

# Rapport de Projet : ANOVA Phylogénétique

Alizée Geffroy

Louis Lacoste

17 mars 2024

# Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Méthodes</b>	<b>4</b>
2.1	L'ANOVA . . . . .	4
2.2	L'ANOVA phylogénétique . . . . .	4
2.3	ANOVA phylogénétique avec erreur de mesure . . . . .	5
2.4	Le test statistique . . . . .	6
2.5	Approximation de Satterthwaite . . . . .	6
2.6	REML . . . . .	8
<b>3</b>	<b>Méthodologie</b>	<b>9</b>
3.1	Simulations . . . . .	9
<b>4</b>	<b>Données</b>	<b>11</b>
<b>5</b>	<b>Résultats</b>	<b>15</b>
<b>6</b>	<b>Discussion et conclusion</b>	<b>15</b>
<b>A</b>	<b>Application aux données réelles</b>	<b>16</b>

# 1 Introduction

Ici contexte biologique, les données de [GOMEZ-MESTRE, PYRON et WIENS 2012](#), les données de Paul et Mélina, etc.

Avec l'avènement des données massives de génomiques, transcriptomiques, protéomiques etc, il y a besoin de techniques statistiques robustes et passant à l'échelle permettant de mener à bien l'analyse des données : arbres phylogénétiques, données génétiques Arbres avec des petites branches : plusieurs individus par espèces avec chacun leurs données → problème biologique

Deux sujets différents écologie et transcriptomique mais une même méthode.

Pour données [CHEN et al. 2019](#) la figure 1 présente l'arbre phylogénétique :

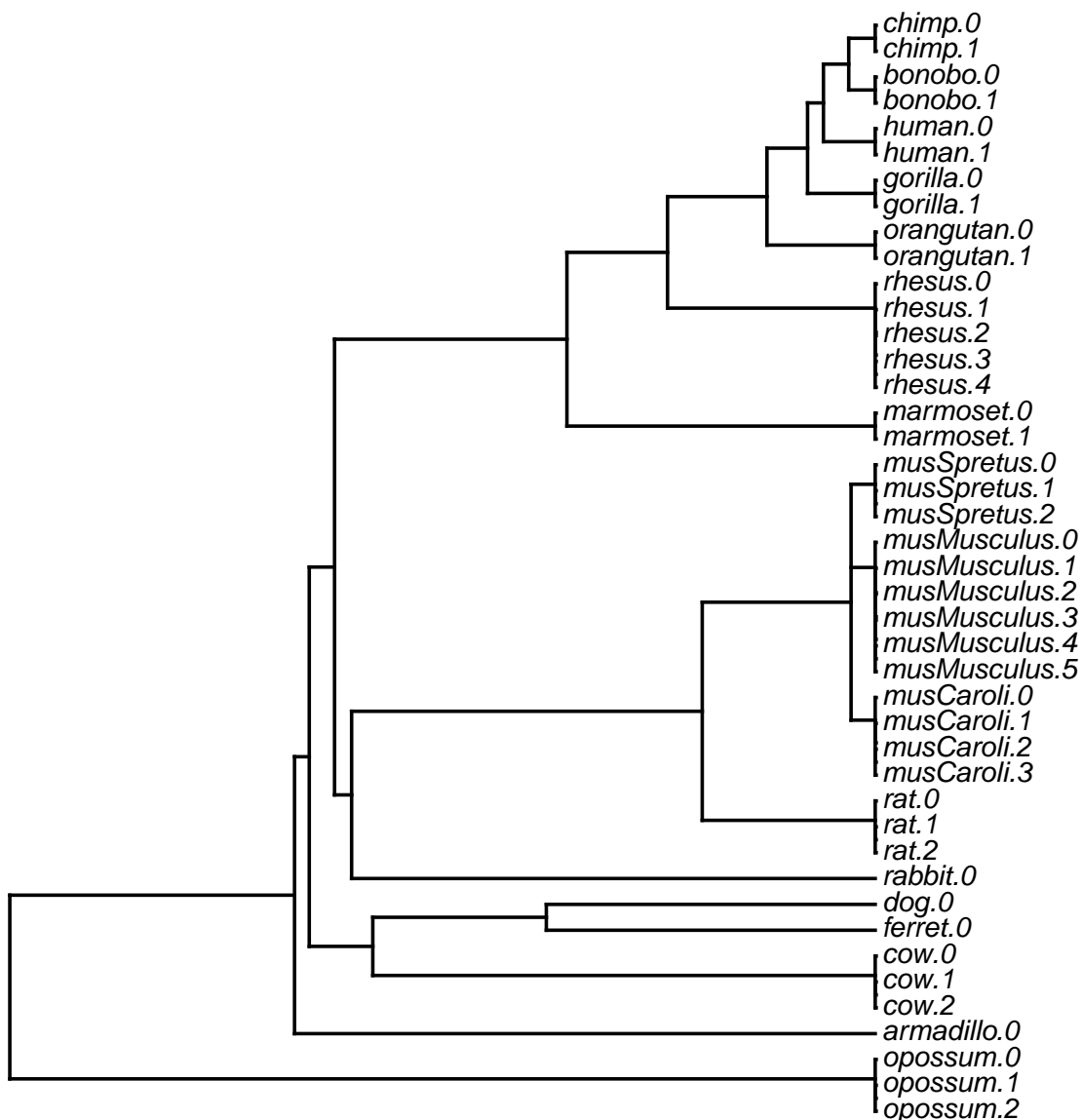


FIGURE 1 – Arbre phylogénétique de [CHEN et al. 2019](#)

Au vu de la forme des données étudiées, le projet s'est tourné vers une méthode d'ANOVA phylogénétique. Celle-ci sera d'abord décrite ainsi que d'autres outils mathé-

matiques utilisés pour affiner la fiabilité du test dans une première partie. Viendra ensuite une partie de simulation destinée à comparer et étudier la méthode d'ANOVA phylogénétique sur des données d'arbre simulés. Enfin, on teste sur des données réelles.

