

Le modèle linéaire

Modélisation d'une variable quantitative en
fonction de variables quantitatives ou qualitatives

M. L. Delignette-Muller
VetAgro Sup

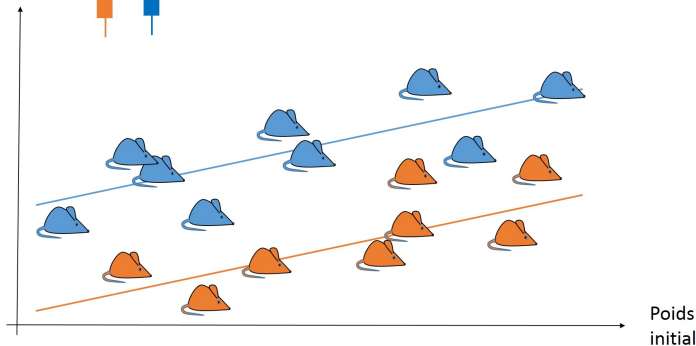
13 janvier 2021



Illustration

Ex. : modélisation d'une variable quantitative (le poids 10 jours ap. traitement) en fonction de deux variables explicatives, une quantitative (le poids initial) et une qualitative (le traitement).

Poids après 10
jours d'un
traitement



Objectifs pédagogiques

- Connaître les bases théoriques du modèle linéaire.
- Connaître le cadre d'utilisation classique du modèle linéaire.
- Savoir vérifier ses conditions d'utilisation.
- Savoir interpréter les coefficients estimés et utiliser un modèle en inférence.
- Avoir un aperçu des extensions du modèle linéaire.

Plan

1 La régression linéaire multiple

- Modèle et estimation des paramètres
- Conditions d'utilisation
- Inférence

2 Choix d'un modèle

- Comparaison de modèles et sélection de variables
- Modèles polynomiaux
- Transformation de variables

3 Régression et ANOVA

- Modèle d'ANOVA1
- Modèles d'ANOVA 2
- Modèles d'ANCOVA

Exemple inspiré de la littérature

Han *et al.* 2001,
Response Surface Modeling for the Inactivation of *Escherichia coli* O157 :H7 on Green Peppers (*Capsicum annuum* L.) by Chlorine Dioxide Gas Treatments.

■ **4 variables contrôlées :**

- concentration en dioxyde de chlore ClO_2 ($mg.l^{-1}$),
- température T ($^{\circ}C$),
- temps de traitement t (min) et
- humidité relative HR (%).

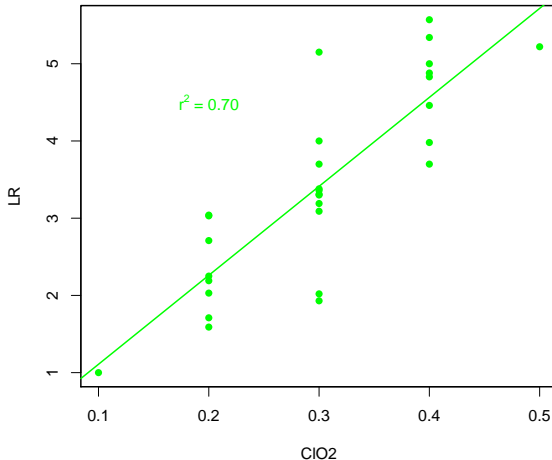
- **Variable observée notée** LR : la réduction bactérienne en UFC (en log) pour 5 g de poivre.

Visualisation du jeu de données

```
> d <- read.table("DATA/han2001.txt", header = TRUE,  
+               stringsAsFactors = TRUE)  
> str(d)  
'data.frame':      29 obs. of  5 variables:  
 $ T    : int  10 20 10 20 10 20 10 20 10 20 ...  
 $ HR    : int  65 65 85 85 65 65 85 85 65 65 ...  
 $ C102  : num  0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.4 0.4 0.4 0.2 0.2 ...  
 $ t     : num  15 15 15 15 15 15 15 15 65 65 ...  
 $ LR    : num  1.59 1.71 2.19 2.25 3.7 3.98 4.88 5 2.03 2.71  
> head(d)  
   T HR C102  t   LR  
1 10 65  0.2 15 1.59  
2 20 65  0.2 15 1.71  
3 10 85  0.2 15 2.19
```

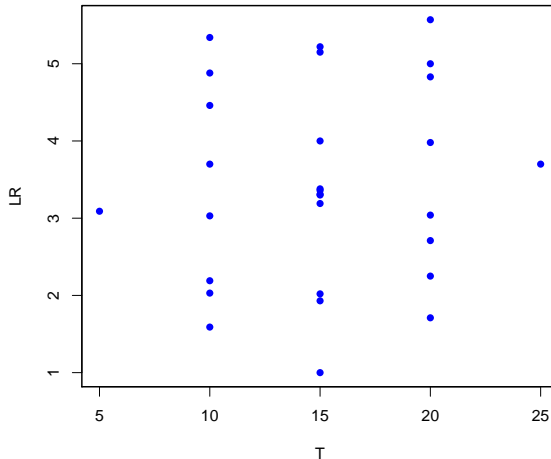
Impact du dioxyde de chlore ?

Diagramme de dispersion et régression simple en ignorant les autres variables de contrôle



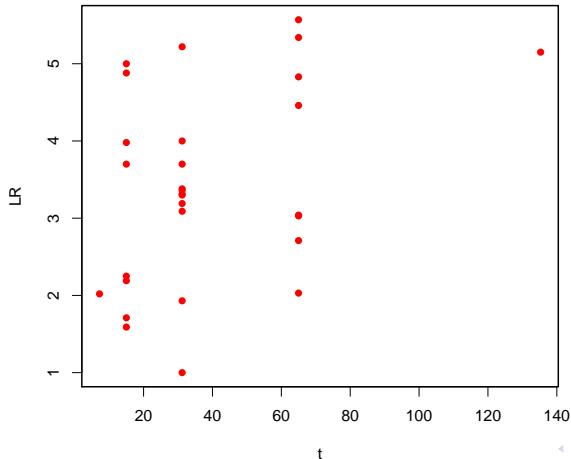
Impact de la température ?

Diagramme de dispersion en ignorant les autres variables de contrôle



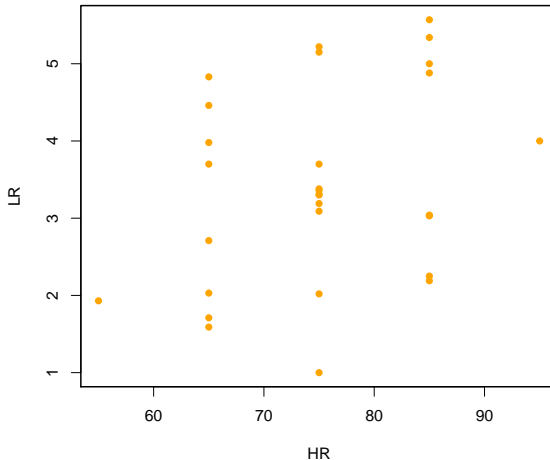
Impact du temps de traitement ?

Diagramme de dispersion en ignorant les autres variables de contrôle



Impact de l'humidité relative ?

Diagramme de dispersion en ignorant les autres variables de contrôle



Prise en compte de plusieurs variables de contrôle

L'effet le plus évident est celui du dioxyde de chlore, mais

- les autres variables n'ont-elles pas d'effet ?
- Serait-il intéressant de les intégrer dans un modèle pour mieux prédire l'effet d'un traitement ?
- Ne pourrait-on pas atteindre un pourcentage de variance expliquée (r^2) supérieur à 70% ?

⇒ intérêt de la **régression multiple**.

Le modèle de régression multiple

Simple extension du modèle de régression linéaire simple permettant la prise en compte de plusieurs variables de contrôle (appelées aussi régresseurs ou covariables).

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_{1i} + \beta_2 X_{2i} + \cdots + \beta_p X_{pi} + \epsilon_i$$

avec $\epsilon_i \sim N(0, \sigma)$

Partie déterministe : relation linéaire

Partie stochastique : modèle gaussien

ϵ_i aléatoires, indépendants, suivant une loi normale (loi de Gauss) de variance résiduelle σ^2 constante.

Méthode d'estimation des paramètres

Comme en régression linéaire simple.

Maximisation de la vraisemblance (maximisation de $Pr(Y|\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p, \sigma)$) qui revient dans le cadre du modèle gaussien à la **minimisation de la Somme des Carrés des Ecart (SCE)**

$$SCE = \sum_{i=1}^n e_i^2 \text{ avec } e_i = Y_i - \hat{Y}_i$$

Problème d'optimisation auquel correspond une solution analytique : $b = (X'X)^{-1}X'y$

$$\text{avec } b = \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_p \end{pmatrix}, X = \begin{pmatrix} 1 & x_{11} & \dots & x_{p1} \\ 1 & x_{12} & \dots & x_{p2} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ 1 & x_{1n} & \dots & x_{pn} \end{pmatrix} \text{ et } y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \dots \\ y_n \end{pmatrix}$$

Régression linéaire multiple avec R

```
> m <- lm(LR ~ T + HR + C102 + t, data = d)  
> m
```

Call:

```
lm(formula = LR ~ T + HR + C102 + t, data = d)
```

Coefficients:

(Intercept)	T	HR	C102	t
-4.3783	0.0258	0.0435	11.5208	0.0177

Régression linéaire multiple avec R

```
> summary(m)
```

Call:

```
lm(formula = LR ~ T + HR + Cl02 + t, data = d)
```

Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-0.8313	-0.0872	0.0269	0.1215	0.4323

Coefficients:

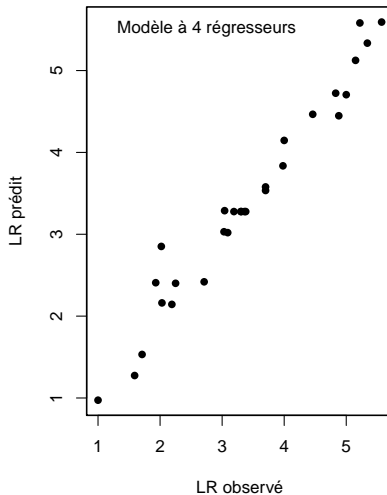
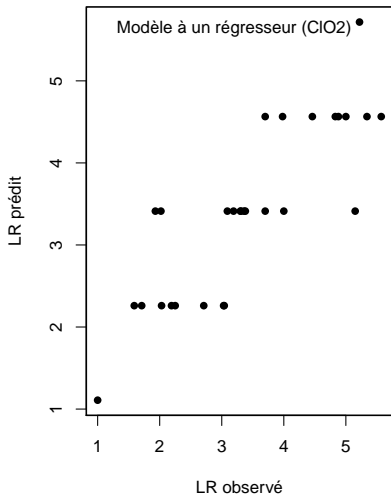
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-4.37830	0.48624	-9.00	3.7e-09
T	0.02575	0.01110	2.32	0.029
HR	0.04346	0.00555	7.83	4.6e-08
Cl02	11.52083	0.55483	20.76	< 2e-16
t	0.01775	0.00188	9.45	1.5e-09

Residual standard error: 0.272 on 24 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.961, Adjusted R-squared: 0.954

F-statistic: 147 on 4 and 24 DF, p-value: <2e-16

Comparaison prédits / observés pour les 2 modèles



Intérêt de la prise en compte de plusieurs régresseurs

Dans cet exemple

- chaque régresseur apporte une contribution significative à l'explication de la variable observée.
- On passe de 70% de variance expliquée (r^2) avec seulement CIO_2 à 96% avec les 4 régresseurs.

Mais le modèle théorique est-il valable, tant pour sa partie déterministe que pour sa partie stochastique ?

⇒ Vérification *a posteriori* des conditions d'utilisation.

Examen des résidus

Même principe qu'en régression linéaire simple : vérification *a posteriori* du modèle d'erreur gaussien (partie stochastique du modèle).

