

Projet: ANOVA Phylogénétique

Présentation du Mardi 26 Mars. 2024

Alizée Geffroy, Louis Lacoste, encadrés par Mélina Gallopin et Paul Bastide

M2 MathSV Université Paris-Saclay

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique

Projet: ANOVA Phylogénétique

Présentation du Mardi 26 Mars. 2024

Alizée Geffroy, Louis Lacoste, encadrés par Mélina Gallopin et Paul Bastide
M2 MathSV Université Paris-Saclay

- 1. Introduction
- 2. État de l'art
- 3. Calculs
- 4. Simulations
- 5. Application aux données réelles
- 6. Conclusions et ouvertures
- 7. Références et appendices



2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique

└─ Sommaire

Sommaire

- 1. Introduction
- 2. État de l'art
- 3. Calculs
- 4. Simulations
- 5. Application aux données réelles
- 6. Conclusions et ouvertures
- 7. Références et appendices

TODO Supprimer cette slide temporaire

- **Intro/Contexte** : biologique avec l'exemple de Chen (mettre l'arbre) + figure de l'article ? -¿ trouver les gènes différentiellement exprimés
- Il existe déjà des méthodes statistiques pour cette problématique (EVEmodel ? State of the Art)
- Transition avec le pourquoi du projet, trouver d'autres méthodes statistiques, adaptées de méthodes classiques qui pourraient bien marcher
- **Méthode pas par nous** : 1 slide par tiret
 - Reprendre la forme matricielle de l'ANOVA phylo (mettre en rouge les diffs)
 - Présenter le MB qui évolue sur l'arbre + lien matrice K
 - Mettre la statistique de test (mettre en rouge la projection (donc diffs))



TODO Supprimer cette slide temporaire

- **Intro/Contexte** : biologique avec l'exemple de Chen (mettre l'arbre) + figure de l'article ? -¿ trouver les gènes différentiellement exprimés
- Il existe déjà des méthodes statistiques pour cette problématique (EVEmodel ? State of the Art)
- Transition avec le pourquoi du projet, trouver d'autres méthodes statistiques, adaptées de méthodes classiques qui pourraient bien marcher
- **Méthode pas par nous** : 1 slide par tiret
 - Reprendre la forme matricielle de l'ANOVA phylo (mettre en rouge les diffs)
 - Présenter le MB qui évolue sur l'arbre + lien matrice K
 - Mettre la statistique de test (mettre en rouge la projection (donc diffs))

- Transition vers notre travail
 - Mettre la formule avec erreur de mesure avec justification de l'ajout de l'erreur de mesure, formule transfo V_λ , pointer la limite qui est l'erreur dûe à l'estimation du λ
- **Méthode par nous :**
 - Satterthwaite : préciser que c'est nos calculs à partir de résultats sur modèle mixte (faire slide en appendice) + stat approximée + df formule une méthode possible parmi tant d'autres: Kenward Roger classique
- **Simulations :**
 - les 2 arbres avec les groupes
 - Modalités de simulations, bien préciser que l'idée de simuler c'est pour voir erreur de type I et puissance
 - Les résultats de simulations: pour les résultats Mettre ANOVA , ANOVA phylo Satterthwaite LRT
- **Applications aux données réelles :**



2024-03-25

Idée structure

- Rappel du type de données, RNA-seq sur pleins de gènes (éventuellement un extrait du tableau ?)
- Mentionner toutes les méthodes rapidement et présenter l'UpSet diagramme avec son analyse et la remarque sur Satterthwaite ML qui sur-sélectionne
- **Conclusions/Ouvertures:**
 - **Conclusions :**
 - Récap du projet sur son contenu scientifique
 - **Ouvertures :**
 - Utiliser un autre processus stochastique Ornstein-Uhlenbeck
 - Comprendre pourquoi Satterthwaite a sur-sélectionné dans l'application: mauvaise implémentation ? évaluer l'impact de l'approx
 - Prendre un autre arbre ou ré-échantillonner les groupes dans les simus
 - Agrandir le cadre de simulations
 - Appliquer les méthodes à d'autres données
 - modèle qui fait gène par gène: imaginer en prenant tous les gènes : Limma