Un gène, comparer les moyennes d'expression d'un gène On connaît les groupes exemple individus malade/sain

Comparaison non pas sur individus malades/pas malades mais sur espèces différentes. Pas possible de supposer iid, existe relations entre les individus et les groupes que l'on compare donc besoin de les prendre en compte.

Modèle mixte la matrice des temps de divergences, BM simple sans erreurs, avec erreur (ajustement du ratio) avec OU...

## 2 Méthodes

Ici les rappels sur l'ANOVA, l'explication de l'ANOVA phylogénétique. La démonstration des limites de l'ANOVA phylogénétique par des simulations Méthode : la partie maths anova, anova phylo, satterthwaite,

### 2.1 L'ANOVA

L'ANOVA est un cas classique du modèle linéaire, nous utilisons ici les notations et le formalisme de [BEL et al. s. d.](#)

Le principe de l'ANOVA est d'expliciter le lien entre une variable quantitative et une ou plusieurs variables qualitatives.

La forme usuelle de l'ANOVA à 1 facteur est la suivante :

$$Y_{ik} = \mu_i + E_{ik}, \quad i = 1, \dots, I, k = 1, \dots, n_i, E_{ik} \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2) \quad (1)$$

où dans cette équation, reprise du livre ([BEL et al. s. d.](#)),  $i$  représente le niveau du facteur et  $k$  indique le numéro de l'observation dans ce niveau.  $I$  est le nombre total de niveaux du facteur,  $n_i$  le nombre d'observation du niveau  $i$ .

L'ANOVA se généralise à deux facteurs, plus facilement compréhensible avec cette forme, non identifiable :

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + E_{ijk}, \quad i = 1, \dots, I, j = 1, \dots, J, k = 1, \dots, n_{ij}, E_{ijk} \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2) \quad (2)$$

où  $\mu$  représente un effet moyen de la population (*intercept*),  $\alpha_i$  l'effet du premier facteur de niveau  $i$ ,  $\beta_j$  l'effet du second facteur de niveau  $j$ .

Les paramètres de l'ANOVA sont estimables, grâce par exemple à la méthode du maximum de vraisemblance et ont des formules bien connues.

### 2.2 L'ANOVA phylogénétique

Dans la méthode d'ANOVA classique l'information portée par l'arbre phylogénétique n'est pas prise en compte. Le but de cette nouvelle est de ne plus mettre cette information de côté et peut être obtenir de meilleurs résultats. En effet on peut imaginer, en considérant des traits évolutifs ou des séquences d'ADN, que des individus d'une même espèce ou bien d'espèces proche phylogénétiquement, pourraient avoir des valeurs proches. D'abord

il s'agit de modéliser l'arbre et les informations évolutives qu'ils contiennent de manière à l'incorporer.

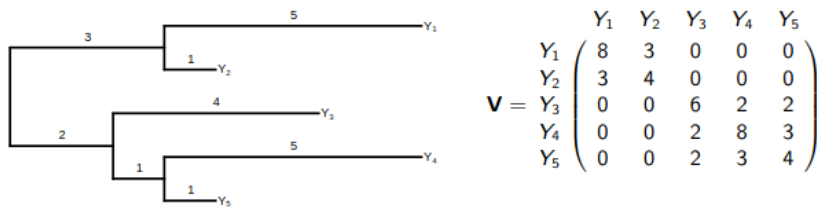
Comme décrit dans [BASTIDE, MARIADASSOU et ROBIN 2022](#) l'évolution d'un trait nécessite de décrire ses fluctuations le long de l'arbre et ses branches. C'est pour cela que souvent cela est le résultat d'un processus stochastique à temps continu. Le processus classique est le mouvement brownien et c'est celui que nous avons utilisé. Il a cependant quelques limites qui ne font pas l'objet de ce rapport mais qui peuvent alors justifier le choix d'autres types de processus comme celui d'Ornstein-Uhlenbecks. Le modèle de mouvement brownien va alors induire que les feuilles des arbres (nos observations) auront une distribution gaussienne que l'on écrira sous la forme suivante :

$$Y = X\beta + u \quad (3)$$

$$\text{où } \mathbf{Y} = \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_n \end{bmatrix}, \mathbf{X} = [\mathbf{1} \quad \mathbf{1}_2] = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}, \quad u \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 K)$$

On remarque alors une différence par rapport à la formule d'ANOVA classique (1), c'est la présence d'une matrice  $K$ . Dans le cadre du mouvement brownien  $K = (K_{i,j})_{1 \leq i,j \leq n} = (t_{i,j})_{1 \leq i,j \leq n}$  où  $t_{i,j}$  représente le temps d'évolution commun aux espèces  $i$  et  $j$ . On peut voir un exemple utilisé dans les slides de cours [BASTIDE et CLAVEL s. d.](#) :

BM on a tree:



Etre assez concis sur l'histoire de la projection et le modèle et les différences avec l'ANOVA.

## 2.3 ANOVA phylogénétique avec erreur de mesure

TODO transition La réalité du modèle nous donne cette nouvelle équation où l'on peut voir 2 erreurs. L'une en lien avec le mouvement brownien sur l'arbre et liée à l'information phylogénétique portée par celui-ci (modélisée par la matrice  $K$ ) génétique et l'autre à une erreur de mesure.

$$Y = X\beta + u + \epsilon \quad \text{et} \quad \theta = (\sigma_{phy}^2, \sigma_{err}^2) \quad (4)$$

$$\text{où } \mathbf{Y} = \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_n \end{bmatrix}, \beta = \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{bmatrix}, \quad u \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{phy}^2 K), \quad \epsilon \sim \mathcal{N}_n(0, \sigma_{err}^2 I_n)$$

## 2.4 Le test statistique

Pour le test statistique d'ANOVA phylogénétique, on se met dans le cadre d'une ANOVA à un facteur et à 2 groupes. Chacun de ces groupes ayant une moyenne qui lui est propre :  $\mu_1$  et  $\mu_2$ . On testera alors les hypothèses suivantes :

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$

$$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$$

On a pour un ce test de Fisher la statistique de test suivante dans le cadre où l'on a  $p$  groupes :

$$F = \frac{\|\hat{Y} - \bar{Y}\|_{K^{-1}}(n-p)}{(p-1)\|Y - \hat{Y}\|_{K^{-1}}} \underset{\mathcal{H}_0}{\sim} \mathcal{F}_{\text{Fisher}}(p-1, n-p)$$

TODO : Améliorer les notations

## 2.5 Approximation de Satterthwaite

Dans la statistique de test précédente, on peut voir des degrés de liberté. De manière standard on va dans notre cas avoir  $n - 2$  degrés de liberté. L'ANOVA, suppose souvent une homoscedasticité des variances entre les groupes ou les échantillons. Cela signifie que les variances des groupes sont égales.