- **graphe des résidus** = examen des résidus en fonction de la variable prédite
- **diagramme Quantile-Quantile** des résidus (vérification de la normalité de leur distribution)
- + examen des **résidus en fonction de chaque régresseur** (notamment pour contrôler la linéarité du modèle)

Graphe des résidus

```
> plot(residuals(m) ~ fitted(m), pch = 16)
```

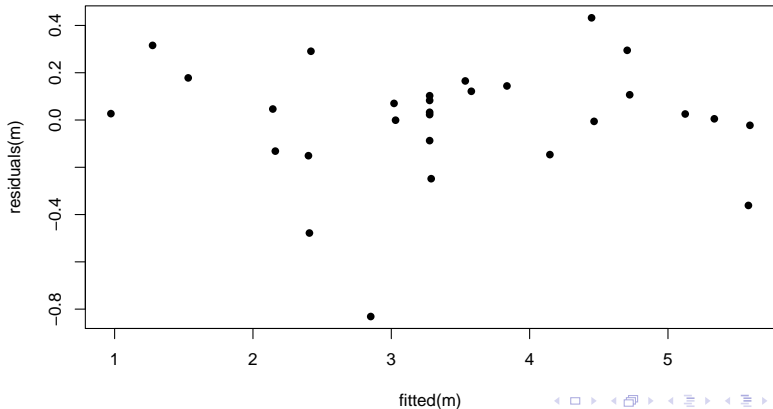
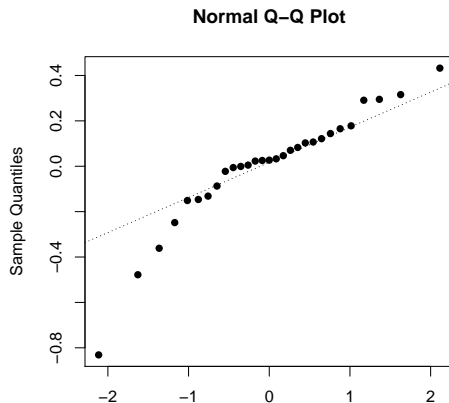


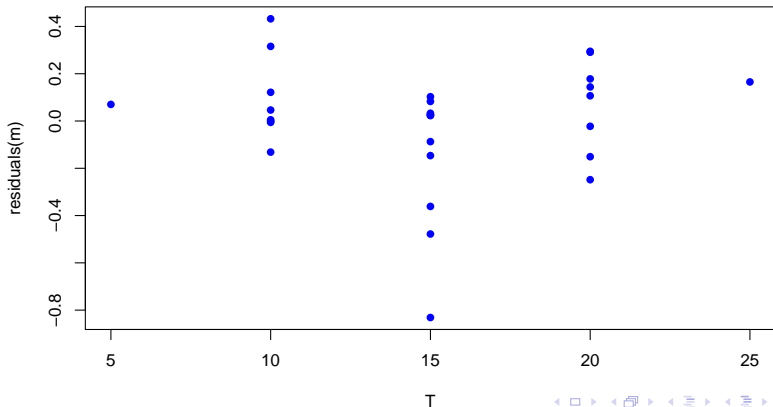
Diagramme Quantile - Quantile des résidus

```
> qqnorm(residuals(m), pch = 16)  
> qqline(residuals(m), lty = 3)
```



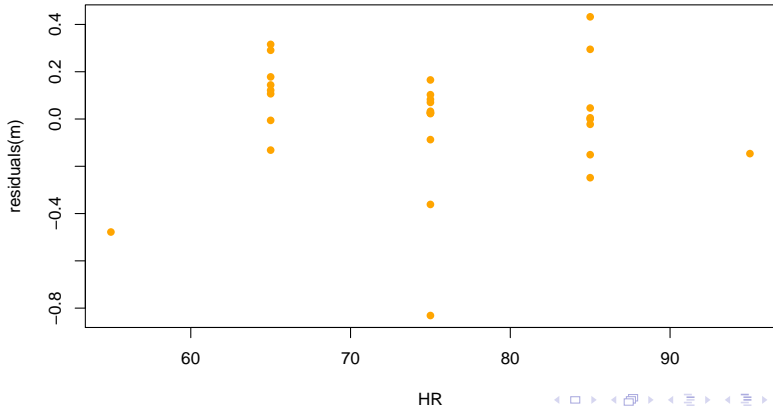
Résidus en fonction de chaque régresseur (1)

```
> plot(residuals(m) ~ T, data = d, pch = 16, col = "blue")
```



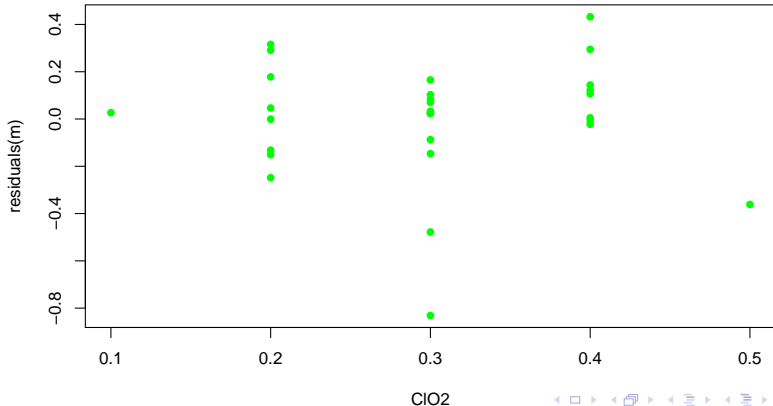
Résidus en fonction de chaque régresseur (2)

```
> plot(residuals(m) ~ HR, data = d, pch = 16, col = "orange")
```



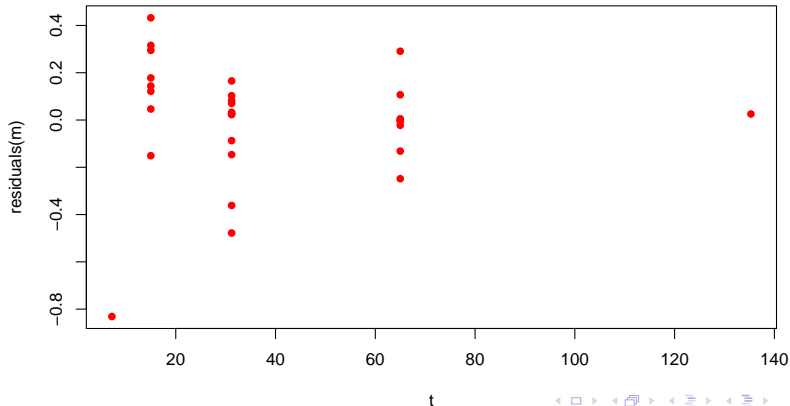
Résidus en fonction de chaque régresseur (3)

```
> plot(residuals(m) ~ C102, data = d, pch = 16, col = "green")
```



Résidus en fonction de chaque régresseur (4)

```
> plot(residuals(m) ~ t, data = d, pch = 16, col = "red")
```



Détection des données influentes - “Jackknife” ou eustachage

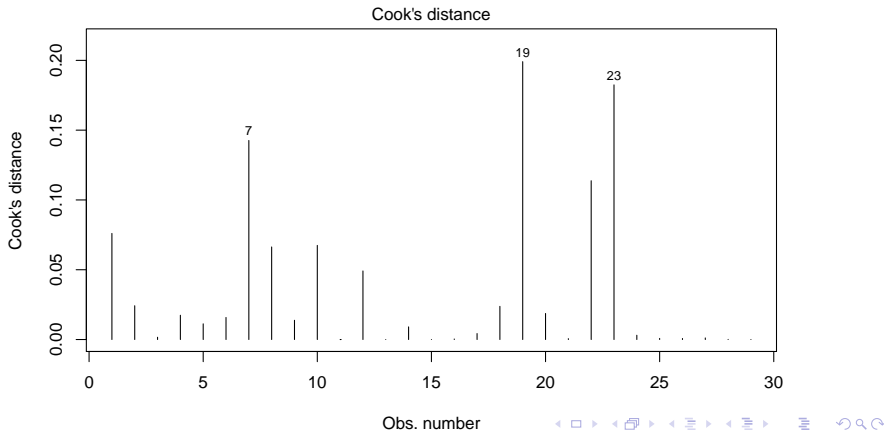
Pour chaque observation $n^{\circ}i$ (i allant de 1 à n)

- réestimation des paramètres du modèle par régression sur le **jeu de données sans l'observation $n^{\circ}i$**
- quantification globale de l'impact de l'observation $n^{\circ}i$ sur l'ensemble des paramètres du modèle - **distance de Cook**

Graphe représentant les distances de Cook en fonction du numéro de l'observation, permettant de détecter d'éventuelles observations nettement plus influentes que les autres.

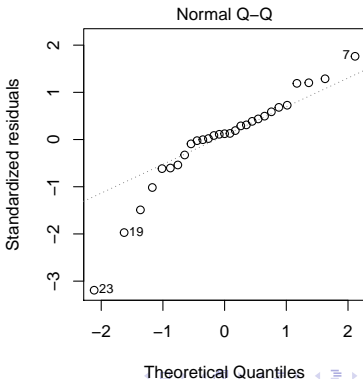
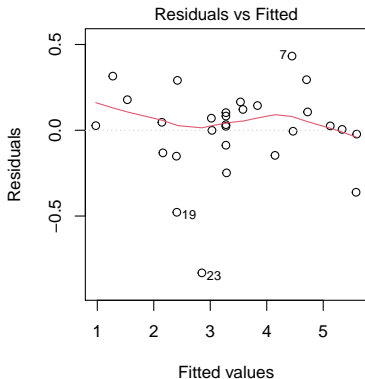
Graphe des distances de Cook

```
> plot(m, which = 4)
```



Repérage possible aussi des observations extrêmes sur le graphe des résidus et le diagramme Quantile-Quantile

```
> plot(m, which = 1); plot(m, which = 2)
```



Que faire en cas de non respect du modèle d'erreur ?

- **Non normalité des résidus et/ou hétéroscedasticité** (variance non constante) : tenter une transformation de variable ou changer la partie stochastique du modèle (modèle généralisé)
- **Non indépendance des résidus** ou non linéarité : tenter une transformation de variable ou utiliser un modèle déterministe plus complexe ou prendre en compte une autocorrélation des résidus (notamment sur séries temporelles).
- **Observations influentes** : examiner de plus près ces observations, et tester la robustesse des conclusions issues de la régression à l'incorporation ou non des ces observations.

Prédiction à partir du modèle

Même principe qu'en régression linéaire.

Intervalle de confiance sur la moyenne (marge d'erreur sur la moyenne)

```
> predict(m, data.frame(T = 10, HR = 80, ClO2 = 0.2, t = 60),  
+         interval="confidence")
```

```
      fit lwr  upr  
1 2.72 2.51 2.94
```

Intervalle de prédiction (marge d'erreur sur une observation prédite)

```
> predict(m, data.frame(T = 10, HR = 80, ClO2 = 0.2, t = 60),  
+         interval="prediction")
```

```
      fit lwr  upr  
1 2.72 2.12 3.33
```

approché souvent par $\hat{Y}_0 \pm 2 \times \sigma$

Coefficients du modèle et interprétation

```
> coef(m)
```

(Intercept)	T	HR	C102	t
-4.3783	0.0258	0.0435	11.5208	0.0177

$$LR = -4.38 + 0.0258T + 0.0435HR + 11.5C/O_2 + 0.0177t$$

Exemple d'interprétation :

Toutes conditions égales par ailleurs, quand on augmente la concentration en C/O_2 de 0.1, on augmente le log de la réduction décimale (LR) de 1.15.

Coefficients du modèle dans le résumé et tests de nullité de chacun d'eux associés

```
> summary(m)$coefficients
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-4.3783	0.48624	-9.00	3.66e-09
T	0.0258	0.01110	2.32	2.91e-02
HR	0.0435	0.00555	7.83	4.58e-08
C102	11.5208	0.55483	20.76	7.63e-17
t	0.0177	0.00188	9.45	1.45e-09

Chaque valeur de p correspond au test de l'égalité à 0 du coefficient associé, les autres étant pris en compte dans le modèle.

Intervalles de confiance sur les coefficients (ou paramètres) du modèle

```
> confint(m)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-5.38184	-3.3747
T	0.00285	0.0487
HR	0.03201	0.0549
C102	10.37571	12.6660
t	0.01387	0.0216

A noter ici que tous les coefficients ont un intervalle de confiance ne comprenant pas 0 (corrobore les résultats affichés dans le résumé du modèle).

Cas de régresseurs non contrôlés ou données non issues d'un plan d'expérience

Ciliberti *et al.* 2011,
The Nile monitor (*Varanus niloticus*; Squamata : Varanidae) as a
sentinel species for lead and cadmium contamination in
sub-Saharan wetlands.

