

Etude de la connectivité cérébrale fonctionnelle et effective

L'ensemble des codes, images, schéma et graphes présentés dans cette étude ont été essentiellement obtenus grace au logiciel de programmation Matlab et certaines de ses toolbox associé telles que GREYNA, BrainNet Viewer, Braph2 et Graphvar mais aussi grace aux languages R et SAS studio.

Introduction

La méthode fNIRS (fonctional near infra red spectroscopy) est l'une des techniques les plus récentes d'exploration de l'activité cérébrale. Elle utilise des capteurs posés à la surface du scalp. Comme l'IRM fonctionnelle, elle étudie les modifications de l'état d'oxygénation du cerveau et permet ainsi de déterminer les régions cérébrales impliquées dans l'exécution d'une tâche (par exemple motrice ou cognitive). Sa résolution spatiale est moindre que celle de l'IRMf mais elle n'oblige pas le sujet à rester immobile et

peut par conséquent permettre des études en situation de vie plus animée. Son utilisation est donc grandissante dans le domaine des pathologies neurologiques et de la rééducation. Le Casque d'appareillage FNIRS est constitué de plusieurs optodes, parmi ces optodes certaines sont émettrices et d'autres réceptrices. Un faisceau infra rouge est envoyé sur le scalp grâce à un émetteur et la lumière non absorbée est captée par un récepteur situé à quelques centimètres. Il est possible de disposer ainsi de nombreux émetteurs-récepteurs posés sur le scalp. L'inter-espace entre un émetteur et un récepteur est appelé un canal. Chaque canal correspond plus ou moins à une région cérébrale ciblée. Plus une région cérébrale est active, plus elle augmente son débit sanguin et donc son contenu en hémoglobine. L'hémoglobine transportée dans le sang absorbe certaines longueurs d'ondes dans le proche infrarouge. La mesure de la lumière captée permet donc d'évaluer les niveaux de fonctionnement cérébral . L'utilisation de l'appareillage FNIRS nécessite à la fois une procédure de passation (enchaînement des consignes demandées au sujet), un pré-traitement du signal (rejet des artefacts, filtre, analyse des données) puis un post traitement du signal. Il est de fait intéressant de noter que les projets en FNIRS nécessitent une collaboration entre des compétences physiologiques ou

entre des compétences physiologiques et médicales et des compétences en mathématiques et ingénierie.

En outre, aujourd'hui, le cerveau est de plus en plus conçu comme un élément inter-connecté plutôt que comme une juxtaposition de régions indépendantes. A côté de la connexion anatomique, il existe une connexion fonctionnelle qui est de plus en plus explorée par les techniques d'imagerie ainsi qu'une connexion effective. C'est dans ce contexte que s'inscrit ce travail. Il a pour but de caractériser et de décrire les liens et le type d'interconnection entre les différentes régions cérébrales par le biais de la théorie des graphes. Ce travail sera divisé en 3 grandes parties : la première partie étudiera la connectivité fonctionnelle cérébrale, la seconde se consacrera à l'étude de la connectivité cérébrale effective et la troisième partie justifiera la préférence à l'oxyhémoglobine pour la présente étude.

Illustration du casque d'appareillage FNIRS

In [2]:

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
```

In [13]:

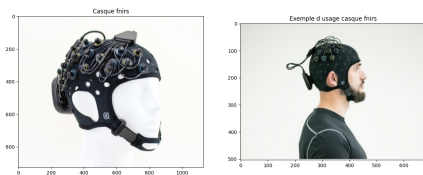
```
imrgb1 = plt.imread(r"C:\Users\bette  
\Downloads\casque_fnirs1.jpg")  
imrgb2 = plt.imread(r"C:\Users\bette  
\Downloads\casque_fnirs.png")
```

In [24]:

```
fig, axes = plt.subplots(nrows=1, nco  
ls=2, figsize=(15, 10))  
axes[0].set_title('Casque fnirs')  
axes[0].imshow(imrgb1)  
axes[1].set_title("Exemple d usage ca  
sque fnirs")  
axes[1].imshow(imrgb2, cmap='gray')
```

Out[24]:

<matplotlib.image.AxesImage
 at 0x1e9aa6a2b40>



Nature et forme des données utilisées pour l'étude

IL s'agit des enregistrements d'hémoglobines obtenues lors de la tâche de contraction de la main droite pour 20 sujets. La collecte de ces

données pour chaque sujet a durée environ 8 minutes. On dispose au total de 20 sujets et 24 canaux (regions cérébrales) d'interets. Pour chaque sujet on a une série temporelle de 301 valeurs par canal qui correspondent aux valeurs des enregistrements d'hémoglobines obtenues sur les 8 minutes pour chaque région cérébrale. Pour chaque sujet on a donc 301 lignes et 24 colonnes (les 24 canaux). Au total pour les 20 sujets on a donc 6020 lignes et 24 colonnes. Les canaux sont numérotés de 1 à 24. Les canaux de 1 à 12 correspondent aux régions cérébrales localisées dans l'hémisphère droit du cerveau et ceux de 13 à 24 correspondent aux régions cérébrales de l'hémisphère gauche du cerveau.

La liste des différentes régions cérébrales et leur canaux correspondant est donnée ci après :

Canal1 : Includes frontal eye fields

Canal2 : Dorsolateral prefrontal cortex

Canal3 : Includes frontal eye fields

Canal4 : Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal5 : Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal6 : Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal7 : Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal8 : Primary somatosensory cortex

Canal9 : Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal10: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal11: Primary motor cortex and pre-motor and supplementary motor cortex

Canal12: Primary somatosensory cortex

Canal13: Includes frontal eye fields

Canal14: Dorsolateral prefrontal cortex

Canal15: Dorsolateral prefrontal cortex

Canal16: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal17: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal18: Primary somatosensory cortex

Canal19: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal20: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal21: Primary motor cortex and 6-pre-motor and supplementary motor cortex

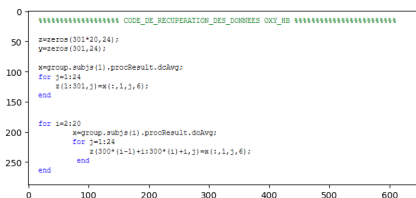
Canal22: Pre-motor and supplementary motor cortex

Canal23: Primary motor cortex

Canal24: Primary somatosensory cortex

In [46]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\recup_donnee.png")
plt.figure(figsize=(8, 8))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```



La connectivité fonctionnelle a étudié grâce au coefficient de corrélation de Pearson.

Le coefficient de corrélation est la mesure spécifique qui quantifie la force de la relation affine entre deux variables. Plus sa valeur est proche de zéro, plus la relation linéaire entre les variable est faible. Lorsque sa valeur est positive, cela signifie que les deux variables tendent à varier dans le même sens.

Lorsque sa valeur est négative , cela signifie que les variables tendent à varier en sens contraire.

Les valeurs 1 et -1 représentent chacune des corrélations "parfaites", positive et négative respectivement .

Soit N le nombre total de canaux.

Soit $(i, j) \in [1, N] \times [1, N]$

et le temps $t \in [1, 301]$,

le coefficient de corrélation de Pearson est donné par :

$$\begin{aligned}
r(i, j) &= \frac{\text{cov}(X_i, X_j)}{\sigma(X_i) \times \sigma(X_j)} \\
&= \frac{\text{cov}(X_i, X_j)}{\sqrt{S(X_i)} \times \sqrt{S(X_j)}} \\
&= \frac{\sum_{t=1}^{301} [X_i(t) - \bar{X_i}(t)] \times [X_j(t) - \bar{X_j}(t)]}{\sqrt{\sum_{t=1}^{301} [X_i(t) - \bar{X_i}(t)]^2} \times \sqrt{\sum_{t=1}^{301} [X_j(t) - \bar{X_j}(t)]^2}}
\end{aligned}$$

avec

$$\text{cov}(X_i, X_j) = \frac{1}{301} \sum_{t=1}^{301} [X_i(t) - \bar{X_i}(t)] \times [X_j(t) - \bar{X_j}(t)]$$

$$S(X_i) = \frac{1}{301} \sum_{t=1}^{301} [X_i(t) - \bar{X_i}(t)]^2 \text{ et}$$

$$r(i, i) = 1$$

Pour mettre en évidence les liens entre les régions cérébrales, nous avons donc commencé par calculer les matrices de corrélation de chaque sujet, puis nous en avons déduit une matrice de corrélation moyenne sur toute la population.

Notons qu'ici en considérant la matrice de corrélation moyenne en valeur absolue, nous avons volontairement décidé d'étudier les corrélations en terme de lien sans tenir compte de la nature même du lien (positif ou négatif).

Les corrélations positives correspondent en terme de connectivité au cas où l'activation de deux régions cérébrales se fait ensemble. Les corrélations négatives correspondent au cas où une région cérébrale s'active tandis que l'autre est entrain de se désactiver. L'activation d'une région cérébrale signifie qu'elle augmente son débit en oxyhémoglobine. Ici on a considéré les corrélations positives et les valeurs absolues des corrélations négatives. Le fait de travailler avec toutes les correlation en valeur absolue signifie qu'on cherche seulement à identifier l'existence d'une connection ou non entre les régions cérébrales sans chercher à connaitre la nature de la connection.

La matrice de connectivité est représentée dans l'illustration qui suit, elle montre l'intensité de la connection qui existe entre les différentes régions cérébrales consernées dans le présent travail.

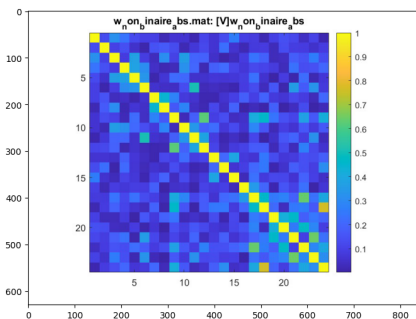
In [68]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\conn_matrice.jpg")
```