Cependant, lorsque cette condition n'est pas satisfaite, l'approximation de Satterthwaite peut être utilisée pour tenir compte des variances inégales entre les groupes. Elle est particulièrement utile dans le cas des ANOVA à un facteur, mais peut également être appliquée à des ANOVA à plusieurs facteurs.

L'approximation de Satterthwaite ajuste les degrés de liberté pour tenir compte de ces différences dans les variances.

Cela permet d'obtenir des résultats plus fiables lorsque les conditions d'homoscedasticité ne sont pas respectées.

On s'est basé sur la documentation du package lmer [KUZNETSOVA, BROCKHOFF et CHRISTENSEN 2017](#) pour calculer les formules explicites de l'approximation dans notre cadre et ensuite les implémenter et voir si cela améliore la fiabilité de la statistique de test. A partir de 4 on rappelle les valeurs suivantes :

$$Y \sim \mathcal{N}_n(X\beta, \sigma_{phy}^2 K + \sigma_{err}^2 I_n) \quad \text{et} \quad \text{Var}_\theta(Y) = V(\theta) = \sigma_{phy}^2 K + \sigma_{err}^2 I_n$$

De là on obtient :

$$C(\theta) = (\text{Cov}(\beta_i, \beta_j))_{i,j} = (X^T V(\theta)^{-1} X)^{-1} = (X^T (\sigma_{phy}^2 K + \sigma_{err}^2 I_n)^{-1} X)^{-1} \quad (5)$$

Toujours en suivant la documentation [KUZNETSOVA, BROCKHOFF et CHRISTENSEN 2017](#) on part de l'expression pour les degrés de liberté  $df$  et de l'approximation. Ce qui nous donne :

$$df = \frac{2(l^T \hat{C} l)^2}{[\text{Var}(l^T \hat{C} l)]} = \frac{2(f(\hat{\theta}))^2}{[\text{Var}(f(\hat{\theta}))]} \approx \frac{2(f(\hat{\theta}))^2}{[\nabla f(\hat{\theta})]^T A [\nabla f(\hat{\theta})]} \quad (6)$$

$$\text{où } \hat{C} = C(\hat{\theta}) \quad \text{et} \quad f(\theta) = l^T C(\theta) l$$

A partir de cette expression, on calcule  $\nabla f(\theta)$  qu'on appliquera en  $\hat{\theta}$  et  $A$  la matrice de variance-covariance de  $\hat{\theta} = (\hat{\sigma}_{phy}^2, \hat{\sigma}_{err}^2)$

*Calcul du gradient.* Nous voulons calculer les dérivées partielles  $\partial_{\sigma_{phy}^2} f(\theta)$  et  $\partial_{\sigma_{err}^2} f(\theta)$ . Pour les premières étapes de calculs, on écrira seulement  $\partial$  sans distinction car ce sont les mêmes expressions pour les 2 dérivées. On utilisera dans la suite les formules de [PETERSEN et PEDERSEN 2012](#) pour les dérivées de matrice

$$\partial f(\theta) = l^T \partial C(\theta) l$$

$$\partial C(\theta) = \partial(X^T V(\theta)^{-1} X)^{-1} = -C(\theta) \partial(X^T V(\theta)^{-1} X) C(\theta)$$

$$\partial(X^T V(\theta)^{-1} X) = \partial(X^T V(\theta)^{-1}) X + \cancel{X^T V(\theta)^{-1} \partial(X)} \quad (\partial_{\sigma_{phy}^2}(X) \text{ et } \partial_{\sigma_{err}^2}(X) \text{ sont nulles})$$

$$\partial(X^T V(\theta)^{-1}) = \partial(X^T) V(\theta)^{-1} + X^T \partial(V(\theta)^{-1}) = \cancel{\partial(X)^T V(\theta)^{-1}} + X^T \partial(V(\theta)^{-1})$$

$$\partial(V(\theta)^{-1}) = -V(\theta)^{-1} \partial(V(\theta)) V(\theta)^{-1}$$

$$\partial(V(\theta)) = \partial(\sigma_{phy}^2 K + \sigma_{err}^2 I_n)$$

Ce qui donne :

$$\partial_{\sigma_{phy}^2}(V(\theta)) = K, \quad \text{et} \quad \partial_{\sigma_{err}^2}(V(\theta)) = I_n$$

De là en remettant les formules explicite les unes dans les autres, on obtient :

$$[\nabla f(\hat{\theta})] = \begin{bmatrix} \partial_{\sigma_{phy}^2} f(\hat{\theta}) \\ \partial_{\sigma_{err}^2} f(\hat{\theta}) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} l^T C(\hat{\theta}) X^T V(\hat{\theta})^{-1} K V(\hat{\theta})^{-1} X C(\hat{\theta}) l \\ l^T C(\hat{\theta}) X^T V(\hat{\theta})^{-1} I_n V(\hat{\theta})^{-1} X C(\hat{\theta}) l \end{bmatrix}$$

□

*Calcul de A.*  $A$  est la matrice variance-covariance de  $\hat{\theta}$ , c'est à dire l'inverse de la Hessienne  $H$  de la vraisemblance de  $\hat{\theta}$  :  $A = H^{-1}$  Dans ce cadre on peut obtenir une formule explicite de la Hessienne, même si dans la plupart des cas il est plus simple d'estimer cette matrice par des méthodes numériques. On va d'abord calculer la log-vraisemblance du vecteur  $Y$  défini précédemment :

$$\begin{aligned} \mathcal{L}(Y, \theta) &= \log\left(\frac{1}{(2\pi)^{n/2} |V(\theta)|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)\right)\right) \\ &= -\frac{n}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2} \log(|V(\theta)|) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} (Y - X\beta) \end{aligned}$$

