

Analyses multivariées, Partie 2

9 décembre 2019

Objectifs

- Appliquer des mesures de dissimilarité entre observations appropriées aux matrices de communauté écologique (abondance ou présence/absence).
- Comparer différentes méthodes pour effectuer une ordination de données de communauté: l'analyse de correspondance, l'analyse en coordonnées principales (PCoA) et le positionnement multidimensionnel non-métrique (NMDS).
- Superposer des gradients environnementaux aux résultats d'une ordination de communautés écologiques.
- Utiliser l'ordination sous contraintes (analyse de redondance et analyse canonique de correspondance) afin de représenter la variation entre observations expliquée par des prédictors.

Données de présence ou d'abondance d'espèces

En écologie, les données multivariées prennent souvent la forme d'un tableau indiquant l'abondance (nombre d'individus, % de recouvrement) de différentes espèces sur chacun des sites étudiés.

```
esp <- cbind(esp1 = c(2, 8, 0, 3), esp2 = c(1, 3, 0, 0), esp3 = c(0, 0, 1, 0))
rownames(esp) <- c("site1", "site2", "site3", "site4")
esp
```

```
##      esp1 esp2 esp3
## site1    2    1    0
## site2    8    3    0
## site3    0    0    1
## site4    3    0    0
```

Dans certains cas, nous n'avons pas d'estimation numérique de l'abondance, mais seulement un indicateur binaire de présence (1) ou d'absence (0) pour chaque combinaison espèce/site.

Problèmes avec la distance euclidienne

La semaine dernière, nous avons appliqué des méthodes d'ordination (analyse en composantes principales) et de regroupement à des variables numériques continues, telles que les variables climatiques d'un lieu ou la composition chimique d'un échantillon. Pour ce type de variable, la *distance euclidienne* constituait une bonne mesure de distance entre deux observations dans un espace multivarié (n observations de p variables). Cette distance correspond à la somme du carré des écarts entre les deux observations pour chacune des variables:

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^p (y_{ik} - y_{jk})^2}$$

Dans cette équation, i et j sont des indices dénotant les observations (rangées) et k est l'indice de la variable (colonne).

L'analyse en composantes principales, qui ordonne les axes en fonction de leur contribution à la variance totale, vise notamment à bien représenter les distances euclidiennes entre les points, car la variance est basée sur le carré des écarts à la moyenne.

La distance euclidienne n'est pas une bonne mesure de la distance des communautés écologiques entre deux sites. Dans l'exemple ci-dessus, cette distance est de 6.3 entre les sites 1 et 2, mais seulement 2.4 entre les sites 1 et 3. Pourtant, 1 et 2 partagent les mêmes espèces dans des proportions similaires tandis que 1 et 3 n'ont aucune espèce en commun.

```
dist(esp)
```

```
##           site1      site2      site3
## site2 6.324555
## site3 2.449490 8.602325
## site4 1.414214 5.830952 3.162278
```

Un autre problème de la distance euclidienne est la façon dont elle traite les zéros. Toutes autres choses étant égales, deux sites où une espèce est absente (0) sont plus similaires selon cette mesure que deux sites où l'espèce est présente à des niveaux un peu différents. Cependant, les écologistes préfèrent généralement ne pas traiter l'absence d'une espèce à deux sites comme indicatrice de similarité entre ces sites. Selon le concept de niche écologique, chaque espèce est soumise à plusieurs contraintes environnementales. Si la présence d'une même espèce sur deux sites peut être indicatrice d'une similarité d'habitat, cela est moins vrai pour une absence commune, car les deux sites peuvent être défavorables à l'espèce pour des raisons différentes.

Mesures de distance pour les abondances

La **distance de Bray-Curtis** $d_{ij(BC)}$ (souvent appelée dissimilarité de Bray-Curtis) est une mesure mieux adaptée aux données d'abondance d'espèces:

$$d_{ij(BC)} = \frac{\sum_{k=1}^p |y_{ik} - y_{jk}|}{y_{i\cdot} + y_{j\cdot}}$$

où $y_{i\cdot}$ et $y_{j\cdot}$ représentent l'abondance totale (toutes espèces confondues) des sites i et j . La distance de Bray-Curtis mesure donc le rapport entre la somme des différences (en valeur absolue) entre les abondances pour chaque espèce et le nombre total d'individus de toutes les espèces. Elle prend une valeur minimum de 0 lorsque l'abondance observée est la même pour chaque espèce et une valeur maximum de 1 lorsque les sites n'ont aucune espèce en commun.

Cette mesure de distance, ainsi que plusieurs autres utilisées en écologie, peut être calculée avec la fonction `vegdist` du package *vegan*, un package R spécialisé pour l'écologie des communautés.

```
library(vegan)
```

```
vegdist(esp, method = "bray")
```

```
##           site1      site2      site3
## site2 0.5714286
## site3 1.0000000 1.0000000
## site4 0.3333333 0.5714286 1.0000000
```

Même si ce n'est pas évident avec cet exemple, la distance de Bray-Curtis, comme toutes les autres mesures de cette section, est indifférente aux espèces absentes des deux sites. Cependant, elle est sensible aux variations d'abondance totale entre deux sites (ex.: sites 1 et 2).

Si on s'intéresse à l'abondance relative des espèces pour un site (ce qu'on appelle parfois la composition ou le profil du site) plutôt qu'aux abondances brutes, nous pouvons diviser les abondances par leur somme pour

chaque site. En calculant la distance euclidienne entre les proportions obtenues, nous obtenons la distance entre profils:

$$d_{ij(\text{prof})} = \sqrt{\sum_{k=1}^p \left(\frac{y_{ik}}{y_{i\cdot}} - \frac{y_{jk}}{y_{j\cdot}} \right)^2}$$

La **distance de Hellinger** est semblable à la distance entre profils, sauf qu'elle est calculée à partir des racines carrées des proportions:

$$d_{ij(\text{Hel})} = \sqrt{\sum_{k=1}^p \left(\sqrt{\frac{y_{ik}}{y_{i\cdot}}} - \sqrt{\frac{y_{jk}}{y_{j\cdot}}} \right)^2}$$

La fonction `decostand` de *vegan* aide à effectuer plusieurs transformations sur les matrices de données de communauté. Avec `method = "total"`, cette fonction normalise chaque rangée de la matrice par sa somme (profil de site); avec `method = "hellinger"`, elle normalise puis prend les racines carrées. La distance de Hellinger peut donc être obtenue en appliquant la fonction `dist` à la matrice résultante.

```
esp_hel <- decostand(esp, method = "hellinger")
dist(esp_hel)
```

```
##           site1      site2      site3
## site2 0.06600048
## site3 1.41421356 1.41421356
## site4 0.60581089 0.54258112 1.41421356
```

Remarquez que la distance entre les sites 1 et 2 (qui ont presque le même profil, mais une abondance totale différente) est beaucoup plus petite avec cette mesure plutôt que celle de Bray-Curtis. La valeur maximale des distances entre profils et de Hellinger, obtenue lorsque les sites n'ont aucune espèce en commun, n'est pas 1 mais plutôt $\sqrt{2}$ (environ 1.414).

D'après Legendre et Legendre (2012), la distance de Hellinger répond de façon plus linéaire aux changements d'abondance d'une espèce. La transformation de Hellinger est donc recommandée si on veut réaliser une ACP sur des données d'abondance. Nous verrons dans la prochaine section d'autres méthodes d'ordination pour ce type de données.

Finalement, la **distance du χ^2** est semblable à la distance entre profils, excepté que la contribution d'une espèce k est divisée par p_k , la fraction de l'ensemble des individus de tous les sites provenant de l'espèce k . Par rapport aux autres mesures, cette distance augmente donc l'importance des espèces rares dans la détermination de la dissimilarité entre les sites.

$$d_{ij(\chi^2)} = \sqrt{\sum_{k=1}^p \frac{1}{p_k} \left(\frac{y_{ik}}{y_{i\cdot}} - \frac{y_{jk}}{y_{j\cdot}} \right)^2}$$

Dans R, cette distance est aussi calculée à partir d'une transformation avec `decostand` suivie du calcul de la distance euclidienne sur les données transformées.

```
esp_chi2 <- decostand(esp, method = "chi.square")
dist(esp_chi2)
```

```
##           site1      site2      site3
## site2 0.1470196
## site3 4.3721144 4.3665855
## site4 0.8086075 0.6615880 4.4027963
```

La valeur maximale de $d_{(\chi^2)}$ est égale à $\sqrt{2N}$ ou N est la somme de toutes les entrées de la matrice. Cette valeur maximale n'est atteinte que si chacun des deux sites comparés est composé d'une seule espèce (différente entre les deux).