In [69]:

```
plt.figure(figsize=(8, 8))  
plt.imshow(imrgb)
```

```
plt.show()
```



L'échelle de couleur correspond à la force de connectivité. Plus on monte plus la force de la connection augmente. On peut ainsi voir les régions qui sont fortement connectées entre elles et celles qui le sont moins.

Un exemple triviale est la diagonale de la matrice où l'on constate une forte connectivité, ce qui est normal car une région cérébrale est fortement connecté à elle-même. On constate une forte connectivité (> 0.5) entre les canaux 24 et 18 , 17 et 22 , 21 et 23, 12 et 9 pour ne citer que ceux là.

On peut constater qu'on n'a pas beaucoup de régions fortement connectées entre elles et que la moyenne des correlation se situe autour de 0.18.

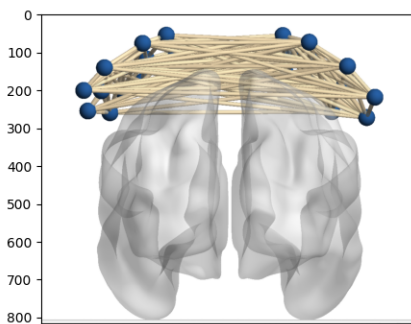
Dans le graphe suivant la connectivité fonctionnelle est représentée de façon simple avec une disposition spatiale. De cette façon on peut facilement repérer les hémisphères droit et gauche ainsi que la disposition des différents canaux ou optodes. Ici chaque sphère bleue représente une région cérébrale et les sphères bleues qui sont reliées entre elles par une arête représentent les régions du cerveau qui sont connectées entre elles.