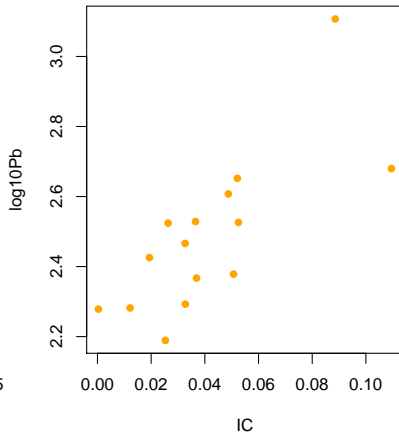
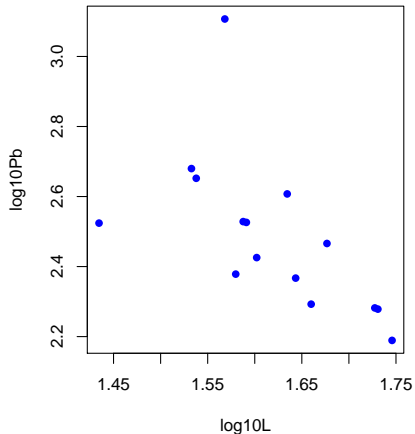
Modélisation de la teneur en plomb (en \log_{10} : $\log_{10}Pb$) dans
le rein de varans en fonction

- de la **longueur museau - cloaque** (L)
- et de l'**indice corporel** (IC - part de masse grasseuse).

Visualisation du jeu de données

```
> dvar <- read.table("DATA/Pbvarans.txt", header = TRUE,
+                     stringsAsFactors = TRUE)
> str(dvar)
'data.frame':      15 obs. of  4 variables:
 $ log10M : num  -0.466 0.33 0.292 0.215 0.225 ...
 $ log10L : num  1.43 1.66 1.68 1.63 1.64 ...
 $ IC      : num  0.0263 0.0327 0.0327 0.0488 0.0369 ...
 $ log10Pb: num  2.52 2.29 2.47 2.61 2.37 ...
> head(dvar)
      log10M log10L      IC log10Pb
1 -0.4660    1.43 0.0263    2.52
2  0.3304    1.66 0.0327    2.29
3  0.2923    1.68 0.0327    2.47
4  0.2148    1.63 0.0488    2.61
```

Données en fonction de chaque régresseur potentiel



Modèle linéaire incluant les 2 régresseurs

```
> m.IC.L <- lm(log10Pb ~ log10L + IC, data = dvar)
> summary(m.IC.L)
```

Call:

```
lm(formula = log10Pb ~ log10L + IC, data = dvar)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.2048	-0.0976	0.0225	0.0613	0.3522

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	3.478	0.921	3.78	0.0026
log10L	-0.740	0.546	-1.36	0.2001
IC	4.940	1.652	2.99	0.0113

Residual standard error: 0.148 on 12 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.63, Adjusted R-squared: 0.569

F-statistic: 10.2 on 2 and 12 DF, p-value: 0.00255

Interprétation des coefficients du modèle

```
> coef(m.IC.L)
```

(Intercept)	log10L	IC
3.48	-0.74	4.94

Interprétation en prenant en compte la variabilité de chaque régresseur dans le jeu de données

(ici en multipliant par l'écart type du régresseur) :

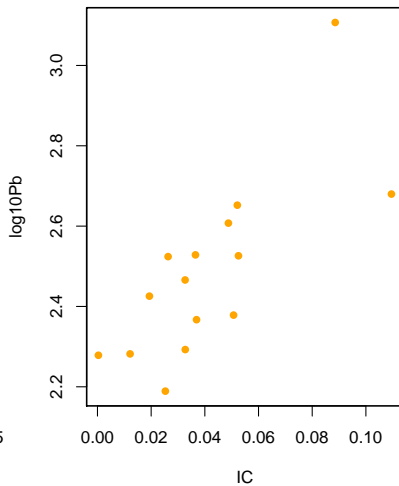
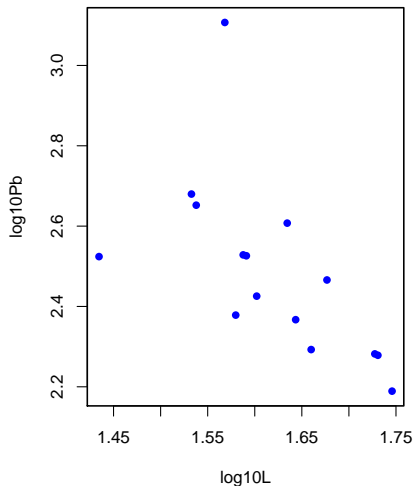
```
> coef(m.IC.L)["log10L"] * sd(dvar$log10L)
```

```
log10L  
-0.0627
```

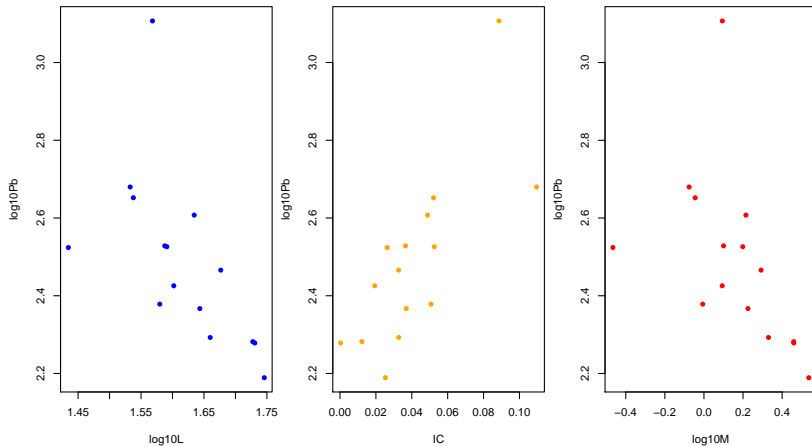
```
> coef(m.IC.L)["IC"] * sd(dvar$IC)
```

```
IC  
0.138
```

Variable observée en fonction de chacun des régresseurs



Inclusion d'un 3ème régresseur : la masse corporelle M



Modèle linéaire incluant 3 régresseurs

```
> m.IC.L.M <- lm(log10Pb ~ IC + log10L + log10M, data = dvar)
> summary(m.IC.L.M)
```

Call:

```
lm(formula = log10Pb ~ IC + log10L + log10M, data = dvar)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.1599	-0.1180	0.0109	0.0626	0.3240

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	8.085	4.544	1.78	0.103
IC	3.838	1.961	1.96	0.076
log10L	-3.653	2.866	-1.27	0.229
log10M	0.927	0.895	1.04	0.323

Residual standard error: 0.147 on 11 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.663, Adjusted R-squared: 0.571

F-statistic: 7.22 on 3 and 11 DF, p-value: 0.006

Interprétation des coefficients du modèle

```
> coef(m.IC.L.M)
```

(Intercept)	IC	log10L	log10M
8.085	3.838	-3.653	0.927

Signe contre-intuitif du coefficient associé au régresseur *log10M*.

D'où cela vient-il ?

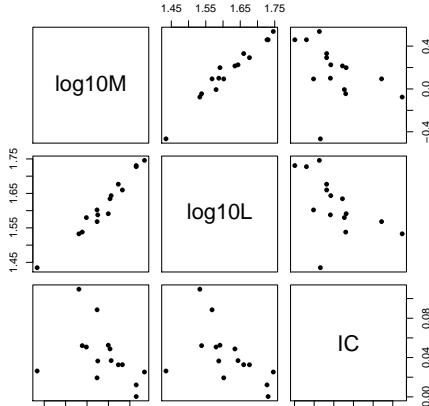
A noter par ailleurs qu'aucun coefficient ne semble significativement différent de 0.

```
> confint(m.IC.L.M)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-1.917	18.09
IC	-0.479	8.15
log10L	-9.962	2.66
log10M	-1.044	2.90

Difficulté d'interprétation des coefficients du modèle due à la corrélation entre les régresseurs $\log_{10}M$ et $\log_{10}L$

```
> pairs(dvar[1:3], pch = 16)
```



Difficulté liée aux régresseurs non contrôlés (données non issues d'un plan d'expérience)

Corrélation potentielle entre les régresseurs induisant

- une difficulté d'interprétation des coefficients du modèle
- et des coefficients non significativement différents de 0.

Nécessaire **sélection**,

si possible *a priori*,

des régresseurs inclus dans le modèle en **évitant les corrélations fortes entre régresseurs**.

A vous de jouer !

Consigne

Traitez l'exercice 1 en vous servant du guide sur notre site d'enseignement : <http://www2.vetagro-sup.fr/ens/biostat/guideRmodlin.pdf>.

Plan

1 La régression linéaire multiple

- Modèle et estimation des paramètres
- Conditions d'utilisation
- Inférence

2 Choix d'un modèle

- Comparaison de modèles et sélection de variables
- Modèles polynomiaux
- Transformation de variables

3 Régression et ANOVA

- Modèle d'ANOVA1
- Modèles d'ANOVA 2
- Modèles d'ANCOVA

Principe de parcimonie

Un modèle ne doit pas contenir plus de paramètres qu'il n'en faut pour décrire correctement les données.

- Il est dangereux d'essayer de faire rentrer dans la partie déterministe ce qui est stochastique.
- La surparamétrisation induit un manque de robustesse et rend le modèle peu généralisable.
- ATTENTION la part de variance expliquée (r^2) augmente toujours lorsqu'on ajoute des régresseurs.
- Les tests de modèles emboîtés et des critères d'ajustement pénalisés sont plus adaptés pour aider à sélectionner *a posteriori* les régresseurs.

Test F des modèles emboîtés

- Soit SCE_p la SCE du modèle le plus complet à p paramètres,
- soit SCE_q la SCE d'un modèle simplifié du modèle complet à q paramètres ($q < p$),

La statistique

$$F = \frac{(SCE_q - SCE_p) \times (n - p)}{SCE_p \times (p - q)}$$

suit la loi de Fisher et Snedecor de degré de liberté $p - q$ et $n - p$ sous l'hypothèse d'équivalence des 2 modèles.

Le rejet de H_0 indique que le modèle complet décrit significativement mieux les données que le modèle partiel.

Test des modèles emboîtés avec **R** sur exemple précédent

```
> anova(m.IC.L, m.IC.L.M)
```

Analysis of Variance Table

Model 1: $\log_{10}Pb \sim \log_{10}L + IC$

Model 2: $\log_{10}Pb \sim IC + \log_{10}L + \log_{10}M$

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	12	0.263				
2	11	0.239	1	0.0233	1.07	0.32

L'ajout du régresseur $\log_{10}M$ ne permet pas de décrire significativement mieux les données.

Comparaison du modèle à 3 régresseurs avec le modèle prenant en compte uniquement IC

```
> m.IC <- lm(log10Pb ~ IC, data = dvar)
> anova(m.IC, m.IC.L.M)
```

Analysis of Variance Table

Model 1: $\log_{10}Pb \sim IC$

Model 2: $\log_{10}Pb \sim IC + \log_{10}L + \log_{10}M$

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	13	0.303				
2	11	0.239	2	0.0635	1.46	0.27

L'ajout des régresseurs $\log_{10}M$ et $\log_{10}L$ ne permet pas de décrire significativement mieux les données.

Critères d'information pénalisés (AIC, BIC)

La **vraisemblance** est exprimée en log et à une constante près :

$$\logLikelihood = \ln(\Pr(y \mid \beta, \sigma^2)) + \text{const.}$$

La **déviance** ($-2\logLikelihood$) est pénalisée par un terme fonction de la complexité du modèle dans les critères d'information :

- **Critères d'information d'Akaïké :**

$$AIC = -2 \times \logLikelihood + 2 \times p$$

avec p le nombre de paramètres du modèle (constante et σ compris)

- **Critères d'information de Schwarz :**

$$BIC = -2 \times \logLikelihood + \ln(n) \times p$$

avec n le nombre d'observations.

Plus le critère est faible, meilleur le modèle est considéré, mais en pratique une différence inférieure à quelques unités n'est pas très probante

Comparaison des AIC de tous les modèles possibles

