); leur somme est égale à 1. Elles peuvent bien entendu être exprimées en pourcentage ($30645/857540 \times 100 = 3,57$); leur somme est alors égale à 100%. Par exemple, 3,7% des navetteurs utilisent le vélo comme mode de transport principal.
- les fréquences absolues cumulées (**FAC**) représentent la fréquence observée (FAS) de la modalité auxquelles sont additionnées celles qui la précédent. La valeur de la FAC pour la dernière est donc égale au total.

- À partir des fréquences absolues cumulées (FAC), il est alors possible de calculer les fréquences relatives cumulées (FRC) en proportion ($453930/857540 = 0,529$) et en pourcentage ($453930/857540 \times 100 = 52,93$). Par exemple, plus de la moitié des navetteurs utilisent l'automobile comme mode de transport principal (passager ou conducteur).



Les fréquences cumulées : peu pertinentes pour les variables nominales

Le calcul et l'analyse des fréquences cumulées (absolues et relatives) sont très souvent inutiles pour les variables nominales.

Par exemple, au tableau 2.10, la fréquence cumulée relative (en %) est de 87,43% pour la troisième ligne. Cela signifie que 87,43% des navetteurs se déplacent en véhicule motorisé (conducteur ou passager) ou en transport en commun. Par contre, si la troisième modalité avait été *à pied*, le pourcentage aurait été de 61,02 ($52,93 + 8,09$). Si vous souhaitez calculer les fréquences cumulées sur une variable nominale, assurez-vous que l'ordre des modalités vous convient et de le modifier au besoin. Sinon, abstenez-vous de les calculer !

Les fréquences cumulées : très utiles pour l'analyse pour des variables ordinaires ou semi-quantitatives

Pour des modalités hiérarchisées (variable ordinaire ou semi-quantitative), l'analyse des fréquences cumulées (absolues et relatives) est par contre très intéressante. Par exemple, au tableau 2.11, elle permet de constater rapidement que sur l'île de Montréal, un peu moins du tiers de la population à moins de 25 ans (35,95%) et 83,33% moins de 65 ans.

Différents graphiques peuvent être construits pour illustrer la répartition des observations : les graphiques en barres (verticales et horizontales) avec les fréquences absolues, les diagrammes circulaires ou en anneau pour les fréquences relatives (figure 2.37). Ces graphiques seront présentés plus en détails dans le chapitre suivant.

2.6.2 Mise en œuvre dans R

La syntaxe ci-dessous permet de calculer les différentes fréquences présentées au tableau 2.11. Notez que pour les fréquences cumulées, nous utilisons la fonction `cumsum`.

```
# Vecteur pour les noms des modalités
Modalite <- c("0 à 14 ans",
           "15 à 24 ans",
           "25 à 44 ans",
           "45 à 64 ans",
           "65 à 84 ans",
```

TAB. 2.10 : Les différents types de fréquences sur une variable qualitative ou semi-qualitative

Mode de transport	FAS	FRS	FRS (%)	FAC	FRC	FRC (%)
Véhicule motorisé (conducteur)	427 530	0,499	49,86	427 530	0,499	49,86
Véhicule motorisé (passager)	26 400	0,031	3,08	453 930	0,529	52,93
Transport en commun	295 860	0,345	34,50	749 790	0,874	87,43
À pied	69 410	0,081	8,09	819 200	0,955	95,53
Bicyclette	30 645	0,036	3,57	849 845	0,991	99,10
Autre moyen	7 695	0,009	0,90	857 540	1,000	100,00
Total	857 540	1,000	100,00			

TAB. 2.11 : Les différents types de fréquences sur une variable semi-qualitative

Groupes d'âge	FAS	FRS	FRS (%)	FAC	FRC	FRC (%)
0 à 14 ans	304 470	0,157	15,68	304 470	0,157	15,68
15 à 24 ans	237 555	0,122	12,23	542 025	0,279	27,91
25 à 44 ans	582 150	0,300	29,98	1 124 175	0,579	57,89
45 à 64 ans	494 205	0,254	25,45	1 618 380	0,833	83,33
65 à 84 ans	271 560	0,140	13,98	1 889 940	0,973	97,32
85 ans et plus	52 100	0,027	2,68	1 942 040	1,000	100,00
Total	1 942 040	1,000	100,00			

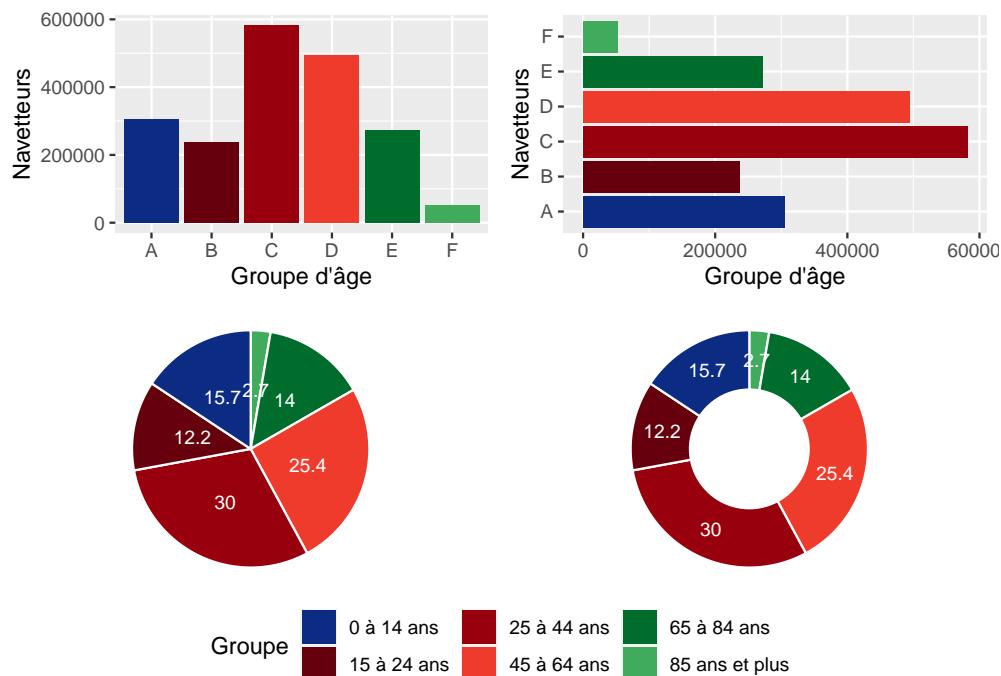


FIG. 2.37 : Différents graphiques pour représenter les fréquences absolues et relatives

```
"85 ans et plus")
# Vecteur pour les fréquences absolues simples (FAS)
Navetteurs <- c(304470, 237555, 582150, 494205, 271560, 52100)
# Somme des FAS
sumFAS <- sum(Navetteurs)
# Construction du dataframe avec les deux vecteurs
df <- data.frame(
  GroupeAge = Modalite,
  FAS = Navetteurs,
  FRS = Navetteurs / sumFAS,
  FRSpct = Navetteurs / sumFAS * 100,
  FAC = cumsum(Navetteurs),
  FRC = cumsum(Navetteurs) / sumFAS,
  FRCpct = cumsum(Navetteurs) / sumFAS * 100
)
df
```

```
##      GroupeAge     FAS      FRS   FRSpct      FAC      FRC   FRCpct
## 1       0 à 14 ans 304 470 0,157 15,68 304 470 0,157 15,68
## 2     15 à 24 ans 237 555 0,122 12,23 542 025 0,279 27,91
## 3   25 à 44 ans 582 150 0,300 29,98 1 124 175 0,579 57,89
## 4 45 à 64 ans 494 205 0,254 25,45 1 618 380 0,833 83,33
## 5 65 à 84 ans 271 560 0,140 13,98 1 889 940 0,973 97,32
## 6 85 ans et plus 52 100 0,027 2,68 1 942 040 1,000 100,00
```

```

## 1    0 à 14 ans 304470 0.15677844 15.677844  304470 0.1567784  15.67784
## 2    15 à 24 ans 237555 0.12232240 12.232240  542025 0.2791008  27.91008
## 3    25 à 44 ans 582150 0.29976211 29.976211 1124175 0.5788629  57.88629
## 4    45 à 64 ans 494205 0.25447725 25.447725 1618380 0.8333402  83.33402
## 5    65 à 84 ans 271560 0.13983234 13.983234 1889940 0.9731725  97.31725
## 6  85 ans et plus 52100 0.02682746 2.682746 1942040 1.0000000 100.00000

```

2.7 Pour aller un peu plus loin : les statistiques descriptives pondérées

Dans la section 2.5, les différentes statistiques descriptives sur des variables quantitatives – paramètres de tendance centrale, de position, de dispersion et de forme – ont été largement abordées. Il est possible de calculer ces différentes statistiques en tenant compte d'une pondération. La statistique descriptive pondérée la plus connue est certainement la moyenne arithmétique pondérée. Son calcul est très simple; pour chaque observation, deux valeurs sont disponibles :

- x_i , soit la valeur de la variable X pour l'observation i
- w_i , soit la valeur de la pondération pour i .

Prenez soin de comparer les deux équations ci-dessous (à gauche, la moyenne arithmétique; à droite, la moyenne arithmétique pondérée). Vous constaterez rapidement qu'il suffit simplement de multiplier chaque observation par sa pondération (numérateur) et de diviser ce produit par la somme des pondérations (dénominateur; et non par n , soit le nombre d'observations comme pour la moyenne arithmétique non pondérée).

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n} \text{ versus } \bar{m} = \frac{\sum_{i=1}^n w_i x_i}{\sum_{i=1}^n w_i} \quad (2.31)$$

Calcul d'autres statistiques descriptives pondérées

Nous n'allons pas reporter ici les formules des versions pondérées de toutes les statistiques descriptives. Retenez toutefois le principe suivant permettant de les calculer à partir de l'exemple du tableau 2.12. Pour la variable X , dupliquons respectivement 20, 80, 50, 200 fois les observations 1 à 4. Si nous calculons la moyenne arithmétique sur ces valeurs dupliquées, alors cette valeur sera identique à la celle de la moyenne arithmétique pondérée. Le même principe reposant sur la duplication des valeurs s'applique à l'ensemble des statistiques descriptives.

TAB. 2.12 : Calcul de la moyenne pondérée

Observation	x_i	w_i	$x_i \times w_i$
1	200	20	4 000
2	225	80	18 000
3	275	50	13 750
4	300	200	60 000
Somme	1 000	350	95 750
Moyenne	250		
Moyenne pondérée			274

Dans un article récent, Alvarenga et al. (2018) évaluent l'accessibilité aux aires de jeux dans les parcs de la Communauté métropolitaine de Montréal (CMM). Pour les 881 secteurs de recensement de la CMM, ils ont calculé la distance à l'aire de jeux la plus proche à travers le réseau de rues. Ce résultat, cartographié à la figure 2.38, permet d'avancer le constat suivant : « la quasi-totalité des secteurs de recensement de l'agglomération de Montréal présente des distances de l'aire de jeux la plus proche inférieures à 500 m, alors que les secteurs situés à plus d'un kilomètre d'une aire de jeux sont très majoritairement localisés dans les couronnes nord et sud de la CMM » (De Alvarenga et al., 2018, p. 238).

Pour chaque secteur de recensement, Alvarenga et al. (2018) disposent des données suivantes :

- x_i , soit la distance à l'aire de jeux la plus proche pour le secteur de recensement i et
- w_i , la pondération, soit le nombre d'enfants de moins de dix ans.

Il est alors possible de calculer les statistiques descriptives de la proximité à l'aire de jeux la plus proche en tenant compte du nombre d'enfants résidant dans chaque secteur de recensement (tableau 2.13). Cet exercice permet de conclure que : « [...] globalement, les enfants ont une bonne accessibilité aux aires de jeux sur le territoire de la CMM. [...] Les enfants sont en moyenne à un peu plus de 500 m de l'aire de jeux la plus proche (moyenne = 559 ; médiane = 512). Toutefois, les valeurs percentiles extrêmes signalent que respectivement 10% et 5% des enfants résident à près de 800 m et à plus de 1000 m de l'aire de jeux la plus proche » (2018, p. 236).

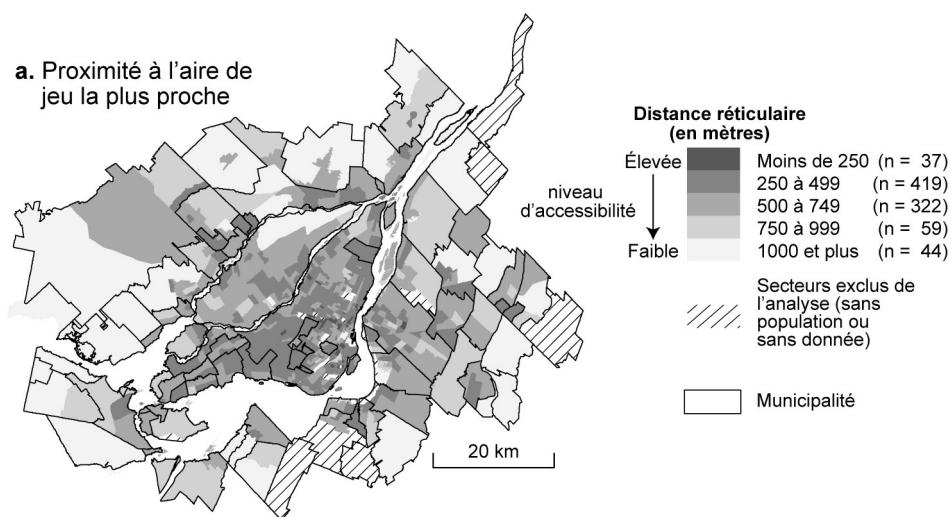


FIG. 2.38 : Accessibilité aux aires de jeux par secteur de recensement, Communauté métropolitaine de Montréal, 2016

De nombreux *packages* sont disponibles pour calculer des statistiques pondérées, dont notamment `Weighted.Desc.Stat` et `Hmisc` utilisés dans la syntaxe ci-dessous.

TAB. 2.13 : Statistiques de l'aire de jeux la plus proche par secteur de recensement pondérées par la population de moins de 10 ans

N	Moyenne	P5	P10	Q1	Médiane	Q3	P90	P95
881	559	282	327	408	512	640	799	1 006

```
library(foreign)
library(Hmisc)
library(Weighted.Desc.Stat)

df <- read.dbf("data/bivariee/SR_AireJeux_PopMoins10.dbf")

head(df, n = 5)
```

```
##      SRNOM PopMoins10 AireJeux
## 1 0659.06      380 600.1921
## 2 0410.02      390 324.4396
## 3 0863.01      325 524.3323
## 4 0734.05      875 574.6682
## 5 0073.00      100 352.9505
```

```
# xi (variable) et wi (pondération)
x <- df$AireJeux
w <- df$PopMoins10

# Calcul des paramètres de position
# Moyenne
Hmisc::wtd.mean(x, w)
```

```
## [1] 559.8026
```

```
Weighted.Desc.Stat::w.mean(x, w)
```

```
## [1] 559.8026
```

```
# Quartiles et percentile
Hmisc::wtd.quantile(x, weights=w, probs=c(.05, .10, .25, .50, .75, .90, .95))
```

```
##           5%        10%       25%       50%       75%       90%       95%
## 281.3623 327.3056 406.0759 511.5880 639.4813 798.6559 1011.5493
```

```
# Paramètres de dispersion avec le package Weighted.Desc.Stat
# Variance, écart-type et coefficient de variation
w.var(x,w)
```

```
## [1] 82818.18
```

```
w.sd(x,w)
```

```
## [1] 287.7815
```

```
w.CV(x,w)
```

```
## [1] 0.5140767
```

```
# Paramètres de forme avec le package Weighted.Desc.Stat  
# Skewness et kurtosis  
w.skewness(x, w)
```

```
## [1] 4.735351
```

```
w.kurtosis(x, w)
```

```
## [1] 41.17146
```


Chapitre 3

La magie des graphiques

Dans ce chapitre, nous découvrirons les incroyables capacités graphiques de R. Pour ce faire, nous couvrirons en profondeur les capacités du *package ggplot2* du **tidyverse**. Il s'agit de loin du meilleur *package* pour réaliser des graphiques selon nous.



Dans cette section, nous utiliserons principalement les packages suivants :

- Pour créer des graphiques :
 - * **ggplot2**, le seul, l'unique
 - * **ggbpubr** pour combiner des graphiques
 - * **ggthemes** thèmes complémentaires pour les graphiques
- Pour les couleurs :
 - * **colorbrewer** pour avoir accès des palettes de couleurs
- Pour les graphiques spéciaux :
 - * **chorddiag** pour construire des graphiques d'accord
 - * **fmsb** pour construire des graphiques ren radar
 - * **treemap** pour construire un graphique *treemap*
 - * **wordcloud2** pour construire un nuage de mots fmsb
- Pour les cartes :
 - * **classInt** pour calculer les intervalles des classes
 - * **ggtern** pour afficher une échelle
 - * **tmap** pour la cartographie
- Autres *packages* :
 - * **dplyr** et **reshape2** pour manipuler des données
 - * **pdfTools** pour extraire les textes des fichiers pdf
 - * **udpipe** pour obtenir des dictionnaires linguistiques
 - * **sf** pour manipuler des *simple feature collection*



Qu'est-ce que la visualisation de données ?

La représentation visuelle de données consiste à transposer des informations en une représentation graphique facilitant la lecture de ces dernières. Il s'agit autant d'un ensemble de méthodes, d'un art que d'un moyen de communication. Voici deux exemples marquants avant de détailler ce propos.

Cette première illustration permet de visualiser le volume de plastique que représente la consommation d'eau en bouteille : 480 milliards de bouteilles vendues en 10 ans ! Ce chiffre astronomique est inimaginable.

En revanche, une montagne de plastique¹ de 2400 mètres surplombant Manhattan marque davantage les esprits.

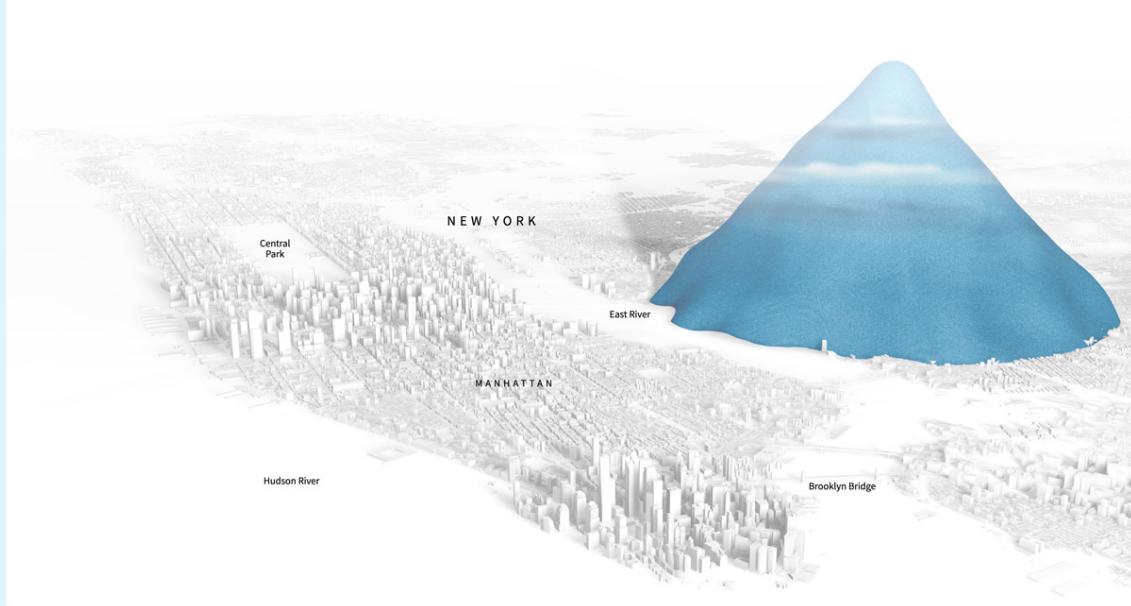


FIG. 3.1 : Noyer dans le plastique selon Reuters Graphics

Ce second graphique² représente quatre informations pour 234 villes à travers le monde :

- la croissance démographique (axe des abscisses)
- la vulnérabilité au changement climatique (axes de ordonnées)
- la taille des villes (taille des cercles)
- le continent sur lequel est localisé chaque ville (couleur des cercles).

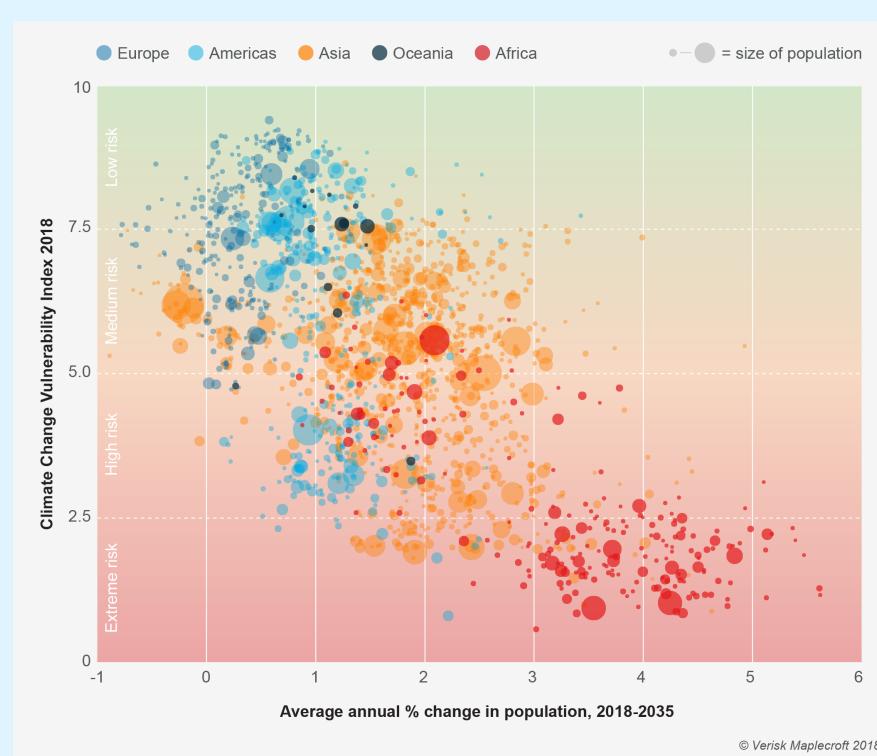


FIG. 3.2 : Changement climatique et vulnérabilité par Verisk Maplecroft

Le graphique est à la fois très accrocheur et esthétique. En un coup d’œil, on constate que les villes avec une forte croissance démographique sont aussi les plus vénérables (lecture des deux axes) et qu’elles sont surtout localisées en Afrique et secondairement en Asie (en rouge et orange), quelle que soit leur taille (taille du cercle). À l’inverse, les villes européennes et américaines (en bleu) sont beaucoup moins vulnérables aux changements climatiques et avec une croissance démographique plus faible, qu’elles soient des petites, moyennes ou grandes villes.

Souvent négligée, la visualisation de données est perçue comme un tâche triviale : il s’agit simplement de représenter une donnée sous forme d’un graphique car c’est l’option la plus pratique ou prenant le moins de place. Pourtant, les avantages de la visualisation des données sont limites. Par exemple, la visualisation de données intègre aujourd’hui des supports dynamiques comme des animations, des figures interactives ou des applications web. Offre d’ailleurs des possibilités très intéressantes en la matière avec des *packages* comme **shiny**, **plotly**, ou **leaflet**. Toutefois, nous ne couvrirons pas ici ces méthodes plus récentes en visualisation des données qui devraient faire l’objet d’un autre livre en tant quel tel.

Les principaux avantages de la visualisation des données :

- **Analyse exploratoire des données** (*exploratory data analysis - EDA* en anglais). Visualiser des données est crucial pour détecter des problèmes en tout genre (données manquantes, valeurs extrêmes ou aberrantes, non respect de conditions d’application de tests statistiques, etc.), mais aussi pour repérer de nouvelles associations entre les variables.
- **Communication de vos résultats.** La raison d’être d’un graphique est de délivrer un message clair relatif à un résultat obtenu suite à une analyse rigoureuse de vos données. Si votre graphique n’apporte aucune information claire, il vaut mieux ne pas le présenter, le diffuser. Les représentations ne sont pas neutres. Les couleurs et les formes ont des significations particulières en fonction de la culture et du contexte. Posez-vous donc toujours la question : à quel public est destiné le message ? Évitez de surcharger vos visualisation de données, sinon l’essence du message sera perdu.
- **Aide à la décision.** Une illustration (graphique ou carte) peut être un outil facilitant la prise de décisions.

3.1 Philosophie du `ggplot2`

`ggplot2` fait partie du `tidyverse` et dispose donc d'une logique de fonctionnement particulière. Cette dernière se nomme *The Grammar of Graphics* (les deux G sont d'ailleurs à l'origine du nom `ggplot2`) et a été proposée par Hadley Wickham (le créateur du `tidyverse`!) dans un article intitulé *A layered grammar of graphics* (Wickham, 2010). Nous proposons de synthétiser ici les concepts et principes centraux qui sous-tendent la production de graphiques avec `ggplot2`.

3.1.1 Une grammaire

Hadley Wickham propose une grammaire pour unifier la création de graphiques. L'idée est donc de dépasser les simples dénominations comme un nuage de points, un diagramme en boîte, un graphique en ligne, etc, pour comprendre ce qui relie tous ces graphiques. Ces éléments communs et centraux sont les géométries, les échelles et systèmes de coordonnées, et les annotations (figure 3.3) :

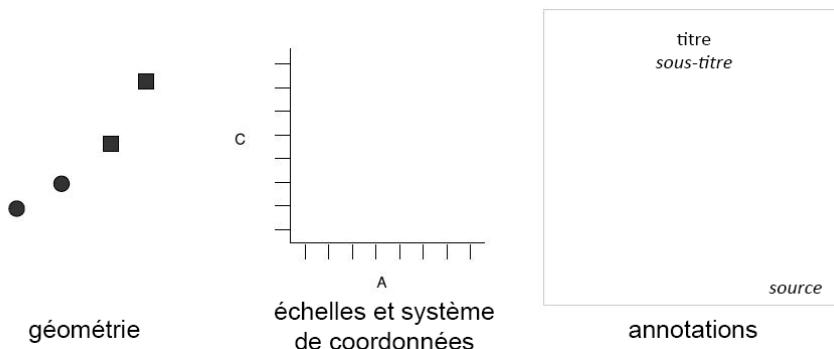


FIG. 3.3 : Trois composantes d'un graphique, adapté de @wickham2010layered

- Les **géométries** sont les formes utilisées pour représenter les données. Il peut s'agir de points, lignes, cercles, rectangles, arcs de cercles, etc.
- Les **échelles et systèmes de coordonnées** permettent de contrôler la localisation des éléments dans un graphique en convertissant les données depuis leur échelle originale (dollars, kilomètres, pourcentages, etc.) vers l'échelle du graphique (pixels).
- Les **annotations** recoupent l'ensemble des informations complémentaires ajoutées au graphique comme son titre et sous-titre, la source des données, la mention sur les droits d'auteurs, etc.

En plus de ces trois éléments, il est bien sûr nécessaire de disposer de **données**. Ces dernières sont assignées à des dimensions du graphique pour être représentées (notamment les axes X et Y et la couleur). Cette étape est appelée **aesthetics mapping** dans `ggplot2`.

Lorsque l'on combine des données, leur assignation à des dimensions, un type de géométries, des échelles et un système de coordonnées, on obtient un **calque** (ou *layer*). Un graphique peut comprendre plusieurs calques comme nous le verrons dans les prochaines sections.

Prendons un premier exemple très simple et construisons un nuage de points à partir du jeu de données *iris* fourni de base dans R. Nous allons représenter la relation qui existe entre la longueur et la largeur des sépals de ces fleurs. Pour commencer, nous devons charger le package `ggplot2` et instancier un graphique avec la fonction `ggplot`.

```

library(ggplot2)
data(iris)
names(iris)

## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width"   "Petal.Length"  "Petal.Width"   "Species"

ggplot()

```

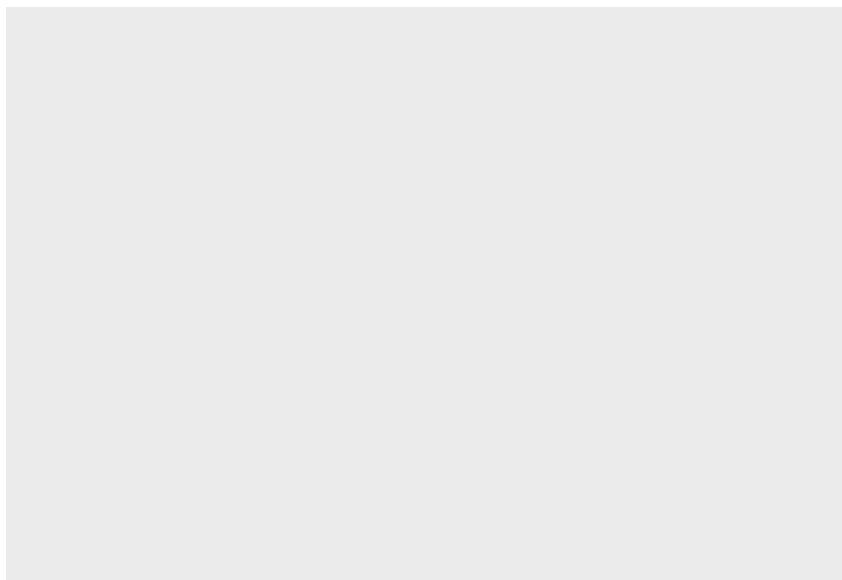


FIG. 3.4 : Base d'un graphique

Pour le moment, le graphique est vide. La seconde étape consiste à lui ajouter des données (au travers du paramètre `data`) et à définir les dimensions à associer aux données (avec le paramètre `mapping` et la fonction `aes()`). Dans notre cas, nous voulons utiliser les coordonnées `X` pour représenter la largeur des sépals, et les coordonnées `Y` pour représenter la longueur des sépals. Enfin, nous souhaitons représenter les observations par des points, nous utiliserons donc la géométrie `geom_point`.

```

ggplot(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  geom_point()

```

Ce graphique ne comprend qu'un seul calque avec une géométrie de type point. Chaque calque est ajouté avec l'opérateur `+` qui permet de superposer des calques, le dernier apparaissant au dessus des autres. Les arguments `mapping` et `data` sont définis ici dans la fonction `ggplot` et sont donc appliqués à tous les calques qui composeraient le graphique. Il est aussi possible de définir `mapping` et `data` au sein des fonctions des géométries :

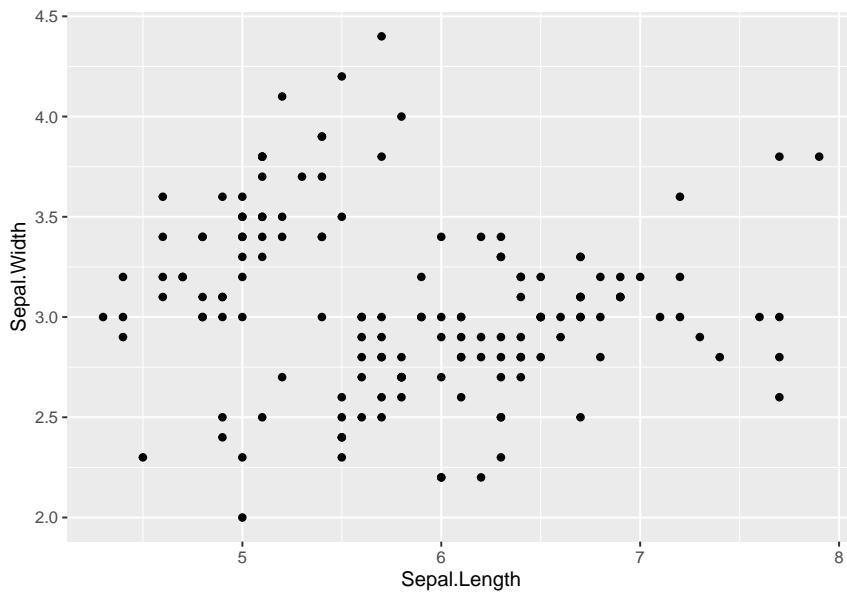


FIG. 3.5 : Ajout des dimensions au graphique

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris)
```

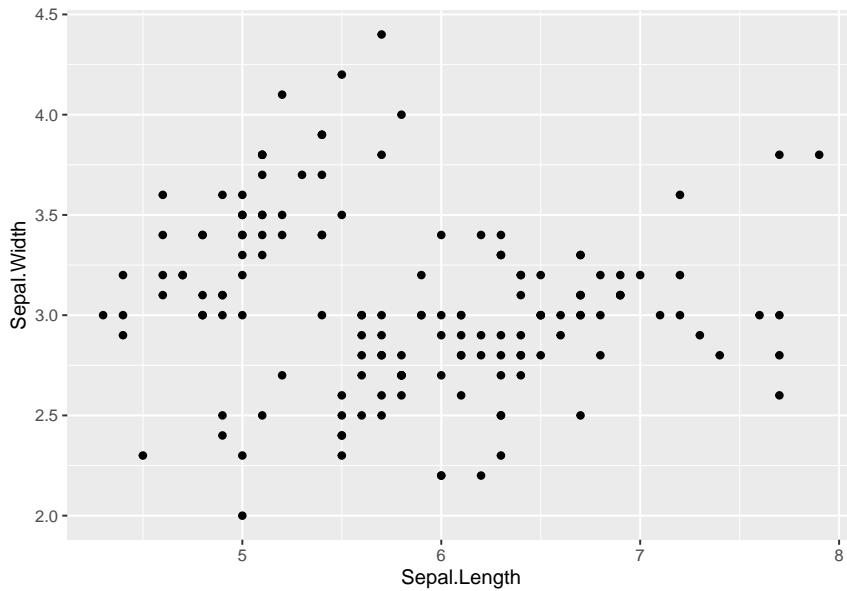


FIG. 3.6 : Autre spécification des arguments mapping et data

La troisième étape consiste à ajouter au graphique ses annotations. Pour notre cas, il faudrait ajouter un titre, un sous-titre, et des intitulés plus clairs pour les axes X et Y, ce qu'il est possible de faire avec la fonction `labs`.

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals")
```

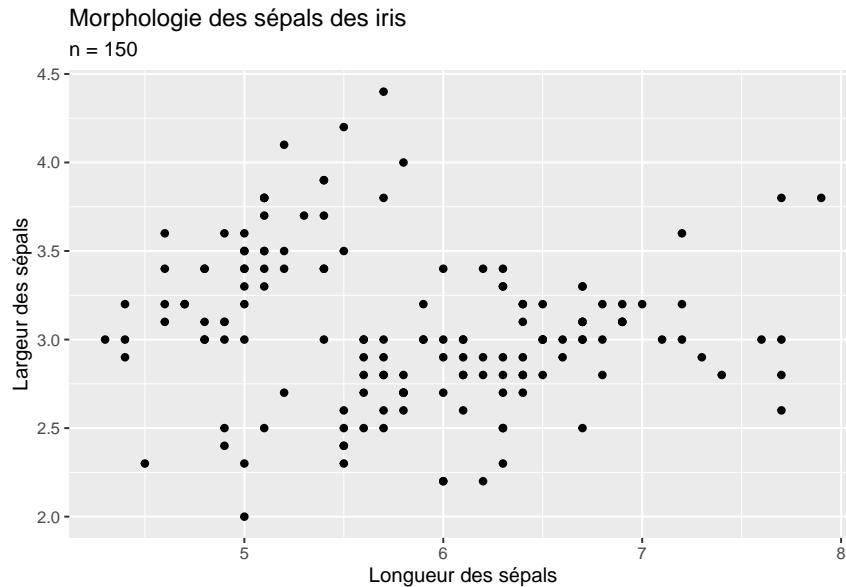


FIG. 3.7 : Ajouter les annotations

3.1.2 Les types de géométries

ggplot2 permet d'utiliser un très grand nombre de géométries différentes. Dans le tableau 3.1, nous avons reporté les principales géométries disponibles afin que vous puissiez vous faire une idée du bestiaire existant. Il ne s'agit que d'un extrait des principales fonctions. Sachez qu'il existe aussi des *packages* proposant des géométries supplémentaires pour compléter ggplot2.

TAB. 3.1 : Principales géométries proposée par ggplot2

Géométrie	Fonction
point	geom_point
ligne	geom_line
chemin	geom_path
boîte à moustache	geom_boxplot
diagramme violon	geom_violin
histogramme	geom_histogram
barre	geom_bar
densité	geom_density
texte	geom_label
barre d'erreur	geom_errorbar
surface	geom_ribbon

3.1.3 L'habillage

Nous avons montré dans le premier exemple comment rajouter le titre, le sous-titre et le nom des axes sur un graphique. Il est également possible de rajouter un texte sous le graphique (généralement la source des données avec l'argument `caption`) et des annotations textuelles (`annotate`). Pour ces dernières, il convient de spécifier leur localisation (cordonnées `x` et `y`) et le texte à intégrer (`label`) ; elles sont ensuite ajoutées au graphique avec l'opérateur `+`. Ajoutons deux annotations pour identifier deux fleurs spécifiques.

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  annotate("text", x = 6.7, y = 2.5, # position de la note
           label = "une virginica", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic") +
  annotate("text", x = 5.7, y = 4.4, # position de la note
           label = "une setosa", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic")
```

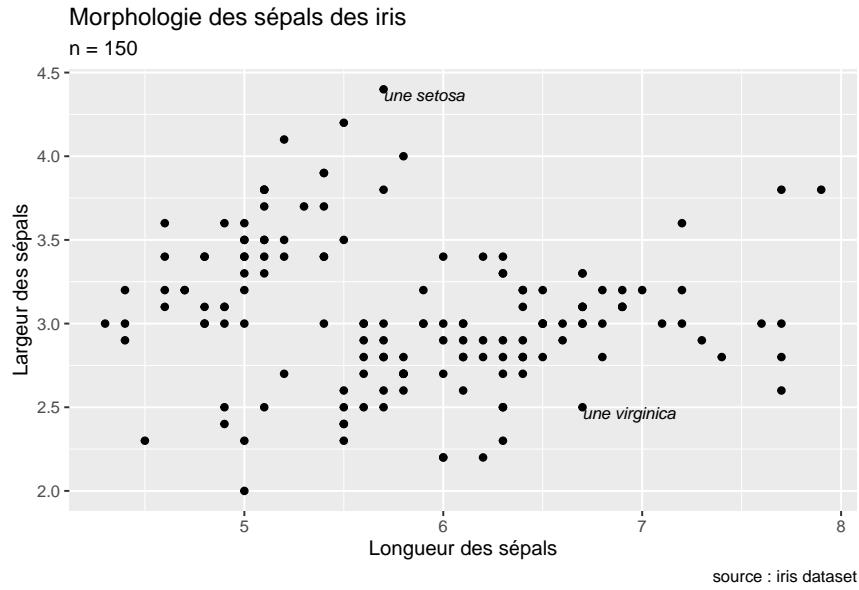


FIG. 3.8 : Ajouter des annotations textuelles

Comme vous pouvez le constater, de nombreux paramètres permettent de contrôler le style des annotations. Pour avoir la liste des arguments disponibles, n'hésitez pas à afficher l'aide de la fonction : `help(annotate)`.

En plus des annotations de type texte, il est possible d'ajouter des annotations de type géométrique. Nous pourrions ainsi délimiter une boîte encadrant les fleurs de l'espèce setosa.

```

setosas <- subset(iris, iris$Species == "setosa")
sepal.length_extent <- c(min(setosas$Sepal.Length),max(setosas$Sepal.Length))
sepal.width_extent <- c(min(setosas$Sepal.Width),max(setosas$Sepal.Width))

ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  annotate("text", x = 6.7, y = 2.5, # position de la note
           label = "une virginica", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic") +
  annotate("text", x = 5.7, y = 4.4, # position de la note
           label = "une setosa", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic") +
  annotate("rect",
           ymin = sepal.width_extent[[1]],
           ymax = sepal.width_extent[[2]],
           xmin = sepal.length_extent[[1]],
           xmax = sepal.length_extent[[2]],
           fill = rgb(0,0,0), # remplissage transparent
           color = "green") # contour de couleur verte

```

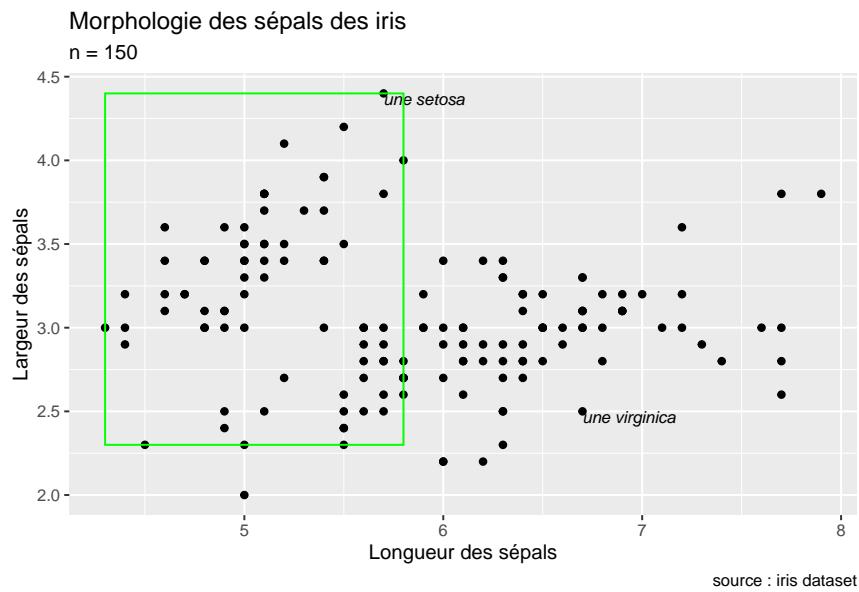


FIG. 3.9 : Ajouter des annotations géométriques

Vous noterez que comme le dernier calque ajouté au graphique est le rectangle, il recouvre tous les calques existant, y compris les précédentes annotations. Pour corriger cela, il suffit de changer l'ordre des calques.

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  annotate("rect",
           ymin = sepal.width_extent[[1]],
           ymax = sepal.width_extent[[2]],
           xmin = sepal.length_extent[[1]],
           xmax = sepal.length_extent[[2]],
           fill = rgb(0,0,0), # remplissage transparent
           color = "green") +
  annotate("text", x = 6.7, y = 2.5, # position de la note
           label = "une virginica", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic") +
  annotate("text", x = 5.7, y = 4.4, # position de la note
           label = "une setosa", # texte de la note
           hjust = "left", vjust = "top", # ajustement
           size = 3, fontface = "italic")
```

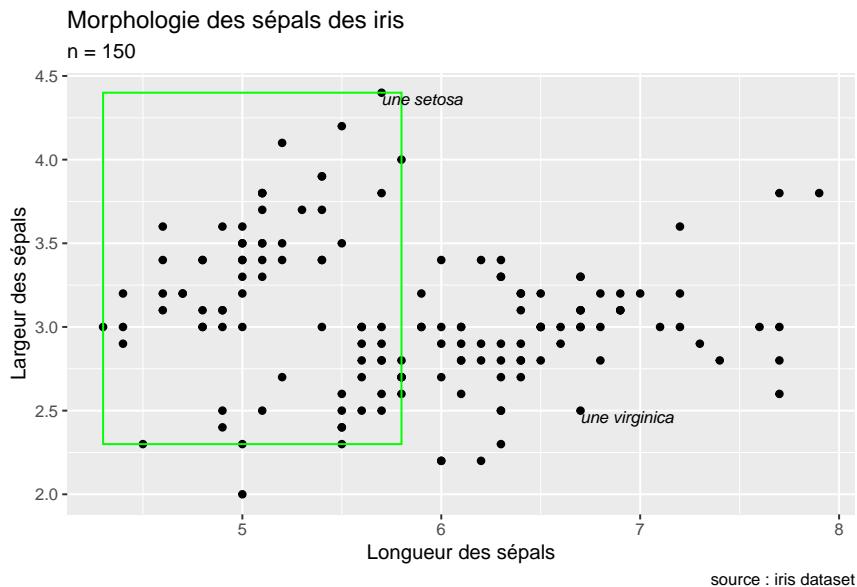


FIG. 3.10 : Gérer l'ordre des annotations

3.1.4 Utiliser des thèmes

De nombreux autres éléments peuvent être modifiés dans un graphique comme les paramètres des polices, l'arrière-plan, la grille de repères, etc. Il peut être fastidieux de paramétrier tous ces éléments. Une alternative intéressante est d'utiliser des thèmes déjà préconstruits. **ggplot2** propose une dizaine de thèmes, constatons leur impact sur le graphique précédent.

- Le thème classique

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_classic()
```

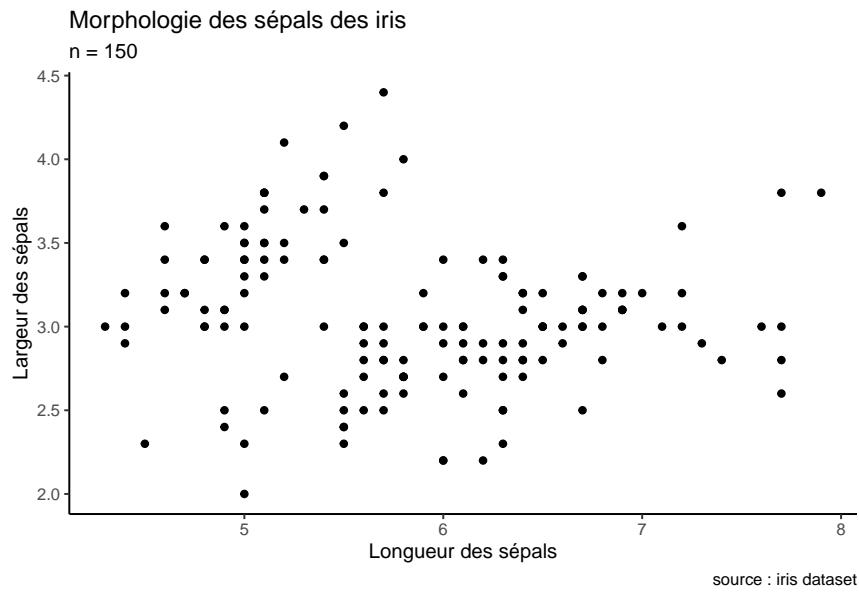


FIG. 3.11 : Thème classique

- Le thème gris

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_gray()
```

- Le thème noir et blanc

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_bw()
```

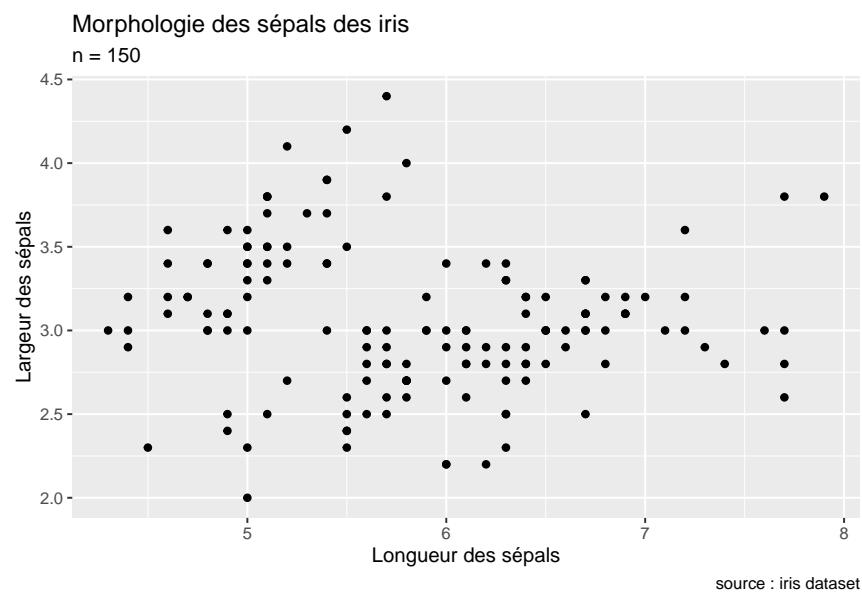


FIG. 3.12 : Thème gris

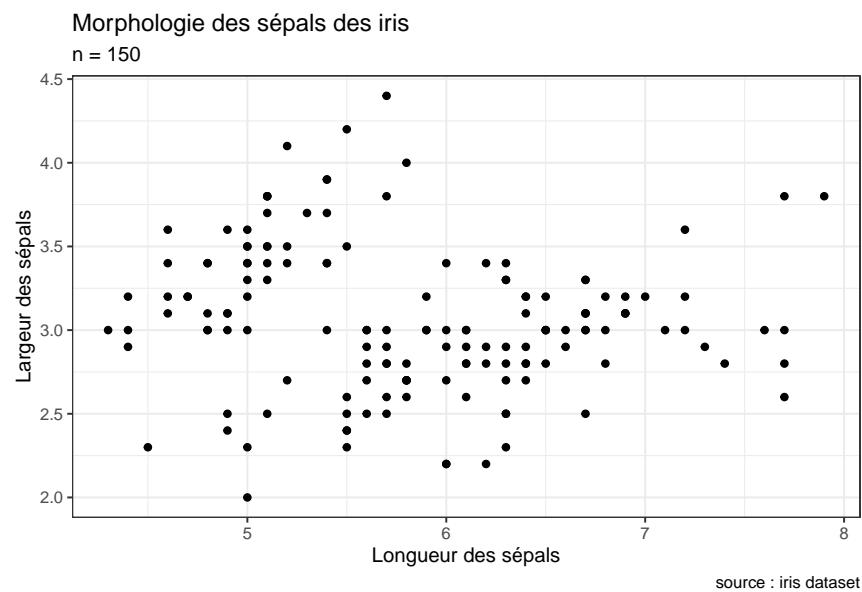


FIG. 3.13 : Thème noir et blanc

- Le thème minimal

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_minimal()
```

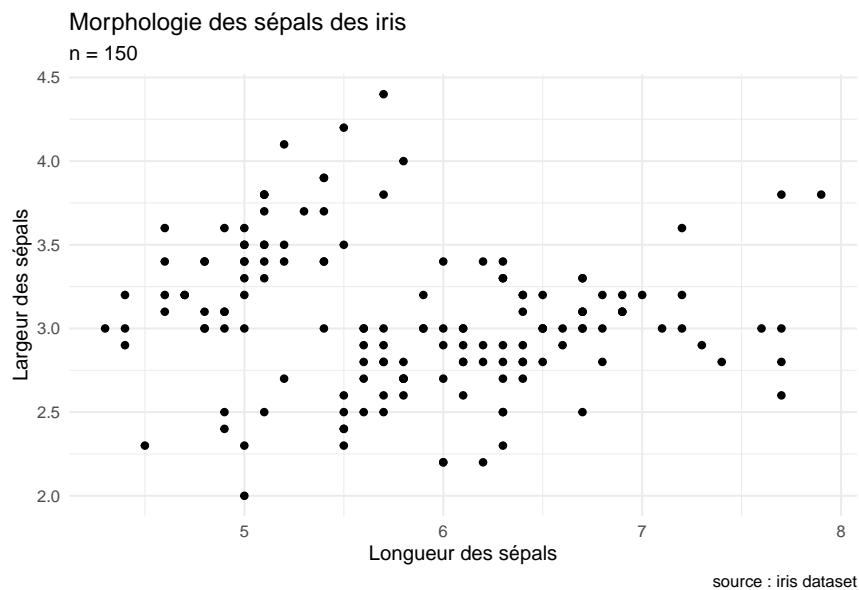


FIG. 3.14 : Thème minimal

Il est aussi possible d'utiliser le package **ggthemes** qui apporte des thèmes complémentaires intéressants dont :

- Le thème tufte (à l'ancienne...)

```
library(ggthemes)
```

```
## Warning: package 'ggthemes' was built under R version 4.0.3
```

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_tufte()
```

- Le thème economist (inspiré de la revue du même nom)

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_economist()
```

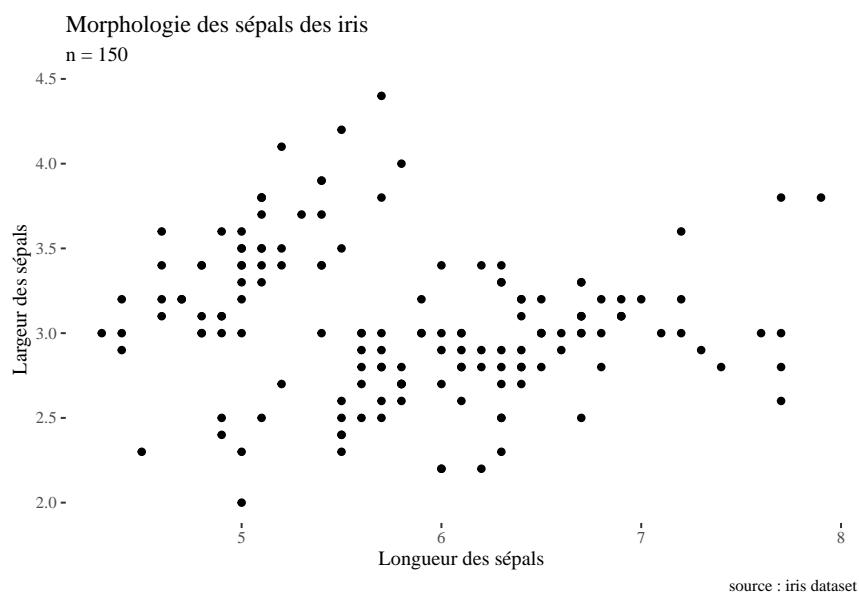


FIG. 3.15 : Thème tufte

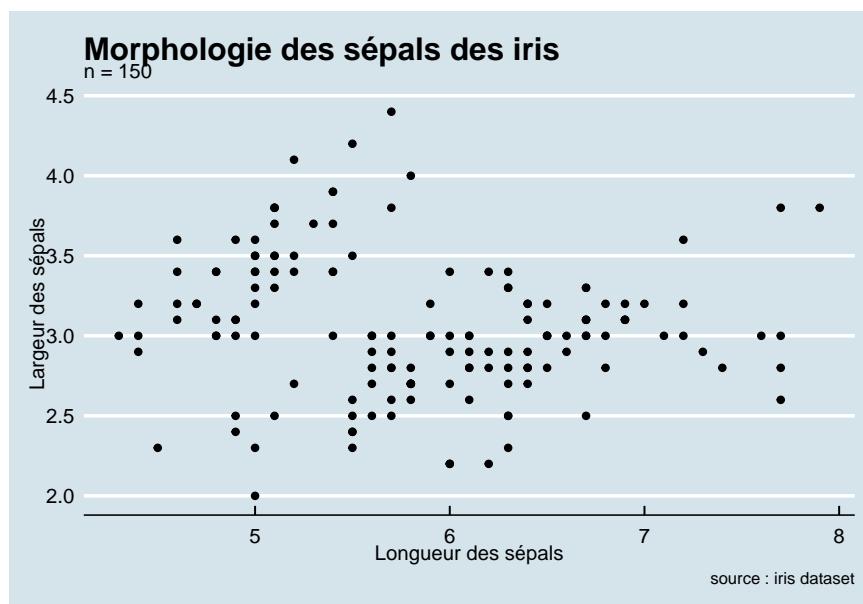


FIG. 3.16 : Thème economist

- Le thème solarized (plus original)

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  theme_solarized()
```

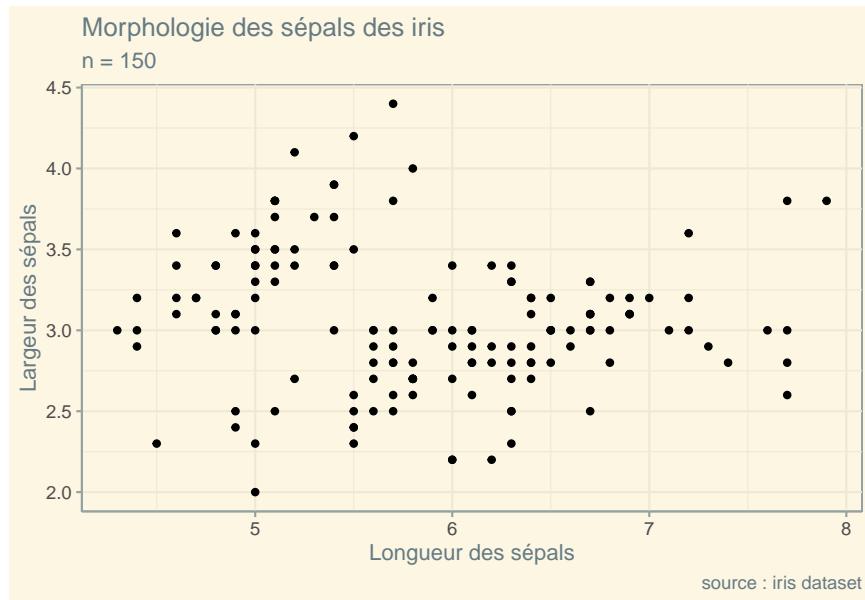


FIG. 3.17 : Thème solarized

Il en existe bien d'autres et vous pouvez composer vos propres thèmes. N'hésitez pas à explorer la documentation de **ggplot2** et **ggthemes** pour en apprendre plus !

3.1.5 Composer une figure avec plusieurs graphiques

Il est très fréquent de vouloir combiner plusieurs graphiques dans une même figure. Deux cas se distinguent :

1. Les données pour les différents graphiques proviennent du même *DataFrame* et peuvent être distinguées selon une variable catégorielle. L'objectif est alors de dupliquer le même graphique, mais pour des sous-groupes de données. Dans ce cas, nous recommandons d'utiliser la fonction `facet_wrap` de **ggplot2**.
2. Les graphiques sont complètement indépendants. Dans ce cas, nous recommandons d'utiliser la fonction `ggarrange` du package **ggpubr**.

3.1.5.1 ggplot2 et ses facettes

Nous pourrions souhaiter réaliser une figure composite avec le jeu de données iris et séparer notre nuage de points en trois graphiques distincts selon les espèces des iris. Pour cela, il faut au préalable convertir la variable espèce en facteur.

```
iris$Species_fac <- as.factor(iris$Species)

ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
```

```
y = "Largeur des sépals",
caption = "source : iris dataset" +
facet_wrap(vars(Species_fac), ncol=2)
```

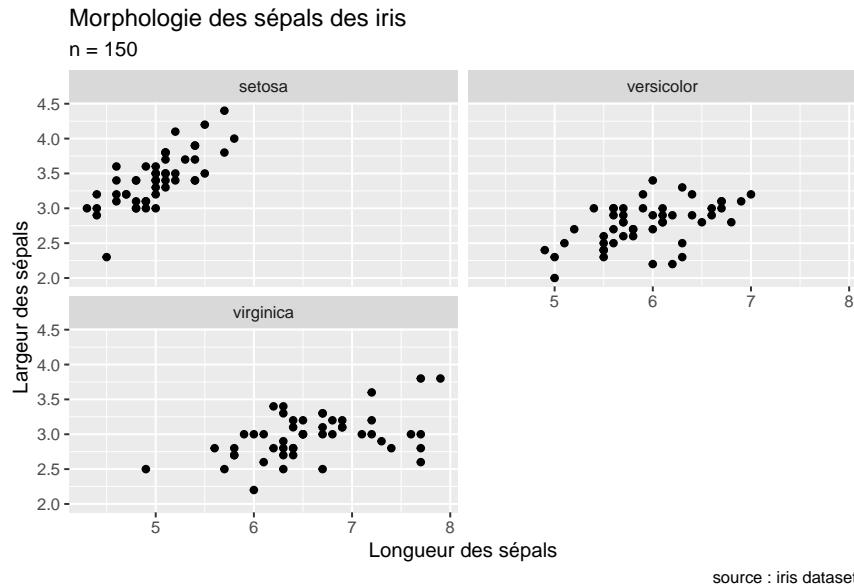


FIG. 3.18 : Graphique à facettes

Notez que le nom de la variable (ici `Species_fac`) doit être spécifié au sein d'une sous-fonction `vars : vars(Species_fac)`. Nous aurions aussi pu réaliser le graphique sur une seule ligne en spécifiant `ncol = 3`.

```
ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris) +
  labs(title = "Morphologie des sépals des iris", subtitle = "n = 150",
       x = "Longueur des sépals",
       y = "Largeur des sépals",
       caption = "source : iris dataset") +
  facet_wrap(vars(Species_fac), ncol=3)
```

3.1.5.2 Arranger des graphiques

La solution avec les facettes est très pratique, mais également très limitée puisqu'elle ne permet pas de créer une figure avec des graphiques combinant plusieurs types de géométries. `ggarrange` du package `ggpubr` permet tout simplement de combiner des graphiques déjà existant. Créons trois nuages de points comparant plusieurs variables en fonction de l'espèce des iris, puis combinons les. Nous allons également attribuer aux points une couleur en fonction de l'espèce des fleurs afin de mieux les distinguer en associant la variable `Species` au paramètre `color`.

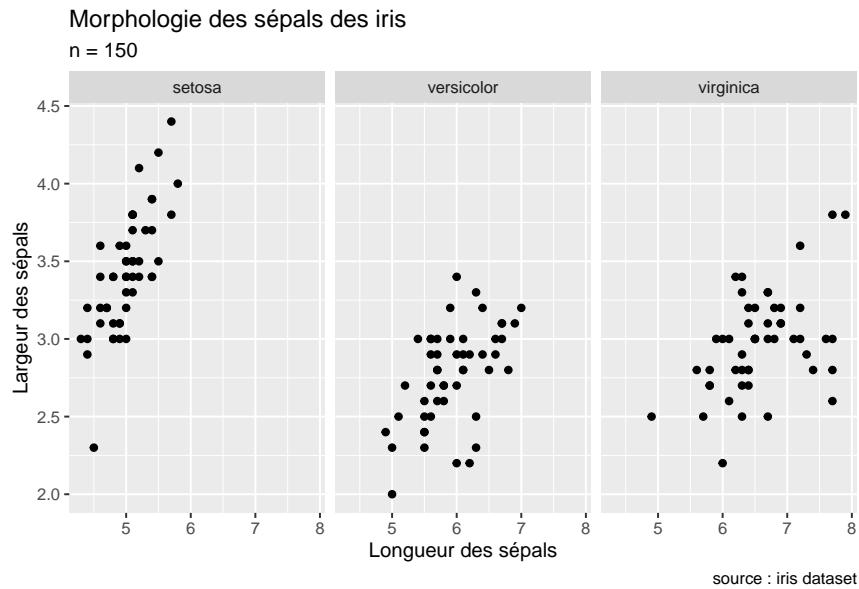


FIG. 3.19 : Graphique à facette en une ligne

```
library(ggpubr)

plot1 <- ggplot(data = iris) +
  geom_point(aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width, color = Species)) +
  labs(subtitle = "Caractéristiques des sépals",
       x = "Longueur",
       y = "Largeur")

plot2 <- ggplot(data = iris) +
  geom_point(aes(x = Petal.Length, y = Petal.Width, color = Species)) +
  labs(subtitle = "Caractéristiques des pétales",
       x = "Longueur",
       y = "Largeur")

liste_plots <- list(plot1, plot2)
comp_plot <- ggarrange(plotlist = liste_plots, ncol = 2, nrow = 1,
                      common.legend = TRUE, legend = "bottom") #gérer la légende

annotate_figure(comp_plot,
               top = text_grob("Morphologie des sépals et pétales chez des iris",
                               face = "bold", size = 12, just = "center"),
               bottom = text_grob("source : iris dataset",
                                  face = "italic", size = 8, just = "left"))

)
```

Vous constaterez que quatre étapes sont nécessaires :

1. Créer les graphiques et les enregistrer dans des objets (ici *plot1* et *plot2*).
2. Encapsuler ces objets dans une liste (ici *liste_plots*).
3. Composer la figure finale avec la fonction *ggarrange*.
4. Ajouter les annotations à la figure composite.

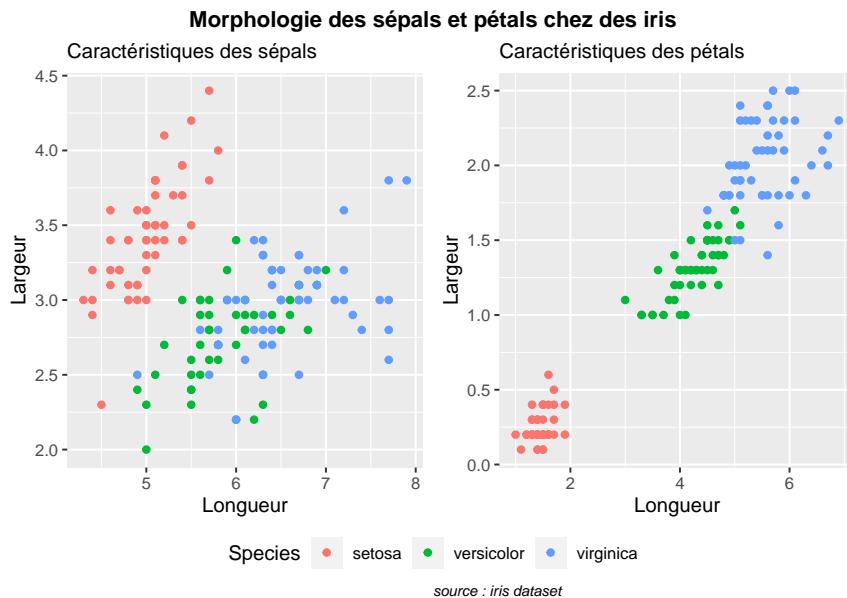


FIG. 3.20 : Figure avec plusieurs graphiques avec ggarrange

L’argument `common.legend` permet d’indiquer à la fonction `ggarrange` de regrouper les légendes des deux graphiques. Dans notre cas, les deux graphiques ont les mêmes légendes, il est donc judicieux de les regrouper. L’argument `legend` contrôle la position de la légende, et peut prendre les valeurs : `top`, `bottom`, `left`, `right` ou `none` (absence de légende). La fonction `annotate_figure` permet d’ajouter des éléments de texte au-dessus, au-dessous et sur les cotés de la figure composite.

3.1.6 La couleur

Dans un graphique, la couleur peut être utilisée à la fois pour représenter une variable quantitative (dégradé de couleur ou discrétisation), ou une variable qualitative (couleur par catégorie). Dans `ggplot2`, il est possible d’attribuer une couleur au contour des géométries avec l’argument `color` et au remplissage avec l’argument `fill`. Il est possible de spécifier une couleur de trois façons dans R :

- En utilisant le nom de la couleur dans une chaîne de caractère : "chartreuse4". R dispose 657 noms de couleurs prédéfinis. Pour tous les afficher, utilisez la fonction `colors()` qui permet de les visualiser (figure 3.21) .
- En indiquant le code hexadécimal de la couleur. Il s’agit d’une suite de six lettres et de chiffres précédée par un dièse : "#99ff33"
- En utilisant une notation RGB (rouge, vert, bleu). Cette notation doit contenir quatre nombres entre 0 et 1 (0% et 100%), le premier indiquant la quantité de rouge, le second de vert, le troisième de bleu, et le quatrième la transparence. Ces quatres nombres sont donnés comme argument à la fonction `rgb` : `rgb(0.6, 1, 0.2, 0)`.

Le choix des couleurs est un problème plus complexe que la manière de les spécifier. Il existe d’ailleurs tout un pan de la sémiologie graphique dédié à la question du choix et de l’association des couleurs.

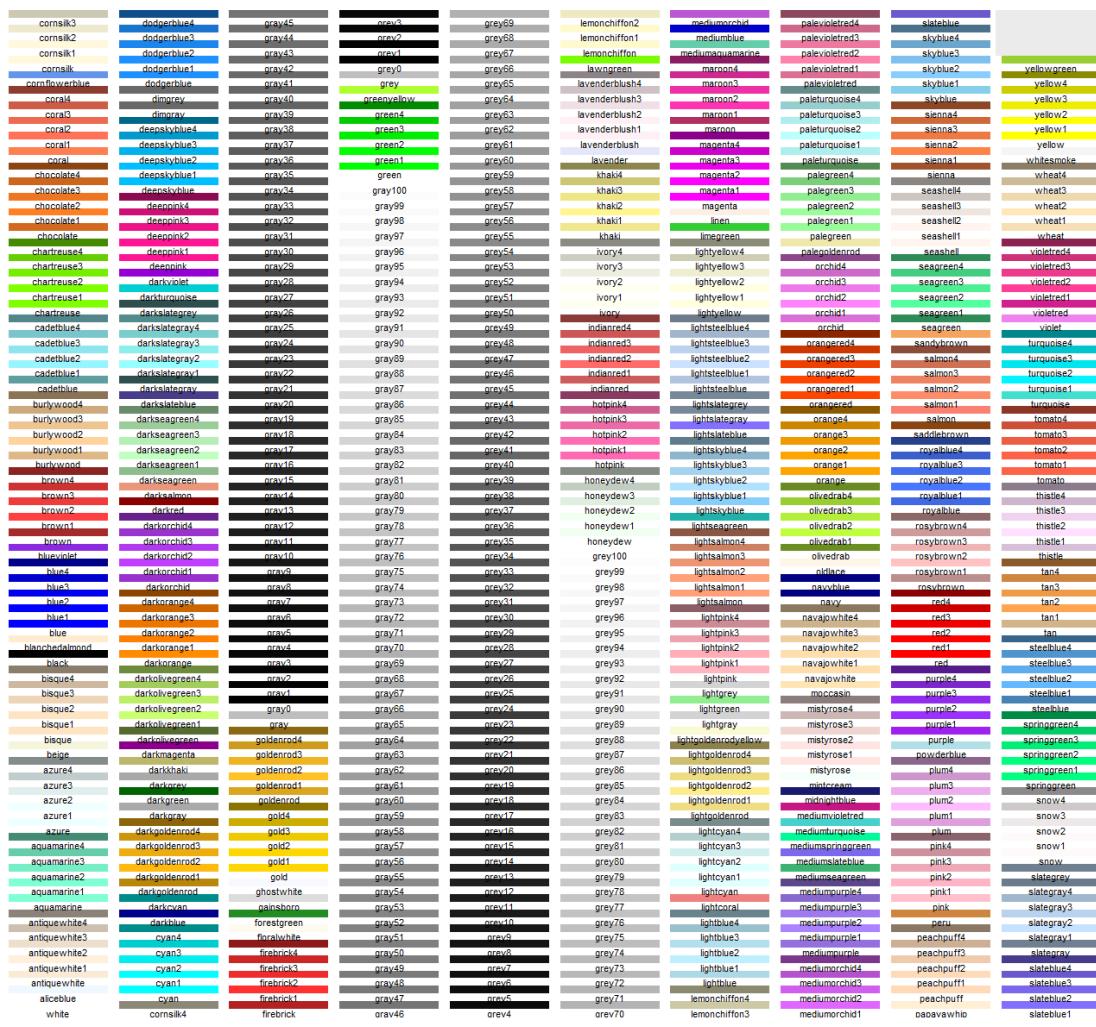


FIG. 3.21 : Couleurs de base

Une première ressource intéressante est ColorBrewer³. Il s'agit d'une sélection de palettes de couleurs particulièrement efficaces et dont certaines sont même adaptées pour les personnes daltoniennes. Il est possible d'accéder directement aux palettes dans R grâce au package **RColorBrewer** et la fonction `brewer.pal`:

```
library(RColorBrewer)
display.brewer.all()
```

Une autre ressource pertinente est le site web [coolors.co⁴](https://colorbrewer2.org/#type=sequential&scheme=BuGn&n=3) qui propose de nombreuses palettes à portée de clic.

³<https://colorbrewer2.org/#type=sequential&scheme=BuGn&n=3>

⁴<https://coolors.co/palettes/trending>

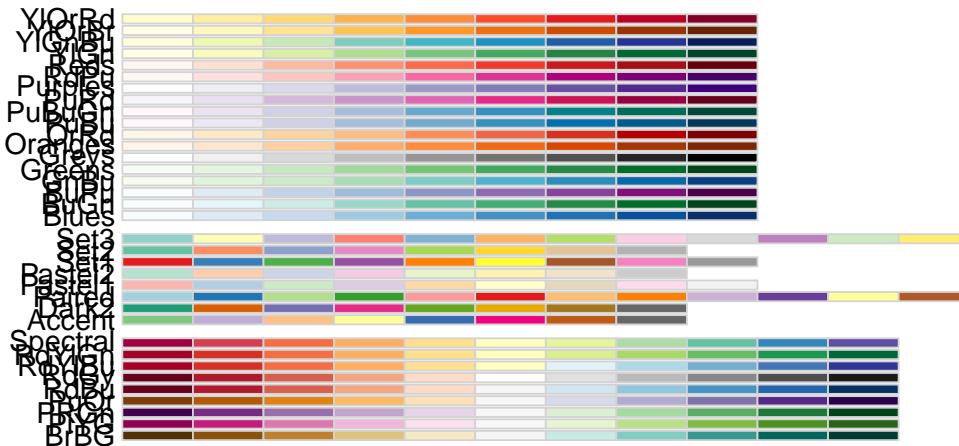


FIG. 3.22 : palette de couleurs de ColorBrewer

3.2 Principaux graphiques



Puisque vous êtes désormais initié aux bases de la grammaire des graphiques implémentées par `ggplot2`, vous apprendrez dans les sous-sections suivantes à construire les principaux graphiques que vous utiliserez régulièrement et/ou que vous retrouverez présenter dans un article scientifique.

3.2.1 Histogramme

L'histogramme permet de décrire graphiquement la forme de la distribution d'une variable. Pour le réaliser, on utilise la fonction `geom_histogram`. Le paramètre le plus important est le nombre de barres (`bins`) qui composent l'histogramme. Plus ce nombre est grand, plus l'histogramme est précis et à l'inverse, plus il est petit, plus l'histogramme est simplifié. En revanche, il faut éviter d'utiliser un nombre de barres trop élevé comparativement au nombre d'observations disponibles dans le jeu de données, sinon votre histogramme sera plein de trous.

3.2.1.1 histogrammes simples

Générons quatre variables ayant respectivement une distribution Gaussienne, Student, Gamma et Beta, puis réalisons un histogramme pour chacune de ces variables et combinons les avec la fonction `ggarrange`.

```

distrib <- data.frame(
  gaussien = rnorm(1000, mean = 5, sd = 1.5),
  gamma = rgamma(1000, shape = 2, rate = 12),
  beta = rbeta(1000, shape1 = 5, shape2 = 1, ncp = 2),
  student = rt(1000, ncp = 20, df = 5)
)

plot1 <- ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = gaussien), bins = 50, color = "#343a40", fill = "#e63946")+
  ylim(c(0,130))

plot2 <- ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = gamma), bins = 50, color = "#343a40", fill = "#f1faee")+
  ylim(c(0,130))

plot3 <- ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = beta), bins = 50, color = "#343a40", fill = "#a8dadcc")+
  ylim(c(0,130))

plot4 <- ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = student), bins = 50, color = "#343a40", fill = "#1d3557")+
  ylim(c(0,130))

histogrammes <- list(plot1, plot2, plot3, plot4)

ggarrange(plotlist = histogrammes, ncol = 2, nrow = 2)

```

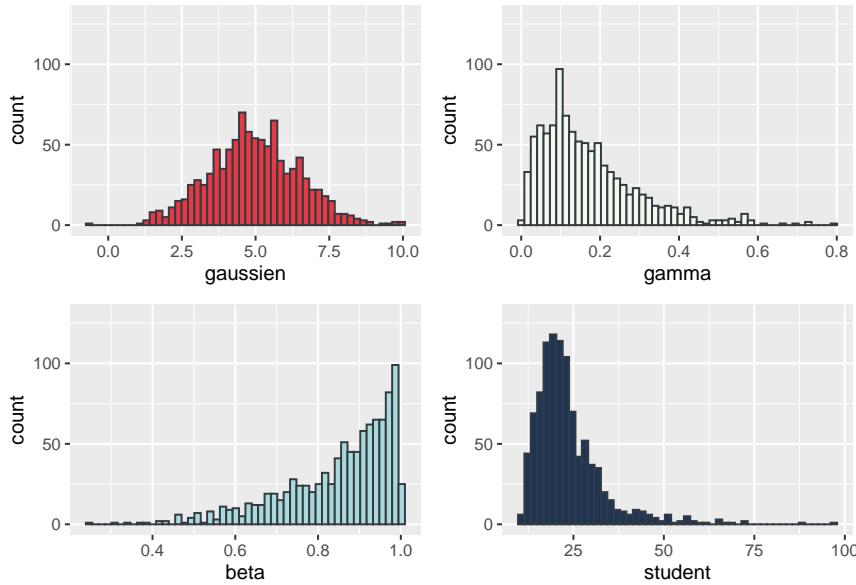


FIG. 3.23 : Histogrammes

Notez que cette syntaxe est très lourde. Dans le cas présent, il serait plus judicieux d'utiliser la fonction `facet_wrap`. Pour cela, nous devons au préalable empiler nos données, ce qui signifie changer la forme du `dataframe` actuel qui comprend quatre colonnes (gaussien, gamma, beta et student) et 1000 observations, pour qu'il n'ait plus que deux colonnes (la valeur originale et le nom de l'ancienne colonne) et 4000 observations. La figure 3.24 décrit graphiquement ce processus qui peut être effectué avec la fonction

melt du package **reshape2**.

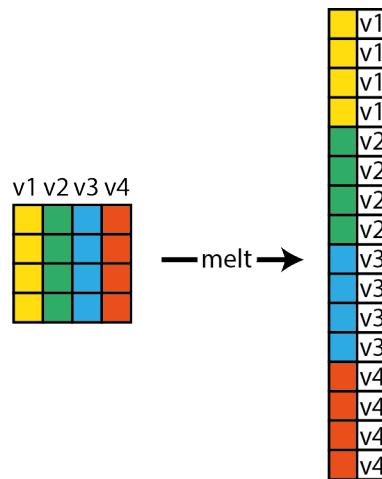


FIG. 3.24 : Empiler les données d'un dataframe

```
library(reshape2)

#faire fondre le jeu de données
melted_distribrs <- melt(distribrs, measure.vars = c("gaussien", "gamma",
                                                       "beta","student"))

#renommer les colonnes du nouveau dataframe
names(melted_distribrs) <- c("distribution", "valeur")
#convertir la variable catégorielle en facteur
melted_distribrs$distribution <- as.factor(melted_distribrs$distribution)

ggplot(data = melted_distribrs)+
  geom_histogram(aes(x = valeur, fill = distribution), bins = 50, color = "#343a40") +
  ylim(c(0,130)) +
  labs(x = "valeur",
       y = "fréquence")+
  scale_fill_manual(values = c("#e63946","#f1faee","#a8dadc","#1d3557"))+
  facet_wrap(vars(distribution), ncol=2, scales = "free")
```

3.2.1.2 histogrammes de densité

Les histogrammes que nous venons de construire utilisent les fréquences des observations pour délimiter la hauteur des barres. Il est possible de changer ce comportement pour plutôt utiliser la densité. L'intérêt est notamment de se rapprocher encore de la définition d'une distribution puisqu'avec cette configuration la somme totale de la surface de l'histogramme est égale à 1. La hauteur de chaque barre représente alors la probabilité d'obtenir l'étendue de valeurs représentées par cette barre. Prenons pour exemple la variable avec la distribution normale que nous venons de voir.

```
plot1 <- ggplot(data = distribrs) +
  geom_histogram(aes(x = gaussien, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#1d3557")
```

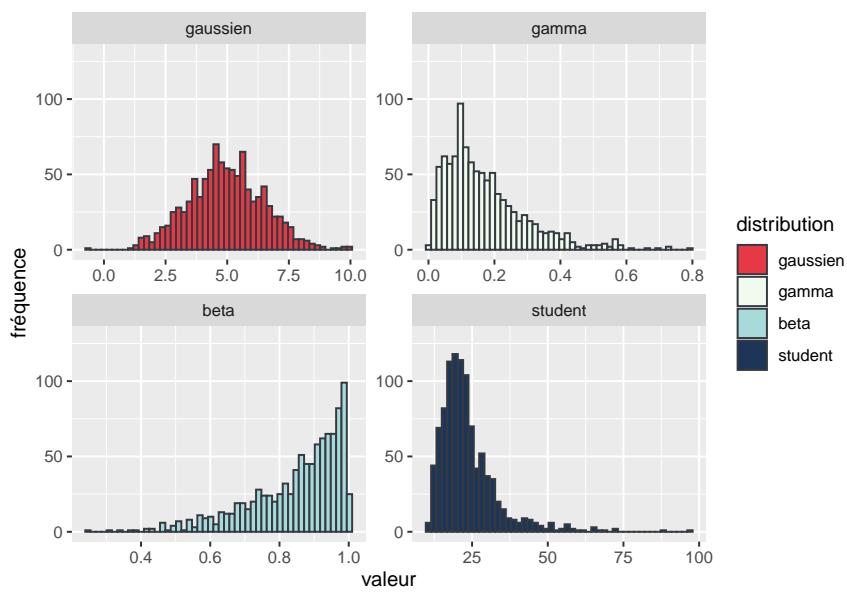


FIG. 3.25 : Histogrammes en facettes

```
plot2 <- ggplot(data = distribs) +
  geom_histogram(aes(x = gaussien, y = ..count..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadcc")

ggarrange(plotlist = list(plot1, plot2), ncol = 2)
```

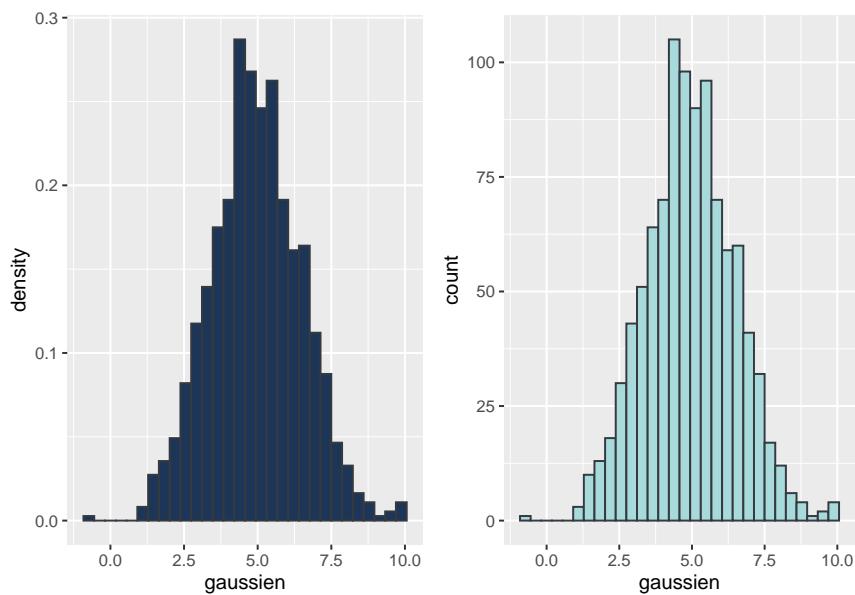


FIG. 3.26 : Histogrammes de densité

Le graphique de droite (fréquence) nous indique donc que plus de 100 observations ont une valeur d'environ 5 (entre 4,76 et 5,34, compte tenu de la largeur de la barre), ce qui se traduit par une probabilité de presque 30% d'obtenir cette valeur en tirant une observation au hasard dans le jeu de données.

3.2.1.3 Histogramme avec courbe de distribution

Les histogrammes sont souvent utilisés pour vérifier graphiquement si une distribution empirique s'approche d'une courbe normale. Pour cela, on rajoute sur l'histogramme de la variable empirique la forme qu'aurait une distribution normale parfaite en utilisant la moyenne et l'écart type de la distribution empirique. Pour créer cette figure dans `ggplot2`, il suffit d'utiliser la fonction `stat_function` pour créer un nouveau calque. Pour faire bonne mesure, il est aussi possible d'ajouter une ligne verticale (`geom_vline`) pour indiquer la moyenne de la distribution.

```
moyenne <- mean(distrib$gaussien)
ecart_type <- sd(distrib$gaussien)

ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = gaussien, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  labs(x = "gaussien",
       y = "densité") +
  stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = moyenne, sd = ecart_type),
                color = "#e63946", size = 1.2, linetype = "dashed") +
  geom_vline(xintercept = moyenne, color = 'red', size = 1) +
  annotate("text", x = round(moyenne,2)+0.5, y = 0.31, hjust = 'left',
           label = paste('moyenne : ',round(moyenne,2),sep=''))
```

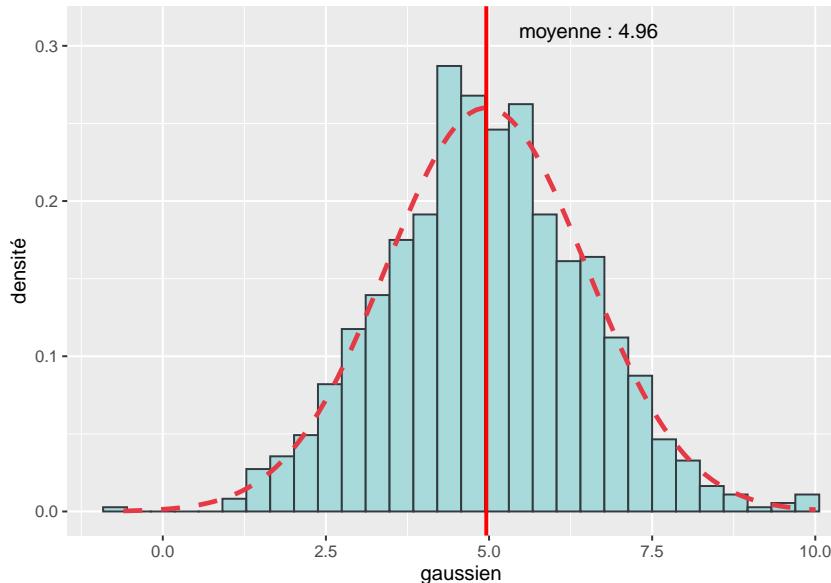


FIG. 3.27 : Histogrammes et courbe normale

Dans notre cas, nous savons que notre variable est normalement distribuée (car produite avec la fonction `rnorm`), et l'on peut constater la grande proximité entre l'histogramme et la courbe normale.

3.2.1.4 Histogramme avec coloration des valeurs extrêmes

Il peut être nécessaire d'attirer le regard sur certaines parties de l'histogramme, comme par exemple des valeurs extrêmes. Si nous reprenons notre distribution de Student, nous pouvons clairement distinguer

un ensemble de valeurs fortes à droite de la distribution. On pourrait dans notre cas considérer que des valeurs au delà de 50 constituent des cas extrêmes que nous souhaitons représenter dans une autre couleur. Pour cela, nous devons créer une variable catégorielle nous permettant de distinguer ces cas particuliers.

```
distrib$cas_extreme <- ifelse(distrib$student >=50, "extrême", "normal")

ggplot(data = distrib) +
  geom_histogram(aes(x = student, y = ..count.., fill = cas_extreme),
                 bins = 30, color = "#343a40")+
  scale_fill_manual('cas extrême', values = c("#a8dadcc", "#e63946"))+
  labs(title = 'Distribution de Student', x = "", y = "fréquence")
```

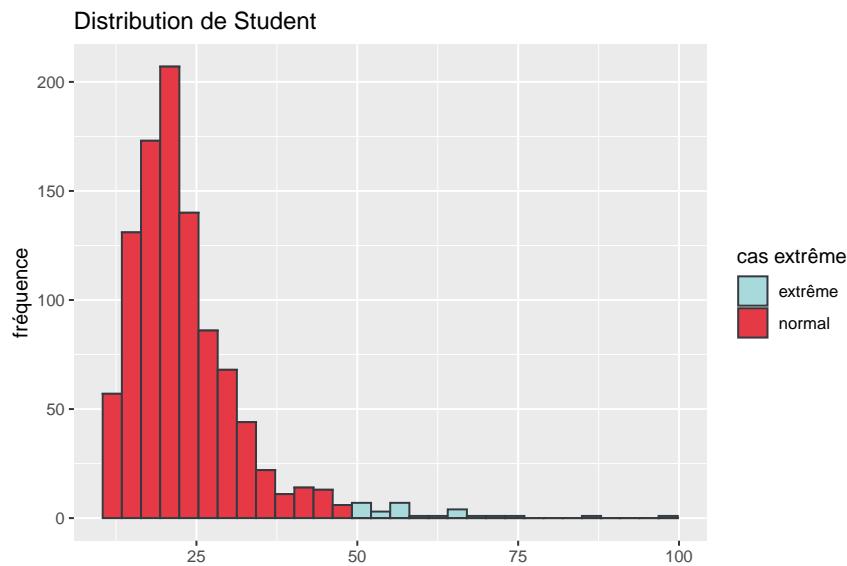


FIG. 3.28 : Histogramme coloré

3.2.2 Graphique de densité

L'histogramme est utilisé pour approximer graphiquement la distribution d'une variable. Sa principale limite est de représenter la variable de façon discontinue. Une alternative intéressante est d'utiliser à la place de l'histogramme une version lissée de celui-ci : le graphique de densité. Cette opération de lissage est réalisée le plus souvent à partir de fonctions *kernel*. Reconstruisons notre figure avec les quatres distributions, mais en utilisant cette fois-ci des graphiques de densité.

```
ggplot(data = melted_distrib)+
  geom_density(aes(x = valeur, fill = distribution), color = "#343a40") +
  scale_fill_manual(values = c("#e63946", "#f1faee", "#a8dadcc", "#1d3557"))+
  facet_wrap(vars(distribution), ncol=2, scales = "free")
```

Les graphiques de densité sont souvent utilisés pour comparer la distribution d'une variable pour plusieurs sous groupe d'une population. Si nous reprenons le jeu de données iris, nous pouvons

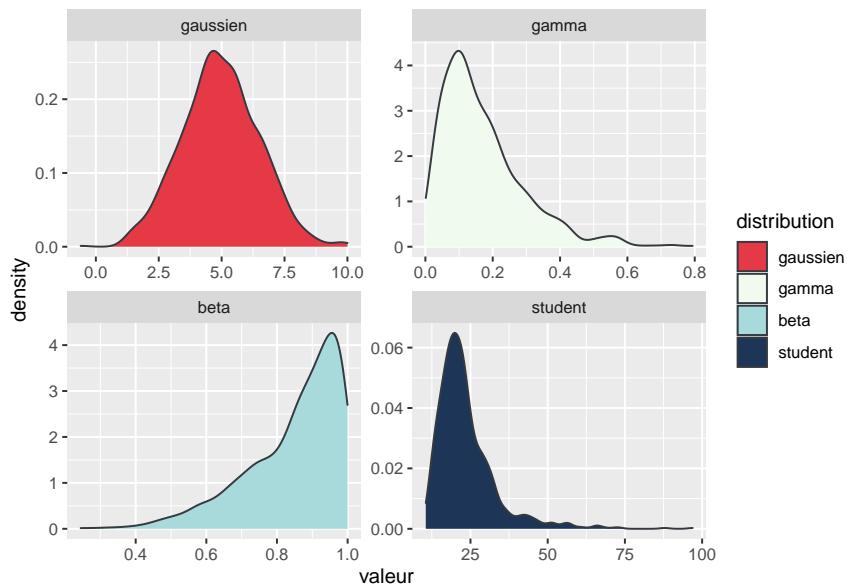


FIG. 3.29 : Graphiques de densité en facette

comparer les longueurs de sépals en fonction des espèces. On constate ainsi que les setosa ont une nette tendance à avoir des sépals plus courts et qu'à l'inverse, les virginica ont les sépals généralement les plus longs.

```
ggplot(data = iris)+  
  geom_density(aes(x = Sepal.Length, fill = Species),  
               color = "#343a40", alpha = 0.4)+  
  labs(x = 'Longueur de sépals',  
       y = '',  
       fill = 'Espèce')
```

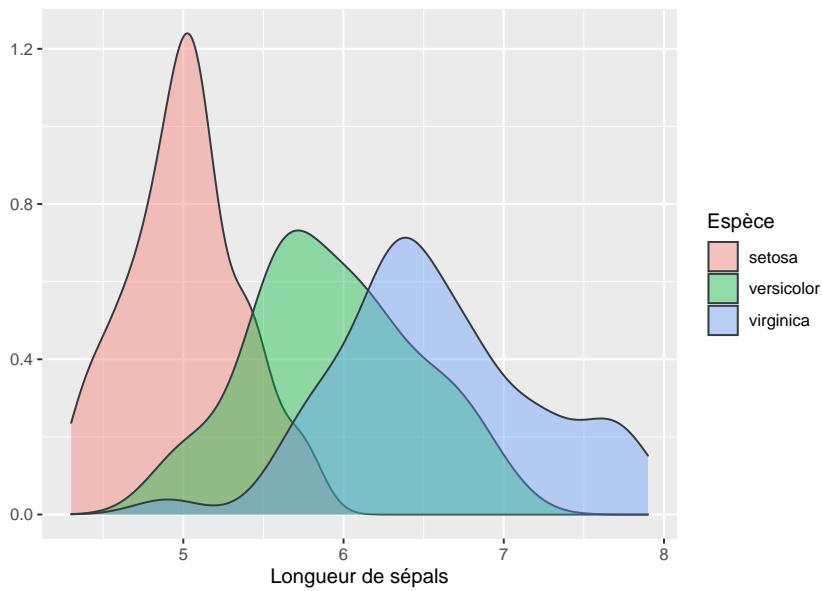
3.2.3 Nuage de points

Un nuage de points est un outil très intéressant pour visualiser la relation existante entre deux variables. Prenons un exemple concret et analysons le volume de CO₂ produit annuellement par habitant dans l'ensemble des pays à travers le monde en comparaison avec le niveau d'urbanisation de ces pays. Nous avons extrait ces données sur le site web de la Banque Mondiale⁵, puis nous les avons structuré dans un fichier *csv*.

```
data_co2 <- read.csv("data/graphique/world_urb_co2.csv")  
names(data_co2)
```

```
## [1] "country_code" "year"          "Population"    "Urbanisation" "C02_kt"  
## [6] "Country.Name" "C02t_hab"     "region7"      "region23"
```

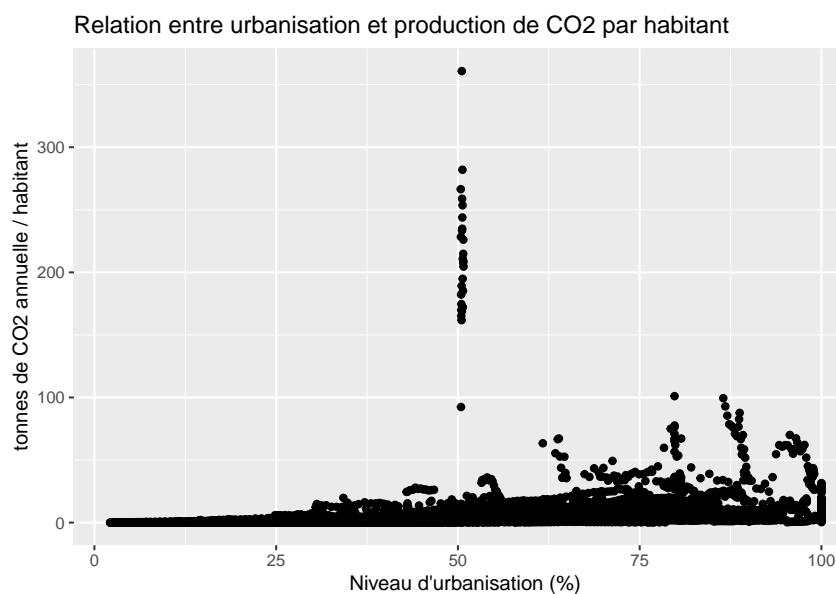
⁵<https://donnees.banquemonde.org/indicateur>

**FIG. 3.30 :** Graphiques de densité

3.2.3.1 Nuage de points simple

Commençons par un nuage de points simple avec l'ensemble des données.

```
ggplot(data = data_co2)+
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab))+
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

**FIG. 3.31 :** Nuage de points simple

À la première lecture de ce graphique, on observe immédiatement un ensemble de points étranges dont le volume de CO₂ par habitant annuel est compris entre 150 et plus de 350 tonnes et dont le niveau d'urbanisation est proche de 50%. Isolons ces données pour observer de quoi il s'agit.

```
cas_étrange <- subset(data_co2, data_co2$CO2t_hab >= 150)
print(cas_étrange$Country.Name)
```

```
## [1] "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba"
## [10] "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba"
## [19] "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba" "Aruba"
```

Il s'agit d'une petite île néerlandaise des Caraïbes nommée Aruba disposant d'une faible population mais avec des activités très polluantes (raffinerie et extraction d'or). Nous faisons ici le choix de retirer ces observations puisqu'elles sont assez peu représentatives de la tendance mondiale. Cette démarche si simple relève ainsi de l'analyse exploratoire des données ! Sans ce graphique, nous n'aurions probablement jamais identifié ces cas problématiques.

```
data_co2 <- subset(data_co2, data_co2$CO2t_hab <= 150)
```

Reconstruisons le nuage de points maintenant que ces données aberrantes ont été retirées.

```
ggplot(data = data_co2)+
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab))+
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

Voilà qui est mieux ! Cependant, le grand nombre de points restant rend la lecture du graphique assez difficile puisqu'ils se superposent. Une première option à envisager dans ce cas est à la fois d'ajouter de la transparence aux points et de réduire leur taille :

```
ggplot(data = data_co2)+
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab), alpha = 0.2, size = 0.5)+
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

3.2.3.2 Nuage de points avec densité

Bien que la transparence nous aide un peu à distinguer les secteurs du graphique avec le plus de points, il serait plus efficace d'abandonner la géométrie des points pour la remplacer par une géométrie de densité en deux dimensions. Une première approche consiste à diviser l'espace du graphique en petits carrés et à compter le nombre de points tombant dans chaque carré (en somme, un histogramme en deux dimensions).

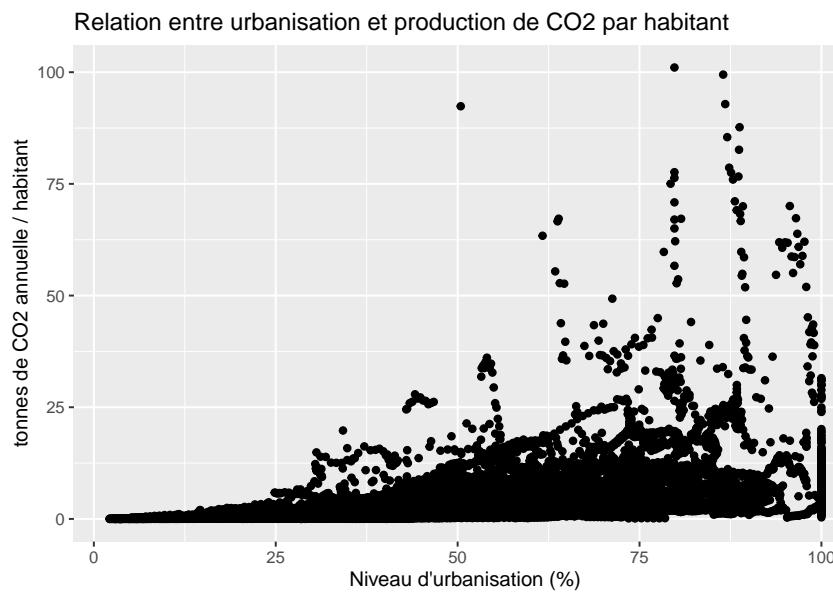


FIG. 3.32 : Nuage de points simple sans données aberrantes

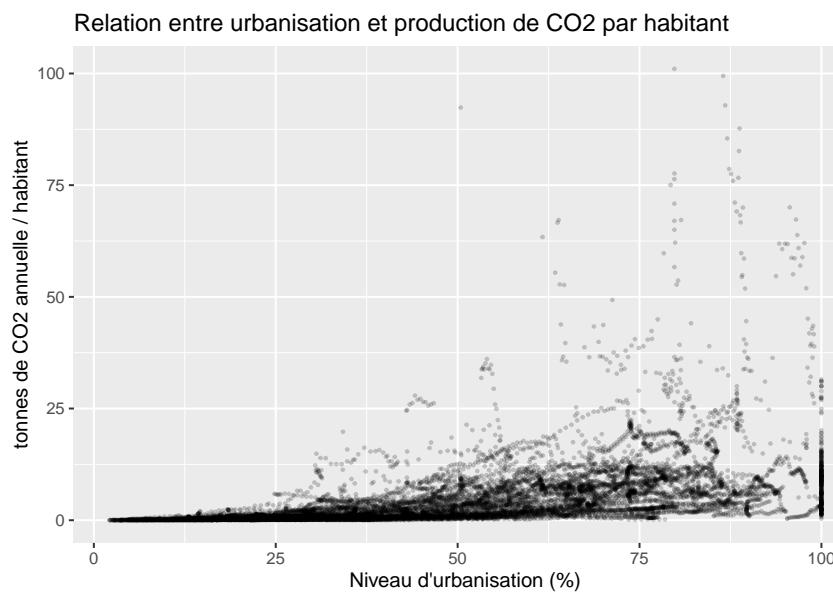


FIG. 3.33 : Nuage de points simple avec transparence

```
ggplot(data = data_co2)+  
  geom_bin2d(aes(x = Urbanisation, y = C02t_hab), bins = 50) +  
  scale_fill_continuous(type = "viridis") +  
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",  
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',  
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

On observe ainsi une forte concentration dans le bas du graphique, les pays avec des rejets annuels de CO2 supérieurs à 15 tonnes par habitant sont relativement rares. Pour les personnes préférant les représentations plus élaborées, il est aussi possible de diviser l'espace du graphique avec des hexagones

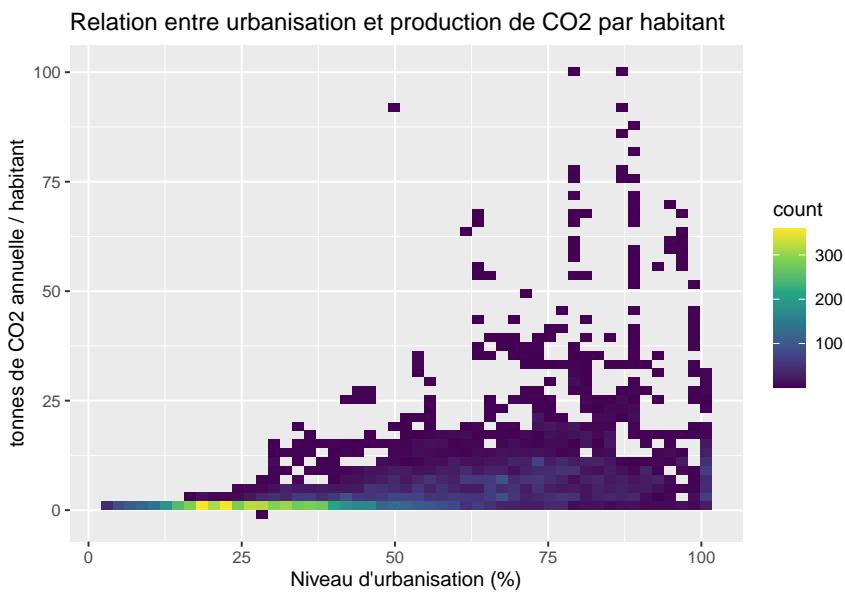


FIG. 3.34 : Densité en deux dimensions par carrés

en utilisant le package **hexbin**.

```
ggplot(data = data_co2 +
  geom_hex(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab), bins = 50) +
  scale_fill_continuous(type = "viridis") +
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

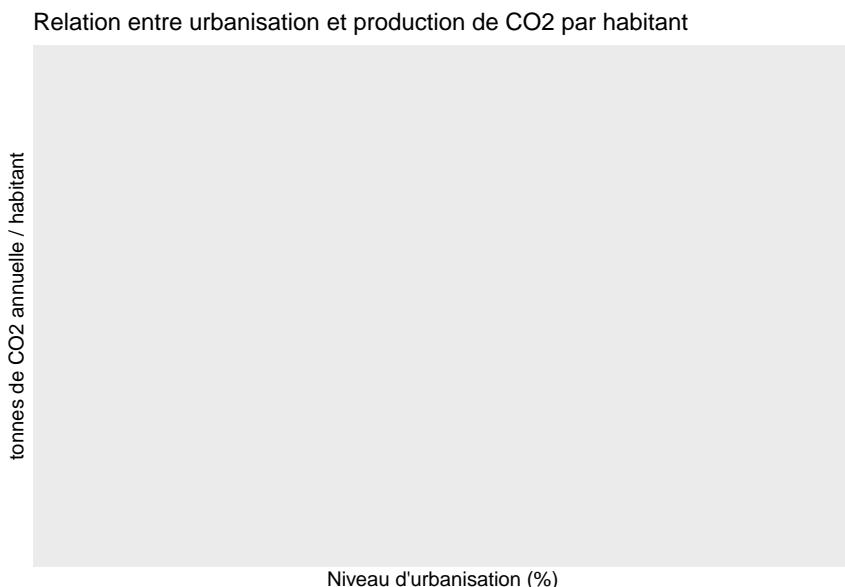


FIG. 3.35 : Densité en deux dimensions par hexagones

Enfin, il est aussi possible de réaliser une version lissée de ces graphiques avec une fonction *kernel* en deux dimensions (`stat_density_2d`) :

```
ggplot(data = data_co2)+  
  stat_density_2d(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab, fill = ..density..),  
                  geom = "raster", n = 50, contour = FALSE) +  
  scale_fill_continuous(type = "viridis") +  
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",  
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',  
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant') +  
  ylim(0,25)
```

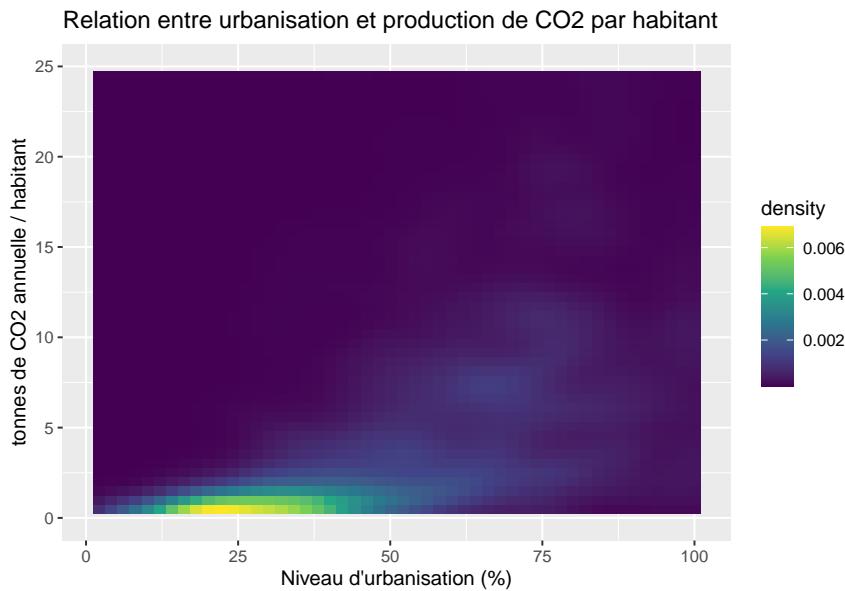


FIG. 3.36 : Densité en deux dimensions lissée

3.2.3.3 Nuage de points et droite de régression

Afin de faire ressortir une éventuelle relation entre les variables représentées sur les deux axes, il est possible d'afficher la droite de régression sur le graphique entre X et Y. Cette opération s'effectue avec la fonction `geom_smooth`.

```
ggplot(data = data_co2)+  
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab), alpha = 0.2, size = 0.5) +  
  geom_smooth(aes(x = Urbanisation, y = CO2t_hab), method = lm, color = "red") +  
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",  
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',  
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

Notez que l'argument `method = lm` permet d'indiquer que nous souhaitons utiliser une régression linéaire (*linear model*) pour tracer la géométrie (une droite de régression). La droite semble bien indiquer une relation positive entre les deux variables : une augmentation de l'urbanisation serait associée avec une augmentation de la production annuelle de CO2 par habitant. On pourrait également vérifier si une relation non linéaire serait plus adaptée au jeu de données. Dans notre cas, une relation quadratique pourrait produire un meilleur ajustement.

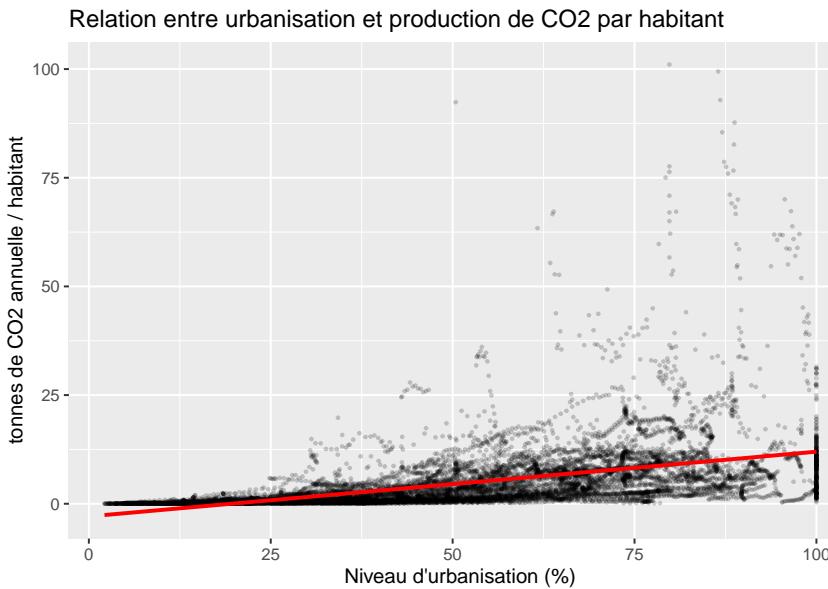


FIG. 3.37 : Nuage de points avec droite de régression

```
ggplot(data = data_co2)+  
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = C02t_hab), alpha = 0.2, size = 0.7)+  
  geom_smooth(aes(x = Urbanisation, y = C02t_hab), method = lm,  
              color = "red", formula = y ~ I(x**2))+  
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",  
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',  
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

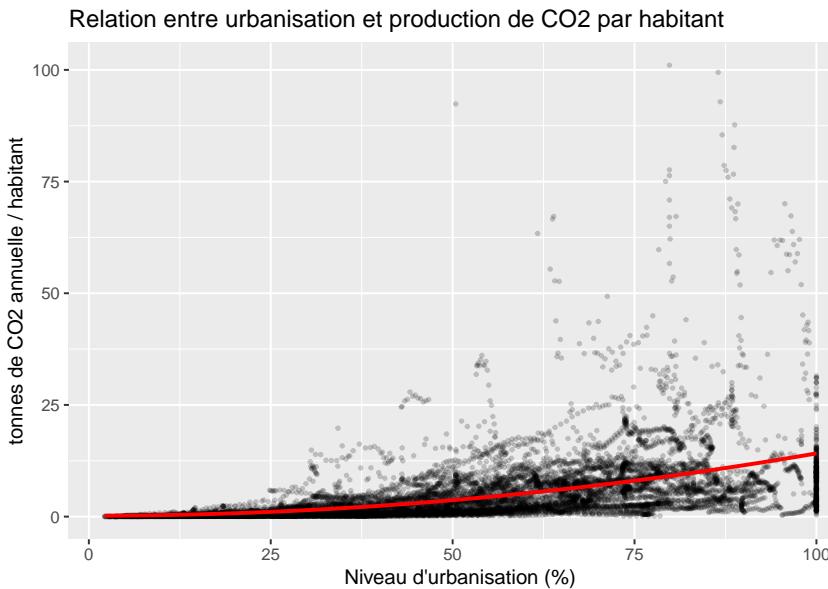


FIG. 3.38 : Nuage de points avec droite de régression exponentielle

La régression quadratique (avec x au carré) nous indique ainsi que l'impact du niveau d'urbanisation est plus important à mesure que le niveau d'urbanisation augmente. Vous pouvez également constater que

la courbe ne prédit pas de valeurs négatives comparativement à la droite précédente. Il est également possible d'ajuster une courbe sans choisir au préalable sa forme (dans le cas précédent x^2) en utilisant une méthode d'ajustement local appelée *loess*.

```
ggplot(data = data_co2)+  
  geom_point(aes(x = Urbanisation, y = C02t_hab), alpha = 0.2, size = 0.5)+  
  geom_smooth(aes(x = Urbanisation, y = C02t_hab), method = loess,  
              color = "red")+  
  labs(x = "Niveau d'urbanisation (%)",  
       y = 'tonnes de CO2 annuelle / habitant',  
       title = 'Relation entre urbanisation et production de CO2 par habitant')
```

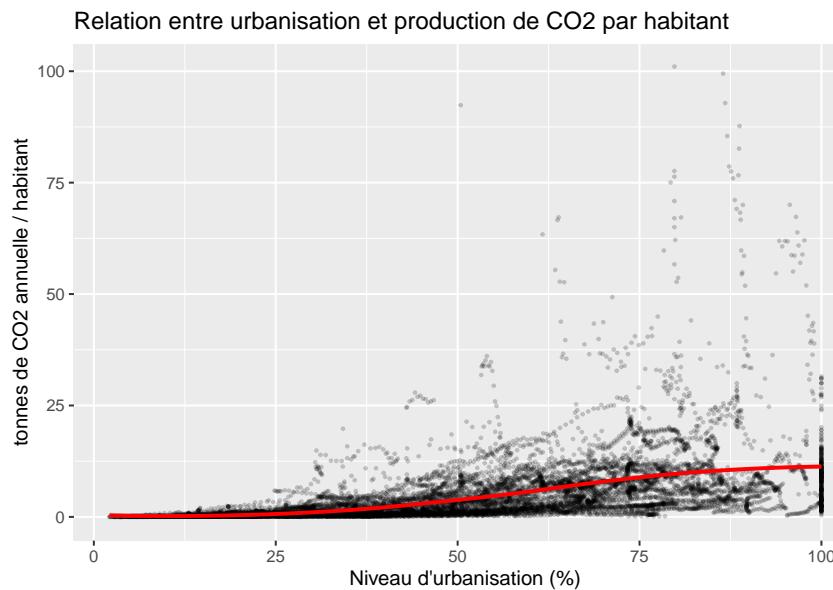


FIG. 3.39 : Nuage de points avec droite de régression non linéaire

La relation non linéaire révèle davantage d'informations : l'augmentation de l'urbanisation est associée à une augmentation de l'émission de CO2 par habitant uniquement jusqu'à 75% d'urbanisation ; au-delà de ce seuil, la relation ne tient plus. Ces résultats semblent cohérents avec l'évolution classique de l'économie d'un pays passant progressivement d'une économie agricole, à une économie industrialisée et finalement une économie de services.

3.2.4 Graphique en lignes

Un graphique en ligne permet de représenter l'évolution d'une variable, généralement dans le temps. Dans le jeu de données précédent, nous disposons des émissions de CO2 par habitant de nombreux pays sur plusieurs années. Nous pouvons ainsi représenter l'évolution des émissions pour chaque pays avec un graphique en ligne. Pour éviter de le surcharger, cet exercice est réalisé uniquement sur les pays de l'Europe de l'Ouest.

```
# conversion de la variable year textuelle en variable numérique
data_co2$an <- as.numeric(data_co2$year)
# extraction des données d'Europe de l'Ouest
data_europe <- subset(data_co2, data_co2$region23 == "Western Europe")
# choix des valeurs pour l'axe des x
x_ticks <- seq(1960,2020,10)

ggplot(data = data_europe)+ 
  geom_path(aes(x = an, y = CO2t_hab, color = Country.Name))+ 
  labs(x = "Années",
       y = 'Tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       color = "Pays",
       title = 'Évolution de la production de CO2 par habitant') + 
  scale_x_continuous(breaks = x_ticks, labels = x_ticks)+ 
  theme_tufte()
```

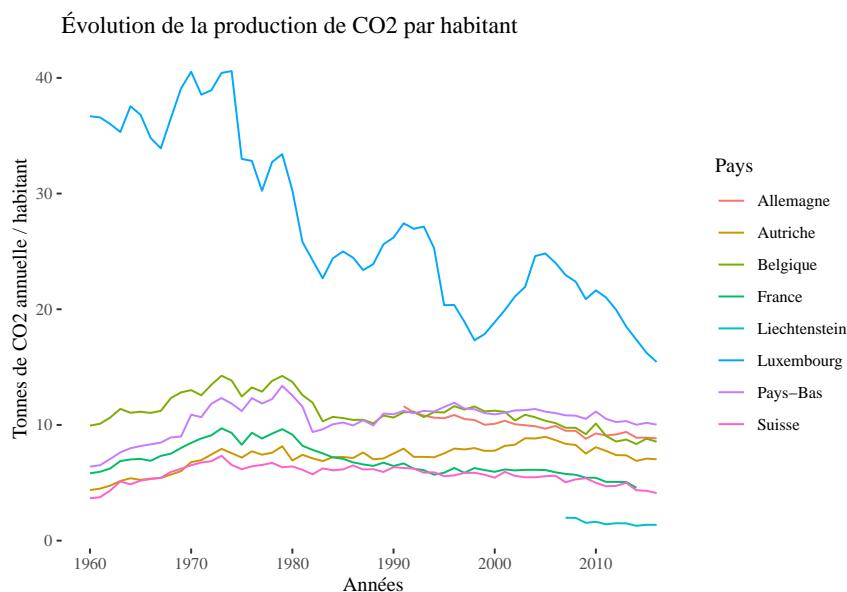


FIG. 3.40 : Graphique en ligne

On remarque notamment qu'aucune donnée avant 2005 n'est disponible pour le Liechtenstein.