Laquelle de ces distances utiliser dans une analyse de regroupement, par exemple? Cela dépend de l'accent qu'on veut mettre sur divers types de différences. Notamment, on choisira:

- la distance de Bray-Curtis si les différences absolues d'abondance (nombre d'individus) entre sites sont importantes;
- la distance de Hellinger si on se préoccupe des différences relatives d'abondance (proportion d'individus) entre sites et qu'on veut accorder plus d'emphasis aux espèces communes;
- la distance du χ^2 si on se préoccupe des différences relatives et qu'on veut accorder une plus grande importance aux espèces rares.

Mesures de distance pour les données de présence

Avec des données sur la présence ou l'absence d'espèces, on peut résumer la relation entre deux sites par un tableau 2x2.

		Présente au site 2	
		Oui	Non
Présente au site 1	Oui	a	c
	Non	b	d

Dans ce tableau, a représente le nombre d'espèces présentes aux deux sites, b le nombre d'espèces présentes au site 1 mais pas au site 2, et ainsi de suite.

L'**indice de Jaccard** mesure la similarité entre deux sites:

$$J = \frac{a}{a + b + c}$$

Cet indice prend des valeurs entre 0 (aucune espèce commune) et 1 (mêmes espèces). L'**indice de Sorenson** est défini de façon similaire, excepté que les espèces présentes aux deux sites sont comptées deux fois.

$$S = \frac{2a}{2a + b + c}$$

Pour définir une distance (dissimilarité) à partir de ces indices, il suffit d'appliquer la transformation $1 - J$ ou $1 - S$. Notez qu'aucun des deux indices ne tient compte des espèces absentes des deux sites (d); tel que mentionné plus tôt, les espèces dans ce groupe donnent peu d'information sur la similarité entre les sites.

La fonction `vegdist(..., method = "jaccard")` calcule la distance de Jaccard ($1 - J$). Quant à $1 - S$, sa valeur correspond exactement à la distance de Bray-Curtis si celle-ci est appliquée à une matrice binaire.

Ordination de matrices de communautés écologiques

Analyse de correspondance

Si l'analyse en composantes principales (ACP) est une méthode d'ordination adaptée aux tableaux de données numériques continues, l'analyse de correspondance (*correspondence analysis*) est une ordination adaptée aux tableaux de contingence. Rappelez-vous qu'un tableau de contingence est une matrice représentant le nombre d'observations (la fréquence f) pour chaque combinaison des niveaux de deux variables catégorielles. En écologie, une matrice de communauté (abondance ou présence/absence) peut être considérée comme un tableau de contingence pour les variables catégorielles "site" et "espèce".

Dans le cours sur le test du χ^2 , nous avons vu que la fréquence attendue pour une cellule (i, j) du tableau si les deux variables sont indépendantes est égale à $\hat{f}_{ij} = N_i N_j / N$, où N_i est la somme des fréquences de la rangée i , N_j est la somme de la colonne j et N est le total des fréquences du tableau. La statistique du χ^2 est basée sur une version normalisée des déviations entre les fréquences observées et attendues:

$$\chi_{ij} = \frac{f_{ij} - \hat{f}_{ij}}{\sqrt{\hat{f}_{ij}}}$$

Le χ^2 est la somme des carrés de ces résidus χ_{ij} . Dans le contexte écologique, un résidu positif élevé indique que le site i est très favorable pour l'espèce j , tandis qu'un résidu négatif indique un site défavorable pour cette espèce.

L'analyse de correspondance réalise une ordination de ces résidus χ_{ij} pour obtenir des composantes orthogonales qui expliquent une fraction décroissante du χ^2 total du tableau de contingence. Le nombre maximal de composantes est égal à $\min(r - 1, c - 1)$ où r et c sont le nombre de rangées et de colonnes du tableau, respectivement.

Contrairement à l'ACP qui fait une distinction entre observations et variables, l'analyse de correspondance est symétrique; elle ordonne simultanément les sites en fonction des espèces et vice versa. Cela influence l'interprétation des résultats, comme nous verrons dans l'exemple suivant.

Si l'ACP donne une bonne représentation de la distance euclidienne entre les sites, l'analyse de correspondance donne une bonne représentation de la distance du χ^2 . Par rapport à d'autres ordinations, elle accorde ainsi un plus grand poids aux espèces rares.

Exemple avec R

Le tableau `dune` inclus avec le package *vegan* contient des données d'abondance de 30 espèces végétales sur 20 sites.

L'analyse de correspondance peut être réalisée avec la fonction `cca` de *vegan*; le nom de cette fonction vient du fait qu'elle est aussi utilisée pour l'analyse canonique de correspondance que nous verrons plus loin. Notez que les fonctions de *vegan* peuvent être appliquées à d'autres types de données, même si le résultat réfère toujours aux colonnes comme des espèces et aux rangées comme des sites.

```
data(dune)

ac_dune <- cca(dune)
# display = "reg" pour ne pas afficher toutes les coordonnées d'espèce et de site
summary(ac_dune, display = "reg")

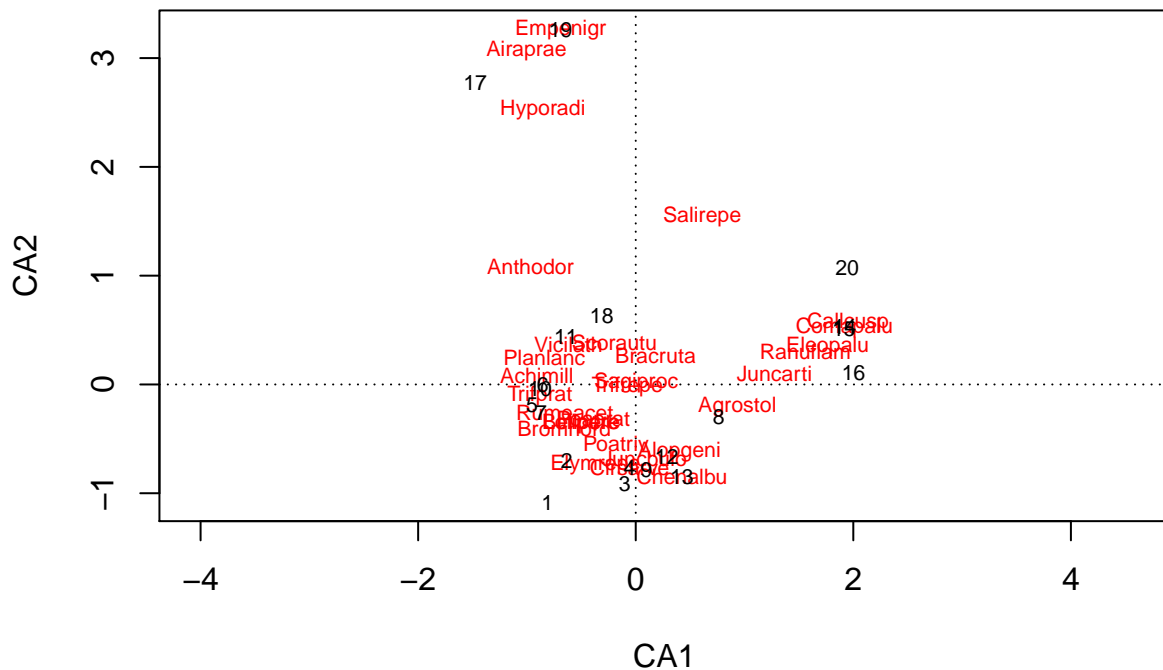
##
## Call:
## cca(X = dune)
```

```
##
## Partitioning of scaled Chi-square:
##           Inertia Proportion
## Total           2.115           1
## Unconstrained   2.115           1
##
## Eigenvalues, and their contribution to the scaled Chi-square
##
## Importance of components:
##           CA1      CA2      CA3      CA4      CA5      CA6      CA7
## Eigenvalue      0.5360 0.4001 0.2598 0.17598 0.14476 0.10791 0.09247
## Proportion Explained 0.2534 0.1892 0.1228 0.08319 0.06844 0.05102 0.04372
## Cumulative Proportion 0.2534 0.4426 0.5654 0.64858 0.71702 0.76804 0.81175
##           CA8      CA9      CA10     CA11     CA12     CA13
## Eigenvalue      0.08091 0.07332 0.05630 0.04826 0.04125 0.03523
## Proportion Explained 0.03825 0.03466 0.02661 0.02282 0.01950 0.01665
## Cumulative Proportion 0.85000 0.88467 0.91128 0.93410 0.95360 0.97025
##           CA14     CA15     CA16     CA17     CA18
## Eigenvalue      0.020529 0.014911 0.009074 0.007938 0.007002
## Proportion Explained 0.009705 0.007049 0.004290 0.003753 0.003310
## Cumulative Proportion 0.979955 0.987004 0.991293 0.995046 0.998356
##           CA19
## Eigenvalue      0.003477
## Proportion Explained 0.001644
## Cumulative Proportion 1.000000
##
## Scaling 2 for species and site scores
## * Species are scaled proportional to eigenvalues
## * Sites are unscaled: weighted dispersion equal on all dimensions
```

La fraction de la variation totale expliquée par les composantes 1 et 2 peut paraître faible (44%), mais il faut considérer que nous avons réduit la dimensionnalité de 30 à 2 variables.

