Les tests statistiques

Thibault LAURENT

1er Décembre 2018

Contents

Ce document a été généré directement depuis RStudio en utilisant l'outil Markdown. La version .pdf se trouve ici.

Résumé

L'objet de ce chapitre est de vous présenter les moyens offerts par **R** pour réaliser quelques tests statistiques parmi les plus répandus. Les librairies installées par défaut fournissent à l'utilisateur la possibilité de réaliser une gamme assez large de tests. Sauf indication contraire, les fonctions que nous aborderons dans cette partie proviendront des librairies de base. Le but de cette partie n'est pas de présenter les tests statistiques, mais de décrire le moyen de les mettre en oeuvre dans **R**. Pour une description approfondie de ces tests, nous renvoyons le lecteur sur ce lien https://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf écrit par les auteurs du site Wikistat (http://wikistat.fr/). Le livre de Saporta : "Probabilités, analyse des données et statistique" est également une référence incontournable en ce qui concerne les tests statistiques.

Rappel : on parlera parfois dans ce chapitre de test paramétrique et de test non paramétrique. On rappelle ici les définitions :

- **Test paramétrique** : les hypothèses nulle et alternative du test portent sur un paramètre statistique (moyenne ou variance par exemple). Ces tests nécessitent généralement des conditions de validité (distribution normale des données par exemple).
- **Test non paramétrique** : un test non paramétrique porte globalement sur la répartition des données sans hypothèse sur leur distribution (*free distribution* en anglais)

1 Tests statistiques

1.1 Interprétation de la valeur-p

Il y a souvent confusion dans l'interprétation de la valeur-p associée à un test statistique. C'est pourquoi on rappelle ici la démarche associée à un test statistique. Cela peut se résumer en 3 étapes :

- construction d'une hypothèse nulle et d'une hypothèse alternative. Par exemple, on est en présence d'un jeu de données qu'on suppose être issue d'une loi gaussienne. On souhaite vérifier cette supposition. Pour cela, on va construire l'hypothèse nulle suivante H_0 : {l'échantillon est distibué selon une loi gaussienne} et l'hypothèse alternative (la négation de H_0), H_1 : {l'échantillon n'est pas distibué selon une loi gaussienne}.
- construction d'une statistique de test. Pour chaque test que nous allons voir, nous allons systématiquement construire à partir de l'échantillon de données, une statistique de test θ, qui sous l'hypothèse nulle, sera supposée se comporter comme étant issue d'une loi de distribution connue.

- construction de la valeur-p. Cette valeur est la probabilité pour que la statistique de test appartienne à la loi de distribution dont elle est supposée être issue. Valeur arbitraire de 5% : si la valeur-p est supérieure à 5%, dans ce cas, cela indique que la statistique de test est bien issue de la loi de distribution et dans ce cas, l'hypothèse nulle ne peut être rejetée. Si elle est inférieure à 5%, c'est que la statistique de test est une valeur "anormale" et donc on ne peut pas accepter l'hypothèse nulle.

1.2 Problèmes à un échantillon

1.2.1 Test de normalité d'une variable

Les 2 tests "classiques" de normalité d'une variable sont le test de Kolmogorov-Smirnov et le test de Shapiro-Wilk, tous les deux implémentés dans **R** par le biais des fonctions *ks.test()* et *shapiro.test()*.

1.2.1.1 Test de Kolmogorov-Smirnov : *ks.test()*

Cette fonction est un peu plus générale que *shapiro.test()*. En effet, son principe est de comparer 2 distributions. En cela, *ks.test()* permet de réaliser des tests bidimensionnels. Pour le cas unidimensionnel, il suffit juste de comparer la distribution qui nous intéresse à la distribution théorique d'une loi normale de paramètres estimés $\hat{\mu} = \bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$ et $\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2$.

Le résultat de *ks.test()* indique également dans la composante alternative, le type de test (unilatéral ou bilatéral) effectué.

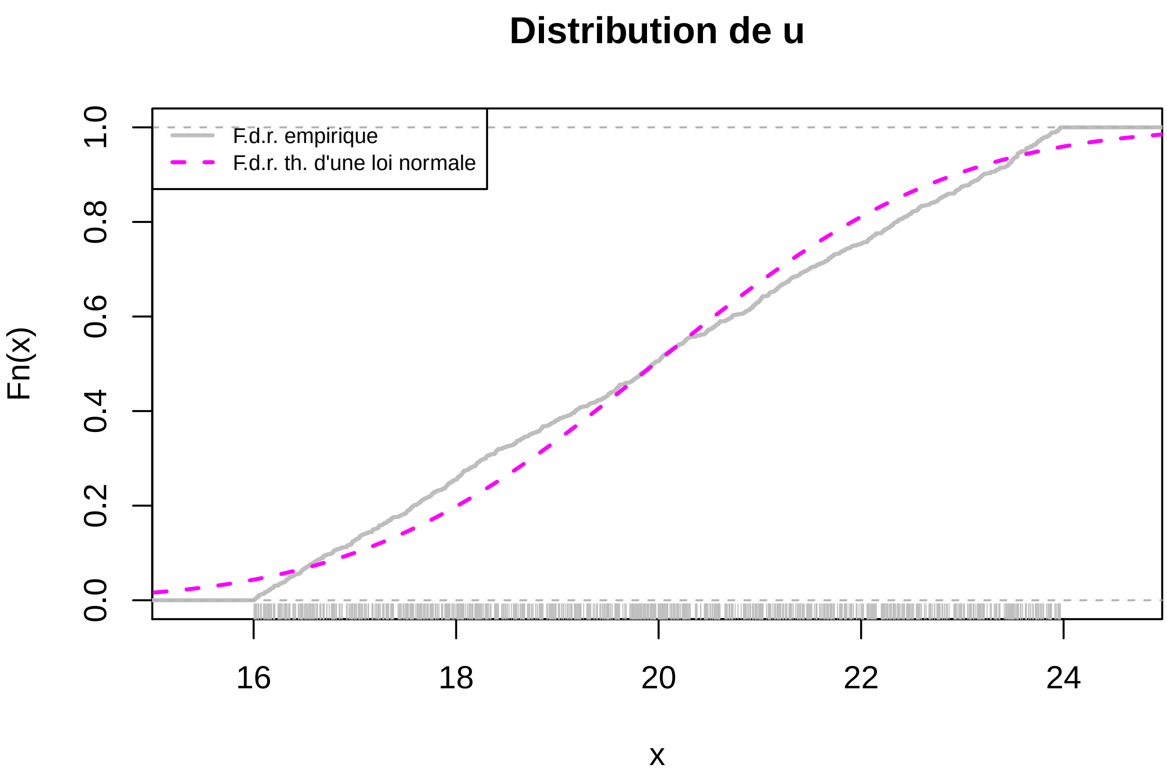
Exemple : pour illustrer l'utilisation de cette fonction, nous allons nous intéresser au vecteur **u** suivant, réalisation d'une variable aléatoire issue d'une loi uniforme $\mathcal{U}(16, 24)$.

```
u <- runif(1000, 16, 24)
```