3.2.4.1 Barre d'erreur et en bande

Sur un graphique, il est souvent pertinent de représenter l'incertitude que nous avons sur nos données. Cela peut être fait à l'aide de barres d'erreurs ou à l'aide de polygones délimitant les marges d'incertitude. En guise d'exemple, admettons que les données précédentes sont fiables à plus ou moins 10%. En d'autres termes, la valeur d'émission de CO2 annuelle serait relativement incertaine et pourrait se situer dans un intervalle de 10% autour de la valeur fourni par la Banque Mondiale. Nous obtenons ainsi une borne inférieure (valeur donnée - 10%) et une borne supérieure (valeur donnée + 10%). Nous pouvons facilement calculer ces bornes et les faire apparaître dans notre graphique précédent.

```

data_europe$borne_basse <- data_europe$CO2t_hab - 0.1 * data_europe$CO2t_hab
data_europe$borne_haute <- data_europe$CO2t_hab + 0.1 * data_europe$CO2t_hab

ggplot(data = data_europe) +
  geom_point(aes(x = an, y = CO2t_hab, color = Country.Name), size = 0.7) +
  geom_errorbar(aes(x = an, ymin = borne_basse, ymax = borne_haute, color = Country.Name)) +
  labs(x = "Années",
       y = 'Tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       color = "Pays",
       title = 'Évolution de la production de CO2 par habitant') +
  scale_x_continuous(breaks = x_ticks, labels = x_ticks) +
  theme_tufte()

```

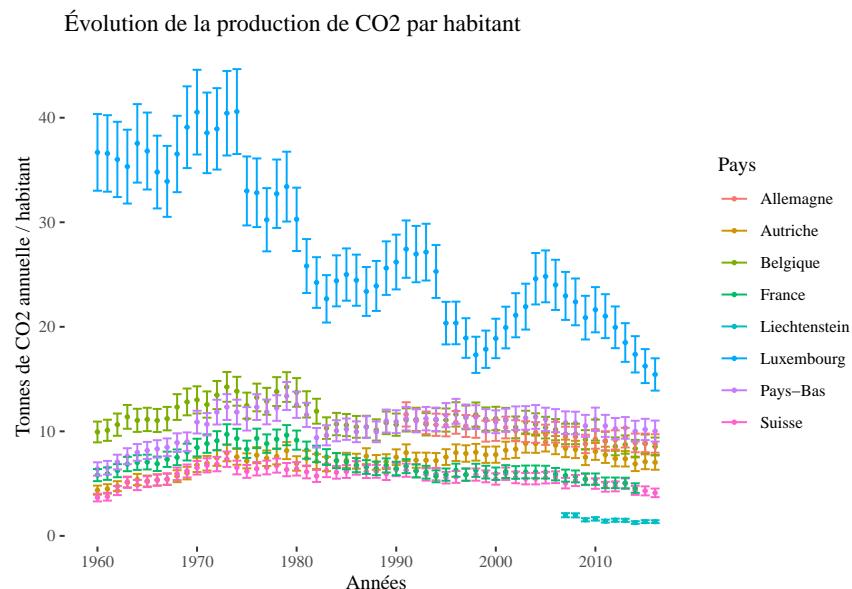


FIG. 3.41 : Graphique en ligne avec barres d'erreur

Ces barres d'erreurs indiquent notamment qu'il n'y a finalement aucun écart significatif entre la Belgique, les Pays-Bas et l'Allemagne à partir des années 1990. Une autre option de représentation est d'utiliser des polygones avec la fonction `geom_ribbon`.

```

ggplot(data = data_europe) +
  geom_path(aes(x = an, y = CO2t_hab, color = Country.Name), size = 0.7) +
  geom_ribbon(aes(x = an, ymin = borne_basse, ymax = borne_haute, fill = Country.Name), alpha = 0.4) +
  labs(x = "Années",
       y = 'Tonnes de CO2 annuelle / habitant',
       color = "Pays",
       title = 'Évolution de la production de CO2 par habitant') +
  scale_x_continuous(breaks = x_ticks, labels = x_ticks) +
  theme_tufte() +
  guides(fill = FALSE)

```

Le message du graphique est le même. Notez que nous avons utilisé ici la fonction `guides` pour retirer de la légende les couleurs associées au remplissage des marges d'erreurs. Ces couleurs sont les mêmes

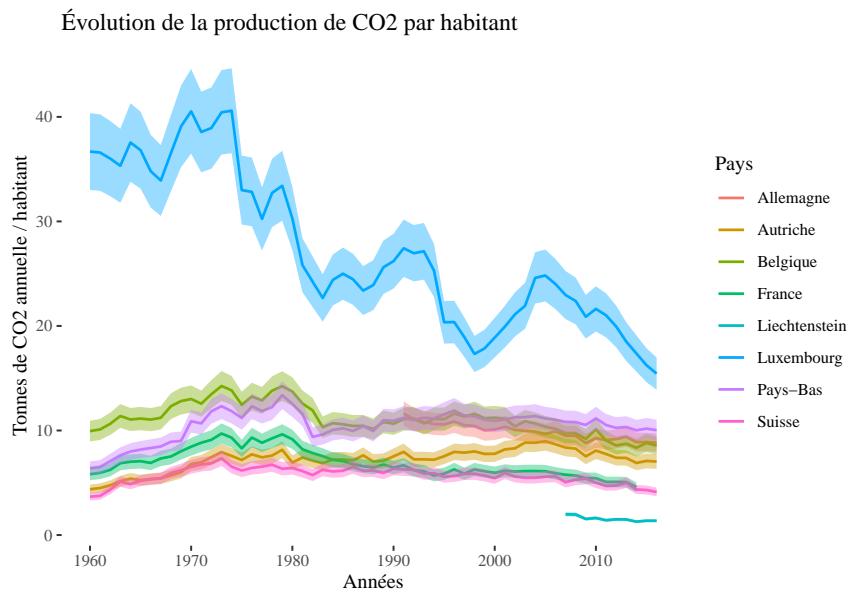


FIG. 3.42 : Graphique en ligne avec marge d'erreur

que celles des lignes et il n'est pas utile de dédoubler la légende. De nombreuses méthodes statistiques produisent des résultats accompagnés d'une mesure de l'incertitude associée à ces résultats. Représenter cette incertitude est crucial pour que le lecteur puisse délimiter la portée des conclusions de vos analyses.

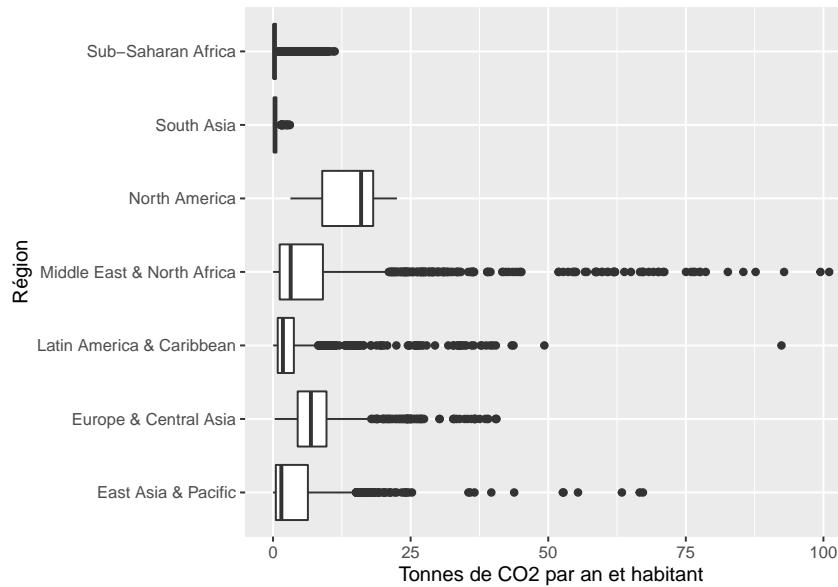
3.2.5 Boites à moustache

Les boites à moustache (*box plot* en anglais) sont des graphiques permettant de comparer les moyennes et les intervalles interquartiles d'une variable continue selon plusieurs groupes d'une population. Si l'on reprend notre exemple précédent, nous pourrions comparer en fonction de la région du monde la moyenne de production annuelle de CO2 par habitant. Pour cela, il suffit d'utiliser la fonction `geom_boxplot`.

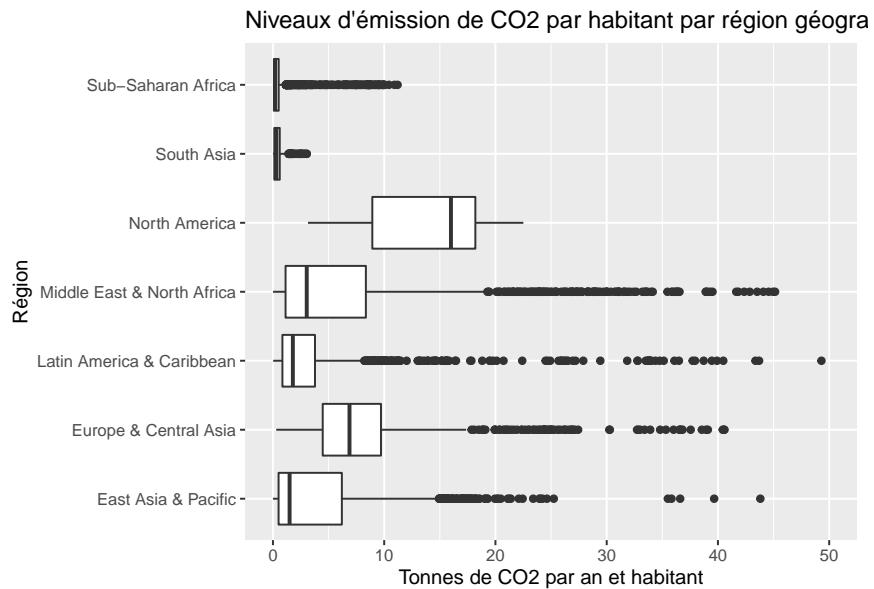
```
#retirer les observations n'étant pas associées à une région
data_co2_comp <- subset(data_co2, is.na(data_co2$region7) == F)

ggplot(data = data_co2_comp)+
  geom_boxplot(aes(y = region7, x = CO2t_hab))+ 
  labs(x="Tonnes de CO2 par an et habitant", y="Région")
```

La barre centrale d'une boite représente la moyenne. Les extrémités de la boite représentent le premier et le troisième quartile. Plus une boite est allongée, plus les situations sont diversifiées pour les observations appartenant au groupe représenté par la boite. Au contraire, une boite étroite indique un groupe homogène. Notez qu'en inversant les variables dans les axes X et Y, on obtiendrait des boites à moustache verticales. Cependant, les noms des régions étant assez longs, cela nécessiterait d'avoir un graphique très large. Améliorons quelque peu le rendu de ce graphique en ajoutant des titres.

**FIG. 3.43 :** Boîte à moustache

```
ggplot(data = data_co2_comp)+  
  geom_boxplot(aes(y = region7, x = CO2t_hab))+  
  xlim(c(0,50))+  
  labs(title = "Niveaux d'émission de CO2 par habitant par région géographique",  
       x = "Tonnes de CO2 par an et habitant",  
       y = 'Région')
```

**FIG. 3.44 :** Boîte à moustache améliorée

Les points noirs sur le graphique représentent des valeurs extrêmes, soit des observations situées à plus de 1,5 intervalle interquartile d'une extrémité de la boîte. Pour mieux rendre compte de la densité d'observations le long de chaque boîte à moustache, il est possible de les représenter directement avec

la fonction `geom_jitter`.

```

ggplot(data = data_co2_comp)+  

  geom_boxplot(aes(y = region7, x = CO2t_hab), outlier.shape = NA)+  

  geom_jitter(aes(y = region7, x = CO2t_hab), size = 0.2, alpha = 0.2)+  

  xlim(c(0,50))+  

  labs(title = "Niveaux d'émission de CO2 par habitant par région géographique",  

       x = "Tonnes de CO2 annuelle par habitant",  

       y = 'Région')

```

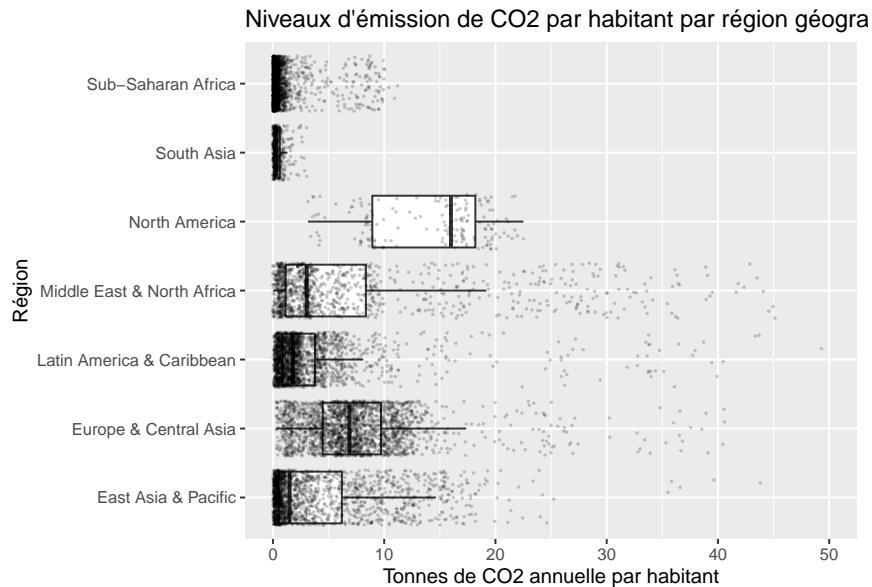


FIG. 3.45 : Boite à moustache avec observations

Notez que pour éviter que les valeurs extrêmes identifiées par la fonction `geom_boxplot` se superposent avec les points représentant les observations, nous les avons supprimées avec l'argument `outlier.shape = NA`.

3.2.6 Graphique en violons

Les boites à moustaches donnent des informations pertinentes sur le centre et la dispersion d'une variable en fonction de sous groupes de la population. Cependant, une grande partie de l'information reste masquée par la représentation sous forme de boite. Une alternative est de remplacer la simple boite par la distribution de la variable étudiée. On obtient ainsi des graphiques en violon (`geom_violin`). Considérant les très grands écarts entre les régions que nous avons observés avec les boites à moustache, il est préférable de tracer les graphiques en violon en excluant les régions Afrique Sub-Saharienne et Asie du Sud.

```
# retirons les observations de régions que nous ne souhaitons pas garder
data_co2_comp <- subset(data_co2, (! data_co2$region7 %in% c("Sub-Saharan Africa", "South Asia"))
  & ! is.na(data_co2$region7))
```

```
ggplot(data = data_co2_comp)+  
  geom_violin(aes(y = region7,x = CO2t_hab))+  
  xlim(c(0,50))+  
  labs(title = "Comparaison des niveaux d'émission de CO2 par habitant par région géographique",  
       x = "Tonnes de CO2 annuelle / habitant",  
       y = '')+  
  geom_vline(xintercept = 12, linetype = 'dashed', color = 'blue')
```

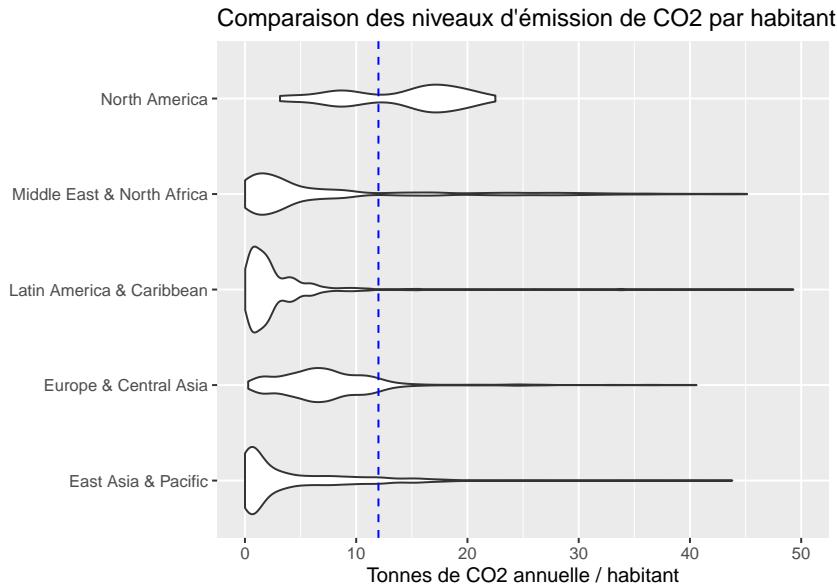


FIG. 3.46 : Graphique en violon

Ces distributions permettent notamment de souligner que deux groupes distincts se retrouvent en Amérique du Nord. L'un dont les émissions annuelles de CO2 par habitant sont inférieure à 12 tonnes (ligne bleue) et un autre groupe pour lequel elles sont supérieures. En explorant les données, on constate que les Bermudes sont inclus dans le groupe Amérique du Nord, mais ont des niveaux d'émission inférieurs à ceux du Canada et des États Unis, ce qui explique cette distribution bimodale. Cette information était masquée avec les boîtes à moustaches. Finalement, il est aussi possible de superposer graphique en violon et boîte à moustaches pour bénéficier des avantages des deux.

```
ggplot(data = data_co2_comp)+  
  geom_violin(aes(y = region7,x = CO2t_hab))+  
  geom_boxplot(aes(y = region7,x = CO2t_hab), width = 0.15)+  
  xlim(c(0,50))+  
  labs(title = "Comparaison des niveaux d'émission de CO2 par habitant par région géographique",  
       x = "Tonnes de CO2 annuelle / habitant",  
       y = '')
```

3.2.7 Graphique en barres

Les graphiques en barres permettent de représenter des quantités (hauteur des barres) réparties dans des catégories (une barre par catégorie). Nous proposons ici un exemple avec des données de déplacements issues de l'*enquête origine destination de Québec de 2017* au niveau des grands secteurs (figure 3.47).

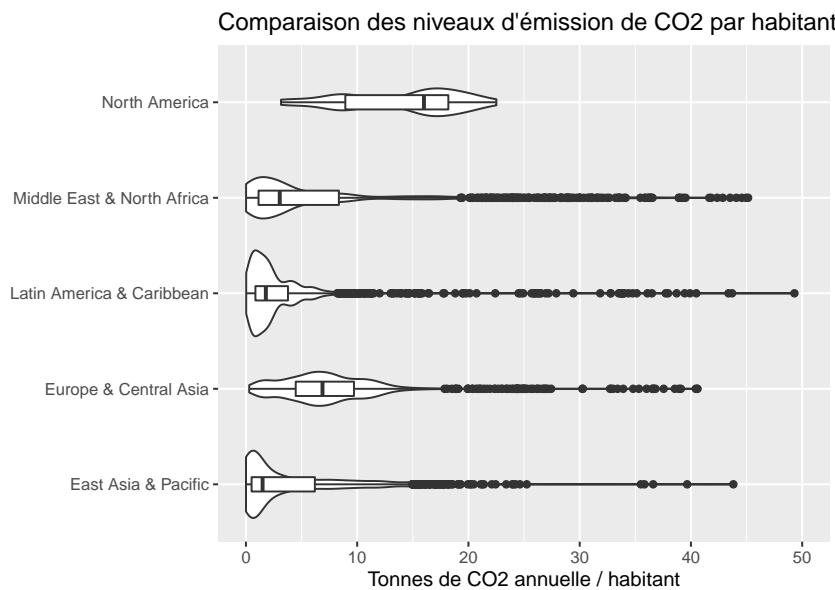


FIG. 3.47 : Graphique en violon et boîte à moustaches

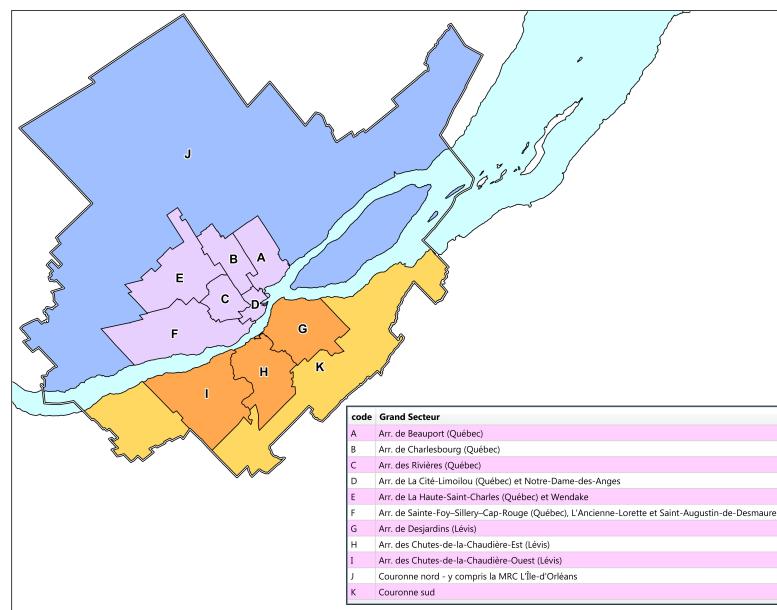


FIG. 3.48 : Grands secteurs de Québec

Nous représentons pour chaque secteur le nombre déplacements moyen entrant et sortant un jour de semaine en heures de pointe. Les données sont présentées sous forme d'une matrice carrée (avec autant de lignes que de colonnes). L'intersection de la ligne A et de la colonne C indique le nombre de personnes partant du secteur A pour se rendre dans le secteur C. À l'inverse, l'intersection de la ligne C et de la colonne A indique le nombre de personnes partant du secteur C pour se rendre dans le secteur A. En sommant les valeurs de chaque ligne, on obtient le nombre total de départs par secteur tandis que le nombre d'arrivées est la somme de chaque colonne. Ces opérations peuvent simplement être effectuées avec les fonctions `rowSums` et `colSums`.

```
# chargement des données
matriceOD <- read.csv('data/graphique/Quebec_2017_OD_MJ.csv',
                      header = FALSE, sep = ';') # fichier csv sans entête

# calcul des sommes en lignes et en colonnes
tot_depart <- rowSums(matriceOD)
tot_arrivee <- colSums(matriceOD)

# création d'un DataFrame avec les valeurs et les noms des secteurs
df <- data.frame(depart = tot_depart,
                  arrivee = tot_arrivee,
                  secteur = c('Arr. de Beauport (Québec)',
                             'Arr. de Charlesbourg (Québec)',
                             'Arr. des Rivières (Québec)',
                             'Arr. de la Cité-Limoilou (Québec)',
                             'Arr. de la Haute-St-Charles (Québec)',
                             'Arr. de Sainte-Foy-Sillery- Cap-Rouge (Québec)',
                             'Arr.de Desjardins (Lévis)',
                             'Arr. des Chutes-de-la-Chaudière-Est (Lévis)',
                             'Arr. Les Chutes de la Chaudière-Ouest (Lévis)',
                             'Ceinture Nord',
                             'Ceinture Sud',
                             'Hors Territoire'),
                  code = c('A','B','C','D','E','F','G','H','I','J','K','X'))

# création des deux graphiques en barres
plot1 <- ggplot(data = df)+geom_bar(aes(x = code, weight = depart))+labs(subtitle = 'Départs',
x = 'total',
y = '')

plot2 <- ggplot(data = df)+geom_bar(aes(x = code, weight = arrivee))+labs(subtitle = 'Arrivées',
x = 'total',
y = '')

# stocker les graphiques dans une liste et composer une figure
list_plot <- list(plot1, plot2)
tot_plot <- ggarrange(plotlist = list_plot, ncol = 1)

# création d'une légende pour associer le code de chaque secteur
# à son nom. Pour cela on concatène en premier les lettres et les noms,
# on fusionne ensuite le tout en les séparant par le symbole \n représentant
```

```
# un saut de ligne.
nom_secteurs <- paste(df$code, df$secteur, sep= ' : ')
string_names <- paste(nom_secteurs, collapse = '\n')

titre <- "Déplacements journaliers moyens en heures de pointe de la région de Québec"
# production finale de la figure
annotate_figure(tot_plot,
  top = text_grob(titre, face = "bold", size = 11, just = "left"),
  right = text_grob(string_names, face = "italic", size = 8,
    just = "left", x = 0.05) # position du texte
)
```

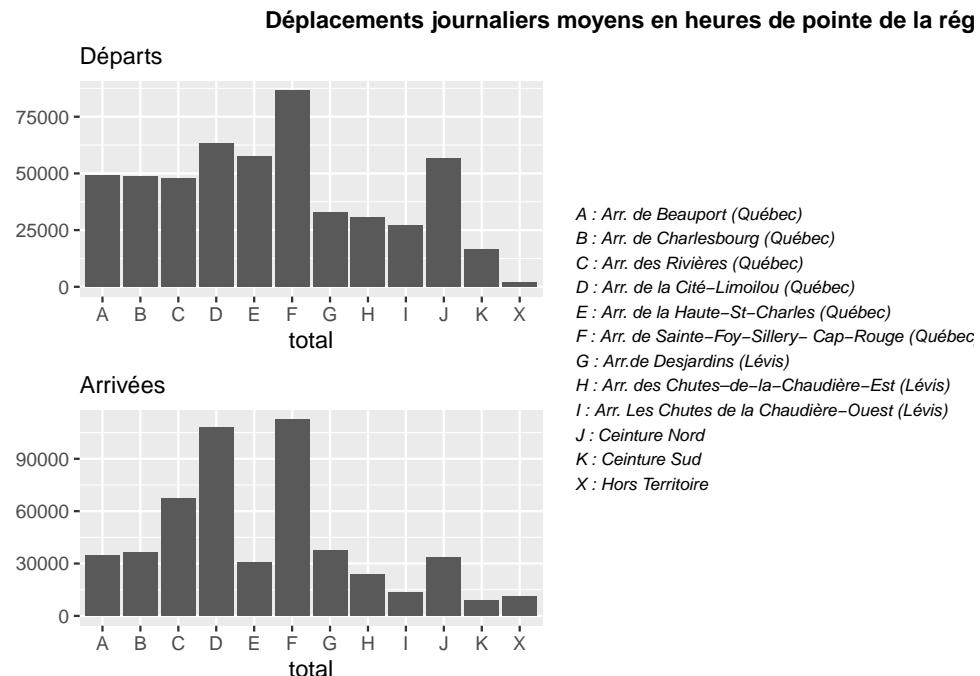


FIG. 3.49 : Graphiques en barres simples

Plutôt que de représenter les arrivées et les départs dans deux graphiques séparés, il est possible de les empiler dans un même graphique en barres. Nous devons au préalable « faire fondre nos données » avec la fonction `melt`.

```
# faire fondre le jeu de données (empiler les colonnes depart et arrivee)
melted_df <- melt(df, id.vars = c('code'), measure.vars = c('depart','arrivee'))
names(melted_df) <- c('code','deplacement','effectif')
# ajouter les accents dans la colonne déplacement
melted_df$deplacement <- ifelse(melted_df$deplacement == 'depart', 'départ', 'arrivée')

# comparaison du format original et du format "fondu"
head(df)
```

	depart	arrivee	secteur	code
## V1	49241	34777	Arr. de Beauport (Québec)	A

```
## V2 48909 36344 Arr. de Charlesbourg (Québec) B
## V3 48044 67198 Arr. des Rivières (Québec) C
## V4 63132 108138 Arr. de la Cité-Limoilou (Québec) D
## V5 57367 30859 Arr. de la Haute-St-Charles (Québec) E
## V6 86504 112379 Arr. de Sainte-Foy-Sillery- Cap-Rouge (Québec) F
```

```
head(melted_df)
```

```
##   code deplacement effectif
## 1 A     départ    49241
## 2 B     départ    48909
## 3 C     départ    48044
## 4 D     départ    63132
## 5 E     départ    57367
## 6 F     départ    86504
```

```
# réalisation du graphique
plot1 <- ggplot(data = melted_df)+  
  geom_bar(aes(x = code, weight = effectif, fill = deplacement), color = '#e3e3e3')+  
  scale_fill_manual(values = c("#e63946", "#1d3557"))+  
  labs(title = titre,  
       y = 'Effectifs',  
       x = '',  
       fill = 'Déplacements')  
  
annotate_figure(plot1, right = text_grob(string_names, face = "italic", size = 7,  
                                         just = "left", x = 0.05)) # position du texte)
```

3.2.8 Graphique circulaire

Une alternative directe au graphique en barre est le graphique ou diagramme circulaire, appelé aussi graphique en pointes de tarte (pour ceux à la dent sucrée) ou en camembert (pour les amateurs de fromage). Il est suffisamment connu et utilisé pour qu'aucune présentation ne s'impose. Pour être exact, un graphique en pointes de tarte n'est rien d'autre qu'un graphique en barres dont le système de coordonnées a été modifié. Cela impose cependant de calculer à l'avance la position des étiquettes que l'on souhaite ajouter sur le graphique. Reprenons les données de production mondiale de CO2 et calculons les productions totales par région géographique en 2015.

```
library(dplyr)  
  
# extraire les données de 2018 pour lesquelles on connaît la région
data_co2_2015 <- subset(data_co2, data_co2$year == "2015" & ! is.na(data_co2$region7))  
  
# effectuer la somme du CO2 par région
```

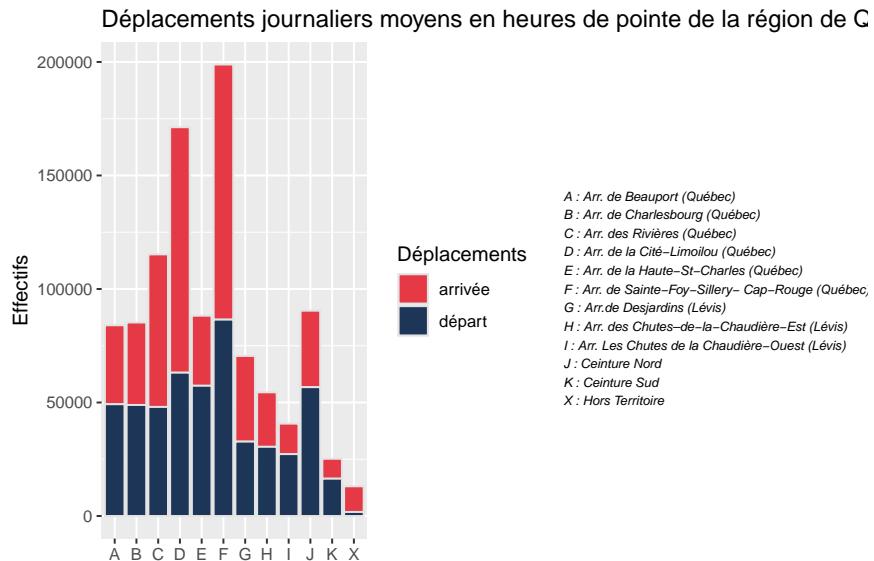


FIG. 3.50 : Graphique en barres empilées

```

co2_2015 <- data_co2_2015 %>%
  group_by(region7) %>%
  summarise(total_co2 = sum(CO2_kt,na.rm = TRUE))

# attribuer un code à chaque région pour faciliter la lecture
co2_2015$code <- c("A","B","C","D","E","F","G")

# modifier l'ordre des données, calculer les proportions et la position des labels
df <- co2_2015 %>%
  arrange(desc(code)) %>%
  mutate(prop = total_co2 / sum(co2_2015$total_co2) *100) %>%
  mutate(ypos = cumsum(prop)- 0.5*prop )

# préparer la légende (pourcentages et vrais noms)
nom_region <- rev(paste(df$code, " : ", df$region7, "(", round(df$prop,1), "%)"))
string_region <- paste(nom_region, collapse = '\n')

# construire le graphique
plot1 <- ggplot(df, aes(x="", y=prop, fill=code)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, color="white") +
  coord_polar("y", start=0) +
  theme_void() +
  theme(legend.position="none") +
  geom_text(aes(y = ypos, label = code), color = "white", size=3) +
  scale_fill_grey()+
  labs(title = "Proportion du CO2 émis en 2015")

# ajouter la légende
annotate_figure(plot1,right = text_grob(string_region, face = "italic", size = 9,
                                         just = "left", x = 0.05)) # position du texte)

```

Si à la place de la géométrie `geom_bar`, vous utilisez `geom_rect`, vous pouvez convertir votre graphique en

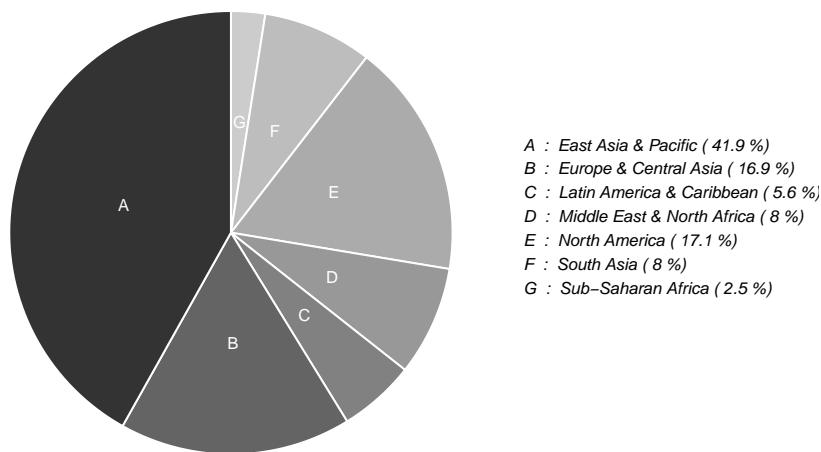
Proportion du CO₂ émis en 2015

FIG. 3.51 : Graphique en pointes de tarte

pointes de tarte en graphique en anneau (ou en beigne, pour ceux à la dent sucrée) :

```
# calculer la limite inférieure et supérieure du beigne
df$ymax <- cumsum(df$prop)
df$ymin <- c(0, head(df$ymax, n=-1))

# construire le graphique
plot1 <- ggplot(df, aes(ymax=ymax, ymin=ymin,
                         xmax=4, xmin=3,
                         y=prop, fill=code)) +
  geom_rect(stat="identity", color="white") +
  coord_polar("y", start=0) +
  theme_void() +
  theme(legend.position="none") +
  geom_text(aes(x = 3.5,y = ypos, label = code), color = "white", size=3) +
  scale_fill_grey()+
  xlim(c(2,4))+
  labs(title = "Proportion du CO2 émis en 2015")

# ajouter la légende
annotate_figure(plot1,right = text_grob(string_region, face = "italic", size = 8,
                                         just = "left", x = 0.05)) # position du texte
```

3.3 Graphiques spéciaux

Dans cette dernière section, nous allons aborder des graphiques plus rarement utilisés. Ils sont toutefois très utiles dans certains contextes du fait de leur capacité à synthétiser des informations complexes.

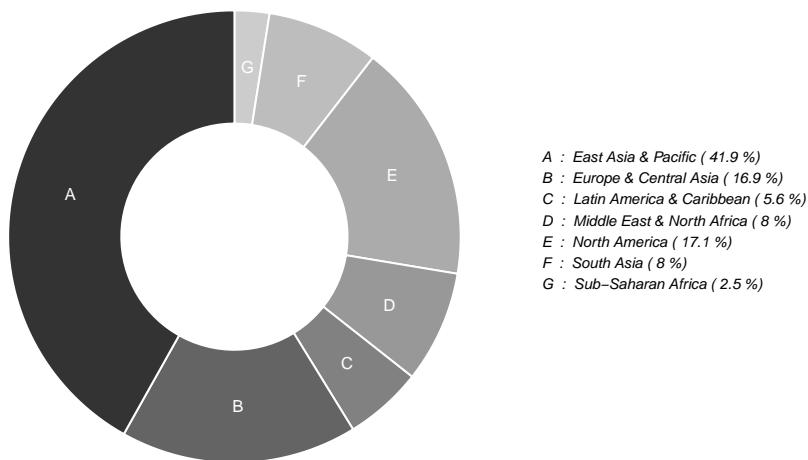
Proportion du CO₂ émis en 2015

FIG. 3.52 : Graphique en anneau

3.3.1 Graphique en radar

Les graphiques en radar (ou en toile d'araignée) sont utilisés pour comparer une série de variables continues pour plusieurs observations ou groupe d'observations. Chaque variable est associée à un axe et chaque observation est représentée avec un polygone. Prenons comme exemple les données de logement par secteur de recensement dans la région métropolitaine de Montréal en 2016. On pourrait souhaiter comparer la moyenne des pourcentages des différents types de logements pour les régions des Laurentides, de la Montérégie, de Laval, de Longueuil et de Montréal. Malheureusement, `ggplot2` ne permet pas de dessiner des graphiques en radar satisfaisants, nous devrons donc utiliser le package `fmsb`.

```
library(fmsb)
```

```
## Warning: package 'fmsb' was built under R version 4.0.3
```

```
##
## Attaching package: 'fmsb'
```

```
## The following objects are masked from 'package:DescTools':
##      CronbachAlpha, VIF
```

```
data <- read.csv('data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv', header = T, encoding = 'UTF-8')
```

```
# agrégeons les données au niveau des régions en calculant la moyenne des pourcentages
variables <- c("MaisonIndi", "App5Plus", "MaisRangee", "AppDuplex", "Proprio", "Locataire")
```

```

data_region <- data[c("Region",variables)] %>%
  group_by(Region) %>%
  summarise_all(.funs = list(mean))

# gérer le nom des colonnes pour ajuster les données aux besoins de
# la fonction radachart
new_names <- c("Region",paste(variables,"_mean",sep=""))
names(data_region) <- new_names
data_region <- data.frame(data_region)
rownames(data_region) <- data_region$Region
data_region$Region <- NULL

# ajouter deux lignes aux données avec les valeurs maximales et minimales
# de chaque colonne. Ces informations aideront la fonction radachart à
# dessiner chacun des axes du radar
data_chart <- rbind(apply(data_region,MARGIN = 2, FUN = max),
                     apply(data_region,MARGIN = 2, FUN = min),
                     data_region
                    )

# choix des couleurs pour l'intérieur des polygones (avec transparence)
couleurs <- c(
  rgb(0.94, 0.28, 0.44, 0.25),
  rgb(1.00, 0.82, 0.40, 0.25),
  rgb(0.02, 0.84, 0.63, 0.25),
  rgb(0.07, 0.54, 0.70, 0.25),
  rgb(0.03, 0.23, 0.30, 0.25)
)

# choix des couleurs pour l'intérieur des polygones (sans transparence)
couleurs_contour <- c(
  rgb(0.94, 0.28, 0.44),
  rgb(1.00, 0.82, 0.40),
  rgb(0.02, 0.84, 0.63),
  rgb(0.07, 0.54, 0.70),
  rgb(0.03, 0.23, 0.30)
)

# dessin du graphique
radarchart(data_chart,
            title = "Comparaison des types de logements dans la RMR",
            pcol = couleurs_contour, pfcol = couleurs,
            plwd = 2, plty=1,
            cglcol="grey", cglty=1, axislabcol="grey", cglwd=0.8,
            vlcex=0.8,
            vlabels = c("maison individuelle", "immeuble d'appartements",
                      "maison \nen rangée", "duplex",
                      "propriétaire", "locataire")
            )

# ajout d'une légende
legend(x=1.3, y=1, legend = rownames(data_chart[-c(1,2),]), bty = "n",
       pch=20 , col=couleurs , text.col = "black", cex=0.9, pt.cex=1.5)

```

Comparaison des types de logements dans la RMR

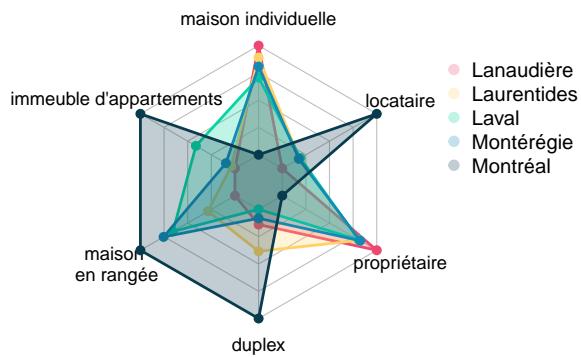


FIG. 3.53 : Graphique en anneau

À la lecture du graphique, on constate rapidement que l'île de Montréal a une situation très différentes des trois autres régions. Laval se ditingue également avec une part importante de logements dans des immeubles d'appartements. Ce type de graphique a pour objectif d'orienter le regard sur de potentielles différences dans un contexte multidimensionnelle, mais il comporte quelques inconvénients :

- Les échelles de chaque axe sont différentes. Il est donc essentiel de se rapporter aux valeurs exactes pour estimer si les écarts sont importants en termes absolus.
- La superposition de plusieurs polygones peut rendre la lecture difficile. Une alternative envisageable est de réaliser un graphique par polygone, mais cela prend beaucoup de place dans un document.
- L'utilisation de polygones donne parfois de fausses impressions d'écart. Dans le précédent graphique, l'œil est attiré en bas à gauche par le polygone de Montréal très différent des autres. Cependant, les écarts sur l'axe *maison en rangée* sont relativement petit comparativement à l'axe *locataire* situé à l'opposé.

3.3.2 Diagramme d'accord

Les diagrammes d'accord (*chord diagram* en anglais) sont utilisés pour représenter des échanges ou des connexions entre des entités. Il peut s'agir par exemple de marchandises importées / exportées entre pays, des messages envoyés entre utilisateurs de réseaux sociaux, de flux de population, etc. Reprenons nos données de *l'enquête origine destination de la région de Québec en 2017* pour illustrer le tout. Nous utiliserons le package **chorddiag**, très facile d'utilisation et produisant des graphiques interactifs, facilitant grandement la lecture de ce type de graphique. Cependant ce package ne fait pas partie du répertoire CRAN, nous devrons l'installer directement depuis *github* avec la fonction `devtools::install_github`.

```
devtools::install_github('mattflor/chorddiag')
```

```

library(chorddiag)

# chargement des données
matriceOD <- read.csv('data/graphique/Quebec_2017_OD_MJ.csv',
                      header = FALSE, sep = ';') # fichier csv sans entête

# transformation du dataframe en matrice
matriceOD <- as.matrix(matriceOD)
codes <- c('A','B','C','D','E','F','G','H','I','J','K','X')
secteurs <- c('Arr. de Beauport',
             'Arr. de Charlesbourg',
             'Arr. des Rivières',
             'Arr. de la Cité-Limoilou',
             'Arr. de la Haute-St-Charles',
             'Arr. de Sainte-Foy-Sillery-Cap-Rouge',
             'Arr. de Desjardins',
             'Arr. des Chutes-de-la-Chaudière-Est',
             'Arr. Les Chutes de la-Chaudière-Ouest',
             'Ceinture Nord',
             'Ceinture Sud',
             'Hors Territoire')

# ajout de noms aux colonnes et aux lignes de la matrice
rownames(matriceOD) <- secteurs
colnames(matriceOD) <- secteurs

#on supprime les trois secteurs Ceinture Nord, Sud et Hors territoire
#qui comprennent de toute façon peu de déplacements
mat <- matriceOD[1:8,1:8]

# choix aléatoire de couleurs pour les lignes
# col <- sample(colors(),nrow(mat),replace = F)

# choix de couleurs
col <- c("#a491d3", "#818aa3", "#C5DCA0", "#F5F2B8",
        "#F9DAD0", "#F45B69", "#22181C", "#5A0001")

# réalisation du graphique : sortie html
if(knitr:::is_html_output()){
  chorddiag(mat, groupColors = col, showTicks = F,
             type = 'bipartite', chordedgeColor = 'white',
             groupnameFontSize = 12, groupnamePadding = 5)
}

# pour la sortie pdf
if(knitr:::is_latex_output()){
  knitr:::include_graphics('images/magie_graphiques/chord_diagramme.png', dpi = NA)
}

```

Le graphique permet de remarquer que la plupart des flux s'effectuent au sein d'un même secteur. La majorité des déplacements se font au sein du secteur Sainte-Foy (segment rouge central). On peut cependant constater que les secteurs des Rivières, la cité Limoilou et Haute-Saint-Charle attirent une plus grande quantité et diversité de flux. Si vous lisez ce livre dans un navigateur web (et pas au format *pdf*), le graphique est interactif! En plaçant votre souris sur un lien, vous verrez s'afficher le nombre de

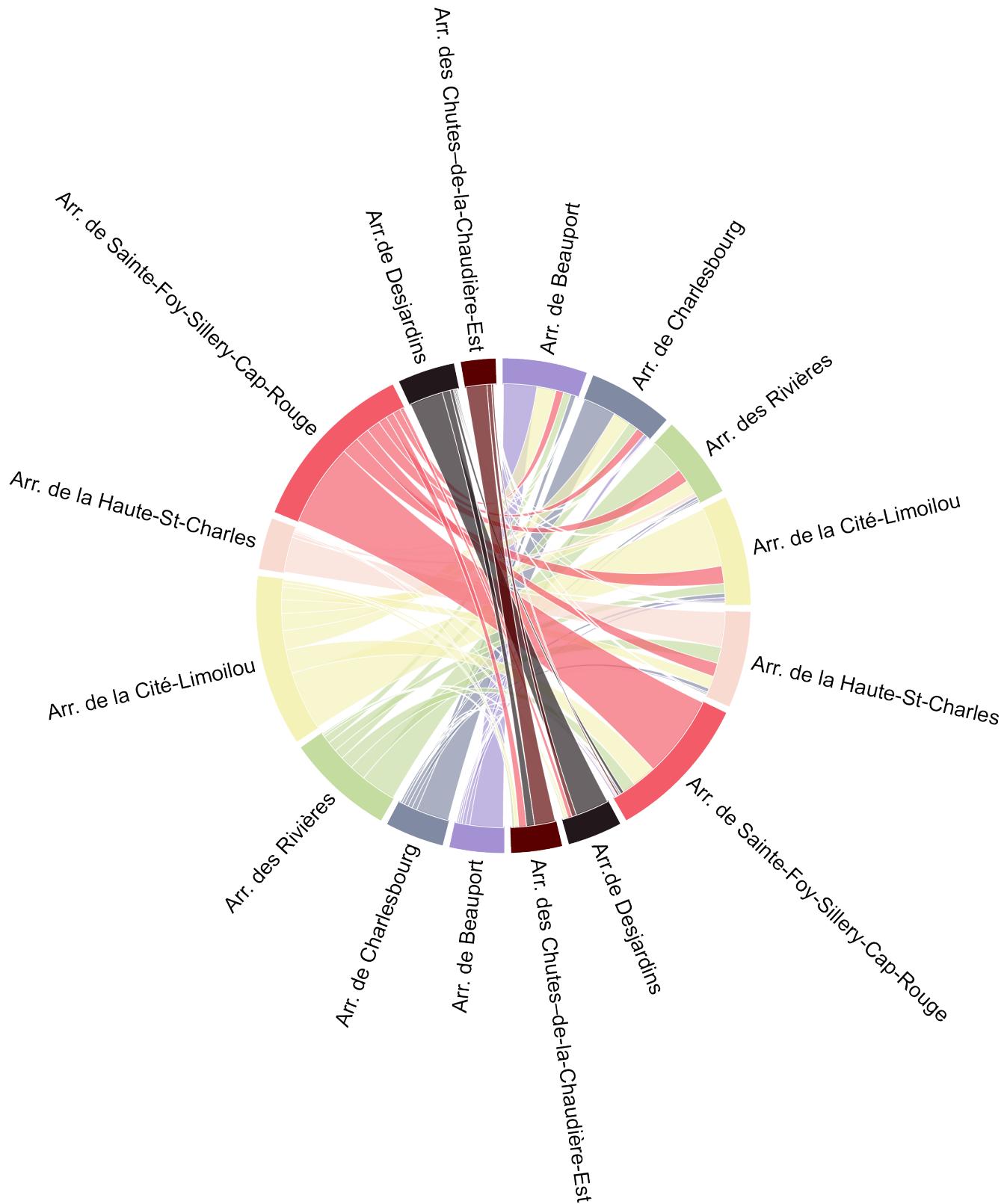


FIG. 3.54 : Diagramme d'accord

déplacements qu'il représente.

3.3.3 Nuage de mots

Un nuage de mots est un graphique utilisé en analyse de texte pour représenter les mots les plus importants d'un document. Mesurer l'importance des termes dans un document est une discipline à part entière (*Natural Language Processing*), nous proposons un simple exemple ici avec la méthode *TextRank* (basée sur la théorie des graphs) proposée par [Mihalcea and Tarau \(2004\)](#) et implémentée dans le package **textrank**. Nous aurons également besoin des packages **udpipe** (fournissant des dictionnaires linguistiques), **RColorBrewer** (pour sélectionner une palette de couleurs) et **wordcloud2** (pour générer le graphique). En guise d'exemple, nous avons choisi d'extraire les textes de deux Schémas d'Aménagement et de Développement (SAD), ceux des agglomérations de Québec et Montréal en vigueur en 2020. Il s'agit de deux documents de planification définissant les lignes directrices de l'organisation physique du territoire des municipalités régionales de comté (MRC) ou des agglomérations. Pour ces deux documents, nous nous concentrerons sur le chapitre portant sur les grandes orientations d'aménagement et de développement, soit les pages 30 à 135 pour Québec et 30 à 97 pour Montréal. Pour extraire les textes des fichiers pdf, nous utilisons le package **pdftools**.

Nous devons donc réaliser les étapes suivantes pour produire le nuage de mots :

1. Extraire les sections qui nous intéressent des fichiers *pdf*
2. Extraire le texte de ces sections
3. Retirer les caractères représentant les sauts de lignes et les sauts de paragraphes (\n et \r)
4. Concaténer tout le texte en une seule longue chaîne de caractère
5. Utiliser un dictionnaire pour déterminer la nature des mots du texte (noms, adjectifs, verbes, etc.)
6. Utiliser l'algorithme *TextRank* pour identifier les mots clefs
7. Nettoyer les erreurs potentielles parmi les mots clefs
8. Construire le nuage de mots.

Notez que toutes ces étapes de nettoyage ne seraient pas nécessaires si nous utilisions un simple fichier texte comme point de départ. Cependant, il est plus courant de rencontrer des fichiers *pdf*, cet exercice est donc davantage révélateur de la difficulté réelle de la réalisation d'un nuage de mots.

```
library(wordcloud2)
library(udpipe)
library(RColorBrewer)
library(pdftools)
library(textrank)

# Étape 1 : extraire les sections pertinentes des fichiers pdf
extrait_qc <- pdf_subset("data/graphique/SAD_quebec.pdf", pages = c(30:135),
                         output = "data/graphique/SAD_quebec_ext.pdf")
extrait_mtl <- pdf_subset("data/graphique/SAD_montreal.pdf", pages = c(30:97),
                          output = "data/graphique/SAD_montral_ext.pdf")

# Étape 2 : extraire le texte des fichiers pdf sous forme de vecteur de texte
file_qc <- pdf_text(extrait_qc)
file_mtl <- pdf_text(extrait_mtl)

# Étape 3 : retirer les saut de lignes et les paragraphes
```

```

file_qc <- gsub("\r","",x = file_qc)
file_qc <- gsub("\n","",x = file_qc)

file_mtl <- gsub("\r","",x = file_mtl)
file_mtl <- gsub("\n","",x = file_mtl)

# Étape 4 : créer une seule longue chaîne de caractères
# à partir des vecteurs de texte
text_qc <- paste(file_qc, collapse = " ")
text_mtl <- paste(file_mtl, collapse = " ")

# charger le modèle linguistique français
model <- udpipe_load_model('data/graphique/french-sequoia-ud-2.4-190531.udpipe')

# pour télécharger le modèle si ce n'est pas encore fait :
# model <- udpipe_download_model("french-sequoia")
# model <- udpipe_load_model(model)

# Etape 5 : Analyse de la nature des mots du texte avec le dictionnaire fr
# On obtient des dataframes décrivant les mots des textes
annote_qc <- udpipe_annotate(model, text_qc)
df_qc <- data.frame(annote_qc)

annote_mtl <- udpipe_annotate(model, text_mtl)
df_mtl <- data.frame(annote_mtl)

# Etape 6 : Utilisation de la méthode TextRank
stats_qc <- textrank_keywords(df_qc$lemma,
                               relevant = df_qc$upos %in% c("NOUN", "ADJ"), ngram_max=2)

stats_mtl <- textrank_keywords(df_mtl$lemma,
                               relevant = df_mtl$upos %in% c("NOUN", "ADJ"), ngram_max=2)

# Etape 7 : Nettoyer les coquilles dans les mots clefs
# NB : nous faisons ici le choix de garder des mots clefs uniques (ngram == 1)
# il serait aussi possible de garder des associations de plusieurs mots
dfstats_qc <- subset(stats_qc$keywords, stats_qc$keywords$ngram == 1 &
                        nchar(stats_qc$keywords$keyword)>2)
dfstats_qc$keyword <- gsub("d'","",dfstats_qc$keyword,fixed = T)
dfstats_qc$keyword <- gsub("l'","",dfstats_qc$keyword,fixed = T)

dfstats_mtl <- subset(stats_mtl$keywords, stats_mtl$keywords$ngram == 1 &
                        nchar(stats_mtl$keywords$keyword)>2)
dfstats_mtl$keyword <- gsub("d'","",dfstats_mtl$keyword,fixed = T)
dfstats_mtl$keyword <- gsub("l'","",dfstats_mtl$keyword,fixed = T)

# Etape 8 : Réaliser les nuages de mots
couleurs <- sample(brewer.pal(12, "Paired")) # mise en désordre des couleurs

wordcloud2(data = dfstats_mtl[c("keyword", "freq")],
           color = couleurs, size = 0.5, shuffle = F)

wordcloud2(data = dfstats_qc[c("keyword", "freq")],
           color = couleurs, size = 0.6, shuffle = F)

```



FIG. 3.55 : Nuage de mots pour le SAD de Montréal

Notez qu'à chaque génération du nuage de mots, vous obtiendrez une disposition différente. N'hésitez pas à en essayer plusieurs jusqu'à trouver celle qui vous semble optimale.

3.3.4 Treemaps

Un *treemap* est un graphique permettant de représenter une quantité partagée entre plusieurs observations structurées dans une hiérarchie de groupe. Le jeu de données portant sur les émissions de CO₂ se prête tout à fait à une représentation par *treemaps*. La variable de quantité est bien sûr les émissions de CO₂ par pays; ces pays sont regroupés dans un premier ensemble de régions (découpage en 23 régions), qui elles-mêmes sont regroupées dans des régions plus larges (découpage en sept régions). Pour construire un *treemap*, nous allons utiliser le package **treemap**.

```
library(treemap)
library(RColorBrewer)

# extraire les données de CO2 en 2015
data_co2_2015 <- subset(data_co2,data_co2$year == "2015" & ! is.na(data_co2$region7))

# construire le treemap

treemap(data_co2_2015, index=c("region7","region23"),
```



FIG. 3.56 : Nuage de mots pour le SAD de Québec

```

vSize="CO2_kt", type="index",
title = "CO2 rejetés par pays en 2015",
fontsize.labels=c(12,8), # taille des étiquettes
fontcolor.labels=c("white","black"), # couleur des étiquettes
fontface.labels=c(2,1), # style des polices
bg.labels=c("transparent"), # arrière plan des étiquettes
align.labels=list(
  c("center", "center"),
  c("right", "bottom")
), # localisation des étiquettes dans les boîtes
overlap.labels=0.5, # tolérance de superposition
inflate.labels=F, # agrandir la taille des étiquettes ou non
palette = brewer.pal(7,'Paired')

```

3.4 Les cartes

Toute comme un graphique, une carte est aussi une illustration visuelle, avec la généralisation des données géographiques, il peut être utile de savoir représenter ce type de données. Si R n'est pas un logiciel de cartographie, il est possible de réaliser des cartes assez facilement, directement avec **ggplot2**. Nous

CO2 rejetés par pays en 2015

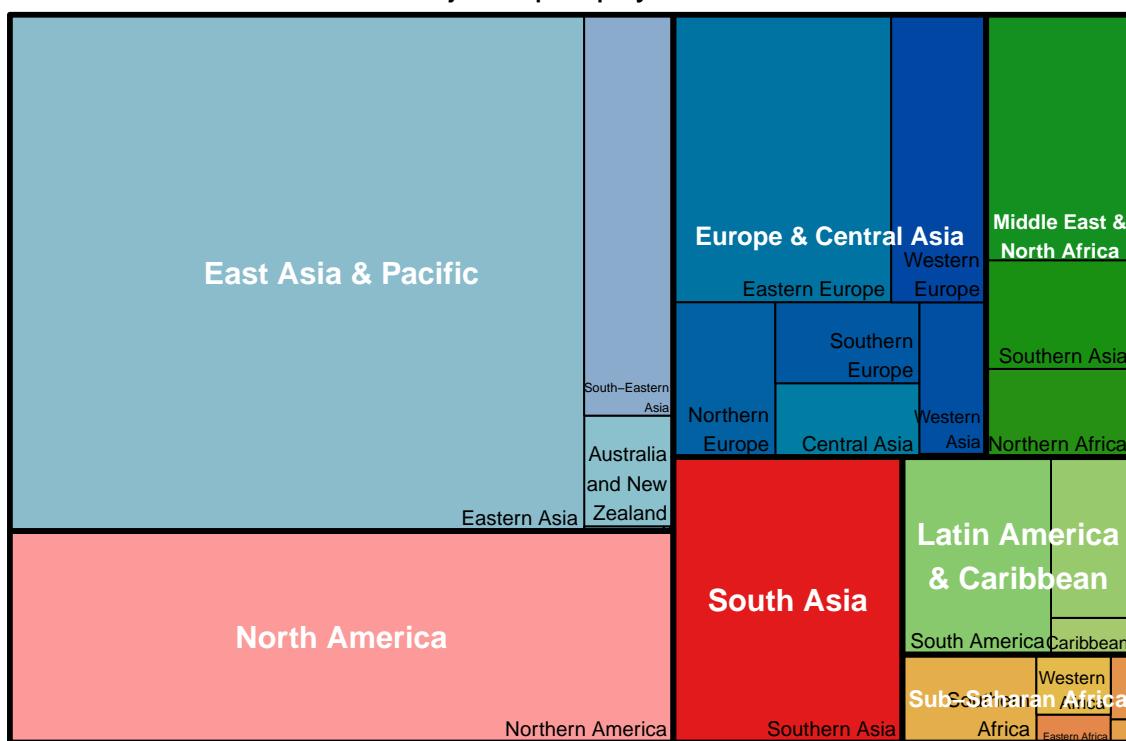


FIG. 3.57 : Treemap

avons cependant une préférence pour le package **tmap** qui propose de nombreuses fonctionnalités. Pour tracer des cartes, **tmap** et **ggplot2** ont besoin d'utiliser un format de données comprenant la géométrie (polyones, lignes ou points), la localisation et le système de projection des entités spatiales étudiées. Le format de fichier le plus courant pour ce type de données est le *shapefile* (.shp), mais vous pourrez parfois croiser des fichiers *geojson* (.js), ou encore *geopackages* (.gpkg). Pour lire ces fichiers, il est possible d'utiliser la fonction *readOGR* du package **rgdal**, ou la fonction *st_read* du package **sf**. Notez ici que ces deux fonctions ne produisent pas des *DataFrame*, mais respectivement un *SpatialDataFrame* et un objet *sf* (*simple feature collection*). Sans rentrer dans les détails, sachez que deux *packages* permettent de manipuler des objets spatiaux dans R : le traditionnel **sp** (avec les *SpatialDataFrame*) et le plus récent **sf** (avec les objets du même nom). Il est assez facile de convertir un objet de **sp** vers **sf** (et inversement) et cette opération est souvent nécessaire car de nombreux *packages* dédiés à l'analyse spatiale utilisent l'un ou l'autre des formats. Dans le cas de **tmap**, des objets de **sp** et de **sf** peuvent être utilisés sans distinction. En revanche, pour cartographier directement avec **ggplot2**, il est plus facile d'utiliser un objet de type *sf*.

Une carte thématique permet de représenter la répartition spatiale de variables qualitatives ou quantitatives. On les distingue des cartes topographiques dont l'objectif est de représenter la localisation d'objets spécifiques (route, habitation, rivière, lac, etc.). Les premières sont relativement faciles à construire dans R car elles se limitent à quelques symboles relativement peu complexes. Pour les secondes, on préférera généralement un logiciel comme QGis⁶.

Créons une carte thématique à partir des données de densité de végétation sur l'Île de Montréal avec les packages **ggplot2** puis **tmap**.

Avec **ggplot2**, nous aurons aussi besoin des *packages* **classInt** pour calculer les intervalles des classes et

⁶<https://qgis.org/en/site/>

de **ggsn** pour afficher une échelle.

```

library(sf)
library(classInt)
library(ggsn)

# chargement des données
spatialdf <- st_read("data/bivariee/IlotsVeg2006.shp")

## Reading layer `IlotsVeg2006' from data source `C:\Users\GelbJ\Documents\Livre_PAJG\data\bivariee\IlotsVeg2006.shp'
## Simple feature collection with 10213 features and 12 fields
## geometry type:  MULTIPOLYGON
## dimension:      XY
## bbox:            xmin: 267518.7 ymin: 5029292 xmax: 306663.7 ymax: 5062652
## projected CRS: NAD83 / MTM zone 8

# création d'une discréétisation en 7 classes égales
values <- c(max(spatialdf$ArbPct)+0.01, spatialdf$ArbPct)

quant <- classIntervals(values, n = 7,
                         style = "quantile",
                         intervalClosure = 'right')

spatialdf$class_col <- cut(spatialdf$ArbPct, breaks = quant$brks, right = F)

# cartographie avec ggplot2
ggplot(data = spatialdf) +
  geom_sf(aes(fill = class_col), color = rgb(0,0,0))+
  scale_fill_brewer(palette = "Greens")+
  labs(title = "Végétation dans les îlots de recensement",
       'fill' = 'Densité de la canopée (%)')+
  theme(axis.line=element_blank(), axis.text.x=element_blank(),
        axis.text.y=element_blank(), axis.ticks=element_blank(),
        axis.title.x=element_blank(), axis.title.y=element_blank(),
        panel.background=element_blank(),
        panel.border=element_blank(), panel.grid.major=element_blank(),
        panel.grid.minor=element_blank(), plot.background=element_blank(),
        legend.key.size = unit(0.5, "cm"))+
  scalebar(spatialdf, dist = 5, st.size=3, height=0.01, model = 'WGS84',
           dist_unit = "km", transform = F, location = 'bottomright')

```

Il est possible d'arriver à un résultat similaire avec **tmap** avec moins de code!

```

library(tmap)

colors <- brewer.pal(7,"Greens")

```

Végétation dans les îles de recensement

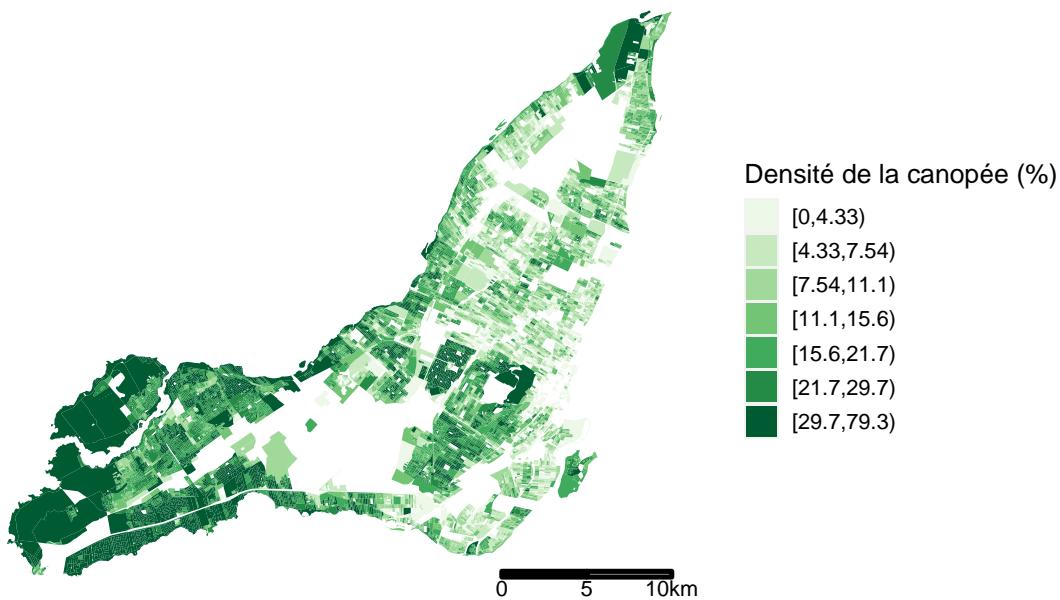


FIG. 3.58 : Carte thématique avec ggplot2

```
tm_shape(spatialdf) +
  tm_polygons("ArbPct", palette = colors, border.alpha = 0,
              n = 7, style = 'quantile',
              title = 'Densité de la canopée (%)') +
  tm_scale_bar(breaks = c(0,5,10)) +
  tm_layout(title = "Végétation dans les îles de recensement",
            attr.outside = TRUE, frame = FALSE)
```

Les graphiques créés par **tmap** ne peuvent malheureusement pas être combinés avec la fonction **ggarrange**, mais **tmap** dispose de sa propre fonction **tmap_arrange** si vous souhaitez combiner plusieurs cartes.

```
library(tmap)

colors <- brewer.pal(7,"Greens")

colors2 <- brewer.pal(7,"Reds")

carte1 <- tm_shape(spatialdf) +
  tm_polygons("ArbPct", palette = colors, border.alpha = 0,
              n = 7, style = 'quantile',
              title = 'Densité de la canopée (%)') +
  tm_scale_bar(breaks = c(0,5,10)) +
  tm_layout(attr.outside = TRUE, frame = FALSE)
```

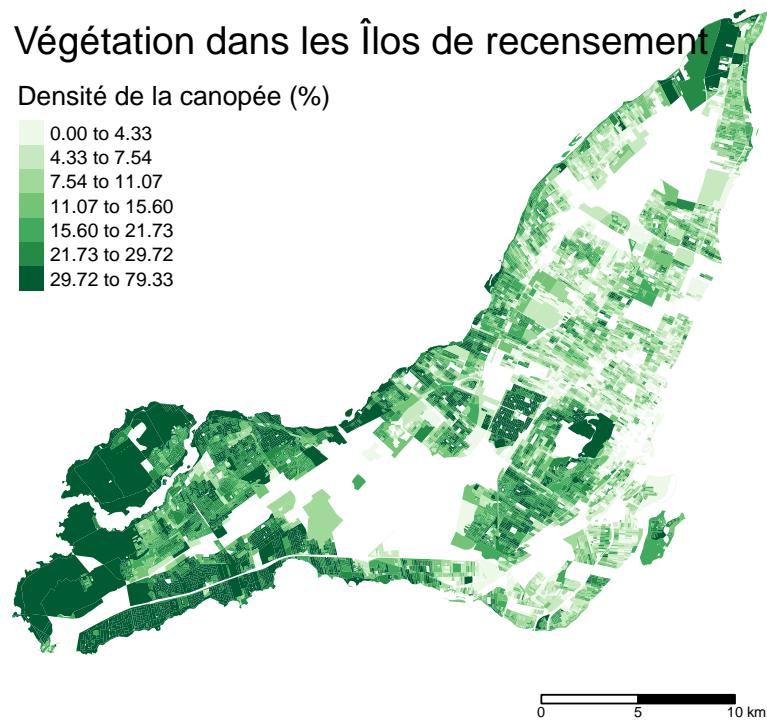


FIG. 3.59 : Carte thématique avec tmap

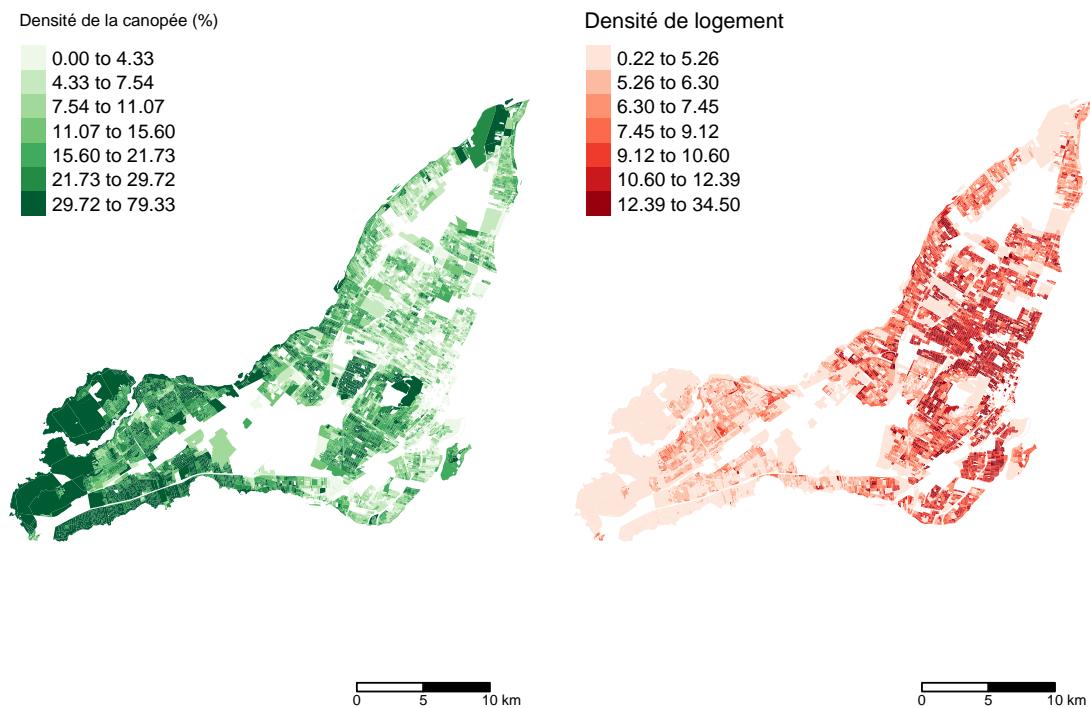
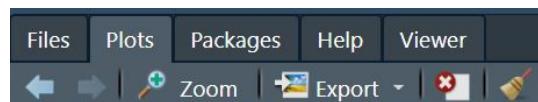
```
carte2 <- tm_shape(spatialdf) +
  tm_polygons("LogDens", palette = colors2, border.alpha = 0,
              n = 7, style = 'quantile',
              title = 'Densité de logement') +
  tm_scale_bar(breaks = c(0,5,10)) +
  tm_layout(attr.outside = TRUE, frame = FALSE)

tmap_arrange(carte1, carte2, ncol = 2)
```

3.5 Exporter des graphiques

Tous les graphiques que nous avons construits dans ce chapitre peuvent être exportés assez facilement. Dans RStudio, vous pouvez directement cliquer sur le bouton *export* (figure 3.60) pour enregistrer votre figure au format image (raster) ou au format PDF (vecteur). Notez qu'avec la seconde option, vous pourrez retoucher votre graphique avec un logiciel externe comme *Inkscape* ou *Illustrator*, ce qui est souvent nécessaire.

Lorsque vous créez un graphique avec **ggplot2**, il est aussi possible de l'exporter avec la fonction `ggsave`. Cette fonctionnalité est très pratique lorsque vous souhaitez automatiser la production de graphiques et ne pas avoir à tous les exporter à la main. Pour en apprendre plus sur l'automatisation de tâches dans R, référez-vous au chapitre XXX.

**FIG. 3.60 :** Combiner des cartes avec tmap**FIG. 3.61 :** Exporter un graphique dans RStudio

```
data(iris)

plot1 <- ggplot() +
  geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris)

ggsave(filename = 'graphique.pdf',
       path = 'mon/dossier',
       plot = plot1,
       width = 10, height = 10, units = "cm")
```

Pour les graphiques n'étant pas réalisés avec **ggplot2**, l'alternative à la fonction **ggsave** est l'ensemble de fonctions **png**, **bmp**, **jpeg**, **tiff** et **pdf**, qui permettent d'exporter n'importe quel graphique dans ces différents formats. Le processus comprend trois étapes :

1. Ouvrir une connexion vers le fichier dans lequel le graphique sera exporté avec une des fonctions **png**, **bmp**, **jpeg**, **tiff** et **pdf**.
2. Réaliser son graphique comme si on souhaitait l'afficher dans RStudio. Il n'apparaîtra cependant pas, car il sera écrit dans le fichier en question à la place.
3. Fermer la connexion au fichier avec la fonction **dev.off** pour définitivement enregistrer le graphique.

```

data(iris)

# 1. Ouvrir la connexion
png(filename = 'mon/dossier/graphique.png')

# 2. Afficher le graphique
ggplot() +
geom_point(mapping = aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width), data = iris)

# 3. fermer la connexion
dev.off()

```

3.6 Conclusion sur les graphiques

Vous avez pu constater que les capacités de représentation graphique de R sont vastes et pourtant nous n'avons fait qu'observer la partie émergée de l'iceberg dans ce chapitre. Il est également possible de réaliser de la visualisation en 3D dans R (**plot3D**, **rgl**), d'animer des graphiques pour en faire des *GIF* ou des vidéos (**ganimate**), de rendre des graphiques interactifs, ou même de construire des plateformes de visualisation de données disponibles en ligne (**shiny**). Vous continuerez à découvrir de nouvelles formes de représentations au fur et à mesure de votre pratique, en apprenant de nouvelles méthodes nécessitant des visualisations spécifiques.

Voici également deux références très utiles qui nous ont notamment aidé à construire ce chapitre :

- The R Graph Gallery⁷, probablement LE site web proposant le plus de matériel sur comment réaliser des graphiques dans R.
- Data to viz⁸, si vous ne savez pas quel graphique pourrait le mieux correspondre à vos données, Data to viz est là pour vous aider. Vous y trouverez un arbre de décision pour vous indiquer quel graphique utiliser dans quelle situation, ainsi que de nombreux conseils sur la visualisation de données.

⁷<https://www.r-graph-gallery.com/>

⁸<https://www.data-to-viz.com/>

Troisième partie

Analyses bivariées

Chapitre 4

Analyses bivariées

Dans ce chapitre, nous présentons les principales méthodes exploratoires et confirmatoires bivariées permettant d'évaluer la relation entre deux variables, et ce, en fonction de leur type : deux variables quantitatives, deux variables qualitatives ou encore une variable quantitative *versus* une variable qualitative (comprenant deux modalités ou plus de deux modalités) (figure 4.1).

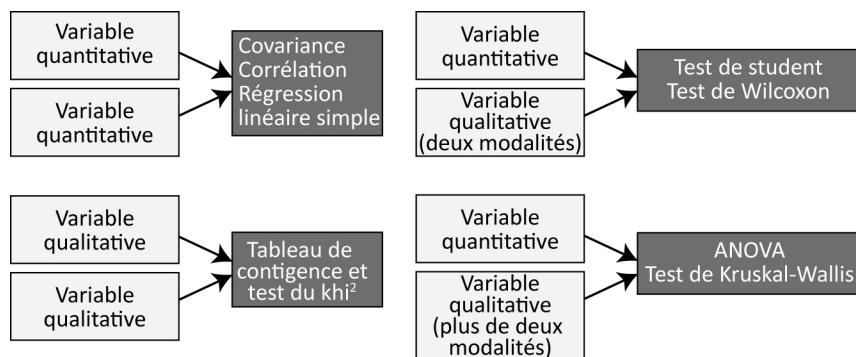


FIG. 4.1 : Les principales méthodes bivariées

Plus spécifiquement, nous présenterons puis mettrons en œuvre dans le logiciel les méthodes suivantes : covariance, corrélation et régression linéaire simple (entre deux variables quantitatives, section 4.1), tableau de contingence et test du χ^2 (entre deux variables qualitatives, section 4.2), t de student (test *t*) et test de Wilcoxon (entre une variable quantitative et une variable qualitative comprenant deux modalités, section 4.3), et analyse de variance et test de Kruskal-Wallis (entre une variable quantitative et une variable qualitative comprenant plus de deux modalités, section 4.4).



Dans cette section, nous utiliserons principalement les *packages* suivants :

- Pour créer des graphiques :
 - * **ggplot2**, le seul, l'unique
 - * **ggsignif**, pour combiner des graphiques et réaliser des diagrammes quantiles-quantiles
- Pour manipuler des données :
 - * **dplyr**, avec les fonctions *group_by*, *summarize* et les pipes `%>%`
- Pour les corrélations (section 4.1.1) :
 - * **correlation**, de l'ensemble de package **easy_stats**, offrant une large gamme de méthodes de corrélations

- * **boot** pour réaliser des corrélations avec *bootstrap*
- * **Hmisc** pour calculer des corrélations de Pearson et Spearman
- * **ppcor**, notamment pour des corrélations partielles
- * **psych** pour obtenir une matrice de corrélation (Pearson, Spearman et Kendall), les intervalles de confiance et les valeurs de p.
- * **stargazer** pour créer des beaux tableaux d'une matrice de corrélation en Html ou en LaTeX ou en ASCII.
- * **corrplot**, pour créer des graphiques de matrices de corrélation
- Pour le tableau de contingence (section 4.1.2) :
 - * **gmodels**, pour construire des tableaux de contingence et calculer les tests t et ses différentes variantes (section 4.2.4)
 - * **vcd**, pour construire un graphique pour un tableau de contingence ((section 4.2.4))
- Pour les test t :
 - * **sjstats** pour réaliser des test t pondérés
 - * **effectsize**, pour calculer les tailles d'effet de tests de t
- Pour la section sur les ANOVA (section 4.4.1) :
 - * **car**, pour les ANOVA classiques
 - * **lmtest** pour le test de Breusch-Pagan d'homogénéité des variances
 - * **rstatix**, intégrant de nombreux tests classiques (comme le test de Shapiro) avec **tidyverse**

4.1 Relation linéaire entre deux variables quantitatives



Deux variables continues varient-elles dans le même sens ou bien en sens contraire? Répondre à cette question est une démarche exploratoire classique en sciences sociales puisque les données socioéconomiques sont souvent associées linéairement. En d'autres termes, lorsque l'une des deux variables tant à augmenter, la seconde augmente également ou diminue systématiquement.

En études urbaines, on pourrait vouloir vérifier si certaines variables socioéconomiques sont associées positivement ou négativement à des variables environnementales jugées positives (comme la couverture végétale ou des mesures d'accessibilité spatiale aux parcs) ou négatives (pollutions atmosphériques et sonores).

Par exemple, au niveau des secteurs de recensement d'une ville canadienne ou américaine, on pourrait vouloir vérifier si le revenu médian des ménages ou encore le coût moyen du loyer varient dans le même sens que la couverture végétale; ou au contraire, en sens inverse des niveaux moyens de dioxyde d'azote ou de bruit routier.

Pour évaluer la linéarité entre deux variables continues, deux statistiques descriptives sont utilisées : la **covariance** (section 4.1.2) et la **corrélation** (section 4.1.3).

4.1.1 Bref retour sur le postulat de la relation linéaire

Vérifier le postulat de la linéarité consiste à évaluer si deux variables quantitatives varient dans le même sens ou bien en sens contraire. Toutefois, la relation entre deux variables quantitatives n'est pas forcément linéaire. En guise d'illustration, la figure 4.2 permet de distinguer quatre types de relations :

- le cas a illustre une relation linéaire positive entre les deux variables puisqu'elles vont dans le même sens. Autrement dit, quand les valeurs de X augmentent, celles de Y augmentent aussi. En guise

d'exemple, pour les secteurs de recensement d'une métropole donnée, il est fort probable que le coût moyen du loyer soit associé positivement avec le revenu médian des ménages. Graphiquement parlant, il est clair qu'une droite dans ce nuage de points résumerait efficacement la relation entre ces deux variables.

- le cas **b** illustre une relation linéaire négative entre les deux variables puisqu'elles vont en sens inverse. Autrement dit, quand les valeurs de X augmentent, celles de Y diminuent, et inversement. En guise d'exemple, pour les secteurs de recensement d'une métropole donnée, il est fort probable que le revenu médian des ménages soit associé négativement avec le taux de chômage. De nouveau, une droite résumerait efficacement cette relation.
- pour le cas **c**, il y a une relation entre les deux variables, mais qui n'est pas linéaire. Le nuage de points entre les deux variables prend d'ailleurs une forme parabolique qui traduit une relation curvilinéaire. Concrètement, on observe une relation positive jusqu'à un certain seuil, puis une relation négative.
- pour le cas **d**, la relation entre les deux variables est aussi curvilinéaire; d'abord négative, puis positive.

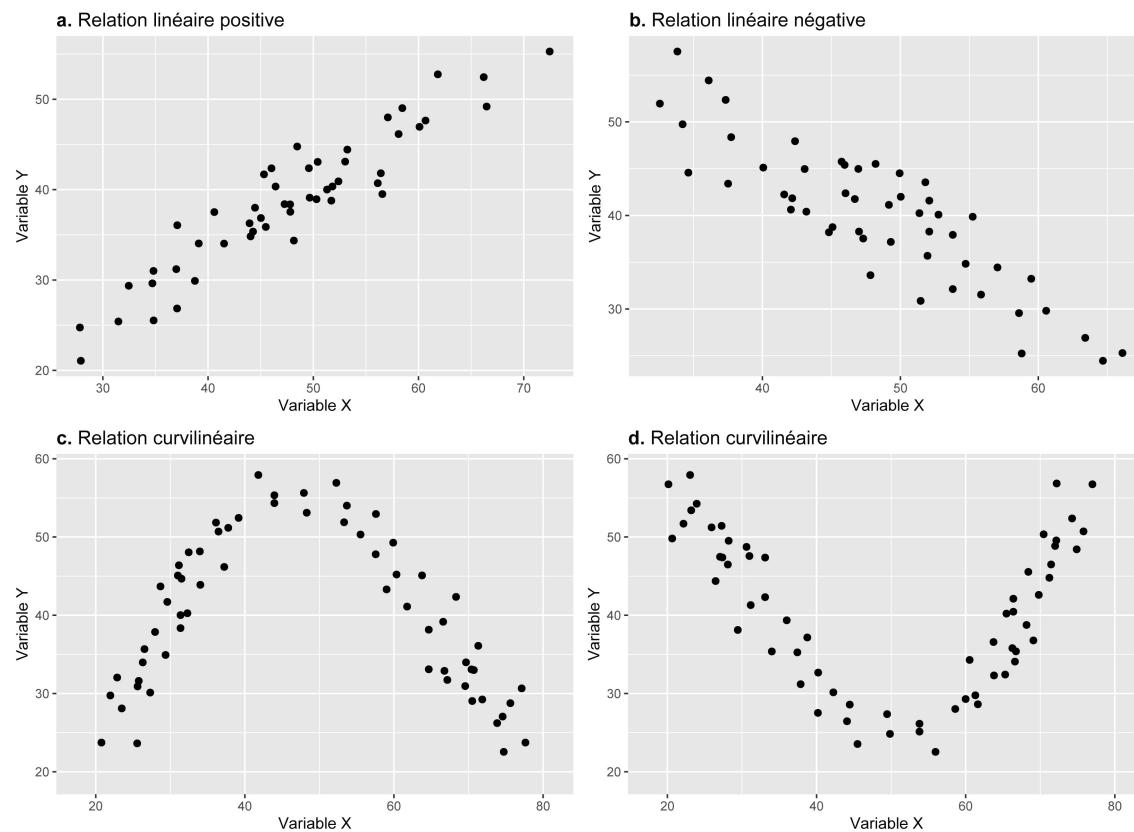


FIG. 4.2 : Relations linéaires et curvilinéaires entre deux variables continues

Prenons un exemple concret. Dans une étude portant sur l'équité environnementale et la végétation à Montréal, Pham *et al.* (2012) ont montré qu'il existe une relation curvilinéaire entre l'âge médian des bâtiments résidentiels (axe des abscisses) et les couvertures végétales (axes des ordonnées) :

- la couverture de la végétation totale et celle des arbres augmentent quand l'âge médian des bâtiments croît jusqu'à atteindre un pic autour de 60 ans (autour de 1950). On peut supposer

que les secteurs récemment construits, surtout ceux dans les banlieues, présentent des niveaux de végétation plus faibles. Au fur et au fur que le quartier vieillit, les arbres plantés lors du développement résidentiel deviennent matures — canopée plus importante —, d'où l'augmentation des valeurs de la couverture végétale totale et de celle des arbres.

- Par contre, dans les secteurs développés avant les années 1950, la densité du bâti est plus forte, laissant ainsi moins de place pour la végétation, ce qui explique une diminution des variables relatives à la couverture végétale (figure 4.3).

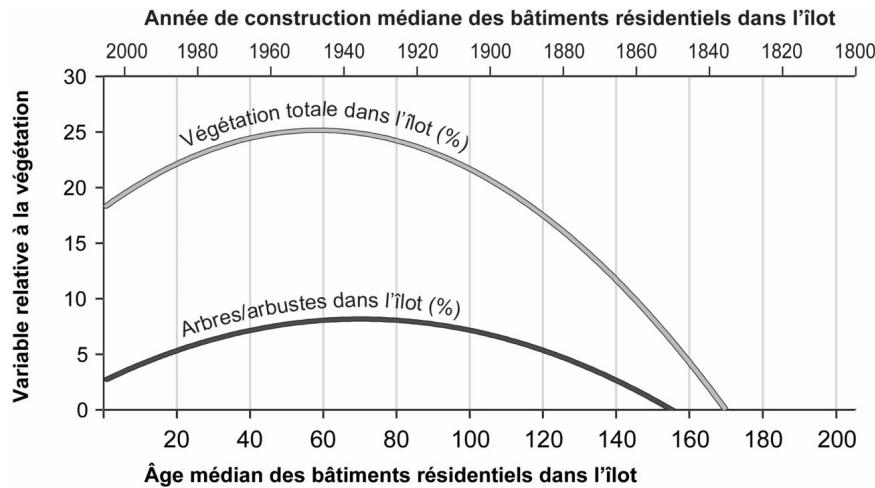


FIG. 4.3 : Exemples de relations curvilinéaires

Dans les sous-sections suivantes, nous décrirons deux statistiques descriptives et exploratoires – la covariance (section 4.1.2) et la corrélation (section 4.1.3) – utilisées pour évaluer la **relation linéaire** entre deux variables continues. Ces deux mesures permettent de mesurer le degré d'association entre deux variables, sans que l'une soit la variable dépendante (variable à expliquer) et l'autre, la variable dépendante (variable explicative). Puis, nous décrirons la régression linéaire simple (section 4.1.4) qui permet justement de prédire une variable dépendante (Y) à partir d'une variable indépendante (X).

4.1.2 Covariance

4.1.2.1 Formulation

La covariance (eq. (4.1)), écrite $cov(x, y)$, est égale à la moyenne du produit des écarts des valeurs des deux variables par rapport à leurs moyennes respectives :

$$cov(x, y) = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{n - 1} = \frac{covariation}{n - 1} \quad (4.1)$$

avec n étant le nombre d'observations; \bar{x} et \bar{y} (prononcez x et y barre) étant les moyennes respectives des variables X et Y .

4.1.2.2 Interprétation

Le numérateur de l'équation (4.1) représente la covariation, soit la somme du produit des déviations des valeurs x_i et y_i par rapport à leurs moyennes respectives (\bar{x} et \bar{y}). La covariance est donc la covariation

divisée par le nombre d'observations, soit la moyenne de la covariation. Sa valeur peut être positive ou négative :

- positive quand les deux variables varient dans le même sens, c'est-à-dire que lorsque les valeurs de la variable X s'éloignent de la moyenne, les valeurs de Y s'éloignent aussi dans le même sens; et négative pour une situation inverse.
- Quand la covariance est égale à 0, il n'y a pas de relation entre les variables X et Y. Plus sa valeur absolue est élevée, plus la relation entre les deux variables X et Y est importante.

Ainsi, la covariance correspond à un centrage des variables, c'est-à-dire à soustraire à chaque valeur de la variable sa moyenne correspondante. L'inconvénient majeur de l'utilisation de la covariance est qu'elle est tributaire des unités de mesure des deux variables. Par exemple, si nous calculons la covariance entre le pourcentage de personnes à faible revenu et la densité de population (habitants au km²) au niveau des secteurs de recensement de la région métropolitaine de Montréal, nous obtenons une valeur de covariance de 34934. En revanche, si la densité de population est exprimée en milliers d'habitants au km², la valeur de la covariance sera de 34,934, alors que la relation linéaire entre les deux variables reste la même tel qu'illustre à la figure 4.4. Pour remédier à ce problème, on privilégie l'utilisation du coefficient de corrélation.

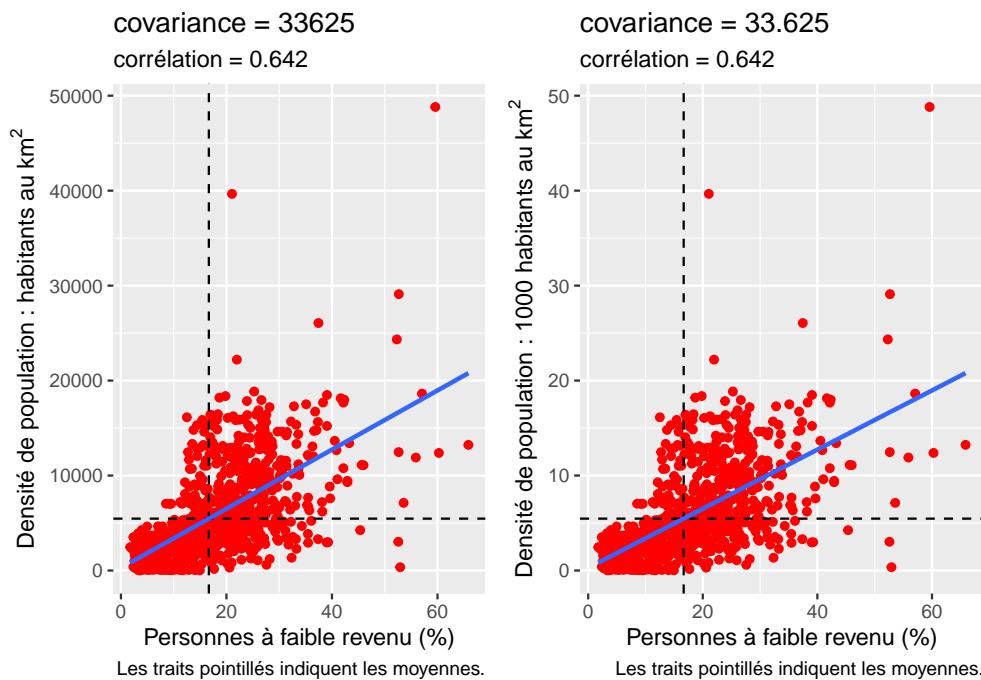


FIG. 4.4 : Covariance et unités de mesure

4.1.3 Corrélation

4.1.3.1 Formulation

Le coefficient de corrélation de Pearson (r) est égal à la covariance (numérateur) divisée par le produit des écart-types des deux variables X et Y (dénominateur). Il représente une standardisation de la covariance. Autrement dit, le coefficient de corrélation repose sur un centrage (moyenne = 0) et une

réduction (variance = 1) des deux variables, c'est-à-dire à soustraire à chaque valeur sa moyenne correspondante et à la diviser par son écart-type. Il correspond ainsi à la moyenne du produit des deux variables centrées réduites. Il s'écrit alors :

$$r_{xy} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{(n-1)\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2(y_i - \bar{y})^2}} = \sum_{i=1}^n \frac{ZxZy}{n-1} \quad (4.2)$$

La syntaxe ci-dessous démontre que le coefficient de corrélation de Pearson est bien égal à la moyenne du produit de deux variables centrées-réduites.

```
library("MASS")
N <- 1000      # nombre d'observations
moy_x <- 50    # moyenne de x
moy_y <- 40    # moyenne de y
sd_x <- 10     # écart-type de x
sd_y <- 8      # écart-type de y
rxy <- .80 # corrélation entre X et Y
## création de deux variables fictives normalement distribuées et corrélées entre elles
# Création d'une matrice de covariance
cov <- matrix(c(sd_x^2, rxy*sd_x*sd_y, rxy*sd_x*sd_y, sd_y^2), nrow=2)
# Création du tableau de données avec deux variables
df <- as.data.frame(mvrnorm(N, c(moy_x, moy_y), cov))
# Centrage et réduction des deux variables
df$zV1 <- scale(df$V1, center = TRUE, scale = TRUE)
df$zV2 <- scale(df$V2, center = TRUE, scale = TRUE)
# Corrélation de Pearson
cor1 <- cor(df$V1, df$V2)
# Moyenne du produit des variables centrées-réduites
cor2 <- sum(df$zV1*df$zV2) / (nrow(df)-1)
cat("Corrélation de Pearson = ", round(cor1,5),
    "\nMoyenne du produit des variables centrées-réduites =", round(cor2,5))

## Corrélation de Pearson =  0.80784
## Moyenne du produit des variables centrées-réduites = 0.80784
```

4.1.3.2 Interprétation

Le coefficient de corrélation r varie de -1 à 1 avec :

- 0 quand il n'y a pas de relation linéaire entre les variables X et Y
- -1 quand il y a une relation linéaire négative parfaite
- et 1 quand il y a une relation linéaire positive parfaite.

Concrètement, le signe du coefficient de corrélation indique si la relation est positive ou négative et la valeur absolue du coefficient indique le degré d'association entre les deux variables. Reste à savoir comment déterminer qu'une valeur de corrélation est faible, moyenne ou forte. En sciences sociales, on utilise habituellement les intervalles de valeurs reportées au tableau 4.1. Toutefois, ces seuils sont tout à fait arbitraires. En effet, dépendamment de la discipline de recherche (sciences sociales, sciences de la santé, sciences physiques, etc.), et des variables à l'étude, l'interprétation d'une valeur de corrélation

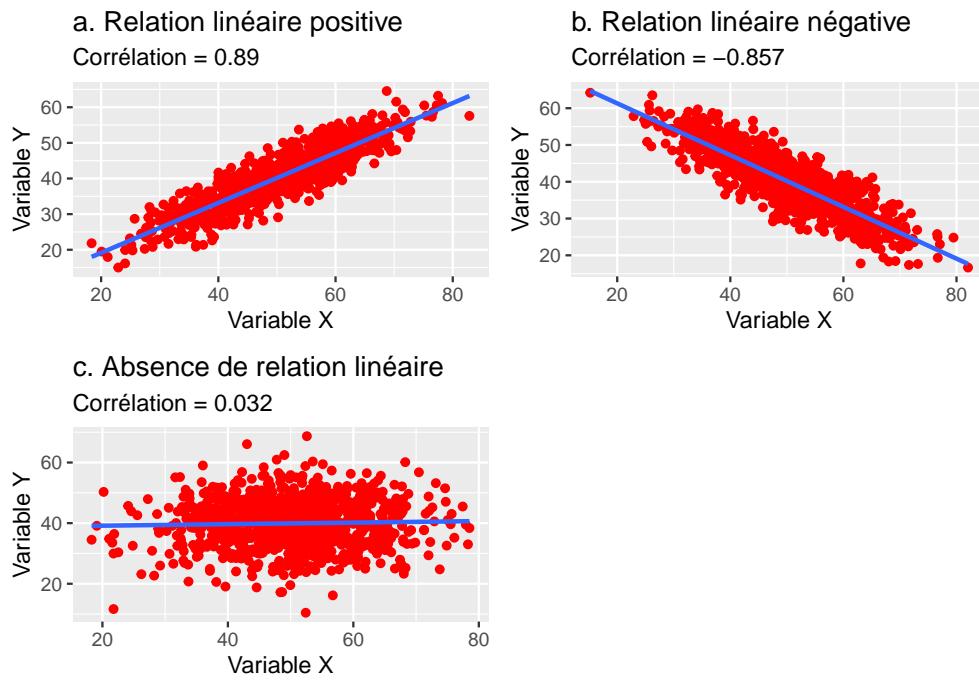


FIG. 4.5 : Relations entre deux variables continues et coefficients de corrélation de Pearson

peut varier. Par exemple, en sciences sociales, une valeur de corrélation de 0,2 sera considérée comme très faible alors qu'en sciences de la santé, elle pourrait être considérée comme intéressante. À l'opposé, une valeur de 0,9 en sciences physiques pourrait être considérée comme faible. Il convient alors d'utiliser ces intervalles avec précaution.

Le coefficient de corrélation mis au carré représente le coefficient de détermination et indique la proportion de la variance de la variable Y expliquée par la variable X et inversement. Par exemple, un coefficient de corrélation de -0,70 signale que 49% de la variance de la variable de Y est expliquée par X (figure 4.6).

Condition d'application. L'utilisation du coefficient de corrélation de Pearson nécessite que les deux variables continues soient normalement distribuées et qu'elles ne comprennent pas de valeurs aberrantes (extrêmes). D'ailleurs, plus le nombre d'observations sera réduit, plus la présence de valeurs aberrantes aura un impact important sur le résultat du coefficient de corrélation de Pearson. En guise d'exemple, dans le nuage de points à gauche de la figure 4.7, il est possible d'identifier des valeurs extrêmes qui se démarquent nettement dans le jeu de données : six observations avec une densité de population supérieure à 20 000 habitants au km² et deux observations avec un pourcentage de 65 ans et plus supérieur à 55%. Si l'on supprime ces observations (ce qui est défendable dans ce contexte) – soit moins d'un pourcent des observations du jeu de données initial –, la valeur du coefficient de corrélation passe de -0,158 à -0,194, signalant une augmentation du degré d'association entre les deux variables.

TAB. 4.1 : Intervalles pour l'interprétation du coefficient de corrélation habituellement utilisés en sciences sociales

Corrélation	Négative	Positive
Faible	de -0,3 à 0,0	de 0,0 à 0,3
Moyenne	de -0,5 à -0,3	de 0,3 à 0,5
Forte	de -1,0 à -0,5	de 0,5 à 1,0

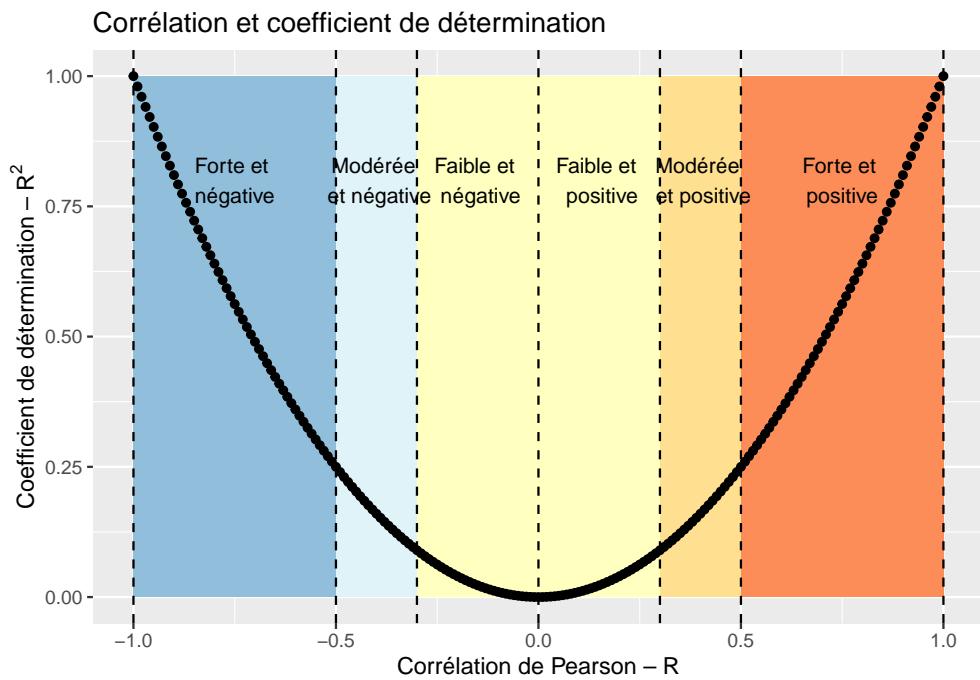


FIG. 4.6 : Coefficient de corrélation et proportion de la variance expliquée

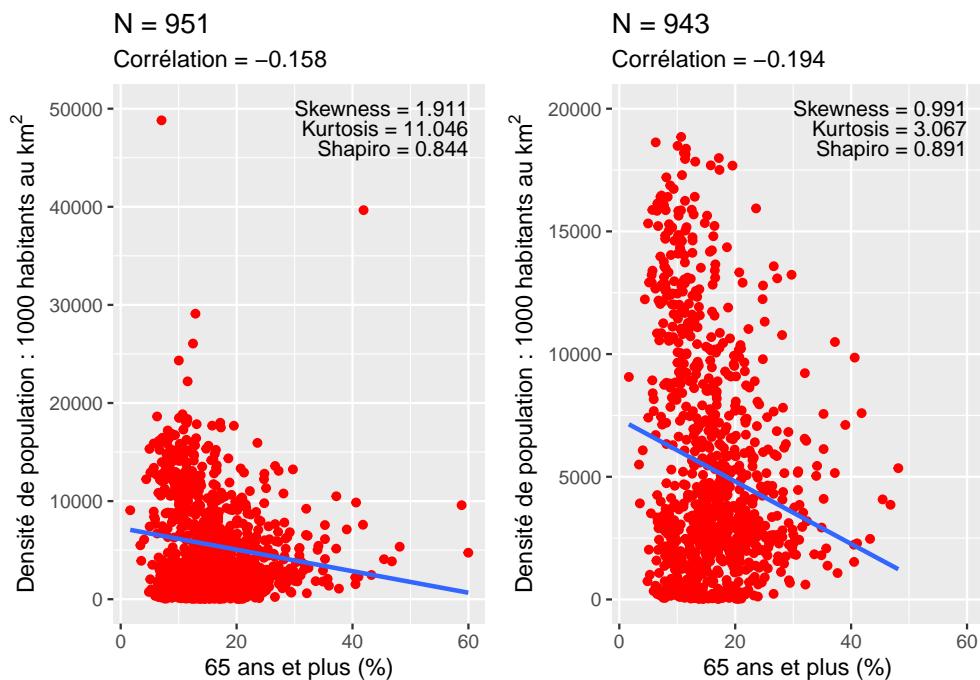


FIG. 4.7 : Illustration de l'effet des valeurs extrêmes sur le coefficient de Pearson

4.1.3.3 Corrélations pour des variables anormalement distribuées (coefficients de Spearman, Tau de kendall)

Lorsque les variables sont fortement anormalement distribuées, le coefficient de corrélation de Pearson est peu adapté pour analyser leurs relations linéaires. Il est alors conseillé d'utiliser deux statistiques non-paramétriques : principalement, le coefficient de corrélation de Spearman (ρ) et secondairement, le coefficient de Kendall (τ , prononcez Tau), qui varient aussi tous deux de -1 à 1. Calculé sur les rangs des deux variables, **le coefficient de Spearman** est le rapport entre la covariance des deux variables de rangs sur les écart-types des variables de rangs. En d'autres termes, il représente simplement le coefficient de Pearson calculé sur les rangs des deux variables :

$$r_{xy} = \frac{\text{cov}(rg_x, rg_y)}{\sigma_{rg_x} \sigma_{rg_y}} \quad (4.3)$$

La syntaxe ci-dessous démontre clairement que le coefficient de Spearman est bien le coefficient de Pearson calculé sur les rangs (4.1.3.1).

```
df <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
# Transformation des deux variables en rangs
df$HabKm2_rang <- rank(df$HabKm2)
df$A65plus_rang <- rank(df$A65plus)
# Coefficient de Spearman avec la fonction cor et la méthode spearman
cat("Coefficient de Spearman = ",
    round(cor(df$HabKm2, df$A65plus, method = "spearman"), 5))
```

```
## Coefficient de Spearman = -0.11953
```

```
# Coefficient de Pearson sur les variables transformées en rangs
cat("Coefficient de Pearson calculé sur les variables transformées en rangs = ",
    round(cor(df$HabKm2_rang, df$A65plus_rang, method = "pearson"), 5))
```

```
## Coefficient de Pearson calculé sur les variables transformées en rangs = -0.11953
```

```
# Vérification avec l'équation
cat("Covariance divisée par le produit des écart-types sur les rangs :",
    round(cov(df$HabKm2_rang, df$A65plus_rang) / (sd(df$HabKm2_rang)*sd(df$A65plus_rang)), 5))
```

```
## Covariance divisée par le produit des écart-types sur les rangs : -0.11953
```

Le **coefficient de Kendall** est une autre mesure non-paramétrique calculée comme suit :

$$\tau = \frac{n_c - n_d}{\frac{1}{2}n(n - 1)} \quad (4.4)$$

avec n_c et n_d qui sont respectivement les nombres de paires d'observations concordantes et discordantes ; et le dénominateur étant le nombre totale de paires d'observations. Des paires sont dites corcordantes quand les valeurs des deux observations vont dans le même sens pour les deux variables ($x_i > x_j$ et $y_i > y_j$ ou $x_i < x_j$ et $y_i < y_j$), et discordantes quand elles vont en sens contraire ($x_i > x_j$ et $y_i < y_j$ ou $x_i < x_j$ et $y_i > y_j$). Contrairement au calcul du coefficient de Spearman, celui de Kendall peut être chronophage : plus le nombre d'observations sera élevé, plus les temps de calcul et la mémoire utilisée sont importants. En effet, avec $n=1000$, le nombre de paires d'observations ($0.5 * n(n - 1)$) sera de 499500, contre près de 50 millions avec $n=10000$ (49 995 000).

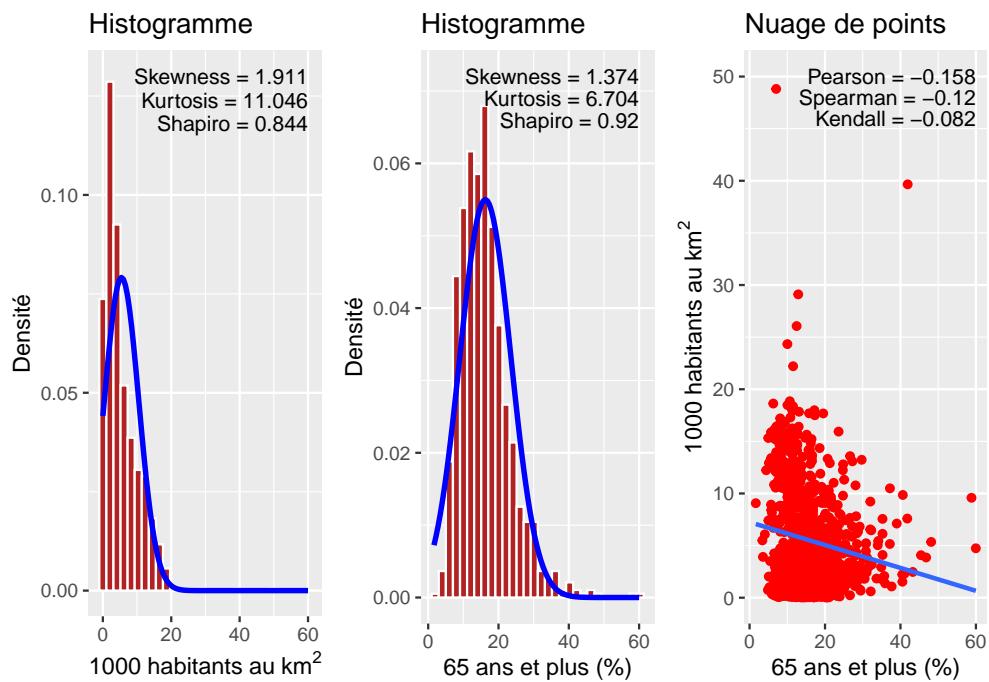


FIG. 4.8 : Comparaison des coefficients de Pearson, Spearman et Kendall sur deux variables anormalement distribuées

À la lecture des deux histogrammes ci-dessus, il est clair que les deux variables *densité de population* et *pourcentage de personnes ayant 65 ou plus* sont très anormalement distribuées. Dans ce contexte, l'utilisation du coefficient de Pearson peut nous amener à més估imer la relation existante entre les deux variables. Notez que les coefficients de Spearman et de Kendall sont tous les deux plus faibles.

4.1.3.4 Corrélations robustes (*Biweight midcorrelation*, *Percentage bend correlation* et la corrélation *pi* de Shepherd)

Dans l'exemple donné à la figure 4.7, nous avions identifié des valeurs aberrantes que nous avons retirées du jeu de données. Cette pratique peut tout à fait se justifier quand les données sont erronées (un capteur de pollution renvoyant une valeur négative, un questionnaire rempli par un mauvais plaisantin, etc.), mais parfois, les cas extrêmes font partie du phénomène à analyser. Dans ce contexte, les identifier et les retirer peut paraître arbitraire. Une solution plus élégante est d'utiliser des méthodes dites **robustes**, c'est à dire moins sensibles aux valeurs extrêmes. Pour les corrélations, la *Biweight midcorrelation* (Wilcox, 1994) est au coefficient de Pearson ce que la médiane est à la moyenne. Il est donc pertinent de l'utiliser dans des jeux de données présentant potentiellement des valeurs extrêmes. Elle est calculée comme suit :

$$\begin{aligned}
 u_i &= \frac{x_i - \text{med}(x)}{9 * (\text{med}(|x_i - \text{med}(x)|)))} \text{ et } v_i = \frac{y_i - \text{med}(y)}{9 * (\text{med}(|y_i - \text{med}(y)|)))} \\
 w_i^{(x)} &= (1 - u_i^2)^2 I(1 - |u_i|) \text{ et } w_i^{(y)} = (1 - v_i^2)^2 I(1 - |v_i|) \\
 I(x) &= \begin{cases} 1, \text{ si } x = 1 \\ 0, \text{ sinon} \end{cases} \\
 \tilde{x}_i &= \frac{(x_i - \text{med}(x))w_i^{(x)}}{\sqrt{(\sum_{j=1}^m [(x_j - \text{med}(x))w_j^{(x)}]^2)}} \text{ et } \tilde{y}_i = \frac{(y_i - \text{med}(y))w_i^{(y)}}{\sqrt{(\sum_{j=1}^m [(y_j - \text{med}(y))w_j^{(y)}]^2)}} \\
 \text{bicor}(x, y) &= \sum_{i=1}^m \tilde{x}_i \tilde{y}_i
 \end{aligned} \tag{4.5}$$

Comme le souligne l'équation (4.5), la *Biweight midcorrelation* est basée sur les écarts à la médiane, plutôt que sur les écarts à la moyenne.

Assez proche de la *Biweight midcorrelation*, la *Percentage bend correlation* se base également sur la médiane des variables X et Y. Le principe général est de donner un poids plus faible dans le calcul de cette corrélation à un certain pourcentage des observations (20% est généralement recommandé) dont la valeur est éloignée de la médiane. Pour une description complète de la méthode, vous pourrez lire l'article de Wilcox (1994).

Enfin, une autre option est l'utilisation de la corrélation *pi* de Sherphred (Schwarzkopf et al., 2012). Il s'agit simplement d'une méthode en deux étapes. Premièrement, les valeurs abberantes sont identifiées à l'aide d'une approche par *bootstrap* utilisant la distance de Mahalanobis (calculant les écarts multivariés entre les observations). Ensuite, le coefficient de *Spearman* est calculé sur les observations restantes.

Appliquons ces corrélations aux données précédentes. Notez que ce simple code d'une dizaine de lignes permet d'explorer rapidement la corrélation entre deux variables selon six mesures de corrélations.

```

library("correlation")
df1 <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
methods <- c("pearson", "spearman", "biweight", "percentage", "shepherd")
rs <- lapply(methods, function(m){
  test <- correlation::cor_test(data = df1, x="Hab1000Km2", y="A65plus", method = m, ci=0.95)
  return(c(test$r, test$CI_low, test$CI_high))
})
dfCorr <- data.frame(do.call(rbind, rs))
names(dfCorr) <- c("r", "IC_05", "CI_95")
dfCorr$method <- methods

show_table(dfCorr,
           digits = 2,
           caption = 'Comparaison de différentes corrélations pour les variables densité de population et pourcenta
           col.names=c("r", "IC 5%", "IC 95%", "Méthode")
)

```

Il est intéressant de mentionner que ces trois corrélations sont rarement utilisées malgré leur pertinence dans de nombreux cas d'application. Nous faisons face ici à un cercle vicieux dans la recherche : les méthodes les plus connues sont les plus utilisées car elles sont plus facilement acceptées par les autres chercheurs. Des méthodes plus élaborées nécessitent davantage de justification et de discussion, ce qui peut conduire à de multiples sessions de corrections/resoumissions pour qu'un article soit accepté, malgré le fait qu'elles puissent être plus adaptées au jeu de données à l'étude.

TAB. 4.2 : Comparaison de différentes corrélations pour les variables densité de population et pourcentage de personnes ayant 65 ans et plus

r	IC 5%	IC 95%	Méthode
-0,16	-0,22	-0,10	pearson
-0,12	-0,18	-0,06	spearman
-0,14	-0,20	-0,07	biweight
-0,17	-0,23	-0,11	percentage
-0,12	-0,18	-0,06	shepherd

4.1.3.5 Significativité des coefficients de corrélation

Quelle que soit la méthode utilisée, il convient de vérifier si le coefficient de corrélation est ou non statistiquement différent de 0. En effet, nous travaillons la plupart du temps avec des données d'échantillonage, et très rarement avec des populations complètes. En collectant un nouvel échantillon, aurions-nous obtenu des résultats différents? Le calcul de ce degré de significativité nous permet de quantifier notre niveau de certitude quant à l'existence d'une corrélation entre nos deux variables, positive ou négative. Cet objectif est réalisé en calculant la valeur de t et le nombre de degrés de

liberté : $t = \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}}$ et $dl = n - 2$ avec r et n étant le coefficient de corrélation et le nombre d'observations. De manière classique, on utilisera la table des valeurs critiques de la distribution de t : si la valeur de t est supérieure à la valeur critique (avec $p = 0,05$ et le nombre de degré de liberté), alors le coefficient est significatif à 5%. En d'autres termes, si la vraie corrélation entre les deux variables (calculable uniquement à partir des populations complètes) était 0, alors la probabilité de collecter notre échantillon aurait été inférieure à 5%. Dans ce contexte, on peut raisonnablement rejeter l'hypothèse nulle (corrélation réelle de 0).

La courte syntaxe illustre comment calculer la valeur de t , le nombre de degrés de liberté et la valeur de p pour une corrélation donnée.

```
df <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
r <- cor(df$A65plus, df$LogTailInc)      # Corrélation
n <- nrow(df)                            # Nombre d'observations
dl <- nrow(df)-2                         # degrés de liberté
t <- r*sqrt((n-2)/(1-r^2))                # Valeur de T
p <- 2*(1-pt(abs(t),dl))                 # Valeur de p
cat("\nCorrélation =", round(r, 4),
    "\nValeur de t =", round(t, 4),
    "\nDegrés de liberté =", dl,
    "\nnp=", round(p, 4))

## 
## Corrélation = -0.0693
## Valeur de t = -2.1413
## Degrés de liberté = 949
## p= 0.0325
```

Plus simplement, la fonction `cor.test` permet d'obtenir en une seule ligne de code le coefficient de corrélation, l'intervalle de confiance à 95% et les valeurs de t et de p , tel qu'illustré dans la syntaxe ci-dessous. Si l'intervalle de confiance est à cheval sur 0, c'est-à-dire que la borne inférieure est négative

et la borne supérieure positive, alors le coefficient de corrélation n'est pas significatif au seuil choisi (95% habituellement). Dans l'exemple ci-dessous, la relation linéaire entre les deux variables est significativement négative avec une corrélation de Pearson de -0,158 ($P=0,000$) et un intervalle de confiance de [-0,219 -0,095].

```
# Intervalle de confiance à 95%
cor.test(df$HabKm2, df$A65plus, conf.level = .95)
```

```
##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: df$HabKm2 and df$A65plus
## t = -4.9318, df = 949, p-value = 9.616e-07
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.2194457 -0.0954687
## sample estimates:
##       cor
## -0.1580801
```

Vous pouvez accéder à chaque sortie de la fonction cor.test comme suit :

```
p <- cor.test(df$HabKm2, df$A65plus)
cat("Valeur de corrélation = ", round(p$estimate,3), "\n",
    "Intervalle à 95% = [", round(p$conf.int[1],3), " ", round(p$conf.int[2],3), "]", "\n",
    "Valeur de t = ", round(p$statistic,3), "\n",
    "Valeur de p = ", round(p$p.value,3), sep="")
```

```
## Valeur de corrélation = -0.158
## Intervalle à 95% = [-0.219 -0.095]
## Valeur de t = -4.932
## Valeur de p = 0
```

```
# Corrélation de Spearman
cor.test(df$HabKm2, df$A65plus, method = "spearman")
```

```
##
## Spearman's rank correlation rho
##
## data: df$HabKm2 and df$A65plus
## S = 160482182, p-value = 0.0002202
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## -0.1195333
```

```
# Corrélation de Kendall
cor.test(df$HabKm2, df$A65plus, method="kendall")
```

```
##
## Kendall's rank correlation tau
##
## data: df$HabKm2 and df$A65plus
## z = -3.7655, p-value = 0.0001662
## alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
## sample estimates:
##          tau
## -0.08157061
```

On pourra aussi modifier l'intervalle de confiance, par exemple à 90% ou 99%. Le choix de l'intervalle de confiance et du seuil de significativité doivent être définis avant l'étude. Il doit s'appuyer sur les standards de la littérature du domaine étudié, du niveau de preuve attendu et de la quantité de données.

```
# Intervalle à 90%
cor.test(df$HabKm2, df$A65plus, method ="pearson", conf.level = .90)
```

```
##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: df$HabKm2 and df$A65plus
## t = -4.9318, df = 949, p-value = 9.616e-07
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 90 percent confidence interval:
## -0.2096826 -0.1055995
## sample estimates:
##        cor
## -0.1580801
```

```
# Intervalle à 99%
cor.test(df$HabKm2, df$A65plus, method ="pearson", conf.level = .99)
```

```
##
## Pearson's product-moment correlation
##
## data: df$HabKm2 and df$A65plus
## t = -4.9318, df = 949, p-value = 9.616e-07
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 99 percent confidence interval:
## -0.23839910 -0.07561336
## sample estimates:
##        cor
## -0.1580801
```

Corrélation et bootstrap. Dans le premier chapitre (LIEN BOOTSTRAP), nous avons abordé la notion de *bootstrap*, soit des méthodes d'inférence statistique basées sur des réplications des données initiales par rééchantillonnage. Il est possible d'appliquer la même méthode aux corrélations afin d'obtenir un intervalle de confiance avec r réplications, tel qu'illustré à partir de la syntaxe ci-dessous.

```

library("boot")
df <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
# Fonction pour la corrélation
correlation <- function(df, i, X, Y, cor.type="pearson"){
  # Paramètres de la fonction :
  # data : datafram
  # X et Y : noms des variables X et Y
  # cor.type : type de corrélation : c("pearson", "spearman", "kendall")
  # i : indice qui sera utilisé par les réplications (à ne pas modifier)
  cor(df[[X]][i], df[[Y]][i], method=cor.type)
}
# Calcul du Bootstrap avec 5000 réplications
corBootstraped <- boot(data=df, # nom du tableau
                        statistic = correlation, # appel de la fonction à répliquer
                        R=5000, # nombre de réplications
                        X = "A65plus",
                        Y ="HabKm2",
                        cor.type="pearson")
# Histogramme pour les valeurs de corrélation issues du Bootstrap
plot(corBootstraped)

```

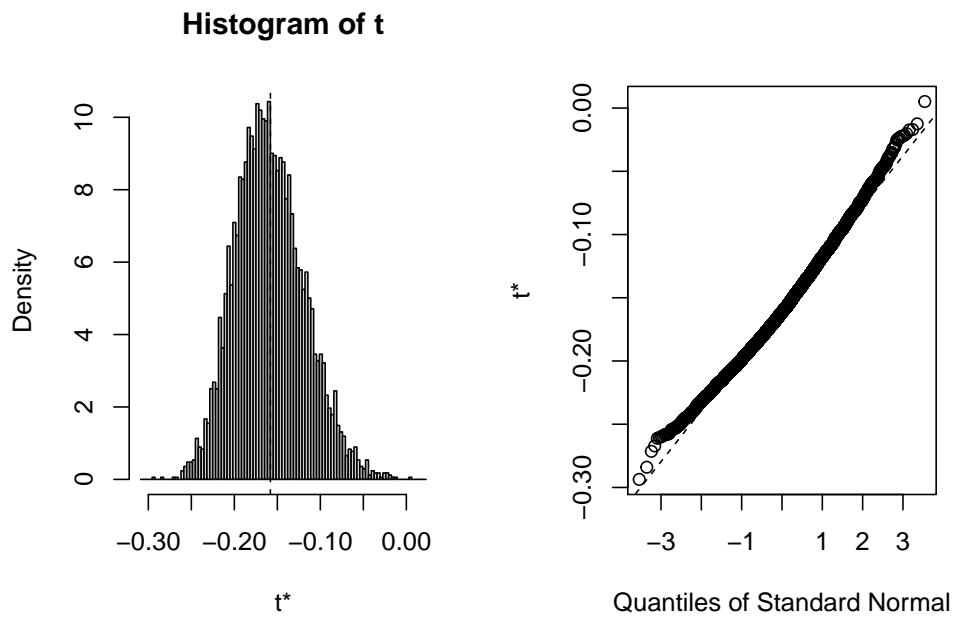


FIG. 4.9 : Histogramme pour les valeurs de corrélation issues du Bootstrap

```
# Corrélation "bootstrapée"
corBootstraped

## 
## ORDINARY NONPARAMETRIC BOOTSTRAP
##
## Call:
## boot(data = df, statistic = correlation, R = 5000, X = "A65plus",
##       Y = "HabKm2", cor.type = "pearson")
##
## 
## Bootstrap Statistics :
##      original      bias    std. error
## t1* -0.1580801 -0.0006513968  0.04029794
```

```
# Intervalle de confiance du bootstrap à 95%
boot.ci(boot.out = corBootstraped, conf = 0.95, type = "all")
```

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 5000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = corBootstraped, conf = 0.95, type = "all")
##
## Intervals :
## Level      Normal          Basic
## 95%   (-0.2364, -0.0784 )  (-0.2424, -0.0855 )
##
## Level      Percentile        BCa
## 95%   (-0.2307, -0.0738 )  (-0.2173, -0.0477 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
# Comparaison de l'intervalle classique basé sur la valeur de T
p <- cor.test(df$HabKm2, df$A65plus)
cat(round(p$estimate,5), " [", round(p$conf.int[1],4), " ", round(p$conf.int[2],4), " ]", sep="")
```

```
## -0.15808 [-0.2194 -0.0955]
```

Le *bootstrap* renvoie un coefficient de corrélation de Pearson de -0,158. Les intervalles de confiance obtenues à partir des différentes méthodes d'estimation (normale, basique, pourcentage et bca) ne sont pas à cheval sur 0, indiquant que le coefficient est significatif à 5%.

4.1.3.6 Corrélation partielle



Quelle est la relation entre deux variables continues une fois pris en compte une ou plusieurs variables dites de contrôle? En études urbaines, on pourrait vouloir vérifier si deux variables sont ou non associées une fois contrôlée la densité de population ou encore la distance au centre-ville.

La corrélation partielle permet d'évaluer la relation linéaire entre deux variables quantitatives continues, une fois contrôlé une ou plusieurs autres variables quantitatives (dites variables de contrôle).

Le coefficient de corrélation partielle peut être calculé pour les trois méthodes (Pearson, Spearman et Kendall). Variant aussi de -1 à 1, il est calculé comme suit :

$$r_{ABC} = \frac{r_{AB} - r_{AC}r_{BC}}{\sqrt{(1 - r_{AC}^2)(1 - r_{BC}^2)}} \quad (4.6)$$

avec A et B étant les deux variables pour lesquelles on souhaite évaluer la relation linéaire, une fois contrôlée la variable C ; r étant le coefficient de corrélation (Pearson, Spearman ou Kendall) entre deux variables.

Dans l'exemple ci-dessous, nous voulons estimer la relation linéaire entre le pourcentage de personnes à faible revenu et la couverture végétale au niveau des îlots de l'île de Montréal, une fois contrôlée la densité de population. En effet, plus cette dernière sera forte, plus la couverture végétale sera faible (r de Pearson = -0,603). La valeur du r de Pearson s'élève à -0,546 entre le pourcentage de personnes à faible revenu dans la population totale de l'îlot et la couverture végétale. Une fois la densité de population contrôlée, il chute à -0,316. Pour calculer la corrélation partielle, on pourra utiliser la fonction `pcor.test` du package `ppcor`.

