



Préparer les données d'

OPEN FOOD FACTS



Emmanuel Letremble



Objectif du projet



Rendre les données de santé plus accessibles et exploitable par les agents Santé publique France.

Vérifier des hypothèses à l'aide d'analyses univariées, multivariées et de tests statistiques appropriés.

Hypothèses



- ◎ Les **nutriscores** et **nutrigrades** sont fortement liés entre eux.
- ◎ Les **nutriscores** / **nutrigrades** sont dépendants des indices nutritionnels et peuvent être prédit par modèle probabiliste utilisant ces colonnes.
- ◎ Les **nutriscores** / **nutrigrades** sont liés au type de produit.

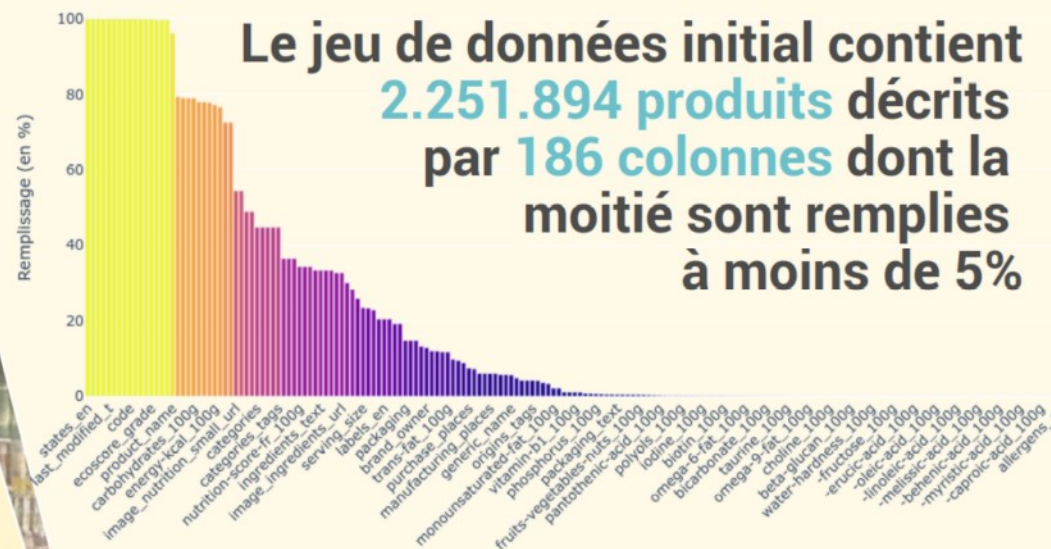
Présentation du jeu de données

Le jeu de données utilisé est une liste de **2.251.894 produits alimentaires** répertoriés par les volontaires de l'association **Open Food Facts**.

Chacun des produits est décrit par 4 types d'informations:

- Des **informations générales**
- Des **informations nutritionnelles**
- Les **ingrédients** et leurs **additifs**
- Un ensemble de **tags**

Présentation du jeu de données



Nettoyage des colonnes



Pour alléger le jeu de données pesant initialement 5.9Go, nous avons supprimé:

- 37 colonnes **vides**
- 34 colonnes **redondantes**
- 23 colonnes **hors objectif**
- 56 colonnes ayant **moins de 5%** de lignes remplies

Nettoyage des colonnes



A ce stade, le jeu de données
contient **2.251.894 produits**
décrits par **36 colonnes**



Nettoyage des colonnes



Parmi ces colonnes, nous avons gardé celles utiles pour étudier nos hypothèses:

- tous les indicateurs nutritionnels `_100g`
- le `code barre`
- le `product_name`
- la catégorisation `pnns_groups_2`
- le `nutriscore_score`
- le `nutriscore_grade`
- le `nova_group` (par curiosité)

Nettoyage des colonnes



A ce stade, le jeu de données
contient **2.251.894 produits**
décrits par **22 colonnes**



Nettoyage des lignes

Après avoir réduit les colonnes de 186 à 22 nous avons commencé à réduire les lignes en supprimant:

- ◎ 354.503 lignes vides de tout indicateurs nutritionnelles
- ◎ 89.630 lignes en doublons



Nettoyage des lignes

Puis les **valeurs aberrantes**
ont été traitées en deux temps :

- ◎ On a d'abord supprimé **3.434** lignes dont les valeurs étaient **en dehors de l'intervalle logique $[0, 100]$** (pour 100g)
- ◎ On a ensuite mis en None les **41.963** lignes **dépassant les valeurs métiers**

Nettoyage des lignes

A ce stade, le jeu de données
contient **1.804.326 produits**
décrits par **22 colonnes**



Nettoyage des lignes

Puis après quelques analyses multivariées préliminaires, nous avons imputé les indicateurs nutritionnels en trois temps :

- ◎ Pour l'évaluation, on sélectionne pour chaque colonne une fraction des non nulles, que l'on remplace par des None
- ◎ On fait une imputation en utilisant les moyennes pour servir de baseline
- ◎ On utilise un IterativeImputer que l'on compare à la baseline

Nettoyage des lignes

Imputation par les moyennes (baseline)

FVN_estimate_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	22.82
calcium_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.19
carbohydrates_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	27.56
cholesterol_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.06
energy_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	781.66
fat_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	17.22
fiber_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	4.68
iron_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.00
proteins_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	9.92
salt_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	5.17
saturated-fat_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	7.54
sodium_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	1.58
sugars_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	19.17
trans-fat_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.48
vitamin-a_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.00
vitamin-c_100g	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	0.02

MEAN	==>	R ² :	-0.00		RMSE:	56.13
------	-----	------------------	-------	--	-------	-------

Nettoyage des lignes

Imputation par IterativeImputer

FVN_estimate_100g	==>	R ² :	0.07		RMSE:	21.98
calcium_100g	==>	R ² :	0.25		RMSE:	0.16
carbohydrates_100g	==>	R ² :	0.74		RMSE:	14.01
cholesterol_100g	==>	R ² :	0.14		RMSE:	0.06
energy_100g	==>	R ² :	0.84		RMSE:	311.33
fat_100g	==>	R ² :	0.78		RMSE:	8.14
fiber_100g	==>	R ² :	0.14		RMSE:	4.34
iron_100g	==>	R ² :	0.39		RMSE:	0.00
proteins_100g	==>	R ² :	0.28		RMSE:	8.41
salt_100g	==>	R ² :	0.75		RMSE:	2.60
saturated-fat_100g	==>	R ² :	0.42		RMSE:	5.72
sodium_100g	==>	R ² :	1.00		RMSE:	0.07
sugars_100g	==>	R ² :	0.45		RMSE:	14.22
trans-fat_100g	==>	R ² :	0.01		RMSE:	0.48
vitamin-a_100g	==>	R ² :	0.01		RMSE:	0.00
vitamin-c_100g	==>	R ² :	0.04		RMSE:	0.02
MEAN	==>	R ² :	0.39		RMSE:	24.47