On calcule les dérivées premières de la log-vraisemblance

$$\begin{aligned} \partial_{\sigma_{phy}^2} \mathcal{L} &= -\frac{1}{2} \partial_{\sigma_{phy}^2} (\log(|V(\theta)|)) - \frac{1}{2} \partial_{\sigma_{phy}^2} ((Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)) \\ &= -\frac{1}{2} \text{Tr}(V(\theta)^{-1} \partial_{\sigma_{phy}^2} (V(\theta))) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T \partial_{\sigma_{phy}^2} (V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta) \\ &= -\frac{1}{2} \text{Tr}(V(\theta)^{-1} K) + \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} (Y - X\beta) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\partial_{\sigma_{err}^2} \mathcal{L} &= -\frac{1}{2} \partial_{\sigma_{err}^2} (\log(|V(\theta)|)) - \frac{1}{2} \partial_{\sigma_{err}^2} ((Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)) \\
&= -\frac{1}{2} Tr(V(\theta)^{-1} \partial_{\sigma_{err}^2} (V(\theta))) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T \partial_{\sigma_{err}^2} (V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta) \\
&= -\frac{1}{2} Tr(V(\theta)^{-1} I_n) + \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} I_n V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)
\end{aligned}$$

Puis les dérivées secondes :

$$\begin{aligned}
\partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} \mathcal{L} &= -\frac{1}{2} \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} (Tr(V(\theta)^{-1} K)) + \frac{1}{2} \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} ((Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)) \\
&= -\frac{1}{2} Tr(\partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} (V(\theta)^{-1}) K) + \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} (V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta) \\
&= \frac{1}{2} Tr(V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} K) - (Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)
\end{aligned}$$

car  $\partial((Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)) = (Y - X\beta)^T \partial(V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta)$   
et  $\partial(V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) = -V(\theta)^{-1} \partial V(\theta) V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} - V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} \partial V(\theta) V(\theta)^{-1}$   
ce qui donne  $\partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} (V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) = -2V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}$

$$\begin{aligned}
\partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{phy}^2} \mathcal{L} &= \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{err}^2} \mathcal{L} \\
&= -\frac{1}{2} Tr(\partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{err}^2} (V(\theta)^{-1}) K) + \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{err}^2} (V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta) \\
&= \frac{1}{2} Tr(V(\theta)^{-1} I_n V(\theta)^{-1} K) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)^T (V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} + V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1}) (Y - X\beta)
\end{aligned}$$

car  $\partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{err}^2} (V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1}) = -(V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} + V(\theta)^{-1} K V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1})$

$$\begin{aligned}
\partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{err}^2} \mathcal{L} &= -\frac{1}{2} \partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{err}^2} (Tr(V(\theta)^{-1})) + \frac{1}{2} \partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{err}^2} ((Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)) \\
&= \frac{1}{2} Tr(V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1}) - (Y - X\beta)^T V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1} V(\theta)^{-1} (Y - X\beta)
\end{aligned}$$

De là on obtient la Hessienne  $\begin{pmatrix} \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{phy}^2} \mathcal{L} & \partial_{\sigma_{phy}^2 \sigma_{err}^2} \mathcal{L} \\ \partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{phy}^2} \mathcal{L} & \partial_{\sigma_{err}^2 \sigma_{err}^2} \mathcal{L} \end{pmatrix}$  puis A en l'inversant, ce qui peut se faire par des méthodes numériques.

□

TODO : trouver erreur de signe

## 2.6 REML

REML, ou Maximum de Vraisemblance Restreint (Restricted Maximum Likelihood en anglais), est une méthode statistique utilisée dans l'estimation des paramètres de modèles linéaires mixtes (ou modèles à effets mixtes) et dans l'analyse de la variance (ANOVA). Il s'agit d'une approche alternative à la méthode de maximum de vraisemblance (ML)



standard, notamment lorsque l'on travaille avec des modèles à effets aléatoires.

TODO : formule pour montrer la différence ? TODO : Pourquoi l'utiliser pour Satterthwaite ?

### 3 Méthodologie

lrt ANOVA normale VANILLA = ANOVA phylo sans correction des degrés de liberté  
 $df1 = K - 1, df2 = n - K$  ANOVA phylo (avec REML)  
test sur arbre quelconque puis sur arbre avec petites branches ?  
3 parties : - théo - méthodo par simu - appli aux données réelles

#### 3.1 Simulations

Simu : Plusieurs design, tailles etc On sait la vérité, on peut connaître les vrais positifs etc Qu'est ce qu'on prend en entrées qu'est ce qu'on veut en sortie

Bien insister sur l'arbre d'entrée et l'objectif de la simu : quelle approche pour mieux détecter les gènes différentiellement exprimés.

Simulations :

- soit selon l'arbre des données
- soit partir sur regarder l'impact de la taille de l'arbre etc.

#### ANOVA vs ANOVA Phylogénétique

Dans cette partie nous souhaitons comparer les résultats de l'ANOVA et de l'ANOVA phylogénétique classique, avec approximation de Satterthwaite et avec le *Likelihood ratio test*. Pour cela nous allons simuler des données selon plusieurs modalités et évaluer l'*erreur de première espèce* et la *puissance* obtenue.

- Des données réparties en deux groupes indépendants de la phylogénie.
- Des données réparties en deux groupes cohérents avec la phylogénie.

Pour les simulations qui ne se font pas selon la phylogénie, nous nous attendons à ce que l'ANOVA classique obtienne de bons résultats puisque c'est une situation correspondant à l'application du modèle.

Pour les simulations qui se font selon l'information de l'arbre phylogénétique, nous nous attendons à ce que l'ANOVA phylogénétique parvienne à mieux prendre en compte l'information apportée par la phylogénie et à démêler son effet.

Pour faire nos simulations dans un contexte proche du cas réel nous allons utiliser l'arbre présenté sur la figure 1.

