Analyse des variances : ANOVA et Kruskal-Wallis

Marie Vaugoyeau

7 November 2023

Table of contents

1 Définition de l'ANOVA **2**

2 Les limites d'utilisations **4**
2.1 Indépendance des données 4
2.2 Normalité des données 4
2.3 Homogénéité des variances 5

3 Réalisation d'une ANOVA **7**
3.1 Vérification des données 7
3.2 Réalisation de l'ANOVA 8
3.3 Test post-hoc de Tukey 8

4 Réalisation d'une ANOVA non paramétrique : test de Kruskal-Wallis **10**
4.1 Fonctionnement et limites 10
4.2 Utilisation de la fonction `kruskal.test()` du package `{stats}` 11
4.3 Test-post hoc de Nemenyi 11

1 Définition de l'ANOVA

> ANOVA : Analyse des variances
>
> Permet de savoir si **deux échantillons ou plus** sont issus d'une **même population** ou pour le dire autrement, les groupes créées ont-ils la **même moyenne**.

L'ANOVA permet d'étudier l'influence d'au moins une **variable qualitative** ayant **deux modalités ou plus**, sur une **variable quantitative**.
D'un point de vue pratique, l'ANOVA cherche à savoir si les **moyennes des groupes** sont globalement **différentes** ou pour le dire autrement, si la **variation intragroupe est plus faible** que la **variation intergroupe**.
Le principe de l'ANOVA est de décomposer la **variabilité totale des données** en deux :

_ la **variabilité factorielle** : la variabilité entre groupes, c'est-à-dire la différence entre la moyenne de toutes les données et les moyennes de chaque groupe (cf. Figure 1).
_ la **variabilité résiduelle** : la variabilité qui reste une fois que la variabilité due au groupe est retirée c'est-à-dire la différence entre la moyenne du groupe et la valeur de chaque échantillon (cf. Figure 2).

```
library(tidyverse)

iris_moyenne <- iris |>
  group_by(Species) |>
  summarise(moyenne = mean(Sepal.Length))
```

```
ggplot(iris) +
  aes(x = Species, y = Sepal.Length, color = Species) +
  geom_jitter(alpha = 0.3) +
  geom_hline(aes(yintercept = mean(Sepal.Length))) +
  geom_errorbar(aes(ymin = moyenne, y = 5.84, ymax = moyenne), data = iris_moyenne, size =
  geom_spoke(aes(y = moyenne, radius = mean(iris$Sepal.Length) - moyenne, angle = 1.57), d
  theme_classic() +
  theme(legend.position = "none")
```