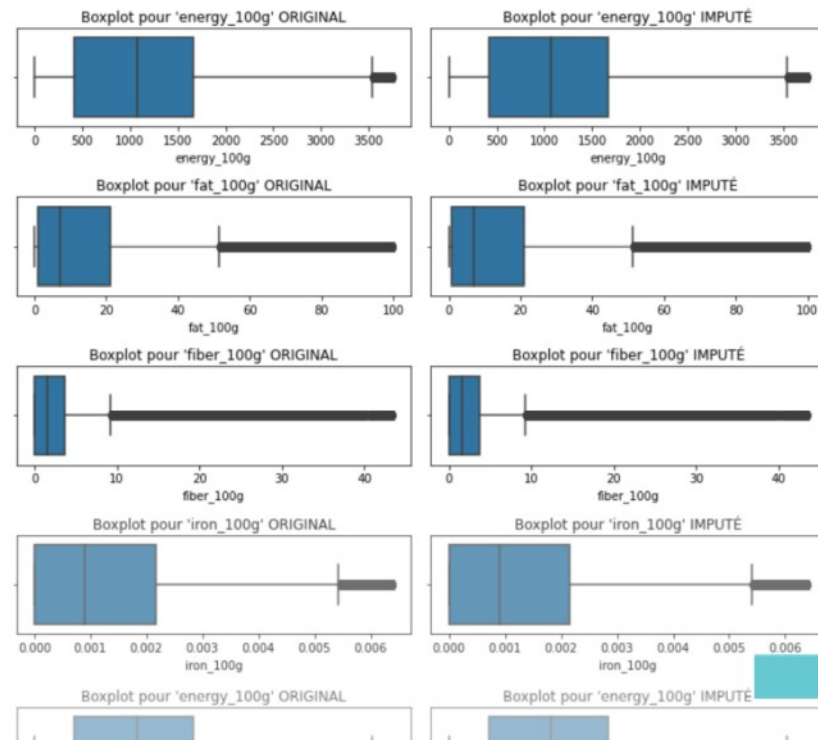
Nettoyage des lignes

Comparaison des scores d'imputation

FVN_estimate_100g	RMSE diff= -0.842	Best method: IterativeImputer
calcium_100g	RMSE diff= -0.025	Best method: IterativeImputer
carbohydrates_100g	RMSE diff= -13.545	Best method: IterativeImputer
cholesterol_100g	RMSE diff= -0.004	Best method: IterativeImputer
energy_100g	RMSE diff= -470.327	Best method: IterativeImputer
fat_100g	RMSE diff= -9.076	Best method: IterativeImputer
fiber_100g	RMSE diff= -0.339	Best method: IterativeImputer
iron_100g	RMSE diff= -0.000	Best method: IterativeImputer
proteins_100g	RMSE diff= -1.513	Best method: IterativeImputer
salt_100g	RMSE diff= -2.570	Best method: IterativeImputer
saturated-fat_100g	RMSE diff= -1.816	Best method: IterativeImputer
sodium_100g	RMSE diff= -1.512	Best method: IterativeImputer
sugars_100g	RMSE diff= -4.944	Best method: IterativeImputer
trans-fat_100g	RMSE diff= -0.003	Best method: IterativeImputer
vitamin-a_100g	RMSE diff= -0.000	Best method: IterativeImputer
vitamin-c_100g	RMSE diff= -0.000	Best method: IterativeImputer

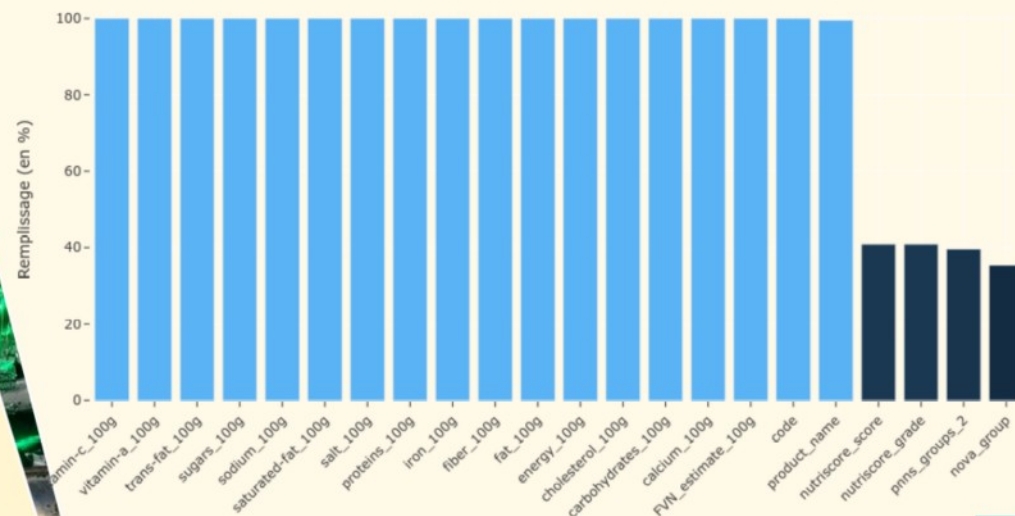
Nettoyage des lignes

Comparaison des distribution avant / après



Nettoyage des lignes

A ce stade, le jeu de données contient
1.804.326 produits décrits par **22** colonnes



Nettoyage des lignes

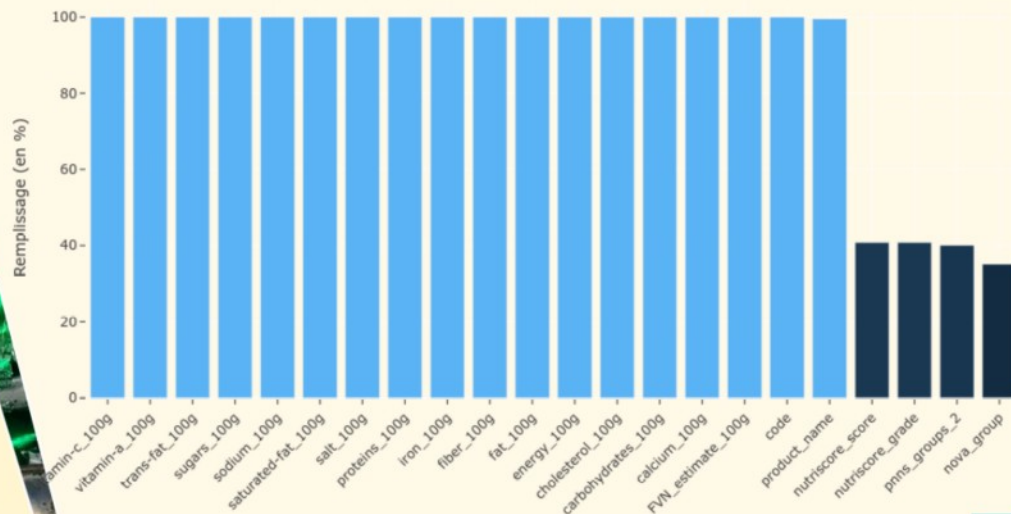
Enfin, nous avons supprimé les lignes qui ne respectaient pas certains critères logiques après imputation:

- ◎ 3284 lignes supprimées quand $\text{carbohydrates}_{100g} > \text{sugars}_{100g}$
- ◎ 4184 lignes supprimées quand $\text{saturated-fat}_{100g} + \text{trans-fat}_{100g} + \text{cholesterol}_{100g} > \text{fat}_{100g}$
- ◎ 85.571 lignes supprimées quand la sommes des principales catégories dépasse les 100g



Nettoyage des lignes

A ce stade, le jeu de données contient
1.7187.54 produits décrits par **22 colonnes**



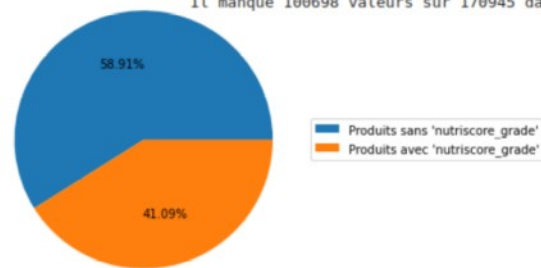
Analyses univariées

----- ANALYSE UNIVARIÉE de "nutriscore_grade" -----

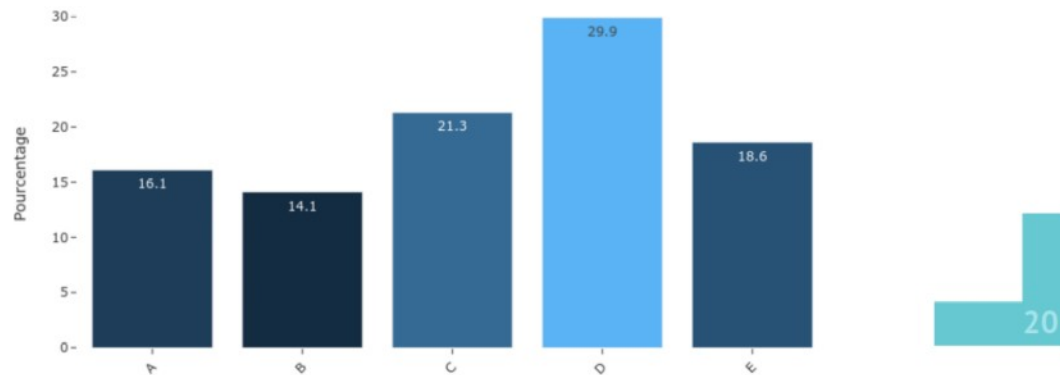
```
count    699607
unique      5
top        0
freq    213331
Name: nutriscore_grade, dtype: object
```

Répartition entre produits avec ou sans 'nutriscore_grade'

Il manque 100698 valeurs sur 170945 dans la colonne 'nutriscore_grade' (58.91%)



Repartition des Nutri-grades (sur les valeurs non-nulles)

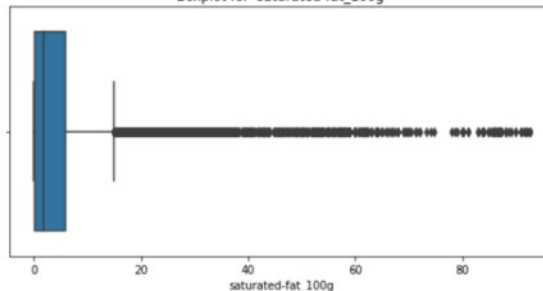


Analyses univariées

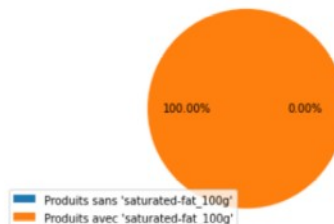
----- ANALYSE UNIVARIÉE de "saturated-fat_100g" -----

```
count    1709454.000
mean       4.661
std        6.993
min         0.000
25%         0.100
50%         1.900
75%         6.000
max        92.600
Name: saturated-fat_100g, dtype: float64
```

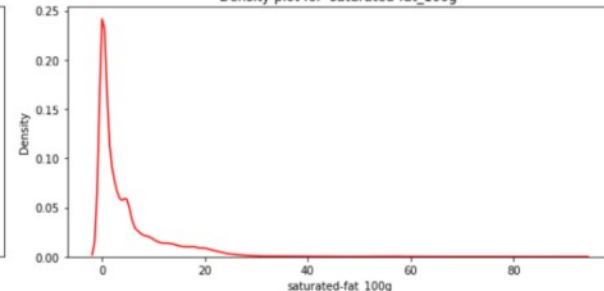
Boxplot for 'saturated-fat_100g'



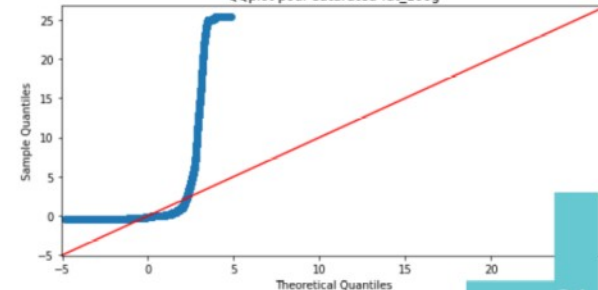
Répartition entre produits avec ou sans 'saturated-fat_100g'



Density plot for 'saturated-fat_100g'

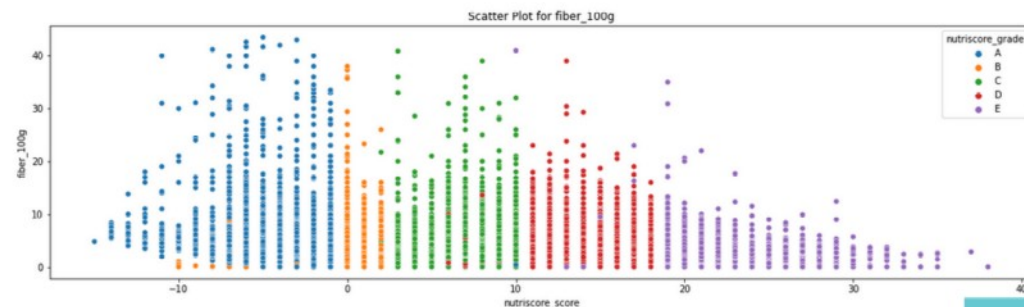
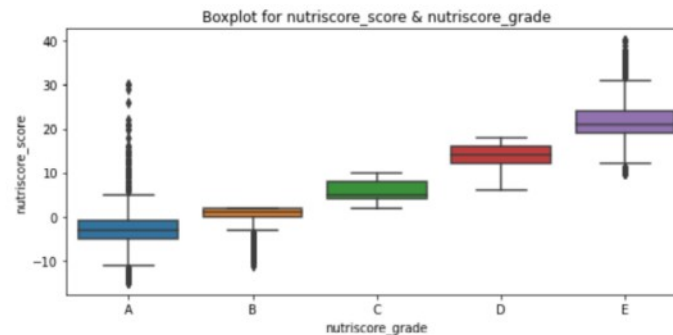


