Polycopié de travaux dirigés

Formation Genoscope

Initiation aux statistiques multivariées avec le logiciel R

julien.chiquet@genopole.cnrs.fr
Christophe.Ambroise@genopole.cnrs.fr

avril 2015
Université d'Évry Val d'Essonne

Avant-propos

Fabricando fabri fimus. [a]

a. la pratique fait l'ouvrier.

Outre les travaux dirigés, ce polycopié regroupe un ensemble de documents utiles à la pratique du logiciel R, en particulier dans l'optique d'analyses statistiques usuelles en biologie.

La première partie contient les énoncés des travaux dirigés à mener à bien au cours de cette formation : la première séance vous permettra de prendre vos marques sous R en découvrant la création d'objets et leur manipulation. Lors de la deuxième séance, nous explorons quelques unes des fonctions de haut niveau disponibles pour le traitement élémentaire des données (importation, sorties graphiques, fonctions de statistiques descriptives). Puis, les séances suivantes visent à découvrir les opérateurs de statiques permettant de mener à bien quelques uns des tests d'hypothèses les plus courants en biologie : nous pratiquerons notamment les tests du χ^2, de Student, l'analyse de la variance et nous survolerons quelques unes des possibilités offertes par R pour le modèle linéaire. Pour vous aider à vous repérer, la difficulté des exercices en fonctions des connaissances acquises est indiquée à l'aide des symboles ☺, 😐, ☹.

La deuxième partie contient *une correction possible* des travaux dirigés. Il n'est pas *du tout* dans votre intérêt de consulter cette correction avant la fin d'une séance : votre formation en pâtirait [1]. En cas de blocage, préférez toujours faire appel à l'enseignant ! Ces corrections doivent être vues comme une base d'exemples disponibles pour vos études R ultérieures, lorsque vous appliquerez ces enseignements à vos propres jeux de données.

Enfin, la troisième partie contient une série de documents liés à R et aux statistiques : des références, quelques rappels et les tables des lois usuelles. Une liste des commandes les plus courantes de R est également disponible à la page `http://stat.genopole.cnrs.fr/~jchiquet`

Remarque. Beaucoup d'exercices ont été adaptés des livres de Christophe Ambroise (G.F. McLachlan 2004) et Bernard Prum (Prum 1996).

Éléments bibliographiques

R est un logiciel bien documenté. Citons les guides officiels, indispensables à la bonne connaissance du langage (syntaxe et grammaire) :

— *An Introduction to R* (Venables et al. 1999–2009),
— *R language definition* (Team 1999–2009c),
— *R data Import/Export* (Team 1999–2009a).

1. Confer locution latine ci-dessus !

Pour une utilisation plus avancée, telle l'administration ou l'écriture de ses propres extensions, on citera

— *Writing R extension* (Team 1999–2009d),

— *R installation and administration* (Team 1999–2009b).

Il existe énormément de (bonnes) documentations « non-officielles », souvent dédiées à une utilisation particulière de R. Citons Paradis (2009), Verzani (2009) et l'ouvrage de référence [2] de W.N. Venables (2002).

Environnement de travail et conseils d'implémentation

Sous environnement Linux, le terminal est un outil efficace de gestion des fichiers, des tâches et des programmes en cours d'exécution. Pour les réfractaires, le gestionnaire de fenêtre n'a rien envier à ceux des autres systèmes.

Créez un répertoire, par exemple [3] `R`, à la racine de votre répertoire `home`. Placez-y des sous répertoires pour stocker vos données (`data`), vos scripts (`work`) et vos fonctions (`functions`).

Une fois à la racine de votre environnements de travail `/home/nom/R/work`, lancez `R` en tapant tout simplement la commande `R`. Ouvrez un autre onglet dans votre terminal dans le même répertoire pour pouvoir faire les manipulations usuelles de fichiers et lancer votre éditeur de texte préféré. *Surtout*,

— aidez-vous de la liste de commandes usuelles,

— abusez des commandes `help, ?, help.search, apropos`, etc.,

— pensez à regarder les exemples de l'aide pour leur côté pratique,

— ayez sous les yeux un document pour vous aider (soit imprimé, soit ouvert dans un onglet de votre navigateur web).

Une fois familiarisé avec le logiciel, vous passerez à l'écriture de vos premiers véritables programmes. Lorsque la suite d'instructions requises pour le traitement d'un problème devient trop longue, il est nécessaire de la stocker dans un ou plusieurs fichiers pour ne pas avoir à tout réécrire dans le prompt. Utilisez un éditeur de votre choix pour écrire vos scripts et vos fonctions (`Emacs` est par exemple bien adapté et possède un mode spécifique à `R` appelé `ESS`).

Les fichiers externes (scripts ou fonctions) peuvent être chargés à l'aide de la commande `source`. Ainsi, `source("mes_fonctions.R")` charge toutes les fonctions contenus dans le fichier `mes_fonctions.R`, tandis que `source("mon_script.R")` exécuter l'ensemble des commandes listées dans `mon_script.R`.

À vous de trouver l'équilibre qui vous convient entre l'interpréteur `R`, où la saisie est immédiatement évaluée, et la sauvegarde des commandes d'intérêt sous forme de scripts ou de fonctions.

Julien Chiquet,
27 mars 2015

2. il s'agit cependant d'un ouvrage payant.
3. chacun a ses petites habitudes : si vous n'en avez pas je vous suggère les miennes.

Table des matières

Première partie

Travaux dirigés

Travaux dirigés 1

Premiers pas sous R

À la découverte de la syntaxe et de l'esprit de programmation de R.

Exercice 1.1 (Génération de vecteurs ☺). Où l'on se familiarise avec la création de vecteurs (commandes `c()`, `seq()`, `rep()`, `paste()` et leurs options).

i) Créer un vecteur contenant la suite des entiers de 1 à 12 de deux manières différentes.

ii) Créer le vecteur `c(0.5,1.0,1.5,2.0,2.5,3.0,3.5,4.0,4.5,5.0)` de trois manières différentes.

iii) Créer un vecteur contenant tous les multiples de 2 compris entre 1 et 50.

iv) Créer un vecteur contenant tous les nombres de 1 à 100 qui ne sont pas des multiples de 5.

v) Créer un vecteur contenant 3 fois chacun des 10 chiffres.

vi) Créer un vecteur contenant une fois la lettre A, deux fois la lettre B, etc., 26 fois la lettre Z. Quelle est la longueur de cette suite ? (Utiliser la chaîne `LETTERS` prédéfinie).

vii) Créer le vecteur `c("individu 1", "individu 2", ..., "individu 100")`.

Exercice 1.2 (Manipulation de séquences ☺). Où l'on se familiarise avec la manipulation de vecteurs (commandes `sample`, `length`, `sort`, `rev`, `sum`, `%in%`, `intersec`, `table`, etc.).

— Quels sont les entiers divisibles par 3 parmi les 100 premiers et combien y-en a-t-il ? Que vaut leur somme ? Leur produit ?

— Générer une séquence d'ADN de n bases. Compter le nombre d'occurrences de chaque lettre (d'abord sans puis avec la fonction `table`). Renvoyer les indices de la séquence où l'on trouve la lettre `"t"`. [1]

— Créer un vecteur contenant les 100 premiers entiers échantillonnés aléatoirement. À partir de ce vecteur, créer les vecteurs `x` et `y` des 100 premiers entiers ordonnés dans l'ordre croissant et décroissant. Concatenez `x` et `y`, enlever le seul nombre apparaissant deux fois de suite en le repérant à l'aide de la commande `diff`.

— On rappelle que

$$e^x = \sum_{k \geq 0} \frac{x^k}{k!}.$$

1. Pour aller plus loin, la bibliothèque `Biostrings` s'impose !

Créer dans un vecteur `exp2` les 20 premiers termes de cette suite. Supprimer toutes les valeurs inférieures à 10^{-8}. En déduire une approximation de e^2 et comparer avec la valeur `exp(2)`.

— Créer un vecteur `couleurs` contenant 10 couleurs de votre choix sous forme de chaînes de caractères. Créer un échantillon aléatoire de taille 4 parmi ces couleurs ainsi qu'un vecteur `primaires` contenant les 3 couleurs primaires. Tester combien et quelles sont les couleurs primaires présentes dans votre échantillon.

Exercice 1.3 (Jeux de hasard ☹).

1. On veut mimer un jeu de pile ou face. On notera 1 pour pile et 0 pour face. Simulez 1000 lancers de pièces. On gagne 1 € si c'est pile et on perd 1 € si c'est face. Combien d'argent avez-vous gagné à l'issue des 1000 lancers ?
2. Un ami vous propose le jeu suivant. On lance un dé. Si le résultat est 5 ou 6, on gagne 3 €, si le résultat est 4 on gagne 1 € et si c'est 3 ou moins on perd 2.5 €. Avant d'accepter la partie, vous essayez de simuler ce jeu, pour voir si vous avez des chances de vous enrichir. Conclusion ?

Exercice 1.4 (Tableaux de données ☹).

On suppose que la taille et le poids des individus en France se répartissent selon des lois normales de paramètres suivants :

— la taille des femmes est en moyenne de 165 cm, avec un écart-type de 6 cm.
— la taille des hommes est en moyenne de 175 cm, avec un écart-type de 7 cm.
— le poids des femmes est en moyenne de 60 kg, avec un écart-type de 2 kg.
— le poids des hommes est en moyenne de 75 kg, avec un écart-type de 4 kg.

Créer les vecteurs `taille.homme, taille.femme, poids.homme, poids.femme` contenant la taille et le poids de $n = 257$ hommes et $m = 312$ femmes générés selon les lois ci-dessus (on supposera que poids et taille sont deux variables indépendantes ce qui est bien entendu faux !).

Créer un tableau `donnees` à $n + m$ lignes et 3 colonnes telles que

— la première colonne contienne la variable taille,
— la deuxième colonne contienne la variable poids,
— la troisième colonne soit un facteur indiquant le sexe de l'individu.

Placer l'objet `donnees` dans l'itinéraire de recherche à l'aide de la commande `attach`. Puis, à l'aide de la commande `by`,

— déterminer simultanément le plus petit poids chez les femmes et le plus petit poids chez les hommes, ainsi que le numéro des individus correspondant,
— de même pour la taille,
— faites un résumé statistique de chacun des deux groupes (commande `summary`).

Y a-t-il des hommes de plus d'un mètre quatre vingt dix et de moins de soixante-quinze kilos ? Si oui, combien ? Y a-t-il des femmes de moins d'un mètre soixante et de plus de soixante kilos ? Combien ?

Exercice 1.5 (Population de bactéries ☹).

On souhaite modéliser la croissance d'une population bactérienne mise en culture dans une boîte de Petri. À cet effet, on distingue deux types de bactérie :

1. des bactéries jeunes et « immatures », notées a, qui ne se divisent pas ;
2. des bactéries « matures », notées b, susceptibles de se diviser par mitose.

On suppose que la reproduction a lieu à intervalles de temps discrets ; les bactéries b se divisent d'un instant à l'autre en une bactérie a et une bactérie b ; enfin, toute bactérie a devient mature d'un pas de temps à l'autre.

Questions

1. On note $n_a(t)$ et $n_b(t)$ le nombre de bactéries de chaque type à l'instant t. Écrire le système de deux équations décrivant l'évolution de $n_a(t+1)$ et $n_b(t+1)$ en fonction de $n_a(t)$ et $n_b(t)$.
2. Écrire une fonction `PopBacteries(n0,T)` qui renvoie trois vecteurs de taille $T+1$ contenant l'évolution des deux catégories de bactérie de l'instant initial au temps T ainsi que l'évolution de la population totale. Le paramètre n_0 est le nombre $n_a(0)$, et l'on suppose que $n_b(0) = 0$.
3. Pour $T = 20$ et $n_0 = 1$, générer la population bactérienne correspondante et calculer le taux d'accroissement de la population totale. Représenter graphiquement ces résultats (fonction `plot`).
4. On souhaite maintenant introduire de l'aléa dans la dynamique bactérienne. À cet effet, on suppose qu'une bactérie de type b a une probabilité p d'accomplir une mitose en $a + b$. Modifier la fonction `PopBacteries(n0,T,p)` en ajoutant le paramètre p.
5. Étudier l'évolution de la population et son taux de croissance totale pour diverses valeurs de p.

Analyse statistique élémentaire

Nous abordons la manipulation pratique de tableaux de données et les outils de statistiques descriptives de `R`*. Nous étudions le cas de données catégorielles et/ou numériques. Ceci est l'occasion de faire quelques rappels de statistiques.*

Exercice 2.1 (Bières ☺). Un sondage est réalisé auprès de 100 individus pour savoir où va leur préférence parmi un panel représentatifs de marques de bière. Les résultats obtenus se trouvent dans le fichier `bieres.csv`.

1. Lire le fichier de données sous forme de `data.frame`.
2. Combien de marques sont considérées ? Quelles sont-elles ?
3. Compter les occurrences de chacune des marques de bières. Les représenter sous la forme de graphe en barres. Représenter cette distribution sous forme de camembert en choisissant les couleurs vous même. Utiliser une seule fenêtre graphique pour les deux figures.

Commandes utiles : `levels`*,* `nlevels`*,* `table`*,* `barplot`*,* `pie`*,* `par`*.*

Exercice 2.2 (Somnifère ☺). Pour étudier l'effet d'un somnifère, on mesure chez 20 patients le nombre d'heures de sommeil supplémentaires par rapport à la durée moyenne de leur nuit sans traitement. On obtient les résultats suivants :

# patient	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
extra	0.7	-1.6	-0.2	-1.2	-0.1	3.4	3.7	0.8	0.0	2.0
# patient	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
extra	1.9	0.8	1.1	0.1	-0.1	4.4	5.5	1.6	4.6	3.4

TABLE 2.1 – données somnifères

1. Saisir ces données dans un vecteur `x`.
2. Calculer la moyenne empirique $\bar{x}$, la variance empirique s^2, la variance empirique corrigée $s^{\star 2}$ et l'écart-type, i.e.,

$$\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i, \quad s^2 = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2, \quad s^{\star 2} = \frac{n}{n-1}s^2,$$

uniquement avec les commandes `sum` et `length`. Comparer vos résultats avec les commandes `mean`, `var` et `sd` (que vous pourrez directement utiliser dorénavant).

3. On définit la médiane d'un échantillon par tout réel le séparant en deux parties égales. Calculer une valeur possible de la médiane, et observer la valeur renvoyée par la fonction de `R`.
4. Tracer un diagramme en tige et feuille.
5. Tracer la fonction de répartition empirique puis l'histogramme normalisé des données dans la même fenêtre graphique.
6. Ces données sont en fait issues de deux groupes d'individus : apposer une variable indiquant le groupe associé à l'observation de la variable `extra` sachant que les 10 premiers individus sont issus du groupe 1 et les 10 suivants du groupe 2 (utiliser, par exemple, la commande `data.frame`). Faire un résumé statistique pour chaque groupe et tracer alors les boîtes à moustaches des observations selon les groupes. Qu'en pensez-vous ? Comment conclure correctement ?

Commandes utiles : `scan`, `median`, `stem`, `par`, `ecdf`, `hist`, `summary`, `boxplot`.

Exercice 2.3 (Puces à ADN ☹). Les distributions des intensités moyennes des spots d'ADNc correspondants aux gènes exprimés et non exprimés peuvent être modélisées par deux gaussiennes. On suppose que la première distribution a une espérance $\mu^{\mathrm{e}} = 1000$ et un écart type $\sigma^{\mathrm{e}} = 100$; la seconde distribution a pour espérance $\mu^{\mathrm{ne}} = 400$ et pour écart type $\sigma^{\mathrm{ne}} = 150$.

Chaque gène correspond à 4 spots répliqués. L'expression d'un gène est définie comme la moyenne des 4 spots qui lui sont associés.

1. Analyse élémentaire du modèle
   (a) Créer sous `R` les variables `mu.e`, `sigma.e`, `mu.ne` et `sigma.ne` et affectez-y les valeurs de l'énoncé.
   (b) On note S^{e} la variable aléatoire décrivant l'intensité d'un spot correspondant à un gène exprimé. Quelle est la probabilité pour que S^{e} ait une valeur inférieure ou égale à 700 ?
   (c) On note G^{e} la variable aléatoire décrivant le niveau d'expression d'un gène exprimé. Quelle est la probabilité pour que G^{e} ait une expression inférieure ou égale à 700 ?
   (d) On introduit la variable aléatoire G^{ne} pour les gènes non exprimés. Quelle est la valeur seuil t telle que la probabilité d'avoir G^{e} inférieure ou égale à t soit égale à la probabilité d'avoir G^{ne} supérieure à t ?
   (e) Quelle est la probabilité d'avoir un gène exprimé dont l'expression est inférieur à t (faux négatif) ?
   (f) Quelle est la probabilité d'avoir un gène non exprimé dont l'expression est supérieure à t (faux positif) ?
2. Simulations et graphiques
   (a) Générer $n = 1000$ intensités de spots correspondant aux gènes exprimés et non exprimés. Les stocker dans les vecteurs `spots.e` et `spots.ne`. Parmi tous les spots générés, stocker la plus petite et la plus grande valeur observée dans des variables `MIN` et `MAX`.
   (b) Créer deux objets de classe histogramme, sans les tracer, correspondant à chacune des deux populations de spots et stocker les dans des variables `hist.e` et `hist.ne`.

(c) Tracer sur un même graphique les deux histogrammes normalisés et les densités théoriques (fonction `curve`). Utiliser deux couleurs différentes pour les deux populations de spots. Apposer une légende au graphe (commande `legend`).

(d) Tracer sur un même graphique les densités théoriques des gènes exprimés et non exprimés. Faire une légende. Puis, à l'aide de la commande `polygon`, représenter l'aire sous courbe correspondant à la probabilité pour qu'un gène non exprimé ait une expression inférieure à 300. Enfin, tracer une droite verticale indiquant l'emplacement du seuil t (commande `abline`).

Exercice 2.4 (Maximisation numérique de la vraisemblance ☹☹). En statistique, une manière usuelle de déterminer l'estimateur d'un paramètre d'une distribution de probabilité consiste à chercher la valeur de ce paramètre qui maximise la *fonction de vraisemblance* : si X est une variable aléatoire à densité de probabilité $f(x;\theta)$ où θ sont les paramètres de la fonction f, et que l'on observe $x_1, x_2, \ldots, x_n$ valeurs de X, alors la fonction de vraisemblance est définie par

$$L(\theta; x_1, \ldots, x_n) = \prod_{i=1}^{n} f(x_i; \theta).$$

L'idée consistant à utiliser comme estimateur la valeur de θ qui maximise la fonction L est naturelle : si on fait confiance en notre modèle $X \sim f(;\theta)$ pour décrire le phénomène d'intérêt, on cherche une valeur de θ qui rende les $f(x_i;\theta)$ le plus élevé possible, c'est-à-dire les plus *vraisemblables* par rapport aux observations. La valeur de θ pour laquelle L est maximale est appelée *estimateur du maximum de vraisemblance*. Souvent, on l'obtient en maximisant de manière équivalente la log-vraisemblance puisque l'on préfère les additions aux multiplications :

$$\log L(\theta; x_1, \ldots, x_n) = \sum_{i=1}^{n} \log f(x_i; \theta).$$

Cette fonction mesure le niveau d'adéquation du modèle aux données en fonction de la valeur des paramètres θ du modèle.

En biologie et dans tous les champs d'application de la statistique, il est courant que le modèle $X \sim f(;\theta)$ choisi pour le phénomène d'intérêt soit trop complexe pour permettre le calcul et la maximisation analytique de L ou $\log L$. On doit donc avoir recours à des techniques *numériques*. Nous allons étudier un exemple de modèle où la maximisation est soluble analytiquement, ce qui nous permettra de vérifier que la résolution numérique fonctionne.

Considérons un phénomène X (par exemple, la concentration de protéine en présence dans une solution) modélisé par une loi normale $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$. La fonction de densité est donnée par

$$f(x; \mu, \sigma^2) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}\right\}.$$

Questions préliminaires [1]

1. Calculer analytiquement $\log L(x_1, \ldots, x_n; \mu, \sigma^2)$.
2. Déterminer les estimateurs du maximum d vraisemblance en dérivant successivement $\log L$ par rapport à μ et σ^2. Que pensez-vous du résultat ?

Maximisation numérique

1. Générer un jeu de données gaussien de taille $n = 100$, de moyenne $\mu = \pi/2$ et d'écart type $\sigma = \sqrt{2}$. Calculer les valeurs prises par les estimateurs du maximum de vraisemblance de μ et σ^2 obtenus dans les questions précédentes.
2. Écrire une fonction `loglikelihood` qui prend en argument `x,mu,sigma` et renvoie la valeur de la fonction de log-vraisemblance pour $(x_1, \ldots, x_n), \mu$ et σ donnés.
3. À l'aide de la fonction `optimize`, déterminer numériquement les valeurs de μ et σ maximisant la fonction `loglikelihood`.
4. Dans une même fenêtre graphique, représenter
   — l'histogramme des données,
   — la fonction $\log L$ pour σ fixée à sa vraie valeur, en faisant varier μ sur $[\pi/2 - \varepsilon, \pi/2 + \varepsilon]$; situer également les valeurs estimées analytiquement et par `optimize` à l'aide de `abline`.
   — la fonction $\log L$ pour μ fixée, en faisant varier σ sur $[\sqrt{2} - \varepsilon, \sqrt{2} + \varepsilon]$; de même, situer les valeur estimées analytiquement et par `optimize`. Représenter également la variance empirique corrigée.
5. Créer une matrice `logL` contenant les valeurs de la log-vraisemblance en faisant varier à la fois μ et σ. Créer une liste `data=list(x,y,z)` et utiliser la fonction `my2dplot(data)` (fournie par le prof !) pour représenter la vraisemblance en 3D.

Ouf !

1. s'aider du prof en cas de galère...

Travaux dirigés 3

Introduction aux tests d'hypothèses sous R

Ce TD aborde les tests du χ^2 d'adéquation et d'indépendance, ainsi que le test de Student appliqué au test de la valeur du paramètre d'espérance et de l'égalité des espérances entre deux populations. Le test de Fisher d'égalité des variances est également étudié.

Exercice 3.1 (H1N1 ☺). Un laboratoire d'épidémiologie a publié une étude relative à l'âge des individus touchés par la grippe A lors de la première vague, qui s'est terminée fin décembre 2009. La répartition suivante a été observée :

âge	de 0 à 5	de 5 à 18	de 18 à 35	de 35 à 65	65 et plus
%age	7.5%	12.5%	35%	30%	15%

Au début de la deuxième vague (janvier 2010), les services municipaux de la ville d'Évry participent à une nouvelle étude : si la répartition de l'âge des individus touchés est significativement différente de celle obtenue lors de la première vague, ceci peut indiquer une mutation du virus. La réponse des services hospitaliers devra être adaptée le cas échéant.

Du 1er au 15 janvier, 237 personnes ont été touchées à Évry. La classe d'âge de chaque individu est répertoriée dans le fichier `grippe.csv`.

D'après ces observations, les individus sont-ils touchés de la même manière que lors de la première vague ? Répondez par un test du χ^2 d'adéquation, d'abord « à la main », puis à l'aide de la fonction `chisq.test`.

Exercice 3.2 (Alcool au volant ☺). En cas d'accident de la route, le taux d'alcoolémie est systématiquement relevé chez les blessés. Dans ce contexte, la sécurité routière mène une enquête auprès de 975 accidentés de la route et communique les résultats de son enquête (fichier `accidents.rda`).

Montrer, par un test du χ^2 d'indépendance, que le taux d'alcoolémie influe sur la gravité des blessures.

Exercice 3.3 (pharmacologie ☹). On désire expérimenter l'action d'un produit pharmaceutique sur des souris. Le temps de réaction μ des souris à un test déterminé est supposé être une variable aléatoire de loi gaussienne, le temps de réaction moyen étant de 19 minutes dans des conditions normales. On administre à dix souris une dose du produit pharmaceutique et on leur fait passer le test. On obtient les temps de réaction suivants : 15 mn, 14 mn, 21 mn, 12 mn, 17 mn, 12 mn, 19 mn, 18 mn, 20 mn, 21 mn.

Remarque. Dans ce qui suit, vous pourrez utiliser la fonction `t.test` de `R` pour vérifier vos résultats. La fonction `qt` permet le calcul des fractiles d'une loi de Student et `pt` le calcul de sa fonction de répartition.

Utiliser la fonction `assocplot` pour détailler la nature des dépendances entre ces deux variables

1. Saisir les données sous la forme d'un vecteur `x`. Calculer $\bar{x}, s$ et $s^\star$.
2. Écrire une fonction `int.conf.mu` qui revoie une liste contenant l'estimateur $\hat{\mu}$, la borne inférieure `inf` et la borne supérieure `sup` de l'intervalle de confiance. Elle prend en arguments
   — un vecteur de données `x`,
   — un scalaire `niveau` pour le coefficient de sécurité de l'intervalle,
   — une chaîne de caractères `alternative` pouvant prendre les valeurs `"two.sided"`, `"less"` ou `"greater"` selon la forme désirée.
3. Utiliser cette fonction pour donner des intervalles de confiance avec un coefficient de sécurité de $90\%, 95\%$ et 99% du temps moyen de réaction des souris pour l'alternative bilatère.
4. On s'attend à ce que le produit ait un effet stimulant et donc que le temps de réaction des souris ayant reçu une dose soit en moyenne inférieur à celui des souris n'en ayant pas reçu. Tester au niveau 5% l'effet du produit à l'aide de `t.test`. Calculer la valeur du seuil au niveau choisi ainsi que la p–valeur. Proposer un intervalle de confiance unilatère pour le paramètre μ.
5. Calculer la valeur de la puissance π pour diverses valeurs de μ_1, le paramètre sous l'hypothèse alternative. Tracer la courbe de puissance. Faire apparaître le seuil de rejet de la question précédente.