```
library("foreign")
library("ppcor")
dfveg <- read.dbf("data/bivariee/ILotsVeg2006.dbf")
# Corrélation entre les trois variables
round(cor(dfveg[, c("VegPct", "Pct_FR", "LogDens")], method="p"), 3)
```

```
##          VegPct Pct_FR LogDens
## VegPct    1.000 -0.513 -0.563
## Pct_FR   -0.513  1.000  0.513
## LogDens  -0.563  0.513  1.000
```

```
# Corrélation partielle entre :
# la couverture végétale de l'îlot (%) et
# le pourcentage de personnes à faible revenu
# une fois contrôlée la densité de population
pcor.test(dfveg$Pct_FR, dfveg$VegPct, dfveg$LogDens, method="p")
```

```
##      estimate      p.value statistic      n gp Method
## 1 -0.3155194 8.093159e-235 -33.59772 10213  1 pearson
```

```
# Calcul de la corrélation partielle avec la formule :
corAB <- cor(dfveg$VegPct, dfveg$Pct_FR, method = "p")
corAC <- cor(dfveg$VegPct, dfveg$LogDens, method = "p")
corBC <- cor(dfveg$Pct_FR, dfveg$LogDens, method = "p")
CorP <- (corAB - (corAC*corBC)) / sqrt((1-corAC^2)*(1-corBC^2))
cat("Corr. partielle avec ppcor = ",
    round(ppcor.test(dfveg$Pct_FR, dfveg$VegPct, dfveg$LogDens, method="p")$estimate,5),
    "\nCorr. partielle (formule) = ", round(CorP, 5))

## Corr. partielle avec ppcor = -0.31552
## Corr. partielle (formule) = -0.31552
```

4.1.3.7 Mise en œuvre dans R

Comme vous l'aurez compris, il est possible d'arriver au même résultat dans par différents moyens. Pour calculer les corrélations, nous avons utilisé jusqu'à présent les fonctions de base `cor` et `cor.test`. Il est aussi possible de recourir à des fonctions d'autres *packages*, dont notamment :

- **Hmisc** dont la fonction `rcorr` permet de calculer des corrélations de Pearson et Spearman (mais non celle de Kendall) avec la valeur de p .
- **psych** dont la fonction `corr.test` permet d'obtenir la matrice de corrélation (Pearson, Spearman et Kendall), les intervalles de confiance et les valeurs de p .
- **stargazer** pour créer des beaux tableaux d'une matrice de corrélation en *Html* ou en *LaTeX* ou en ASCII.
- **apaTables** pour créer un tableau avec une matrice de corrélation dans un fichier Word.
- **correlation** pour aller plus loin et explorer les corrélations bayesiennes, robustes, non-linéaires ou multivariées.

```
df <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
library("Hmisc")
library("stargazer")
library("apaTables")
library("dplyr")
# Corrélations de Pearson et Spearman et valeurs de p
# avec la fonction rcorr de Hmisc pour deux variables
Hmisc:::rcorr(df$RevMedMen, df$Locataire, type="pearson")
```

```
##      x      y
## x  1.00 -0.78
## y -0.78  1.00
##
## n= 951
##
##
## P
##   x   y
## x     0
## y     0
```

```
Hmisc::rcorr(df$RevMedMen, df$Locataire, type="spearman")
```

```
##      x     y
## x  1.00 -0.91
## y -0.91  1.00
##
## n= 951
##
##
## P
##   x   y
## x   0
## y   0
```

```
# Matrice de corrélation avec la fonction rcorr de Hmisc pour plus de variables
# On crée un vecteur avec les noms des variables à sélectionner
Vars <- c("RevMedMen", "Locataire", "LogTailInc", "A65plus", "ImgRec", "HabKm2", "FaibleRev")
Hmisc::rcorr(df[, Vars] %>% as.matrix())
```

```
##          RevMedMen Locataire LogTailInc A65plus ImgRec HabKm2 FaibleRev
## RevMedMen      1.00    -0.78     -0.46   -0.07  -0.46  -0.49   -0.74
## Locataire     -0.78     1.00      0.56    0.00   0.64   0.71    0.88
## LogTailInc    -0.46      0.56     1.00   -0.07   0.82   0.48    0.62
## A65plus       -0.07      0.00     -0.07    1.00  -0.06  -0.16   -0.01
## ImgRec        -0.46      0.64      0.82   -0.06   1.00   0.56    0.68
## HabKm2        -0.49      0.71      0.48   -0.16   0.56   1.00    0.64
## FaibleRev     -0.74      0.88      0.62   -0.01   0.68   0.64    1.00
##
## n= 951
##
##
## P
##          RevMedMen Locataire LogTailInc A65plus ImgRec HabKm2 FaibleRev
## RevMedMen      0.0000    0.0000    0.0441  0.0000  0.0000  0.0000
## Locataire     0.0000          0.0000    0.9594  0.0000  0.0000  0.0000
## LogTailInc    0.0000    0.0000          0.0325  0.0000  0.0000  0.0000
## A65plus       0.0441    0.9594    0.0325          0.0682  0.0000  0.6796
## ImgRec        0.0000    0.0000    0.0000          0.0682  0.0000  0.0000
## HabKm2        0.0000    0.0000    0.0000          0.0000  0.0000  0.0000
## FaibleRev    0.0000    0.0000    0.0000          0.6796  0.0000  0.0000
```

```
# # Avec la fonction corr.test de psych pour avoir la matrice de corrélation
# # (Pearson, Spearman et Kendall), les intervalles de confiance et les valeurs de p
# print(psych::corr.test(df[, Vars],
```

```

#           method = "kendall",
#           ci=TRUE, alpha = 0.05), short=FALSE)
# Création d'un tableau pour une matrice de corrélation
# changer le paramètre type pour 'html' or 'LaTeX'
p <- cor(df[, Vars], method="pearson")
stargazer(p, title="Correlation Matrix", type = "text")

```

```

## 
## Correlation Matrix
## =====
##          RevMedMen Locataire LogTailInc A65plus ImgRec HabKm2 FaibleRev
## -----
## RevMedMen    1   -0.785   -0.461   -0.065   -0.458   -0.489   -0.743
## Locataire   -0.785     1    0.562   -0.002    0.645    0.708    0.879
## LogTailInc  -0.461    0.562     1   -0.069    0.816    0.475    0.622
## A65plus     -0.065   -0.002   -0.069     1    -0.059   -0.158   -0.013
## ImgRec      -0.458    0.645    0.816   -0.059     1    0.561    0.678
## HabKm2      -0.489    0.708    0.475   -0.158    0.561     1    0.642
## FaibleRev   -0.743    0.879    0.622   -0.013    0.678    0.642     1
## -----

```

```

# stargazer(p, title="Correlation Matrix", type = "html")
# stargazer(p, title="Correlation Matrix", type = "latex")
# Créer un tableau avec la matrice de corrélation
# dans un fichier Word (.doc)
apaTables::apa.cor.table(df[, c("RevMedMen","Locataire","LogTailInc")],
                          filename = "data/bivariee/TitiLaMatrice.doc",
                          show.conf.interval = TRUE,
                          landscape = TRUE)

```

```

## 
## Means, standard deviations, and correlations with confidence intervals
## 
##          Variable       M        SD       1        2
## 1. RevMedMen 66065.50 26635.27
## 
## 2. Locataire  45.05   26.33   -.78**   [-.81, -.76]
## 
## 3. LogTailInc 5.54    4.82    -.46**   .56**   [-.51, -.41] [.52, .60]
## 
## Note. M and SD are used to represent mean and standard deviation, respectively.
## Values in square brackets indicate the 95% confidence interval.

```

```
## The confidence interval is a plausible range of population correlations
## that could have caused the sample correlation (Cumming, 2014).
## * indicates p < .05. ** indicates p < .01.
##
```



Une image vaut mille mots, surtout pour une matrice de corrélation! Le package **corrplot** vous permet justement de construire de belles figures avec une matrice de corrélation (figures 4.10 et 4.11). L'intérêt de ce type de figure est de repérer rapidement des associations intéressantes lorsque l'on calcule les corrélations entre un grand nombre de variables.

```
library("corrplot")
library("ggpubr")
df <- read.csv("data/bivariee/sr_rmr_mtl_2016.csv")
Vars <- c("RevMedMen", "Locataire", "LogTailInc", "A65plus", "ImgRec", "HabKm2", "FaibleRev")
p <- cor(df[, Vars], method="pearson")
couleurs <- colorRampPalette(c("#053061", "#2166AC", "#4393C3", "#92C5DE",
                                "#D1E5F0", "#FFFFFF", "#FDDBC7", "#F4A582",
                                "#D6604D", "#B2182B", "#67001F"))
corrplot(p, addrect = 3, method="number", diag=FALSE, col=couleurs(100))
```

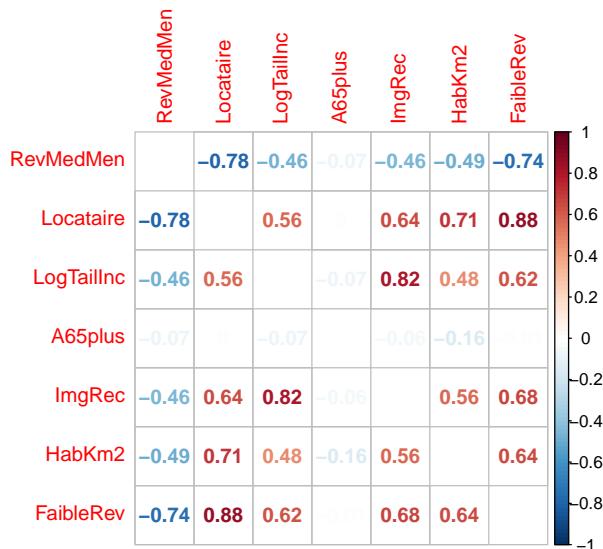


FIG. 4.10 : Matrice de corrélation avec corrplot (chiffres)

```
fig2 <- corrplot.mixed(p, lower="number", lower.col = "black",
                        upper = "ellipse", upper.col=couleurs(100))
```

4.1.3.8 Comment rapporter des valeurs de corrélations ?

Bien qu'il n'y ait pas qu'une seule manière de reporter des corrélations, voici quelques lignes directrices pour vous guider :

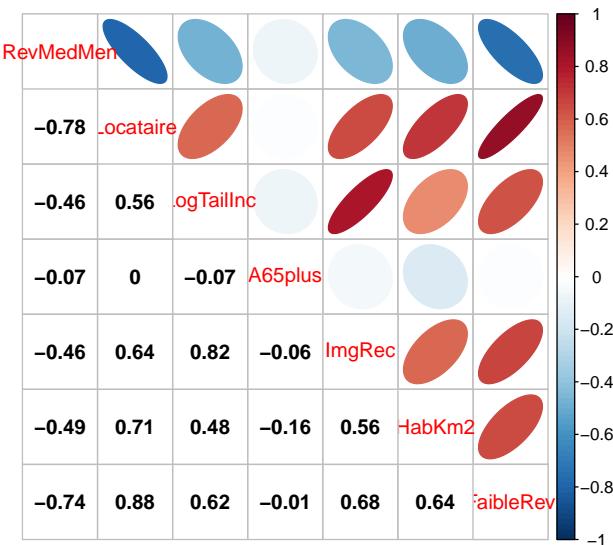


FIG. 4.11 : Matrice de corrélation avec corrplot (chiffres et ellipses)

- Signaler si la corrélation est faible, modérée ou forte.
- Indiquer si la corrélation est positive ou négative. Toutefois, ce n'est pas une obligation car l'on peut rapidement le constater avec le signe du coefficient.
- Mettre le r et le p en italique et en minuscules.
- Deux décimales uniquement pour le r (sauf si une plus grande précision se justifie dans le domaine d'étude).
- Trois décimales pour la valeur de p . Si elle est inférieure à 0,001, écrire plutôt $p < 0,001$.
- Indiquer éventuellement le nombre de degrés de liberté, soit $r(dl) = \dots$

Voici des exemples :

- La corrélation entre les variables revenu médian des ménages et pourcentage de locataire est fortement négative ($r = -0,78, p < 0,001$).
- La corrélation entre les variables revenu médian des ménages et pourcentage de locataire est forte ($r(949) = -0,78, p < 0,001$).
- La corrélation entre les variables densité de population et pourcentage de logements de taille est modérée ($r = 0,48, p < 0,001$).
- La corrélation entre les variables densité de population et pourcentage de 65 ans et plus n'est pas significative ($r = -0,08, p = 0,07$).

Pour un texte en anglais, référez-vous à : <https://www.socscistatistics.com/tutorials/correlation/default.aspx>.

4.1.4 Régression linéaire simple



Comment expliquer et prédire une variable continue en fonction d'une autre variable ? Répondre à cette question relève de la statistique inférentielle. Il s'agit en effet d'établir une équation simple du type $Y = a + bX$, pour expliquer et prédire les valeurs d'une variable dépendante (Y) à partir d'une variable indépendante

(X). L'équation de la régression est construite grâce à un jeu de données (un échantillon). À partir de cette équation, il est possible de prédire la valeur attendue de Y pour n'importe quelle valeur de X. On appelle cette équation un modèle, car elle cherche à représenter la réalité de façon simplifiée.

La régression linéaire simple se distingue ainsi de la **covariance** (section 4.1.2) et de la **corrélation** (section 4.1.3), relevant de la statistique bivariée descriptive et exploratoire.

Par exemple, la régression linéaire simple pourrait être utilisée pour expliquer les notes d'un groupe d'étudiants à un examen (variable dépendante Y) en fonction du nombre d'heures qu'ils ont consacrés à la révision des notes de cours (variable indépendante X). Une fois l'équation de régression déterminée et si le modèle est efficace, nous pourrons prédire les notes des étudiants inscrits au cours la session suivante en fonction du temps qu'ils prévoient de passer à étudier, et ce, avant même qu'ils aient passé l'examen.

Formulons un exemple d'application de la régression linéaire simple en études urbaines. Dans le cadre d'une étude sur les îlots de chaleur urbains, la température de surface (variable dépendante) pourrait être expliquée par la proportion de la superficie de l'îlot couverte par de la végétation (variable indépendante). On supposerait alors que plus cette proportion est importante, plus la température est faible et inversement, soit une relation linéaire négative. Si le modèle est efficace, nous pourrions prédire la température moyenne des îlots d'une autre municipalité pour laquelle nous ne disposons pas d'une carte de température, et repérer ainsi les îlots de chaleur potentiels. Bien entendu, il est peu probable que nous arrivions à prédire efficacement la température moyenne des îlots avec uniquement la couverture végétale comme variable explicative. En effet, bien d'autres caractéristiques de la forme urbaine peuvent influencer ce phénomène comme la densité du bâti, la couleur des toits, les occupations du sol présentes, l'effet des canyons urbains, etc. Il faudrait alors inclure non pas une, mais plusieurs variables explicatives (indépendantes).

Ainsi, on distinguera la **régression linéaire simple** (une variable indépendante, explicative) de la **régression linéaire multiple** (plusieurs variables indépendantes); cette dernière sera largement abordée au chapitre 5.

Dans cette section, nous décrirons succinctement la régression linéaire simple. Concrètement, nous verrons comment déterminer la droite de régression, interpréter ses différents paramètres du modèle et comment évaluer la qualité d'ajustement du modèle. Nous n'aborderons pas les hypothèses liées au modèle de régression linéaire des moindres carrés ordinaires (MCO), ni les conditions d'application. Ces éléments seront expliqués au chapitre 5 consacré à la régression linéaire multiple.

Corrélation, régression simple et causalité : attention aux raccourcis !

Si une variable X explique et prédit efficacement une variable Y, cela ne veut pas dire pour autant que X cause Y. Autrement dit, la corrélation, l'association entre deux variables ne signifie qu'il existe un lien de causalité entre elles.

Premièrement, la variable explicative (X, indépendante) doit absolument précéder la variable à expliquer (Y, dépendante). Par exemple, l'âge (X) peut influencer le sentiment de sécurité (Y). Mais, le sentiment de sécurité ne peut en aucun cas influencer l'âge. Par conséquent, l'âge ne peut conceptuellement pas être la variable dépendante dans cette relation.

Deuxièmement, bien qu'une variable puisse expliquer efficacement une autre variable, elle peut être un **facteur confondant**. Prenons deux exemples bien connus :

- Avoir les doigts jaunes est associé au cancer du poumon. Bien entendu, les doigts jaunes ne causent pas le cancer : c'est un facteur confondant puisque fumer augmente les risques du cancer du poumon et jaunit aussi les doigts.
- Dans un article intitulé *Chocolate Consumption, Cognitive Function, and Nobel Laureates*, Messerli (2012) a trouvé une corrélation positive entre la consommation de chocolat par habitant et le nombre de prix Nobel pour dix millions d'habitants pour 23 pays. Ce résultat a d'ailleurs été rapporté par de nombreux médias (Radio Canada¹, La Presse², Le Point³, etc.), sans pour autant que Messerli (2012) et les journalistes concluent à un lien de causalité entre les deux variables. Tout chercheur sait que la

consommation de chocolat ne permet pas d'obtenir des résultats intéressants et de publier dans des revues prestigieuses ; c'est plutôt le café ! Plus sérieusement, il est probable que les pays les plus riches investissent davantage dans la recherche et obtiennent ainsi plus de prix Nobel. Dans les pays les plus riches, il est aussi probable que l'on consomme plus de chocolat, considéré comme un produit de luxe dans les pays les plus pauvres.

Pour approfondir le sujet sur la confusion entre *corrélation*, *régression simple* et *causalité*, vous pourrez visionner cette courte vidéo ludique⁴ de vulgarisation.

L'association entre deux variables peut aussi être simplement le fruit du hasard. Si l'on explore de très grandes quantités de données (avec un nombre impressionnant d'observations et de variables), soit une démarche relevant du *data mining*, le hasard fera que l'on risque d'obtenir des corrélations surprenantes entre certaines variables. Prenons un exemple concret, admettons que l'on ait collecté 100 variables et que l'on calcule les corrélations entre chaque paire de variables. On obtient une matrice de corrélation de 100 x 100, à laquelle on peut enlever la diagonale et une moitié de la matrice, ce qui nous laisse un total de 4950 corrélations différentes. Admettons que l'on choisisse un seuil de significativité de 5%, on doit alors s'attendre à ce que le hasard produise des résultats significatifs dans 5% des cas. Sur 4950 corrélations, cela signifie qu'environ 247 corrélations seront significatives, et ce, indépendamment de la nature des données. Nous pouvons aisément l'illustrer avec la syntaxe suivante :

```
library("Hmisc")
nbVars <- 100 # nous utilisons 100 variables générées aléatoirement pour l'expérience
nbExperiment <- 1000 # nous reproduirons 1000 fois l'expérience avec les 100 variables
# Le nombre de variables significatives par expérience est enregistrée dans Results
Results <- c()
# iterons pour chaque expérimentation (1000 fois)
for(i in 1:nbExperiment){
  Dataas <- list()
  # générerons 100 variables aléatoires normalement distribuées
  for (j in 1:nbVars){
    Dataas[[j]] <- rnorm(150)
  }
  DF <- do.call("cbind",Dataas)
  # calculons la matrice de corrélation pour les 100 variables
  cor_mat <- rcorr(DF)
  # comptons combien de fois les corrélations étaient significatives
  Sign <- table(cor_mat$P<0.05)
  NbPairs <- Sign[["TRUE"]]/2
  # ajoutons les résultats dans Results
  Results <- c(Results,NbPairs)
}
# transformons Results en un dataframe
df <- data.frame(Values = Results)
# affichons le résultat
ggplot(df, aes(x = Values)) +
  geom_histogram(aes(y =..density..),
                 colour = "black",
                 fill = "white") +
  stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = mean(df$Values),
                                         sd = sd(df$Values)),color="blue")+
  geom_vline(xintercept = mean(df$Values),color="red", size=1.2)+ 
  annotate("text", x=250, y = 0.028,
           label = paste("Nombre moyen de corrélations significatives\nsur 1000 réplications :",
                         round(mean(df$Values),0),sep=""), hjust="left")+
  xlab("Nombre de corrélations significatives")+
  ylab("densité")
```

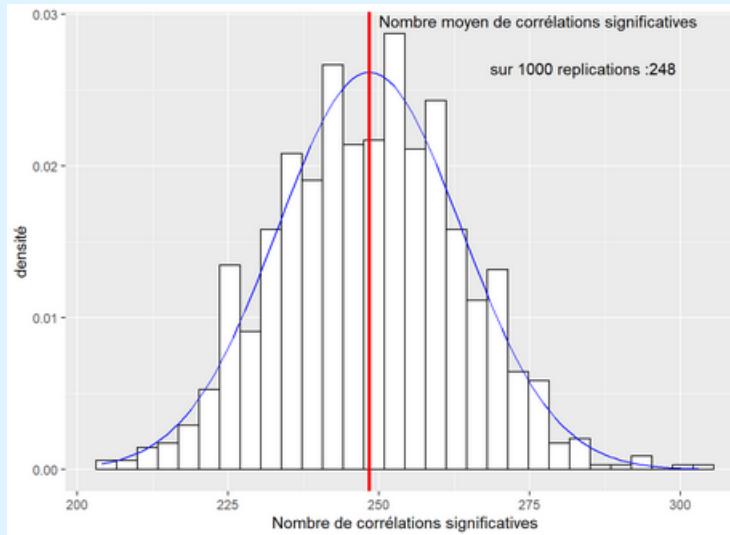


FIG. 4.12 : Corrélations significatives obtenues aléatoirement

4.1.4.1 Principe de base de la régression linéaire simple

La régression linéaire simple vise à déterminer une droite (une fonction linéaire) qui résume le mieux la relation linéaire entre une variable dépendante (Y) et une variable indépendante (X) :

$$\widehat{y}_i = \beta_0 + \beta_1 x_i \quad (4.7)$$

avec \widehat{y}_i et x_i qui sont respectivement la valeur prédictive de la variable indépendante et la valeur de la variable dépendante pour l'observation i . β_0 est la constante (*intercept* en anglais), soit la valeur prédictive de la variable Y quand X est égale à 0. β_1 est le coefficient de régression pour la variable X , soit la pente de la droite. Ce coefficient nous informe sur la relation entre les deux variables : s'il est positif, la relation est positive ; s'il est négatif, la relation est négative, et proche de 0, la relation est nulle (la droite sera alors horizontale). Plus la valeur absolue de β_1 est élevée, plus la pente est forte, et plus la variable Y varie à chaque changement d'une unité de la variable X .

Considérons un exemple fictif de dix municipalités d'une région métropolitaine pour lesquelles nous disposons de deux variables : le pourcentage d'actifs occupés se rendant au travail principalement à vélo et la distance de la municipalité au centre-ville (tableau 4.3).

D'emblée, à la lecture du nuage de points (figure 4.13), on décèle une forte relation linéaire négative entre les deux variables : plus la distance au centre-ville augmente, plus le pourcentage de cyclistes est faible, ce qui est confirmé par le coefficient de corrélation ($r = -0,86$). La droite de régression (en rouge à la figure

TAB. 4.3 : Données fictives sur l'utilisation du vélo par municipalité

Municipalité	Vélo	KMCV	Municipalité	Vélo	KMCV
A	12,5	14,135	F	18,5	7,195
B	13,5	10,065	G	21,2	7,953
C	15,8	7,762	H	23,0	4,293
D	15,9	11,239	I	25,3	5,225
E	17,6	7,706	J	30,2	2,152

4.13) qui résume le mieux la relation entre vélo (variable dépendante) et KmCV (variable indépendante) s'écrit alors : $\text{Vélo} = 30,603 - 1,448 \times \text{KmCV}$.

La valeur du coefficient de régression (β_1) est de $-1,448$. Le signe de ce coefficient décrit une relation négative entre les deux variables. Ainsi, à chaque ajout d'une unité de la distance au centre-ville (exprimée en kilomètres), le pourcentage de cyclistes diminue de $1,448$. Retenez que l'unité de mesure de la variable dépendante est très importante pour bien interpréter le coefficient de régression. En effet, si la distance au centre-ville n'était pas exprimée en kilomètres, mais plutôt en mètres, β_1 sera égal à $-0,001448$. Dans la même optique, l'ajout de 10 km de distance entre une municipalité et le centre-ville fait diminuer le pourcentage de cyclistes de $-14,48$ points de pourcentage.

Avec, cette équation de régression, il est possible de prédire le pourcentage de cyclistes pour n'importe quelle municipalité de la région métropolitaine. Par exemple, pour des distances de 5, 10 ou 20 kilomètres, les pourcentages de cyclistes seraient de :

- $\widehat{y}_i = 30,603 + (-1,448 \times 5\text{km}) = 23,363$
- $\widehat{y}_i = 30,603 + (-1,448 \times 10\text{km}) = 8,883$
- $\widehat{y}_i = 30,603 + (-1,448 \times 20\text{km}) = 1,643$

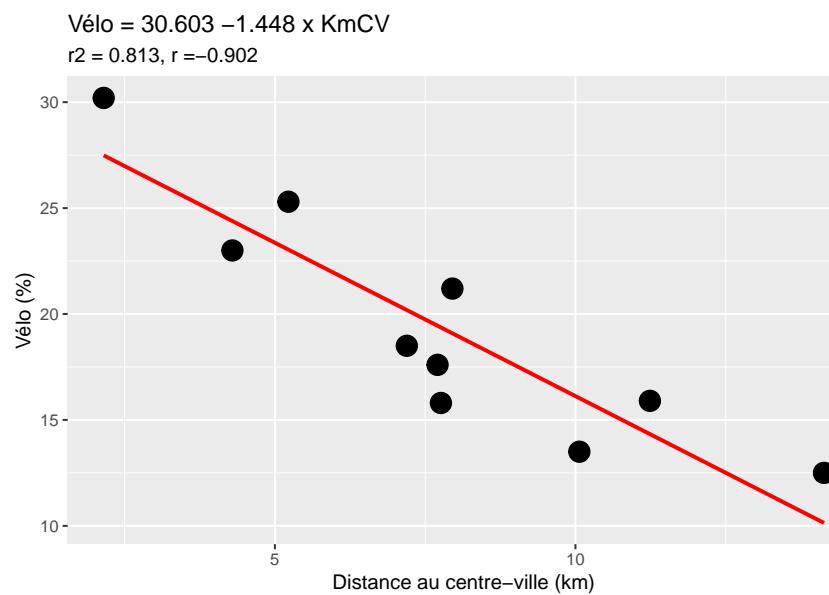


FIG. 4.13 : Relation linéaire entre l'utilisation du vélo et la distance au centre-ville

4.1.4.2 Formulation de la droite de régression des moindres carrés ordinaires

Reste à savoir comment sont estimés les différents paramètres de l'équation, soit β_0 et β_1 . À la figure 4.14, les points noirs représentent les valeurs observées (y_i) et les points bleus les valeurs prédictes (\widehat{y}_i) par l'équation du modèle. Les traits noirs verticaux représentent pour chaque observation i , l'écart entre la valeur observée et la valeur prédictée, dénommé résidu (ϵ_i , prononcez epsilon de i ou plus simplement le résidu pour i , ou encore le terme d'erreur de i). Si un point est au-dessus de la droite de régression, la valeur observée sera alors supérieure à la valeur prédictée ($y_i > \widehat{y}_i$) et inversement, si le point est au-dessous de la droite ($y_i < \widehat{y}_i$). Plus cet écart (ϵ_i) est important, plus l'observation s'éloigne de la prédiction du modèle, et par extension moins bon est le modèle. Au tableau 4.4, vous constaterez que la

somme des résidus est égale à zéro. La méthode des moindres carrés ordinaires (MCO) vise à minimiser les écarts au carré entre les valeurs observées (y_i) et prédites ($\beta_0 + \beta_1 x_i$, soit \widehat{y}_i) :

$$\min \sum_{i=1}^n (y_i - (\beta_0 + \beta_1 x_i))^2 \quad (4.8)$$

Pour minimiser ces écarts, le coefficient de régression β_1 représente le rapport entre la covariance entre X et Y et la variance de Y (équation (4.9)), tandis que la constante β_0 est la moyenne de la variable Y moins le produit de la moyenne de X et de son coefficient de régression (équation (4.10)).

$$\beta_1 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} = \frac{cov(X, Y)}{var(X)} \quad (4.9)$$

$$\beta_0 = \bar{Y} - \beta_1 \bar{X} \quad (4.10)$$

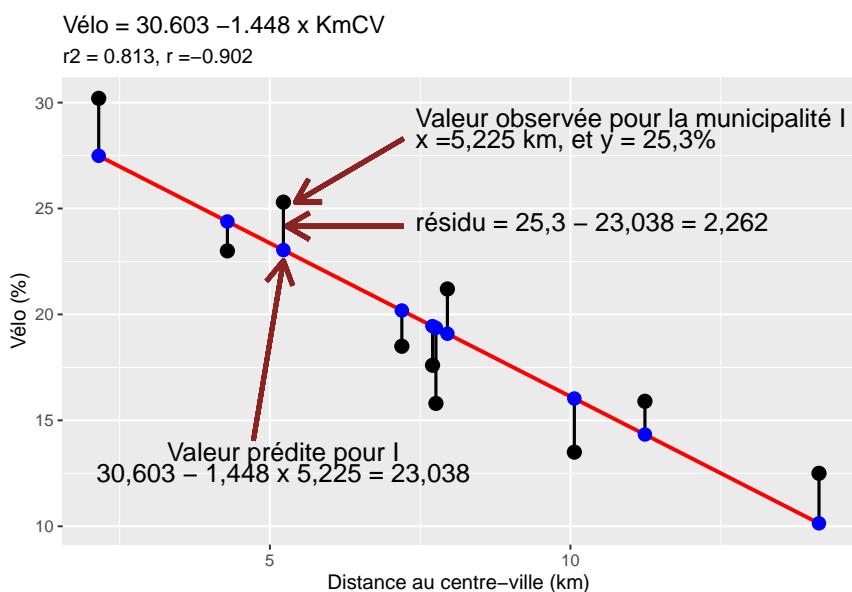


FIG. 4.14 : Droite de régression, valeurs observées, prédites et résidus

TAB. 4.4 : Valeurs observées, prédites et résidus

Municipalité	Vélo	KMCV	Valeur prédite	Résidu	Résidu au carré
A	12,5	14,135	10,138	2,362	5,579
B	13,5	10,065	16,031	-2,531	6,406
C	15,8	7,762	19,365	-3,565	12,709
D	15,9	11,239	14,331	1,569	2,462
E	17,6	7,706	19,446	-1,846	3,408
F	18,5	7,195	20,186	-1,686	2,843
G	21,2	7,953	19,089	2,111	4,456
H	23,0	4,293	24,388	-1,388	1,927
I	25,3	5,225	23,038	2,262	5,117
J	30,2	2,152	27,488	2,712	7,355
Somme				0,000	52,262

4.1.4.3 Mesurer la qualité d'ajustement du modèle

Les trois mesures les plus courantes pour évaluer la qualité d'ajustement d'un modèle de régression linéaire simple sont l'erreur quadratique moyenne (en anglais, *root-mean-square error*, *RMSE*), le coefficient de détermination (R^2) et la statistique F de Fisher. Pour mieux appréhender le calcul de ces trois mesures, rappelons que l'équation de régression s'écrit :

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i \Rightarrow Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon \quad (4.11)$$

Elle comprend ainsi une partie de Y qui est expliquée par le modèle et une autre partie non expliquée : ϵ appelé habituellement le terme d'erreur. Ce terme d'erreur pourrait représenter d'autres variables explicatives qui n'ont pas été prises en compte pour prédire la variable indépendante ou une forme de variation aléatoire inexplicable présente lors de la mesure.

$$Y = \underbrace{\beta_0 + \beta_1 X}_{\text{partie expliquée par le modèle}} + \underbrace{\epsilon}_{\text{partie non expliquée}} \quad (4.12)$$

Par exemple, pour la municipalité A au tableau 4.4, nous avons : $y_A = \hat{y}_A - \epsilon_A \Rightarrow 12.5 = 10.138 + 2.362$. Souvenez-vous que la variance d'une variable est la somme des écarts à la moyenne, divisée par le nombre d'observations. Par extension, il est alors possible de décomposer la variance de Y comme suit :

$$\underbrace{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}_{\text{variance de } Y} = \underbrace{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2}_{\text{var. expliquée}} + \underbrace{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}_{\text{var. non expliquée}} \Rightarrow SCT = SCE + SCR \quad (4.13)$$

avec :

- SCT est la somme des écarts au carré des valeurs observées à la moyenne (en anglais, *total sum of squares*)
- SCE est la somme des écarts au carré des valeurs prédictes à la moyenne (en anglais, *regression sum of squares*)
- SCR est la somme des carrés des résidus (en anglais, *sum of squared errors*).

Autrement dit, la variance totale est égale à la variance expliquée plus la variance non expliquée. Au tableau 4.5, vous pouvez repérer les valeurs de SCT , SCE et SCR et constater que $279,30 = 227,04 + 52,26$ et $27,93 = 22,70 + 5,23$.

Calcul de l'erreur quadratique moyenne

La somme des résidus au carré (SCR) divisée par le nombre d'observations représente donc le carré moyen des erreurs (en anglais, *mean square error* - *MSE*), soit la variance résiduelle du modèle ($52,26/10 = 5,23$). Plus sa valeur sera faible, plus le modèle sera efficace pour prédire la variable indépendante. L'erreur quadratique moyenne (en anglais, *root-mean-square error* - *RMSE*) est simplement la racine carrée de la somme des résidus au carré divisée par le nombre d'observations (n) :

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}{n}} \quad (4.14)$$

Elle représente ainsi une **mesure absolue des erreurs** qui est exprimée dans l'unité de mesure de la variable dépendante. Dans le cas présent, on a : $\sqrt{5,23} = 2,29$. Cela signifie qu'en moyenne, l'écart

TAB. 4.5 : Calcul du coefficient de détermination

Municipalité	y_i	\hat{y}_i	ϵ_i	$(y_i - \bar{y})^2$	$(\hat{y}_i - y_i)^2$	ϵ_i^2
A	12,50	10,14	2,36	46,92	84,86	5,58
B	13,50	16,03	-2,53	34,22	11,02	6,41
C	15,80	19,37	-3,57	12,60	0,00	12,71
D	15,90	14,33	1,57	11,90	25,19	2,46
E	17,60	19,45	-1,85	3,06	0,01	3,41
F	18,50	20,19	-1,69	0,72	0,70	2,84
G	21,20	19,09	2,11	3,42	0,07	4,46
H	23,00	24,39	-1,39	13,32	25,38	1,93
I	25,30	23,04	2,26	35,40	13,60	5,12
J	30,20	27,49	2,71	117,72	66,22	7,36
N	10,00					
Somme	193,50		0,00	279,30	227,04	52,26
Moyenne	19,35		0,00	27,93	22,70	5,23

absolu (ou erreur absolue) entre les valeurs observées et prédictes est de 2,29 points de pourcentage. De nouveau, une plus faible valeur de **RMSE** indique un meilleur ajustement du modèle. Mais surtout, le RMSE permet d'évaluer avec quelle précision le modèle prédit la variable dépendante. Il est donc particulièrement important si l'objectif principal du modèle est de prédire des valeurs sur un échantillon d'observations pour lequel la variable dépendante est inconnue.

Calcul du coefficient de détermination

Nous avons largement démontré que la variance totale est égale à la variance expliquée plus la variance non expliquée. La qualité du modèle peut donc être évaluée avec le coefficient de détermination (R^2), soit le rapport entre les variances expliquée et totale :

$$R^2 = \frac{SCE}{SCT} \text{ avec } R^2 \in [0, 1] \quad (4.15)$$

Comparativement au RMSE qui est une mesure absolue, le coefficient de détermination est une **mesure relative** qui varie de 0 à 1. Il exprime la proportion de la variance de Y qui est expliquée par la variable X; autrement dit, plus sa valeur est élevée, plus X influence / est capable de prédire Y. Dans le cas présent, on a : $R^2 = 227.04/279.3 = 0.8129$, ce qui signale que 81,3% de la variance du pourcentage de cyclistes est expliquée par la distance au centre-ville. Tel que signalé dans la section 4.1.3.2, la racine carrée du coefficient de détermination (R^2) est égale au coefficient de corrélation (r) entre les deux variables.

Calcul de la statistique F de Fisher

La statistique F de Fisher permet de vérifier la significativité globale du modèle.

$$F = (n - 2) \frac{R^2}{1 - R^2} = (n - 2) \frac{SCE}{SCR} \quad (4.16)$$

L'hypothèse nulle (h_0 avec $\beta_1 = 0$) est rejetée si la valeur calculée de F est supérieure à la valeur critique de la table F avec $(1, n-2)$ degrés de liberté et un seuil α ($p=0,05$ habituellement) (voir le tableau des valeurs critiques de F , section 12.2). Notez qu'on utilise rarement la table F puisqu'avec la fonction `pf(fobtenu, 1, n-2, lower.tail = FALSE)` l'on obtient directement la valeur de p associée à la valeur de F . Concrètement, si le test F est significatif (avec $p < 0,05$), plus la valeur de F sera élevée, plus le modèle sera efficace (et plus le R^2 sera également élevé).

Notez que la fonction `summary` renvoie les résultats du modèle, dont notamment le test F de Fisher.

```
# utiliser la fonction summary
summary(modèle)

## 
## Call:
## lm(formula = Velo ~ KmCV, data = data)
## 
## Residuals:
##    Min     1Q   Median     3Q    Max 
## -3.5652 -1.8062  0.0906  2.2241  2.7125 
## 
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
## (Intercept) 30.6032    2.0729 14.763 4.36e-07 ***
## KmCV        -1.4478    0.2456 -5.895 0.000364 ***  
## --- 
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1 
## 
## Residual standard error: 2.556 on 8 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8129, Adjusted R-squared:  0.7895 
## F-statistic: 34.75 on 1 and 8 DF,  p-value: 0.0003637
```

Dans le cas présent, $F = (10-2)\frac{0.8129}{1-0.8129} = (10-2)\frac{227.04}{52.26} = 34.75$ avec une valeur de $p < 0.001$. Par conséquent, le modèle est significatif.

4.1.4.4 Mise en œuvre dans R

Comment calculer une régression linéaire simple dans ? Rien de plus simple avec la fonction `lm(formula = y ~ x, data= dataframe)`.

```
df <- read.csv("data/bivariee/Reg.csv", stringsAsFactors = F)
## Création d'un objet pour le modèle
monmodèle <- lm(Velo ~ KmCV, df)
## Sorties du modèle avec la fonction summary
summary(monmodèle)

## 
## Call:
## lm(formula = Velo ~ KmCV, data = df)
## 
## Residuals:
##    Min     1Q   Median     3Q    Max 
## -3.5652 -1.8062  0.0906  2.2241  2.7125 
## 
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
## (Intercept) 30.6032    2.0729 14.763 4.36e-07 ***
```

```

## (Intercept) 30.6032    2.0729   14.763 4.36e-07 ***
## KmCV        -1.4478     0.2456   -5.895 0.000364 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.556 on 8 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8129, Adjusted R-squared:  0.7895
## F-statistic: 34.75 on 1 and 8 DF,  p-value: 0.0003637

```

```

## Calcul du MSE et du RMSE
MSE <- mean(monmodele$residuals^2)
RMSE <- sqrt(MSE)
cat("MSE=", round(MSE, 2), "; RMSE=", round(RMSE, 2), sep="")

```

```
## MSE=5.23; RMSE=2.29
```

4.1.4.5 Comment rapporter une régression linéaire simple

Nous avons calculé une régression linéaire simple pour prédire le pourcentage d'actifs occupés utilisant le vélo pour se rendre au travail en fonction de la distance au centre-ville (en kilomètres). Le modèle obtient un F de Fisher significatif ($F(1,8)=34,75$, $p < 0,001$) et un R^2 de 0,813. Le pourcentage de cyclistes peut être prédit par l'équation suivante : $30,603 - 1,448 \times (\text{distance au centre-ville en km})$.

4.2 Relation entre deux variables qualitatives



Deux variables qualitatives sont-elles associées entre elles ? Plus spécifiquement, certaines modalités d'une variable qualitative sont-elles associées significativement à certaines modalités d'une variable qualitative.

Prenons l'exemple de deux variables qualitatives : l'une intitulée *groupe d'âge* comprenant trois modalités (15 à 29 ans, 30 à 44 ans, 45 à 64 ans) ; l'autre intitulée *mode de transport habituel pour se rendre au travail* comprenant quatre modalités (véhicule motorisé, transport en commun, vélo, marche).

Comparativement aux deux autres groupes, on pourrait supposer que les jeunes se déplacent proportionnellement plus en modes de transport actifs (vélo et marche) et en transports en commun. À l'inverse, il est possible que les 45 à 64 ans se déplacent majoritairement en véhicule motorisé.

Pour vérifier l'existence d'associations significatives entre les modalités de deux variables qualitatives, il est possible de construire un **tableau de contingence** (section 4.2.1), puis de réaliser le **test du χ^2** (section 4.2.2).

4.2.1 Construction de tableau de contingence

Les données du tableau de contingence ci-dessous décrivent 279 projets d'habitation à loyer modique (HLM) dans l'ancienne ville de Montréal, croisant les modalités de la période de construction (en colonnes) et de la taille (en ligne) des projets HLM (Apparicio, 2002). Les différents éléments du tableau sont décrits ci-dessous.

- **Les fréquences observées**, nommées communément f_{ij} , correspondent aux observations appartenant à la fois à la $i^{\text{ème}}$ modalité de la variable en ligne et à la $j^{\text{ème}}$ modalité de la variable en colonne. À titre d'exemple, on compte 14 HLM construits entre 1985 et 1989 comprenant moins de 25 logements.
- **Les marges** du tableau sont les totaux pour chaque modalité en ligne ($n_{i\cdot}$) et en colonne ($n_{\cdot j}$). En guise d'exemple, sur les 279 projets HLM, 53 comprennent de 25 à 49 logements et 56 ont été construites entre 1968 et 1974. Bien entenu, la somme des marges en ligne ($n_{i\cdot}$) est égale au nombre total d'observations (n_{ij}), tout comme la somme de marges en colonne ($n_{\cdot j}$).
- **Trois pourcentages** sont disponibles (total, en ligne, en colonne). Ils sont respectivement la fréquence observée divisée par le nombre d'observations ($f_{ij}/n_{ij} \times 100$), par la marge en ligne ($f_{ij}/n_{i\cdot} \times 100$) et en colonne ($f_{ij}/n_{\cdot j} \times 100$). En guise d'exemple, 5% des 279 projets HLM ont été construits entre 1985 et 1989 et comprennent moins de 25 logements (pourcentage total, soit $14/279 \times 100$). Aussi, plus de la moitié des habitations de moins de 25 logements ont été construits entre 1990 et 1994 (pourcentage en ligne, $41/80 \times 100$). Finalement, près de 36% des logements construits avant 1975 ont 100 logements et plus ($20/56 \times 100$).
- **Les fréquences théoriques**, représentent les valeurs que l'on devrait observer théoriquement s'il y avait indépendance entre les modalités des deux variables : si la répartition des deux modalités des deux variables étaient dues au hasard. Pour le croisement de deux modalités, la fréquence théorique est égale au produit des marges divisé par le nombre total d'observations ($ft_{ij} = (n_{i\cdot} n_{\cdot j})/n_{ij}$). Par exemple, la fréquence théorique pour le croisement des modalités *moins de 25 logements* et *avant 1975* est égale à : $(80 \times 56)/279 = 16,06$. Nous observons ici que la valeur théorique (16,06) est bien supérieure à la valeur réelle (6). On observe donc moins de HLM de moins de 25 logements avant 1975 que ce que l'on pourrait attendre du hasard.
- **La déviation** est la différence entre la fréquence observée et la fréquence théorique ($f_{ij} - ft_{ij}$). Plus la déviation est grande, plus on s'écarte d'une situation d'indépendance entre les deux modalités i et j . La somme des déviations sur une ligne ou sur une colonne est nulle. Si la déviation ij est nulle, la fréquence théorique est égale à la fréquence observée, ce qui signifie qu'il y a indépendance entre les modalités i et j . Une déviation positive traduit, quant à elle, une attraction entre les modalités i et j , ou autrement dit, une surreprésentation du phénomène ij ; tandis qu'une déviation négative renvoie à une répulsion entre les modalités i et j , soit une sous-représentation du phénomène ij . Dans le cas précédent, on observait 6 habitations de moins de 25 logements construits avant 1975 et une fréquence théorique de 16,0. La déviation est donc -10,06, soit une sous-représentation du phénomène.
- **La contribution au khi^2** est égale à la déviation au carré divisée par la fréquence théorique : $\chi^2_{ij} = (f_{ij} - ft_{ij})^2 / ft_{ij}$. Plus sa valeur est forte, plus il y a association entre les deux modalités. La somme des contributions au khi^2 représente le khi^2 total pour l'ensemble du tableau de contingence (ici à 63,54) que nous abordons dans la section suivante.

```
##
##   Cell Contents
##   |-----|
##   |           Count |
##   |           Expected Values |
##   |           Chi-square contribution |
##   |           Row Percent |
##   |           Column Percent |
```

```

## |      Total Percent |
## |      Residual |
## |-----|
## 
## Total Observations in Table: 279
## 
## | TabKhi2$Periode
## TabKhi2$Taille | Av. 1975 | 1975-79 | 1980-84 | 1985-89 | 1990-94 | Row Total |
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## < 25 log. |       6 |      11 |       8 |      14 |      41 |      80 |
## | 16.06 | 13.76 | 13.76 | 13.48 | 22.94 | 
## | 6.30 | 0.55 | 2.41 | 0.02 | 14.22 | 
## | 7.50% | 13.75% | 10.00% | 17.50% | 51.25% | 28.67% |
## | 10.71% | 22.92% | 16.67% | 29.79% | 51.25% | 
## | 2.15% | 3.94% | 2.87% | 5.02% | 14.70% | 
## | -10.06 | -2.76 | -5.76 | 0.52 | 18.06 | 
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## 25-49 |      10 |       5 |       8 |       8 |      22 |      53 |
## | 10.64 | 9.12 | 9.12 | 8.93 | 15.20 | 
## | 0.04 | 1.86 | 0.14 | 0.10 | 3.05 | 
## | 18.87% | 9.43% | 15.09% | 15.09% | 41.51% | 19.00% |
## | 17.86% | 10.42% | 16.67% | 17.02% | 27.50% | 
## | 3.58% | 1.79% | 2.87% | 2.87% | 7.89% | 
## | -0.64 | -4.12 | -1.12 | -0.93 | 6.80 | 
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## 50-99 |      20 |      21 |      22 |      21 |      15 |      99 |
## | 19.87 | 17.03 | 17.03 | 16.68 | 28.39 | 
## | 0.00 | 0.92 | 1.45 | 1.12 | 6.31 | 
## | 20.20% | 21.21% | 22.22% | 21.21% | 15.15% | 35.48% |
## | 35.71% | 43.75% | 45.83% | 44.68% | 18.75% | 
## | 7.17% | 7.53% | 7.89% | 7.53% | 5.38% | 
## | 0.13 | 3.97 | 4.97 | 4.32 | -13.39 | 
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## 100 et + |      20 |      11 |      10 |       4 |       2 |      47 |
## | 9.43 | 8.09 | 8.09 | 7.92 | 13.48 | 
## | 11.83 | 1.05 | 0.45 | 1.94 | 9.77 | 
## | 42.55% | 23.40% | 21.28% | 8.51% | 4.26% | 16.85% |
## | 35.71% | 22.92% | 20.83% | 8.51% | 2.50% | 
## | 7.17% | 3.94% | 3.58% | 1.43% | 0.72% | 
## | 10.57 | 2.91 | 1.91 | -3.92 | -11.48 | 
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## Column Total |      56 |      48 |      48 |      47 |      80 |      279 |
## | 20.07% | 17.20% | 17.20% | 16.85% | 28.67% | 
## -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
## 
## Statistics for All Table Factors
## 
## Pearson's Chi-squared test

```

```
## -----
## Chi^2 = 63.54291      d.f. = 12      p = 5.063109e-09
##
## 
##      Minimum expected frequency: 7.917563
```

4.2.2 Test du χ^2

Avec le test du χ^2 , on postule qu'il y a indépendance entre les modalités des deux variables qualitatives, soit l'hypothèse nulle (H_0). Puis, on calcule le nombre de degrés de liberté : $DL = (n - 1)(l - 1)$ avec l et n étant respectivement les nombres de modalités en ligne et en colonne. Pour notre tableau de contingence, nous avons 12 degrés de liberté : $(4 - 1)(5 - 1) = 12$. À partir du nombre de degré de liberté et d'un seuil critique de significativité (prenons 5% ici), nous pouvons trouver la valeur critique de χ^2 dans le tableau des valeurs critiques du χ^2 : 21,03 section 12.1). Puisque la valeur du χ^2 calculé dans le tableau de contingence est bien supérieure à celle obtenue dans le tableau des valeurs critiques (63,54), on peut rejeter l'hypothèse d'indépendance au seuil de 5%. Autrement dit, si les deux variables n'étaient pas associées, nous aurions eu moins de 5% de chances de collecter des données avec ce niveau d'association, ce qui nous permet de rejeter l'hypothèse nulle (absence d'association). Notez que le test reste significatif avec des seuils de 1% ($p=0,01$) et 0,1% ($p=0,001$) puisque les valeurs critiques sont de 26,22 et 32,91.

Bien entendu, une fois que l'on connaît le nombre de degrés de liberté, on peut directement calculer les valeurs critiques pour différents seuils de signification et éviter ainsi de recourir à la table ci-dessus. Dans la même veine, on peut aussi calculer la valeur de p d'un tableau de contingence en spécifiant le nombre de degrés de liberté et la valeur du χ^2 obtenue.

```
cat("Valeurs critiques du khi2 avec le nombre de degrés de liberté", "\n",
  round(qchisq(p=0.95, df=12, lower.tail = FALSE), 3), "avec p=0,05", "\n",
  round(qchisq(p=0.99, df=12, lower.tail = FALSE), 3), "avec p=0,01", "\n",
  round(qchisq(p=0.999, df=12, lower.tail = FALSE), 3), "avec p=0,0001")
```

```
## Valeurs critiques du khi2 avec le nombre de degrés de liberté
## 5.226 avec p=0,05
## 3.571 avec p=0,01
## 2.214 avec p=0,0001
```

```
cat("Valeurs de p du Khi2 obtenu (63.54291) avec 12 degrés de liberté :", "\n",
  pchisq(q=63.54291, df=12, lower.tail = FALSE))
```

```
## Valeurs de p du Khi2 obtenu (63.54291) avec 12 degrés de liberté :
## 5.063101e-09
```



Outre le χ^2 , d'autres mesures d'association permettent de mesurer le degré d'association entre deux variables qualitatives. Les plus courantes sont reportées au tableau ci-dessous. À des fins de comparaison, le χ^2 décrit précédemment est aussi reporté sur la première ligne du tableau.

Statistique	Formule	Propriété et interprétation
χ^2	$\chi^2 = \sum \frac{(f_{ij} - ft_{ij})^2}{ft_{ij}}$	Mesure classique du Khi ² calculé à partir des différences entre les fréquences observées et attendues. Valeur de p disponible.
Ratio de vraisemblance du χ^2	$G^2 = 2 \sum f_{ij} \ln \left(\frac{f_{ij}}{ft_{ij}} \right)$	Calculé à partir du ratio entre les fréquences observées et attendues. Valeur de p disponible.
χ^2 de Mantel-Haenszel	$Q_{MH} = \frac{(N-1)r^2}{(N-1)^2}$	avec r étant le coefficient de corrélation entre les deux variables qualitatives ; par exemple, entre les valeurs des modalités de 1 à 5 de la variable <i>période de construction</i> et celles de 1 à 4 de la variable <i>taille du projet HLM</i> . Ce coefficient est très utile quand les deux variables qualitatives ne sont pas nominales, mais ordinales . Valeur de p disponible.
Corrélation polychorique	obtenue itérativement par maximum de vraisemblance	Dans le même esprit que le χ^2 de Mantel-Haenszel, la corrélation polychorique s'applique à deux variables ordinaires. Plus spécifiquement, elle formule le postulat que deux variables théoriques normalement distribuées ont été mesurées de façon approximative avec deux échelles ordinaires. Par exemple, en psychologie, le sentiment de bien être et le sentiment de sécurité peuvent être conceptualisés comme deux variables continues normalement distribuées. Cependant, les mesurer directement est très difficile, on a donc recours à des échelles de Likert allant de 1 à 10. Pour cet exemple, il serait pertinent d'utiliser la corrélation polychorique. Comme une corrélation de Pearson, la corrélation polychorique varie de -1 à 1, une valeur négative indiquant une relation inverse entre les deux variables théoriques et inversement. Une valeur de p peut être obtenue.
Coefficient Phi	$\phi = \sqrt{\frac{\chi^2}{n}}$	Simplement le Khi ² divisé par le nombre d'observations. Si les deux variables qualitatives comprennent deux modalités chacune (tableau 2x2 dimensions) alors ϕ varie de -1 à 1 ; sinon de 0 à $\min(\sqrt{c-1}, \sqrt{l-1})$ avec c et l étant le nombre de modalités en colonne et en ligne. Par conséquent, ce coefficient est peu utile pour les tableaux de plus de 2x2 dimensions. Pas de valeur de p disponible.
V de Cramer	$V = \sqrt{\frac{\chi^2/n}{\min(c-1, l-1)}}$	Il représente un ajustement du coefficient Phi et varie de 0 à 1. Plus sa valeur est forte plus les deux variables sont associées. À la lecture des deux formules, vous constaterez que pour un tableau de 2 x 2, la valeur du V de Cramer sera égale à celle du Coefficient Phi. Pas de valeur de p disponible.

4.2.3 Mise en œuvre dans

Pour calculer le Khi² entre deux variables qualitatives, on utilise la fonction de base : `chisq.test(x = ..., y = ...)` qui renvoie le nombre de degré de liberté, les valeurs du Khi² et de p .

```
# Importation du csv
dataHLM <- read.csv("data/bivariee/hlm.csv")
# Calcul du Khi2 avec la fonction de base chisq.test
chisq.test(x = dataHLM$Taille, y = dataHLM$Periode)

##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data: dataHLM$Taille and dataHLM$Periode
## X-squared = 63.543, df = 12, p-value = 5.063e-09
```

Pour la construction du tableau de contingence, deux options sont possibles dépendamment de la structuration de votre tableau de données initial. Premier cas de figure, votre tableau comprend une ligne par observation avec les différentes modalités dans deux colonnes (ici *Periode* et *Taille*). Dans la syntaxe ci-dessous, pour chacune des deux variables qualitatives, on crée un facteur afin de spécifier un intitulé à chaque modalité (`factor(levels =c(...), labels = c(..))`). Puis, on utilise la fonction `CrossTable` du package **gmodels**. Pour obtenir les fréquences théoriques, les contributions locales au χ^2 et les déviations, on spécifie les options suivantes : `expected=TRUE`, `chisq=TRUE`, `resid=TRUE`.

```
library("gmodels")
#Premiers enregistrements du tableau
head(dataHLM)
```

```
## Periode Taille
## 1      5     1
## 2      5     1
## 3      5     2
## 4      5     1
## 5      5     1
## 6      5     2
```

```
# La variable Periode comprend 5 modalités (de 1 à 5)
table(dataHLM$Periode)
```

```
##
## 1 2 3 4 5
## 56 48 48 47 80
```

```
# La variable Periode comprend 4 modalités (de 1 à 4)
table(dataHLM$Taille)
```

```
##
## 1 2 3 4
## 80 53 99 47
```

```

#Création d'un facteur pour les cinq modalités de la période de construction
dataHLM$Periode <- factor(dataHLM$Periode,
                           levels = c(1,2,3,4,5),
                           labels = c("<1975",
                                     "1975-1979",
                                     "1980-1984",
                                     "1985-1989",
                                     "1990-1994"))

#Création d'un facteur pour les quatre modalités de la taille des habitations
dataHLM$Taille <- factor(dataHLM$Taille,
                           levels = c(1,2,3,4),
                           labels = c("<25 log.",
                                     "25-49",
                                     "50-99",
                                     "100 et +"))

# Pour construire un tableau de contingence on utilise la fonction CrossTable
# (package gmodels) les deux lignes ci-dessous sont mises en commentaire
# pour ne pas répéter le tableau

#CrossTable(x=dataHLM$Taille, y=dataHLM$Periode, digits = 2,
#           expected=TRUE, chisq = TRUE, resid = TRUE, format="SPSS")

```

Deuxième cas de figure, vous disposez déjà d'un tableau de contingence, soit les fréquences observées (f_{ij}). On n'utilise donc pas la fonction `CrossTable`, mais directement la fonction `chisq.test`.

```
# Importation des données
df <- read.csv("data/bivariee/data_transport.csv", stringsAsFactors = FALSE)
df # Visualisation du tableau
```

```

sexes=c("Homme","Femme"))
# Test du Khi2
test <- chisq.test( Matrice)
print(test)

```

```

## 
## Pearson's Chi-squared test
##
## data: Matrice
## X-squared = 29134, df = 5, p-value < 2.2e-16

```

```

# Fréquences observées (Fij)
test$observed

```

```

##                               sexe
## transport                  Homme Femme
##   Automobile (conducteur) 689400 561830
##   Automobile (passager)    21315  40010
##   Transport en commun      181435 238330
##   A pied                   43715  54360
##   Bicyclette                24295  13765
##   Autre moyen               8395   6970

```

```

# Fréquences théoriques (FTij)
round(test$expected,0)

```

```

##                               sexe
## transport                  Homme Femme
##   Automobile (conducteur) 643313 607917
##   Automobile (passager)    31530  29795
##   Transport en commun      215820 203945
##   A pied                   50425  47650
##   Bicyclette                19568  18492
##   Autre moyen               7900   7465

```

```

# Déviations (Fij - FTij)
round(test$observed-test$expected,0)

```

```

##                               sexe
## transport                  Homme Femme
##   Automobile (conducteur) 46087 -46087

```

```
## Automobile (passager) -10215 10215
## Transport en commun -34385 34385
## A pied -6710 6710
## Bicyclette 4727 -4727
## Autre moyen 495 -495
```

```
# Contributions au Khi2
round((test$observed-test$expected)^2/test$expected,2)
```

```
## sexe
## transport Homme Femme
## Automobile (conducteur) 3301.74 3493.98
## Automobile (passager) 3309.37 3502.05
## Transport en commun 5478.22 5797.18
## A pied 892.81 944.80
## Bicyclette 1141.71 1208.19
## Autre moyen 31.04 32.85
```

```
# Marges en lignes et en colonnes
colSums(Matrice)
```

```
## Homme Femme
## 968555 915265
```

```
rowSums(Matrice)
```

```
## Automobile (conducteur) Automobile (passager) Transport en commun
## 1251230 61325 419765
## A pied Bicyclette Autre moyen
## 98075 38060 15365
```

```
# Grand total
sum(Matrice)
```

```
## [1] 1883820
```

```
# Pourcentages
round(Matrice/sum(Matrice)*100,2)
```

```

##                      sexe
## transport           Homme Femme
## Automobile (conducteur) 36.60 29.82
## Automobile (passager)    1.13  2.12
## Transport en commun      9.63 12.65
## A pied                2.32  2.89
## Bicyclette              1.29  0.73
## Autre moyen              0.45  0.37

```

```

# Pourcentages en ligne
round(Matrice/rowSums(Matrice)*100,2)

```

```

##                      sexe
## transport           Homme Femme
## Automobile (conducteur) 55.10 44.90
## Automobile (passager)   34.76 65.24
## Transport en commun     43.22 56.78
## A pied                44.57 55.43
## Bicyclette              63.83 36.17
## Autre moyen              54.64 45.36

```

```

# Pourcentages en colonne
round(Matrice/colSums(Matrice)*100,2)

```

```

##                      sexe
## transport           Homme Femme
## Automobile (conducteur) 71.18 58.01
## Automobile (passager)   2.33  4.37
## Transport en commun     18.73 24.61
## A pied                4.78  5.94
## Bicyclette              2.51  1.42
## Autre moyen              0.92  0.76

```

Pour obtenir les autres mesures d'association, on pourra utiliser la syntaxe suivante :

```

df <- read.csv("data/bivariee/hlm.csv")
# Fonction pour calculer les autres mesures d'association
AutresMesuresKhi2 <- function(x, y){
  testChi2 <- chisq.test(x, y) # Calcul du Chi2
  n <- sum(testChi2$observed) # Nombre d'observations
  c <- ncol(testChi2$observed) # Nombre de colonnes
  l <- nrow(testChi2$observed) # Nombre de lignes
  dl <- (c-1)*(l-1)          # Nombre de degrés de libertés
  chi2 <- testChi2$statistic # Khi2
  Pchi2 <- testChi2$p.value  # P pour le Khi2
}

```

```

#Ratio de vraisemblance du khi2
G <- 2*sum(testChi2$observed*log(testChi2$observed/testChi2$expected)) # G2
PG <- pchisq(G, df=dl, lower.tail = FALSE) # P pour le G22

# kхи2 de Mantel-Haenszel avec la librarie DescTools
MHTest <- DescTools::MHChisqTest(testChi2$observed)
MH <- MHTest$statistic
PMH <- MHTest$p.value

# Coefficient de correlation Polychorique
df <- data.frame("x" = as.factor(x),
                  "y" = as.factor(y))
polychoricCorr <- correlation::cor_test(df,"x","y",method = "polychoric")
polyR <- polychoricCorr$rho
polyP <- polychoricCorr$p

# Coefficient Phi et V de Cramer
phi <- sqrt(chi2/n)
vc <- sqrt(chi2/(n*min(c-1,l-1)))

# Tableau pour les sorties
dfsoutie <- data.frame(
  Statistique = c("Khi2",
                 "Ratio de vraisemblance du kхи",
                 "Khi2 de Mantel-Haenszel",
                 "Corrélation Polychoric",
                 "Coefficient de Phi",
                 "V de Cramer"),
  Valeur = round(c(Pchi2, G, MH, polyR, phi, vc),3),
  P = round(c(Pchi2, PG, PMH, polyP , NA, NA),10))
return(dfsoutie)
}

dfkhi2 <- AutresMesuresKhi2(df$Periode, df$Taille)

show_table(dfkhi2,
           caption="Mesures d'association entre deux variables qualitatives",
           digits = 3
           )

```

TAB. 4.7 : Mesures d'association entre deux variables qualitatives

Statistique	Valeur	P
Khi2	0,000	0
Ratio de vraisemblance du kхи	67,286	0
Khi2 de Mantel-Haenszel	48,486	0
Corrélation Polychoric	-0,479	0
Coefficient de Phi	0,477	
V de Cramer	0,276	

4.2.4 Interprétation d'un tableau de contingence

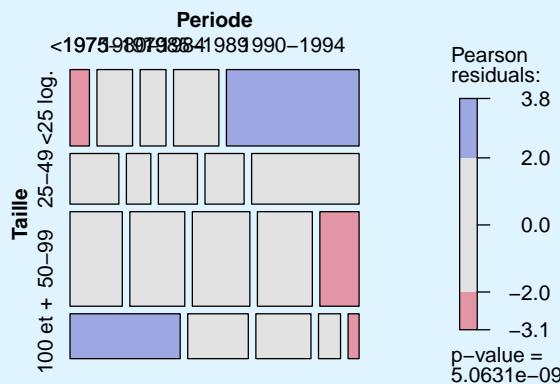
Nous vous proposons une démarche très simple pour vérifier l'association entre deux variables qualitatives avec les étapes suivantes :

- On pose l'hypothèse nulle (H_0), soit l'indépendance entre les deux variables. Si le χ^2 total du tableau de contingence est inférieur à la valeur critique du χ^2 avec $p=0,05$ et le nombre de degrés de liberté de la table T , alors il y a bien indépendance. La valeur de p sera alors supérieure à 0,05. L'analyse s'arrête donc là! Autrement dit, il n'est pas nécessaire d'analyser le contenu de votre tableau de contingence puisqu'il n'y pas d'associations significatives entre les modalités des deux variables. Vous pouvez simplement signaler que : selon les résultats du test du χ^2 , il n'y a pas d'association significative entre les deux variables ($\chi = \dots$ avec $p= \dots$).
- S'il y a dépendance ($khi_{observ}^2 > khi_{critique}^2$), trouver les cellules ij où les contributions au χ^2 sont les plus fortes, c'est-à-dire où les liens entre les modalités i de la variable en ligne et les modalités j de la variable en colonne sont les plus marqués. Pour ces cellules, le phénomène ij est surreprésenté si la déviation est positive ou sous-représenté si la déviation est négative. Commentez ces associations et utilisez les pourcentages en lignes ou en colonnes pour appuyer vos propos.



Pour repérer rapidement les cellules où les contributions au χ^2 sont les plus fortes, vous pouvez construire un graphique avec la fonction **mosaic** du package **vcd**. À la figure ??, la taille des rectangles représentent les effectifs entre les deux modalités tandis que les associations sont représentées comme suit : en gris lorsqu'elles ne sont pas significatives, en rouge pour des déviations significatives et négatives et en bleu pour des déviations significatives et positives.

```
library(vcd)
mosaic(~ Taille+Periode, data=dataHLM, shade=TRUE, legend=TRUE)
```



Exemple d'interprétation. «Les résultats du test du χ^2 signale qu'il existe des associations entre les modalités de la taille et de la période de construction des projets d'habitation ($\chi = 63,5$, $p < 0,001$). Les fortes

contributions au χ^2 et le signe positif ou négatif des déviations correspondantes permettent de repérer cinq associations majeures entre les modalités de taille et de période de construction des projets HLM : **1)** la répulsion entre les projets d'habitation de moins de 25 logements et la période de construction 1964-1974; **2)** l'attraction entre les projets d'habitation de 100 logements et plus et la période de construction de 1969-1974; **3)** l'attraction entre les projets d'habitation de moins de 25 logements et la période de construction de 1990-1994; **4)** la répulsion entre les projets d'habitation de 50 à 99 logements et la période de construction 1990-1994; **5)** la répulsion entre les projets d'habitation de 100 logements et plus et la période de construction 1990-1994. On observe donc une tendance bien marquée dans l'évolution du type de construction entre 1970 et 1994 : entre 1969 et 1974, on construit habituellement de grandes habitations dépassant souvent 100 logements; du milieu des années 1970 à la fin des années 1980, on priviliege la construction d'habitats de taille plus modeste, entre 50 et 100 logements; tandis qu'au début des années 1990, on opte plutôt pour des habitations de taille réduite (moins de 50 logements). Quelques chiffres à l'appui : sur les 56 habitations réalisées entre 1969 et 1974, 20 ont plus de 100 logements, 20 comprennent entre 50 et 99 logements et seules 10 ont moins de 25 logements. Près de la moitié des habitations construites entre 1975 et 1989 regroupent 50 à 99 logements (43,8% pour la période 1975-1979, 45,8% pour 1980-1984 et 44,7% pour 1985-1989). Par contre, 51% des logements érigés à partir de 1990 disposent de moins de 25 logements» (Apparicio, 2002, 117-118). Notez que cette évolution décroissante est aussi soutenue par le coefficient négatif de la corrélation polychorique.

Vous pouvez aussi construire un graphique pour appuyer vos constats, soit avec les pourcentages en ligne ou en colonne (figure 4.15 tirée de Apparicio and Séguin (2006)).

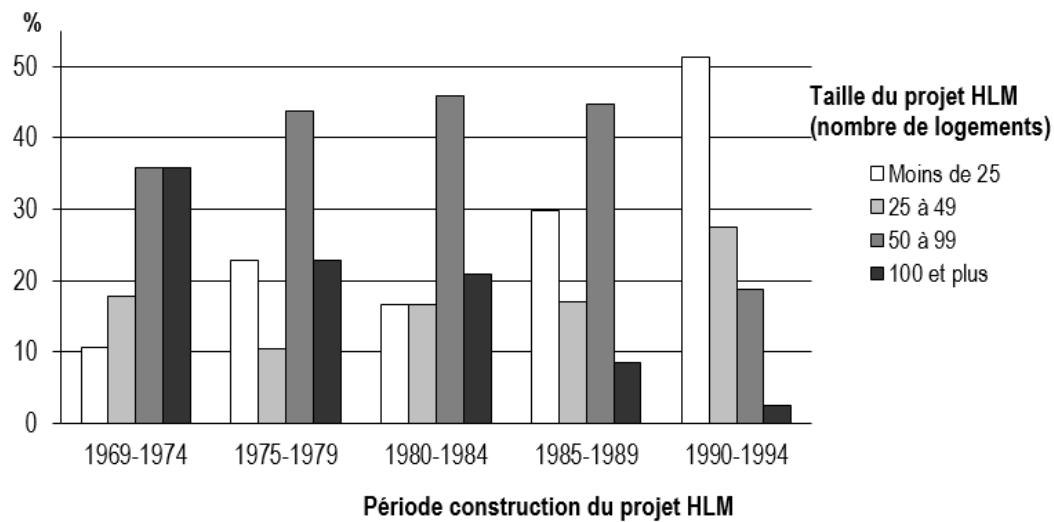


FIG. 4.15 : Taille des ensembles HLM selon la période de construction

Comment rapporter succinctement les résultats d'un Test du χ^2 ?

Le test du χ^2 a été réalisé pour examiner la relation entre la taille et la période de construction des habitations HLM. Cette relation est significative : $\chi^2(12, N = 279) = 63,5, p < 0,001$. Plus les projets ont été construits récemment, plus ils sont de taille réduite.

Pour un texte en anglais, vous pourrez consulter <https://www.socscistatistics.com/tutorials/chisquare/default.aspx>.

4.3 Relation entre une variable quantitative et une variable qualitative à deux modalités



Les moyennes de deux groupes de population sont-elles significativement différentes ? On souhaite ici comparer deux groupes de population en fonction d'une variable continue. Par exemple, pour deux échantillons respectivement d'hommes et de femmes travaillant dans le même secteur d'activité, on pourrait souhaiter vérifier si les moyennes des salaires des hommes et des femmes sont différentes et ainsi vérifier la présence ou l'absence d'une iniquité systématique. En études urbaines, dans le cadre d'une étude sur un espace public, on pourrait vouloir vérifier si la différence des moyennes du sentiment de sécurité des femmes et des hommes est significative (c'est-à-dire différente de 0).

Pour un même groupe, la moyenne de la différence d'un phénomène donné mesuré à deux moments est-elle ou non égale à zéro ? Autrement dit, on cherche à comparer un même groupe d'individus avant et après une expérimentation, ou dans deux contextes différents. Prenons un exemple d'application en études urbaines. Dans le cadre d'une étude sur la perception des risques associés à la pratique du vélo en ville, 50 individus utilisant habituellement l'automobile pour se rendre au travail sont recrutés. L'expérimentation pourrait consister à leur donner une formation sur la pratique du vélo en ville et à les accompagner quelques jours durant leurs déplacements domicile-travail. On évaluera la différence de leurs perceptions des risques associés à la pratique du vélo sur une échelle de 0 à 100 avant et après l'expérimentation. On pourrait supposer que la moyenne des différences est significativement négative, ce qui indiquerait que la perception du risque a diminué après l'expérimentation ; autrement dit, la perception du risque serait plus faible en fin de période.

4.3.1 Test *t* et ses différentes variantes

Le **t de student**, appelé aussi **test *t*** (*t-test* en anglais), est un test paramétrique permettant de comparer les moyennes de deux groupes (échantillons), qui peuvent être indépendantes ou non :

- **Échantillons indépendants (dits non appariés)**, les observations de deux groupes qui n'ont aucun lien entre eux. Par exemple, on souhaite vérifier si les moyennes du sentiment de sécurité des hommes et des femmes, ou encore si, les moyennes des loyers entre deux villes sont statistiquement différentes. Ainsi, les tailles des deux échantillons peuvent être différentes ($n_a \neq n_b$).
- **Échantillons dépendants (dits appariés)**, les individus des deux groupes sont les mêmes et sont donc associés par paires. Autrement dit, on a deux séries de valeurs de taille identique $n_a = n_b$ et n_{ai} est le même individu que n_{bi} . Ce type d'analyse est souvent utilisée en études cliniques : pour n individus, on dispose d'une mesure quantitative de leur état de santé pour deux séries (l'une avant le traitement, l'autre une fois le traitement terminé). Cela permet de comparer les mêmes individus avant et après un traitement, une expérimentation ; on parle alors d'étude, d'expérience et d'analyse pré-post. Concrètement, on cherche à savoir si la moyenne des différences des observations avant et après est significativement différente de 0. Si c'est le cas, on peut en conclure que l'expérimentation a eu un impact sur le phénomène mesuré (variable continue). Ce type d'analyse pré-post peut aussi être utilisé pour évaluer l'impact du réaménagement d'un espace public (rue commerciale, place publique, parc, etc.). Par exemple, on pourrait questionner le même échantillon de commerçants ou d'usagers avant et après le réaménagement d'une artère commerciale.

Condition d'application. Pour utiliser les tests de Student et de Welch, la variable continue doit être normalement distribuée. Si elle est fortement anormale, on utilisera le test non paramétrique de Wilcoxon (section 4.3.2). Il existe trois principaux tests pour comparer les moyennes de deux groupes :

- Test de Student (test t) avec échantillons indépendants et variances similaires (méthode *pooled*). Les variances de deux groupes sont semblables quand leur ratio varie de 0,5 à 2 ($0,5 < (S_{X_A}^2 / S_{X_B}^2) < 2$).
- Test de Welch (appelé aussi Satterthwaite) avec échantillons indépendants quand les variances des deux groupes sont dissemblables.
- Test de Student (test t) avec échantillons dépendants.

Il s'agit de vérifier si les moyennes des deux groupes sont statistiquement différentes avec les étapes suivantes :

- On pose l'hypothèse nulle (H_0), soit que les moyennes des deux groupes A et B ne sont pas différentes ($\bar{X}_A = \bar{X}_B$) ou autrement dit, la différence des deux moyennes est nulle ($\bar{X}_A - \bar{X}_B = 0$). L'hypothèse alternative (H_1) est donc $\bar{X}_A \neq \bar{X}_B$.
- On calcule la valeur de t et le nombre de degrés de liberté. La valeur de t sera négative quand la moyenne du groupe A est inférieure au groupe B et inversement.
- On compare la valeur absolue de t ($|T|$) avec celle issue de la table des valeurs critiques T avec le bon nombre de degrés de liberté et en choisissant un degré de signification (habituellement, $p = 0,05$). Si ($|t|$) est supérieure à la valeur t critique, alors les moyennes sont statistiquement différentes au degré de signification retenu.
- Si les moyennes sont statistiquement différentes, on peut calculer la taille de l'effet.

Cas 1. Test de student pour des échantillons indépendants avec variances égales (méthode *pooled*). La valeur de t est le ratio entre la différence des moyennes des deux groupes (numérateur) et l'erreur-type groupée des deux échantillons (dénominateur) :

$$t = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{\sqrt{\frac{S_p^2}{n_A} + \frac{S_p^2}{n_B}}} \text{ avec } S_p^2 = \frac{(n_A - 1)S_{X_A}^2 + (n_B - 1)S_{X_B}^2}{n_A + n_B - 2}$$

avec n_A, n_B , $S_{X_A}^2$ et $S_{X_B}^2$ étant respectivement les nombres d'observations et les variances pour les groupes A et B , S_p^2 étant la variance groupée des deux échantillons et $n_A + n_B - 2$ étant le nombre de degrés de liberté.

Cas 2. Test de Welch pour des échantillons indépendants (avec variances différentes). Le test de Welch est très similaire au test de student; seul le calcul de la valeur de T est différent, pour tenir compte des variances respectives des groupes :

$$t = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{\sqrt{\frac{S_A^2}{n_A} + \frac{S_B^2}{n_B}}} \text{ et } dl = \frac{\left(\frac{S_{X_A}^2}{n_A} + \frac{S_{X_B}^2}{n_B} \right)^2}{\frac{S_{X_A}^4}{n_A^2(n_A - 1)} + \frac{S_{X_B}^4}{n_B^2(n_B - 1)}}$$

Dans la syntaxe ci-dessous, nous avons écrit une fonction dénommée `test_independants` permettant de calculer les deux tests pour des échantillons indépendants. Dans cette fonction, vous pourrez repérer comment sont calculés les moyennes, nombres d'observations et variances pour les deux groupes, le nombre de degrés de liberté, les valeurs de t et de p pour les deux tests. Puis, nous avons créé aléatoirement deux jeux de données relativement à la vitesse de déplacement de cyclistes utilisant un vélo personnel ou un vélo en libre service (généralement plus lourd et moins utilisé par des cyclistes expérimentés) :

- Au cas 1, 60 cyclistes utilisant un vélo personnel roulant en moyenne à 18 km/h (écart-type de 1,5) et 50 utilisateurs du système de vélo partage avec une vitesse moyenne de 15 km/h (écart-type de 1,5).

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

- Au cas 2, 60 cyclistes utilisant un vélo personnel roulant en moyenne à 16 km/h (écart-type de 3) et 50 utilisateurs du système de vélo partage avec une vitesse moyenne de 15 km/h (écart-type de 1,5). Ce faible écart des moyennes, combiné à une plus forte variance va réduire la significativité de la différence entre les deux groupes.

D'emblée, l'analyse visuelle des boîtes à moustaches (figure 4.16) signale qu'au cas 1 contrairement au cas 2, les groupes sont plus homogènes (boîtes plus compactes) et les moyennes semblent différentes (les boîtes sont centrées différemment sur l'axe des ordonnées). Cela est confirmé par les résultats des tests.

```

library("ggplot2")
library("ggsignif")
# fonction -----
tstudent_independants <- function(A, B){
  x_a <- mean(A)           # Moyenne du groupe A
  x_b <- mean(B)           # Moyenne du groupe B
  var_a <- var(A)          # Variance du groupe A
  var_b <- var(B)          # Variance du groupe B
  sd_a <- sqrt(var_a)      # Écart-type du groupe A
  sd_b <- sqrt(var_b)      # Écart-type du groupe B
  ratio_v <- var_a / var_b # ratio des variances
  n_a <- length(A)         # nombre d'observation du groupe A
  n_b <- length(B)         # nombre d'observation du groupe B

  # T-test (variances égales)
  dl_test <- n_a+n_b-2     # degrés de liberté
  PooledVar <- (((n_a-1)*var_a)+((n_b-1)*var_b))/dl_test
  t_test <- (x_a-x_b) / sqrt(((PooledVar/n_a)+(PooledVar/n_b)))
  p_test <- 2*(1-(pt(abs(t_test), dl_test)))

  # Test Welch-Satterwaite (variances inégales)
  t_welch <- (x_a-x_b) / sqrt( (var_a/n_a) + (var_b/n_b))
  dl_num = ((var_a/n_a) + (var_b/n_b))^2
  dl_dem = ((var_a/n_a)^2/(n_a-1)) + ((var_b/n_b)^2/(n_b-1))
  dl_welch = dl_num / dl_dem # degrés de liberté
  p_welch <- 2*(1-(pt(abs(t_welch), dl_welch)))

  cat("\n groupe A (n = ", n_a, ")", moy = ", round(x_a,1),",
      variance = ", round(var_a,1),", écart-type = ", round(sd_a,1),
      "\n groupe B (n = ", n_b, ")", moy = ", round(x_b,1),",
      variance = ", round(var_b,1),", écart-type = ", round(sd_b,1),
      "\n ratio variance = ", round(ratio_v,2),
      "\n t-test (variances égales): t(dl = ", dl_test, ") = ", round(t_test,4),
      ", p = ", round(p_test,6),
      "\n t-Welch (variances inégales): t(dl = ", round(dl_welch,3), ") = ",
      round(t_welch,4), ", p = ", round(p_welch,6), sep="")

  if (ratio_v > 0.5 && ratio_v < 2) {
    cat("\n Variances similaires. Utilisez le test de Student !")
    p <- p_test
  } else {
    cat("\n Variances dissemblables. Utilisez le test de Welch-Satterwaite !")
    p <- p_welch
  }

  if (p <=.05) {
    ggplot(data = data, aes(x = variable, y = value)) +
      geom_boxplot() +
      ggsignif::geom_signif(statistic = "t", test = "two.sample", p.threshold = .05,
                            label = paste("p = ", round(p, 3)), label.y = 15)
  }
}
```

```

    cat("\n Les moyennes des deux groupes sont significativement différentes.")
} else {
  cat("\n Les moyennes des deux groupes ne sont pas significativement différentes.")
}
}

# CAS 1 : données fictives -----
# Création du groupe A : 60 observations avec une vitesse moyenne de 18 et un écart-type de 1,5
Velo1A <- rnorm(60,18,1.5)
# Création du groupe B : 50 observations avec une vitesse moyenne de 15 et un écart-type de 1,5
Velo1B <- rnorm(50,15,1.5)
df1 <- data.frame(
  vitesse = c(Velo1A,Velo1B),
  type = c(rep("Vélo personnel",length(Velo1A)), rep("Vélo partage",length(Velo1B)))
)
boxplot1 <- ggplot(data=df1, mapping=aes(x=type,y=vitesse, colour=type)) +
  geom_boxplot(width=0.2) +
  ggtitle("Données fictives (cas 1)") +
  xlab("Type de vélo") +
  ylab("Vitesse de déplacement (km/h)") +
  theme(legend.position = "none")
# CAS 2 : données fictives -----
# Création du groupe A : 60 observations avec une vitesse moyenne de 18 et un écart-type de 3
Velo2A <- rnorm(60,16,3)
# Création du groupe B : 50 observations avec une vitesse moyenne de 15 et un écart-type de 1,5
Velo2B <- rnorm(50,15,1.5)
df2 <- data.frame(
  vitesse = c(Velo2A,Velo2B),
  type = c(rep("Vélo personnel",length(Velo2A)), rep("Vélo partage",length(Velo2B)))
)
boxplot2 <- ggplot(data=df2, mapping=aes(x=type,y=vitesse, colour=type)) +
  geom_boxplot(width=0.2) +
  ggtitle("Données fictives (cas 2)") +
  xlab("Type de vélo") +
  ylab("Vitesse de déplacement (km/h)") +
  theme(legend.position = "none")
ggarrange(boxplot1, boxplot2, ncol = 2, nrow = 1)

```

```

# Appel de la fonction pour le cas 1
tstudent_independants(Velo1A, Velo1B)

```

```

## 
##  groupe A (n = 60), moy = 18.3,
##          variance = 1.6, écart-type = 1.3
##  groupe B (n = 50), moy = 14.7,
##          variance = 2.4, écart-type = 1.5
##  ratio variance = 0.68
##  t-test (variances égales): t(dl = 108) = 13.1218, p = 0
##  t-Welch (variances inégales): t(dl = 94.977) = 12.895, p = 0
##  Variances similaires. Utilisez le test de Student !
##  Les moyennes des deux groupes sont significativement différentes.

```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

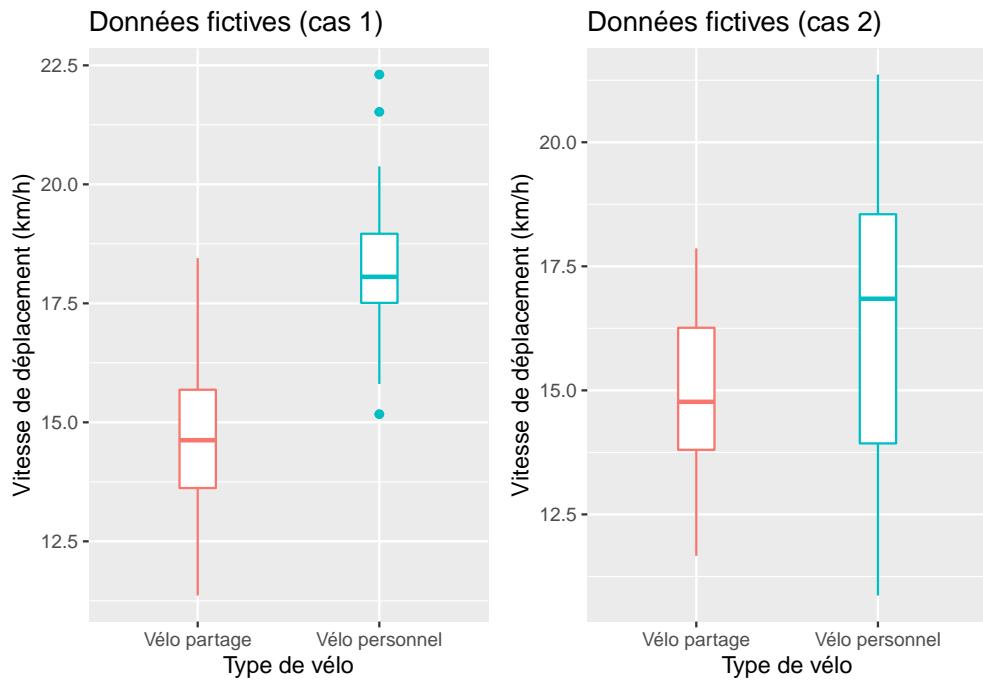


FIG. 4.16 : Boîtes à moustaches sur des échantillons fictifs non appariés

```
# Appel de la fonction pour le cas 2
tstudent_independants(Velo2A, Velo2B)
```

```
## 
##  groupe A (n = 60), moy = 16.3,
##          variance = 8, écart-type = 2.8
##  groupe B (n = 50), moy = 15,
##          variance = 2.1, écart-type = 1.4
##  ratio variance = 3.83
##  t-test (variances égales): t(dl = 108) = 3.0257, p = 0.003101
##  t-Welch (variances inégales): t(dl = 90.977) = 3.193, p = 0.001934
##  Variances dissemblables. Utilisez le test de Welch-Satterwaite !
##  Les moyennes des deux groupes sont significativement différentes.
```

4.3.1.1 Principe de base et formulation pour des échantillons dépendants (appariés)

Nous disposons de plusieurs individus pour lesquelles nous avons mesuré un phénomène (variable continue) à deux temps différents : généralement avant et après une expérimentation (analyse pré-post). Il s'agit de vérifier si la moyenne des différences des observations avant et après la période est différente de 0. Pour ce faire, on réalise les étapes suivantes :

- On pose l'hypothèse nulle (H_0), soit que la moyenne des différences entre les deux séries est égale à 0 ($\bar{D} = 0$ avec $d = x_{t_1} - x_{t_2}$). L'hypothèse alternative (H_1) est donc $\bar{D} \neq 0$. Notez que l'on peut tester une autre valeur que 0.

- On calcule la valeur de t et le nombre de degrés de liberté. La valeur de t sera négative quand la moyenne des différences entre X_{t_1} et X_{t_2} est négative et inversement.
- On compare la valeur absolue de t ($|T|$) avec celle issue de la table des valeurs critiques T avec le bon nombre de degrés de liberté et en choisissant un degré de signification (habituellement, $p = 0,05$). Si ($|t|$) est supérieure à la valeur t critique, alors les moyennes sont statistiquement différentes au degré de signification retenu.

Pour le test de student avec des échantillons appariées, la valeur de t se calcule comme suit :

$$t = \frac{\bar{D} - \mu_0}{\sigma_D / \sqrt{n}}$$

avec \bar{D} étant la moyenne des différences entre les observations appariées de la série A et de la série B, σ_D l'écart des différences, n le nombre d'observations, et finalement μ_0 la valeur de l'hypothèse nulle que l'on veut tester (habituellement 0). Bien entendu, il est possible fixer une autre valeur pour μ_0 : par exemple, avec $\mu_0 = 10$, on chercherait ainsi à vérifier si la moyenne des différences est significativement différente de 10. Le nombre de degrés de liberté sera égal à $n - 1$.

Dans la syntaxe ci-dessous, nous avons écrit une fonction dénommée `tstudent_dependants` permettant de réaliser le test de student pour des échantillons appariés. Dans cette fonction, vous pourrez repérer comment sont calculés la différence entre les observations pairees, la moyenne et l'écart-type de cette différence, puis le nombre de degrés de liberté, les valeurs de t et de p pour les deux tests.

Pour illustrer l'utilisation de la fonction, nous avons créé aléatoirement deux jeux de données. Imaginons que ces données décrivent 50 personnes utilisant habituellement l'automobile pour se rendre au travail. Pour ces personnes, nous avons générée des valeurs du risque perçu de l'utilisation du vélo (de 0 à 100), et ce, avant et après une période de 20 jours ouvrables durant lesquels ils devaient impérativement se rendre au travail à vélo.

- Au cas 1, les valeurs de risque ont une moyenne de 70 avant l'expérimentation et de 50 après l'expérimentation, avec des écarts types de 5.
- Au cas 2, les valeurs de risque ont une moyenne de 70 avant et 66 après, avec des écarts types de 5.

D'emblée, l'analyse visuelle des boîtes à moustaches (figure 4.17) pairees montrent que la perception du risque semble avoir nettement diminué après l'expérimentation pour le cas 1 mais pas pour le cas 2. Cela est confirmé par les résultats des tests.

```
library("ggplot2")
library("ggpubr")
tstudent_dependants <- function(A, B, mu=0){
  d <- A-B                      # différences entre les observations pairees
  moy <- mean(d)                 # Moyenne des différences
  e_t <- sd(d)                   # Écart-type des différences
  n   <- length(A)               # nombre d'observations
  dl  <- n-1                     # nombre de degrés de liberté (variances égales)

  t <- (moy-mu) / (e_t/sqrt(n)) # valeur de t
  p <- 2*(1-(pt(abs(t), dl)))

  cat("\n groupe A : moy = ", round(mean(A),1), ", var = ",
      round(var(A),1), ", n = ", n, ", t = ", round(t,2), ", p = ", round(p,3))
  cat("\n groupe B : moy = ", round(mean(B),1), ", var = ",
      round(var(B),1), ", n = ", n, ", t = ", round(t,2), ", p = ", round(p,3))
}
```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

```

    round(var(A),1)," , sd = " , round(sqrt(var(A)),1),
"\n groupe B : moy = ", round(mean(B),1)," , var = ",
    round(var(B),1)," , sd = " , round(sqrt(var(B)),1),
"\n Moyenne des différences = ", round(mean(moy),1),
"\n Ecart-type des différences = ", round(mean(e_t),1),
"\n t(dl = ", dl, ") = ",round(t,2),
", p = ", round(p,3), sep="")

if (p <=.05){
  cat("\n La moyenne des différences entre les échantillons est significative")
}
else{
  cat("\n La moyenne des différences entre les échantillons n'est pas significative")
}

# CAS 1 : données fictives -----
Avant1 <- rnorm(50,70,5)
Apres1 <- rnorm(50,50,5)
df1 <- data.frame(Avant=Avant1, Apres=Apres1)
boxplot1 <- ggpaired(df1, cond1 = "Avant", cond2 = "Apres", fill = "condition",
                      palette = "jco", title = "Données fictives (cas 1)")

# CAS 2 : données fictives -----
Avant2 <- rnorm(50,70,5)
Apres2 <- rnorm(50,66,5)
df2 <- data.frame(Avant=Avant2, Apres=Apres2)
boxplot2 <- ggpaired(df2, cond1 = "Avant", cond2 = "Apres", fill = "condition",
                      palette = "jco", title = "Données fictives (cas 2)")

ggarrange(boxplot1, boxplot2, ncol = 2, nrow = 1)

```

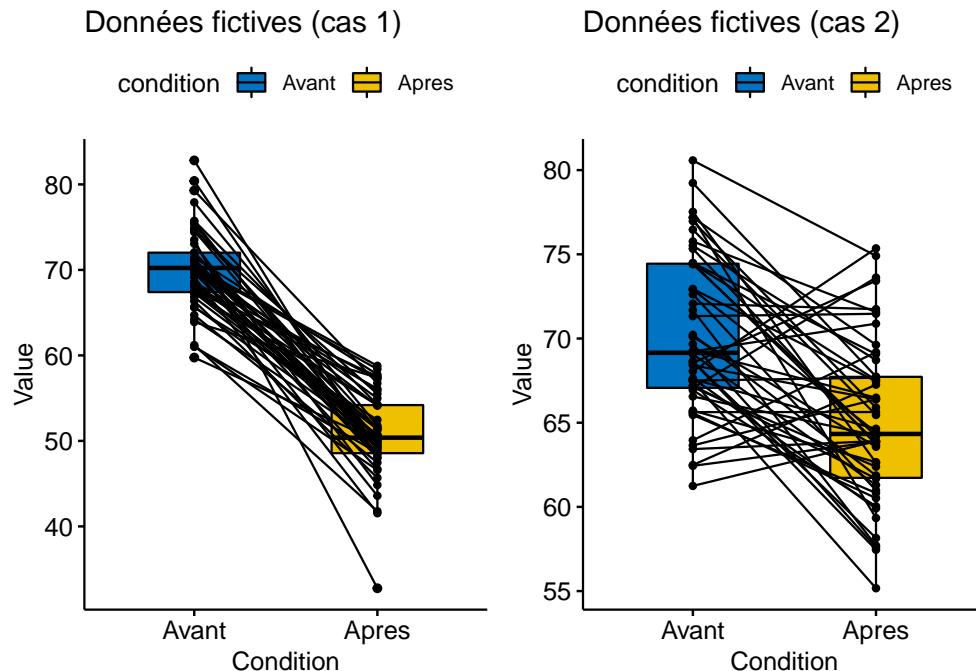


FIG. 4.17 : Boites à moustaches sur des échantillons fictifs appariés

```
# Test t : appel de la fonction tstudent_dependants
tstudent_dependants(Avant1, Apres1, mu=0)
```

```
##
## groupe A : moy = 70, var = 23.7, sd = 4.9
## groupe B : moy = 50.7, var = 24.1, sd = 4.9
## Moyenne des différences = 19.3
## Ecart-type des différences = 6.7
## t(dl = 49) = 20.26, p = 0
## La moyenne des différences entre les échantillons est significative
```

```
tstudent_dependants(Avant2, Apres2, mu=0)
```

```
##
## groupe A : moy = 70.2, var = 22.9, sd = 4.8
## groupe B : moy = 65.1, var = 23.1, sd = 4.8
## Moyenne des différences = 5.1
## Ecart-type des différences = 6
## t(dl = 49) = 5.95, p = 0
## La moyenne des différences entre les échantillons est significative
```

4.3.1.2 Mesurer la taille de l'effet

Rappelons que la taille de l'effet permet d'évaluer la magnitude (force) de l'effet d'une variable (ici la variable qualitative à deux modalités) sur une autre (ici la variable continue). Dans le cas de comparaisons de moyennes (avec des échantillons pairés ou non), pour mesurer la taille d'effet, on utilise habituellement le d de Cohen ou encore le g de Hedges; le second étant un ajustement du premier. Notez que nous analyserons la taille de l'effet uniquement si le test student ou de Welch s'est révélé significatif ($p < 0,05$).

Pourquoi utiliser le d de Cohen? Deux propriétés en font une mesure particulièrement intéressante. Premièrement, elle est facile à calculer puisque d est le ratio entre la différence de deux moyennes de groupes (A, B) et l'écart-type combiné des deux groupes. Deuxièmement, d représente ainsi une mesure standardisée de la taille de l'effet; elle permet ainsi l'évaluation de la taille d'effet indépendamment de l'unité de mesure de la variable continue. Concrètement, cela signifie que quelle que soit l'unité de mesure de la variable continue X , elle est toujours exprimée en unité d'écart-type de X . Cette propriété facilite ainsi grandement les comparaisons entre des valeurs de d calculées sur différentes combinaisons de variables (au même titre que le coefficient de variation ou le coefficient de corrélation par exemple). Pour des échantillons indépendants de tailles différentes, il s'écrit :

$$d = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{\sqrt{\frac{(n_A-1)S_A^2 + (n_B-1)S_B^2}{n_A+n_B-2}}}$$

avec n_A, n_B , $S_{X_A}^2$ et $S_{X_B}^2$ étant respectivement les nombres d'observations et les variances pour les groupes A et B, S_p^2 .

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

Si les échantillons sont de tailles identiques ($n_A = n_B$), alors d peut s'écrire :

$$d = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{\sqrt{(S_A^2 + S_B^2)/2}} = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{(\sigma_A + \sigma_B)/2}$$

avec σ_A et σ_B étant les écarts-types des deux groupes (rappel : l'écart-type est la racine carrée de la variance!).

Le g de Hedge est simplement une correction de d , particulièrement importante quand les échantillons sont de taille réduite.

$$g = d - \left(1 - \frac{3}{4(n_A + n_B) - 9}\right)$$

Moins utilisé en sciences sociales, mais surtout en études cliniques, le delta de Glass est simplement la différence des moyennes des groupes indépendants (numérateur) sur l'écart-type du deuxième groupe (dénominateur). Dans une étude clinique, on a habituellement un groupe qui subit un traitement (groupe de traitement) et un groupe qui a reçu un placebo (groupe de contrôle ou groupe témoin). L'effet de taille est ainsi évalué par rapport au groupe de contrôle :

$$\Delta = \frac{\bar{X}_A - \bar{X}_B}{\sigma_B}$$

Finalement, pour des échantillons dépendants (pairés), il s'écrit simplement $d = \bar{D}/\sigma_D$ avec \bar{D} et σ_D étant la moyenne et l'écart-type des différences entre les observations.

Comment interpréter le d de Cohen ? Un effet sera considéré comme faible avec $|d|$ à 0,2, modéré à 0,50 et fort à 0,80 (Cohen, 1992). Notez que ces seuils ne sont que des conventions pour vous guider à interpréter la mesure de Cohen. D'ailleurs, dans son livre intitulé *Statistical power analysis for the behavioral sciences*, il écrit : «all conventions are arbitrary. One can only demand of them that they not be unreasonable» (Cohen, 2013). Plus récemment, (Sawilowsky, 2009) a ajouté d'autres seuils à ceux proposés par Cohen (tableau 4.8).

4.3.1.3 Mise en œuvre dans

Nous avons écrit précédemment les fonctions `tstudent_independants` et `tstudent_dépendants` uniquement pour décomposer les différentes étapes de calcul des tests de Student et de Welch. Il existe des fonctions de base (`t.test` et `var.test`) qui permettent de réaliser l'un ou l'autre de ces deux tests avec une seule ligne de code.

La fonction `t.test` permet ainsi de calculer les test de Student et de Welch :

TAB. 4.8 : Conventions pour l'interprétation du d de Cohen

Sawilowsky	Cohen
0,1 : Très faible	
0,2 : Faible	0,2 : Faible
0,5 : Moyen	0,5 : Moyen
0,8 : Fort	0,8 : Fort
1,2 : Très fort	
	2,0 : Énorme

- `t.test(x ~ y, data=, mu = 0, paired = FALSE, var.equal = FALSE, conf.level = 0.95)` ou `t.test(x =, y =, mu = 0, paired = FALSE, var.equal = FALSE, conf.level = 0.95)`.
- Le paramètre `paired` sera utilisé pour spécifier si les échantillons sont dépendants (`paired=TRUE`) ou indépendants (`paired=False`).
- Le paramètre `var.equal` sera utilisé pour spécifier si les variances sont égales pour le test de Student (`var.equal=TRUE`) ou dissemblables pour le test de Welch (`var.equal=False`).
- `var.test(x, y)` ou `var.test(x ~ y, data=)` pour vérifier au préalable si les variances sont égales ou non et choisir ainsi un t de Student ou un t de Welch.

Les fonctions `cohens_d` et `hedges_g` du package `effectsize` renvoient respectivement les mesures de d de Cohen et du g de Hedge :

- `cohens_d(x ~ y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)` ou `cohens_d(x, y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)` ou
- `hedges_g(x ~ y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)` ou `hedges_g(x, y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)`
- `glass_delta(x ~ y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)` ou `glass_delta(x, y, data = dataframe, paired = FALSE, pooled_sd = TRUE)`

Notez que pour toutes ces fonctions deux écritures sont possibles :

- `x ~ y, data=` avec un `dataframe` dans lequel `x` est une variable continue et `y` et un facteur binaire
- `x, y` qui sont tous deux des vecteurs numériques (variable continue).

Exemple de test pour des échantillons indépendants

La figure 4.18 représente la cartographie du pourcentage de locataires par secteur de recensement (SR) pour la région métropolitaine de recensement de Montréal (RMR) en 2016, soit une variable continue. L'objectif est de vérifier si la moyenne de ce pourcentage des SR de l'agglomération de Montréal est significativement différente de celles de SR hors de l'agglomération.

Les résultats de la syntaxe ci-dessous signalent que le pourcentage de locataires par SR est bien supérieur dans l'agglomération (moyenne = 59,7% ; écart-type = 21,4%) qu'en dehors de l'agglomération de Montréal (moyenne = 27,3% ; écart-type = 20,1%) ; cette différence de 32,5 points de pourcentage est d'ailleurs significative et très forte ($t = -23,95$; $p \ll 0,001$, d de Cohen = 1,54).

```
library("foreign")
library("effectsize")
library("ggplot2")
library("dplyr")
# Importation du fichier
dfRMR <- read.dbf("data/bivariee/SRRMRMTL2016.dbf")
# Définition d'un facteur binaire
dfRMR$Montreal <- factor(dfRMR$Montreal,
                           levels= c(0,1),
                           labels = c("Hors de Montréal","Montréal"))
# Comparaison des moyennes -----
#Boite à moustaches (boxplot)
```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

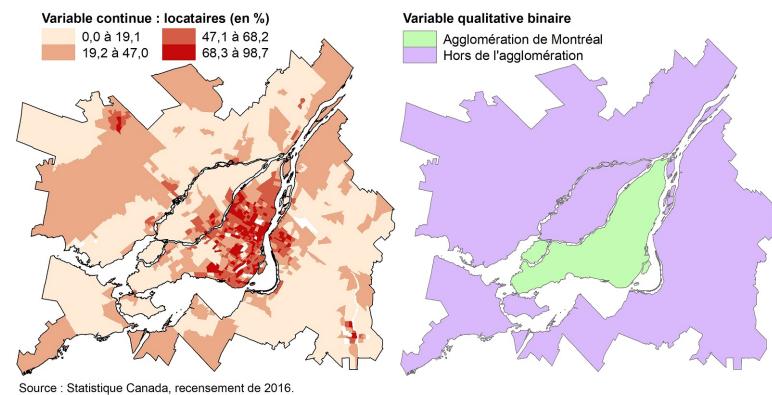
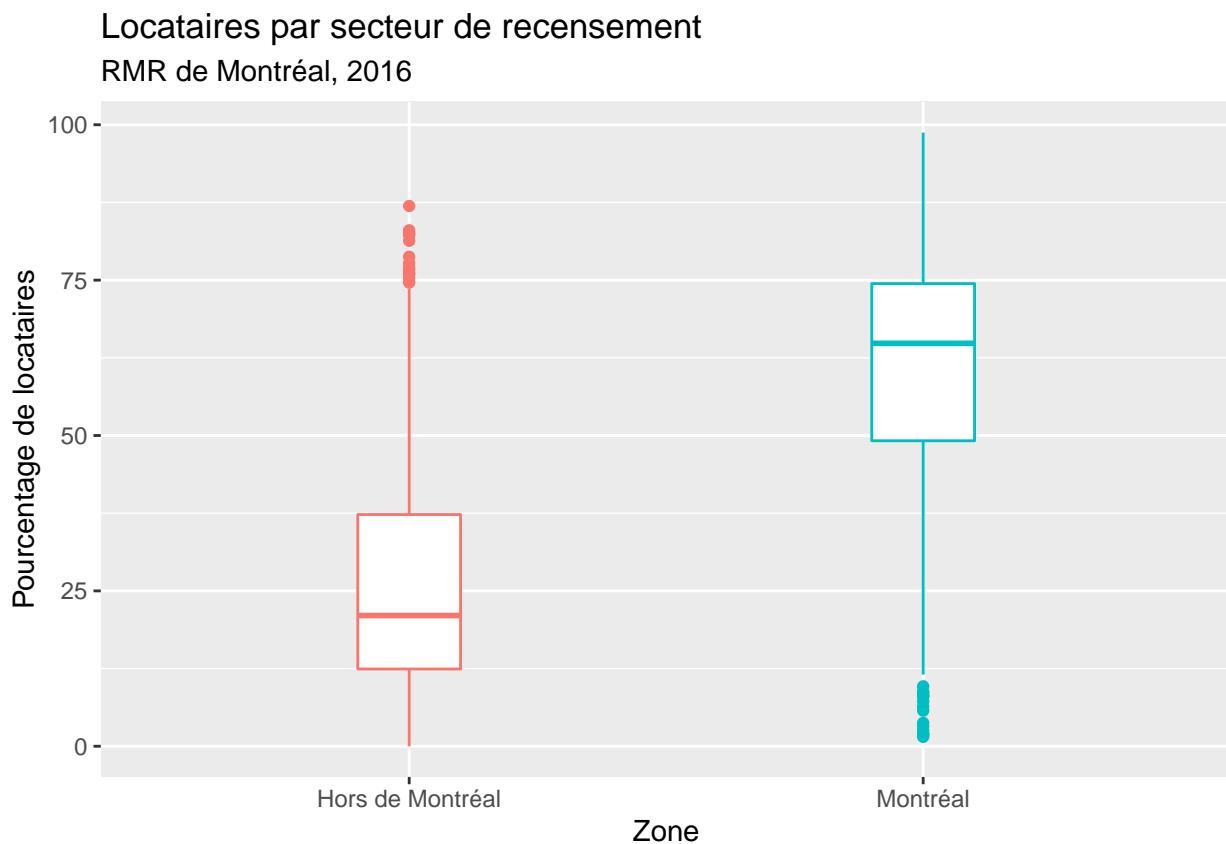


FIG. 4.18 : Pourcentage de locataires par secteur de recensement, RMR de Montréal, 2016

```
ggplot(data = dfRMR, mapping=aes(x=Montreal,y=Locataire,colour=Montreal)) +
  geom_boxplot(width=0.2)+
  theme(legend.position="none")+
  xlab("Zone")+
  ylab("Pourcentage de locataires")+
  ggtitle("Locataires par secteur de recensement", subtitle="RMR de Montréal, 2016")
```



```
# nombre d'observations, moyennes et écart-types pour les deux échantillons
group_by(dfRMR, Montreal) %>%
  summarise(
```

```

n = n(),
moy = mean(Locataire, na.rm = TRUE),
ecarttype = sd(Locataire, na.rm = TRUE)
)

## # A tibble: 2 x 4
##   Montreal           n    moy   ecarttype
##   <fct>         <int> <dbl>     <dbl>
## 1 Hors de Montréal  430  27.3      20.1
## 2 Montréal          521  59.7      21.4

```

```

# On vérifie si les variances sont égales avec la fonction var.test
# quand la valeur de P est inférieure à 0,05 alors les variances diffèrent
v <- var.test(Locataire ~ Montreal, alternative='two.sided', conf.level=.95, data=dfRMR)
print(v)

```

```

##
## F test to compare two variances
##
## data: Locataire by Montreal
## F = 0.88156, num df = 429, denom df = 520, p-value = 0.1739
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.7361821 1.0573195
## sample estimates:
## ratio of variances
## 0.8815563

```

Le test indique que nous n'avons aucune raison de rejeter l'hypothèse nulle selon laquelle les variances sont égales. Pour l'île de Montréal, l'écart-type est de 21,4 et de 20,1 hors de l'île, soit une différence négligeable.

```

# Calcul du T de Student ou du T de Welch
p <- v$p.value
if(p >= 0.05){
  cat("\n Les variances ne diffèrent pas !",
      "\n On utilise le test de student avec l'option var.equal=TRUE", sep="")
  t.test(Locataire ~ Montreal, # variable continue ~ facteur binaire
         data=dfRMR,          # nom du dataframe
         conf.level=.95,       # intervalle de confiance pour la valeur de t
         paired = FALSE,       # échantillons non pairés (indépendants)
         var.equal=TRUE)       # variances égales
} else {
  cat("\n Les variances diffèrent !",
      "\n On utilise le test de Welch avec l'option var.equal=FALSE", sep="")
  t.test(Locataire ~ Montreal, # variable continue ~ facteur binaire

```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

```
data=dfRMR,                      # nom du dataframe
conf.level=.95,                   # intervalle de confiance pour la valeur de t
paired = FALSE,                  # échantillons non pairés (indépendants)
var.equal=FALSE)                 # variances différentes

##  
## Les variances ne diffèrent pas !  
## On utilise le test de student avec l'option var.equal=TRUE  
  
##  
## Two Sample t-test  
##  
## data: Locataire by Montreal  
## t = -23.95, df = 949, p-value < 2.2e-16  
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
## 95 percent confidence interval:  
## -35.11182 -29.79341  
## sample estimates:  
## mean in group Hors de Montréal      mean in group Montréal  
##                           27.27340                         59.72601
```

```
# Effet de taille à analyser uniquement si le test est significatif  
cohens_d(Locataire ~ Montreal, data = dfRMR, paired = FALSE)
```

```
## Cohen's d | 1e+02% CI  
## -----  
## -1.56 | [-1.71, -1.41]
```

```
hedges_g(Locataire ~ Montreal, data = dfRMR, paired = FALSE)
```

```
## Hedge's g | 1e+02% CI  
## -----  
## -1.56 | [-1.70, -1.41]
```

Notez que le d de Cohen et le g de Hedge sont très proches ici, rappelons que le second est une correction du premier pour des échantillons de taille réduite. Avec 951 observations, nous disposons d'un échantillon suffisamment grand pour que cette correction soit négligeable.

Exemple de syntaxe pour un test de Student pour des échantillons dépendants

```

library("ggpubr")
library("dplyr")
Pre <- c(79,71,81,83,77,74,76,74,79,70,66,85,69,69,82,69,81,70,83,68,77,76,77,70,68,80,65,65,75,84)
Post <- c(56,47,40,45,49,51,54,47,44,54,42,56,45,45,48,55,59,58,56,41,56,51,45,55,49,49,48,43,60,50)
# Première façon de faire un tableau : avec deux colonnes Avant et Après
df1 <- data.frame(Avant=Pre, Apres=Post)
head(df1)

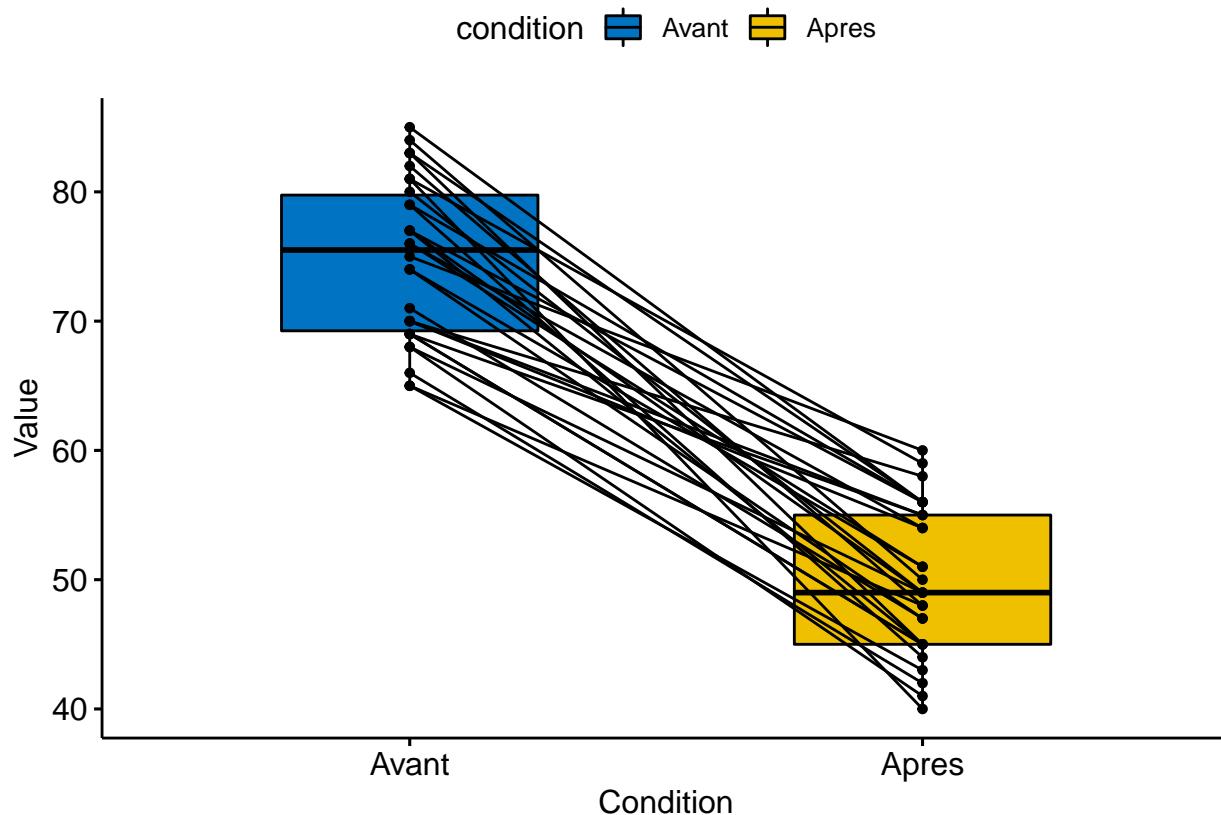
```

```

##   Avant Apres
## 1    79    56
## 2    71    47
## 3    81    40
## 4    83    45
## 5    77    49
## 6    74    51

```

```
ggpaired(df1, cond1 = "Avant", cond2 = "Apres", fill = "condition", palette = "jco")
```



```

# Nombre d'observations, moyennes et écart-types
cat(nrow(df1), " observations",
     "\nPOST. moy = ", round(mean(df1$Avant),1), ", e.t. = ", round(sd(df1$Avant),1),
     "\nPRE. moy = ", round(mean(df1$Apres),1), ", e.t. = ", round(sd(df1$Apres),1), sep="")

```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

```
## 30 observations
## POST. moy = 74.8, e.t. = 6.1
## PRE. moy = 49.9, e.t. = 5.7
```

```
t.test(Pre, Post, paired = TRUE)
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data: Pre and Post
## t = 18.701, df = 29, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 22.11740 27.54926
## sample estimates:
## mean of the differences
##                               24.83333
```

Deuxième façon de faire un tableau : avec une colonne pour la variable continue et une autre pour la variable qualitative

```
n <- length(Pre)*2
df2 <- data.frame(
  id=(1:n),
  participant=(1:length(Pre)),
  risque=c(Pre,Post)
)
df2$periode <- ifelse(df2$id <= length(Pre), "Pré", "Post")
head(df2)
```

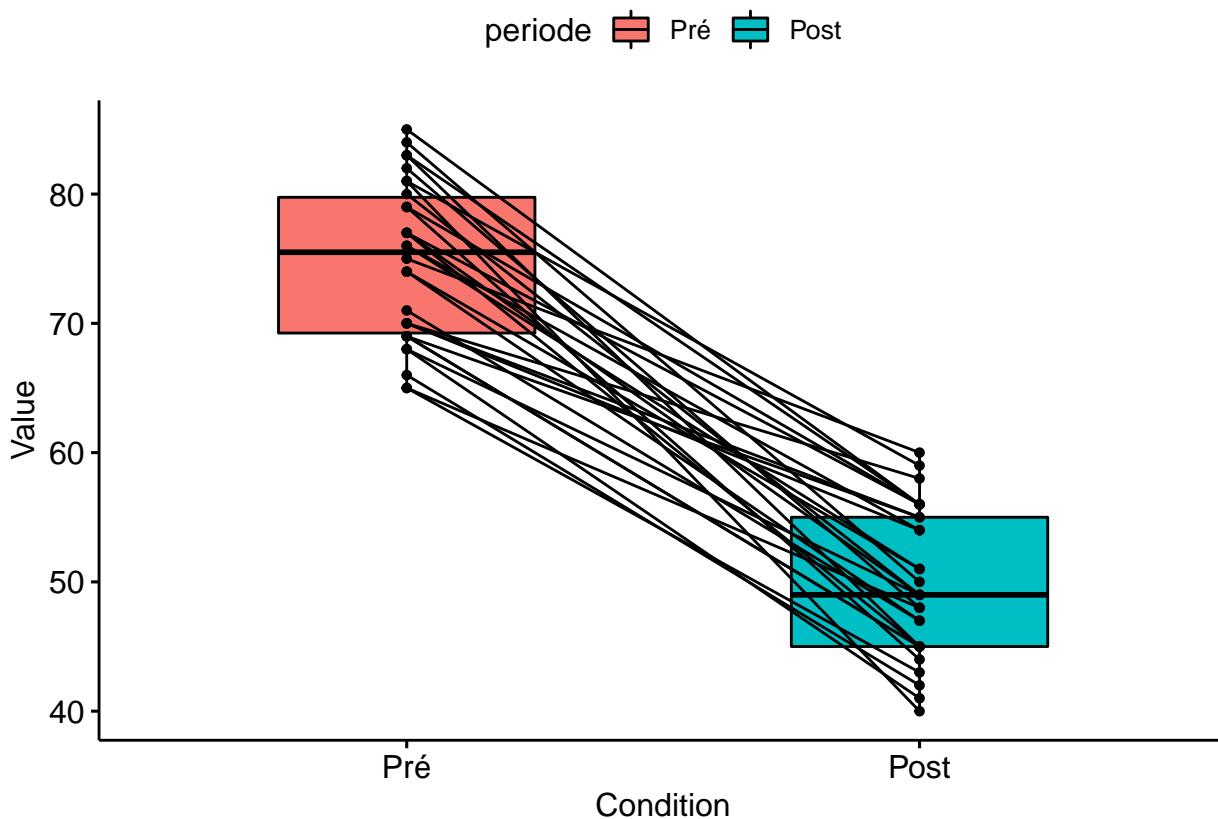
```
##   id participant risque periode
## 1  1          1    79     Pré
## 2  2          2    71     Pré
## 3  3          3    81     Pré
## 4  4          4    83     Pré
## 5  5          5    77     Pré
## 6  6          6    74     Pré
```

nombre d'observations, moyennes et écart-types pour les deux échantillons

```
group_by(df2, periode) %>%
  summarise(
    n = n(),
    moy = mean(risque, na.rm = TRUE),
    et = sd(risque, na.rm = TRUE)
  )
```

```
## # A tibble: 2 x 4
##   periode     n   moy     et
##   <chr>    <int> <dbl> <dbl>
## 1 Post       30  49.9  5.67
## 2 Pré        30  74.8  6.10
```

```
ggpaired(data=df2, x= "periode", y="risque", fill = "periode")
```



```
t.test(risque ~ periode, data=df2, paired = TRUE)
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data:  risque by periode
## t = -18.701, df = 29, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -27.54926 -22.11740
## sample estimates:
## mean of the differences
## -24.83333
```

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

4.3.1.4 Comparer des moyennes pondérées



En études urbaines et en géographie, le recours aux données agrégées (non individuelles) est fréquent, par exemple au niveau des secteurs de recensement (comprenant généralement entre 2500 à 8000 habitants). Dans ce contexte, un secteur de recensement plus peuplé devrait avoir un poids plus important dans l'analyse. Il est possible d'utiliser les versions pondérées des tests présentés précédemment. Prenons deux exemples pour illustrer le tout :

- Pour chaque secteur de recensement des îles de Montréal et de Laval, nous avons calculé la distance au parc le plus proche à travers le réseau de rues avec un Système d'Information Géographique (SIG). On souhaite vérifier si les enfants âgés de moins de 15 ans résidant sur l'île de Montréal bénéficient en moyenne d'une meilleure accessibilité au parc.
- Dans une étude pour sur la concentration de polluants atmosphérique dans l'environnement autour des écoles primaires montréalaises, Carrier *et al.* (2014) souhaitaient vérifier si les élèves fréquentant les écoles les plus défavorisés sont plus exposés au dioxyde d'azote (NO_2) dans leur milieu scolaire. Pour ce faire, ils ont réalisé un test t sur un tableau avec comme observations les écoles primaires et trois variables : la moyenne NO_2 (variable continue), les quintiles extrêmes d'un indice de défavorisation (premier et dernier quintiles, variable qualitative) et le nombres d'élèves inscrits par école (variable pour la pondération).

Pour réaliser un test t pondéré, nous pouvons utiliser la fonction `weighted_ttest` du package `sjstats`.

En guise d'exemple appliqué, dans la syntaxe ci-dessous, nous avons refait le même test t que précédemment (`Locataire ~ Montreal`) en pondérant chaque secteur de recensement par le nombre de logements qu'il comprend.