```
> m.IC.M <- lm(log10Pb ~ IC + log10M, data = dvar)
> m.L.M <- lm(log10Pb ~ log10L + log10M, data = dvar)
> m.L <- lm(log10Pb ~ log10L, data = dvar)
> m.M <- lm(log10Pb ~ log10M, data = dvar)
> AIC(m.IC.L.M, m.IC.L, m.IC, m.IC.M, m.L.M, m.L, m.M)
```

	df	AIC
m.IC.L.M	5	-9.51
m.IC.L	4	-10.11
m.IC	3	-9.97
m.IC.M	4	-9.44
m.L.M	4	-7.03
m.L	3	-3.76
m.M	3	-1.36

Le modèle à deux régresseurs avec IC et L semblerait meilleur, mais de si peu.

Comparaison des BIC de tous les modèles possibles

```
> AIC(m.IC.L.M, m.IC.L, m.IC, m.IC.M, m.L.M, m.L, m.M,  
+      k = log(nrow(dvar)))
```

	df	AIC
m.IC.L.M	5	-5.967
m.IC.L	4	-7.280
m.IC	3	-7.850
m.IC.M	4	-6.609
m.L.M	4	-4.194
m.L	3	-1.633
m.M	3	0.769

```
> # code équivalent
```

```
> #BIC(m.IC.L.M, m.IC.L, m.IC, m.IC.M, m.L.M, m.L, m.M)
```

Le modèle à un seul régresseur IC serait choisi, là encore de très peu.

Méthodes de sélection automatique de variables

Il n'est pas toujours possible d'écrire tous les modèles quand le nombre de régresseurs potentiel augmente (trop grand nombre de modèles).

Il existe des méthodes automatiques de sélection de variables basées sur l'un des critères vus précédemment (test F, AIC, BIC). La **sélection** peut-être

- **descendante** (on part du modèle le plus complet),
- **ascendante** (on part du modèle le plus simple et on indique le modèle le plus complet),
- **stepwise** à chaque étape on s'autorise à ajouter ou enlever une variable (le plus efficace pour améliorer le critère), en partant du modèle nul, du modèle complet, ou d'un modèle intermédiaire.

Exemple de sélection descendante sur la base de l'AIC

```
> selecdesc <- step(m.IC.L.M, trace = 0)  
> selecdesc
```

Call:

```
lm(formula = log10Pb ~ IC + log10L, data = dvar)
```

Coefficients:

(Intercept)	IC	log10L
3.48	4.94	-0.74

Le modèle à deux régresseurs IC et L serait choisi.

Exemple de sélection ascendante sur la base de l'AIC

```
> m.0 <- lm(log10Pb ~ 1, data = dvar)
> selecasc <- step(m.0, scope = log10Pb ~ IC + log10L + log10M,
+                   direction = "forward", trace = 0)
> selecasc
```

Call:

```
lm(formula = log10Pb ~ IC + log10L, data = dvar)
```

Coefficients:

(Intercept)	IC	log10L
3.48	4.94	-0.74

Le modèle à deux régresseurs IC et L serait à nouveau choisi.

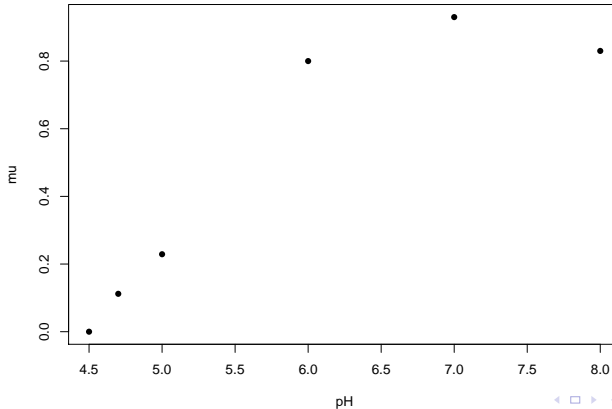
Il n'est néanmoins pas du tout systématique d'obtenir le même résultat avec les deux méthodes.

Limite de ces méthodes

- Les différentes méthodes (AIC, BIC, test F) donnent souvent des résultats différents. Laquelle utiliser ?
- **Il ne semble pas raisonnable d'utiliser aveuglément l'une quelconque d'entre elles pour choisir son modèle.**
- L'expertise biologique est capitale dans la construction et/ou le choix d'un modèle.
- On dit qu'une **différence d'AIC** (ou BIC) commence à donner des arguments en faveur d'un modèle si elle dépasse 2 et devient **vraiment probante si elle dépasse 10**.

Que faire lorsque les points ne sont pas alignés

Exemple de la modélisation de l'effet du pH du milieu de culture sur un taux de croissance microbien.



Ajustement d'un modèle polynomial

Essai d'ajustement d'un modèle polynomial de degré 2 :

$$\mu = \beta_0 + \beta_1 \times pH + \beta_2 \times pH^2 + \epsilon \text{ avec } \epsilon \sim N(0, \sigma)$$

On reste dans le cadre de la régression linéaire multiple avec deux régresseurs corrélés, pH et pH^2 .

```
> (mpH2 <- lm(mu ~ pH + I(pH^2), data = dpH))
```

Call:

```
lm(formula = mu ~ pH + I(pH^2), data = dpH)
```

Coefficients:

(Intercept)	pH	I(pH^2)
-6.229	2.011	-0.141

Résumé des résultats d'ajustement du modèle

```
> summary(mpH2)
```

Call:

```
lm(formula = mu ~ pH + I(pH^2), data = dpH)
```

Residuals:

1	2	3	4	5	6
0.03542	0.00474	-0.07111	0.04038	-0.00704	-0.00239

Coefficients:

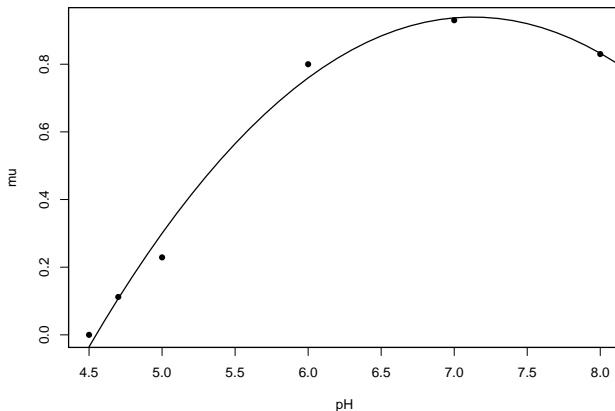
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-6.2286	0.6753	-9.22	0.0027
pH	2.0109	0.2267	8.87	0.0030
I(pH^2)	-0.1410	0.0183	-7.72	0.0045

Residual standard error: 0.0517 on 3 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.991, Adjusted R-squared: 0.984

F-statistic: 159 on 2 and 3 DF, p-value: 0.000907

Visualisation de l'ajustement du modèle



Ajustement d'un modèles polynomial de degré 3

```
> mpH3 <- lm(mu ~ pH + I(pH^2) + I(pH^3), data = dpH)
> summary(mpH3)$coefficients
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-2.770	5.6838	-0.4874	0.674
pH	0.281	2.8293	0.0993	0.930
I(pH^2)	0.141	0.4594	0.3064	0.788
I(pH^3)	-0.015	0.0244	-0.6140	0.602

Ajustement d'un modèle polynomial de degré 4

```
> mpH4 <- lm(mu ~ pH + I(pH^2) + I(pH^3) + I(pH^4), data = dpH)
> summary(mpH4)$coefficients
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	49.6887	22.8983	2.17	0.275
pH	-35.0198	15.3410	-2.28	0.263
I(pH^2)	8.9199	3.8035	2.35	0.257
I(pH^3)	-0.9712	0.4136	-2.35	0.256
I(pH^4)	0.0385	0.0166	2.31	0.260

Comparaison des r^2 des modèles

```
> summary(mph2)$r.squared
```

```
[1] 0.991
```

```
> summary(mph3)$r.squared
```

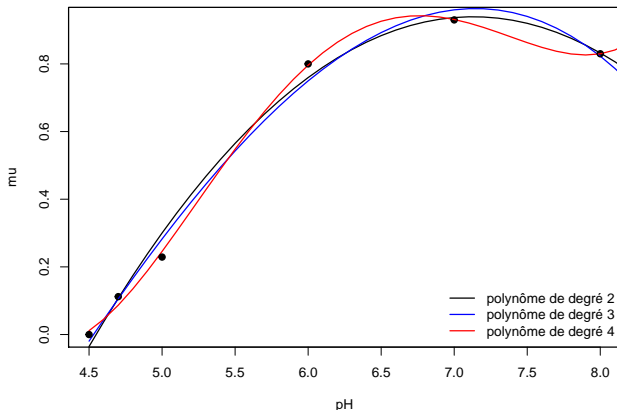
```
[1] 0.992
```

```
> summary(mph4)$r.squared
```

```
[1] 0.999
```

Plus le degré du polynôme est élevé et plus la part de variation expliquée par la régression (r^2) est grande, mais ATTENTION !

Visualisation de l'ajustement des modèles



Le modèle polynomial de degré 4 n'aurait bien sûr aucun sens biologique!

Comparaison des r^2 ajustés des modèles

Si l'on veut regarder les r^2 mieux vaut regarder les r^2 ajustés (pénalisés par la complexité du modèle)

$$= 1 - \frac{(1-r^2)(n-1)}{n-k-1} \text{ (avec } n \text{ observations et } k \text{ régresseurs)}$$

```
> summary(mpH2)$adj.r.squared
```

```
[1] 0.984
```

```
> summary(mpH3)$adj.r.squared
```

```
[1] 0.98
```

```
> summary(mpH4)$adj.r.squared
```

```
[1] 0.994
```

Ici on voit qu'on perd en passant de mpH2 à mpH3 mais mpH4 apparaît meilleur alors qu'il n'a aucun sens biologique (le taux de croissance ne remonte bien sûr pas à un fort pH).

Et que nous disent les AIC sur cet exemple ?

```
> AIC(mpH2, mpH3, mpH4)
```

	df	AIC
mpH2	4	-14.7
mpH3	5	-13.7
mpH4	6	-22.8

Sur l'AIC le modèle polynomial de degré 4 serait encore choisi dans cet exemple, ce qui serait stupide d'un point de vue biologique. En pratique il n'est pas raisonnable d'utiliser l'AIC sur un effectif aussi petit par rapport au nombre de paramètres à estimer et généralement sur les effectifs petits mieux vaut utiliser l'AIC corrigé :

$$AICc = -2\log\text{Likelihood} + 2p + \frac{2p(p+1)}{n-p-1}$$

Quelques règles de prudence

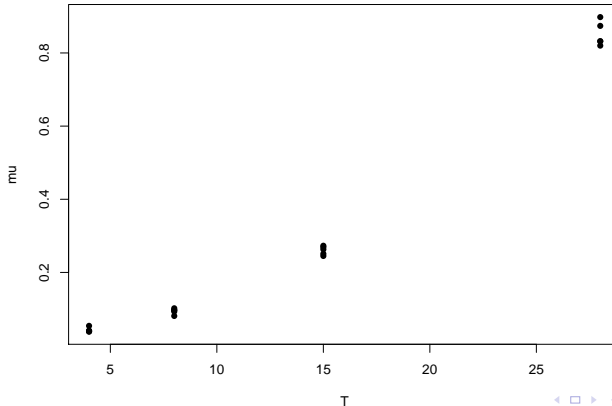
- Il n'est pas prudent d'utiliser plus de paramètres que nécessaire pour décrire correctement les données (**principe de parcimonie**).
- La **surparamétrisation induit souvent un manque de robustesse** et un modèle peu généralisable.
- Les tests des modèles emboîtés et critères d'information **ne peuvent en aucun cas remplacer l'oeil expert du biologiste**.
- Une stratégie possible : classer les modèles suivant leurs AIC et choisir sur des arguments biologiques entre les meilleurs (avec AIC peu différents).

Dans tous les cas

Il est indispensable de s'assurer de la pertinence biologique du modèle ajusté !

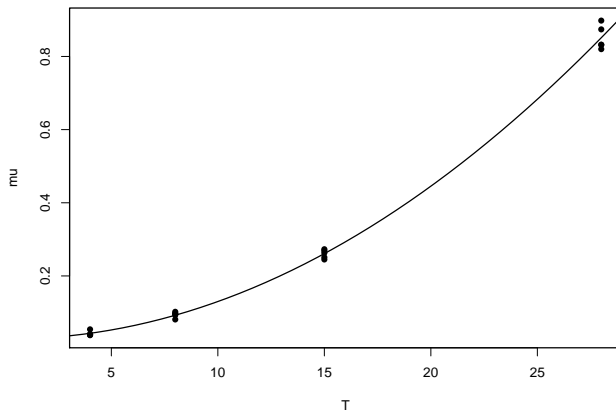
Autre exemple nécessitant un méthode alternative

Exemple de la modélisation de l'effet de la température du milieu de culture sur un taux de croissance microbien.



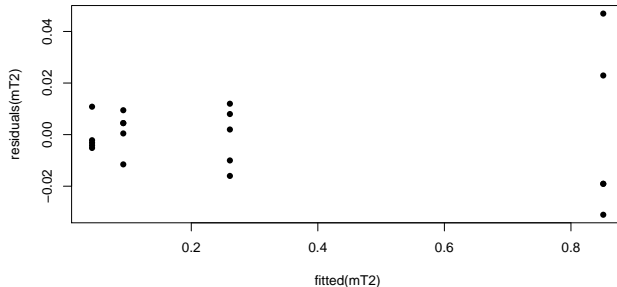
Essai d'ajustement d'un modèle polynomial de degré 2