QQplot pour saturated-fat_100g



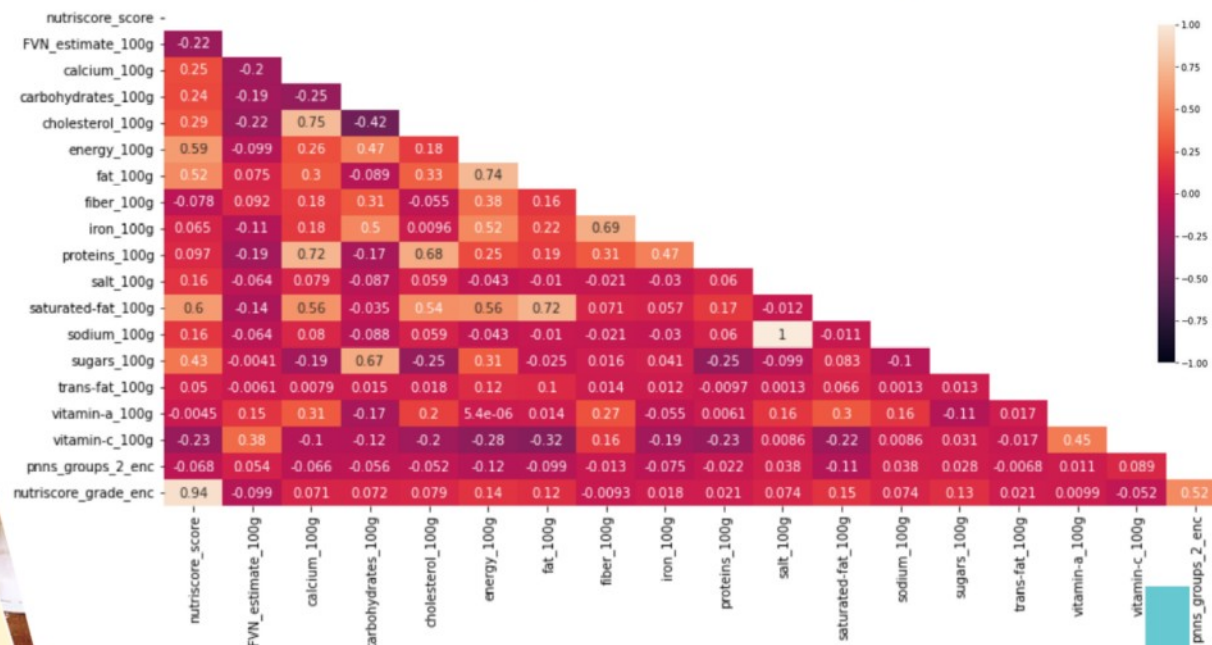
Analyses multivariées

Relation entre nutrigrades et nutriscores



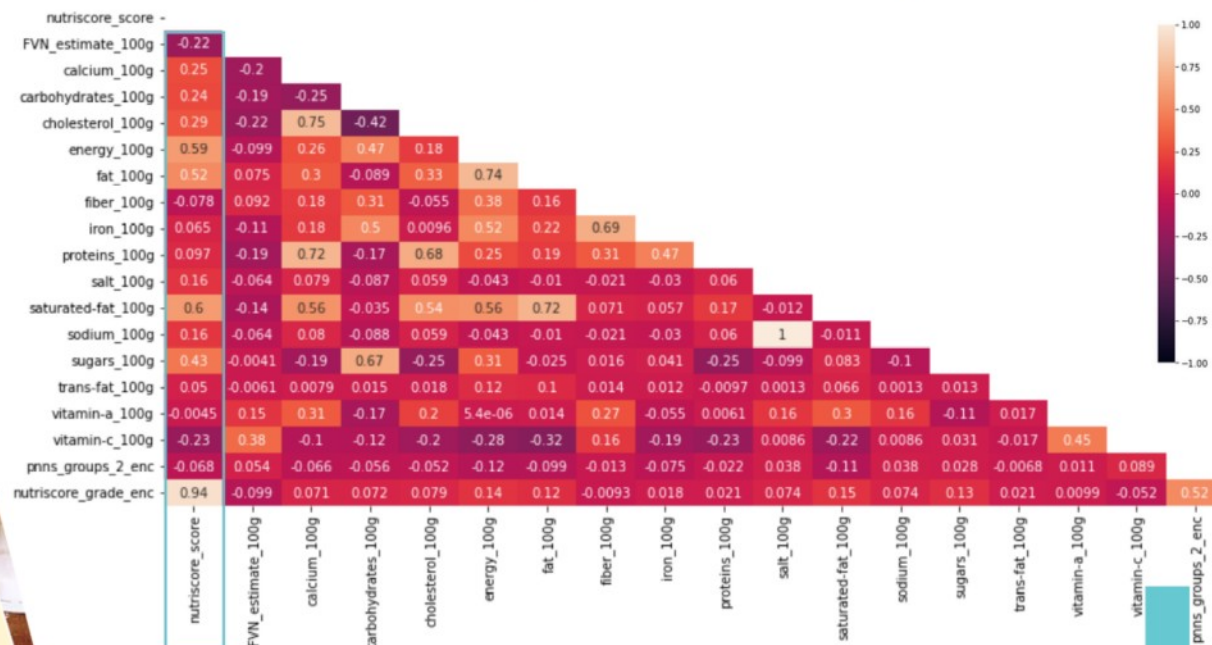
Analyses multivariées

Corrélations de Pearson (avec nominales)