Idée structure iii
• Rappel du type de données, RNA-seq sur pleins de gènes (éventuellement un extrait du tableau ?)
• Mentionner toutes les méthodes rapidement et présenter l'UpSet diagramme avec son analyse et la remarque sur Satterthwaite ML qui sur-sélectionne
• Conclusions : <ul style="list-style-type: none">• Récap du projet sur son contenu scientifique
• Ouvertures : <ul style="list-style-type: none">• Utiliser un autre processus stochastique Ornstein-Uhlenbeck<ul style="list-style-type: none">• Comprendre pourquoi Satterthwaite a sur-sélectionné dans l'application: mauvaise implémentation ? évaluer l'impact de l'approx• Prendre un autre arbre ou ré-échantillonner les groupes dans les simus• Agrandir le cadre de simulations• Appliquer les méthodes à d'autres données• modèle qui fait gène par gène: imaginer en prenant tous les gènes : Limma



Introduction

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└ Introduction

Introduction

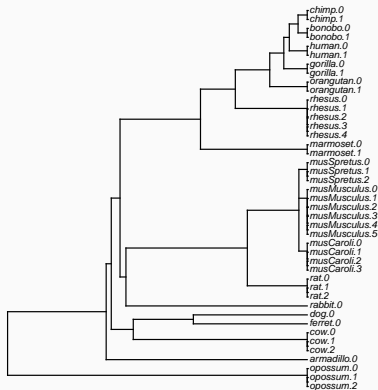


Figure 1: Arbre phylogénétique de [Chen et al. 2019](#)

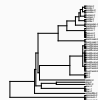


Figure 1: Arbre phylogénétique de [Chen et al. 2019](#)

- Avec l'avènement des données omiques de masses, on a accès à des données quantitatives très nombreuses pour plusieurs espèces.
- Le but derrière est de trouver les voies métaboliques et les gènes impliqués dans leur fonctionnement.
- Problème : cela coûte cher de regarder tous les gènes.
- On veut alors trouver les gènes qui s'expriment différemment en utilisant des méthodes statistiques en contrôlant l'erreur de type I, c'est-à-dire les faux positifs.

article de Chen:

- En compilant plusieurs jeux de données pour plusieurs espèces avec parfois plusieurs individus cf l'arbre les auteurs regardent par exemple entre les espèces les gènes qui sont différemment exprimés dans le foie.
- Pour voir s'il y a une différence entre 2 groupes d'espèces (*RatMus* vs *Autres*). μ_1 , μ_2 etc.

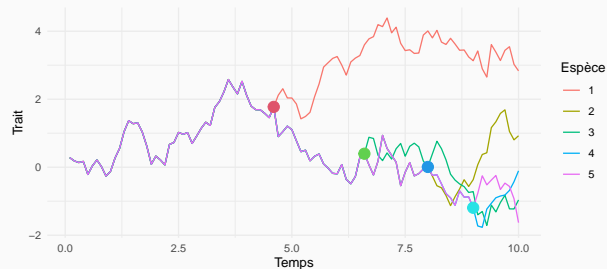


Figure 2: Exemple d'un arbre phylogénétique dont le trait est généré selon un Mouvement Brownien

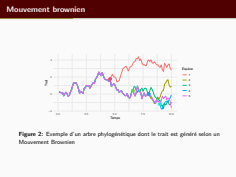


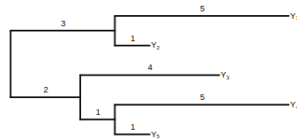
Figure 2: Exemple d'un arbre phylogénétique dont le trait est généré selon un Mouvement Brownien

Pour un arbre phylo donné ça nous renseigne sur les instants de spéciation, donc moment de divergence entre 2 espèces représenté ici par les ronds

- Ici représenté l'évolution d'un trait cad d'une valeur quantitative qu'on considère : ex comptage du nombre d'ARN exprimé pour un gène donné.
- La valeur du trait peut diverger pour chaque espèce à partir du moment de spéciation.
- Processus stochastique utilisé comme support de modélisation le mouvement brownien.
- Finalement, on a juste accès aux observations aux feuilles, jamais à ce qu'il se passe jusqu'alors

Pour un trait Y mesuré chez des espèces i et j , $Cov(Y_i, Y_j) = \sigma_{phylo}^2 t_{i,j}$ où $t_{i,j}$ est le temps d'évolution commune.

BM on a tree:



$$\mathbf{V} = \begin{matrix} & Y_1 & Y_2 & Y_3 & Y_4 & Y_5 \\ \begin{matrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \end{matrix} & \begin{pmatrix} 8 & 3 & 0 & 0 & 0 \\ 3 & 4 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 6 & 2 & 2 \\ 0 & 0 & 2 & 8 & 3 \\ 0 & 0 & 2 & 3 & 4 \end{pmatrix} \end{matrix}$$

1

Pour un trait Y mesuré chez des espèces i et j , $Cov(Y_i, Y_j) = \sigma_{phylo}^2 t_{i,j}$ où $t_{i,j}$ est le temps d'évolution commune.