Nous choisissons de diviser les espèces en deux groupes. Pour le groupe respectant la phylogénie, on a d'un côté les espèces du genre *Mus* avec les rats et les autres espèces dans un autre groupe (voir la figure 2a).

Et pour le groupe ne respectant pas la phylogénie, nous avons sélectionnés les espèces en respectant les proportions des groupes définis avant afin de rendre les résultats comparables (voir la figure 2b). Enfin pour que notre analyse soit reproductible nous fixons la graine à 1234.

Nous re-paramétrisons le modèle, la variance totale  $v_{tot}$  suit la relation  $v_{tot} = \sigma_{phylo}^2 + \sigma_{measure}^2 = 1$ . Nous allons faire prendre à  $h$ , défini comme l'héritabilité, les valeurs  $h \in$



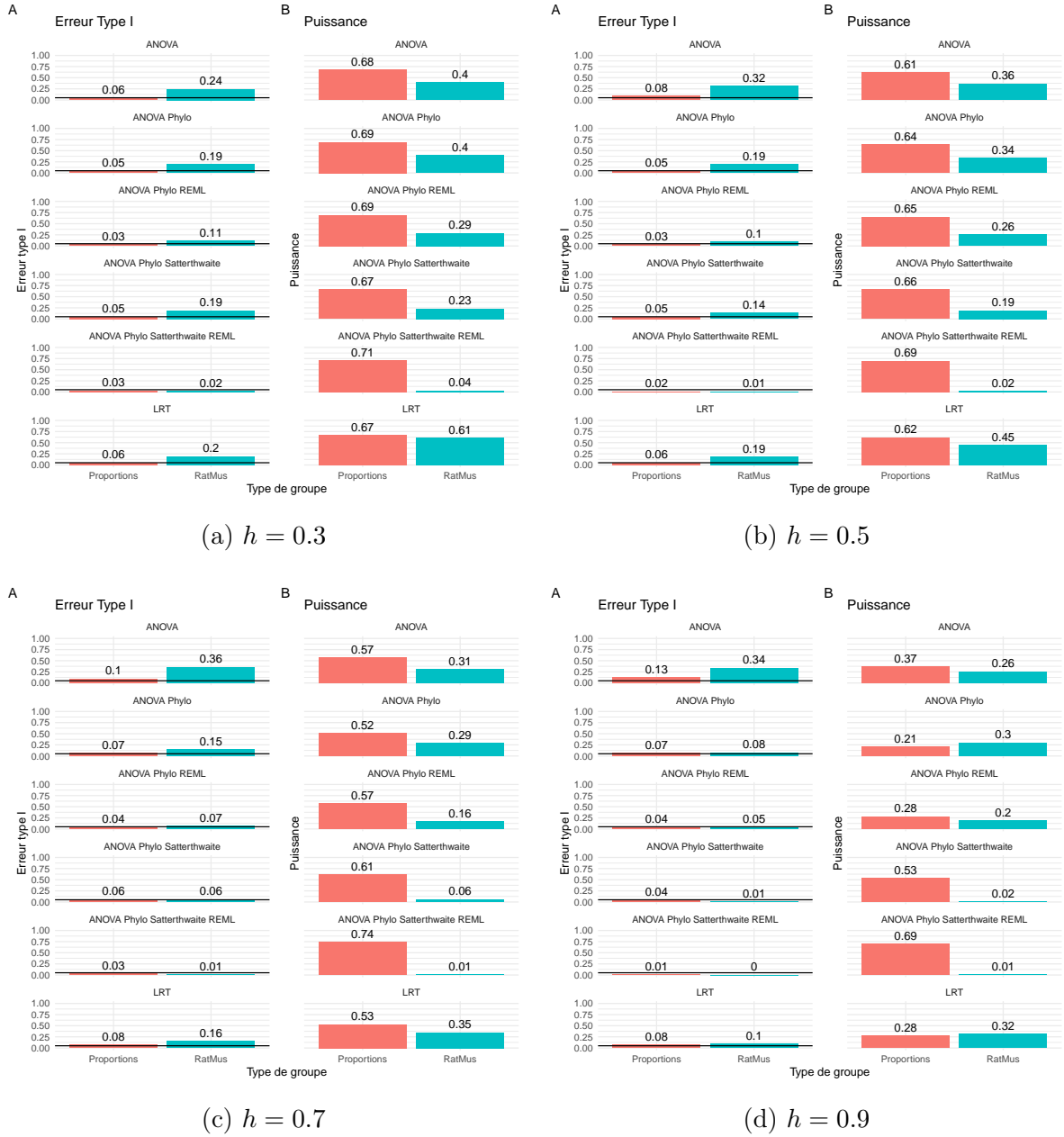


FIGURE 3 – Simulations pour différente valeurs d'héritabilité

Sur toutes les sous-figures de la figure 3, les étiquettes A présentent les erreurs de type I commises par les méthodes et les étiquettes B présentent les puissances des mêmes méthodes.

TODO Ajouter les commentaires sur les simulations

**REML vs Maximum Likelihood (ML)** En comparant les méthodes selon l'utilisation du critère REML ou du ML nous pouvons voir que la méthode

## 4 Données

Ici nous appliquons les méthodes implémentées sur l'arbre de [CHEN et al. 2019](#).

Les données compilées par [CHEN et al. 2019](#) sont des données de RNA-seq, c'est-à-dire des données quantifiant l'expression des gènes, par le biais du transcriptome, parmi les différentes espèces du bout de l'arbre.

Le but est alors d'identifier les gènes différentiellement exprimés, au sens de nombre d'ARN par gène différent entre les espèces.

## Vanilla (ML et REML), Satterthwaite (ML et REML), LRT

Nous appliquons les différentes méthodes que nous avons implémentés dans le code.

Ci-dessous la figure 4 présente les p-values des différentes méthodes. Il est important de noter que ce graphique présente les p-values *non ajustées*.

