Analyse des Correspondances Multiples

Serigne Fallou Mbacke NGOM

2023-09-22

L'objectif de l'Analyse des Correspondances Multiples (ACM) est de résumer un tableau de données où les individus sont décrits par des variables qualitatives. L'ACM permet d'étudier les ressemblances entre individus du point de vue de l'ensemble des variables et de dégager des profils d'individus. Elle permet également de faire un bilan des liaisons entre variables et d'étudier les associations de modalités.

Importer les donnees:

```
## Warning: le package 'readxl' a été compilé avec la version R 4.2.3
```

```
for (i in c("SEXE","TOUX", "DOUL_THOR", "TACHYPNEE", "GRIPPE")){
   Data_CI[, i] = factor(Data_CI[, i])
}

for (i in c("TOUX", "DOUL_THOR", "TACHYPNEE", "GRIPPE")){
   levels(Data_CI[,i]) = c(paste(i, "Oui", sep = "_"), paste(i, "Non", sep = "_"))
   }

levels(Data_CI[,'SEXE']) = c( "Homme", "Femme", "Nsp")
   head(Data_CI)
```

```
## SEXE TOUX DOUL_THOR TACHYPNEE GRIPPE
## 1 Homme TOUX_Oui DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Oui
## 2 Femme TOUX_Oui DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Oui
## 3 Homme TOUX_Oui DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Oui
## 4 Femme TOUX_Non DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Non
## 5 Femme TOUX_Non DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Non
## 6 Femme TOUX_Oui DOUL_THOR_Oui TACHYPNEE_Oui GRIPPE_Non
```

```
summary(Data_Cl)
```

Analyse des Correspondances Multiples (ACM2):

```
library(FactoMineR)
```

Warning: le package 'FactoMineR' a été compilé avec la version R 4.2.3

library(factoextra)

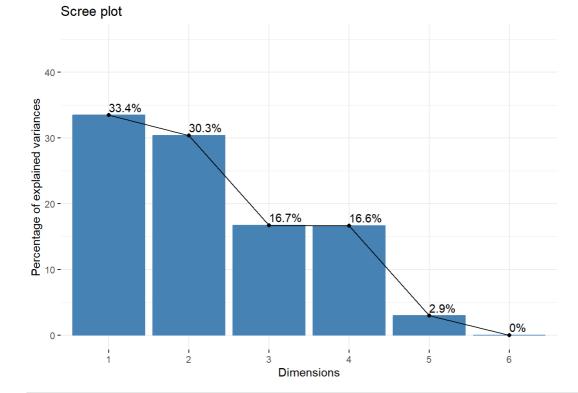
Warning: le package 'factoextra' a été compilé avec la version R 4.2.3

Le chargement a nécessité le package : ggplot2

Warning: le package 'ggplot2' a été compilé avec la version R 4.2.3

Welcome! Want to learn more? See two factoextra-related books at https://goo.gl/ve3WBa

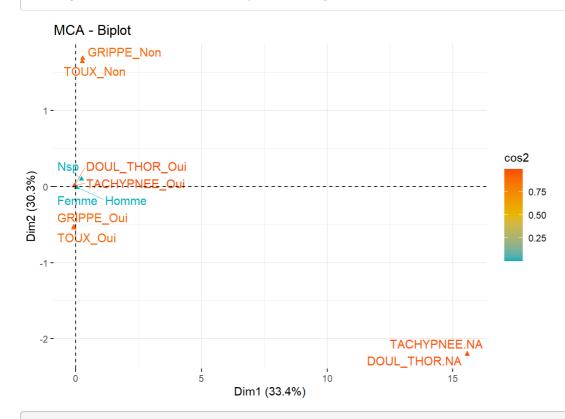
```
mca <- MCA(Data_CI, graph = FALSE)
fviz_screeplot(mca, addlabels = TRUE, ylim = c (0, 45))
```



fviz_mca_biplot(mca,axes = c(1, 2), col.var='cos2', gradient.cols = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),repel = TRUE, invisible="ind", ggtheme=theme_minimal())

Scale for colour is already present.