¹Bastide and Clavel 2022.

- attention pas l'arbre correspondant au trait simulé dans la slide d'avant
- Une fois qu'on a les observations pour chaque, à partir du MB, on a cette covariance là
- expliciter avec l'exemple
- La matrice V ici porte alors l'information phylogénétique de l'arbre

État de l'art

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique

└ État de l'art

État de l'art

- On dispose des observations aux feuilles et de l'arbre, ou du moins de l'informtion phylo
- Une méthode classique c'est l'ANOVA mais ça ne s'applique pas à nos données car elles ne sont pas indépendantes
- Alors dans ce projet on va étudier et utiliser une méthode d'ANOVA phylogénétique que l'on va présenter

$$Y = X\beta + u, u \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 K) \quad (1)$$

$$\text{où } Y = \begin{bmatrix} Y_{11} \\ \vdots \\ Y_{1n_1} \\ Y_{21} \\ \vdots \\ Y_{2n_2} \end{bmatrix}, X = \begin{bmatrix} \mathbf{1} & \mathbf{1}_{n_1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 1 \\ 1 & 0 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 0 \end{bmatrix}, \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}, n = n_1 + n_2$$

$$Y = X\beta + u, u \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 K) \quad (1)$$

$$\text{où } Y = \begin{bmatrix} Y_{11} \\ \vdots \\ Y_{1n_1} \\ Y_{21} \\ \vdots \\ Y_{2n_2} \end{bmatrix}, X = \begin{bmatrix} \mathbf{1} & \mathbf{1}_{n_1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 1 \\ 1 & 0 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 0 \end{bmatrix}, \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}, n = n_1 + n_2$$

Rappel de l'ANOVA

- Pour rappel ici formule de 'ANOVA classique matricielle -> écrire au tableau
- Au tableau pas oublier de dire $\beta_1 = \mu_1, \beta_2 = \mu_1 - \mu_2$
- ou μ_1 et μ_2 sont les moyennes du trait pour les groupes 1 et 2 que l'on considèrera

ANOVA phylogénétique

- L'anova phylo consiste à inclure l'information de l'arbre
- Remarque, ici K correspond à la matrice V présentée quand on parlait de l'arbre, la covariance des Y_i, Y_j

Pour $\ell = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \end{bmatrix}$:

$H_0 : \beta_2 = 0 \Leftrightarrow \ell^T \beta = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}$, les 2 groupes ont la même moyenne

$H_1 : \beta_2 \neq 0$, les 2 groupes ont des moyennes différentes

On a alors la statistique de test suivante :

$$F_{ANOVA_{phylo}} = \frac{\|\hat{Y} - \bar{Y}\|_{K-1}^2 (n-2)}{\|Y - \hat{Y}\|_{K-1}^2} \underset{\mathcal{H}_0}{\sim} \mathcal{F}_{\text{isher}}(1, n-2) \quad (2)$$

- H_0 : les 2 groupes ont la même moyenne, c'est à dire pour notre exemple que le gène n'est pas diff exprimés le gène a le même niveau d'expression
- On peut noter ici par rapport à la stat de test pour l'anova classique, que cela revient à projeter l'écart à la moyenne et les erreurs sur l'inverse de K la matrice des temps de coévolution.
- Pour la démo voir les slides en appendices. (Mettre slide 39 et 46 [Bastide and Clavel 2022](#))
- Donc c'est la projection orthogonale par rapport au produit scalaire $\langle u, v \rangle_{V^{-1}} = u^T V^{-1} v$.
- Pourquoi les dl de la loi de Fisher : $1 = K - 1$ ici $K = 2$ et $n - 2 = n - K$.



On ajoute une erreur de mesure qui correspond mieux à la réalité des données: erreur intraspécifique

$$Y = X\beta + u + \epsilon, \quad u \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 K), \quad \epsilon \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{err}^2 I_n) \quad (3)$$

En posant $\lambda = \frac{\sigma_{phy}^2}{\sigma_{err}^2}$ et $E = u + \epsilon$, on peut obtenir une nouvelle forme pour Y

$$Y = X\beta + E, \quad \text{où } \text{Var}(E) = V(\theta) = \sigma_{phy}^2 (K - \lambda I_n) = \sigma_{phy}^2 V_\lambda \quad (4)$$

$$E \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 V_\lambda)$$

Problème: λ n'est souvent pas connu et il faut l'estimer. Dans ce cas, le test n'est pas exact et F ne suit plus la même de Fisher.