La fonction `plot` représente les espèces (en rouge) et les sites (en noir) sur les deux premiers axes.

```
plot(ac_dune)
```



Dans l'ACP, les variables étaient représentées par des vecteurs (flèches) et il fallait interpréter la direction et la longueur de ces vecteurs. Ici, les espèces et les sites sont des points, dont la position peut être interprétée comme suit:

1. La proximité de deux sites indique que ces sites ont une communauté similaire.
2. La proximité de deux espèces indique que ces espèces sont présentes sur des sites similaires.
3. Les coordonnées des espèces sur le graphique correspondent à la position moyenne des sites contenant cette espèce, où la moyenne est pondérée par l'abondance de l'espèce sur chaque site. Par exemple, l'espèce *Empenigr* est présente seulement au site 19, tandis qu'*Airaprae* est présente aux sites 17 et 19.

Ce troisième aspect correspond à la visualisation par défaut dans *vegan*. Si on veut plutôt que chaque site se retrouve au milieu des points représentant les espèces qui s'y trouvent, on peut ajouter l'argument `scaling = "sites"` à la fonction `plot`.

Nous pouvons voir l'influence des espèces rares dans cette ordination, qui se retrouvent aux extrêmes du graphique. En contrepartie, une espèce près du centre de l'ordination est soit présente sur de nombreux sites, soit associée fortement à des sites aussi situés au centre du graphique; on ne peut pas distinguer ces deux cas sans revenir à la matrice originale.

Déformation des gradients

En général, l'abondance d'une espèce n'est pas une fonction linéaire d'un gradient environnemental (ex.: température); l'espèce atteint un maximum à une valeur optimale et son abondance diminue pour des valeurs plus grandes ou plus petites de la variable environnementale. Cette non-linéarité fait qu'une série de sites ordonnés selon un gradient environnemental suivront une courbe sur un graphique d'ordination. C'est possiblement le cas pour le graphique ci-dessus (série de sites partant du milieu à droite, vers le bas à gauche puis vers le haut). Des méthodes ont été proposées pour rectifier ces courbes (*detrended correspondence*

analysis ou DCA), mais ces méthodes ne sont pas recommandées, sauf dans les rares cas où nous savons d'avance que l'ordination est dominée par un seul gradient important. Une meilleure solution serait de superposer le gradient environnemental au graphique de l'ordination, comme nous verrons plus tard.

Analyse en coordonnées principales

L'analyse en coordonnées principales (*principal coordinate analysis*, ou PCoA) est une méthode plus générale qui englobe l'ACP et l'analyse de correspondance comme cas particuliers. Si l'ACP vise à bien représenter la distance euclidienne entre les sites et l'analyse de correspondance est basée sur la distance du χ^2 , la PCoA peut être appliquée à diverses mesures de distance.

Nous utiliserons la fonction `pcoa` du package *ape* pour réaliser une PCoA du jeu de données `dune`, à partir de la distance de Bray-Curtis (l'argument `correction` est expliqué ci-dessous).

```
library(ape)
dune_bray <- vegdist(dune, method = "bray")
pcoa_dune <- pcoa(dune_bray, correction = "lingoes")
```

Les valeurs propres (*eigenvalues*) de la PCoA représentent la portion de la distance totale entre les sites contenue dans chacun des axes obtenus. Ces valeurs se retrouvent dans le tableau `values` de l'objet produit par `pcoa`.

```
pcoa_dune$values
```

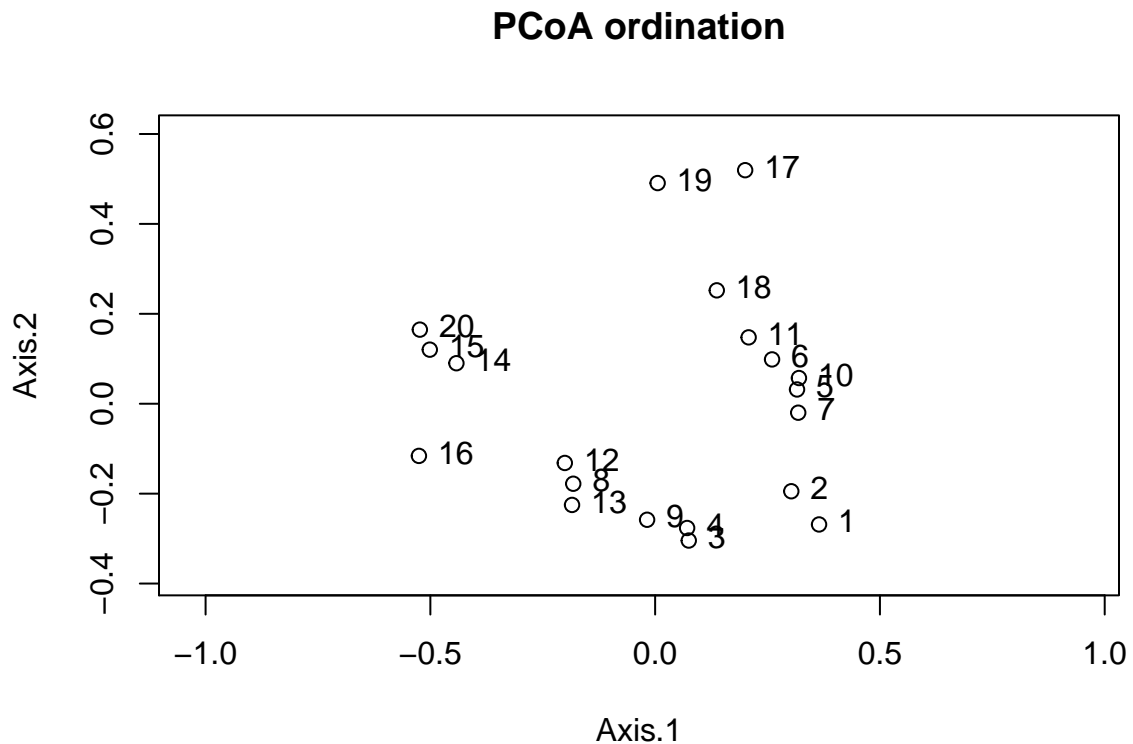
##	Eigenvalues	Corr_eig	Rel_corr_eig	Broken_stick	Cum_corr_eig
## 1	1.716266188	1.81305186	0.295383959	0.194172671	0.2953840
## 2	1.022398050	1.11918372	0.182338369	0.138617115	0.4777223
## 3	0.461464091	0.55824976	0.090950529	0.110839338	0.5686729
## 4	0.382249161	0.47903483	0.078044764	0.092320819	0.6467176
## 5	0.279134546	0.37592022	0.061245243	0.078431930	0.7079629
## 6	0.236630925	0.33341660	0.054320517	0.067320819	0.7622834
## 7	0.169120371	0.26590604	0.043321640	0.058061560	0.8056050
## 8	0.096245175	0.19303085	0.031448750	0.050125052	0.8370538
## 9	0.074491756	0.17127743	0.027904665	0.043180608	0.8649584
## 10	0.061711999	0.15849767	0.025822576	0.037007768	0.8907810
## 11	0.054940459	0.15172613	0.024719351	0.031452212	0.9155004
## 12	0.019174290	0.11595996	0.018892296	0.026401707	0.9343927
## 13	0.016118974	0.11290464	0.018394521	0.021772078	0.9527872
## 14	0.004000912	0.10078658	0.016420236	0.017498574	0.9692074
## 15	0.000000000	0.07036054	0.011463200	0.013530320	0.9806706
## 16	-0.026425126	0.05392868	0.008786106	0.009826616	0.9894567
## 17	-0.042856993	0.04205150	0.006851066	0.006354394	0.9963078
## 18	-0.054734175	0.02266261	0.003692212	0.003086420	1.0000000
## 19	-0.074123061	0.00000000	0.000000000	0.000000000	1.0000000
## 20	-0.096785671	0.00000000	0.000000000	0.000000000	1.0000000
##	Cum_br_stick				
## 1	0.1941727				
## 2	0.3327898				
## 3	0.4436291				
## 4	0.5359499				
## 5	0.6143819				
## 6	0.6817027				
## 7	0.7397643				
## 8	0.7898893				
## 9	0.8330699				


```
## 10 0.8700777
## 11 0.9015299
## 12 0.9279316
## 13 0.9497037
## 14 0.9672023
## 15 0.9807326
## 16 0.9905592
## 17 0.9969136
## 18 1.0000000
## 19 1.0000000
## 20 1.0000000
```

Dans ce tableau, on remarque que les dernières valeurs propres sont négatives; cela se produit pour certaines mesures de distance comme Bray-Curtis. La correction spécifiée comme argument dans `pcoa` transforme les distances afin que toutes les valeurs soient positives (2e colonne, *Corr_eig*). La colonne *Rel_corr_eig* peut donc être interprétée comme la proportion de la distance originale entre les sites représentée par chaque axe de la PCoA.