```
library("sjstats")
library("dplyr")
# Calcul des statistiques pondérées
group_by(dfRMR, Montreal) %>%
  summarise(
    n = sum(Logement),
    MoyPond = weighted_mean(Locataire, Logement),
    ecarttypePond = weighted_sd(Locataire, Logement)
  )
```

```
## # A tibble: 2 x 4
##   Montreal           n  MoyPond  ecarttypePond
##   <fct>       <int>    <dbl>        <dbl>
## 1 Hors de Montréal 856928     28.4        19.9
## 2 Montréal         870354     60.0        20.8
```

```
# Test t non pondéré
t.test(Locataire ~ Montreal, dfRMR,
       paired = FALSE, var.equal = TRUE, conf.level=.95)
```

```

## 
## Two Sample t-test
##
## data: Locataire by Montreal
## t = -23.95, df = 949, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -35.11182 -29.79341
## sample estimates:
## mean in group Hors de Montréal      mean in group Montréal
##                               27.27340                           59.72601

```

```

# Test t pondérée
weighted_ttest(Locataire ~ Montreal + Logement, dfrMR,
               paired = FALSE, ci.level=.95)

```

```

## 
## Two-Sample t-test (two.sided)
##
## # comparison of Locataire by Montreal
## # t=-23.91  df=928  p-value=0.000
##
##   mean in group Hors de Montréal: 28.396
##   mean in group Montréal       : 60.003
##   difference of mean          : -31.608 [-34.202  -29.013]

```

4.3.1.5 Comment rapporter un test de student ou de Welch ?

Pour les différentes versions du test, il est important de rapporter la valeur de t , la valeur de p et les moyennes des groupes. Voici quelques exemples :

Test de Student ou de Welch pour échantillons indépendants

- Dans la région métropolitaine de Montréal en 2005, le revenu total des femmes (moyenne = 29117 dollars; écart-type = 258022) est bien inférieur à celui des hommes (moyenne = 44463; écart-type = 588081). La différence entre les moyennes des deux sexes (-15345) en faveur des hommes est d'ailleurs significative ($t = -27,09$; $p \approx 0,001$).
- Il y a un effet significatif selon le sexe ($t = -27,09$; $p \approx 0,001$), le revenu total des hommes (moyenne = 44463; écart-type = 588081) étant bien supérieur à celui des femmes (moyenne = 29 117; écart-type = 258 022).
- 50 personnes se rendent au travail à vélo (moyenne = 33,7, écart-type = 8,5) contre 60 en automobile (moyenne = 34, écart-type = 8,7); il n'y a pas de différence significative entre les moyennes d'âge des deux groupes ($t(108) = -0,79$, $p = 0,427$).

Test de Student échantillons dépendants (pairés)

4.3. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À DEUX MODALITÉS

- On constate une diminution significative de la perception du risque après l'activité (moyenne = 49,9, écart-type = 5,7) comparativement à avant (moyenne = 74,8, écart-type = 6,1), avec une différence de -24,8 ($t(29) = -18,7, p < 0,001$).
- Les résultats du pré-test (moyenne = 49,9, écart-type = 5,7) et du post-test (moyenne = 74,8, écart-type = 6,1) montrent qu'il y a une diminution significative de la perception du risque ($t(29) = -18,7, p < 0,001$).

Pour un texte en anglais, vous pourrez consulter <https://www.socscistatistics.com/tutorials/ttest/default.aspx>.

4.3.2 Test non paramétrique de Wilcoxon



Si la variable continue est fortement anormalement distribuée, il est déconseillé d'utiliser les tests de Student et de Welch. On priviliera le test des rangs signés de Wilcoxon (*Wilcoxon rank-sum test* en anglais). Attention, il est aussi appelé test U de Mann-Whitney. Ce test permet alors de vérifier si les deux groupes présentent des médianes différentes.

Pour ce faire, on utilise la fonction `wilcox.test` dans laquelle le paramètre `paired` permettra de spécifier si les échantillons sont indépendants ou non (`FALSE` ou `TRUE`).

Dans l'exemple suivant, nous analysons le pourcentage de locataires dans les secteurs de recensements de la région métropolitaine de Montréal. Plus spécifiquement, nous comparons ce pourcentage entre les secteurs présents sur l'île et les secteurs hors de l'île. Il s'agit donc d'un test avec des échantillons indépendants.

```
library("foreign")
library("dplyr")
#####
# Échantillons indépendants
#####
dfRMR <- read.dbf("data/bivariee/SRRMRMTL2016.dbf")
# Définition d'un facteur binaire
dfRMR$Montreal <- factor(dfRMR$Montreal,
                           levels= c(0,1),
                           labels = c("Hors de Montréal","Montréal"))
# Calcul du nombre d'observations, moyennes et écart-types des rangs pour les deux échantillons
group_by(dfRMR, Montreal) %>%
  summarise(
    n = n(),
    moy_rang = mean(rank(Locataire), na.rm = TRUE),
    med_rang = median(rank(Locataire), na.rm = TRUE),
    ecarttype_rang = sd(rank(Locataire), na.rm = TRUE)
  )

## # A tibble: 2 x 5
##   Montreal           n  moy_rang  med_rang ecarttype_rang
##   <fct>     <int>    <dbl>     <dbl>        <dbl>
## 1 Hors de Montréal  430     216.     216.       124.
## 2 Montréal         521     261.     261.       151.
```

```
# Test des rangs signés de Wilcoxon sur des échantillons indépendants
wilcox.test(Locataire ~ Montreal, dfRMR, paired = FALSE)
```

```
##
##  Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: Locataire by Montreal
## W = 33716, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Nous observons bien ici une différence significative entre le pourcentage de locataires des secteurs de recensement sur l'île (rang médian = 216) et hors de l'île (rang médian = 261).

Pour le second exemple, nous générerons deux jeux de données au hasard représentant une mesure d'une variable pré-traitement (*pre*) et post-traitement (*post*) pour un même échantillon.

```
#####
# Échantillons dépendants
#####
pre <- sample(60:80, 50, replace=T)
post <- sample(30:65, 50, replace=T)
df1 <- data.frame(Avant=pre, Apres=post)
# Nombre d'observations, moyennes et écart-types
cat(nrow(df1), " observations",
    "\nPOST. median = ", round(median(df1$Avant),1),
    ", moy = ", round(mean(df1$Avant),1),
    "\nPRE. median = ", round(median(df1$Apres),1),
    ", moy = ", round(mean(df1$Apres),1), sep="")
```

```
## 50 observations
## POST. median = 72, moy = 71
## PRE. median = 48, moy = 47.1
```

```
wilcox.test(df1$Avant, df1$Apres, paired = TRUE)
```

```
##
##  Wilcoxon signed rank test with continuity correction
##
## data: df1$Avant and df1$Apres
## V = 1273.5, p-value = 8.433e-10
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

À nouveau, nous obtenons une différence significative entre les deux variables.

Comment rapporter un test de Wilcoxon ?

Lorsque l'on rapporte les résultats d'un test de Wilcoxon, il est important de signaler la valeur du test (W), le degré de signification (valeur de p) et éventuellement la médiane des rangs ou de la variable originale pour les deux groupes. Voici quelques exemples :

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODALITÉS

- Les résultats du test des rangs signés de Wilcoxon signalent que les rangs de l'île de Montréal sont significativement plus élevés que ceux de l'île de Laval ($W = 1223$, $p < 0,001$).
- Les résultats du test de Wilcoxon signalent que les rangs post-tests sont significativement plus faibles que ceux pré-test ($W = 1273,5$, $p < 0,001$).
- Les résultats du test de Wilcoxon signalent que la médiane des rangs pré-tests (médiane = 69) est significativement plus forte que celle du post-test (médiane = 50,5) ($W = 1273,5$, $p < 0,001$).

4.4 Relation entre une variable quantitative et une variable qualitative à plus de deux modalités



Existe-t-il une relation entre une variable continue et une variable qualitative comprenant plus de deux modalités ? Pour répondre à cette question, on pourra recourir à deux méthodes : l'analyse de variance – ANOVA, *ANalysis Of VAriance* en anglais – et le test non paramétrique de Kruskal-Wallis. La première permet de vérifier si les moyennes de plusieurs groupes d'une population donnée sont ou non significativement différentes ; la seconde si leurs médianes sont différentes.

4.4.1 Analyse de variance

L'analyse de variance (ANOVA) est largement utilisée en psychologie, médecine et pharmacologie. Prenons un exemple classique en pharmacologie pour tester l'efficacité d'un médicament. Quatre groupes de population sont constitués :

- un premier groupe d'individus pour lequel on administre un placebo (un médicament sans substance active), soit le groupe de contrôle ou le groupe témoin;
- un second groupe auquel l'on administre le médicament avec un faible dosage;
- un troisième avec un dosage moyen;
- un quatrième avec un dosage élevé.

La variable continue permettra d'évaluer l'évolution de l'état de santé des individus (par exemple, la variation du taux de globules rouges dans le sang avant et après le traitement). Si le traitement est efficace, on s'attendrait alors à ce que les moyennes des deuxième, troisième et quatrième groupes soient plus élevées que celle du groupe de contrôle. Les différences de moyennes entre les second, troisième et quatrième groupes permettront aussi de repérer quel dosage est le plus efficace. Si nous n'observons aucune différence significative entre les groupes, cela signifie que l'effet du médicament ne diffère pas de l'effet d'un placebo.

L'ANOVA est aussi très utilisée en études urbaines, principalement pour vérifier si un phénomène urbain varie selon plusieurs groupes d'une population donnée ou régions géographiques. En guise d'exemple, le recours à l'ANOVA permettrait de répondre aux questions suivantes :

- les moyennes des niveaux d'exposition à un polluant atmosphérique (variable continue) varient-elles significativement selon le mode de transport utilisé (automobile, vélo, transport en commun) pour des trajets similaires en heures de pointe ?
- pour une métropole donnée, les moyennes des loyers (variable continue) sont-elles différentes entre les logements de la ville centre versus ceux localisés dans la première couronne et ceux de la seconde couronne ?

4.4.1.1 Le calcul des trois variances pour l'ANOVA

L'ANOVA repose sur le calcul de trois variances :

- la **variance totale** (VT) de la variable dépendante continue, soit la somme des carrés des écarts à la moyenne de l'ensemble de la population (équation (4.17));
- la **variance intergroupe** (Var_{inter}) ou variance expliquée (VE), soit la somme des carrés des écarts entre la moyenne de chaque groupe et la moyenne de l'ensemble du jeu de données multipliées par le nombre d'individus appartenant à chacun des groupes (équation (4.18));
- la **variance intragroupe** (Var_{intra}) ou variance non expliquée (VNE), soit la somme des variances des groupes de la variable indépendante (équation (4.19)).

$$VT = \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2 \quad (4.17)$$

$$Var_{inter} \text{ ou } VE = \sum_{i \in g_1} (\bar{y}_{g_1} - \bar{y})^2 + \sum_{i \in g_2} (\bar{y}_{g_2} - \bar{y})^2 + \dots + \sum_{i \in g_n} (\bar{y}_{g_n} - \bar{y})^2 \quad (4.18)$$

$$Var_{intra} \text{ ou } VNE = \sum_{i \in g_1} (y_i - \bar{y}_{g_1})^2 + \sum_{i \in g_2} (y_i - \bar{y}_{g_2})^2 + \dots + \sum_{i \in g_n} (y_i - \bar{y}_{g_n})^2 \quad (4.19)$$

avec \bar{y} est la moyenne de l'ensemble de la population; $\bar{y}_{g_1}, \bar{y}_{g_2}, \bar{y}_{g_n}$ sont respectivement les moyennes des groupes 1 à k (k étant le nombre de modalités de la variable qualitative).

La variance totale (VT) est égale à la somme de la variance intergroupe (expliquée) et la variance intragroupe (non expliquée) (équation (4.20)). Le ratio entre la variance intergroupe (expliquée) et la variance totale est dénommé *Eta²* (équation (4.21)). Il varie de 0 à 1 et exprime la proportion de la variance de la variable continue qui est expliquée par les différentes modalités de la variable qualitative.

$$VT = Var_{inter} + Var_{intra} \text{ ou } VT = VNE + VE \quad (4.20)$$

$$\eta^2 = \frac{Var_{inter}}{VT} \text{ ou } \eta^2 = \frac{VE}{VT} \quad (4.21)$$



La décomposition de la variance totale – égale à la somme des variances intragroupe et intergroupe – est fondamentale en statistique. Nous verrons qu'elle est aussi utilisée pour évaluer la qualité d'une partition d'une population dans le chapitre sur les méthodes de classification (chapitre 10). En ANOVA, on retiendra que :

- plus la variance intragroupe est faible, plus les différents groupes sont homogènes;
- plus la variance intergroupe est forte, plus les moyennes des groupes sont différentes et donc plus les groupes sont dissemblables.

Autrement dit, plus la variance intergroupe (**dissimilité** des groupes) est maximisée et corollairement plus la variance intragroupe (**homogénéité** de chacun des groupes) est minimisée, plus les groupes sont clairement distincts et plus l'ANOVA sera performante.

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MO

Examinons un premier jeu de données fictif sur la vitesse de déplacements de cyclistes (variable continue exprimée en km/h) et une variable qualitative comprenant trois groupes de cyclistes utilisant soit un vélo personnel ($n_A = 5$), soit en libre service ($n_B = 7$), soit électrique ($n_C = 6$) (tableau 4.9). D'emblée, on note que les moyennes de vitesse des trois groupes sont différentes : 17,6 km/h pour les cyclistes avec leur vélo personnel, 12,3 km/h les utilisateurs des vélos en libre service et 23,1 km/h pour les cyclistes avec un vélo électrique.

Pour chaque observation, la troisième colonne du tableau représente les écarts à la moyenne globale mis au carré, tandis que les colonnes suivantes représentent la déviation au carré de chaque observation à la moyenne de son groupe d'appartenance. Ainsi, pour la première observation, on a : $(16,900 - 17,339)^2 = 0,193$ et $(16,900 - 17,580)^2 = 0,46$. La variance totale (VT) est donc égale à la somme de la troisième colonne (424,663), tandis que la variance intragroupe (non expliquée, VNE) est égale à $11,228 + 21,537 + 13,993 = 46,758$. Quant à la variance intergroupe (expliquée, VE), elle est égale à $5 \times (17,580 - 17,339)^2 + 7 \times (12,257 - 17,339)^2 + 6 \times (23,067 - 17,339)^2 = 377,904$.

On a donc $VT = Var_{inter} + Var_{intra}$, soit $424,663 = 377,904 + 46,758$ et $\eta_2 = 377,904/424,663 = 0,89$. Cela signale que 89% de la variance de la vitesse des cyclistes est expliquée par le type de vélo utilisé.

Examinons un deuxième jeu de données fictives pour lequel le type de vélo utilisé n'aurait que peu d'effet sur la vitesse des cyclistes (tableau 4.10). D'emblée, les moyennes des trois groupes semblent très similaires (19,3, 17,9 et 18,7). Les valeurs des trois variances sont les suivantes :

- la variance totale est égale à 121,756.
- la variance intragroupe (non expliquée, VNE) est égale à $9,140 + 50,254 + 56,275 = 115,669$
- la variance intragroupe (expliquée, VE) est égale à $5 \times (19,300 - 18,528)^2 + 7 \times (17,871 - 18,528)^2 + 6 \times (18,650 - 18,528)^2 = 6,087$.

TAB. 4.9 : Données fictives et calcul des trois variances (cas 1)

Type de vélo	km/h	$(y_i - \bar{y})^2$	$(y_i - \bar{y}_A)^2$	$(y_i - \bar{y}_B)^2$	$(y_i - \bar{y}_C)^2$
A. personnel	16,900	0,193	0,462		
A. personnel	20,400	9,370	7,952		
A. personnel	16,100	1,535	2,190		
A. personnel	17,700	0,130	0,014		
A. personnel	16,800	0,290	0,608		
B. libre service	13,400	15,515		1,306	
B. libre service	11,300	36,468		0,916	
B. libre service	14,000	11,148		3,038	
B. libre service	12,400	24,393		0,020	
B. libre service	13,700	13,242		2,082	
B. libre service	8,500	78,126		14,116	
B. libre service	12,500	23,415		0,059	
C. électrique	22,900	30,926			0,028
C. électrique	26,000	75,015			8,604
C. électrique	23,600	39,202			0,284
C. électrique	21,000	13,404			4,271
C. électrique	22,300	24,613			0,588
C. électrique	22,600	27,679			0,218
grande moyenne	17,339				
moyenne groupe A	17,580				
moyenne groupe B	12,257				
moyenne groupe C	23,067				
Variance totale		424,663		11,228	21,537
Variance intragroupe					13,993

On a donc $VT = Var_{inter} + Var_{intra}$, soit $121,756 = 6,087 + 115,669$ et $\eta_2 = 6,087/121,756 = 0,05$. Cela signale que 5% de la variance de la vitesse des cyclistes est uniquement expliquée par le type de vélo utilisé.

4.4.1.2 Le test de Fisher

Pour vérifier si les moyennes sont statistiquement différentes (autrement dit, si leur différence est significativement différente de 0), on a recours au test F de Fisher. Pour ce faire, on pose l'hypothèse nulle (H_0), soit que les moyennes des groupes sont égales; autrement dit que la variable qualitative n'a pas d'effet sur la variable continue (indépendance entre les deux variables). L'hypothèse alternative (H_1) est donc que les moyennes sont différentes. Pour nos deux jeux de données fictives ci-dessus comprenant trois groupes, H_0 signifie que $\bar{y}_A = \bar{y}_B = \bar{y}_C$. La statistique F se calcule comme suit :

$$F = \frac{\frac{Var_{inter}}{k-1}}{\frac{Var_{intra}}{n-k}} \text{ ou } F = \frac{\frac{VE}{k-1}}{\frac{VNE}{n-k}} \quad (4.22)$$

avec n et k étant respectivement les nombres d'observations et de modalités de la variable qualitative. L'hypothèse nulle (les moyennes sont égales) sera rejetée si la valeur du F calculé est supérieure à la valeur critique de la table F avec les degrés de libertés ($k-1, n-k$) et un seuil α ($p=0,05$ habituellement) (voir le tableau des valeurs critiques de F , section 12.2). Notez qu'on utilise rarement la table F puisqu'avec la fonction `aov` on calcule directement la valeur F et celle de p qui lui est associée. Concrètement, si le test F est significatif (avec $p<0,05$), plus la valeur de F sera élevée, plus la différence entre les moyennes sera élevée.

Appliquons rapidement la démarche du test F à nos deux jeux de données fictives qui comprennent

TAB. 4.10 : Données fictives et calcul des trois variances (cas 2)

Type de vélo	km/h	$(y_i - \bar{y})^2$	$(y_i - \bar{y}_A)^2$	$(y_i - \bar{y}_B)^2$	$(y_i - \bar{y}_C)^2$
A. personnel	17,500	1,056	3,24		
A. personnel	19,000	0,223	0,09		
A. personnel	19,700	1,374	0,16		
A. personnel	18,700	0,030	0,36		
A. personnel	21,600	9,439	5,29		
B. libre service	13,700	23,307		17,401	
B. libre service	20,800	5,163		8,577	
B. libre service	15,100	11,750		7,681	
B. libre service	18,800	0,074		0,862	
B. libre service	21,500	8,834		13,167	
B. libre service	16,500	4,112		1,881	
B. libre service	18,700	0,030		0,687	
C. électrique	16,600	3,716			4,203
C. électrique	16,300	4,963			5,523
C. électrique	15,600	8,572			9,303
C. électrique	20,000	2,167			1,822
C. électrique	24,600	36,872			35,402
C. électrique	18,800	0,074			0,022
grande moyenne	18,528				
moyenne groupe A	19,300				
moyenne groupe B	17,871				
moyenne groupe C	18,650				
Variance totale		121,756		9,14	50,254
Variance intragroupe					56,275

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MO

3 modalités pour la variable qualitative et 18 observations. Avec $\alpha=0,05$, 2 degrés de liberté (3-1) au numérateur et 15 au dénominateur (18-3), la valeur critique de F est de 3,68. On en conclut alors que :

- pour le cas A, le F calculé est égal à $F = (377,904/2)/(46,758/15) = 60,62$. Il est supérieur à la valeur F critique ; les moyennes sont donc statistiquement différentes au seuil 0,05. Autrement dit, nous aurions eu moins de 5% de chance d'obtenir un échantillon produisant ces résultats si en réalité la différence entre les moyenne était de 0.
- pour le cas B, le F calculé est égal à $F = (6,087/2)/(115,669/15) = 0,39$. Il est inférieur à la valeur F critique ; les moyennes ne sont donc pas statistiquement différentes au seuil 0,05.

4.4.1.3 Conditions d'application de l'ANOVA et solutions alternatives

Trois conditions d'application doivent être vérifiées avant d'effectuer une analyse de variance sur un jeu de données :

- **Normalité des groupes.** Le test de Fisher repose sur le postulat que les échantillons (groupes) sont normalement distribués. Pour le vérifier, on a recours au test de normalité de Shapiro-Wilk (section 2.5.4.1.3). Notez toutefois que ce test est très restrictif, surtout pour des grands échantillons.
- **Homoscédasticité.** La variance dans les échantillons doit être la même (homogénéité des variances). Pour vérifier cette condition, on utilisera les tests de Levene, de Bartlett ou de Breusch-Pagan.
- **Indépendance des observations (pseudo-réPLICATION).** Chaque individu doit appartenir à un et un seul groupe. En d'autres termes, les observations ne sont pas indépendantes si plusieurs mesures (variable continue) sont faites sur un même individu. Si c'est le cas, on utilisera alors une analyse de variance sur des mesures répétées (voir le bloc à la fin du chapitre).

Quelles sont les conséquences si les conditions d'application ne sont pas respectées ? La non vérification des conditions d'application cause deux problèmes distincts : elle affecte la puissance du test (sa capacité à détecter un effet, si celui-ci existe réellement) et le taux d'erreur de type 1 (la probabilité de trouver un résultat significatif alors qu'aucune relation n'existe réellement, soit un faux-positif) (Glass et al., 1972 ; Lix et al., 1996).

- Si la distribution est asymétrique plutôt que centrée (comme pour une distribution normale), la puissance et le taux d'erreur de type 1 sont tous les deux peu affectés car le test est non-orienté (la différence de moyennes peut être négative ou positive).
- Si la distribution est leptocurtique (pointue, avec des extrémités de la distribution plus importantes, le taux d'erreur de type 1 est peu affecté, en revanche la puissance du test est réduite. L'inverse s'observe si la distribution est platicurtique (aplatie, c'est-à-dire avec des extrémités de la distribution plus réduites).
- Si les groupes ont des variances différentes, le taux d'erreur de type 1 augmente légèrement.
- Si les observations ne sont pas indépendantes, à la fois le taux d'erreurs de type 1 et la puissance du test sont fortement affectés.
- Si les échantillons sont petits, les effets présentés ci-dessus sont démultipliés.
- Si plusieurs conditions ne sont pas respectées, les conséquences présentées ci-dessus s'additionnent, voir se combinent.

Que faire quand les conditions d'application relatives à la normalité ou à l'homoscédasticité ne sont vraiment pas respectées ? Signalons d'emblée que le non respect de ces conditions ne change rien à la

décomposition de la variance ($VT=V_{\text{intra}}+V_{\text{inter}}$). Cela signifie que vous pouvez toujours calculer Eta². Par contre, le test de Fisher ne peut pas être utilisé car il sera biaisé comme décrit précédemment. Quatre solutions sont envisageables :

- Lorsque les échantillons sont fortement anormalement distribués, certains auteurs vont simplement transformer leur variable en appliquant une fonction logarithme (le plus souvent) ou racine carré, inverse ou exponentielle, et reporter le test de fisher calculé sur cette transformation. Attention toutefois ! Transformer une variable ne va pas systématiquement la rapprocher d'une distribution normale et complique l'interprétation finale des résultats. Par conséquent, avant de recalculer votre test F , il convient de réaliser un test de normalité de Shapiro-Wilk et un test d'homoscédasticité (Levene, Bartlett ou/et Breusch-Pagan) sur la variable continue transformée.
- Déetecter les observations qui contribuent le plus à l'anormalité et l'hétéroscédasticité, dites valeurs aberrantes (*outliers* en anglais). Supprimez les et refaites votre ANOVA en vous assurant que les conditions sont désormais respectées. Notez que supprimer des observations peut être une pratique éthiquement questionnable en statistique. Si vos échantillons sont bien constitués et que la mesure collectée n'est pas erronée, pourquoi donc la supprimer ? Si vous optez pour cette solution, prenez soin de comparer les résultats avant et après la suppression des valeurs aberrantes. Si les conditions sont respectées après suppression et que les résultats de l'ANOVA (Eta² et test F de Fisher) sont très semblables, conservez donc les résultats de l'ANOVA initiale et signalez que vous avez procédez aux deux tests.
- Lorsque les variances des groupes sont dissemblables, vous pouvez utiliser le test de Welch pour l'ANOVA au lieu du test F de Fisher.
- Dernière solution, lorsque les deux conditions ne sont vraiment pas respectées, utilisez le test non paramétrique de Kruskal-Wallis. Par analogie au t de student, il correspond au test des rangs signés de Wilcoxon. Ce test est décrit dans la section suivante.

Vous l'aurez compris, dans de nombreux cas en statistique, les choix méthodologiques dépendent de la subjectivité du chercheur. Il faut s'adapter au jeu de données et à la culture statistique en vigueur dans votre champs d'étude. N'hésitez pas à réaliser plusieurs tests différents pour évaluer la robustesse de vos conclusions et fiez-vous en premier lieu à ceux pour lesquels votre jeu de données est le plus adapté.

4.4.2 Test non paramétrique de Kruskal-Wallis

Le test non paramétrique de Kruskal-Wallis est une alternative à l'ANOVA classique lorsque le jeu de données présente de graves problèmes de normalité et d'hétéroscédasticité. Cette méthode représente une ANOVA appliquée à une variable continue transformée préalablement en rangs. Du fait de la transformation en rangs, on ne vérifie plus si les moyennes sont différentes, mais bel et bien si les médianes de la variable continue sont différentes. Pour ce faire, on utilisera la fonction `kruskal.test`.

4.4.3 Mise en œuvre dans

Dans une étude récente, Apparicio *et al.* (2018b) ont comparé les expositions au bruit et à la pollution atmosphérique aux heures de pointe à Montréal en fonction du mode de transport utilisé. Pour ce faire, trois équipes de trois personnes ont été constituées : un cycliste, un automobiliste et un utilisateur du transport en commun, équipés de capteurs de pollution, de sonomètres, de vêtements biométriques et d'une montre GPS. Chaque matin, à huit heures précises, les membres de chaque équipe ont réalisé

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODES

un trajet d'un quartier périphérique de Montréal vers un pôle d'enseignement (université) ou d'emploi localisé au centre-ville. Le trajet inverse était réalisé le soir à 17h. Au total, une centaine de trajets ont ainsi été réalisés. Des analyses de variance ont ainsi permis de comparer entre les trois modes (automobile, vélo et transport en commun) : les temps de déplacement, les niveaux d'exposition au bruit, les niveaux d'exposition au dioxyde d'azote et la dose totale inhalée de dioxyde d'azote. Nous vous proposons ici d'analyser une partie de ces données.

4.4.3.1 Première ANOVA : différences entre les temps de déplacement

Comme première analyse de variance, nous allons vérifier si les moyennes des temps de déplacement sont différentes entre les trois modes de transport.

Dans un premier temps, nous pouvons calculer les moyennes des différents groupes. On peut alors constater que les moyennes sont très semblables : 37,7 minutes pour l'automobile versus 38,4 et 41,6 pour le vélo et le transport en commun. Aussi, les variances des trois groupes sont relativement similaires.

```
library("rstatix")
# chargement des dataframes
load("data/bivariee/dataPollution.RData")
# Statistiques descriptives pour les groupes (moyenne et écart-type)
df_TrajetsDuree %>%
  group_by(Mode) %>%
  get_summary_stats(DureeMinute, type = "mean_sd") # Variable continue

## # A tibble: 3 x 5
##   Mode   variable     n   mean     sd
##   <chr>  <chr>     <dbl> <dbl>   <dbl>
## 1 1. Auto DureeMinute    33  37.7  12.8
## 2 2. Velo DureeMinute    33  38.4  15.2
## 3 3. TC   DureeMinute    33  41.6  11.4
```

Pour visualiser la distribution des données pour les trois groupes, vous pouvez créer des graphiques de densité et en violons (figure 4.19). La juxtaposition des trois distributions montre que les distributions des valeurs pour les trois groupes sont globalement similaires. Cela est corroboré par le fait que les boîtes du graphique en violons sont situées à la même hauteur. Autrement dit, à la lecture des deux graphiques, ils ne semblent pas y avoir de différences significatives entre les trois groupes en terme de temps de déplacement.

```
library("ggplot2")
library("ggpubr")
# Graphique de densité
GraphDens <- ggplot(data = df_TrajetsDuree,
  mapping=aes(x=DureeMinute, colour=Mode, fill=Mode)) +
  geom_density(alpha=0.55, mapping=aes(y=..scaled...)) +
  labs(title="a. graphique de densité",
       x = "Densité",
       y = "Durée du trajets (en minutes)")
# Graphique en violons
```

```
GraphViolon <- ggplot(df_TrajetsDuree, aes(x=Mode, y=DureeMinute)) +
  geom_violin(fill="white") +
  geom_boxplot(width=0.1, aes(x=Mode, y=DureeMinute, fill=Mode)) +
  labs(title="b. Graphique en violons",
       x = "Mode de transport",
       y = "Durée du trajets (en minutes)") +
  theme(legend.position = "none")
ggarrange(GraphDens, GraphViolon)
```

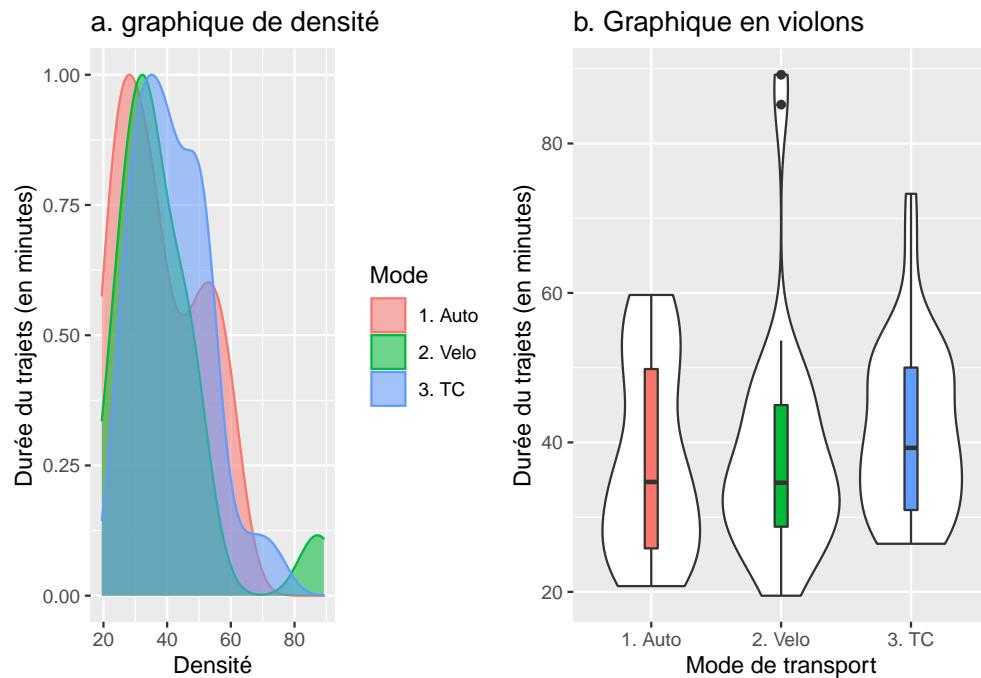


FIG. 4.19 : Graphiques de densité et en violons

Nous pouvons vérifier si les échantillons sont normalement distribués avec la fonction `shapiro_test` du package `rstatix`. À titre de rappel, l'hypothèse nulle (H_0) de ce test est que la distribution est normale. Par conséquent, quand la valeur de P associée à la statistique de Shapiro est supérieure à 0,05 alors on ne peut rejeter l'hypothèse d'une distribution normale (autrement dit, la distribution est anormale). À la lecture des sorties ci-dessous, seul le groupe des utilisateurs en transport en commun présente une distribution proche de la normalité ($p=0,0504$). Ce test étant très restrictif, il est fortement conseillé de visualiser le diagramme quantile-quantile pour chaque groupe (graphique QQ plot) (figure 4.20). Ces graphiques sont utilisés pour déterminer visuellement si une distribution empirique (observées sur des données), s'approche d'une distribution théorique (ici la loi normale). Si effectivement les deux distributions sont proches, les points du diagramme devraient tous tomber sur une ligne droite parfaite. Un intervalle de confiance (représenté ici en gris) peut être construit pour obtenir une interprétation plus nuancée. Dans notre cas, seules deux observations pour le vélo et deux autres pour l'automobile s'éloignent vraiment de la ligne droite. On peut considérer que ces trois distributions s'approchent d'une distribution normale.

```
library("dplyr")
library("ggpubr")
library("rstatix")
```

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODES

```
# Condition 1 : normalité des échantillons
# Test pour la normalité des échantillons (groupes) : test de Shapiro
df_TrajetsDuree %>%
  group_by(Mode) %>%
  shapiro_test(DureeMinute)
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   Mode   variable   statistic      p
##   <chr>  <chr>        <dbl>     <dbl>
## 1 1. Auto DureeMinute  0.905  0.00729
## 2 2. Velo DureeMinute  0.797  0.0000288
## 3 3. TC   DureeMinute  0.936  0.0504
```

```
# Graphiques qqplot pour les groupes
ggqqplot(df_TrajetsDuree, "DureeMinute", facet.by = "Mode")
```

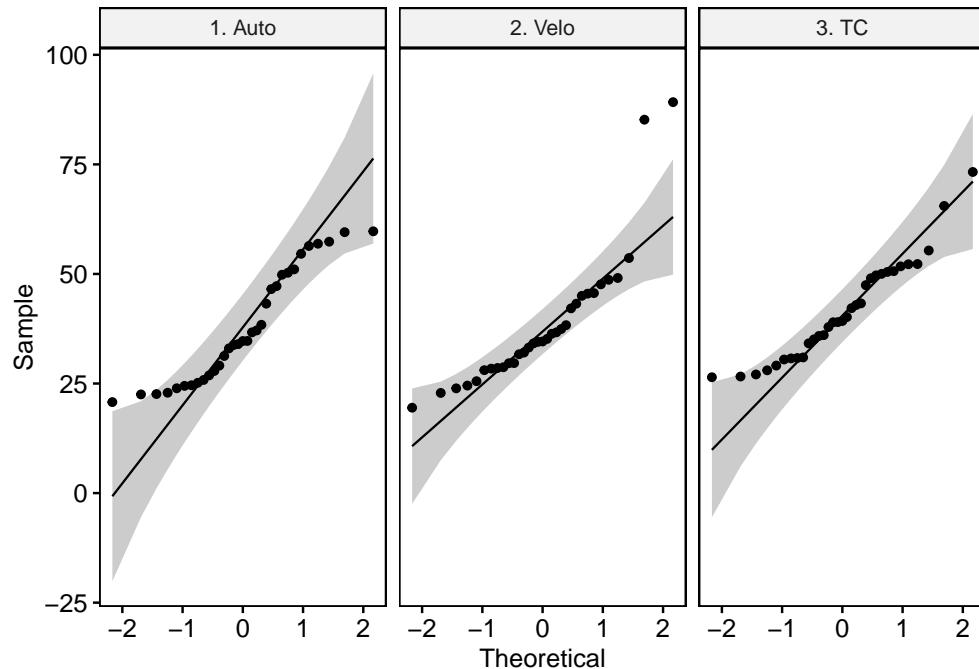


FIG. 4.20 : QQ Plot pour les groupes

Pour vérifier l'hypothèse d'homogénéité des variances, vous pouvez utiliser les tests de Levene, de Bartlett ou de Breusch-Pagan. Les valeurs de P , toutes supérieures à 0,05, signalent que la condition d'homogénéité des variances est respectée.

```
library("rstatix")
library("lmtest")
library("car")
# Condition 2 : homogénéité des variances (homocédasticité)
leveneTest(DureeMinute ~ Mode, data = df_TrajetsDuree)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##      Df F value Pr(>F)
## group  2  0.2418 0.7857
##      96
```

```
bartlett.test(DureeMinute ~ Mode, data = df_TrajetsDuree)
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: DureeMinute by Mode
## Bartlett's K-squared = 2.6718, df = 2, p-value = 0.2629
```

```
bptest(DureeMinute ~ Mode, data = df_TrajetsDuree)
```

```
##
## studentized Breusch-Pagan test
##
## data: DureeMinute ~ Mode
## BP = 1.3322, df = 2, p-value = 0.5137
```

Deux fonctions peuvent être utilisées pour calculer l'analyse de variance : la fonction de base **aov**(variable continue ~ variable qualitative, data = votre dataframe) ou bien la fonction **anova_test**(variable continue ~ variable qualitative, data = votre dataframe) du package **rstatix**. Comparativement à **aov**, l'avantage de la fonction **anova_test** est qu'elle calcule aussi le Eta².

```
library("rstatix")
library("lmtest")
library("car")
# ANOVA avec la fonction aov
aov1 <- aov(DureeMinute ~ Mode, data = df_TrajetsDuree)
summary(aov1)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Mode       2    287   143.2    0.82  0.444
## Residuals 96  16781   174.8
```

```
# calcul de Eta2 avec la fonction eta_sq du package lmtest
eta_sq(aov1)
```

```
## term etasq
## 1 Mode 0.017
```

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODES

```
# ANOVA avec la fonction anova_test du package rstatix  
anova_test(DureeMinute ~ Mode, data = df_TrajetsDuree)
```

```
## ANOVA Table (type II tests)  
##  
##   Effect DFn DFd      F      p p<.05    ges  
## 1   Mode     2   96 0.82 0.444       0.017
```

La valeur de P associée à la statistique F (0,444) nous permet de conclure qu'il n'y a pas de différences significatives entre les moyennes des temps de déplacements des trois modes de transport.

4.4.3.2 Deuxième ANOVA : différences entre les niveaux d'exposition au bruit

Dans ce second exercice, nous allons analyser les différences d'exposition au bruit. D'emblée, les statistiques descriptives révèlent que les moyennes sont dissemblables : 66,8 dB(A) pour l'automobile versus 68,8 et 74 pour le vélo et le transport en commun. Aussi, la variance du transport en commun est très différente des autres.

```
library("rstatix")  
# chargement des dataframes  
load("data/bivariee/dataPollution.RData")  
# Statistiques descriptives pour les groupes (moyenne et écart-type)  
df_Bruit %>%  
  # Nom du dataframe  
  group_by(Mode) %>%  
  # Variable qualitative  
  get_summary_stats(laeq, type = "mean_sd") # Variable continue
```

```
## # A tibble: 3 x 5  
##   Mode   variable     n   mean     sd  
##   <chr>   <chr>   <dbl> <dbl>   <dbl>  
## 1 1. Auto laeq     1094  66.8   4.56  
## 2 2. Velo laeq     1124  68.8   4.29  
## 3 3. TC   laeq     1207  74.0   6.79
```

À la lecture des graphiques de densité et en violon (figure 4.21), il semble clair que les niveaux d'exposition au bruit sont plus faibles pour les automobilistes et plus élevés pour les cyclistes et surtout les utilisateurs du transport en commun. En outre, la distribution des valeurs d'exposition au bruit dans le transport en commun semble bimodale. Cela s'explique par le fait que les niveaux de bruit sont beaucoup élevés dans le métro que dans les autobus.

```
library("ggplot2")  
library("ggpubr")  
# Graphique en densité  
GraphDens <- ggplot(data = df_Bruit,  
  mapping=aes(x=laeq, colour=Mode, fill=Mode)) +  
  geom_density(alpha=0.55, mapping=aes(y=..scaled..)) +
```

```


  labs(title="a. graphique de densité",
       x="Exposition au bruit (dB(A))")
# Graphique en violons
GraphViolon <- ggplot(df_Bruit, aes(x=Mode, y=laeq)) +
  geom_violin(fill="white") +
  geom_boxplot(width=0.1, aes(x=Mode, y=laeq, fill=Mode))+
  labs(title="b. Graphique en violons",
       x = "Mode de transport",
       y="Exposition au bruit (dB(A))"+ 
  theme(legend.position = "none")
ggarrange(GraphDens, GraphViolon)


```

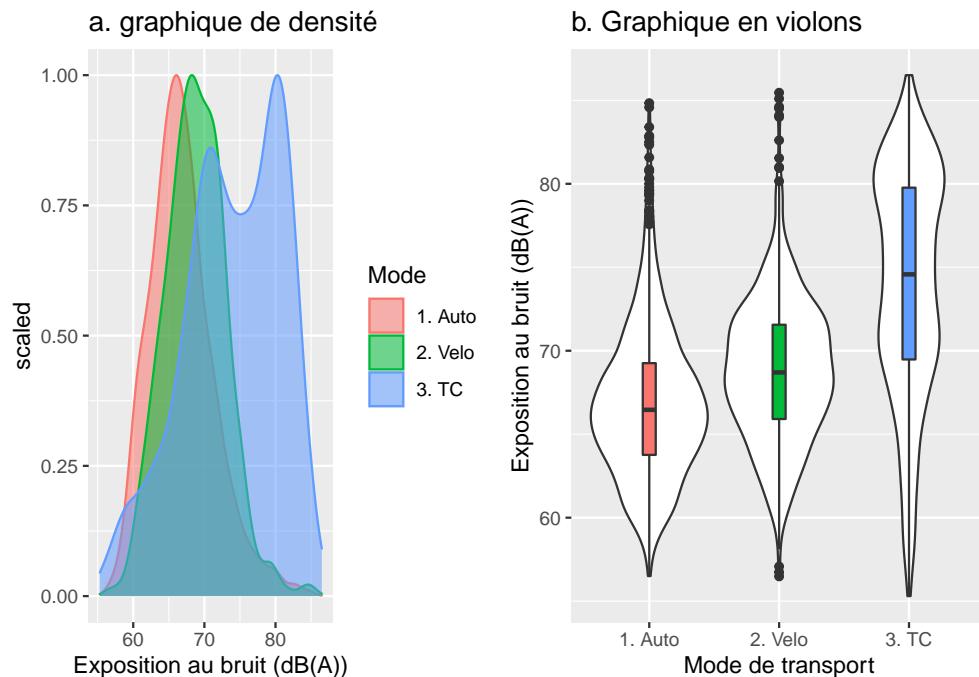


FIG. 4.21 : Graphique de densité et en violons

Le test de Shapiro et les graphiques QQ plot (figure 4.22) révèlent que les distributions des trois groupes sont anormales. Ce résultat n'est pas surprenant si l'on tient compte de la nature logarithmique de l'échelle décibel.

```


library("dplyr")
library("ggpubr")
library("rstatix")
# Condition 1 : normalité des échantillons
# Test pour la normalité des échantillons (groupes) : test de Shapiro
df_Bruit %>%          # Nom du dataframe
  group_by(Mode) %>%      # Variable qualitative
  shapiro_test(laeq)    # Variable continue


```

```

## # A tibble: 3 x 4
##   Mode     variable statistic      p
##   <fct>   <fct>        <dbl>   <dbl>
## 1 1. Auto laeq -0.995 0.000
## 2 2. Velo laeq -0.995 0.000
## 3 3. TC   laeq -0.995 0.000

```

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODES

```
##   <chr>    <chr>      <dbl>      <dbl>
## 1 1. Auto laeq      0.971 4.92e-14
## 2 2. Velo laeq      0.992 5.12e- 6
## 3 3. TC   laeq      0.966 3.34e-16
```

```
# Graphiques qqplot pour les groupes
ggqqplot(df_Bruit, "laeq", facet.by = "Mode")
```

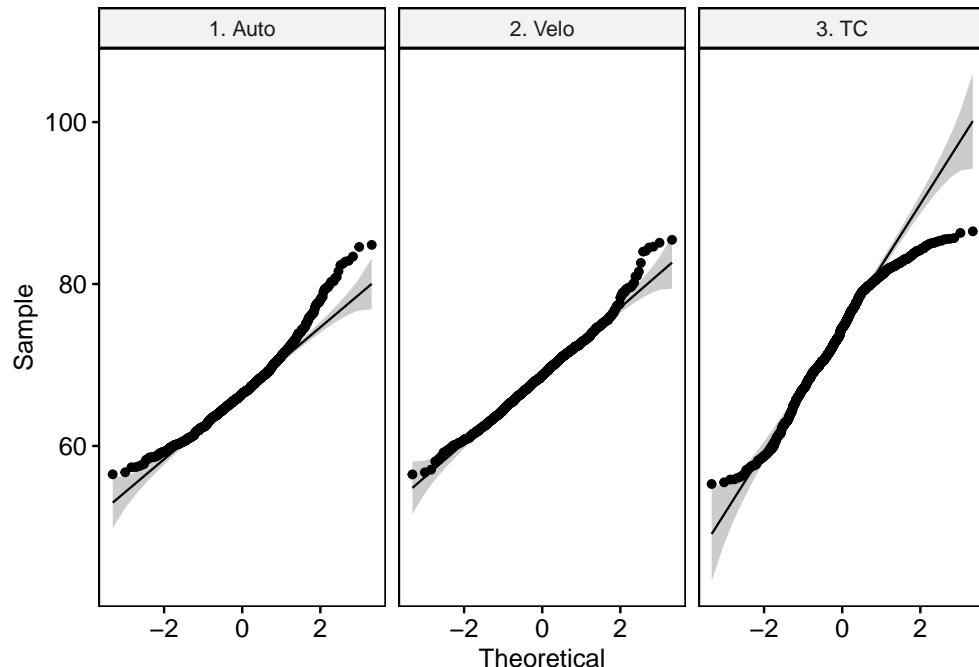


FIG. 4.22 : QQ Plot pour les groupes

En outre, selon les valeurs des tests de Levene, de Bartlett ou de Breusch-Pagan, les variances ne sont pas égales.

```
library("rstatix")
library("lmtest")
library("car")
# Condition 2 : homogénéité des variances (homocédasticité)
leveneTest(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##           Df F value    Pr(>F)
## group      2 190.3 < 2.2e-16 ***
##             3422
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
bartlett.test(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)

## 
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: laeq by Mode
## Bartlett's K-squared = 306.64, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

```
bptest(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
```

```
## 
## studentized Breusch-Pagan test
##
## data: laeq ~ Mode
## BP = 279.85, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

Étant donné que les deux conditions (normalité et homogénéité des variances) ne sont pas respectées, il serait préférable d'utiliser un test non paramétrique de Kruskal-Wallis. Calculons toutefois préalablement l'ANOVA classique et l'ANOVA de Welch puisque les variances ne sont pas égales). Les valeurs de P des deux tests (Fisher et Welch) signalent que les moyennes d'exposition au bruit sont statistiquement différentes entre les trois modes de transport.

```
library("rstatix")
# ANOVA avec la fonction anova_test du package rstatix
anova_test(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
```

```
## ANOVA Table (type II tests)
## 
##   Effect DFn   DFd      F      p p<.05    ges
## 1   Mode    2 3422 544.214 6.12e-206     * 0.241
```

```
# ANOVA avec le test de Welch puisque les variances ne sont pas égales
welch_anova_test(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
```

```
## # A tibble: 1 x 7
##   .y.      n statistic   DFn   DFd      p method
## * <chr> <int>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <chr>
## 1 laeq    3425       446.     2 2248. 9.47e-164 Welch ANOVA
```

Une fois démontré que les moyennes sont différentes, le test de Tukey est particulièrement intéressant puisqu'il nous permet de repérer les différences de moyennes significatives deux à deux, tout en ajustant

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MODES

les valeurs de P obtenues en fonction du nombre de comparaisons effectuées. Ci-dessous, on constate que toutes les paires sont statistiquement différentes et que la différence de moyennes entre les automobilistes et les cyclistes est de 1,9 dB(A) et surtout de 7,1 dB(A) entre les automobilistes et les usagers du transport en commun.

```
aov2 <- aov(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
# Test de Tukey pour comparer les moyennes entre elles
TukeyHSD(aov2, conf.level = 0.95)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
##
## $Mode
##          diff      lwr      upr p adj
## 2. Velo-1. Auto 1.941698 1.406343 2.477053 0
## 3. TC-1. Auto  7.113506 6.587309 7.639703 0
## 3. TC-2. Velo  5.171808 4.649307 5.694309 0
```

Le calcul de test non paramétrique de Kruskal-Wallis avec la fonction `kruskal.test` démontre aussi que les médianes des groupes sont différentes ($p < 0,001$). De manière comparable au test de Tukey, la fonction `pairwise.wilcox.test` permet aussi de repérer les différences significatives entre les paires de groupes. Pour conclure, tant l'ANOVA que le test non paramétrique de Kruskal-Wallis indiquent que les trois modes de transport sont significativement différents quant à l'exposition au bruit, avec des valeurs plus faibles pour les automobilistes comparativement aux cyclistes et aux usagers du transport en commun.

```
# Test de Kruskal-Wallis
kruskal.test(laeq ~ Mode, data = df_Bruit)
```

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data: laeq by Mode
## Kruskal-Wallis chi-squared = 784.74, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

```
# Calcul de la moyenne des rangs pour les trois groupes
df_Bruit$laeqRank <- rank(df_Bruit$laeq)
df_Bruit %>%
  group_by(Mode) %>%
  get_summary_stats(laeqRank, type = "mean")
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   Mode     variable     n   mean
##   <chr>    <chr>     <dbl> <dbl>
```

```
## 1 1. Auto laeqRank 1094 1188.
## 2 2. Velo laeqRank 1124 1572.
## 3 3. TC laeqRank 1207 2320.
```

```
# Comparaison des groupes avec la fonction pairwise.wilcox.test
pairwise.wilcox.test(df_Bruit$laeq, df_Bruit$Mode, p.adjust.method = "BH")
```

```
##
## Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: df_Bruit$laeq and df_Bruit$Mode
##
##          1. Auto 2. Velo
## 2. Velo <2e-16 -
## 3. TC    <2e-16 <2e-16
##
## P value adjustment method: BH
```

4.4.4 Comment rapporter les résultats d'une ANOVA et du test de Kruskal-Wallis

Plusieurs éléments doivent être reportés pour détailler les résultats d'une ANOVA ou d'un test de Kruskal-Wallis : la valeur de F , de W (dans le cas d'une ANOVA de Welch) ou du χ^2 (Kruskal-Wallis), les valeurs de P , les moyennes ou médianes respectives des groupes et éventuellement un tableau détaillant les écarts intergroupes obtenus avec les test de Tukey ou Wilcoxon par paires.

- Les résultats de l'analyse de variance à un facteur démontrent que le mode de transport utilisé n'a pas d'effet significatif sur le temps de déplacement en heures de pointe à Montréal ($F(2,96)=0,82$, $p=0,444$). En effet, pour des trajets de dix kilomètres entre un quartier périphérique et le centre-ville, les cyclistes (Moy=38,4, ET=15,2) arrivent en moyenne moins d'une minute après les automobilistes (Moy=37,7, ET=12,8) et les usagers du transport en commun moins de quatre minutes (Moy=41,6, ET=11,4).
- Les résultats de l'analyse de variance à un facteur démontrent que le mode transport utilisé a un impact significatif sur le niveau d'exposition en heures de pointe à Montréal ($F(2,96)=544$, $p<0,001$ et Welch($2,96)=446$, $p<0,001$). En effet, les usagers du transport en commun (Moy=74,0, ET=6,79) et les cyclistes (Moy=68,8, ET=4,3) sont significativement plus exposés au bruit que les automobilistes (Moy=66,8, ET=4,56).
- Les résultats du test de Kruskal-Wallis démontre qu'il existe des différences significatives d'exposition au bruit entre les trois modes de transport ($\chi^2(2) = 784,74$, $p<0,001$) avec des moyennes de rangs de 1094 pour l'automobile, 1124 pour le vélo et 1207 pour le transport en commun.



Nous avons vu que l'ANOVA permet de comparer les moyennes d'une variable continue à partir d'une variable qualitative comprenant plusieurs modalités (facteur) pour des observations indépendantes. Il y a donc une seule variable dépendante (continue) et une seule variable indépendante. Sachez qu'il existe de nombreuses extensions de l'ANOVA classique :

4.4. RELATION ENTRE UNE VARIABLE QUANTITATIVE ET UNE VARIABLE QUALITATIVE À PLUS DE DEUX MO

- **une ANOVA à deux facteurs**, soit avec une variable dépendante continue et deux variables indépendantes qualitatives (*two-way ANOVA* en anglais). On évalue ainsi les effets des deux variables (a, b) et de leur interaction (ab) sur une variable continue.
- **une ANOVA multifacteur** avec une variable dépendante continue et plus de deux variables indépendantes qualitatives. Par exemple, avec trois variables qualitatives pour expliquer la variable continue, on inclut les effets de chaque variable qualitative (a, b, c) ainsi que de leurs interactions (ab, ac, bc, abc).
- **L'analyse de covariance (ANCOVA, ANalysis of COVAriance en anglais)** comprend une variable dépendante continue, une variable indépendante qualitative (facteur) et plusieurs variables indépendantes continues dites covariables. L'objectif est alors de vérifier si les moyennes d'une variable dépendante sont différentes pour plusieurs groupes d'une population donnée, après avoir contrôlé l'effet d'une ou plusieurs variables continues. Par exemple, pour une métropole donnée, on pourra vouloir comparer les moyennes de loyers entre la ville-centre et ceux de la première et de la seconde couronnes (facteur), une fois contrôlée la taille de ces derniers (variable covariée continue). En effet, une partie de la variance des loyers s'explique certainement par la taille des logements.
- **L'analyse de variance multivariée (MANOVA, Multivariate ANalysis of VAriance en anglais)** comprend deux variables dépendantes continues ou plus et une variable indépendante qualitative (facteur). Par exemple, on souhaiterait comparer les moyennes d'exposition au bruit et à différents polluants (dioxyde d'azote, particules fines, ozone) (variables dépendantes continues) selon le mode de transport utilisé (automobile, vélo, transport en commun, soit le facteur).
- **L'analyse de covariance multivariée (MANCOVA, Multivariate ANalysis of COVAriance en anglais)**, soit une analyse qui comprend deux variables dépendantes continues ou plus (comme la MANOVA) et une variable qualitative comme variable indépendante (facteur) et un covariable continue ou plus.

Pour le test t , nous avons vu qu'il peut s'appliquer soit à deux échantillons indépendants (non appariés), soit à deux échantillons dépendants (appariés). Notez qu'il existe aussi des extensions de l'ANOVA pour des échantillons pairés. On parle alors d'**analyse de variance sur des mesures répétées**. Par exemple, on pourrait évaluer la perception du sentiment de sécurité relativement à la pratique vélo d'hiver pour un échantillon de cyclistes ayant décidé de l'adopter récemment, et ce, à plusieurs moments : avant leur première saison, à la fin de leur premier hiver, à la fin de leur second hiver. Autre exemple, on pourrait sélectionner un échantillon d'individus (100 par exemple) pour lesquels on évalueraient leurs perceptions de l'environnement sonore dans différents lieux de la ville. Comme pour l'ANOVA classique (échantillons non appariés), il existe des extensions de l'ANOVA sur des mesures répétées permettant d'inclure plusieurs facteurs (groupes de population) ; on mesure alors une variable continue pour plusieurs groupes d'individus à différents moments ou conditions différentes. Il est aussi possible de réaliser une ANOVA pour des mesures répétées avec une ou plusieurs covariables continues.

Bref, si l'ANOVA était un roman, elle serait certainement « un monde sans fin » de Ken Follett ! Notez toutefois que la SUPERNOVA, la BOSSANOVA et le CASANOVA ne sont pas des variantes de l'ANOVA !

Quatrième partie

Modèles de régression

Chapitre 5

La régression linéaire multiple

Dans ce chapitre, nous présenterons la méthode de régression certainement la plus utilisée en sciences sociales : la régression linéaire multiple. À titre de rappel, dans le chapitre précédent (section 4.1.4), nous avons vu que la régression linéaire simple, basée sur la méthode des moindres carrés, permet d'expliquer et de prédire une variable continue en fonction d'une autre variable. Toutefois, quel que soit le domaine d'étude, il est rare que le recours à une seule variable explicative (X) permette de prédire efficacement une variable continue (Y). La régression linéaire multiple est simplement une extension de la régression linéaire simple : elle permet ainsi de prédire et expliquer une variable indépendante (Y) en fonction de plusieurs variables indépendantes (explicatives).

Plus spécifiquement, nous aborderons ici les principes et hypothèses de la régression linéaire multiple, comment mesurer la qualité d'ajustement du modèle, introduire des variables explicatives particulières (variable qualitative dichotomique ou polytomique, variable d'interaction, etc.), interpréter les sorties d'un modèle de régression et finalement la mettre en oeuvre dans R.



Dans cette section, nous utiliserons principalement les *packages* suivants :

A MODIFIER A LA FIN

- Pour créer des graphiques :
 - * **ggplot2**, le seul, l'unique
 - * **ggsignif**, pour combiner des graphiques et réaliser des diagrammes quantiles-quantiles
- Pour manipuler des données :
 - * **dplyr**, avec les fonctions *group_by*, *summarize* et les pipes `%>%`
- Pour les corrélations (section 4.1.1) :
 - * **correlation**, de l'ensemble de package **easy_stats**, offrant une large gamme de méthodes de corrélations
 - * **boot** pour réaliser des corrélations avec *bootstrap*
 - * **Hmisc** pour calculer des corrélations de Pearson et Spearman
 - * **ppcor**, notamment pour des corrélations partielles
 - * **psych** pour obtenir une matrice de corrélation (Pearson, Spearman et Kendall), les intervalles de confiance et les valeurs de p.
 - * **stargazer** pour créer des beaux tableaux d'une matrice de corrélation en Html ou en LaTeX ou en ASCII.
 - * **corrplot**, pour créer des graphiques de matrices de corrélation
- Pour le tableau de contingence (section 4.1.2) :
 - * **gmodels**, pour construire des tableaux de contingence et calculer les tests t et ses différentes variantes (section 4.2.4)

- * **vcd**, pour construire un graphique pour un tableau de contingence ((section 4.2.4))
- Pour les test t :
 - * **sjstats** pour réaliser des test t pondérés
 - * **effectsize**, pour calculer les tailles d'effet de tests de t
- Pour la section sur les ANOVA (section 4.4.1) :
 - * **car**, pour les ANOVA classiques
 - * **lmtest** pour le test de Breusch-Pagan d'homogénéité des variances
 - * **rstatix**, intégrant de nombreux tests classiques (comme le test de Shapiro) avec **tidyverse**

5.1 Objectifs de la régression linéaire multiple et construction d'un modèle de régression

Selon Tabachnick et Fidell (2007), un modèle de régression permet de répondre à deux objectifs principaux relevant chacun d'une approche de modélisation particulière.

La première approche a pour objectif d'identifier les relations entre une variable dépendante (VD) et plusieurs variables indépendantes (VI). Il s'agit alors de déterminer si ces relations sont positives ou négatives, significatives ou non et d'évaluer leur ampleur. La construction du modèle de régression repose alors sur un cadre théorique et la formulation d'hypothèses sur les relations entre chacune des VI et la VD.

La seconde approche est exploratoire et très utilisée en *data mining* (forage ou fouille de données). Parmi un grand ensemble de variables disponibles dans un jeu de données, elle vise à identifier la ou les variables permettant de prédire le plus efficacement (précisément) une variable dépendante. Parfois, ce type de démarche ne repose ni sur un cadre théorique, ni sur la formulation d'hypothèses entre les VI et la VD. Dans des cas extrêmes, on s'intéresse uniquement à la capacité de prédiction du modèle, et ce, sans analyser les associations entre les VI et la VD. L'objectif étant d'obtenir le modèle le plus efficacement possible afin de prédire, à l'avenir, la valeur de la variable dépendante pour des observations pour lesquelles elle est inconnue. Pour ce faire, on a recours à des régressions séquentielles (*stepwise regressions*) dans lesquelles les variables peuvent être ajoutées (ou retirées) une à une au modèle; on conservera dans le modèle de régression final uniquement celles qui ont un apport explicatif significatif. Signalons d'emblée que dans le reste du chapitre, comme du livre, nous ne nous étendrons pas plus sur cette approche de modélisation, et ce, pour deux raisons. D'une part, cette approche met souvent en évidence des relations significatives entre des variables sans qu'il y ait une relation de causalité entre elles. D'autre part, en sciences sociales, un modèle de régression doit être basé sur un cadre théorique et conceptuel élaboré suite à une revue de littérature rigoureuse.

Cadre conceptuel et élaboration d'un modèle de régression

Pour bien construire un modèle de régression, il convient de définir un cadre conceptuel élaboré suite à une revue de littérature sur votre sujet de recherche. Ce cadre conceptuel permettra d'identifier les dimensions et concepts clefs permettant d'expliquer le phénomène à l'étude. Par la suite, pour chacun de ces concepts ou dimensions, il sera alors possible 1) d'identifier les différentes variables indépendantes qui seront introduites dans le modèle et 2) de formuler pour chacune d'elles une hypothèse. Par exemple, pour telle ou telle variable explicative, on s'attendra à ce qu'elle fasse augmenter ou diminuer significativement la variable dépendante. De nouveau, la formulation de cette hypothèse doit s'appuyer sur une interprétation théorique de la relation entre la VI et la VD.

5.1. OBJECTIFS DE LA RÉGRESSION LINÉAIRE MULTIPLE ET CONSTRUCTION D'UN MODÈLE DE RÉGRESSION

Prenons en guise d'exemple une étude récente portant sur la multiexposition des cyclistes au bruit et à la pollution atmosphérique (Gelb and Apparicio, 2020b). Dans cet article, les auteurs s'intéressent aux caractéristiques de l'environnement urbain qui contribuent à augmenter ou réduire l'exposition des cyclistes à la pollution de l'air et au bruit routier. Pour ce faire, une collecte de données primaires a été réalisée avec trois cyclistes dans les rues de Paris du 4 au 7 septembre 2017. Au total, 64 heures et 964 kilomètres ont ainsi été parcourus à vélo afin de maximiser la couverture de la Ville de Paris et les types d'environnements urbains traversés.

Leur cadre conceptuel est schématisé à la figure ci-dessous. Les deux variables indépendantes (à expliquer) sont l'exposition au dioxyde d'azote (NO_2) et l'exposition au bruit (mesurée en décibel dB(A)). Avant d'identifier les caractéristiques de l'environnement urbain affectant ces deux expositions, plusieurs facteurs, dits **variables de contrôle**, sont considérés. Par exemple, la concentration de NO_2 varie en fonction des conditions météorologiques (vent, température, humidité) et de la pollution d'arrière-plan (variant selon le moment de la journée, le jour de la semaine et la localisation géographique au sein de la ville). Ces dimensions ne sont pas le centre d'intérêt direct de l'étude. En effet, les auteurs s'intéressent aux impacts des caractéristiques locales de l'environnement urbain. Pour pouvoir les identifier sans biais, il est nécessaire de contrôler (filtrer) l'ensemble de ces autres facteurs.

Dans leur cadre conceptuel, les auteurs regroupent les caractéristiques locales de l'environnement urbain en trois grandes dimensions : les caractéristiques du segment (types de rues ou de voies cyclables empruntés, intersections traversées, pente et vitesse), celles de la forme urbaine (densité résidentielle, végétation, ouverture de la rue, occupations du sol) et celles du trafic (nombre et types de véhicules croisés, congestion, zones 30 km/h). Une fois ce cadre conceptuel construit, il reste alors à identifier les variables qui permettent d'opérationnaliser chacun de concepts retenus.

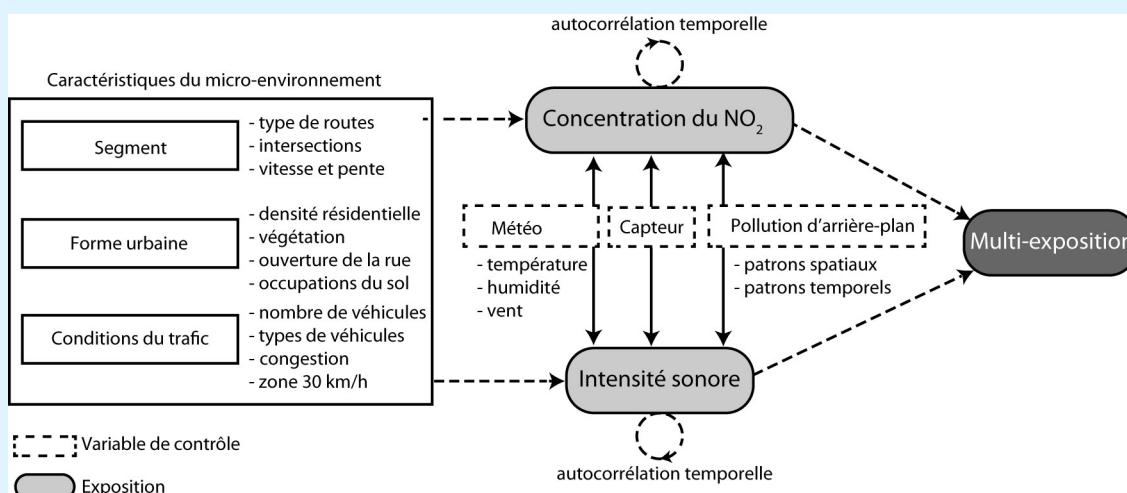


FIG. 5.1 : Exemple de cadre conceptuel

Notion de variables de contrôle *versus* variables explicatives

Dans un modèle de régression, on distingue habituellement trois types de variables : la variable dépendante (Y) que l'on souhaite prédire ou expliquer et les variables indépendantes (X) qui peuvent être soit des variables de contrôle (*covariates* en anglais), soit des variables explicatives. Les premières sont des facteurs qu'il faut prendre en compte (contrôler) avant d'évaluer nos variables d'intérêt (explicatives).

Dans l'exemple précédent, les chercheurs voulaient évaluer l'impact des caractéristiques de l'environnement urbain (variables explicatives) traversés par les cyclistes sur leurs expositions au dioxyde d'azote et au bruit, une fois contrôlés les effets de facteurs reconnus comme ayant un impact significatif sur la concentration de polluants comme les conditions météorologiques et la pollution d'arrière-plan. Autrement dit, si les variables de contrôle n'avaient pas été prises en compte, l'étude des variables d'intérêt serait biaisée par les effets de ces facteurs qui n'auraient pas été contrôlés. À titre d'exemple, il serait possible que les zones de circulation limitées à 30 km/h soient concentrées dans les quartiers centraux et denses de Paris. Dans ces quartiers, la

pollution d'arrière plan a tendance à être supérieure. Si l'on ne tient pas compte de cette pollution d'arrière plan, on pourrait arriver à la conclusion que les zones de 30 sont des milieux dans lesquels les cyclistes sont plus exposés à la pollution atmosphérique.

Construction de modèles de régression imbriqués, incrémentiels

En lien avec le cadre conceptuel du modèle, il est fréquent de construire plusieurs modèles emboîtés. Par exemple, à partir du cadre conceptuel (figure 5.1), les auteurs auraient très bien pu construire quatre modèles :

- un premier avec uniquement les variables de contrôle (modèle A)
- un second incluant les variables de contrôle et les variables explicatives de la dimension des caractéristiques du segment (modèle B)
- un troisième reprenant les variables du modèle B dans lequel sont introduites les variables explicatives relatives à la forme urbaine (modèle C)
- un dernier modèle dans lequel sont ajoutées les variables explicatives relatives aux conditions du trafic (modèle D).

L'intérêt d'une telle approche est qu'elle permet d'évaluer successivement l'apport explicatif de chacune des dimensions du modèle ; nous y reviendrons dans la section 5.3.

On dit donc que deux modèles sont imbriqués lorsque le modèle avec le plus de variables comprend également **toutes** les variables du modèle avec le moins de variables.

5.2 Principes de base de la régression linéaire multiple

5.2.1 Un peu d'équations...

La régression linéaire multiple vise à déterminer une équation qui résume le mieux les relations linéaires entre une variable dépendante (Y) et un ensemble de variables indépendantes (X). L'équation de régression s'écrit alors :

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \dots + \beta_k x_{ki} + \epsilon_i \quad (5.1)$$

avec :

- y_i la valeur de la variable dépendante Y pour l'observation i .
- β_0 la constante, soit la valeur prédictive pour Y quand toutes les variables indépendantes sont égales à 0.
- k le nombre de variables indépendantes.
- β_1 à β_k les coefficients de régression pour les variables indépendantes de 1 à k (X_1 à X_k).
- ϵ_i le résidu pour l'observation de i , soit la partie de la valeur de y_i qui n'est pas expliquée par le modèle de régression.

Notez qu'il existe plusieurs écritures simplifiées de cette équation. D'une part, il est possible de ne pas indiquer l'observation i et de remplacer les lettres grecques *bêta* et *epsilon* (β et ϵ) par les lettres b et e :

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.2)$$

D'autre part, cette équation peut être présentée sous forme matricielle. Rappelez-vous que pour chacune des n observations de l'échantillon, une équation est formulée :

$$\begin{cases} y_1 = \beta_0 + \beta_1 x_{1,1} + \dots + \beta_p x_{1,k} + \varepsilon_1 \\ y_2 = \beta_0 + \beta_1 x_{2,1} + \dots + \beta_p x_{2,k} + \varepsilon_2 \\ \dots \\ y_n = \beta_0 + \beta_1 x_{n,1} + \dots + \beta_p x_{n,k} + \varepsilon_n \end{cases} \quad (5.3)$$

Par conséquent, sous forme matricielle, l'équation s'écrit :

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ \vdots \\ y_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & x_{1,1} & \cdots & x_{1,k} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & x_{n,1} & \cdots & x_{n,k} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \vdots \\ \beta_k \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix} \quad (5.4)$$

ou tout simplement :

$$Y = X\beta + \epsilon \quad (5.5)$$

avec :

- Y un vecteur de dimension $n \times 1$ pour la variable dépendante, soit une colonne avec n observations.
- X une matrice de dimension $n \times (k + 1)$ pour les k variables indépendantes, incluant une autre colonne (avec la valeur de 1 pour les n observations) pour la constante d'où $k + 1$.
- β un vecteur de dimension $k + 1$, soit les coefficients de régression pour les k variables et la constante.
- ϵ un vecteur de dimension $n \times 1$ pour les résidus.



Vous aurez compris que comme pour la régression linéaire simple (section 4.1.4.3), l'équation de la régression linéaire multiple comprend aussi une partie expliquée et une autre non expliquée (stochastique) par le modèle :

$$Y = \underbrace{\beta_0 + \beta_1 X_i + \beta_2 X_i + \dots + \beta_k X_k}_{\text{partie expliquée par le modèle}} + \underbrace{\epsilon}_{\text{partie non expliquée (stochastique)}} \quad (5.6)$$

$$Y = \underbrace{X\beta}_{\text{partie expliquée par le modèle}} + \underbrace{\epsilon}_{\text{partie non expliquée (stochastique)}} \quad (5.7)$$

5.2.2 Les hypothèses de la régression linéaire multiple

Un modèle est bien construit s'il respecte plusieurs hypothèses liées à la régression, dont les principales étant :

- **Hypothèse 1.** La variable dépendante doit être continue et non-bornée. Quant aux variables indépendantes (VI), elles peuvent être quantitatives (discrettes ou continues) et qualitatives (nominal ou ordinal).
- **Hypothèse 2.** La variance de chaque VI doit être supérieure à 0. Autrement dit, elle ne peut pas la même valeur pour toutes les observations.

- **Hypothèse 3.** *Indépendance des termes d'erreur.* Les résidus des observations $(\epsilon_1, \epsilon_2, \dots, \epsilon_n)$ ne doivent pas être corrélés entre eux. Autrement dit, les observations doivent être indépendantes les unes des autres, ce qui n'est souvent pas le cas pour des mesures temporelles. Par exemple, l'application du cadre conceptuel sur la modélisation de l'exposition des cyclistes au bruit et à la pollution atmosphérique (figure 5.1) est basée sur des données primaires collectées lors de trajets réalisés à vélo dans une ville donnée. Par conséquent, deux observations qui se suivent ont bien plus de chances de se ressembler – du point de vue des mesures de pollution et des caractéristiques de l'environnement urbain – que deux observations tirées au hasard dans le jeu de données. Ce problème d'autocorrélation temporelle doit être contrôlé, sinon, les coefficients de régression seront biaisés.
- **Hypothèse 4.** *Normalité des résidus avec un moyenne centrée sur zéro.*
- **Hypothèse 5.** *Absence de colinéarité parfaite entre les variables explicatives.* Par exemple, dans un modèle, on ne peut introduire à la fois les pourcentages de locataires et de propriétaires, car pour chaque observation, la somme des deux donne 100%. On a donc une corrélation parfaite entre ces deux variables : le coefficient de corrélation de Pearson entre ces deux variables est égal à 1. Par conséquent, le modèle ne pourra pas être estimé avec ces deux variables et l'une des deux sera automatiquement ôtée.
- **Hypothèse 6.** *Homoscédasticité des erreurs (ou absence d'hétéroscédasticité).* Les résidus doivent avoir une variance constante, c'est-à-dire qu'elle doit être la même pour chaque observation. Il y a homoscédasticité lorsqu'il y a une absence de corrélation entre les résidus et les valeurs prédictives. Si cette condition n'est pas respectée, on parle alors d'hétéroscédasticité.
- **Hypothèse 7.** *Le modèle est bien spécifié.* On dira qu'un modèle est mal spécifié (construit) quand « une ou plusieurs variables non pertinentes sont incluses dans le modèle » ou « qu'une ou plusieurs variables pertinentes sont exclues du modèle » (Bressoux, 2010, p. 138-139). Concrètement, l'inclusion d'une variable non pertinente ou l'omission d'une variable peut entraîner une mauvaise estimation des effets des variables explicatives du modèle.

Pour connaître les conséquences de la violation de chacune de ces hypothèses, on pourra notamment consulter l'excellent ouvrage de Bressoux (2010, p. 103-110). Retenez ici que le non-respect de ces hypothèses produit des coefficients de régression biaisés.

5.3 Mesurer la qualité d'ajustement du modèle

Pour illustrer la régression linéaire multiple, nous utilisons un jeu de données tiré d'un article portant sur la distribution spatiale de la végétation sur l'île de Montréal abordée sous l'angle de l'équité environnementale (Apparicio et al., 2016b). Dans cette étude, les auteurs veulent vérifier si certains groupes de population (personnes à faible revenu, minorités visibles, personnes âgées et enfants de moins de 15 ans) ont ou non une accessibilité plus limitée à la végétation urbaine. En d'autres termes, cet article tente de répondre à la question suivante : une fois contrôlées les caractéristiques de la forme urbaine (densité de population et âge du bâti), est-ce que les quatre groupes de population résident dans des îlots urbains avec proportionnellement moins ou plus de végétation ?

Dans le tableau 5.1, sont reportées les variables utilisées (calculées au niveau des îlots de l'île de Montréal) introduites dans le modèle de régression :

- le pourcentage de la superficie de l'îlot couverte par de la végétation, soit la variable indépendante (VI) ;
- deux variables indépendantes de contrôle (VC) relatives à la forme urbaine ;

- les pourcentages des quatre groupes de population comme variables indépendantes explicatives (VE).

L'équation de départ du premier modèle de régression est donc : $\text{VegPct} \sim \text{HABHA} + \text{AgeMedian} + \text{Pct_014} + \text{Pct_65P} + \text{Pct_MV} + \text{Pct_FR}$

Notez que ce jeu de données est utilisé tout au long du chapitre.

5.3.1 Mesurer la qualité d'un modèle

Comme pour la régression linéaire simple (section 4.1.4.3), les trois mesures les plus couramment utilisées pour évaluer la qualité d'un modèle sont :

- Le **coefficient de détermination** (R^2) qui indique la proportion de la variance de la variable dépendante expliquée par les variables indépendantes du modèle (équation (5.9)). Il varie ainsi de 0 à 1.
- La **statistique de Fisher** qui permet d'évaluer la significativité globale du modèle (équation (5.10)). Dans le cas d'une régression linéaire multiple, l'hypothèse nulle du test F est que toutes les valeurs des coefficients de régression des variables indépendantes sont égales à 0; autrement dit, qu'aucune des variables indépendantes n'a d'effet sur la variable dépendante. Tel que décrit à la section 4.1.4.3, il est possible d'obtenir une valeur P rattachée à la statistique F avec k degrés de liberté au dénominateur et $n-k-1$ degrés de liberté au numérateur (k et n étant respectivement le nombre de variables indépendantes et le nombre d'observations). Lorsque la valeur de P est inférieure à 0,05, on pourra en conclure que le modèle est globalement significatif, c'est-à-dire qu'au moins un coefficient de régression est significativement différent de zéro. Notez qu'il est plutôt rare qu'un modèle de régression, comprenant plusieurs variables indépendantes, soit globalement non significatif ($P>0,05$), et ce, surtout s'il est basé sur un cadre conceptuel et théorique solide. Le test de la statistique de Fisher est donc facile à passer et ne constitue pas une preuve absolue de la pertinence du modèle.
- L'**erreur quadratique moyenne (RMSE)** qui indique l'erreur absolue moyenne du modèle exprimée dans l'unité de mesure de la variable dépendante ou autrement dit, l'écart absolu moyen entre les valeurs observées et prédictes du modèle (équation (5.11)). Une valeur élevée indique que le modèle se trompe largement en moyenne et inversement.

TAB. 5.1 : Statistiques descriptives pour les variables du modèle

Nom	Intitulé	Type	Moy.	E.-T.	Q1	Q2	Q3
VegPct	Végétation (%)	VD	35,1	18,6	20,3	33,8	49,0
HABHA	Habitants au km2	VC	87,8	74,0	36,9	68,4	120,5
AgeMedian	Âge médian des bâtiments	VC	52,1	25,2	37,2	49,0	61,0
Pct_014	Moins de 15 ans (%)	VE	15,9	5,3	12,5	15,9	19,3
Pct_65P	65 ans et plus (%)	VE	14,9	8,3	9,6	13,9	18,2
Pct_MV	Minorités visible (%)	VE	21,0	16,4	8,3	17,2	29,6
Pct_FR	Personnes à faible revenu (%)	VE	23,6	16,0	11,1	21,3	33,7



Rappel sur la décomposition de la variance et calcul du R^2 , de la statistique F et du RMSE

Rappelez-vous que la variance totale (SCT) est égale à la somme de la variance expliquée (SCE) par le modèle et de la variance non expliquée (SCR) par le modèle.

$$\underbrace{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}_{\text{variance de Y}} = \underbrace{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2}_{\text{var. expliquée}} + \underbrace{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}_{\text{var. non expliquée}} \Rightarrow SCT = SCE + SCR \quad (5.8)$$

avec :

- y_i est la valeur observée de la variable dépendante pour i ;
- \bar{y} est la valeur moyenne de la variable dépendante;
- \hat{y}_i est la valeur prédictive de la variable dépendante pour i .

À partir des trois variances (totale, expliquée et non expliquée), il est alors possible de calculer les trois mesures de la qualité d'ajustement du modèle.

$$R^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} = \frac{SCE}{SCT} \text{ avec } R^2 \in [0, 1] \quad (5.9)$$

$$F = \frac{\frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2}{k}}{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}{n-k-1}} = \frac{\frac{SCE}{k}}{\frac{SCR}{n-k-1}} = \frac{\frac{R^2}{k}}{\frac{1-R^2}{n-k-1}} = \frac{(n-k-1)R^2}{k(1-R^2)} \quad (5.10)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})^2}{n}} = \sqrt{\frac{SCR}{n}} \quad (5.11)$$

Globalement, plus un modèle de régression est efficace, plus les valeurs du R^2 et de la statistique F sont élevées et inversement, plus celle de RMSE sera faible. En effet, remarquez qu'à l'équation (5.10), la statistique F peut être obtenue à partir du R^2 ; par conséquent, plus la valeur du R^2 est forte (proche de 1), plus celle de F est aussi élevée. Notez aussi que plus un modèle est performant, plus la partie expliquée par le modèle (SCE) est importante et plus celle non expliquée (SCR) est faible; ce qui signifie que plus le R^2 est proche de 1 (équation (5.9)), plus le RMSE – calculé à partir du SCR – est faible (équation (5.11)).

La syntaxe R ci-dessous illustre comment calculer les différentes variances (SCT, SCE et SCR) à partir des valeurs observées et prédictives par le modèle, puis les valeurs du R^2 , de F et du RMSE. Nous verrons par la suite qu'il est possible d'obtenir directement ces valeurs à partir de la fonction `summary(VotreModele)`.

```
# Construction du modèle de régression
Modele1 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# Nombre d'observations
n <- nrow(DataFinal)

# Nombre de variables indépendantes (coefficients moins la constante)
k <- length(Modele1$coefficients)-1

# Vecteur pour les valeurs observées
Yobs <- DataFinal$VegPct
```

```

# Vecteur pour les valeurs prédites
Ypredit <- Modele1$fitted.values

# Variance totale
SCT <- sum((Yobs-mean(Yobs))^2)

# Variance expliquée
SCE <- sum((Ypredit-mean(Yobs))^2)

# Variance résiduelle
SCR <- sum((Yobs-Ypredit)^2)

# Calcul du coefficient de détermination (R2)
R2 <- SCE / SCT

# Calcul de la valeur de F
valeurF <- (R2 / k) /((1-R2)/(n-k-1))

cat("R2 =", round(SCE / SCT,4),
    "\nF de Fisher =", round(valeurF,0),
    "\nRMSE =", round(sqrt(SCR/n),4)
)

```

R2 = 0.4182
F de Fisher = 1223
RMSE = 14.1575

5.3.2 Comparer des modèles incrémentiels

Tel que signalé plus haut, il est fréquent de construire plusieurs modèles de régression imbriqués. Cette démarche est très utile pour évaluer l'apport de l'introduction d'une nouveau bloc de variables dans un modèle. De manière exploratoire, cela permet également de vérifier si l'introduction d'une variable indépendante supplémentaire dans un modèle a ou non un apport significatif et ainsi décider de la conserver ou non dans le modèle final selon le principe de parcinomie.

Le principe de parcimonie

Le principe de parcimonie appliquée aux régressions correspond à l'idée qu'il est préférable de disposer d'un **modèle plus simple** pour expliquer un phénomène qu'un **modèle compliqué** si la qualité de leurs prédictions – qualité d'ajustement des deux modèles – est équivalente.

Une première justification de ce principe trouve son origine dans la philosophie des sciences avec le **rasoir d'Ockham**. Il s'agit d'un principe selon lequel il est préférable de privilégier des théories faisant appel à un plus petit nombre d'hypothèses. L'idée centrale étant d'éviter d'apporter des réponses à une question qui soulèverait davantage de nouvelles questions. Dans le cas d'une régression, on pourrait être tenté d'ajouter de nombreux prédicteurs pour améliorer la capacité de prédiction du modèle. Cette stratégie conduit généralement à observer des relations contraires à nos connaissances entre les variables du modèle, ce qui soulève de nouvelles questions de recherche (pas toujours judicieuses...). Dans notre quotidien, si une casserole tombe de son support, il est plus raisonnable d'imaginer que nous l'avions mal fixée que d'émettre l'hypothèse qu'un fantôme l'a volontairement fait tomber. Cette seconde hypothèse soulève

d'autres questions (pas toujours judicieuses...) sur la nature d'un fantôme, son identité, la raison le poussant à agir, etc.

Une seconde justification de ce principe s'observe dans la pratique statistique : des modèles plus complexes ont souvent une plus faible capacité de généralisation. En effet, un modèle complexe et trop bien ajusté aux données observées est souvent incapable d'effectuer des prédictions justes pour de nouvelles données. Ce phénomène est appelé surajustement ou surinterprétation (*overfitting* en anglais). Le surajustement implique par des modèles trop complexes entre en conflit direct avec l'enjeu principal de l'inférence en statistique : pouvoir généraliser des observations faites sur un échantillon au reste d'une population.

Notez que ce principe de parcimonie ne signifie pas que vous devez systématique retirer toutes les variables non significatives de votre analyse. En effet, il peut y avoir un intérêt théorique à démontrer l'absence de relation entre des variables. Il s'agit plutôt d'une ligne de conduite à garder à l'esprit lors de l'élaboration du cadre théorique et de l'interprétation des résultats.

Mathématiquement, plus on ajoute de variables supplémentaires dans un modèle, plus le R^2 augmente. On ne peut donc pas utiliser directement le R^2 pour comparer deux modèles de régression ne comprenant pas le même nombre de variables indépendantes. On priviliera alors l'utilisation du R^2 ajusté qui, tel qu'illustré dans l'équation (5.12), tient compte à la fois du nombre d'observations et de variables indépendantes utilisés pour construire le modèle.

$$R_{ajust}^2 = 1 - \frac{(1 - R^2)(n - 1)}{n - k - 1} \text{ avec } R^2 \text{ ajust } \in [0, 1] \quad (5.12)$$

Si le R^2 ajusté du second modèle est supérieur au premier modèle, cela signifie qu'il y a un gain de la variance expliquée entre le premier et le second modèle. Ce gain est-il pour autant significatif? Pour y répondre, il convient de comparer les valeurs des statistiques F des deux modèles. Pour ce faire, on calcule le F incrémentiel et la valeur de P qui lui est associée avec comme degrés de liberté le nombre de prédicteurs ajoutés ($k_2 - k_1$) et $n - k_2 - 1$. Si la valeur de $P < 0,05$, on pourra conclure que le gain de variance expliquée par le second modèle est significatif comparativement au premier modèle (au seuil de 5%).

$$F_{incr} = \frac{\frac{R_2^2 - R_1^2}{k_2 - k_1}}{\frac{1 - R_2^2}{n - k_2 - 1}} \quad (5.13)$$

avec R_1^2 et R_2^2 étant les coefficients de détermination des modèles 1 et 2 et k_1 et k_2 étant les nombres de variables indépendantes qu'ils comprennent ($k_2 > k_1$).

Illustrons le tout avec deux modèles. Dans la syntaxe R ci-dessous, nous avons construit un premier modèle avec uniquement les variables de contrôle (`modele1`), comprenant uniquement deux variables indépendantes (`HABHA` et `AgeMedian`). Puis, dans un second modèle (`modele2`), nous ajoutons comme variables indépendantes les pourcentages des quatre groupes de population (`Pct_014`, `Pct_65P`, `Pct_MV`, `Pct_FR`). Repérez comment sont calculés les R^2 ajustés pour les modèles et le F incrémentiel.

Le R^2 ajusté passe de 0,269 à 0,418 des modèles 1 à 2 signalant que l'ajout des quatre variables indépendantes augmente considérablement la variance expliquée. Autrement dit, le second modèle est bien plus performant. Le F incrémentiel s'élève à 653,8 et est significatif ($P < 0,001$). Notez que la syntaxe ci-dessous illustre comment calculer les valeurs du R^2 ajusté et du F incrémentiel à partir des équations (5.12) et (5.13). Sachez toutefois qu'il est possible d'obtenir directement le R^2 ajusté avec la fonction `summary(VotreModele)` et le F incrémentiel avec la fonction `anova(modele1, modele2)`.

```

modele1 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian, data = DataFinal)
modele2 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# nombre d'observations pour les deux modèles
n1 <- length(modele1$fitted.values)
n2 <- length(modele2$fitted.values)

# nombre de variables indépendantes
k1 <- length(modele1$coefficients)-1
k2 <- length(modele2$coefficients)-1

# coefficient de détermination
R2m1 <- summary(modele1)$r.squared
R2m2 <- summary(modele2)$r.squared

# coefficient de détermination ajusté
R2ajustm1 <- 1-((n1-1)*(1-R2m1)) / (n1-k1-1)
R2ajustm2 <- 1-((n2-1)*(1-R2m2)) / (n2-k2-1)

# Statistique F
Fm1 <- summary(modele1)$fstatistic[1]
Fm2 <- summary(modele2)$fstatistic[1]

# F incrémentiel
Fincrementiel <- ((R2m2-R2m1) / (k2 - k1)) / ( (1-R2m2)/(n2-k2-1))
pFinc <- pf(Fincrementiel, k2-k1, n2-k2-1, lower.tail = FALSE)

cat("\nR2 (modèle 1) =", round(R2m1,4),
"; R2 ajusté = ", round(R2ajustm1,4),
"; F =", round(Fm1, 1),
"\nR2 (modèle 2) =", round(R2m2,4),
"; R2 ajusté = ", round(R2ajustm2,4),
"; F =", round(Fm2, 1),
"\nF incrémentiel =", round(Fincrementiel,1),
"; P = ", round(pFinc,3)
)

```

```

## 
## R2 (modèle 1) = 0.2691 ; R2 ajusté = 0.269 ; F = 1879.2
## R2 (modèle 2) = 0.4182 ; R2 ajusté = 0.4179 ; F = 1222.5
## F incrémentiel = 653.8 ; P = 0

```

```

# F incrémentiel avec la fonction anova
anova(modele1, modele2)

```

```

## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: VegPct ~ HABHA + AgeMedian
## Model 2: VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR
##   Res.Df     RSS Df Sum of Sq      F    Pr(>F)

```

```

## 1 10207 2570964
## 2 10203 2046427 4      524537 653.8 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

5.4 Les différentes mesures pour les coefficients de régression

La fonction `summary(nom du modèle)` permet d'obtenir les sorties du modèle de régression. D'emblée, signalons que le modèle est globalement significatif ($F(6,10203)=1123$, $p=0,000$) avec un R^2 de 0,4182 indiquant que les prédicteurs du modèle expliquent 41,82% de la variance du pourcentage de végétation dans les îlots de l'île de Montréal.

```

modelereg <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)
summary(modelereg)

```

```

##
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P +
##     Pct_MV + Pct_FR, data = DataFinal)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -48.876  -9.757  -0.232   9.499 103.830
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 26.355774  0.882235  29.874 <2e-16 ***
## HABHA       -0.070401  0.002202 -31.975 <2e-16 ***
## AgeMedian    0.010790  0.006369   1.694  0.0902 .
## Pct_014      1.084478  0.032179  33.702 <2e-16 ***
## Pct_65P      0.400531  0.018835  21.265 <2e-16 ***
## Pct_MV      -0.031112  0.010406 -2.990  0.0028 **
## Pct_FR      -0.348256  0.011640 -29.918 <2e-16 ***
##
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 14.16 on 10203 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4182, Adjusted R-squared:  0.4179
## F-statistic: 1223 on 6 and 10203 DF, p-value: < 2.2e-16

```

5.4.1 Les coefficients de régression : évaluer l'effet des variables indépendantes

Les différentes sorties pour les coefficients sont reportées au tableau 5.2.

La constante (β_0) est la valeur attendue de la variable dépendante (Y) quand les valeurs de toutes les variables indépendantes sont égales à 0. Pour ce modèle, quand les variables indépendantes sont

égales à 0, plus du quart de la superficie des îlots serait en moyenne couverte par de la végétation ($\beta_0=26,36$). Notez que la constante n'a pas toujours une interprétation pratique. Il est par exemple très invraisemblable de trouver un îlot avec de la population dans lequel il n'y aurait aucune personne à faible revenu, aucune personne déclarant appartenir d'une minorité visible, aucun enfant de moins de 14 ans et aucune personne âgée 65 ans et plus. La constante a donc avant tout un rôle mathématique dans le modèle.

Le coefficient de régression (β_1 à β_k) indique le changement de la variable dépendante (Y) lorsque la variable indépendante augmente d'une unité, toutes choses étant égales par ailleurs. Il permet ainsi d'évaluer l'effet d'une augmentation d'une unité dans laquelle est mesurée la VI sur la VD.

Que signifie l'expression *toutes choses étant égales par ailleurs* pour un coefficient de régression ?

Après l'apprentissage du grec grâce aux nombreuses équations intégrées au livre, passons au latin ! L'expression *toutes choses étant égales par ailleurs* vient du latin *ceteris paribus* à ne pas confondre *c'est terrible Paris en bus* (petite blague formulée par un étudiant ayant suivi notre cours *méthodes quantitatives appliquées en études urbaines* il y a quelques années) ! Certains auteurs emploient encore *ceteris paribus*; il est donc possible que vous la retrouviez dans un article scientifique...

Plus sérieusement, l'expression *toutes choses étant égales par ailleurs* signifie que l'on estime l'effet de la variable indépendante sur la variable dépendante, si toutes les autres variables indépendantes restaient constantes ou autrement dit, une fois contrôlés tous les autres prédicteurs.

À partir des coefficients du tableau ci-dessus, l'équation du modèle de régression s'écrit alors comme suit :

```
VegPct = 26,356 * HABHA - 0,070 * AgeMedian + 0,011 * AgeMedian + 1,084 * Pct_014 + 0,401 * Pct_65P - 0,031 * Pct_MV - 0,348 * Pct_FR + e
```

Comment interpréter un coefficient de régression pour une variable indépendante ?

Le signe du coefficient de régression indique si la variable indépendante est associée positivement ou négativement avec la variable dépendante. Par exemple, plus la densité de population est importante à travers les îlots de l'île de Montréal, plus la couverture végétale diminue.

Quand à la valeur absolue du coefficient, elle indique la taille de l'effet du prédicteur. Par exemple, 1,084 signifie que si toutes les autres variables indépendantes restaient constantes, alors le pourcentage de végétation dans l'îlot augmenterait de 1,084 points de pourcentage pour chaque différence d'un point de pourcentage d'enfants de moins de 15 ans. Toutes choses étant égales par ailleurs, une augmentation de 10% d'enfants dans un îlot entraînerait alors une hausse de 10,8% de la couverture végétale dans l'îlot.

L'analyse des coefficients montre ainsi qu'une fois contrôlées les deux caractéristiques relatives à la forme urbaine (densité de population et âge médian des bâtiments), plus les pourcentages d'enfants et de

TAB. 5.2 : Les différentes mesures pour les coefficients

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	coef. 2,5%	coef. 97,5%	
Intercept	26.356	0.882	29.87	<0.001	24.626	28.085	***
HABHA	-0.070	0.002	-31.97	<0.001	-0.075	-0.066	***
AgeMedian	0.011	0.006	1.69	0.090	-0.002	0.023	.
Pct_014	1.084	0.032	33.70	<0.001	1.021	1.148	***
Pct_65P	0.401	0.019	21.26	<0.001	0.364	0.437	***
Pct_MV	-0.031	0.010	-2.99	0.003	-0.052	-0.011	**
Pct_FR	-0.348	0.012	-29.92	<0.001	-0.371	-0.325	***

personnes âgées sont fortes, plus la couverture végétale de l'îlot est importante ($B=1,084$ et $0,401$), toutes choses étant égales par ailleurs. À l'inverse, de plus grands pourcentages de personnes à faible revenu et de minorités sont associés à une plus faible couverture végétale ($B=-0,348$ et $-0,031$).

L'erreur type du coefficient de régression

L'erreur type d'un coefficient permet d'évaluer son niveau de précision, soit le degré d'incertitude vis à vis du coefficient. Succinctement, elle correspond à l'écart-type de l'estimation (coefficient) ; elle est ainsi toujours positive. Plus la valeur de l'erreur type est faible, plus l'estimation du coefficient est précise. Notez toutefois qu'il n'est pas judicieux de comparer les erreurs type des coefficients pour des variables exprimées dans des unités de mesure différentes.

Comme nous le verrons plus loin, l'utilité principale de l'erreur type est qu'elle permet de calculer la valeur de T et l'intervalle de confiance du coefficient de régression.

5.4.2 Coefficients de régression standardisés : repérer les variables les plus importantes du modèle

Un coefficient de régression est exprimé dans les unités de mesure des variables indépendante (VI) et dépendante (VD) : une augmentation d'une unité de la VI a un effet de β (valeur de coefficient) unité de mesure sur la VD, toutes choses étant égales par ailleurs. Prenons l'exemple d'un modèle fictif dans lequel une variable indépendante mesurée en mètres obtiendrait un coefficient de régression de $0,000502$. Si cette variable était exprimée en kilomètres et non en mètres, son coefficient serait alors de $0,502$ ($0,000502 \times 1000 = 0,502$). Cela explique que pour certaines variables, il est souvent préférable de modifier son unité de mesure, particulièrement pour les variables de distance ou de revenu. Par exemple, dans un modèle de régression, on introduit habituellement une variable de revenu par tranche de 1000 dollars ou le loyer mensuel par tranche de 100 dollars puisque les coefficients du revenu ou de loyer exprimé en dollars risquent d'être faibles. Concrètement, cela signifie que l'on divisera la variable *revenu* par 1000 et celle du *loyer* par 100 avant de l'introduire dans le modèle.

Du fait de leur unités de mesures souvent différentes, vous aurez compris qu'on ne peut pas comparer directement les coefficients de régression afin de repérer la ou les variables indépendantes (X) qui ont les effets (impacts) les plus importants sur la variable dépendante (Y). Pour remédier à ce problème, on utilise les **coefficients de régression standardisés**. Ces coefficients standardisés sont simplement les valeurs de coefficients de régression qui seraient obtenus si toutes les variables du modèle (VD et VI) étaient préalablement centrées et réduites (soit avec une moyenne égale à 0 et un écart-type égal à 1 ; voir la section 2.5.5.2 pour un rappel). Puisque toutes les variables du modèle sont exprimées en écart-types, les coefficients standardisés permettent ainsi d'évaluer l'**effet relatif** des VI sur la VD. Cela permet ainsi de repérer la ou les variables les plus « importantes » du modèle.

L'interprétation d'un coefficient de régression standardisé est donc la suivante : il indique le changement en termes d'écart-type de la variable dépendante (Y) à chaque ajout d'un écart-type de la variable indépendante, toutes choses étant égales par ailleurs.

Le coefficient de régression standardisé peut être aussi facilement calculé en utilisant les écarts-types des deux variables VI et VD :

$$\beta_z = \beta \frac{s_x}{s_y} \quad (5.14)$$

La syntaxe R ci-dessous illustre trois façons d'obtenir les coefficients standardisés :

- en centrant et réduisant préalablement les variables avec la fonction `scale` avant de construire le modèle avec la fonction `lm`

- en calculant les écarts-types de VD et VI et en appliquant l'équation ci-dessous
- avec la fonction `lm.beta` du package **QuantPsyc**. Cette dernière méthode est moins « verbeuse » (deux lignes de codes uniquement), mais nécessite de charger un package supplémentaire.

```
# Modèle de régression
Modele1 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)
```

```
# Méthode 1 : lm sur des variables centrées-réduites
Modelez <- lm(scale(VegPct) ~ scale(HABHA)+scale(AgeMedian)+
               scale(Pct_014)+scale(Pct_65P)+
               scale(Pct_MV)+scale(Pct_FR), data = DataFinal)
coefs <- Modelez$coefficients
coefs[1:length(coefs)]
```

```
##      (Intercept)    scale(HABHA)  scale(AgeMedian)  scale(Pct_014)
## 3.721649e-16 -2.806891e-01   1.467299e-02   3.093456e-01
## scale(Pct_65P)  scale(Pct_MV)  scale(Pct_FR)
## 1.788453e-01 -2.755087e-02 -3.004544e-01
```

```
# Méthode 2 : à partir de l'équation
# Écart-type de la variable dépendante
VDet <- sd(DataFinal$VegPct)
cat("Écart-type de Y =", round(VDet, 3))
```

```
## Écart-type de Y = 18.562
```

```
# Écarts-types des variables indépendantes
VI <- c("HABHA", "AgeMedian", "Pct_014", "Pct_65P", "Pct_MV", "Pct_FR")
VIet <- sapply(DataFinal[VI], sd)
# Coefficients de régression du modèle sans la constante
coefs <- Modele1$coefficients[1:length(VIet)+1]
# Coefficients de régression du modèle
coefstand <- coefs * (VIet / VDet)
coefstand
```

```
##          HABHA    AgeMedian     Pct_014     Pct_65P     Pct_MV     Pct_FR
## -0.28068906  0.01467299  0.30934560  0.17884535 -0.02755087 -0.30045437
```

```
# Méthode 3 : avec la fonction lm.beta du package QuantPsyc
library(QuantPsyc)
lm.beta(lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal))
```

Tab. 5.3 : Calcul des coefficients standardisés

Variable dépendante	Écart-type	Coef.	Coef. standardisé
HABHA	74.008	-0.07	-0.281
AgeMedian	25.241	0.011	0.015
Pct_014	5.295	1.084	0.309
Pct_65P	8.289	0.401	0.179
Pct_MV	16.438	-0.031	-0.028
Pct_FR	16.015	-0.348	-0.3

```
##          HABHA    AgeMedian     Pct_014      Pct_65P      Pct_MV      Pct_FR
## -0.28068906  0.01467299  0.30934560  0.17884535 -0.02755087 -0.30045437
```

Par exemple, pour la variable `Pct_014`, le coefficient de régression standardisé est égal à :

$$\beta_z = 1,084 \times \frac{5,295}{18,562} = 0,309 \quad (5.15)$$

avec 1,084 étant le coefficient de régression de `Pct_014`, 5,295 et 18,562 étant respectivement les écart-types de `Pct_014` (variable indépendante) et de `VegPct` (variable dépendante).

Au tableau 5.3, on constate que la valeur absolue du coefficient de régression pour `HABHA` est inférieure à celle de `Pct_65P` (-0,070 *versus* 0,401), ce qui n'est pas le cas pour leurs coefficients standardisés (-0,281 *versus* 0,179). Rappelez-vous aussi qu'on ne peut pas directement comparer les effets de ces deux variables à partir des coefficients de régression puisqu'elles sont exprimées dans des unités de mesure différentes : `HABHA` est exprimée en habitants par hectare et `Pct_65P` en pourcentage. À la lecture des coefficients standardisés, on peut en conclure que la variable `HABHA` a un effet relatif plus important que `Pct_65P` (-0,281 *versus* 0,179).

5.4.3 Significativité des coefficients de régression : valeurs de T et de P

Une fois les coefficients de régression obtenus, il convient de vérifier s'ils sont ou non significativement différents de 0. Si le coefficient de régression d'une variable indépendante est significativement différent de 0, on en conclut que la variable a un effet significatif sur la variable dépendante, toutes choses étant égales par ailleurs. Pour ce faire, il suffit de calculer la valeur de T qui est simplement le coefficient de régression divisé par son erreur type.

$$T = \frac{\beta_k - 0}{s(\beta_k)} \quad (5.16)$$

avec $s(\beta_k)$ étant l'erreur type du coefficient de régression. Notez que dans l'équation ci-dessous, on indique habituellement -0 pour signaler que l'on veut tester si le coefficient est différent de 0.

En guise d'exemple, au tableau 5.2, la valeur de T de la variable `HABHA` est bien égale à :

```
-0.070401 / 0.002202 = -31.975.
```

Démarche pour vérifier si un coefficient est significativement différent de 0 avec un seuil de confiance

1. Poser l'hypothèse nulle stipulant que le coefficient est égal à 0, soit $H_0 : \beta_k = 0$. L'hypothèse alternative est que le coefficient est différent de 0, soit $H_1 : \beta_k \neq 0$.

2. Calculer la valeur de T, soit le coefficient de régression divisé par son erreur type (équation (5.16)).
3. Calculer le nombre de degrés de liberté, soit $dl = n - k - 1$, n et k étant respectivement les nombres d'observations et de variables indépendantes.
4. Choisir un seuil de signification alpha (5%, 1% ou 0,1% de chances de se trouver, soit $p = 0,05, 0,01$ ou $0,001$).
5. Trouver la valeur critique de T dans la table T de Student (12.3) avec p et le nombre de degrés de liberté (dl).
6. Valider ou réfuter l'hypothèse nulle (H_0) :
 - si la valeur de T est inférieure à la valeur critique de T avec dl et le seuil choisi, on valide H_0 : le coefficient n'est pas significativement différent de 0.
 - si la valeur de T est supérieure à la valeur critique de T avec dl et le seuil choisi, on peut réfuter l'hypothèse nulle, et choisir l'hypothèse alternative (H_1) stipulant que le coefficient est significativement différent de 0.

Valeurs critiques de la valeur de T à retenir!

Lorsque le nombre de degrés de liberté ($n - k - 1$) est très important (supérieur à 2500), et donc le nombre d'observations de votre jeu de données, on retient habituellement les valeurs critiques suivantes : **1,65 (p=0,10)**, **1,96 (p=0,05)**, **2,58 (p=0,01)** et **3,29 (p=0,001)**. Concrètement, cela signifie que :

- une valeur de T supérieure à 1,96 ou inférieure à -1,96 nous informe que la relation entre la variable indépendante et la variable dépendante est significative positivement ou négativement au seuil de 5%. Autrement dit, vous avez moins de 5% de chances de vous tromper en affirmant que le coefficient de régression est bien significativement différent de 0.
- une valeur de T supérieure à 2,58 ou inférieure à -2,58 nous informe que la relation entre la variable indépendante et la variable dépendante est significative positivement ou négativement au seuil de 1%. Autrement dit, vous avez moins de 1% de chances de vous tromper en affirmant que le coefficient de régression est bien significativement différent de 0.
- une valeur de T supérieure à 3,29 ou inférieure à -3,29 nous informe que la relation entre la variable indépendante et la variable dépendante est significative positivement ou négativement au seuil de 0,1%. Autrement dit, vous avez moins de 0,1% de chances de vous tromper en affirmant que le coefficient de régression est bien significativement différent de 0.

Concrètement, retenez et utilisez les seuils de $\pm 1,96$, $\pm 2,58$ et $\pm 3,29$ pour repérer les variables significatives positivement ou négativement aux seuils respectifs de 0,5, 0,1 et 0,001.

Que signifient les seuils 0,5, 0,1 et 0,001

L'interprétation exacte des seuils de significativité des coefficients d'une régression est quelque peu alambiquée, mais mérite que l'on s'y attarde. En effet, indiquer qu'un coefficient est significatif est souvent perçu comme un argument fort pour une théorie, il est donc nécessaire d'avoir du recul et de bien comprendre ce que l'on entend par **significatif**.

Si un coefficient est significatif au seuil de 5% dans notre modèle, cela signifie que si, pour l'ensemble d'une population, la valeur du coefficient est de 0 en réalité, alors nous avions moins de 5% de chances de collecter un échantillon (pour cette population) ayant produit un coefficient aussi fort que celui que nous observons dans notre propre échantillon.

Par conséquent, il serait très invraisemblable que le coefficient soit 0 puisque nous avons effectivement collecté un tel échantillon. Il s'agit d'une forme d'argumentation par l'absurde propre à la statistique fréquentiste.

Notez que si 100 études étaient conduites sur le même sujet et dans les mêmes conditions, on s'attendrait à ce que 5 d'entre elles trouvent un coefficient significatif, du fait de la variation des échantillons. Ce constat souligne le fait que la recherche est un effort collectif et qu'une seule étude n'est pas suffisante pour trancher sur un sujet. Les revues systématiques de la littérature sont donc des travaux particulièrement importants pour la construction du consensus scientifique.

Prenons deux variables indépendantes au tableau 5.2 – HABHA et AgeMedian – et vérifions si leurs coefficients de régression respectifs (-0,070 et 0,011) sont significatifs. Appliquons la démarche décrite dans l'encadré ci-dessus :

1. On pose l'hypothèse nulle stipulant que les valeurs de ces deux coefficients sont égales à 0, soit $H_0 : \beta_k = 0$.
 2. Leurs valeurs de T sont égales à $-0,070401 / 0,002202 = -31,97139$ pour HABHA et à $0,010790 / 0,006369 = 1,694144$ pour AgeMedian.
 3. Le nombre de degrés de liberté est égal à $dl = n-k-1 = 10210 - 6 - 1 = 10203$.
 4. On choisit respectivement les seuils α de 0,10, 0,05, 0,01 ou 0,001.
 5. Avec 10210 degrés de liberté, les valeurs critiques de la table T de Student (12.3) sont de 1,65 (p=0,10), 1,96 (p=0,05), 2,58 (p=0,01), 3,29 (p=0,001).
 6. Valider ou réfuter l'hypothèse nulle (H_0) :
- pour HABHA, la valeur absolue de T (-31,975) est supérieure à la valeur critique de 3,29. Son coefficient de régression est donc significativement différent de 0. Autrement dit, ce prédicteur a un effet significatif et négatif sur la variable dépendante.
 - pour AgeMedian, la valeur absolue de T (1,694) est supérieure à 1,65 (p=0,10), mais inférieure à 1,96 (p=0,05), 2,58 (p=0,01), 3,29 (p=0,001). Par conséquent, ce coefficient est différent de 0 uniquement au seuil de p=0,10, et non au seuil de p=0,05. Cela signifie qu'on a un peu moins de 10% de chances de se tromper en affirmant que cette variable a un effet significatif sur la variable dépendante.



Calculer et obtenir des valeurs de P dans R

Il est très rare que l'on utilise directement la table T de Student pour obtenir un seuil de significativité.

D'une part, il est possible de calculer directement la valeur de P à partir de la valeur de T et du nombre de degrés de liberté avec la fonction `pt` avec les paramètres suivants :

```
pt(q= abs(valeur de T), df= nombre de degrés de libertés, lower.tail = F) *2
```

```
# Degrés de liberté
dl <- nrow(DataFinal) - (length(Modele1$coefficients) - 1) + 1

# Valeurs de T
ValeurT <- summary(Modele1)$coefficients[,3]

# Calcul des valeurs de P
ValeurP <- pt(q= abs(ValeurT), df= dl, lower.tail = F) *2

df_tp <- data.frame(
  ValeurT = round(ValeurT,3),
  ValeurP = round(ValeurP,3)
)
print(df_tp)

##           ValeurT ValeurP
## (Intercept) 29.874   0.000
## HABHA      -31.975   0.000
## AgeMedian     1.694   0.090
```

```

## Pct_014      33.702  0.000
## Pct_65P     21.265  0.000
## Pct_MV      -2.990  0.003
## Pct_FR     -29.918  0.000

```

D'autre part, la fonction `summary` renvoie d'emblée les valeurs de T et de P. Par convention, R, comme la plupart des logiciels d'analyses statistiques, utilise aussi des symboles pour indiquer le seuil de signification du coefficient (voir tableau 5.3) :

```

'***' p<=0,001
'**' p<=0,01
'*' p<=0,05
.' p<=0,10

```

5.4.4 Intervalle de confiance des coefficients

Finalement, il est possible de calculer l'intervalle de confiance d'un coefficient à partir d'un niveau de signification (habituellement 0,95 ou encore 0,99). Pour ce faire, la fonction `confint(nom du modèle, level=.95)` est très utile. L'intérêt de ces intervalles de confiance pour les coefficients de régression est double :

- il permet de vérifier si le coefficient est ou non significatif au seuil retenu. Pour cela la borne inférieure et la borne supérieure du coefficient doivent être toutes deux négatives ou positives. À l'inverse, un intervalle à cheval sur 0, soit avec une borne inférieure négative et une borne supérieure positive, n'est pas significatif.
- il permet d'estimer la précision de l'estimation; plus l'intervalle du coefficient est réduit, plus l'estimation de l'effet de la variable indépendante est précise. Inversement, un intervalle large signale que le coefficient est incertain.

Cela explique que de nombreux auteurs reportent les intervalles de confiance dans les articles scientifiques (habituellement à 95%). Dans le modèle ici présenté, il serait alors possible d'écrire : toutes choses étant égales par ailleurs, le pourcentage d'enfants de moins de 15 ans est positivement et significativement associé avec le pourcentage de la couverture végétale dans l'îlot ($B=1,084$; IC 95% = [1,021 - 1,148], $p < 0.001$).

En guise d'exemple, à la lecture de la sortie R ci-dessous, l'estimation de l'effet de la variable indépendante `AgeMedian` sur la variable `VegPct` se situe dans l'intervalle -0,002 à 0,023 qui est à cheval sur 0. Contrairement aux autres variables, on ne peut donc pas en conclure que cet effet est significatif avec $p=0,05$.

```

# Intervalle de confiance à 95% des coefficients
round(confint(Modele1, level=.95),3)

```

```

##                 2.5 % 97.5 %
## (Intercept) 24.626 28.085
## HABHA       -0.075 -0.066
## AgeMedian   -0.002  0.023

```

```
## Pct_014      1.021  1.148
## Pct_65P     0.364  0.437
## Pct_MV     -0.052 -0.011
## Pct_FR     -0.371 -0.325
```



Comment est calculé un intervalle de confiance ?

L'intervalle du coefficient est obtenu à partir de :

1. la valeur du coefficient (β_k),
2. la valeur de son erreur type $s(\beta_k)$ et
3. la valeur critique de T ($t_{\alpha/2}$) obtenue avec $n - k - 1$ degrés de liberté et le niveau de significativité retenu (95%, 99% ou 99,9%).

$$IC_{\beta_k} = [\beta_k - t_{\alpha/2} \times s(\beta_k); \beta_k + t_{\alpha/2} \times s(\beta_k)] \quad (5.17)$$

Autrement dit, lorsque vous disposez d'un nombre très important d'observations, les intervalles de confiance s'écrivent simplement avec les fameuses valeurs de critiques T de 1,96, 2,58, 3,29 :

$$\text{Intervalle à 95\% } IC_{\beta_k} = [\beta_k - 1,96 \times s(\beta_k); \beta_k + 1,96 \times s(\beta_k)] \quad (5.18)$$

$$\text{Intervalle à 99\% } IC_{\beta_k} = [\beta_k - 2,58 \times s(\beta_k); \beta_k + 2,58 \times s(\beta_k)] \quad (5.19)$$

$$\text{Intervalle à 99,9\% } IC_{\beta_k} = [\beta_k - 3,29 \times s(\beta_k); \beta_k + 3,29 \times s(\beta_k)] \quad (5.20)$$

La syntaxe R ci-dessous illustre comment calculer les intervalles de confiance à 95% à partir de l'équation (5.17). Rappelez-vous toutefois qu'il est bien simple d'utiliser la fonction `confint` :

```
- round(confint(Model1, level=.95),3)
- round(confint(Model1, level=.99),3)
- round(confint(Model1, level=.999),3)
```

```
# Coefficients de régression
coefs <- Modele1$coefficients

# Erreur type des coef.
coefs_se <- summary(Modele1)$coefficients[,2]

# Nombre de degrés de libertés
n <- length(Modele1$fitted.values)
k <- length(Modele1$coefficients)-1
dl <- n-k-1

# valeurs critiques de T
t95 <- qt(p=1 - (0.05/2), df=dl)
t99 <- qt(p=1 - (0.01/2), df=dl)
t99.9 <- qt(p=1 - (0.001/2), df=dl)
cat("Valeurs critiques de T en fonction du niveau de confiance",
    "\n et du nombre de degrés de liberté",
    "\n95% : ", t95,
    "\n99% : ", t99,
    "\n99.9% : ", t99.9
)

## Valeurs critiques de T en fonction du niveau de confiance
## et du nombre de degrés de liberté
## 95% :  1.960197
## 99% :  2.576311
## 99.9% :  3.291481

# Intervalle de confiance à 95

data.frame(
  IC2.5 = round(coefs-t95*coefs_se,3),
  IC97.5 = round(coefs+t95*coefs_se,3)
)

##           IC2.5 IC97.5
## (Intercept) 24.626 28.085
## HABHA      -0.075 -0.066
## AgeMedian   -0.002  0.023
## Pct_014     1.021  1.148
## Pct_65P     0.364  0.437
## Pct_MV     -0.052 -0.011
## Pct_FR     -0.371 -0.325
```

```

# Intervalle de confiance à 99

data.frame(
  IC0.5 = round(coefs-t99*coefs_se,3),
  IC99.5 = round(coefs+t99*coefs_se,3)
)

##          IC0.5 IC99.5
## (Intercept) 24.083 28.629
## HABHA      -0.076 -0.065
## AgeMedian   -0.006  0.027
## Pct_014     1.002  1.167
## Pct_65P     0.352  0.449
## Pct_MV      -0.058 -0.004
## Pct_FR      -0.378 -0.318


# Intervalle de confiance à 99.9
data.frame(
  IC0.05 = round(coefs-t99.9*coefs_se,3),
  IC99.95 = round(coefs+t99.9*coefs_se,3)
)

##          IC0.05 IC99.95
## (Intercept) 23.452 29.260
## HABHA      -0.078 -0.063
## AgeMedian   -0.010  0.032
## Pct_014     0.979  1.190
## Pct_65P     0.339  0.463
## Pct_MV      -0.065  0.003
## Pct_FR      -0.387 -0.310

```

5.5 Introduction de variables explicatives particulières

5.5.1 Explorer des relations non linéaires

5.5.1.1 Variable indépendante avec une fonction polynomiale

Dans la section 4.1.1, nous avons vu que la relation entre deux variables continues n'est pas toujours linéaire; elle peut être aussi curvilinéaire. Pour explorer les relations curvilinéaires, on introduit la variable indépendante sous la forme polynomiale d'ordre 2. L'équation de régression s'écrit alors :

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + b_{11} X_1^2 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.21)$$

Dans l'équation ci-dessus, la première variable indépendante est introduite dans le modèle de régression

à la fois dans sa forme originelle et mise au carré : $b_1 X_1 + b_{11} X_1^2$. Un coefficient différent est ajusté pour chacune de ces deux versions de la variable X_1

La démographie est certainement la discipline des sciences sociales qui a le plus recours aux régressions polynomiales. En effet, la variable âge est souvent introduite comme variable explicative dans sa forme originale et mise au carré. L'objectif est de vérifier si l'âge partage ou non une relation curvilinéaire avec un phénomène donné : par exemple, il pourrait y être associé positivement jusqu'à un certain seuil (45 ans par exemple), puis négativement à partir de ce seuil.



