

Tests diagnostiques dans R

Nadia Aubin-Horth

Frédéric Maps

Philippe Massicotte

Matériel accompagnateur

Voici un ensemble de commandes organisées en script (voir capsule #5).

Charger les données pour l'analyse

Info! Tapez "InsectSprays" dans l'aide de R pour en savoir plus (voir capsule #1).

Il s'agit d'un jeu de données fourni avec R donnant les comptes d'insectes trouvés sur des parcelles traitées avec différents insecticides. On va d'abord charger le jeu de données, puis le rendre accessible en premier plan dans la mémoire de R :

```
data("InsectSprays")
```

```
InsectSprays
```

count	spray
-------	-------

10	A
----	---

7	A
---	---

20	A
----	---

14	A
----	---

14	A
----	---

12	A
----	---

10	A
----	---

23	A
----	---

17	A
----	---

20	A
----	---

14	A
----	---

count spray

13 A

11 B

17 B

21 B

11 B

16 B

14 B

17 B

17 B

19 B

21 B

7 B

13 B

0 C

1 C

7 C

2 C

3 C

1 C

2 C

1 C

3 C

0 C

1 C

4 C

3 D

5 D

count spray

12 D

6 D

4 D

3 D

5 D

5 D

5 D

5 D

2 D

4 D

3 E

5 E

3 E

5 E

3 E

6 E

1 E

1 E

3 E

2 E

6 E

4 E

11 F

9 F

15 F

22 F

15 F

count spray

16 F

13 F

10 F

26 F

26 F

24 F

13 F

Comparer les nombres moyens d'insectes

Ici on veut comparer les nombres moyens d'insectes trouvés après les traitements C et F. Le but de ce test est de vérifier si ces deux types de traitement permettent d'éliminer une quantité d'insectes similaire en moyenne (comparer si les échantillons proviennent de la même "population" statistique).

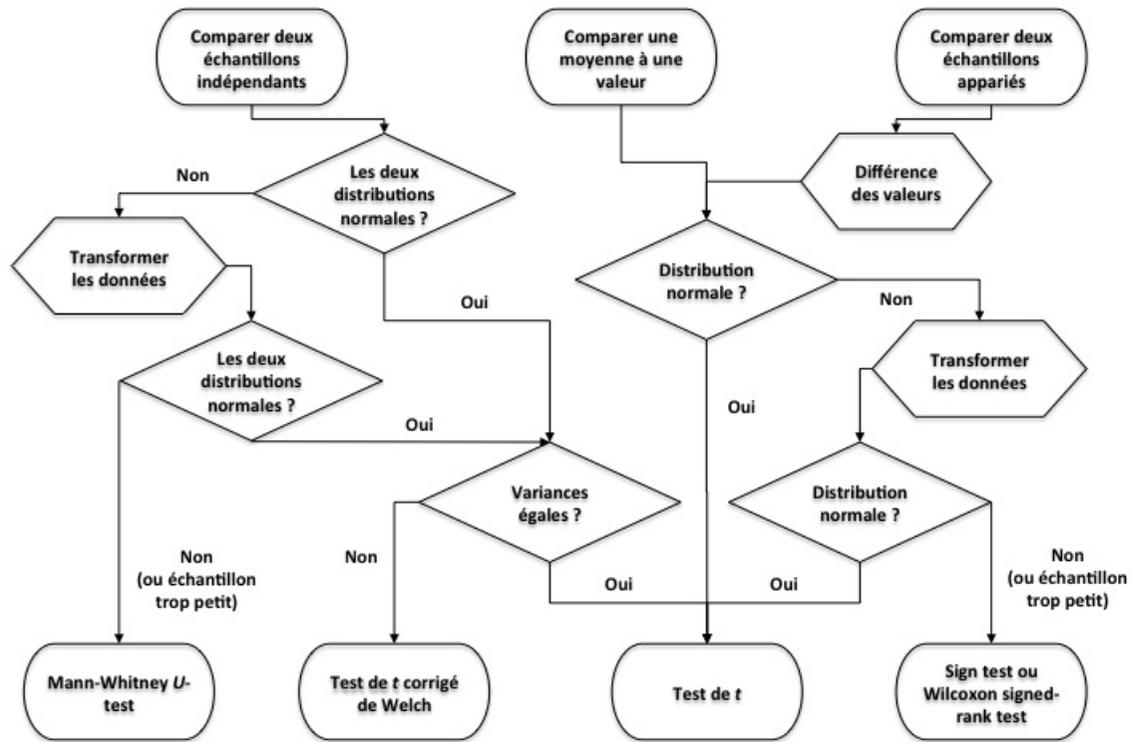
```
# Création de groupes pour séparer nos données d'insectes ("count")
T.C <- InsectSprays$spray == "C"
T.F <- InsectSprays$spray == "F"
```

- Vérifier *a priori* les conditions d'application d'un test de comparaison de moyenne paramétrique

Afin de pouvoir se fier aux conclusions d'un test statistique, il faut s'assurer que nos données respectent les **conditions d'application** du test envisagé.