Exercice 3.4 (pipette ☹). On a prélevé une solution plusieurs fois en utilisant deux pipettes calibrées de même volume. On a pesé le contenu du volume délivré par la pipette. Les résultats des différents pipettages, exprimés en grammes, sont les suivants :

Pipette 1	0.0987	0.0990	0.0996	0.0995	0.0998	0.0984
Pipette 2	0.1016	0.1008	0.1002	0.0995	0.0990	0.1023

1. Créer 2 vecteurs `pip1` et `pip2`. Tracer les boîtes à moustaches pour chacune des deux pipettes. Qu'en conclure ?
2. Les deux pipettes ont-elles la même précision de mesure ?
3. Les quantités prélevées sont-elles comparables ?
4. Vérifier l'équivalence avec une anova à un facteur (fonction `anova` ou `aov`).

Travaux dirigés 4

Introduction au modèle linéaire sous R

Au cours de ce TD, nous survolons quelques unes des fonctionnalités offertes par `R` *pour le modèle linéaire.*

Exercice 4.1 (Performances ☹). On s'intéresse aux performances sportives d'enfants de 12 ans. Chaque enfant passe une dizaine d'épreuves (courses, sauts, lancers, etc.), et les résultats sont synthétisés dans un indice global, noté Y. On cherche à mesurer l'incidence sur ces performances de deux variables : la capacité thoracique X_1 et la force musculaire X_2. Ces trois quantités, Y, X_1 et X_2, sont repérées par rapport à une valeur de référence, notée à chaque fois 0, les valeurs positives étant associées aux « bonnes » performances.

Les mesures associées à un échantillon de 60 enfants sont stockées dans le vecteur `data`, dont vous disposerez sous `R` une fois chargé le fichier `perf.dat`.

On adopte le modèle à deux paramètres

$$H_2 : \ Y = a_1 \ X_1 + a_2 \ X_2 + \varepsilon,$$

où ε est un résidu non expliqué : les ε_i associés aux différents individus seront modélisés par des $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$ indépendantes (Notons que le « calage » des données autour de zéro se traduit par le fait que, quand $X_1 = X_2 = 0$, alors $\mathbb{E}(Y) = 0$).

1. Représenter le nuage de points et les graphes comparés des données à l'aide des fonctions `pairs` et `cloud` de la bibliothèque `lattice`.
2. Estimer les paramètres a_1 et a_2 du modèle, en écrivant les équations aux paramètres sous forme matricielle. Résoudre le système associé à l'aide de la commande `solve`. Vérifiez vos résultats avec la fonction `lm` de `R`.
3. À l'aide de la bibliothèque `scatterplot3d`, représenter le nuage de point et le plan estimé par le modèle.
4. Tester H_2 contre H_0 : conclusion ?
5. On adopte maintenant le modèle

   $$H_1 : \ Y = a \ X_1 + \varepsilon.$$

   Estimer a et représenter les données et la droite de régression associée. Enfin, vous testerez H_1 contre H_0.

Exercice 4.2 (Le sida du chat ☹). On mesure le taux de leucocytes T_4 chez le chat X jours après avoir inoculé à l'animal le virus FeLV, analogue du HIV. On appelle Y le logarithme de ce taux. Le tableau suivant donne les mesures faites sur $n_1 = 17$ chats mâles et $n_2 = 15$ chattes. Les données de la table 4.1 sont disponibles dans le fichier `chat.dat`

1. On définit le modèle H_4 comme celui où, pour chaque sexe, Y varie linéairement en fonction de X :
   — pour les mâles, $Y = a_1X + b_1 + \varepsilon$
   — pour les femelles, $Y = a_2X + b_2 + \varepsilon$.
   Pour chaque groupe, ajuster la droite de régression. Tester l'égalité des variances des résidus.
2. On définit le modèle H_2 comme celui où une droite de régression commune explique les mesures des deux sexes : $Y = aX + b + \varepsilon$. Tester H_2 contre H_4.
3. Comparer séparément le modèle retenu aux modèles suivants :
   — H_a : « $a_1 = a_2$ », b_1 et b_2 quelconques, i.e.,

$$Y_i = a\ X + b_1\mathbb{1}_{\{\text{mâle}\}} + b_2\mathbb{1}_{\{\text{femelle}\}} + \varepsilon_i.$$

   — H_b : « $b_1 = b_2$ », a_1 et a_2 quelconques , i.e.,

$$Y_i = a_1\mathbb{1}_{\{\text{mâle}\}}\ X + a_2\mathbb{1}_{\{\text{femelle}\}}\ X + b + \varepsilon_i.$$

mâles		femelles		
X	Y	X	Y	
44	4.66	84	3.45	
317	3.08	47	3.89	
292	1.28	20	3.79	
179	3.17	209	3.79	
39	5.59	106	3.81	
257	2.88	343	0.61	
354	1.60	325	2.04	
349	3.48	346	0.41	
195	3.39	151	2.67	
245	3.47	267	0.89	
270	3.20	80	4.39	
166	2.90	249	2.56	
57	4.83	341	0.28	
198	2.96	189	2.43	
20	5.17	50	3.85	
187	3.44			
270	3.18			total
n	17		15	32
$\sum X_i$	3 439		2 807	6 246
$\sum X_i^2$	883 645		724 565	1 608 210
$\sum Y_i$	58.28		38.86	97.14
$\sum Y_i^2$	220.0506		129.5332	349.5838
$\sum X_iY_i$	10184.95		5135.18	15 320.13

TABLE 4.1 – données chat

Analyse de la variance sous R

Ce TD propose deux exercices type analyse de la variance, à un et deux facteurs explicatifs.

Exercice 5.1 (Asthme ☹). On souhaite comparer trois traitements notés A, B, C contre l'asthme : le traitement B est un nouveau traitement, que l'on met en compétition avec les traitements classiques A et C. On répartit par tirage au sort les patients et on mesure sur chacun la durée en jours avant la prochaine crise d'asthme.

1. Visualisation des données.
   (a) Stocker les données `asthme.dat` dans une variable de votre choix à l'aide de la fonction `read.table` La table ainsi créée a deux colonnes : l'une contenant le délai observé avant la prochaine crise d'asthme, l'autre le type de traitement reçu.
   (b) Faire un résumé numérique de l'ensemble des données puis par traitement. Représenter graphiquement ces résultats à l'aide de boîtes à moustaches. Que peut-on en conclure ?
2. Analyse de la variance.
   (a) Créer une fonctions `somme.carres` qui prend en argument un vecteur d'observations et un vecteur de facteurs. La fonction renvoie une liste contenant
   — la somme des carrés totale et le nombre de degrés de liberté associé,
   — la somme des carrés résiduelle et le nombre de degrés de liberté associé,
   — la somme des carrés des facteurs et le nombre de degrés de liberté associé.
   (b) Calculer la valeur observée de la statistique de test de l'anova 1, la valeur du seuil de rejet au niveau α de votre choix et la valeur de la p-valeur.
   (c) Comparer les résultats avec ceux de la fonction `anova` de `R`.
3. Étude de contrastes.
   (a) On note μ_A, μ_B et μ_C les délais moyens obtenus avec les traitements A, B et C. Tester l'hypothèse selon laquelle $\mu_A = \mu_C$, puis $\mu_A = \mu_B$. On utilisera comme estimateur de la variance la valeur des CMR obtenu à la question précédente. Conclure.
   (b) On souhaite déterminer l'apport du traitement B par rapport au traitement A. À cet effet, nous allons étudier le contraste C_{AB}. Construire un intervalle bilatère puis unilatère à 95% pour C_{AB}. Conclusion ?

Exercice 5.2 (Rendement de blé ☹). On mesure les rendements en blé sur 21 parcelles de même aire représentant 6 niveaux :

niveau	1	2	3	4	5	6
	53.4	76.9	55.1	71.6	90.1	76.4
	64	62.4	72	80.4	89.6	77
	68.3	70.8	67	67.4	81.6	77.8
	65.5	70			82.2	

TABLE 5.1 – données blé

1. On note $\mu_1, \mu_2, \mu_3, \mu_4, \mu_5, \mu_6$ les espérances de rendements pour les divers niveaux. On considère le modèle $H_6 : \mu_1 \neq \mu_2 \neq \mu_3 \neq \mu_4 \neq \mu_5 \neq \mu_6$.
   (a) Créer un vecteur `donnees` contenant les observations et un vecteur `niveaux` contenant les facteurs associés au modèle H_6.
   (b) Représenter les boîtes à moustaches et les dotplot pour les différents groupes à l'aide des fonctions `boxplot` et `dotchart`.
   (c) Tester $H_1 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4 = \mu_5 = \mu_6$ contre H_6 à l'aide d'une anova 1 qu'on ferra « manuellement » (calculs de SCT, SCR, SCE, du seuil à 5% et 1% ainsi que la p–valeur).
   (d) Comparer les résultats avec la fonction `aov` de `R`.
2. Les niveaux 1,2,3 correspondent à une région «Nord», les niveaux 4,5,6 à une région «Sud». Même question qu'en 1 en testant H_1 contre $H_2 : \mu_{\text{nord}} \neq \mu_{\text{sud}}$, en utilisant directement la fonction `aov`. Le vecteur des facteurs est noté `regions`.
3. Les niveaux 1 et 4 correspondent à une variété A d'espérance μ_A, les niveaux 2 et 5 correspondent à une variété B d'espérance μ_B et les niveaux 3 et 6 correspondent à une variété C d'espérance μ_C. Même question qu'en 1 en testant H_1 contre $H_3 : \mu_A \neq \mu_B \neq \mu_C$, en utilisant directement la fonction `aov`. Le vecteur des facteurs est noté `varietes`.
4. Refaire le problème en anova 2 avec comme facteurs «régions» et «variétés» en utilisant la fonction `aov`. Utiliser la fonction `interaction.plot` pour faire votre choix entre le modèle avec ou sans interactions.

Travaux dirigés 6

Analyse en composantes principales

Exercice 6.1. **Les crabes**

Le jeu de données considéré est constitué de 200 crabes décrits par huit variables (3 qualitatives et 5 quantitatives). Charger le jeu de données et sélectionner les variables quantitatives en utilisant le code R suivant :

```
> library(MASS)
> data(crabs)
> crabsquant<-crabs[,4:8]
```

Cette étude vise à utiliser l'ACP pour trouver une représentation des crabes qui permettent des distinguer visuellement différents groupes, liés à l'espèce et au sexe.

FIGURE 6.1 – l'individu en question

Quelques programmes R utiles :
- `princomp` implémente l'ACP,
- `biplot` qui permet de représenter variables et données dans un plan principal.

1. Testez une ACP sur `crabsquant` sans traitement préalable. Que constatez vous ?
2. Trouvez une solution pour améliorer la qualité de votre représentation en terme de visualisation des différents groupes.
3. Que dire de la qualité de représentation de cette nouvelle ACP ? Combien d'axes retenez-vous ? Pourquoi ?
4. Comment interprétez-vous les axes retenus à partir du cercle des corrélations ?

5. Que pouvez-vous en déduire sur la caractérisation des mâles/femelles, crabes oranges/bleus ?

Exercice 6.2. **Single Nucleotide Polymorphism**

Le jeu de données considéré est constitué de 5500 SNP concernant 728 individus issus de 6 populations différentes : africaines (YRI, MKK et LWK), indienne (GIH), caucasiennes (CEU, TSI). Charger le jeu de données `DonneesSNPnormalisées.RData`.

Quelques programmes R utiles :

— `princomp` implémente l'ACP en acceptant qu'il y ait plus de variables que d'observations,

— `biplot` qui permet de représenter variables et données dans un plan principal.

1. Observez ce que contient le jeu de données. Que trouve-t-on dans l'objet `data` que vous venez de charger ? Que représentent ses différents éléments ?
2. Réaliser l'ACP sur la matrice des génotypes.
3. Que constatez-vous sur le nombre de composantes principales ? Comment expliquez-vous cela ?
4. Combien d'axes conservez-vous ? Que pensez-vous de la qualité de représentation ?
5. Représentez les individus dans les plans principaux en distinguant les différentes populations d'origine par des couleurs. Interprétez les axes.

Exercice 6.3. **Phylogénie des globines**

On se propose d'effectuer une analyse factorielle des dissimilarités de séquence protéique de plusieurs globines issues de différentes espèces et de comparer les résultats obtenus à l'arbre phylogénétique de la Figure 6.2.

1. Télécharger le fichier `neighbor_globin.txt` et importer les données dans `R` dans un `data.frame` d. Elles contiennent les scores d'alignement deux à deux de diverses globines chez différentes espèces tel que décrit dans le fichier `Globines_liste.txt`.
2. Vérifier que ces scores correspondent bien à des dissimilarités. Nommer les colonnes.
3. Calculer la matrice Δ des carrés des dissimilarités.
4. Calculer la matrice de centrage J définie par :
$$J = I - \frac{1}{n} 1_{(n,n)}$$
5. Calculer $B = -\frac{1}{2} J \Delta J$. Comment peut-on interpréter B ?
6. Effectuer la décomposition spectrale de B :
$$B = U \Lambda U^{\intercal}$$
7. Dans cette décomposition, quels sont les facteurs principaux ? Combien en conservez-vous pour la suite de l'analyse ? Que concluez-vous aussi de l'observation des valeurs propres ?

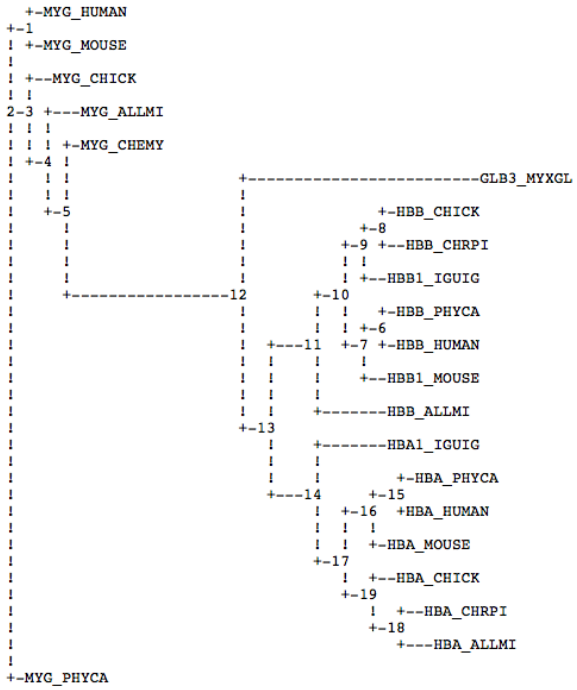


FIGURE 6.2 – Arbre phylogénétique des globines

8. Calculer les composantes principales associées aux axes principaux retenus et représenter les plans principaux correspondants en différenciant les types de globines par type de point (1=myoglobine, 2=hémoglobine β, 3 = hémoglobine α, 4 = globine-3) et les espèces par couleur (on mettra la même couleur pour les deux espèces de tortues).
9. Que remarquez-vous en comparant ces différents plans à l'arbre phylogénétique ?
10. Effectuer la même chose sur les sous-ensembles d'hémoglobines α, β puis de myoglobines, toujours en comparant les résultats à l'arbre phylogénétique. Pour gagner du temps, vous pouvez vous aider de la fonction `cmdscale`.

Travaux dirigés 7

Classification et algorithme des centres mobiles

Exercice 7.1.

FIGURE 7.1 – l'individu en question

Le jeu de données `crabs` est constitué de 200 crabes décrits par huit variables (3 qualitatives et 5 quantitatives). Charger le jeu de données et sélectionner les variables quantitatives en utilisant le code R suivant :

```
> library(MASS)
> data(crabs)
> crabsquant<-crabs[,4:8]
```

Pour faciliter le travail de l'algorithme des centres mobiles, transformez les jeu de données :

```
> crabsquant2<-(crabsquant/crabsquant[,3])[,-3]
   # mettons les noms à jour
> j=0
> for(i in c(1,2,4,5))
>  {
>   j=j+1
>   names(crabsquant2)[j]<-c(paste(names(crabsquant)[i],"/",names(crabsquant[3])))
>  }
```

1. Tentez une partition en 2, 3, 4 classes avec le programme `kmeans`, visualisez les résultats et commentez.
2. Etudier la stabilité du résultat de la partition en quatre classes.

7.0.1 Le critère BIC

Exercice 7.2. Le critère BIC (Bayesian Information Criterion) permet entre autre de comparer plusieurs partitions dans le cadre des modèles de mélange gaussiens. Il est basé sur le principe de parcimonie : tenter de trouver le meilleur ajustement aux données avec le modèle le plus simple possible. Ainsi, il s'exprime comme un compromis entre l'ajustement du modèle aux données et le nombre de paramètres libres du modèle :

$$BIC = -2\log(L_c) + \nu \log(n)$$

avec L_c la vraisemblance classifiante, ν le nombre de paramètres libres du modèle et n le nombre d'observations considérée. Dans le cas particulier des kmeans $\nu = pk + 1$ (k centres et un volume commun), et

$$\log(L_c) = -\frac{1}{2}\left(np + np\log\frac{trace(S)}{p}\right) - n\log k + \frac{np}{2}\log 2\pi$$

avec p le nombre de variables, k le nombre de classes et S la matrice de variance intra-classe.

1. Choix du nombre de classes optimal : en partitionnant les données avec le programme `kmeans`, utilisez le critère BIC pour proposer un nombre de classes plausible pour les données des crabes (suite de l'exercice précédent).
2. Comparez les résultats de la partition obtenue par les centres mobiles avec la partition réelle des crabes en 4 groupes.
3. Interprétation : Décrivez les groupes de crabes en utilisant les résultats de la classification.

Exercice 7.3. Programmer l'algorithme CEM (classification expectation maximization) en faisant l'hypothèse que vos observations sont en dimension 1 et sont issues d'un mélange gaussien de proportions identiques.

Considérez le jeu de données suivant :

```
c(rnorm(1000),rnorm(1000,mean=6,sd=5))->x
```

Comparez et discuter les partitions en 2 classes obtenues par l'algorithme des k-means et votre algorithme CEM.

Deuxième partie

Corrections

Éléments de corrections 1

Premiers pas sous R

Exercice 1.1 (Génération de vecteur).

1. ```
   > 1:12
   > seq(from = 1, to = 12, by = 1)
   ```

2. ```
   > seq(from = 0.5, to = 5, len = 10)
   > seq(from = 0.5, to = 5, by = 0.5)
   > 1:10/2
   ```

3. L'opérateur %% correspond au reste de la division entière.

   ```
   > v <- 1:50
   > v[v%%2 == 0]
   ```

4. ```
   > v <- 1:100
   > v[v%%5 != 0]
   ```

5. ```
   > rep(c(1:10), each = 3)
   ```

6. ```
   > rep(LETTERS, c(1:length(LETTERS)))
   ```

   ```
   > paste(rep("individu", 100), 1:100)
   ```

Exercice 1.2 (Manipulation de séquences).

1. ```
   > integers <- 1:100
   > div.by.3 <- integers[integers %% 3 == 0]
   > cat("Nombre:",length(div.by.3), "somme:",sum(div.by.3),
   +     "produit:",prod(div.by.3))
   ```

   ```
   Nombre: 33 somme: 1683 produit: 4.827109e+52
   ```

2. On peut utiliser l'opérateur `sum` sur un vecteur de booléens :

   ```
   > adn <- sample(c("a", "c", "g", "t"), 50, rep = TRUE)
   > nbA <- sum(adn == "a")
   > nbC <- sum(adn == "c")
   > nbG <- sum(adn == "g")
   > nbT <- sum(adn == "t")
   > cat(nbA, "A,", nbC, "C,", nbG, "G,", nbT, "T.")
   ```

   ```
   7 A, 13 C, 17 G, 13 T.
   ```

Cependant, la fonction `table` fait directement le travail :

```
> table(adn)

adn
 a  c  g  t
 7 13 17 13

> which(adn == "t")

 [1]  2  4  6  8  9 13 21 23 25 30 31 47 50
```

3. ```
   > v <- sample(1:100)
   > x <- sort(v)
   > y <- rev(x)
   > v <- c(x, y)
   > v <- v[-which(diff(x) == 0)]
   ```

4. ```
   > exp2 <- 2^(0:20)/factorial(0:20)
   > exp2 <- exp2[exp2 >= 1e-08]
   > sum(exp2)

   [1] 7.389056

   > exp(2)

   [1] 7.389056
   ```

5. ```
   > couleurs <- c("rouge", "bleu", "vert", "marron", "rose", "jaune",
   +     "orange", "violet", "beige", "prune")
   > echantillon <- sample(couleurs, 4)
   > primaires <- c("rouge", "jaune", "bleu")
   > sum(primaires %in% echantillon)

   [1] 0

   > intersect(primaires, echantillon)

   character(0)
   ```

Exercice 1.3 (Jeux de hasard).

1. ```
   > tirages <- sample(c("pile", "face"), 1000, rep = TRUE)
   > gains <- sum(tirages == "pile") - sum(tirages == "face")
   > gains

   [1] -16
   ```

2. ```
   > tirages <- sample(c(1:6), 1e+05, rep = TRUE)
   > esp.emp <- 3 * sum(tirages >= 5) + sum(tirages == 4) - 2.5 *
   +     sum(tirages <= 3)
   > esp.theo <- (2/6 * 3 + 1/6 * 1 - 3/6 * 2.5) * 1e+05
   > cat("Espérance théorique:", esp.theo, "estimée:", esp.emp)

   Espérance théorique: -8333.333 estimée: -8400
   ```
   ```

Exercice 1.4 (Tableaux de données). Commençons par créer les vecteurs composant l'échantillon. Deux décimales suffisent :

```
> n <- 257
> m <- 312
> taille.f <- round(rnorm(m, 165, 6), 2)
> taille.h <- round(rnorm(n, 175, 7), 2)
> poids.f <- round(rnorm(m, 60, 2), 2)
> poids.h <- round(rnorm(n, 75, 4), 2)
```

Passons à la création du tableau de données :

```
> taille <- c(taille.f, taille.h)
> poids <- c(poids.f, poids.h)
> sexe <- rep(c("femme", "homme"), c(m, n))
> donnees <- data.frame(cbind(taille, poids, sexe))
```

La commande `head` est pratique pour vérifier le format des données, en affichant les premières éléments d'un objet selon son type :

```
> head(donnees)
```

```
  taille poids  sexe
1 163.99 58.14 femme
2  170.3 60.66 femme
3 171.61 57.68 femme
4 161.64 58.08 femme
5    167 60.02 femme
6 163.47 58.67 femme
```

Plaçons les données dans l'itinéraire de recherche pour les manipuler plus aisément :

```
> attach(donnees)
```

Les commandes `by` ou `tapply` appliquent une fonction selon un facteur :

```
> tapply(taille, sexe, min)
```

```
 femme  homme
148.72 155.88
```

```
> tapply(taille, sexe, which.min)
```

```
femme homme
  101    34
```

```
> tapply(poids, sexe, min)
```

```
femme homme
53.82 64.32
```

```
> tapply(poids, sexe, which.min)

femme homme
  233   228
```

On peut donc obtenir un résumé statistiques selon chaque groupe en combinant avec `summary` :

```
> summary(donnees)

     taille         poids         sexe
 160.35 :  3   56.95  :  3   femme:312
 164.22 :  3   59.28  :  3   homme:257
 176.31 :  3   59.45  :  3
 179.17 :  3   59.81  :  3
 153.51 :  2   59.92  :  3
 163.56 :  2   60.47  :  3
 (Other):553   (Other):551

> by(taille, sexe, summary)

sexe: femme
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  148.7   160.9   164.6   164.9   169.1   180.0
------------------------------------------------------------
sexe: homme
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  155.9   170.4   174.4   174.7   179.5   191.2

> by(poids, sexe, summary)

sexe: femme
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  53.82   58.58   59.84   59.87   61.02   65.44
------------------------------------------------------------
sexe: homme
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  64.32   72.26   74.92   74.94   77.29   86.17
```