Regardons maintenant la position des sites sur les deux premiers axes.

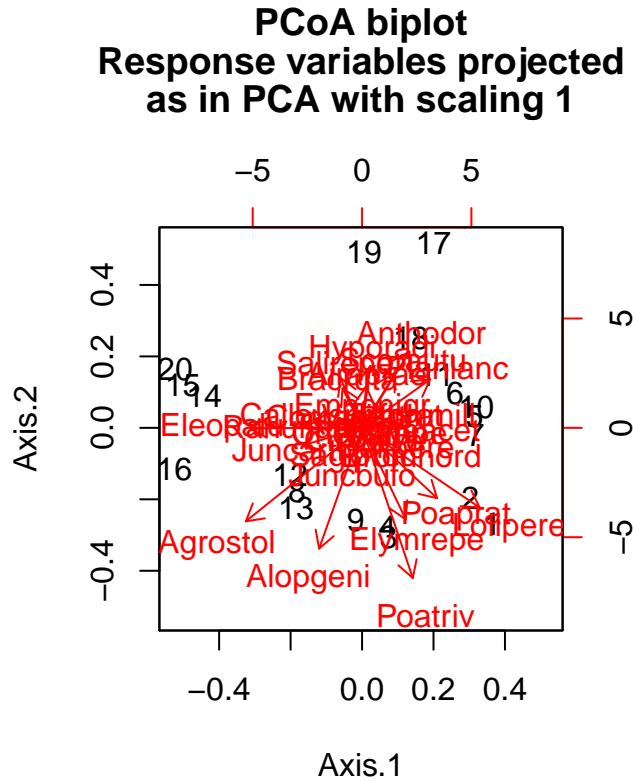
```
biplot(pcoa_dune)
```



Cette ordination des sites est semblable à l'analyse de correspondance vue précédemment, sauf que les sites 17 et 19 sont plus proches des autres. En effet, la distance de Bray-Curtis donne moins d'importance aux espèces rares et aux sites contenant très peu d'espèces.

En donnant le tableau de données original comme deuxième argument à `biplot`, on ajoute des flèches représentant la position des espèces, de façon analogue à une ACP.

```
biplot(pcoa_dune, dune)
```



Nous avons vu au début de ce cours que certaines mesures de distance sont équivalentes à la distance euclidienne appliquée à des données transformées; par exemple, la distance de Hellinger est une distance euclidienne appliquée à la suite d'une transformation de Hellinger. Dans ce cas, il est plus simple d'appliquer une ACP aux données transformées, qui est équivalente à la PCoA pour la mesure de distance correspondante.

Positionnement multidimensionnel non-métrique

Une autre méthode d'ordination couramment appliquée en écologie est le positionnement multidimensionnel non-métrique (*non-metric multidimensional scaling*, ou NMDS). Comme la PCoA, le NMDS part d'une matrice de distance entre les sites, mais la méthode d'ordination est très différente.

Les méthodes vues précédemment (ACP, AC, PCoA) réalisent une rotation d'un espace multivarié afin que la portion la plus importante des distances entre sites se retrouve dans les premiers axes. En contrepartie, le NMDS spécifie au départ le nombre d'axes à utiliser (généralement 2), puis utilise un algorithme itératif qui place les sites à des positions aléatoires dans cet espace, puis les déplace graduellement jusqu'à ce que la distance entre chaque paire de sites soit le plus près possible de la distance réelle multivariée entre les sites, selon la mesure de distance choisie. La différence entre les distances dans l'espace réduit et les distances réelles est représentée par une mesure de *stress* que la méthode tente de réduire le plus possible.

Puisque cette méthode n'a aucune restriction sur le positionnement des points dans l'espace, elle peut arriver à un graphique en 2D qui s'approche plus des distances originales entre les sites. Contrairement aux autres méthodes, elle ne donne pas l'ensemble des axes et la proportion de la distance totale représentée par chaque axe. Aussi, il s'agit d'un algorithme heuristique qui peut soit ne pas converger, soit converger vers des solutions différentes selon les positions aléatoires choisies au départ.

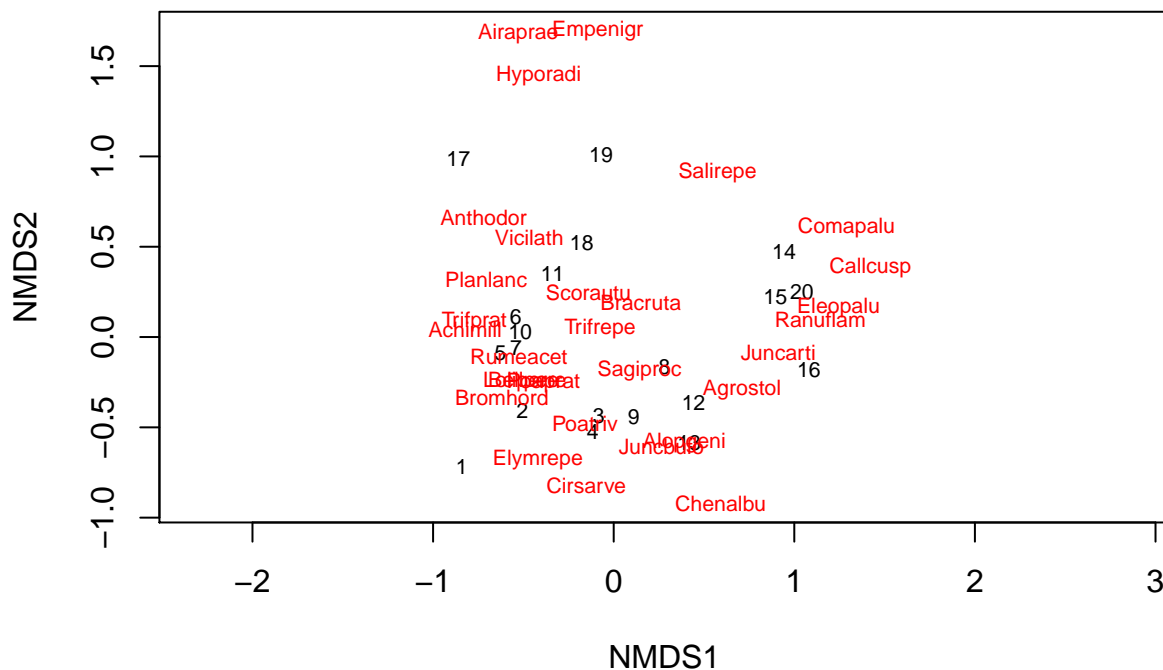
La fonction `metaMDS` corrige cette deuxième lacune en répétant l'algorithme à plusieurs reprises à partir de configurations initiales aléatoires, pour augmenter les chances de détecter le résultat optimal. La distance de Bray-Curtis est souvent recommandée pour l'analyse des données d'abondance avec cet algorithme et il s'agit du choix de distance par défaut pour `metaMDS`.

```
md_dune <- metaMDS(dune, distance = "bray")
```

Durant l'exécution de la fonction, R indique le stress pour chaque répétition de l'algorithme et indique à la fin si une solution optimale a été trouvée. Si l'algorithme ne converge pas, il faut répéter `metaMDS` en indiquant un nombre d'essais (argument `try`) supérieur à 20.