Info! La première condition à vérifier est toujours la même pour tous les tests de base : il faut que les échantillons soient aléatoires et indépendants !

Ensuite, d'autres conditions spécifiques à chaque test doivent être remplies. La figure ci-dessous rappelle les vérifications à faire pour correctement choisir le test de comparaison de moyennes à effectuer sur nos données. Les losanges indiquent les étapes de vérification des conditions d'application de chaque test possible.



Pour un test de comparaison de moyenne paramétrique standard (test de t), il faut ainsi vérifier (i) la **normalité** et (ii) l'**homogénéité des variances** des données de nos deux échantillons.

- Vérifier la normalité des données

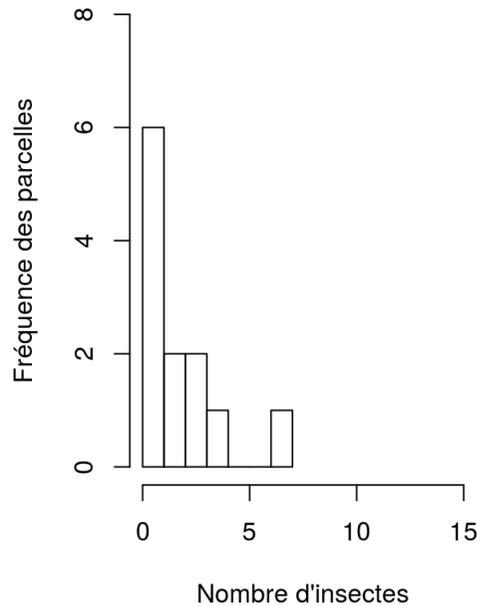
On vérifie d'abord visuellement la distribution de fréquence des données :

```
# Histogrammes pour vérifier la normalité des distributions de valeurs de mass
par(mfrow = c(1, 2)
)

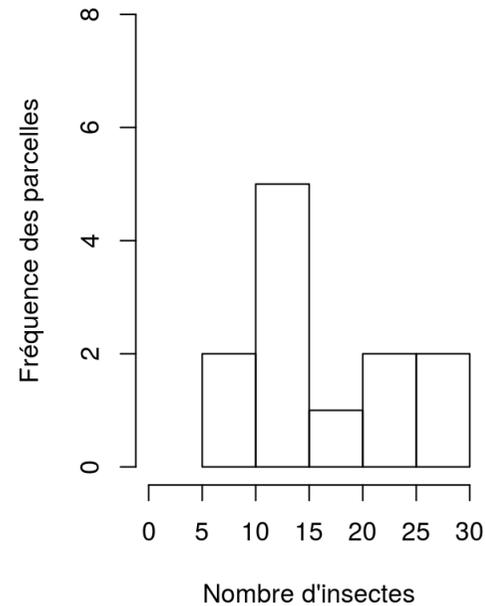
hist(
  InsectSprays$count[T.C],
  xlim = c(0, 15)
,
  ylim = c(0, 8)
,
  xlab = "Nombre d'insectes"
,
  ylab = "Fréquence des parcelles"
,
  main = "Traitement C"
)

hist(
  InsectSprays$count[T.F],
  xlim = c(0, 30)
,
  ylim = c(0, 8)
,
  xlab = "Nombre d'insectes"
,
  ylab = "Fréquence des parcelles"
,
  main = "Traitement F"
)
```

Traitement C



Traitement F



Il apparaît évident à l'allure asymétrique des deux distributions de fréquence que les valeurs des deux échantillons ne sont pas normalement distribuées. De plus, la première distribution en particulier fait apparaître des valeurs extrêmes, très éloignées des autres : ce sont des *outliers*; il faut y apporter une attention particulière (voir ci-dessous). Nous pouvons le confirmer avec un test statistique de Shapiro-Wilk qui compare la distribution de l'échantillon à la distribution nulle Normale : `shapiro.test()`

```
shapiro.test(InsectSprays$count[T.C])
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  InsectSprays$count[T.C]  
## W = 0.85907, p-value = 0.04759
```

```
shapiro.test(InsectSprays$count[T.F])
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  InsectSprays$count[T.F]  
## W = 0.88475, p-value = 0.1009
```