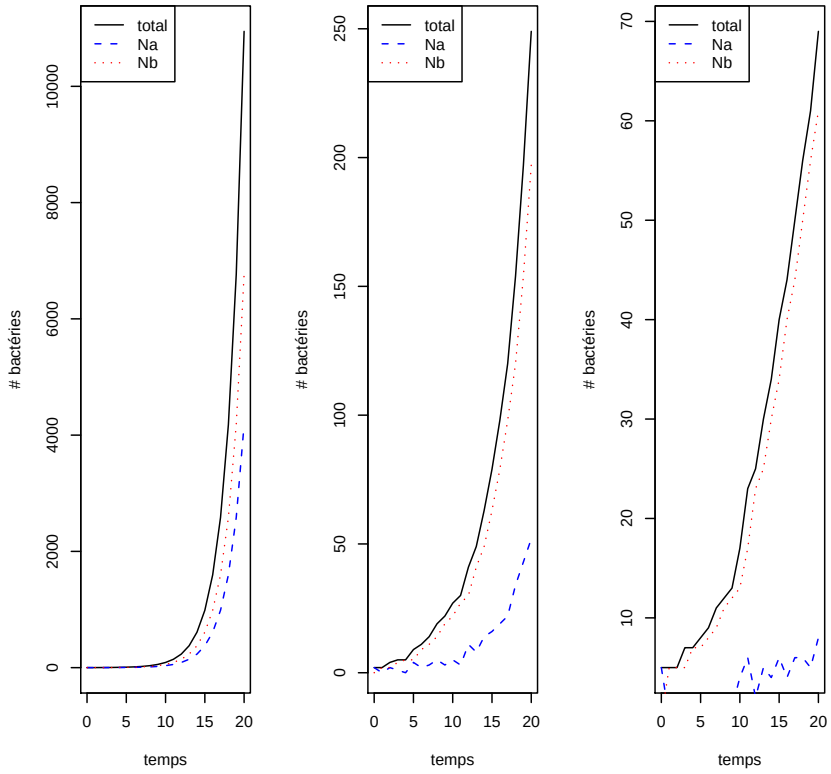
Exercice 1.5 (Population de bactéries). Commençons par la fonction générant la population (y compris avec le facteur aléatoire)

```
> PopBacteries <- function(n0,T,p) {
+
+   Na <- rep(0,T)
+   Nb <- rep(0,T)
+   Na[1] <- n0
+
+   for (t in 1:T) {
+     Na[t+1] <- sum(runif(Nb[t]) <=p)
```

```
+     Nb[t+1] <- Na[t] + Nb[t]
+   }
+
+   return(list(Na=Na,Nb=Nb,N=Na+Nb))
+ }
```

Voyons quelques exemples

```
> T <- 20
> Pop1 <- PopBacteries(1,T,1)
> Pop2 <- PopBacteries(2,T,0.35)
> Pop3 <- PopBacteries(5,T,0.15)
> par(mfrow=c(1,3))
> plot(0:T,Pop1$N, type="l", col="black",
+      xlab="temps", ylab="# bactéries")
> lines(0:T,Pop1$Na, col="blue", lty=2)
> lines(0:T,Pop1$Nb, col="red", lty=3)
> legend("topleft",c("total","Na","Nb"),
+        col=c("black","blue","red"), lty=c(1,2,3))
> plot(0:T,Pop2$N, type="l", col="black",
+      xlab="temps", ylab="# bactéries")
> lines(0:T,Pop2$Na, col="blue", lty=2)
> lines(0:T,Pop2$Nb, col="red", lty=3)
> legend("topleft",c("total","Na","Nb"),
+        col=c("black","blue","red"), lty=c(1,2,3))
> plot(0:T,Pop3$N, type="l", col="black",
+      xlab="temps", ylab="# bactéries")
> lines(0:T,Pop3$Na, col="blue", lty=2)
> lines(0:T,Pop3$Nb, col="red", lty=3)
> legend("topleft",c("total","Na","Nb"),
+        col=c("black","blue","red"), lty=c(1,2,3))
```



Par taux d'accroissement d'une population N_t, on entend N_{t+1}/N_t. soit, en moyenne,

```
> mean(Pop1$N[-1]/Pop1$N[-(T + 1)])

[1] 1.602111

> mean(Pop2$N[-1]/Pop2$N[-(T + 1)])

[1] 1.289568

> mean(Pop3$N[-1]/Pop3$N[-(T + 1)])

[1] 1.144926
```

S'il est strictement plus grand que 1, la population augmente ; elle diminue s'il est strictement plus petit ; enfin, elle est stable lorsque le taux d'accroissement vaut extactement 1.

Analyse statistique élémentaire

Exercice 2.1 (Bières).

1. La lecture du fichier se fait à l'aide de la commande `read.csv` :

```
> bieres <- read.csv("bieres.csv")
```

2. Pour peu que le tableau de données soit correctement formaté, c'est-à-dire en mode `factor`, les fonctions `nlevels` et `levels` s'appliquent :

```
> nlevels(bieres$x)

[1] 5

> levels(bieres$x)

[1] "affligem"    "chimay"      "heinecken"   "kronenbourg" "leffe"
```

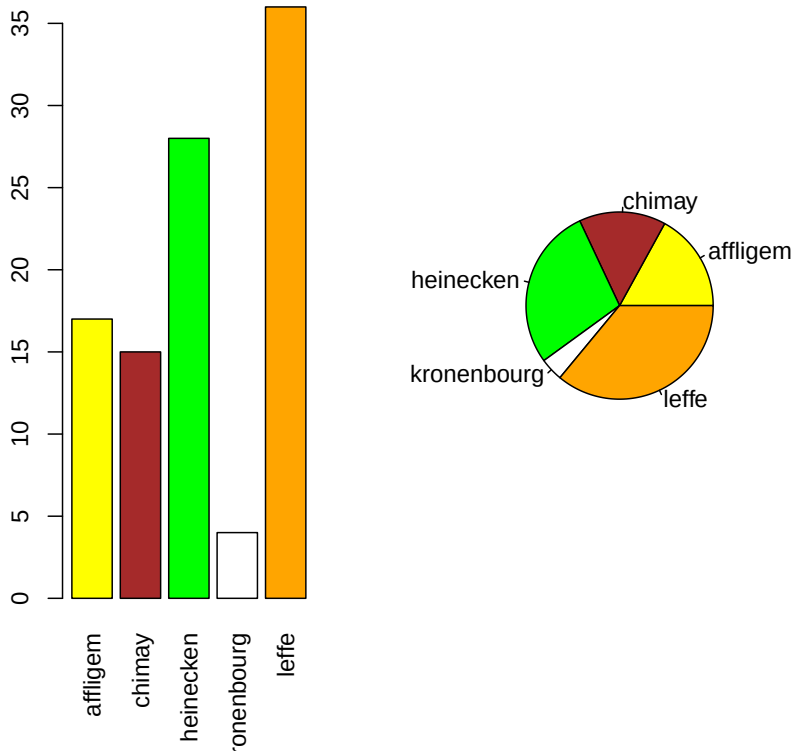
3. De même, fonction `table` est précieuse lors du traitement de données catégorielles.

```
> table(bieres)

bieres
   affligem      chimay   heinecken kronenbourg       leffe
         17          15          28           4          36
```

Noter l'utilisation des options `las` et `col`, permettant respectivement de déterminer l'orientation du texte le long des axes et la couleurs du tracé.

```
> par(mfrow = c(1, 2))
> barplot(table(bieres), las = 3, col = c("yellow", "brown", "green",
+     "white", "orange"))
> pie(table(bieres), col = c("yellow", "brown", "green", "white",
+     "orange"))
```



Exercice 2.2 (Somnifère).

1. Voyons d'abord la saisie des données (aidez-vous de `scan` pour les tableaux comportant au plus quelques dizaines d'entrées !) :

```
> x <- c(0.7, -1.6, -0.2, -1.2, -0.1, 3.4, 3.7, 0.8, 0, 2, 1.9,
+     0.8, 1.1, 0.1, -0.1, 4.4, 5.5, 1.6, 4.6, 3.4)
```

2. Les opérations entre vecteurs se font par défaut élément par élément :

```
> n <- length(x)
> xbar <- sum(x)/n
> s2 <- sum((x - xbar)^2)/n
> ss2 <- n/(n - 1) * s2
> cat("xbar =", xbar, "s.star^2 =", ss2, "mean(x) =", mean(x),
+     "var(x) =", var(x))

xbar = 1.54 s.star^2 = 4.072 mean(x) = 1.54 var(x) = 4.072
```

3.
```
> x.s <- sort(x)
> ma.mediane <- mean(c(x.s[floor((n + 1)/2)], x.s[ceiling((n +
+     1)/2)]))
> cat("Ma médiance = ", ma.mediane, " et median(x) renvoie:",
+     median(x))

Ma médiance =  0.95  et median(x) renvoie: 0.95
```

4.
```
> stem(x)

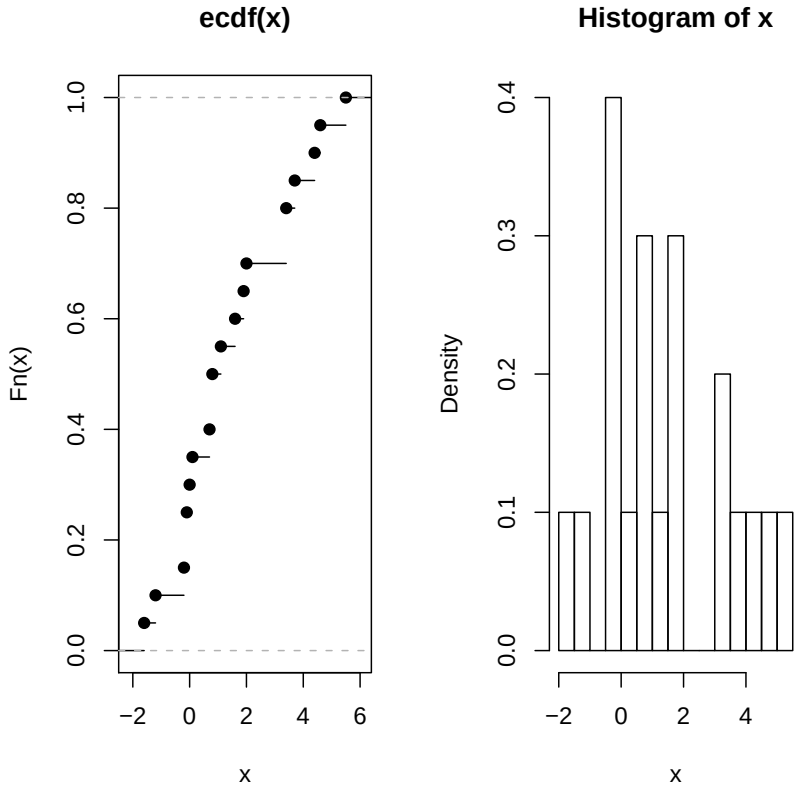
  The decimal point is at the |

  -0 | 62211
   0 | 01788169
   2 | 0447
   4 | 465
```
```
> stem(x, scale = 2)

  The decimal point is at the |

  -1 | 62
  -0 | 211
   0 | 01788
   1 | 169
   2 | 0
   3 | 447
   4 | 46
   5 | 5
```

5.
```
> par(mfrow = c(1, 2))
> plot(ecdf(x))
> hist(x, freq = FALSE, nclass = length(unique(x)) + 1)
```

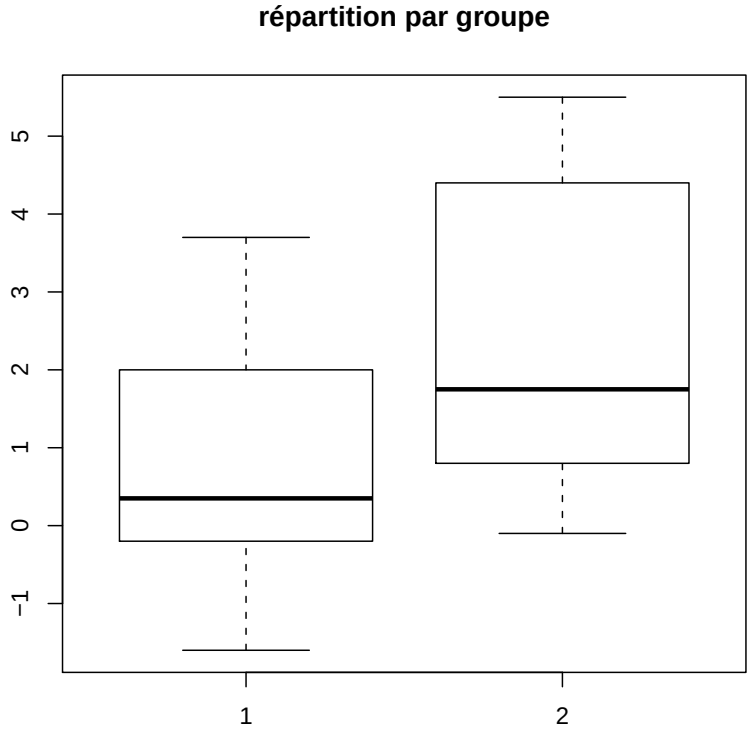


6. Les boîtes à moustaches sont une manière agréable de représenter graphiquement la même information que la commande `summary` appliquée à un tableau de données.

```
> data <- data.frame(extra = x, group = rep(c(1, 2), each = 10))
> attach(data, warn.conflicts = FALSE)
> by(extra, group, summary)

group: 1
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
 -1.600  -0.175   0.350   0.750   1.700   3.700
------------------------------------------------------------
group: 2
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
 -0.100   0.875   1.750   2.330   4.150   5.500

> boxplot(extra ~ group, main = "répartition par groupe")
```



Un test de Student ou une analyse de la variance à un facteur permettrait de conclure à l'existence d'un effet groupe.

Ne pas oublier de « détacher » les données de l'itinéraire de recherche pour éviter les mauvaises surprises par la suite :

```
> detach(data)
```

Exercice 2.3 (Puces à ADN).

1. (a) Commençons par créer quelques variables utiles :

```
> n <- 1000
> mu.e <- 1000
> mu.ne <- 400
> sigma.e <- 100
> sigma.ne <- 150
```

   (b) Un simple calcul montre que $\mathbb{P}(S^{\mathrm{e}} \leq 700) = \Phi((700 - \mu^{\mathrm{e}})/\sigma^{\mathrm{e}})$. On peut vérifier que les tables de la loi normale de `R` et sous forme papier sont d'accord entre elles :

```
> pnorm((700 - mu.e)/sigma.e)
[1] 0.001349898
```

   (c) On exprime le niveau d'expression d'un gène comme la somme de quatre spots, donc $G^{\mathrm{e}} = 1/4 \sum_{i=1}^{4} S_i^{\mathrm{e}}$. La probabilité recherchée est bien évidemment $\mathbb{P}(G^{\mathrm{e}} \leq 700) = \Phi((700 - \mu^{\mathrm{e}})/(\sigma^{\mathrm{e}}/\sqrt{4}))$, égale à

```
> pnorm((700 - mu.e)/(sigma.e/2))
[1] 9.865876e-10
```

   (d) On cherche la valeur t vérifiant $\mathbb{P}(G^{\mathrm{e}} \leq t) = \mathbb{P}(G^{\mathrm{ne}} > t)$, soit,

$$\mathbb{P}(G^{\mathrm{e}} \leq t) = 1 - \mathbb{P}(G^{\mathrm{ne}} \leq t) \Leftrightarrow \Phi\left(\frac{t - \mu^{\mathrm{e}}}{\sigma^{\mathrm{e}}/2}\right) = \Phi\left(-\frac{t - \mu^{\mathrm{ne}}}{\sigma^{\mathrm{ne}}/\sqrt{4}}\right)$$
$$\Leftrightarrow \frac{t - \mu^{\mathrm{e}}}{\sigma^{\mathrm{e}}/2} = -\frac{t - \mu^{\mathrm{ne}}}{\sigma^{\mathrm{ne}}/2},$$

   d'où $t = 760$

   (e) La probabilité d'un faux négatif est $\mathbb{P}(G^{\mathrm{e}} \leq t)$, soit

```
> t <- 760
> pnorm((t - mu.e)/(sigma.e/2))
[1] 7.933282e-07
```

   (f) La probabilité d'un faux positif est $\mathbb{P}(G^{\mathrm{ne}} \geq t)$, soit

```
> t <- 760
> 1 - pnorm((t - mu.ne)/(sigma.ne/2))
[1] 7.933282e-07
```

2. Simulation et graphiques

   (a) Commençons par simuler les populations. Il est utile de repérer l'amplitude des données générées pour pouvoir définir les bornes des axes du graphe par la suite. On stocke donc `MIN` et le `MAX` afin de calibrer les axes lors des sorties graphiques.

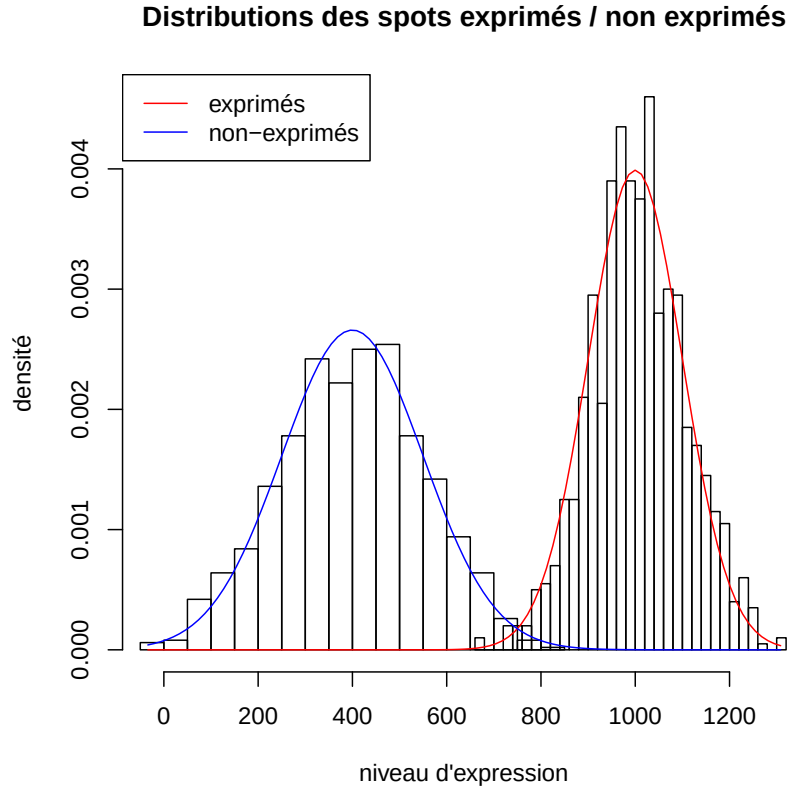
```
> spots.e <- rnorm(n, mu.e, sigma.e)
> spots.ne <- rnorm(n, mu.ne, sigma.ne)
> MIN <- min(spots.e, spots.ne)
> MAX <- max(spots.e, spots.ne)
```

(b) On stocke les objets histogrammes afin de pouvoir les faire apparaître dans la même fenêtre graphique.

```
> hist.e <- hist(spots.e, nclass = 30, plot = FALSE)
> hist.ne <- hist(spots.ne, nclass = 30, plot = FALSE)
```

(c) Noter l'utilisation des fonctions de l'option `add` et de la fonction `curve`.

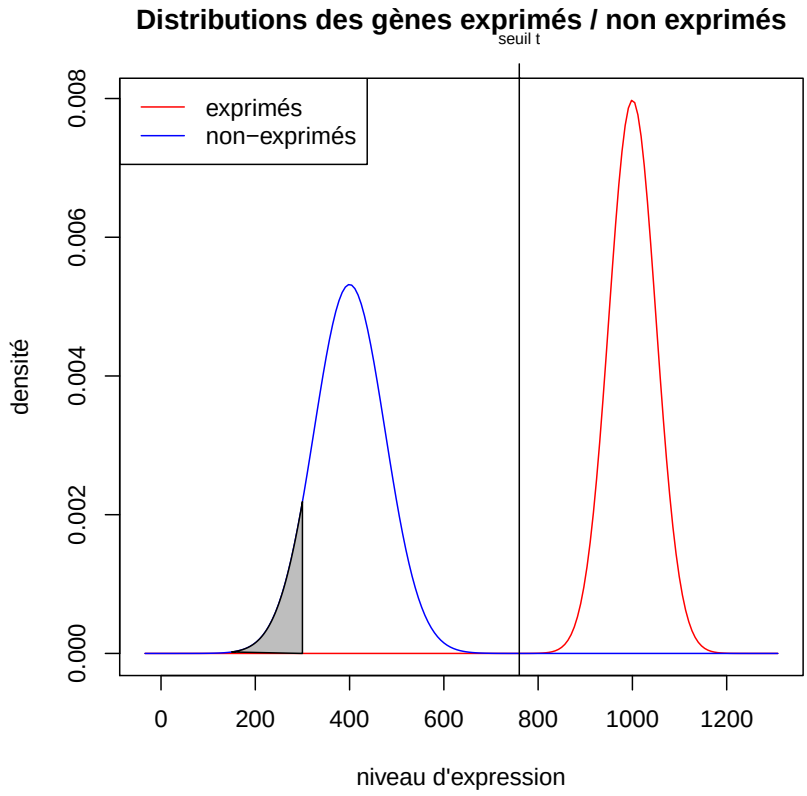
```
> title <- "Distributions des spots exprimés / non exprimés"
> plot(hist.e,freq=FALSE,xlim=c(MIN,MAX),main=title,
+      xlab="niveau d'expression", ylab="densité")
> plot(hist.ne,freq=FALSE,add=TRUE)
> curve(dnorm(x,mu.e,sigma.e)  ,from=MIN,to=MAX,
+       add=TRUE,col="red")
> curve(dnorm(x,mu.ne,sigma.ne),from=MIN,to=MAX,
+       add=TRUE,col="blue")
> legend("topleft",c("exprimés","non-exprimés"),
+        col=c("red","blue"),lty=c(1,1))
```



(d) De prime abord, la fonction polygone peut sembler compliquer à utiliser. En fait, il n'en est rien ! Il suffit de penser à rajouter un point d'ordonnée $y = 0$ car le polygone est tracé en joignant le premier au dernier point... prenez le temps de regarder ce que ça donne lorsque l'on oublie ce point !

```
> title <- "Distributions des gènes exprimés / non exprimés"
> curve(dnorm(x,mu.e,sigma.e/2), n=200,from=MIN,
+       to=MAX,col="red", main=title, ylab="densité",
```

```
+       xlab="niveau d'expression")
> curve(dnorm(x,mu.ne,sigma.ne/2), n=200,from=MIN,
+       to=MAX,add=TRUE,col="blue")
> legend("topleft",c("exprimés","non-exprimés"),
+        col=c("red","blue"),lty=c(1,1))
> x <- seq(150,300,len=100)
> y <- dnorm(x,mu.ne,sigma.ne/2)
> x <- c(x,300)
> y <- c(y,0)
> polygon(x,y,col="gray")
> abline(v=t)
> axis(3, at=t, labels="seuil t", cex.axis=0.7)
```



Exercice 2.4 (Maximisation numérique de la vraisemblance).