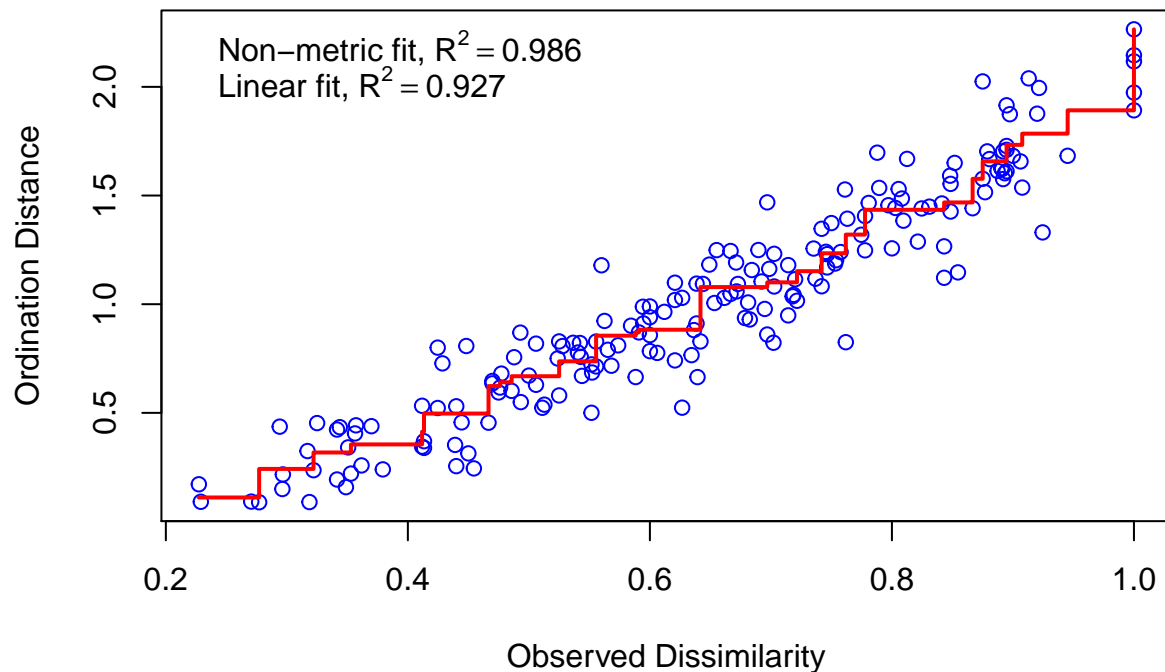
La fonction `plot` affiche le résultat du positionnement en deux dimensions. Le NMDS ordonne les sites, puis la position des espèces est déterminée en fonction de la position moyenne des sites où ces espèces se trouvent, de façon semblable à l'analyse de correspondance. Nous spécifions l'argument `type = "t"` pour afficher les noms des sites et des espèces plutôt que des points seuls.

```
plot(md_dune, type = "t")
```



La valeur du stress est de 0.118 pour ce résultat. De façon générale, un stress inférieur à 0.1 est excellent est un stress supérieur à 0.2 est mauvais. On peut aussi utiliser la fonction `stressplot` pour vérifier le niveau de correspondance entre les distances du NMDS et la matrice de distance originale entre les sites.

```
stressplot(md_dune)
```



Effet de prédicteurs sur une réponse multivariée

Jusqu'à présent, nous avons vu comment représenter la variation entre les communautés écologiques présentes sur divers sites. Cette dernière partie porte sur des méthodes permettant d'associer cette variation à des prédicteurs mesurés à chaque site.

Nous utiliserons encore le tableau de données `dune` comme exemple, avec le tableau associé `dune.env` qui contient les valeurs de cinq variables associées aux 20 sites.

```
data(dune.env)
head(dune.env)
```

##	A1	Moisture	Management	Use	Manure
## 1	2.8	1	SF Haypastu	4	
## 2	3.5	1	BF Haypastu	2	
## 3	4.3	2	SF Haypastu	4	
## 4	4.2	2	SF Haypastu	4	
## 5	6.3	1	HF Hayfield	2	
## 6	4.3	1	HF Haypastu	2	

Ce tableau contient une seule variable numérique (*A1*, l'épaisseur de la couche A1 du sol), deux variables catégorielles nominales (*Management* et *Use*) et deux variables catégorielles ordinales (*Moisture* et *Manure*).

Analyse de variance multivariée

Il existe plusieurs versions multivariées de l'ANOVA. La fonction `adonis` de *vegan* estime la fraction des distances entre sites expliquée par différents prédicteurs. Pour chaque variable indépendante, cette méthode calcule une statistique F semblable à l'ANOVA univariée. Toutefois, la valeur p de cette statistique n'est pas basée sur un test théorique, mais plutôt par un test de permutation: la fonction effectue 999 permutations aléatoires des valeurs de la variable indépendante et calcule la statistique F pour chaque permutation. La distribution résultante représente l'hypothèse nulle selon laquelle la variable n'a aucun effet. Cette méthode est connue sous le nom de PERMANOVA (pour *permutational multivariate analysis of variance*).

La formule donnée à la fonction `adonis` ressemble à celle d'un modèle linéaire en R, sauf que la réponse est une matrice de communauté plutôt qu'une variable unique. On peut spécifier la mesure de distance à utiliser; il s'agit de la distance de Bray-Curtis par défaut.

```
adonis(dune ~ A1 + Moisture + Management + Use + Manure, dune.env)

##
## Call:
## adonis(formula = dune ~ A1 + Moisture + Management + Use + Manure,      data = dune.env)
##
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##              Df SumsOfSqs MeanSqs F.Model      R2 Pr(>F)
## A1              1    0.7230  0.72295   5.2038 0.16817  0.002 **
## Moisture        3    1.1871  0.39569   2.8482 0.27613  0.007 **
## Management      3    0.9036  0.30121   2.1681 0.21019  0.029 *
## Use             2    0.0921  0.04606   0.3315 0.02143  0.971
## Manure          3    0.4208  0.14026   1.0096 0.09787  0.448
## Residuals       7    0.9725  0.13893           0.22621
## Total          19    4.2990           1.00000
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Comme pour l'ANOVA univariée, cette méthode considère les variables dans l'ordre donné: *Moisture* donne la fraction de la distance expliquée après avoir tenu compte de l'effet de *A1*, *Management* la fraction expliquée après avoir tenu compte de *A1* et *Moisture*, etc.

Dans l'ANOVA univariée, nous vérifions d'abord que la variance était constante entre les groupes avant de comparer les moyennes. La PERMANOVA ne suppose pas l'égalité des variances; toutefois, une différence significative associée à une variable peut représenter soit une différence de la composition "moyenne" des communautés selon cette variable, soit une différence dans la variance de la composition. Pour bien interpréter les résultats, il peut être utile de visualiser la relation entre les variables et les sites placés sur une ordination, comme nous le verrons dans la section suivante.

Superpositions des prédicteurs aux axes d'ordination

Une deuxième technique pour déterminer l'effet de variables explicatives sur une réponse multivariée consiste à réaliser d'abord une ordination de la réponse, puis de corrélérer les variables au résultat de l'ordination.

Si les composantes principales sont orthogonales (ce qui est le cas pour l'ACP, l'AC et la PCoA, mais pas le NMDS), on peut effectuer une régression séparée de chaque composante en fonction des prédicteurs. Une autre option est d'estimer simultanément la corrélation entre des variables explicatives et chacun des axes, ce qui est fait par la fonction `envfit` de *vegan*.

La fonction `envfit` requiert deux paramètres, soit le résultat d'une ordination et un tableau de données pour les prédicteurs. Dans l'exemple ci-dessous, nous vérifions le lien entre les composantes de la PCoA du tableau `dune`, l'épaisseur du sol (*A1*) et du type d'aménagement (*Management*).

Cette fois, nous ne réalisons pas la PCoA avec le package *ape*, mais plutôt avec une fonction du package *vegan* (`wcmtscale`, pour *weighted classical multidimensional scaling*), afin que l'objet de sortie soit compatible avec `envfit`. L'argument `eig = TRUE` indique de sauvegarder les valeurs propres et `add = TRUE` effectue la correction des valeurs propres; il est équivalent à `correction = "lingoes"` pour `pcoa`.