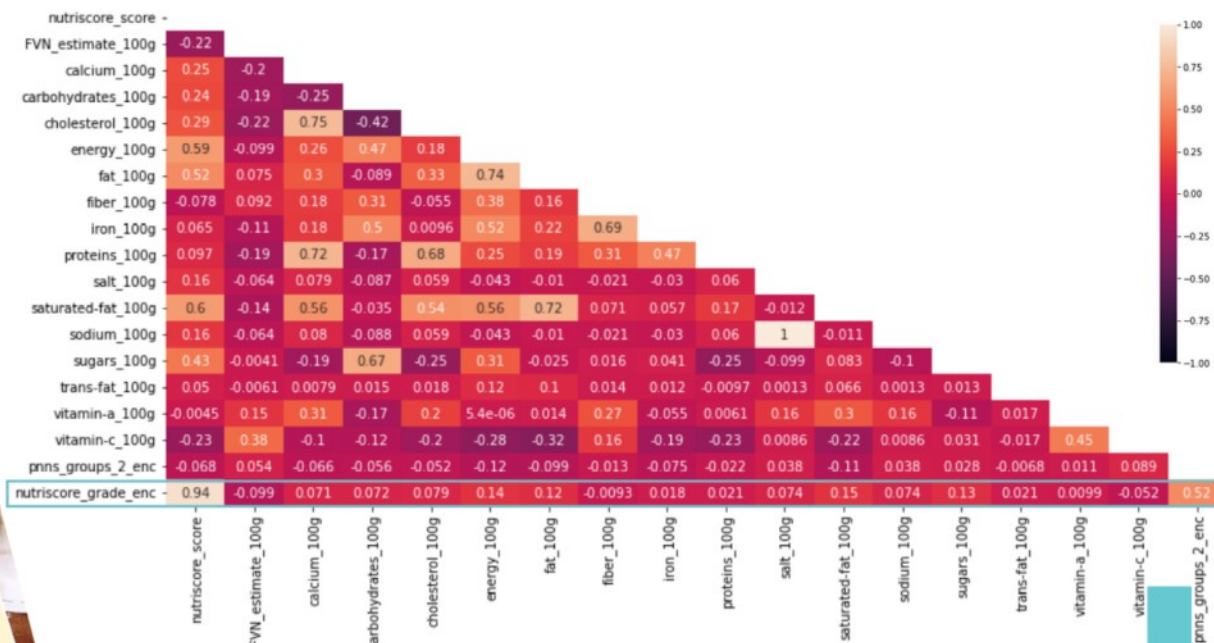
Analyses multivariées

Corrélations de Pearson (avec nominales)



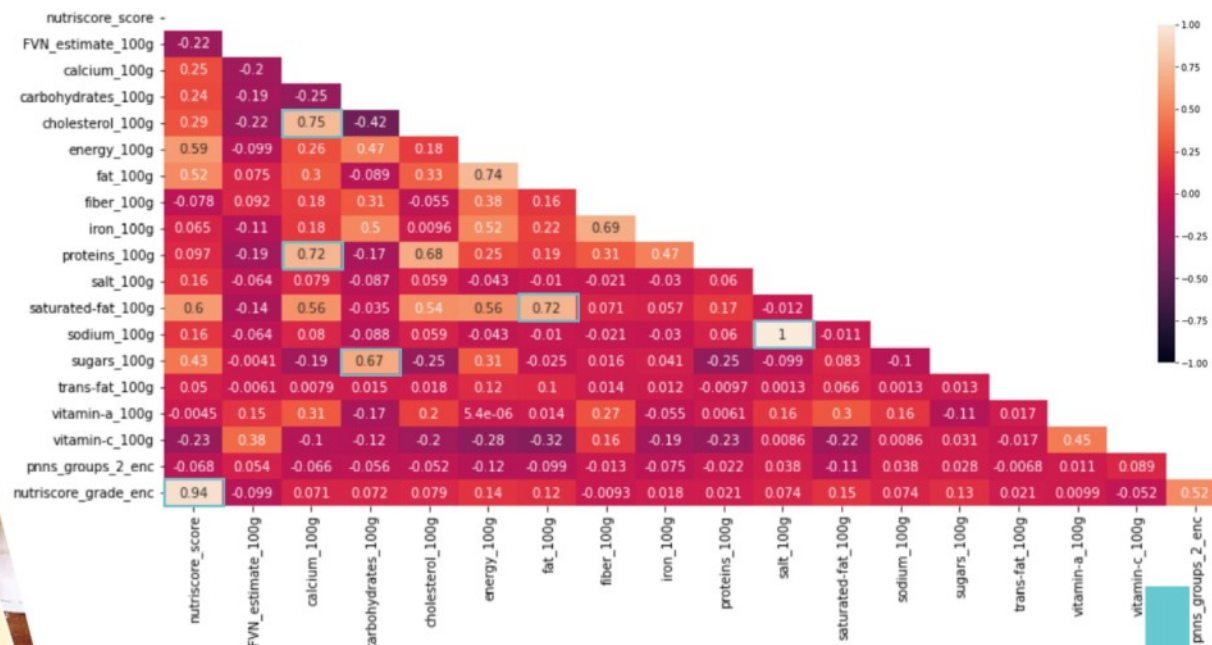
Analyses multivariées

Corrélations de Pearson (avec nominales)



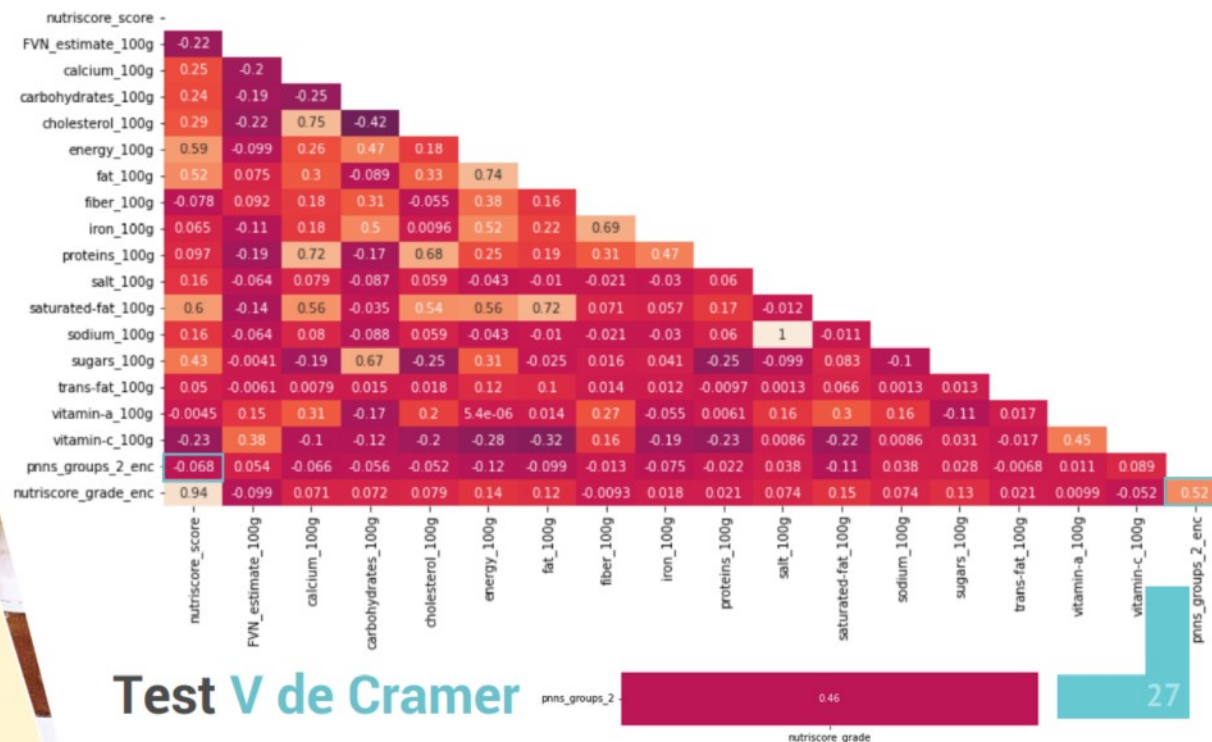
Analyses multivariées

Corrélations de Pearson (avec nominales)