Questions préliminaires

1. Un peu de calcul permet d'obtenir une écriture sympathique de la log vraisemblance :

$$\log L(x_1,\dots,x_n;\mu,\sigma) = \sum_{i=1}^{n} \log(f(x;\mu,\sigma^2))$$
$$= \sum_{i=1}^{n}\left(-\log(\sqrt{2\pi\sigma^2}) - \frac{(x_i-\mu)^2}{2\sigma^2}\right) = -\frac{n}{2}\log(2\pi\sigma^2) - \frac{1}{2\sigma^2}\sum_{i=1}^{n}(x_i-\mu)^2.$$

2. Pour obtenir le maximum d'une fonction concave, il suffit de déterminer quelle valeur annule sa dérivée première. Pour l'espérance, on obtient

$$\frac{\partial}{\partial\mu}\log L(x_1,\ldots,x_n;\mu,\sigma)=0 \Leftrightarrow \sum_{i=1}^{n}(x_i-\mu)=0$$
$$\Leftrightarrow \mu=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}x_i=\bar{x}.$$

Pour la variance, on a

$$\frac{\partial}{\partial\sigma^2}\log L(x_1,\ldots,x_n;\mu,\sigma)=0$$
$$\Leftrightarrow -\frac{n}{\sigma^2}+\frac{1}{2\sigma^4}\sum_{i=1}^{n}(x_i-\mu)^2=0 \Leftrightarrow \sigma^2=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i-\mu)^2.$$

En remplaçant μ par son estimateur $\bar{x}$, on obtient l'estimateur s^2 appelée variance empirique :

$$s^2=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i-\bar{x})^2.$$

Maximisation numérique

1. Après avoir fixé la valeur des paramètres, on génère une population gaussienne. On calcule la moyenne empirique, la variance empirique et la variance empirique corrigée :

```
> n <- 100
> mu <- pi/2
> sigma <- sqrt(2)
> x <- rnorm(n, mu, sigma)
> X.bar <- sum(x)/n
> S2 <- sum((x - mu)^2)/n
> S2.star <- sum((x - mu)^2)/(n - 1)
```

2. Voici la fonction `loglikelihood` :

```
> loglikelihood <- function(x,mu,sigma) {
+   n <- length(x)
+   L <- -n/2*log(sigma^2*2*pi) -
+     1/(2*sigma^2) * sum((x-mu)^2)
+   return(L)
+ }
```

3. L'optimisation se fait successivement sur chacun des paramètres :

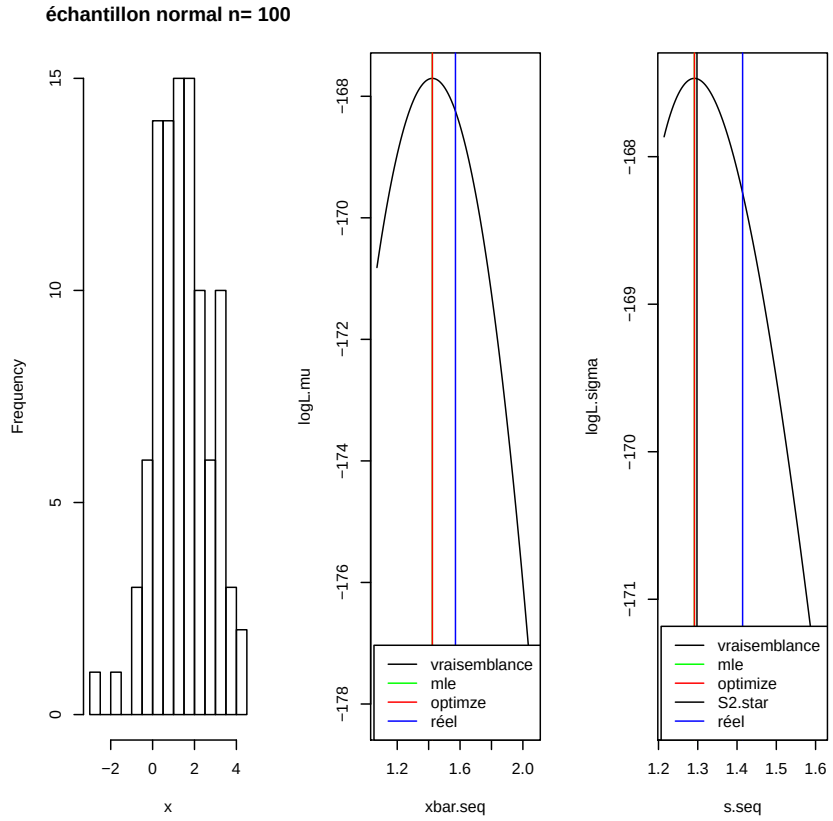
```
> res <- optimize(loglikelihood,x=x,sigma=sigma,
+                 maximum=TRUE,lower=-10,upper=10)
> mu.hat <- res$maximum
> res <- optimize(loglikelihood,x=x,mu=mu,
+                 maximum=TRUE,lower=0,upper=5)
> sigma.hat <- res$maximum
```

4. Créons les vecteurs pour le tracé des résultats :

```
> logL.mu <- NULL
> logL.sigma <- NULL
> xbar.seq <- seq(from = -0.5 + mu, to = 0.5 + mu, len = 100)
> s.seq <- seq(from = sigma - 0.2, to = sigma + 0.2, len = 100)
> for (xbar in xbar.seq) {
+     logL.mu <- rbind(logL.mu, loglikelihood(x, xbar, sigma))
+ }
> for (s in s.seq) {
+     logL.sigma <- rbind(logL.sigma, loglikelihood(x, mu, s))
+ }
```

Et voici pour les figures :

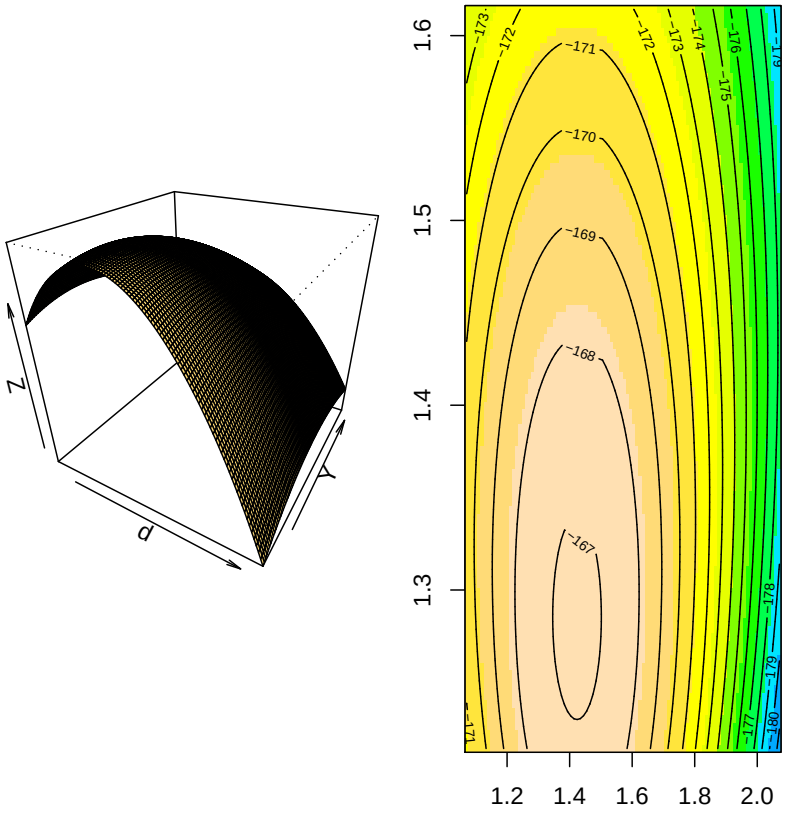
```
> par(mfrow=c(1,3))
> hist(x,nclass=n/5,main=paste("échantillon normal n=",n))
> plot(xbar.seq,logL.mu,type="l")
> abline(v=c(X.bar,mu.hat,mu),
+        col=c("green","red","blue"))
> legend("bottomright", bty="o", bg="white",
+        c("vraisemblance","mle","optimze","réel"),
+        col=c("black","green","red","blue"),lty=c(1,1,1,1))
> plot(s.seq,logL.sigma,type="l")
> abline(v=c(sqrt(S2),sigma.hat,sqrt(S2.star),sigma),
+        col=c("green","red","black","blue"))
> legend("bottomright", bty="o", bg="white",
+        c("vraisemblance","mle","optimize","S2.star","réel"),
+        col=c("black","green","red","black","blue"),
+        lty=c(1,1,1,1,1))
```



Noter l'utilisation des options `bg` et `box.col` pour éviter que les lignes verticales dues à `abline` ne viennent se superposer aux légendes.

5. À l'aide de la fonction `my2dplot`, cela tient en quelques lignes. Il faut au préalable créer la matrice `logL` pour représenter la surface de la fonction de vraisemblance.

```
> logL <- matrix(0, 100, 100)
> for (i in seq(along = xbar.seq)) {
+     for (j in seq(along = s.seq)) {
+         logL[i, j] <- loglikelihood(x, xbar.seq[i], s.seq[j])
+     }
+ }
> d <- list(x = xbar.seq, y = s.seq, z = logL)
> my2dplot(d)
```


Z
d
Y
1.6
1.5
1.4
1.3
1.2
1.4
1.6
1.8
2.0
-171
-172
-173
-174
-175
-176
-177
-178
-179
-180
-169
-168
-167

Éléments de corrections 3

Introduction aux tests d'hypothèses sous R

Exercice 3.1 (H1N1). Voyons d'abord la récupération du tableau de données et son format :

```
> grippe <- read.csv("grippe.csv")
> head(grippe)

         x
1  [35,65[
2  [18,35[
3 [65,Inf[
4  [18,35[
5  [35,65[
6   [5,18[

> attach(grippe)
```

On peut maintenant manipuler librement le vecteur `x`, contenant l'information de classe d'âge pour chaque individu touché. C'est une variables catégorielle : combien y a-t-il de groupes, et combien d'occurrences par groupe ?

```
> nlevels(grippe$x)

[1] 5

> levels(grippe$x)

[1] "[18,35["  "[35,65["  "[5,18["   "[65,Inf[" "]-Inf,5["

> table(grippe$x)

 [18,35[  [35,65[   [5,18[ [65,Inf[ ]-Inf,5[
      87       57       47       24       22
```

Calculons les effectifs attendus sous la distribution issue de la première vague (attention au vecteur de probabilités, qui est permuté dans le même ordre que les niveaux, tels que R les classe) :

```
> effectifs.theo <- c(0.35, 0.3, 0.125, 0.15, 0.075) * 237
> names(effectifs.theo) <- levels(grippe$x)
```

La statistique de test du χ^2 est définie par

$$D_{n,k} = \sum_{i=1}^{k} \frac{(N_{ij} - np_i)^2}{np_i},$$

où N_{ij} sont les effectifs observés et np_i sont les effectifs théoriques ou attendus sous H_0. La valeur observée de la statistique, notée d_{obs}, se calcule facilement sous R :

```
> d.obs <- sum((table(grippe$x) - effectifs.theo)^2/effectifs.theo)
```

Sous H_0, $D_{n,k} \sim \chi^2(k-1)$. On rejette l'hypothèse d'égalité des distributions au niveau α si $d_{\text{obs}} > d_{\text{seuil}}$, où $d_{\text{seuil}} = \chi_{k-1;1-\alpha}$. Pour $\alpha = 5\%$ par exemple, on a

```
> alpha <- 0.05
> ddl <- nlevels(grippe$x) - 1
> d.seuil <- qchisq(1 - alpha, ddl)
```

D'où la conclusion :

```
> cat("\nd.obs =", d.obs, " et on rejette pour d.obs >", d.seuil,
+     "au niveau", alpha)

d.obs = 17.94113  et on rejette pour d.obs > 9.487729 au niveau 0.05
```

Voyons la p–valeur :

```
> 1 - pchisq(d.obs, ddl)

[1] 0.001267223
```

Comparons avec la fonction `chisq.test` :

```
> chisq.test(table(grippe$x), p = c(0.35, 0.3, 0.125, 0.15, 0.075))

        Chi-squared test for given probabilities

data:  table(grippe$x)
X-squared = 17.9411, df = 4, p-value = 0.001267
```

Exercice 3.2 (Alcool au volant). Récupérons les données et voyons le format :

```
> load("accidents.rda")
> head(accidents)

  blessure alcoolemie
1   légère         >1
2   légère    [0.5,1]
3   légère    [0.5,1]
4   légère         >1
5    grave    [0.5,1]
6   légère    [0.5,1]
```

```
> attach(accidents)
```

Voyons quels sont les niveaux pour chacun des facteurs :

```
> levels(blessure)

[1] "grave"    "légère"   "mortelle"

> levels(alcoolemie)

[1] "[0.5,1]" "<0.5"    ">1"
```

La commande `table` appliquée à un `data.frame` correctement formaté donne directement les effectifs observés pour le test d'indépendance :

```
> table(accidents)

          alcoolemie
blessure   [0.5,1] <0.5  >1
  grave         39   49  19
  légère       218  526  79
  mortelle      18   16  11
```

La table des effectifs attendus sous l'hypothèse d'indépendance se construit comme suit :

```
> n <- nrow(accidents)
> k <- nlevels(blessure)
> l <- nlevels(alcoolemie)
> Ni. <- rowSums(table(accidents))
> N.j <- colSums(table(accidents))
> Ni.N.j <- Ni. %*% t(N.j)
> effectifs.theo <- Ni.N.j/n
> dimnames(effectifs.theo) <- list(levels(blessure), levels(alcoolemie))
> effectifs.theo

           [0.5,1]      <0.5        >1
grave     30.17949  64.85846 11.962051
légère   232.12821 498.86462 92.007179
mortelle  12.69231  27.27692  5.030769
```

On peut maintenant calculer très facilement la valeur observée de la statistique de test, définie par

$$D_{n,k,\ell} = \sum_{i=1}^{k} \sum_{j=1}^{\ell} \frac{(N_{ij} - N_{i\bullet} N_{\bullet j}/n)^2}{N_{i\bullet} N_{\bullet j}/n},$$

et qui suit une loi du $\chi^2_{(k-1)(\ell-1)}$ sous H_0, c'est-à-dire sous l'hypothèse d'indépendance des variables. On trouve

```
> d.obs <- sum((table(accidents) - effectifs.theo)^2/effectifs.theo)
```

Le seuil de rejet au niveau α correspond au fractile d'ordre $1-\alpha$ d'une χ^2 à $(k-1)(\ell-1)$ degrés de liberté. D'où les résultats :

```
> alpha <- 0.05
> ddl <- (k - 1) * (l - 1)
> seuil <- qchisq(1 - alpha, ddl)
> cat("\nd.obs =", d.obs, " et on rejette pour d.obs >", d.seuil,
+     "au niveau", alpha)

d.obs = 28.73554  et on rejette pour d.obs > 9.487729 au niveau 0.05

> 1 - pchisq(d.obs, ddl)

[1] 8.846404e-06
```

ce qui correspond aux résultats de `R` :

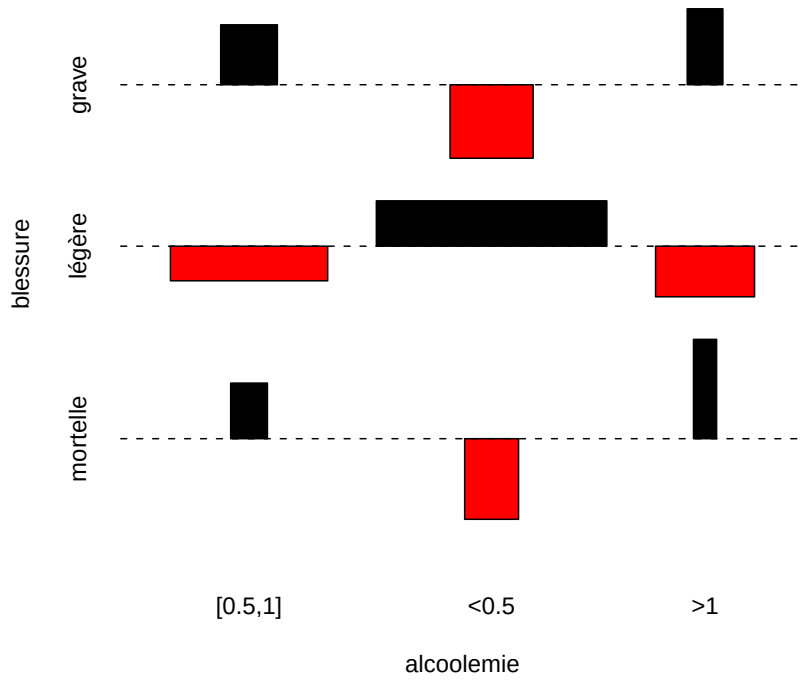
```
> chisq.test(table(accidents))

        Pearson's Chi-squared test

data:  table(accidents)
X-squared = 28.7355, df = 4, p-value = 8.846e-06
```

Le test est très significatif : taux d'alcoolémie et gravité de la blessure sont des variables dépendantes. Voyons en détail les dépendances via le graphe d'association :

```
> assocplot(t(table(accidents)))
```



Noter que la commande `assocplot` permet une représentation graphique de la déviance de la table de contingence par rapport à l'hypothèse d'indépendance : on y voit clairement que les blessures légères sont corrélées négativement avec les plus fortes consommations d'alcool ; les blessures graves sont au contraire corrélées positivement avec les fortes consommations, etc.

Exercice 3.3 (Pharmacologie).

1. D'abord, la saisie des données

```
> x <- c(15, 14, 21, 12, 17, 12, 19, 18, 20, 21)
> n <- length(x)
> x.bar <- sum(x)/n
> s.2 <- 1/n * sum(x^2) - x.bar^2
> s.star <- sqrt(n/(n - 1) * s.2)
```

2. Commencer par écrire sur le papier les intervalles de confiance unilatères et bilatère pour le test de Student. Il suffit ensuite de discerner les cas selon les valeurs de l'argument `alternative`.

```
> int.conf.mu <- function(x, niveau=0.95, alternative = c("two.sided")) {
+
+   alpha <- 1-niveau
+   n <- length(x)
+   x.bar  <- sum(x)/n
+   s.star <- sqrt( 1/(n-1) * sum(x^2) - sum(x)^2/((n-1)*n) )
+
+   if (alternative == "two.sided") {
+     inf <- x.bar-s.star/sqrt(n)*qt(1-alpha/2,df=n-1)
+     sup <- x.bar+s.star/sqrt(n)*qt(1-alpha/2,df=n-1)
+     IC <- paste("[",round(inf,3),";",round(sup,3),"]",sep="")
+
+   }
+   if (alternative == "less") {
+     inf <- -Inf
+     sup <- x.bar+s.star/sqrt(n)*qt(1-alpha,df=n-1)
+     IC <- paste("]",round(inf,3),";",round(sup,3),"]",sep="")
+   }
+   if (alternative == "greater") {
+     inf <- x.bar-s.star/sqrt(n)*qt(1-alpha,df=n-1)
+     sup <- Inf
+     IC <- paste("[",round(inf,3),";",round(sup,3),"[]",sep="")
+   }
+
+   return(list(mu=x.bar, IC=IC))
+ }
```

3. Vérifions que la fonction renvoie bien ce à quoi on s'attend :

```
> int.conf.mu(x, niveau = 0.9)
```

```
$mu
[1] 16.9

$IC
[1] "[14.884;18.916]"
```

```
> int.conf.mu(x, niveau = 0.95)
```

```
$mu
[1] 16.9

$IC
[1] "[14.412;19.388]"
```

```
> int.conf.mu(x, niveau = 0.99)
```

```
$mu
[1] 16.9

$IC
[1] "[13.325;20.475]"
```

4. Si l'effet est stimulant, aucune raison que l'intervalle soit bilatère :

```
> alpha <- 0.05
> int.conf.mu(x, niveau = 1 - alpha, alternative = "less")
```

```
$mu
[1] 16.9

$IC
[1] "]-Inf;18.916]"
```

Voyons le seuil à 5% et la p–valeur :

```
> mu0 <- 19
> p.valeur <- pt(sqrt(n) * (x.bar - mu0)/s.star, df = n - 1)
> p.valeur
```

```
[1] 0.0442952
```

```
> seuil <- mu0 - s.star/sqrt(n) * qt(1 - alpha, df = n - 1)
> seuil
```

```
[1] 16.98358
```

```
> t.test(x, mu = mu0, alternative = "less")
```

```
        One Sample t-test

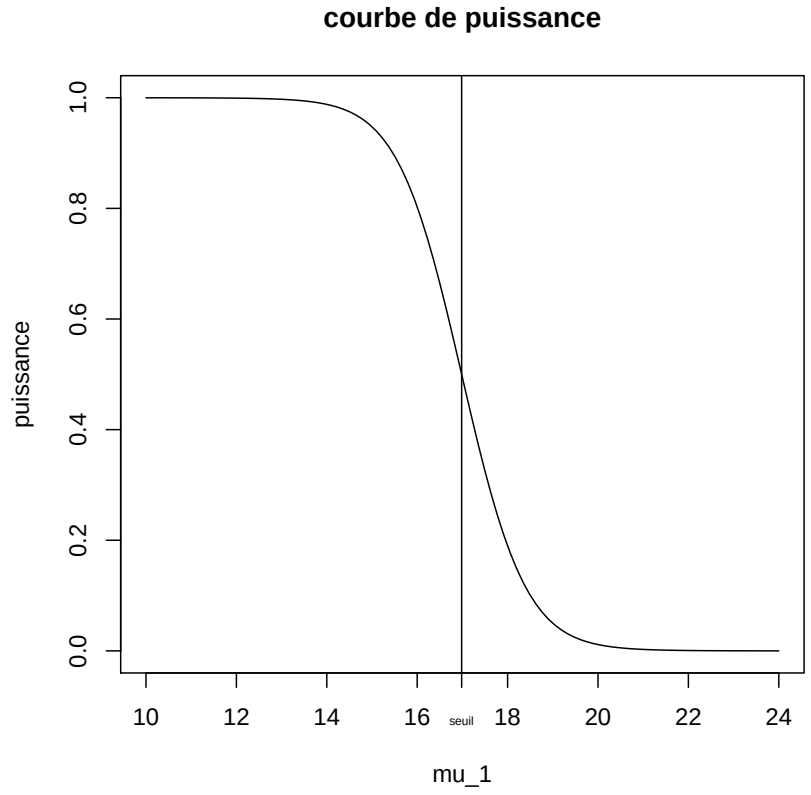
data:  x
t = -1.9091, df = 9, p-value = 0.04430
alternative hypothesis: true mean is less than 19
95 percent confidence interval:
```

```
     -Inf 18.91642
sample estimates:
mean of x
     16.9
```

Le test n'est pas très significatif...

5. La courbe de puissance est facile à produire et permet de trancher sur deux tests prenant des décision similaire (on gardera le plus puissant) :

```
> mu1 <- seq(from = 10, to = 24, length = 100)
> vec <- sqrt(n) * (seuil - mu1)/s.star
> pi <- pt(vec, df = n - 1)
> plot(mu1, pi, xlab = "mu_1", ylab = "puissance", type = "l",
+     main = "courbe de puissance", )
> abline(v = seuil)
> axis(1, at = seuil, labels = "seuil", cex.axis = 0.5)
```

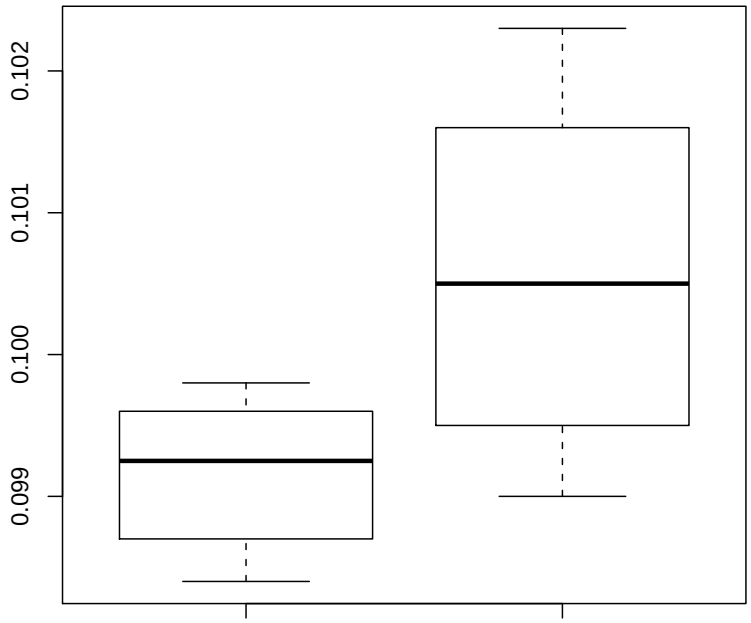


On a également situé le seuil à 5% pour avoir une idée de la puissance du test que nous avons construit : ça n'est pas un test très puissant, puisque l'on se situe autour de $\pi = 50\%$ pour le seuil adopté.

Exercice 3.4 (Pipettes).

1. Après la saisie des données, voyons la répartition par groupe. Il semblerait bien qu'il y air un effet groupe, mais est-il significatif vu le peu de données ?

```
> pip1 <- c(0.0987, 0.099, 0.0996, 0.0995, 0.0998, 0.0984)
> pip2 <- c(0.1016, 0.1008, 0.1002, 0.0995, 0.099, 0.1023)
> n1 <- length(pip1)
> n2 <- length(pip2)
> boxplot(pip1, pip2, main = "répartition des deux pipettes")
```



2. Avant de comparer les espérances, il faut toujours faire un test d'égalité des variances intra groupe puisque c'est l'hypothèse faite par l'analyse de la variance.

```
> F <- var(pip1)/var(pip2)
> alpha <- 0.05
> seuil.1 <- qf(alpha/2, df1 = n1 - 1, df2 = n2 - 1)
> seuil.2 <- qf(1 - alpha/2, df1 = n1 - 1, df2 = n2 - 1)
> p.valeur <- 2 * min(pf(F, df1 = n1 - 1, df2 = n2 - 1), pf(1/F,
+     df1 = n1 - 1, df2 = n2 - 1))
> cat("\nMon test de Fisher\n")
> cat("\nF =", F, "et p.value =", p.valeur)
> cat("\nRejet pour alpha =", alpha, "%: <", seuil.1, ">", seuil.2)

Mon test de Fisher
F = 0.1952462 p.value = 0.09733524 Rejet pour F< 0.1399310 > 7.146382
```

Comparaison avec les sorties de R :

```
> print(var.test(pip1, pip2))

        F test to compare two variances

data:  pip1 and pip2
F = 0.1952, num df = 5, denom df = 5, p-value = 0.09734
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.02732098 1.39530375
sample estimates:
ratio of variances
         0.1952462
```

On conserve donc l'hypothèse d'égalité des variances même si on est proche de la zone de rejet à 5%.