```
pcoa_dune2 <- wcmtscale(dune_bray, eig = TRUE, add = TRUE)
envf <- envfit(pcoa_dune2, select(dune.env, A1, Management))
envf

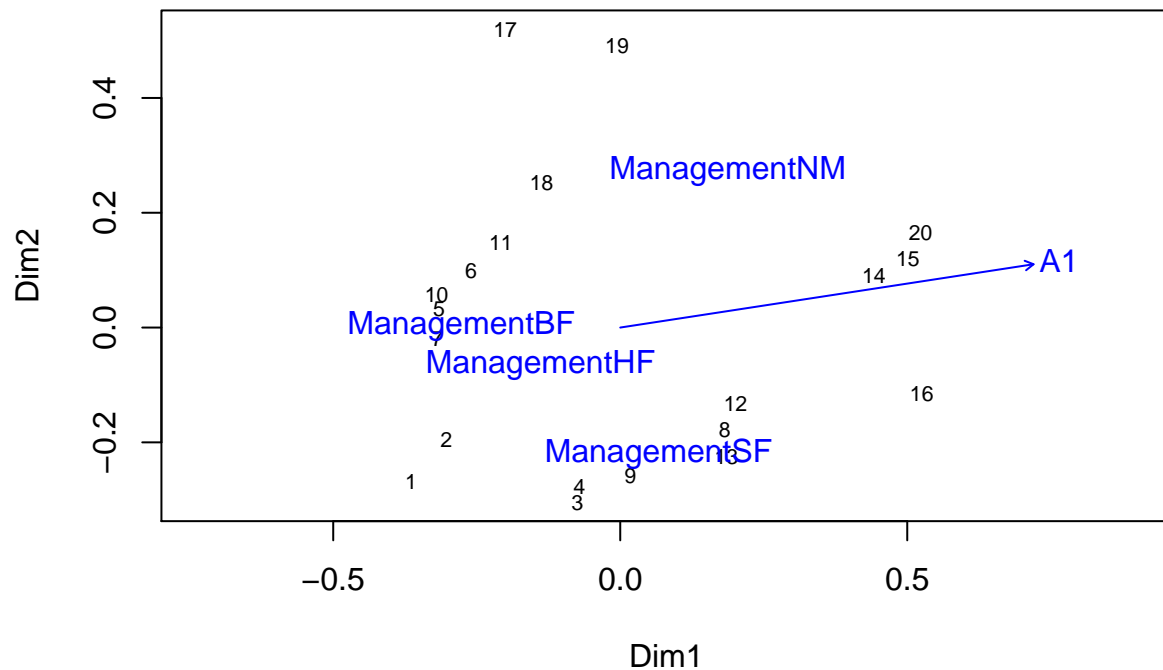
##
## ***VECTORS
##
##          Dim1      Dim2      r2 Pr(>r)
## A1 0.98847 0.15139 0.3845 0.017 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## ***FACTORS:
##
## Centroids:
##           Dim1      Dim2
## ManagementBF -0.2769 0.0034
## ManagementHF -0.1388 -0.0651
## ManagementNM 0.1873 0.2730
## ManagementSF 0.0668 -0.2204
##
## Goodness of fit:
##           r2 Pr(>r)
## Management 0.4513 0.007 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
```

Pour la variable numérique *A1*, le résultat indique la magnitude et la direction de l'effet d'une augmentation de cette variable sur les deux axes de la PCoA (donc un vecteur), ainsi qu'une valeur r^2 donnant la portion de la variance expliquée par cette corrélation. Pour une variable catégorielle comme *Management*, le résultat indique la position moyenne (centroïde) sur les deux axes des sites correspondant à chaque catégorie.

Les valeurs p pour l'effet de chaque variable dans `envfit` sont déterminées par test de permutation, comme pour la PERMANOVA. Les valeurs p et les coefficients r^2 sont différents dans les deux cas, car la PERMANOVA évalue l'effet des variables sur la variation multidimensionnelle totale, tandis que le résultat d'`envfit` mesure l'effet sur l'ordination en deux dimensions.

Si on trace le graphique d'ordination au préalable, on peut y ajouter le vecteur *A1* et les centroïdes pour chaque type d'aménagement en appliquant la fonction `plot` au résultat d'`envfit`.

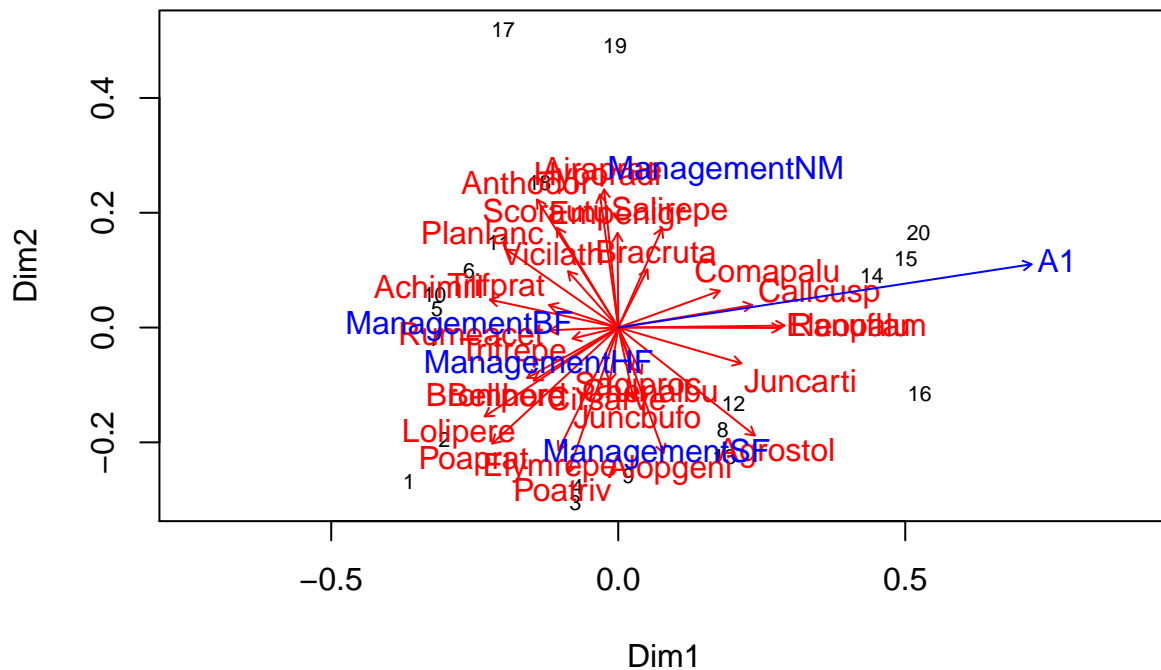
```
plot(pcoa_dune2)
plot(envf)
```



Si plus d'une variable numérique était incluse, la longueur des vecteurs serait représentative de l'importance de l'effet de chaque variable, mesurée par le r^2 .

Avec `envfit`, on peut superposer à la fois la position des espèces et des variables environnementales, bien que cela rende le graphique un peu moins lisible:

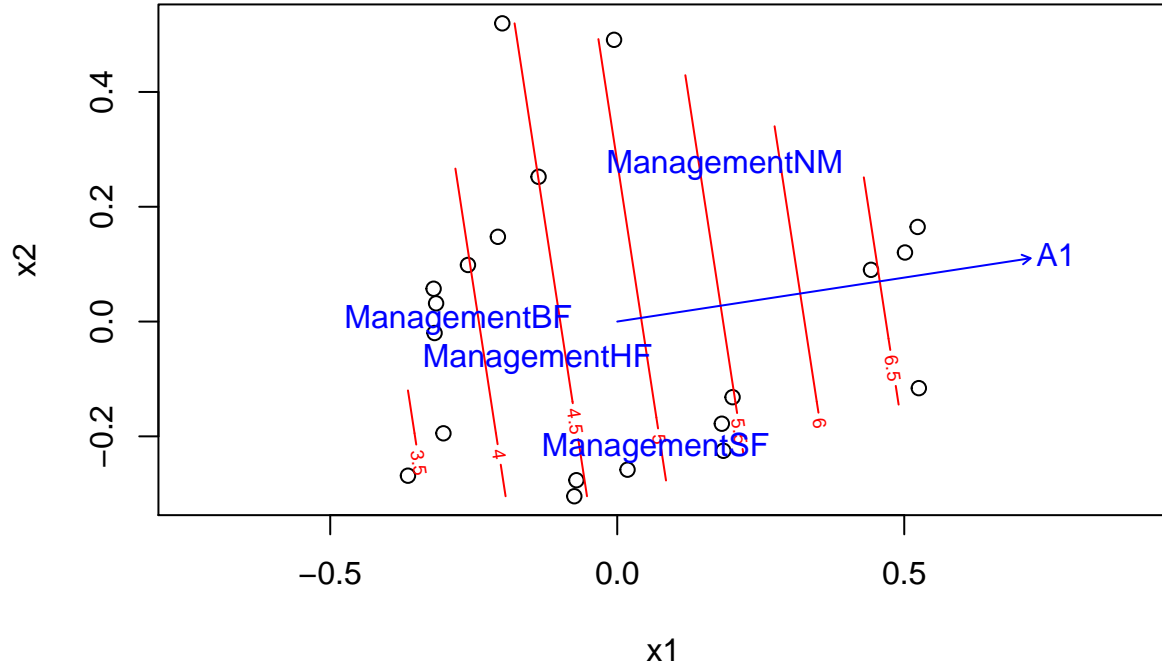
```
plot(pcoa_dune2)
plot(envfit(pcoa_dune2, dune), col = "red") # Ajouter les espèces
plot(envf)
```



La fonction `envfit` tente d'identifier une corrélation linéaire entre une variable numérique et les axes d'ordination. Pour représenter un gradient environnemental non-linéaire comme une surface en deux dimensions, nous pouvons utiliser la fonction `ordisurf`. La surface estimée est représentée par des lignes de contour (comme une carte topographique) sur les axes de l'ordination. Dans l'exemple suivant, nous montrons les lignes de contour pour l'épaisseur du sol A1 sur les deux axes de la PCoA, puis y superposons le vecteur obtenu avec `envfit`.