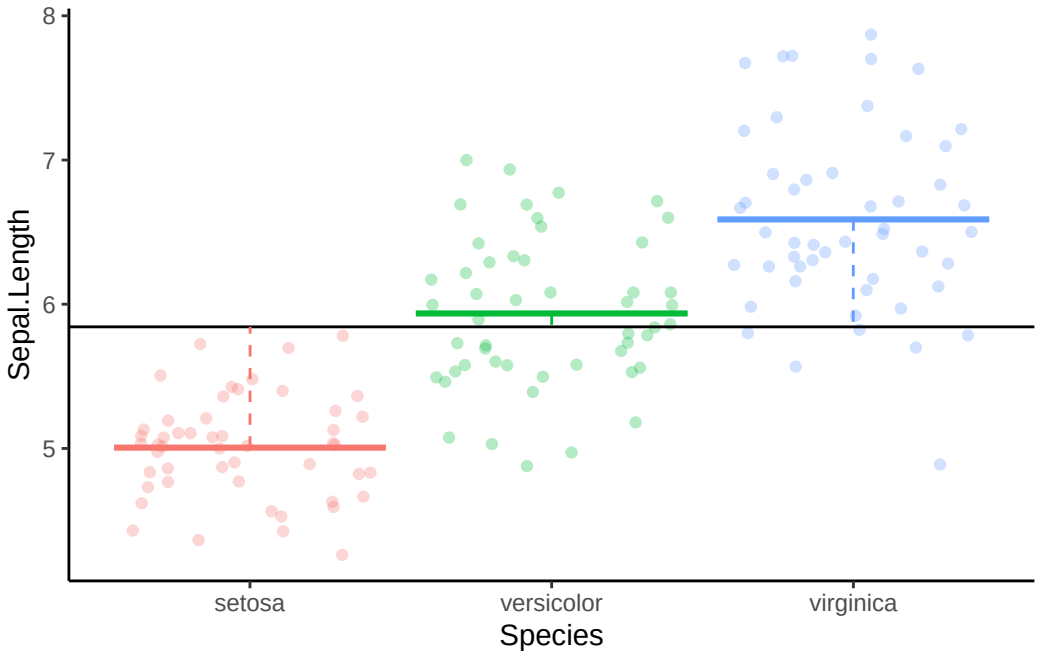


Figure 1: Variabilité factorielle

```
ggplot(iris) +
  aes(x = Species, y = Sepal.Length, color = Species) +
  geom_jitter(alpha = 0.3) +
  geom_errorbar(aes(ymin = moyenne, y = 5.84, ymax = moyenne), data = iris_moyenne, size =
  geom_spoke(aes(radius = iris_moyenne$moyenne - Sepal.Length, angle = 1.57), data = iris
    geom_spoke(aes(radius = iris_moyenne$moyenne - Sepal.Length, angle = 1.57), data = iri
  geom_point(data = iris |> group_by(Species) |> slice(c(3, 11)) |> ungroup()) +
  theme_classic() +
  theme(legend.position = "none")
```

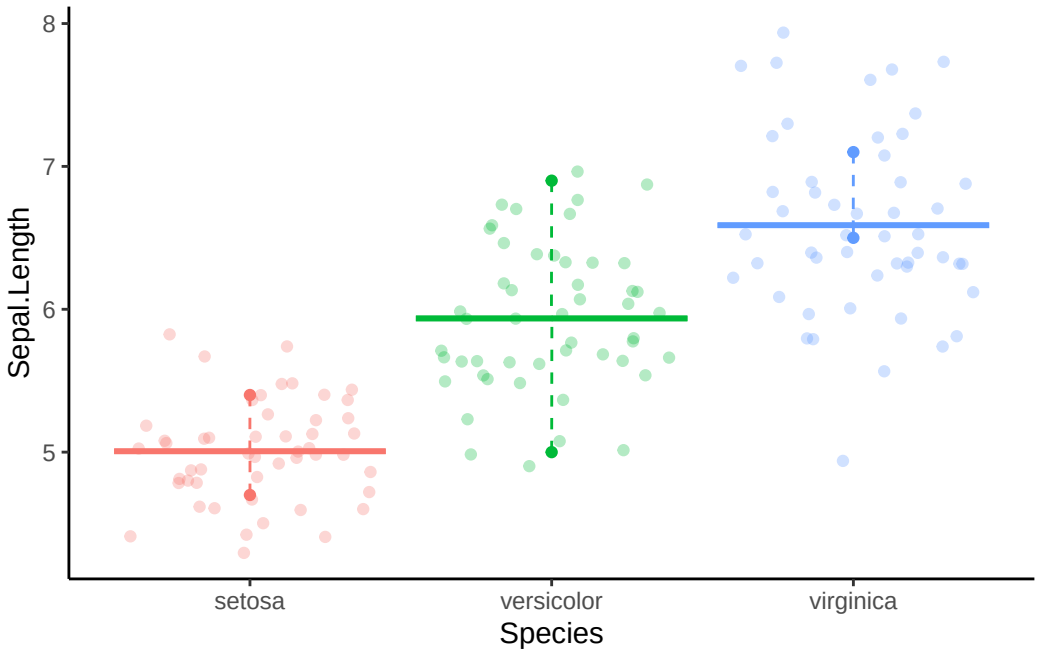


Figure 2: Variabilité résiduelle

2 Les limites d'utilisations

2.1 Indépendance des données

Les données doivent provenir d'un échantillonnage aléatoire et les groupes doivent-être indépendants entre eux.