3. Construisons alors le test de Student pour comparer deux espérances (cf. en annexe les rappels de statistiques).

```
> mu.A <- mean(pip1)
> mu.B <- mean(pip2)
> s2 <- ((n1 - 1) * var(pip1) + (n2 - 1) * var(pip2))/(n1 + n2 -
+     2)
> T <- (mu.A - mu.B)/sqrt(s2 * (1/n1 + 1/n2))
> alpha <- 0.05
> seuil <- qt(1 - alpha/2, df = n1 + n2 - 2)
> p.valeur <- 1 - (pt(abs(T), df = n1 + n2 - 2) - pt(-abs(T), df = n1 +
+     n2 - 2))
> cat("Mon test de Student\nT =", T, "et p.value =", p.valeur)
> cat("\nRejet pour alpha =", alpha, "%: abs(T) >", seuil, "\n")

Mon test de Student
T = -2.502839 et p.value = 0.03129424

Rejet pour alpha = 0.05 %: > 2.228139
```

Le test de R aboutit aux mêmes résultats

```
> t.test(pip1, pip2, var.equal = TRUE)

        Two Sample t-test

data:  pip1 and pip2
t = -2.5028, df = 10, p-value = 0.03129
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.0026463423 -0.0001536577
sample estimates:
 mean of x  mean of y
0.09916667 0.10056667
```

4. On peut montrer qu'une analyse de la variance à un facteur entre deux populations est équivalent au test de Student fait ci-dessus.

```
> data <- c(pip1, pip2)
> group <- rep(c(1, 2), each = c(n1, n2))
> print(anova(lm(data ~ group)))

Analysis of Variance Table

Response: data
          Df     Sum Sq   Mean Sq F value  Pr(>F)
group      1 5.8800e-06 5.880e-06  6.2642 0.03129 *
Residuals 10 9.3867e-06 9.387e-07
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

Introduction au modèle linéaire sous R

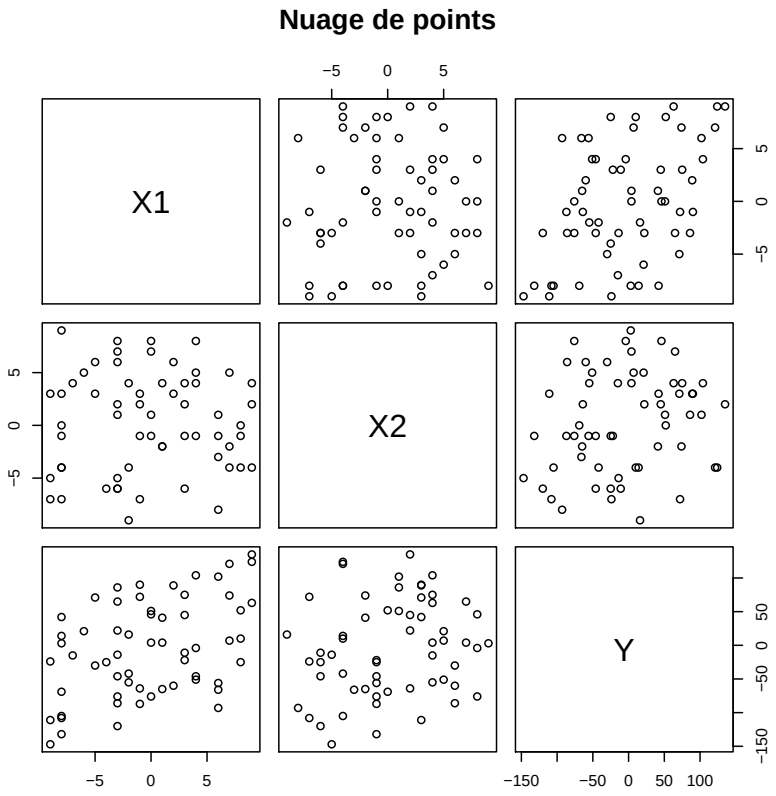
Exercice 4.1 (Performances).

1. Chargeons les données et la bibliothèque `lattice` :

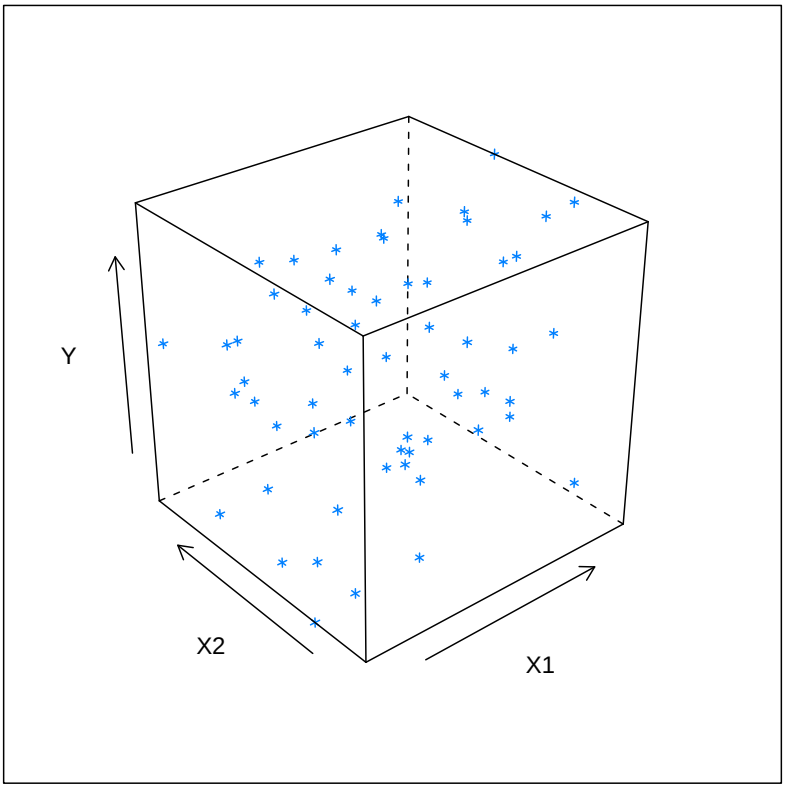
```
> library(lattice)
> load("perf.dat")
> Y <- data$Y
> X1 <- data$X1
> X2 <- data$X2
```

Et voici pour les graphes :

```
> pairs(data, main = "Nuage de points")
```



```
> cloud(Y ~ X1 + X2)
```



2. Nous créons quelques variables pour alléger les notations. Il s'agit ensuite de résoudre les équations aux paramètres :

```
> SX1Y <- sum(X1 * Y)
> SX2Y <- sum(X2 * Y)
> SX12 <- sum(X1^2)
> SX22 <- sum(X2^2)
> SX1X2 <- sum(X1 * X2)
> M <- matrix(c(SX12, SX1X2, SX1X2, SX22), 2, 2)
> b <- c(SX1Y, SX2Y)
> a <- solve(M, b)
> cat("\n les paramètres estimés sont :", a[1], a[2])

 les paramètres estimés sont : 5.715396 2.883023
```

Comparons avec R

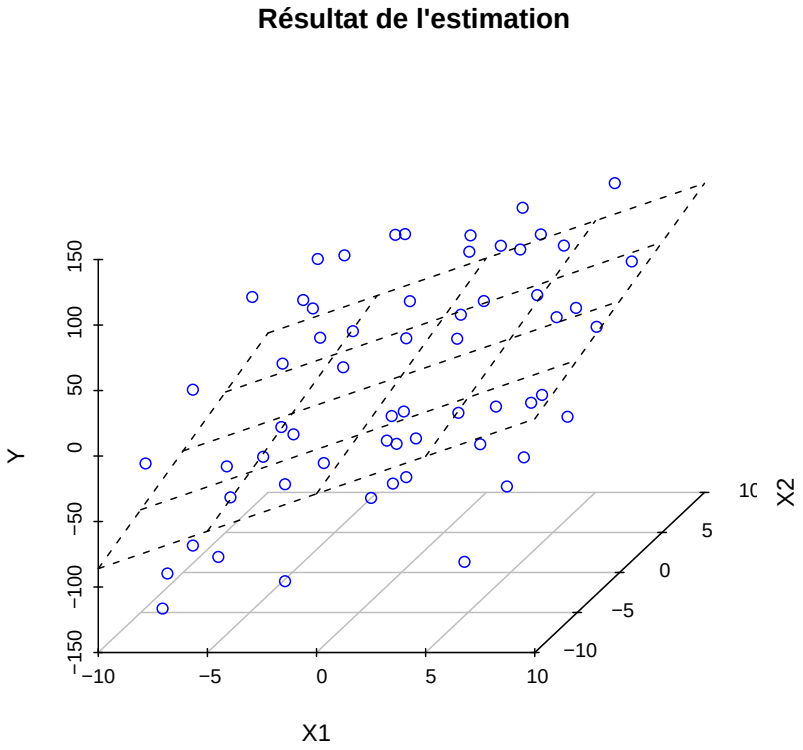
```
> print(lm(Y ~ X1 + X2 - 1))

Call:
lm(formula = Y ~ X1 + X2 - 1)

Coefficients:
   X1     X2
5.715  2.883
```

3. La bibliothèque `scatterplot3d` permet de comprendre visuellement la régression en dimension 3 : traçons le plan ajusté sur le nuage de points observé.

```
> library(scatterplot3d)
> s <- scatterplot3d(data, angle = 55, color = "blue", box = FALSE,
+     main = "Résultat de l'estimation")
> s$plane3d(c(0), x.coef = a[1], y.coef = a[2])
```



4. Calculons les résidus du modèle H_2 :

```
> Y.hat <- a[1] * X1 + a[2] * X2
> residus <- Y - Y.hat
```

Reste à construire le carré moyen des résidus pour les deux modèles :

```
> SCR.H2 <- sum(residus^2)
> SCR.H0 <- sum(Y^2)
> SCM.2 <- SCR.H0 - SCR.H2
> ddl.H2 <- 58
> ddl.H0 <- 60
> ddl.M2 <- 2
```

On peut alors calculer notre statistique de test et la p–valeur :

```
> R <- (SCM.2/ddl.M2)/(SCR.H2/ddl.H2)
> p.value <- 1 - pf(R, 2, 58)
> cat("\n Valeur de R:", R, "p-value:", p.value)
```

```
 Valeur de R: 8.713195 p-value: 0.0004911741
```

Le modèle H_2 est donc approprié par rapport au modèle H_0. On peut comparer avec R de la sorte :

```
> summary(lm(Y ~ X1 + X2 - 1))

Call:
lm(formula = Y ~ X1 + X2 - 1)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-104.23  -65.21  -11.20   47.74  100.26

Coefficients:
   Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
X1    5.715      1.500   3.809 0.000339 ***
X2    2.883      1.733   1.663 0.101670
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 63.07 on 58 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.231,        Adjusted R-squared: 0.2045
F-statistic: 8.713 on 2 and 58 DF,  p-value: 0.0004912
```

Cependant la variable X_2 ne semble pas très explicative, d'où l'étude proposée à la question suivante.

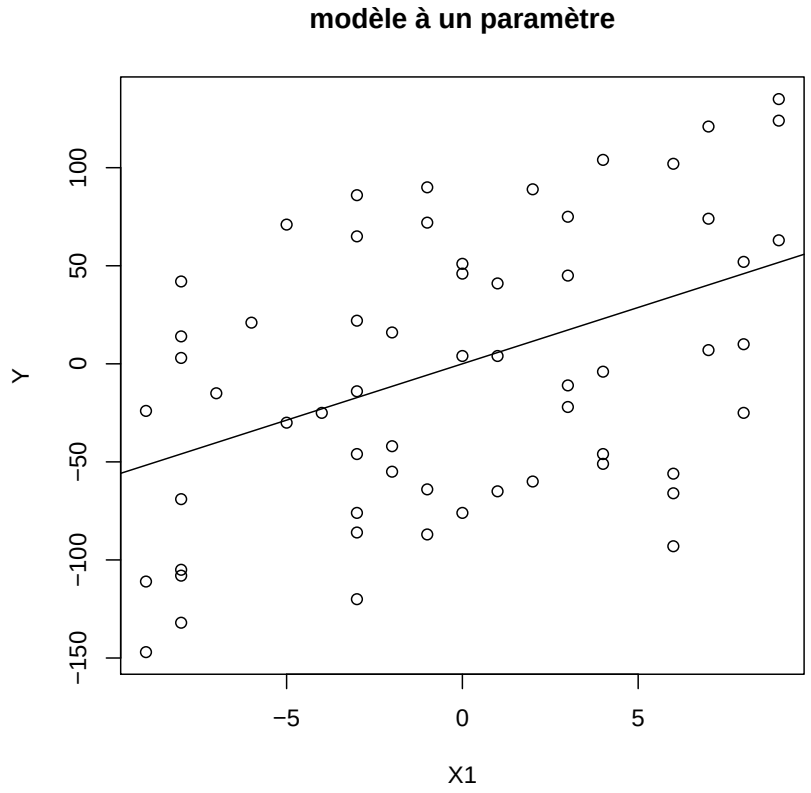
5. Voyons le modèle à un paramètre (la droite de régression passant par l'origine) :

```
> mu <- sum(X1 * Y)/sum(X1^2)
> Y.hat <- mu * X1
> residus.H1 <- Y - Y.hat
> SCR.H1 <- sum(residus.H1^2)
> ddl.H1 <- 59
> SCM.1 <- SCR.H0 - SCR.H1
> ddl.M1 <- ddl.H0 - ddl.H1
> R.H1 <- (SCM.1/ddl.M1)/(SCR.H1/ddl.H1)
> p.value <- 1 - pf(R.H1, 1, 59)
```

```
 Valeur de R: 14.23409 p-value: 0.0003764434
```

Graphiquement, cela donne :

```
> plot(Y ~ X1, main = "modèle à un paramètre")
> abline(a = 0, b = mu)
```



Ce modèle est également pertinent ! Résultats confirmés par R :

```
> summary(lm(Y ~ X1 - 1))

Call:
lm(formula = Y ~ X1 - 1)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-127.469  -59.983   -1.510   52.117  103.234

Coefficients:
   Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
X1    5.745      1.523   3.773 0.000376 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 64.01 on 59 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.1944,        Adjusted R-squared: 0.1807
F-statistic: 14.23 on 1 and 59 DF,  p-value: 0.0003764
```

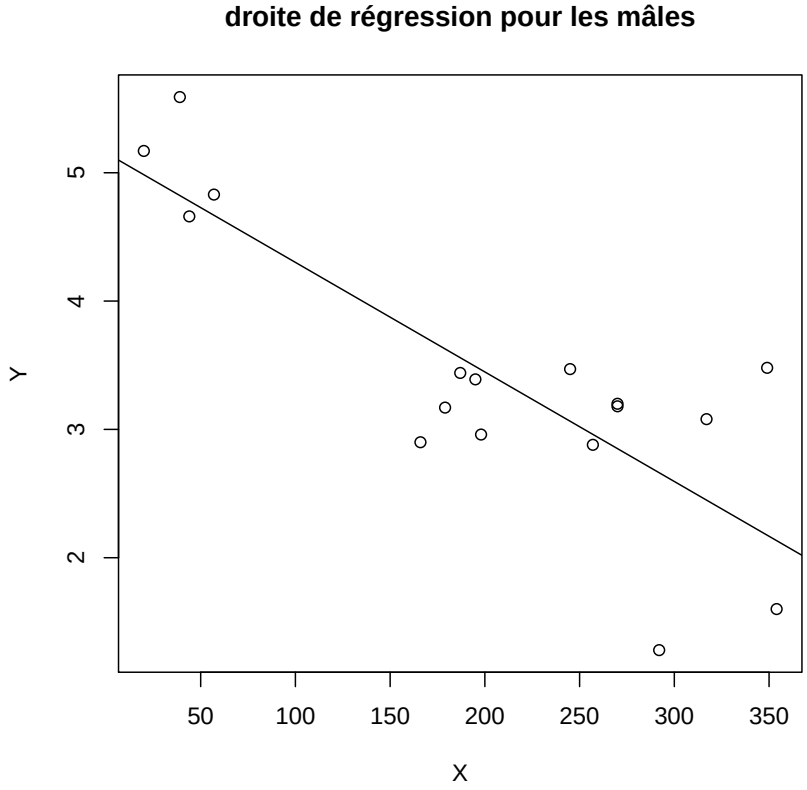
Exercice 4.2 (Sida du chat).

1. Chargeons les données

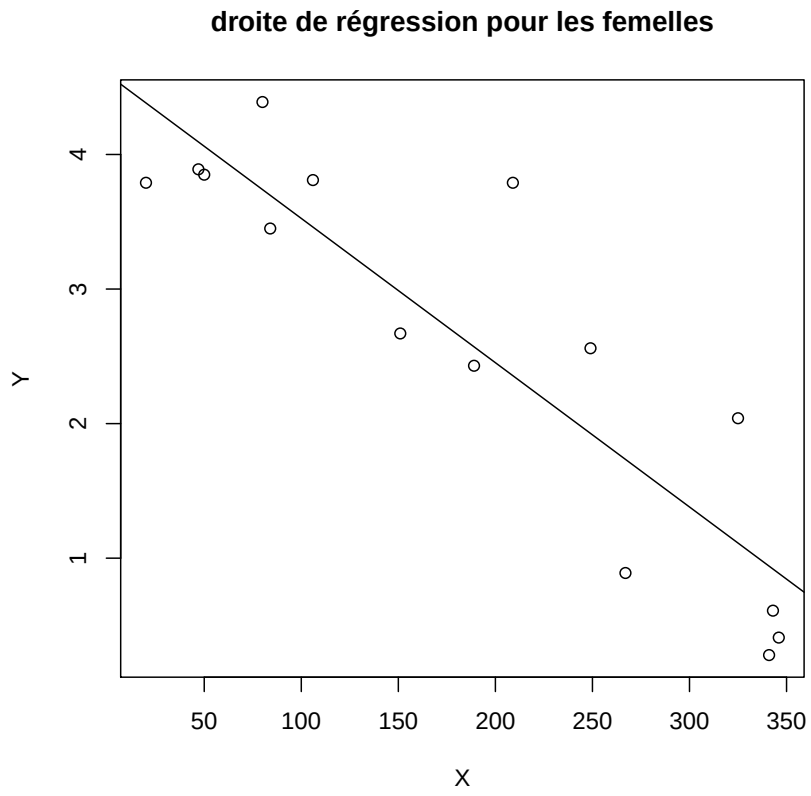
```
> rm(list = ls())
> load("chat.dat")
> attach(data)
```

On fait l'ajustement de la droite de régression pour les mâles, puis pour les femelles :

```
> attach(males)
> lm.chat.males <- lm(Y ~ X)
> M.males <- matrix(c(sum(X^2), sum(X), sum(X), length(X)), 2,
+     2)
> b.males <- c(sum(X * Y), sum(Y))
> a.males <- solve(M.males, b.males)
> plot(Y ~ X, main = "droite de régression pour les mâles")
> abline(a = a.males[2], b = a.males[1])
> Y.hat <- X * a.males[1] + a.males[2]
> r.males <- Y.hat - Y
> SCR.males <- sum(r.males^2)
> CM.males <- SCR.males/(length(X) - 2)
> detach(males)
```



```
> attach(femelles)
> lm.chat.femelles <- lm(Y ~ X)
> M.femelles <- matrix(c(sum(X^2), sum(X), sum(X), length(X)),
+     2, 2)
> b.femelles <- c(sum(X * Y), sum(Y))
> a.femelles <- solve(M.femelles, b.femelles)
> plot(Y ~ X, main = "droite de régression pour les femelles")
> abline(a = a.femelles[2], b = a.femelles[1])
> Y.hat <- X * a.femelles[1] + a.femelles[2]
> r.femelles <- Y.hat - Y
> SCR.femelles <- sum(r.femelles^2)
> CM.femelles <- SCR.femelles/(length(X) - 2)
> detach(femelles)
```



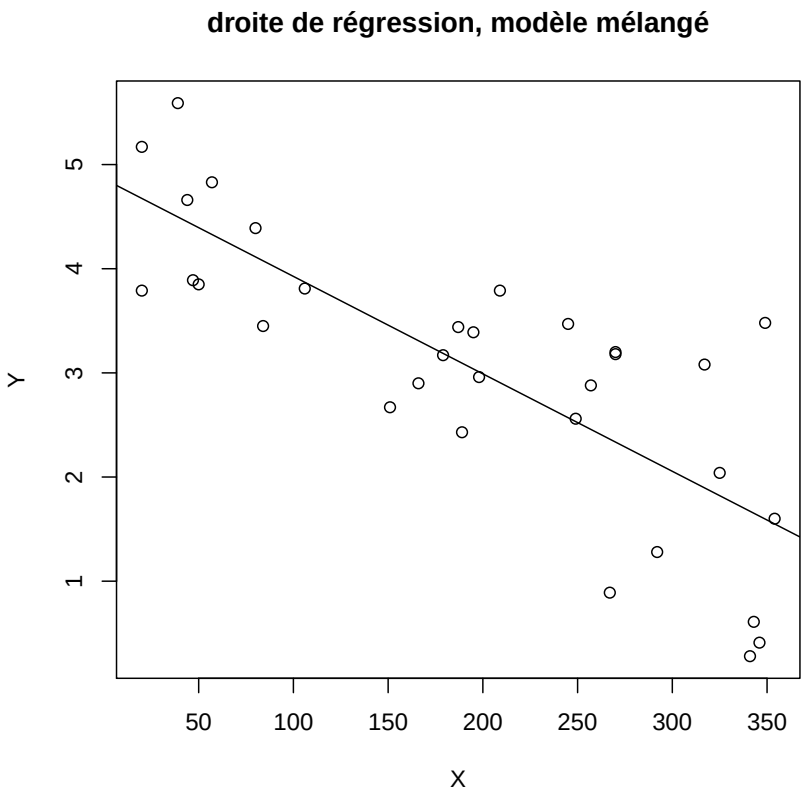
On peut considérer les variances comme égales :

```
> R.var <- CM.males/CM.femelles
> n1 <- length(males$Y)
> n2 <- length(femelles$Y)
> seuil.1 <- qf(0.95,n1-1,n2-1)
> seuil.2 <- qf(0.05,n1-1,n2-1)
> p.valeur <- 2*min(pf(R.var,df1=n1-1,df2=n2-1),
+                   pf(1/R.var,df1=n1-1,df2=n2-1))
```

```
R: 0.9547111 seuils: 2.444613 0.421351 p.valeur: 0.92057
```

2. Voyons maintenant le modèle mélangé, puisque les variances sont comparables :

```
> X <- c(males$X, femelles$X)
> Y <- c(males$Y, femelles$Y)
> lm.chat <- lm(Y ~ X)
> M <- matrix(c(sum(X^2), sum(X), sum(X), length(X)), 2, 2)
> b <- c(sum(X * Y), sum(Y))
> a <- solve(M, b)
> plot(Y ~ X, main = "droite de régression, modèle mélangé")
> abline(a = a[2], b = a[1])
> Y.hat <- X * a[1] + a[2]
> r <- Y.hat - Y
> SCR.H2 <- sum(r^2)
> CM.H2 <- SCR.H2/(length(X) - 2)
```



On teste H_2 contre H_4 :

```
> SCR.H4 <- SCR.males + SCR.femelles
> CM.H4 <- SCR.H4/(length(X) - 4)
> CMD <- (SCR.H2 - SCR.H4)/2
> R.H2vsH4 <- CMD/CM.H4
> p.value <- 1 - pf(R.H2vsH4, 2, 28)
> cat("R", R.H2vsH4, "p.valeur:", p.value)
```

```
R 9.11949 p.valeur: 0.0008914503
```

On rejette donc fortement H_2 pour H_4 : les droites de régression sont différentes de mâle à femelle.

3. Voyons comment se comporte le modèle H_4 face aux modèles où l'on découple le décalage à l'origine de la droite selon mâle/femelle d'une part, et la pente de la droite selon mâle femelle d'autre part. Il s'agit de construire et de résoudre le système linéaire qui régit l'équation aux paramètres. Voici pour le modèle H_a :

```
> Ma <- matrix(c(sum(X^2), sum(males$X), sum(femelles$X), sum(males$X),
+     length(males$X), 0, sum(femelles$X), 0, length(femelles$X)),
+     3, 3)
> ba <- c(sum(X * Y), sum(males$Y), sum(femelles$Y))
> aa <- solve(Ma, ba)
> Y.hat.males <- males$X * aa[1] + aa[2]
> Y.hat.femelles <- femelles$X * aa[1] + aa[3]
> SCR.Ha <- sum((Y.hat.males - males$Y)^2) + sum((Y.hat.femelles -
+     femelles$Y)^2)
> cat("\nSomme des carrées résiduels pour Ha:", SCR.Ha)
```

```
Somme des carrées résiduels pour Ha: 12.96104
```

On aurait pu obtenir directement ces coefficients avec R, travaillant sur la formule du modèle. Au préalable, on définit un `data.frame` adapté. Les résidus sont directement stocké dans l'objet de sortie et sont identiques à ceux calculés « à la main » :

```
> donnees <- data.frame(Y = c(males$Y, femelles$Y), X = c(males$X,
+     femelles$X), sexe = rep(c("males", "femelles"), c(n1, n2)))
> lm.a <- lm(Y ~ X + sexe - 1, data = donnees)
> cat("SCR de R pour Ha:", sum(lm.a$residuals^2))
```

```
SCR de R pour Ha: 12.96104
```

Pour la comparaison de modèles de H_a contre H_4, on trouve

```
> R.Ha <- (SCR.Ha - SCR.H4)/CM.H4
> pval.Ha <- 1 - pf(R.Ha, 1, length(X) - 4)
> cat("\nR.Ha:", R.Ha, "p.valeur:", pval.Ha)
```

```
R.Ha: 1.034172 p.valeur: 0.3178879
```

Cela se passe de manière similaire pour H_b