- Erreur intra-spécifique : variabilité entre les observations
- Donc on ne sait pas comment l'estimation de λ fait évoluer les degrés de libertés et l'idée est donc ici d'utiliser l'approximation de Satterthwaite pour estimer les degrés de liberté.
- Remarque : il est toujours possible de réaliser le test avec cette statistique mais l'on s'attend à ce que le test puisse se tromper.



Calculs

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└─ Calculs

Calculs

- Jusqu'ici nous avons étudié le modèle d'ANOVA phylo, ça a été un apprentissage. A partir d'ici ce sont nos calculs avec pour but leur implémentation.

Calcul avec approximation de Satterthwaite

Méthode pour approximer les véritables degrés de liberté quand λ inconnu
 Pour cela on peut voir le modèle comme un modèle mixte² :

$$F_{approx} = \frac{\|\hat{Y} - \bar{Y}\|_{V_{\lambda}^{-1}}^2 df_{approx}}{\|Y - \hat{Y}\|_{V_{\lambda}^{-1}}^2} \underset{\mathcal{H}_0}{\sim} \mathcal{Fisher}(1, df_{approx}) \quad (5)$$

$$\text{Avec } df_{approx} = \frac{2(f(\hat{\theta}))^2}{[\nabla f(\hat{\theta})]^T A [\nabla f(\hat{\theta})]} \quad (6)$$

où $f(\theta) = \ell^T C(\theta) \ell$ et A matrice de variance-covariance de $\hat{\theta} = (\hat{\sigma}_{phy}^2, \hat{\sigma}_{err}^2)$

Projet: ANOVA Phylogénétique

└─ Calculs

└─ Calcul avec approximation de Satterthwaite

2024-03-25

Méthode pour approximer les véritables degrés de liberté quand λ inconnu
 Pour cela on peut voir le modèle comme un modèle mixte² :

$$F_{approx} = \frac{\|\hat{Y} - \bar{Y}\|_{V_{\lambda}^{-1}}^2 df_{approx}}{\|Y - \hat{Y}\|_{V_{\lambda}^{-1}}^2} \underset{\mathcal{H}_0}{\sim} \mathcal{Fisher}(1, df_{approx}) \quad (5)$$

$$\text{Avec } df_{approx} = \frac{2(f(\hat{\theta}))^2}{[\nabla f(\hat{\theta})]^T A [\nabla f(\hat{\theta})]} \quad (6)$$

où $f(\theta) = \ell^T C(\theta) \ell$ et A matrice de variance-covariance de $\hat{\theta} = (\hat{\sigma}_{phy}^2, \hat{\sigma}_{err}^2)$

²Kuznetsova, Brockhoff, and Christensen 2017.

- On obtient alors des degrés de liberté approximés, qui nous permettent d'obtenir une stat de test elle aussi approximée.
- A partir de la doc du package lmerTest, en considérant le contexte de modèle mixte on a une formule approximée des degrés de liberté et donc nous avons calculé des formules explicites du gradient de f et de A. Et voilà.
- Et nous les avons implémentées pour pouvoir réaliser les tests à partir de cette nouvelle statistique.



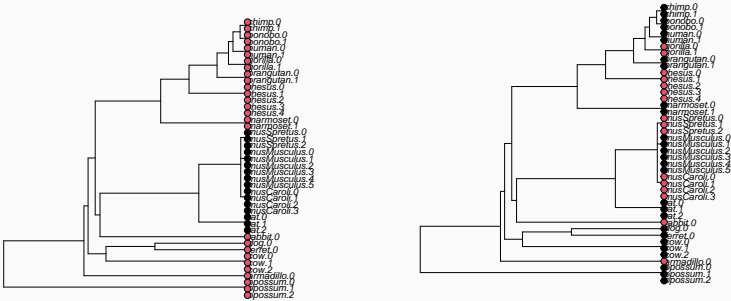
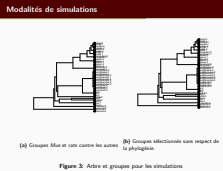
Simulations

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└─ Simulations

Simulations

Après avoir implémenté, nous avons donc réalisé des simulations afin de regarder comment se comporte les méthodes : ANOVA classique, ANOVA phylogénétique et ANOVA phylogénétique avec approximation de Satterthwaite.



(a) Groupes *Mus* et rats contre les autres

(b) Groupes sélectionnés sans respect de la phylogénie.