2.2 Normalité des données

Les données au sein de chaque groupe doivent suivre une loi normale ou être approximé par une loi normale (n $>$ 30).

```
shapiro.test(iris$Sepal.Length)
```

```
    Shapiro-Wilk normality test

data:  iris$Sepal.Length
W = 0.97609, p-value = 0.01018
```

```r
# les données ne suivent pas une loi normale

map(
  .x = c(iris$Species |> levels()),
  .f = ~shapiro.test(filter(iris, Species == .x)$Sepal.Length)
    )
```

```
[[1]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Length
W = 0.9777, p-value = 0.4595


[[2]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Length
W = 0.97784, p-value = 0.4647


[[3]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Length
W = 0.97118, p-value = 0.2583
```

```r
# les données au sein de chaque groupe suivent des lois normales
```

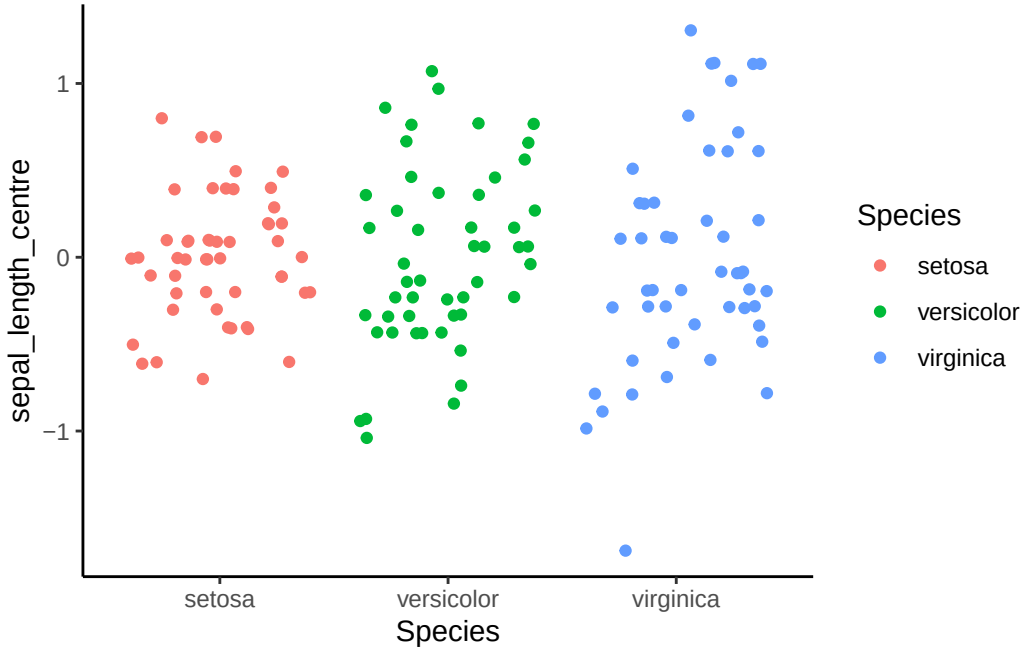
2.3 Homogénéité des variances

Les groupes doivent avoir une variance similaire.
Le test de Bartlett permet de tester la variance de plus de deux groupes.

```r
bartlett.test(Sepal.Length ~ Species, data = iris)
```

```
    Bartlett test of homogeneity of variances

data:  Sepal.Length by Species
Bartlett's K-squared = 16.006, df = 2, p-value = 0.0003345
```

```
iris |>
  left_join(iris_moyenne) |>
  mutate(sepal_length_centre = Sepal.Length - moyenne) |>
  ggplot() +
  aes(x = Species, color = Species, y = sepal_length_centre) +
  geom_jitter() +
  theme_classic()
```



> **Warning**
>
> Il ne faut pas faire d'ANOVA ici, les groupes n'ont pas la même variance !