```
> Mb <- matrix(c(sum(males$X^2), 0, sum(males$X), 0, sum(femelles$X^2),
+     sum(femelles$X), sum(males$X), sum(femelles$X), length(X)),
+     3, 3)
> bb <- c(sum(males$X * males$Y), sum(femelles$X * femelles$Y),
+     sum(Y))
> ab <- solve(Mb, bb)
> Y.hat.males <- males$X * ab[1] + ab[3]
> Y.hat.femelles <- femelles$X * ab[2] + ab[3]
> SCR.Hb <- sum((Y.hat.males - males$Y)^2) + sum((Y.hat.femelles -
+     femelles$Y)^2)
```

```
> CM.Hb <- SCR.Hb/(length(X) - 3)
> R.Hb <- (SCR.Hb - SCR.H4)/CM.H4
> pval.Hb <- 1 - pf(R.Hb, 1, length(X) - 4)
> cat("\nSCR.Hb:", SCR.Hb, "R.Hb:", R.Hb, "p.valeur:", pval.Hb)

SCR.Hb: 13.09977 R.Hb: 1.344943 p.valeur: 0.2559582
```

La formule à utiliser avec la fonction `lm` de `R` est

```
> lm.b <- lm(Y ~ X:sexe + 1, data = donnees)
> cat("SCR de R pour Hb:", sum(lm.b$residuals^2))

SCR de R pour Hb: 13.09977
```

Bien que l'on ait rejeté l'hypothèse d'une droite de régression commune (H_4 au profit de H_2), le fait de partager l'un ou l'autre des paramètres de la droite de régression (H_a ou H_b) aboutit à un meilleur modèle que deux droites complètement différentes.

Analyse de la variance sous R

Exercice 5.1 (Asthme).

1. Visualisation des données
   (a) Commençons par charger les données :

```
> asthme <- read.table("asthme.dat", header = TRUE)
> attach(asthme, warn.conflicts = FALSE)
```

   (b) Un simple résumé statistique nous indique qu'il existe un effet groupe :

```
> summary(asthme)
```

```
     delai       groupe
 Min.   :26.00   A:11
 1st Qu.:37.00   B:17
 Median :45.00   C:15
 Mean   :45.60
 3rd Qu.:56.00
 Max.   :75.00
```

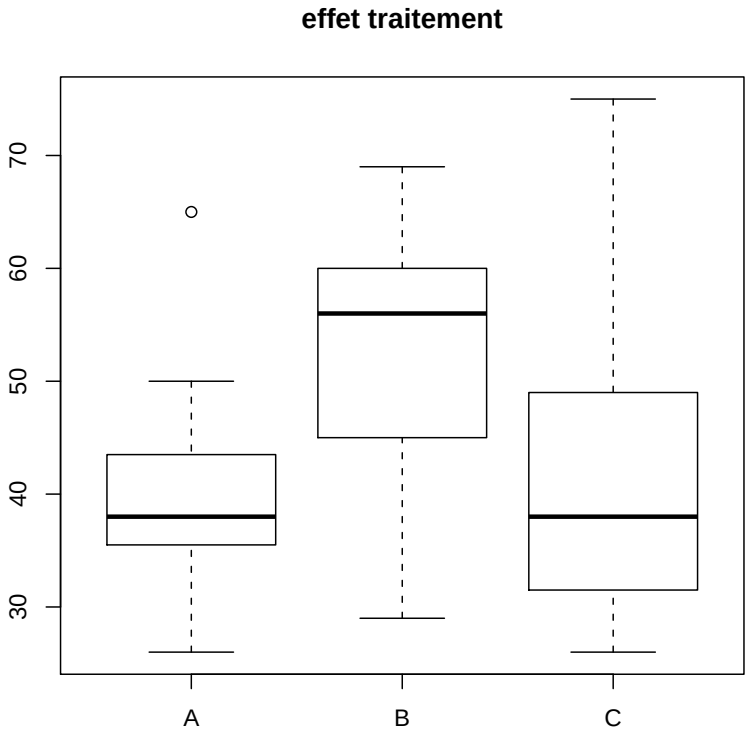
```
> tapply(delai, groupe, summary)
```

```
$A
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  26.00   35.50   38.00   40.27   43.50   65.00

$B
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  29.00   45.00   56.00   52.71   60.00   69.00

$C
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  26.00   31.50   38.00   41.47   49.00   75.00
```

```
> boxplot(delai ~ groupe, main = "effet traitement")
```



2. Analyse de la variance
   (a) Voici ma fonction `sommes.carres` :

```
> somme.carres <- function(donnees,groupe) {
+
+   ## Somme des carrés totale
+   n <- length(donnees)
+   SX  <- sum(donnees)
+   SX2 <- sum(donnees^2)
+   SCT <- SX2-SX^2/n
+
+   ## Somme des carrés résiduels
+   nq   <- tapply(donnees,groupe,length)
+   SXq  <- tapply(donnees,groupe,sum)
+   SX2q <- tapply(donnees^2,groupe,sum)
+   SCRq <- SX2q - SXq^2 / nq
+   SCR  <- sum(SCRq)
+
+   ## Somme des carrés des facteurs
+   SCF <- SCT-SCR
+
+   ## degrés de liberté
+   Q <- length(nq)
+   ddl.F <- Q-1
```

```
+   ddl.R <- n-Q
+   ddl.T <- n-1
+
+   return(list(SCF=SCF,SCR=SCR,SCT=SCT,
+               ddl.F=ddl.F,ddl.R=ddl.R,ddl.T=ddl.T))
+ }
```

(b)
```
> SC <- somme.carres(delai, groupe)
> CMR <- SC$SCR/SC$ddl.R
> CMF <- SC$SCF/SC$ddl.F
> R <- CMF/CMR
> p.value <- 1 - pf(R, df1 = SC$ddl.F, df2 = SC$ddl.R)
> alpha <- 0.05
> seuil <- qf(1 - alpha, df1 = SC$ddl.F, df2 = SC$ddl.R)
> cat("\nMon analyse de la variance\n R =", R)
> cat("\np.value =", p.value, "\nseuil à", alpha, "%:", seuil)

Mon analyse de la variance
 R = 5.467381

p.value = 0.007960023
seuil à 0.05 %: 3.231727
```

(c) Vérifions que R sort les mêmes résultats :

```
> print(anova(lm(delai ~ groupe)))

Analysis of Variance Table

Response: delai
          Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
groupe     2 1426.8  713.42  5.4674 0.00796 **
Residuals 40 5219.4  130.49
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

3. Étude de contrastes

Nous aurons besoin des variables suivantes dans ce qui suit :

```
> X. <- tapply(delai, groupe, mean)
> nq <- tapply(delai, groupe, length)
> Q <- length(nq)
> n <- sum(nq)
```

(a) Testons d'abord $\mu_A = \mu_C$

```
> T <- (X.[[3]] - X.[[1]])/sqrt(CMR * (1/nq[1] + 1/nq[3]))
> alpha <- 0.05
> seuil <- qt(1 - alpha/2, df = n - Q)
> p.value <- 1 - pt(abs(T), df = n - Q) + pt(-abs(T), df = n -
+     Q)
> cat("\nTest muA != muC\nT =", T, "\np.value =", p.value)
> cat("\nseuil à", alpha, "%:", seuil, "\n\n\n")
```

```
Test muA != muC
T = 0.2633028
p.value = 0.7936689

seuil à 0.05 %: 2.021075
```

Visiblement, μ_A et μ_C ne sont pas significativement différents. Voyons maintenant ce qu'il en est de μ_A et μ_B.

```
> T <- (X.[[2]] - X.[[1]])/sqrt(CMR * (1/nq[1] + 1/nq[2]))
> alpha <- 0.05
> seuil <- qt(1 - alpha/2, df = n - Q)
> p.value <- 1 - pt(abs(T), df = n - Q) + pt(-abs(T), df = n -
+     Q)
> cat("\nTest muA != muB \nT =", T, "\np.value =", p.value)
> cat("\nseuil à", alpha, "%:", seuil)

Test muA != muB
T = 2.812814
p.value = 0.007575904

seuil à 0.05 %: 2.021075
```

Cette fois, la différence entre A et B est significative : le nouveau traitement semble fonctionner.

(b) Voyons les intervalles de confiance sur le contrastes C_{AB}.

D'abord bilatère

```
> alpha  <- 0.05
> IC.inf <- X.[[2]] - X.[[1]] -
+   qt(1-alpha/2,df=n-Q) * sqrt(CMR*(1/nq[1]+1/nq[2]))
> IC.sup <- X.[[2]] - X.[[1]] +
+   qt(1-alpha/2,df=n-Q) * sqrt(CMR*(1/nq[1]+1/nq[2]))
> cat("\nIntervalle de confiance bilatère à =",1-alpha,"%")
> cat("[",IC.inf,";",IC.sup,"]\n")

Intervalle de confiance unilatère à = 0.95 %

[ 3.49963 ; 21.36668 [
```

puis unilatère :

```
> alpha  <- 0.05
> IC.inf <- X.[[2]] - X.[[1]] -
+   qt(1-alpha,df=n-Q) * sqrt(CMR*(1/nq[1]+1/nq[2]))
> IC.sup <- Inf
> cat("\nIntervalle de confiance unilatère à =",1-alpha,"%")
> cat("[",IC.inf,";",IC.sup,"[\n")

Intervalle de confiance unilatère à = 0.95 %

[ 4.990224 ; Inf [
```

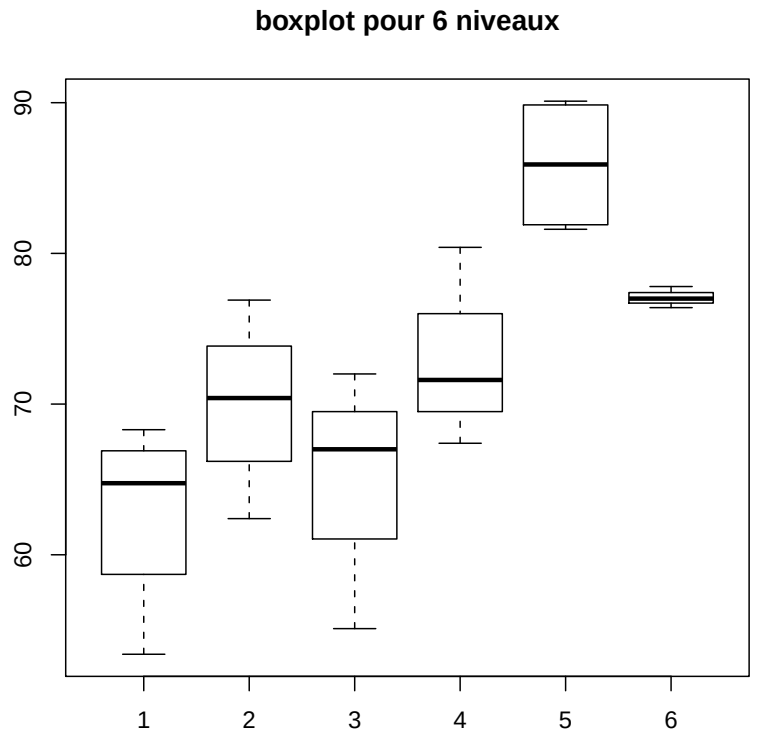
Exercice 5.2 (Rendement de blé).

1. (a) Nous créons un vecteur de données accompagné du vecteur décrivant les groupes associés à chaque rendement :

```
> donnees <- c(53.4, 64, 68.3, 65.5, 76.9, 62.4, 70.8, 70, 55.1,
+     72, 67, 71.6, 80.4, 67.4, 90.1, 89.6, 81.6, 82.2, 76.4, 77,
+     77.8)
> groupes <- as.factor(rep(c("1", "2", "3", "4", "5", "6"), c(4,
+     4, 3, 3, 4, 3)))
```

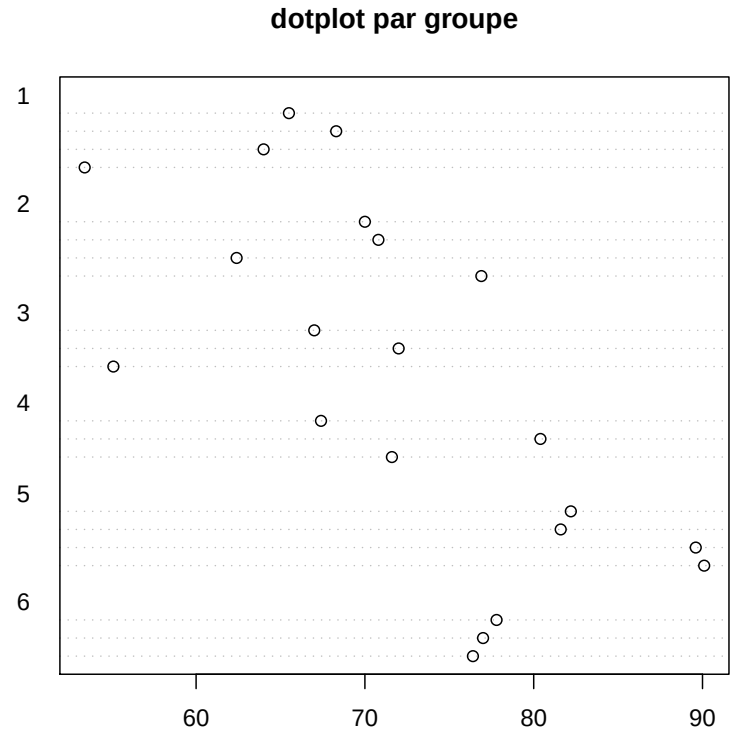
   (b) Voici les boîtes à moustaches : visiblement, les facteurs ont de l'importance, mais ne devrait-on pas les regrouper ?

```
> boxplot(donnees ~ groupes, main = "boxplot pour 6 niveaux")
```



   De même pour les nuages de points par groupe :

```
> dotchart(donnees, group = groupes, main = "dotplot par groupe")
```



(c) Allons-y pour le calcul « à la main » des statistiques :

```
> SCT <- sum((donnees - mean(donnees))^2)
> SCR <- sum((donnees - rep(tapply(donnees, groupes, mean), c(4,
+     4, 3, 3, 4, 3)))^2)
> SCE <- SCT - SCR
> df1 <- nlevels(groupes) - 1
> df2 <- length(donnees) - nlevels(groupes)
> R <- (SCE/df1)/(SCR/df2)
> seuil.1 <- qf(0.01, df1, df2, lower.tail = FALSE)
> seuil.5 <- qf(0.05, df1, df2, lower.tail = FALSE)
> p.value <- pf(R, df1, df2, lower.tail = FALSE)
> cat("\nmon Anova\n R:", R, "p-valeur:", p.value)

mon Anova
 R: 7.616075 p-valeur: 0.00096833
```

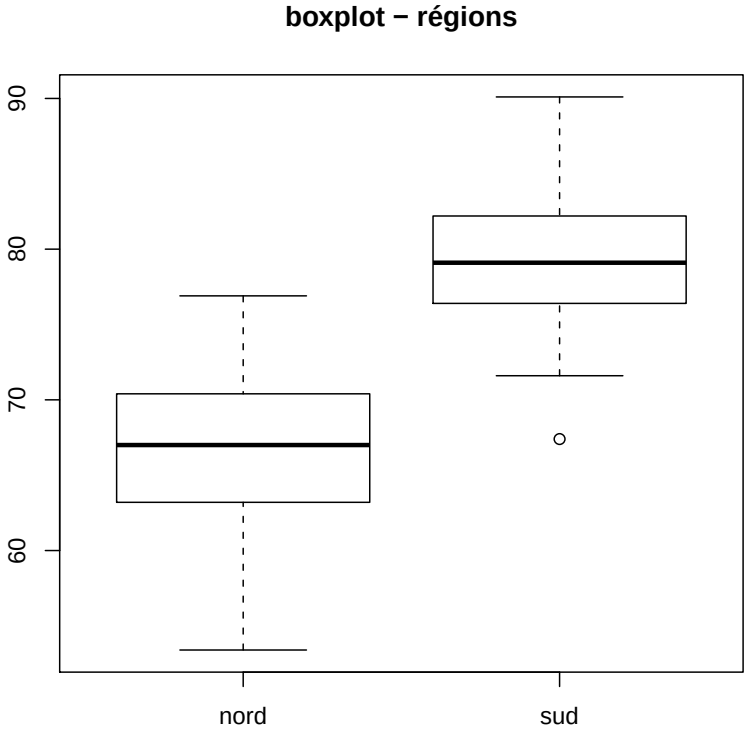
L'effet des facteurs est très significatif ! Comparons avec R :

```
> print(summary(aov(donnees ~ groupes)))

            Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
groupes      5 1362.28 272.457  7.6161 0.0009683 ***
Residuals   15  536.61  35.774
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

2. On choisit de diminuer le nombre de niveaux en regroupant les régions, afin de voir si ce modèle, plus simple puisqu'ayant moins de paramètres, reste explicatif :

```
> regions <- as.factor(rep(c("nord", "sud"), c(11, 10)))
> boxplot(donnees ~ regions, main = "boxplot - régions")
> dotchart(donnees, group = regions, main = "dotplot - régions ")
```



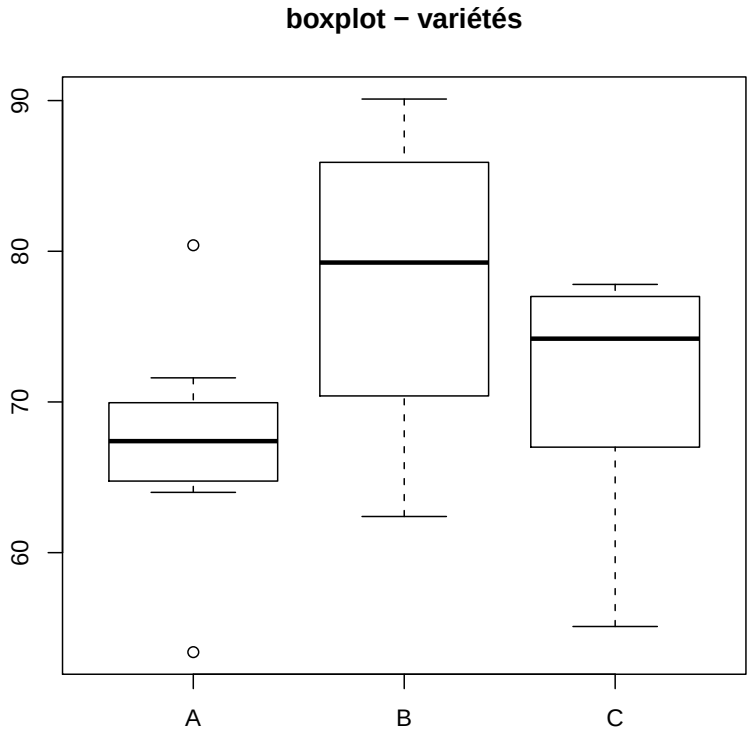

```
> print(summary(aov(donnees ~ regions)))

            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
regions      1 949.64  949.64  19.008 0.0003372 ***
Residuals   19 949.26   49.96
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

L'effet «régions» est extrêmement significatif !

3. Dans cette question, ce sont les variétés que l'on regroupe :

```
> varietes <- as.factor(rep(c("A", "B", "C", "A", "B", "C"), c(4,
+     4, 3, 3, 4, 3)))
> boxplot(donnees ~ varietes, main = "boxplot - variétés")
> dotchart(donnees, group = varietes, main = "dot plot - variétés")
```



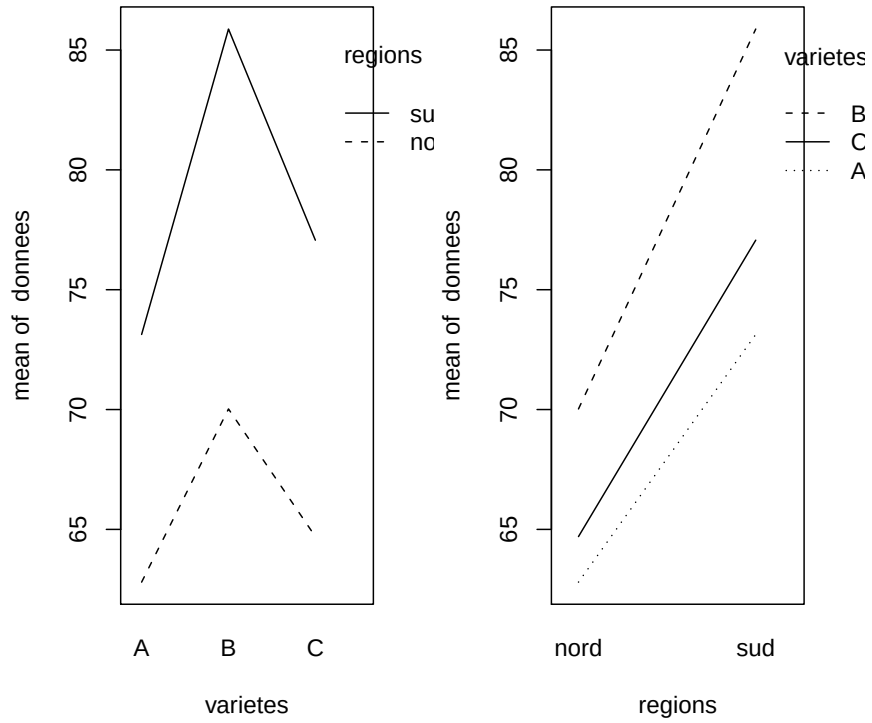

```
> print(summary(aov(donnees ~ varietes)))

            Df  Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
varietes     2  447.39 223.694   2.774 0.0891 .
Residuals   18 1451.50  80.639
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

On ne peut raisonnablement pas conclure à un effet des variétés... mais dans nos analyses de la variance à un facteur, on néglige systématiquement un facteur pour étudier l'autre. Une anova 2 est plus adaptée.

4. Pour l'anova 2, voyons tout d'abord s'il y a interaction entre les facteurs :

```
> par(mfrow = c(1, 2))
> interaction.plot(varietes, regions, donnees)
> interaction.plot(regions, varietes, donnees)
```



Apparemment non, on peut donc négliger les interactions en proposant un modèle simplement additif :

```
> print(summary(aov(donnees ~ varietes + regions)))

            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
varietes     2 447.39  223.69   6.723   0.00706 **
regions      1 885.86  885.86  26.624 7.853e-05 ***
Residuals   17 565.64   33.27
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

Il apparaît que l'effet « variétés » est significatif, mais qu'il était masqué par l'effet « région » lors de l'anova 1.

Classification et algorithme des centres mobiles

```
> library(MASS)
> data(crabs)
> crabsquant<-crabs[,4:8]
> crabsquant2<-(crabsquant/crabsquant[,3])[,-3]
>  j=0
> for(i in c(1,2,4,5))
+   {
+    j=j+1
+    names(crabsquant2)[j]<-c(paste(names(crabsquant)[i],"/",names(crabsquant[3])))
+   }
> bic<-function(reskmeans)
+   {
+       n<-length(reskmeans$cluster)
+       k<-dim(reskmeans$centers)[1]
+       p<-dim(reskmeans$centers)[2]
+       traceS<-reskmeans$tot.withinss / n
+
+       logLc=-0.5*(n*p + n*p*log(traceS/p))-n*log(k)+(n*p/2) *log(2*pi)
+
+       nu<- k*p+1
+
+       bic<- -2 *logLc + 2*nu*log(n)
+   }
> crabsquant2->X
> Q<-10
> ListofRowCluster<-list(NULL)
> BICs<-rep(0,Q)
> S<-var(X)
> n<-nrow(X)
> p<-ncol(X)
> BICs<-rep(0,Q)
> BICs[1]<-  -2   * (-0.5*(n*p + n*p*log(sum(diag(S))/p))-n*log(1)+(n*p/2) *log(2*pi)) +
> WSSkcluster<-rep(0,Q)
> WSSkcluster[1]<-kmeans(X,1)$totss
> for (k in 2:Q){
+     reskmeans <- kmeans(X,k,nstart = 30)
+     WSSkcluster[k] <- reskmeans$tot.withinss
+     ListofRowCluster[[k]]<-reskmeans$cluster
```

```
+     print(BICs[k]<-bic(reskmeans))
+       }

[1] -6505.767
[1] -6617.038
[1] -6819.714
[1] -6783.077
[1] -6761.945
[1] -6731.325
[1] -6694.411
[1] -6657.044
[1] -6624.795

> plot(BICs,xlab="nombre de classes",ylab="BIC",lty=1,type="b")
> abline(v=13,col=2)
> indexofMin1<-which.min(BICs)
```

Troisième partie

Documents

Bibliographie

C. Ambroise G.F. McLachlan, K.-A. Do. *Analyzing Microarray Gene Expression Data*. Wiley, 2004.

E. Paradis. *R pour les débutant*, 2009.

B. Prum. *Modèle linéaire : comparaison de groupes et régression*. Les Éditions INSERM, 1996.

R Development Core Team. *R data Import/Export*, v2.10.1 édition, 1999–2009a.

R Development Core Team. *R Installaiton and Administration*, v2.10.1 édition, 1999–2009b.

R Development Core Team. *R language definition*, v2.10.1 édition, 1999–2009c.

R Development Core Team. *Writing R extension*, v2.10.1 édition, 1999–2009d.

W.N. Venables, D.M. Smith, et the R Development Core Team. *An introduction to R*, v2.10.1 édition, 1999–2009.

J. Verzani. *`simpleR` Using R for Introductory Statistics*, 2009.

B.D. ripley W.N. Venables. *Modern Applied Statistics with S*. Springer, 2002.