### Selected genes by tested methods

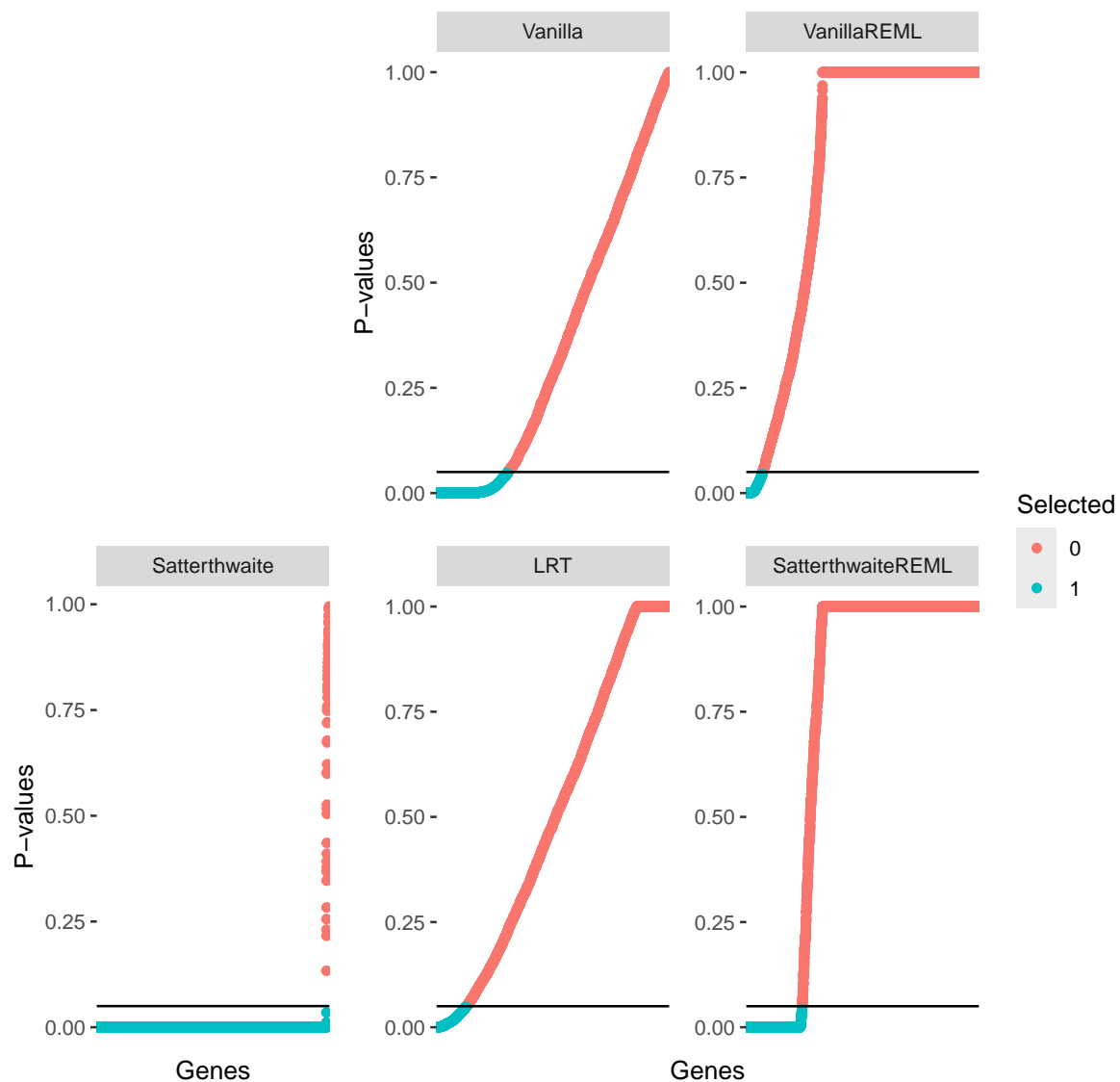


FIGURE 4 – *p-values* pour les différents tests

Pour la suite de cette analyse, nous allons appliquer un ajustement des p-values pour les test multiples, nommément la correction de Benjamini-Hochberg.

Une fois ces corrections appliquées, nous allons comparer les gènes sélectionnés, c'est-à-dire différentiellement exprimés.

Ces résultats sont présentés dans le diagramme de Venn (figure 5).

On peut voir que la méthode de Satterthwaite sans REML a sélectionné énormément de gènes, 5346 comme étant différentiellement exprimés.