```
> mT2 <- lm(mu ~ T + I(T^2), data = dT)
```



Regardons de plus près les résidus

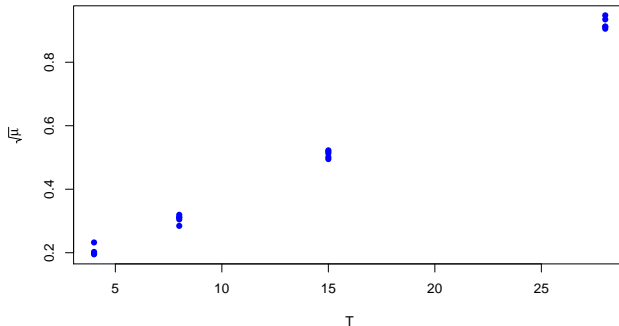
```
> plot(residuals(mT2) ~ fitted(mT2), pch = 16)
```



On observe une nette augmentation de l'amplitude des résidus lorsque le taux de croissance augmente.

Une alternative envisageable : la transformation de variable

Transformation du taux de croissance en racine carrée qui sur cet exemple linéarise la relation et stabilise la variance.

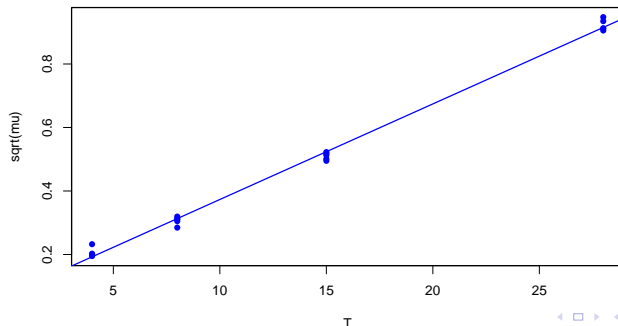


Ajustement d'un modèle linéaire sur $\sqrt{\mu}$

$$\sqrt{\mu} = \beta_0 + \beta_1 \times T + \epsilon \text{ avec } \epsilon \sim N(0, \sigma)$$

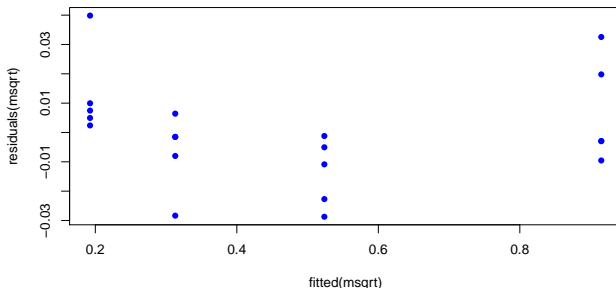
On reste dans le cadre de la régression linéaire multiple avec un régresseur, T , et une variable observée transformée, $\sqrt{\mu}$.

```
> msqrt <- lm(sqrt(mu) ~ T, data = dT)
```



Regardons les résidus avec cette alternative

```
> plot(residuals(msqrt) ~ fitted(msqrt), pch = 16, col = "blue")
```



Ce n'est pas parfait mais mieux : on n'a plus d'hétéroscédasticité mais une légère tendance à la non linéarité.

Transformations de variables classiques à explorer

Quelques **transformations de variables classiquement utilisées** pour tenter de se ramener à un **modèle linéaire gaussien** :

- transformation **logarithmique** (quand la variable est strictement positive et varie sur plusieurs ordres de grandeurs),
- transformation **en racine carrée** (notamment quand les données sont des comptages),
- transformation **logit** ($\text{logit}(y) = \ln \frac{y}{1-y}$ lorsque y est une variable strictement comprise entre 0 et 1).

On n'arrive pas à se ramener à un modèle linéaire gaussien dans tous les cas. On utilise un **modèle non linéaire** et/ou un **modèle linéaire généralisé** (non gaussien) dans les autres cas.

A vous de jouer !

Consigne

Traitez l'exercice 2 puis pour les plus rapides les exercices 6 et 7.

Plan

1 La régression linéaire multiple

- Modèle et estimation des paramètres
- Conditions d'utilisation
- Inférence

2 Choix d'un modèle

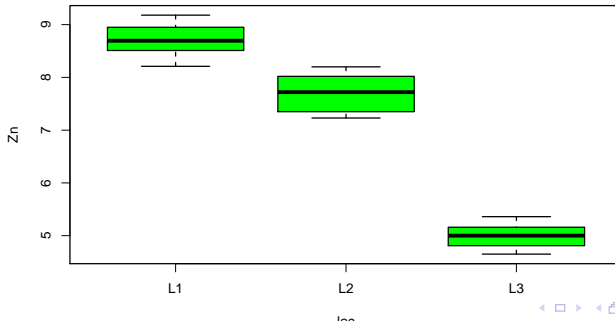
- Comparaison de modèles et sélection de variables
- Modèles polynomiaux
- Transformation de variables

3 Régression et ANOVA

- Modèle d'ANOVA1
- Modèles d'ANOVA 2
- Modèles d'ANCOVA

Quand la variable explicative est qualitative - ANOVA et modèle linéaire

Exemple de l'étude de la concentration en zinc dans des moules en fonction du lac d'origine
(trois lacs correspondant à trois niveaux d'exposition différents).



Codage d'une variable explicative qualitative dans un modèle linéaire

Codage d'une variable explicative qualitative à partir de variables indicatrices.

- Ex. de codage d'une variable à 2 modalités :
sexe = 1 si femelle, 0 si mâle.
- Ex. de codage d'une variable à 3 modalités
(cf. exemple précédent) :
 $X_1 = 1$ si lac L1
 $X_2 = 1$ si lac L2
et donc si $X_1 = X_2 = 0$ c'est le lac L3.
- Dans le cas général il suffit de $p - 1$ variables indicatrices pour coder une variable à p modalités.

le modèle d'ANOVA 1 : un modèle linéaire gaussien

- Ecriture classique d'un modèle d'ANOVA 1 avec $p = 3$:
 $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \epsilon_{ij}$ avec $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma)$ et $\alpha_1 + \alpha_2 + \alpha_3 = 0$
- Ecriture sous forme d'un modèle linéaire à l'aide des deux variables indicatrices X_1 et X_2 codant pour les modalités 1 et 2 du facteur étudié :
 $Y_k = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \epsilon_k$ avec $\epsilon_k \sim N(0, \sigma)$
- Lien entre les deux écritures :
$$\alpha_1 = \beta_0 + \beta_1 - \mu$$
$$\alpha_2 = \beta_0 + \beta_2 - \mu$$
$$\alpha_3 = \beta_0 - \mu$$
$$\mu = \beta_0 + \frac{\beta_1 + \beta_2}{3}$$

Contrainte nécessaire sur les α_i dans une écriture de type ANOVA

- Ecriture sous forme de modèle linéaire avec 4 paramètres :
 $\beta_0, \beta_1, \beta_2, \sigma$

- Ecriture de type ANOVA avec 5 paramètres (un de trop) :
 $\mu, \alpha_1, \alpha_2, \alpha_3, \sigma$

paramètres non identifiables, d'où la nécessité d'une contrainte.

Contraintes classiques :

- contrainte de type somme : $\sum \alpha_i = 0$
(μ moyenne globale)
- contrainte de type cellule de référence
(ex. $\alpha_1 = 0$, μ moyenne du groupe de référence)

Définition des contraintes dans R

- **Contrainte définie par défaut de type cellule de référence :**

```
> options(contrasts = c("contr.treatment", "contr.treatment"))
```

On peut choisir le groupe de référence en changeant l'ordre des modalités du facteur.

Ex. pour prendre le lac L2 comme groupe de référence :

```
dZn$lac <- factor(dZn$lac, levels = c("L2", "L3", "L1"))
```

- **Contrainte de type somme aussi utilisable à l'aide de l'option suivante :**

```
options(contrasts = c("contr.sum", "contr.sum"))
```

ANOVA avec la fonction `lm()`

Deux façons d'obtenir le tableau d'ANOVA :

```
> a <- aov(Zn ~ lac, data = dZn)
> summary(a)
```

ou

```
> m <- lm(Zn ~ lac, data = dZn)
> anova(m)
```

Analysis of Variance Table

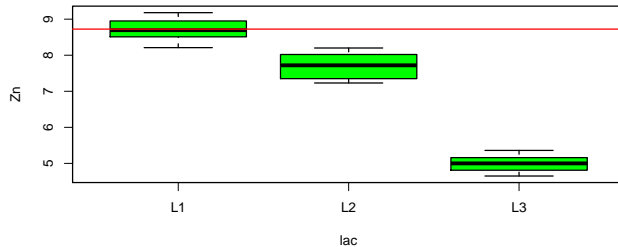
Response: Zn

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
lac	2	74.1	37.1	378	<2e-16
Residuals	27	2.6	0.1		

Interprétation des coefficients du modèle linéaire avec la contrainte de type cellule de référence

```
> coef(m)
```

(Intercept)	lacL2	lacL3
8.72	-1.04	-3.73

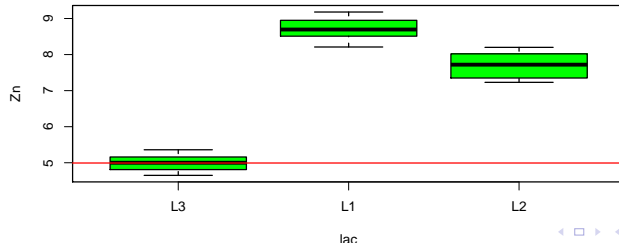


Contrainte de type cellule de référence avec changement du groupe de référence

On peut par exemple définir le site le moins contaminé comme référence :

```
> dZn$lac <- factor(dZn$lac, levels = c("L3", "L1", "L2"))
> m <- lm(Zn ~ lac, data = dZn)
> coef(m)
```

(Intercept)	lacL1	lacL2
4.99	3.73	2.69



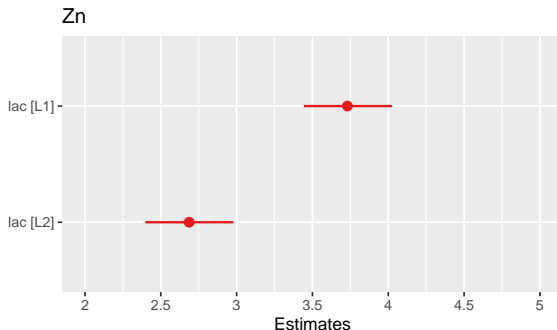
Intervalles de confiance associés aux différences estimées par rapport au groupe de référence

```
> confint(m)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	4.79	5.20
lacL1	3.44	4.02
lacL2	2.40	2.97

Représentation des différences estimées avec leur intervalle de confiance à l'aide du package sjPlot

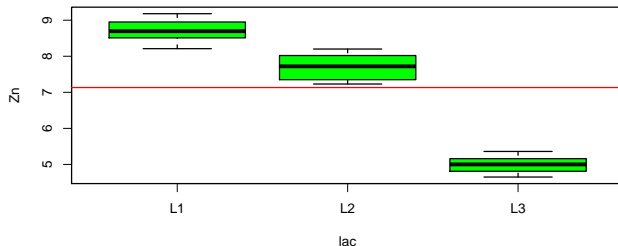
```
> library(sjPlot)  
> plot_model(m)
```



Interprétation des coefficients du modèle linéaire avec la contrainte de type somme

```
> options(contrasts = c("contr.sum", "contr.sum"))  
> m <- lm(Zn ~ lac, data = dZn)  
> coef(m)
```

(Intercept)	lac1	lac2
7.132	1.592	0.548



Deux variables explicatives qualitatives - ANOVA 2 cas du modèle croisé fixe avec répétitions

Exemple de l'étude de l'action de l'adrénaline et de la pitressine sur l'équilibre hydrique de têtards de crapauds.