```
ords <- ordisurf(pcoa_dune2, dune.env$A1)
```

```
plot(ords)
plot(envf)
```

Puisque les lignes de contour sont parallèles et également espacées, l'effet d' $A1$ semble effectivement être linéaire dans cette représentation.

Ordination sous contraintes

Les méthodes d'ordination que nous avons vues jusqu'à maintenant sont du type "sans contrainte", c'est-à-dire que l'ordination structure la variation de réponse multivariée sans faire référence à des variables explicatives. Dans l'ordination sous contraintes, le choix des axes est basé sur la partie de la réponse expliquée par des prédicteurs donnés. Ces méthodes incluent l'analyse de redondance (*redundancy analysis*) et l'analyse canonique de correspondance (*canonical correspondence analysis*).

Prenons une matrice réponse Y contenant n observations de p variables. Supposons que nous effectuons séparément la régression linéaire de chacune des p variables en fonction d'un même ensemble de prédicteurs x_1, x_2 , etc. Par exemple, la régression de la variable j donne une valeur attendue (*fitted*) \hat{y}_{ij} pour chaque observation i de cette variable. Nous pouvons ensuite combiner les valeurs attendues de chaque régression dans une matrice \hat{Y} .

$$\begin{bmatrix} \hat{y}_{11} & \hat{y}_{12} & \dots & \hat{y}_{1p} \\ \hat{y}_{21} & \hat{y}_{22} & \dots & \hat{y}_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \hat{y}_{n1} & \dots & \dots & \hat{y}_{np} \end{bmatrix}$$

L'**analyse de redondance** (ADR) est équivalente à une analyse en composantes principales réalisée non pas sur la réponse multivariée originale Y , mais plutôt sur \hat{Y} , soit la partie de la réponse expliquée par des prédicteurs donnés.

Pour appliquer l'analyse de redondance au tableau de données `dune`, nous effectuons d'abord une transformation de Hellinger, tel que vu dans la première section de ce cours, puis nous appelons la fonction `rda` pour modéliser la composition en fonction des variables *A1* et *Management*. Comme pour `adonis`, le tableau de la réponse multivariée apparaît à gauche de la formule.

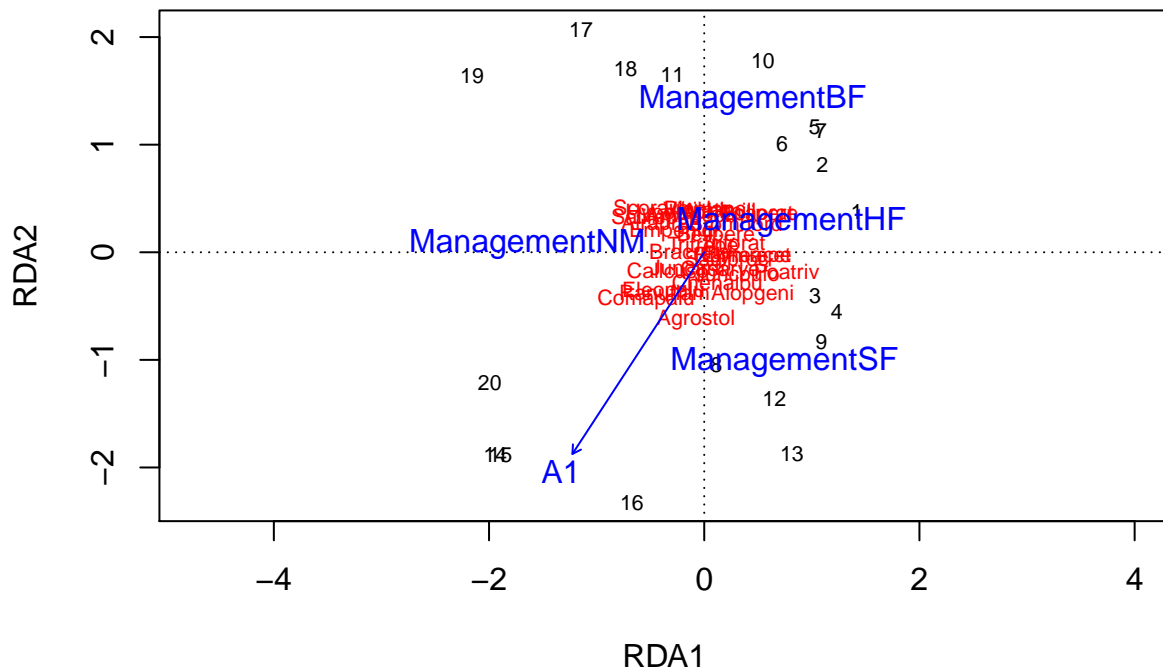
```
dune_hel <- decostand(dune, method = "hellinger")
dune_hel <- scale(dune_hel)
rda_dune <- rda(dune_hel ~ A1 + Management, dune.env)
rda_dune

## Call: rda(formula = dune_hel ~ A1 + Management, data = dune.env)
##
##              Inertia Proportion Rank
## Total          30.0000      1.0000
## Constrained    10.8492      0.3616    4
## Unconstrained  19.1508      0.6384   15
## Inertia is variance
##
## Eigenvalues for constrained axes:
##  RDA1  RDA2  RDA3  RDA4
## 4.395 3.404 1.755 1.295
##
## Eigenvalues for unconstrained axes:
##  PC1  PC2  PC3  PC4  PC5  PC6  PC7  PC8  PC9  PC10  PC11  PC12
## 4.302 3.120 2.343 1.965 1.667 1.414 1.029 0.947 0.784 0.625 0.368 0.277
##  PC13  PC14  PC15
## 0.133 0.119 0.056
```

La régression linéaire effectuée en première étape de l'ADR compte ici 4 prédicteurs (1 pour *A1* et 3 pour le facteur à 4 niveaux *Management*). Dans ce cas, puisque la matrice \hat{Y} est une combinaison linéaire des prédicteurs, elle ne peut avoir que 4 composantes principales. Le résultat de l'ADR nomme ces 4 composantes "axes contraints" (RDA1 à RDA4). L'ADR effectue aussi une ACP séparée pour les résidus de la régression ($Y - \hat{Y}$); cette ACP résulte en 15 axes non contraints pour les 15 degrés de liberté résiduels.

Le graphique d'une ADR est appelé diagramme de triple projection (*triplot*), car il représente à la fois les observations (sites), les variables de réponse (espèce) et les prédicteurs (conditions environnementales). Notez que puisque l'ADR est basée sur l'ACP, les espèces devraient être représentées par des vecteurs ici (comme le prédicteur numérique *A1*), mais les flèches sont omises par *vegan* pour éviter de surcharger le graphique; le nom des espèces est placé à la position de la pointe de chaque vecteur.

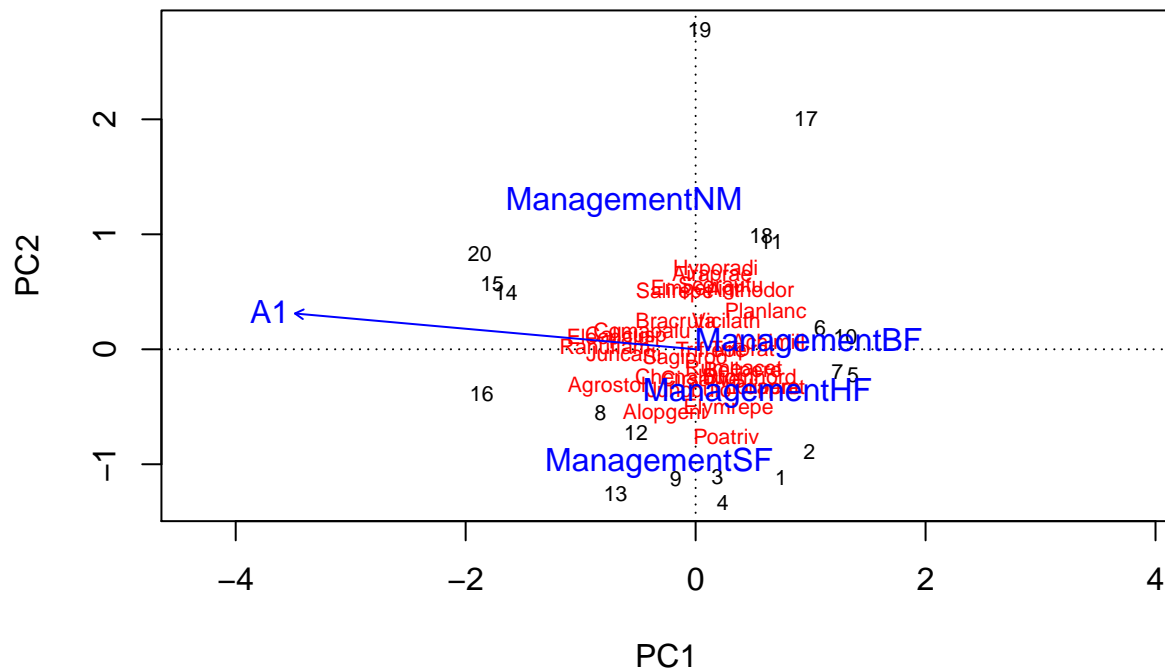
```
plot(rda_dune)
```



Les coordonnées des sites et espèces sur les deux premiers axes de l'ADR peuvent être consultées en appelant la fonction `scores(rda_dune)`.

Aux fins de comparaison, voici le diagramme de double projection de l'ordination non contrainte avec l'estimation des effets des prédicteurs obtenue par `envfit`. Notez que la fonction `rda` sans variables prédictrices effectue une ACP.