Dans le premier cas, la valeur de la p -values tout juste inférieure au seuil alpha de 0.05 indique que l'on peut rejeter l'hypothèse nulle testée que l'on peut formuler ainsi : "il n'y a pas de différence entre la distribution des valeurs échantillonnées et une distribution Normale". Par contre, malgré l'allure non symétrique de la distribution des valeurs pour le traitement "F", le test ne permet pas de rejeter l'hypothèse nulle. Ceci permet d'insister sur le fait que la vérification visuelle n'est pas toujours évidente; à l'inverse, un test formel n'est parfois pas assez "**puissant**" pour rejeter l'hypothèse nulle. Cela a souvent à voir avec le nombre de valeurs dans l'échantillon. En effet, plus il y a d'observations, plus le test est puissant.

- Transformer les valeurs des échantillons

Que peut-on faire lorsque les données ne sont pas distribuées normalement ?

1. Si les données ne dévient "pas trop" de la normalité, **rien**, est une option !
2. Sinon, essayer des **transformations mathématiques** des données, puis faire l'analyse envisagée sur ces données transformées.

Ici, nous travaillons avec des **données qui sont distribuées asymétriquement avec une dominance des faibles valeurs, et quelques fortes valeurs**. Ce type de distribution correspond typiquement à une distribution *log-normale*, c'est-à-dire que les valeurs transformées par un logarithme suivent une distribution Normale. Ceci souvent le cas pour des jeux de données impliquant des masses, volumes, concentrations, taux, etc. La transformation logarithmique a en plus l'avantage de réduire l'influence des valeurs extrêmes (*outliers* ci-dessus) et d'égaliser les variances (voir ci-dessous). Nous créons donc une nouvelle variable qui servira pour nos analyses de comparaison de moyenne :

```
logCount <- log10(InsectSprays$count + 1)  
  
# Ajouter la nouvelle variable logCount dans le data frame InsectSprays  
InsectSprays$logCount <- logCount
```

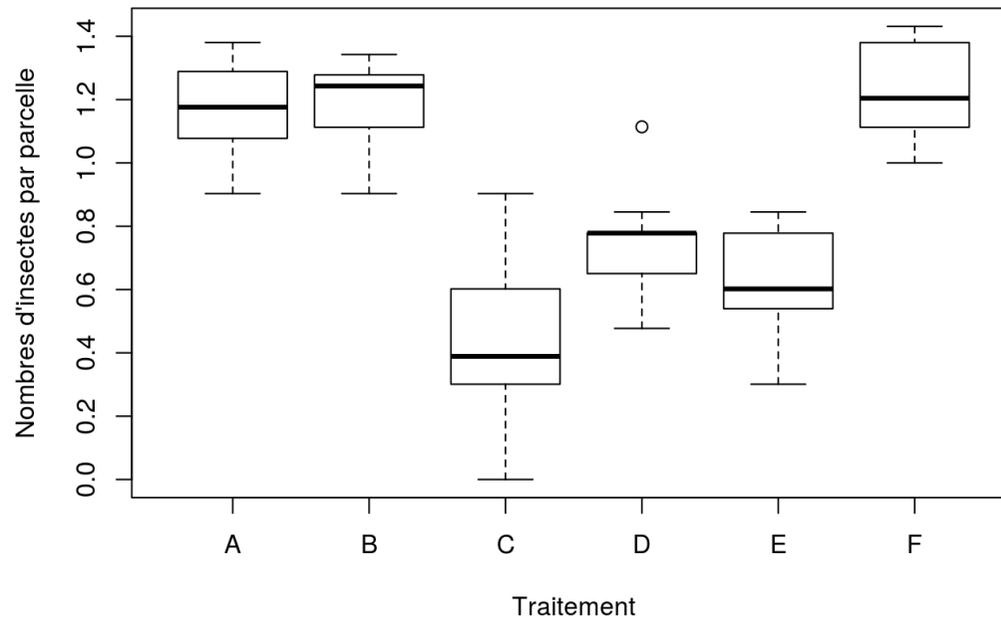
ATTENTION #1 N'oubliez pas que $\log(0)$ n'existe pas ! Donc si vous avez des valeurs nulles, la transformation à faire est $\log(\text{valeur} + 1)$. Soyez attentifs aux spécificités des fonctions mathématiques que vous utilisez.