Régression polynomiale et nombre d'ordres.

Sachez qu'il est aussi possible de construire des régressions polynomiales avec plus de deux ordres. Par exemple, une régression polynomiale d'ordre 3 comprend une variable dans sa forme originelle, puis mise au carré et au cube. Cela a l'inconvénient d'augmenter corrélativement le nombre de coefficients. Nous verrons au chapitre 6 qu'il existe une solution plus élégante et efficace : le recours aux modèles de régressions linéaires généralisés additifs avec des *splines*. Dans le cadre de cette section, nous nous limiterons à des régressions polynomiales d'ordre 2.

$$\text{Ordre 2 : } Y = b_0 + b_1 X_1 + b_1 X_{11}^2 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.22)$$

$$\text{Ordre 3 : } Y = b_0 + b_1 X_1 + b_1 X_{11}^2 + b_1 X_{111}^3 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.23)$$

$$\text{Ordre 4 : } Y = b_0 + b_1 X_1 + b_1 X_{11}^2 + b_1 X_{111}^3 + b_1 X_{1111}^4 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.24)$$

Pour construire une régression polynomiale dans R, il est possible d'utiliser deux fonctions de R :

- `I(VI^2)` avec VI est la variable indépendante sur laquelle est appliquée la mise au carré.
- `poly(VI, 2)` qui utilise une forme polynomiale orthogonale pour éviter les problèmes de corrélation entre les deux termes, c'est-à-dire entre VI et VI².

Ces deux méthodes produiront les mêmes résultats pour les autres variables dépendantes et pour la qualité d'ajustement du modèle (R^2 , F, etc.). On privilégie la seconde fonction pour éviter de détecter à tort problèmes de multicolinéarité excessive.

Appliquons cette démarche à la variable `AgeMedian` (âge médian des bâtiments) afin de vérifier si elle partage ou non une relation curvilinéaire avec la couverture végétale de l'îlot. À la lecture des sorties pour les deux modèles, les constats suivants peuvent être avancés :

- Le R^2 ajusté passe de 0,4179 à 0,4378 du modèle 1 au modèle 2, ce qui signale un gain de variance expliquée.
- Le F incrémentiel entre les deux modèles s'élève à 362,64 et est significatif ($P < 0,001$). On peut donc en conclure que le second modèle est plus performant que le premier, ce qui signale que la forme curvilinéaire pour `AgeMedian` (modèle 2) est plus efficace que la forme linéaire (modèle 1).
- Dans le premier modèle, le coefficient de régression pour `AgeMedian` n'est pas significatif. L'âge médian des bâtiments n'est donc pas associé linéairement avec la variable dépendante.
- Dans le second modèle, la valeur du coefficient de `poly(AgeMedian, 2)1` est positive et celle de `poly(AgeMedian, 2)2` est négative et significative. Cela indique qu'il existe une relation linéaire en forme de U inversé. Si le premier coefficient avait été négatif et le second positif, on aurait alors conclu que la forme curvilinéaire prend la forme d'un U.

```
# Régression linéaire
modele1 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# Régression polynomiale
modele2 <- lm(VegPct ~ HABHA+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# affichage des résultats du modèle 1
summary(modele1)
```

```
## 
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P +
##     Pct_MV + Pct_FR, data = DataFinal)
## 
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max 
## -48.876  -9.757  -0.232   9.499 103.830 
## 
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
## (Intercept) 26.355774   0.882235  29.874 <2e-16 ***
## HABHA       -0.070401   0.002202 -31.975 <2e-16 ***
## AgeMedian    0.010790   0.006369   1.694  0.0902 .  
## Pct_014      1.084478   0.032179  33.702 <2e-16 ***
## Pct_65P      0.400531   0.018835  21.265 <2e-16 ***
## Pct_MV       -0.031112   0.010406 -2.990  0.0028 ** 
## Pct_FR       -0.348256   0.011640 -29.918 <2e-16 *** 
## --- 
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## 
## Residual standard error: 14.16 on 10203 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4182, Adjusted R-squared:  0.4179 
## F-statistic: 1223 on 6 and 10203 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
# affichage des résultats du modèle 1
summary(modele2)
```

```
## 
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ HABHA + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 +
##     Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR, data = DataFinal)
## 
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max 
## -49.659  -9.361  -0.159   9.034 105.160 
## 
## Coefficients:
```

```

##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)            2.968e+01  7.535e-01  39.383 < 2e-16 ***
## HABHA                 -7.107e-02  2.164e-03 -32.839 < 2e-16 ***
## poly(AgeMedian, 2)1   1.134e+01  1.598e+01   0.710  0.47788
## poly(AgeMedian, 2)2  -2.721e+02  1.429e+01 -19.043 < 2e-16 ***
## Pct_014                9.969e-01  3.196e-02  31.198 < 2e-16 ***
## Pct_65P                3.219e-01  1.896e-02  16.972 < 2e-16 ***
## Pct_MV                -2.888e-02  1.023e-02  -2.823  0.00476 **
## Pct_FR                -3.562e-01  1.145e-02 -31.116 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 13.92 on 10202 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4382, Adjusted R-squared:  0.4378
## F-statistic:  1137 on 7 and 10202 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

```

# test de Fisher pour comparer les modèles
anova(modele1, modele2)

```

```

## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR
## Model 2: VegPct ~ HABHA + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV +
##               Pct_FR
##   Res.Df     RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
## 1 10203 2046427
## 2 10202 1976182  1      70245 362.64 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Construction d'un graphique des effets marginaux

Pour visualiser la relation linéaire et curvilinéaire, nous vous proposons de réaliser un graphique des effets marginaux à partir de la syntaxe ci-dessous.

Les graphiques des effets marginaux permettent de visualiser l'impact d'une variable indépendante sur la variable dépendante d'une régression. On se base pour cela sur les prédictions effectuées par le modèle. Admettons que nous nous intéressons à l'effet de la variable X_1 sur la variable Y . Il est possible de créer de nouvelles données fictives pour lesquelles l'ensemble des autres variables X sont fixées à leurs moyennes respectives, et seule X_1 est autorisée à varier. En utilisant l'équation de régression du modèle sur ces données fictives, on peut observer l'évolution de la valeur prédite de Y quand X_1 augmente ou diminue, et ce, toute chose étant égale par ailleurs (puisque toutes les autres variables ont une valeur fixe). Cette approche est particulièrement intéressante pour décrire des effets non-linéaires obtenus avec des polynomiales, mais aussi des interactions comme nous le verrons plus tard. Elle est également utilisée dans les modèles linéaires généralisés (GLM) et additifs (GAM) (chapitres 6 et 8). Notez qu'il est aussi important de représenter sur ce type de graphique l'incertitude de la prédiction. Pour cela, il est possible de construire des intervalles de confiance à 95% autour de la prédiction en utilisant l'erreur standard de la prédiction (renvoyée par la fonction `predict`).

```

library(ggplot2)
# Statistique sur la variable AgeMedian qui varie de 0 à 226 ans
summary(DataFinal$AgeMedian)

##      Min. 1st Qu. Median   Mean 3rd Qu.   Max.
##      0.00   37.25  49.00  52.11  61.00 226.00

# Création d'un dataframe temporaire
# remarquez que les autres variables indépendantes sont constantes :
# nous leur avons attribué leur moyenne correspondante
df <- data.frame(
  HABHA = mean(DataFinal$HABHA),
  AgeMedian= seq(0,200, by = 2),
  AgeMedian2 = seq(0,200, by = 2)**2,
  Pct_014= mean(DataFinal$Pct_014),
  Pct_65P= mean(DataFinal$Pct_65P),
  Pct_MV= mean(DataFinal$Pct_MV),
  Pct_FR= mean(DataFinal$Pct_FR)
)

# calcul de la valeur de t pour un intervalle à 95%
n <- length(modele1$fitted.values)
k <- length(modele1$coefficients)-1
t95 <- qt(p=1 - (0.05/2), df=n-k-1)

# Calcul des valeurs prédictes pour le 1er modèle
# avec l'intervalle de confiance à 95%
predsM1 <- predict(modele1, se = T, newdata = df)
df$predM1 <- predsM1$fit
df$lowerM1 <- predsM1$fit - t95*predsM1$se.fit
df$upperM1 <- predsM1$fit + t95*predsM1$se.fit

# Calcul des valeurs prédictes pour le 2e modèle
# avec l'intervalle de confiance à 95%
predsM2 <- predict(modele2, se = T, newdata = df)
df$predM2 <- predsM2$fit
df$lowerM2 <- predsM2$fit - t95*predsM2$se.fit
df$upperM2 <- predsM2$fit + t95*predsM2$se.fit

# Graphique
ggplot(data = df) +
  geom_ribbon(aes(x = AgeMedian, ymin = lowerM1, ymax = upperM1),
              fill = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  geom_path(aes(x = AgeMedian, y = predM1), color = 'blue', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(x = AgeMedian, ymin = lowerM2, ymax = upperM2),
              fill = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  geom_path(aes(x = AgeMedian, y = predM2), color = 'red', size = 1) +
  labs(title="Effet marginal de l'âge médian des bâtiments sur la",
       subtitle = "couverture végétale des îlots de l'île de Montréal",
       caption = "bleu : relation linéaire; rouge : curvilinéaire",

```

```
x = "Âge médian des bâtiments",
y = "Couverture végétale (%)")
```

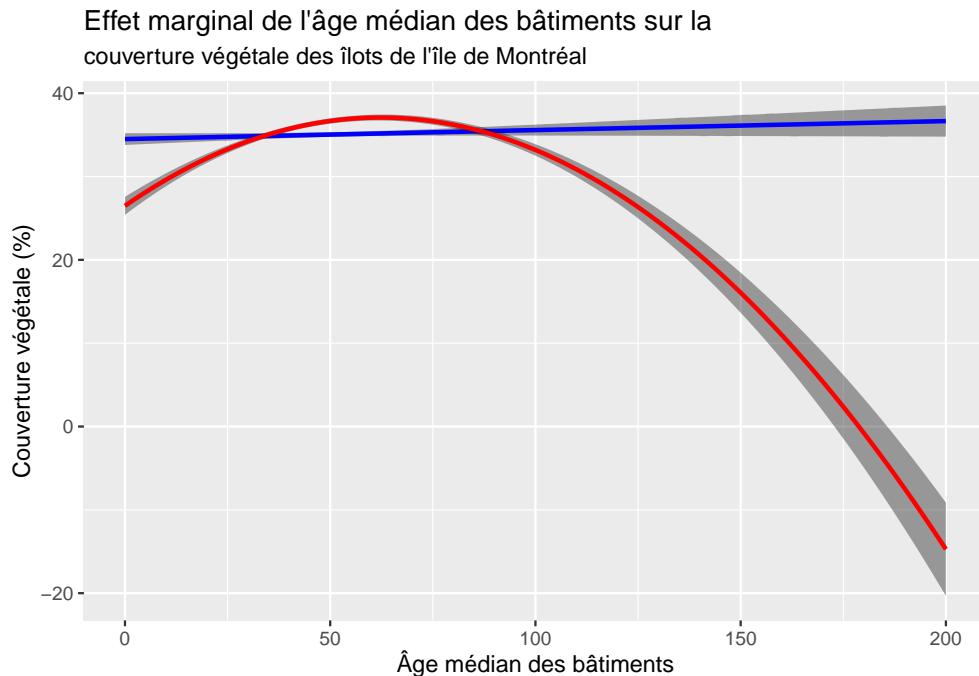


FIG. 5.2 : Relations linéaire et curvilinéaire

La figure 5.2 démontre bien que la relation linéaire n'est pas significative : la pente est extrêmement faible, ce qui signale que l'effet de l'âge médian est presque nul ($B=0,0108$, $P=0,0902$). En revanche, la relation curvilinéaire est plus intéressante : la couverture végétale croît quand l'âge médian des bâtiments dans l'îlot augmente de 0 à 60 ans environ, puis, elle décroît.

5.5.1.2 Variable indépendante sous forme logarithmique

Une autre manière d'explorer une relation non-linéaire est d'intégrer la variable sous forme logarithmique (Hanck et al., 2019, p. 212-218). L'interprétation du coefficient de régression est alors plus complexe : un 1% d'augmentation de la variable X_k entraîne un changement de $0,01 \times \beta_k$ de la variable indépendante. Autrement dit, il n'est plus exprimé dans les unités de mesure originales des deux variables.

Au tableau 5.4, le coefficient de $-6,855$ pour la variable `logHABHA` s'interprète alors comme suit : un changement de 1% de la variable densité de population entraîne une diminution de $0,01 \times -6,855 = -0,07$ de la couverture végétale dans l'île, toutes choses étant égales par ailleurs.

Puisque l'interprétation du coefficient de régression de $\log(\beta_k)$ est plus complexe, il convient de s'assurer que son apport au modèle soit justifiée, et ce, de deux façons :

- **Comparez les mesures d'ajustement des deux modèles (surtout les R^2 ajustés).** Si le R^2 ajusté du modèle avec $\log(\beta_k)$ est plus élevé que celui avec β_k alors la transformation logarithmique fait de votre variable indépendante un meilleur prédicteur, toutes choses étant égales par ailleurs.

TAB. 5.4 : Modèle avec une variable indépendante sous forme logarithmique

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	coef. 2,5%	coef. 97,5%
Intercept	52.831	1.001	52.78	<0.001	50.868	54.793 ***
logHABHA	-6.855	0.168	-40.73	<0.001	-7.185	-6.525 ***
AgeMedian ordre 1	11.985	15.586	0.77	0.442	-18.568	42.537
AgeMedian ordre 2	-286.144	13.942	-20.52	<0.001	-313.473	-258.816 ***
Pct_014	0.941	0.031	30.09	<0.001	0.879	1.002 ***
Pct_65P	0.306	0.019	16.55	<0.001	0.270	0.343 ***
Pct_MV	-0.036	0.010	-3.65	<0.001	-0.056	-0.017 ***
Pct_FR	-0.344	0.011	-31.21	<0.001	-0.366	-0.323 ***

- Construez les graphiques des effets marginaux de votre variable afin de vérifier si la relation qu'elle partage avec votre VD est plutôt logarithmique que linéaire (figure ??). Notez que cette approche graphique peut aussi ne donner aucune indication lorsque vos données sont très dispersées ou que la relation est faible entre votre variable dépendante et indépendante.

```

library(ggpubr)
library(ggplot2)
library(ggeffects)

# Modèles
modele1a <- lm(VegPct ~ HABHA+poly(AgeMedian,2) +
  Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

modele1b <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2) +
  Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# Valeurs prédites
fit1a <- ggpredict(modele1a, terms = "HABHA")
fit1b <- ggpredict(modele1b, terms = "HABHA")

# Graphiques
G1a <- ggplot(fit1a, aes(x, predicted)) +
  geom_point(data = DataFinal, mapping = aes(x=HABHA, y = VegPct),
  size = 0.2, color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3, fill ="red")+
  geom_line(color = "red") +
  labs(title="Variable non transformée",
  y="VD: valeur prédite",
  x = "Habitants km2") +
  ylim(0,100) +
  xlim(0,600)

G1b <- ggplot(fit1b, aes(x, predicted)) +
  geom_point(data = DataFinal, mapping = aes(x=HABHA, y = VegPct),
  size = 0.2, color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3, fill ="red")+
  geom_line(color = "red") +
  labs(title="Variable transformée (log)",
  y="VD: valeur prédite",
  x = "Habitants km2") +
  ylim(0,100) +
  xlim(0,600)

```

```
x = "Habitants km2")

ggarrange(G1a, G1b, nrow = 1)
```

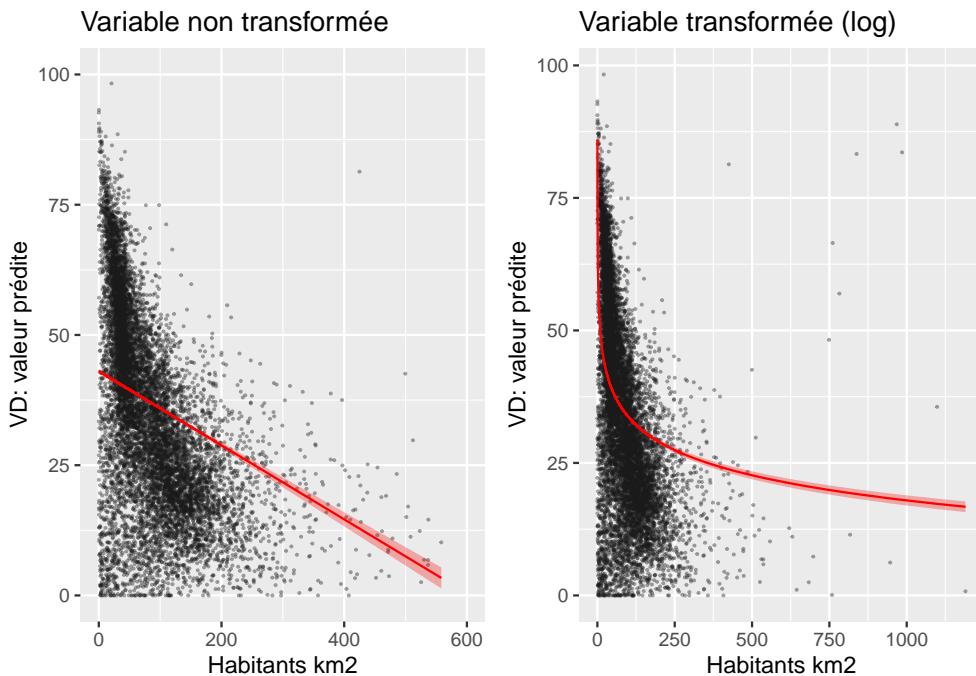


FIG. 5.3 : Effet marginal de la densité de population

5.5.2 Variable indépendante qualitative dichotomique

Il est très fréquent d'introduire une variable qualitative dichotomique comme variable explicative ou de contrôle dans un modèle. À titre de rappel, une variable dichotomique comprend deux modalités (section 2.1.2).

Dans le modèle ci-dessous, nous voulons vérifier si un îlot situé sur le territoire de la Ville de Montréal a proportionnellement moins de végétation qu'un îlot situé dans une autre municipalité de l'île de Montréal, toutes choses étant égales à ailleurs. Pour ce faire, nous créons une variable binaire dénommée `VilleMtl` qui prend la valeur de 1 pour la Ville de Montréal et 0 pour une autre municipalité.

Nous obtenons ainsi un coefficient de régression pour `VilleMtl` de -7,699. Cela signifie que si toutes les autres variables indépendantes du modèle étaient constantes, alors en moyenne, un îlot de la Ville de Montréal a une valeur de -7,7% de moins de végétation comparativement à un îlot situé dans une autre municipalité.

```
# Création d'une variable muette pour Montréal (0 ou 1)
DataFinal$VilleMtl <- ifelse(DataFinal$SDRNOM == "Montréal", 1, 0)

# Modèle avec la variable dichotomique
modele3 <- lm(VegPct ~ VilleMtl+log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+
```

TAB. 5.5 : Modèle avec une variable dichotomique

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	coef. 2,5%	coef. 97,5%
Intercept	57.676	1.009	57.14	<0.001	55.697	59.654 ***
VilleMtl	-7.699	0.377	-20.43	<0.001	-8.438	-6.960 ***
log(HABHA)	-6.174	0.168	-36.68	<0.001	-6.504	-5.844 ***
AgeMedian ordre 1	-14.871	15.334	-0.97	0.332	-44.929	15.186
AgeMedian ordre 2	-280.251	13.668	-20.50	<0.001	-307.044	-253.459 ***
Pct_014	0.794	0.031	25.23	<0.001	0.732	0.856 ***
Pct_65P	0.270	0.018	14.81	<0.001	0.234	0.306 ***
Pct_MV	-0.028	0.010	-2.89	0.004	-0.047	-0.009 **
Pct_FR	-0.294	0.011	-26.55	<0.001	-0.316	-0.273 ***



Bien interpréter un coefficient d'une variable dichotomique

Nous avons vu que le coefficient de régression (β_k) indique le changement de la variable dépendante (Y), lorsque la variable indépendante augmente d'une unité, toutes choses étant égales par ailleurs.

Pour une variable dichotomique, le coefficient indique le changement de Y quand les observations appartiennent à la modalité qui a la valeur de 1 (ici la ville de Montréal), comparativement à celle qui a la valeur de 0 (autres municipalités de l'île de Montréal), toutes choses étant égales par ailleurs.

La modalité qui a la valeur de 0 est alors appelée **modalité ou catégorie de référence**.

Autrement dit, si la variable avait été codée : 0 pour la Ville et de Montréal et 1 pour les autres municipalités, alors le coefficient aurait été de 7,699.

Pour éviter d'oublier quelle est la modalité de référence (valeur de 0), nous verrons plus tard (dans la section mise en œuvre des modèles de régression dans R (section 5.8) qu'il peut être préférable de définir un facteur avec la fonction `as.factor` et d'indiquer la catégorie de référence avec la fonction `relevel(x, ref)`.

Comme pour une variable indépendante introduite avec une fonction polynomiale, il est peut-être très intéressant d'illuster l'effet marginal de la variable dichotomique avec un graphique qui montre l'écart entre les moyennes des deux modalités, une fois contrôlées les autres variables indépendantes (figure 5.4). Notez que dans ce graphique, les barres d'erreurs situées au sommet des rectangles représentent les intervalles à 95% des prédictions du modèle.

5.5.3 Variable indépendante qualitative polytomique

Il est possible d'introduire une variable qualitative polytomique comme variable explicative ou de contrôle dans un modèle. À titre de rappel, une variable polytomique comprend plus de deux modalités, qu'elle soit nominale ou ordinale (section 2.1.2).

En guise d'exemple, une variable qualitative pourrait être : différents groupes de population (groupes d'âge, minorités visibles, catégories socioprofessionnelles, etc.), différents territoires ou régions (ville centrale, première couronne, deuxième couronne, etc.), une variable semi-quantitative (par exemple, une variable continue transformée en quatre ou cinq catégories ordinaires selon les quartiles ou les quintiles).

5.5.3.1 Comment est construit une modèle de régression avec variable explicative qualitative polytomique ?

Prenons l'exemple d'un modèle de régression comprenant deux variables indépendantes : l'une continue (x_1), l'autre qualitative (x_2) avec quatre modalités (A, B, C et D). L'introduction de la variable qualitative

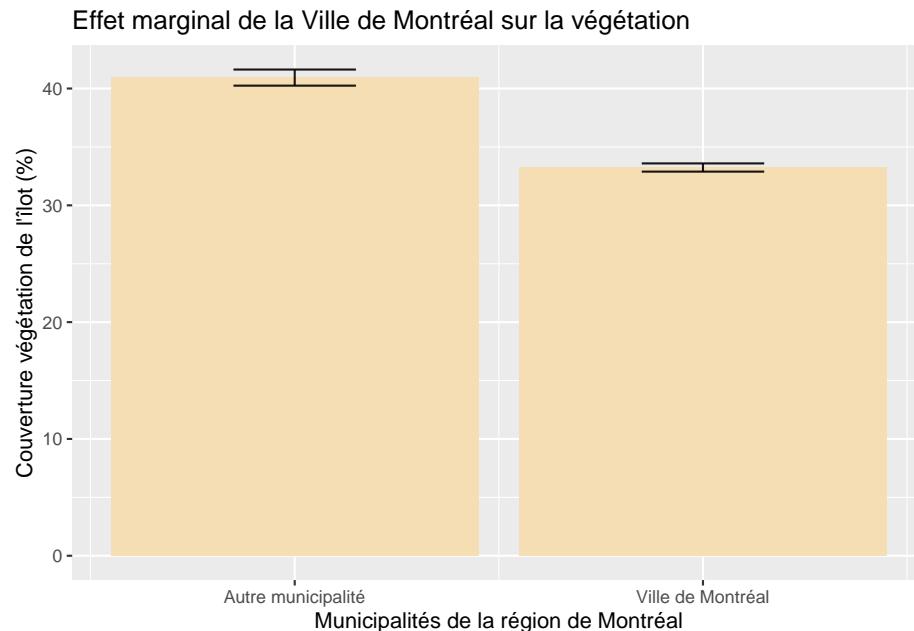


FIG. 5.4 : Effet marginal d'une variable dichotomique

dans le modèle revient à :

- Transformer chaque modalité en variable muette (binaire). On a ainsi quatre nouvelles variables binaires : x_{2A}, x_{2B}, x_{2C} et x_{2D}. Par exemple, les observations de la modalité A se verront affectées la valeur de 1 versus 0 pour x_{2A} pour les autres observations . La même démarche s'applique à x_{2B}, x_{2C} et x_{2D} (voir tableau 5.6).
- Toutes les modalités transformées en variables muettes sont introduites dans le modèle comme variables indépendantes **sauf une servant de catégorie de référence**. Pourquoi sauf une ? Si on mettait toutes les modalités en variable muette, alors chaque observation serait repérée par une valeur de 1, « il y aurait alors une parfaite multicolinéarité et aucune solution unique pour les coefficients de régression ne pourrait être trouvée » (Bressoux, 2010, p. 128).
- Par exemple, si l'on choisit la modalité A comme catégorie de référence, l'équation de régression s'écrit alors :

TAB. 5.6 : Transformation d'une variable qualitative en variables muettes pour chaque modalité

obs	Y	X1	X2	X2A	X2B	X2C	X2D
1	69,72	17,61	A	1	0	0	0
2	49,85	23,21	A	1	0	0	0
3	56,71	15,29	A	1	0	0	0
4	50,92	17,57	B	0	1	0	0
5	42,83	20,09	B	0	1	0	0
6	57,33	19,39	B	0	1	0	0
7	41,70	22,61	C	0	0	1	0
8	53,71	15,87	C	0	0	1	0
9	44,80	14,91	D	0	0	0	1
10	53,23	12,80	D	0	0	0	1

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + b_{2B} X_{2B} + b_{2C} X_{2C} + b_{2D} X_{2D} + e \quad (5.25)$$

- Vous aurez compris que choisir la modalité D comme catégorie de référence revient à écrire l'équation suivante :

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + b_{2A} X_{2A} + b_{2B} X_{2B} + b_{2C} X_{2C} + e \quad (5.26)$$

5.5.3.2 Comment interpréter les coefficients des modalités d'une variable explicative qualitative polytomique

Les coefficients des différentes modalités s'interprètent en fonction de la catégorie de référence. Dans l'exemple ci-dessous, nous avons inclus la Ville de Montréal comme catégorie de référence. On peut alors constater que toutes choses étant égales par ailleurs :

- en moyenne, les îlots résidentiels de Senneville et Baie-D'Urfé ont respectivement 23,235% et 21,400% plus de végétation que celle de la Ville de Montréal.
- la seule municipalité comprenant en moyenne moins de végétation dans ces îlots résidentiels est celle Montréal-Est (-13,334%)
- on remarque aussi que les municipalités de Sainte-Anne-de-Bellevue, Montréal-Ouest et Côte-Saint-Luc ne présentent pas significativement moins ou plus de végétation que ceux de la Ville de Montréal (leurs valeurs de P sont supérieures à 0,05).

Par conséquent, les valeurs de T et de P pour une modalité permettent de vérifier si elle est ou non significativement différente de la catégorie de référence.

Utilisons désormais comme référence la municipalité qui avait le coefficient le plus fort dans le modèle précédent, soit Senneville. Bien entendu, les coefficients des variables continues et de la constante ne changent pas. Par contre, les coefficients de toutes les municipalités sont négatifs puisque la Ville de Senneville est celle qui a proportionnellement le plus de végétation dans ces îlots, toutes choses étant égales par ailleurs.

À l'inverse, si Montréal-Est, soit la municipalité avec le coefficient le plus faible dans le premier modèle, tous les coefficients deviendront positifs.



Mais, mais alors Jamy comment choisir la catégorie de référence ?

Plusieurs options sont possibles, choisir :

- La modalité comprenant le plus d'observations.
- La modalité avec la plus forte valeur pour la variable dépendante.
- La modalité celle avec la plus faible valeur pour la variable dépendante.
- La modalité qui fait le plus de sens avec votre cadre théorique. Prenons l'exemple d'une variable qualitative comprenant plusieurs groupes d'âge (15-29 ans, 30-39 ans, 40-49 ans, 50-54 ans, 65 ans et plus). Si votre étude porte sur les jeunes et que vous souhaitez comparer leur situation comparativement aux autres groupes d'âge, toutes choses étant égales par ailleurs, sélectionnez bien évidemment la modalité des 15 à 29 ans comme catégorie de référence.

Mais surtout, éviter de choisir une catégorie comprenant très peu d'observations.

TAB. 5.7 : Modèle avec une variable polytomique (Ville de Montréal en catégorie de référence)

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	
Intercept	48.193	0.992	48.58	<0.001	***
log(HABHA)	-5.836	0.168	-34.84	<0.001	***
AgeMedian ordre 1	-11.807	15.648	-0.75	0.451	
AgeMedian ordre 2	-266.469	13.613	-19.57	<0.001	***
Pct_014	0.794	0.032	25.19	<0.001	***
Pct_65P	0.277	0.018	15.13	<0.001	***
Pct_MV	-0.036	0.010	-3.74	<0.001	***
Pct_FR	-0.279	0.011	-25.34	<0.001	***
<i>Municipalité</i>					
ref : Montréal	-	-	-	-	-
Baie-D'Urfé	21.400	1.635	13.09	<0.001	***
Beaconsfield	14.112	0.893	15.81	<0.001	***
Côte-Saint-Luc	0.172	1.035	0.17	0.868	
Dollard-Des Ormeaux	7.960	0.748	10.64	<0.001	***
Dorval	11.157	0.971	11.49	<0.001	***
Hampstead	3.080	1.599	1.93	0.054	.
Kirkland	6.937	1.014	6.84	<0.001	***
Mont-Royal	12.699	0.894	14.21	<0.001	***
Montréal-Est	-13.334	1.920	-6.94	<0.001	***
Montréal-Ouest	3.306	1.819	1.82	0.069	.
Pointe-Claire	9.896	0.866	11.43	<0.001	***
Sainte-Anne-de-Bellevue	0.342	1.904	0.18	0.858	
Senneville	23.235	3.793	6.13	<0.001	***
Westmount	2.255	1.088	2.07	0.038	*

TAB. 5.8 : Modèle avec une variable polytomique (Senneville en catégorie de référence)

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	
Intercept	71.429	3.846	18.57	<0.001	***
log(HABHA)	-5.836	0.168	-34.84	<0.001	***
AgeMedian ordre 1	-11.807	15.648	-0.75	0.451	
AgeMedian ordre 2	-266.469	13.613	-19.57	<0.001	***
Pct_014	0.794	0.032	25.19	<0.001	***
Pct_65P	0.277	0.018	15.13	<0.001	***
Pct_MV	-0.036	0.010	-3.74	<0.001	***
Pct_FR	-0.279	0.011	-25.34	<0.001	***
<i>Municipalité</i>					
ref : Senneville	-	-	-	-	-
Baie-D'Urfé	-1.835	4.093	-0.45	0.654	
Beaconsfield	-9.123	3.866	-2.36	0.018	*
Côte-Saint-Luc	-23.064	3.918	-5.89	<0.001	***
Dollard-Des Ormeaux	-15.275	3.852	-3.97	<0.001	***
Dorval	-12.078	3.891	-3.10	0.002	**
Hampstead	-20.156	4.094	-4.92	<0.001	***
Kirkland	-16.298	3.911	-4.17	<0.001	***
Mont-Royal	-10.537	3.875	-2.72	0.007	**
Montréal	-23.235	3.793	-6.13	<0.001	***
Montréal-Est	-36.570	4.231	-8.64	<0.001	***
Montréal-Ouest	-19.930	4.187	-4.76	<0.001	***
Pointe-Claire	-13.339	3.865	-3.45	0.001	***
Sainte-Anne-de-Bellevue	-22.893	4.225	-5.42	<0.001	***
Westmount	-20.980	3.927	-5.34	<0.001	***

TAB. 5.9 : Modèle avec une variable polytomique (Montréal-Est en catégorie de référence)

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P
Intercept	34.859	2.109	16.53	<0.001 ***
log(HABHA)	-5.836	0.168	-34.84	<0.001 ***
AgeMedian ordre 1	-11.807	15.648	-0.75	0.451
AgeMedian ordre 2	-266.469	13.613	-19.57	<0.001 ***
Pct_014	0.794	0.032	25.19	<0.001 ***
Pct_65P	0.277	0.018	15.13	<0.001 ***
Pct_MV	-0.036	0.010	-3.74	<0.001 ***
Pct_FR	-0.279	0.011	-25.34	<0.001 ***
<i>Municipalité</i>				
ref : Montréal-Est	-	-	-	-
Baie-D'Urfé	34.735	2.495	13.92	<0.001 ***
Beaconsfield	27.446	2.091	13.13	<0.001 ***
Côte-Saint-Luc	13.506	2.167	6.23	<0.001 ***
Dollard-Des Ormeaux	21.294	2.053	10.37	<0.001 ***
Dorval	24.491	2.134	11.48	<0.001 ***
Hampstead	16.414	2.478	6.62	<0.001 ***
Kirkland	20.272	2.159	9.39	<0.001 ***
Mont-Royal	26.033	2.101	12.39	<0.001 ***
Montréal	13.334	1.920	6.94	<0.001 ***
Montréal-Ouest	16.640	2.628	6.33	<0.001 ***
Pointe-Claire	23.230	2.087	11.13	<0.001 ***
Sainte-Anne-de-Bellevue	13.676	2.687	5.09	<0.001 ***
Senneville	36.570	4.231	8.64	<0.001 ***
Westmount	15.590	2.196	7.10	<0.001 ***

5.5.3.3 L'effet marginal d'une variable explicative qualitative polytomique

Comme pour une variable dichotomique, il est possible d'illustrer l'effet marginal de la variable qualitative dichotomique avec un graphique. Quelle que soit la catégorie de référence choisie, le graphique sera le même. La figure 5.5 illustre ainsi la valeur moyenne avec son intervalle de confiance (à 95%) de la végétation dans les îlots résidentiels de chacune des municipalités de la région de Montréal, *ceteris paribus*.

5.5.4 Variables d'interaction

5.5.4.1 Variable d'interaction entre deux variables continues

Une interaction entre deux variables indépendantes continues consiste à simplement les multiplier ($X_1 \times X_2$). Le modèle s'écrit alors :

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 (X_1 \times X_2) + \dots + \beta_k X_k + e \quad (5.27)$$

Un nouveau coefficient (β_3) s'ajoute pour l'interaction (la multiplication) entre les deux variables continues. **Pourquoi ajouter une interaction entre deux variables ?** L'objectif est d'évaluer l'effet d'une augmentation de β_1 en fonction d'un niveau donné de β_2 et inversement. Cela permet ainsi de répondre à la question suivante : l'effet de la variable β_1 est-elle influencé par la variable β_2 et inversement ?

Prenons un exemple concret pour illustrer le tout. Premièrement, nous ajoutons `DistCBDkm` comme VI, soit la distance au centre-ville exprimée en kilomètres. Notez que pour ne pas surspécifier le modèle, les variables dichotomique `VilleMtl` ou polytomique `Municipalité` ont été préalablement ôtées. Le coefficient ($B= 0,659$, $P<0,001$) signale que plus on s'éloigne du centre-ville, plus la couverture végétale des îlots

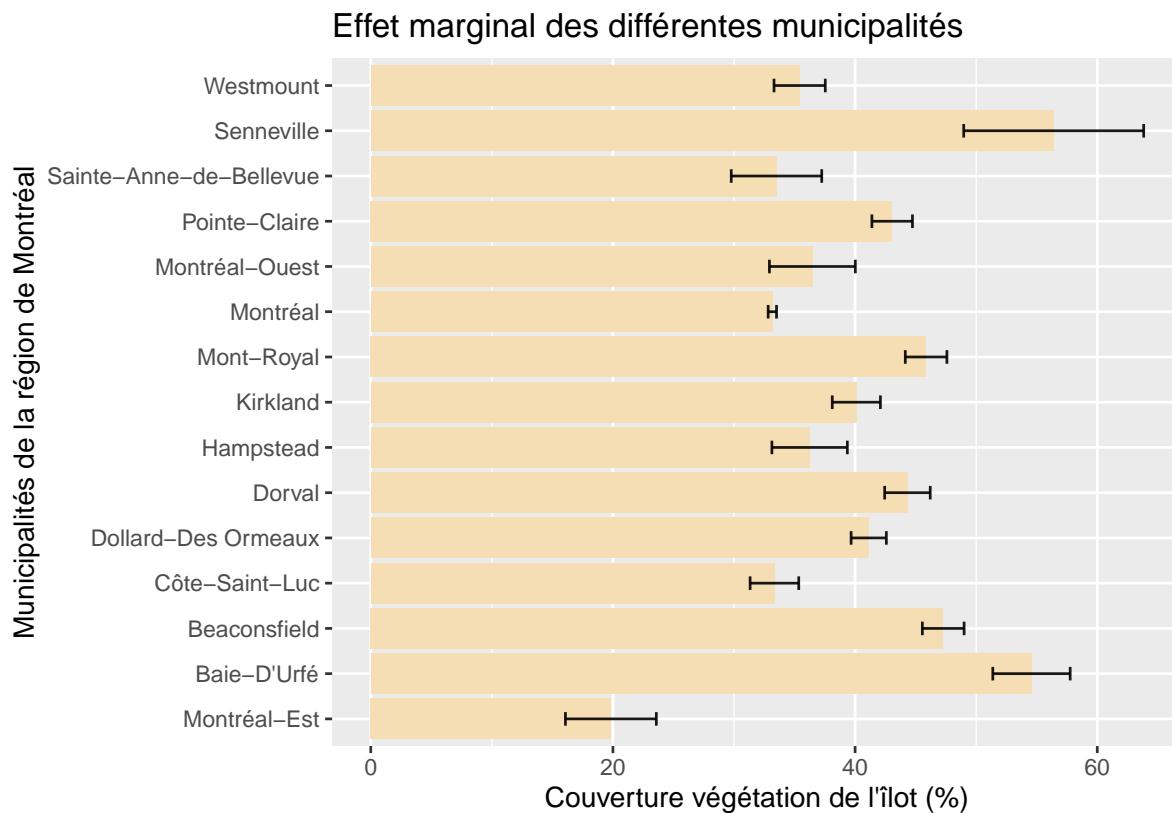


FIG. 5.5 : Effet marginal d'une variable polytomique

augmente significativement. En guise d'exemple, toutes choses étant égales par ailleurs, un îlot situé à dix kilomètres du centre-ville aura en moyenne 6,59% plus de végétation.

Dans ce modèle ci-dessous (tableau 5.10), les pourcentages de jeunes de moins de 15 ans et de 65 ans (Pct_014 et Pct_65P) et plus sont associés positivement à la variable dépendante tandis qu'avec celui des personnes à faible revenu (Pct_FR) est associé négativement.

Que se passe-t-il si nous introduisons une variables d'interaction entre DistCBDkm et Pct_FR (tableau 5.11)? L'effet du pourcentage de personnes à faible revenu (%) est significatif et négatif lorsqu'il est mis en interaction avec la distance au centre-ville. Cela indique que plus l'îlot est éloigné du centre-ville, plus Pct_FR a un effet négatif sur la couverture végétale ($B=-0,011$, $P<0,001$).

À nouveau, il est possible de représenter l'effet de cette interaction à l'aide d'un graphique des

TAB. 5.10 : Modèle avec la distance au centre-ville (km)

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	
Intercept	41.061	1.085	37.83	<0.001	***
log(HABHA)	-5.555	0.172	-32.30	<0.001	***
AgeMedian ordre 1	176.921	16.582	10.67	<0.001	***
AgeMedian ordre 2	-298.735	13.560	-22.03	<0.001	***
Pct_014	0.763	0.031	24.44	<0.001	***
Pct_65P	0.321	0.018	17.86	<0.001	***
Pct_MV	-0.018	0.010	-1.88	0.060	.
Pct_FR	-0.288	0.011	-26.26	<0.001	***
DistCBDkm	0.659	0.027	24.46	<0.001	***

TAB. 5.11 : Modèle avec une variable d'interaction entre deux VI continues

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P	
Intercept	38.382	1.137	33.76	<0.001	***
log(HABHA)	-5.505	0.172	-32.08	<0.001	***
AgeMedian ordre 1	160.523	16.672	9.63	<0.001	***
AgeMedian ordre 2	-310.666	13.610	-22.83	<0.001	***
Pct_014	0.786	0.031	25.13	<0.001	***
Pct_65P	0.345	0.018	18.96	<0.001	***
Pct_MV	-0.018	0.010	-1.82	0.069	.
Pct_FR	-0.191	0.017	-11.50	<0.001	***
DistCBDkm	0.821	0.034	24.06	<0.001	***
DistCBDkmX_Pct_FR	-0.011	0.001	-7.70	<0.001	***

effets marginaux. Notez cependant que nous devons représenter l'effet simultané de deux variables indépendantes sur notre variable dépendante, ce que nous pouvons faire avec une carte de chaleur. La figure 5.6 représente donc l'effet moyen de l'interaction sur la prédiction dans le premier panneau, ainsi que l'intervalle de confiance à 95% de la prédiction dans le deuxième et troisième panneaux.

On constate ainsi que le modèle prédit des valeurs de végétation les plus faibles lorsque le pourcentage de personnes à faible revenu est élevé et que la distance au centre-ville est élevée (en haut à droite). En revanche, les valeurs les plus élevées de végétation sont atteintes lorsque la distance au centre-ville est élevée et que le pourcentage de personnes à faible revenu est faible (en bas à droite). Il semble donc que l'éloignement au centre-ville soit associé avec une augmentation de la densité végétale, mais que cette augmentation puisse être mitigée par l'augmentation parallèle du pourcentage de personnes à faible revenu.

Notez que dans la figure 5.6, la relation entre les deux variables indépendantes et la variable dépendante apparaît non-linéaire du fait de l'interaction. À titre de comparaison, si nous utilisons les prédictions du modèle 5 (sans interaction), nous obtenons des prédictions présentées à la figure 5.7. Vous pouvez constater sur cette figure sans interaction que les deux effets des variables indépendantes sont linéaires puisque toutes les lignes sont parallèles.

5.5.4.2 Variable d'interaction entre une variable continue et une variable dichotomique

Une interaction entre une VI continue et une VI dichotomique consiste aussi à les multiplier ($X_1 \times D_2$); le modèle s'écrit alors :

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 D_2 + \beta_3 (X_1 \times D_2) + \dots + \beta_k X_k + e \quad (5.28)$$

Pour interpréter le coefficient β_3 , il convient alors de bien connaître le nom de la modalité ayant la valeur de 1 (0 étant la modalité de référence). Dans le modèle présenté au tableau 5.12, nous avons multiplié la variable dichotomique Ville de Montréal (`VilleMtl`) avec le pourcentage de personnes à faible revenu (`Pct_FR`). Les résultats de ce modèle démontrent que, toutes choses étant égales par ailleurs :

- à chaque augmentation d'une unité du pourcentage à faible revenu (`Pct_FR`), le pourcentage de la couverture végétale diminue significativement de -0,444;
- comparativement à un îlot situé dans une autre municipalité de l'île de Montréal, un îlot de la Ville de Montréal a en moyenne -9,804 de couverture végétale;
- à chaque augmentation d'une unité de `Pct_FR` pour un îlot de la Ville Montréal, la couverture végétale augmente de 0,166 comparativement à une autre municipalité de l'île. En d'autres termes, le `Pct_FR` sur le territoire de la Ville de Montréal est associé à une diminution de la couverture

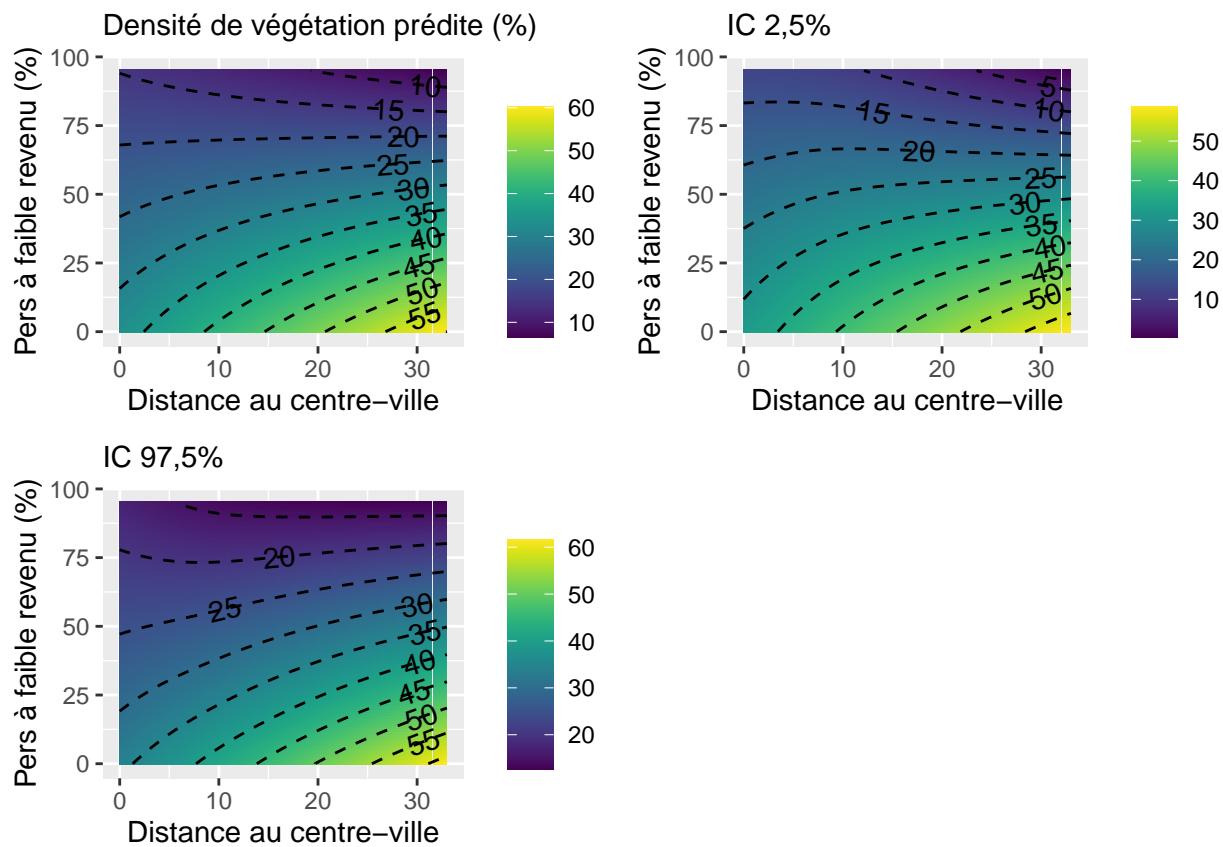


FIG. 5.6 : Effet marginal de l'interraction entre deux variables continues

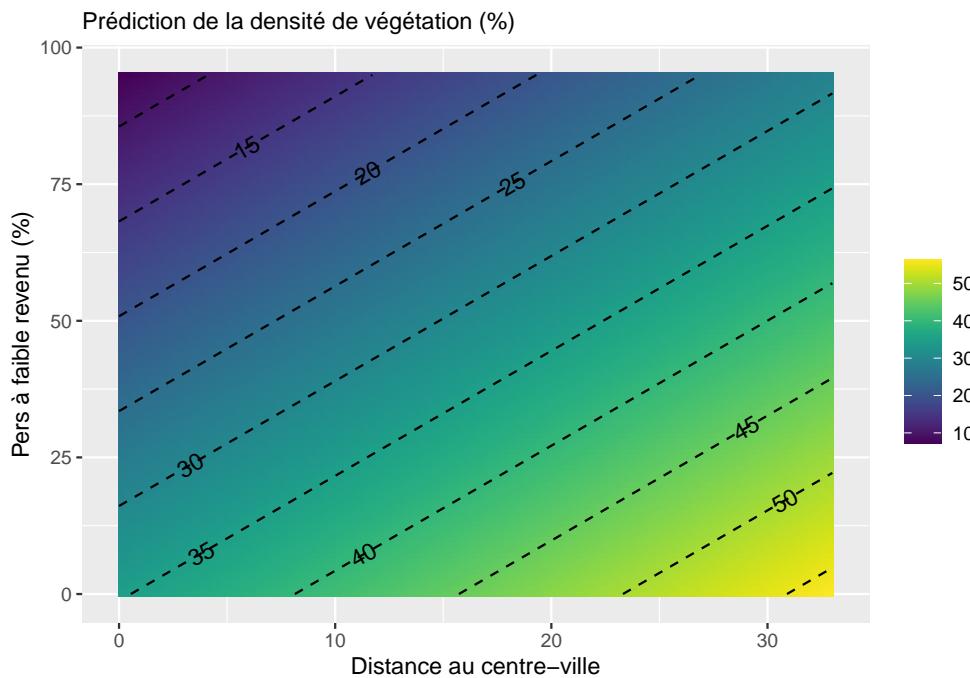


FIG. 5.7 : Effets marginaux de deux variables continues en cas d'absence d'interraction

végétale moins forte que les autres municipalités, tel qu'illustré à la figure ?? (voir les pentes en rouge en bleu).

L'interaction entre une variable qualitative et une variable quantitative peut être représentée par un graphique des effets marginaux. La pente (coefficients) de la variable quantitative varie en fonction des deux catégories de la variable qualitative dichotomique.

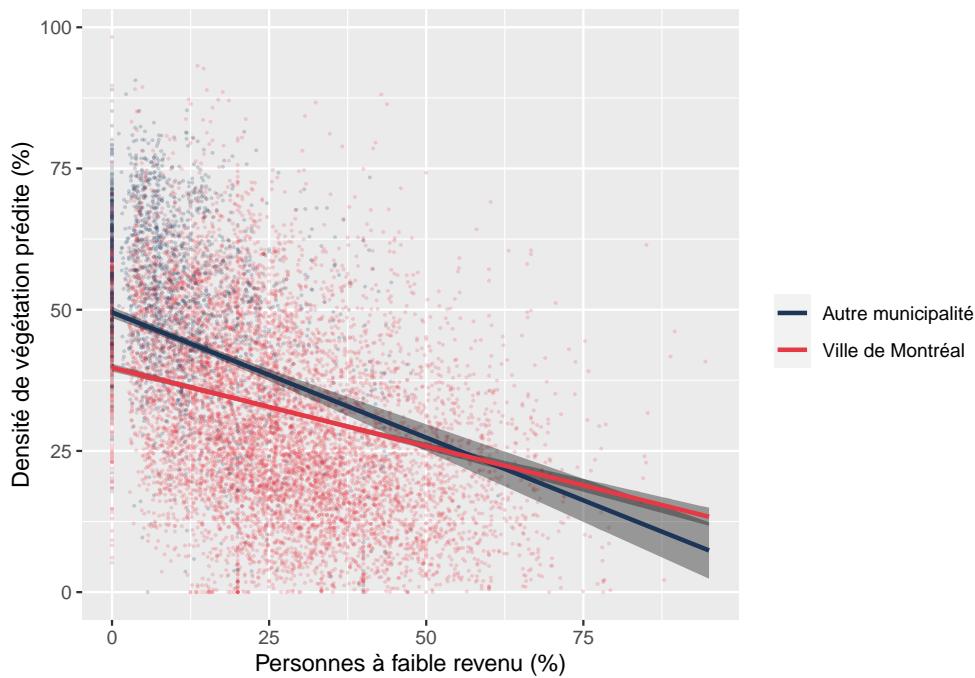


FIG. 5.8 : Graphique de l'effet marginal de l'interraction entre une variable quantitative et qualitative

5.5.4.3 Variable d'interraction entre deux variables dichotomiques

<https://www.econometrics-with-r.org/8-3-interactions-between-independent-variables.html>

TAB. 5.12 : Modèle avec les variables d'interraction entre une VI continue et une VI dichotomique

Variable	Coef.	Erreur type	Valeur de T	P
Intercept	59.275	1.053	56.30	<0.001 ***
log(HABHA)	-6.160	0.168	-36.64	<0.001 ***
AgeMedian ordre 1	-20.719	15.354	-1.35	0.177
AgeMedian ordre 2	-278.141	13.656	-20.37	<0.001 ***
Pct_014	0.789	0.031	25.10	<0.001 ***
Pct_65P	0.278	0.018	15.20	<0.001 ***
Pct_MV	-0.030	0.010	-3.03	0.002 **
Pct_FR	-0.444	0.030	-14.55	<0.001 ***
VilleMtl	-9.804	0.549	-17.85	<0.001 ***
VilleMtlX_Pct_FR	0.166	0.032	5.26	<0.001 ***

5.6 Diagnostics de la régression

Pour illustrer comment vérifier si le modèle respecte ou non les hypothèses de la régression, nous utiliserons le modèle suivant :

```
modele3 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)
```

5.6.1 Nombre d'observations

Tous les auteurs ne s'entendent pas sur le nombre d'observations minimal que devrait comprendre une régression linéaire multiple, loin s'en faut! Parallèlement, d'autres auteurs proposent aussi des méthodes de simulation pour estimer les coefficients de régression sur un jeu de données comprenant peu d'observations. Bien qu'aucune règle ne soit bien établie, la question du nombre d'observations mérite d'être posée puisqu'un modèle basé sur trop peu d'observations risque de produire des coefficients de régression peu fiables. Par faible fiabilité des coefficients, on entend que la suppression d'une ou plusieurs observations pourrait drastiquement changer l'effet et/ou la significativité d'une ou plusieurs variables explicatives.

Dans un ouvrage classique intitulé *Using Multivariate Statistics*, Barbara Tabachnick et Linda Fidell (2007, pp. 123-124) proposent deux règles à la louche :

1. $n \geq 50 + 8k$ avec n et k étant respectivement les nombres d'observations et de variables indépendantes, pour tester le coefficient de corrélation multiples (R^2).
2. $n \geq 104 + k$ pour tester individuellement chaque variable indépendante.

Dans le modèle, nous avons 10210 observations et variables indépendantes. Les deux conditions sont donc largement respectées.

5.6.2 Normalité des résidus

Pour vérifier si les résidus sont normalement distribués, trois démarches largement décrites dans la section ?? peuvent être utilisées :

- le calcul des coefficients d'asymétrie et d'aplatissement;
- les tests de normalité, particulièrement celui de Jarque-Bera basé sur un test multiplicateur de Lagrange;
- les graphiques (histogramme avec courbe normale et diagramme quantile-quantile).

Les deux premiers étant parfois très restrictifs, on accorde habituellement une attention particulière aux graphiques.

Pour notre modèle, les coefficients d'asymétrie (-0,263) et d'aplatissement (1,149) signalent que la distribution est plutôt symétrique, mais leptokurtique; c'est-à-dire que les valeurs des résidus sont bien réparties autour de 0, mais avec une faible dispersion. Puisque la valeur de P associée au test de Jarque-Bera est inférieure à 0,05, on peut en conclure que la distribution des résidus est anormale. La forme pointue de la distribution est d'ailleurs confirmée à la lecture de l'histogramme avec la courbe normale et du diagramme quantile-quantile.

```
## Skewness1 Skewness2 Skewness3 Skewness4 Kurtosis1 Kurtosis2 Kurtosis3 Kurtosis4
##      -0.161     0.024    -6.632     0.000     1.195     0.048    24.637     0.000
##
## Robust Jarque Bera Test
##
## data: residus
## X-squared = 513.15, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

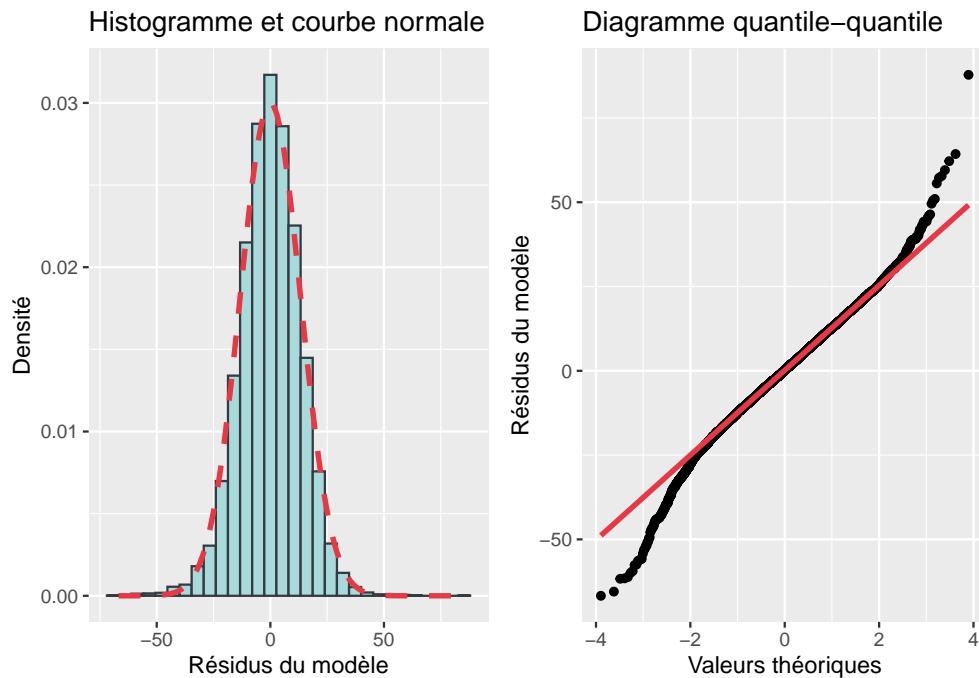


FIG. 5.9 : Vérifier la normalité des résidus

5.6.3 Linéarité et homoscédasticité des résidus

Un modèle est efficace si la dispersion des résidus est homogène sur tout le spectre des valeurs prédictes de la variable dépendante. Dans le cas d'une absence d'homoscédasticité – appelée problème d'hétéroscédasticité –, le nuage de points construit à partir des résidus et des valeurs prédictes prend la forme d'une trompette ou d'un entonnoir : les résidus seront alors faibles quand les valeurs prédictes sont faibles et seront de plus en plus élevés au fur et à mesure que les valeurs prédictes augmentent.

Le test de Breusch-Pagan est souvent utilisé pour vérifier l'homoscédasticité des résidus. Il est construit avec les hypothèses suivantes :

- H_0 : homoscédasticité, c'est-à-dire que les termes d'erreur ont une variance constante à travers les valeurs prédictes.
- H_1 : hétéroscédasticité.

Si la valeur de P associé à ce test est inférieure à 0,05, on refuse l'hypothèse nulle et on conclut qu'il y a un problème d'hétéroscédasticité, ce qui est le cas pour notre modèle.

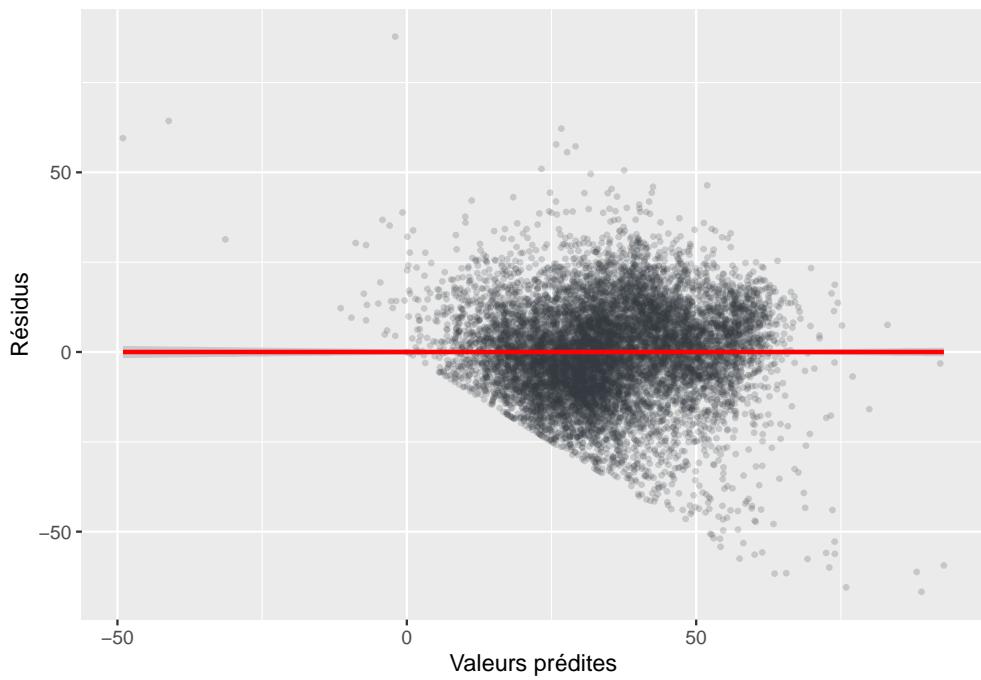


FIG. 5.10 : Distribution des résidus en fonction des valeurs prédictes

```
## 
## studentized Breusch-Pagan test
## 
## data: modele3
## BP = 1722, df = 8, p-value < 2.2e-16
```

5.6.4 Absence de multicolinéarité excessive

Un modèle présente un problème de multicolinéarité excessive lorsque deux variables indépendantes ou plus sont très fortement corrélées entre elles. Rappelez-vous qu'un coefficient de régression estime l'effet d'une variable dépendante (X_k) si toutes les autres VI restaient constantes (c'est-à-dire une fois les autres VI contrôlées, toutes choses étant égales par ailleurs...).

Prenons deux variables indépendantes (X_1 et X_2) fortement corrélées avec un coefficient de Pearson très élevé (0,90 par exemple). Admettons que chacune des deux VI a un effet important et significatif sur votre variable VD lorsqu'une seule est introduite dans le modèle. Si les deux variables sont introduites dans le même modèle, vous évaluez donc : l'effet de X_1 une fois contrôlé X_2 et l'effet de X_2 une fois contrôlé X_1 . Par conséquent, l'effet de l'une des deux deviendra très faible, voire probablement non significatif.

5.6.4.1 Comment évaluer la multicolinéarité ?

Pour ce faire, on utilise habituellement le facteur d'inflation de la variance (*Variance Inflation Factor – VIF* en anglais). Le calcul de ce facteur pour chaque VI est basé sur trois étapes.

1. Pour chaque VI, on construit un modèle de régression multiple dans laquelle elle est expliquée par toutes les autres variables indépendantes du modèle. Par exemple, pour la première VI (X_1), l'équation du modèle s'écrit :

$$X_1 = b_0 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k + e \quad (5.29)$$

2. À partir de cette équation, on obtient ainsi un R^2 qui nous indique la proportion de la variance de X_1 expliquée par les autres VI. Par convention, on calcule la tolérance (équation (5.30)) qui indique la proportion de la variance de X_k qui n'est pas expliquée par les autres VI. En guise d'exemple, une valeur de tolérance égale à 0,1 signale que 90% de la variance de X_k est expliqué par les autres variables, ce qui est un problème de multicolinéarité en soit. Concrètement, plus la valeur de la tolérance est proche de zéro, plus c'est problématique.

$$\text{Tolérance}_k = 1 - R_k^2 = \frac{1}{VIF_k} \quad (5.30)$$

3. Puis, on calcule le facteur d'inflation de la variance (équation (5.31)). Là encore, des règles de pouce (à la louche) sont utilisées. Certains considéreront une valeur de VIF supérieur à 10 (soit une tolérance à 0,1 ou inférieure) comme problématique, d'autres retiendront le seuil de 5 plus conservateur (soit une tolérance à 0,2 ou inférieure).

$$VIF_k = \frac{1}{1 - R_k^2} \quad (5.31)$$

Pour notre modèle, toutes les valeurs de VIF sont inférieures à 2, indiquant, sans l'ombre d'un doute, l'absence de multicolinéarité excessive.

```
##                                     GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
## VilleMtl                  1.319  1      1.149
## log(HABHA)                 1.342  1      1.159
## poly(AgeMedian, 2)          1.399  2      1.087
## Pct_014                     1.601  1      1.265
## Pct_65P                      1.317  1      1.147
## Pct_MV                       1.483  1      1.218
## Pct_FR                       1.818  1      1.348
```

5.6.4.2 Comment régler un problème de multicolinéarité?

- La prudence est de mise! Si une ou plusieurs variables présentent une valeur de VIF supérieure à 5, construisez une matrice de corrélation de Pearson (section 4.1.3.7) et repérez les valeurs de corrélation supérieures à 0,8 ou inférieures à -0,8. Vous repérez ainsi les corrélations problématiques entre deux variables indépendantes du modèle.
- Refaites ensuite un modèle en ôtant la variable indépendante avec la plus forte valeur de VIF (7 ou 12 par exemple), et revérifiez les valeurs de VIF. Refaites cette étape si le problème de multicolinéarité excessive persiste.



Une multicolinéarité excessive n'est pas forcément inquiétante

Nous avons vu plus haut comment introduire des variables indépendantes particulières comme des variables d'interaction ($X_1 \times X_2$) ou des variables sous une forme polynomiale (ordre 2 : $X_1 + X_1^2$; ordre 3 : $X_1 + X_1^2 + X_1^3$, etc.). Bien entendu, ces termes composant les variables d'interaction ou d'une forme polynomiale sont habituellement fortement corrélés entre eux. Cela n'est toutefois pas problématique!

Dans l'exemple ci-dessous, nous obtenons deux valeurs de VIF très élevées pour la variable d'interaction `Pct_014:DistCBDkm` (16,713) et l'un des paramètres à partir duquel elle est calculée, soit `DistCBDkm` (12,526).

```
##                                     GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
## log(HABHA)                1.426  1     1.194
## poly(AgeMedian, 2)        1.768  2     1.153
## Pct_014                   3.326  1     1.824
## Pct_65P                   1.359  1     1.166
## Pct_MV                     1.495  1     1.223
## Pct_FR                     1.810  1     1.345
## DistCBDkm                 12.526  1     3.539
## Pct_014:DistCBDkm       16.713  1     4.088
```

5.6.5 Absence d'observations aberrantes

5.6.5.1 Détection des observations très influentes du modèle

Lors de l'analyse des corrélations (section 4.1.3), nous avons que des valeurs extrêmes peuvent avoir un impact important sur le coefficient de corrélation de Pearson. Le même principe s'applique à la régression multiple, pour laquelle on s'attendrait à ce que chaque observation joue un rôle équivalent dans la détermination de l'équation du modèle.

Autrement dit, il est possible que certaines observations avec des valeurs extrêmes – fortement dissemblables des autres – aient une influence importante, voire démesurée, dans l'estimation du modèle. Concrètement, cela signifie que si elles étaient ôtées, les coefficients de régression et la qualité d'ajustement du modèle pourraient changer drastiquement. Deux mesures sont habituellement utilisées pour évaluer l'influence de chaque observation sur le modèle :

- **La statistique de la distance de Cook** qui mesure l'influence de chaque observation sur les résultats du modèle. Brièvement, la distance de Cook évalue l'influence de l'observation i en la supprimant du modèle (équation (5.32)). Plus sa valeur est élevée, plus l'observation joue un rôle important dans la détermination de l'équation de régression.

$$D_i = \frac{\sum_{j=1}^n (\bar{y}_i - \bar{y}_{i(j)})^2}{k s^2} \quad (5.32)$$

avec $\bar{y}_{i(j)}$ la valeur prédictive quand l'observation i est ôtée du modèle, k le nombre de variables indépendantes et s^2 l'erreur quadratique moyenne du modèle.

- **La statistique de l'effet levier** (*leverage value* en anglais) qui varie de 0 (aucune influence) à 1 (explique tout le modèle). La somme de toutes les valeurs de cette statistique est égale au nombre de VI dans le modèle.

Quel critère retenir pour détecter les observations avec potentiellement une trop grande influence sur le modèle ?

Pour les repérer, voire les supprimer, certains auteurs proposent les seuils suivants : $4/n$ ou $8/n$ ou $16/n$. Avec 10210 observations dans le modèle, les seuils seraient les suivants :

```
## Nombre d'observations = 10210 (100%)
## 4/n = 0.00039
## 8/n = 0.00078
## 16/n = 0.00157
## Observations avec une valeur supérieure ou égale aux différents seuils
## 4/n = 605 soit 5.93 %
## 8/n = 275 soit 2.69 %
## 16/n = 133 soit 1.3 %
```

Le critère de $4/n$ étant plutôt sévère, nombreux sont les chercheurs qui privilégiuent celui de $8/n$, voire $16/n$. Il est aussi possible de construire un nuage de points pour les repérer (figure 5.11).

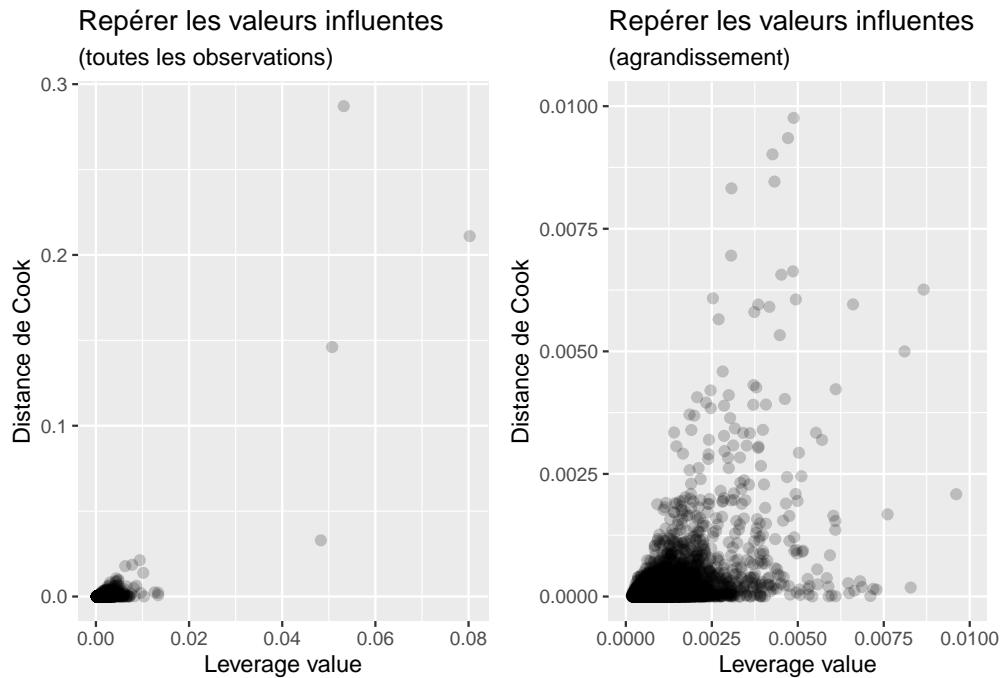


FIG. 5.11 : Repérer graphiquement les valeurs influentes du modèle

5.6.5.2 Quoi faire avec les observations très influentes du modèle

Trois approches sont possibles :

- **Recourir à des régressions bootstrap**, ce qui permet généralement de supprimer l'effet de ces observations (section 5.8). Brièvement, le principe général est de créer un nombre élevé d'échantillons du jeu de données initial (1000 à 2000 itérations par exemple) et de construire un modèle de régression pour chacun d'eux. On obtiendra ainsi des intervalles de confiance pour les coefficients de régression et les mesures d'ajustement du modèle.

- **Supprimer les observations trop influentes** (avec l'un des critères de $n/4$, $n/8$ et $n/16$ décrits plus haut). Une fois supprimées, il convient de 1) recalculer le modèle, 2) refaire le diagnostic de la régression au complet et finalement, 3) comparer les modèles avant et après suppression des valeurs trop influentes, notamment la qualité d'ajustement du modèle (R^2 ajusté) et les coefficients de régression. Des changements importants indiqueront que le premier modèle est potentiellement biaisé.
- **Utiliser un modèle linéaire généralisé (GLM)** permettant d'utiliser une distribution différente correspondant plus à votre jeu de données (voir chapitre suivant).

5.7 Mise en œuvre dans R

5.7.1 Les fonctions `lm`, `summary()` et `confint()`

Les fonctions de base `lm`, `summary()` `confint()` permettent respectivement de 1) construire un modèle, 2) d'afficher ces résultats et 3) obtenir les intervalles de confiance des coefficients de régression :

- `monModele <- lm(Y ~X1+X2+..+Xk)` avec Y étant la variable dépendante et les variables indépendantes (X_1 à X_k) étant séparées par le signe $+$.
- `summary(monModele)`
- `confint(monModele, level=.95)`.

Dans la syntaxe ci-dessous, vous retrouverez les différents modèles abordés dans les sections précédentes; remarquez que toutes que les lignes `summary` sont mises en commentaires afin de ne pas afficher les résultats des modèles.

```
# Chargement des données
load("data/lm/DataVegetation.RData")

# 1er modèle de régression
modele1 <- lm(VegPct ~ HABHA+AgeMedian+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR,
               data = DataFinal)
# summary(modele1)

# 2e modèle de régression : fonction polynomiale d'ordre 2 (poly(AgeMedian,2))
modele2 <- lm(VegPct ~ HABHA+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR,
               data = DataFinal)
# summary(modele2)

# 3e modèle de régression : forme logarithmique (log(HABHA))
modele3 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR,
               data = DataFinal)
# summary(modele3)

# 4e modèle de régression : VI dichotomique
# création de la variable dichotomique (VilleMtl)
DataFinal$VilleMtl <- ifelse(DataFinal$SDRNOM == "Montréal", 1, 0)
modele4 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR+
               VilleMtl, # variable dichotomique
```

```

        data = DataFinal)
# summary(Modele4)

# 5e modèle de régression : VI polytomique
# création de la variable polytomique (Munic)
DataFinal$Munic <- relevel(DataFinal$SDRNOM, ref="Montréal")
modele5 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR+
               Munic, data = DataFinal)
# summary(Modele5)

# 6e modèle de régression : interaction entre deux VI continues,
# soit DistCBDkm*Pct_014
modele6 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR+
               DistCBDkm+DistCBDkm*Pct_014,
               data = DataFinal)
# summary(Modele6)

# 7e modèle de régression : interaction entre une VI continue et une VI dichotomique,
# soit VilleMtl*Pct_FR
modele8 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR+
               VilleMtl*Pct_FR,
               data = DataFinal)
# summary(Modele7)

```

À la figure 5.12, vous constaterez que les résultats de la régression linéaire multiple, obtenus avec la `summary(monModèle)`, sont présentés en quatre sections distinctes :

- a. Le rappel de l'équation du modèle.
- b. Quelques statistiques descriptives sur les résidus du modèle, soit $y_i - \bar{y}$.
- c. un tableau pour les coefficients de régression comprenant plusieurs colonnes, à savoir les coefficients de régression (`Estimate`), l'erreur type du coefficient (`std. Error`), la valeur de T (`t value`) et la probabilité associée à la valeur de T (`Pr(>|t|)`). La première ligne de ce tableau (`Estimate`) est pour la constante (`Intercept` en anglais) et celles qui suivent sont pour les variables indépendantes.
- d. les mesures d'ajustement du modèle dont le RMSE (`Residual standard error`), les R^2 classique (`Multiple R-squared`) et ajusté (`Adjusted R-squared`), la statistique F avec le nombre de degrés de libertés en lignes (nombre d'observations) et en colonnes ($n-k-1$) et la valeur de P qui est lui associée (`F-statistic: 1223 on 6 and 10203 DF, p-value: < 2.2e-16`).

```

##                                     a. Rappel de l'équation du modèle
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 +
##     Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR, data = DataFinal)

##                                     b. Statistiques sur les résidus
## Residuals:
##   Min     1Q Median     3Q    Max
## -66.848 -8.660  0.381  8.961 83.269

##                                     c. Tableau pour les coefficients de régression
## Coefficients:
##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)             5.283e+01  1.001e+00  52.781 < 2e-16 ***
## log(HABHA)              -6.855e+00  1.683e-01 -40.730 < 2e-16 ***
## poly(AgeMedian, 2)1    1.198e+01  1.559e+01   0.769 0.441958
## poly(AgeMedian, 2)2   -2.861e+02  1.394e+01 -20.525 < 2e-16 ***
## Pct_014                  9.406e-01  3.126e-02  30.093 < 2e-16 ***
## Pct_65P                  3.062e-01  1.851e-02  16.546 < 2e-16 ***
## Pct_MV                  -3.630e-02  9.943e-03 -3.651 0.000262 ***
## Pct_FR                  -3.443e-01  1.103e-02 -31.212 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '****' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

##                                     d. Mesures pour la qualité d'ajustement
## Residual standard error: 13.57 on 10202 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4657,          Adjusted R-squared:  0.4653
## F-statistic: 1270 on 7 and 10202 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

FIG. 5.12 : Les différentes parties obtenues à la fonction summary(Modele)

```
# Intervalle de confiance des coefficient à 95%
confint(modele3)
```

```

##                   2.5 %      97.5 %
## (Intercept) 50.8684505 54.79255157
## log(HABHA)  -7.1847527 -6.52495353
## poly(AgeMedian, 2)1 -18.5676034 42.53686203
## poly(AgeMedian, 2)2 -313.4726002 -258.81630119
## Pct_014       0.8793672  1.00190861
## Pct_65P        0.2699504  0.34250907
## Pct_MV        -0.0557951 -0.01681481
## Pct_FR        -0.3659445 -0.32269562

```

5.7.2 Comparer des modèles

Tel que détaillé à la section 4.1.3.2, pour comparer des modèles imbriqués, il convient d'analyser les valeurs du R^2 ajusté et du F incrémentiel, ce qui peut être fait en trois étapes.

Première étape. Il peut être judicieux d'afficher l'équation des différents modèles afin de se remémorer les VI introduites dans chacun d'eux, et ceux avec la fonction `MonModèle$call$formula`.

```
# Rappel des équations des huit modèles
print(modele1$call$formula)

## VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR

print(modele2$call$formula)

## VegPct ~ HABHA + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV +
##          Pct_FR

print(modele3$call$formula)

## VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##          Pct_MV + Pct_FR

print(modele4$call$formula)

## VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##          Pct_MV + Pct_FR + VilleMtl

print(modele5$call$formula)

## VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##          Pct_MV + Pct_FR + Munic

print(modele6$call$formula)

## VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##          Pct_MV + Pct_FR + DistCBDkm + DistCBDkm * Pct_014
```

```
print(modele7$call$formula)

## VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##      Pct_MV + Pct_FR + VilleMtl + VilleMtlX_Pct_FR
```

Deuxième étape. La syntaxe ci-dessous vous permettra de comparer les R^2 ajustés des différents modèles. On constate ainsi que :

- La valeur du R^2 ajusté du modèle 2 est supérieure à celle du modèle 1 (0,4378 versus 0,4179), signalant que la forme polynomiale d'ordre 2 pour l'âge médian des bâtiments (`poly(AgeMedian, 2)`) améliore la prédiction comparativement à la forme originelle de (`AgeMedian`).
- La valeur du R^2 ajusté du modèle 3 est supérieure à celle du modèle 2 (0,4653 versus 0,4378), signalant que la forme logarithmique pour la densité de population (`log(HABHA)`) améliorer la prédiction comparativement à la forme originelle (`HABHA`).
- La valeur du R^2 ajusté du modèle 4 est supérieure à celle du modèle 3 (0,4863 versus 0,4653), signalant que l'introduction de la variable dichotomique (`VilleMtl`) pour la municipalité apporte un gain de variance expliquée non négligeable.
- La valeur du R^2 ajusté du modèle 5 est supérieure à celle du modèle 4 (0,5064 versus 0,4863), signalant que l'introduction de la variable polytomique pour les municipalités de l'île de Montréal (`Muni`) améliore la prédiction du modèle comparativement à la variable dichotomique (`VilleMtl`).
- La valeur du R^2 ajusté du modèle 6 est supérieure à celle du modèle 2 (0,4953 versus 0,4378), signalant l'introduction de la variable d'une variable d'interaction entre deux variables continues (`DistCBDkm + DistCBDkm * Pct_014`) apporte également un gain substantiel comparativement au modèle 2 ne comprenant pas cette variable d'interaction.
- La valeur du R^2 ajusté du modèle 7 est supérieure à celle du modèle 2 (0,4877 versus 0,4378), signalant l'introduction de la variable d'une variable d'interaction entre une variable continue et la variable dichotomique (`DistCBDkm + DistCBDkm * Pct_014`) apporte également un gain substantiel comparativement au modèle 2 ne comprenant pas cette variable d'interaction.

```
cat("\nComparaison des R2 ajustés :",
    "\nModèle 1.", round(summary(modele1)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 2.", round(summary(modele2)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 3.", round(summary(modele3)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 4.", round(summary(modele4)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 5.", round(summary(modele5)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 6.", round(summary(modele6)$adj.r.squared,4),
    "\nModèle 7.", round(summary(modele7)$adj.r.squared,4)
)
```

```
##
## Comparaison des R2 ajustés :
## Modèle 1. 0.4179
## Modèle 2. 0.4378
## Modèle 3. 0.4653
## Modèle 4. 0.4863
## Modèle 5. 0.5064
## Modèle 6. 0.4953
## Modèle 7. 0.4877
```

Troisième étape. La syntaxe ci-dessous permet d'obtenir le F incrémentiel pour des modèles ne comprenant pas le même nombre de variables dépendantes, et ce, en utilisant la fonction `anova(modele1, modele2, ..., modelen)`.

Par exemple, la syntaxe `anova(modele1, modele2)` permet de comparer les deux modèles et signale que le gain de variance expliquée entre les deux modèles (R^2 de 0,4179 et 0,4378) est significatif (F incrémentiel = 362,64; $P<0,001$).

```
# Comparaison des deux modèles uniquement (modèles 1 et 2)
anova(modele1, modele2)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR
## Model 2: VegPct ~ HABHA + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV +
##             Pct_FR
##   Res.Df     RSS Df Sum of Sq      F    Pr(>F)
## 1 10203 2046427
## 2 10202 1976182  1      70245 362.64 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Il est aussi possible de comparer plusieurs modèles simultanément. Notez que dans la syntaxe ci-dessous, le troisième modèle n'est pas inclus, car il comprend le même nombre de variables indépendantes que le second modèle; il en va de même pour le sixième modèle comparativement au cinquième. Ici aussi, l'analyse des valeurs de F et de P vous permet de vérifier si les modèles et donc leurs R^2 ajustés sont significativement différents (quand $P<0,05$).

```
# Comparaison de plusieurs modèles
anova(modele1, modele2, modele4, modele5, modele7)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: VegPct ~ HABHA + AgeMedian + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR
## Model 2: VegPct ~ HABHA + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P + Pct_MV +
##             Pct_FR
## Model 3: VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##             Pct_MV + Pct_FR + VilleMtl
## Model 4: VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##             Pct_MV + Pct_FR + Munic
## Model 5: VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 + Pct_65P +
##             Pct_MV + Pct_FR + VilleMtl + VilleMtlX_Pct_FR
##   Res.Df     RSS Df Sum of Sq      F    Pr(>F)
## 1 10203 2046427
## 2 10202 1976182  1      70245 412.995 < 2.2e-16 ***
## 3 10201 1805547  1      170636 1003.224 < 2.2e-16 ***
## 4 10188 1732849 13      72698   32.878 < 2.2e-16 ***
```

```
## 5 10200 1800664 -12     -67815    33.226 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Quel modèle choisir ?

Nous avons déjà évoqué le principe de parcimonie. À titre de rappel, l'ajout de variables indépendantes qui s'avèrent significatives fait inévitablement augmenter la variance expliquée et ainsi la valeur R^2 ajusté. Par contre, elle peut rendre le modèle plus complexe à analyser, voire entraîner un surajustement du modèle. Nous avons vu que l'introduction des variables dichotomique, polytomique et d'interaction avait pour effet d'augmenter la capacité de prédiction du modèle. Quoi qu'il en soit, le gain de variance expliquée s'élève à environ 4% entre le troisième modèle versus le cinquième et le sixième :

- Modèle 3 ($R^2=0,465$). $\text{VegPct} \sim \log(\text{HABHA}) + \text{poly}(\text{AgeMedian}, 2) + \text{Pct_014} + \text{Pct_65P} + \text{Pct_MV} + \text{Pct_FR}$
- Modèle 5 ($R^2=0,506$). $\text{VegPct} \sim \log(\text{HABHA}) + \text{poly}(\text{AgeMedian}, 2) + \text{Pct_014} + \text{Pct_65P} + \text{Muni}$
- Modèle 6 ($R^2=0,495$). $\text{VegPct} \sim \log(\text{HABHA}) + \text{poly}(\text{AgeMedian}, 2) + \text{Pct_014} + \text{Pct_65P} + \text{Pct_MV} + \text{Pct_FR} + \text{DistCBDkm} + \text{DistCBDkm} * \text{Pct_014}$

Par conséquent, il est légitime de se questionner sur le bien-fondé de conserver ces variables indépendantes additionnelles : `Muni` pour le modèle 5 et `DistCBDkm + DistCBDkm * Pct_014` pour le modèle 6. Trois options sont alors envisageables :

- Bien entendu, conservez l'une ou l'autre de ces variables additionnelles, si elles sont initialement reliées à votre cadre théorique.
- Conservez l'une ou l'autre de ces variables additionnelles, si elles permettent de répondre à une question spécifique (non prévue initialement) et si les associations ainsi révélées méritent, selon vous, discussion.
- Supprimez-les si leur apport est limité et ne fait que complexifier le modèle pour rien.

5.7.3 Diagnostic sur un modèle

5.7.3.1 Vérifier le nombre d'observations

La syntaxe suivante permet de vérifier si le nombre d'observations est suffisant pour tester le R^2 et chacune des variables indépendantes.

```
modele3 <- lm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+
  Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# Nombre d'observation
nobs <- length(modele3$fitted.values)

# Nombre de variables indépendantes (coefficients moins la constante)
k <- length(modele3$coefficients)-1

# Première règle de pouce
if(nobs >= 50+(8*k)){
  cat("\nNombre d'observations suffisant pour tester le R2")
} else{
```

```

cat("\nAttention ! Nombre d'observations insuffisant pour tester le R2")
}

## 
## Nombre d'observations suffisant pour tester le R2

# Deuxième règle de pouce
if(nobs >= 104+k){
  cat("\nNombre d'observations suffisant pour tester individuellement chaque VI")
} else{
  cat("\nAttention ! Nombre d'observations insuffisant",
    "\npour tester individuellement chaque VI")
}

## 
## Nombre d'observations suffisant pour tester individuellement chaque VI

```

5.7.3.2 Vérifier la normalité des résidus

La syntaxe suivante permet de vérifier si la normalité des résidus selon les trois démarches classiques : 1) coefficients d'asymétrie et d'aplatissement, 2) test de normalité de Jarque-Bera (fonction `JarqueBeraTest` du package **DescTools**), 3) les graphiques (histogramme avec courbe normale et diagramme quantile-quantile).

```

library(DescTools)
library(stats)
library(ggplot2)
library(ggpubr)

# Vecteur pour les résidus du modèle
residus <- modele3$residuals

# 1. coefficients d'asymétrie et d'aplatissement
c(Skewness= round(Skew(residus),3),
  Kurtosis = round(Kurt(residus),3))

## Skewness1 Skewness2 Skewness3 Skewness4 Kurtosis1 Kurtosis2 Kurtosis3 Kurtosis4
##      -0.263      0.024     -10.857      0.000      1.151      0.048     23.738      0.000

# 2. Test de normalité de Jarque-Bera
JarqueBeraTest(residus)

```

```

## Robust Jarque Bera Test
##
## data: residus
## X-squared = 528.51, df = 2, p-value < 2.2e-16

# 3. Graphiques
Ghisto <- ggplot() +
  geom_histogram(aes(x = residus, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  stat_function(fun = dnorm,
                args = list(mean = mean(residus),
                            sd = sd(residus)),
                color = "#e63946", size = 1.2, linetype = "dashed") +
  labs(title="Histogramme et courbe normale",
       y = "densité", "Résidus du modèle")

Gqqplot <- qplot(sample = residus) +
  geom_qq_line(line.p = c(0.25, 0.75),
               color = "#e63946", size=1.2) +
  labs(title="Diagramme quantile-quantile",
       x="Valeurs théoriques",
       y = "Résidus")

ggarrange(Ghisto, Gqqplot, ncol=2, nrow=1)

```

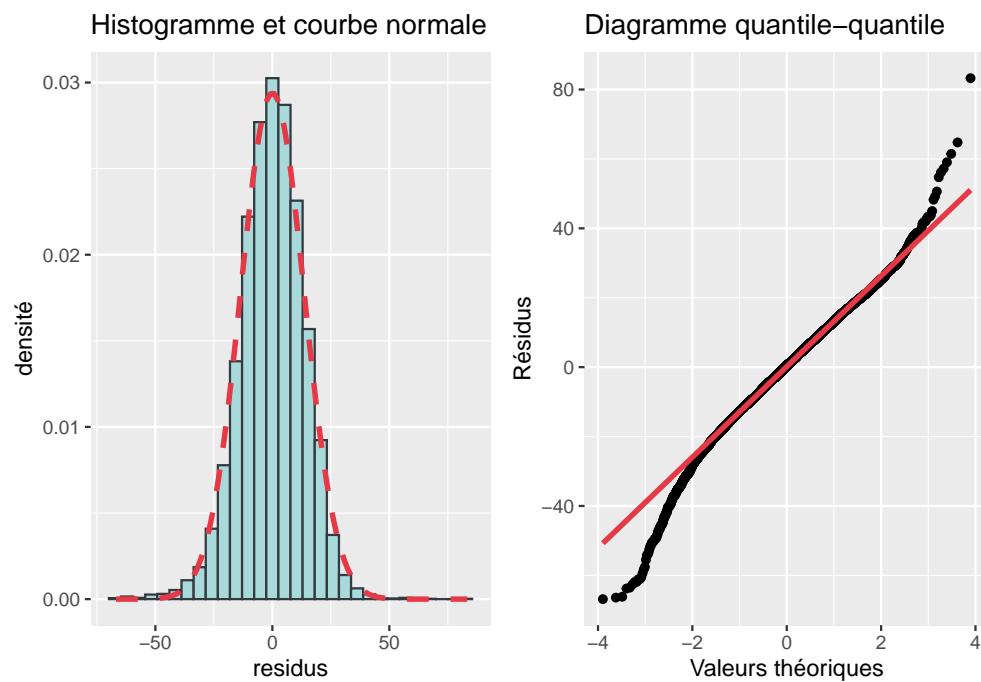


FIG. 5.13 : Diagnostic : normalité des résidus ?

5.7.3.3 Évaluer la linéarité et l'homoscédasticité des résidus

La syntaxe suivante permet de vérifier si l'hypothèse d'homoscédasticité des résidus est respectée avec : 1) un nuage de points entre les valeurs prédictes et des résidus, 3) les graphiques (histogramme avec courbe normale et diagramme quantile-quantile) et 2) le test de Breusch-Pagan (fonction `bptest` du package `lmtest`).

```
# 1. Graphique entre les valeurs prédictes et les résidus
residus <- modele3$residuals
ypredicts <- modele3$fitted.values

ggplot() +
  geom_point(aes(x = ypredicts, y = residus),
             color = "#343a40", fill = "#a8dadc",
             alpha = 0.2, size = 0.8) +
  geom_smooth(aes(x = ypredicts, y = residus),
              method = lm, color = "red") +
  labs(x="Valeurs prédictes", y = "Résidus")
```

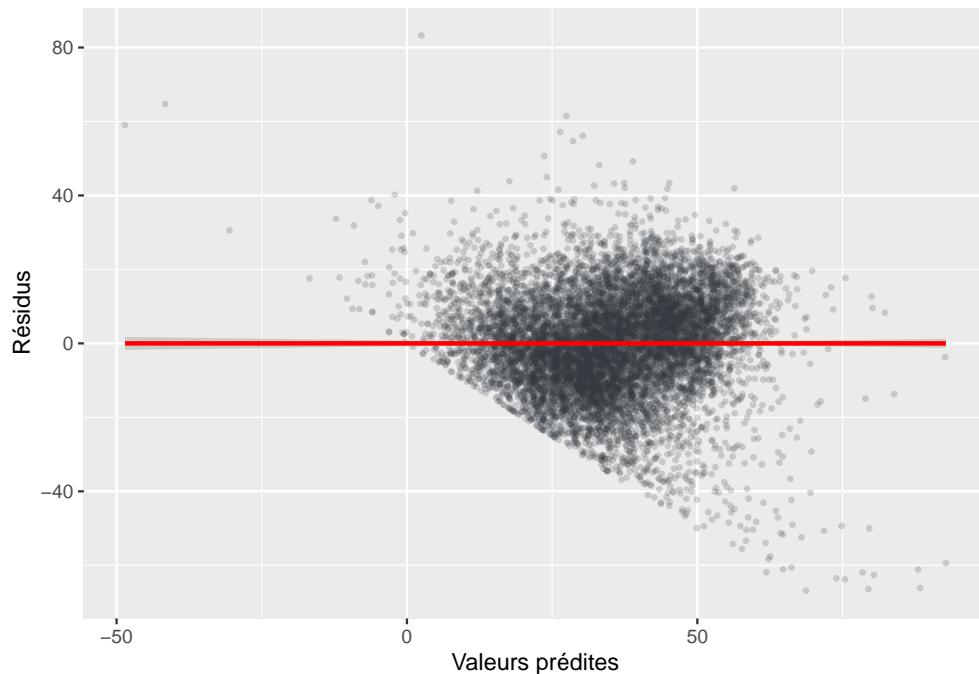


FIG. 5.14 : Distribution des résidus en fonction des valeurs prédictées

```
# 2. Test de Breusch-Pagan pour vérifier l'homoscédasticité
library(lmtest)
bptest(modele3)
```

```
## 
## studentized Breusch-Pagan test
```

```

## 
## data: modele3
## BP = 1651.5, df = 7, p-value < 2.2e-16

if(bptest(modele3)$p.value < 0.05){
  cat("\nAttention : problème d'hétéroscédasticité des résidus")
} else{
  cat("\nParfait : homoscédasticité des résidus")
}

## 
## Attention : problème d'hétéroscédasticité des résidus

```

5.7.3.4 Vérifier la multicolinéarité excessive

Pour vérifier la présence ou l'absence de multicolinéarité excessive, on utilise habituellement la fonction `vif` du package `car`.

```

library(car)

# facteur d'inflation de la variance
round(car::vif(modele3),3)

```

	GVIF	Df	GVIF ^{1/(2*Df)}
## log(HABHA)	1.289	1	1.136
## poly(AgeMedian, 2)	1.387	2	1.085
## Pct_014	1.518	1	1.232
## Pct_65P	1.304	1	1.142
## Pct_MV	1.480	1	1.217
## Pct_FR	1.730	1	1.315

```

# problème de multicollinéarité (VIF > 10)?
car::vif(modele3) > 10

```

	GVIF	Df	GVIF ^{1/(2*Df)}
## log(HABHA)	FALSE	FALSE	FALSE
## poly(AgeMedian, 2)	FALSE	FALSE	FALSE
## Pct_014	FALSE	FALSE	FALSE
## Pct_65P	FALSE	FALSE	FALSE
## Pct_MV	FALSE	FALSE	FALSE
## Pct_FR	FALSE	FALSE	FALSE

```
# problème de multicollinéarité (VIF > 5)?
car::vif(modele3) > 5
```

```
##                               GVIF      Df GVIF^(1/(2*Df))
## log(HABHA)           FALSE FALSE      FALSE
## poly(AgeMedian, 2)  FALSE FALSE      FALSE
## Pct_014              FALSE FALSE      FALSE
## Pct_65P              FALSE FALSE      FALSE
## Pct_MV               FALSE FALSE      FALSE
## Pct_FR               FALSE FALSE      FALSE
```

5.7.3.5 Réperer les valeurs très influentes du modèle

La syntaxe suivante permet d'évaluer le nombre de valeurs très influentes dans le modèle avec les critères de $n/4$, $n/8$, $n/16$ pour la distance de Cook.

```
nobs <- length(modele3$fitted.values)
DistanceCook <- cooks.distance(modele3)
n4 <- length(DistanceCook[DistanceCook > 4/nobs])
n8 <- length(DistanceCook[DistanceCook > 8/nobs])
n16 <- length(DistanceCook[DistanceCook > 16/nobs])
cat("Nombre d'observations =", nobs, "(100%)",
    "\n 4/n =", round(4/nobs,5),
    "\n 8/n =", round(8/nobs,5),
    "\n 16/n =", round(16/nobs,5),
    "\nObservations avec une valeur supérieure ou égale aux différents seuils",
    "\n 4/n =", n4, "soit", round(n4/nobs*100,2), "%",
    "\n 8/n =", n8, "soit", round(n8/nobs*100,2), "%",
    "\n 16/n =", n16, "soit", round(n16/nobs*100,2), "%"
  )
```

```
## Nombre d'observations = 10210 (100%)
## 4/n = 0.00039
## 8/n = 0.00078
## 16/n = 0.00157
## Observations avec une valeur supérieure ou égale aux différents seuils
## 4/n = 604 soit 5.92 %
## 8/n = 285 soit 2.79 %
## 16/n = 132 soit 1.29 %
```

Vous pouvez également construire un nuage de points avec la distance de Cook et l'effet de levier (*leverage value*) pour repérer visuellement les observations très influentes.

```
library(car)
library(ggpubr)
DistanceCook <- cooks.distance(modele3)
```

```

LeverageValue <- hatvalues(modele3)

G1 <- ggplot()+
  geom_point(aes(x = LeverageValue, y = DistanceCook),
             alpha = 0.2, size = 2, col="black", fill="red")+
  labs(x = "Leverage value",
       y = 'Distance de Cook',
       title = 'Repérer les valeurs influentes',
       subtitle = '(toutes les observations)')

G2 <- ggplot()+
  geom_point(aes(x = LeverageValue, y = DistanceCook),
             alpha = 0.2, size = 2, col="black", fill="red")+
  ylim(0,0.01)+
  xlim(0,0.01)+
  labs(x = "Leverage value",
       y = 'Distance de Cook',
       title = 'Repérer les valeurs influentes',
       subtitle = '(agrandissement)')

ggarrange(G1,G2, nrow=1, ncol=2)

```

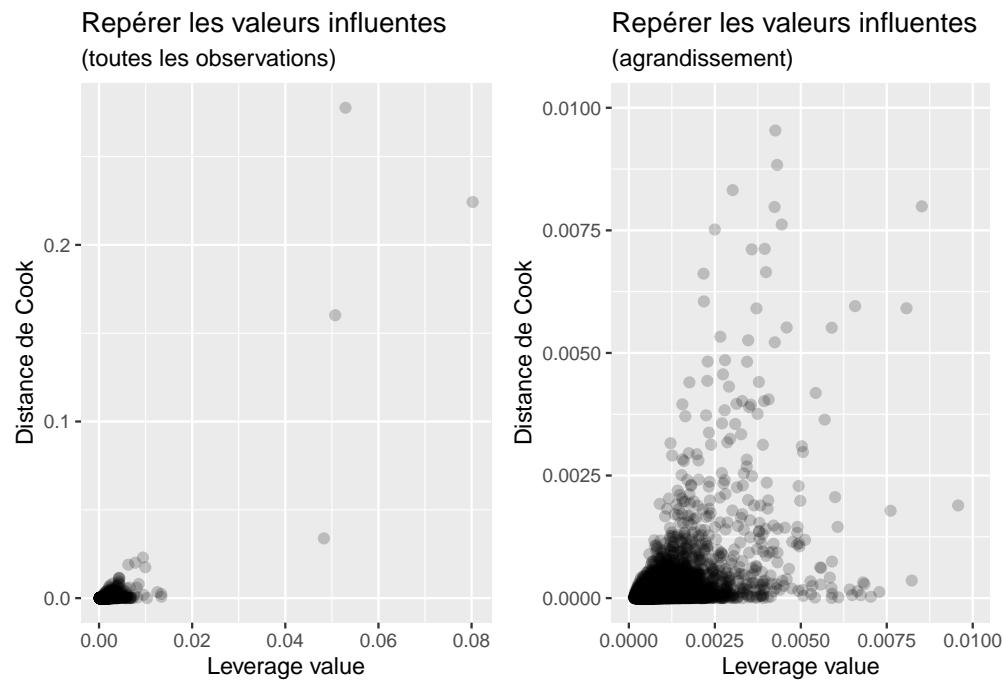


FIG. 5.15 : Repérer graphiquement les valeurs influentes du modèle

5.7.3.6 Construire un nouveau modèle en supprimant les observations très influentes du modèle

Dans un premier temps, il convient de construire un nouveau modèle sans les valeurs influentes du modèle de départ.

```
# Nombre d'observation dans le modèle 3
nobs <- length(modele3$fitted.values)

# Distance de Cook
cook <- cooks.distance(modele3)

# Les observations très influentes avec le critère de 16/n
DataSansOutliers <- cbind(DataFinal, cook)
DataSansOutliers <- DataSansOutliers[DataSansOutliers$cook < 8/nobs, ]
modele3b <- lm(VegPct ~ log(HABA)+poly(AgeMedian,2)+Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR,
                 data = DataSansOutliers)
nobsb <- length(modele3b$fitted.values)
```

Comparez les valeurs du R^2 ajusté des deux modèles. Habituellement, la suppression des valeurs très influentes s'accompagne d'une augmentation du R^2 ajusté. C'est notamment le cas ici puisque sa valeur grimpe de 0,4653 à 0,5684, signalant ainsi un gain important pour la variance expliquée.

```
# Comparaison des mesures d'ajustement
cat("\nComparaison des R2 ajustés :",
    "\nModèle de départ (n=", nobs, ")", ",",
    round(summary(modele3)$adj.r.squared,4),

    "\nModèle sans les obs. très influentes (n=", nobsb, ")", ",",
    round(summary(modele3b)$adj.r.squared,4),
    sep="",
    )

## Comparaison des R2 ajustés :
## Modèle de départ (n=10210), 0.4653
## Modèle sans les obs. très influentes (n=9925), 0.5684
```

Pour le modèle, il convient alors de refaire le diagnostic de la régression et de vérifier si la suppression des observations très influentes à améliorer : 1) la normalité, la linéarité et l'homoscédasticité des résidus, 2) la multicolinéarité excessive, 3) l'absence de valeurs trop influentes.

La normalité des résidus s'est-elle ou non améliorée ?

Pour ce faire, comparez les valeurs d'asymétrie, d'aplatissement et du test de Jarque-Bera et les graphiques de normalité. À la lecture des valeurs :

- l'asymétrie est très similaire (-0,260 à -0,265)
- l'aplatissement s'est amélioré (1,183 à 0,164)
- le test de Jarque-Bera signale toujours un problème de normalité ($P<0,001$), mais sa valeur a nettement diminué (548,7 à 131,24)
- les graphiques démontrent une nette amélioration de la normalité des résidus.

```
# 1. coefficients d'asymétrie et d'aplatissement
resmodele3 <- rstudent(modele3)
resmodele3b <- rstudent(modele3b)
```

```
c(Skewness= round(Skew(resmodele3),3),
  Kurtosis = round(Kurt(resmodele3),3))
```

```
## Skewness1 Skewness2 Skewness3 Skewness4 Kurtosis1 Kurtosis2 Kurtosis3 Kurtosis4
##      -0.260      0.024     -10.739      0.000      1.185      0.048     24.448      0.000
```

```
c(Skewness= round(Skew(resmodele3b),3),
  Kurtosis = round(Kurt(resmodele3b),3))
```

```
## Skewness1 Skewness2 Skewness3 Skewness4 Kurtosis1 Kurtosis2 Kurtosis3 Kurtosis4
##      -0.265      0.025     -10.790      0.000      0.165      0.049      3.360      0.000
```

```
# 2. Test de normalité de Jarque-Bera
JarqueBeraTest(resmodele3)
```

```
##
## Robust Jarque Bera Test
##
## data: resmodele3
## X-squared = 548.7, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

```
JarqueBeraTest(resmodele3b)
```

```
##
## Robust Jarque Bera Test
##
## data: resmodele3b
## X-squared = 131.24, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

```
# 3. Graphiques
Ghisto1 <- ggplot() +
  geom_histogram(aes(x = resmodele3, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = mean(resmodele3),
                                         sd = sd(resmodele3)),
                color = "#e63946", size = 1.2, linetype = "dashed") +
```

```

labs(title="Modèle de départ", y = "densité", x="Résidus studendisés")

Gqqplot1 <- qplot(sample = residus)+
  geom_qq_line(line.p = c(0.25, 0.75), color = "#e63946", size=1.2)+ 
  labs(title="Modèle de départ", x="Valeurs théoriques", y = "Résidus studendisés")

Ghisto2 <- ggplot() +
  geom_histogram(aes(x = resmodele3b, y = ..density..),
                 bins = 30, color = "#343a40", fill = "#a8dadc") +
  stat_function(fun = dnorm, args = list(mean = mean(resmodele3b),
                                         sd = sd(resmodele3b)),
                color = "#e63946", size = 1.2, linetype = "dashed")+
  labs(title="Modèle après suppression", y = "densité", "Résidus studendisés")

Gqqplot2 <- qplot(sample = resmodele3b)+
  geom_qq_line(line.p = c(0.25, 0.75), color = "#e63946", size=1.2)+ 
  labs(title="Modèle après suppression",
       x="Valeurs théoriques", y = "Résidus studendisés")

library(ggpubr)
ggarrange(Ghisto1, Ghisto2, Gqqplot1, Gqqplot2, ncol=2, nrow=2)

```

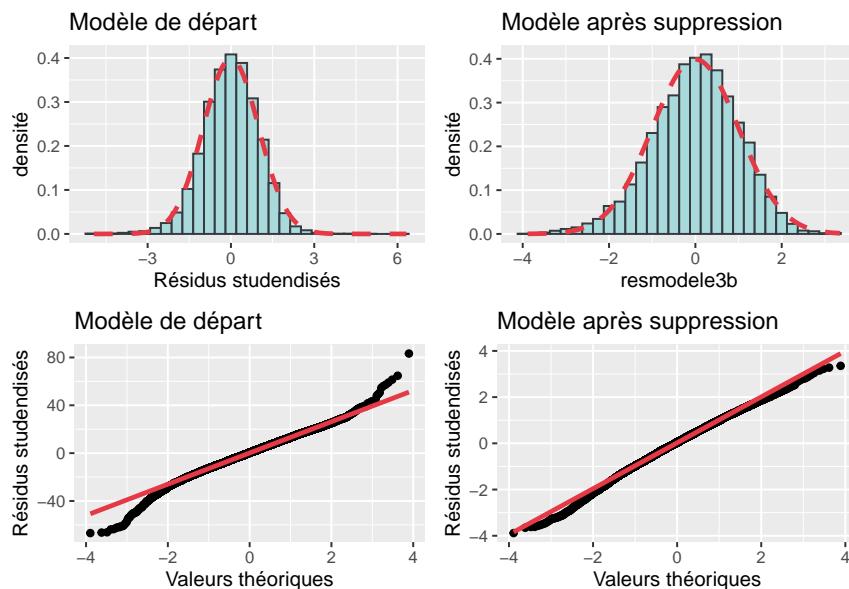


FIG. 5.16 : Normalité des résidus avant et après la suppression des valeurs influentes

le problème d'hétéroscédasticité est-il corrigé ?

- la valeur du test de Breusch-Pagan est beaucoup plus faible, mais il semble persister un problème d'hétéroscédasticité.

```

# homoscédasticité des résidus améliorée ou non?
library(lmtest)
bptest(modele3)

```

```

## 
## studentized Breusch-Pagan test
## 
## data: modele3
## BP = 1651.5, df = 7, p-value < 2.2e-16

bptest(modele3b)

## 
## studentized Breusch-Pagan test
## 
## data: modele3b
## BP = 640.53, df = 7, p-value < 2.2e-16

resmodele3 <- residuals(modele3)
resmodele3b <- residuals(modele3b)
ypredicts3 <- modele3$fitted.values
ypredicts3b <- modele3b$fitted.values

G1 <- ggplot() +
  geom_point(aes(x = ypredicts3, y = resmodele3),
             color = "#343a40", fill = "#a8dadc", alpha = 0.2, size = 0.8) +
  geom_smooth(aes(x = ypredicts3, y = resmodele3), method = lm, color = "red")+
  labs(title="Modèle de départ",x="Valeurs prédictes", y = "Résidus studentisés")

G2 <- ggplot() +
  geom_point(aes(x = ypredicts3b, y = resmodele3b),
             color = "#343a40", fill = "#a8dadc", alpha = 0.2, size = 0.8) +
  geom_smooth(aes(x = ypredicts3b, y = resmodele3b), method = lm, color = "red")+
  labs(title="Modèle après suppression",x="Valeurs prédictes", y = "Résidus studentisés")

library(ggpubr)
ggarrange(G1, G2, ncol=2, nrow=1)

```

Finalement, il convient des comparer les coefficients de régression.

```

# Comparaison des coefficients
summary(modele3)

## 
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 +
##     Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR, data = DataFinal)
## 
## Residuals:

```

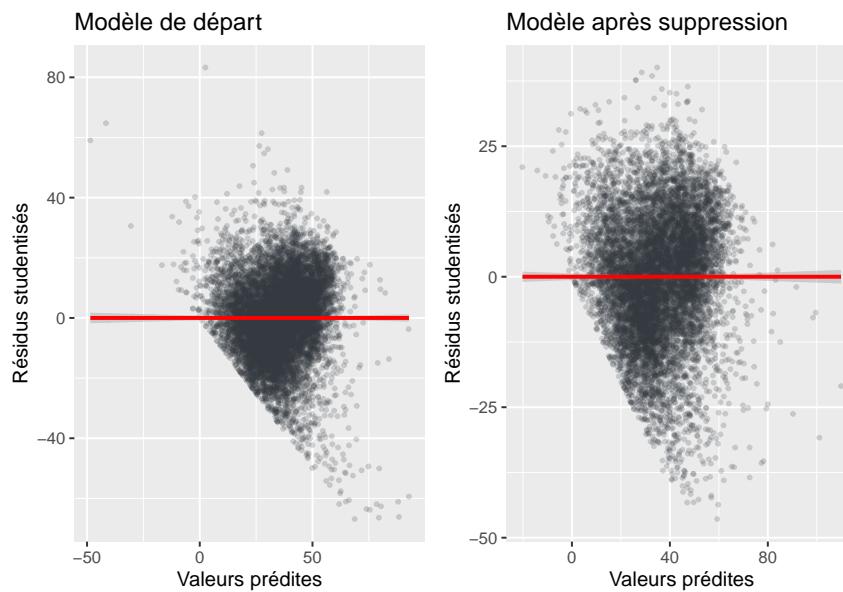


FIG. 5.17 : Amélioration de l'homoscédasticité des résidus

```

##      Min       1Q     Median      3Q      Max
## -66.848 -8.660    0.381    8.961   83.269
##
## Coefficients:
##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)              5.283e+01  1.001e+00  52.781 < 2e-16 ***
## log(HABHA)             -6.855e+00  1.683e-01 -40.730 < 2e-16 ***
## poly(AgeMedian, 2)1    1.198e+01  1.559e+01   0.769 0.441958
## poly(AgeMedian, 2)2   -2.861e+02  1.394e+01 -20.525 < 2e-16 ***
## Pct_014                  9.406e-01  3.126e-02   30.093 < 2e-16 ***
## Pct_65P                  3.062e-01  1.851e-02   16.546 < 2e-16 ***
## Pct_MV                 -3.630e-02  9.943e-03  -3.651 0.000262 ***
## Pct_FR                 -3.443e-01  1.103e-02  -31.212 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 13.57 on 10202 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4657, Adjusted R-squared:  0.4653
## F-statistic: 1270 on 7 and 10202 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

```
summary(modele3b)
```

```

## 
## Call:
## lm(formula = VegPct ~ log(HABHA) + poly(AgeMedian, 2) + Pct_014 +
##     Pct_65P + Pct_MV + Pct_FR, data = DataSansOutliers)
## 
## Residuals:

```

```

##      Min       1Q     Median      3Q      Max
## -46.417   -7.734    0.456    8.290   40.085
##
## Coefficients:
##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)             6.748e+01  9.869e-01  68.370 < 2e-16 ***
## log(HABHA)            -1.000e+01  1.720e-01 -58.167 < 2e-16 ***
## poly(AgeMedian, 2)1  4.357e+01  1.387e+01   3.142  0.00168 **
## poly(AgeMedian, 2)2 -3.564e+02  1.250e+01 -28.510 < 2e-16 ***
## Pct_014                 8.351e-01  2.870e-02  29.101 < 2e-16 ***
## Pct_65P                 2.271e-01  1.807e-02  12.566 < 2e-16 ***
## Pct_MV                 -8.517e-03  9.109e-03 -0.935  0.34976
## Pct_FR                 -2.924e-01  1.028e-02 -28.440 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 11.96 on 9917 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5687, Adjusted R-squared:  0.5684
## F-statistic:  1868 on 7 and 9917 DF,  p-value: < 2.2e-16

```

5.7.4 Graphiques pour les effets marginaux

Tel que signalé ultérieurement, il est courant de représenter l'effet marginal d'une VI sur une VD, une fois contrôlées les autres VI. Pour ce faire, il est possible d'utiliser les *packages* `ggplot2` et `ggeffects`.

5.7.4.1 Effet marginal pour une variable continue

La syntaxe ci-dessous illustre comment obtenir un graphique pour nos quatre variables explicatives. Bien entendu, si le coefficient de régression est positif (comme pour les pourcentages de jeunes de moins de 15 ans et les personnes âgées), la pente sera alors montante, et inversement décroissante pour des coefficients négatifs (comme pour la minorités visibles et les personnes à faible revenu). En outre, plus la valeur absolue du coefficient sera forte, plus la pente sera prononcée.