In [30]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\conn1.png")
```

In [33]:

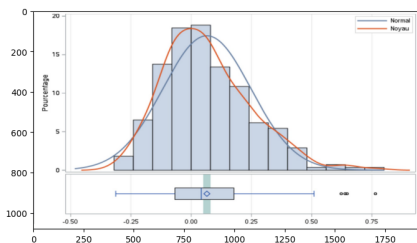
```
plt.figure(figsize=(5, 5))  
plt.imshow(imrgb)  
plt.show()
```



D'après l'histogramme suivant, on voit que la moyenne des corrélations se situe autour de 0,1 et qu'il n'y a pas beaucoup de coefficients de corrélations supérieurs à 0,5. La distributions des corrélations est à peu près normale : les données sont pratiquement centrées autour de la moyenne et symétrique par rapport à la moyenne. Les connexions sont positionnées de manière structurés : les moins fortes très proches autour de la moyenne et les plus fortes dans les queues de distributions.

In [47]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\distrib_corr.jpg")
plt.figure(figsize=(8, 8))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```



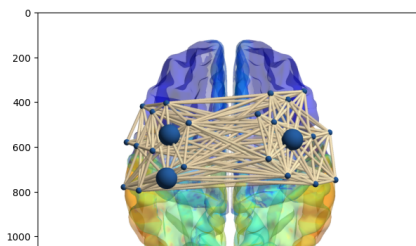
Ensuite nous avons cherché à examiner les caractéristiques régionales du réseau cérébral

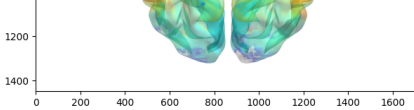
précédemment construit, pour cela trois paramètres nodaux ont été considéré. Un nœud était considéré comme un centre si l'une des trois mesures nodales était supérieure d'au moins 1 écart-type à la moyenne de tous les nœuds du réseau.

Les réseaux cérébraux fonctionnels ayant été construits sur une série de seuils d'éparpillement continu ($0 < S < 1$) dans le présent travail, pour simplifier l'analyse, nous avons calculé pour chaque nœud un scalaire indépendant du seuil en calculant l'aire sous la courbe (par rapport à l'éparpillement) pour chaque métrique nodale de degré K_{nod} , d'efficacité E_{nod} et d'interdépendance N_{bc} . Ces scalaires ont été utilisés pour identifier les régions pivots .

In [51]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\degree_nodal.png")
plt.figure(figsize=(7, 7))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```





Après étude, on obtient pour résultat que les noeuds 9,17 et 22 sont les nœuds les plus importants du réseau.

Ce sont les plus actifs, ceux qui ont une plus grande capacité à communiquer avec les autres. Ils reçoivent, transmettent le plus d'informations aux autres (ce sont les plus impliqués dans la distribution de l'information).

Leur retrait du réseau entraînerait une perturbation considérable de la qualité de communication entre les autres nœuds du réseau, ce qui pourrait se manifester par des difficultés de contraction de la main droite car les régions cérébrales qui doivent communiquer pour l'exécution de la tâche ne le feraient pas ou peineraient à le faire en raison de certaines régions cérébrales manquantes.

En outre les nœuds 9, 17 et 22 sont également fortement connectés entre eux-mêmes, en raison de l'architecture rich club du réseau, donc ils forment un club interconnecté.

Sur la figure précédente, les noeuds centraux sont représentés par des sphères plus volumineuses. Au total on en a trois (canal 9, 17 et 22), deux à

gauche et un à droite.

Ce qui laisse à penser que lors de la tâche de contraction de la main droite , l'activité cérébrale dans l'hémisphère gauche du cerveau est plus importante que celle dans l'hémisphère droit.

2/ Connectivité cérébrale effective

Introduction et méthode d'étude

Dans cette étude nous construisons un réseau causal en nous basant sur les liens causes-effets (liens de causalité) qu'ils pourraient y avoir entre chaque paire de régions cérébrales pour les 24 canaux.

Notons que le fait qu'il n'existe pas de relation de causalité entre deux régions cérébrales n'implique pas forcément que les deux régions ne sont pas connectées entre elles (qu'il n'existerait pas de lien entre elles comme une Corrélacion par exemple).

Cela nous laisse entendre que notre réseau cérébral causal sera nécessairement différent du réseau cérébral fonctionnel de l'étude précédente qui fut construit en étudiant les liens entre les régions cérébrales du point de vue des corrélacions.

Son connectome n'est donc pas à comparer avec celui de la partie précédente.

Pour déterminer si les paires de régions cérébrales présentaient des relations de causalités, nous avons effectué des tests de causalité de Granger.

Selon Granger une série chronologique stationnaire x cause une série chronologique stationnaire y si les valeurs passées de x aident à mieux prédire les valeurs de y indépendamment de l'information contenu dans les valeurs passées de y seules.

Les tests ont été effectués sous R par construction de modèle VAR où l'ordre des modèles était déterminés grâce au critère d'information bayésienne de Schwartz.

L'hypothèse nulle du test de causalité de Granger suppose la non-causalité des séries.

Pour effectuer les test de causalité de Granger les deux séries chronologiques doivent être stationnaire.

Nous avons donc au préalable effectué des tests de stationnarité sur les 24 canaux. Ensuite nous avons différencié les séries qui rejetaient l'hypothèse de stationnarité pour les rendre stationnaires puis nous avons réeffectué les tests sur les séries différenciées pour s'assurer de leur stationnarité. Enfin nous avons utilisé ces

dernières pour créer nos modèles VAR et effectuer les tests de causalité de Granger.

Forme des données utilisées

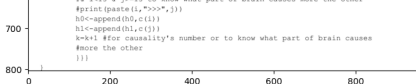
Nos données sont des series temporelles par canal. Nous avons 24 canaux au total et pour chaque canal nous avons l'évolution temporelle des valeurs d'oxy-hb obtenues en faisant la moyenne sur les 20 individus de depart. Nous avons donc 24 canaux et 301 lignes.

Test de Granger et mise en évidence des causalités en R

In [53]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\test_granger.png")
plt.figure(figsize=(8, 8))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```