ATTENTION #2 N'oubliez pas de transformer toutes les valeurs de la même façon (pour chaque groupe) dans le cas de comparaisons de moyennes !

- Vérifier l'homogénéité des variances

Encore une fois, on peut se fier à l'allure des distributions de valeurs (d'après l'étendue des valeurs d'un boxplot, par exemple).

```
boxplot(InsectSprays$logCount ~ InsectSprays$spray, xlab = "Traitement", ylab = "Nombres d'insectes par parcelle")
```



On remarque sur ces boxplots que les distributions des valeurs semblent effectivement plus symétriques (Normales) après transformation, même s'il reste un *outlier* dans le groupe D. De plus l'étendue des distributions de valeurs transformées semble plutôt similaire entre les groupes. Mais on peut également faire un test formel d'homogénéité des variances :

```
var.test(InsectSprays$logCount[T.C], InsectSprays$logCount[T.F])
```

```
##
## F test to compare two variances
##
## data: InsectSprays$logCount[T.C] and InsectSprays$logCount[T.F]
## F = 3.1384, num df = 11, denom df = 11, p-value = 0.07059
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.9034831 10.9019558
## sample estimates:
## ratio of variances
##          3.138428
```

La p -value > seuil alpha de 0.05 indique que les variances des insectes dénombrés sur les parcelles traitées pour les deux traitements ne sont pas significativement différentes à un seuil de confiance de 95% (19 fois sur 20). Le résultat du test nous donne par ailleurs le ratio des variances $F = 3.13$ et son intervalle de confiance (très large) à 95% ($0.90 < F < 10.9$) n'exclue pas la valeur nulle de 1.

Test de comparaison de moyennes

Ici on veut faire le test de comparaison de moyennes de façon appropriée. Il faut maintenant prendre en compte les résultats de notre vérification *a priori* des conditions d'application du test, et faire ce test sur les valeurs transformées. Il faut savoir qu'il y a plusieurs arguments (options) à la fonction `t.test()` pour lesquels nous pouvons préciser la valeur (voir capsule #3). L'aide de la fonction qu'on peut obtenir en tapant `?t.test` dans l'invite de commande nous donne :

```
## Default S3 method:
t.test(x, y = NULL
,
      alternative = c("two.sided", "less", "greater")
,
      mu = 0, paired = FALSE, var.equal = FALSE
,
      conf.level = 0.95, ...
)
```

Ici il y a une (1) option directement reliée à la condition d'homoscédasticité (égalité des variances) : `var.equal =` qui devra indiquer par les valeurs logiques `TRUE` ou `FALSE` si on considère que les variances des deux échantillons sont homogènes.

ATTENTION! La valeur par défaut de cette option est `FALSE` ; donc R fait par défaut un test corrigé de Welch !

Dans notre cas, les variances des groupes comparés sont homogènes, donc il faut spécifier la valeur suivante lors du test dans R :

```
t.test(InsectSprays$logCount[T.C], InsectSprays$logCount[T.F], var.equal = TRUE
)
```

```
##
## Two Sample t-test
##
## data: InsectSprays$logCount[T.C] and InsectSprays$logCount[T.F]
## t = -9.091, df = 22, p-value = 6.638e-09
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.9936932 -0.6245354
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 0.4137119 1.2228262
```

La p -value $\ll 0.05$ permet de conclure que ces deux types de traitement conduisent à des nombres d'insectes moyens différents, 19 fois sur 20 (confiance à 95%).

Vérification *a posteriori* des conditions d'application

Il s'agit maintenant de vérifier *a posteriori* les conditions d'application du test statistique paramétrique.

Info! La vérification des conditions d'application d'un test peut souvent se faire *a priori* (avant l'analyse), mais aussi *a posteriori* (après l'analyse) sur les résidus.

Le terme résidus indique essentiellement les valeurs de **l'écart de chaque observation au modèle nul** défini pour le test paramétrique effectué.

Il existe plusieurs tests pour lesquels l'analyse des résidus *a posteriori* est la meilleure option, comme dans le cas d'une analyse de régression (voir capsule #11). Ici nous prendrons l'exemple d'une analyse de variance sur nos données **de masse des poussins**.