```

library(ggplot2)
library(ggeffects)
library(ggpubr)

# Création d'un dataframe pour les valeurs prédites pour chaque VI continue
fitV1 <- ggpredict(modele3, terms = "Pct_014")
fitV2 <- ggpredict(modele3, terms = "Pct_65P")
fitV3 <- ggpredict(modele3, terms = "Pct_MV")
fitV4 <- ggpredict(modele3, terms = "Pct_FR")

# Construction des graphiques
G1 <- ggplot(fitV1, aes(x, predicted)) +
  # ligne de régression
  geom_line(color = 'red', size = 1) +
  # intervalle de confiance à 95%
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +

```

```

# Titres
labs(y="valeur prédictée Y", x = "Moins de 15 ans (%)")

G2 <-ggplot(fitV2, aes(x, predicted)) +
  geom_line(color = 'red', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +
  labs(y="valeur prédictée Y", x = "65 ans et plus (%)")

G3 <-ggplot(fitV3, aes(x, predicted)) +
  geom_line(color = 'blue', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +
  labs(y="valeur prédictée Y", x = "Minorités visibles (%)")

G4 <-ggplot(fitV4, aes(x, predicted)) +
  geom_line(color = 'blue', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +
  labs(y="valeur prédictée Y", x = "Personne à faible revenu (%)")

# Assemblage des graphiques des graphiques
ggarrange(G1, G2, G3, G4, ncol =2, nrow =2)

```

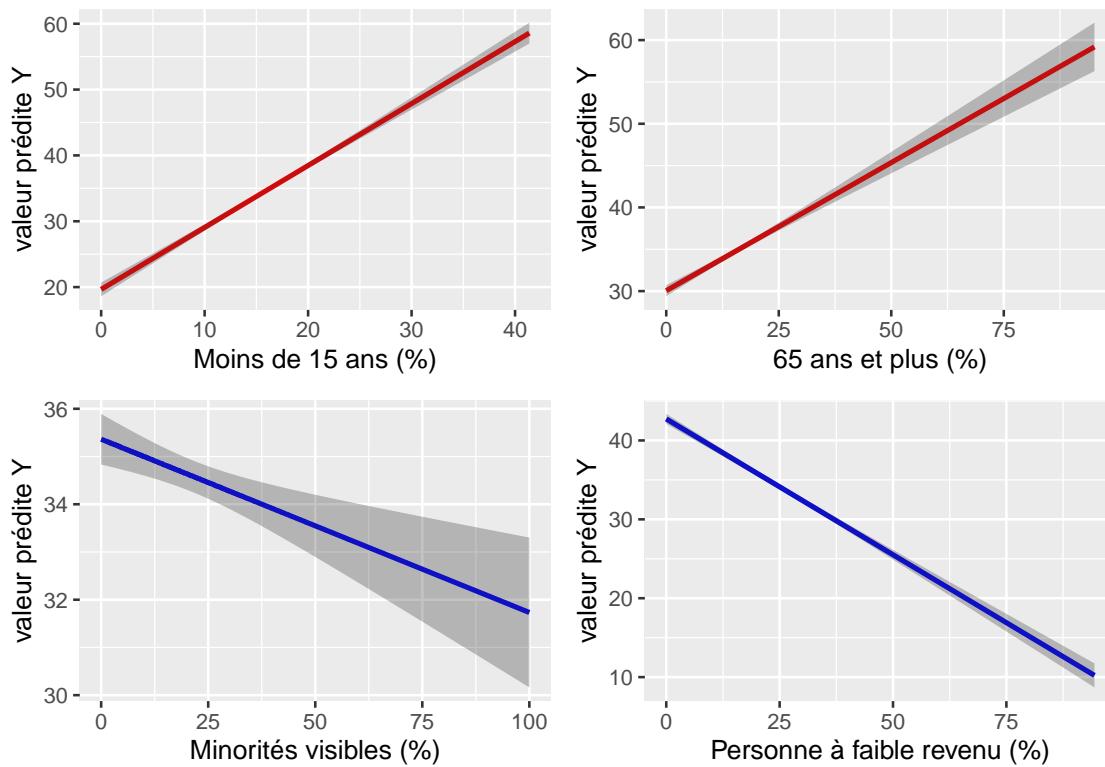


FIG. 5.18 : Effets marginaux pour des variables continues

5.7.4.2 Effet marginal pour une variable avec une fonction polynomiale d'ordre 2

```
library(ggplot2)
library(ggeffects)
library(ggpubr)

fitAgeMedian <- ggpredict(modele3, terms = "AgeMedian")

ggplot(fitAgeMedian, aes(x, predicted)) +
  geom_line(color = 'green', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +
  labs(title="Variable sous forme polynomiale (ordre 2)",
       y="VD: valeur prédictée", x = "Âge médian des bâtiments")
```

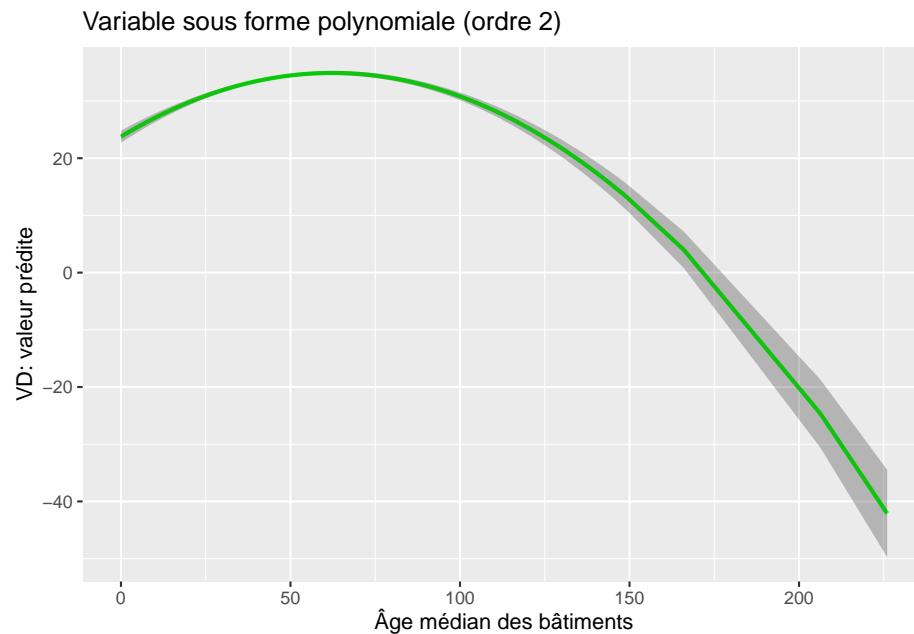


FIG. 5.19 : Effet marginal d'une variable avec un fonction polynomiale d'ordre 2

5.7.4.3 Effet marginal pour une variable transformée en logarithme

```
fitHabHa <- ggpredict(modele3, terms = "HABHA")

ggplot(fitHabHa, aes(x, predicted)) +
  geom_line(color = 'blue', size = 1) +
  geom_ribbon(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .3) +
  labs(y="VD: valeur prédictée", x = "Habitants km2")
```

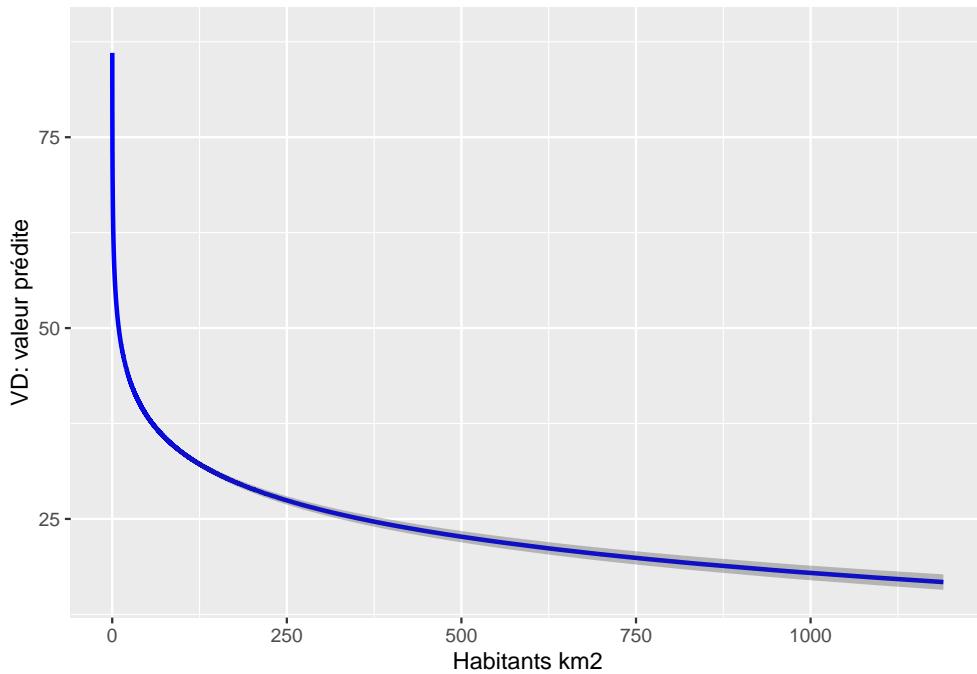


FIG. 5.20 : Effet du logarithme de la densité

5.7.4.4 Effet marginal pour une variable dichotomique

```
# Valeurs prédites selon le modèle avec la variable dichotomique
fitVilleMtl <- ggpredict(modele4, terms = "VilleMtl")

# Graphique
ggplot(fitVilleMtl, aes(x=x, y=predicted)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = position_dodge(), fill="wheat") +
  geom_errorbar(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .9, position = position_dodge())+
  labs(title="Effet marginal de la Ville de Montréal sur la végétation",
       x="Municipalités de la région de Montréal",
       y="Couverture végétation de l'îlot (%)")+
  scale_x_continuous(breaks=c(0,1),
                     labels = c("Autre municipalité", "Ville de Montréal"))
```

5.7.4.5 Effet marginal pour une variable polytomique

```
# Valeurs prédites selon le modèle avec la variable polytomique
fitVilles <- ggpredict(modele5, terms = "Munic")

# Graphique
Graphique <- ggplot(fitVilles, aes(x=x, y=predicted)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = position_dodge(), fill="wheat") +
```

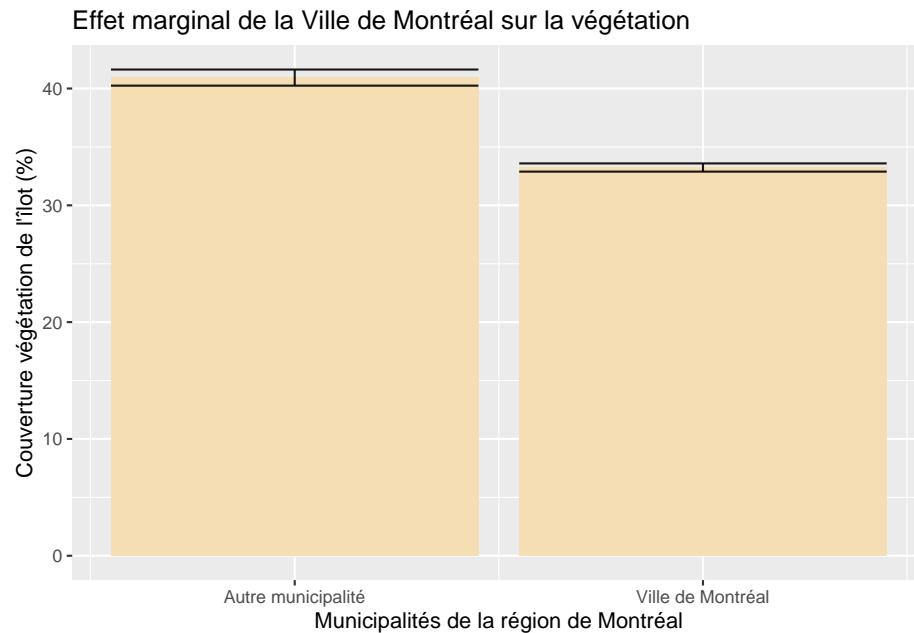


FIG. 5.21 : Effet marginal d'une variable dichotomique

```
geom_errorbar(aes(ymin = conf.low, ymax = conf.high), alpha = .9, position = position_dodge())+
  labs(title = "Effet marginal de la Ville de Montréal sur la végétation",
       x = "Municipalités de la région de Montréal",
       y = "Couverture végétation de l'îlot (%)")

# Rotation du graphique
Graphique + coord_flip()
```

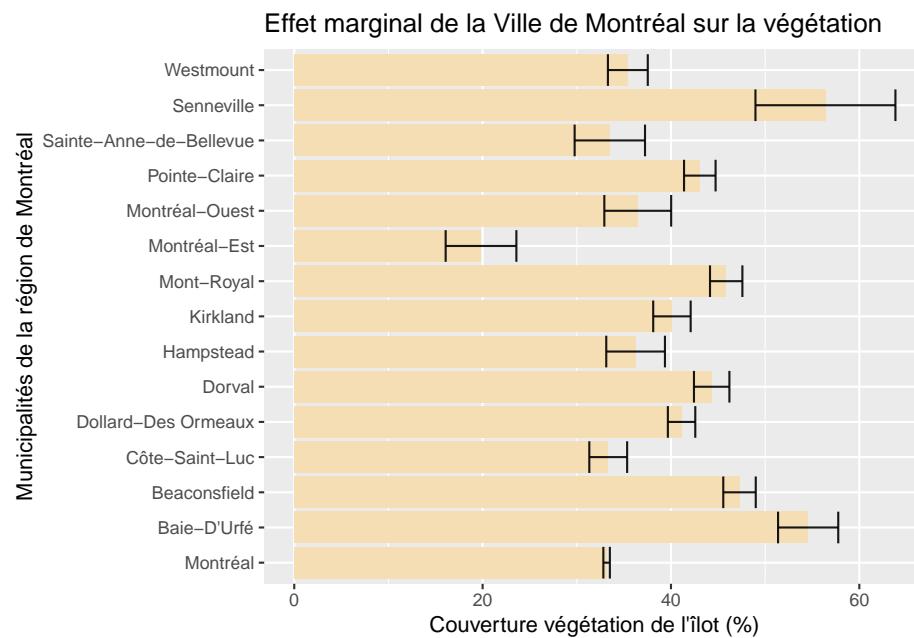


FIG. 5.22 : Effet marginal d'une variable polytomique

5.7.4.6 Effet marginal pour une variable d'interaction (deux VI continues)

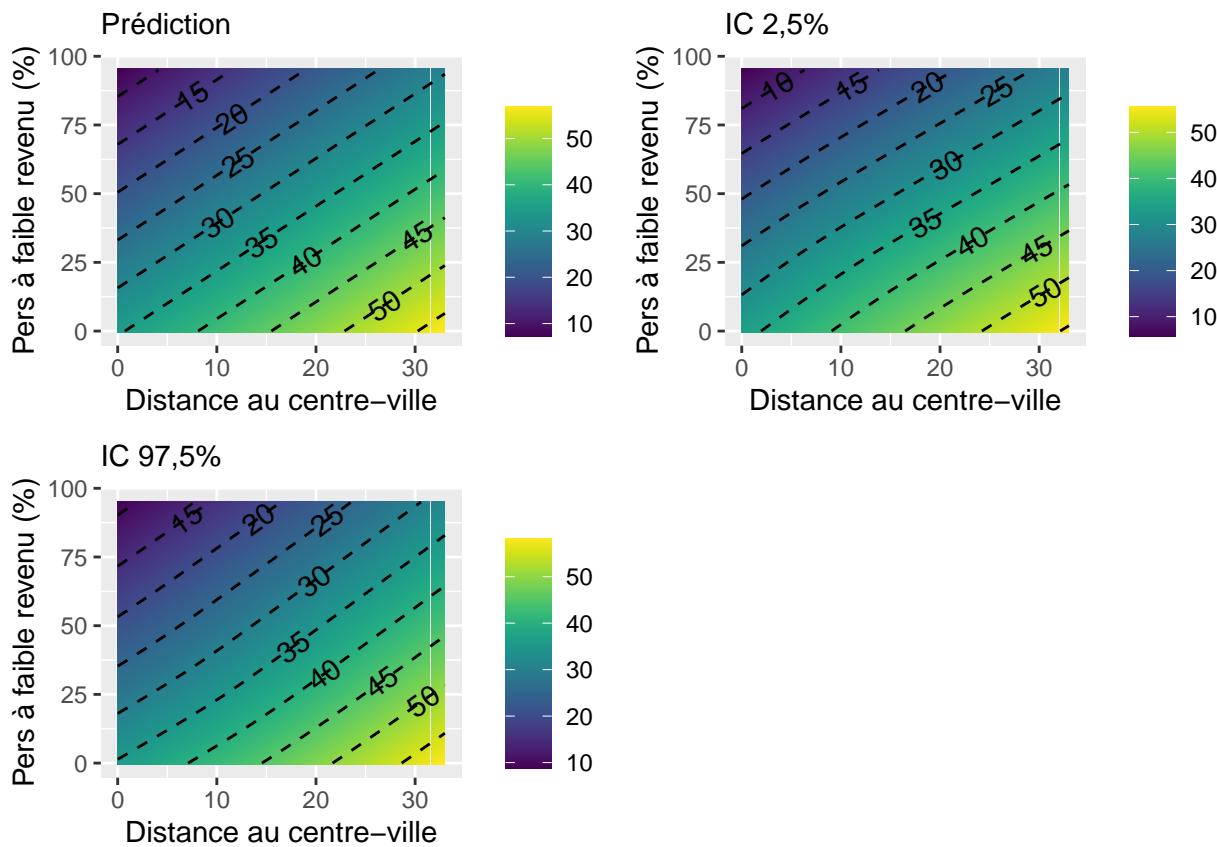


FIG. 5.23 : Effet marginal de l'interraction entre deux variables continues

5.7.4.7 Effet marginal pour une variable d'interaction (une VI continue et une VI dichotomique)

5.8 Régression linéaire multiple robuste

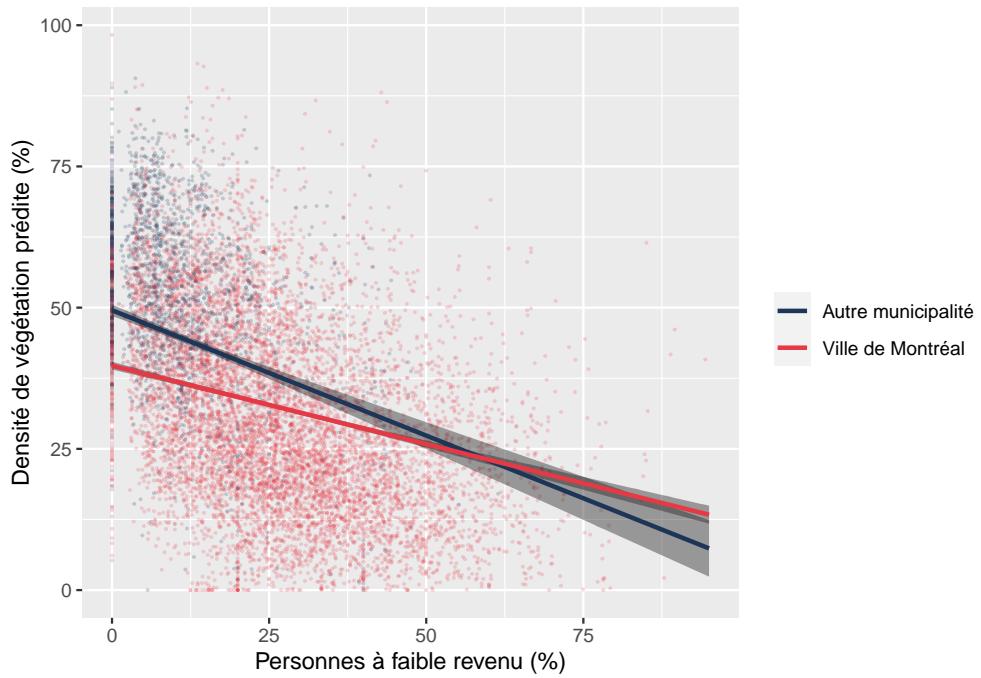


FIG. 5.24 : Graphique de l'effet marginal de l'interraction entre une variable quantitative et qualitative

Chapitre 6

Régressions linéaires généralisées (GLM)



Les modèles linéaires généralisés

Dans cette section, nous présenterons les modèles linéaires généralisés plus communément appelés GLM (*generalized linear models* en anglais). Il s'agit d'une extension directe du modèle de régression linéaire multiple (LM) basé sur la méthode des moindres carrés ordinaires, décrit dans le chapitre précédent. Pour aborder cette section sereinement, il est important d'avoir bien compris le concept de distribution présenté dans la section (section 2.4). À la fin de cette section, vous serez en mesure de :

- comprendre la distinction entre un modèle LM classique et un GLM
- identifier les composantes d'un GLM
- interpréter les résultats d'un GLM
- effectuer les diagnostics d'un GLM

6.1 Qu'est qu'un modèle GLM?

Nous avons vu qu'une régression linéaire multiple (LM) ne peut être appliquée que si la variable dépendante analysée est continue et si elle est normalement distribuée, une fois les variables indépendantes contrôlées. Il s'agit d'une limite très importante puisqu'elle ne peut être utilisée pour modéliser et prédire des variables binaires, multinomiales, de comptage, ordinaires ou plus simplement des données anormalement distribuées. Une seconde limite importante des LM est que l'influence des variables indépendantes sur la variable dépendante ne peut être que linéaire. L'augmentation d'une unité de X conduit à une augmentation (ou diminution) de β (coefficients de régression) unités de Y , ce qui n'est pas toujours représentatif des phénomènes étudiés. Afin de dépasser ces contraintes, Nelder and Wedderburn (1972) ont proposé une extension des modèles LM, soit les modèles linéaires généralisés (GLM).

6.1.1 Formulation d'un GLM

Puisqu'un modèle GLM est une extension des modèles LM, il est possible de traduire un modèle LM sous forme d'un GLM. Nous utilisons ce point de départ pour détailler la morphologie d'un GLM. Nous avons vu dans la section précédente qu'un modèle LM correspond à la formule suivante (notation matricielle) :

$$Y = \beta_0 + X\beta + \epsilon \tag{6.1}$$

Avec β_0 la constante (*intercept* en anglais) et β un vecteur de coefficients de régression pour les k variables indépendantes (X).

D'après cette formule, nous modélisons la variable Y avec une équation de régression linéaire et un terme d'erreur que l'on estime être normalement distribué. Nous pouvons reformuler ce simple LM sous forme d'un GLM avec l'écriture suivante :

$$\begin{aligned} Y &\sim \text{Normal}(\mu, \sigma) \\ g(\mu) &= \beta_0 + \beta X \\ g(x) &= x \end{aligned} \tag{6.2}$$

Pas de panique ! Cette écriture se lit comme suit : La variable Y est issue d'une distribution normale ($Y \sim \text{Normal}$) avec deux paramètres : μ (sa moyenne) et σ (son écart type). μ varie en fonction d'une équation de régression linéaire ($\beta_0 + \beta X$) transformée par une fonction de lien g (définie plus tard). Dans ce cas précis, la fonction de lien est appelée fonction identitaire puisqu'elle n'applique aucune transformation ($g(x) = x$). Vous noterez ici que le second paramètre de la distribution normale σ (paramètre de dispersion) est fixé et ne dépend donc pas des variables indépendantes à la différence de μ . Dans ce modèle spécifiquement, les paramètres à estimer sont : σ , β_0 , et β . Notez que dans la notation traditionnelle, la fonction de lien est appliquée au paramètre modélisé. Il est possible de renverser cette notation en utilisant la réciproque (g') de la fonction de lien (g) :

$$g(\mu) = \beta_0 + \beta X \iff \mu = g'(\beta_0 + \beta X) \text{ si } g'(g(x)) = x \tag{6.3}$$

Dans un modèle GLM, la distribution attendue de la variable Y est déclarée de façon explicite, ainsi que la façon dont nos variables indépendantes influencent cette distribution. Ici, c'est la moyenne (μ) de la distribution qui est modélisée, on s'intéresse donc au changement moyen de Y provoqué par les variables X .

Avec cet exemple, nous voyons les deux composantes supplémentaires d'un modèle GLM :

- La distribution supposée de la variable Y (ici la distribution normale)
- Une fonction de lien associant l'équation de régression formée par les variables indépendantes et un paramètre de la distribution retenue (ici la fonction identitaire et le paramètre μ).

Notez également que l'estimation des paramètres d'un modèle GLM (ici β_0 , βX et σ) ne se fait plus avec la méthode des moindres carrés ordinaires utilisée pour les modèles LM. À la place, la méthode par maximum de vraisemblance (*maximum likelihood*) est le plus souvent utilisée, mais certains *packages* utilisent également la méthode des moments (*method of moments*). Dans les deux cas, ces méthodes nécessitent des échantillons plus grands que la méthode des moindres carrés.

6.1.2 Autres distributions et rôle de la fonction de Lien

À première vue, on pourrait se demander pourquoi rajouter ces deux éléments puisqu'ils ne font que complexifier le modèle. Prenons donc un exemple appliqué au cas d'une variable binaire pour souligner la capacité de généralisation des modèles GLM. Admettons que nous souhaitons modéliser / prédire la probabilité qu'un cycliste décède lors d'une collision avec un véhicule motorisé. Notre variable dépendante est donc binaire (0 = survie, 1 = décès), et nous souhaitons la prédire avec trois variables continues que sont : la vitesse de déplacement du cycliste (x_1), la vitesse de déplacement du véhicule (x_2) et la masse du véhicule (x_3). Puisque Y n'est pas continue, il ne fait aucun sens d'assumer qu'elle est issue d'une distribution normale. Cependant, il est logique de supposer qu'elle provient d'une

distribution de Bernoulli (pour rappel, une distribution de Bernoulli permet de modéliser un phénomène ayant deux issues possibles comme un lancer de pièce de monnaie, section ??). Plus spécifiquement, nous pourrions formuler l'hypothèse que nos trois variables x_1 , x_2 et x_3 influencent le paramètre p (la probabilité d'occurrence de l'événement) d'une distribution de Bernoulli. À partir de ces premières hypothèses, nous pouvons écrire le modèle suivant :

$$\begin{aligned} Y &\sim \text{Bernoulli}(p) \\ g(p) &= \beta_0 + \beta X \\ g(x) &= x \end{aligned} \tag{6.4}$$

Toutefois, le résultat n'est pas entièrement satisfaisant. En effet, p est une probabilité et, par nature, ce paramètre devrait être compris entre 0 et 1 (entre 0 et 100% de «chances de décès», ni plus ni moins). L'équation de régression que nous utilisons actuellement peut produire des résultats compris en $+\infty$ et $-\infty$ pour p puisque rien ne contraint la somme $\beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3$ à être comprise entre 0 et 1. Il est possible de visualiser le problème soulevé par cette situation avec les figures suivantes. Admettons que nous ayons observé une variable Y binaire et que nous savons qu'elle est influencée par une variable X , qui plus elle augmente, plus la chance que Y soit 1 augmente (figure 6.1).

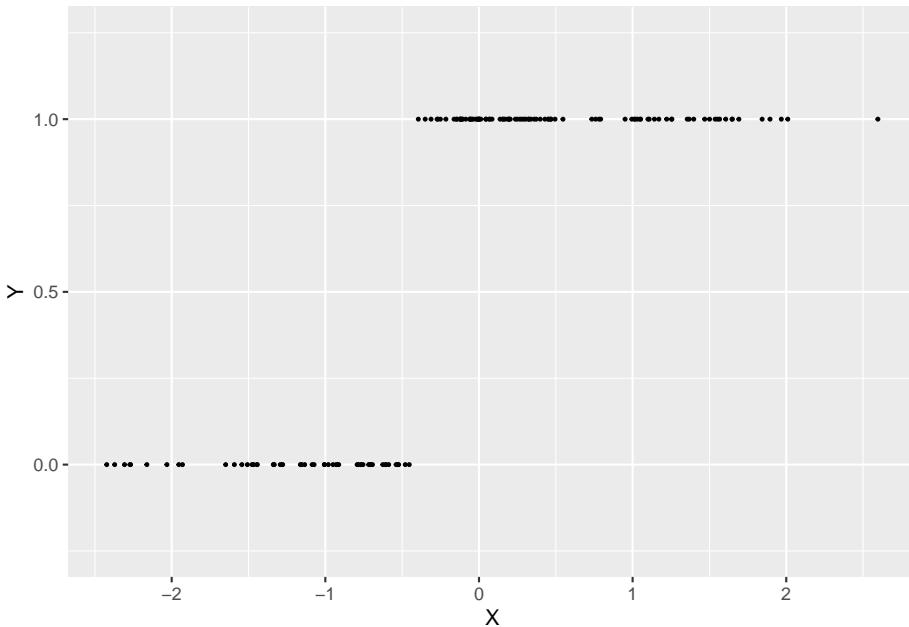


FIG. 6.1 : Exemple de données issues d'une distribution de Bernoulli

Si l'on utilise l'équation de régression actuelle, cela revient à trouver la droite la mieux ajustée passant dans ce nuage de points (figure 6.2).

Ce modèle semble bien cerner l'influence positive de X sur Y , mais la droite est au final très éloignée de chaque point, indiquant un faible ajustement du modèle. De plus, la droite prédit des probabilités négatives lorsque X est inférieur à $-2,5$ et des probabilités supérieures à 1 quand X est supérieur à 1. Elle est donc loin de bien représenter les données.

C'est ici qu'intervient la fonction de lien. La fonction identitaire n'est pas satisfaisante, nous devons la remplacer par une fonction qui conditionnera la somme $\beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3$ pour donner un résultat entre 0 et 1. Une candidate toute désignée est la fonction *sigmoidale*, plus souvent appelée la fonction *logistique*!

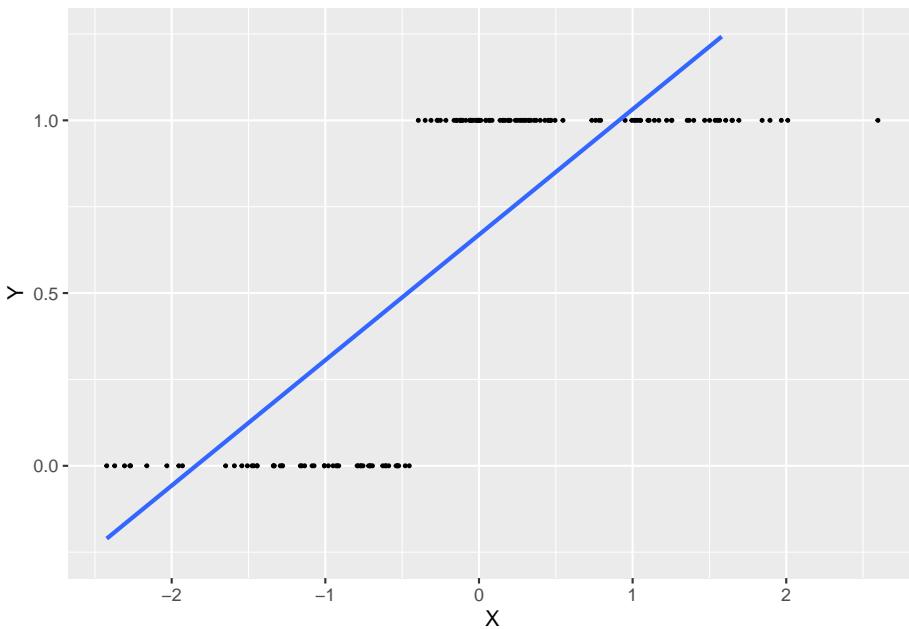


FIG. 6.2 : Ajustement d'une droite de régression aux données issues d'une distribution de Bernoulli

$$Y \sim Bernoulli(p)$$

$$S(p) = \beta_0 + \beta X$$

$$S(x) = \frac{e^x}{e^x + 1} \quad (6.5)$$

La fonction logistique prend la forme d'un S . Plus la valeur entrée dans la fonction est grande, plus le résultat produit par la fonction est proche de 1 et inversement. Si l'on reprend l'exemple précédent, on obtient le modèle à la figure 6.3.

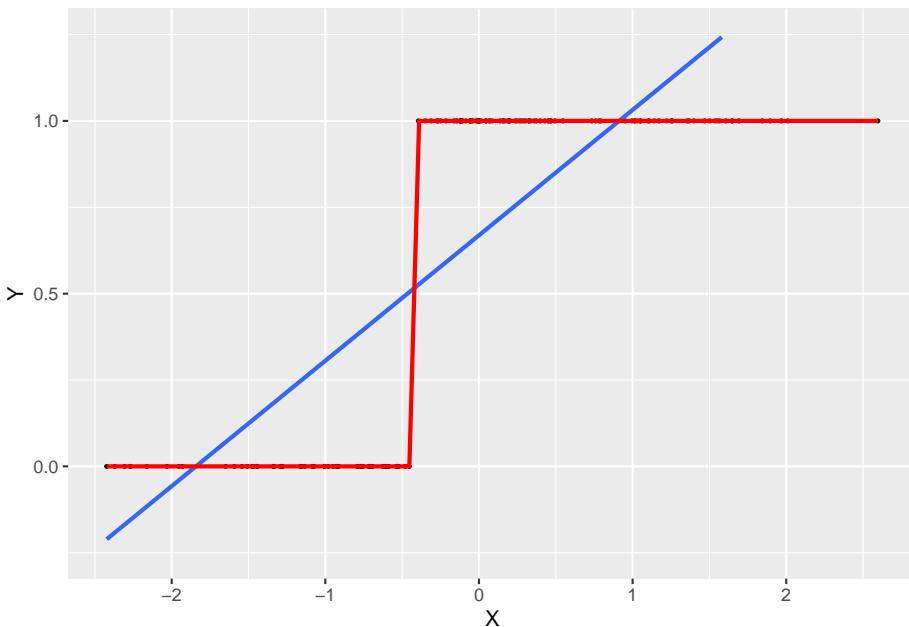


FIG. 6.3 : Utilisation de la fonction de lien logistique

Une fois cette fonction insérée dans le modèle, on constate qu'une augmentation de la somme $\beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_3$ conduit à une augmentation de la probabilité p et inversement, et que cet impact est non linéaire. Nous avons donc maintenant un GLM permettant de prédire la probabilité d'un décès lors d'un accident en combinant une distribution et une fonction de lien adéquates.

6.1.3 Conditions d'application

La famille des GLM englobe de (très) nombreux modèles du fait de la diversité de distributions existantes et des fonctions de liens utilisables. Cependant, certaines combinaisons sont plus souvent utilisées que d'autres. Nous présentons donc dans les prochaines sections les modèles GLM les plus communs. Les conditions d'application varient d'un modèle à l'autre en fonction du choix de la distribution, il existe cependant quelques conditions d'application communes à tous ces modèles :

- L'indépendance des observations (et donc des erreurs).
- L'absence de valeurs aberrantes / fortement influentes.
- L'absence de multicolinéarité excessive entre les variables indépendantes.

Ces trois conditions sont également valables pour les modèles LM tel qu'abordé dans le chapitre. La distance de *Cook* peut ainsi être utilisée pour détecter les potentielles valeurs aberrantes et le facteur d'inflation de la variance (*VIF*) pour détecter la multicolinéarité. Les conditions d'application particulières seront détaillées dans les sections dédiées à chaque modèle.

6.1.4 Résidus et déviance

Dans la section sur la régression linéaire simple, nous avions présenté la notion de résidu, soit l'écart entre la valeur prédictive par le modèle et la valeur observée (réelle) de Y . Pour un modèle GLM, ces résidus traditionnels ne sont pas très informatifs si la variable à modéliser est binaire, multinomiale ou même de comptage. Lorsque l'on travaille avec des GLM, on préférera utiliser trois autres formes des résidus, soit les résidus de Pearson, les résidus de déviance et les résidus simulés.

Les résidus de Pearson sont une forme ajustée des résidus classiques. On soustrait à la valeur observée la valeur attendue divisée par la racine carrée de la variance modélisée. Leur formule varie donc d'un modèle à l'autre puisque l'expression de la variance change en fonction de la distribution du modèle. Pour un modèle GLM Gaussien, il s'écrit :

$$r_i = \frac{y_i - \mu_i}{\sigma} \quad (6.6)$$

Pour un modèle GLM de Bernoulli, il s'écrit :

$$r_i = \frac{y_i - p_i}{\sqrt{p_i(1 - p_i)}} \quad (6.7)$$

Les résidus de déviance sont basés sur le concept de *likelihood* présenté dans la section 2.5.4.2. Pour rappel, le *likelihood*, ou la vraisemblance d'un modèle, correspond à la probabilité conjointe d'avoir observé les données Y selon le modèle étudié. Pour des raisons mathématiques (voir section 2.5.4.2), on préfère généralement calculer le *log likelihood*. Plus cette valeur est forte, moins le modèle se trompe. Cette interprétation est donc inverse à celle des résidus classiques, c'est pourquoi on multiplie le *log likelihood* par -2 pour retrouver une interprétation intuitive. Ainsi, pour chaque observation i , on peut calculer :

$$d_i = -2 * \log(P(y_i|M_e)) \quad (6.8)$$

Avec d_i le résidu de déviance, et $P(y_i|M_e)$ la probabilité d'avoir observé la valeur y_i selon le modèle étudié (M_e).

La somme de tous ces résidus est appelée la déviance totale du modèle.

$$D(M_e) = \sum_{i=1}^n -2 * \log(P(y_i|M_e)) \quad (6.9)$$

Il s'agit donc d'une quantité représentant à quel point le modèle est erroné vis-à-vis des données. Notez qu'en tant que telle, la déviance n'a pas d'interprétation directe, en revanche, elle est utilisée pour calculer des mesures d'ajustement des modèles GLM.

Les résidus simulés sont une avancée récente dans le monde des GLM, ils fournissent une définition et une interprétation harmonisée des résidus pour l'ensemble des modèles GLM. Dans la section sur les LM (ref), nous avions vu comment interpréter les graphiques des résidus pour détecter d'éventuels problèmes dans le modèle. Cependant, cette technique est bien plus compliquée à mettre en œuvre pour les GLM puisque la forme attendue des résidus varie en fonction de la distribution choisie pour modéliser Y . La façon la plus efficace de procéder est d'interpréter les graphiques des résidus simulés qui ont la particularité d'être **identiquement distribués, quel que soit le modèle GLM construit**. Ces résidus simulés sont compris entre 0 et 1, et sont calculés de la manière suivante :

- À partir du modèle GLM construit, simuler S fois (généralement 1000) une variable Y' avec autant d'observation (n) que Y . Cette variable simulée est une combinaison de la prédiction du modèle (coefficients et variables indépendantes) et de sa dispersion (variance). Ces simulations représentent des variations vraisemblables de la variable Y si le modèle est correctement spécifié. En d'autres termes, si le modèle représente bien le phénomène à l'origine de la variable Y , alors les simulations Y' issues du modèle devraient être proche de la variable Y originale. Pour une explication plus détaillée de ce que signifie simuler des données à partir d'un modèle, référez-vous au bloc attention intitulé *distinction entre simulation et prédiction*.
- Pour chaque observation, on obtient ainsi S valeurs formant une distribution, Ds_i , des valeurs simulées par le modèle pour cette observation.
- Pour chacune de ces distributions, on calcule la probabilité cumulative d'observer la vraie valeur Y_i d'après la distribution Ds_i . Cette valeur est comprise entre 0 (toutes les valeurs simulées sont plus grandes que Y_i) et 1 (toutes les valeurs simulées sont inférieures à Y_i).

Si le modèle est correctement spécifié, le résultat attendu est que la distribution de ces résidus est uniforme. En effet, il y a autant de chances que les simulations produisent des résultats supérieurs ou inférieurs à Y_i si le modèle représente bien le phénomène (Dunn and Smyth, 1996, Gelman and Hill (2006))). Si la distribution des résidus ne suit pas une loi uniforme, cela signifie que le modèle échoue à reproduire le phénomène à l'origine de Y ce qui doit nous alerter sur sa pertinence.

6.1.5 Vérifier l'ajustement

Il existe trois façons de vérifier l'ajustement d'un modèle GLM :

- utiliser des mesures d'ajustement (AIC, pseudo R2, déviance expliquée, etc.)

- comparer les distribution de la variable originale et celle des prédictions
- comparer les prédictions du modèle avec les valeurs originales.

Notez d'emblée que vérifier la qualité d'ajustement d'un modèle (ajustement aux données originales) ne revient pas à vérifier la validité d'un modèle (respect des conditions d'application). Cependant, ces dernières sont généralement liées, car un modèle mal ajusté a peu de chance d'être valide et inversement.

6.1.5.1 Les mesures d'ajustement

Les mesures d'ajustement sont des indicateurs plus ou moins arbitraires dont le principal intérêt est de faciliter la comparaison entre plusieurs modèles similaires. Il est nécessaire de les reporter, car dans certains cas, ils peuvent indiquer que des modèles sont très mal ajustés.

6.1.5.1.1 La déviance expliquée

Rappelons que la déviance d'un modèle est une quantité représentant à quel point le modèle est erroné. L'idée de l'indicateur de la déviance expliquée est d'estimer le pourcentage de la déviance maximale observable dans les données que le modèle est parvenu à expliquer. La déviance maximale observable dans les données est obtenue en utilisant la déviance totale du modèle nul (noté M_n , soit un modèle dans lequel aucune variable indépendante n'est ajoutée et ne comportant qu'une constante). Cette déviance est maximale puisqu'aucun prédicteur n'est présent dans le modèle. On calcule ensuite le pourcentage de cette déviance totale qui a été contrôlée par le modèle étudié (M_e).

$$\text{déviance expliquée} = \frac{D(M_n) - D(M_e)}{D(M_n)} = 1 - \frac{D(M_e)}{D(M_n)} \quad (6.10)$$

Il s'agit donc d'un simple calcul de pourcentage entre la déviance maximale ($D(M_n)$) et la déviance expliquée par le modèle étudié ($D(M_n) - D(M_e)$). Cet indicateur est compris entre 0 et 1, plus il est petit, plus la capacité de prédiction du modèle est faible. Attention, cet indicateur ne tient pas compte de la complexité du modèle. Ajouter une variable indépendante supplémentaire ne fait qu'augmenter la déviance expliquée, ce qui ne signifie pas que la complexification du modèle soit justifiée (**voir l'encadré sur le principe de parcimonie**, section 5.3.2).

6.1.5.1.2 Les pseudo R^2

Le R^2 est une mesure d'ajustement représentant la part de la variance expliquée dans un modèle linéaire classique. Cette mesure n'est pas directement transposable au cas des GLM puisqu'ils peuvent être appliqués à des variables non continues et anormalement distribuées. Toutefois, il existe des mesures semblables appelées pseudo R^2 , remplissant un rôle similaire. Notez cependant qu'ils ne peuvent pas être interprétés comme le R^2 classique (d'une régression linéaire multiple) : **ils ne représentent pas la part de la variance expliquée**. Ils sont compris dans l'intervalle 0 et 1; Plus leurs valeurs s'approchent de 1, plus l'ajustement est élevé.

En dehors du pseudo R^2 de MacFadden ajusté, aucune de ces mesures ne tient compte de la complexité du modèle. Il est cependant intéressant de les reporter, car des valeurs très faibles indiquent vraisemblablement un modèle avec une moindre capacité informative. À l'inverse, des valeurs trop fortes pourraient également indiquer un problème de surajustement (**voir de nouveau l'encadré sur le principe de parcimonie**, section 5.3.2).

TAB. 6.1 : Principaux pseudo R^2

Nom	Formule	Commentaire
MacFadden	$1 - \frac{\text{loglike}(M_e)}{\text{loglike}(M_n)}$	Le rapport des loglikelihood, très proche de la déviance expliquée
MacFadden ajusté	$1 - \frac{\text{loglike}(M_e) - K}{\text{loglike}(M_n)}$	Version ajustée du R^2 de MacFadden tenant compte du nombre de paramètre (K) dans le modèle
Efron	$1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}$	Rapport entre la somme des résidus classiques au carré (numérateur) et de la somme des écarts au carré à la moyenne (dénominateur). Notez que pour un GLM Gaussien, ce pseudo R^2 est identique au R^2 classique
Cox & Snell	$1 - e^{-\frac{2}{n}(\text{loglike}(M_e) - \text{loglike}(M_n))}$	Transformation de la déviance afin de la mettre sur une échelle de 0 à 1 (mais ne pouvant atteindre exactement 1)
Nagelkerke	$\frac{1 - e^{-\frac{2}{n}(\text{loglike}(M_e) - \text{loglike}(M_n))}}{1 - e^{-\frac{2 * \text{loglike}(M_n)}{n}}}$	Ajustement du R^2 de Cox et Snell pour que l'échelle de valeurs possibles puisse comporter 1 (attention car les valeurs de ce R^2 tendent à être toujours plus fortes que les autres)

6.1.5.1.3 Le critère d'information d'Akaike (AIC)

Probablement l'indicateur le plus répandu, sa formule est relativement simple car il s'agit seulement d'un ajustement de la déviance :

$$AIC = D(M_e) + 2K \quad (6.11)$$

Avec K le nombre de paramètres à estimer dans le modèle (coefficients, paramètres de distribution, etc.).

Le AIC n'a pas d'interprétation directe, mais permet de comparer deux modèles imbriqués (voir section 5.3.2). Plus le AIC est petit, mieux le modèle est ajusté. L'idée derrière cet indicateur est relativement simple. Si la déviance D est grande, alors le modèle est mal ajusté. Ajouter des paramètres (des coefficients pour de nouvelles variables X par exemple) ne peut que réduire D , mais cette réduction n'est pas forcément suffisamment grande pour justifier la complexification du modèle. Le AIC pondère donc D en lui ajoutant 2 fois le nombre de paramètres du modèle. Un modèle plus simple (avec moins de paramètres) parvenant à une même déviance est préférable à un modèle complexe (principe de parcimonie ou du rasoir d'Ockham), ce que permet de «quantifier» le AIC . Attention, le AIC **ne peut pas être utilisé pour comparer des modèles non imbriqués**. Notez que d'autres indicateurs similaires comme le $WAIC$, le BIC et le DIC sont utilisés dans un contexte d'inférence bayésienne. Retenez simplement que ces indicateurs sont conceptuellement proches du AIC et s'interprètent (à peu de choses près) de la même façon.

6.1.5.2 Comparer les distributions originale et prédictes

Une façon rapide de vérifier si un modèle est mal ajusté est de comparer la forme de la distribution originale et celle capturée par le modèle. L'idée est la suivante, si le modèle est bien ajusté aux données, il est possible de se servir de celui-ci pour générer de nouvelles données dont la distribution ressemble à celle des données originales. Si une différence importante est observable, alors les résultats du modèle ne sont pas fiables car le modèle échoue à reproduire le phénomène étudié. Cette lecture graphique ne permet pas de s'assurer que le modèle est valide ou bien ajusté, mais simplement d'écartier rapidement les mauvais candidats. Notez que cette méthode ne s'applique pas lorsque la variable modélisée est binaire, multinomiale ou ordinale. Le graphique à réaliser comprend donc la distribution de la variable dépendante Y (représentée avec un histogramme ou un graphique de densité) et plusieurs distributions simulées à partir du modèle. Cette approche est plus répandue dans la statistique bayésienne, mais elle

reste pertinente dans l'approche fréquentiste. Il est rare de reporter ces figures, mais elles doivent faire partie de votre diagnostic.



Distinction entre simulation et prédition

Notez ici que **simuler des données** à partir d'un modèle et **effectuer des prédictions** à partir d'un modèle sont deux opérations différentes. Prédire une valeur à partir d'un modèle revient simplement à appliquer son équation de régression à des données. Si l'on réutilise les mêmes données, la prédition renvoie toujours le même résultat, il s'agit de la partie systématique du modèle. Pour illustrer cela, admettons que nous ayons ajusté un modèle GLM de type gaussien (fonction de lien identitaire) avec trois variables continues X_1 , X_2 et X_3 et des coefficients respectifs de 0,5, 1,2 et 1,8 ainsi qu'une constante de 7. Nous pouvons utiliser ces valeurs pour prédire la valeur attendue de Y quand $X_1 = 3$, $X_2 = 5$ et $X_3 = 5$:

$$\text{Prediction} = 7 + 3 * 0,5 + 5 * 1,2 + 1,8 * 5 = 23,5$$

En revanche, simuler des données à partir d'un modèle revient à ajouter la dimension stochastique (aléatoire) du modèle. Puisque notre modèle GLM est gaussien, il comporte un paramètre σ (son écart type); admettons pour cet exemple qu'il soit de 1,2. Ainsi, avec les données précédentes, il est possible de simuler un ensemble infini de valeurs dont la distribution est la suivante : $\text{Normal}(\mu = 23,5, \sigma = 1,2)$. 95% du temps, ces valeurs simulées se trouveront dans l'intervalle 21,1-25,9 ($\mu - 2\sigma$; $\mu + 2\sigma$), puisque cette distribution est normale. Les valeurs simulées dépendent donc de la distribution choisie pour le modèle et de l'ensemble des paramètres du modèle, pas seulement de l'équation de régression.

Si vous aviez à ne retenir qu'une seule phrase de ce bloc, retenez que la prédition ne se réfère qu'à la partie systématique du modèle (équation de régression), alors que la simulation incorpore la partie stochastique (aléatoire) de la distribution du modèle. Deux prédictions effectuées sur des données identiques donnent des résultats identiques, ce qui n'est que rarement le cas pour la simulation.

6.1.5.3 Comparer les prédictions du modèle avec les valeurs originales

Dans le meilleur des mondes, les prédictions d'un modèle devraient être proches des valeurs réelles observées. Si ce n'est pas le cas, alors le modèle n'est pas fiable et ses paramètres ne sont pas informatifs. Dépendamment de la nature de la variable modélisée (quantitative ou qualitative), plusieurs approches peuvent être utilisées pour quantifier l'écart entre valeurs réelles et valeurs prédictes.

6.1.5.3.1 Pour une variable quantitative

La mesure la plus couramment utilisée pour une variable continue est l'erreur moyenne quadriatique (*Root Mean Square Error – RMSE* en anglais).

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{n}} \quad (6.12)$$

Il s'agit donc de la racine carrée de la moyenne des écarts au carré entre valeurs réelles et prédictions. Le *RMSE* est exprimé dans la même unité que la donnée originale et nous donne donc une indication sur l'erreur moyenne de la prédition du modèle. Admettons par exemple que nous modélisions les niveaux de bruit environnemental en ville en décibels et que notre modèle de régression ait un *RMSE* de 3,5. Cela signifierait qu'en moyenne notre modèle se trompe de 3,5 décibels (erreur pouvant être négative ou positive) ce qui serait énorme (3 décibels correspondent à une multiplication par deux de l'intensité sonore) et nous amènerait à reconsidérer la fiabilité du modèle. Notez que l'usage d'une moyenne quadratique plutôt qu'une moyenne arithmétique permet de donner plus d'impact aux larges

erreurs et donc de pénaliser davantage des modèles faisant parfois des grosses erreurs de prédiction. Le *RMSE* est donc très sensible à la présence de valeurs aberrantes. À la place de la moyenne quadratique, il est possible d'utiliser la simple moyenne arithmétique des valeurs absolues des erreurs (*MAE*). Cette mesure est cependant moins souvent utilisée :

$$MAE = \frac{\sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|}{n} \quad (6.13)$$

Ces deux mesures peuvent être utilisées pour comparer la capacité de prédiction de deux modèles appliqués aux mêmes données, même s'ils ne sont pas imbriqués. Elles ne permettent cependant pas de prendre en compte de la complexité du modèle. Un modèle plus complexe aura toujours un *RMSE* et un *MAE* plus petits.

6.1.5.3.2 Pour une variable qualitative

Lorsque l'on modélise une variable qualitative, une erreur revient à prédire la mauvaise catégorie pour une observation. Il ainsi possible de compter pour un modèle le nombre de bonnes et de mauvaises prédictions et d'organiser cette information dans une **matrice de confusion**. Cette dernière prend la forme suivante pour un modèle binaire :

En colonne du tableau 6.2, nous avons les catégories observées et en ligne les catégories prédictes. La diagonale représente les prédictions correctes. Dans le cas présent, le modèle a bien catégorisé 35 (15 + 20) observations sur 43, soit une précision totale de 81,4% ; huit sont mal classifiés (18,6%) ; cinq avec la modalité A ont été catégorisés comme des B, soit 20% des A, et seuls trois B ont été catégorisés comme des A (13%).

Le matrice ci-dessus 6.2 ne comporte que deux catégories possibles, la variable Y modélisée était donc une variable binaire. Il est possible d'étendre facilement le concept de matrice de confusion au cas des variables avec plus de deux modalités (multinomiale). Le tableau 6.3 est un exemple de matrice de confusion multinomiale.

Trois mesures pour chaque catégorie peuvent être utilisée pour déterminer la capacité de prédiction du modèle :

- La précision (*precision* en anglais), soit le nombre de fois où une classe a été correctement prédictée, divisée par le nombre de fois où la classe a été prédictée.
- Le rappel (*recall* en anglais), soit le nombre de fois où une classe a été correctement prédictée, divisée par le nombre de fois où elle se trouve dans les données originales.
- Le score $F1$ est la moyenne harmonique entre la précision et le rappel :

$$F1 = 2 * \frac{\text{précision} * \text{rappel}}{\text{précision} + \text{rappel}} \quad (6.14)$$

Tab. 6.2 : Exemple de matrice de confusion

Valeur prédictée / Valeur réelle	A	B	Total (%)
A	15	3	18 (41,9)
B	5	20	25 (51,1)
Total (%)	20 (46,6)	23 (53,5)	43 (81,4)

TAB. 6.3 : Exemple de matrice de confusion multinomiale

Valeur prédictive / Valeur réelle	A	B	C	D	Total (%)
A	15	3	1	5	24 (18,7)
B	5	20	2	12	39 (30,4)
C	2	10	25	8	45 (35,2)
D	1	0	5	14	20 (15,6)
Total (%)	23 (18,1)	33 (25,7)	33 (25,7)	39 (30,5)	128

Il est possible de calculer les moyennes pondérées des différents indicateurs (macro-indicateurs) afin de disposer d'une valeur d'ensemble pour le modèle. La pondération est faite en fonction du nombre de cas réel de chaque catégorie ; l'idée étant qu'il est moins grave d'avoir des indicateurs plus faibles pour des catégories moins fréquentes. Cependant, il est tout à fait possible que cette pondération ne soit pas souhaitable. C'est par exemple le cas dans de nombreuses études en santé portant sur des maladies rares ou l'attention est concentrée sur ces catégories peu fréquentes. Le coefficient de Kappa (indicateur de 0 à 1) peut aussi être utilisé pour quantifier la fidélité générale de la prédiction du modèle. Pour l'interprétation du coefficient de Kappa, référez-vous au tableau 6.5. Enfin, un test statistique basé sur la distribution binomiale peut être utilisé pour vérifier que le modèle atteint un niveau de précision supérieur au seuil de non-information. Ce seuil correspond à la proportion de la modalité la plus présente dans le jeu de donnée. Dans la matrice de confusion utilisée ci-dessus, ce seuil est de 30,5% (catégorie D), ce qui signifie qu'un modèle prédisant tout le temps la catégorie D aurait une précision de 30,5% pour cette catégorie. Il est donc nécessaire que notre modèle fasse mieux que ce seuil. Dans le cas de la matrice de confusion précédente, nous obtenons donc les valeurs suivantes :

Dans le cas de la matrice de confusion du tableau 6.3, nous obtenons donc les valeurs affichées dans le tableau 6.4.

À la lecture du tableau 6.4, nous remarquons que :

- la catégorie D est la moins bien prédite des quatre catégories (faible précision et faible rappel).
- La catégorie C a une forte précision, mais un faible rappel, ce qui signifie que de nombreuses observations étant originellement des A, B ou D ont été prédites comme des C. Ce constat est également vrai pour la catégorie B.
- Le coefficient de Kappa indique un accord modéré entre les valeurs originales et la prédiction.
- La probabilité que la précision du modèle ne dépasse pas le seuil de non information est inférieur à 0,001, indiquant que le modèle à une précision supérieure à ce seuil.

TAB. 6.4 : Indicateurs de qualité de prédiction

	précision	rappel	F1
A	65,2	31,3	42,3
B	60,6	25,6	36,0
C	75,8	27,8	40,7
D	35,9	35,0	35,4
macro	57,8	30,0	38,2
Kappa	0,44		
Valeur de p (précision > NIR)	<0,0001		

TAB. 6.5 : Interprétation des valeurs du coefficient de Kappa

K	Interprétation
< 0	Désaccord
0 - 0,20	Accord très faible
0,21 - 0,40	Accord faible
0,41 - 0,60	Accord modéré
0,61 - 0,80	Accord fort
0,81 - 1	Accord presque parfait

6.1.6 Comparer deux modèles GLM

Comme nous avons pu le voir dans la section sur les régressions linéaires classiques, il est courant de comparer plusieurs modèles imbriqués. Cette procédure permet de déterminer si l'ajout d'une ou de plusieurs variables contribue à significativement améliorer le modèle. Il est possible d'appliquer la même démarche aux GLM à l'aide du test de rapport de vraisemblance (*likelihood ratio test*). L'idée derrière ce test est de comparer le *likelihood* de deux modèles GLM imbriqués, la valeur de ce test se calcule avec l'équation suivante :

$$LR = 2(\text{loglik}(M_2) - \text{loglik}(M_1)) \quad (6.15)$$

Avec M_2 un modèle reprenant toutes les variables du modèle M_1 , impliquant donc que $\text{loglik}(M_2) >= \text{loglik}(M_1)$.

L'idée derrière ce test est que le modèle M_2 comporte plus de paramètres que le modèle M_1 et devrait donc être mieux ajusté aux données. Si c'est bien le cas, la différence entre les *loglikelihood* de deux modèles devrait être supérieure à 0. La valeur calculée LR suit une distribution du Chi² avec un nombre de degrés de liberté égal au nombre de paramètres supplémentaire dans le modèle M_2 comparativement à M_1 . Avec ces deux informations, il est possible de déterminer la valeur de p associée à ce test et de déterminer si M_2 est significativement mieux ajusté que M_1 aux données. Notez qu'il existe aussi deux autres tests (test de Wald et test de Lagrange) ayant la même fonction. Il s'agit dans les deux cas d'approximation du test de rapport des vraisemblances dont la puissance statistique est inférieure au test de rapport de vraisemblance (Neyman et al., 1933).

6.2 Les principaux modèles GLM

Dans cette section, nous décrirons les principaux modèles GLM utilisés. Il en existe de nombreuses variantes que nous ne pouvons pas toutes mentionner ici. L'objectif est donc de comprendre les rouages de ces modèles afin de pouvoir en cas de besoin reporter ces connaissances sur des modèles plus spécifiques. Pour faciliter la lecture de cette section, nous vous proposons une carte d'identité de chacun des modèles présentés. Elles contiennent l'ensemble des informations pertinentes à retenir pour chaque modèle.

6.2.1 Les modèles GLM pour des variables qualitatives

Nous abordons en premier les principaux GLM utilisés pour modéliser des variables binaires, multinomiales et ordinaires. Prenez bien le temps de saisir le fonctionnement du modèle logistique binomial car il sert de base pour les trois autres modèles présentés.

6.2.1.1 Le modèle logistique binomial

Le modèle logistique binomial est une généralisation du modèle de Bernoulli que nous avons présenté dans l'introduction de cette section. Le modèle logistique binomiale couvre donc deux cas de figure :

1. La variable observée est binaire (0 ou 1). Dans ce cas, le modèle logistique binomiale devient un simple modèle de Bernoulli.
2. La variable observée est un comptage (nombre de réussites) et on dispose d'une autre variable avec le nombre de réplications de l'expérience. Par exemple, pour chaque intersection d'un réseau routier, nous pourrions avoir le nombre de décès à vélo (variable Y de comptage) et le nombre de collisions vélo / automobile (variable quantifiant le nombre d'expérience, chaque collision étant une expérience). Spécifiquement, on tente de prédire le paramètre p de la distribution binomiale à l'aide de notre équation de régression et la fonction logistique comme fonction de lien.

6.2.1.1.1 Interprétation des paramètres

Les seuls paramètres à estimer du modèle sont les coefficients β_0 et β . La fonction de lien logistique transforme la valeur de ces coefficients, en conséquence, ils ne peuvent plus être interprétés simplement. β_0 et β sont des logarithmes de rapports de cote (*log odd ratio*). Le rapport de cote est relativement facile à interpréter. Pour l'obtenir, il suffit d'utiliser la fonction exponentielle (l'inverse de la fonction logarithmique) pour passer des log rapport de cote à de simples rapport de cote. Donc si $\exp(\beta)$ est inférieur à 1, il réduit la probabilité d'observer l'événement et inversement si $\exp(\beta)$ est supérieur à 1.

Par exemple, admettons que nous ayons eu un coefficient β_1 de 1,2 pour une variable X_1 dans une régression logistique. Il est nécessaire d'utiliser son exponentiel pour l'interpréter de façon intuitive. $\exp(1,2) = 3,32$, ce qui signifie que lorsque l'on augmente X_1 d'une unité, on multiplie les chances par 3,32 d'observer 1 plutôt que 0 comme valeur de Y . Admettons maintenant que β_1 vaille -1,2, on calcule donc $\exp(-1,2) = 0,30$, ce qui signifie qu'à chaque augmentation d'une unité de X_1 , on multiplie les chances par 0,30 d'observer 1 plutôt que 0 comme valeur de Y . En d'autres termes, on divise par 3,33 ($1/0,30 = 3,33$) les chances d'observer 1 plutôt que 0, soit une diminution de 70% ($1 - 0,3 = 0,7$) des chances d'observer 1 plutôt que 0.



Les rapports de cotes

Le rapport de cote ou rapport des chances est une mesure utilisée pour exprimer l'effet d'un facteur sur une probabilité très utilisé dans le domaine de la santé, mais aussi des paris. Prenons un exemple concret avec le

TAB. 6.6 : Carte d'identité du modèle logistique binomial

Type de variable dépendante	Variable binaire (0 ou 1) ou comptage de réussite à une expérience (ex : 3 réussites sur 5 expériences)
Distribution utilisée	Binomiale
Formulation	$Y \sim Binomial(p)$ $g(p) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = \log(\frac{x}{1-x})$
Fonction de lien	logistique
Paramètre modélisé	p
Paramètres à estimer	β_0, β
Conditions d'application	Non-séparation complète, Absence de surdispersion ou sousdispersion

port du casque à vélo. Si sur 100 accidents impliquant des cyclistes portant un casque on observe seulement 3 cas de blessures graves à la tête, contre 15 dans un second groupe de 100 cyclistes ne portant pas de casques, on peut calculer le rapport de cote suivant :

$$\frac{p(1-q)}{q(1-p)} = \frac{0,15 * (1 - 0,03)}{0,03 * (1 - 0,15)} = 5,71 \quad (6.16)$$

avec p la probabilité d'observer le phénomène (ici la blessure grave à la tête) dans le groupe 1 (ici les cyclistes sans casque) et q la probabilité d'observer le phénomène dans le groupe 2 (ici les cyclistes avec un casque). Ce rapport de cote indique que les cyclistes sans casques ont 5,71 fois plus de chances de se blesser gravement à la tête lors d'un accident que ceux portant un casque.

6.2.1.1.2 Les conditions d'application

La non-séparation complète signifie qu'aucune des variables X n'est, à elle seule, capable de parfaitement distinguer les deux catégories 0 et 1 de la variable Y . Dans un tel cas de figure, les algorithmes d'ajustement utilisés pour estimer les paramètres des modèles sont incapables de converger. Notez aussi l'absurdité de créer un modèle pour prédire une variable Y si une variable X est capable à elle seule de la prédire à coup sûr. Ce problème est appelé un effet de Hauck-Donner, il est assez facile de le repérer, car la plupart du temps les fonctions de R signalent ce problème (message d'erreur sur la convergence). Sinon, des valeurs extrêmement élevées ou faibles pour certains rapports de cote peuvent aussi indiquer un effet de Hauck-Donner.

La surdispersion est un problème spécifique aux distributions n'ayant pas de paramètre de dispersion (binomiale, poisson, exponentielle, etc.), pour lesquelles la variance dépend directement de la moyenne. On parle de surdispersion lorsque dans un modèle les résidus (ou erreurs) sont plus dispersés de ce que suppose la distribution utilisée. À l'inverse, il est aussi possible (mais rare) d'observer de cas de sous-dispersion (lorsque la dispersion des résidus est plus petite que ce que suppose la distribution choisie). Ce cas de figure se produit généralement lorsque le modèle parvient à réaliser une prédiction trop précise pour être fiable. Si vous rencontrez une forte sous-dispersion, cela signifie souvent que l'un de vos prédicteurs provoque une séparation complète. La meilleure option dans ce cas est de supprimer le prédicteur en question du modèle. La variance attendue d'une distribution binomiale est $nb * p * (1-p)$, soit le produit entre le nombre de tirages, la probabilité de réussite et la probabilité d'échec. À titre d'exemple, si l'on considère une distribution binomiale avec un seul tirage et 50% de chances de réussite, sa variance serait : $1 \times 0,5 \times (1 - 0,5) = 0,25$.

On peut observer de la surdispersion dans un modèle binomial logistique pour plusieurs raisons :

- Il manque des variables importantes dans le modèle, conduisant à un mauvais ajustement et donc une surdispersion des erreurs.
- Les observations ne sont pas indépendantes, impliquant qu'une partie de la variance n'est pas contrôlée et augmente les erreurs.
- La probabilité de succès de chaque expérience varie d'une répétition à l'autre (différentes distributions).

La conséquence directe de la surdispersion est la sous-estimation de la variance des coefficients de régression. En d'autres termes, la surdispersion conduire à sous-estimer notre incertitude quant aux coefficients obtenus et réduire les valeurs de p calculées pour ces coefficients. Les risques de trouver des résultats significatifs à cause des fluctuations d'échantillonnage augmentent.

Pour détecter de la surdispersion ou de la sousdispersion dans un modèle logistique binomial, il est possible d'observer les résidus de déviance du modèle. Ces derniers sont supposés suivre une distribution du Chi² avec $n-k$ degrés de liberté (avec n le nombre d'observations et k le nombre de coefficients dans le modèle). Par conséquent, la somme des résidus de déviance d'un modèle logistique binomiale divisée par le nombre de degrés de liberté devrait être proche de 1. Une légère déviation (jusqu'à 0,15 au-dessus ou au-dessous de 1) n'est pas alarmante, au-delà il est nécessaire d'ajuster le modèle.

Notez que si la variable Y modélisée est exactement binaire (chaque expérience est indépendante et n'est composée que d'un seul tirage) et que le modèle utilise donc une distribution de Bernoulli, le test précédent pour détecter une éventuelle surdispersion n'est pas valide. Hilbe (2009) parle de surdispersion implicite pour le modèle de Bernoulli et recommande notamment de toujours ajuster les erreurs standards des modèles utilisant des distributions de Bernoulli, binomiale et Poisson. Pour cela, il est possible d'utiliser ce que l'on appelle des quasi-distributions, ou des estimateurs robustes (Zeileis, 2004).

6.2.1.1.3 Exemple appliqué dans R

Présentation des données

Pour illustrer le modèle logistique binomial, nous utilisons ici un jeu de données proposé par l'Union européenne : l'enquête de déplacement sur la demande pour des systèmes de transports innovants¹. Pour cette enquête, un échantillon de 1000 individus représentatifs de la population a été constitué dans chacun des 26 États membres de l'UE, soit un total de 26000 observations. Pour chaque individu, plusieurs informations ont été collectées, relatives à la catégorie socioprofessionnelle, le mode de transport le plus fréquent, le temps du trajet de son déplacement le plus fréquent et son niveau de sensibilité à la cause environnementale. Nous modélisons ici la probabilité qu'un individu déclare utiliser le plus fréquemment le vélo comme moyen de transport. Les variables explicatives sont résumées dans au tableau 6.7. Il existe bien évidemment un grand nombre de facteurs au niveau individuel qui impactent la prise de décision sur le mode de transport. Les résultats de ce modèle ne doivent donc pas être pris avec un grand sérieux ; il est uniquement construit à des fins pédagogiques, et ce, sans cadre conceptuel solide.

Vérification des conditions d'application

La première étape de la vérification des conditions d'application est de calculer les valeurs du facteur d'inflation de variance (VIF) pour s'assurer de l'absence de multicolinéarité trop forte entre les variables indépendantes. L'ensemble des valeurs de VIF sont inférieures à 5, indiquant l'absence de multicolinéarité excessive dans le modèle.

```
library(car)

# Chargement des données
dfenquete <- read.csv("data/glm/enquete_transport_UE.csv")
dfenquete$Pays <- relevel(as.factor(dfenquete$Pays), ref = "Germany")

# Vérification du VIF

model1 <- glm(y ~
  Pays + Sexe + Age + Education + StatutEmploi + Revenu +
```

¹<https://dataverse.harvard.edu/dataset.xhtml?persistentId=doi:10.7910/DVN/P82V9X>

TAB. 6.7 : Variable indépendantes utilisées pour prédire le mode de transport le plus utilisé

Nom de la variable	signification	Type de variable	Mesure
Pays	Pays de résidence	Variable multinomiale	Le nom d'un des 26 pays membres de l'UE
Sexe	Sexe biologique	Variable binaire	Homme ou Femme
Age	Âge biologique	Variable continue	L'âge en nombre d'années variant de 16 à 84 ans dans le jeu de donnée
Education	Niveau d'éducation maximum atteint	Variable multinomiale	Premier cycle, secondaire inférieur (classes supérieures de l'école élémentaire), secondaire, troisième cycle
StatutEmploi	Employé ou non	Variable binaire	Employé ou non
Revenu	Niveau de revenu autodéclaré	Variable multinomiale	Très faible revenu, faible revenu, revenu moyen, revenu élevé, revenu très élevé, sans réponse
Residence	Lieu de résidence	Variable multinomiale	Zone rurale, petite ou moyenne ville (moins de 250 000 habitants), grande ville (entre 250 000 et 1 million d'habitants), aire métropolitaine (plus d'un million d'habitants)
Duree	Durée du voyage le plus fréquent en minutes autodéclarée	Variable continue	Nombre de minutes
ConsEnv	Préoccupation environnementale	Variable ordinaire	Échelle de likert et 1 à 10

```

Residence + Duree + ConsEnv,
family = binomial(link="logit"),
data = dfenquete
)
vif(model1)

```

```

##          GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
## Pays      1.794797 27   1.010890
## Sexe     1.028618  1   1.014208
## Age       1.060256  1   1.029687
## Education 1.428872  3   1.061285
## StatutEmploi 1.151879  1   1.073256
## Revenu    1.220934  5   1.020162
## Residence 1.130526  3   1.020658
## Duree     1.042638  1   1.021096
## ConsEnv   1.090987  1   1.044503

```

La seconde étape de vérification est le calcul des distances de Cook et l'identification d'éventuelles valeurs aberrantes.

```

# calcul et représentation des distances de Cook
cookd <- data.frame(
  dist = cooks.distance(model1),
  oid = 1:nrow(dfenquete)
)

ggplot(cookd) +
  geom_point(aes(x = oid, y = dist), color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4), size = 1) +

```

```
geom_hline(yintercept = 0.002, color = "red")+
  labs(x = "observations",
       y = "distance de Cook") +
  theme(axis.text.x = element_blank(),
        axis.ticks.x = element_blank())
```

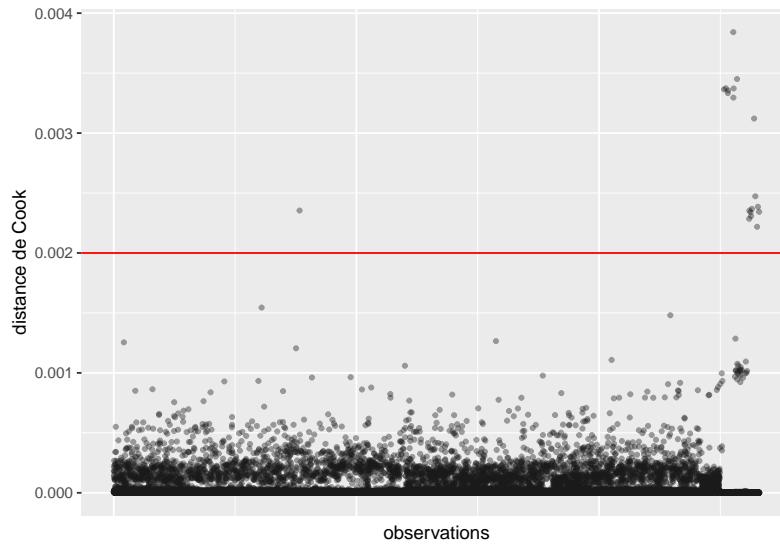


FIG. 6.4 : Distances de Cook pour le modèle binomial avec toutes les observations

Le calcul de la distance de Cook révèle un ensemble d'observations se démarquant nettement des autres (délimitées dans le graphique par la ligne rouge). Nous les isolons dans un premier temps pour les analyser.

```
# Isoler les observations avec de très fortes valeurs de Cook
# valeur seuil choisie : 0,002

cas_etranges <- subset(dfenquete, cookd$dist>=0.002)
cat(nrow(cas_etranges), 'observations se démarquant dans le modèle')

## 19 observations se démarquant dans le modèle

print(cas_etranges)
```

##	X	y	Pays	Sexe	Age	Education	Statut_emploi
## 7660	7660	1	Slovakia	homme	50	universite	Employed
## 25150	25150	1	Malta	homme	16	secondaire	Not Employed
## 25227	25227	1	Malta	femme	53	secondaire inferieur	Not Employed
## 25309	25309	1	Malta	femme	32	secondaire	Employed
## 25322	25322	1	Malta	homme	38	universite	Employed
## 25536	25536	1	Malta	homme	27	universite	Employed

```

## 25541 25541 1      Malta homme 38 secondeaire inferieur      Employed
## 25549 25549 1      Malta homme 31             universite      Employed
## 25690 25690 1 Luxembourg homme 32             universite      Employed
## 26190 26190 1      Cyprus homme 24             secondeaire Not Employed
## 26201 26201 1      Cyprus homme 25             secondeaire      Employed
## 26244 26244 1      Cyprus homme 32             secondeaire      Employed
## 26269 26269 1      Cyprus homme 60             secondeaire Not Employed
## 26303 26303 1      Cyprus homme 59             secondeaire Not Employed
## 26393 26393 1      Cyprus homme 30             premier cycle      Employed
## 26444 26444 1      Cyprus femme 52             universite      Employed
## 26516 26516 1      Cyprus homme 21             universite Not Employed
## 26549 26549 1      Cyprus homme 28             universite      Employed
## 26600 26600 1      Cyprus homme 36             secondeaire      Employed

##          Revenu          Residence Duree mode_pref StatutEmploi ConsEnv
## 7660      moyen       zone rurale   775     velo    employe      7
## 25150      moyen       zone rurale    15     velo  sans emploi      3
## 25227      moyen       zone rurale   45     marche sans emploi      5
## 25309      moyen petite-moyenne ville   25     marche    employe      4
## 25322      eleve       zone rurale   30     marche    employe     10
## 25536      tres eleve petite-moyenne ville   14     velo    employe     10
## 25541      moyen       zone rurale    5     marche    employe      8
## 25549 sans reponse petite-moyenne ville   60     velo    employe     10
## 25690      tres eleve petite-moyenne ville  720     velo    employe      6
## 26190      moyen       grande ville   20     velo  sans emploi      5
## 26201      faible       zone rurale   20     velo    employe      5
## 26244      tres faible petite-moyenne ville   18     velo    employe      4
## 26269      moyen       petite-moyenne ville   5     velo  sans emploi      7
## 26303      moyen       zone rurale    7     velo  sans emploi      8
## 26393      tres eleve petite-moyenne ville  61     velo    employe      5
## 26444      eleve       petite-moyenne ville 120     velo    employe      3
## 26516      moyen       petite-moyenne ville   25     velo  sans emploi      8
## 26549      tres faible petite-moyenne ville   15     velo    employe      2
## 26600      moyen       petite-moyenne ville   8     velo    employe      1

```

À la lecture des valeurs pour ces 19 cas étranges, nous remarquons que la plupart des observations proviennent de Malte et de Chypre. Ces deux petites îles constituent des cas particuliers en Europe et devraient vraisemblablement faire l'objet d'une analyse séparée. Nous décidons donc de les retirer du jeu de données. Deux autres observations étranges sont observables en Slovaquie et au Luxembourg. Dans les deux cas, les répondants ont renseigné des temps de trajets fantaisistes de respectivement 775 et 720 minutes. Nous les retirons donc également de l'analyse.

```

# Retirer les observations aberrantes
dfenquete2 <- subset(dfenquete, (dfenquete$Pays %in% c("Malta", "Cyprus")) == F &
                      dfenquete$Duree < 400)

# Réajuster le modèle
model2 <- glm(y ~
                Pays + Sexe + Age + Education + StatutEmploi + Revenu +
                Residence + Duree + ConsEnv,

```

```

family = binomial(link="logit"),
data = dfenquete2)

# Recalculer la distance de Cook
cookd <- data.frame(
  dist = cooks.distance(model2),
  oid = 1:nrow(dfenquete2)
)

ggplot(cookd) +
  geom_point(aes(x = oid, y = dist), color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4), size = 1) +
  labs(x = "observations",
       y = "distance de Cook") +
  theme(axis.text.x = element_blank(),
        axis.ticks.x = element_blank())

```

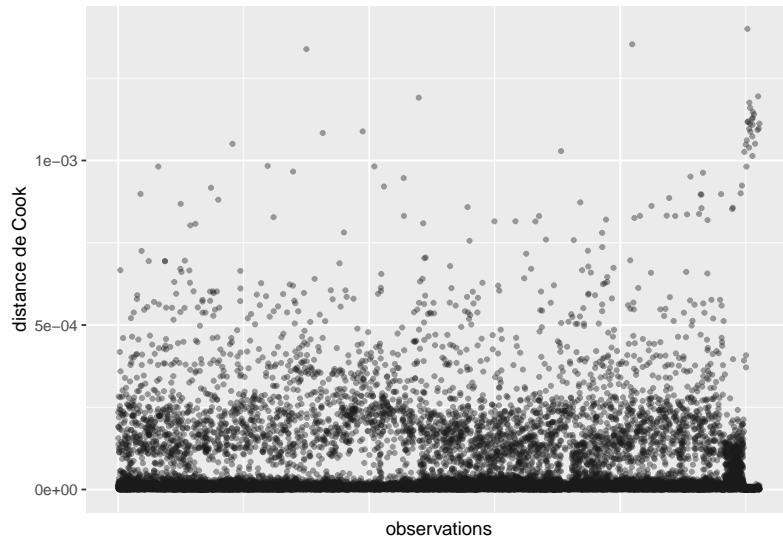


FIG. 6.5 : Distances de Cook pour le modèle binomial sans les valeurs aberrantes

Après avoir retiré ces valeurs aberrantes, nous n'observons plus de nouveaux cas singuliers avec les distances de Cook.

La prochaine étape de vérification des conditions d'application est l'analyse des résidus simulés. Nous commençons donc par calculer ces résidus et afficher leur histogramme.

```

library(DHARMA)

#Extraire les probabilités prédites par le modèle
probs <- predict(model2, type = "response")

#Calculer 1000 simulations à partir du modèle ajusté
sims <- lapply(1:length(probs), function(i){
  p <- probs[[i]]
  vals <- rbinom(n = 1000, size = 1, prob = p)
})

```

```

matsim <- do.call(rbind,sims)

#utiliser le package DHARMA pour calculer les residus simules
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = matsim,
                         observedResponse = dfenquete2$y,
                         fittedPredictedResponse = probs,
                         integerResponse = T)

ggplot()+
  geom_histogram(aes(x = residuals(sim_res)),
                 bins = 30, fill = "white", color = rgb(0.3,0.3,0.3))

```

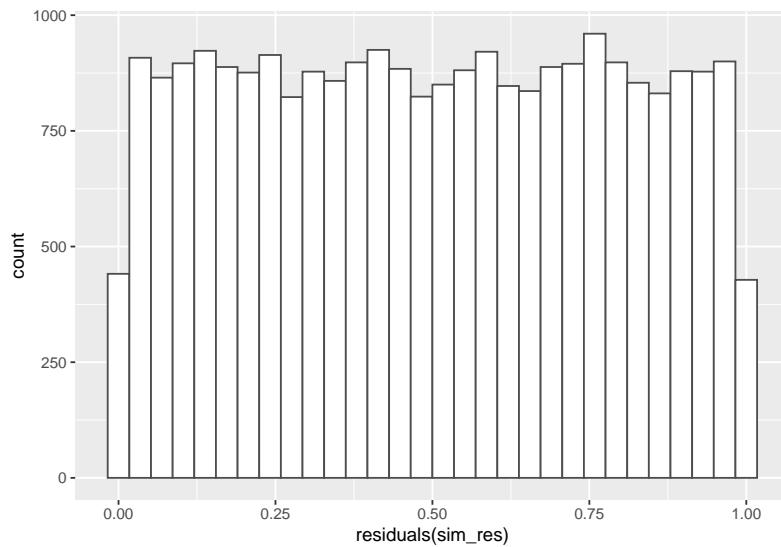


FIG. 6.6 : Distribution des résidus simulé pour le modèle binomial

L'histogramme indique clairement que les résidus simulés suivent une distribution uniforme (figure 6.6). Il est possible d'aller plus loin dans le diagnostic en utilisant la fonction `plot` sur l'objet `sim_res`. La partie de droite de la figure ainsi obtenue (figure 6.7) est un diagramme de quantiles-quantiles (ou Q-Q plot). Les points du graphique sont supposés suivre une ligne droite matérialisée par la ligne rouge. Une déviation de cette ligne indique un éloignement des résidus de leur distribution attendue. Trois tests sont également réalisés par la fonction.

- Le premier (Test de Kolmogorov-Smirnov, *KS test*) permet justement de tester si les points dévient significativement de la ligne droite. Dans notre cas, la valeur de p n'est pas significative, indiquant que les résidus ne dévient pas de la distribution uniforme.
- Le second test permet de vérifier la présence de sur ou sous dispersion. Dans notre cas, ce test n'est pas significatif, indiquant aucun problème de surdispersion ou sous-dispersion.
- Le dernier test permet de vérifier si des valeurs aberrantes sont présentes dans les résidus. Une valeur non significative indique une absence de valeurs aberrantes.

Le second graphique permet de comparer les résidus et les valeurs prédictes. L'idéal est donc d'observer une ligne droite horizontale rouge au milieu du graphique qui indiquerait une absence de relation entre les valeurs prédictes et les résidus (ce que nous observons bien ici).

```
plot(sim_res)
```

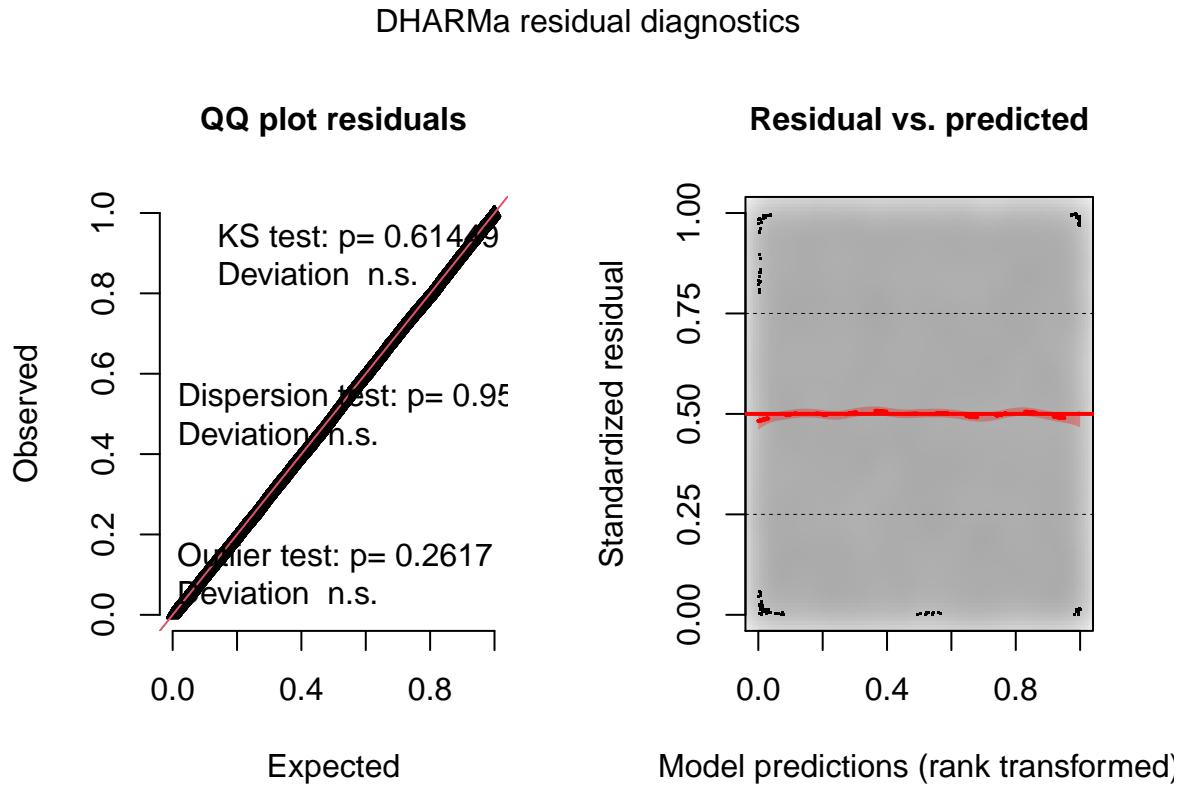


FIG. 6.7 : Diagnostic des résidus simulés par le package DHARMa

L'analyse approfondie des résidus nous permet donc de conclure que le modèle respecte les conditions d'application et que nous pouvons passer à la vérification de la qualité d'ajustement du modèle.

Vérification de la qualité d'ajustement

Pour calculer les différents R² d'un modèle GLM, nous proposons la fonction suivante :

```
rsqs <- function(loglike.full, loglike.null, full.deviance, null.deviance, nb.params, n){
  #calcul de la déviance expliquée
  explained_dev <- 1-(full.deviance / null.deviance)

  K <- nb.params
  #R2 de MacFadden ajusté
  r2_faddenadj <- 1- (loglike.full - K) / loglike.null

  Lm <- loglike.full
  Ln <- loglike.null
  #R2 de Cox and Snell
  Rcs <- 1 - exp((-2/n) * (Lm-Ln))
  #R2 de Nagelkerke
  Rn <- Rcs / (1-exp(2*Ln/n))
```

```

return(
  list("deviance expliquée" = explained_dev,
       "MacFadden ajuste" = r2_faddenadj,
       "Cox and Snell" = Rcs,
       "Nagelkerke" = Rn
  )
)
}

```

Nous pourrons l'utiliser pour l'ensemble des modèles GLM de la section. Dans le cas du modèle binomial, nous obtenons :

```

#Ajuster un modèle null avec seulement une constante
model2.null <- glm(y ~1,
                     family = binomial(link="logit"),
                     data = dfenquete2)

#Calculer les R2
rsqs(loglike.full = as.numeric(logLik(model2)), # loglikelihood du modèle complet
      loglike.null = as.numeric(logLik(model2.null)), # loglikelihood du modèle null
      full.deviance = deviance(model2), # déviance du modèle complet
      null.deviance = deviance(model2.null), # déviance du modèle null
      nb.params = model2$rank, # nombre de paramètres dans le modèle
      n = nrow(dfenquete2) # nombre d'observations
      )

## `$`deviance expliquée`
## [1] 0.0876057
##
## `$`MacFadden ajuste`
## [1] 0.08357379
##
## `$`Cox and Snell`
## [1] 0.0689509
##
## `$Nagelkerke
## [1] 0.1236597

```

La déviance expliquée par le modèle est de 8,8%, les pseudos R^2 de McFadden (ajusté), Efron et Nagelkerke sont respectivement 0,084, 0,069 et 0,123. L'ensemble de ces valeurs sont relativement faibles et indiquent qu'une large partie de la variabilité de Y reste inexpliquée.

Pour vérifier la qualité de prédiction du modèle, nous devons comparer les catégories prédictes et les catégories réelles de notre variable dépendante et construire une matrice de confusion. Cependant, un modèle GLM binomiale prédit la **probabilité d'appartenance au groupe 1** (ici les personnes utilisant le vélo pour effectuer leur déplacement le plus fréquent). Pour convertir ces probabilités prédictes en catégories prédictes, il faut choisir une probabilité seuil au-delà de laquelle on considère que la valeur attendue est 1 (cycliste) plutôt que 0 (autre). Un exemple naïf serait de prendre le seuil 0,5, ce qui signifierait que si le modèle prédit qu'une observation a au moins 50% de chance d'être un cycliste, alors nous l'attribuons à cette catégorie. Cependant, cette méthode est rarement optimale; il est donc plus

judicieux de le fixer en trouvant le point d'équilibre entre la sensibilité (proportion de 1 correctement identifiés) et la spécificité (proportion de 0 correctement identifiés). Ce point d'équilibre est identifiable graphiquement en calculant la spécificité et la sensibilité de la prédiction selon toutes les valeurs possibles du seuil.

```
library(ROCR)

#Obtention des prédition du modèle
prob <- predict(model2, type = "response")

#calcul de la sensibilité et de la spécificité (package ROCR)
predictions <- prediction(prob, dfenquete2$y)

sens <- data.frame(x=unlist(performance(predictions, "sens")@x.values),
                     y=unlist(performance(predictions, "sens")@y.values))
spec <- data.frame(x=unlist(performance(predictions, "spec")@x.values),
                     y=unlist(performance(predictions, "spec")@y.values))

# trouver numériquement la valeur seuil (minimiser la différence absolue
# entre sensibilité et spécificité)
real <- dfenquete2$y

find_cutoff <- function(seuil){
  pred <- ifelse(prob>seuil,1,0)
  sensi <- sum(real==1 & pred==1) / sum(real==1)
  spec <- sum(real==0 & pred==0) / sum(real==0)
  return(abs(sensi-spec))
}

prob_seuil <- optimize(find_cutoff,interval = c(0,1), maximum = F)$minimum

cat("Le seuil de probabilité à retenir équilibrant la Sensibilité et la Spécificité est",prob_seuil)
```

Le seuil de probabilité à retenir équilibrant la Sensibilité et la Spécificité est 0.14785

```
# affichage du graphique
ggplot() +
  geom_line(data = sens, mapping = aes(x = x, y = y)) +
  geom_line(data = spec, mapping = aes(x = x,y = y,col="red")) +
  scale_y_continuous(sec.axis = sec_axis(~., name = "Spécificité")) +
  labs(x='Probabilité seuil', y="Sensibilité") +
  geom_vline(xintercept = prob_seuil, color = "black", linetype = "dashed") +
  annotate(geom = "text", x = prob_seuil, y = 0.01, label = round(prob_seuil,3))+
  theme(axis.title.y.right = element_text(colour = "red"), legend.position="none")
```

On constate avec la figure 6.8 que si la valeur du seuil est 0 %, alors la prédiction a une sensibilité parfaite (le modèle prédit toujours 1, donc tous les 1 sont détectés); à l'inverse, si le seuil choisi est 100% alors la prédiction à une spécificité parfaite (le modèle prédit toujours 0, donc tous les 0 sont détectés). Dans notre cas, la valeur d'équilibre est d'environ 0,148, donc si le modèle prédit une probabilité au moins égale à 14,8% qu'un individu utilise le vélo pour son déplacement le plus fréquent, nous l'attribuerons à cette

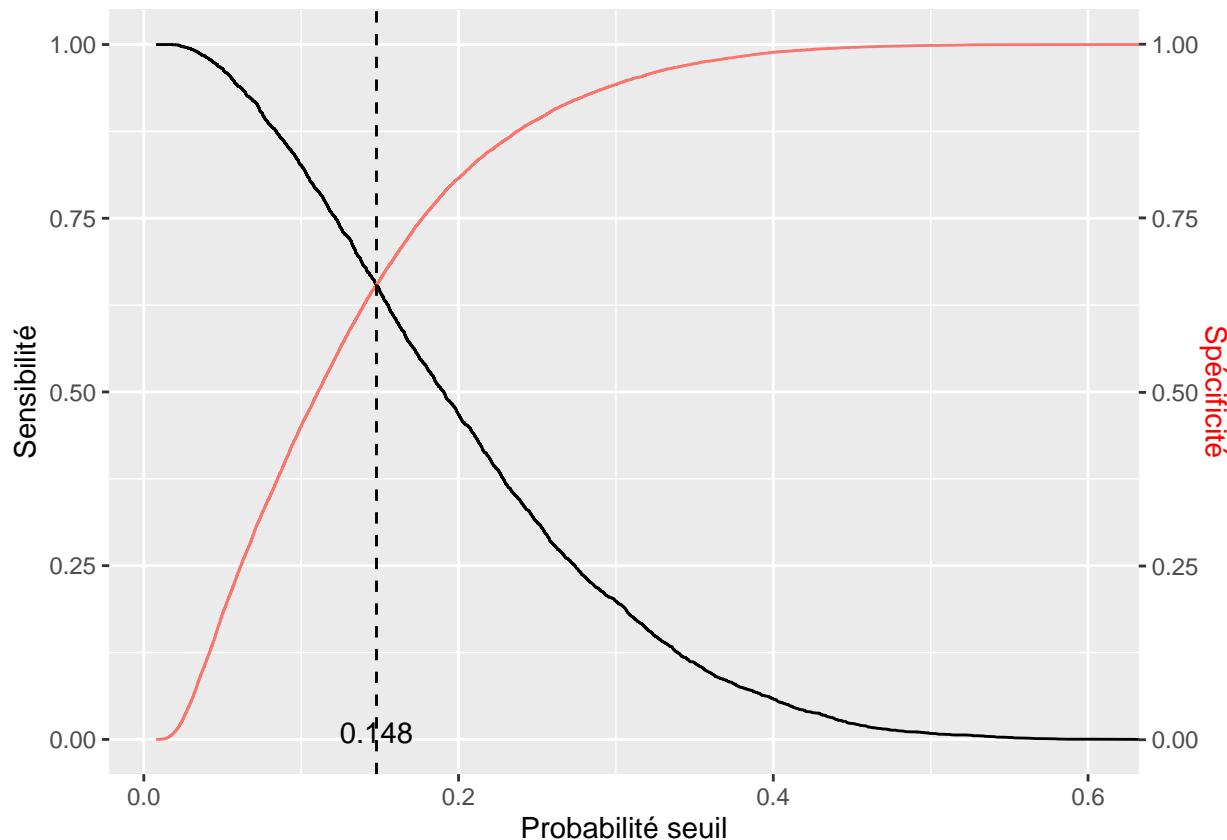


FIG. 6.8 : Point d'équilibre entre sensibilité et spécificité

catégorie. Avec ce seuil, nous pouvons convertir les probabilités prédictées en classes prédictées et construire notre matrice de confusion.

```
library(caret) # pour la matrice de confusion

#calcul des catégories prédictées
ypred <- ifelse(predict(model2,type="response")>0.148,1,0)
info <- confusionMatrix(as.factor(dfenquete2$y), as.factor(ypred))
```

```
# affichage des valeurs brutes de la matrice de confusion
print(info)
```

```
## Confusion Matrix and Statistics
##
##             Reference
## Prediction      0      1
##               0 14355  7576
##               1 1251   2365
##
##                   Accuracy : 0.6545
##                   95% CI : (0.6486, 0.6603)
##       No Information Rate : 0.6109
```

```

##      P-Value [Acc > NIR] : < 2.2e-16
##
##          Kappa : 0.1783
##
## McNemar's Test P-Value : < 2.2e-16
##
##          Sensitivity : 0.9198
##          Specificity : 0.2379
##          Pos Pred Value : 0.6546
##          Neg Pred Value : 0.6540
##          Prevalence : 0.6109
##          Detection Rate : 0.5619
##          Detection Prevalence : 0.8585
##          Balanced Accuracy : 0.5789
##
## 'Positive' Class : 0
##

```

Les résultats proposés par le package **caret** sont exhaustifs; nous vous proposons ici une façon de les présenter dans deux tableaux : l'un présente la matrice de confusion (tableau 6.8) et l'autre, les indicateurs de qualité de prédiction (tableau 6.9).

D'après ces indicateurs, nous constatons que le modèle a une capacité de prédiction relativement faible, mais tout de même significativement supérieur au seuil de non information. La valeur de rappel pour la catégorie 1 (cycliste) est faible, indiquant que le modèle a manqué un nombre important de cyclistes lors de sa prédiction.

Interprétation des résultats du modèle

L'interprétation des résultats d'un modèle binomial passe par la lecture des rapports de cotes et de leurs intervalles de confiance. Nous commençons donc par calculer la version robuste des erreurs standards des coefficients :

```

library(sandwich) #pour calculer les erreurs standards robustes

covModel2 <- vcovHC(model2, type = "HC0") # méthode HC0, basée sur les résidus
stdErrRobuste <- sqrt(diag(covModel2)) # extraire la diagonale

#extraction des coefficients
coeffs <- model2$coefficients
#recalcule des scores Z
zvalRobuste <- coeffs / stdErrRobuste
#recalcule des valeurs de P

```

TAB. 6.8 : Matrice de confusion pour le modèle binomial

	0 (réel)	1 (réel)	Total	%
0 (prédict)	14355	7576	21931	85.8
1 (prédict)	1251	2365	3616	14.2
Total	15606	9941	25547	
%	61.1	38.9		

TAB. 6.9 : Matrice de confusion pour le modèle binomial

	Précision	Rappel	F1
0	0.65	0.92	0.76
1	0.65	0.24	0.35
macro	0.65	0.65	0.6
Kappa	0.18		
Valeur de p (précision > NIR)	0		

```
pvalRobuste <- 2 * pnorm(abs(zvalRobuste), lower.tail = FALSE)
#calcule des rapports de cote
oddRatio <- exp(coeffs)
#calcule des intervalles de confiance à 95% des rapports de cote
lowerBound <- exp(coeffs - 1.96 * stdErrRobuste)
upperBound <- exp(coeffs + 1.96 * stdErrRobuste)
#etoiles pour les valeurs de p
starsp <- case_when(pvalRobuste <= 0.001 ~ "***",
                      pvalRobuste > 0.001 & pvalRobuste <= 0.01 ~ "**",
                      pvalRobuste > 0.01 & pvalRobuste <= 0.05 ~ "*",
                      pvalRobuste > 0.05 & pvalRobuste <= 0.1 ~ ".",
                      TRUE ~ "")
)

#compilation des resultats dans un tableau
tableau_binom <- data.frame(
  coefficients = coeffs,
  rap.cote = oddRatio,
  err.std = stdErrRobuste,
  score.z = zvalRobuste,
  p.val = pvalRobuste,
  rap.cote.2.5 = lowerBound,
  rap.cote.97.5 = upperBound,
  sign = starsp
)
```

Considérant que la variable *Pays* a 24 modalités, il est plus judicieux de présenter ces rapports de cote sous forme d'un graphique. Nous avons choisi l'Allemagne comme catégorie de référence puisqu'elle fait partie des pays avec une importante part modale pour le vélo sans constituer un cas extrême comme le Danemark.

```
#isoler les ligne du tableau recapitulatif pour les pays
paysdf <- subset(tableau_binom, grepl("Pays", row.names(tableau_binom), fixed = T))
paysdf$Pays <- gsub("Pays", "", row.names(paysdf), fixed=T)

ggplot(data = paysdf) +
  geom_vline(xintercept = 1, color = "red") #afficher la valeur de reference
  geom_errorbar(aes(xmin = rap.cote.2.5, xmax = rap.cote.97.5, y = reorder(Pays, rap.cote)), height = 0) +
  geom_point(aes(x = rap.cote, y = reorder(Pays, rap.cote))) +
  geom_text(aes(x = rap.cote.97.5, y = reorder(Pays, rap.cote)), label = paste("RC : ", round(rap.cote, 2), sep = "")), si
```

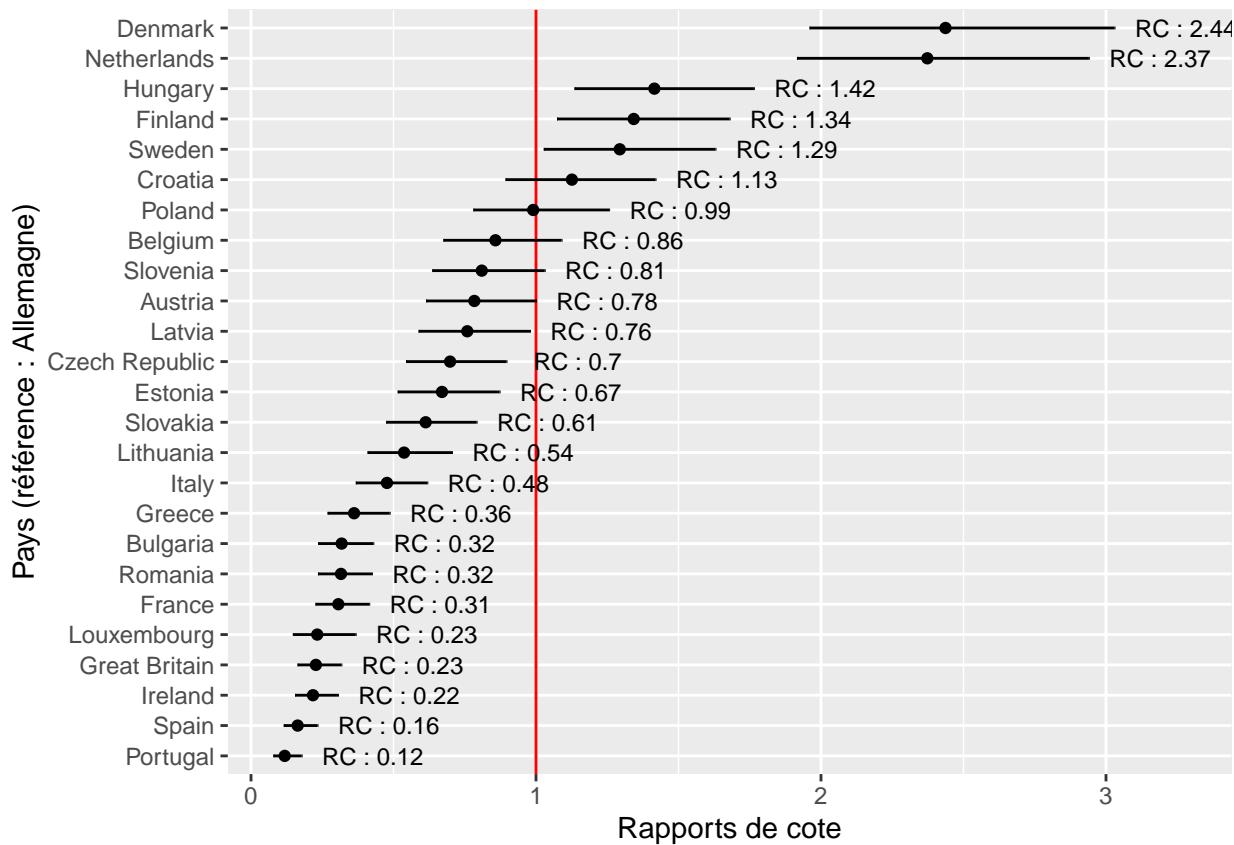


FIG. 6.9 : Rapports de cote pour les différents pays de l'UE

Dans la figure 6.9, la barre horizontale pour chaque pays représente l'intervalle de confiance de son rapport de cote (le point), plus cette ligne est longue, plus grande est l'incertitude autour de ce paramètre. Lorsque les lignes de deux pays se chevauchent, cela signifie qu'il n'y a pas de différence significative au seuil 0,05 entre les rapports de cotes des deux pays. La ligne rouge tracée à $x = 1$, représente le rapport de cote du pays de référence (ici l'Allemagne). On constate ainsi que comparativement à un individu vivement en Allemagne, ceux vivant au Danemark et au Pays-Bas ont 2,4 fois plus de chance d'utiliser le vélo pour leur déplacement le plus fréquent. Les Pays de l'Ouest (France, Luxembourg, Royaume-Uni, Irlande) et du Sud (Grèce, Italie, Espagne, Portugal) ont en revanche des rapports de cotes plus faibles. En France, les chances qu'un individu utilise le vélo pour son trajet le plus fréquent sont 3,22 ($1/0,31$) fois plus faibles que si l'individu vivait en Allemagne.

Pour le reste des coefficients et rapport de cote, nous les rapportons dans le tableau 6.10).

Les chances pour un individu d'utiliser le vélo pour son trajet le plus fréquent sont augmentées de 45% s'il s'agit d'un homme plutôt qu'une femme. Pour l'âge, nous constatons un effet relativement faible puisque chaque année supplémentaire réduit les chances qu'un individu utilise le vélo comme mode de transport pour son trajet le plus fréquent de 0,9% ($(0.991-1)*100$). Le fait d'être sans emploi augmente les chances d'utiliser le vélo de 29% comparativement au fait d'avoir un emploi. Concernant le niveau d'éducation, seul le coefficient pour le groupe des personnes de la catégorie secondaire inférieure est significatif, indiquant que les personnes de ce groupe ont 35% de chances en plus d'utiliser le vélo comme mode de transport pour leur déplacement le plus fréquent comparativement aux personnes du groupe premier cycle. Pour le revenu, seul le groupe avec de très faibles revenus se distingue significativement du groupe avec un revenu élevé avec un rapport de cote de 1,27, soit 27% de chances en plus d'utiliser le vélo.

TAB. 6.10 : Résultats du modèle binomial

Variable	Coefficient	Rapport de cote	P	RC 2,5%	RC 97,5%
Intercept	-2.497	0.082	<0.001	0.058	0.118
<i>Sexe</i>					
ref : femme	—	—	—	—	—
homme	0.372	1.451	<0.001	1.347	1.562
Age	-0.009	0.991	<0.001	0.988	0.994
<i>Education</i>					
ref : premier cycle	—	—	—	—	—
secondaire	0.193	1.213	0.066	0.987	1.490
secondaire inferieur	0.301	1.351	0.008	1.081	1.687
universite	0.146	1.157	0.177	0.936	1.432
<i>StatutEmploi</i>					
ref : employe	—	—	—	—	—
sans emploi	0.257	1.293	<0.001	1.190	1.405
<i>Revenu</i>					
ref : elevé	—	—	—	—	—
faible	0.077	1.080	0.286	0.938	1.244
moyen	0.042	1.043	0.523	0.917	1.185
sans réponse	0.217	1.242	0.034	1.016	1.517
très élevé	-0.120	0.887	0.524	0.613	1.283
très faible	0.240	1.271	0.006	1.073	1.505
<i>Residence</i>					
ref : aire métropolitaine	—	—	—	—	—
grande ville	0.273	1.314	<0.001	1.146	1.507
petite-moyenne ville	0.277	1.319	<0.001	1.169	1.487
zone rurale	-0.119	0.888	0.087	0.775	1.017
Duree	-0.001	0.999	0.326	0.998	1.001
ConsEnv	0.102	1.108	<0.001	1.087	1.130

Comparativement à ceux vivant dans une aire métropolitaine, les personnes vivant dans des petites, moyennes et grandes villes ont des chances accrues d'utiliser le vélo comme mode de déplacement pour leur trajet le plus fréquent. En revanche, on ne peut observer aucune différence entre la probabilité d'utiliser le vélo dans une métropole et en zone rurale. La figure 6.10 permet de clairement visualiser cette situation. Rappelons que la référence est la situation : vivre dans une région métropolitaine, et est représentée par la ligne verticale rouge. Plusieurs pistes d'interprétation peuvent être envisagées pour ce résultat :

- En métropole et dans les zones rurales, les distances domicile-travail tendent à être plus grandes que dans les petites, moyennes et grandes villes.
- En métropole, le système de transport en commun est davantage développé et entre donc en concurrence avec les modes de transport actifs.

```
#isoler les lignes du tableau récapitulatif pour les lieux de résidence
residdf <- subset(tableau_binom, grepl("Residence", row.names(tableau_binom), fixed = T))
residdf$resid <- gsub("Residence", "", row.names(residdf), fixed=T)

ggplot(data = residdf) +
  geom_vline(xintercept = 1, color = "red") + #afficher la valeur de référence
  geom_errorbarh(aes(xmin = rap.cote.2.5, xmax = rap.cote.97.5, y = resid), height = 0) +
  geom_point(aes(x = rap.cote, y = resid)) +
  geom_text(aes(x = rap.cote.97.5, y = resid, label = paste("RC : ", round(rap.cote, 2), sep = ""))), size = 3, nudge_x = 0
```

```
labs(x = "Rapports de cote",
     y = "Lieu de résidence (référence : aire métropolitaine)")
```

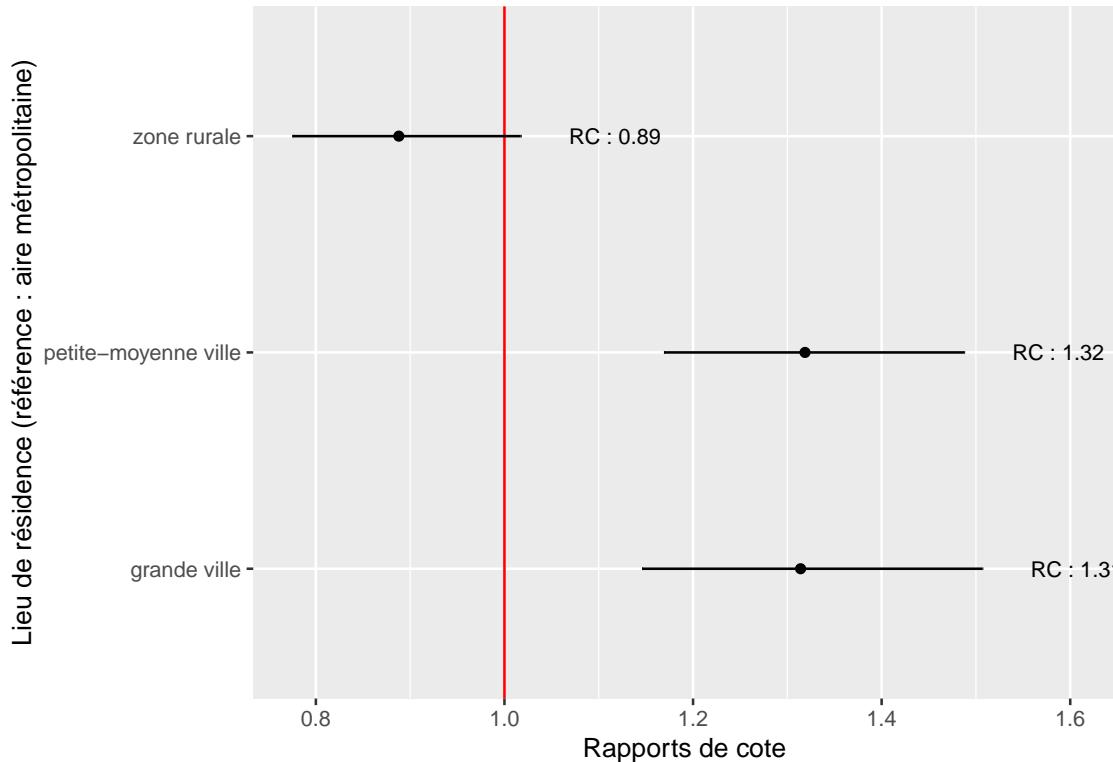


FIG. 6.10 : Rapports de cote pour les différents lieux de résidence

Il est aussi intéressant de noter que la durée des trajets ne semble pas impacter la probabilité d'utiliser le vélo. Enfin, une conscience environnementale plus affirmée semble être associée avec une probabilité supérieure d'utiliser le vélo pour son déplacement le plus fréquent, avec une augmentation des chances de 11% pour chaque point supplémentaire sur l'échelle de Likert.

Afin de simplifier la présentation de certains résultats, il est possible de calculer exactement les prédictions réalisées par le modèle. Un bon exemple ici est le cas de la variable âge, quelle différence peut-on attendre entre deux individus identiques ayant seulement une différence d'âge de 15 ans ?

Prenons comme individu un homme de 30 ans, vivant dans une grande ville allemande, ayant un niveau d'éducation de niveau secondaire, employé, dans la tranche de revenu moyen, déclarant effectuer un trajet de 45 minutes et ayant rapporté un niveau de conscience environnementale de 5 (sur 10). Nous pouvons prédire la probabilité qu'il utilise le vélo pour son trajet le plus fréquent en utilisant la formule suivante :

```
logit(p) = -2,497 + 1 * 0,372 + 30 * -0,009 + 1 * 0,193 + 1 * 0,042 + 1 * 0,273 + 45 * -0,001 + 5 * 0,102
```

```
p = exp(-2,497 + 1 * 0,372 + 30 * -0,009 + 1 * 0,193 + 1 * 0,042 + 1 * 0,273 + 45 * -0,001 + 5 * 0,102)/(1+exp(-2,497 + 1 * 0,372 + 30 * -0,009 + 1 * 0,193 + 1 * 0,042 + 1 * 0,273 + 45 * -0,001 + 5 * 0,102)) = 0,194
```

Il y aurait donc 19,4% de chances pour que cette personne soit un cycliste. Cette probabilité dépasse le seuil que nous avons sélectionné, cet individu serait donc classé comme un cycliste. Si on augmente son

âge de 15 ans, nous obtenons :

```
p = exp(-2,497 + 1 * 0,372 + 45 * -0,009 + 1 * 0,193 + 1 * 0,042 + 1 * 0,273 + 45 * -0,001 + 5 * 0,102) / (1+exp(-2,497 + 1 * 0,372 + 45 * -0,009 + 1 * 0,193 + 1 * 0,042 + 1 * 0,273 + 45 * -0,001 + 5 * 0,102)) = 0,174
```

Soit une réduction de 2 points de pourcentages. Il est également possible de représenter cette évolution sur un graphique pour montrer l'effet sur l'étendue des valeurs possibles. Sur ces graphiques des effets marginaux, il est essentiel de représenter notre incertitude quant à notre prédition. En temps normal, la fonction predict calcule directement l'erreur standard de la prédition et cette dernière peut être utilisée pour calculer l'intervalle de confiance de la prédition. Cependant, nous voulons ici utiliser nos erreurs standards robustes. Nous devons donc procéder par simulation pour déterminer l'intervalle de confiance à 95% de nos prédictions. Cette opération nécessite de réaliser plusieurs opérations manuellement dans R.

```
# créer un jeu de données fictif pour la prédition
mat <- model.matrix(model2$terms, model2$model)
age2seq <- seq(20,80)
mat2 <- matrix(mat[1,], nrow=length(age2seq), ncol=length(mat[1,]), byrow=TRUE)
colnames(mat2) <- colnames(mat)
mat2[, "Age"] <- age2seq
mat2[, "PaysBelgium"] <- 0
mat2[, "Duree"] <- 45
mat2[, "ConsEnv"] <- 5
mat2[, "StatutEmploisans emploi"] <- 0
mat2[, "Residencegrande ville"] <- 1
mat2[, "Educationsecondaire"] <- 1
mat2[, "Sexehomme"] <- 1
mat2[, "Revenumoyen"] <- 1
mat2[, "Revenufaible"] <- 0

# Calculer la prédition comme un log de rapport de cote (avec les erreurs standards)
# en multipliant les coefficient par les valeurs des données fictives
coeffs <- model2$coefficients
pred <- coeffs %*% t(mat2)

# Simulation de prédictions (toujours en log de rapport de cote)

# Étape 1 : simuler 1000 valeurs pour chaque coefficient
sim_coeffs <- lapply(1:length(coeffs), function(i){
  coef <- coeffs[[i]]
  std.err <- stdErrRobuste[[i]]
  vals <- rnorm(n = 1000, mean = coef, sd = std.err)
  return(vals)
})
mat_sim_coeffs <- do.call(rbind, sim_coeffs)

# Étape 2 : effectuer les predictions à partir des coefficients simulés
sim_preds <- lapply(1:ncol(mat_sim_coeffs), function(i){
  temp_coefs <- mat_sim_coeffs[, i]
  temp_pred <- as.vector(temp_coefs %*% t(mat2))
  return(temp_pred)
})
```

```

mat_sim_preds <- do.call(cbind, sim_preds)

# Étape 3 : extraire les intervalles de confiances pour les simulations
intervals <- apply(mat_sim_preds, MARGIN = 1, FUN = function(vec){
  return(quantile(vec, probs = c(0.05, 0.95)))
})

# Étape 4 : récupérer tous ces éléments dans un dataframe
df <- data.frame(
  Age = seq(20,80),
  pred = as.vector(pred),
  lower = as.vector(intervals[1,]),
  upper = as.vector(intervals[2,])
)

# Étape 5 : appliquer l'inverse de la fonction de lien pour
# obtenir les prédictions en termes de probabilité
ilink <- family(model2)$linkinv

df$prob_pred <- ilink(df$pred)
df$prob_lower <- ilink(df$lower)
df$prob_upper <- ilink(df$upper)

# Étape 6 : représenter le tout sur un graphique
ggplot(df) +
  geom_ribbon(aes(x = Age, ymax = prob_upper, ymin = prob_lower), fill = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  geom_path(aes(x = Age, y = prob_pred), color = "blue", size = 1) +
  geom_hline(yintercept = 0.15, linetype = "dashed", size = 0.7) +
  labs(x = "Âge", y = "Probabilité prédite (intervale de confiance 5% - 95%)")

```

La figure 6.11 permet de bien constater la diminution de la probabilité d'utiliser le vélo pour son trajet le plus fréquent avec l'âge, mais cette réduction est relativement ténue. Dans le cas utilisé en exemple, l'individu ne serait plus classé cycliste qu'après 67 ans.

6.2.1.2 Le modèle probit binomial

Le modèle GLM probit binomial est pour ainsi dire le frère du modèle logistique binomial. La seule différence entre les deux réside dans l'utilisation de deux fonctions de lien différentes probit et logistique. La fonction de lien probit (Φ) correspond à la fonction cumulative de la distribution normale et a également une forme de S . Cette version du modèle est plus souvent utilisée par les économistes. Le principal changement réside dans l'interprétation des coefficients β_0 et β . Du fait de la transformation probit, ces derniers indiquent le changement en termes de scores Z de la probabilité modélisée. Vous conviendrez qu'il ne s'agit pas d'une échelle très intuitive, la plupart du temps, seuls la significativité et le signe (positif ou négatif) des coefficients sont interprétés.

6.2.1.3 Le modèle logistique des cotes proportionnelles

Le modèle logistique des cotes proportionnelles (aussi appelé modèle logistique cumulatif) est utilisé pour modéliser une variable qualitative ordinaire. Un exemple classique de ce type de variable est une échelle de satisfaction (très insatisfait, insatisfait, mitigé, satisfait, très satisfait) qui peut être recodée avec

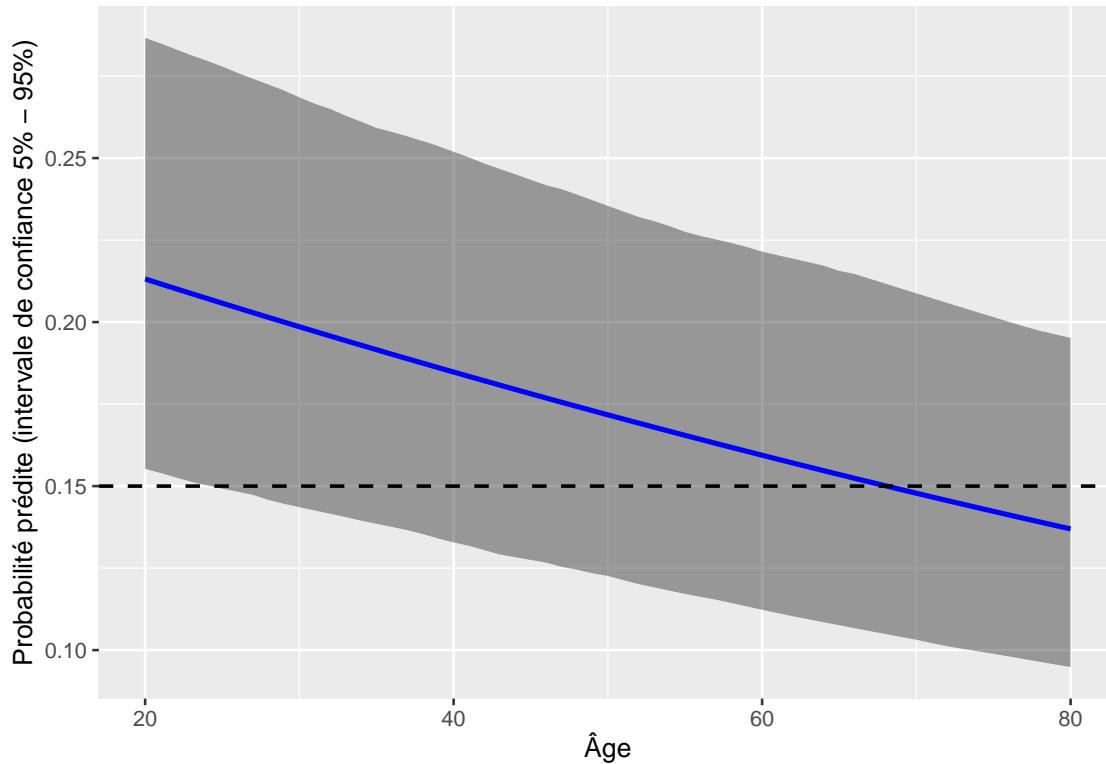


FIG. 6.11 : Impact de l'âge sur la probabilité d'utiliser le vélo comme moyen de déplacement pour son trajet le plus fréquent

TAB. 6.11 : Carte d'identité du modèle probit binomial

Type de variable dépendante	Variable binaire (0 ou 1) ou comptage de réussite à une expérience (ex : 3 réussites sur 5 expériences)
Distribution utilisée	Binomiale
Formulation	$Y \sim Binomial(p)$ $g(p) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = \Phi^{-1}(x)$
Fonction de lien	probit
Paramètre modélisé	p
Paramètres à estimer	β_0, β
Conditions d'application	Non-séparation complète, Absence de surdispersion ou sousdispersion

des valeurs numériques (0, 1, 2, 3, 4; ces échelons étant notés j). Il n'existe pas à proprement parler de distribution pour représenter ces données, mais avec une petite astuce, il est possible de simplement utiliser la distribution binomiale. Cette astuce consiste à poser l'hypothèse de la proportionnalité des cotes, supposant que le passage de la catégorie 0 à la catégorie 1 est proportionnel au passage de la catégorie 1 à la catégorie 2 et ainsi de suite. Si cette hypothèse est respectée, alors les coefficients du modèle pourront autant décrire le passage de la catégorie *satisfait* à celle *très satisfait* que le passage de *insatisfait* à *mitigé*. Si cette hypothèse n'est pas respectée, il faudrait des coefficients différents pour représenter les passages d'une catégorie à l'autre (ce qui est le cas pour le modèle multinomial présenté juste après).

Ainsi, dans le modèle logistique binomial vu précédemment, on modélise la probabilité d'observer un événement $P(Y = 1)$. Dans un modèle logistique ordinal, on modélise la probabilité cumulative d'observer l'échelon j de notre variable ordinaire $P(Y \leq j)$. L'intérêt de cette reformulation est que l'on conserve la facilité d'interprétation du modèle logistique binomial classique avec les rapports de

TAB. 6.12 : Carte d'identité du modèle logistique des cotes proportionnelles

Type de variable dépendante	Variable qualitative ordonnées avec j catégories
Distribution utilisée	Binomiale
Formulation	$Y \sim Binomial(p)$ $g(p \leq j) = \beta_0 j + \beta X$ $g(x) = \log\left(\frac{x}{1-x}\right)$
Fonction de lien	logistique
Paramètre modélisé	p
Paramètres à estimer	β et $j-1$ constantes β_0
Conditions d'application	Non-séparation complète, Absence de surdispersion ou sousdispersion, Proportionnalité des cotes

cotes, à ceci prêt qu'ils représentent maintenant la probabilité de passer à un échelon supérieur de Y . La différence pratique est que notre modèle se retrouve avec autant de constantes qu'il y a de catégories à prédire moins une, chacune de ces constantes contrôlant pour la probabilité de base de passer de la catégorie j à la catégorie $j+1$.

6.2.1.3.1 Conditions d'application

Les conditions d'application sont les mêmes que pour un modèle binomial, avec bien sûr l'ajout de l'hypothèse sur la proportionnalité des cotes. Selon cette hypothèse, l'impact de chaque variable indépendante est identique sur la probabilité de passer d'un échelon de la variable Y au suivant. Afin de tester cette condition, deux approches sont envisageables :

1. Utiliser l'approche de Brant (1990). Il s'agit d'un test statistique comparant les résultats du modèle ordinal avec ceux d'une série de modèles logistiques binomiaux (1 pour chaque catégorie possible de Y).
2. Ajuster un modèle ordinal sans l'hypothèse de proportionnalité des cotes et effectuer un test de ratio des *likelihood* pour vérifier si le premier est significativement mieux ajusté.

Si certaines variables ne respectent pas cette condition d'application, trois options sont possibles pour y remédier :

1. Supprimer la variable du modèle (à éviter si cette variable est importante dans votre cadre théorique)
2. Autoriser la variable à avoir un effet différent entre chaque palier (possible avec le package **VGAM**).
3. Changer de modèle et opter pour un modèle des catégories adjacentes. Il s'agit du cas particulier où toutes les variables sont autorisées à changer à chaque niveau. Ne pas confondre ce dernier modèle et le modèle multinomial que nous présentons ensuite, le modèle des catégories adjacentes continue à prédire la probabilité de passer à une catégorie supérieure.

6.2.1.3.2 Exemple appliqué dans R

Pour cet exemple, nous allons analyser un jeu de données proposé par *Inside Airbnb*, une organisation sans but lucratif collectant des données des annonces sur le site d'Airbnb pour alimenter le débat sur l'impact de cette société sur les quartiers. Plus spécifiquement, nous utilisons le jeu de données pour Montréal compilé le 30 juin 2020². Nous modélisons ici le prix par nuit des logements, ce type d'exercice

²<http://insideairbnb.com/get-the-data.html>

est appelé modélisation hédonique. Il est particulièrement utilisé en économie urbaine pour évaluer les déterminants du marché immobilier et prédire son évolution. Le cas de Airbnb a déjà été étudié dans plusieurs articles (Teubner et al., 2017; Wang and Nicolau, 2017; Zhang et al., 2017), il en ressort notamment que le niveau de confiance inspiré par l'hôte, les caractéristiques intrinsèques du logement et sa localisation sont les principaux prédicteurs de son prix. Nous construirons donc notre modèle sur cette base. Notez que nous avons décidé de retirer les logements avec des prix supérieurs à 250\$ qui constituent des cas particuliers et qui devraient faire l'objet d'une analyse à part entière. Nous avons également retiré les observations pour lesquelles certaines données sont manquantes, et obtenons un nombre final de 9051 observations.

La distribution originale du prix des logements dans notre jeu de données est présentée à la figure 6.12.