```
0 ##### GRANGER_CAUSALITY #####
100 Canaux<-read.table("all_data_pop.txt")
library(tseries)
library(vars)
library(base)
200 for (i in 1:24) {can1<-ts(Canaux[i],frequency = 1)
  x<-adf.test(diff(diff(diff(diff(diff(can1))))))
  if (x[4]<0.05){print(paste("ok pour le canal",i))}
  }
300 k=0
  h0<-c()
  h1<-c()
400 for (i in 1:24) {can1<-ts(Canaux[i],frequency = 1)
  can1<-(diff(diff(diff(diff(diff(diff(can1))))))
  for (j in 1:24) {can12<-ts(Canaux[j],frequency = 1)
    if (i!=j){
500     can12<-(diff(diff(diff(diff(diff(diff(can12))))))
     can1<-cbind(can1,can12)
     grang<-VAR(can1,lag.max=5,type='const',ic="SC")#or
     #H0:pas de causalité VS H1:causalité
     z<-causality(grang,cause="can1")$Granger
600     if (z[3]<0.05 & j<13){
       # i>=13 or i<13 (dans le if for calculate causality's number (R & L))
```



Résultats

Au total nous enregistrons 360 relations de causalité entre les paires de canaux. Il en ressort que :

La partie gauche du cerveau est à l'origine de 187 activations au total

Elle en provoque 102 à droite et cause 85 activations à gauche.

La partie droite du cerveau est à l'origine de 173 activations au total

Elle cause 84 activations à gauche et cause 89 activations à droite

Donc en ce qui concerne le mouvement de la main droite, on retient que la partie gauche du cerveau présente une causalité plus important que la partie droite et la partie gauche est beaucoup plus responsable de l'activation à droite que la partie droite ne l'est à gauche ou que la partie droite ne l'est à droite. Tout cela signifie que les activations à droite sont causées à 53,4% par la partie gauche et à 46,6% par la partie droite elle-même. Et l'activation de la partie gauche du cerveau est causée à 49,7% par la droite et 50,3% par la gauche elle-même.

3/ Anova sur mesures répétées

Propriétés du réseau : oxyhémoglobine vs dés-oxyhémoglobine vs oxyhémoglobine-totale

La construction et l'analyse du réseau cérébral ont également été répétées avec les données désoxyHb et oxyhbtotale. On remarque que la plupart des mesures de réseau issu de la dés-oxyhémoglobine et de l'oxyhbtotale présentent des profils similaires à ceux de l'oxyHb.

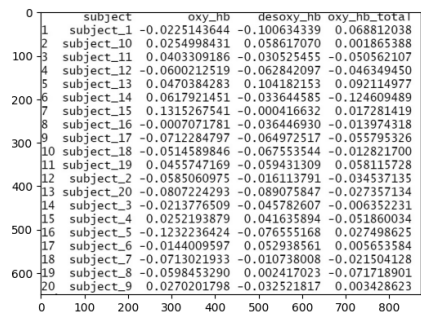
Pour vérifier s'il existe des différences significatives dans les paramètres de réseau issu d' oxyHb, désoxyHb et oxyhbtotale, nous avons calculé un scalaire indépendant du seuil de connexion , l'aire sous la courbe (AUC, c'est-à-dire l'intégrale) pour chaque métrique de réseau sous chaque signal d'hémoglobine et nous avons effectué une ANOVA sur mesures répétées pour ces scalaires.

On a testé les distributions d'oxyhb, de desoxyhb et d'oxyhbtotale pour chacun des 7 paramètres de réseau pour les 20 sujets. Les 7 paramètres de réseau sont : le coefficient de regroupement C_p , la longueur de chemin caractéristique ou plus

court chemin L_p , l'efficacité local E_{loc} , l'efficacité globale E_{glob} , la longueur de chemin caractéristique normalisée ou plus court chemin normalisée λ , le coefficient de regroupement normalisé γ , la hiérarchie β . Ci-dessous le tableau pour le paramètre β par exemple :

In [67]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\beta_tabl.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```

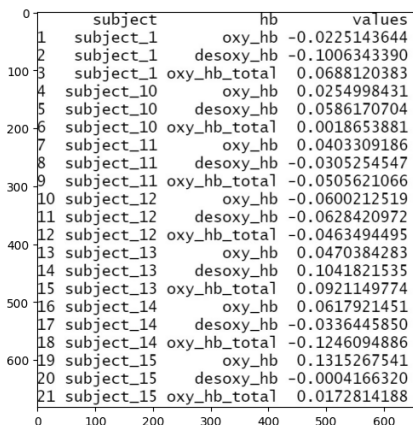


	subject	oxy_hb	desoxy_hb	oxy_hb_total
1	subject_1	-0.0225143644	-0.100634339	0.068812038
2	subject_10	0.0254998431	0.058617070	0.001865388
3	subject_11	0.0403309186	-0.030525455	-0.050562107
4	subject_12	-0.0600212519	-0.062842097	-0.046349450
5	subject_13	0.0470384283	0.104182153	0.092114977
6	subject_14	0.0617921451	-0.033644585	-0.124609489
7	subject_15	0.1315267541	-0.000416632	0.017281419
8	subject_16	-0.0007071781	-0.036446930	-0.013974318
9	subject_17	-0.0712284797	-0.064972517	-0.055795326
10	subject_18	-0.0514589846	-0.067553544	-0.012821700
11	subject_19	0.0455747169	-0.059431309	0.058115728
12	subject_2	-0.0585060975	-0.016113791	-0.034537135
13	subject_20	-0.0807224293	-0.089075847	-0.027357134
14	subject_3	-0.0213776509	-0.045782607	-0.006352231
15	subject_4	0.0252193879	0.041635894	-0.051860034
16	subject_5	-0.1232236424	-0.076555168	0.027498625
17	subject_6	-0.0144009597	0.052938561	0.005653584
18	subject_7	-0.0713021933	-0.010738008	-0.021504128
19	subject_8	-0.0598453290	0.002417023	-0.071718901
20	subject_9	0.0270201798	-0.032521817	0.003428623

On peut remarquer que les sujets ne sont pas classés en ordre. Cela est dû à plusieurs pré-traitement avec MATLAB puis GRETN. Toutefois, nous nous servirons principalement de la forme " format-long " dont les 21e premières lignes sont présentées ci-dessous :

In [58]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\beta_tabl_long.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```



	subject	hb	values
1	subject_1	oxy_hb	-0.0225143644
2	subject_1	desoxy_hb	-0.1006343390
3	subject_1	oxy_hb_total	0.0688120383
4	subject_10	oxy_hb	0.0254998431
5	subject_10	desoxy_hb	0.0586170704
6	subject_10	oxy_hb_total	0.0018653881
7	subject_11	oxy_hb	0.0403309186
8	subject_11	desoxy_hb	-0.0305254547
9	subject_11	oxy_hb_total	-0.0505621066
10	subject_12	oxy_hb	-0.0600212519
11	subject_12	desoxy_hb	-0.0628420972
12	subject_12	oxy_hb_total	-0.0463494495
13	subject_13	oxy_hb	0.0470384283
14	subject_13	desoxy_hb	0.1041821535
15	subject_13	oxy_hb_total	0.0921149774
16	subject_14	oxy_hb	0.0617921451
17	subject_14	desoxy_hb	-0.0336445850
18	subject_14	oxy_hb_total	-0.1246094886
19	subject_15	oxy_hb	0.1315267541
20	subject_15	desoxy_hb	-0.0004166320
21	subject_15	oxy_hb_total	0.0172814188

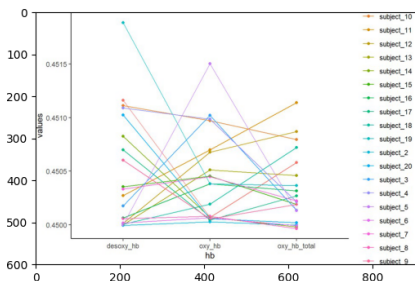
Avant d'effectuer les Anova sur mesures répétées nous nous sommes assurés si les hypothèses de sphéricité et de normalité étaient respectées ou pas pour les distributions d'hémoglobines de chacun des paramètres. Si l'hypothèse de sphéricité n'était pas respectée on effectuait une anova avec correction de sphéricité (correction de Greenhouse Geisser) et si c'était la normalité qui n'était pas vérifiée on effectuait l'alternative non paramétrique à l'anova à un facteur sur mesures répétées c'est à dire le test de Friedman. Ici nous

présentons la procédure synthétisée pour un paramètre λ et résumerons rapidement celles des autres avant de faire une analyse générale des résultats.

Visualisation des données

In [60]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\visual1.jpg")  
plt.figure(figsize=(6, 6))  
plt.imshow(imrgb)  
plt.show()
```