- Comparaison de l'effet des six (6) types de traitement sur la présence d'insectes

Il s'agit ici de comparer les quantités d'insectes moyennes retrouvées sur les parcelles traitées avec chacun des produits. Nous faisons donc, **d'abord sur les données brutes** (non transformées), l'ANOVA suivante (voir capsule #8) :

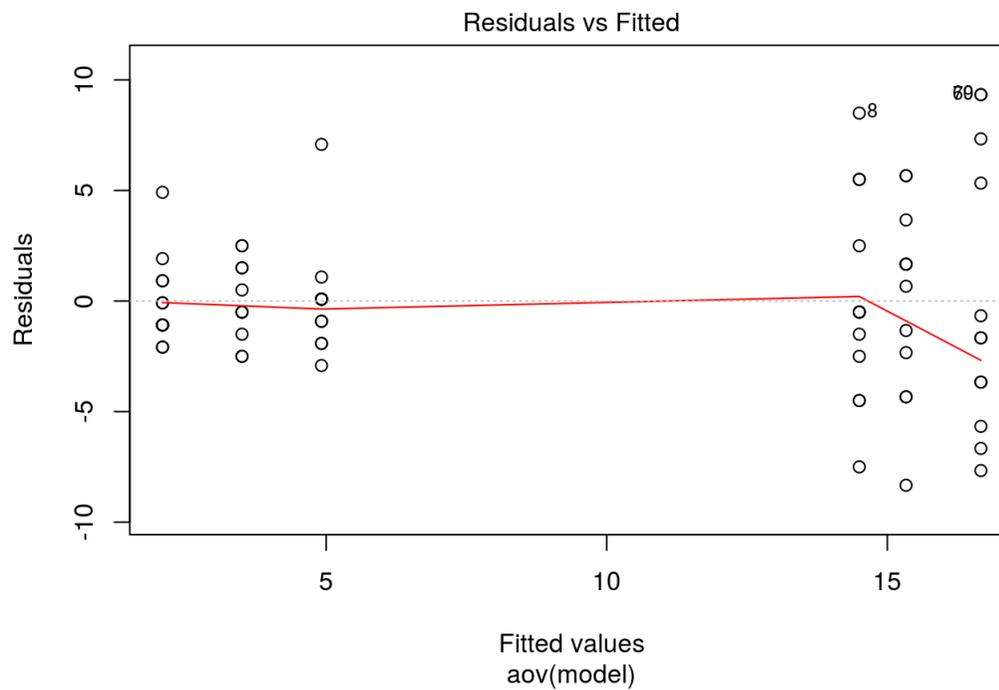
```
model <- count ~ spray
analyse <- aov(model, data = InsectSprays)
summary(analyse)
```