Figure 3: Arbre et groupes pour les simulations

- Afin d'avoir une idée des performances des méthodes, nous avons choisis de les comparer dans un contexte proche des cas d'application réels.
- Nous reprenons l'arbre de [Chen et al. 2019](#)
- Et nous allons tester deux situations
- 1. RatMus contre les autres espèces Figure 3a, donc l'information phylogénétique joue un rôle.
- 2. ET les espèces réparties en deux groupes sans lien avec la classification phylogénétique
- Ce à quoi on s'attend **LE DESSIN**: un trait évoluant selon un processus stochastique, aboutissant à 2 valeurs différentes, l'ANOVA dit qu'il y a un saut, mais l'ANOVA phylogénétique connaissant la matrice K dit que c'est normal c'est la dérive, on a divergé il y a longtemps.



Nous re-paramétrisons :

$$v_{tot} = \sigma_{phylo}^2 + \sigma_{err}^2 = 1$$

Et alors les paramètres du modèle s'expriment :

$$\begin{aligned}\sigma_{phylo}^2 &= h \times v_{tot}, \\ \sigma_{err}^2 &= (1 - h) \times v_{tot}\end{aligned}$$

Ainsi, $h = 0$ signifie qu'il y a seulement du bruit, et $h = 1$ seulement de l'information phylogénétique.

Et nous avons réalisé des simulations pour $h \in \{0.3, 0.5, 0.7, 0.9\}$.

Nous re-paramétrisons :

$$v_{tot} = \sigma_{phylo}^2 + \sigma_{err}^2 = 1$$

Et alors les paramètres du modèle s'expriment :

$$\begin{aligned}\sigma_{phylo}^2 &= h \times v_{tot}, \\ \sigma_{err}^2 &= (1 - h) \times v_{tot}\end{aligned}$$

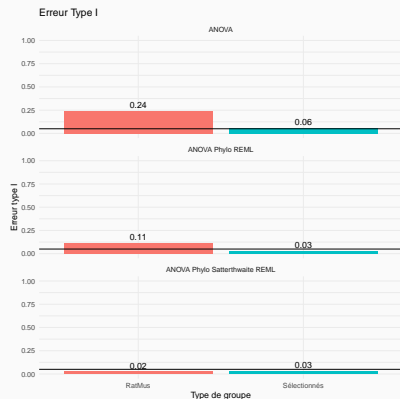
Ainsi, $h = 0$ signifie qu'il y a seulement du bruit, et $h = 1$ seulement de l'information phylogénétique.

Et nous avons réalisé des simulations pour $h \in \{0.3, 0.5, 0.7, 0.9\}$.

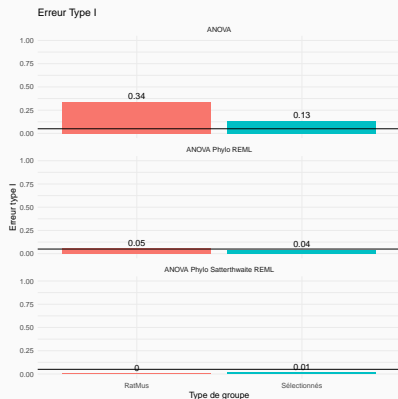
- A l'implémentation on ré-écrit le modèle pour n'avoir qu'un seul paramètre à faire varier, h , l'héritabilité. Qui se base sur le fait que la variance totale, v_{tot} **la formule**.



Résultats: Erreur de type I



(a) Erreur de type I pour les simulations avec $h = 0.3$



(b) Erreur de type I pour les simulations avec $h = 0.9$

Figure 4: Erreurs de type I pour $h \in \{0.3; 0.9\}$

Projet: ANOVA Phylogénétique

Simulations

Résultats: Erreur de type I

- Pour comparer les méthodes nous nous intéressons à deux métriques, l'erreur de type I et la puissance.
- L'erreur de type I est particulièrement importante à contrôler car comme nous en avons parlé plus haut, des faux-positifs impliqueraient donc des expériences inutiles et particulièrement coûteuses.
- A noter ici que nous ne regardons que les méthodes qui minimisent le critère REML (Restricted Maximum Likelihood) car ce sont elles qui fournissent une estimation de la variance non biaisée. Ce critère améliore sensiblement l'estimation de la variance.
- Remarque: l'ANOVA telle qu'implémentée dans R utilise directement le REML.

