

# Science des données I : module 9



Test bilatéral *versus* unilatéral

Philippe Grosjean & Guyliann Engels

Université de Mons, Belgique  
Laboratoire d'Écologie numérique



<https://wp.sciviews.org>  
[sdd@sciviews.org](mailto:sdd@sciviews.org)

# De quoi allons-nous parler ?

Le test  $t$  de Student et son homologue non paramétrique, le test de Wilcoxon-Mann-Whitney proposent plusieurs variantes.

Nous nous focalisons sur les variantes bi- et unilatérales :

- au niveau de la **définition des hypothèses**
- au niveau du **positionnement des zones de rejet et non rejet** de  $H_0$

# Le test d'hypothèse $t$ de Student

Définition de l'hypothèse nulle :

- Comparaison des moyennes entre deux **populations distinctes**  $p1$  et  $p2$  (test indépendant, différence des moyennes)

$$H_0 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} = cste$$

- Comparaison de la moyenne entre deux mesures  $x_a$  et  $x_b$  réalisées à chaque fois sur le **même individu** (test apparié, moyenne des différences)

$$H_0 : \overline{x_a - x_b} = cste$$

- Comparaison de la moyenne **d'une seule population** à une valeur constante de référence (test univarié)

$$H_0 : \bar{x} = cste$$

## Variante bilatérale et unilatérales

Exemple du test indépendant où la moyenne de la variable  $x$  est comparée entre deux populations  $p1$  et  $p2$ .

- L'hypothèse nulle est **toujours la même**:

$$H_0 : \overline{x_{p1}} - \overline{x_{p2}} = cste$$

- **Test bilatéral** : l'hypothèse alternative peut être  $>$  ou  $<$  à  $cste$

$$H_1 : \overline{x_{p1}} - \overline{x_{p2}} \neq cste$$

- **Test unilatéral à gauche** : l'hypothèse alternative est uniquement  $<$   $cste$

$$H_1 : \overline{x_{p1}} - \overline{x_{p2}} < cste$$

- **Test unilatéral à droite** : l'hypothèse alternative est uniquement  $>$   $cste$

$$H_1 : \overline{x_{p1}} - \overline{x_{p2}} > cste$$

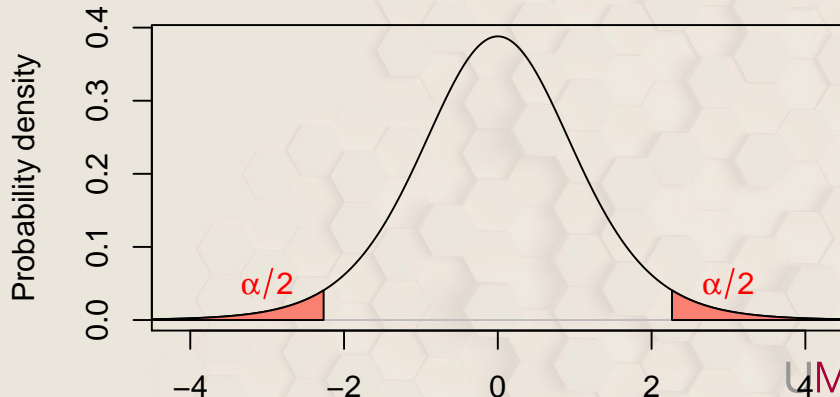
## Aires de rejet et non rejet en bilatéral

Exemple : distribution  $t$  réduite pour  $n = 10$  (moyenne = 0, écart type = 1, ddl = 9)

$$H_0 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} = 0$$

$$H_1 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} \neq 0$$

On répartit  $\alpha$  en **deux moitiés** aux deux extrémités de la distribution.



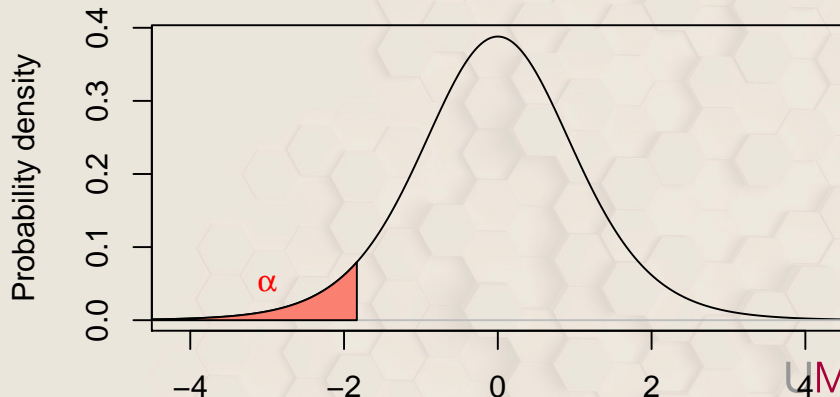
## Aires de rejet et non rejet en unilatéral à gauche

Exemple : distribution  $t$  réduite pour  $n = 10$  (moyenne = 0, écart type = 1, ddl = 9)

$$H_0 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} = 0$$

$$H_1 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} < 0$$

On répartit  $\alpha$  uniquement à la **gauche** de la distribution.



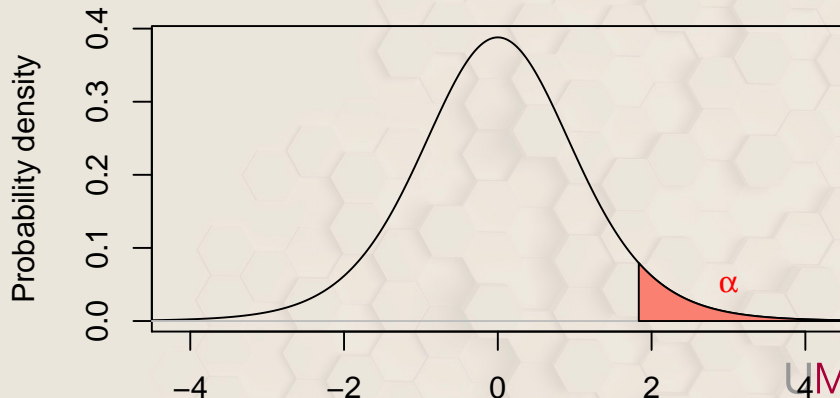
## Aires de rejet et non rejet en unilatéral à droite

Exemple : distribution  $t$  réduite pour  $n = 10$  (moyenne = 0, écart type = 1, ddl = 9)

$$H_0 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} = 0$$

$$H_1 : \overline{x}_{p1} - \overline{x}_{p2} > 0$$

On répartit  $\alpha$  uniquement à la **droite** de la distribution.



## Choix de $H_1$

- Le choix se fait en fonction d'information **connue *a priori*** du phénomène (valeur impossible d'un côté ou de l'autre)
- Si pas d'information on utilise **un test bilatéral**
- Si test unilatéral, attention au calcul en fonction de **l'ordre des niveaux de la variable qualitative** ( $p1 - p2$ ), voir fonction `levels()` pour afficher ces niveaux



- Les mini-présentations sont disponibles sur [https://github.com/BioDataScience-Course/sdd\\_lessons](https://github.com/BioDataScience-Course/sdd_lessons) et sont enregistrées dans Teams
- **A vous la parole maintenant !**