3 Réalisation d'une ANOVA

Comme la longueur des sépales ne peut pas être utilisée, on va le faire sur la largeur des sépales.

3.1 Vérification des données

```
  map(
    .x = c(iris$Species |> levels()),
    .f = ~shapiro.test(filter(iris, Species == .x)$Sepal.Width)
      )
```

```
[[1]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Width
W = 0.97172, p-value = 0.2715


[[2]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Width
W = 0.97413, p-value = 0.338


[[3]]

    Shapiro-Wilk normality test

data:  filter(iris, Species == .x)$Sepal.Width
W = 0.96739, p-value = 0.1809
```

```
  bartlett.test(Sepal.Width ~Species, data = iris)
```

```
    Bartlett test of homogeneity of variances
```

```
data:  Sepal.Width by Species
Bartlett's K-squared = 2.0911, df = 2, p-value = 0.3515
```

Les données suivent des lois normales et les variances sont similaires.

3.2 Réalisation de l'ANOVA

> **!** Important
>
> La détermination d'un modèle ANOVA doit-être réalisé avec la fonction `aov()` du package `{stats}`. Les fonctions `anova()` du package `{stats}` ou `Anova()` du package `{car}` permet de réaliser une analyse de variance/déviance sur un modèle donc par exemple le résultat de `aov()` mais pas que ^^

```r
anova_sepal_largeur <- aov(Sepal.Width ~ Species, data  = iris)

summary(anova_sepal_largeur)
```

```
             Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Species       2  11.35   5.672   49.16 <2e-16 ***
Residuals   147  16.96   0.115
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```r
anova(anova_sepal_largeur)
```

```
Analysis of Variance Table

Response: Sepal.Width
           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Species     2 11.345  5.6725   49.16 < 2.2e-16 ***
Residuals 147 16.962  0.1154
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

3.3 Test post-hoc de Tukey

Afin de savoir quel(s) groupe(s) est(sont) différent(s), il faut utiliser un test post-hoc de Tukey.

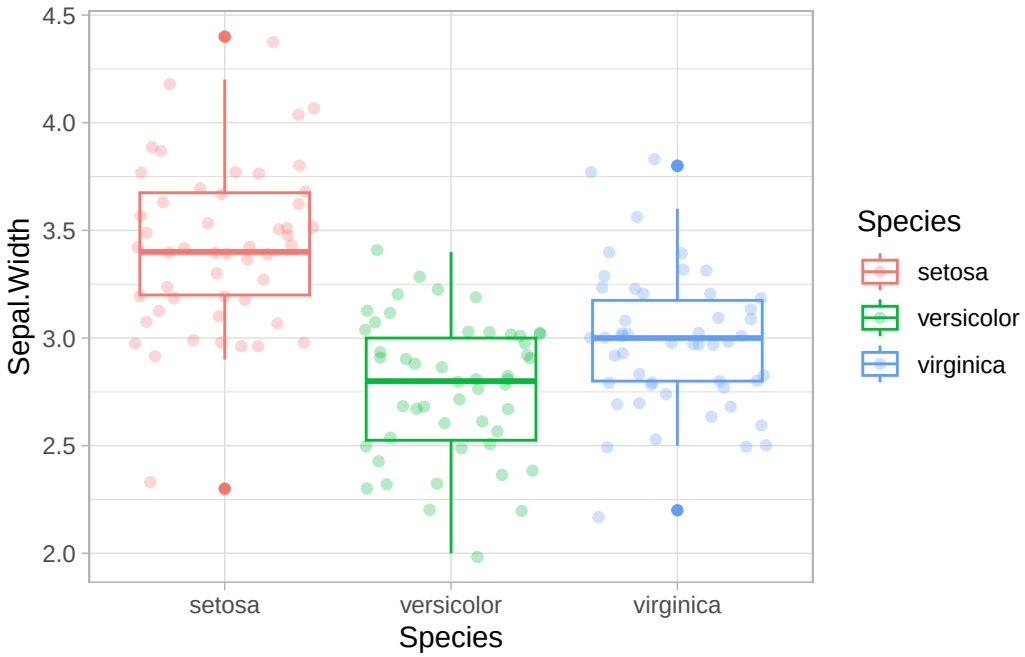
```r
TukeyHSD(anova_sepal_largeur)
```