Analyse :

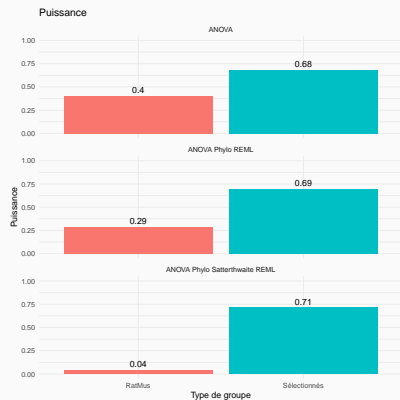
- erreur type I pour groupe phylogénétique: $h = 0.3$ l'ANOVA classiques trompe bcp, l'ANOVA phylo se trompe, seule ANOVA phylo Satter est sous la barre des 0.5 = contrôle bien les faux positifs
- $h = 0.9$: ANOVA classique se trompe toujours et plus, ANOVA phylo est au seuil 5 % pas étonnant il y a plus d'info phylogénétique, avec Satterthwaite on a aucune erreur
- au global l'ANOVA phylo avec Satterthwaite contrôle dans les 2 cas l'erreur de type I, et comme on s'y attend l'ANOVA phylo fait mieux que l'ANOVA classique
- groupe pas phylo: $h = 0.3$ l'ANOVA se trompe légèrement, elle dépasse le seuil, les autres sont en dessous à 0.03
- pour $h = 0.9$ l'ANOVA se trompe plus, elle dépasse le seuil, les autres sont en dessous
- touk, avec faible héritabilité on est dans un résultat proche de l'attendu : l'ANOVA se trompe à peine, avec forte héritabilité l'erreur est plus marquée ce qui est étonnant au vu des groupes sélectionnés
- On suspecte que la manière dont on a constitué les groupes n'a pas suffisamment cassé la phylogénie



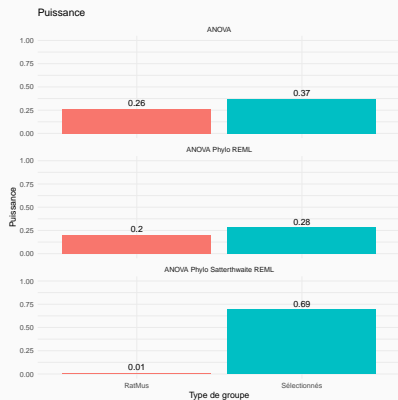
(a) Erreur de type I pour les simulations avec $h = 0.3$ (b) Erreur de type I pour les simulations avec $h = 0.9$

Figure 4: Erreurs de type I pour $h \in \{0.3; 0.9\}$

Résultats: puissance

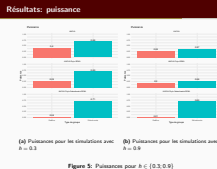


(a) Puissances pour les simulations avec $h = 0.3$



(b) Puissances pour les simulations avec $h = 0.9$

Figure 5: Puissances pour $h \in \{0.3; 0.9\}$



- puissance statistique: quantifie les vraies positifs il faut qu'elle soit grande
- Situation groupe avec info phylogénétique: Revers de la médaille mauvaises puissances voire très mauvaises: CATASTROPHIQUE
- $h = 0.3$ + groupes selectionnes: on a des puissance correctes ce qui nous rassure sur l'implémentation des Méthodes
- $h = 0.9$ + groupes selectionnes : ANOVA et ANOVA phylo pas très bonne puissances, c'est inquiétant : toujours meme hypothèse il reste ude l'info phylo
- pour Satterthwaite ca parait bien c'est la meme chose

Application aux données réelles

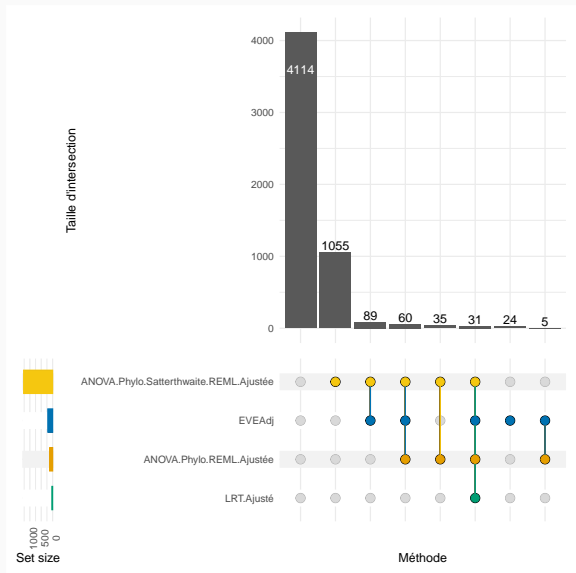
2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└ Application aux données réelles

Application aux données réelles

- On a des données pour environ 5400 genes pour 17 especes toujours selon le meme arbre
- On passe a un test multiple sur tous les genes : on fait un test par gene et on corrige par la technique de Benjamini et Hochberg
- Nous allons appliquer les différentes méthodes aux données compilées par [Chen et al. 2019](#). Il s'agit de données de RNA-seq chez 17 espèces et de l'arbre phylogénétique présenté figure 1.