Annexe A

Tables statistiques

A.1 Fractiles de la loi du Khi-deux

La table donne les fractiles d'ordre α de la loi du Khi-deux à k degrés de liberté, c'est-à-dire les valeurs de u telles que $\mathbb{P}(\chi^2(k) \geq u) = \alpha$.

$k \backslash \alpha$	**0.1**	**0.05**	**0.01**	**0.001**
1	2.706	3.841	6.635	10.828
2	4.605	5.991	9.210	13.816
3	6.251	7.815	11.345	16.266
4	7.779	9.488	13.277	18.467
5	9.236	11.070	15.086	20.515
6	10.645	12.592	16.812	22.458
7	12.017	14.067	18.475	24.322
8	13.362	15.507	20.090	26.124
9	14.684	16.919	21.666	27.877
10	15.987	18.307	23.209	29.588
11	17.275	19.675	24.725	31.264
12	18.549	21.026	26.217	32.909
13	19.812	22.362	27.688	34.528
14	21.064	23.685	29.141	36.123
15	22.307	24.996	30.578	37.697
16	23.542	26.296	32.000	39.252
17	24.769	27.587	33.409	40.790
18	25.989	28.869	34.805	42.312
19	27.204	30.144	36.191	43.820
20	28.412	31.410	37.566	45.315
21	29.615	32.671	38.932	46.797
22	30.813	33.924	40.289	46.268
23	32.007	35.172	41.638	49.728
24	33.196	36.415	42.980	51.179
25	34.382	37.652	44.314	52.620
30	40.26	43.77	50.89	59.70
35	46.06	49.80	57.34	66.62
40	51.81	55.76	63.69	73.40
45	57.51	61.66	69.96	80.08
50	63.17	67.50	76.15	86.66
60	74.40	79.08	88.38	99.61
70	85.53	90.53	100.43	112.32
80	96.58	101.88	112.33	124.84
90	107.57	113.15	124.12	137.21
100	118.50	124.34	135.81	149.45

A.2 Fonction de répartition la loi de Gauss centrée-réduite

La table donne les valeurs de $\Phi(x) = \mathbb{P}(\mathcal{N}(0,1) \leq x)$ où $x = x_1 + x_2$ avec x positif. Pour les valeurs négatives de x, on utilisera la relation $\Phi(x) = 1 - \Phi(-x)$.

$x_1 \backslash x_2$	0.00	0.01	0.02	0.03	0.04	0.05	0.06	0.07	0.08	0.09
0.00	0.5000	0.5040	0.5080	0.5120	0.5160	0.5199	0.5239	0.5279	0.5319	0.5359
0.10	0.5398	0.5438	0.5478	0.5517	0.5557	0.5596	0.5636	0.5675	0.5714	0.5753
0.20	0.5793	0.5832	0.5871	0.5910	0.5948	0.5987	0.6026	0.6064	0.6103	0.6141
0.30	0.6179	0.6217	0.6255	0.6293	0.6331	0.6368	0.6406	0.6443	0.6480	0.6517
0.40	0.6554	0.6591	0.6628	0.6664	0.6700	0.6736	0.6772	0.6808	0.6844	0.6879
0.50	0.6915	0.6950	0.6985	0.7019	0.7054	0.7088	0.7123	0.7157	0.7190	0.7224
0.60	0.7257	0.7291	0.7324	0.7357	0.7389	0.7422	0.7454	0.7486	0.7517	0.7549
0.70	0.7580	0.7611	0.7642	0.7673	0.7704	0.7734	0.7764	0.7794	0.7823	0.7852
0.80	0.7881	0.7910	0.7939	0.7967	0.7995	0.8023	0.8051	0.8078	0.8106	0.8133
0.90	0.8159	0.8186	0.8212	0.8238	0.8264	0.8289	0.8315	0.8340	0.8365	0.8389
1.00	0.8413	0.8438	0.8461	0.8485	0.8508	0.8531	0.8554	0.8577	0.8599	0.8621
1.10	0.8643	0.8665	0.8686	0.8708	0.8729	0.8749	0.8770	0.8790	0.8810	0.8830
1.20	0.8849	0.8869	0.8888	0.8907	0.8925	0.8944	0.8962	0.8980	0.8997	0.9015
1.30	0.9032	0.9049	0.9066	0.9082	0.9099	0.9115	0.9131	0.9147	0.9162	0.9177
1.40	0.9192	0.9207	0.9222	0.9236	0.9251	0.9265	0.9279	0.9292	0.9306	0.9319
1.50	0.9332	0.9345	0.9357	0.9370	0.9382	0.9394	0.9406	0.9418	0.9429	0.9441
1.60	0.9452	0.9463	0.9474	0.9484	0.9495	0.9505	0.9515	0.9525	0.9535	0.9545
1.70	0.9554	0.9564	0.9573	0.9582	0.9591	0.9599	0.9608	0.9616	0.9625	0.9633
1.80	0.9641	0.9649	0.9656	0.9664	0.9671	0.9678	0.9686	0.9693	0.9699	0.9706
1.90	0.9713	0.9719	0.9726	0.9732	0.9738	0.9744	0.9750	0.9756	0.9761	0.9767
2.00	0.9772	0.9778	0.9783	0.9788	0.9793	0.9798	0.9803	0.9808	0.9812	0.9817
2.10	0.9821	0.9826	0.9830	0.9834	0.9838	0.9842	0.9846	0.9850	0.9854	0.9857
2.20	0.9861	0.9864	0.9868	0.9871	0.9875	0.9878	0.9881	0.9884	0.9887	0.9890
2.30	0.9893	0.9896	0.9898	0.9901	0.9904	0.9906	0.9909	0.9911	0.9913	0.9916
2.40	0.9918	0.9920	0.9922	0.9925	0.9927	0.9929	0.9931	0.9932	0.9934	0.9936
2.50	0.9938	0.9940	0.9941	0.9943	0.9945	0.9946	0.9948	0.9949	0.9951	0.9952
2.60	0.9953	0.9955	0.9956	0.9957	0.9959	0.9960	0.9961	0.9962	0.9963	0.9964
2.70	0.9965	0.9966	0.9967	0.9968	0.9969	0.9970	0.9971	0.9972	0.9973	0.9974
2.80	0.9974	0.9975	0.9976	0.9977	0.9977	0.9978	0.9979	0.9979	0.9980	0.9981
2.90	0.9981	0.9982	0.9982	0.9983	0.9984	0.9984	0.9985	0.9985	0.9986	0.9986
3.00	0.9987	0.9987	0.9987	0.9988	0.9988	0.9989	0.9989	0.9989	0.9990	0.9990
3.10	0.9990	0.9991	0.9991	0.9991	0.9992	0.9992	0.9992	0.9992	0.9993	0.9993
3.20	0.9993	0.9993	0.9994	0.9994	0.9994	0.9994	0.9994	0.9995	0.9995	0.9995
3.30	0.9995	0.9995	0.9995	0.9996	0.9996	0.9996	0.9996	0.9996	0.9996	0.9997
3.40	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9997	0.9998
3.50	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998	0.9998
3.60	0.9998	0.9998	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999
3.70	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999
3.80	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999	0.9999
3.90	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

A.3 Fractiles de la loi de Gauss centrée-réduite

La table donne les valeurs de $u_\alpha = \Phi^{-1}(\alpha)$ où $\alpha = \alpha_1 + \alpha_2$. Pour les valeurs de $\alpha < 0.5$, on utilisera la relation $u_\alpha = -u_{1-\alpha}$.

$\alpha_1 \backslash \alpha_2$	0.000	0.001	0.002	0.003	0.004	0.005	0.006	0.007	0.008	0.009
0.500	0.0000	0.0025	0.0050	0.0075	0.0100	0.0125	0.0150	0.0175	0.0201	0.0226
0.510	0.0251	0.0276	0.0301	0.0326	0.0351	0.0376	0.0401	0.0426	0.0451	0.0476
0.520	0.0502	0.0527	0.0552	0.0577	0.0602	0.0627	0.0652	0.0677	0.0702	0.0728
0.530	0.0753	0.0778	0.0803	0.0828	0.0853	0.0878	0.0904	0.0929	0.0954	0.0979
0.540	0.1004	0.1030	0.1055	0.1080	0.1105	0.1130	0.1156	0.1181	0.1206	0.1231
0.550	0.1257	0.1282	0.1307	0.1332	0.1358	0.1383	0.1408	0.1434	0.1459	0.1484
0.560	0.1510	0.1535	0.1560	0.1586	0.1611	0.1637	0.1662	0.1687	0.1713	0.1738
0.570	0.1764	0.1789	0.1815	0.1840	0.1866	0.1891	0.1917	0.1942	0.1968	0.1993
0.580	0.2019	0.2045	0.2070	0.2096	0.2121	0.2147	0.2173	0.2198	0.2224	0.2250
0.590	0.2275	0.2301	0.2327	0.2353	0.2378	0.2404	0.2430	0.2456	0.2482	0.2508
0.600	0.2533	0.2559	0.2585	0.2611	0.2637	0.2663	0.2689	0.2715	0.2741	0.2767
0.610	0.2793	0.2819	0.2845	0.2871	0.2898	0.2924	0.2950	0.2976	0.3002	0.3029
0.620	0.3055	0.3081	0.3107	0.3134	0.3160	0.3186	0.3213	0.3239	0.3266	0.3292
0.630	0.3319	0.3345	0.3372	0.3398	0.3425	0.3451	0.3478	0.3505	0.3531	0.3558
0.640	0.3585	0.3611	0.3638	0.3665	0.3692	0.3719	0.3745	0.3772	0.3799	0.3826
0.650	0.3853	0.3880	0.3907	0.3934	0.3961	0.3989	0.4016	0.4043	0.4070	0.4097
0.660	0.4125	0.4152	0.4179	0.4207	0.4234	0.4261	0.4289	0.4316	0.4344	0.4372
0.670	0.4399	0.4427	0.4454	0.4482	0.4510	0.4538	0.4565	0.4593	0.4621	0.4649
0.680	0.4677	0.4705	0.4733	0.4761	0.4789	0.4817	0.4845	0.4874	0.4902	0.4930
0.690	0.4959	0.4987	0.5015	0.5044	0.5072	0.5101	0.5129	0.5158	0.5187	0.5215
0.700	0.5244	0.5273	0.5302	0.5330	0.5359	0.5388	0.5417	0.5446	0.5476	0.5505
0.710	0.5534	0.5563	0.5592	0.5622	0.5651	0.5681	0.5710	0.5740	0.5769	0.5799
0.720	0.5828	0.5858	0.5888	0.5918	0.5948	0.5978	0.6008	0.6038	0.6068	0.6098
0.730	0.6128	0.6158	0.6189	0.6219	0.6250	0.6280	0.6311	0.6341	0.6372	0.6403
0.740	0.6433	0.6464	0.6495	0.6526	0.6557	0.6588	0.6620	0.6651	0.6682	0.6713
0.750	0.6745	0.6776	0.6808	0.6840	0.6871	0.6903	0.6935	0.6967	0.6999	0.7031
0.760	0.7063	0.7095	0.7128	0.7160	0.7192	0.7225	0.7257	0.7290	0.7323	0.7356
0.770	0.7388	0.7421	0.7454	0.7488	0.7521	0.7554	0.7588	0.7621	0.7655	0.7688
0.780	0.7722	0.7756	0.7790	0.7824	0.7858	0.7892	0.7926	0.7961	0.7995	0.8030
0.790	0.8064	0.8099	0.8134	0.8169	0.8204	0.8239	0.8274	0.8310	0.8345	0.8381
0.800	0.8416	0.8452	0.8488	0.8524	0.8560	0.8596	0.8633	0.8669	0.8705	0.8742
0.810	0.8779	0.8816	0.8853	0.8890	0.8927	0.8965	0.9002	0.9040	0.9078	0.9116
0.820	0.9154	0.9192	0.9230	0.9269	0.9307	0.9346	0.9385	0.9424	0.9463	0.9502
0.830	0.9542	0.9581	0.9621	0.9661	0.9701	0.9741	0.9782	0.9822	0.9863	0.9904
0.840	0.9945	0.9986	1.0027	1.0069	1.0110	1.0152	1.0194	1.0237	1.0279	1.0322
0.850	1.0364	1.0407	1.0450	1.0494	1.0537	1.0581	1.0625	1.0669	1.0714	1.0758
0.860	1.0803	1.0848	1.0893	1.0939	1.0985	1.1031	1.1077	1.1123	1.1170	1.1217
0.870	1.1264	1.1311	1.1359	1.1407	1.1455	1.1503	1.1552	1.1601	1.1650	1.1700
0.880	1.1750	1.1800	1.1850	1.1901	1.1952	1.2004	1.2055	1.2107	1.2160	1.2212
0.890	1.2265	1.2319	1.2372	1.2426	1.2481	1.2536	1.2591	1.2646	1.2702	1.2759
0.900	1.2816	1.2873	1.2930	1.2988	1.3047	1.3106	1.3165	1.3225	1.3285	1.3346
0.910	1.3408	1.3469	1.3532	1.3595	1.3658	1.3722	1.3787	1.3852	1.3917	1.3984
0.920	1.4051	1.4118	1.4187	1.4255	1.4325	1.4395	1.4466	1.4538	1.4611	1.4684
0.930	1.4758	1.4833	1.4909	1.4985	1.5063	1.5141	1.5220	1.5301	1.5382	1.5464
0.940	1.5548	1.5632	1.5718	1.5805	1.5893	1.5982	1.6072	1.6164	1.6258	1.6352
0.950	1.6449	1.6546	1.6646	1.6747	1.6849	1.6954	1.7060	1.7169	1.7279	1.7392
0.960	1.7507	1.7624	1.7744	1.7866	1.7991	1.8119	1.8250	1.8384	1.8522	1.8663
0.970	1.8808	1.8957	1.9110	1.9268	1.9431	1.9600	1.9774	1.9954	2.0141	2.0335
0.980	2.0537	2.0749	2.0969	2.1201	2.1444	2.1701	2.1973	2.2262	2.2571	2.2904
0.990	2.3263	2.3656	2.4089	2.4573	2.5121	2.5758	2.6521	2.7478	2.8782	3.0902

A.4 Fractiles de la loi de Student

La table donne les fractiles d'ordre α de la loi de Student à ν degrés de liberté, c'est-à-dire les valeurs de t telles que $\mathbb{P}(\mathcal{T}_\nu \leq t) = \alpha$.

$\nu \backslash \alpha$	0.60	0.70	0.80	0.90	0.95	0.975	0.990	0.995	0.999	0.9995
1	0.325	0.727	1.376	3.078	6.314	12.71	31.82	63.66	318.3	636.6
2	0.289	0.617	1.061	1.886	2.920	4.303	6.965	9.925	22.33	31.60
3	0.277	0.584	0.978	1.638	2.353	3.182	4.541	5.841	10.22	12.94
4	0.271	0.569	0.941	1.533	2.132	2.776	3.747	4.604	7.173	8.610
5	0.267	0.559	0.920	1.476	2.015	2.571	3.365	4.032	5.893	6.859
6	0.265	0.553	0.906	1.440	1.943	2.447	3.143	3.707	5.208	5.959
7	0.263	0.549	0.896	1.415	1.895	2.365	2.998	3.499	4.785	5.405
8	0.262	0.546	0.889	1.397	1.860	2.306	2.896	3.355	4.501	5.041
9	0.261	0.543	0.883	1.383	1.833	2.262	2.821	3.250	4.297	4.781
10	0.260	0.542	0.879	1.372	1.812	2.228	2.764	3.169	4.144	4.587
11	0.260	0.540	0.876	1.363	1.796	2.201	2.718	3.106	4.025	4.437
12	0.259	0.539	0.873	1.356	1.782	2.179	2.681	3.055	3.930	4.318
13	0.259	0.538	0.870	1.350	1.771	2.160	2.650	3.012	3.852	4.221
14	0.258	0.537	0.868	1.345	1.761	2.145	2.624	2.977	3.787	4.140
15	0.258	0.536	0.866	1.341	1.753	2.131	2.602	2.947	3.733	4.073
16	0.258	0.535	0.865	1.337	1.746	2.120	2.583	2.921	3.686	4.015
17	0.257	0.534	0.863	1.333	1.740	2.110	2.567	2.898	3.646	3.965
18	0.257	0.534	0.862	1.330	1.734	2.101	2.552	2.878	3.611	3.922
19	0.257	0.533	0.861	1.328	1.729	2.093	2.539	2.861	3.579	3.883
20	0.257	0.533	0.860	1.325	1.725	2.086	2.528	2.845	3.552	3.850
21	0.257	0.532	0.859	1.323	1.721	2.080	2.518	2.831	3.527	3.819
22	0.256	0.532	0.858	1.321	1.717	2.074	2.508	2.819	3.505	3.792
23	0.256	0.532	0.858	1.319	1.714	2.069	2.500	2.807	3.485	3.767
24	0.256	0.531	0.857	1.318	1.711	2.064	2.492	2.797	3.467	3.745
25	0.256	0.531	0.856	1.316	1.708	2.060	2.485	2.787	3.450	3.725
26	0.256	0.531	0.856	1.315	1.706	2.056	2.479	2.779	3.435	3.707
27	0.256	0.531	0.855	1.314	1.703	2.052	2.473	2.771	3.421	3.690
28	0.256	0.530	0.855	1.313	1.701	2.048	2.467	2.763	3.408	3.674
29	0.256	0.530	0.854	1.311	1.699	2.045	2.462	2.756	3.396	3.659
30	0.256	0.530	0.854	1.310	1.697	2.042	2.457	2.750	3.385	3.646
32	0.256	0.530	0.853	1.309	1.694	2.037	2.449	2.738	3.365	3.622
34	0.255	0.529	0.852	1.307	1.691	2.032	2.441	2.728	3.348	3.601
36	0.255	0.529	0.852	1.306	1.688	2.028	2.434	2.719	3.333	3.582
38	0.255	0.529	0.851	1.304	1.686	2.024	2.429	2.712	3.319	3.566
40	0.255	0.529	0.851	1.303	1.684	2.021	2.423	2.704	3.307	3.551
50	0.255	0.528	0.849	1.298	1.676	2.009	2.403	2.678	3.261	3.496
60	0.254	0.527	0.848	1.296	1.671	2.000	2.390	2.660	3.232	3.460
70	0.254	0.527	0.847	1.294	1.667	1.994	2.381	2.648	3.211	3.435
80	0.254	0.527	0.846	1.292	1.664	1.990	2.374	2.639	3.195	3.415
90	0.254	0.526	0.846	1.291	1.662	1.987	2.368	2.632	3.183	3.402
100	0.254	0.526	0.845	1.290	1.660	1.984	2.365	2.626	3.174	3.389
200	0.254	0.525	0.843	1.286	1.653	1.972	2.345	2.601	3.131	3.339
500	0.253	0.525	0.842	1.283	1.648	1.965	2.334	2.586	3.106	3.310
∞	0.253	0.524	0.842	1.282	1.645	1.960	2.326	2.576	3.090	3.291

A.5 Fractiles de la loi de Fisher

$\nu_2 \backslash \nu_1$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	12	15	20	24	30	40	60	∞
1	39.86	49.5	53.6	55.83	57.24	58.2	58.9	59.44	59.86	60.2	60.7	61.2	61.7	62.0	62.26	62.53	62.8	66.12
2	8.53	9.00	9.16	9.24	9.29	9.33	9.35	9.37	9.38	9.39	9.41	9.42	9.44	9.45	9.46	9.47	9.47	9.49
3	5.54	5.46	5.39	5.34	5.31	5.28	5.27	5.25	5.24	5.23	5.22	5.20	5.18	5.18	5.17	5.16	5.15	5.13
4	4.54	4.32	4.19	4.11	4.05	4.01	3.98	3.95	3.94	3.92	3.90	3.87	3.84	3.83	3.82	3.80	3.79	3.76
5	4.06	3.78	3.62	3.52	3.45	3.40	3.37	3.34	3.32	3.30	3.27	3.24	3.21	3.19	3.17	3.16	3.14	3.10
6	3.78	3.46	3.29	3.18	3.11	3.05	3.01	2.98	2.96	2.94	2.90	2.87	2.84	2.82	2.80	2.78	2.76	2.72
7	3.59	3.26	3.07	2.96	2.88	2.83	2.78	2.75	2.72	2.70	2.67	2.63	2.59	2.58	2.56	2.54	2.51	2.47
8	3.46	3.11	2.92	2.81	2.73	2.67	2.62	2.59	2.56	2.54	2.50	2.46	2.42	2.40	2.38	2.36	2.34	2.29
9	3.36	3.01	2.81	2.69	2.61	2.55	2.51	2.47	2.44	2.42	2.38	2.34	2.30	2.28	2.25	2.23	2.21	2.16
10	3.29	2.92	2.73	2.61	2.52	2.46	2.41	2.38	2.35	2.32	2.28	2.24	2.20	2.18	2.16	2.13	2.11	2.06
11	3.23	2.86	2.66	2.54	2.45	2.39	2.34	2.30	2.27	2.25	2.21	2.17	2.12	2.10	2.08	2.05	2.03	1.97
12	3.18	2.81	2.61	2.48	2.39	2.33	2.28	2.24	2.21	2.19	2.15	2.10	2.06	2.04	2.01	1.99	1.96	1.90
13	3.14	2.76	2.56	2.43	2.35	2.28	2.23	2.20	2.16	2.14	2.10	2.05	2.01	1.98	1.96	1.93	1.90	1.85
14	3.10	2.73	2.52	2.39	2.31	2.24	2.19	2.15	2.12	2.10	2.05	2.01	1.96	1.94	1.91	1.89	1.86	1.80
15	3.07	2.70	2.49	2.36	2.27	2.21	2.16	2.12	2.09	2.06	2.02	1.97	1.92	1.90	1.87	1.85	1.82	1.76
16	3.05	2.67	2.46	2.33	2.24	2.18	2.13	2.09	2.06	2.03	1.99	1.94	1.89	1.87	1.84	1.81	1.78	1.72
17	3.03	2.64	2.44	2.31	2.22	2.15	2.10	2.06	2.03	2.00	1.96	1.91	1.86	1.84	1.81	1.78	1.75	1.69
18	3.01	2.62	2.42	2.29	2.20	2.13	2.08	2.04	2.00	1.98	1.93	1.89	1.84	1.81	1.78	1.75	1.72	1.66
19	2.99	2.61	2.40	2.27	2.18	2.11	2.06	2.02	1.98	1.96	1.91	1.86	1.81	1.79	1.76	1.73	1.70	1.63
20	2.97	2.59	2.38	2.25	2.16	2.09	2.04	2.00	1.96	1.94	1.89	1.84	1.79	1.77	1.74	1.71	1.68	1.61
21	2.96	2.57	2.36	2.23	2.14	2.08	2.02	1.98	1.95	1.92	1.87	1.83	1.78	1.75	1.72	1.69	1.66	1.59
22	2.95	2.56	2.35	2.22	2.13	2.06	2.01	1.97	1.93	1.90	1.86	1.81	1.76	1.73	1.70	1.67	1.64	1.57
23	2.94	2.55	2.34	2.21	2.11	2.05	1.99	1.95	1.92	1.89	1.84	1.80	1.74	1.72	1.69	1.66	1.62	1.55
24	2.93	2.54	2.33	2.19	2.10	2.04	1.98	1.94	1.91	1.88	1.83	1.78	1.73	1.70	1.67	1.64	1.61	1.53
25	2.92	2.53	2.32	2.18	2.09	2.02	1.97	1.93	1.89	1.87	1.82	1.77	1.72	1.69	1.66	1.63	1.59	1.52
26	2.91	2.52	2.31	2.17	2.08	2.01	1.96	1.92	1.88	1.86	1.81	1.76	1.71	1.68	1.65	1.61	1.58	1.50
27	2.90	2.51	2.30	2.17	2.07	2.00	1.95	1.91	1.87	1.85	1.80	1.75	1.70	1.67	1.64	1.60	1.57	1.49
28	2.89	2.50	2.29	2.16	2.06	2.00	1.94	1.90	1.87	1.84	1.79	1.74	1.69	1.66	1.63	1.59	1.56	1.48
29	2.89	2.50	2.28	2.15	2.06	1.99	1.93	1.89	1.86	1.83	1.78	1.73	1.68	1.65	1.62	1.58	1.55	1.47
30	2.88	2.49	2.28	2.14	2.05	1.98	1.93	1.88	1.85	1.82	1.77	1.72	1.67	1.64	1.61	1.57	1.54	1.46
40	2.84	2.44	2.23	2.09	2.00	1.93	1.87	1.83	1.79	1.76	1.71	1.66	1.61	1.57	1.54	1.51	1.47	1.38
60	2.79	2.39	2.18	2.04	1.95	1.87	1.82	1.77	1.74	1.71	1.66	1.60	1.54	1.51	1.48	1.44	1.40	1.29
∞	2.71	2.30	2.08	1.94	1.85	1.77	1.72	1.67	1.63	1.60	1.55	1.49	1.42	1.38	1.34	1.30	1.24	1.00