- **1er facteur fixe étudié (noté A)** : adrénaline (2 modalités)
- **2ème facteur fixe étudié (noté B)** : pitressine (2 modalités)
- **variable observée (notée Y)** : variation horaire du poids de l'animal après le traitement

Les données : les valeurs de Y sur 4 échantillons de taille 5 correspondant au croisement des modalités des 2 facteurs.

Codage des données

```
> d <- read.table("DATA/ADREPITRE.txt", header = TRUE,
+                 stringsAsFactors = TRUE)
> str(d)
```

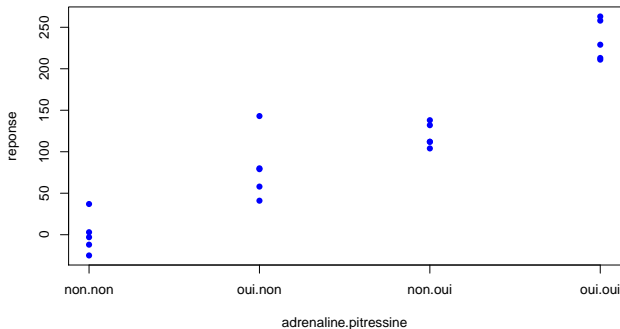
```
'data.frame':      20 obs. of  3 variables:
 $ adrenaline: Factor w/ 2 levels "non","oui": 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...
 $ pitressine: Factor w/ 2 levels "non","oui": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ reponse   : int  -25 -3 -12 37 3 143 41 58 80 79 ...
```

```
> head(d)
```

	adrenaline	pitressine	reponse
1	non	non	-25
2	non	non	-3
3	non	non	-12
4	non	non	37
5	non	non	3
6	oui	non	143

Une visualisation simple de l'ensemble des points observés

```
> stripchart(reponse ~ adrenaline:pitressine, vertical = TRUE, data = d  
+ pch = 16, col = "blue", xlab = "adrenaline.pitressine")
```

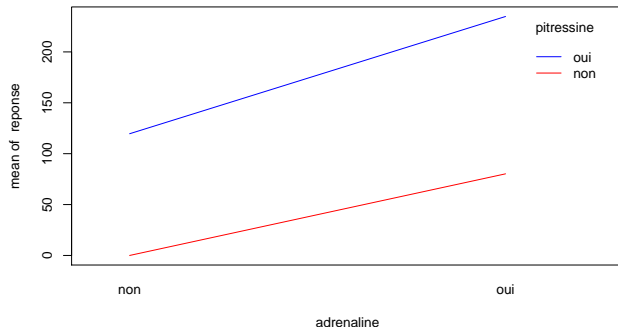


Une visualisation colorée avec ggplot2

```
> library(ggplot2)
> qplot(adrenaline, reponse, data = d, colour = pitressine)
```

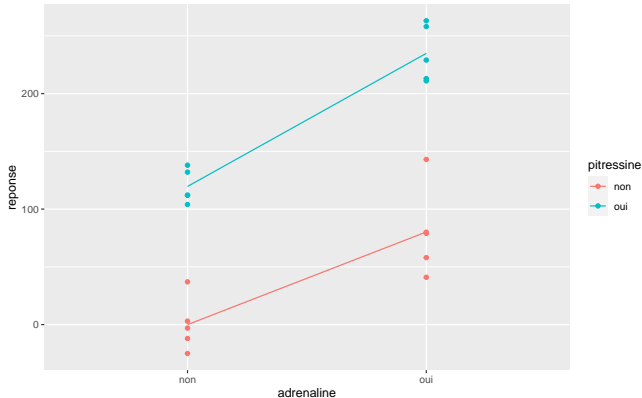
Une visualisation sous forme de graphe d'interaction

```
> within(d, interaction.plot(adrenaline, pitressine, reponse,  
+                             lty = c(1, 1), col = c("red", "blue")))
```



Graphique d'interaction plus informatif avec ggplot2

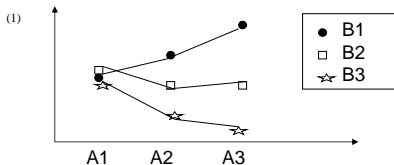
```
> qplot(adrenaline, reponse, data = d, colour = pitressine) +  
+   stat_summary(fun = mean, geom = "line", aes(group = pitressine))
```



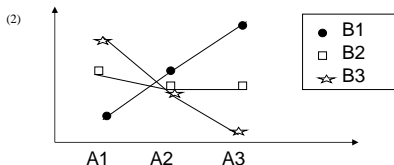
Interaction entre deux facteurs

- A et B peuvent avoir chacun un effet sur la variable observée sans qu'il y ait interaction entre les 2 facteurs (cf. ex. précédent).
- **On parle d'interaction entre A et B si l'effet de A n'est pas le même suivant la modalité de B (et réciproquement).**
- Le graphe d'interaction permet de mettre en évidence une interaction : segments non parallèles.
- Un modèle sans interaction est dit additif.
- La présence d'une interaction gêne (voire empêche) d'interpréter séparément les effets de A et B.

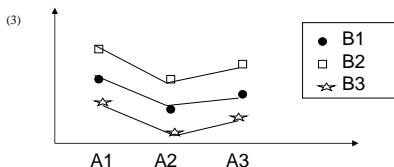
Exemples de situations quant à l'interaction



Il y a un effet de B pour la modalité A3 mais pas pour la modalité A1, donc **pas de conclusion globale possible**



L'effet de B n'est pas le même pour les modalités A1 et A3, donc **pas de conclusion globale possible**



Les segments du graphe d'interaction sont parallèles car il n'y a pas d'interaction (les effets de A et B sont dits additifs) et l'on peut tester les effets séparés de A et B

Modèles théoriques de l'ANOVA 2

Modèle avec interaction

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_{ij} + \epsilon_{ij}$$

avec $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma)$

Modèle sans interaction

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

avec $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma)$

Choix du modèle basé sur la visualisation graphique des résultats et la connaissance biologique
(ATTENTION, ce n'est pas parce que l'interaction est non significative qu'on peut l'enlever).

Hypothèses que l'on peut tester en ANOVA 2

- H_0 : Absence d'interaction entre les deux facteurs
- H'_0 : Absence d'action du facteur A
- H''_0 : Absence d'action du facteur B

Il sera très difficile (voire impossible) de tester H'_0 et H''_0 en cas d'interaction importante.

Ajustement du modèle avec interaction et interprétation des coefficients

```
> m <- lm(reponse ~ adrenaline * pitressine, data = d)
> coef(m)
```

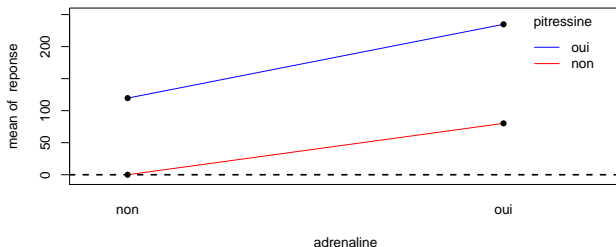
(Intercept)	adrenalineoui
0.0	80.2
pitressineoui	adrenalineoui:pitressineoui
119.6	35.0

```
> tapply(d$response, d$adrenaline:d$pitressine, mean)
```

non:non	non:oui	oui:non	oui:oui
0.0	119.6	80.2	234.8

Comparaison des moyennes observées à celles prédites par le modèle avec interaction

- moyennes prédites (ronds noirs).
- constante = moyenne prédite pour le groupe de référence (trait pointillé).



Ajustement du modèle sans interaction et interprétation des coefficients

```
> m <- lm(reponse ~ adrenaline + pitressine, data = d)
> coef(m)
```

```
(Intercept) adrenalineoui pitressineoui
      -8.75         97.70         137.10
```

```
> tapply(d$reponse, d$adrenaline:d$pitressine, mean)
```

```
non:non non:oui oui:non oui:oui
    0.0   119.6   80.2   234.8
```

Comparaison des moyennes observées à celles prédites par le modèle sans interaction

- moyennes prédites (ronds noirs).
- constante = moyenne prédite pour le groupe de référence (trait pointillé).

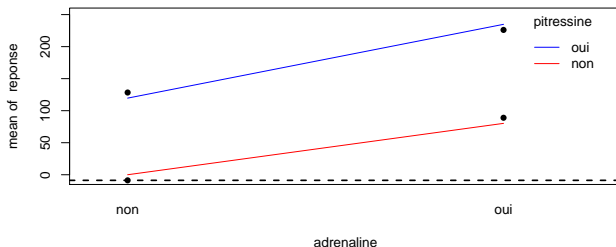


Tableau d'analyse de variance du modèle avec interaction

```
> anova(lm(reponse ~ adrenaline * pitressine, data = d))
```

Analysis of Variance Table

Response: reponse

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
adrenaline	1	47726	47726	67.04	4.1e-07
pitressine	1	93982	93982	132.01	3.9e-09
adrenaline:pitressine	1	1531	1531	2.15	0.16
Residuals	16	11391	712		

Interaction non significative et effets significatif de chacun des deux facteurs.

ATTENTION ! La réalisation de ce tableau nécessite un plan d'expérience équilibré (même nombre d'observations par groupe)

Sommes des carrés de type I dépendantes de l'ordre d'introduction des variables dans le modèle

Impact de l'ordre d'introduction des variables dans le modèle sur le tableau d'ANOVA dans un cas déséquilibré

```
> ddesequ <- d[4:20, ] # on enlève les 3 premières observations
> anova(mb1 <- lm(reponse ~ adrenaline + pitressine, data = ddesequ))
```

Analysis of Variance Table

Response: reponse

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
adrenaline	1	18131	18131	20.2	5e-04
pitressine	1	71175	71175	79.3	3.8e-07
Residuals	14	12563	897		

```
> anova(mb2 <- lm(reponse ~ pitressine + adrenaline, data = ddesequ))
```

Analysis of Variance Table

Response: reponse

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
pitressine	1	53701	53701	59.8	2e-06
adrenaline	1	35605	35605	39.7	2e-05
Residuals	14	12563	897		

Estimation des paramètres

On peut par contre se baser sur l'estimation des paramètres pour l'inférence même dans un cas déséquilibré.

Sommes des carrés de type II indépendantes de l'ordre d'introduction des variables dans le modèle

```
> summary(mb1)$coefficients
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-5.0	15.6	-0.32	7.54e-01
adrenalineoui	95.2	15.1	6.30	1.96e-05
pitressineoui	134.6	15.1	8.91	3.85e-07

```
> summary(mb2)$coefficients
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-5.0	15.6	-0.32	7.54e-01
pitressineoui	134.6	15.1	8.91	3.85e-07
adrenalineoui	95.2	15.1	6.30	1.96e-05

Effets significatifs de l'adrénaline et de la pitressine.

Intervalles de confiance sur les paramètres

On peut aussi regarder les intervalles de confiance des paramètres pour l'inférence même dans un cas déséquilibré.

```
> confint(mb1)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-38.6	28.6
adrenalineoui	62.8	127.6
pitressineoui	102.2	167.0

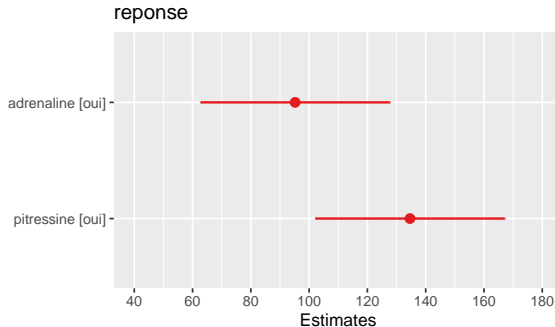
```
> confint(mb2)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-38.6	28.6
pitressineoui	102.2	167.0
adrenalineoui	62.8	127.6

Même conclusion : effets significatifs de l'adrénaline et de la pitressine.