UpSet diagram



Projet: ANOVA Phylogénétique
Application aux données réelles
UpSet diagram

- ANOVA phylo Satterthwait REML surselectionne des genes
- mais il y a des recoupements
- Lrt sous selectionne
- la méthode EVE c'est l'etat de l'art basé sur lrt

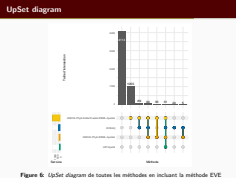


Figure 6: UpSet diagram de toutes les méthodes en incluant la méthode EVE

Conclusions et ouvertures

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└─ Conclusions et ouvertures

Conclusions et ouvertures

- La méthode d'ANOVA phylogénétique avec Satterthwaite paraît intéressante, en particulier elle permet de bien contrôler l'erreur de type I.
- Utilisation de l'approx de la Hessienne - $\hat{\lambda}$ expression analytique

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique

└ Conclusions et ouvertures

└ Conclusions

- La méthode d'ANOVA phylogénétique avec Satterthwaite paraît intéressante, en particulier elle permet de bien contrôler l'erreur de type I.
- Utilisation de l'approx de la Hessienne - $\hat{\lambda}$ expression analytique



- Utilisation du processus d'Ornstein-Uhlenbeck
- Pourquoi Satterthwaite a surselectionné ? Creuser
- Prendre un autre arbre, autres données, ou ré-échantillonner les groupes dans les simus
- Modèle qui fait gène par gène: imaginer en prenant tous les gènes - γ méthode LIMMA

- Utilisation du processus d'Ornstein-Uhlenbeck
- Pourquoi Satterthwaite a surselectionné ? Creuser
- Prendre un autre arbre, autres données, ou ré-échantillonner les groupes dans les simus
- Modèle qui fait gène par gène: imaginer en prenant tous les gènes - γ méthode LIMMA



Merci pour votre attention.

Merci à nos encadrants pour leur accompagnement, leur disponibilité et leur gentillesse.

Merci pour votre attention.

Merci à nos encadrants pour leur accompagnement, leur disponibilité et leur gentillesse.






Références et appendices

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique
└ Références et appendices

Références et appendices

References

-  Bastide, Paul and Julien Clavel (Dec. 2022). “Continuous Trait Evolution”.
-  Chen, Jenny et al. (Jan. 2019). “A Quantitative Framework for Characterizing the Evolutionary History of Mammalian Gene Expression”. In: *Genome Res* 29.1, pp. 53–63. ISSN: 1549-5469. DOI: 10.1101/gr.237636.118. pmid: 30552105.
-  Kuznetsova, Alexandra, Per B. Brockhoff, and Rune H. B. Christensen (2017). “**lmerTest** Package: Tests in Linear Mixed Effects Models”. In: *J. Stat. Soft.* 82.13. ISSN: 1548-7660. DOI: 10.18637/jss.v082.i13. URL: <http://www.jstatsoft.org/v82/i13/> (visited on 03/01/2024).

-  Bastide, Paul and Julien Clavel (Dec. 2022). “Continuous Trait Evolution”.
-  Chen, Jenny et al. (Jan. 2019). “A Quantitative Framework for Characterizing the Evolutionary History of Mammalian Gene Expression”. In: *Genome Res* 29.1, pp. 53–63. ISSN: 1549-5469. DOI: 10.1101/gr.237636.118. pmid: 30552105.
-  Kuznetsova, Alexandra, Per B. Brockhoff, and Rune H. B. Christensen (2017). “**lmerTest** Package: Tests in Linear Mixed Effects Models”. In: *J. Stat. Soft.* 82.13. ISSN: 1548-7660. DOI: 10.18637/jss.v082.i13. URL: <http://www.jstatsoft.org/v82/i13/> (visited on 03/01/2024).

2024-03-25

Code pour les simulations

Le code pour les simulations est disponible sur notre dépôt GitHub :
<https://github.com/Polarolouis/anova-phylogenetique-projet-msv/>

Le code pour les simulations est disponible sur notre dépôt GitHub :

`https://github.com/Polarolouis/anova-phylogenetique-projet-msv/`

Concernant les fautes d'orthographe

Après relecture du rapport, nous avons pu constater que celui-ci contenait de nombreuses coquille. Nous vous présentons nos excuses.

2024-03-25

Projet: ANOVA Phylogénétique

Concernant les fautes d'orthographe

Après relecture du rapport, nous avons pu constater que celui-ci contenait de nombreuses coquille. Nous vous présentons nos excuses.