TABLE A.1 – Fractiles d'ordre $\alpha = 0.90$: $f_{\nu_1,\nu_2;0.90}$

$\nu_2 \diagdown \nu_1$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	12	15	20	24	30	40	60	∞
1	161.4	199.5	215.7	224.6	230.2	234.0	236.8	238.9	240.5	241.9	243.9	245.9	248.0	249.1	250.1	251.1	252.2	395.4
2	18.51	19.00	19.16	19.25	19.30	19.33	19.35	19.37	19.38	19.40	19.41	19.43	19.45	19.45	19.46	19.47	19.48	19.50
3	10.13	9.55	9.28	9.12	9.01	8.94	8.89	8.85	8.81	8.79	8.74	8.70	8.66	8.64	8.62	8.59	8.57	8.53
4	7.71	6.94	6.59	6.39	6.26	6.16	6.09	6.04	6.00	5.96	5.91	5.86	5.80	5.77	5.75	5.72	5.69	5.63
5	6.61	5.79	5.41	5.19	5.05	4.95	4.88	4.82	4.77	4.74	4.68	4.62	4.56	4.53	4.50	4.46	4.43	4.37
6	5.99	5.14	4.76	4.53	4.39	4.28	4.21	4.15	4.10	4.06	4.00	3.94	3.87	3.84	3.81	3.77	3.74	3.67
7	5.59	4.74	4.35	4.12	3.97	3.87	3.79	3.73	3.68	3.64	3.57	3.51	3.44	3.41	3.38	3.34	3.30	3.23
8	5.32	4.46	4.07	3.84	3.69	3.58	3.50	3.44	3.39	3.35	3.28	3.22	3.15	3.12	3.08	3.04	3.01	2.93
9	5.12	4.26	3.86	3.63	3.48	3.37	3.29	3.23	3.18	3.14	3.07	3.01	2.94	2.90	2.86	2.83	2.79	2.71
10	4.96	4.10	3.71	3.48	3.33	3.22	3.14	3.07	3.02	2.98	2.91	2.85	2.77	2.74	2.70	2.66	2.62	2.54
11	4.84	3.98	3.59	3.36	3.20	3.09	3.01	2.95	2.90	2.85	2.79	2.72	2.65	2.61	2.57	2.53	2.49	2.40
12	4.75	3.89	3.49	3.26	3.11	3.00	2.91	2.85	2.80	2.75	2.69	2.62	2.54	2.51	2.47	2.43	2.38	2.30
13	4.67	3.81	3.41	3.18	3.03	2.92	2.83	2.77	2.71	2.67	2.60	2.53	2.46	2.42	2.38	2.34	2.30	2.21
14	4.60	3.74	3.34	3.11	2.96	2.85	2.76	2.70	2.65	2.60	2.53	2.46	2.39	2.35	2.31	2.27	2.22	2.13
15	4.54	3.68	3.29	3.06	2.90	2.79	2.71	2.64	2.59	2.54	2.48	2.40	2.33	2.29	2.25	2.20	2.16	2.07
16	4.49	3.63	3.24	3.01	2.85	2.74	2.66	2.59	2.54	2.49	2.42	2.35	2.28	2.24	2.19	2.15	2.11	2.01
17	4.45	3.59	3.20	2.96	2.81	2.70	2.61	2.55	2.49	2.45	2.38	2.31	2.23	2.19	2.15	2.10	2.06	1.96
18	4.41	3.55	3.16	2.93	2.77	2.66	2.58	2.51	2.46	2.41	2.34	2.27	2.19	2.15	2.11	2.06	2.02	1.92
19	4.38	3.52	3.13	2.90	2.74	2.63	2.54	2.48	2.42	2.38	2.31	2.23	2.16	2.11	2.07	2.03	1.98	1.88
20	4.35	3.49	3.10	2.87	2.71	2.60	2.51	2.45	2.39	2.35	2.28	2.20	2.12	2.08	2.04	1.99	1.95	1.84
21	4.32	3.47	3.07	2.84	2.68	2.57	2.49	2.42	2.37	2.32	2.25	2.18	2.10	2.05	2.01	1.96	1.92	1.81
22	4.30	3.44	3.05	2.82	2.66	2.55	2.46	2.40	2.34	2.30	2.23	2.15	2.07	2.03	1.98	1.94	1.89	1.78
23	4.28	3.42	3.03	2.80	2.64	2.53	2.44	2.37	2.32	2.27	2.20	2.13	2.05	2.01	1.96	1.91	1.86	1.76
24	4.26	3.40	3.01	2.78	2.62	2.51	2.42	2.36	2.30	2.25	2.18	2.11	2.03	1.98	1.94	1.89	1.84	1.73
25	4.24	3.39	2.99	2.76	2.60	2.49	2.40	2.34	2.28	2.24	2.16	2.09	2.01	1.96	1.92	1.87	1.82	1.71
26	4.23	3.37	2.98	2.74	2.59	2.47	2.39	2.32	2.27	2.22	2.15	2.07	1.99	1.95	1.90	1.85	1.80	1.69
27	4.21	3.35	2.96	2.73	2.57	2.46	2.37	2.31	2.25	2.20	2.13	2.06	1.97	1.93	1.88	1.84	1.79	1.67
28	4.20	3.34	2.95	2.71	2.56	2.45	2.36	2.29	2.24	2.19	2.12	2.04	1.96	1.91	1.87	1.82	1.77	1.65
29	4.18	3.33	2.93	2.70	2.55	2.43	2.35	2.28	2.22	2.18	2.10	2.03	1.94	1.90	1.85	1.81	1.75	1.64
30	4.17	3.32	2.92	2.69	2.53	2.42	2.33	2.27	2.21	2.16	2.09	2.01	1.93	1.89	1.84	1.79	1.74	1.62
40	4.08	3.23	2.84	2.61	2.45	2.34	2.25	2.18	2.12	2.08	2.00	1.92	1.84	1.79	1.74	1.69	1.64	1.51
60	4.00	3.15	2.76	2.53	2.37	2.25	2.17	2.10	2.04	1.99	1.92	1.84	1.75	1.70	1.65	1.59	1.53	1.39
∞	3.84	3.00	2.60	2.37	2.21	2.10	2.01	1.94	1.88	1.83	1.75	1.67	1.57	1.52	1.46	1.39	1.32	1.00

TABLE A.2 – Fractiles d'ordre $\alpha = 0.95$: $f_{\nu_1,\nu_2;0.95}$

$\nu_2 \backslash \nu_1$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	12	15	20	24	30	40	60	∞
1	647.8	799.5	864.2	899.6	921.9	937.1	948.2	956.7	963.3	968.6	976.7	984.9	993.1	997.2	1001	1005	1009	1018
2	38.51	39.00	39.17	39.25	39.30	39.33	39.36	39.37	39.39	39.40	39.41	39.43	39.45	39.46	39.46	39.47	39.48	39.50
3	17.44	16.04	15.44	15.10	14.88	14.73	14.62	14.54	14.47	14.42	14.34	14.25	14.17	14.12	14.08	14.04	13.99	13.90
4	12.22	10.65	9.98	9.60	9.36	9.20	9.07	8.98	8.90	8.84	8.75	8.66	8.56	8.51	8.46	8.41	8.36	8.26
5	10.01	8.43	7.76	7.39	7.15	6.98	6.85	6.76	6.68	6.62	6.52	6.43	6.33	6.28	6.23	6.18	6.12	6.02
6	8.81	7.26	6.60	6.23	5.99	5.82	5.70	5.60	5.52	5.46	5.37	5.27	5.17	5.12	5.07	5.01	4.96	4.85
7	8.07	6.54	5.89	5.52	5.29	5.12	4.99	4.90	4.82	4.76	4.67	4.57	4.47	4.41	4.36	4.31	4.25	4.14
8	7.57	6.06	5.42	5.05	4.82	4.65	4.53	4.43	4.36	4.30	4.20	4.10	4.00	3.95	3.89	3.84	3.78	3.67
9	7.21	5.71	5.08	4.72	4.48	4.32	4.20	4.10	4.03	3.96	3.87	3.77	3.67	3.61	3.56	3.51	3.45	3.33
10	6.94	5.46	4.83	4.47	4.24	4.07	3.95	3.85	3.78	3.72	3.62	3.52	3.42	3.37	3.31	3.26	3.20	3.08
11	6.72	5.26	4.63	4.28	4.04	3.88	3.76	3.66	3.59	3.53	3.43	3.33	3.23	3.17	3.12	3.06	3.00	2.88
12	6.55	5.10	4.47	4.12	3.89	3.73	3.61	3.51	3.44	3.37	3.28	3.18	3.07	3.02	2.96	2.91	2.85	2.72
13	6.41	4.97	4.35	4.00	3.77	3.60	3.48	3.39	3.31	3.25	3.15	3.05	2.95	2.89	2.84	2.78	2.72	2.60
14	6.30	4.86	4.24	3.89	3.66	3.50	3.38	3.29	3.21	3.15	3.05	2.95	2.84	2.79	2.73	2.67	2.61	2.49
15	6.20	4.77	4.15	3.80	3.58	3.41	3.29	3.20	3.12	3.06	2.96	2.86	2.76	2.70	2.64	2.59	2.52	2.40
16	6.12	4.69	4.08	3.73	3.50	3.34	3.22	3.12	3.05	2.99	2.89	2.79	2.68	2.63	2.57	2.51	2.45	2.32
17	6.04	4.62	4.01	3.66	3.44	3.28	3.16	3.06	2.98	2.92	2.82	2.72	2.62	2.56	2.50	2.44	2.38	2.25
18	5.98	4.56	3.95	3.61	3.38	3.22	3.10	3.01	2.93	2.87	2.77	2.67	2.56	2.50	2.44	2.38	2.32	2.19
19	5.92	4.51	3.90	3.56	3.33	3.17	3.05	2.96	2.88	2.82	2.72	2.62	2.51	2.45	2.39	2.33	2.27	2.13
20	5.87	4.46	3.86	3.51	3.29	3.13	3.01	2.91	2.84	2.77	2.68	2.57	2.46	2.41	2.35	2.29	2.22	2.09
21	5.83	4.42	3.82	3.48	3.25	3.09	2.97	2.87	2.80	2.73	2.64	2.53	2.42	2.37	2.31	2.25	2.18	2.04
22	5.79	4.38	3.78	3.44	3.22	3.05	2.93	2.84	2.76	2.70	2.60	2.50	2.39	2.33	2.27	2.21	2.14	2.00
23	5.75	4.35	3.75	3.41	3.18	3.02	2.90	2.81	2.73	2.67	2.57	2.47	2.36	2.30	2.24	2.18	2.11	1.97
24	5.72	4.32	3.72	3.38	3.15	2.99	2.87	2.78	2.70	2.64	2.54	2.44	2.33	2.27	2.21	2.15	2.08	1.94
25	5.69	4.29	3.69	3.35	3.13	2.97	2.85	2.75	2.68	2.61	2.51	2.41	2.30	2.24	2.18	2.12	2.05	1.91
26	5.66	4.27	3.67	3.33	3.10	2.94	2.82	2.73	2.65	2.59	2.49	2.39	2.28	2.22	2.16	2.09	2.03	1.88
27	5.63	4.24	3.65	3.31	3.08	2.92	2.80	2.71	2.63	2.57	2.47	2.36	2.25	2.19	2.13	2.07	2.00	1.85
28	5.61	4.22	3.63	3.29	3.06	2.90	2.78	2.69	2.61	2.55	2.45	2.34	2.23	2.17	2.11	2.05	1.98	1.83
29	5.59	4.20	3.61	3.27	3.04	2.88	2.76	2.67	2.59	2.53	2.43	2.32	2.21	2.15	2.09	2.03	1.96	1.81
30	5.57	4.18	3.59	3.25	3.03	2.87	2.75	2.65	2.57	2.51	2.41	2.31	2.20	2.14	2.07	2.01	1.94	1.79
40	5.42	4.05	3.46	3.13	2.90	2.74	2.62	2.53	2.45	2.39	2.29	2.18	2.07	2.01	1.94	1.88	1.80	1.64
60	5.29	3.93	3.34	3.01	2.79	2.63	2.51	2.41	2.33	2.27	2.17	2.06	1.94	1.88	1.82	1.74	1.67	1.48
∞	5.02	3.69	3.12	2.79	2.57	2.41	2.29	2.19	2.11	2.05	1.94	1.83	1.71	1.64	1.57	1.48	1.39	1.00

TABLE A.3 – Fractiles d'ordre $\alpha = 0.975$: $f_{\nu_1,\nu_2;0.975}$

$\nu_2 \diagdown \nu_1$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	12	15	20	24	30	40	60	∞
1	4052	4999.5	5403	5625	5764	5859	5928	5982	6022	6056	6106	6157	6209	6235	6261	6287	6313	6366
2	98.50	99.00	99.17	99.25	99.30	99.33	99.36	99.37	99.39	99.40	99.42	99.43	99.45	99.46	99.47	99.47	99.48	99.59
3	34.12	30.82	29.46	28.71	28.24	27.91	27.67	27.49	27.35	27.23	27.05	26.87	26.69	26.60	26.50	26.41	26.32	26.12
4	21.20	18.00	16.69	15.98	15.52	15.21	14.98	14.80	14.66	14.55	14.37	14.20	14.02	13.93	13.84	13.75	13.65	13.46
5	16.26	13.27	12.06	11.39	10.97	10.67	10.46	10.29	10.16	10.05	9.89	9.72	9.55	9.47	9.38	9.29	9.20	9.02
6	13.75	10.92	9.78	9.15	8.75	8.47	8.26	8.10	7.98	7.87	7.72	7.56	7.40	7.31	7.23	7.14	7.06	6.88
7	12.25	9.55	8.45	7.85	7.46	7.19	6.99	6.84	6.72	6.62	6.47	6.31	6.16	6.07	5.99	5.91	5.82	5.65
8	11.26	8.65	7.59	7.01	6.63	6.37	6.18	6.03	5.91	5.81	5.67	5.52	5.36	5.28	5.20	5.12	5.03	4.86
9	10.56	8.02	6.99	6.42	6.06	5.80	5.61	5.47	5.35	5.26	5.11	4.96	4.81	4.73	4.65	4.57	4.48	4.31
10	10.04	7.56	6.55	5.99	5.64	5.39	5.20	5.06	4.94	4.85	4.71	4.56	4.41	4.33	4.25	4.17	4.08	3.91
11	9.65	7.21	6.22	5.67	5.32	5.07	4.89	4.74	4.63	4.54	4.40	4.25	4.10	4.02	3.94	3.86	3.78	3.60
12	9.33	6.93	5.95	5.41	5.06	4.82	4.64	4.50	4.39	4.30	4.16	4.01	3.86	3.78	3.70	3.62	3.54	3.36
13	9.07	6.70	5.74	5.21	4.86	4.62	4.44	4.30	4.19	4.10	3.96	3.82	3.66	3.59	3.51	3.43	3.34	3.17
14	8.86	6.51	5.56	5.04	4.69	4.46	4.28	4.14	4.03	3.94	3.80	3.66	3.51	3.43	3.35	3.27	3.18	3.00
15	8.68	6.36	5.42	4.89	4.56	4.32	4.14	4.00	3.89	3.80	3.67	3.52	3.37	3.29	3.21	3.13	3.05	2.87
16	8.53	6.23	5.29	4.77	4.44	4.20	4.03	3.89	3.78	3.69	3.55	3.41	3.26	3.18	3.10	3.02	2.93	2.75
17	8.40	6.11	5.18	4.67	4.34	4.10	3.93	3.79	3.68	3.59	3.46	3.31	3.16	3.08	3.00	2.92	2.83	2.65
18	8.29	6.01	5.09	4.58	4.25	4.01	3.84	3.71	3.60	3.51	3.37	3.23	3.08	3.00	2.92	2.84	2.75	2.57
19	8.18	5.93	5.01	4.50	4.17	3.94	3.77	3.63	3.52	3.43	3.30	3.15	3.00	2.92	2.84	2.76	2.67	2.49
20	8.10	5.85	4.94	4.43	4.10	3.87	3.70	3.56	3.46	3.37	3.23	3.09	2.94	2.86	2.78	2.69	2.61	2.42
21	8.02	5.78	4.87	4.37	4.04	3.81	3.64	3.51	3.40	3.31	3.17	3.03	2.88	2.80	2.72	2.64	2.55	2.36
22	7.95	5.72	4.82	4.31	3.99	3.76	3.59	3.45	3.35	3.26	3.12	2.98	2.83	2.75	2.67	2.58	2.50	2.31
23	7.88	5.66	4.76	4.26	3.94	3.71	3.54	3.41	3.30	3.21	3.07	2.93	2.78	2.70	2.62	2.54	2.45	2.26
24	7.82	5.61	4.72	4.22	3.90	3.67	3.50	3.36	3.26	3.17	3.03	2.89	2.74	2.66	2.58	2.49	2.40	2.21
25	7.77	5.57	4.68	4.18	3.85	3.63	3.46	3.32	3.22	3.13	2.99	2.85	2.70	2.62	2.54	2.45	2.36	2.17
26	7.72	5.53	4.64	4.14	3.82	3.59	3.42	3.29	3.18	3.09	2.96	2.81	2.66	2.58	2.50	2.42	2.33	2.13
27	7.68	5.49	4.60	4.11	3.78	3.56	3.39	3.26	3.15	3.06	2.93	2.78	2.63	2.55	2.47	2.38	2.29	2.10
28	7.64	5.45	4.57	4.07	3.75	3.53	3.36	3.23	3.12	3.03	2.90	2.75	2.60	2.52	2.44	2.35	2.26	2.06
29	7.60	5.42	4.54	4.04	3.73	3.50	3.33	3.20	3.09	3.00	2.87	2.73	2.57	2.49	2.41	2.33	2.23	2.03
30	7.56	5.39	4.51	4.02	3.70	3.47	3.30	3.17	3.07	2.98	2.84	2.70	2.55	2.47	2.39	2.30	2.21	2.01
40	7.31	5.18	4.31	3.83	3.51	3.29	3.12	2.99	2.89	2.80	2.66	2.52	2.37	2.29	2.20	2.11	2.02	1.80
60	7.08	4.98	4.13	3.65	3.34	3.12	2.95	2.82	2.72	2.63	2.50	2.35	2.20	2.12	2.03	1.94	1.84	1.60
∞	6.63	4.61	3.78	3.32	3.02	2.80	2.64	2.51	2.41	2.32	2.18	2.04	1.88	1.79	1.70	1.59	1.47	1.00

TABLE A.4 – Fractiles d'ordre $\alpha = 0.99$: $f_{\nu_1,\nu_2;0.99}$

Annexe B

Formulaire de statistique

B.1 Statistiques pour une population normale de taille n

$$\frac{\bar{X}-\mu}{\sigma/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1), \quad \sigma \text{ connue}; \qquad \frac{\bar{X}-\mu}{S^*/\sqrt{n}} \sim \mathcal{T}_{n-1}, \quad \sigma \text{ inconnue}.$$

$$\frac{\sum_i (X_i-\mu)^2}{\sigma^2} \sim \chi^2_n, \quad \mu \text{ connue}; \qquad \frac{\sum_i (X_i-\bar{X})^2}{\sigma^2} \sim \chi^2_{n-1}, \quad \mu \text{ inconnue}.$$

B.2 Statistiques pour 2 populations normales de tailles n, m

$$\frac{{S_X^*}^2/\sigma_X^2}{{S_Y^*}^2/\sigma_Y^2} \sim \mathcal{F}_{n-1;m-1}; \quad \frac{\bar{X}-\bar{Y}-(\mu_x-\mu_y)}{S^*\sqrt{\frac{1}{n}+\frac{1}{m}}} \sim \mathcal{T}_{n+m-2},$$

où

$$S^{*2} = \frac{(n-1){S_X^*}^2 + (m-1){S_Y^*}^2}{n+m-2}.$$

B.3 Analyse de la variance à 1 facteur

B.3.1 Statistiques

	effectif	somme des obs.	somme des carrés des obs.
groupe q	n_q	$SX_q = \sum_{i=1}^{n_q} X_{qi}$	$SX2_q = \sum_{i=1}^{n_q} X_{qi}^2$
total	$n = \sum_{q=1}^{Q} n_q$	$SX = \sum_{q,i} X_{qi}$	$SX2 = \sum_{q,i} X_{qi}^2$

B.3.2 Synthèse

source	ddl	SC	CM	R
groupes	$Q-1$	$SCF = SCT - SCR$	$CMF = \frac{SCF}{Q-1}$	$\frac{CMF}{CMR}$
résidus	$n-Q$	$SCR = \sum_q SX2_q - \frac{1}{n_q}(SX_q)^2$	$CMR = \frac{SCR}{n-Q}$	
total	$n-1$	$SCT = SX2 - \frac{1}{n}(SX)^2$		

$$R \sim \mathcal{F}_{Q-1;n-Q}$$

B.3.3 Contrastes

$$\frac{X_{q\bullet} - X_{l\bullet} - C_{q\ell}}{\sqrt{CMR(\frac{1}{n_q}+\frac{1}{n_\ell})}} \sim \mathcal{T}_{n-Q}.$$

B.4 Analyse de la variance à 2 facteurs

B.4.1 Statistiques

$$SCA = \sum_{q=1}^{a} n_{q+} X_{q\bullet}^2 - nX_{\bullet\bullet}^2$$

$$SCB = \sum_{\ell=1}^{b} n_{+\ell} X_{\bullet\ell}^2 - nX_{\bullet\bullet}^2$$

$$SCAB = \sum_{q\ell} n_{q\ell}(X_{q\ell} - X_{q\bullet} - X_{\bullet\ell} + X_{\bullet\bullet})^2$$

B.4.2 Modèle général

source	ddl	SC	CM	F
Facteur A	$a-1$	SCA	$\frac{SCA}{a-1}$	$R_A = \frac{(n-ab)SCA}{(a-1)SCR}$
Facteur B	$b-1$	SCB	$\frac{SCA}{b-1}$	$R_B = \frac{(n-ab)SCB}{(b-1)SCR}$
Interaction	$(a-1)(b-1)$	$SCAB$	$\frac{SCAA}{(a-1)(b-1)}$	$R_{AB} = \frac{(n-ab)SCAB}{(a-1)(b-1)SCR}$
Résiduelle	$n-ab$	SCR	$\frac{SCR}{(n-ab)}$	
Total	$n-1$	SCT		

$$R_{AB} \sim \mathcal{F}_{(a-1)(b-1),(n-ab)}$$

B.4.3 Modèle additif

source	ddl	SC	CM	F
Facteur A	$a-1$	SCA	$\frac{SCA}{a-1}$	$R_A = \frac{(n-a-b+1)SCA}{(a-1)SCR}$
Facteur B	$b-1$	SCB	$\frac{SCA}{b-1}$	$R_B = \frac{(n-a-b+1)SCB}{(b-1)SCR}$
Résiduelle	$n-a-b+1$	SCR	$\frac{SCR}{(n-a-b+1)}$	
Total	$n-1$	SCT		

On obtient la somme des carrés résiduelle via $SCR = SCT - SCA - SCB$.

B.4.4 Modèles emboités

Le test

$$\begin{cases} H_0 : \text{ modèle } \omega \text{ est correct} \\ H_1 : \text{ modèle } \Omega \text{ est correct.} \end{cases}$$

admet pour région critique

$$\Gamma_\alpha = \left\{ \frac{(SCR(\omega) - SCR(\Omega))(n-ab)}{SCR(ddl_\Omega - ddl_\omega)} > f_{(ddl_\Omega - ddl_\omega),n-ab;1-\alpha} \right\}.$$

Régression linéaire simple

B.4.5 Modèle

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x + \varepsilon \text{ avec } \varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

B.4.6 Statistiques

$$\begin{cases} \hat{\beta}_0 = \bar{Y} - \frac{S_{xY}}{S_X^2}\bar{x}, \\ \hat{\beta}_1 = \frac{S_{xY}}{S_x^2}, \end{cases}$$

avec

$$S_{xY} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})(Y_i - \bar{Y}), \qquad S_x^2 = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2.$$

$$\hat{\beta}_1 \sim \mathcal{N}\left(\beta_1, \frac{\sigma^2}{nS_x^2}\right), \qquad \hat{\beta}_0 \sim \mathcal{N}\left(\beta_0, \frac{\sigma^2}{n}(1 + \frac{\bar{x}^2}{S_x^2})\right), \qquad \text{cov}(\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1) = -\frac{\bar{x}\sigma^2}{ns_x^2}.$$

B.4.7 Synthèse

source	ddl	SC	CM	F
Modèle	1	SCM	SCM	$F = \frac{(n-2)SCM}{SCR}$
Résiduelle	$n-2$	SCR	$\frac{SCR}{(n-2)}$	
Total	$n-1$	SCT		

$$R^2 = \frac{SCM}{SCT}$$

B.4.8 Intervalle de confiance sur $\mathbb{E}(Y_o)$

$$\frac{\hat{Y}_o - \mathbb{E}(Y_o)}{\sqrt{CMR\left(\frac{1}{n} + \frac{(\bar{x}-x_o)^2}{nS_x^2}\right)}} \sim \mathcal{T}_{n-2}.$$

B.4.9 Prédiction

$$\frac{\hat{Y}_o - Y_o}{\sqrt{CMR\left(1 + \frac{1}{n} + \frac{(\bar{x}-x_o)^2}{nS_x^2}\right)}} \sim \mathcal{T}_{n-2}.$$