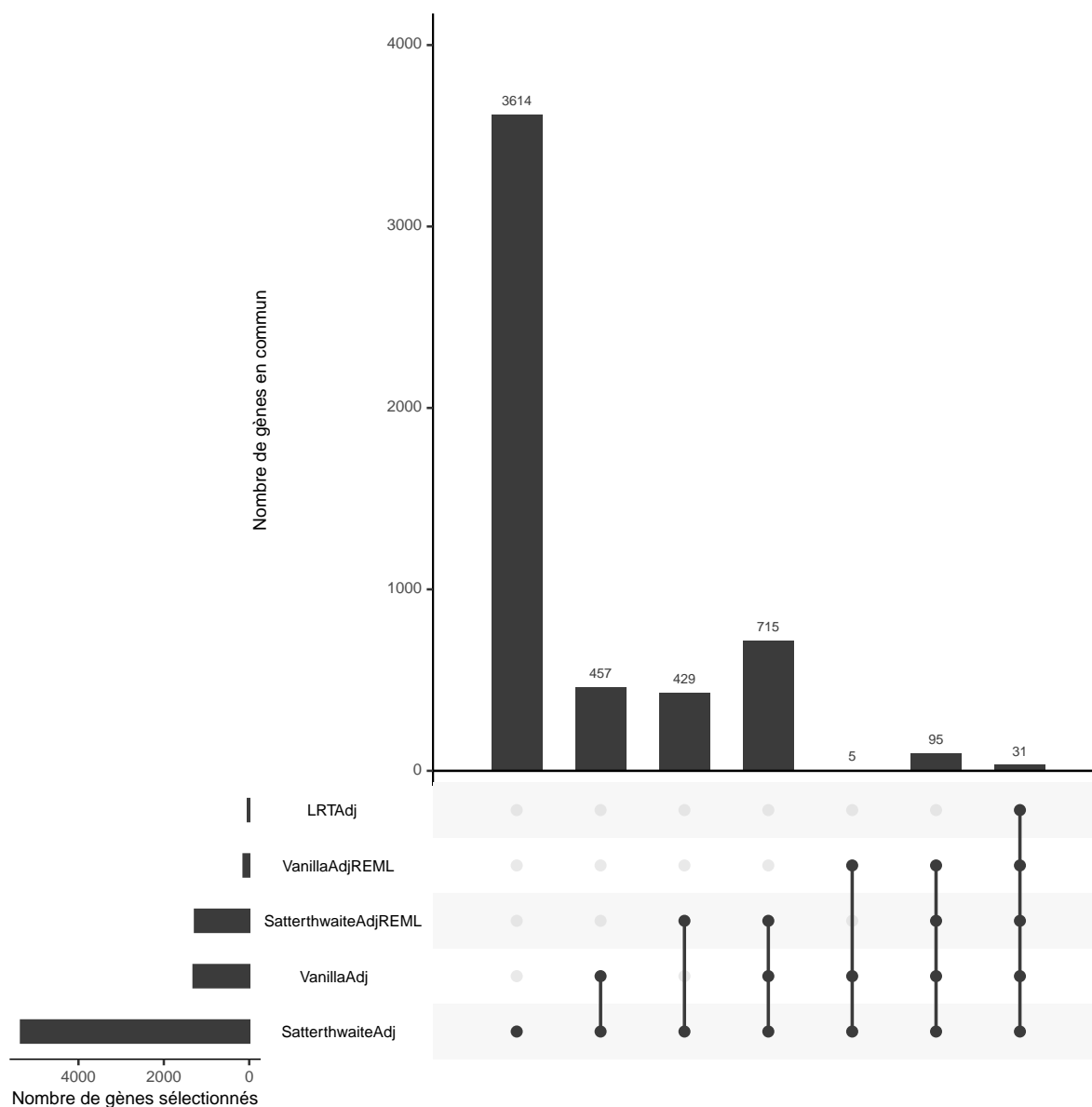


FIGURE 5 – Diagramme de Venn comparant les gènes sélectionnés selon les méthodes

## EVEmodel

Dans l'article [ROHLFS et NIELSEN 2015](#), les auteurs introduisent une méthode de détection des gènes différentiellement exprimés. Cette méthode est à l'heure actuelle très utilisée.

*Remarque* : La méthode a produit des NA pour certains gènes, d'après le message d'erreur, une optimisation n'a pas convergé. Ces gènes sont présentés dans le tableau 1.

## Toutes les méthodes

Nous allons ici comparer toutes les méthodes dans un diagramme de Venn (figure 6) afin de voir les gènes sélectionnés en commun et les éventuelles différences entre les méthodes.

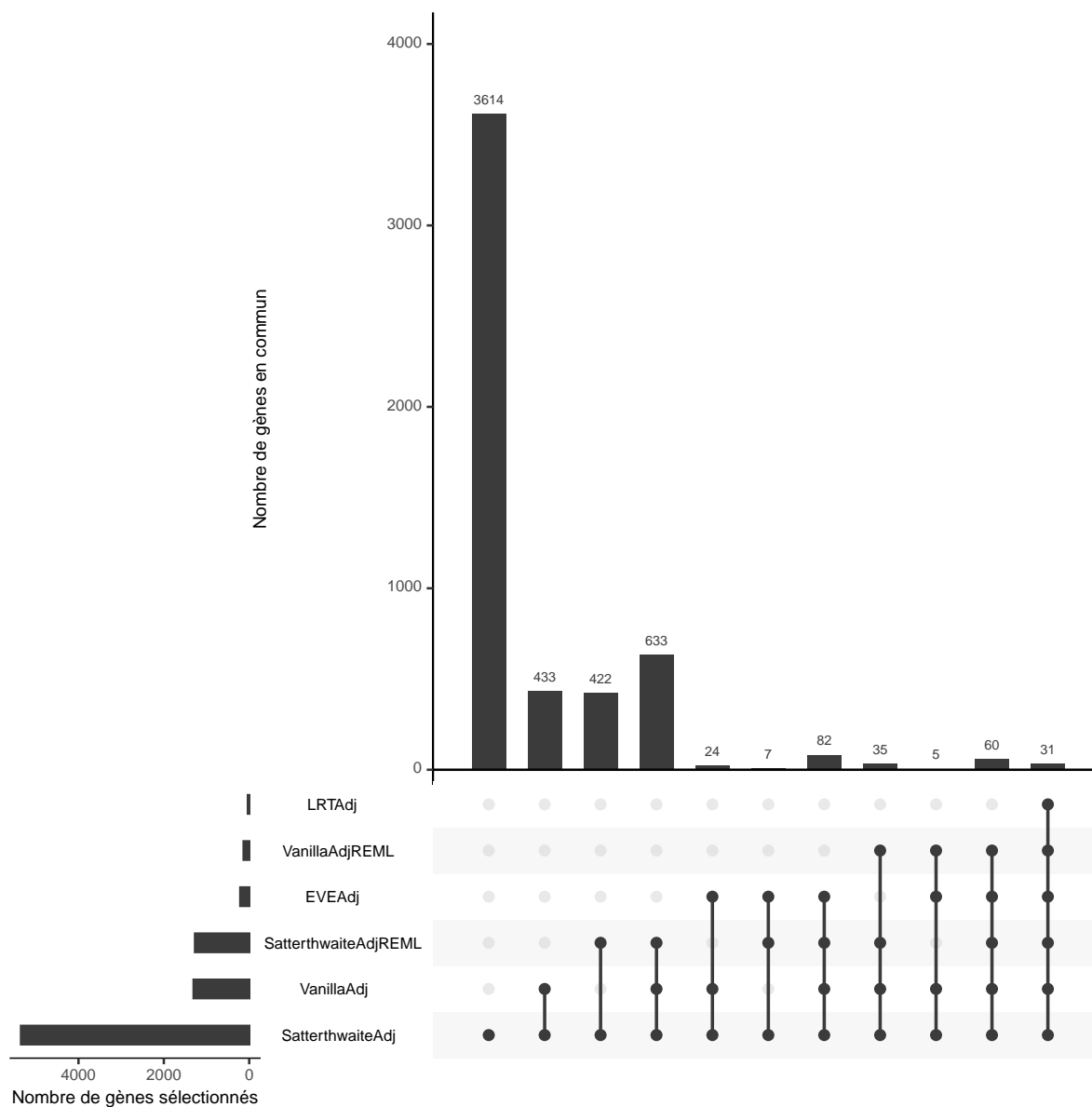


FIGURE 6 – Diagramme de Venn de toutes les méthodes en incluant la méthode EVE

Revenir sur explication de gènes différentiellement exprimées etc.