Représentation des effets estimés avec leur intervalle de confiance à l'aide du package sjPlot

```
> plot_model(mb1)
```



Test des modèles emboîtés

On peut aussi toujours utiliser le test des modèles emboîtés pour répondre à une question précise même dans un cas déséquilibré.

```
> madreseule <- lm(reponse ~ adrenaline, data = ddesequ)
> anova(mb1, madreseule)
```

Analysis of Variance Table

Model 1: reponse ~ adrenaline + pitressine

Model 2: reponse ~ adrenaline

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	14	12563				
2	15	83737	-1	-71175	79.3	3.8e-07

```
> anova(mb2, madreseule)
```

Analysis of Variance Table

Model 1: reponse ~ pitressine + adrenaline

Model 2: reponse ~ adrenaline

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	14	12563				
2	15	83737	-1	-71175	79.3	3.8e-07

Modélisation de l'effet de plusieurs facteurs qualitatifs

■ **ATTENTION aux interactions entre facteurs.**

Lorsqu'elles existent elles complexifient bien souvent l'interprétation du modèle.

Réflexion nécessaire au préalable à la construction du modèle sur les interactions potentielles.

- Interprétation des coefficients (paramètres) du modèle pas toujours triviale, d'autant moins que le nombre de facteurs et/ou de modalités des facteurs augmente.
- L'utilisation de la fonction `lm()` est limitée à la modélisation de l'effet de **facteurs fixes** dans le cadre de **modèles croisés**.

A vous de jouer !

Consigne

Traitez l'exercice 3.

Mélange de variables explicatives qualitatives et quantitatives

Il est possible (voire courant) d'écrire un modèle linéaire avec certaines variables explicatives quantitatives (régresseurs ou covariables) et d'autres qualitatives (facteurs).

Une **interaction** entre un facteur (variable explicative qualitative) et un régresseur (variable explicative quantitative) est alors interprétée comme un **effet du facteur sur le coefficient de régression (pente)** associé au régresseur.

Exemple d'analyse de covariance - ANCOVA

Exemple de la comparaison de l'action de trois traitements a, b, c sur un dosage sanguin, Y , en tenant compte de la valeur initiale du dosage, X , dont on se doute qu'elle impacte la valeur finale Y . On dispose de 15 sujets randomisés en 3 groupes de 5. Mélange d'ANOVA 1 (étude du facteur A à 3 modalités) et de régression simple (relation linéaire entre X et Y) : **effet du facteur A sur les droites de régression de Y en fonction de X .**

Codage des données

```
> d <- read.table("DATA/dosageavap.txt", header = TRUE,
+                 stringsAsFactors = TRUE)
> str(d)

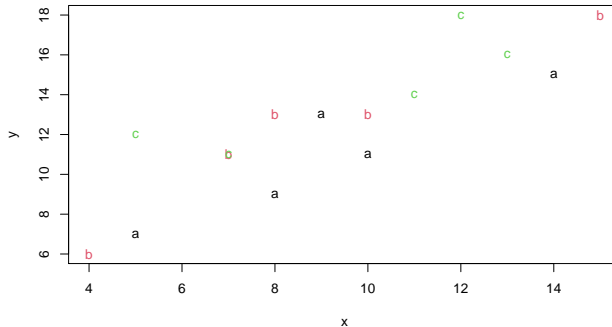
'data.frame':      15 obs. of  3 variables:
 $ x           : int  5 8 9 10 14 4 7 8 10 15 ...
 $ y           : int  7 9 13 11 15 6 11 13 13 18 ...
 $ traitement: Factor w/ 3 levels "a","b","c": 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...

> head(d)

   x  y traitement
1  5  7          a
2  8  9          a
3  9 13          a
4 10 11          a
5 14 15          a
6  4  6          b
```

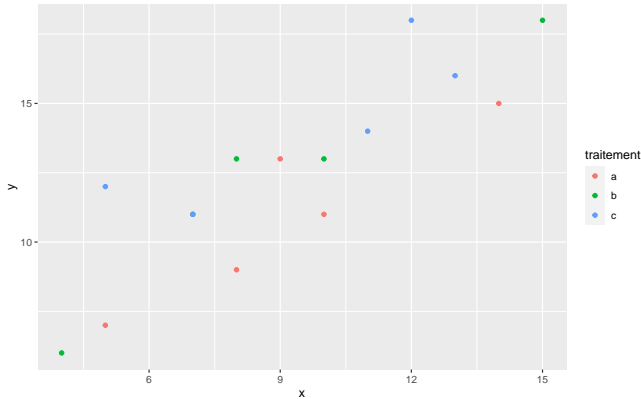

Visualisation des données

```
> plot(y ~ x, data = d, type = "n")  
> text(d$x, d$y, as.character(d$traitement),  
+      col = as.numeric(d$traitement))
```

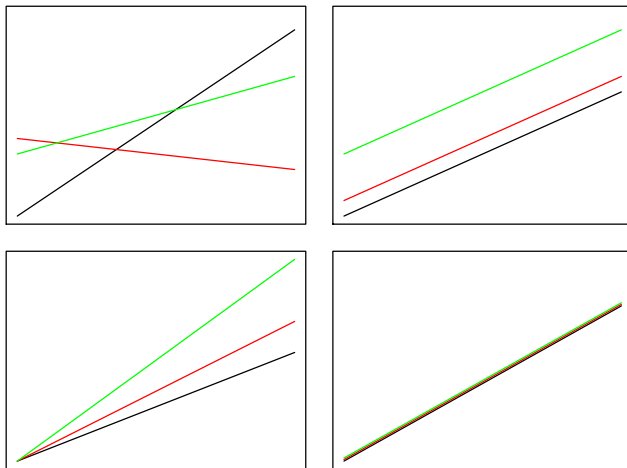


Visualisation des données avec ggplot2

```
> qplot(x, y, colour = traitement, data = d)
```



Quatre situations envisageables



Modèles théoriques de l'ANCOVA

Modèle avec interaction

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_i \times X_{ij} + \epsilon_{ij}$$

avec $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma)$

Modèle sans interaction

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta \times X_{ij} + \epsilon_{ij}$$

avec $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma)$

Choix du modèle basé sur la visualisation graphique des résultats et la connaissance biologique.

Ajustement du modèle avec interaction et interprétation des coefficients

```
> mavecint <- lm(y ~ x * traitement, data = d)
> coef(mavecint)
```

(Intercept)	x	traitementb	traitementc
2.832	0.888	0.384	4.575
x:traitementb	x:traitementc		
0.133	-0.180		

Résumé de l'ajustement du modèle avec interaction

```
> summary(mavecint)
```

Call:

```
lm(formula = y ~ x * traitement, data = d)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.360	-0.822	-0.425	0.846	2.178

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.832	2.232	1.27	0.236
x	0.888	0.231	3.84	0.004
traitementb	0.384	2.845	0.13	0.896
traitementc	4.575	3.148	1.45	0.180
x:traitementb	0.133	0.296	0.45	0.664
x:traitementc	-0.180	0.319	-0.56	0.586

Residual standard error: 1.51 on 9 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.881, Adjusted R-squared: 0.816

F-statistic: 13.4 on 5 and 9 DF, p-value: 0.000604

Intervalles de confiance des coefficients du modèle avec interaction

```
> confint(mavecint)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	-2.218	7.882
x	0.365	1.411
traitementb	-6.052	6.820
traitementc	-2.546	11.696
x:traitementb	-0.537	0.803
x:traitementc	-0.903	0.542

De nombreux coefficients non significatifs.
Modèle sans doute surparamétré.

Ajustement du modèle sans interaction et interprétation des coefficients

Si biologiquement on ne s'attend pas à une interaction on peut construire un modèle sans interaction (en s'assurant bien sûr que les données ne mettent pas en évidence une telle interaction).

```
> msansint <- lm(y ~ x + traitement, data = d)
> coef(msansint)
```

(Intercept)	x	traitementb	traitementc
2.81	0.89	1.56	2.84

Résumé de l'ajustement du modèle sans interaction

```
> summary(msansint)
```

Call:

```
lm(formula = y ~ x + traitement, data = d)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.927	-0.908	-0.268	0.957	2.178

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.809	1.252	2.24	0.046
x	0.890	0.116	7.66	9.9e-06
traitementb	1.556	0.922	1.69	0.120
traitementc	2.844	0.922	3.08	0.010

Residual standard error: 1.46 on 11 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.866, Adjusted R-squared: 0.829

F-statistic: 23.7 on 3 and 11 DF, p-value: 4.23e-05

Intervalles de confiance des coefficients du modèle sans interaction

```
> confint(msansint)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	0.0532	5.57
x	0.6344	1.15
traitementb	-0.4730	3.59
traitementc	0.8148	4.87

Comparaison des deux modèles par le test F des modèles emboîtés

```
> anova(mavecint, msansint)
```

Analysis of Variance Table

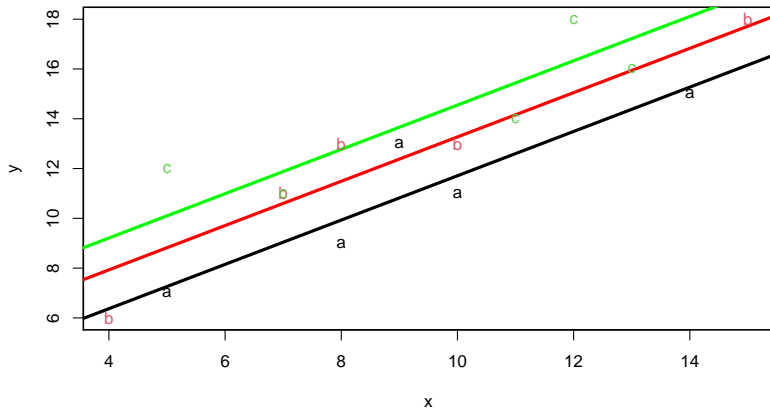
Model 1: $y \sim x * \text{traitement}$

Model 2: $y \sim x + \text{traitement}$

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	9	20.6				
2	11	23.3	-2	-2.72	0.59	0.57

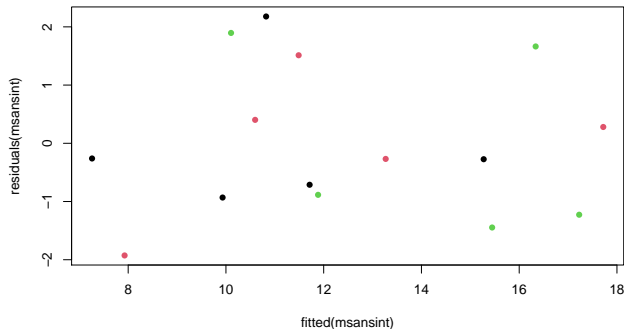
Le modèle le plus simple sans interaction semble suffisant pour bien décrire les données, donc pourrait être choisi à condition bien entendu qu'il soit en accord avec la connaissance biologique.