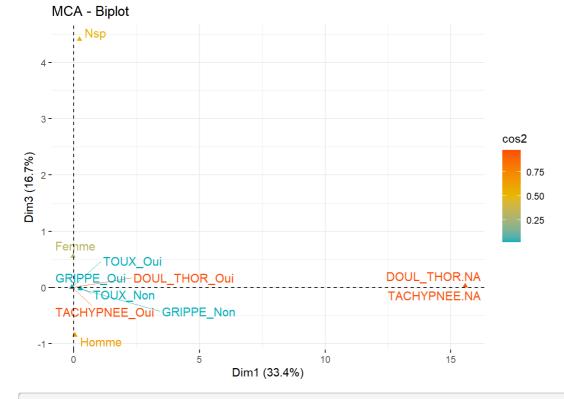
Adding another scale for colour, which will replace the existing scale.



 $fviz_mca_biplot(mca,axes = c(1,3), col.var = cos2', gradient.cols = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"), repel = TRUE, invisible = "ind", ggtheme = theme_minimal())$

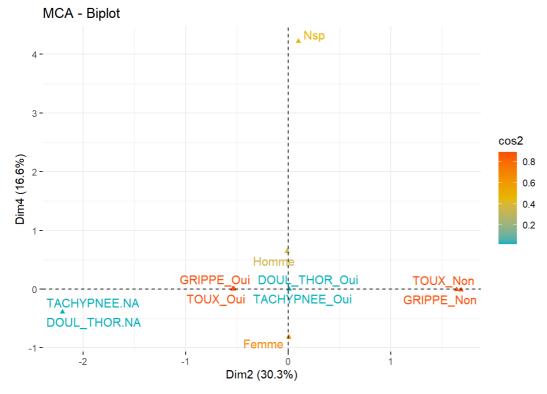
Scale for colour is already present.

Adding another scale for colour, which will replace the existing scale.



fviz_mca_biplot(mca,axes = c(2, 4), col.var='cos2', gradient.cols = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),repel = TRUE, invisible="ind", ggtheme=theme_minimal())

Scale for colour is already present.
Adding another scale for colour, which will replace the existing scale.



Nous constatons que les quatres(4) premiers composantes expliques 97% de l'information. L'analyse des composantes nous permet de dèduire qu'en gènèral:

- Les patients grippès (GRIPPE_Oui), prèsentent des toux (TOUX_Oui) et vice versa. Et aussi ceux non grippès(GRIPPE_Non), ne prèsentent pas de toux (TOUX_Non) et vice versa. Donc on pourra regrouper les deux variables en une seule : TOUX + GRIPPE = GRIP_T ou TOUX_G ...
- Les personnes qui prèsentent des douleurs thoraciques (DOUL_THOR_Oui), prèsentent egalement de la tachynèe (TACHYNEE_Oui).
- Il existe un faible rapprochement entre les deux(2) groupes de patients [avec toux (TOUX_Oui), ceux grippès (GRIPPE_Oui)] et [ceux presentant des tachynees (TACHYNEE_Oui)et douleurs thoraciques (DOUL_THOR_Oui)].

Arbres:

Les arbres sont des outils d'exploration des données et d'aide à la décision qui permettent d'expliquer et de prédire une variable quantitative (arbre de régression) ou qualitative (arbre de classification) à partir de variables explicatives quantitatives et/ou qualitatives

library("rpart")

Warning: le package 'rpart' a été compilé avec la version R 4.2.3

library("rpart.plot")

Warning: le package 'rpart.plot' a été compilé avec la version R 4.2.3

library(tree)

Warning: le package 'tree' a été compilé avec la version R 4.2.3

 $tree.mode2 <- rpart(TOUX \sim GRIPPE + DOUL_THOR + TACHYPNEE, method= "class", data=Data_Cl) \\ rpart.plot(tree.mode2)$



L'arbre de dècision rejoint notre

hypothèse selon laquelle dès l'instant que le patient est grippè, donc il prèsente des toux.