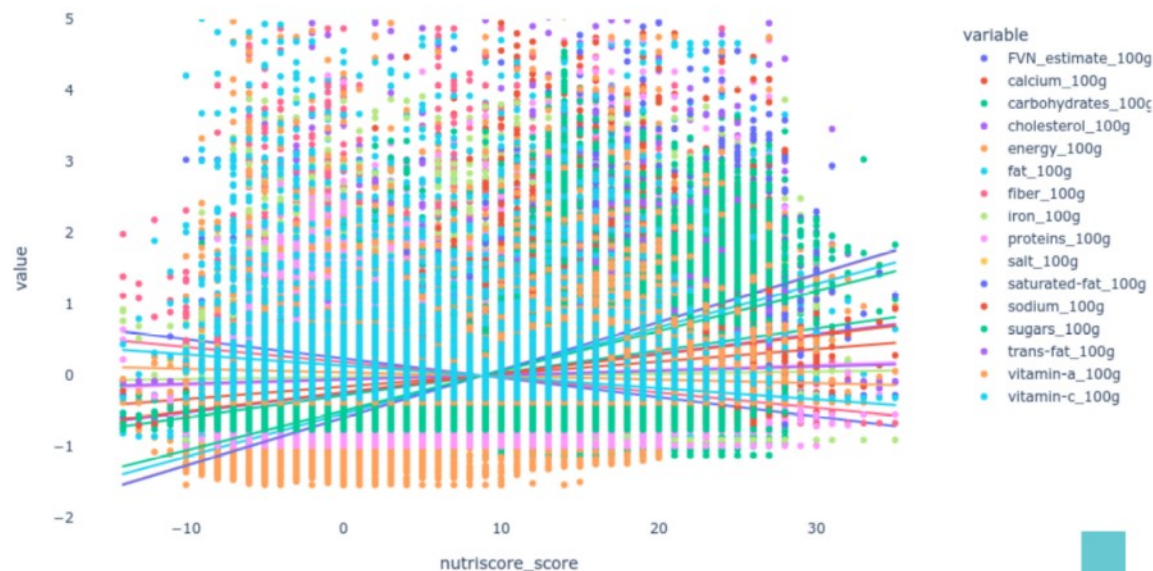
Analyses multivariées

Corrélations de Pearson (avec nominales)



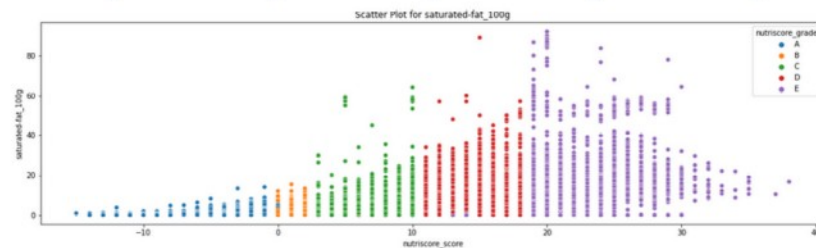
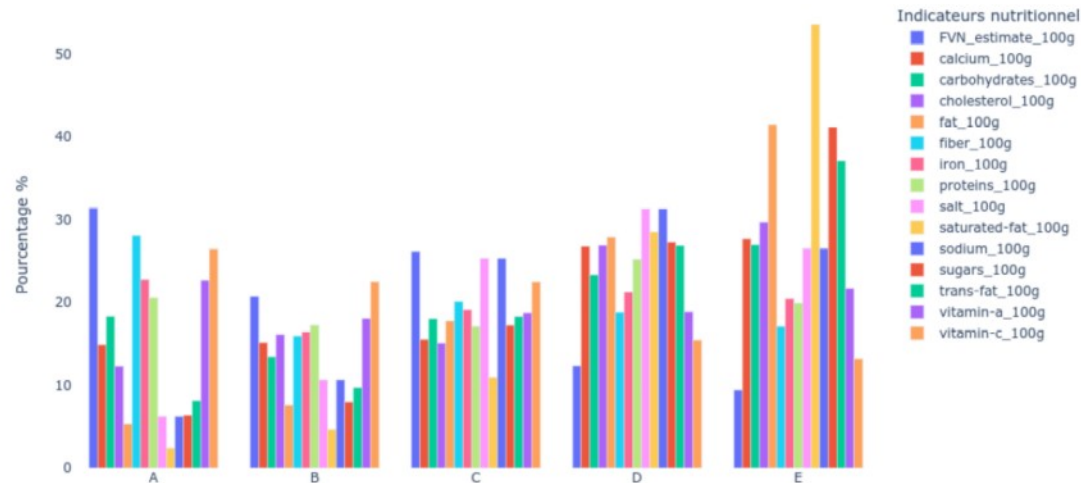
Analyses multivariées