```
acp_dune <- rda(dune_hel)
acp_envf <- envfit(acp_dune, select(dune.env, A1, Management))
plot(acp_dune)
plot(acp_envf)
```



Quelle est la différence entre ces deux approches?

- Avec une ordination sans contraintes comme l'ACP, on résume la variation de la *réponse* multivariée en quelques axes, puis on estime l'effet des prédicteurs sur ces axes. Cette approche est plus parcimonieuse mais court le risque de “perdre” l'effet d'un prédicteur s'il n'est pas relié principalement aux quelques premières composantes principales.
- Avec une ordination sous contraintes comme l'ADR, on effectue d'abord la régression dans l'espace multivarié, puis on résume les *prédictions* de cette régression en quelques axes. Puisque cette approche réalise autant de régressions univariées qu'il y a de colonnes dans la réponse multivariée, il y a plus de chances de détecter un effet dû seulement au hasard (surajustement du modèle).

Si l'analyse de redondance est la combinaison d'une régression et d'une ACP, l'**analyse canonique de correspondance** (ACC) est la combinaison d'une régression et d'une analyse de correspondance. Comme l'analyse de correspondance, l'ACC est basée sur les résidus du χ_{ij} d'un tableau de contingence. Une régression est appliquée à ces résidus en fonction des prédicteurs, puis une ordination est appliquée aux valeurs attendues estimées par cette régression. Voici un exemple avec la fonction `cca` de *vegan*:

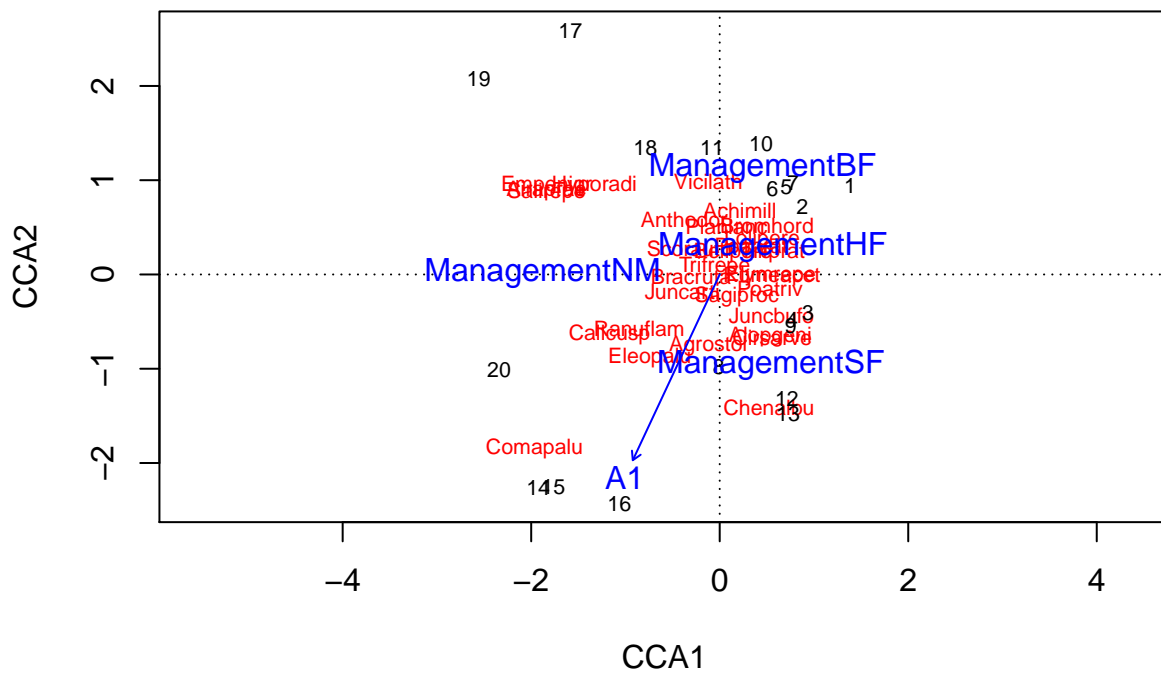
```
cca_dune <- cca(dune ~ A1 + Management, dune.env)
cca_dune
```

```
## Call: cca(formula = dune ~ A1 + Management, data = dune.env)
##
##              Inertia Proportion Rank
## Total          2.1153      1.0000
## Constrained    0.7798      0.3686    4
## Unconstrained  1.3355      0.6314   15
## Inertia is scaled Chi-square
```

```
##
## Eigenvalues for constrained axes:
##   CCA1   CCA2   CCA3   CCA4
## 0.3187 0.2372 0.1322 0.0917
##
## Eigenvalues for unconstrained axes:
##   CA1   CA2   CA3   CA4   CA5   CA6   CA7   CA8   CA9   CA10
## 0.3620 0.2029 0.1527 0.1345 0.1110 0.0800 0.0767 0.0553 0.0444 0.0415
##   CA11  CA12  CA13  CA14  CA15
## 0.0317 0.0178 0.0116 0.0087 0.0047
```

Voici le diagramme de triple projection correspondant à cette analyse:

```
plot(cca_dune)
```



Résumé

- Le package *vegan* dans R contient plusieurs outils pour l'analyse multivariée des données de communautés écologiques. Ces données prennent habituellement la forme d'une matrice indiquant l'abondance ou la présence d'espèces sur chacun des sites étudiés.
- La distance euclidienne n'est pas appropriée pour les données de communautés écologiques. Nous avons présenté dans ce cours plusieurs distances conçues pour les données d'abondance (Bray-Curtis, Hellinger, χ^2) ou de présence-absence (Jaccard, Sorensen).
- L'analyse de correspondance (AC) est un type d'ordination semblable à l'analyse en composantes

principales, mais adaptée aux tableaux de contingence, incluant les données d'abondance ou de présence. Dans un contexte écologique, elle tend à faire ressortir les espèces rares.

- L'analyse en coordonnées principales (PCoA) et le positionnement multidimensionnel non-métrique (NMDS) sont des méthodes d'ordination basées sur une matrice de distance entre sites. La PCoA effectue une transformation linéaire de la matrice de distance pour produire des axes principaux (de façon semblable à l'ACP), tandis que le NMDS est un algorithme qui déplace les points dans un nombre de dimensions choisis au hasard afin de s'approcher le plus possible des distances réelles.
- La fonction `envfit` permet d'estimer simultanément l'effet de prédicteurs sur les principaux axes d'ordination.
- Dans l'ordination sous contraintes, une régression est effectuée sur les données multivariées et l'ordination est réalisée sur la partie de la réponse expliquée par les prédicteurs. L'analyse de redondance est une méthode d'ordination sous contraintes basée sur l'ACP, tandis que l'analyse canonique des correspondances est basée sur l'AC.

Références

- Legendre, P. et Legendre, L. (2012) *Numerical Ecology*, 3e éd. Elsevier.
- Tutoriel du package *vegan* par Jari Oksanen.