```
# Charger le jeu de données
data_airbnb <- read.csv("data/glm/airbnb_data.csv")

# Afficher la distribution du prix
ggplot(data = data_airbnb) +
  geom_histogram(aes(x = price), bins = 30, color = "white", fill = "#1d3557", size = 0.02) +
  labs(x="Prix (en dollars)", y="Fréquence")
```

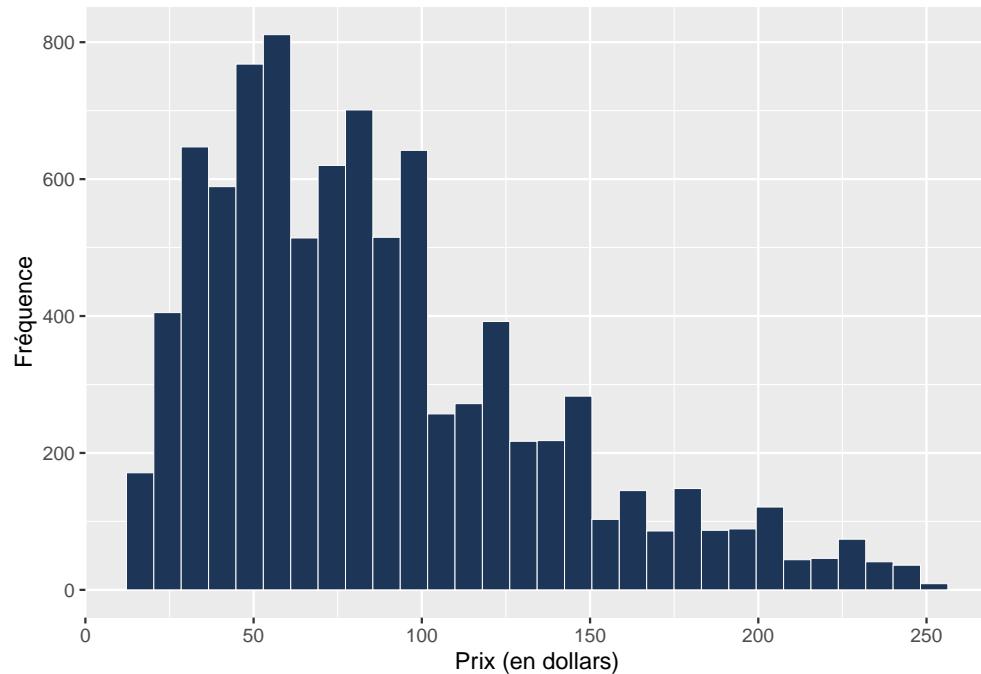


FIG. 6.12 : Distribution des prix des logements Airbnb

Nous avons ensuite découpé le prix des logements en trois catégories : inférieur à 50\$, entre 50\$ et 99\$ et entre 100\$ et 249\$. Ces catégories forment une variable ordinaire de trois échelons que nous modélisons à partir de trois catégories de variables :

- les caractéristiques propres au logement
- les caractéristiques environnementales autour du logement
- les notes obtenues par le logement sur le site d'Airbnb.

```
# afficher le nombre de logement par catégories





```

```
## 
##     1     2     3
## 2212 3911 2928
```

Le tableau 6.13 présente l'ensemble des variables utilisées dans le modèle.

Vérification des conditions d'application Avant d'ajuster le modèle, il convient de vérifier l'absence de multicolinéarité excessive entre les variables indépendantes.

```
# Notez que la fonction vif ne s'intéresse qu'au variable indépendantes.
# Vous pouvez ainsi utiliser la fonction glm avec la fonction vif
# pour n'importe quel modèle glm
vif(glm(price ~ beds +
  Garden_or_backyard + Host_greets_you + Free_street_parking +
  prt_veg_500m + has_metro_500m + commercial_1km +host_total_listings_count +
  private + cat_review, data = data_airbnb))
```

```
##                 beds      Garden_or_backyard      Host_greets_you
## 1.123595          1.079324          1.046884
##   Free_street_parking      prt_veg_500m      has_metro_500m
## 1.142189          1.532536          1.239516
##   commercial_1km host_total_listings_count      private
```

TAB. 6.13 : Variable indépendantes utilisées pour prédire la catégorie de prix de logements Airbnb

Nom de la variable	Description	Type de variable	Mesure
Lit	Nombre de lits dans le logement	Variable de comptage	Nombre de lits dans le logement
Jardin	Présence d'un jardin ou d'une arrière-cour	Variable binaire	Oui ou Non
Privee	Le logement est entièrement à disposition du locataire ou seulement une pièce	Variable binaire	Privé ou partagé
Parking	Une place de stationnement gratuite est disponible sur la rue	Variable binaire	Oui ou Non
Accueil	L'hôte accueille personnellement les locataires	Variable binaire	Oui ou Non
Vegetation	Végétation dans les environs du logement	Variable continue	Pourcentage de surface végétale dans un rayon de 500m autour du logement
Metro	Présence d'une station de métro à proximité du logement	Variable binaire	Présence d'une station de métro dans un rayon de 500 mètres autour du logement
Commercial	Commerce dans les environs du logement	Variable continue	Pourcentage de surface dédiée au commerce (mode d'occupation du sol) dans un rayon d'e 1'un kilomètre autour du logement
Note	Évaluation de la qualité du logement par les usagers	Variable ordinaire	Note obtenu par le logement sur une échelle allant de 1 (très mauvais) à 5 (parfait)
Propriétaire	Nombre total de logements détenus par l'hôte sur Airbnb	Variable de comptage	Nombre total de logements détenus par l'hôte sur Airbnb

```

##          1.225301      1.058232      1.143932
##    cat_review
##          1.015778

```

Toutes les valeurs de VIF sont inférieures à 2 indiquant une absence de multicolinéarité excessive. Nous pouvons alors ajuster le modèle et analyser des distances de Cook afin de vérifier la présence ou non d'observations très influentes. Pour ajuster le modèle, nous utilisons le package **VGAM** et la fonction **vglm** qui nous donnent accès à la famille **cumulative** pour ajuster des modèles logistiques ordinaires.

```

library(VGAM)

modele <- vglm(fac_price_cat ~ beds +
                 Garden_or_backyard + Free_street_parking +
                 prt_veg_500m + has_metro_500m + commercial_1km +
                 private + cat_review + host_total_listings_count ,
                 family = cumulative(link="logitlink", # fonction de lien
                                      parallel = TRUE, # cote proportionnelle
                                      reverse = TRUE),
                 data = data_airbnb, model = T)

```

Notez que puisque la variable Y a trois catégories différentes et que nous modélisons la probabilité de passer à une catégorie supérieure, chaque observation a alors deux (3-1) valeurs de résidus différentes. Par conséquent, nous calculons deux distances de Cook différentes que nous devons analyser conjointement. Malheureusement, la fonction `cook.distance` ne fonctionne pas avec les objets `vglm`, nous devons donc les calculer manuellement.

```

# Extraction des residus
res <- residuals(modele, type = "pearson")
# Extraction de la hat matrix (nécessaire pour calculer la distance de Cook)
hat <- hatvaluesvlm(modele)

# Calcul des distances de Cook
cooks <- lapply(1:ncol(res), function(i){
  r <- res[,i]
  h <- hat[,i]
  cook <- (r/(1 - h))^2 * h/(1 * modele@rank)
})

# Structuration dans un dataframe
matcook <- data.frame(do.call(cbind, cooks))
names(matcook) <- c("dist1","dist2")
matcook$oid <- 1:nrow(matcook)

# Afficher les distances de Cook
plot1 <- ggplot(data = matcook) +
  geom_point(aes(x = oid, y = dist1), size = 0.2, color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  labs(x = "", y = "", subtitle = "distance de Cook P(Y>=2)")+
  theme(axis.ticks.x = element_blank(),
        axis.text.x = element_blank())

plot2 <- ggplot(data = matcook) +

```

```

geom_point(aes(x = oid, y = dist2), size = 0.2, color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
  labs(x = "", y = "", subtitle = "distance de Cook P(Y>=3)") +
  theme(axis.ticks.x = element_blank(),
        axis.text.x = element_blank())

ggarrange(plot1, plot2, ncol = 2, nrow = 1)

```

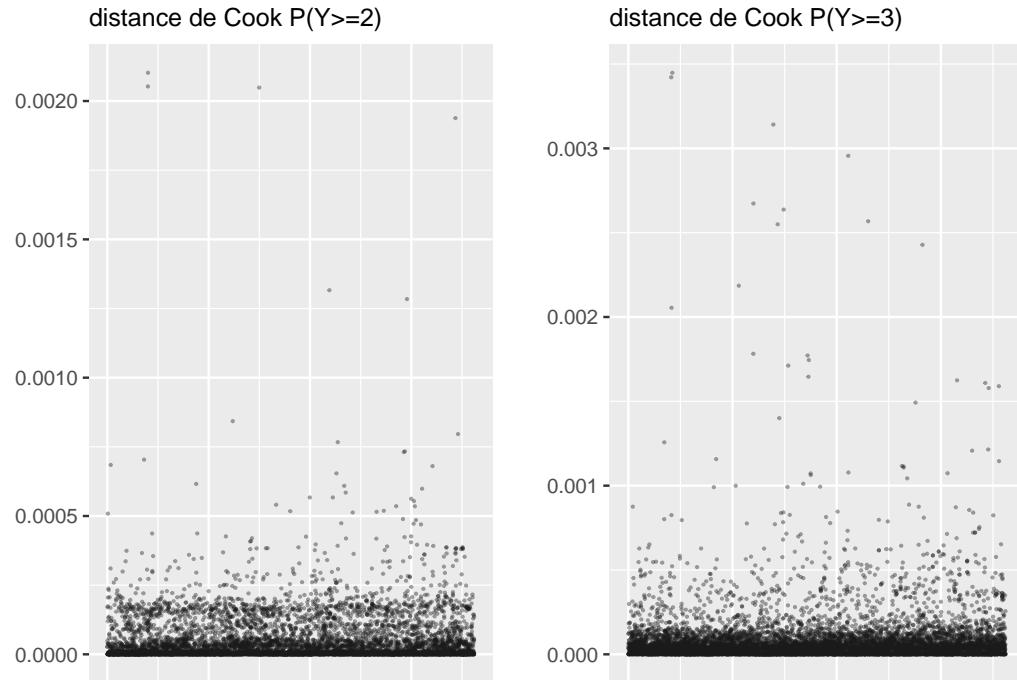


FIG. 6.13 : Distances de Cook pour le modèle logistique des cotes proportionnelles

Les distances de Cook nous permettent d'identifier quelques observations potentiellement trop influentes, mais elles semblent être différentes d'un graphique à l'autre. Nous décidons donc de ne pas retirer d'observations à ce stade et de passer à l'analyse des résidus simulés. Pour effectuer des simulations à partir de ce modèle, nous nous basons sur les probabilités d'appartenance prédites par le modèle.

```

# extraire les probabilités prédictées
predicted <- predict(modele, type = "response")
round(head(predicted, n = 4), 3)

```

```

##      1     2     3
## 1 0.706 0.267 0.028
## 2 0.073 0.461 0.466
## 3 0.687 0.283 0.030
## 4 0.049 0.383 0.568

```

On constate ainsi que pour la première observation, la probabilité prédictée d'appartenir au groupe 1 est de 69,4%, 27,7% pour le groupe 2 et 2,9% pour le groupe 3. Si nous effectuons 1000 simulations, on peut

s'attendre à ce qu'en moyenne, sur ces 1000 simulations, 694 indiqueront 1 comme catégorie prédictive, 277 indiqueront 2 et seulement 29 indiqueront 3.

```
# Nous effectuerons 1000 simulations
nsim <- 1000

# Lancement des simulations pour chaque observation (lignes dans predicted)
simualtions <- lapply(1:nrow(predicted), function(i){
  probs <- predicted[i,]
  sims <- sample(c(1,2,3), size = nsim, replace = T, prob = probs)
  return(sims)
})

# Combiner les predictions dans un tableau
matsim <- do.call(rbind, simualtions)

# Observons si nos simulations sont proches de ce que nous attendions
table(matsim[,1])
```

```
## 
##    1     2     3 
## 713  254   33
```

À partir de ces simulations de prédiction, nous pouvons réaliser un diagnostic des résidus simulés grâce au package **DHARMA**.

```
# Extraction de la prédiction moyenne du modèle
pred_cat <- unique(data_airbnb$fac_price_cat)[max.col(predicted)]

# Préparer les données avec le package DHARMA
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = matsim,
                           observedResponse = as.numeric(data_airbnb$fac_price_cat),
                           fittedPredictedResponse = as.numeric(pred_cat),
                           integerResponse = T)

# Afficher le graphique de diagnostic général
plot(sim_res)
```

La figure 6.14 nous indique que les résidus simulés suivent bien une distribution uniforme et qu'aucune valeur aberrante n'est observable. Pour affiner notre diagnostic, nous vérifions également si aucune relation ne semble exister entre chaque variable indépendante et les résidus.

```
# préparons un plot multiple
par(mfrow=c(3,4))
vars <- c("beds","Garden_or_backyard", "Host_greets_you",
        "Free_street_parking", "prt_veg_500m",
        "has_metro_500m", "commercial_1km","private",
        "cat_review","host_total_listings_count")
```

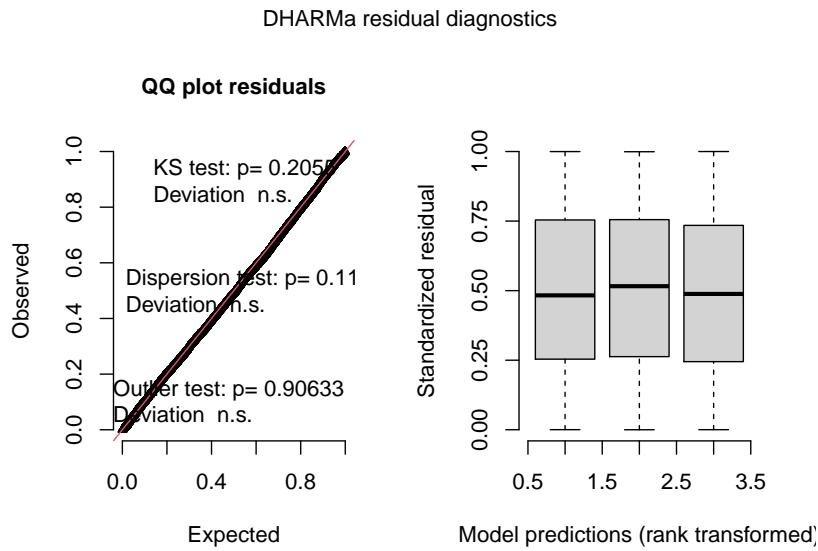


FIG. 6.14 : Diagnostic général des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles

```
for(v in vars){
  plotResiduals(sim_res, data_airbnb[[v]], main = v)
}
```

La figure 6.15 indique qu'aucune relation marquée n'existe entre nos variable indépendante et nos résidus simulés, sauf pour la variable nombre de lits. En effet, nous pouvons constater que les résidus ont tendance à être toujours plus faible quand le nombre de lit augmente. Cet effet est sûrement lié au fait qu'au delà de cinq lits, le logement en question est vraisemblablement un dortoire. Il pourrait être judicieux de retirer ces observations de l'analyse, considérant qu'elles sont peu nombreuses et constituent une forme de logement particulière.

```
data_airbnb2 <- subset(data_airbnb, data_airbnb$beds <=5)

modele2 <- vglm(fac_price_cat ~ beds +
  Garden_or_backyard + Free_street_parking +
  prt_veg_500m + has_metro_500m + commercial_1km +
  private + cat_review + host_total_listings_count ,
  family = cumulative(link="logitlink", # fonction de lien
  parallel = TRUE, # cote proportionnelle
  reverse = TRUE),
  data = data_airbnb2, model = T)
```

Nous pouvons ensuite recalculer les résidus simulés pour observer si cette tendance a été corrigée. La figure 6.16 montre qu'une bonne partie du problème a été corrigé, cependant il semble tout de même que les résidus soient plus fort pour les logements avec un seul lit.

La prochaine étape du diagnostic est de vérifier si nous n'avons pas de séparation parfaite provoquée par un de nos prédicteurs. Le package VGAM propose pour cela la fonction hdeff.

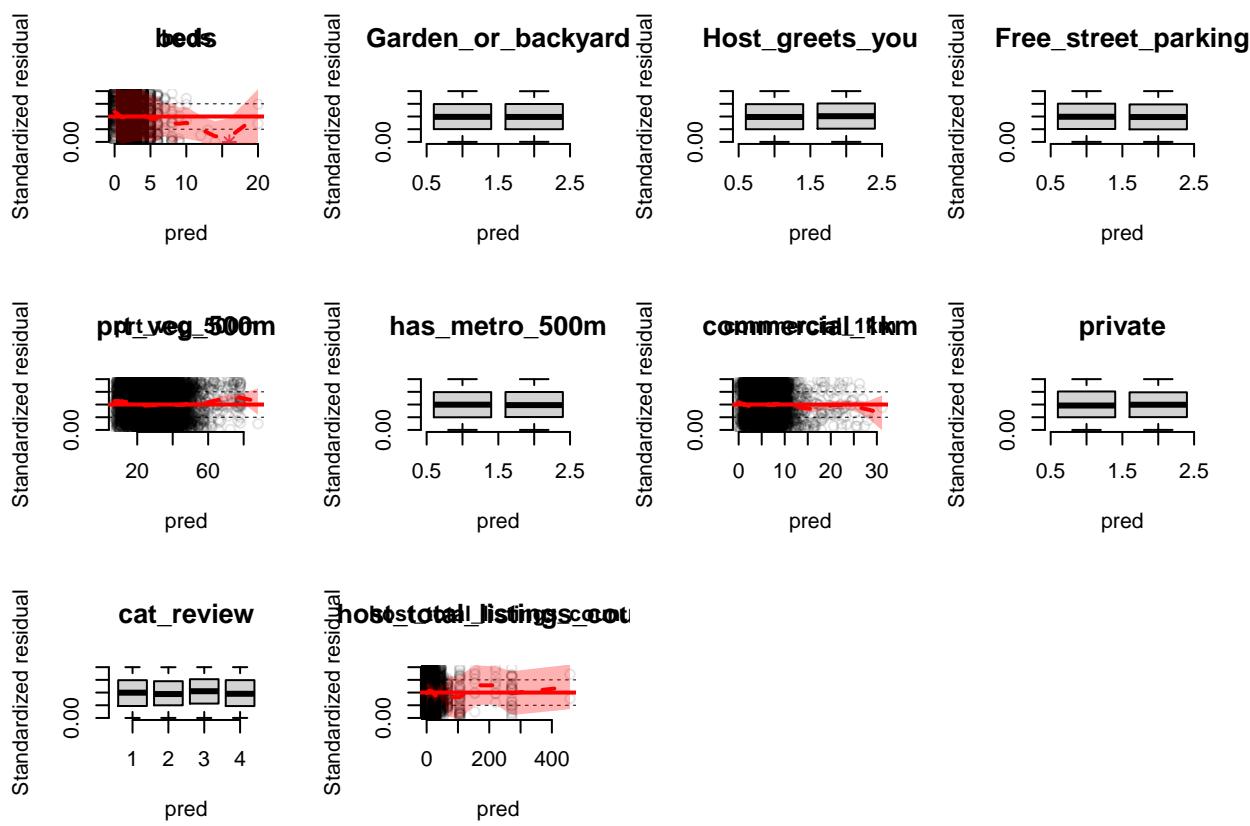


FIG. 6.15 : Diagnostic variable par variable des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles

```
tests <- hdeff(modele2)
problem <- table(tests)
problem
```

```
## tests
## FALSE
##    11
```

La fonction nous informe qu'aucun de nos prédicteurs ne provoque de séparation parfaite : toutes les valeurs renvoyées par la fonction `hdeff` sont égales à `FALSE`.

Il ne nous reste donc plus qu'à vérifier que l'hypothèse de proportionnalité des cotes est respectée, soit que l'impact de chacune des variables indépendantes est bien le même pour passer de la catégorie 1 à 2 que pour passer des catégories 2 à 3. Pour cela, deux approches sont possibles : le test de Brant ou la réalisation d'une séquence de test de rapport de vraisemblance.

Le package **brant** propose une implémentation du test de Brant, mais elle ne peut être appliquée qu'à des modèles construits avec la fonction `polr` du package **MASS**. Nous avons donc récupéré le code source de la fonction `brant` du package **brant** et apporté quelques modifications pour qu'elle soit utilisable sur un objet `vglm`. Cette nouvelle fonction appelée `brant.vglm` est disponible dans le code source de ce livre.

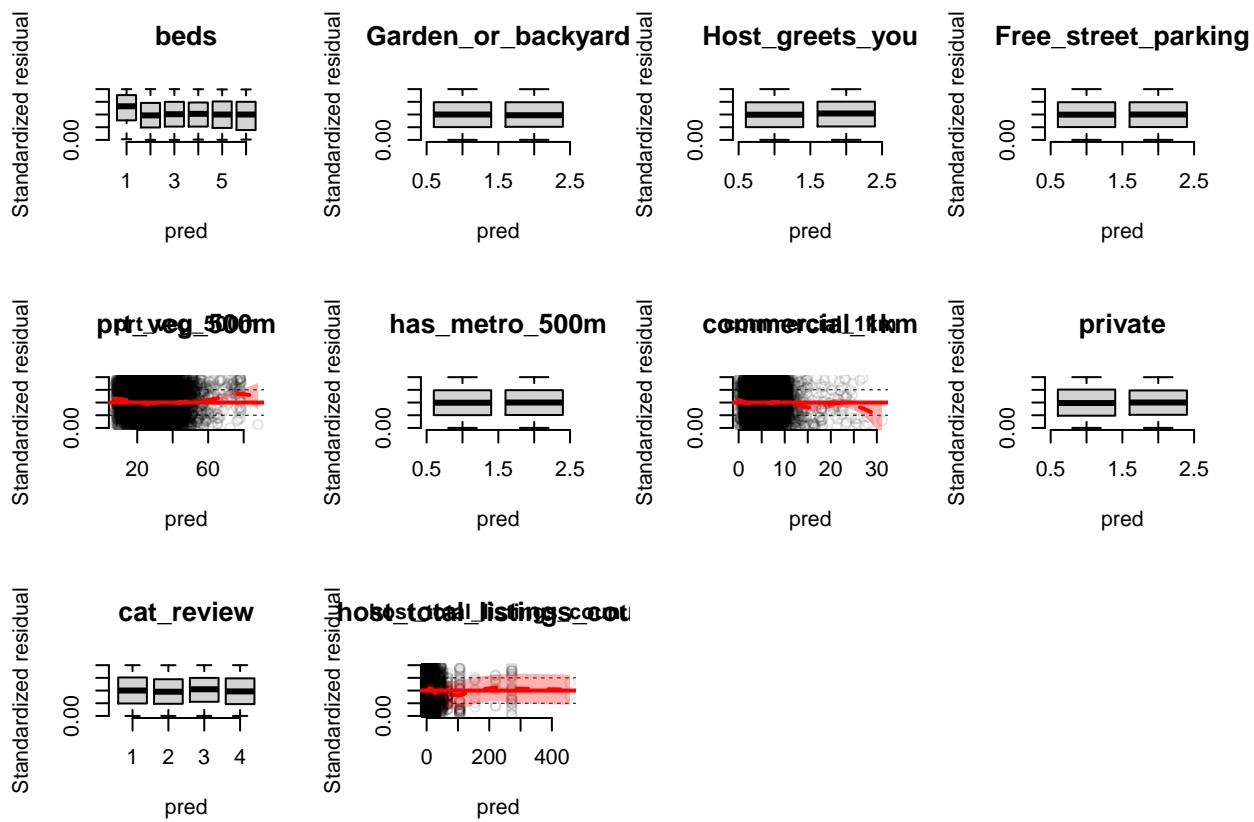


FIG. 6.16 : Diagnostic variable par variable des résidus simulés du modèle des cotes proportionnelles (après correction)

```
tableau_brant <- round(brant.vglm(modele2), 3)
```

```
## -----
## Test for          X2  df   probability
## -----
## Omnibus           113.72  9    0
## beds              0.63   1   0.43
## Garden_or_backyardYES 0.16   1   0.69
## Free_street_parkingYES 0.84   1   0.36
## ppt_veg_500m       6.49   1   0.01
## has_metro_500mYES  0.02   1   0.89
## commercial_1km      0.01   1   0.92
## privateEntier       93.56   1   0
## cat_review          0.63   1   0.43
## host_total_listings_count 1.51   1   0.22
## -----
## 
## H0: Parallel Regression Assumption holds
```

Ce premier tableau nous indique que seule la variable indiquant si le logement est disponible en entier ou partagé contrevient à l'hypothèse de proportionnalité des cotes (la seule valeur de p significative). Pour

confirmer cette observation, nous pouvons réaliser un ensemble de tests de rapport de vraisemblance. Pour chaque variable du modèle, nous allons créer un second modèle dans lequel cette variable est autorisée à varier pour chaque catégorie et comparer les niveaux d'ajustement des modèles. Nous avons implémenté cette procédure dans la fonction `parallel.likelihoodtest.vglm` présente dans le code source de ce livre.

```
tableau_likelihood <- parallel.likelihoodtest.vglm(modele2)
```

```
## |
```

```
print(tableau_likelihood)
```

##	variable non parallele	AIC	loglikelihood	p.val	loglikelihood	ratio	test
## 1	beds	15304	-7640			0.271	
## 2	Garden_or_backyard	15305	-7641			0.417	
## 3	Free_street_parking	15301	-7639			0.079	
## 4	prt_veg_500m	15296	-7636			0.007	
## 5	has_metro_500m	15303	-7640			0.191	
## 6	commercial_1km	15305	-7640			0.271	
## 7	private	15215	-7595			0.000	
## 8	cat_review	15306	-7641			0.430	
## 9	host_total_listings_count	15304	-7640			0.257	

Les résultats de cette seconde série de tests confirment les précédents, la variable concernant le type de logement doit être autorisée à varier en fonction de la catégorie. Ce second tableau nous indique que la variable concernant la densité de végétation pourrait aussi être amenée à varier en fonction du groupe, mais ce changement a un effet très marginal (différence de AIC de seulement 8 points). Nous ajustons donc un nouveau modèle autorisant la variable `private` à changer en fonction de la catégorie prédite.

```
modele3 <- vglm(fac_price_cat ~ beds +
                  Garden_or_backyard + Host_greets_you + Free_street_parking +
                  prt_veg_500m + has_metro_500m + commercial_1km +
                  private + cat_review + host_total_listings_count,
                  family = cumulative(link="logitlink",
                  parallel = FALSE ~ private ,
                  reverse = TRUE),
                  data = data_airbnb2, model = T)
```

Vérifier l'ajustement du modèle

Maintenant que toutes les conditions d'application ont été passée en revue, nous pouvons passer à la vérification de l'ajustement du modèle

```

modelenull <- vglm(fac_price_cat ~ 1,
                      family = cumulative(link="logitlink",
                                             parallel = TRUE,
                                             reverse = TRUE),
                      data = data_airbnb2, model = T)

rsqs(loglike.full = logLik(modele3),
       loglike.null = logLik(modelenull),
       full.deviance = deviance(modele3),
       null.deviance = deviance(modelenull),
       nb.params = modele3@rank,
       n = nrow(data_airbnb2)
)

```

```

## $`deviance expliquée`
## [1] 0.2087098
##
## $`MacFadden ajusté`
## [1] 0.2073552
##
## $`Cox and Snell`
## [1] 0.3606848
##
## $Nagelkerke
## [1] 0.4085924

```

Le modèle final parvient à expliquer 21% de la déviance originale, il obtient un R^2 ajusté de MacFadden de 0,21, et des R^2 de Cox et Snell et Nagelkerke de respectivement 0,36 et 0,41. Construisons à présent la matrice de confusion de la prédiction du modèle (nous utilisons ici la fonction `nice_confusion_matrix` également disponible dans le code source de ce livre).

```

preds_probs <- fitted(modele3)
pred_cat <- c(1,2,3)[max.col(preds_probs)]

library(caret)
matrices <- nice_confusion_matrix(data_airbnb2$fac_price_cat,pred_cat)

# Afficher la matrice de confusion
print(matrices$confusion_matrix)

```

	rowsnames	1	2	3	rs	rp
## colsnames	""	"1 (reel)"	"2 (reel)"	"3 (reel)"	"Total"	"%"
## 1	"1 (predit)"	"1576"	"736"	"168"	"2480"	"27.7"
## 2	"2 (predit)"	"579"	"2385"	"1331"	"4295"	"48"
## 3	"3 (predit)"	"49"	"771"	"1360"	"2180"	"24.3"
##	"Total"	"2204"	"3892"	"2859"	"8955"	NA
##	"%"	"24.6"	"43.5"	"31.9"	NA	NA

```
# Afficher les indicateurs de qualité de prédiction
print(matrices$indicators)
```

	rnames	precision	rappel	F1
## 1	"1"	"0.64"	"0.72"	"0.67"
## 2	"2"	"0.56"	"0.61"	"0.58"
## 3	"3"	"0.62"	"0.48"	"0.54"
## macro_scores	"macro"	"0.6"	"0.59"	"0.59"
##	"Kappa"	"0.37"	NA	NA
##	"Valeur de p (précision > NIR)"	"0"	NA	NA

Le modèle a une précision totale de 61% (61% des observations ont été correctement prédictées). La catégorie 1 a de loin la meilleure précision (72%) et la 3 a la pire (48%), ce qui indique qu'il manque vraisemblablement des variables indépendantes contribuant à prédire les prix des logements les plus chers. Le coefficient de Kappa indique un niveau d'accord entre modéré et faible, mais le modèle parvient à une prédiction significativement supérieure au seuil de non-information. Si l'ajustement du modèle est imparfait, il est suffisamment fiable pour nous donner des renseignements pertinents sur le phénomène étudié.

Interprétation des résultats

L'ensemble des coefficients du modèle sont accessibles via la fonction `summary`. À partir des coefficients et de leurs erreurs standards, il est possible de calculer les rapports de cotes ainsi que leurs intervalles de confiances.

```
tableau <- summary(modele3)$coef[3]
rappCote <- exp(tableau[,1])
rappCote2.5 <- exp(tableau[,1] - 1.96 * tableau[,2])
rappCote97.5 <- exp(tableau[,1] + 1.96 * tableau[,2])
tableau <- cbind(tableau, rappCote, rappCote2.5, rappCote97.5)
print(round(tableau,3))
```

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	rappCote
## (Intercept):1	-1.203	0.137	-8.768	0.000	0.300
## (Intercept):2	-3.240	0.151	-21.516	0.000	0.039
## beds	0.748	0.027	28.143	0.000	2.113
## Garden_or_backyardYES	0.120	0.067	1.795	0.073	1.128
## Host_greets_youYES	0.094	0.060	1.548	0.122	1.098
## Free_street_parkingYES	-0.015	0.046	-0.320	0.749	0.985
## prt_veg_500m	-0.026	0.003	-10.182	0.000	0.975
## has_metro_500mYES	0.063	0.048	1.326	0.185	1.065
## commercial_1km	0.008	0.008	0.955	0.340	1.008
## privateEntier:1	2.445	0.062	39.241	0.000	11.533
## privateEntier:2	1.576	0.081	19.573	0.000	4.834
## cat_review	0.200	0.021	9.563	0.000	1.222
## host_total_listings_count	-0.002	0.001	-2.094	0.036	0.998
			rappCote2.5	rappCote97.5	
## (Intercept):1	0.230	0.393			

```

## (Intercept):2          0.029      0.053
## beds                  2.006      2.226
## Garden_or_backyardYES 0.989      1.287
## Host_greets_youYES    0.975      1.236
## Free_street_parkingYES 0.900      1.078
## prt_veg_500m           0.970      0.980
## has_metro_500mYES      0.970      1.170
## commercial_1km          0.992      1.024
## privateEntier:1         10.207     13.031
## privateEntier:2          4.128      5.660
## cat_review              1.173      1.273
## host_total_listings_count 0.996      1.000

```

Pour faciliter la lecture des résultats, nous proposons le tableau 6.14.

Sans surprise, chaque lit supplémentaire contribue à augmenter les chances que le logement soit dans une catégorie de prix supérieure (multiplication par deux à chaque lit supplémentaire). En revanche, la présence d'un stationnement gratuit, d'un jardin et l'accueil en personne par l'hôte n'ont pas d'impacts significatifs. Comme l'indiquaient les articles mentionnés en début de section, les revues positives augmentent la probabilité d'appartenir à une catégorie supérieure de prix. Pour chaque point supplémentaire sur l'échelle de 1 à 5 augmente la probabilité d'appartenir à une catégorie de prix supérieure de 22,2\$. Il est intéressant de noter que le fait de disposer du logement entier plutôt que d'une simple chambre augmente davantage les chances de passer du groupe de prix 1 à 2 (multiplication par 2,45) que du groupe 2 à 3 (multiplication par 1,58). Il semblerait également que si l'hôte possède plusieurs logements, la probabilité d'avoir une classe de prix supérieure diminue légèrement. Cependant

TAB. 6.14 : Coefficients du modèle logistique des cotes proportionnelles

Variable	Coefficient	RC	P	RC 2,5%	RC 97,5%	sign.
(Intercept):1	-1.20	0.300	<0.001	0.230	0.395	***
(Intercept):2	-3.24	0.039	<0.001	0.029	0.052	***
beds	0.75	2.113	<0.001	2.014	2.226	***
<i>Garden_or_backyard</i>						
ref : NO	-	-	-	-	-	-
YES	0.12	1.128	0.073	0.990	1.284	.
<i>Host_greets_you</i>						
ref : NO	-	-	-	-	-	-
YES	0.09	1.098	0.122	0.980	1.234	
<i>Free_street_parking</i>						
ref : NO	-	-	-	-	-	-
YES	-0.01	0.985	0.749	0.896	1.083	
<i>prt_veg_500m</i>	-0.03	0.975	<0.001	0.970	0.980	***
<i>has_metro_500m</i>						
ref : NO	-	-	-	-	-	-
YES	0.06	1.065	0.185	0.970	1.174	
<i>commercial_1km</i>	0.01	1.008	0.340	0.990	1.020	
<i>cat_review</i>	0.20	1.222	<0.001	1.174	1.271	***
<i>host_total_listings_count</i>	<0.01	0.998	0.036	1.000	1.000	*
Effets par niveau						
<i>private</i>						
ref : Chambre	-	-	-	-	-	-
Entier :1	2.45	11.533	<0.001	10.176	13.066	***
Entier :2	1.58	4.834	<0.001	4.137	5.641	***

l'effet est trop petit pour pouvoir se livrer à des interprétations.

Les variables environnementales ont peu d'impact : le pourcentage de surface commerciale dans un rayon d'un kilomètre et la présence d'une station de métro ne sont pas significatifs. En revanche, une augmentation de la surface végétale dans un rayon de 500 mètres tend à réduire la probabilité d'appartenir à une classe supérieure. Notre hypothèse concernant ce résultat est que cette variable représente un effet associé à la position des Airbnb, les plus centraux ayant tendance à être plus cher, mais avec un environnement moins vert et inversement. Pour l'illustrer, prédisons les probabilités d'appartenance aux différents niveaux de prix d'un logement avec les caractéristiques suivantes : entièrement privé, 2 lits, un jardin, une place de stationnement gratuite, l'hôte ne dispose que d'un logement sur Airbnb et accueille les arrivants en personne, 10% de surface commercial dans un rayon d'un kilomètre, noté 2 comme catégorie de revue, absence de métro dans un rayon de 500 mètres.

```
# Créer un jeu de données pour effectuer des predictions
df <- data.frame(
  prt_veg_500m = seq(5,90),
  beds = 2,
  Garden_or_backyard = "YES",
  Host_greets_you = "YES",
  Free_street_parking = "YES",
  has_metro_500m = "NO",
  commercial_1km = 10,
  private = "Entier",
  cat_review = 2,
  host_total_listings_count = 1
)

# Effectuer les predictions (dans l'échelle log)
preds <- predict(modele3, newdata = df, type = "link", se.fit=T)

# Définir l'inverse de la fonction de lien
ilink <- function(x){exp(x)/(1+exp(x))}

# Calculer les probabilités et leurs intervalles de confiance
df[["P[Y>=2]"]] <- ilink(preds$fitted.values[,1])
df[["P[Y>=2] 2,5%"]] <- ilink(preds$fitted.values[,1] - 1.96 * preds$se.fit[,1])
df[["P[Y>=2] 97,5%"]] <- ilink(preds$fitted.values[,1] + 1.96 * preds$se.fit[,1])

df[["P[Y>=3]"]] <- ilink(preds$fitted.values[,2])
df[["P[Y>=3] 2,5%"]] <- ilink(preds$fitted.values[,2] - 1.96 * preds$se.fit[,2])
df[["P[Y>=3] 97,5%"]] <- ilink(preds$fitted.values[,2] + 1.96 * preds$se.fit[,2])

df[["P[Y=1]"]] = 1-df[["P[Y>=2]"]]
df[["P[Y=1] 2,5%"]] = 1-df[["P[Y>=2] 2,5%"]]
df[["P[Y=1] 97,5%"]] = 1-df[["P[Y>=2] 97,5%"]]

# Afficher les résultats

ggplot(data = df) +
  geom_ribbon(aes(x = prt_veg_500m,
                  ymin = `P[Y>=2] 2,5%`,
                  ymax = `P[Y>=2] 97,5%`), fill ="#f94144", alpha = 0.4) +
  geom_path(aes(x = prt_veg_500m, y = `P[Y>=2]`, color="Y2")) +
  geom_ribbon(aes(x = prt_veg_500m,
```

```

        ymin = `P[Y>=3] 2,5` ,
        ymax = `P[Y>=3] 97,5`), fill ="#90be6d", alpha = 0.4)+
geom_path(aes(x = prt_veg_500m, y = `P[Y>=3]`, color = "Y3" )) +
geom_ribbon(aes(x = prt_veg_500m,
                 ymin = `P[Y=1] 2,5` ,
                 ymax = `P[Y=1] 97,5`),fill ="#277da1" , alpha = 0.4)+
geom_path(aes(x = prt_veg_500m, y = `P[Y=1]`, color = "Y1")) +
scale_color_manual(name = "Probabilité prédites",
                   breaks = c("Y1", "Y2", "Y3"),
                   labels = c("P[Y=1]", "P[Y>=2]", "P[Y>=3]"),
                   values = c("Y2" = "#f94144", "Y3" = "#90be6d",
                             "Y1" = "#277da1")) +
labs(x = "Densité de végétation (%)",
     y = "Probabilité",
     subtitle = "Y1 : moins de 50$; Y2 : 50 à 99$; Y3 : 100 à 249$")

```

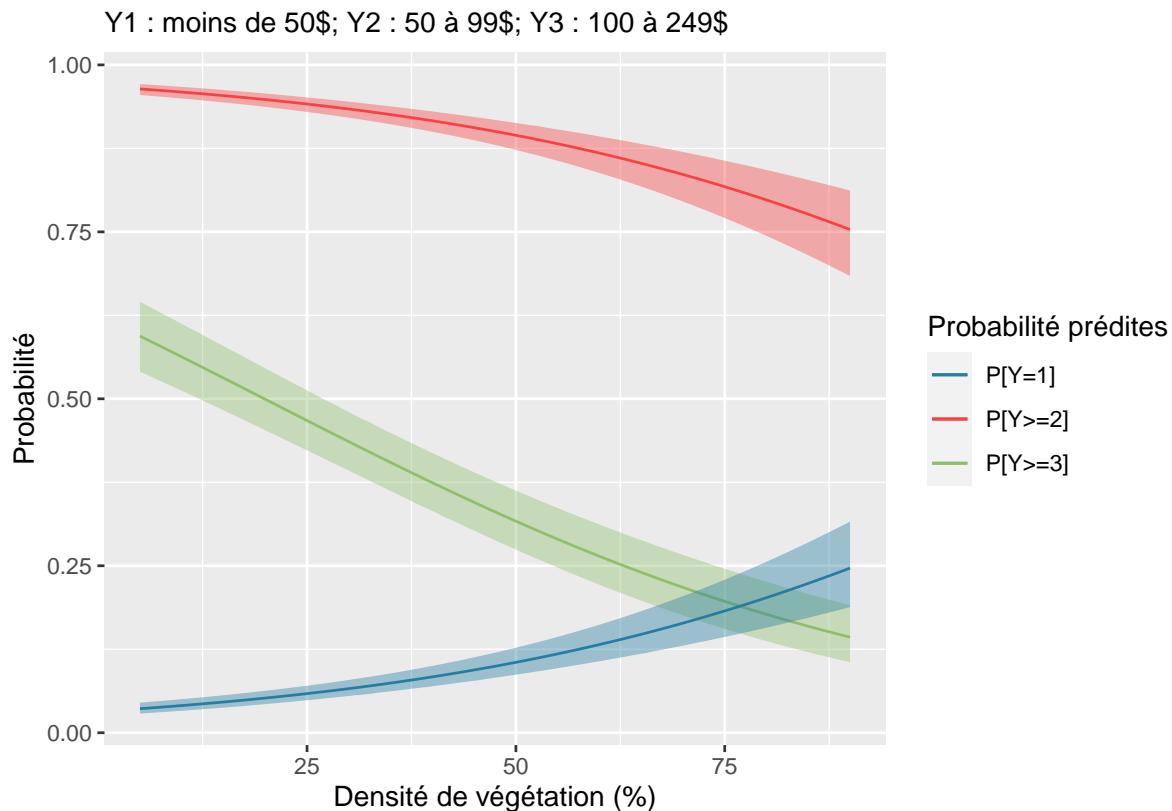


FIG. 6.17 : Prédiction de la probabilité d'appartenance aux trois catégories de prix en fonction de la densité de végétation

On constate sur la figure 6.17 que les probabilités d'appartenir aux niveaux 2 et 3 diminuent à mesure qu'augmente le pourcentage de végétation. La probabilité d'appartenir à la classe 2 et plus (en rouge), passe de plus de 95% en cas d'absence de végétation, à environ 75% avec 80% de végétation dans un rayon de 500m. Comme vous pouvez le constater, la probabilité $P[Y = 1]$ est la symétrie de $P[Y \geq 2]$ puisque $P[Y = 1] + P[Y \geq 2] = 1$.

6.2.1.4 Le modèle logistique multinomial

La régression logistique multinomiale est utilisée pour modéliser une variable Y qualitative multinomiale, c'est-à-dire une variable dont les catégories ne peuvent pas être ordonnées. Dans le modèle précédent, nous avons vu qu'il était possible de modéliser une variable ordinaire avec une distribution binomiale en formulant l'hypothèse de la proportionnalité des cotes. Avec une variable multinomiale, cette hypothèse ne tient plus car les catégories ne sont plus ordonnées. Il faut donc formuler le modèle différemment. L'idée derrière un modèle multinomial est de choisir une catégorie de référence, puis de modéliser les probabilités d'appartenir à chaque autre catégorie plutôt qu'à cette catégorie de référence. Si nous avons K catégories possibles dans notre variable Y , nous obtenons $K-1$ comparaisons. Chaque comparaison est modélisée avec sa propre équation ce qui génère de nombreux paramètres. Par exemple, admettons que notre variable Y ait cinq catégories et que nous disposons de six variables X prédictives. Nous avons ainsi 4 (5-1) équations de régression, multiplié par 7 paramètres (6 coefficients et une constante), soit 28 coefficients à analyser.

Considérant cette tendance à la multiplication des coefficients, il est fréquent de recourir à une méthode appelée *Analyse de type 3* pour limiter au maximum le nombre de variables indépendantes (VI) dans le modèle. L'idée de cette méthode est de recalculer plusieurs versions du modèle dans lesquelles une variable indépendante est retirée, puis de réaliser un test de rapport de vraisemblance en comparant ce nouveau modèle (complet moins une VI) au modèle complet (toutes les VI) pour vérifier si la variable en question améliore significativement le modèle. Il est alors possible de retirer toutes les variables dont l'apport est négligeable si elles étaient également peu intéressantes du point de vue théorique.

6.2.1.4.1 Conditions d'application

Les conditions d'application sont les mêmes que pour un modèle binomial, avec l'ajout de l'hypothèse sur l'indépendance des alternatives non pertinentes. Cette dernière suppose que le choix entre deux catégories est indépendant des catégories proposées. Voici un exemple simple pour illustrer cette hypothèse : admettons que nous disposons d'une trentaine de personnes et que nous leur demandions la couleur de leurs yeux. Cette variable ne serait pas affectée par la présence de nouvelles couleurs. En revanche, si nous leur demandions de choisir un mode de transport parmi une liste pour se rendre à leur lieu de travail, leur réponse serait nécessairement affectée par la liste des modes de transport disponibles. Les tests développés pour vérifier cette hypothèse sont connus pour leur faible fiabilité³. Il est plus pertinent de décider théoriquement si cette hypothèse est valide ou non. Dans le cas contraire, il est possible d'utiliser une classe de modèle logistique plus rare : le modèle logistique imbriqué.

³<https://statisticalhorizons.com/ia>

TAB. 6.15 : Carte d'identité du modèle probit binomial

Type de variable dépendante	Variable qualitative multinomiale avec K catégories
Distribution utilisée	Binomiale
Formulation	$Y \sim Binomial(p)$ $g(p = k \text{ avec } ref = a) = \beta_{0k} + \beta X_k$ $g(x) = \frac{\log(x)}{1-x}$
Fonction de lien	logistique
Paramètre modélisé	p
Paramètres à estimer	β_{0k}, β_k pour $k \in [2, \dots, K]$
Conditions d'application	Non-séparation complète, Absence de surdispersion ou sousdispersion, Indépendance des alternatives non pertinentes

Notez également que le grand nombre de paramètres dans ce type de modèle implique de disposer d'un plus grand nombre d'observations afin de disposer de suffisamment d'information pour ajuster tous les paramètres.

Pour vérifier la présence de surdispersion, il est possible dans le cas du modèle multinomial de calculer le rapport entre le Chi² de Pearson et le nombre de degrés de liberté du modèle. Si ce rapport est supérieur à 1 (des valeurs jusqu'à 1,2 ne sont pas problématiques) alors le modèle souffre de surdispersion (SAS Institute Inc, 2020a). Le Chi² de Pearson permet de comparer les catégories observées dans la variable Y et les catégories prédictives par le modèle. Il est possible de le calculer avec la formule suivante :

$$\chi^2 = \sum_k \frac{(O_k - E_k)^2}{E_k} \quad (6.17)$$

Avec O_k la proportion d'observations dans le groupe k et E_k la proportion de valeurs prédictives dans le groupe k .

Le ratio est ensuite calculé comme suit ainsi : $\frac{\chi^2}{(N-p)(K-1)}$, Avec N le nombre d'observation et K le nombre de groupe dans la variable Y.



Le modèle logistique imbriqué

Du fait de sa proximité avec les modèles à effets mixtes que nous aborderons plus tard (section X), nous ne détaillons pas ici le modèle logistique imbriqué, mais présentons plutôt son principe général. Il s'agit d'une généralisation du modèle logistique multinomial basé sur l'idée que certaines catégories pourraient être regroupées dans des «nids» (*nest* en anglais). Dans ces groupes, les erreurs peuvent être corrélées, indiquant ainsi que si une catégorie est manquante, une autre catégorie du même groupe sera préférée. Un paramètre λ contrôle spécifiquement cette corrélation et permet donc de mesurer sa force une fois le modèle ajusté. Il peut donc être pertinent de comparer un modèle imbriqué à un modèle multinomial pour déterminer lequel des deux est le mieux ajusté aux données.

6.2.1.4.2 Exemple appliqué dans R

Pour cet exemple, nous reproduisons une partie de l'analyse effectuée dans l'étude de McFadden (2016). Cet article s'intéresse aux écarts entre les croyances des individus et les connaissances scientifiques sur les sujets des OGM et du réchauffement climatique. Les auteurs utilisent pour cela des données issues d'une enquête auprès de 961 individus formant un échantillon représentatif de la population des États-Unis. Les données issues de cette enquête sont téléchargeables sur le site de l'éditeur⁴, ce qui nous permet ici de reproduire l'analyse effectuée par les auteurs. Deux questions sont centrales dans l'enquête :

- Dans quelle mesure êtes-vous en accord ou en désaccord avec la phrase suivante : les plantations génétiquement modifiées sont sans danger pour la consommation.
- Dans quelle mesure êtes-vous en accord ou en désaccord avec la phrase suivante : la Terre se réchauffe du fait des activités humaines". Pour ces deux questions.

Les répondants devaient sélectionner leur degré d'accord sur une échelle de Likert allant de 1 (fortement en désaccord) à 5 (fortement en accord). Les réponses à ces deux questions ont été utilisées pour former une variable multinomiale à quatre modalités :

⁴<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0166140>

- A. Les individus sont en accord avec les deux propositions.
- B. Les individus sont en désaccord sur les OGM, mais en accord sur le réchauffement climatique.
- C. Les individus sont en accord sur les OGM, mais en désaccord sur le réchauffement climatique.
- D. Les individus sont en désaccord avec les deux propositions.

Un modèle logistique multinomial a été utilisé pour déterminer quels facteurs contribuent à la probabilité d'appartenir à ces différentes catégories. Les variables indépendantes présentes dans le modèle sont détaillées dans le tableau 6.16. Les auteurs avaient notamment conclu que :

- Les effets des connaissances (réelles ou perçues) n'étaient pas uniformes et pouvaient varier en fonction du sujet.
- L'orientation politique avait une influence significative sur les croyances.
- Les répondants avec de plus hauts résultats au test de cognition CRT avaient plus souvent des opinions divergentes de la communauté scientifique.

Vérification des conditions d'application

Avant d'ajuster le modèle, nous commençons par vérifier l'absence de multicolinéarité excessive entre les variables indépendantes. L'ensemble des valeurs de VIF sont inférieure à 2, indiquant bien une absence de multicolinéarité.

```
data_quest <- read.csv("data/glm/enquete_PublicOpinion_vs_Science.csv")

# choix des valeurs de références dans les facteurs
data_quest$Parti <- relevel(as.factor(data_quest$Parti), ref = "Democrate")
data_quest$Sexe <- relevel(as.factor(data_quest$Sexe), ref = "homme")

vif(glm(SCIGM ~ PercepOGM + PercepRechClim + ConnaisOGM + ConnaisRechClim +
        CRT + Parti + AGE + Sexe + Revenu, data = data_quest))
```

TAB. 6.16 : Variable indépendantes utilisées dans le modèle logistique multinomial

Nom de la variable	signification	Type de variable	Mesure
PercepOGM	La recherche scientifique supporte ma vision sur la sécurité des plantes OGM	Variable ordinaire	Échelle de Likert de 1 (fortement en désaccord) à 5 (fortement en accord)
PercepRechClim	La recherche scientifique supporte ma vision sur le réchauffement climatique	Variable ordinaire	Échelle de Likert de 1 (fortement en désaccord) à 5 (fortement en accord)
ConnaisOGM	Niveau de connaissance sur les OGM	Variable ordinaire	Nombre de réponses juste sur trois questions portant sur les OGM
ConnaisRechClim	Niveau de connaissance sur le réchauffement climatique	Variable ordinaire	Nombre de réponses juste sur trois questions portant sur le réchauffement climatique
CRT	Score obtenu au Cognitive Reflection Test, utilisé pour déterminer la propension à faire preuve d'esprit d'analyse plutôt que choisir des réponses intuitives	Variable ordinaire	Nombre de réponses juste sur trois questions pièges
Parti	Orientation politique du répondant	Variable multinomiale	Républicain, Démocrate et autre
Sexe	Sexe du répondant	Variable binaire	Femme ou Homme
Age	Âge du répondant	Variable continue	Âge du répondant
Revenu	Niveau de revenu du répondant	Variable ordinaire	Échelle de 1 (moins de 20 000) 8(140000 et plus)

```

##                      GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
## PercepOGM      1.092693  1     1.045320
## PercepRechClim 1.177495  1     1.085125
## ConnaisOGM     1.150662  1     1.072689
## ConnaisRechClim 1.158438  1     1.076307
## CRT            1.155371  1     1.074882
## Parti          1.130817  2     1.031212
## AGE            1.071655  1     1.035208
## Sexe           1.064918  1     1.031949
## Revenu          1.049499  1     1.024451

```

La seconde étape est d'ajuster le modèle et de vérifier l'absence de sur ou sous-dispersion. Pour ajuster le modèle, nous utilisons à nouveau la fonction `vglm` du package **VGAM**, avec le paramètre `family = multinomial()`. Le ratio entre la statistique de Pearson et le nombre de degrés de liberté du modèle n'indique pas de présence de surdispersion dans le modèle (0,124).

```

# ajustement du modèle
modele <- vglm(Y ~ PercepOGM + PercepRechClim + ConnaisOGM + ConnaisRechClim +
                  CRT + Parti + AGE + Sexe + Revenu,
                  data = data_quest,
                  family = multinomial(refLevel="A"), model = T)

# calcule du Chi2 de Pearson
pred <- predict(modele, type= "response")
cat_predict <- colnames(pred)[max.col(pred)]

freq_real <- table(data_quest$Y)
freq_pred <- table(cat_predict)

chi2 <- sum(((freq_real - freq_pred)**2) / freq_pred)

N <- nrow(data_quest)
p <- modele@rank
r <- length(freq_real)
ratio <- chi2 / ((N-p)*(r-1))
print(ratio)

## [1] 0.1243563

```

La troisième étape de la vérification des conditions d'application est l'analyse des distances de Cook. À nouveau, puisque le modèle évalue la probabilité d'appartenir à $K-1$ catégorie, nous pouvons calculer $K-1$ résidus par observation et par extension $K-1$ distances de Cook. Aucune observation ne semble se détacher nettement dans la figure 6.18. Nous décidons donc pour le moment de conserver toutes les observations.

```

# Extraction des résidus
res <- residuals(modele, type = "pearson")
# Extraction de la hat matrix (nécessaire pour calculer la distance de Cook)
hat <- hatvaluesvlm(modele)

```

```

# Calcul des distances de Cook
vals <- c("A","B","C","D")

cooks <- lapply(1:ncol(res),function(i){
  r <- res[,i]
  h <- hat[,i]
  cook <- (r/(1 - h))^2 * h/(1 * modele@rank)
  df <- data.frame(
    oid = 1:length(cook),
    cook = cook
  )
  plot <- ggplot(data = df)+ 
    geom_point(aes(x = oid, y = cook), size = 0.2, color = rgb(0.1,0.1,0.1,0.4)) +
    labs(x = "", y = "", subtitle = paste("distance de Cook P(",vals[[1]]," VS ",vals[[i+1]],")",sep=""))+
    theme(axis.ticks.x = element_blank(),
          axis.text.x = element_blank())
  return(plot)
})

ggarrange(plotlist = cooks, ncol = 2, nrow = 2)

```

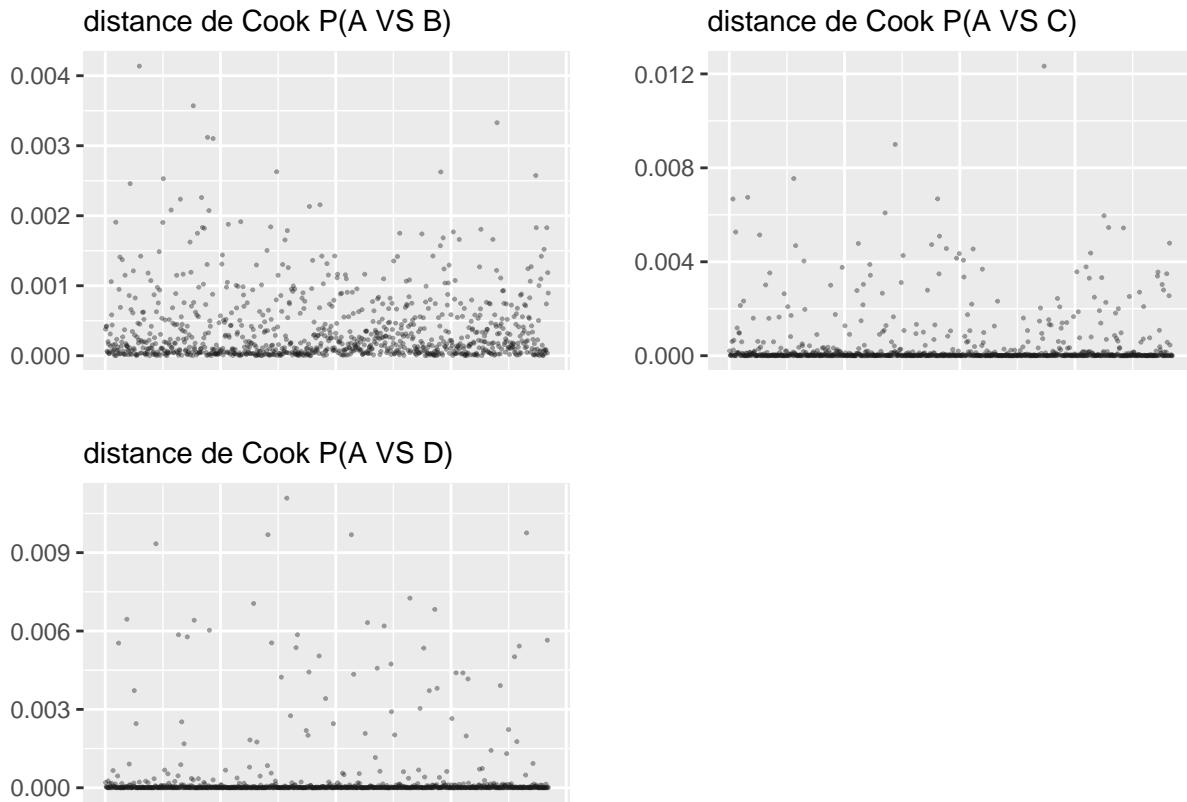


FIG. 6.18 : Distances de Cook pour le modèle logistique multinomial

Avant de passer à l'analyse de résidus simulés, il est pertinent de réaliser une analyse de type 3 afin de retirer les variables indépendantes dont l'apport au modèle est négligeable. La fonction `AnalyseType3`

(disponible dans le code source de ce livre) permet d'effectuer cette opération automatiquement pour un objet de type `vglm`.

```
tableau <- AnalyseType3(modele, data_quest)
```

```
## |
## Type 3 Analysis of Effects
## ****
## AIC model complet : 1855
## loglikelihood model complet : 1789
##   variable retiree  AIC loglikelihood p.val
## 1      PercepOGM 1879      1819      0
## 2    PercepRechClim 1941      1881      0
## 3     ConnaisOGM 1910      1850      0
## 4  ConnaisRechClim 1862      1802 0.0059
## 5          CRT 1860      1800 0.0125
## 6        Parti 1879      1825      0
## 7          AGE 1852      1792 0.4469
## 8        Sexe 1875      1815      0
## 9       Revenu 1850      1790 0.7718
```

L'analyse de type 3 nous permet de déterminer que l'âge et le revenu sont deux variables dont la contribution au modèle est marginale. Nous décidons donc de les retirer afin d'alléger les tableaux de coefficients que nous présenterons plus loin. Nous pouvons également en conclure que ces deux variables ne jouent aucun rôle dans la propension à être en désaccord avec la recherche scientifique. Nous réajustons le modèle en conséquence.

```
modele2 <- vglm(Y ~ PercepOGM + PercepRechClim + ConnaisOGM + ConnaisRechClim +
                  CRT + Parti + Sexe,
                  data = data_quest,
                  family = multinomial(refLevel="A"), model = T)
```

Nous pouvons à présent passer à l'analyse des résidus simulés. Le calcul de ces derniers est très similaire au cas d'un modèle logistique de cote proportionnelle présenté dans la section précédente. La figure 6.19 indique que les résidus suivent bien une distribution uniforme, et qu'aucune valeur aberrante n'est observable.

```
# Extraction des prédictions (en probabilité)
predicted <- predict(modele2, type = "response")

nsim <- 1000
# Lancement des simulations pour chaque observation (chaque ligne dans predicted)
simulations <- lapply(1:nrow(predicted), function(i){
  probs <- predicted[i,]
  sims <- sample(c(1,2,3,4), size = nsim, replace = T, prob = probs)
  return(sims)
})
```

```

})
matsim <- do.call(rbind, simualtions)

# On conserve la catégorie avec la plus haute probabilité
# comme catégorie prédite
pred_cat <- colnames(predicted)[max.col(predicted)]

# On convertit les catégories en nombres entiers (nécessaire pour le package DHARMA)

real <- case_when(data_quest$Y == "A" ~ 1,
                    data_quest$Y == "B" ~ 2,
                    data_quest$Y == "C" ~ 3,
                    data_quest$Y == "D" ~ 4)

pred <- case_when(pred_cat == "A" ~ 1,
                   pred_cat == "B" ~ 2,
                   pred_cat == "C" ~ 3,
                   pred_cat == "D" ~ 4)

# On calcule les résidus simulés
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = matsim,
                          observedResponse = real,
                          fittedPredictedResponse = pred,
                          integerResponse = T)

DHARMA:::plotQQunif(sim_res)

```

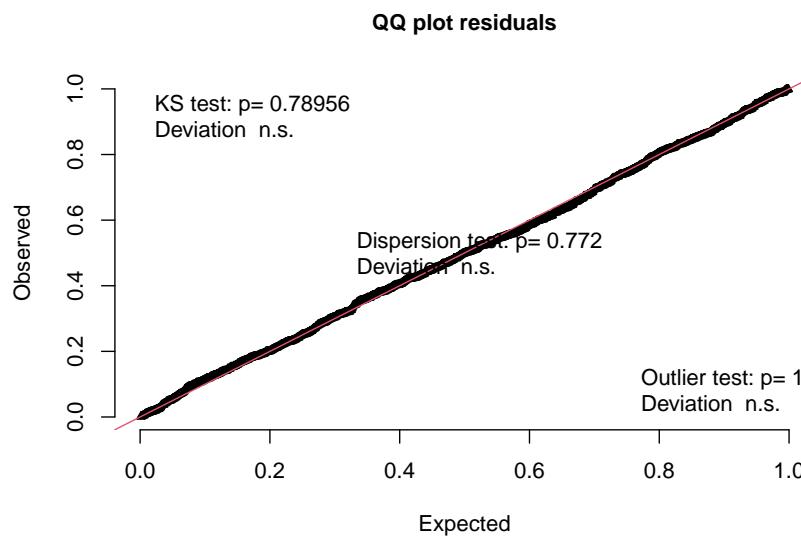


FIG. 6.19 : Diagnositc général des résidus simulés pour le modèle multinomial

La figure 6.20 permet d'affiner le diagnostic en s'assurant de l'absence de relation entre les variables indépendantes et les résidus. Il est possible de remarquer des irrégularités pour les variables de perceptions (premier et second panneaux). Dans les deux cas, la catégorie 1 (fort désaccord) se démarque nettement des autres catégories. Nous proposons donc de les recoder comme des variables binaires : en désaccord / pas en désaccord pour minimiser cet effet.

```

par(mfrow=c(3,3))
vars <- c("PercepOGM", "PercepRechClim", "ConnaisOGM",
        "ConnaisRechClim", "CRT", "Parti", "Sexe")

for(v in vars){
  plotResiduals(sim_res, data_quest[[v]], main = v)
}

```

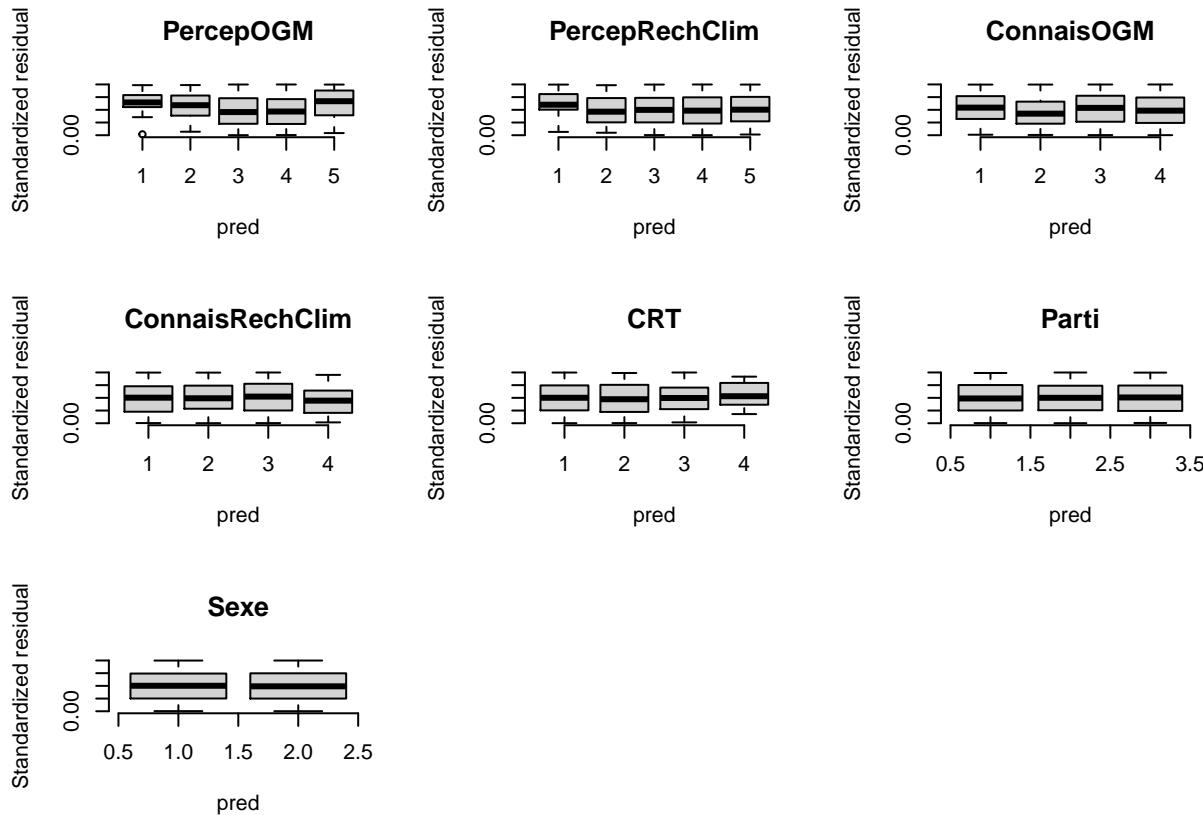


FIG. 6.20 : Diagnositc par variable des résidus simulés pour le modèle multinomial

Nous réajustons donc le modèle et recalculons nos résidus ajustés (masqué ici pour alléger le document). La figure 6.21 nous confirme que le problème a été corrigé.

```

# Convertir les variables ordinaires et variables binaires
data_quest$PercepOGMDes <- ifelse(data_quest$PercepOGM %in% c(1,2), 1,0)
data_quest$PercepRechClimDes <- ifelse(data_quest$PercepRechClim %in% c(1,2), 1,0)

# Réajuster le modèle
modele3 <- vglm(Y ~ PercepOGMDes + PercepRechClimDes +
                    ConnaisOGM + ConnaisRechClim +
                    CRT + Parti + Sexe,
                    data = data_quest,
                    family = multinomial(refLevel="A"), model = T)

```

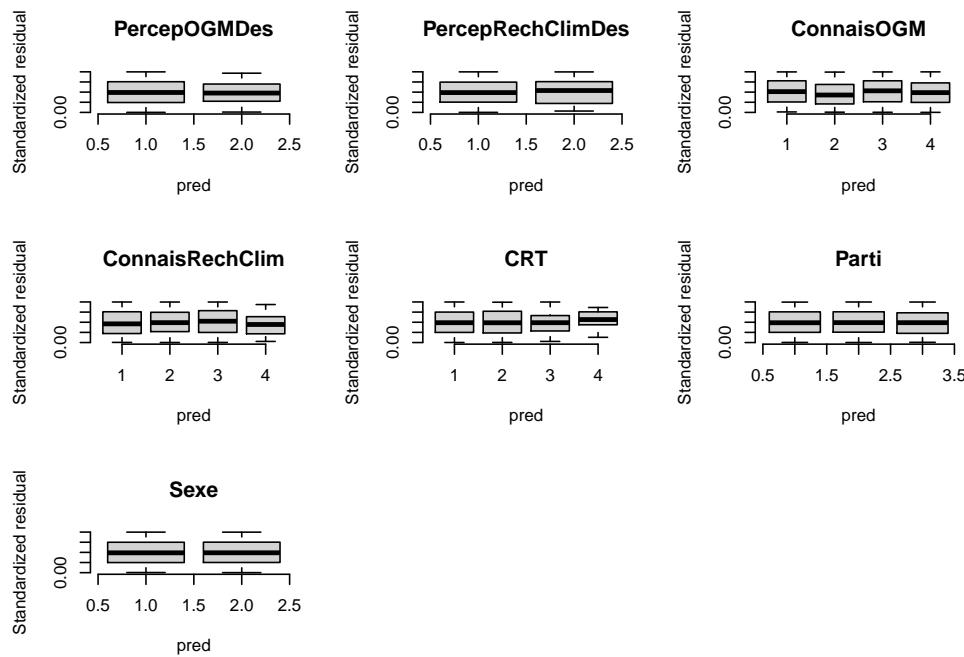


FIG. 6.21 : Diagnositc général des résidus simulés pour le modèle multinomial (version 3)

Profitons du fait que nous utilisons le package **VGAM** pour vérifier l'absence d'effet de hauck-Donner qui indiquerait que des variables indépendantes provoquent des séparations parfaites.

```
test <- hdeff(modele3)
test[test==TRUE]

## (Intercept):2 (Intercept):3
##          TRUE          TRUE
```

La fonction nous informe que les constantes permettant de comparer le groupe C au groupe A, et le groupe D au groupe A provoquent des séparations parfaites. Ceci s'explique notamment par le faible nombre d'observations tombant dans ces catégories. Considérant que comparativement à la catégorie A, être dans les catégories B, C, ou D signifie remettre en cause au moins un consensus scientifique, il peut être raisonnable de fixer la constante pour qu'elle soit la même pour les trois comparaisons. Ainsi, les chances de passer de A à un autre groupe ne dépenderaient pas du groupe en question, mais uniquement des prédicteurs. Pour cela, nous pouvons forcer le modèle à n'ajuster qu'une seule constante avec la syntaxe suivante :

```
modele4 <- vglm(Y ~ PercepOGMDes + PercepRechClimDes +
  ConnaisOGM + ConnaisRechClim +
  CRT + Parti + Sexe,
  data = data_quest,
  family = multinomial(refLevel="A",
  parallel = TRUE ~1), model = T)

test <- hdeff(modele4)
test[test==TRUE]
```

```
## named logical(0)
```

Nous n'avons donc plus de séparation complète, et les résidus simulés de la quatrième version du modèle sont toujours acceptables (figure 6.22). Ils notent cependant un début de surdispersion, mais le test n'est pas significatif au seuil 0,01.

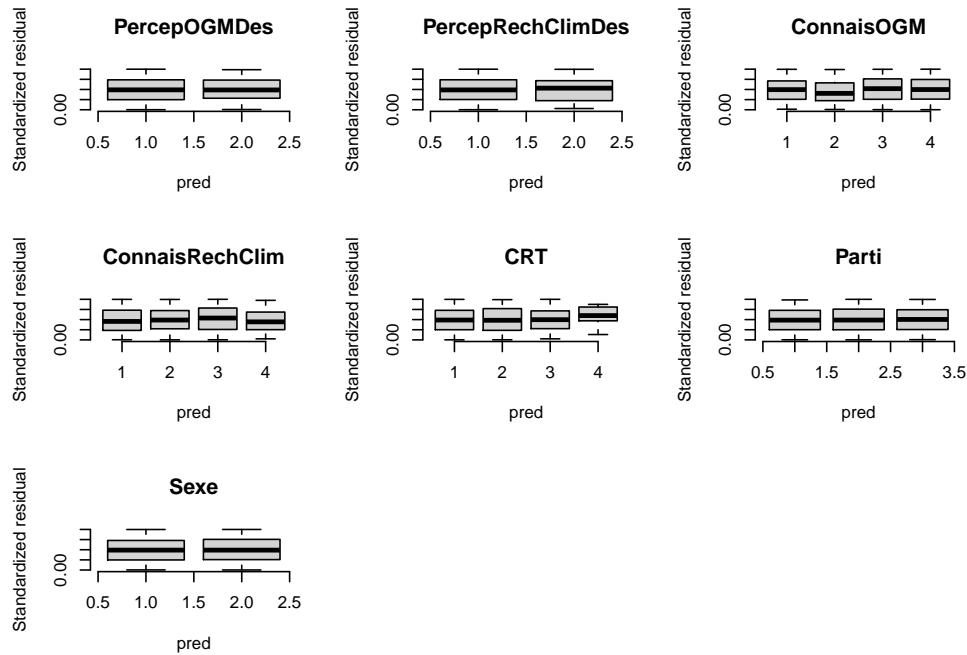


FIG. 6.22 : Diagnositc général des résidus simulés pour le modèle multinomial (version 4)

Vérifier l'ajustement du modèle

Puisque les conditions d'application du modèle sont respectées, nous pouvons à présent vérifier sa qualité d'ajustement

```
modeleNull <- vglm(Y ~ 1 ,
                     data = data_quest,
                     family = multinomial(refLevel="A",
                                           parallel = TRUE ~ 1 + CRT)
                     , model = T)

rsqs(loglike.full = logLik(modele4),
      loglike.null = logLik(modeleNull),
      full.deviance = deviance(modele4),
      null.deviance = deviance(modeleNull),
      nb.params = modele4@rank,
      n = nrow(data_quest)
    )

## `$deviance expliquee`
## [1] 0.1750071
##
## `$MacFadden ajuste`
```

```
## [1] 0.1530715
##
## $`Cox and Snell`
## [1] 0.3397248
##
## $Nagelkerke
## [1] 0.3746843
```

Le modèle parvient à expliquer 17,5% de la déviance totale, il obtient un R^2 ajusté de MacFadden de 0,15, et des R^2 de Cox et Snell et de Nagelkerke de respectivement 0,34 et 0,37. Passons à la construction de la matrice de confusion pour analyser la capacité de prédiction du modèle.

```
preds <- predict(modele4, type = "response")
pred_cats <- colnames(preds)[max.col(preds)]
```

real <- data_quest\$Y

```
matrices <- nice_confusion_matrix(real, pred_cats)
```

Afficher la matrice de confusion

```
print(matrices$confusion_matrix)
```

	rowsnames	A	B	C	D	rs
## colsnames	""	"A (réel)"	"B (réel)"	"C (réel)"	"D (réel)"	"Total"
## A	"A (prédit)"	"482"	"168"	"75"	"29"	"754"
## B	"B (prédit)"	"31"	"88"	"9"	"20"	"148"
## C	"C (prédit)"	"10"	"6"	"18"	"6"	"40"
## D	"D (prédit)"	"3"	"4"	"3"	"9"	"19"
	"Total"	"526"	"266"	"105"	"64"	"961"
##	"%"	"54.7"	"27.7"	"10.9"	"6.7"	NA
##	rp					
## colsnames	"%"					
## A	"78.5"					
## B	"15.4"					
## C	"4.2"					
## D	"2"					
##	NA					
##	NA					

Afficher les indicateurs de qualité de prédiction

```
print(matrices$indicators)
```

	rnames	precision	rappel	F1
## A	"A"	"0.64"	"0.92"	"0.75"
## B	"B"	"0.59"	"0.33"	"0.43"
## C	"C"	"0.45"	"0.17"	"0.25"
## D	"D"	"0.47"	"0.14"	"0.22"

```
## macro_scores "macro"           "0.6"      "0.62" "0.57"
##                 "Kappa"          "0.27"     NA      NA
## "Valeur de p (précision > NIR)" "0"       NA      NA
```

La précision globale du modèle est de 60% et dépasse significativement le seuil de non-information. L'indicateur de Kappa indique un accord modéré entre la prédiction et les valeurs réelles. Les catégories C et D sont les catégories avec la plus faible précision, indiquant ainsi que le modèle a tendance à manquer les prédictions pour les individus en désaccord avec le consensus scientifique sur le réchauffement climatique. Les indices de rappel sont également très faibles pour les catégories B, C et D, indiquant que très peu d'observations appartenant originellement à ces groupes ont bien été classées dans ces groupes. La capacité de prédiction du modèle est donc relativement faible.

Interprétation des résultats

Puisque nous disposons de quatre catégories dans notre variable Y , nous obtenons au final trois tableaux de coefficients. Il est possible de visualiser l'ensemble des coefficients du modèle avec la fonction `summary`, nous proposons les tableaux 6.17, 6.18 et 6.19 pour présenter l'ensemble des résultats.

Le tableau 6.17 compare donc le groupe A (en accord avec la recherche scientifique sur les deux sujets) et le groupe B (en désaccord sur la question des OGM). Les résultats indiquent que le fait de se percevoir en désaccord avec le consensus scientifique sur la question des OGM multiple par sept les chances d'appartenir au groupe B comparativement au groupe A. Cependant pour chaque bonne réponse supplémentaire sur les questions testant les connaissances sur les OGM, les chances d'appartenir au groupe B comparativement au groupe A diminue de 28%. Ainsi, un individu ayant répondu correctement aux trois questions aurait ses chances réduites de 63% d'appartenir au groupe B ($\exp(-0.33*3)$). Il est intéressant de noter que les variables concernant le réchauffement climatique n'ont pas d'effet significatif ici. La variable CRT indique qu'à chaque bonne réponse supplémentaire au test de Cognition, les chances d'appartenir au groupe B augment de 42%. Un individu qui aurait répondu juste aux trois questions du test aurait donc 2,9 fois plus de chances d'appartenir au groupe B qu'au groupe A. Concernant le parti politique, comparativement à une personne se déclarant plus proche du parti démocrate, les personnes proches du parti républicain ou d'un autre parti ont près de deux fois plus de chances d'appartenir au groupe B. Enfin, une femme, comparativement à un homme à 3,6 fois plus de chance d'appartenir au groupe B.

Le tableau 6.18 compare les groupes A et C (en désaccord sur le réchauffement climatique). Il est intéressant de noter ici que se percevoir en désaccord avec la recherche scientifique est associé avec une forte augmentation des chances d'appartenir au groupe C. Cependant, un plus grand nombre de bonnes

TAB. 6.17 : Coefficients du modèle multinomial A versus B

Variable	Coefficient	RC	val.p	RC 2,5%	RC 97,5%	sign.
PercepOGMDes	1.94	6.989	<0.001	4.221	11.588	***
PercepRechClimDes	0.43	1.532	0.305	0.677	3.456	
ConnaisOGM	-0.33	0.718	<0.001	0.607	0.852	***
ConnaisRechClim	0.18	1.197	0.084	0.980	1.462	.
CRT	0.35	1.417	0.016	1.073	1.878	*
<i>Parti</i>						
ref : Democrate	—	—	—	—	—	—
autre	0.66	1.934	0.001	1.310	2.858	***
Republicain	0.65	1.910	0.003	1.259	2.915	**
<i>Sexe</i>						
ref : homme	—	—	—	—	—	—
femme	1.28	3.581	<0.001	2.535	5.053	***

TAB. 6.18 : Coefficients du modèle multinomial A VS C

variable	coefficient	RC	val.p	RC 2,5%	RC 97,5%	sign.
PercepOGMDes	-0.18	0.834	0.705	0.326	2.138	
PercepRechClimDes	2.06	7.821	<0.001	3.819	16.119	***
ConnaisOGM	-0.11	0.896	0.287	0.733	1.094	
ConnaisRechClim	0.28	1.323	0.024	1.041	1.682	*
CRT	0.24	1.275	0.149	0.914	1.768	
<i>Parti</i>						
ref : Democrat	—	—	—	—	—	—
autre	-0.19	0.828	0.496	0.482	1.433	
Republicain	0.92	2.512	<0.001	1.584	4.015	***
<i>Sexe</i>						
ref : homme	—	—	—	—	—	—
femme :1	-0.45	0.640	0.040	0.419	0.980	*

réponses aux questions sur le réchauffement climatique est également associé avec une augmentation des chances (30% à chaque bonne réponse supplémentaire) d'appartenir au groupe C. Le CRT n'a cette fois-ci pas d'impact. Se déclarer proche du parti républicain, comparativement au parti démocrate, multiplie les chances par 2,5 d'appartenir au groupe C. Comparativement au tableau précédent, le fait d'être une femme diminue les chances de 36% d'appartenir au groupe C.

Le dernier tableau 6.19 compare le groupe A au groupe D (en désaccord sur les deux sujets). Les variables les plus importantes sont une fois encore le fait de se sentir en désaccord avec la recherche scientifique et le degré de connaissance sur les OGM. La variable concernant le parti politique est significative au seuil 0,05 et exprime toujours une tendance accrue pour les individus du parti républicain à appartenir au groupe D.

Nos propres conclusions corroborent celles de l'article original. Une des conclusions intéressantes est que le rejet du consensus scientifique ne semble pas nécessairement être associé à un déficit d'information ni à une plus faible capacité analytique, mais relèverait davantage d'une polarisation politique. Notez que cette littérature sur les croyances et la confiance dans la recherche est complexe, si le sujet vous intéresse, la discussion de l'article de [McFadden \(2016\)](#) est un bon point de départ.

TAB. 6.19 : Coefficients du modèle multinomial A VS D

variable	coefficient	RC	val.p	RC 2,5%	RC 97,5%	sign.
PercepOGMDes	1.50	4.488	<0.001	2.270	8.935	***
PercepRechClimDes	2.44	11.501	<0.001	5.312	25.028	***
ConnaisOGM	-0.48	0.621	<0.001	0.492	0.787	***
ConnaisRechClim	0.13	1.140	0.399	0.844	1.553	
CRT	0.34	1.409	0.119	0.914	2.160	
<i>Parti</i>						
ref : Democrat	—	—	—	—	—	—
autre	0.19	1.211	0.531	0.664	2.203	
Republicain	0.63	1.872	0.038	1.041	3.387	*
<i>Sexe</i>						
ref : homme	—	—	—	—	—	—
femme :1	-0.11	0.896	0.664	0.543	1.477	

6.2.1.5 Conclusion sur les modèles pour des variables qualitatives

Nous avons pu voir dans cette section les trois principales formes de modèles GLM pour modéliser une variable binaire (modèle binomial), une variable ordinaire (modèle de cotes proportionnel) et une variable multinomiale (modèle multinomial). Pour ces trois modèles, nous avons vu que la distribution utilisée est toujours la distribution binomiale et la fonction de lien la fonction logistique. Les coefficients obtenus s'interprètent comme des rapports de cote, une fois qu'ils sont transformés avec la fonction exponentielle. Nous avons également vu le modèle binomial probit, une variante du modèle binomial logistique utilisant la fonction *probit* comme fonction de lien. Sachez qu'il est également possible d'utiliser la fonction de lien probit pour le modèle des cotes proportionnelles et le modèle multinomial.

6.2.2 Les modèles GLM pour des variables de comptage

Dans cette section, nous présentons les principaux modèles utilisés pour modéliser des variables de comptage. Il peut s'agir de variable comme le nombre d'accident à une intersection, le nombre de cafés par quartier, le nombre de cas de certaines maladie par secteurs de recensement, etc.

6.2.2.1 Le modèle de Poisson

Le modèle GLM de base pour modéliser une variable de comptage est le modèle de Poisson. Pour rappel, la distribution de Poisson a un seul paramètre : (λ) . Il représente le nombre moyen d'événements observés sur l'intervalle de temps retenu, ainsi que la variance de la distribution. En conséquence, λ doit être un nombre strictement positif. On ne peut pas observer un nombre négatif de phénomène. Il est donc nécessaire d'utiliser une fonction de lien pour contraindre l'équation de régression sur l'intervalle $[0, +\infty]$. La fonction la plus utilisée est le logarithme naturel (log) dont la réciproque est la fonction exponentielle (exp).

6.2.2.1.1 Interprétation des paramètres

Les coefficients du modèle expriment l'impact du changement d'une unité des variables X sur λ (le nombre de cas) dans l'échelle logarithmique (log-scale). Pour rappel, l'échelle logarithmique est multiplicative, ce qui complique quelque peu la tâche lorsque l'on tente de revenir à l'échelle originale des données. En effet, si l'on convertit les coefficients dans leur échelle originale avec la fonction exponentielle, leur effet n'est plus additif, mais multiplicatif. Prenons un exemple concret, admettons que nous ayons ajusté un modèle de poisson à une variable de comptage Y avec deux variables x_1 et x_2 et que nous ayons obtenus les coefficients suivants :

TAB. 6.20 : Carte d'identité du modèle de Poisson

Type de variable dépendante	Variable de comptage
Distribution utilisée	Poisson
Formulation	$Y \sim Poisson(\lambda)$ $g(\lambda) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = \log(x)$
Fonction de lien	log
Paramètre modélisé	λ
Paramètres à estimer	β_0, β
Conditions d'application	Absence d'excès de zéros, Absence de surdispersion ou sousdispersion

$$\beta_0 = 1,8; \beta_1 = 0,5; \beta_2 = -1,5$$

L'interprétation basique (sur l'échelle log) est la suivante : Une augmentation de 1 unité de la variable x_1 est associée avec une augmentation de 0.5 du log du nombre de cas attendu. Une augmentation de 1 unité de la variable x_2 est associée avec une réduction de 1.5 unités du log du nombre de cas attendu. Avec la conversion avec la fonction exponentielle, on obtient :

- $\exp(0.5) = 1.649$, soit une multiplication par 1.649 du nombre de cas attendu à chaque augmentation d'une unité de x_1 .
- $\exp(-1.5) = 0.223$, soit une division par 4.54 du nombre de cas attendu à chaque augmentation d'une unité de x_2 .

Utilisons maintenant notre équation pour effectuer une prédiction si $x_1 = 1$ et $x_2 = 1$.

$$\lambda = \exp(1,8 + 0,5 * 1 + -1,5 * 1) = 2,225$$

Si nous augmentons x_1 d'une unité, nous obtenons :

$$\lambda = \exp(1,8 + 0,5 * 2 + -1,5 * 1) = 3,670$$

En ayant augmenté d'une unité x_1 , nous avons multiplié notre résultat par $1,649 : 2,225 * 1,649 = 3,670$

Notes que ces effets se multiplient entre eux ! Si nous augmentons à la fois x_1 et x_2 d'une unité chacun, nous obtenons : $\lambda = \exp(1,8 + 0,5 * 2 + -1,5 * 2) = 0,818$, ce qui correspond bien à $2,225 * 1,649$ (effet de x_1) * $0,223$ (effet de x_2) = 0,818

Il existe des fonctions dans R qui s'occupe de calculer ces prédictions à partir des équations des modèles pour vous. Il est cependant essentiel de bien saisir ce comportement multiplicatif induit par la fonction de lien log.

6.2.2.1.2 Conditions d'application

Puisque la distribution de Poisson n'a qu'un seul paramètre, le modèle GLM de Poisson est exposé au même problème potentiel de sur-dispersion que les modèles binomiaux de la section précédente. Référez-vous à la section 6.2.1.1.2 pour davantage de détails sur le problème posé par la sur-dispersion. Pour détecter une potentielle surdispersion dans un modèle de Poisson, il est possible dans un premier temps de calculer le ratio entre la déviance du modèle et son nombre de degré de liberté (SAS Institute Inc, 2020b). Ce ratio doit être proche de 1, s'il est plus grand, le modèle souffre de surdispersion.

$$\hat{\phi} = \frac{D(\text{modele})}{N - p} \tag{6.18}$$

Avec N le nombre d'observations et p le nombre de paramètres. Il est également possible de tester formellement si la surdispersion est significative avec un test de dispersion.

La question de l'excès de zéros avait été abordée dans la section présentant les distributions (@ref(#sectpoissonzero)). Il s'agit d'une situation où un plus grand nombre de zéros sont présents dans les données que ce que suppose la distribution de Poisson. Dans ce cas de figure, il vaut mieux utiliser la distribution de Poisson avec excès de zéros. Il arrive parfois que les problèmes de surdispersion soient provoqués par des excès de zéro. Une façon simple de vérifier si nous avons un trop grand nombre de zéros est de comparer les quantités prédites par le modèle de poisson avec les quantités réelle (variable Y).

6.2.2.1.3 Exemple appliqué dans R

Pour cet exemple, nous allons reproduire l'analyse effectuée dans l'article de Cloutier et al. (2014). L'enjeu de cette étude était de modéliser le nombre de piétons blessés autour de plus de 500 carrefours dans les quartiers centraux de Montréal. Pour cela, trois types de variables étaient utilisées : des variables décrivant l'intersection, des variables décrivant les activités humaines dans un rayon de 1km autour de l'intersection et des variables représentant le trafic routier autour de l'intersection. Un impact direct de ce type d'étude est bien évidemment l'établissement de meilleures pratiques d'aménagement réduisant les risques encourus par les piétons lors de leurs déplacements en ville. Le tableau 6.21 présente l'ensemble des variables utilisées dans l'analyse.

La distribution originale de la variable est décrite à la figure 6.23. Les barres grises représente la distribution du nombre d'accident et les barres rouges une distribution de Poisson ajustée sans prédicteur (modèle nul). Ce premier graphique peut laisser penser qu'un modèle de Poisson ne sera pas nécessairement le plus adapté considérant le grand nombre d'intersection pour lesquelles nous n'avons aucun accident. Cependant, rappelons que la variable Y n'a pas besoin de suivre une distribution de Poisson. Dans un modèle GLM, l'hypothèse que nous formulons est que la variable Y **conditionnée par les variables X** suit une certaine distribution (ici Poisson).

```
# chargement des données
data_accidents <- read.csv("data/glm/accident_pietons.csv")

# ajustement d'une distribution de Poisson sans predicteur
library(fitdistrplus)
model_poisson <- fitdist(data_accidents$Nbr_acci,distr = "pois")

# création d'un graphique pour comparer les deux distributions
dfpoisson <- data.frame(x=c(0:19),
                         y=dpois(0:19, model_poisson$estimate))
```

TAB. 6.21 : Variable indépendantes utilisées dans le modèle de Poisson

Nom de la variable	signification	Type de variable	Mesure
Feux_auto	Présence de feux de circulation	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
Feux_piet	Présence de feux de traversée pour les piétons	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
Pass_piet	Présence d'un passage piéton	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
Terreplein	Présence d'un terre-plein central	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
Apaisement	Présence de mesure d'apaisements de la circulation	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
LogEmploi	Logarithme du nombre d'emploi dans un rayon d'un kilomètre	Variable continue	Logarithme du nombre d'emploi. Utilisation du logarithme car la variable est fortement asymétrique
Densite_pop	Densité de population dans un rayon d'un kilomètre	Variable continue	Habitants / hectare
Entropie	Diversité de l'occupation du sol dans un rayon d'un kilomètre	Variable continue	Mesure de 0 à 1 ; 0 = spécialisation parfait ; 1 = diversité parfaite
DensiteInter	Densité d'intersection dans un rayon d'un kilomètre (connexité)	Variable continue	Nombre d'intersection par km2
Artere	Présence d'une artère à l'intersection	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence
Long_arterePS	Longueur d'artère dans un rayon d'un kilomètre	Variable continue	Exprimée en mètres
NB_voies5	Présence d'une cinq voies à l'intersection	Variable binaire	0 = absence ; 1 = présence

```

)
counts <- data.frame(table(data_accidents$Nbr_acci))
names(counts) <- c("nb_accident", "frequence")
counts$nb_accident <- as.numeric(as.character(counts$nb_accident))
counts$prop <- counts$frequence / sum(counts$frequence)

ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = prop, fill = "real"), width = 0.6, data = counts) +
  geom_bar(aes(x=x, weight = y, fill = "adj"), width = 0.15, data = dfpoisson) +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  scale_fill_manual(name = "",
    breaks = c("real","adj"),
    labels = c("distribution originale", "distribution de Poisson"),
    values = c("real" = rgb(0.4,0.4,0.4), "adj" = "red")) +
  labs(subtitle = "",
    x = "nombre d'accidents",
    y = "")

```

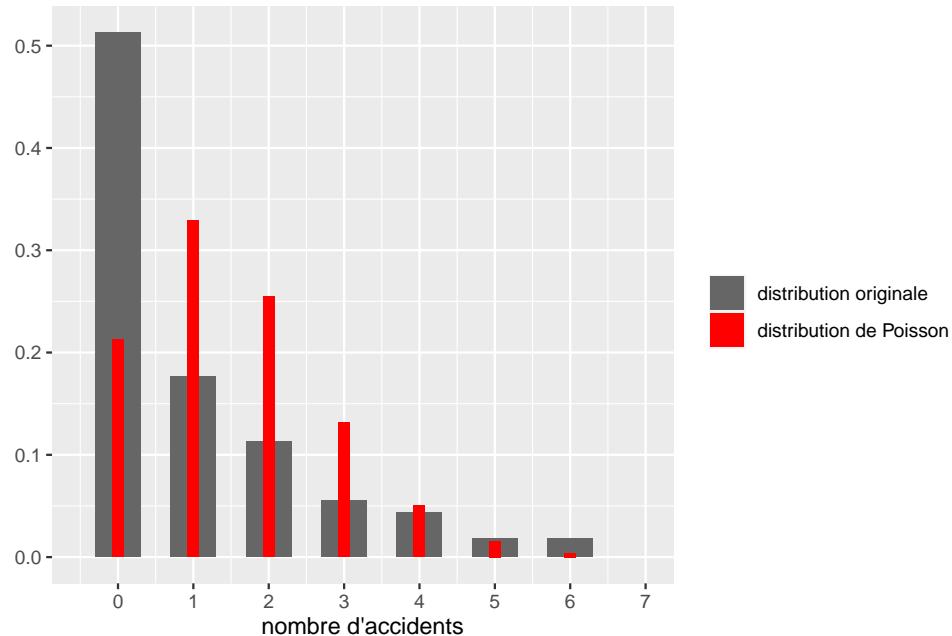


FIG. 6.23 : Distribution originale du nombre d'accident par intersection

** Vérification des conditions d'application **

Comme précédemment, notre première étape est de vérifier l'absence de multicolinéarité avec la fonction `vif` du package `car`.

```

vif(glm(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet + Terreplein + Apaisement +
  LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
  Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
  family = poisson(link="log"),
  data = data_accidents))

```

```

##    Feux_auto    Feux_piet    Pass_piet    Terreplein    Apaisement
##    2.861708     1.518668     2.321213     1.221683     1.059722
##    LogEmploi   Densite_pop   Entropie   DensiteInter Long_arterePS
##    4.763692     1.153096     1.770904     2.040457     4.467841
##    Artere      NB_voies5
##    1.887728     1.520514

```

Toutes les valeurs de VIF sont inférieures à 5, notons tout de même que le logarithme de l'emploi et la longueur d'artère dans un rayon d'un kilomètre ont des valeurs de VIF proches de cinq. La second étape du diagnostic est le calcul et l'affichage des distances de Cook.

```

# ajustement d'une première version du modèle
modele <- glm(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet + Terreplein + Apaisement +
               LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
               Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
               family = poisson(link="log")),
               data = data_accidents)

# calcule des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modele)
df <- data.frame(
  cook = cooksd,
  oid = 1:length(cooksd)
)

ggplot(data = df) +
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), size = 0.5, alpha = 0.5) +
  labs(x = "",
       y = "distance de Cook")

```

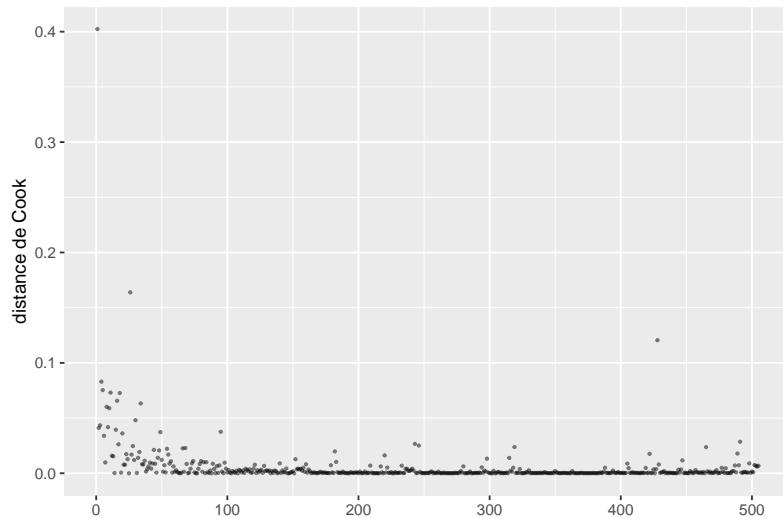


FIG. 6.24 : Distance de Cook pour le modèle de Poisson

La figure 6.24 nous montre que trois observations ont des valeurs extrêmement fortes pour leur distance de Cook. Nous les isolons dans un premier temps pour les observer.

```

cas_étrange <- subset(data_accidents, cooksd>0.1)
print(cas_étrange)

##          X NumInter NOUNIK Nbr_acci Feux_auto Feux_piet Pass_piet Terreplein
## 1      1     7839     419      19       1       1       1       1
## 26    26     8442     136       7       0       0       1       0
## 428  428     8823     458       0       1       1       1       0
##          Apaisement EmpTotBuffer Densite_pop Entropie DensiteInter Long_arterePS
## 1          0     7208.538   5980.923 0.8073926   42.41597   6955.00
## 26          0     1342.625   2751.012 0.0000000   73.35344   2849.66
## 428         1    13122.560  14148.827 0.6643891  109.25066  4634.20
##          Artere NB_voies5 log_acci catego_acci catego_acci2 Arret VAG sum_app
## 1          1     1.2995732      1       1       0       1       4
## 26          0     0.2079442      1       1       1       1       3
## 428          0     0.0000000      0       0       0       0       3
##          LogEmploi AccOrdinal PopHa
## 1     8.883021      2 5.980923
## 26    7.202382      2 2.751012
## 428   9.482088      0 14.148827

```

Les deux premiers cas sont des intersections avec de nombreux accidents (respectivement 19 et 7), qui risquent de perturber les estimations du modèle. Le troisième cas ne comprend en revanche aucun accident. Puisqu'il ne s'agit que de trois observations et que leurs distances de Cook sont très nettement supérieures aux autres, nous les retirons du modèle.

```

data2 <- subset(data_accidents, cooksd<0.1)

# ajustement d'une première version du modèle
modele <- glm(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet + Terreplein + Apaisement +
                LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
                Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
                family = poisson(link="log"),
                data = data2)

# calcule des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modele)
df <- data.frame(
  cook = cooksd,
  oid = 1:length(cooksd)
)

ggplot(data = df) +
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), size = 0.5, alpha = 0.5) +
  labs(x = "",
       y = "distance de Cook")

```

La figure 6.25 montre que nous n'avons plus d'observations fortement influentes dans le modèle après avoir retiré les trois observations identifiées précédemment. Nous devons à présent vérifier l'absence de surdispersion.

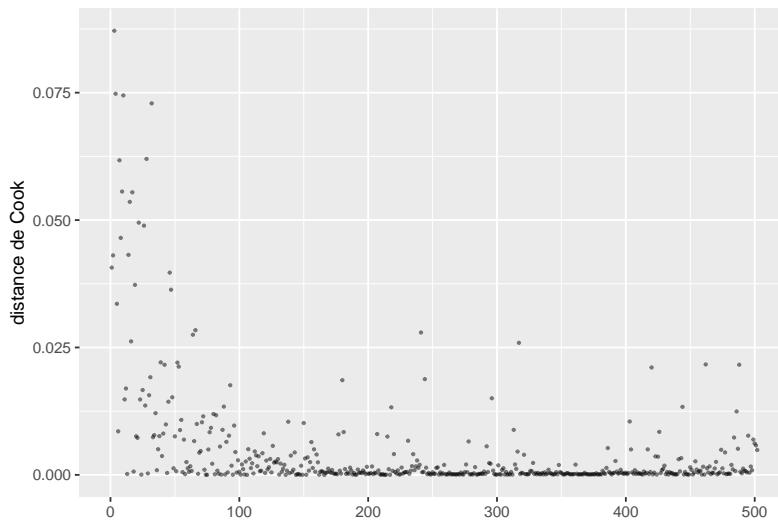


FIG. 6.25 : Distance de Cook pour le modèle de Poisson après avoir retiré les valeurs aberrantes

```
# calcule du rapport entre déviance et nombre de degré de liberté du modèle
deviance(modele) / (nrow(data2) - modele$rank)
```

```
## [1] 1.674691
```

Le rapport entre la déviance et le nombre de degrés de liberté du modèle est nettement supérieure à 1, indiquant une surdispersion excessive. Nous pouvons confirmer ce résultats avec la fonction `dispersiontest` du package **AER**.

```
library(AER)
# test de surdispersion
dispersiontest(modele)
```

```
##
## Overdispersion test
##
## data: modele
## z = 5.2737, p-value = 6.686e-08
## alternative hypothesis: true dispersion is greater than 1
## sample estimates:
## dispersion
## 1.891565
```

contrairement à la forme classique d'un modèle de poisson pour laquelle la dispersion attendue est de 1, le test nous indique qu'une dispersion de 1,89 serait mieux ajustée aux données.

Il est également possible de constater graphiquement cet écart avec un graphique représentant les valeurs réelles, les valeurs prédictes, ainsi que la variance (sous forme de barres d'erreurs) attendue par le modèle

(figure : 6.26). Nous constatons ainsi que les valeurs réelles ont largement tendance à dépasser la variance attendue par le modèle, surtout pour les valeurs les plus faibles de la distribution.

```
# extraction des prédition du modèle
lambdas <- predict(modele, type = "response")

# création d'un dataframe pour contenir la prédition et les vraie valeurs
df1 <- data.frame(
  lambdas = lambdas,
  reals = data2$Nbr_acci
)

# calcul de l'intervalle de confiance à 95% selon la distribution de Poisson
# et stockage dans un second dataframe
seqa <- seq(0,round(max(lambdas)),1)
df2 <- data.frame(
  lambdas = seqa,
  lower = qpois(p = 0.025, lambda = seqa),
  upper = qpois(p = 0.975, lambda = seqa)
)

# affichage des valeurs réelles et prédites (en rouge)
# et de leur variance selon le modèle (en noir)
ggplot() +
  geom_errorbar(data = df2,
    mapping = aes(x = lambdas, ymin = lower, ymax = upper),
    width = 0.2, color = rgb(0.4,0.4,0.4)) +
  geom_point(data = df1,
    mapping = aes(x = lambdas, y = reals),
    color ="red", size = 0.5) +
  labs(x = 'valeurs prédites',
       y = "valeurs réelles")
```

Pour tenir compte de cette particularité des données, nous modifions légèrement le modèle pour utiliser une distribution de quasi-Poisson, intégrant spécifiquement un paramètre de dispersion. Cet ajustement ne modifie pas l'estimation des coefficient du modèle, mais modifie le calcul des erreurs standards et par extension les valeurs de p pour les rendre moins sensibles au problème de surdispersion. Une autre approche aurait été de calculer une version robuste des erreurs standards avec le package **sandwich** comme nous l'avons fait dans la section sur le modèle binomial (?sectexemplebinom)). Après réajustement du modèle, le nouveau paramètre de dispersion estimé est de 1,92.



Les quasi-distributions

Les distributions Binomiale et Poisson ne disposent chacune que d'un paramètre décrivant à la fois leur variance et leur espérance. Elles manquent donc de flexibilité et échouent parfois à représenter fidèlement des données avec une forte variance. Il existe donc des distributions alternatives, respectivement les distributions quasi-binomiale et quasi-poisson ajoutant chacune un paramètre supplémentaire pour contrôler la variance. Bien que cette solution soit attrayante, il ne faut pas perdre de vue que la sur ou la sous dispersion peuvent être causées par l'absence de certaines variables explicatives, la sur représentation de zéros, ou encore une séparation parfaite de la variable dépendante causée par une variable indépendante.

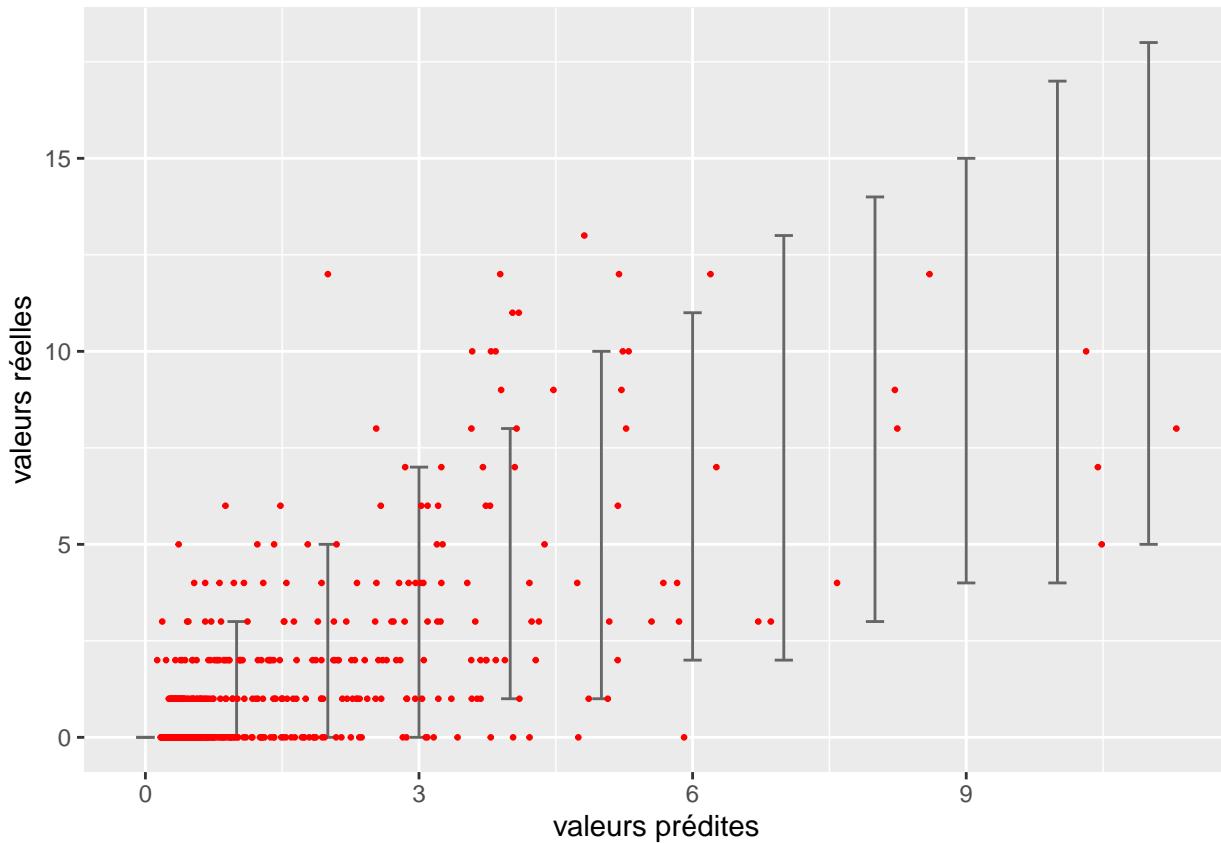


FIG. 6.26 : Représentation de la sur-dispersion des données dans le modèle de Poisson

```
modele2 <- glm(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet + Terreplein + Apaisement +
  LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
  Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
  family = quasipoisson(link="log"),
  data = data2)
```

Nous pouvons à présent comparer la distribution originale des données et les simulations issues du modèle. Notez que contrairement à la distribution de Poisson simple, il n'existe pas dans R de fonction pour simuler des valeurs issues d'une distribution de quasi-Poisson. Il est cependant possible d'exploiter sa proximité théorique avec la distribution Négative Binomiale pour définir notre propre fonction de simulation. La figure 6.27 permet de comparer la distribution originale (en gris) et l'intervalle de confiance à 95% des simulations issus des simulations (en rouge). Nous remarquons que le modèle semble capturer efficacement la forme générale de la distribution originale. À titre de comparaison, nous pouvons effectuer le même exercice avec la distribution de Poisson classique (le code n'est pas montré pour éviter les répétitions). La figure 6.28 montre qu'un simple modèle de Poisson est très éloigné de la distribution originale de Y .

```
# définition d'une fonction pour simuler des données quasi-poisson
rqpois <- function(n, lambda, disp) {
  rnbinom(n = n, mu = lambda, size = lambda/(disp-1))
}
```

```

# extraction des valeurs predites par le modele
preds <- predict(modele2, type="response")

# generation de 1000 simulation pour chaque prediction
disp <- 1.918757 # trouvable dans le summary(modele2)
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(preds), function(i){
  lambda <- preds[[i]]
  sims <- round(rqpois(n = nsim, lambda = lambda, disp = disp))
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

# preparation des donnees pour le graphique (valeurs reelles)
counts <- data.frame(table(data2$Nbr_acci))
names(counts) <- c("nb_accident", "frequence")
counts$nb_accident <- as.numeric(as.character(counts$nb_accident))
counts$prop <- counts$frequence / sum(counts$frequence)

# preparation des donnees pour le graphique (valeurs simulees)
df1 <- data.frame(count = 0:25)

count_sims <- lapply(1:nsim, function(i){
  sim <- mat_sims[,i]
  cnt <- data.frame(table(sim))
  df2 <- merge(df1, cnt, by.x="count", by.y = "sim", all.x = T, all.y=F)
  df2$Freq <- ifelse(is.na(df2$Freq), 0, df2$Freq)
  return(df2$Freq)
})

count_sims <- do.call(cbind, count_sims)

df_sims <- data.frame(
  val = 0:25,
  med = apply(count_sims, MARGIN = 1, median),
  lower = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.025),
  upper = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.975)
)

ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = frequence), width = 0.6, data = counts) +
  geom_errorbar(aes(x = val, ymin = lower, ymax = upper),
                data = df_sims, color = "red", width = 0.6) +
  geom_point(aes(x = val, y = med), color = "red", size = 1.3, data = df_sims) +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  xlim(-1,12) +
  labs(subtitle = "",
       x = "nombre d'accidents",
       y = "nombre d'occurrence")

```

La prochaine étape du diagnostic est l'analyse des résidus simulés. La figure 6.29 indique que les résidus du modèle suivent bien une distribution uniforme et qu'aucune valeur aberrante n'est observable.

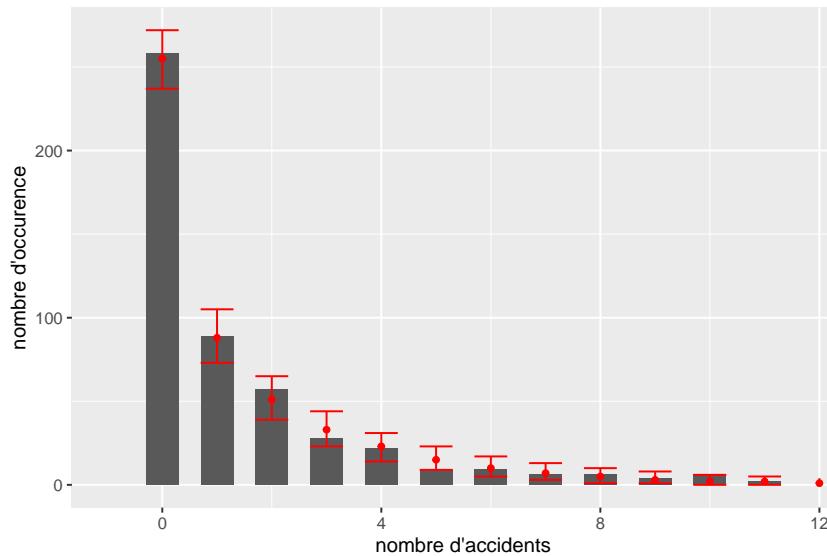


FIG. 6.27 : Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de quasi-Poisson

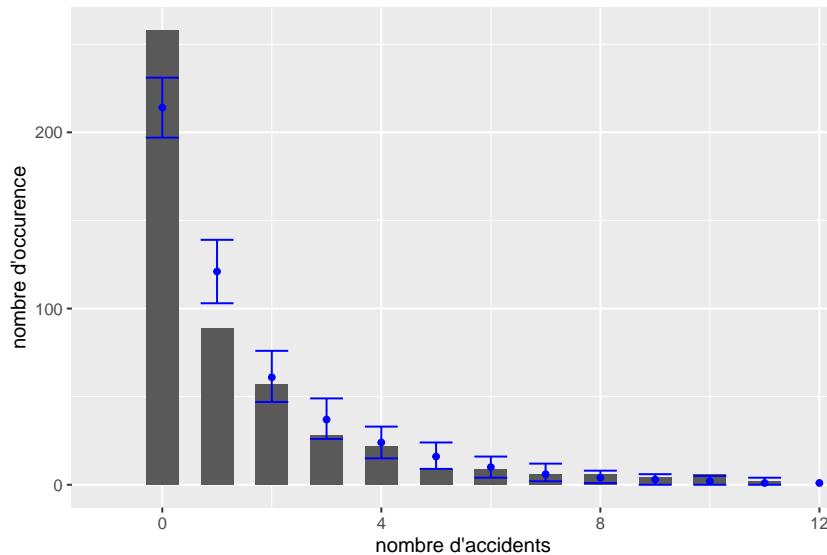


FIG. 6.28 : Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de Poisson

```
# génération de 1000 simulation pour chaque prediction
disp <- 1.918757 # trouvable dans le summary(modele2)
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(preds), function(i){
  lambda <- preds[[i]]
  sims <- rpois(n = nsim, lambda = lambda, disp = disp)
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = mat_sims,
```

```

observedResponse = data2$Nbr_acci,
fittedPredictedResponse = modele2$fitted.values,
integerResponse = T)

plot(sim_res)

```

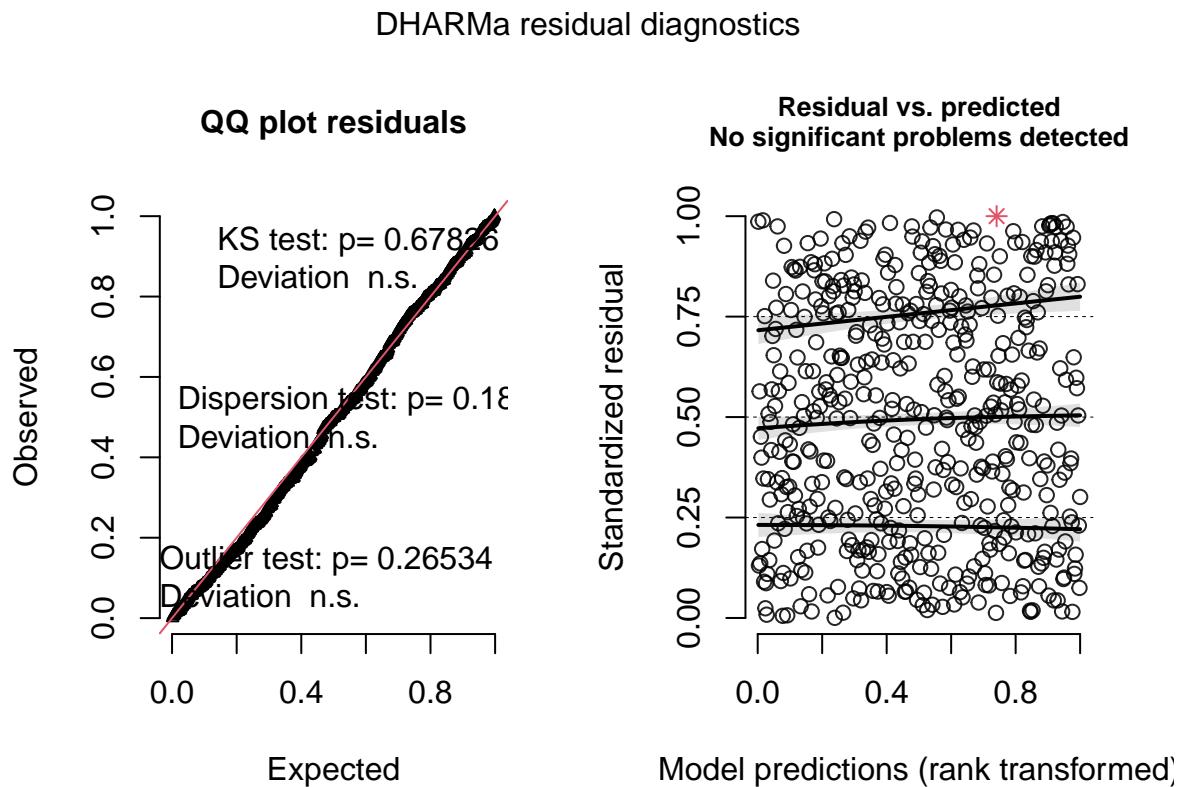


FIG. 6.29 : Analyse globale des résidus simulés pour le modèle de quasi-Poisson

Pour affiner notre diagnostic, nous pouvons également comparer les résidus simulés et chaque variable indépendante. La figure 6.30 n'indique aucune relation problématique entre nos variables indépendantes et les résidus.