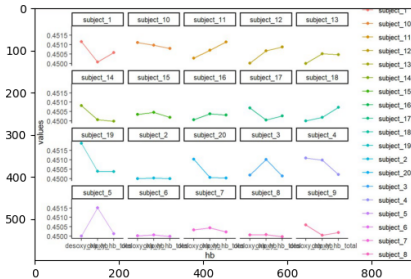


On peut voir que les sujets présentent des profils assez variés et diversifiés.

Le graphique suivant est le meme que le précédent mais subdivisé par sujet.

In [61]:

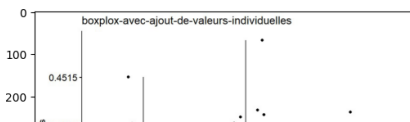
```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\visual2.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```

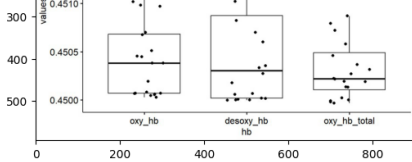


Ci-dessous les boxplots des profils d'hémoglobines avec ajout de valeurs individuelles

In [62]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\visualboxplot.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```





Hypothèse de sphéricité

L'hypothèse de sphéricité c'est l'homogénéité des variances et des covariances. Nous vérifions l'hypothèse de sphéricité grâce au test de Mauchly.

L'hypothèse nulle du test de Mauchly suppose la sphéricité . On voit ici que même avec un seuil de 10% on ne rejette pas la sphéricité ($p_{value} = 0.114$).

Ci-dessous les résultats du test de Sphéricité de Mauchly. Par défaut dans R il existe des corrections en cas de rejet de la sphéricité

In [63]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\maucy_test.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```

```
0 ANOVA
  Effect DFn DFd      F      p p<.05      ges
2      hb   2   38 0.6886379 0.5084177 0.02255345

