Régression linéaire

16 octobre 2019

1. Métabolisme d'un poisson selon la salinité

Le tableau de données sardinella.csv provient d'une étude de Wohlschlag (1957), "Differences in metabolic rates of migratory and resident freshwater forms of an Arctic Whitefish". Il contient des mesures du poids (log_weight) et de la consommation en oxygène (log_O2) pour des individus du corgéone Coregonus sardinella capturés dans un environnement d'eau douce (freshwater) ou d'eau salée (marine).

```
sardinella <- read.csv("sardinella.csv")
str(sardinella)

## 'data.frame': 22 obs. of 3 variables:
## $ environment: Factor w/ 2 levels "freshwater", "marine": 2 2 2 2 2 2 2 1 1 ...
## $ log_02 : num 1.59 1.4 1.47 1.66 1.55 ...
## $ log_weight : num 2.5 2.04 2.15 2.35 2.24 ...</pre>
```

- a) Estimez les effets additifs de l'environnement et du poids sur la consommation en oxygène de ce poisson. Comment interprétez-vous chacun des paramètres du modèle?
- b) Reprenez le modèle en (a) avec une version normalisée du prédicteur log_weight (norm_weight). Quelle est maintenant l'interprétation des coefficients?
- c) Reprenez le modèle en (b) en ajoutant l'interaction entre le poids (normalisé) et l'environnement. Cette interaction est-elle significative? Quelle est l'interprétation des coefficients?

2. Diversité des plantes sur des îles britanniques

Le tableau de données britain_species.csv provient de l'étude de Johnson et Simberloff (1974), "Environmental determinants of island species numbers in the British Isles". Ces données indiquent le nombre d'espèces de plantes vasculaires (species) pour 42 îles britanniques en fonction de différents prédicteurs: surface en km² (area), altitude en m (elevation), nombre de types de sol (soil_types), latitude et distance de la Grande-Bretagne en km (dist_britain).

```
iles <- read.csv("britain_species.csv")</pre>
str(iles)
   'data.frame':
                    42 obs. of 7 variables:
                  : Factor w/ 42 levels "Ailsa", "Anglesey", ...: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##
    $ island
##
                         0.8 712.5 429.4 18.4 31.1 ...
                         340 127 874 384 226 1343 210 103 143 393 ...
   $ elevation
                  : int
                         1 3 4 2 1 16 1 3 1 1 ...
   $ soil_types
                  : int
    $ latitude
                         55.3 53.3 55.6 57 60.1 54.3 57.1 56.6 56.1 56.9 ...
                  : num
                         14 0.2 5.2 77.4 201.6 ...
##
    $ dist britain: num
    $ species
                  : int
                         75 855 577 409 177 1666 300 443 482 453 ...
```

a) Supposons qu'une théorie prédit que le nombre d'espèces (S) dépend de la surface d'une île (A) en fonction de l'équation suivante, où c et z sont des paramètres à déterminer:

$$S = cA^z$$

Utilisez un modèle linéaire pour tester l'hypothèse que le nombre d'espèces de plantes vasculaires suit cette équation avec une exposant z = 0.25 (un quart).

Indice: Supposons que la valeur estimée de z suit une distribution normale. À partir de la valeur estimée de z et de son erreur-type, utilisez la formule vue au deuxième cours pour calculer l'intervalle de confiance.

$$(\hat{z} + t_{df,\alpha/2}SE, \hat{z} + t_{df,1-\alpha/2}SE)$$

Dans cette formule, SE est l'erreur-type, α est le seuil de significativité que vous choisissez (ex.: 0.05) et df est le nombre de degrés de liberté de la distribution t, que vous pouvez déterminer à partir du sommaire de la régression.

b) Estimez maintenant le modèle suivant, où le nombre d'espèce dépend à la fois de la surface de l'île et de sa distance de la Grande-Bretagne, sur une échelle logarithmique. Vous devrez d'abord exclure l'île de Grande-Bretagne (Britain) du jeu de données.

$$\log(species) \sim \log(area) + \log(dist_britain)$$

c) À partir du modèle en (b), donnez un intervalle de prédiction à 90% du nombre d'espèces pour (i) une île de 1 km^2 située à une distance de 5 km et (ii) une île de 40 km^2 située à une distance de 20 km.

Notes:

- Modifiez le % de l'intervalle de prédiction avec l'argument level de predict.
- Puisque la réponse du modèle est log(species), le résultat de predict sera sur une échelle logarithmique.