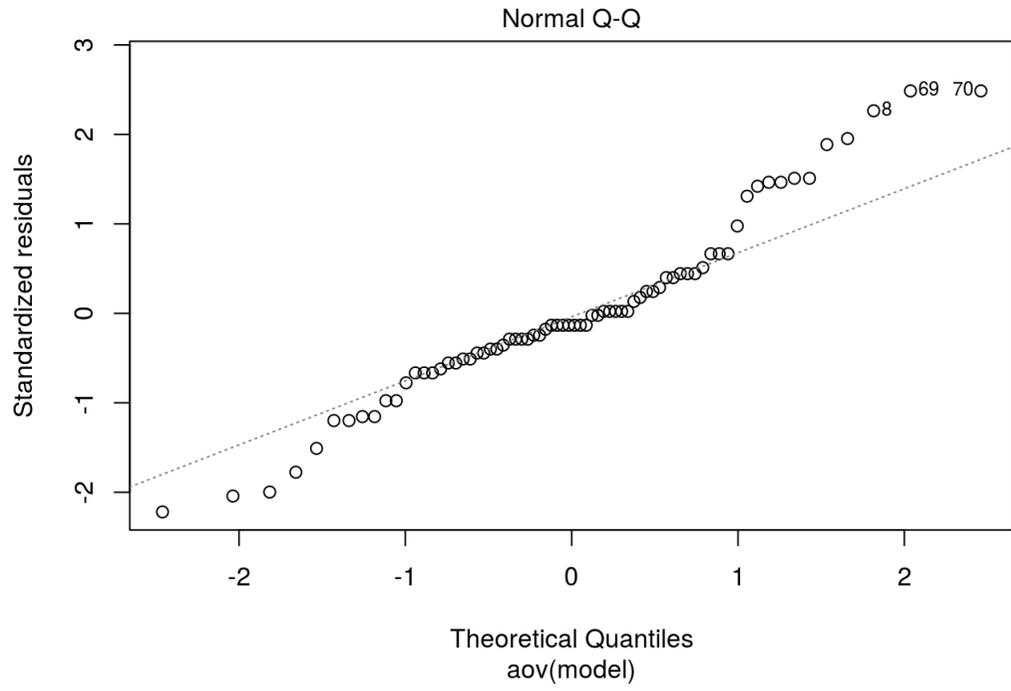
```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## spray      5   2669   533.8    34.7 <2e-16 ***
## Residuals 66   1015    15.4
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

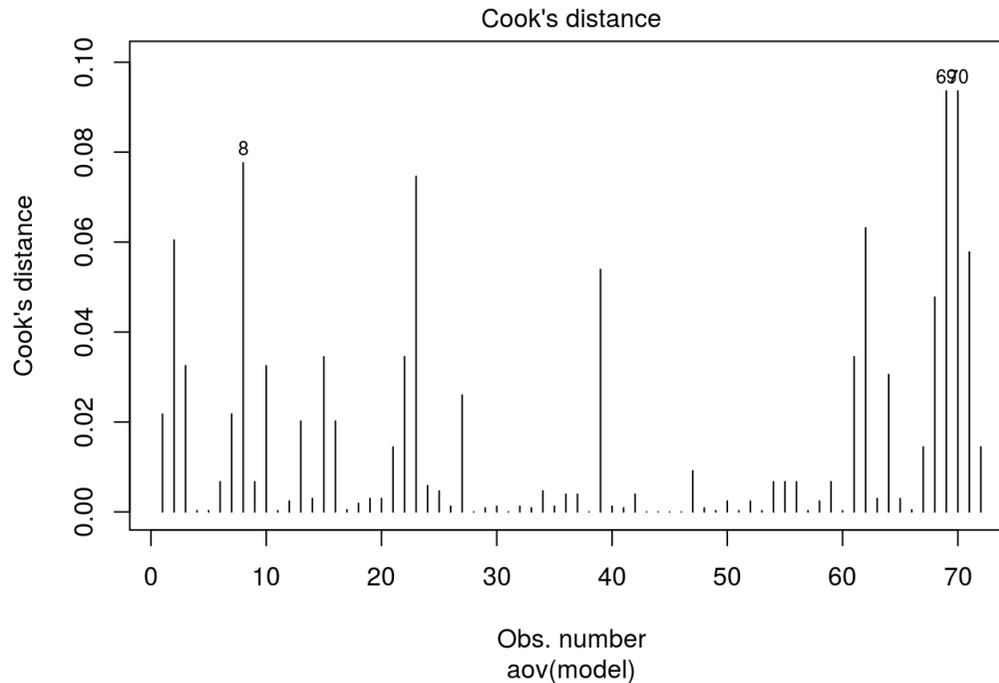
La conclusion de ce test **semble claire** : la très faible p -value indique que le nombre moyen d'insectes d'au moins un des groupes diffère des autres, 19 fois sur 20 (confiance à 95%). **MAIS POUVONS-NOUS NOUS FIER À CES RÉSULTATS ?** Nous allons évaluer le respect des conditions d'application *a posteriori* sur les résidus de l'analyse déjà effectuée.

- Vérification **visuelle** des conditions d'application de l'ANOVA