Régressions lineaires



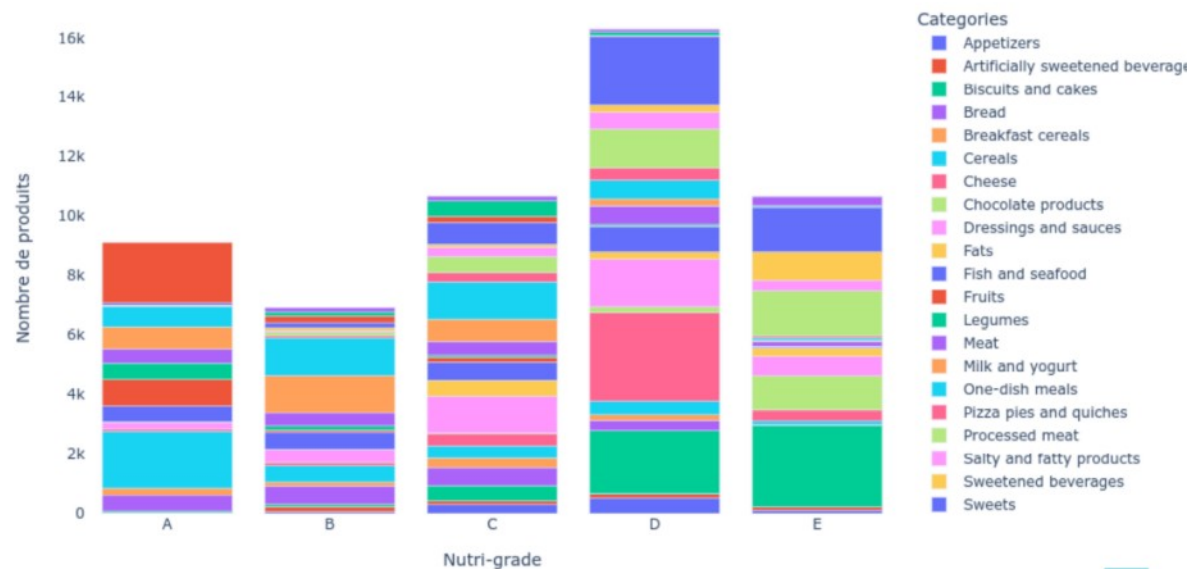
Analyses multivariées

Répartition des indicateurs par nutrigrades



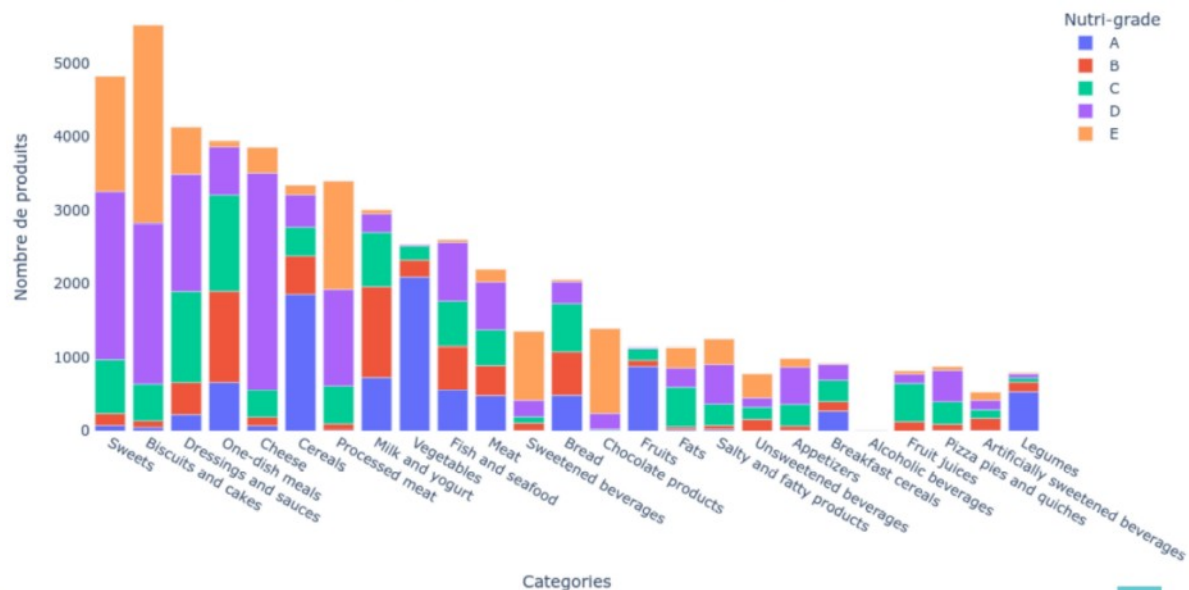
Analyses multivariées

Répartition des catégories par nutrigrades



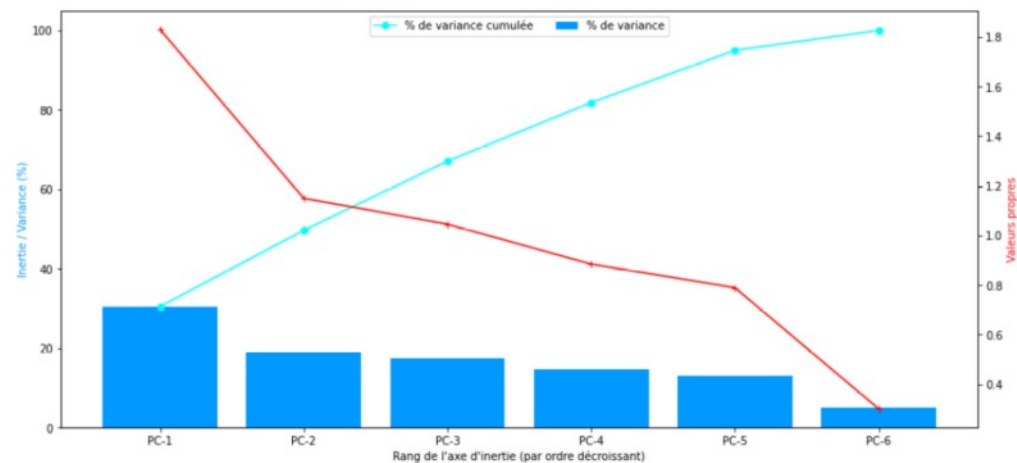
Analyses multivariées

Répartition des nutrigrades par catégories



Analyse en composantes principales

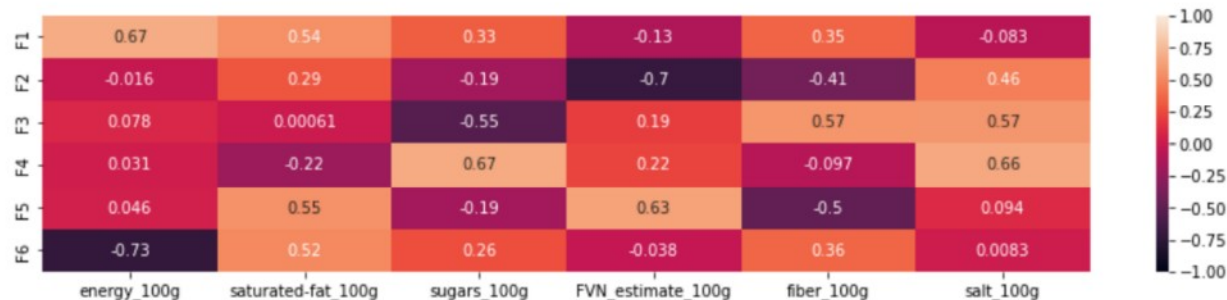
Éboulis des valeurs propres



	Valeurs propres	% des valeurs propres	% cumulé
1	1.831	0.305	0.305
2	1.150	0.192	0.497
3	1.045	0.174	0.671
4	0.884	0.147	0.818
5	0.789	0.132	0.950
6	0.301	0.050	1.000