100 $'Mauchly's Test for Sphericity'
    Effect      W      p p<.05
2      hb 0.7855036 0.1138502

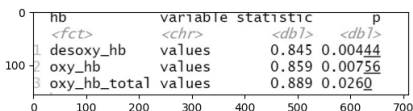
200 $'Sphericity Corrections'
    Effect      GGe      p[GG] p[GG]<.05      HFe      p[HF] p[HF]<.05
2      hb 0.8233866 0.4826672      0.8913461 0.4931626
```

Nous vérifions l'hypothèse de normalité avec le test de Shapiro-Wilk. L'hypothèse nulle du test de Shapiro-Wilk suppose la normalité.

Le résultats du test ci-dessous nous montrent qu'ici aucune des distributions ne suit une loi normale($p_{values} < 0.05$).

In [64]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\test_norm.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```

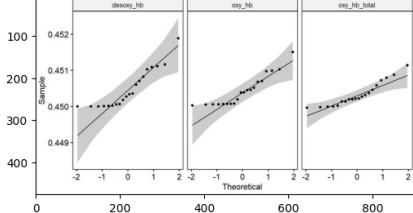


	hb	variable	statistic	p
	<fct>	<chr>	<dbl>	<dbl>
1	desoxy_hb	values	0.845	0.00444
2	oxy_hb	values	0.859	0.00756
3	oxy_hb_total	values	0.889	0.0260

La non normalité est confirmée par les qqplots suivants :

In [65]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\qqplot_norm.jpg")
plt.figure(figsize=(6, 6))
plt.imshow(imrgb)
plt.show()
```



On peut en effet y voir pour chaque composante d'hémoglobines, deux valeurs extrêmes qui s'écartent de la zone de normalité. Elles doivent probablement être la cause de la non normalité renvoyée par le test de Shapiro Wilk.

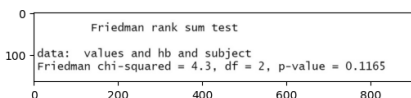
Donc l'hypothèse de sphéricité est vérifiée mais pas celle de normalité. On pourrait forcer la normalité des données avec une transformation de Box Cox par exemple mais il faudra à nouveau tester la sphéricité. On va effectuer ce qu'il y a de mieux à faire lors d'un rejet de normalité pour une anova sur mesures répétées : le test de Friedman.

Test de Friedman

L'hypothèse nulle du test de Friedman suppose l'égalité des moyennes. Ici on ne rejette pas l'hypothèse nulle.

In [66]:

```
imrgb = plt.imread(r"C:\Users\bette\Downloads\test_friedman.jpg")  
plt.figure(figsize=(6, 6))  
plt.imshow(imrgb)  
plt.show()
```



Donc les distributions d'oxyhb, de desoxyhb et d'oxyhbtotale sont à peu près similaires pour le paramètre de la longueur de chemins caractérisé normalisé .

Anova pour les autres paramètres du réseau cérébral

Les tests pour le reste des paramètres ont également conduit au non rejet de l'hypothèse nulle : celle de l'égalité des moyennes. Le test sur γ fut conduit comme celui sur λ .

Pour les autres tests , les distributions d'hémoglobines pour chaque paramètre de réseau ont vérifié l'hypothèse de normalité.

Cependant certaines de ces distributions ne vérifiaient pas l'hypothèse de sphéricité. Et lorsque ce n'était pas le cas, le problème

provenait toujours de l'égalité des covariances parce que celles des variances était respectée. Pour ces distributions qui ne vérifiaient pas l'hypothèse de sphéricité nous avons effectué une anova sur mesures répétées avec corrections de sphéricité (Greenhouse-Geisser). Et pour chacun des paramètres du réseau on a eu un non rejet de l'hypothèse d'égalité des moyennes. Dans les cas où les distributions vérifiaient les deux hypothèses à savoir sphéricités et normalité, on a également obtenue un non rejet de l'hypothèse d'égalité des moyennes. Donc les distributions d'oxyhb , de desoxyhb et d'oxyhb-totale issues des autres paramètres de réseaux sont à peu près les mêmes pour chaque paramètre de réseau.

Conclusion partie 3

Des résultats précédents, on peut en déduire qu'une étude de connectivité avec la desoxy-hb ou l'oxyhb-total aurait conduit à des analyses similaires à ceux de l'étude conduit avec l'oxy-hb. NB : les résultats d'analyses sur les paramètres du réseau n'ont pas été tous présentés dans le présent travail pour des soucis de longueurs.