```

par(mfrow=c(3,4))
vars <- c("Feux_auto", "Feux_piet", "Pass_piet", "Terreplein", "Apaisement",
        "LogEmploi", "Densite_pop", "Entropie", "DensiteInter",
        "Long_arterePS", "Artere", "NB_voies5")

for(v in vars){
  plotResiduals(sim_res, data2[[v]], main = v)
}

```

Maintenant que l'ensemble des diagnostics a été effectué, nous pouvons passer à la vérification de la qualité d'ajustement.

Vérifier la qualité d'ajustement

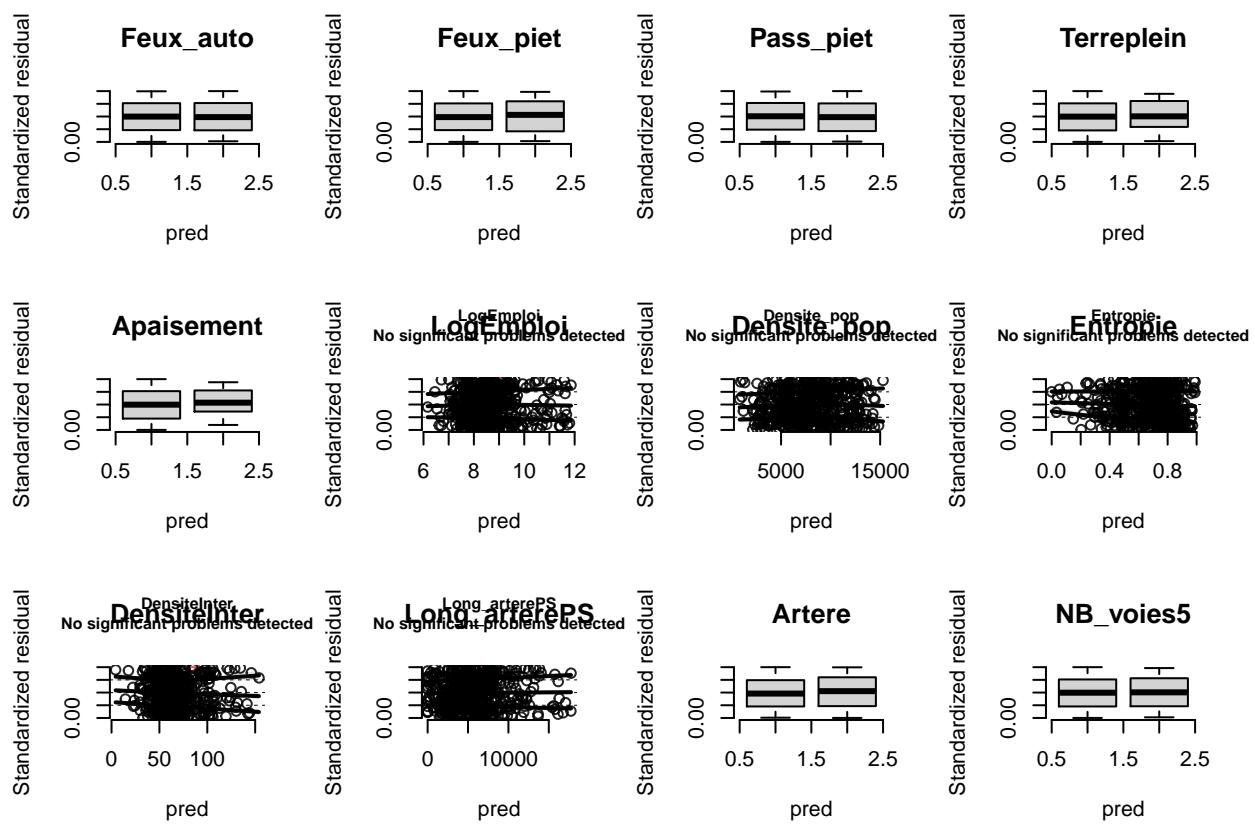


FIG. 6.30 : Comparaison des résidus simulés et de chaque variable indépendante

Pour le calcul des pseudo R^2 , notez qu'il n'existe pas à proprement parler de loglikelihood pour les quasi-distributions. Pour contourner ce problème, il est possible d'utiliser le loglikelihood d'un simple modèle de Poisson (puisque les coefficients ne changent pas), mais il est important de garder à l'esprit que ces pseudo R^2 seront d'autant plus faible que la surdispersion originale était forte

```

modelnull <- glm(Nbr_acci ~ 1,
                  family = poisson(link="log"),
                  data = data2)

rsqs(loglike.full = logLik(modele),
      loglike.null = logLik(modelnull),
      full.deviance = deviance(modele),
      null.deviance = deviance(modelnull),
      nb.params = modele$rank,
      n = nrow(data2))

## `$deviance expliquee`
## [1] 0.4805998
##
## `$MacFadden ajuste`
## 'log Lik.' 0.3258375 (df=13)
##

```

```
## $`Cox and Snell`  
## 'log Lik.' 0.7789704 (df=13)  
##  
## $Nagelkerke  
## 'log Lik.' 0.787958 (df=13)
```

Le modèle parvient ainsi à expliquer 48% de la déviance totale, il obtient un R^2 ajusté de MacFadden de 0,33 et un R^2 de Cox et Snell de 0,78.

```
# calcul du RMSE  
sqrt(mean((predict(modele2, type = "response") - data2$Nbr_acci)**2))
```

```
## [1] 1.838026
```

```
# nombre moyen d'accidents  
mean(data2$Nbr_acci)
```

```
## [1] 1.503984
```

L'erreur quadratique moyenne du modèle est de 1,86, ce que signifie qu'en moyenne le modèle se trompe d'environ deux accidents pour chaque intersection. Cette valeur est relativement élevée si nous la comparons avec le nombre moyen d'accident : 1,5. Ceci s'explique certainement pas le grand nombre de zéros dans la variable Y qui tendent à tirer les prédictions vers le bas.

Interprétation des résultats

L'ensemble des coefficients du modèle sont accessibles via la fonction `summary`. Puisque la fonction de lien du modèle est la fonction `log`, il est pertinent de convertir les coefficients avec la fonction `exp` afin de pouvoir les interpréter sur l'échelle originale (nombre d'accident) plutôt que l'échelle `log` (`log(nombre d'accident)`). N'oubliez pas que ces effets sont multiplicatifs une fois transformés avec la fonction `exp`. Nous pouvons également utiliser les erreurs standards pour calculer des intervalles de confiance à 95% des exponentiels des coefficients. Le tableau 6.22 présente l'ensemble des informations pertinentes pour l'interprétation des résultats.

```
# calcule des coefficients en exponentiel et des intervalles de confiance  
tableau <- summary(modele2)$coefficients  
  
coeffs <- tableau[,1]  
err.std <- tableau[,2]  
expcoeff <- exp(coeffs)  
exp2.5 <- exp(coeffs - 1.96*err.std)  
exp975 <- exp(coeffs - 1.96*err.std)  
pvals <- tableau[,4]  
  
cbind(coeffs,err.std,expcoeff,exp2.5,exp975,pvals)
```

```

##                  coeffs      err.std   expcoeff     exp2.5     exp975
## (Intercept) -3.677249e+00 6.534370e-01 0.02529246 0.00702707 0.00702707
## Feux_auto    1.097796e+00 2.201903e-01 2.99755257 1.94687022 1.94687022
## Feux_piet    3.282706e-01 1.244404e-01 1.38856462 1.08802851 1.08802851
## Pass_piet    3.395237e-01 2.349762e-01 1.40427862 0.88600764 0.88600764
## Terreplein   -3.590382e-01 2.171316e-01 0.69834770 0.45629486 0.45629486
## Apaisement    2.877035e-01 2.031770e-01 1.33336184 0.89536535 0.89536535
## LogEmploi    2.315611e-01 9.671167e-02 1.26056636 1.04290097 1.04290097
## Densite_pop   1.021922e-04 1.757475e-05 1.00010220 1.00006775 1.00006775
## Entropie     -4.166887e-01 3.779268e-01 0.65922613 0.31429439 0.31429439
## DensiteInter  2.228111e-03 2.700742e-03 1.00223059 0.99693935 0.99693935
## Long_arterePS 1.093341e-05 2.680656e-05 1.00001093 0.99995839 0.99995839
## Artere        2.848286e-02 1.426850e-01 1.02889238 0.77788248 0.77788248
## NB_voies5    6.382048e-01 1.287830e-01 1.89307928 1.47077578 1.47077578
##                  pvals
## (Intercept) 3.082557e-08
## Feux_auto   8.588714e-07
## Feux_piet   8.606077e-03
## Pass_piet   1.491186e-01
## Terreplein  9.886053e-02
## Apaisement  1.574051e-01
## LogEmploi  1.702569e-02
## Densite_pop 1.097698e-08
## Entropie    2.707587e-01
## DensiteInter 4.097742e-01
## Long_arterePS 6.835526e-01
## Artere      8.418604e-01
## NB_voies5   9.952088e-07

```

Parmi les variables décrivant les aménagements de l'intersection, nous constatons que la présence d'un feu de circulation et d'un feu de traversée pour les piétons multiplient le nombre attendu d'accidents à une intersection par 3 et 1,39. À contrario, la présence d'un passage piéton, d'un terre-plein ou de mesures d'apaisement n'ont pas d'effets significatifs (valeurs de $p > 0.05$). Concernant les variables décrivant l'environnement à proximité des intersections, nous observons que la concentration d'emploi et la densité

TAB. 6.22 : Résultats du modèle de quasi-Poisson

Variable	Coeff.	exp(Coeff.)	Val.p	IC 2,5% exp(Coeff.)	IC 97,5% exp(Coeff.)	Sign.
Intercept	-3.68	0.03	<0.001	0.01	0.09	***
Feux_auto	1.10	3	<0.001	1.97	4.66	***
Feux_piet	0.33	1.39	0.009	1.09	1.79	**
Pass_piet	0.34	1.40	0.149	0.88	2.20	
Terreplein	-0.36	0.70	0.099	0.44	1.05	.
Apaisement	0.29	1.33	0.157	0.88	1.95	
LogEmploi	0.23	1.26	0.017	1.04	1.52	*
Densite_pop	<0.01	1.00	<0.001	1.00	1.00	***
Entropie	-0.42	0.66	0.271	0.32	1.39	
DensiteInter	<0.01	1.00	0.410	1.00	1.01	
Long_arterePS	<0.01	1.00	0.684	1.00	1.00	
Artere	0.03	1.03	0.842	0.78	1.36	
NB_voies5	0.64	1.89	<0.001	1.46	2.44	***

de population contribuent toutes les deux à augmenter le nombre d'accident à une intersection, bien que leurs effets soient limités. Enfin, la présence d'une rue à cinq voies à l'intersection augmente le nombre d'accidents attendu à l'intersection de 89%. Nous ne détaillons pas plus loin les résultats car nous utilisons le même jeu de données dans les prochaines sections.

6.2.2.2 Le modèle Négatif Binomial

Dans le cas où une variable de comptage serait marquée par une sur ou sous dispersion, la distribution de Poisson n'est pas en mesure de capturer efficacement sa variance. Pour contourner ce problème, il est possible d'utiliser la distribution Négative Binomiale plutôt que la distribution de Poisson. Cette distribution peut être décrite comme une généralisation de la distribution de Poisson : elle inclut un second paramètre θ contrôlant la dispersion. L'intérêt premier de ce changement de distribution est que l'interprétation des paramètres est la même pour les deux modèles, tout en contrôlant directement l'effet d'une potentielle sur-dispersion.

6.2.2.2.1 Conditions d'application

Les conditions d'application d'un modèle Négatif Binomial sont presque les mêmes que celle d'un modèle de Poisson. La seule différence est que la condition d'absence de sur ou sous-dispersion est remplacée une condition de respect du lien moyenne-variance. En effet, dans un modèle binomial, le paramètre de dispersion θ est combiné avec μ pour exprimer la variance de la distribution. Dans le package *mgcv* que nous utilisons dans l'exemple, le lien entre μ , θ et la variance est le suivant :

$$\text{variance} = \mu + \mu^{\frac{2}{\theta}} \quad (6.19)$$

Il s'agit donc d'un modèle hétéroscédastique, sa variance n'est pas fixe, mais fonction de sa propre moyenne. Si la moyenne augmente, la variance augmente (comme pour un modèle de Poisson), et l'intensité de cette augmentation est contrôlée par le paramètre θ . Si cette condition n'est pas respectée, l'analyse des résidus simulés révèlera un problème de dispersion.

6.2.2.2.2 Exemple appliqué dans R

Dans l'exemple précédent avec le modèle de Poisson, nous avions observé une certaine sur-dispersion que nous avions contournée en utilisant un modèle de quasi-poisson. Dans l'article original, les auteurs avaient opté pour un modèle Négatif Binomial, ce que proposons de faire ici. Les variables utilisées sont les même que pour le modèle de Poisson. Nous utilisons le package **mgcv** et sa fonction *gam* pour ajuster le modèle.

TAB. 6.23 : Carte d'identité du modèle Négatif Binomial

Type de variable dépendante	Variable de comptage
Distribution utilisée	Négative Binomiale
Formulation	$Y \sim NB(\mu, \theta)$ $g(\mu) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = \log(x)$
Fonction de lien	\log
Paramètre modélisé	μ
Paramètres à estimer	β_0, β et θ
Conditions d'application	Absence d'excès de zéros, Respect du lien variance-moyenne

Vérification des conditions d'application

Nous avions vu précédemment que nos variables indépendantes n'étaient pas marquées par une multicolinéarité forte. Il n'est pas nécessaire de recalculer les valeurs de VIF puisque nous utilisons les mêmes données. La première étape du diagnostic est donc de calculer les distances de Cook.

```
library(mgcv)

# chargement des données
data_accidents <- read.csv("data/glm/accident_pietons.csv")

# ajustement d'une première version du modèle
modelnb <- gam(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet +
  Terreplein + Apaisement +
  LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
  Long_arterePS + Arttere + NB_voies5,
  family = nb(link="log"),
  data = data_accidents)

# calcul et affichage des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modelnb)

df <- data.frame(
  cook = cooksd,
  oid = 1:length(cooksd)
)

ggplot(data = df) +
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), size = 0.5, color = rgb(0.4,0.4,0.4)) +
  labs(x = "", y = "distance de Cook") +
  theme(axis.ticks.x = element_blank(),
        axis.text.x = element_blank())
```

Nous observons dans la figure 6.31 que deux observations se distinguent très nettement des autres.

```
cas_etrange <- subset(data_accidents, cooksd > 0.03)
print(cas_etrange)
```

	X	NumInter	NOUNIK	Nbr_acci	Feux_auto	Feux_piet	Pass_piet	Terreplein		
## 1	1	7839	419	19	1	1	1	1		
## 5	5	8054	433	12	1	0	1	0		
## 26	26	8442	136	7	0	0	1	0		
## 34	34	8049	129	6	0	0	1	0		
##		Apaisement	EmpTotBuffer	Densite_pop	Entropie	DensiteInter	Long_arterePS			
## 1		0	7208.538	5980.923	0.8073926	42.41597	6955.00			
## 5		0	8585.350	8655.430	0.7607852	89.11495	6412.27			
## 26		0	1342.625	2751.012	0.0000000	73.35344	2849.66			
## 34		0	12516.410	8950.942	0.4300549	74.91879	8443.01			
##		Artere	NB_voies5	log_acci	catego_acci	catego_acci2	Arret	VAG	sum_app	
## 1		1	1	2.995732		1	1	0	1	4
## 5		0	0	2.564949		1	1	0	1	4

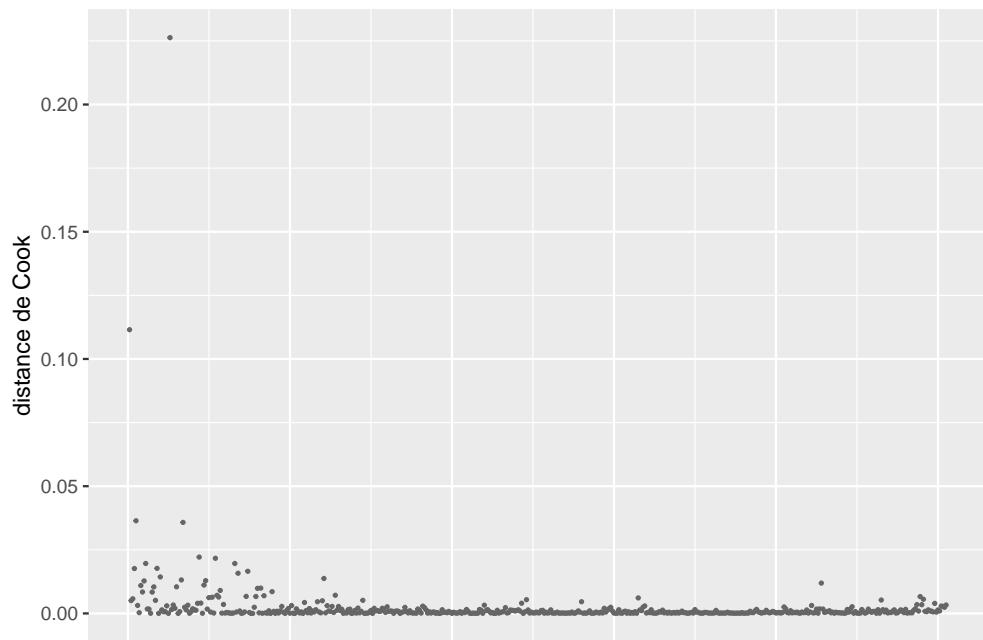


FIG. 6.31 : Distances de Cook pour le modèle négatif binomial

```

## 26      0      0 2.079442      1      1      1      1      3
## 34      1      0 1.945910      1      1      1      0      3
##   LogEmploi AccOrdinal     PopHa
## 1   8.883021      2 5.980923
## 5   9.057813      2 8.655430
## 26  7.202382      2 2.751012
## 34  9.434796      2 8.950942

```

Il s'agit à nouveau des quatre observations avec un grand nombre d'accidents. Nous décidons de les retirer du jeu de données pour ne pas fausser les résultats concernant l'ensemble des autres intersections. Dans une analyse plus détaillée, il serait judicieux de chercher à comprendre pourquoi ces quatre observations sont particulièrement accidentogènes.

```

data2 <- subset(data_accidents, cooksd < 0.03)

# ajustement d'une première version du modèle
modelnb <- gam(Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet +
                 Terreplein + Apaisement +
                 LogEmploi + Densite_pop + Entropie + DensiteInter +
                 Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
                 family = nb(link="log"),
                 data = data2)

# calcul et affichage des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modelnb)

df <- data.frame(
  cook = cooksd,

```

```

    oid = 1:length(cooksd)
}

ggplot(data = df)+
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), size = 0.5, color = rgb(0.4,0.4,0.4)) +
  labs(x = "", y = "distance de Cook")+
  theme(axis.ticks.x = element_blank(),
        axis.text.x = element_blank())

```

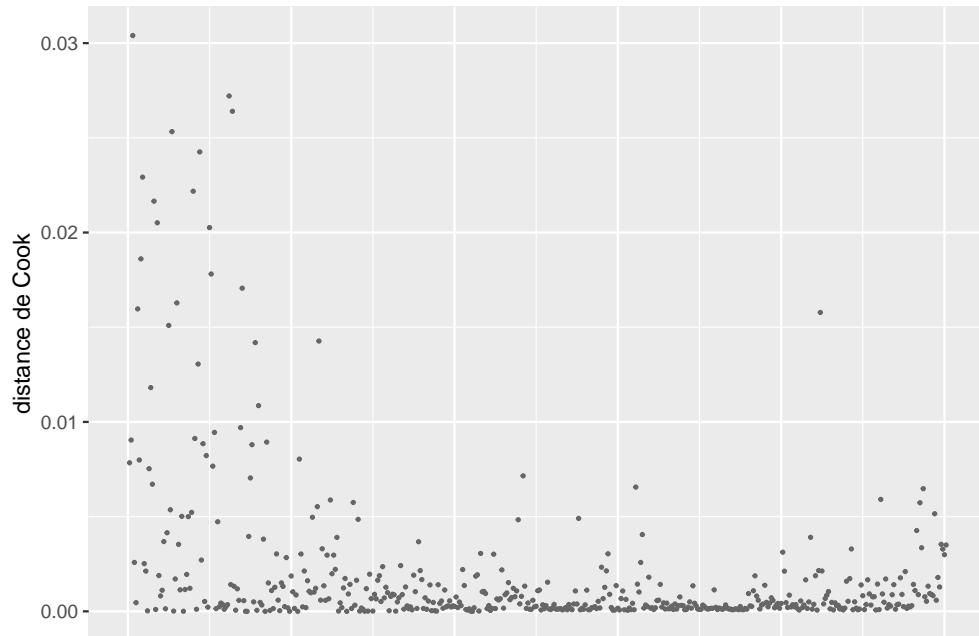


FIG. 6.32 : Distances de Cook pour le modèle négatif binomial (après avoir retiré deux observations fortement influentes)

Après avoir retiré ces deux observations, les distances de Cook (figure 6.31) ne révèlent plus d'observations fortement influentes dans le modèle. La prochaine étape du diagnostic est donc d'analyser les résidus simulés

```

# extraction de la valeur de theta
theta <- modelnb$family$getTheta()
nsim <- 1000
# extraction des valeurs predites par le modele
mus <- predict(modelnb, type = "response")

# calcul des simulations
cols <- lapply(1:length(mus), function(i){
  mu <- mus[[i]]
  sims <- rnbinom(n = nsim, mu = mu, size = theta)
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

```

```
# calcul des résidus simulés
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = mat_sims,
                           observedResponse = data2$Nbr_acci,
                           fittedPredictedResponse = mus,
                           integerResponse = T)
# affichage du diagnostic
plot(sim_res)
```

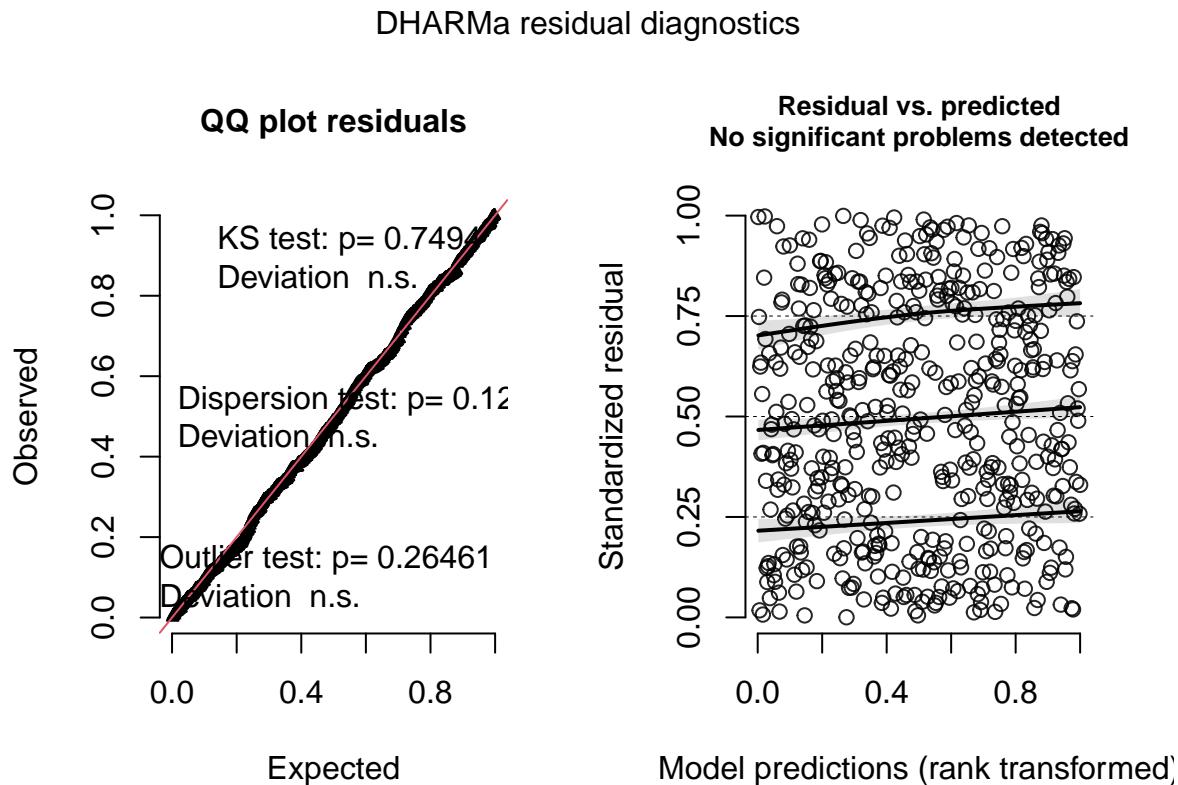


FIG. 6.33 : Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle Négatif Binomial

La figure 6.33 présentant le diagnostic des résidus simulés montre que ces derniers suivent bien une distribution uniforme, aucun problème de dispersion ni de valeur aberrantes. La figure 6.34 permet de comparer la distribution originale de la variable Y et les simulations issues du modèle (intervalles de confiance représentés en bleu). On constate que le modèle parvient bien à reproduire la distribution originale, et ce même pour les valeurs les plus à droites de la distribution.

```
# extraction des valeurs prédites par le modèle
mus <- predict(modelnb, type="response")

# génération de 1000 simulation pour chaque prédiction
theta <- modelnb$family$getTheta(T)
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(mus), function(i){
  mu <- mus[[i]]
```

```

sims <- round(rnbinom(n = nsim, mu = mu, size = theta))
return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

# préparation des données pour le graphique (valeurs réelles)
counts <- data.frame(table(data2$Nbr_acci))
names(counts) <- c("nb_accident", "fréquence")
counts$nb_accident <- as.numeric(as.character(counts$nb_accident))
counts$prop <- counts$fréquence / sum(counts$fréquence)

# préparation des données pour le graphique (valeurs simulées)
df1 <- data.frame(count = 0:25)

count_sims <- lapply(1:nsim, function(i){
  sim <- mat_sims[,i]
  cnt <- data.frame(table(sim))
  df2 <- merge(df1,cnt, by.x="count", by.y = "sim", all.x = T, all.y=F)
  df2$Freq <- ifelse(is.na(df2$Freq), 0,df2$Freq)
  return(df2$Freq)
})

count_sims <- do.call(cbind, count_sims)

df_sims <- data.frame(
  val = 0:25,
  med = apply(count_sims, MARGIN = 1, median),
  lower = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.025),
  upper = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.975)
)

# affichage du graphique
ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = fréquence), width = 0.6, data = counts) +
  geom_errorbar(aes(x = val, ymin = lower, ymax = upper),
                data = df_sims, color = "blue", width = 0.6) +
  geom_point(aes(x = val, y = med), color = "blue", size = 1.3, data = df_sims) +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  xlim(-1,12) +
  labs(subtitle = "",
       x = "nombre d'accidents",
       y = "nombre d'occurrence")

```

À titre de comparaison, nous pouvons à nouveau réaliser le graphique permettant de visualiser si la variance attendue par le modèle est proche de celle effectivement observée dans les données. Nous avions constaté avec ce graphique lorsque nous ajustions un modèle de Poisson que la variance des données était trop grande comparativement à celle attendue par le modèle (@ref :surdispoiss)

```

# extraction des prédictions du modèle
mus <- predict(modelnb, type = "response")

# création d'un dataframe pour contenir la prédition et les vraies valeurs
df1 <- data.frame(

```

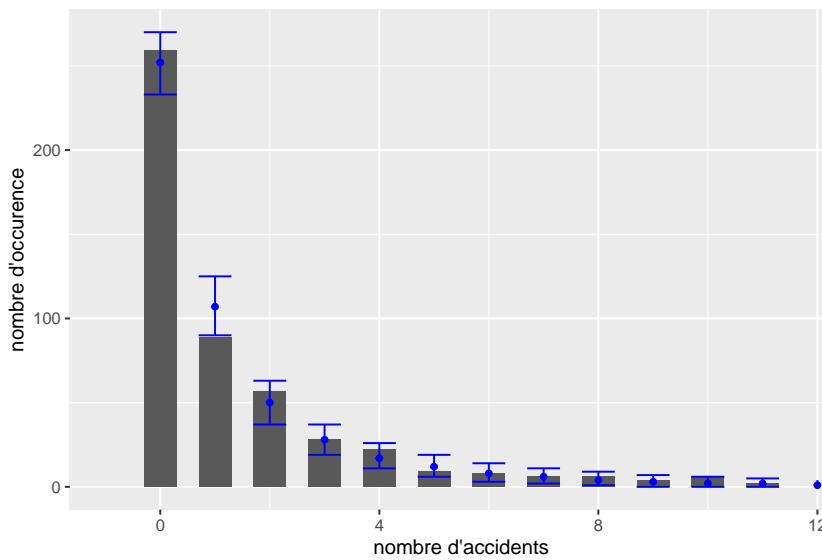


FIG. 6.34 : Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle Négatif binomial

```

mus = mus,
reals = data2$Nbr_acci
)

# calcul de l'intervalle de confiance à 95% selon la distribution de Poisson
# et stockage dans un second dataframe
seqa <- seq(0,round(max(mus)),1)
df2 <- data.frame(
  mus = seqa,
  lower = qnbinom(p = 0.025, mu = seqa, size = theta),
  upper = qnbinom(p = 0.975, mu = seqa, size = theta)
)

# affichage des valeurs réelles et prédites (en rouge)
# et de leur variance selon le modèle (en noir)
ggplot() +
  geom_errorbar(data = df2,
    mapping = aes(x = mus, ymin = lower, ymax = upper),
    width = 0.2, color = rgb(0.4,0.4,0.4)) +
  geom_point(data = df1,
    mapping = aes(x = mus, y = reals),
    color ="red", size = 0.5) +
  labs(x = 'valeurs prédites',
       y = "valeurs réelles")

```

Nous pouvons ainsi constater à la figure (@ref:surdispn) que le modèle Négatif Binomial autorise une variance bien plus large que le modèle de Poisson et est ainsi mieux ajusté aux données.

Vérification de la qualité d'ajustement

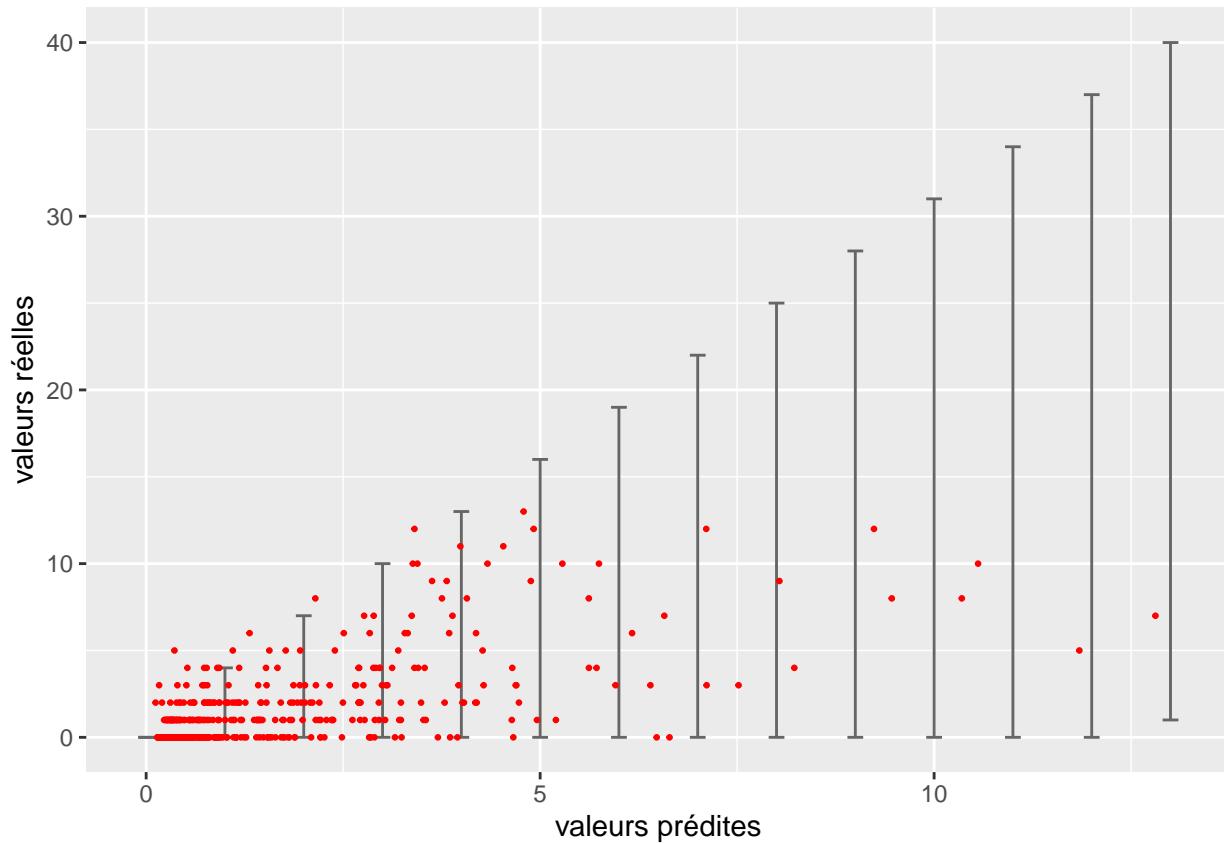


FIG. 6.35 : Représentation de la sur-dispersion des données dans le modèle de Poisson

```
# calcul des pseudo R2
rsqs(loglike.full = logLik(modelnb),
      loglike.null = logLik(modelnull),
      full.deviance = deviance(modelnb),
      null.deviance = modelnb$null.deviance,
      nb.params = modelnb$rank,
      n = nrow(data2))
```

```
## `$deviance expliquee`
## [1] 0.458052
##
## `$MacFadden ajuste`
## 'log Lik.' 0.384353 (df=14)
##
## `$Cox and Snell`
## 'log Lik.' 0.8304773 (df=14)
##
## $Nagelkerke
## 'log Lik.' 0.8399731 (df=14)
```

```
# calcul du RMSE
sqrt(mean((predict(modelnb, type = "response") - data2$Nbr_acci) ** 2))

## [1] 1.825278
```

Le modèle parvient à expliquer 45% de la déviance , il obtient un R^2 ajusté de McFadden de 0.14 et un R^2 de Nagelkerke de 0.42. L'erreur moyenne quadratique de la prédiction est de 1,9, ce qui est identique au modèle de Poisson ajusté précédemment.

Interprétation des résultats

Il est possible d'accéder à l'ensemble des coefficients du modèle via la fonction `summary`. À nouveau, les coefficient doivent être convertis avec la fonction exponentielle (du fait de la fonction de lien log) et interprétés comme des effets multiplicatifs.

Le tableau 6.24 présente les coefficients estimés par le modèle. Les résultats sont très similaires à ceux du modèle de quasi-Poisson original. Nous notons cependant que la variable présence d'un feu pour piéton n'est plus significative au seuil 0,05.

6.2.2.3 Le modèle de poisson avec excès fixe de zéros

Dans le cas où la variable Y comprendrait significativement plus de zéros que ce que suppose une distribution de poisson, il est possible d'utiliser la distribution de poisson avec excès de zéros. Pour rappel, cette distribution ajoute un paramètre p contrôlant pour la proportion de zéros dans la distribution. Du point de vue conceptuel, cela revient à formuler l'hypothèse suivante : dans les données que l'on a observé, deux processus distincts sont à l'œuvre. Le premier est issu d'une distribution de poisson et le second produit des zéros qui s'ajoutent aux données. Les zéros produits par la distribution de poisson sont appelés les vrais zéros, alors que ceux produits par le second phénomène sont appelés les faux zéros.

Dans cette formulation, p est fixé. Nous n'avons donc aucune information sur ce qui produit les zéros supplémentaires, mais seulement leur proportion totale dans le jeu de données.

TAB. 6.24 : Résultats du modèle Négatif Binomial

Variable	Coeff.	exp(Coeff.)	Val.p	IC 2,5% exp(Coeff.)	IC 97,5% exp(Coeff.)	Sign.
Intercept	-3.88	0.02	<0.001	0.01	0.08	***
Feux_auto	1.13	3.10	<0.001	2.03	4.71	***
Feux_piet	0.35	1.42	0.016	1.06	1.90	*
Pass_piet	0.22	1.24	0.300	0.83	1.88	
Terreplein	-0.34	0.71	0.155	0.44	1.14	
Apaisement	0.24	1.27	0.315	0.79	2.03	
LogEmploi	0.23	1.26	0.025	1.03	1.55	*
Densite_pop	<0.01	1.00	<0.001	1.00	1.00	***
Entropie	-0.17	0.84	0.669	0.38	1.86	
DensiteInter	<0.01	1.00	0.925	0.99	1.01	
Long_arterePS	<0.01	1.00	0.587	1.00	1.00	
Artere	0.11	1.11	0.497	0.82	1.51	
NB_voies5	0.70	2.01	<0.001	1.48	2.75	***

TAB. 6.25 : Carte d'identité du modèle de Poisson avec excès fixe de zéros

Type de variable dépendante	Variable de comptage
Distribution utilisée	Poisson avec excès de zéros
Formulation	$Y \sim ZIP(\mu, \theta)$ $g(\lambda) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = \log(x)$
Fonction de lien	\log
Paramètre modélisé	λ
Paramètres à estimer	β_0, β et p
Conditions d'application	Absence de surdispersion

6.2.2.3.1 Interprétation des paramètres

L'interprétation des paramètres est identique à celle d'un modèle de Poisson. Le paramètre p représente la proportion de zéros dans la variable Y une fois que sont contrôlés les variables indépendantes.

6.2.2.3.2 Exemple appliqué dans R

La variable de comptage des accidents des piétons que nous avons utilisées dans les deux exemples précédents semble être une bonne candidate pour une distribution de poisson avec excès de zéros. En effet, nous avions pu constater une sur-dispersion dans le modèle de Poisson original, ainsi qu'un nombre important d'intersections sans accident. Tentons donc d'améliorer notre modèle en ajustant un excès fixe de zéros. Nous utilisons la fonction `gamlss` du package `gamlss`.

```
library(gamlss)

modelzi <- gamlss(formula = Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet +
  Terreplein + Apaisement + LogEmploi + Densite_pop +
  Entropie + DensiteInter + Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
  sigma.formula = ~1,
  family = ZIP(mu.link = "log", sigma.link="logit"),
  data = data_accidents)
```

```
## GAMLSS-RS iteration 1: Global Deviance = 1516.53
## GAMLSS-RS iteration 2: Global Deviance = 1514.656
## GAMLSS-RS iteration 3: Global Deviance = 1514.52
## GAMLSS-RS iteration 4: Global Deviance = 1514.508
## GAMLSS-RS iteration 5: Global Deviance = 1514.506
## GAMLSS-RS iteration 6: Global Deviance = 1514.506
```

```
modelnull <- glm(formula = Nbr_acci ~ 1,
  family = poisson(link="log"),
  data = data_accidents)

# calcule de la deviance expliquée

1 - deviance(modelzi) / deviance(modelnull)
```

```
## [1] 0.08267513
```

```
# calcul de la probabilité de base p d'être un faux 0
# en appliquant l'inverse de la fonction logistique
exp(-1.4376) / (1+exp(-1.4376))
```

```
## [1] 0.1919173
```

Nous constatons immédiatement que le modèle avec excès fixe de zéro est peu ajusté aux données. Cette version du modèle ne parvient à capturer que 8% de la déviance, ce qui s'explique facilement car nous n'avons donné aucune variable au modèle pour distinguer les vrais et les faux zéros. Pour cela, nous devons passer au prochain modèle : poisson avec excès ajusté de zéros. Notons tout de même que d'après ce modèle, 19% des observations seraient des faux zéros.

6.2.2.4 Le modèle de poisson avec excès ajusté de zéros

Nous avons vu dans le modèle précédent que l'excès de zéro était conceptualisé comme la combinaison de deux phénomènes, l'un issu d'une distribution de poisson que l'on souhaite modéliser, et le second générant des zéros supplémentaires. Il est possible d'aller plus loin que de simplement contrôler la proportion de zéro supplémentaire en modélisant explicitement ce second processus en ajoutant une deuxième équation au modèle. Cette deuxième équation a pour enjeu de modéliser p (la proportion de 0) à l'aide de variables indépendantes, ces dernières pouvant se retrouver dans les deux parties du modèle. Pour résumer, un modèle de Poisson avec excès ajusté de zéro revient à combiner un modèle logistique binomial avec un modèle de Poisson. La partie binaire du modèle s'occupe des faux zéros, et la partie Poisson du reste des données. L'idée étant que pour chaque observation, le modèle évalue sa probabilité d'être un faux zéro (partie binomiale), avant d'évaluer son impact dans le modèle de Poisson.

6.2.2.4.1 Interprétation des paramètres

L'interprétation des paramètres β_0 et β est identique à celle d'un modèle de Poisson. Les paramètres α_0 et α est identique à celle d'un modèle binomial. Plus spécifiquement, ces derniers paramètres modélisent la probabilité d'observer des valeurs supérieures à 0.

TAB. 6.26 : Carte d'identité du modèle de Poisson avec excès ajusté de zéros

Type de variable dépendante	Variable de comptage
Distribution utilisée	Poisson avec excès de zéros
Formulation	$Y \sim ZIP(\mu, \theta)$ $g(\lambda) = \beta_0 + \beta X$ $s(p) = \alpha_0 + \alpha X$ $g(x) = \log(x)$ $s(x) = \log(\frac{x}{1-x})$
Fonction de lien	log et logistique
Paramètre modélisé	λ et p
Paramètres à estimer	β_0, β, α_0 et α
Conditions d'application	Absence de surdispersion

6.2.2.4.2 Exemple appliqué

Nous avions vu dans l'exemple précédent que l'utilisation du modèle avec excès fixe de zéros pour les données d'accident des piétons aux intersections ne donnait pas de résultats satisfaisants. Nous tentons ici d'améliorer le modèle en ajoutant les prédicteurs significatifs du modèle de Poisson dans la seconde équation de régression destinée à détecter les zéros.

Vérification des conditions d'application

Pour un modèle de Poisson avec excès de 0, il n'est pas possible de calculer de distances de Cook. Nous devons donc directement passer à l'analyse des résidus simulés

```
# ajuster une première version du modèle
modelza <- gamlss(formula = Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet +
  Terreplein + Apaisement + LogEmploi + Densite_pop +
  Entropie + DensiteInter + Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
  sigma.formula = ~1 + Feux_auto + Feux_piet + Densite_pop + NB_voies5,
  family = ZIP(mu.link = "log", sigma.link="logit"),
  data = data_accidents)
```

```
## GAMLSS-RS iteration 1: Global Deviance = 1505.155
## GAMLSS-RS iteration 2: Global Deviance = 1488.658
## GAMLSS-RS iteration 3: Global Deviance = 1483.304
## GAMLSS-RS iteration 4: Global Deviance = 1482.085
## GAMLSS-RS iteration 5: Global Deviance = 1481.868
## GAMLSS-RS iteration 6: Global Deviance = 1481.832
## GAMLSS-RS iteration 7: Global Deviance = 1481.827
## GAMLSS-RS iteration 8: Global Deviance = 1481.825
## GAMLSS-RS iteration 9: Global Deviance = 1481.825
```

```
# extraire la prédiction des valeurs lambda
lambdas <- predict(modelza, type = "response", what = "mu")

# extraire la prédiction des valeurs p
ps <- predict(modelza, type = "response", what = "sigma")

# calculer la combinaison de ces deux éléments

preds <- lambdas * ps

# effectuer les 1000 simulations
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(lambdas), function(i){
  lambda <- lambdas[[i]]
  p <- ps[[i]]
  sims <- rZIP(n = nsim, mu = lambda, sigma = p)
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)
```

```
# calculer les résidus simulés
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = mat_sims,
                           observedResponse = data_accidents$Nbr_acci,
                           fittedPredictedResponse = preds,
                           integerResponse = T)
plot(sim_res)
```

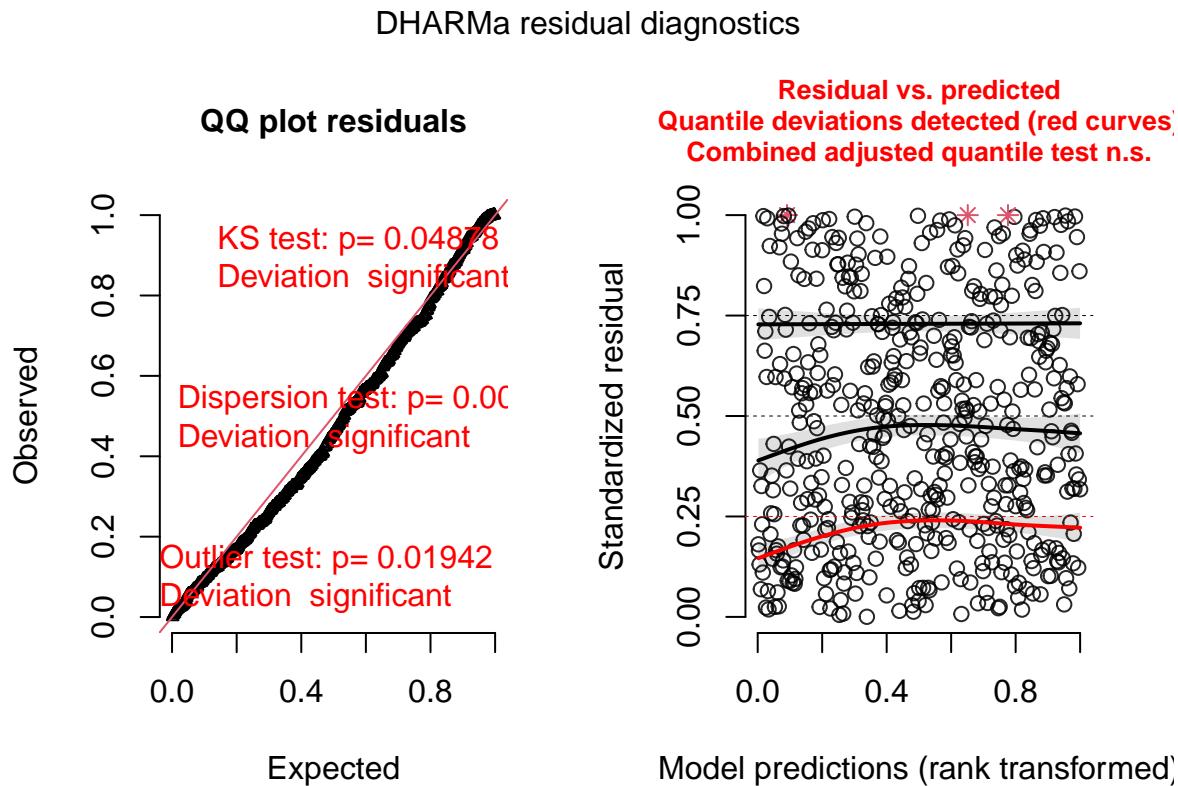


FIG. 6.36 : Diagnostic général des résidus simulés du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté

La figure 6.36 indique deux problèmes importants dans le modèle : la présence de valeurs aberrantes ainsi qu'un potentiel problème de dispersion. nous commençons donc par identifier ces valeurs aberrantes

```
#identification des outliers
isOutlier <- outliers(sim_res, return = "logical", lowerQuantile = 0.001,
                      upperQuantile = 0.999)
cas_étrange <- subset(data_accidents, isOutlier)
print(cas_étrange)
```

	X	NumInter	NOUNIK	Nbr_acci	Feux_auto	Feux_piet	Pass_piet	Terreplein
## 1	1	7839	419	19	1	1	1	1
## 5	5	8054	433	12	1	0	1	0
## 26	26	8442	136	7	0	0	1	0
## 481	481	13593	573	0	0	0	0	0

```

##      Apaisement EmpTotBuffer Densite_pop Entropie DensiteInter Long_arterePS
## 1          0    7208.538   5980.923 0.8073926     42.41597    6955.00
## 5          0    8585.350   8655.430 0.7607852     89.11495    6412.27
## 26         0    1342.625   2751.012 0.0000000     73.35344    2849.66
## 481        0    4072.706   9014.759 0.7510579     50.32579    3947.19
##      Artere NB_voies5 log_acci catego_acci catego_acci2 Arret VAG sum_app
## 1          1    1 2.995732           1           1       0       1       4
## 5          0    0 2.564949           1           1       0       1       4
## 26         0    0 2.079442           1           1       1       1       3
## 481        0    0 0.000000           0           0       1       1       4
##      LogEmploi AccOrdinal PopHa
## 1     8.883021      2 5.980923
## 5     9.057813      2 8.655430
## 26    7.202382      2 2.751012
## 481   8.312063      0 9.014759

```

Nous retirons des données six observations pouvant avoir une certaine influence sur le modèle. Après réajustement, la figure 6.37 nous informe que nous n'avons plus de valeurs aberrantes restantes ni de fort problème de dispersion. En revanche, le premier quantile des résidus tant à être plus faible que ce que l'on pourrait attendre d'une distribution uniforme. Cette observation laisse penser que le modèle a du mal à bien identifier les faux zéros. Ce résultat n'est pas étonnant car aucune variable n'avait été identifiée à cette fin dans l'article originale (Cloutier et al., 2014) qui utilisait un modèle Négatif Binomial.

```

data2 <- subset(data_accidents, isOutlier==FALSE)

# ajuster une première version du modèle
modelza <- gamlss(formula = Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet + Pass_piet +
  Terreplein + Apaisement + LogEmploi + Densite_pop +
  Entropie + DensiteInter + Long_arterePS + Artere + NB_voies5,
  sigma.formula = ~1 + Feux_auto + Feux_piet + Densite_pop + NB_voies5,
  family = ZIP(mu.link = "log", sigma.link="logit"),
  data = data2)

```

```

## GAMLSS-RS iteration 1: Global Deviance = 1409.365
## GAMLSS-RS iteration 2: Global Deviance = 1398.001
## GAMLSS-RS iteration 3: Global Deviance = 1394.541
## GAMLSS-RS iteration 4: Global Deviance = 1393.434
## GAMLSS-RS iteration 5: Global Deviance = 1393.08
## GAMLSS-RS iteration 6: Global Deviance = 1392.976
## GAMLSS-RS iteration 7: Global Deviance = 1392.947
## GAMLSS-RS iteration 8: Global Deviance = 1392.939
## GAMLSS-RS iteration 9: Global Deviance = 1392.936
## GAMLSS-RS iteration 10: Global Deviance = 1392.935

```

```

# extraire la prédiction des valeurs lambda
lambdas <- predict(modelza, type = "response", what = "mu")

```

```

# extraire la prédiction des valeurs p
ps <- predict(modelza, type = "response", what = "sigma")

# calculer la combinaison de ces deux éléments
preds <- lambdas * ps

# effectuer les 1000 simulations
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(lambdas), function(i){
  lambda <- lambdas[[i]]
  p <- ps[[i]]
  sims <- rZIP(n = nsim, mu = lambda, sigma = p)
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

# calculer les résidus simulés
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = mat_sims,
                           observedResponse = data2$Nbr_acci,
                           fittedPredictedResponse = preds,
                           integerResponse = T)

plot(sim_res)

```

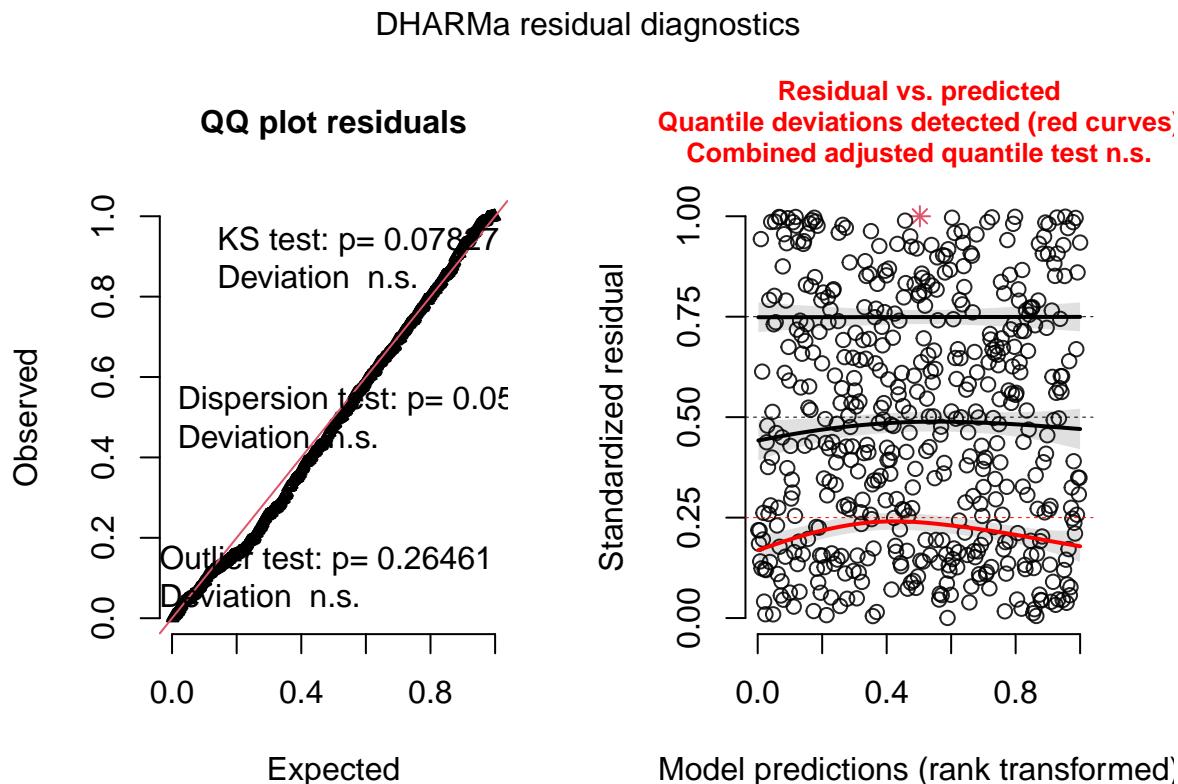


FIG. 6.37 : Diagnostic général des résidus simulés du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté (sans valeurs aberrantes)

Nous pouvons une fois encore comparer des simulations issues du modèle et la distribution originale de la variable Y . La figure 6.38 montre clairement que les simulations du modèle (en bleu) sont très éloignées dans la distribution originale (en gris), ce qui remet directement en question la pertinence de ce modèle.

```
# extraire la prédiction des valeurs lambda
lambdas <- predict(modelza, type = "response", what = "mu")

# extraire la prédiction des valeurs p
ps <- predict(modelza, type = "response", what = "sigma")

# génération de 1000 simulation pour chaque prediction
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(lambdas), function(i){
  lambda <- lambdas[[i]]
  p <- ps[[1]]
  sims <- round(rZIP(nsim, mu=lambda, sigma = p))
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

# préparation des données pour le graphique (valeurs réelles)
counts <- data.frame(table(data2$Nbr_acci))
names(counts) <- c("nb_accident", 'frequence')
counts$nb_accident <- as.numeric(as.character(counts$nb_accident))
counts$prop <- counts$frequence / sum(counts$frequence)

# préparation des données pour le graphique (valeurs simulées)
df1 <- data.frame(count = 0:25)

count_sims <- lapply(1:nsim, function(i){
  sim <- mat_sims[,i]
  cnt <- data.frame(table(sim))
  df2 <- merge(df1, cnt, by.x="count", by.y = "sim", all.x = T, all.y=F)
  df2$Freq <- ifelse(is.na(df2$Freq), 0, df2$Freq)
  return(df2$Freq)
})

count_sims <- do.call(cbind, count_sims)

df_sims <- data.frame(
  val = 0:25,
  med = apply(count_sims, MARGIN = 1, median),
  lower = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.025),
  upper = apply(count_sims, MARGIN = 1, quantile, probs = 0.975)
)

# affichage du graphique
ggplot() +
  geom_bar(aes(x=nb_accident, weight = frequence), width = 0.6, data = counts) +
  geom_errorbar(aes(x = val, ymin = lower, ymax = upper),
                data = df_sims, color = "blue", width = 0.6) +
  geom_point(aes(x = val, y = med), color = "blue", size = 1.3, data = df_sims) +
  scale_x_continuous(limits = c(-0.5,7), breaks = c(0:7)) +
  xlim(-1,12) +
  labs(subtitle = "")
```

```
x = "nombre d'accidents",
y = "nombre d'occurrence")
```

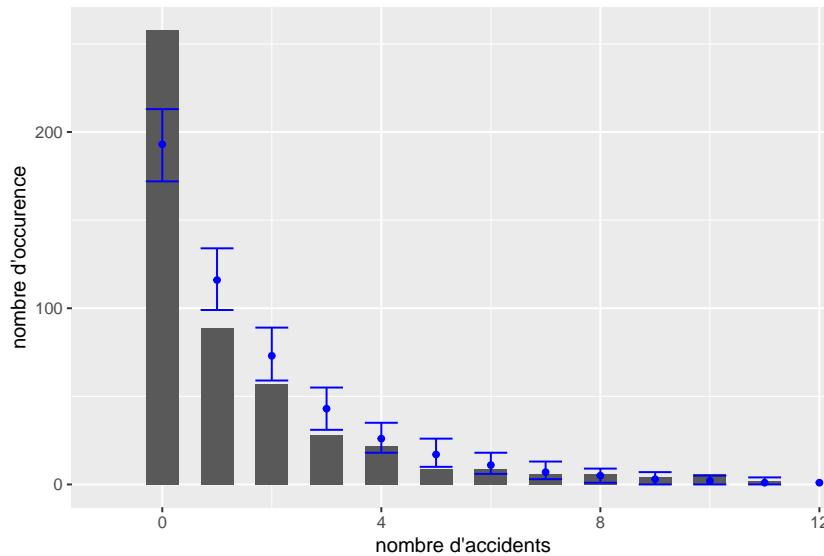


FIG. 6.38 : Comparaison de la distribution originale et des simulations pour le modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté

Vérifier la qualité d'ajustement

```
modelenull <- glm(Nbr_acci ~ 1,
                    family = poisson(link="log"),
                    data = data2)

# calcul des R2
rsqs(loglike.full = logLik(modelza),
      loglike.null = logLik(modelenull),
      full.deviance = deviance(modelza),
      null.deviance = deviance(modelenull),
      nb.params = modelza$sigma.df + modelza$mu.df,
      n = nrow(data2)
    )

## `$deviance expliquée`
## [1] 0.09998158
##
## `$`MacFadden ajusté`
## 'log Lik.' 0.3541276 (df=18)
##
## `$`Cox and Snell`
## 'log Lik.' 0.8051803 (df=18)
##
## `$Nagelkerke
## 'log Lik.' 0.8150279 (df=18)
```

```
# calcul du RMSE
sqrt(mean((preds - data2$Nbr_acci)**2))

## [1] 2.634357
```

Le modèle avec excès de zéro ajusté ne parvient à expliquer que 11% de la déviance totale. Il obtient cependant des valeurs de R² assez hautes (MacFadden ajusté : 0,36, Nagerlkerke : 0,82). Son RMSE est cependant très élevé (2,6), comparativement à celui que nous avions obtenu avec le modèle Négatif Binomial (1,9). Considérant ces éléments, ce modèle est nettement moins informatif que le modèle Négatif Binomial et ne devrait pas être retenu. Nous allons cependant montré ici comment interpréter ces résultats.

Interprétation des résultats

L'ensemble des coefficients du modèle sont accessible avec la fonction `summary`. Les coefficients dédiés à la partie Poisson (appelée mu dans le résumé) doivent être analysés et interprétés de la même manière que s'ils provenaient d'un modèle de Poisson. Les coefficients appartenant à la partie logistique (appelé sigma dans le résumé) doivent être analysés et interprété de la même manière que s'ils provenaient d'un modèle logistique.

```
# extraction des résultats
base_table <- summary(modelza)

## ****
## Family: c("ZIP", "Poisson Zero Inflated")
##
## Call: gammelss(formula = Nbr_acci ~ Feux_auto + Feux_piet +
##                 Pass_piet + Terreplein + Apaisement + LogEmploi +
##                 Densite_pop + Entropie + DensiteInter + Long_arterePS +
##                 Artere + NB_voies5, sigma.formula = ~1 + Feux_auto +
##                 Feux_piet + Densite_pop + NB_voies5, family = ZIP(mu.link = "log",
##                 sigma.link = "logit"), data = data2)
##
## Fitting method: RS()
##
## -----
## Mu link function: log
## Mu Coefficients:
##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)      -2.492e+00  5.326e-01 -4.679 3.74e-06 ***
## Feux_auto       5.637e-01  1.885e-01  2.991  0.00293 **
## Feux_piet       4.181e-01  1.043e-01  4.010 7.05e-05 ***
## Pass_piet        3.364e-01  1.919e-01  1.753  0.08021 .
## Terreplein     -3.320e-01  1.662e-01 -1.997  0.04637 *
## Apaisement       2.105e-01  1.530e-01  1.376  0.16957
## LogEmploi       1.628e-01  7.450e-02  2.186  0.02933 *
## Densite_pop     8.331e-05  1.497e-05  5.565 4.34e-08 ***
## Entropie        -2.262e-01  2.960e-01 -0.764  0.44504
```

```

## DensiteInter   4.013e-03  2.048e-03   1.960  0.05061 .
## Long_arterePS 9.917e-06  1.992e-05   0.498  0.61873
## Artere        6.576e-02  1.108e-01   0.594  0.55301
## NB_voies5     4.364e-01  1.016e-01   4.298  2.09e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## -----
## Sigma link function:  logit
## Sigma Coefficients:
##                               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    1.110e+00  5.279e-01   2.103  0.03597 *
## Feux_auto     -1.721e+00  5.540e-01  -3.106  0.00201 **
## Feux_piet      1.705e-01  6.452e-01   0.264  0.79168
## Densite_pop   -1.209e-04  5.303e-05  -2.281  0.02299 *
## NB_voies5     -1.627e+00  9.464e-01  -1.719  0.08617 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## -----
## No. of observations in the fit:  501
## Degrees of Freedom for the fit:  18
##             Residual Deg. of Freedom: 483
##                               at cycle:  10
##
## Global Deviance:    1392.935
## AIC:                1428.935
## SBC:                1504.834
## ****

```

```

# multiplication par 1000 des coefficient de population
# (effet pour 1000 habitants)
base_table[8,1] <- 1000 * base_table[8,1]
base_table[8,2] <- 1000 * base_table[8,2]
base_table[17,1] <- 1000 * base_table[17,1]
base_table[17,2] <- 1000 * base_table[17,2]

# multiplication par 1000 des coefficient de longueur artere
# (effet pour 1 km)
base_table[11,1] <- 1000 * base_table[11,1]
base_table[11,2] <- 1000 * base_table[11,2]

# calcul des exponentiels des predicteurs
# et des intervalles de confiance
expcoeff <- exp(base_table[,1])
expcoeff2.5 <- exp(base_table[,1] - 1.96 * base_table[,2])
expcoeff97.5 <- exp(base_table[,1] + 1.96 * base_table[,2])

base_table <- cbind(base_table, expcoeff, expcoeff2.5,expcoeff97.5)

```

```

#calculer une colonne indiquant le niveau de significativite
sign <- case_when(
  base_table[,4] < 0.001 ~ "***",
  base_table[,4] >= 0.001 & base_table[,4]<0.01 ~ "**",
  base_table[,4] >= 0.01 & base_table[,4]<0.05 ~ "*",
  base_table[,4] >= 0.05 & base_table[,4]<0.1 ~ ".",
  TRUE ~ ""
)

# arrondir : 3 decimales
base_table <- round(base_table,3)

# enlever les colonnes de valeurs de t et d'erreur standard
base_table <- base_table[,c(1,4,5,6,7)]
base_table <- cbind(base_table, sign)

# remplacer les 0 dans la colonne pval
base_table[,2] <- ifelse(base_table[,2]=="0","<0.001",base_table[,2])

# separer le tout en deux tableaux
part_poiss <- base_table[1:13,]
part_logit <- base_table[14:18,]

# mettre les bons noms de colonne
colnames(part_poiss) <- c("Coeff.", "Val.p", "Exp(Coeff.)", "IC 2,5% exp(Coeff.)", "IC 97,5% exp(Coeff.)", "Sign.")

colnames(part_logit) <- c("Coeff.", "Val.p", "RC", "IC 2,5% RC", "IC 97,5% RC", "Sign.")

```

Nous rapportons les résultats de ce modèle de Poisson avec excès de zéro ajusté dans les tableau 6.27 et 6.28.

Nous observons ainsi que la présence d'un feu de circulation divise les chances de ne pas observer d'accident à une intersection par 5. La densité de population a également un effet positif sur la probabilité d'observer des accidents à une intersection. Pour chaque 1000 habitants supplémentaire à proximité de l'intersection, les chances de ne pas observer d'accident sont réduites de 11%.

Concernant les coefficients pour la partie Poisson du modèle, nous observons que à nouveau, la présence

Tab. 6.27 : Résultats de la partie Poisson du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté

Variable	Coeff.	Val.p	Exp(Coeff.)	IC 2,5% exp(Coeff.)	IC 97,5% exp(Coeff.)	Sign.
(Intercept)	-2.492	<0.001	0.083	0.029	0.235	***
Feux_auto	0.564	0.003	1.757	1.214	2.542	**
Feux_piet	0.418	<0.001	1.519	1.238	1.863	***
Pass_piet	0.336	0.08	1.4	0.961	2.039	.
Terreplein	-0.332	0.046	0.718	0.518	0.994	*
Apaisement	0.211	0.17	1.234	0.914	1.666	
LogEmploi	0.163	0.029	1.177	1.017	1.362	*
Densite_pop	0.083	<0.001	1.087	1.055	1.119	***
Entropie	-0.226	0.445	0.798	0.446	1.425	
DensiteInter	0.004	0.051	1.004	1	1.008	.
Long_arterePS	0.01	0.619	1.01	0.971	1.05	
Artere	0.066	0.553	1.068	0.86	1.327	
NB_voies5	0.436	<0.001	1.547	1.268	1.888	***

TAB. 6.28 : Résultats de la partie logistique du modèle de Poisson avec excès de zéros ajusté

Variable	Coeff.	Val.p	RC	IC 2,5% RC	IC 97,5% RC	Sign.
(Intercept)	1.11	0.036	3.035	1.078	8.54	*
Feux_auto	-1.721	0.002	0.179	0.06	0.53	**
Feux_piet	0.171	0.792	1.186	0.335	4.2	
Densite_pop	-0.121	0.023	0.886	0.799	0.983	*
NB_voies5	-1.627	0.086	0.196	0.031	1.256	.

d'un feu de circulation et d'un feu pour piéton contribuent à multiplier respectivement par 2 et 1,5 le nombre attendu d'accident à une intersection. De même, la présence d'un axe de circulation à 5 voies augmente de 57% le nombre d'accident. Enfin, la densité de population est aussi associée à une augmentation du nombre d'accident. Pour 1000 habitant supplémentaire autours de l'intersection, on augmente le nombre d'accident attendu de 9%.

6.2.2.5 Conclusion sur les modèles destinés à des variables de comptage

Nous avons vu dans cette section que modéliser une variable de comptage ne doit pas toujours être fait avec une simple distribution de Poisson. Il est nécessaire de tenir compte de la potentielle sur ou sous dispersion ainsi que de l'excès de 0. Nous n'avons cependant pas couvert tous les cas, il est en effet possible d'ajuster des modèles avec une distribution négative binomiale avec excès de zéros (avec le package **gamlss**), ainsi que des modèles de Hurdle. Ces derniers ont une approche différente de celle proposée par les distributions ajustées pour tenir compte de l'excès de zéro que nous détaillons dans l'encadré pour aller plus loin ci-dessous. Le processus de sélection du modèle peut être résumé avec la figure 6.39. Notez que même en suivant cette procédure, rien ne garantit que votre modèle final reflète bien les données que vous étudiez. L'analyse approfondie des résidus et des prédictions du modèle est la seule façon de déterminer si oui ou non le modèle est fiable.



: modèle de Hurdle VS modèle avec excès de zéro

Les modèle de Hurdle sont une autre catégorie de modèle GLM. Ils peuvent être décrit avec la formulation suivante :

$$\begin{cases} Y \sim \text{Binomial}(p) \text{ si } y = 0 \\ \text{logit}(p) = \beta_a X_a \\ Y \sim \text{TrPoisson}(\lambda) \text{ si } y > 0 \\ \log(\lambda) = \beta_b X_b \end{cases} \quad (6.20)$$

On constate qu'un modèle de Hurdle utilise deux distributions, la première est une distribution Binomiale dont l'objectif est de prédire si les observations sont à 0 ou au-dessus de 0. La seconde est une distribution strictement positive (supérieure à 0), il peut s'agir d'une distribution tronquée de Poisson, tronquée Négative Binomiale, Gamma, log-Normale ou autre, dépendamment du phénomène modélisé. Puisque le modèle fait appel à deux distributions, deux équations de régressions sont utilisées, l'une pour prédire p (la probabilité d'observer une valeur au-dessus de 0) et l'autre l'espérance (moyenne) de la seconde distribution.

En d'autres termes, un modèle de Hurdle modélise les données à zéro et les données au-delà de 0 comme deux processus différents (chacun avec sa propre distribution). Cette approche se distingue des modèles avec excès de zéros qui utilisent une seule distribution pour décrire l'ensemble des données. D'après un modèle avec excès de zéro, il existe des vrais et des faux zéros que l'on tente de

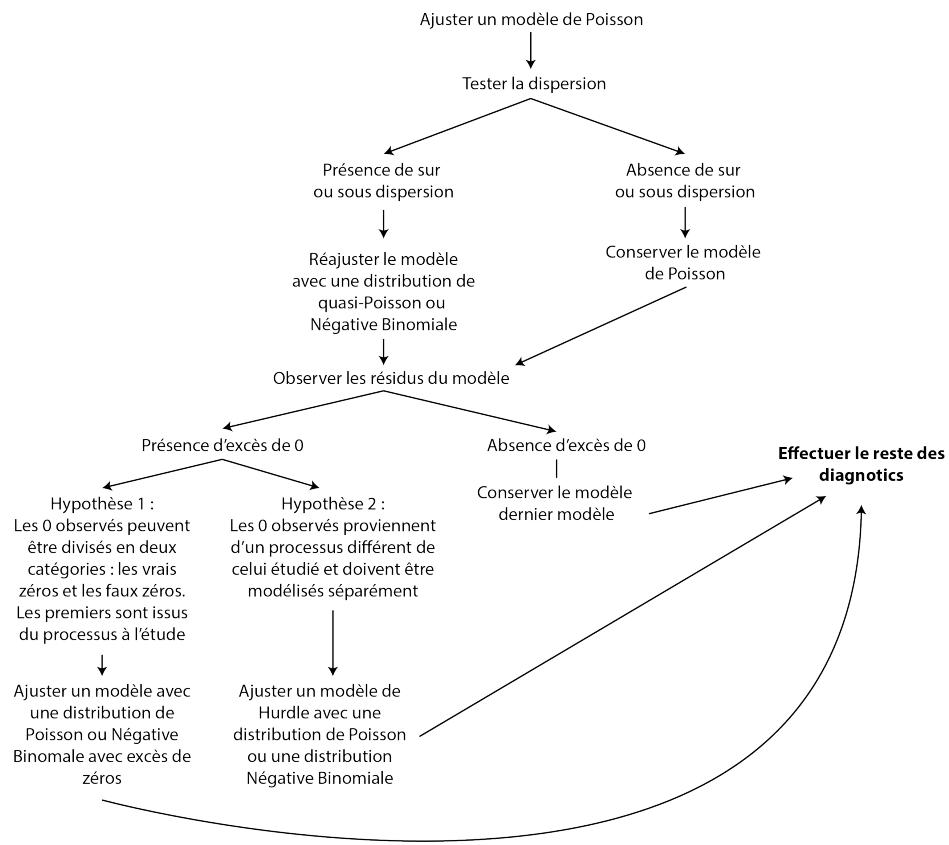


FIG. 6.39 : Processus de sélection d'un modèle pour une variable de comptage

distinguer. Dans un modèle de Hurdle, l'idée est que les zéros constituent une limite. On modélise la probabilité de dépasser cette limite, et ensuite la magnitude du dépassement de cette limite.

Prenons un exemple pour rendre la distinction plus concrète. Admettons que nous utilisons un capteur capable de mesurer la concentration de particules fines dans l'air. D'après les spécifications du fabricant, le capteur est capable de mesurer des taux de concentration à partir de $0,001 \text{ ug/m}^3$. Dans une ville avec des niveaux de concentration très faibles, il sera très fréquent pour le capteur de renvoyer zéro. Considérant ce phénomène, il serait judicieux de modéliser le processus avec un modèle de Hurdle Gamma puisque les 0 représentent une limite qui n'a pas été franchie : le seuil de détection du capteur. On va donc traiter différemment les secteurs sous ce seuil, et au-dessus de seuil. Si l'on reprend notre exemple sur les accidents des piétons à des intersections, il est plus judicieux dans ce cas de modéliser le phénomène avec un modèle avec excès de zéro puisque l'on peut observer zéro accident sur une intersection dangereuse (vrai zéro), et zéro accident sur une intersection sur laquelle aucune piéton ne traverse jamais (faux zéro).

6.2.3 Les modèles GLM pour des variables continues

Comme nous avons pu le voir dans la section 2.4, il existe un grand nombre de distributions permettant de décrire une grande diversité de variables continues. Il serait fastidieux de tous les présenter, nous allons seulement revenir sur les plus fréquents.

6.2.3.1 Le modèle GLM Gaussien

Comme nous l'avons vu en introduction, il s'agit du GLM le plus simple puisqu'il correspond à la transposition de la régression linéaire classique (des moindres carrés) dans la forme des modèles généralisés.

6.2.3.1.1 Conditions d'application

Les conditions d'application sont les mêmes que celles pour une régression linéaire classique. La condition de l'Homoscédasticité (homogénéité de la variance), est dûe au fait que la variance du modèle est contrôlée par un seul paramètre fixe $\text{var}(y) = \sigma$ (l'écart type de la distribution normale). À titre de comparaison, rappelons que dans un modèle de Poisson, la variance est égale à la moyenne ($\text{var}(y) = E(y)$) alors que dans un modèle Négatif Binomial, la variance est fonction de la moyenne et d'un paramètre θ ($\text{var}(y) = E(y) + E(y)^{\frac{2}{\theta}}$). Pour ces deux exemples, la variance augmente au fur et à mesure que la moyenne augmente.

6.2.3.1.2 Interprétation des paramètres

L'interprétation des paramètres est la même que pour une régression linéaire classique :

- β_0 : il s'agit de la constante, donc de la moyenne attendue de la variable Y lorsque les valeurs de toutes les variables X sont 0.
- β : les coefficients de régressions, ils quantifient l'impact d'une augmentation d'une unité des variables X sur la moyenne de la variable Y .
- σ : l'écart type de Y après avoir contrôlé les variables X . Il peut s'interpréter comme l'incertitude restante après modélisation de la moyenne de Y . Concrètement, si vous utilisez votre équation de régression pour prédire une nouvelle valeur de Y : \hat{Y} , l'intervalle de confiance à 95% de cette prédiction est $(\hat{Y} - 3\sigma; \hat{Y} + 3\sigma)$. Vous noterez donc que plus σ est grand, plus grande est l'incertitude de la prédiction.

6.2.3.1.3 Exemple appliqué dans R

Pour cet exemple, nous reprenons le modèle LM que nous avions présenté dans la section 5.7.3. Pour rappel, l'objectif est de modéliser la densité végétale dans les secteurs de recensement de Montréal. Pour cela, nous utilisons des variables caractérisant des populations vulnérables au niveau physiologique

TAB. 6.29 : Carte d'identité du modèle Gaussien

Type de variable dépendante	Variable continue dans l'intervalle $]-\infty; +\infty[$
Distribution utilisée	Normal
Formulation	$Y \sim Normal(\mu, \sigma)$ $g(\mu) = \beta_0 + \beta X$ $g(x) = x$
Fonction de lien	identitaire
Paramètre modélisé	μ
Paramètres à estimer	β_0, β et σ
Conditions d'application	Homoscédasticité

ou socio-économique, tout en contrôlant l'impact de l'environnement urbain. Parmi ces dernières, l'âge médian des bâtiments est ajouté au modèle avec une polynomiale d'ordre deux, et la densité d'habitant transformé avec la fonction logarithme.

Vérification des conditions d'application

La première étape de la vérification des conditions d'application est bien sûr la vérification de l'absence de multicolinéarité.

```
# chargement des données
load("data/lm/DataVegetation.RData")

# calcul du VIF
vif(glm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2) +
        Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal))

##                                     GVIF Df GVIF^(1/(2*Df))
## log(HABHA)           1.289495  1    1.135559
## poly(AgeMedian, 2)   1.387429  2    1.085307
## Pct_014              1.517957  1    1.232054
## Pct_65P              1.304094  1    1.141969
## Pct_MV               1.480275  1    1.216666
## Pct_FR               1.729646  1    1.315160
```

Puisque l'ensemble des valeurs de VIF sont inférieures à deux, nos données ne sont pas marquées par une multicolinéarité problématique. La seconde étape du diagnostic est de calculer et d'afficher les distances de Cook.

```
# ajustement du modèle
modele <- glm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2) +
                Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal)

# calcul des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modele)

# affichage des valeurs
df <- data.frame(
  cook = cooksd,
  oid = 1:length(cooksd)
)

ggplot(data = df) +
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), color = rgb(0.4,0.4,0.4,0.7), size = 1) +
  labs(x="", y = "distance de Cook")
```

La figure 6.40 indique clairement que trois observations sont très influentes dans le modèle.

```
# sélection des cas étranges
cas_étranges <- subset(DataFinal, cooksd > 0.03)
print(cas_étranges)
```

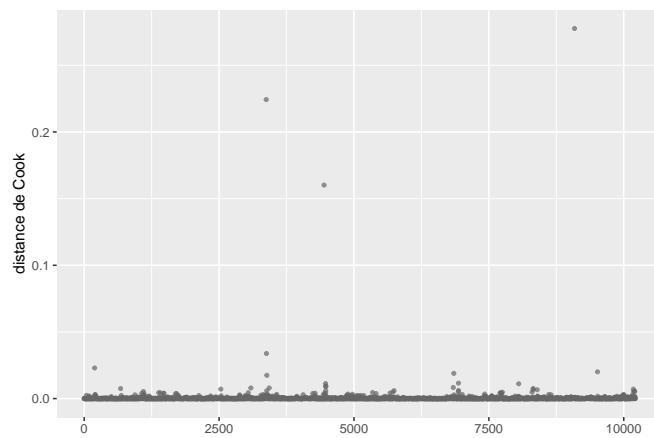


FIG. 6.40 : Distances de Cook pour le modèle Gaussien

```
##           IDIDU VegPct ArbPct V250Pct V500Pct A250Pct A500Pct      HABHA
## 3374 2466125715 10.481   5.478  18.987  13.744   2.908   2.704 74.835867
## 3378 2466125725  0.000   0.000  12.709  12.505   2.116   2.324 88.006946
## 4446 2466169704 23.162   5.209  31.437  31.535   8.672   9.108 313.142733
## 9088 2466307709 85.767  27.583  78.195  83.492  42.999  51.074  2.070472
##       AgeMedian Pct_014 Pct_65P Pct_MV Pct_FR DistCBDkm SDRIDU SDRNOM
## 3374        226    4.76   14.29  23.81  14.29     0.748 2466023 Montréal
## 3378        206    6.25   12.50  25.00  12.50     0.706 2466023 Montréal
## 4446        206   14.40   16.87  53.50  42.39     8.678 2466023 Montréal
## 9088        207   12.00   24.00  12.00  16.00    28.440 2466023 Montréal
```

Il s'agit de quatre observations dans Montréal avec des logements très anciens : plus de 200 ans alors que la moyenne est de 52 ans pour le reste de la zone d'étude. Le fait que nous ayons dans le modèle une polynomiale d'ordre 2 pour cette variable intensifie l'impact de ces valeurs extrêmes. En conséquence nous décidons de simplement les supprimer. Nous verrons plus tard qu'une alternative envisageable est de changer la distribution du modèle pour une distribution de Student (plus robuste aux valeurs extrêmes).

```
# retirer les cas étranges
DataFinal2 <- subset(DataFinal, cooksd < 0.03)

# ajustement du modèle
modele <- glm(VegPct ~ log(HABHA)+poly(AgeMedian,2)+  
                Pct_014+Pct_65P+Pct_MV+Pct_FR, data = DataFinal2,  
                family = gaussian())

# calcul des distances de Cook
cooksd <- cooks.distance(modele)

# affichage des valeurs
df <- data.frame(  
  cook = cooksd,  
  oid = 1:length(cooksd)  
)
```

```
ggplot(data = df) +
  geom_point(aes(x = oid, y = cook), color = rgb(0.4,0.4,0.4,0.7), size = 1) +
  labs(x="", y = "distance de Cook")
```

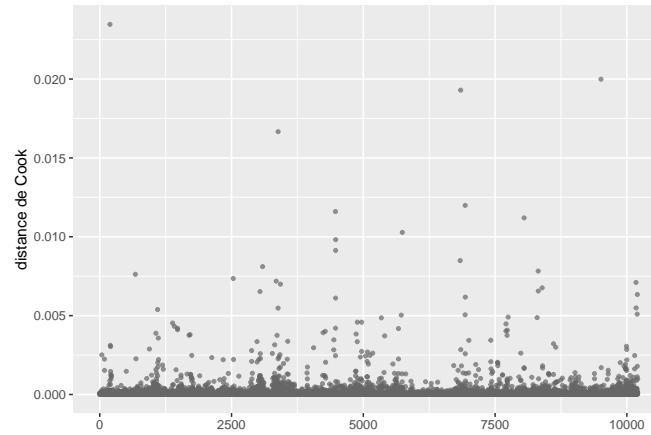


FIG. 6.41 : Distances de Cook pour le modèle Gaussien après suppression des observations influentes

Une fois ces observations retirée, les nouvelles distances de Cook (figure 6.41) ne révèlent plus d'observations fortement influentes. Nous pouvons passer à l'analyse des résidus similés. La figure 6.42 nous montre cependant que nos résidus devient significativement d'une distribution uniforme, que des valeurs aberrantes sont encore présente et qu'il existe un lien entre résidus et prédiction dans le modèle.

```
# extraction des prédictions du modèle
mus <- predict(modele, type = 'response')
modsigma <- sigma(modele)

# extraction de l'écart type du modèle

# génération de 1000 simulation pour chaque prediction
nsim <- 1000
cols <- lapply(1:length(mus), function(i){
  mu <- mus[[i]]
  sims <- rnorm(nsim, mean=mu, sd = modsigma)
  return(sims)
})
mat_sims <- do.call(rbind, cols)

# calculer les résidus simulés
sim_res <- createDHARMA(simulatedResponse = mat_sims,
                           observedResponse = DataFinal2$VegPct,
                           fittedPredictedResponse = mus,
                           integerResponse = F)
plot(sim_res)
```

Pour mieux cerner le problème que nous avons ici, nous pouvons dans un premier temps comparer la distribution originale des données et les simulations issues du modèle. La figure 6.43 montre clairement le problème : la distribution normale est mal ajustée aux données. Ces dernières sont légèrement

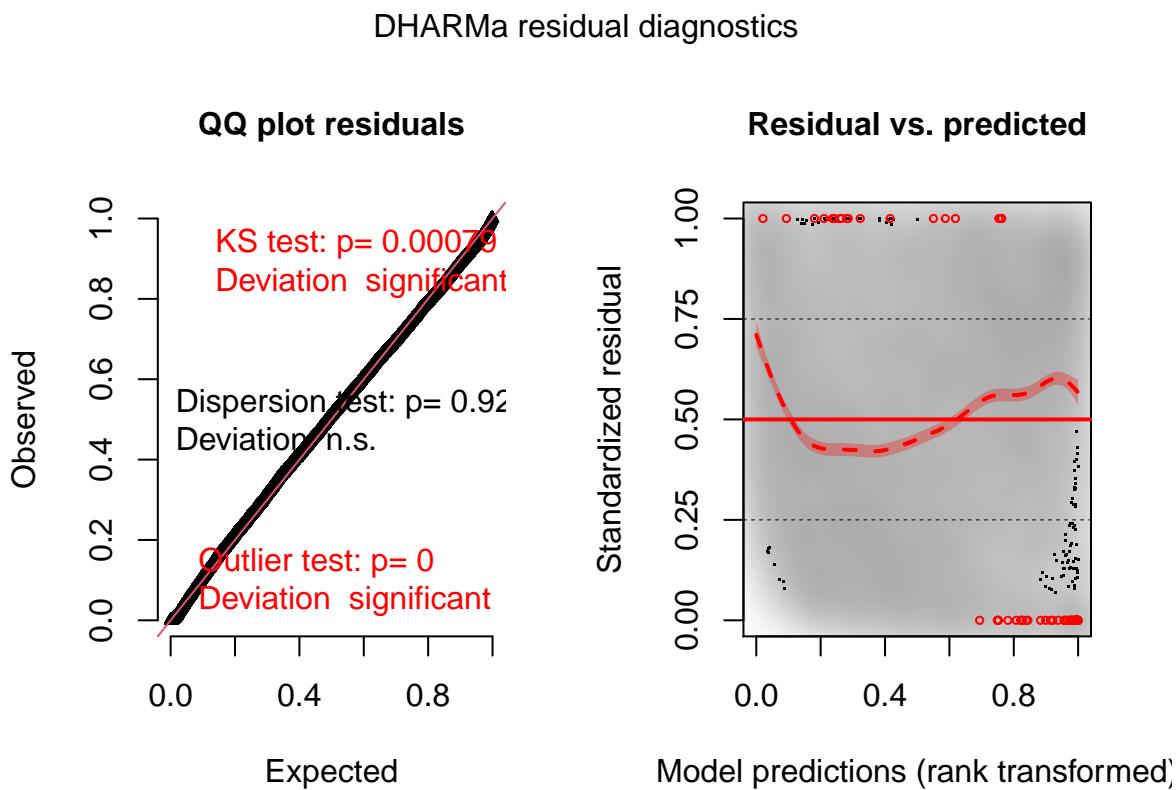


FIG. 6.42 : Diagnostic général des résidus simulés pour le modèle Gaussien

asymétriques et ne peuvent pas être inférieures à zéro, ce que la distribution normale ne parvient pas à reproduire.

```
df <- reshape2::melt(mat_sims[,1:30])

ggplot() +
  geom_histogram(data = DataFinal2, mapping = aes(x = VegPct, y = ..density..), color = "black", fill = "white", bins = 30) +
  geom_density(data = df, aes(x = value, group = Var2), color = rgb(0.4,0.4,0.4,0.4), fill = rgb(0,0,0,0))
```

Il est également possible de vérifier si la condition d'homogénéité de la variance s'applique bien aux données :

```
# extraction des prédition du modèle
mus <- predict(modele, type = "response")
sigma_model <- sigma(modele)

# création d'un dataframe pour contenir la prédition et les vraie valeurs
df1 <- data.frame(
  mus = mus,
  reals = DataFinal2$VegPct
)
```

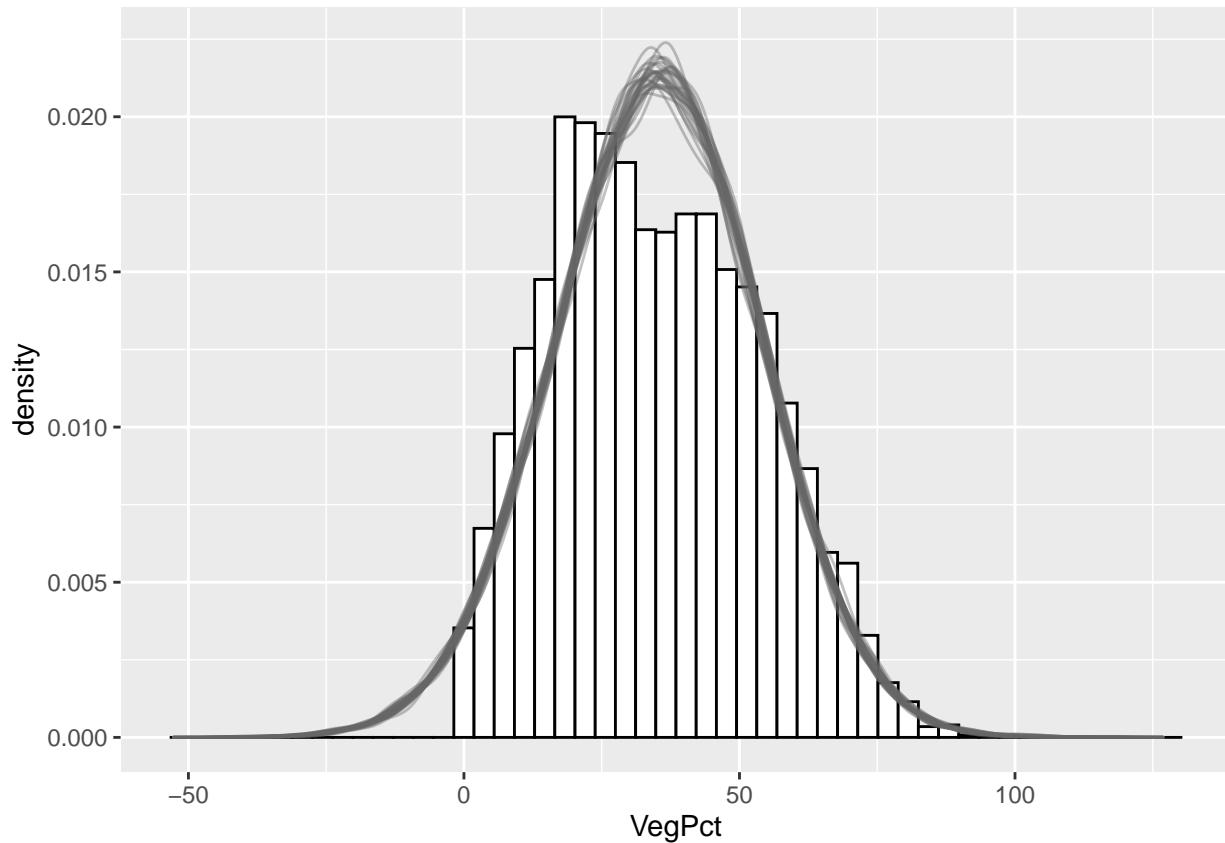


FIG. 6.43 : Comparaison de la distribution originale de la variable et des simulations issues du modèle

```
# calcul de l'intervalle de confiance à 95% selon la distribution de Poisson
# et stockage dans un second dataframe
seqa <- seq(0,100,10)
df2 <- data.frame(
  mus = seqa,
  lower = qnorm(p = 0.025, mean = seqa, sd = sigma_model),
  upper = qnorm(p = 0.975, mean = seqa, sd = sigma_model)
)

# affichage des valeurs réelles et prédites (en rouge)
# et de leur variance selon le modèle (en noir)
ggplot() +
  geom_point(data = df1,
             mapping = aes(x = mus, y = reals),
             color = "red", size = 0.5) +
  geom_errorbar(data = df2,
                mapping = aes(x = mus, ymin = lower, ymax = upper),
                width = 0.2, color = rgb(0.4,0.4,0.4)) +
  labs(x = 'valeurs prédites',
       y = "valeurs réelles")
```

À nouveau, on peut constater que le modèle s'attendrait à trouver des valeurs négatives pour la concentration de végétation, ce que n'est pas possible dans notre cas. En revanche, il semblerait que la variance soit bien homogène puisque la dispersion des observations semble à peu près suivre la

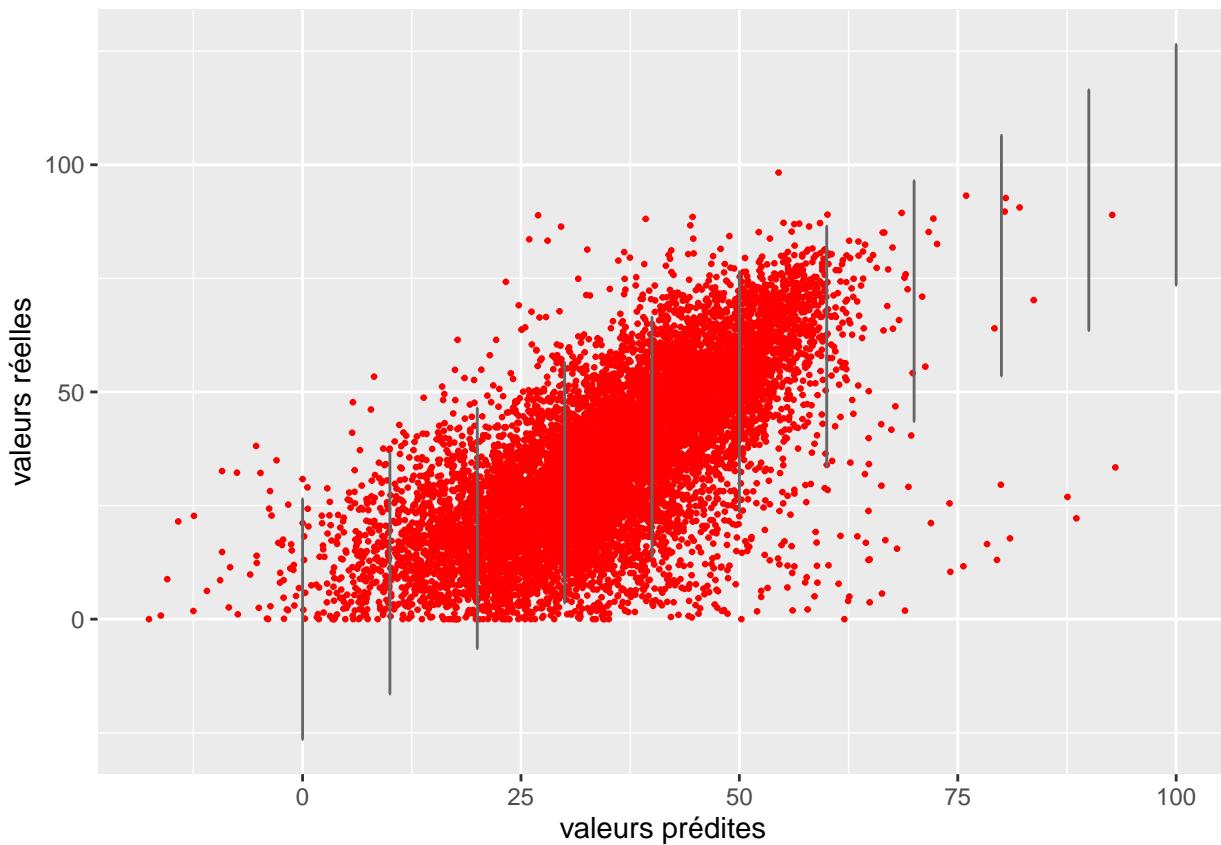


FIG. 6.44 : Comparaison de la distribution originale de la variable et des simulations issues du modèle

dispersion attendue par le modèle (en noir).

Malgré ces différents constats indiquant clairement qu'un modèle Gaussien est un choix sous-optimal pour ces données, nous allons poursuivre l'analyse de ce modèle.

Vérification de la qualité d'ajustement

```
# ajustement d'un modèle nul
modeleNULL <- glm(VegPct ~ 1,
                    data = DataFinal2,
                    family = gaussian())

# calcul des pseudo R2
rsqs(loglike.full = logLik(modele),
      loglike.null = logLik(modeleNULL),
      full.deviance = deviance(modele),
      null.deviance = deviance(modeleNULL),
      nb.params = modele$rank,
      n = nrow(DataFinal2)
)

## `$deviance expliquee`
## [1] 0.4706321
##
```

```
## `$`MacFadden ajuste`
## 'log Lik.' 0.07310662 (df=9)
##
## `$`Cox and Snell`
## 'log Lik.' 0.4706321 (df=9)
##
## `$Nagelkerke
## 'log Lik.' 0.4707122 (df=9)
```

Le modèle parvient à expliquer 47% de la déviance totale, mais obtient un R² ajusté de MacFadden de seulement 0,07.

```
# calcul du RMSE
sqrt(mean((predict(modele, type = "response") - DataFinal2$VegPct)**2))
```

```
## [1] 13.49885
```

L'erreur quadratique moyenne et de 13,5 points de pourcentage, ce qui indique que le modèle a une assez faible capacité prédictive.

Interprétation des résultats

L'ensemble des coefficients du modèle sont accessibles via la fonction `summary`, nous proposons le tableau 6.30 qui présente l'ensemble des résultats du modèle.

TAB. 6.30 : Résultats du modèle Gaussien

Variable	Coeff.	Err.std	Val.z	val.p	IC coeff 2,5%	IC coeff 97,5%	Sign.
Intercept	53.606	1.00	53.64	<0.001	51.647	55.565	***
AgeMedian ordre 1	2.732	15.56	0.18	0.861	-27.772	33.237	
AgeMedian ordre 2	-320.869	14	-22.91	<0.001	-348.318	-293.420	***
Pct_014	0.915	0.03	29.31	<0.001	0.853	0.976	***
Pct_65P	0.280	0.02	15.05	<0.001	0.243	0.316	***
Pct_MV	-0.042	0.01	-4.19	<0.001	-0.061	-0.022	***
Pct_FR	-0.340	0.01	-30.94	<0.001	-0.362	-0.318	***

Chapitre 7

Régressions à effets mixtes (GLMM) et régression multiniveaux

7.1 Principes de base des GLMM

Notion de pseudo-réplications

Effets aléatoire *versus* effets fixes

7.2 Application à une variable continue

7.3 Régressions multiniveaux

Chapitre 8

Modèles généralisés additifs

8.1 Principes de base des GAM

8.2 Extensions des GAM

8.2.1 GAMM

8.2.2 GAMMAR

Cinquième partie

Analyses exploratoires multivariées

Chapitre 9

Méthodes factorielles

9.1 Un petit historique

9.2 Analyses de composantes principales (ACP)

9.3 Analyses factorielles de correspondances (AFC)

9.4 Analyses factorielles de correspondances multiples (AFM)

9.5 Analyses factorielles de correspondances mixte

Chapitre 10

Méthodes de classification non-supervisées

10.1 Un aperçu sur la multitude des méthodes de classifications

10.2 Combinaisons méthodes factorielles et méthodes de classifications

10.3 Classification ascendantes hiérachiques

10.4 Nuées dynamiques

10.4.1 k-means

10.4.2 k-median

10.4.3 Les extensions en logique floues : c-means, c-median

Chapitre 11

Conclusion

11.1 Synthèse des méthodes abordées

Road map method

11.2 Autres méthodes non abordées

11.2.1 Régressions par quantile

11.2.2 Régressions par panel

11.2.3 Régressions par Tobit

11.2.4 Analyses de survie

11.2.5 Équations structurelles

11.3 Deux écoles de statistique inférielle : fréquentiste et bayésienne

11.4 Éthique en méthodes quantitatives

Chapitre 12

Annexes

12.1 Tableau des valeurs critiques de χ^2

La courte syntaxe  ci-dessous permet de générer un tableau avec les valeurs critiques du χ^2 pour différents degrés de signification (valeurs de p).

```
library(stargazer)

# vecteur pour les degrés de liberté de 1 à 30, puis 40 et 50
dl <- c(1:30, 40, 50, 100, 250, 500)
# la fonction qchisq permet d'obtenir la valeur théorique en fonction
# d'une valeur de p et d'un nombre de degrés de liberté
tableChi2 <- cbind(dl,
  p0.05 = round(qchisq(p=0.95, df=dl, lower.tail = FALSE),3),
  p0.01 = round(qchisq(p=0.99, df=dl, lower.tail = FALSE),3),
  p0.001 = round(qchisq(p=0.999, df=dl, lower.tail = FALSE),3))
# Impression du tableau avec la library stargazer
stargazer(tableChi2, type="text", summary=FALSE, rownames=FALSE, align = TRUE, digits = 3,
  title="Distribution des valeurs critiques du Khi2")
```

12.2 Tableau des valeurs critiques de F

La courte syntaxe  ci-dessous permet de générer un tableau avec les valeurs critiques de F avec $p=0,05$.

```
library(stargazer)

dl1 <- c(1:10, 15, 20, 25, 30, 50, 100, 500)
dl2 <- c(1:30, 40, 50, 100)
matrice <- matrix(ncol=length(dl1), nrow=length(dl2), byrow = TRUE)
for(r in 1:length(dl1)){
  for(c in 1:length(dl2)){
    matrice[c,r] <- round(qf(p=0.05, dl1[r], dl2[c], lower.tail = FALSE),2)
  }
}
```

TAB. 12.1 : Distribution des valeurs critiques du khi2

dl	p=0,05	p=0,01	p=0,001
1	0,004	0,000	0,000
2	0,103	0,020	0,002
3	0,352	0,115	0,024
4	0,711	0,297	0,091
5	1,145	0,554	0,210
6	1,635	0,872	0,381
7	2,167	1,239	0,598
8	2,733	1,646	0,857
9	3,325	2,088	1,152
10	3,940	2,558	1,479
11	4,575	3,053	1,834
12	5,226	3,571	2,214
13	5,892	4,107	2,617
14	6,571	4,660	3,041
15	7,261	5,229	3,483
16	7,962	5,812	3,942
17	8,672	6,408	4,416
18	9,390	7,015	4,905
19	10,117	7,633	5,407
20	10,851	8,260	5,921
21	11,591	8,897	6,447
22	12,338	9,542	6,983
23	13,091	10,196	7,529
24	13,848	10,856	8,085
25	14,611	11,524	8,649
26	15,379	12,198	9,222
27	16,151	12,879	9,803
28	16,928	13,565	10,391
29	17,708	14,256	10,986
30	18,493	14,953	11,588
40	26,509	22,164	17,916
50	34,764	29,707	24,674
100	77,929	70,065	61,918
250	214,392	200,939	186,554
500	449,147	429,388	407,947

```

}

tableF_p0.05 <- as.data.frame(matrice, row.names = paste0("dl2=",dl2, sep=""))
colnames(tableF_p0.05) <- paste0("dl1=",dl1, sep="")

stargazer(tableF_p0.05, type="text", summary=FALSE, rownames=FALSE, align = TRUE, digits = 3,
           title="Distribution des valeurs critiques de F avec p=0,05")

```

12.3 Tableau des valeurs critiques de t

La courte syntaxe  ci-dessous permet de générer un tableau avec les valeurs critiques de T avec $p=0,05$, $0,01$ et $0,01$.

TAB. 12.2 : Distribution des valeurs critiques de F avec p=0,05

dl1.1	dl1.2	dl1.3	dl1.4	dl1.5	dl1.6	dl1.7	dl1.8	dl1.9	dl1.10	dl1.15	dl1.20	dl1.25	dl1.30	dl1.50	dl1.100	d
161,45	199,50	215,71	224,58	230,16	233,99	236,77	238,88	240,54	241,88	245,95	248,01	249,26	250,10	251,77	253,04	2
18,51	19,00	19,16	19,25	19,30	19,33	19,35	19,37	19,38	19,40	19,43	19,45	19,46	19,46	19,48	19,49	
10,13	9,55	9,28	9,12	9,01	8,94	8,89	8,85	8,81	8,79	8,70	8,66	8,63	8,62	8,58	8,55	
7,71	6,94	6,59	6,39	6,26	6,16	6,09	6,04	6,00	5,96	5,86	5,80	5,77	5,75	5,70	5,66	
6,61	5,79	5,41	5,19	5,05	4,95	4,88	4,82	4,77	4,74	4,62	4,56	4,52	4,50	4,44	4,41	
5,99	5,14	4,76	4,53	4,39	4,28	4,21	4,15	4,10	4,06	3,94	3,87	3,83	3,81	3,75	3,71	
5,59	4,74	4,35	4,12	3,97	3,87	3,79	3,73	3,68	3,64	3,51	3,44	3,40	3,38	3,32	3,27	
5,32	4,46	4,07	3,84	3,69	3,58	3,50	3,44	3,39	3,35	3,22	3,15	3,11	3,08	3,02	2,97	
5,12	4,26	3,86	3,63	3,48	3,37	3,29	3,23	3,18	3,14	3,01	2,94	2,89	2,86	2,80	2,76	
4,96	4,10	3,71	3,48	3,33	3,22	3,14	3,07	3,02	2,98	2,85	2,77	2,73	2,70	2,64	2,59	
4,84	3,98	3,59	3,36	3,20	3,09	3,01	2,95	2,90	2,85	2,72	2,65	2,60	2,57	2,51	2,46	
4,75	3,89	3,49	3,26	3,11	3,00	2,91	2,85	2,80	2,75	2,62	2,54	2,50	2,47	2,40	2,35	
4,67	3,81	3,41	3,18	3,03	2,92	2,83	2,77	2,71	2,67	2,53	2,46	2,41	2,38	2,31	2,26	
4,60	3,74	3,34	3,11	2,96	2,85	2,76	2,70	2,65	2,60	2,46	2,39	2,34	2,31	2,24	2,19	
4,54	3,68	3,29	3,06	2,90	2,79	2,71	2,64	2,59	2,54	2,40	2,33	2,28	2,25	2,18	2,12	
4,49	3,63	3,24	3,01	2,85	2,74	2,66	2,59	2,54	2,49	2,35	2,28	2,23	2,19	2,12	2,07	
4,45	3,59	3,20	2,96	2,81	2,70	2,61	2,55	2,49	2,45	2,31	2,23	2,18	2,15	2,08	2,02	
4,41	3,55	3,16	2,93	2,77	2,66	2,58	2,51	2,46	2,41	2,27	2,19	2,14	2,11	2,04	1,98	
4,38	3,52	3,13	2,90	2,74	2,63	2,54	2,48	2,42	2,38	2,23	2,16	2,11	2,07	2,00	1,94	
4,35	3,49	3,10	2,87	2,71	2,60	2,51	2,45	2,39	2,35	2,20	2,12	2,07	2,04	1,97	1,91	
4,32	3,47	3,07	2,84	2,68	2,57	2,49	2,42	2,37	2,32	2,18	2,10	2,05	2,01	1,94	1,88	
4,30	3,44	3,05	2,82	2,66	2,55	2,46	2,40	2,34	2,30	2,15	2,07	2,02	1,98	1,91	1,85	
4,28	3,42	3,03	2,80	2,64	2,53	2,44	2,37	2,32	2,27	2,13	2,05	2,00	1,96	1,88	1,82	
4,26	3,40	3,01	2,78	2,62	2,51	2,42	2,36	2,30	2,25	2,11	2,03	1,97	1,94	1,86	1,80	
4,24	3,39	2,99	2,76	2,60	2,49	2,40	2,34	2,28	2,24	2,09	2,01	1,96	1,92	1,84	1,78	
4,23	3,37	2,98	2,74	2,59	2,47	2,39	2,32	2,27	2,22	2,07	1,99	1,94	1,90	1,82	1,76	
4,21	3,35	2,96	2,73	2,57	2,46	2,37	2,31	2,25	2,20	2,06	1,97	1,92	1,88	1,81	1,74	
4,20	3,34	2,95	2,71	2,56	2,45	2,36	2,29	2,24	2,19	2,04	1,96	1,91	1,87	1,79	1,73	
4,18	3,33	2,93	2,70	2,55	2,43	2,35	2,28	2,22	2,18	2,03	1,94	1,89	1,85	1,77	1,71	
4,17	3,32	2,92	2,69	2,53	2,42	2,33	2,27	2,21	2,16	2,01	1,93	1,88	1,84	1,76	1,70	
4,08	3,23	2,84	2,61	2,45	2,34	2,25	2,18	2,12	2,08	1,92	1,84	1,78	1,74	1,66	1,59	
4,03	3,18	2,79	2,56	2,40	2,29	2,20	2,13	2,07	2,03	1,87	1,78	1,73	1,69	1,60	1,52	
3,94	3,09	2,70	2,46	2,31	2,19	2,10	2,03	1,97	1,93	1,77	1,68	1,62	1,57	1,48	1,39	

```

library(stargazer)

# vecteur pour les degrés de liberté de 1 à 30, puis 40 et 50
dl <- c(1:30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 250, 500, 1000, 2500)
# la fonction qchisq permet d'obtenir la valeur théorique en fonction
# d'une valeur de p et d'un nombre de degrés de liberté
tableT <- cbind(dl,
  p0.10 = round(qt(p=1 - (0.10/2), df=dl),2),
  p0.05 = round(qt(p=1 - (0.05/2), df=dl),2),
  p0.01 = round(qt(p=1 - (0.01/2), df=dl),2),
  p0.001 = round(qt(p=1 - (0.001/2), df=dl),2))
# Impression du tableau avec la library stargazer
stargazer(tableT, type="text", summary=FALSE, rownames=FALSE, align = TRUE, digits = 2,
          title="Distribution des valeurs critiques de t")

```

TAB. 12.3 : Distribution des valeurs critiques de t

dl	p0.10	p0.05	p0.01	p0.001
1	6,31	12,71	63,66	636,62
2	2,92	4,30	9,92	31,60
3	2,35	3,18	5,84	12,92
4	2,13	2,78	4,60	8,61
5	2,02	2,57	4,03	6,87
6	1,94	2,45	3,71	5,96
7	1,89	2,36	3,50	5,41
8	1,86	2,31	3,36	5,04
9	1,83	2,26	3,25	4,78
10	1,81	2,23	3,17	4,59
11	1,80	2,20	3,11	4,44
12	1,78	2,18	3,05	4,32
13	1,77	2,16	3,01	4,22
14	1,76	2,14	2,98	4,14
15	1,75	2,13	2,95	4,07
16	1,75	2,12	2,92	4,01
17	1,74	2,11	2,90	3,97
18	1,73	2,10	2,88	3,92
19	1,73	2,09	2,86	3,88
20	1,72	2,09	2,85	3,85
21	1,72	2,08	2,83	3,82
22	1,72	2,07	2,82	3,79
23	1,71	2,07	2,81	3,77
24	1,71	2,06	2,80	3,75
25	1,71	2,06	2,79	3,73
26	1,71	2,06	2,78	3,71
27	1,70	2,05	2,77	3,69
28	1,70	2,05	2,76	3,67
29	1,70	2,05	2,76	3,66
30	1,70	2,04	2,75	3,65
40	1,68	2,02	2,70	3,55
50	1,68	2,01	2,68	3,50
60	1,67	2,00	2,66	3,46
70	1,67	1,99	2,65	3,44
80	1,66	1,99	2,64	3,42
90	1,66	1,99	2,63	3,40
100	1,66	1,98	2,63	3,39
250	1,65	1,97	2,60	3,33
500	1,65	1,96	2,59	3,31
1 000	1,65	1,96	2,58	3,30
2 500	1,65	1,96	2,58	3,29

Bibliographie

- Apparicio, P. (2002). *Apport des systèmes d'information géographique à l'étude de l'insertion des HLM dans les quartiers montréalais*. PhD thesis, Université du Maine.
- Apparicio, P., Carrier, M., Gelb, J., Séguin, A.-M., and Kingham, S. (2016a). Cyclists' exposure to air pollution and road traffic noise in central city neighbourhoods of montreal. *Journal of Transport Geography*, 57 :63–69.
- Apparicio, P. and Gelb, J. (2020). Cyclists' exposure to road traffic noise : A comparison of three north american and european cities. *Acoustics*, 2(1) :73–86.
- Apparicio, P., Gelb, J., Carrier, M., Mathieu, M.-È., and Kingham, S. (2018a). Exposure to noise and air pollution by mode of transportation during rush hours in montreal. *Journal of Transport Geography*, 70 :182–192.
- Apparicio, P., Gelb, J., Carrier, M., Mathieu, M.-È., and Kingham, S. (2018b). Exposure to noise and air pollution by mode of transportation during rush hours in montreal. *Journal of Transport Geography*, 70 :182–192.
- Apparicio, P., Gelb, J., Dubé, A.-S., Kingham, S., Gauvin, L., and Robitaille, É. (2017). The approaches to measuring the potential spatial access to urban health services revisited : distance types and aggregation-error issues. *International journal of health geographics*, 16(1) :32.
- Apparicio, P., Gelb, J., and Mathieu, M.-È. (2019). Un atlas-web pour comparer l'exposition individuelle aux pollutions atmosphérique et sonore selon le mode de transport. *Cybergeo : European Journal of Geography*, (903).
- Apparicio, P. and Séguin, A.-M. (2006). L'insertion des hlm montréalaises dans le milieu social environnant. *LEspace géographique*, 35(1) :63–85.
- Apparicio, P., Séguin, A.-M., Dubé, J., et al. (2016b). Spatial distribution of vegetation in and around city blocks on the island of montreal : A double environmental inequity ? *Applied Geography*, 76 :128–136.
- Brant, R. (1990). Assessing proportionality in the proportional odds model for ordinal logistic regression. *Biometrics*, pages 1171–1178.
- Bressoux, P. (2010). *Modélisation statistique appliquée aux sciences sociales*. De boeck Bruxelles.
- Bureguya, J. M., Apparicio, P., and Gelb, J. (2020). Short-term impact of traffic-related particulate matter and noise exposure on cardiac function. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(4) :1220.
- Carrier, M., Apparicio, P., Séguin, A.-M., and Crouse, D. (2014). Ambient air pollution concentration in montreal and environmental equity : Are children at risk at school? *Case Studies on Transport Policy*, 2(2) :61–69.

- Cloutier, M.-s., Tremblay, M., Morency, P., and Apparicio, P. (2014). Carrefours en milieu urbain : quels risques pour les piétons ? exemple empirique des quartiers centraux de montréal, canada.
- Cohen, J. (1992). A power primer. *Psychological bulletin*, 112(1) :155–159.
- Cohen, J. (2013). *Statistical power analysis for the behavioral sciences*. Academic press.
- De Alvarenga, B., Apparicio, P., and Séguin, A.-M. (2018). L'accessibilité aux aires de jeux dans les parcs de la communauté métropolitaine de montréal. *Cahiers de géographie du Québec*, 62(176) :229–246.
- Delaunay, D., Apparicio, P., Séguin, A.-M., Gelb, J., and Carrier, M. (2019). L'identification des zones calmes et un diagnostic d'équité environnementale à montréal. *The Canadian Geographer/Le Géographe canadien*, 63(2) :184–197.
- Dunn, P. K. and Smyth, G. K. (1996). Randomized quantile residuals. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 5(3) :236–244.
- Field, A. P., Miles, J., and Field, Z. (2012). Discovering statistics using r.
- Gelb, J. and Apparicio, P. (2019). Noise exposure of cyclists in ho chi minh city : A spatio-temporal analysis using non-linear models. *Applied Acoustics*, 148 :332–343.
- Gelb, J. and Apparicio, P. (2020a). Modelling cyclists' multi-exposure to air and noise pollution with low-cost sensors—the case of paris. *Atmosphere*, 11(4) :422.
- Gelb, J. and Apparicio, P. (2020b). Modelling cyclists' multi-exposure to air and noise pollution with low-cost sensors—the case of paris. *Atmosphere*, 11(4) :422.
- Gelman, A. and Hill, J. (2006). *Data analysis using regression and multilevel/hierarchical models*. Cambridge university press.
- Glass, G. V., Peckham, P. D., and Sanders, J. R. (1972). Consequences of failure to meet assumptions underlying the fixed effects analyses of variance and covariance. *Review of educational research*, 42(3) :237–288.
- Hanck, C., Arnold, M., Gerber, A., and Schmelzer, M. (2019). Introduction to econometrics with r. <https://www.econometrics-with-r.org/ITER.pdf>.
- Hilbe, J. M. (2009). *Logistic regression models*. CRC press.
- Joanes, D. and Gill, C. (1998). Comparing measures of sample skewness and kurtosis. *Journal of the Royal Statistical Society : Series D (The Statistician)*, 47(1) :183–189.
- Lebart, L., Morineau, A., and Piron, M. (1995). *Statistique exploratoire multidimensionnelle*, volume 3. Dunod Paris.
- Lix, L. M., Keselman, J. C., and Keselman, H. (1996). Consequences of assumption violations revisited : A quantitative review of alternatives to the one-way analysis of variance f test. *Review of educational research*, 66(4) :579–619.
- McFadden, B. R. (2016). Examining the gap between science and public opinion about genetically modified food and global warming. *PloS one*, 11(11) :e0166140.
- Messerli, F. H. (2012). Chocolate consumption, cognitive function, and nobel laureates. *The new England Journal of Medicine*, 367(16) :1563–1564.

- Mihalcea, R. and Tarau, P. (2004). Textrank : Bringing order into text. In *Proceedings of the 2004 conference on empirical methods in natural language processing*, pages 404–411.
- Nelder, J. A. and Wedderburn, R. W. M. (1972). Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, 135(3) :370–384.
- Neyman, J., Pearson, E. S., and Pearson, K. (1933). Ix. on the problem of the most efficient tests of statistical hypotheses. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical or Physical Character*, 231(694-706) :289–337.
- Pham, T.-T.-H., Apparicio, P., Séguin, A.-M., Landry, S., Gagnon, M., et al. (2012). Spatial distribution of vegetation in montreal : an uneven distribution or environmental inequity? *Landscape and urban planning*, 107(3) :214–224.
- Pumain, D. and Béguin, M. (1994). *La représentation des données géographiques : statistique et cartographie*. Armand Colin.
- Razali, N. M., Wah, Y. B., et al. (2011). Power comparisons of shapiro-wilk, kolmogorov-smirnov, lilliefors and anderson-darling tests. *Journal of statistical modeling and analytics*, 2(1) :21–33.
- Reed, W. J. (2002). On the rank-size distribution for human settlements. *Journal of Regional Science*, 42(1) :1–17.
- Reed, W. J. and Jorgensen, M. (2004). The double pareto-lognormal distribution : A new parametric model for size distributions. *Communications in Statistics - Theory and Methods*, 33(8) :1733–1753.
- SAS Institute Inc (2020a). SAS/STAT 15.2 User's Guide modeling multinomial overdispersion. https://documentation.sas.com/?docsetId=statug&docsetTarget=statug_fmm_examples04.htm&docsetVersion=15.2&locale=en. Accessed : 2020-10-15.
- SAS Institute Inc (2020b). SAS/STAT 15.2 User's Guide poisson regression | sas annotated output. <https://stats.idre.ucla.edu/sas/output/poisson-regression/>. Accessed : 2020-10-15.
- Sawilowsky, S. S. (2009). New effect size rules of thumb. *Journal of Modern Applied Statistical Methods*, 8(2) :467–474.
- Schwarzkopf, D., de Haas, B., and Rees, G. (2012). Better ways to improve standards in brain-behavior correlation analysis. *Frontiers in Human Neuroscience*, 6 :200.
- Sean, O. (2018). Common probability distributions.
- Sobol, I. (1993). Sensitivity estimates for nonlinear mathematical models. *Mathematics and Computers in Simulation*, 1(4) :407–414.
- Tabachnick, B. G., Fidell, L. S., and Ullman, J. B. (2007). *Using multivariate statistics*, volume 5. Pearson Boston, MA.
- Teubner, T., Hawlitschek, F., and Dann, D. (2017). Price determinants on airbnb : How reputation pays off in the sharing economy. *Journal of Self-Governance & Management Economics*, 5(4).
- Wang, D. and Nicolau, J. L. (2017). Price determinants of sharing economy based accommodation rental : A study of listings from 33 cities on airbnb. com. *International Journal of Hospitality Management*, 62 :120–131.
- Wickham, H. (2010). A layered grammar of graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 19(1) :3–28.

- Wilcox, R. R. (1994). The percentage bend correlation coefficient. *Psychometrika*, 59(4) :601–616.
- Yap, B. W. and Sim, C. H. (2011). Comparisons of various types of normality tests. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 81(12) :2141–2155.
- Zeileis, A. (2004). Econometric computing with hc and hac covariance matrix estimators.
- Zhang, Z., Chen, R. J., Han, L. D., and Yang, L. (2017). Key factors affecting the price of airbnb listings : A geographically weighted approach. *Sustainability*, 9(9) :1635.

Index

corrélation, 202

corrélation partielle, 217

covariance, 202, 204, 205

khi2, 232

tableau de contingence, 232