Visualisation de l'ajustement du modèle sans interaction



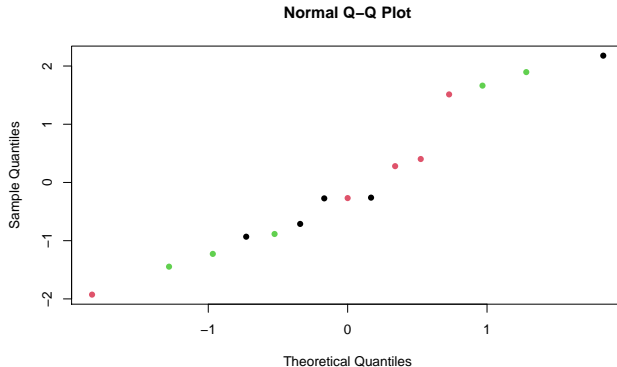
examen des résidus - graphe des résidus

```
> plot(residuals(msansint) ~ fitted(msansint),  
+      col = as.numeric(d$traitement), pch = 16)
```



examen des résidus - diagramme Quantile-Quantile des résidus

```
> qqnorm(residuals(msansint), col = as.numeric(d$traitement), pch = 16)
```



ATTENTION à l'impact de l'ordre d'introduction des variables dans le modèle sur un tableau d'ANCOVA

```
> anova(lm(y ~ x + traitement, data = d))
```

Analysis of Variance Table

Response: y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
x	1	130.2	130.2	61.42	7.9e-06
traitement	2	20.2	10.1	4.77	0.032
Residuals	11	23.3	2.1		

```
> anova(lm(y ~ traitement + x, data = d))
```

Analysis of Variance Table

Response: y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
traitement	2	26.1	13.1	6.17	0.016
x	1	124.3	124.3	58.64	9.9e-06
Residuals	11	23.3	2.1		

Utilisation du test des modèles emboîtés plus explicite

Ayant pris en compte l'effet de x , met-on en évidence un effet du traitement sur y ?

```
> mcomplet <- lm(y ~ x + traitement, data = d)
> mpartiel <- lm(y ~ x, data = d)
> anova(mcomplet, mpartiel)
```

Analysis of Variance Table

Model 1: $y \sim x + \text{traitement}$

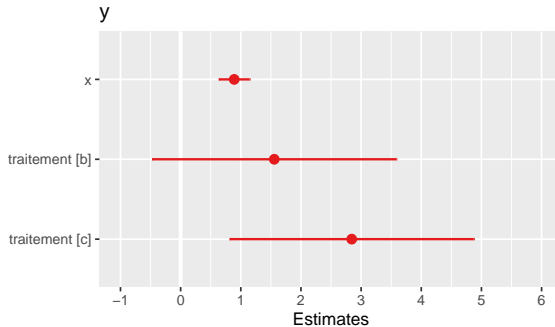
Model 2: $y \sim x$

	Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
1	11	23.3				
2	13	43.6	-2	-20.2	4.77	0.032

Interprétation des effets estimés avec leur intervalle de confiance

ATTENTION, en se souvenant que l'effet de la covariable (x) est pour une augmentation de celle-ci d'1 unité.

```
> plot_model(mcomplet)
```



Quand cela est-il intéressant de standardiser (centrer et réduire) une covariable ? Sujet un peu controversé.

- **Lorsque la valeur 0 de la covariable n'est pas une valeur réaliste, centrer** la covariable facilite l'interprétation du terme constant (intercept). Il devient la moyenne pour le groupe de référence et une valeur moyenne de la covariable.
- **Réduire** (diviser par l'écart type) la covariable permet de **mettre les coefficients du modèle tous dans une échelle à peu près comparable**. Une pente est alors interprétée comme la différence correspondant à une **augmentation d'1 écart type de la covariable**.
- ATTENTION, dans un modèle avec interaction, selon qu'on travaille sur des covariables centrées ou non la signification des coefficients (ainsi que leur valeur) change.

Ajustement du modèle sans interaction en centrant et réduisant x le dosage avant traitement

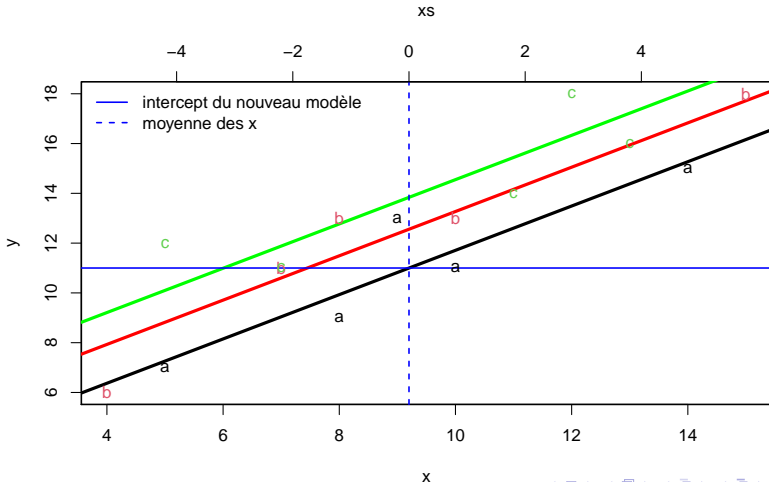
```
> ##### Modèle initial sans transformer x #####
> msansint <- lm(y ~ x + traitement, data = d)
> coef(msansint)
```

(Intercept)	x	traitementb	traitementc
2.81	0.89	1.56	2.84

```
> ##### Nouveau modèle en centrant et réduisant x #####
> d$xs <- scale(d$x)
> msansint_s <- lm(y ~ xs + traitement, data = d)
> coef(msansint_s)
```

(Intercept)	xs	traitementb	traitementc
11.00	2.99	1.56	2.84

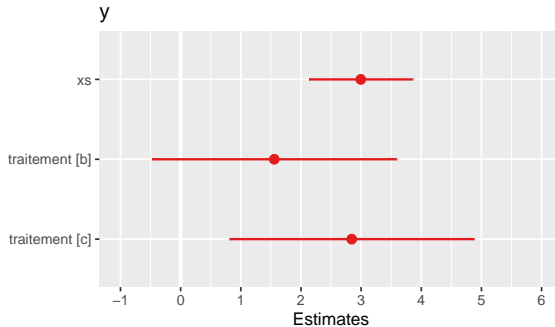
Revenons au graphe d'ajustement pour mieux comprendre et reportons-y la nouvelle intercept



Interprétation des effets estimés avec leur intervalle de confiance après standardisation de x

x ayant été centré et réduit, son effet est ici pour une augmentation d'1 écart type de x .

```
> plot_model(msansint_s)
```



Conclusion

Sur la base des exemples étudiés, on peut en théorie modéliser par un modèle linéaire l'effet sur une variable quantitative observée d'une ou plusieurs variables explicatives quantitatives et/ou qualitatives, en n'oubliant pas :

- de réfléchir à l'hypothèse de **linéarité du modèle** pour les variables explicatives quantitatives,
- de réfléchir à l'intérêt ou non de standardiser certaines variables explicatives quantitatives,
- de réfléchir aux **interactions** à inclure dans le modèle,
- de ne pas inclure des variables explicatives trop fortement corrélées,
- de vérifier la **répartition aléatoire gaussienne des résidus**,
- d'utiliser des **modèles parcimonieux**.

Pour réfléchir

- Quelle autre méthode simple aurait-on pu utiliser pour prendre en compte la covariable X (dosage avant traitement) ?
- A quel modèle aurait correspondu cette alternative ?

Vers d'autres modèles de régression

- Modèle non linéaire
- Modèle linéaire généralisé
- Modèle linéaire mixte

Le modèle non linéaire

Un modèle est dit non linéaire si la variable à expliquer ne peut plus être exprimé comme une fonction linéaire des paramètres du modèle.

$$Y_i = f(X_i, \theta) + \epsilon_i$$

avec $\epsilon_i \sim N(0, \sigma)$

Ex. de modèle non linéaire : $Y_i = \alpha e^{\mu X_i} + \epsilon_i$ avec $\epsilon_i \sim N(0, \sigma)$

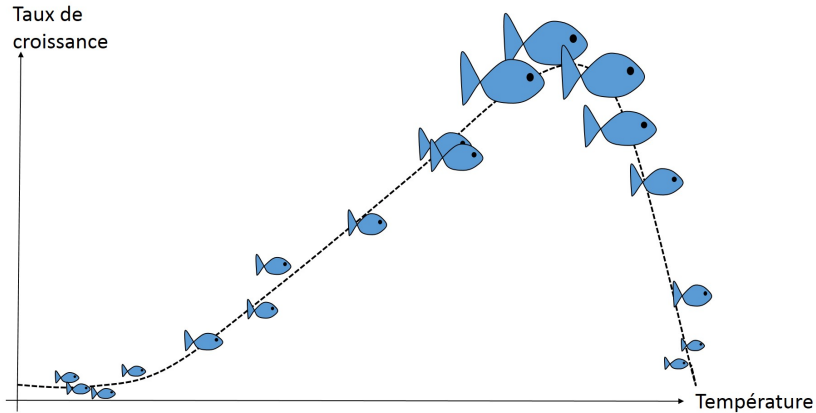
Ex. de modèle linéaire : $Y_i = \alpha + \beta X_i + \gamma X_i^2 + \epsilon_i$ avec $\epsilon_i \sim N(0, \sigma)$

Partie déterministe : fonction non linéaire des paramètres.

Partie stochastique : modèle gaussien.

fonction nls dans R

Le modèle non linéaire - illustration schématique



Le modèle linéaire généralisé

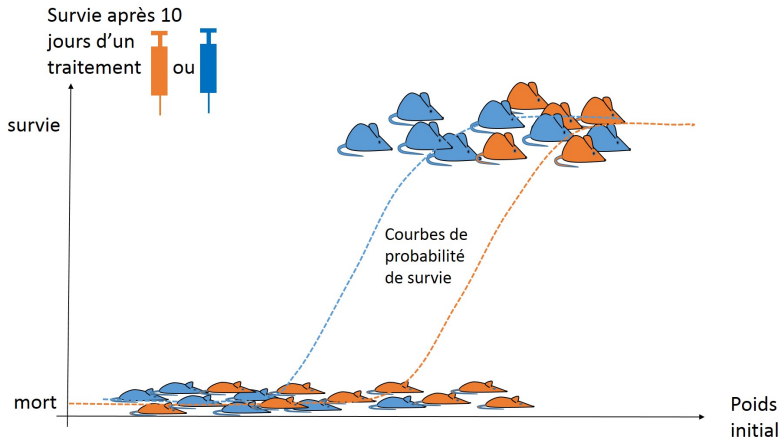
Un modèle linéaire généralisé permet de modéliser
l'effet de **plusieurs variables explicatives quantitatives et/ou qualitatives** sur
une variable à expliquer qualitative binaire
(ex. : malade / non malade)
ou une variable quantitative discrète
(ex. : nombre d'animaux par portée).

Partie déterministe : une transformation de la variable à expliquer
(fonction de lien) est décrite par une fonction linéaire des variables
explicatives .

Partie stochastique : le modèle n'est plus gaussien.

fonction glm dans R

Le modèle linéaire généralisé - illustration schématique



Le modèle linéaire mixte

Un modèle linéaire gaussien ne permet de prendre en compte que des facteurs (ou variables qualitatives) fixes, c'est-à-dire dont toutes les modalités d'intérêt sont observées. Lorsque seul un échantillon aléatoire des modalités d'un facteur sont observées, le **facteur est dit aléatoire** et l'on utilise alors un **modèle mixte** pour modéliser son effet sur la variable à expliquer.

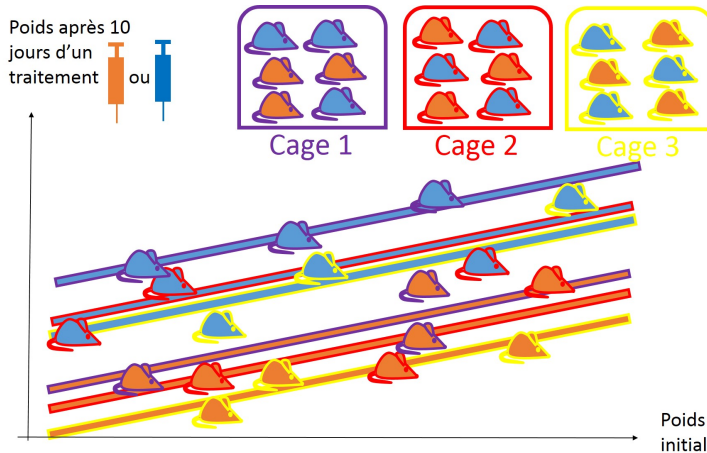
Ex. : prise en compte d'un facteur "cage" ou "élevage"

Partie déterministe : linéaire .

Partie stochastique : modèle gaussien sur les ϵ_j et modèle gaussien sur les effets des facteurs aléatoires.

fonction lmer du package lme4 dans R

Le modèle linéaire mixte - illustration schématique



A vous de jouer !

Consigne

Traitez l'exercice 4 et pour les plus rapides l'exercice 5.

Une référence pour aller plus loin

Harrison, X. A., Donaldson, L., Correa-Cano, M. E., Evans, J., Fisher, D. N., Goodwin, C. E., Inger, R. (2018). A brief introduction to mixed effects modelling and multi-model inference in ecology. PeerJ, 6, e4794.
<https://peerj.com/articles/4794/>