In []:


```
##### GRANGER_CAUSALITY #####
```

```
Canaux<-read.table("all_data_pop.txt")
library(tseries)
library(vars)
library(base)
for (i in 1:24){canl<-ts(Canaux[i],frequency = 1)
  x<-adf.test(diff(diff(diff(diff(diff(canl))))))
  if(x[4]<0.05){print(paste("ok pour le canal" ,i))}
}

k=0
h0<-c()
h1<-c()
for (i in 1:24){canl1<-ts(Canaux[i],frequency = 1)
  canl1<-(diff(diff(diff(diff(diff(canl1))))))
  for(j in 1:24){canl2<-ts(Canaux[j],frequency = 1)
    if(i!=j){
      canl2<-(diff(diff(diff(diff(diff(canl2))))))
      canl<-cbind(canl1,canl2)
      grang<-VAR(canl,lag.max=5,type='const',ic="SC")#or
      #H0:pas de causalité VS H1:causalité
      z<-causality(grang,cause="canl1")$Granger
      if (z[3]<0.05 & j<13){
        #& i>=13 or i<13 (dans le if for calculate causality's number(R & L))
        #& i<13 & j>=13 to know what part of brain causes more the other
        #print(paste(i,">>>",j))
        h0<-append(h0,c(i))
        h1<-append(h1,c(j))
        k=k+1 #for causality's number or to know what part of brain causes
        #more the other
      }}}
}
```

```
#####ANOVA_SUR_MESURES_REPETEES_AVEC_LAMBDA✓
#####

x<-read.table("lambda_oxy_desoxy_oxytotal.txt")
subject<-c("subject_1","subject_10","subject_11","subject_12","subject_13",
           "subject_14","subject_15","subject_16","subject_17","subject_18","✓
subject_19",
           "subject_2","subject_20","subject_3","subject_4","subject_5","subject_6",
           "subject_7","subject_8","subject_9")
y<-data.frame(subject,x)
colnames(y)<-c("subject","oxy_hb","desoxy_hb","oxy_hb_total")
#####
#####donnees#en#format#long#####
#install.packages("tidyverse")
library(tidyverse)
yL <- y %>%
  pivot_longer(cols=c(oxy_hb:oxy_hb_total),
               names_to="hb",
               values_to="values") %>%
  mutate(subject=fct_inorder(subject))# pour ordonner les sujets

print(yL,n=60) # afficher les 60 lignes
#####
#####visualisation#des#données(GGPlot)#####
ggplot(yL, aes(x=hb, y=values, colour=subject)) +
  geom_point()+
  geom_line(aes(group=subject))+
  theme_classic()
#####
#####GGPlot#PAR#SUJET#####
ggplot(yL, aes(x=hb, y=values, colour=subject)) +
  geom_point()+
  geom_line(aes(group=subject))+
  facet_wrap(~subject)+

  theme_classic()
#####BOX#PLOT#####
ggboxplot(yL, x = "hb", y = "values", add = "jitter",title="boxplox-avec-ajout-de-✓
valeurs-individuelles")
#####
#####TEST#DE#SPHERICITE#####
#install.packages("ez")
library(ez)

## Warning: package 'ez' was built under R version 3.6.2
yL <- y %>%
  pivot_longer(cols=c(oxy_hb:oxy_hb_total),
               names_to="hb",
               values_to="values") %>%
  mutate(subject=fct_inorder(subject))# pour ordonner les sujets
write.table(yL,"yL.txt")
yL<-read.table("yL.txt")
yL<-data.frame(yL)
yL<- transform(yL, hb= as.factor(hb),subject=
```



```

as.factor(subject))

mod1 <- ezANOVA(dv=values,
               within=hb,
               wid=subject,
               data=yL) #test de shéricité

#install.packages("ggpubr")
#install.packages("rstatix")
library(ggpubr)
library(rstatix)

res.aov <- anova_test(data =yL, dv =values, wid =subject, within =hb) #test de✓
shéricité
#####✓
#####
#####TEST#DE#NORMALITE#####✓
#####
#Sur les données
yL %>% group_by(hb) %>% shapiro_test(values)
ggqqplot(yL, "values", facet.by = "hb")

#Donc l'hypothèse de sphéricité est vérifié mais pas l'hypothèse de
#normalité>>>On pourrait forcé la normalité des données
#avec une tsf de Box-Cox par exemple mais il faudra à nouveau tester
#la sphéricité>>>On va effectué ce qu'il y a de mieux à faire lors
#d'un rejet de normalité pour une anova sur mesures répétées c'est à
#dire l'alternative non paramétrique à l'Anova à un facteur sur mesures
#répétées : le test de Friedman

#####
#####ANOVA>>>TEST#DE#FRIEDMAN (ALTERNATIVE#NON#PARAMETRIQUE) ✓
#####
res.fried <- yL %>% friedman_test(values ~ hb |subject)
res.fried
#OU
friedman.test(values ~ hb | subject, data=yL)
#####✓
#####
#####COMPARAISON#2#à#2 (PAS nécessaire ici) ✓
#####

```