Applications aux données réelles de Chen mais ne pas perdre de temps à expliquer en détails EVEmodel (dire que c'est State of the art).

## 5 Résultats

## 6 Discussion et conclusion

Intro

Application/Résultats : décrire les données, vite fait normalisation avec vrai aebre, on ne connaît pas Discussion/Conclusion ? Interprétation des résultats sinon la mettre dans les f-cid : CI/CD to build Latex PDF ... CI/CD to build Latex pdf and create a release in with GitHub Actions. The workflow triggers on push to the repository. Integrates with Overleaf.

## Références

- BASTIDE, Paul et Julien CLAVEL (s. d.). « Continuous Trait Evolution ».
- BASTIDE, Paul, Mahendra MARIADASSOU et Stéphane ROBIN (juill. 2022). « Modèles d'évolution de caractères continus ». In : DIDIER, Gilles et Stéphane GUINDON. *Modèles et méthodes pour l'évolution biologique*. ISTE Group, p. 47-85. ISBN : 978-1-78948-069-6. DOI : 10.51926/ISTE.9069.ch3. URL : <https://www.istegroup.com/fr/produit/modeles-et-methodes-pour-levolution-biologique/?/47495> (visité le 14/11/2023).
- BASTIDE, Paul, Charlotte SONESON et al. (1<sup>er</sup> jan. 2023). « A Phylogenetic Framework to Simulate Synthetic Interspecies RNA-Seq Data ». In : *Molecular Biology and Evolution* 40.1, msac269. ISSN : 1537-1719. DOI : 10.1093/molbev/msac269. URL : <https://doi.org/10.1093/molbev/msac269> (visité le 20/11/2023).
- BEL, L et al. (s. d.). *Le Modèle Linéaire et ses Extensions*.
- Bgee (2023). *Bgee : Gene Expression Data in Animals*. URL : <https://www.bgee.org/> (visité le 20/11/2023).
- CHEN, Jenny et al. (jan. 2019). « A Quantitative Framework for Characterizing the Evolutionary History of Mammalian Gene Expression ». In : *Genome Res* 29.1, p. 53-63. ISSN : 1549-5469. DOI : 10.1101/gr.237636.118. pmid : 30552105.
- GOMEZ-MESTRE, Ivan, Robert Alexander PYRON et John J. WIENS (2012). « Phylogenetic Analyses Reveal Unexpected Patterns in the Evolution of Reproductive Modes in Frogs ». In : *Evolution* 66.12, p. 3687-3700. ISSN : 1558-5646. DOI : 10.1111/j.1558-5646.2012.01715.x. URL : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1558-5646.2012.01715.x> (visité le 13/11/2023).
- KUZNETSOVA, Alexandra, Per B. BROCKHOFF et Rune H. B. CHRISTENSEN (2017). « **lmerTest** Package : Tests in Linear Mixed Effects Models ». In : *J. Stat. Soft.* 82.13. ISSN : 1548-7660. DOI : 10.18637/jss.v082.i13. URL : <http://www.jstatsoft.org/v82/i13/> (visité le 01/03/2024).
- PETERSEN, Kaare Brandt et Michael Syskind PEDERSEN (2012). *The Matrix Cookbook*. Version 20121115. URL : <http://matrixcookbook.com>.
- ROHLFS, Rori V. et Rasmus NIELSEN (1<sup>er</sup> sept. 2015). « Phylogenetic ANOVA : The Expression Variance and Evolution Model for Quantitative Trait Evolution ». In : *Systematic Biology* 64.5, p. 695-708. ISSN : 1063-5157. DOI : 10.1093/sysbio/syv042. URL : <https://doi.org/10.1093/sysbio/syv042> (visité le 06/03/2024).

SATTERTHWAITE, F. E. (déc. 1946). « An Approximate Distribution of Estimates of Variance Components ». In : *Biometrics Bulletin* 2.6, p. 110. ISSN : 00994987. DOI : 10.2307/3002019. JSTOR : 10.2307/3002019. URL : <https://www.jstor.org/stable/10.2307/3002019?origin=crossref> (visit  le 08/01/2024).

*Wide Cross-species RNA-Seq Comparison Reveals Convergent Molecular Mechanisms Involved in Nickel Hyperaccumulation across Dicotyledons* - Garc a de La Torre - 2021 - *New Phytologist* - Wiley Online Library (2023). URL : <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/nph.16775> (visit  le 20/11/2023).

## A Application aux donn es r elles

Comme nous l'avons remarqu  dans la section 4 l'application de la m thode `EVEmodel` a produit des valeurs manquantes pour les g nes pr sent s dans le tableau suivant.

G�nes ayant produits des NA
OG15121
OG3765
OG4072
OG412
OG4690
OG594
OG7272
OG7523
OG7564
OG8117
OG8343
OG9829

TABLE 1 – Table des g nes pour lesquels la m thode `EVEmodel` a produit des NA

## Code du projet

Tout le code produit est disponible sur le d p t GitHub suivant <https://github.com/Polarolouis/anova-phylogenetique-projet-msv/>. Ce d p t contient le code pour impl menter la m thode, faire les simulations et compiler le rapport.

Nous avons au maximum indiqu  le code qui n'a pas  t   crit par nous, la plupart du temps dans les commentaires du code.