```
plot(analyse, which = c(1, 2, 4))
)
```







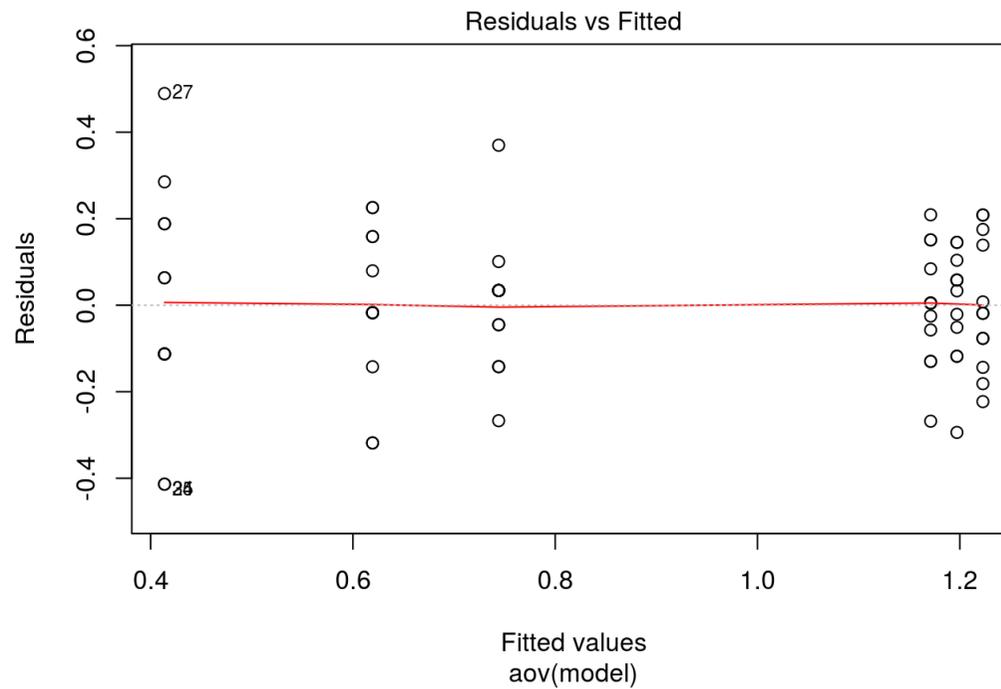
La fonction `plot()` reconnaît le type de la variable `analyse`, c'est-à-dire un résultat de test statistique, et elle produit automatiquement plusieurs graphiques diagnostiques (par défaut). On en a choisi trois ici.

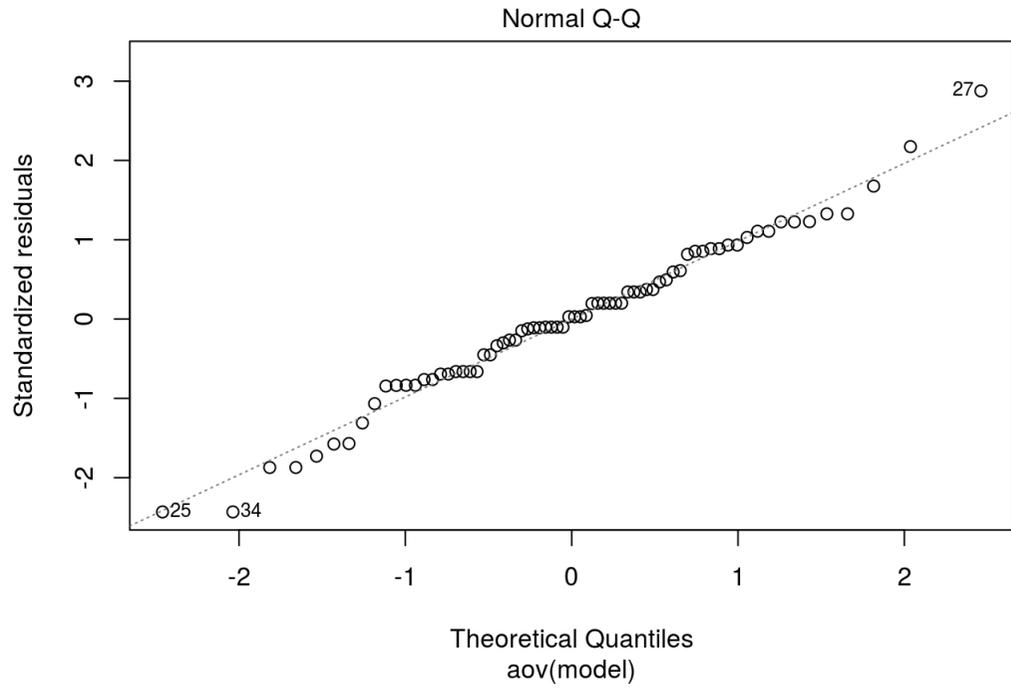
1. Le premier représente simplement les valeurs de chaque résidu (écart) en fonction de la valeur "prédite" par le modèle nul testé. Dans le cas de l'ANOVA, il s'agit simplement de la moyenne de groupe ! Ce premier graphique permet déjà de vérifier la normalité des résidus et donc des valeurs : Sont-ils répartis symétriquement de part et d'autre du 0 ? **Ce n'est pas vraiment le cas ici !** Il permet également d'avoir une idée de l'homogénéité des variances : Les étendues des valeurs sont-elles comparables entre les groupes ? **Ça n'est pas le cas non plus**. Finalement, si la droite indicatrice rouge dévie notablement de l'horizontale, ceci indique d'autres problèmes tels que la non-linéarité des relations entre variables dans le cas d'une régression (voir capsule #11).
2. Le deuxième représente spécifiquement la normalité des résidus en comparant la distribution de leur valeur standardisée à une droite théorique qui représente une distribution normale idéale. On voit encore une fois **que les valeurs ne sont pas normalement distribuées**.