- comment obtenir la stat de test pour anova phylo (Cholesky) - en quoi c'est un modèle mixte pour Satterthwaite ? - calcul de la Hessienne optim vs formule analytique, mettre formule analytique - Le LRT un modèle emboité blabla ? - sur quoi est basé EVEmodel ? - Mettre la démo du calcul de la Hessienne - Ornstein Uhleinbeck : qu'est ce que ça change par rapport au MB ? EVE dit optimum qui saute pas le processus qui saute Modélise deux niches différentes. Effet sur la moyenne masi ok , et sur la variance K_{α} , ok pour satterthwaite masi prendre α en compte aussi Modifie la structure de variance et ajoute un paramètre α , $K(\alpha)$, un saut sur l'optima. - données de comptage transformées donc ok de modéliser par MB

En écologie ne travaille pas sur autant de traits, spécificité de la RNA-seq des milliers de données.

LIMMA pour le cas non phylogénétique. Pour le cas phylogénétique phylolimma.

2024-03-25

questions posables

Méthodes d'amélioration essayer de faire quelque chose qui prennent en compte plusieurs gènes à la fois - Est ce q'on pourrait faire une méthode comme LIMMA et faire Satterthwaite ? - c'est bizarre d'utiliser des mesures

Questions Mélina : - Qu'est qu'une ANOVA phylogénétique ? En quoi différent l' ANOVA classique et l' ANOVA phylogénétique ? - Comment modéliser l'évolution d'un trait continu sur un arbre (choix du processus dans l'ANOVA phylogénétique : savoir qu'il existe différentes manières de faire, soit on prend un brownien, soit on prend un OU ...) - Comment prendre en compte les erreurs de mesures dans l'anova phylogénétique ? (Car ici, dans le cadre de l'expression des gènes chez plusieurs espèces, on mesure plusieurs individus par espèce, on a donc une variabilité intra-espèce et une variabilité inter-espèces. . . il faut donc prendre en compte cela dans le modèle, et c'est d'ailleurs ce que fait EVE) - Quel test effectuer pour tester si on a une différence d'expression significative entre différent groupes d'espèces ? (LRT ou test basé sur la stat de

2024-03-25

questions posables

Méthodes d'amélioration essayer de faire quelque chose qui prennent en compte plusieurs gènes à la fois - Est ce q'on pourrait faire une méthode comme LIMMA et faire Satterthwaite ? - c'est bizarre d'utiliser des mesures

Questions Mélina : - Qu'est qu'une ANOVA phylogénétique ? En quoi différent l' ANOVA classique et l' ANOVA phylogénétique ? - Comment modéliser l'évolution d'un trait continu sur un arbre (choix du processus dans l'ANOVA phylogénétique : savoir qu'il existe différentes manières de faire, soit on prend un brownien, soit on prend un OU ...) - Comment prendre en compte les erreurs de mesures dans l'anova phylogénétique ? (Car ici, dans le cadre de l'expression des gènes chez plusieurs espèces, on mesure plusieurs individus par espèce, on a donc une variabilité intra-espèce et une variabilité inter-espèces. . . il faut donc prendre en compte cela dans le modèle, et c'est d'ailleurs ce que fait EVE) - Quel test effectuer pour tester si on a une différence d'expression significative entre différent groupes d'espèces ? (LRT ou test basé sur la stat de

2024-03-25

questions posables

Fisher). - Qu'est ce qu'un modèle mixte ? Comment estimer les paramètres dans un modèle mixte ? Quels tests stats ? Quel est le lien entre une anova phylo et un modèle mixte ? - Pourquoi faire du REML au du ML classique ? Dans quel context? - Pour l'analyse de données réelles, vous avez également été confrontés à un problème de tests multiples : puisque vous faites un test par gènes, et que vous avez des milliers de gènes, alors vous devez "corriger les p-values" pour extraire votre sous liste de "gènes différentiellement exprimés" (deux approches classiques : Bonferroni / BH)

Fisher). - Qu'est ce qu'un modèle mixte ? Comment estimer les paramètres dans un modèle mixte ? Quels tests stats ? Quel est le lien entre une anova phylo et un modèle mixte ? - Pourquoi faire du REML au du ML classique ? Dans quel context? - Pour l'analyse de données réelles, vous avez également été confrontés à un problème de tests multiples : puisque vous faites un test par gènes, et que vous avez des milliers de gènes, alors vous devez "corriger les p-values" pour extraire votre sous liste de "gènes différentiellement exprimés" (deux approches classiques : Bonferroni / BH)