Analyse en composantes principales

Corrélations avec les indicateurs nutritionnels



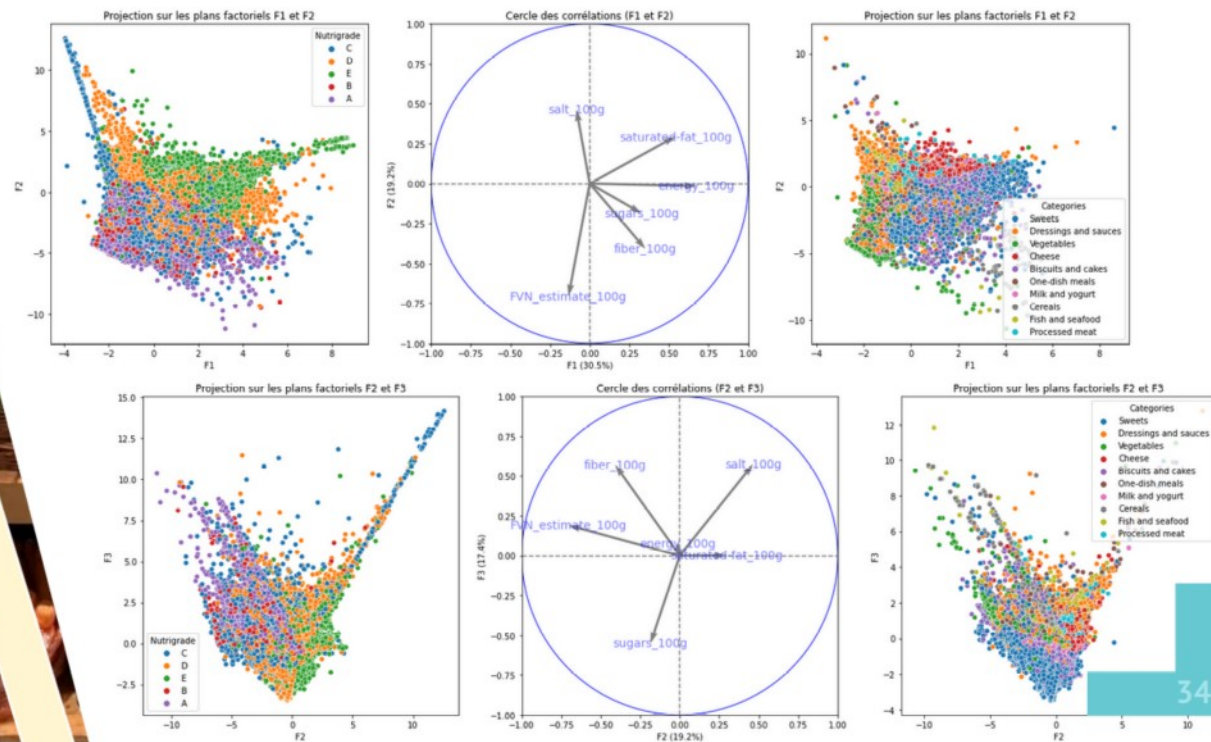
F1 pourrait être un axe basé sur l'**apport énergétique**.

F2 pourrait être un axe basé qui oppose les produits plutôt **gras** aux produits plutôt **secs**.

F3 pourrait être un axe qui oppose les produits **salés** aux produits **sucrés**.

Analyse en composantes principales

Visualisations sur les plans factoriels de l'ACP



Analyse de la variance (ANOVA)

Pour être utilisable, l'ANOVA doit respecter plusieurs hypothèses fondamentales :

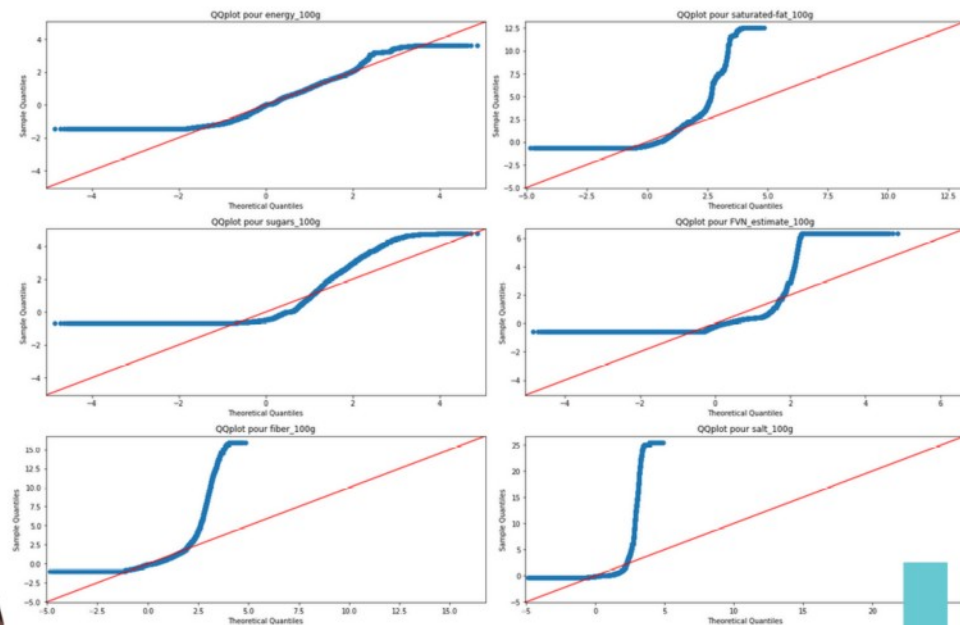
- Indépendance des échantillons
- Normalité de la distribution

Mais aucune des variable étudiée lors des analyses univariées n'a une distribution gaussienne.



Analyse de la variance (ANOVA)

QQ-plots - Diagrammes Quantile-Quantile



Kruskal-Wallis

Le test de **Kruskal-Wallis** est une alternative non paramétrique qui **ne nécessite pas une distribution normale**, ni des échantillons de taille similaires.

```
energy_100g >> statistique = 202464.56 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée  
saturated-fat_100g >> statistique = 225428.64 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée  
sugars_100g >> statistique = 73553.70 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée  
FVN_estimate_100g >> statistique = 20101.16 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée  
fiber_100g >> statistique = 15078.40 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée  
salt_100g >> statistique = 83753.81 | p-valeur = 0.00 | H0 est rejetée
```

H0 : toutes les médianes de cet indicateur nutritionnel pour les grade A, B, C, D et E sont égales; on ne peut différencier les grades avec cet indicateur.

H1 : au moins une médiane de cet indicateur nutritionnel pour les grade A, B, C, D et E, est différente; on peut différencier les grades avec cet indicateur.

Synthèse de l'analyse de données

- ③ Les **analyses de données** et le **test statistiques** indiquent qu'il est raisonnable de s'appuyer sur les colonnes nutritionnelles sélectionnées pour **prédire le nutriscore_score** ou le **nutriscore_grade**.
- ③ L'**ACP** montrent que la **dimensionnalité du jeu de données** pourrait être légèrement réduite tout en conservant un pouvoir prédictif sensiblement équivalent.
- ③ Sur la base de cette EDA, on peut prendre **deux directions** pour le modèle prédictif :
 - **prédire le nutriscore_grade** directement
 - **prédire le nutriscore_score** puis le convertir en **nutriscore_grade**.



Merci de m'avoir écouté, évalué et conseillé.