3. Le troisième présente finalement la distance de Cook, c'est-à-dire le "poids" relatif de chaque valeur individuelle sur la conclusion de notre analyse; il permet **d'identifier des points qui influencent de façon disproportionnée nos conclusions**. Ce sont encore une fois des "outliers" dont il faut se méfier. Une valeur > 0.5 est problématique.

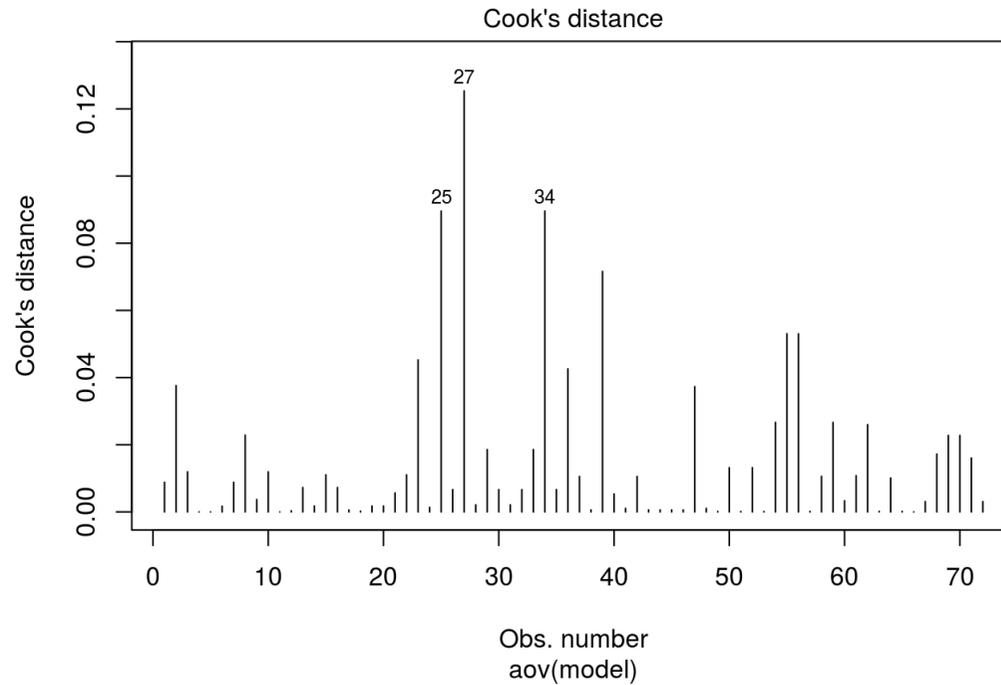
Info! Consulter l'aide à propos de la fonction `plot.lm()` pour plus de détails sur ces graphiques.

On peut voir la différence de résultats en refaisant ce **diagnostic visuel sur les résultats de l'analyse effectuée sur les valeurs transformées** pour satisfaire aux conditions d'application. Les conclusions de cette inspection visuelle confirment les bienfaits de transformer nos données !

```
model <- logCount ~ spray
analyse <- aov(model, data = InsectSprays)
plot(analyse, which = c(1, 2, 4)
)
```







Téléchargement

Le matériel pédagogique utilisé dans cette capsule est disponible pour le téléchargement sous deux formats différents:

1. Format PDF standard que vous pouvez consulter et commenter avec Adobe Reader par exemple.
2. Format HTML dynamique qui se comporte comme une page web et doit être lu avec votre navigateur préféré (Chrome, Firefox, Edge, Safari, etc.).

Pour télécharger le fichier localement sur votre ordinateur, tablette ou téléphone portable, il suffit de cliquer sur le lien désiré avec le bouton droit de votre souris et choisir "sauvegarder sous...".

Télécharger la documentation sous format PDF

- [Télécharger la documentation sous format PDF](#)
- [Télécharger la documentation sous format HTML](#)