```
  Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = Sepal.Width ~ Species, data = iris)

$Species
                       diff         lwr        upr     p adj
versicolor-setosa    -0.658 -0.81885528 -0.4971447 0.0000000
virginica-setosa     -0.454 -0.61485528 -0.2931447 0.0000000
virginica-versicolor  0.204  0.04314472  0.3648553 0.0087802
```

```r
rstatix::tukey_hsd(anova_sepal_largeur)
```

```
# A tibble: 3 x 9
  term    group1     group2     null.value estimate conf.low conf.high    p.adj
* <chr>   <chr>      <chr>           <dbl>    <dbl>    <dbl>     <dbl>    <dbl>
1 Species setosa     versicolor          0   -0.658  -0.819     -0.497 3.10e-14
2 Species setosa     virginica           0   -0.454  -0.615     -0.293 1.36e- 9
3 Species versicolor virginica           0    0.204   0.0431     0.365 8.78e- 3
# i 1 more variable: p.adj.signif <chr>
```

```r
ggplot(iris) +
  aes(x = Species, color = Species, y = Sepal.Width) +
  geom_boxplot() +
  geom_jitter(alpha = 0.3) +
  theme_light()
```



4 Réalisation d'une ANOVA non paramétrique : test de Kruskal-Wallis

Réalisation sur les longueurs de sépales qui ne sont pas homogènes entre les groupes

4.1 Fonctionnement et limites

> Kruskal-Wallis
>
> Permet de savoir si **deux échantillons ou plus** sont issus d'une **même population** ou pour le dire autrement, les groupes créées ont-ils la **même médiane**.

Le test de Kruskal-Wallis se base sur le rang des données.

```
iris |>
  arrange(Sepal.Length) |>
  rowid_to_column(var = "rang") |>
  group_by(Species) |>
  summarise(somme_rang = sum(rang)) |>
  ungroup()
```

```
# A tibble: 3 x 2
  Species    somme_rang
  <fct>           <int>
1 setosa           1448
2 versicolor       4115
3 virginica        5762
```

Une fois que le rang de chaque groupe calculé, la statistique de test va être calculé et comparer à une valeur seuil.

> ⚠ Les limites
>
> _ échantillonnage aléatoire
> _ indépendance des groupes
> _ Plus de 5 observations par groupe

4.2 Utilisation de la fonction `kruskal.test()` du package `{stats}`

Comme la longueur des sépales n'avaient pas la même variance en fonction de l'espèce, il n'est pas possible de réaliser une ANOVA.
Le test de Kruskal-Wallis est conseillé ici.

```
kruskal.test(Sepal.Length ~ Species, data  = iris)
```

```
    Kruskal-Wallis rank sum test

data:  Sepal.Length by Species
Kruskal-Wallis chi-squared = 96.937, df = 2, p-value < 2.2e-16
```

4.3 Test-post hoc de Nemenyi

```
summary(
  PMCMRplus::kwAllPairsNemenyiTest(
    data = iris,
    Sepal.Length ~ Species
  )
)
```

```
                           q value   Pr(>|q|)
versicolor - setosa == 0     8.628 3.1659e-09 ***
virginica - setosa == 0     13.764 3.4084e-14 ***
virginica - versicolor == 0  5.137 0.00082097 ***
```

```r
ggplot(iris) +
  aes(x = Species, color = Species, y = Sepal.Length) +
  geom_boxplot() +
  geom_jitter(alpha = 0.3) +
  theme_bw()
```