Le principe du test de Kolmogorov-Smirnov est de comparer 2 distributions au moyen de la fonction de répartition. Dans ce cas, on va comparer la fonction de répartition empirique F_n avec la fonction de répartition théorique F_{th} d'une loi normale dont les paramètres sont estimés à partir de l'échantillon. L'hypothèse nulle est donc ici $H_0 : \{F_n = F_{th}\}$. L'hypothèse alternative étant sa négation $H_1 : \{F_n \neq F_{th}\}$.

Dans un premier temps, on va se donner une idée intuitive de ce qu'on cherche exactement à faire. Pour cela, on représente graphiquement les deux fonctions de répartitions. La fonction de répartition empirique se fait avec la fonction générique *plot()* appliquée à un objet créé par la fonction *ecdf()*. Pour représenter la fonction de répartition théorique, cela se fait avec la fonction *pnorm()* (voir chapitre précédent) :

```
fdr.u <- ecdf(u)
test <- plot(fdr.u, main = "Distribution de u", lwd = 2, col = "grey")
x <- seq(10, 30, 0.1)
lines(x, pnorm(x, mean(u), sd(u)), lty = 2, lwd = 2, col = "magenta")
rug(u, col = "grey")
legend("topleft", c("F.d.r. empirique", "F.d.r. th. d'une loi normale"),
       lty = 1:2, lwd = 2, col = c("grey", "magenta"), cex = 0.7)
```



A l'évidence, les deux courbes ne sont pas identiques. De plus, on constate que l'écart entre F_n et F_{th} (pour une valeur de x fixée), peut être parfois très grand. Le test de Kolmogorov-Smirnov consiste à donner comme statistique de test, l'écart le plus important entre les deux courbes (à x fixé). Pour plus d'informations, le lecteur pourra consulter la p.11 du document http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf

```
(res.ks <- ks.test(u, "pnorm", mean(u), sd(u)))
```

```
##
##  One-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  u
## D = 0.068138, p-value = 0.0001855
## alternative hypothesis: two-sided
```

Interprétation : la fonction retourne d'une part la statistique de test D (l'écart le plus grand observé entre les deux courbes) ainsi que la valeur-p associée. Si l'hypothèse nulle est vraie (ici H_0 : $\{F_n = F_{th}\}$), cela implique que la valeur de D n'est pas trop éloignée de 0, 0 étant la valeur pour laquelle il n'y a aucune différence entre la fonction de répartition empirique et théorique. Pour vérifier cela, on suppose que sous l'hypothèse H_0, la statistique de test D devrait se comporter comme une valeur issue d'une loi de Kolmogorov, dont on connaît la distribution théorique (voir https://en.wikipedia.org/wiki/Kolmogorov%E2%80%93Smirnov_test). Ici, on constate que la valeur-p est très faible (0.0002). Autrement dit, la valeur de D ne peut être considérée comme étant issue d'une loi de Kolmogorov et donc on ne peut pas accepter l'hypothèse nulle. Ceci confirme donc que la loi de probabilité de **u** n'est pas celle d'une loi normale.

1.2.1.2 Test de Shapiro-Wilk : *shapiro.test()*

L'utilisation de *shapiro.test()* ne requiert quant à elle que le vecteur de valeurs numériques sur lequel on va tester l'hypothèse de normalité. Ici, l'hypthèse nulle H_0 est {l'échantillon est distibuée selon une loi gaussienne}.

Exemple : pour illustrer l'utilisation de cette fonction, nous allons nous intéresser au vecteur **v** suivant, réalisation d'une variable aléatoire de loi normale $\mathcal{N}(20, 4)$.

```
v <- rnorm(5000, 20, 2)
```

Le résultat du test statistique est :

```
(res.sh <- shapiro.test(v))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  v
## W = 0.99962, p-value = 0.4678
```

Interprétation : la formule de la statistique de test W retournée est donnée dans cette page https://fr.wikipedia.org/wiki/Test_de_Shapiro-Wilk. Sous H_0, plus W est grand, plus la compatibilité avec la loi normale est crédible. Ici, la valeur-p est égale à 0.4677509, ce qui implique que la statistique de test n'est pas une valeur "anormale", et donc on ne peut pas rejeter l'hypothèse nulle H_0.

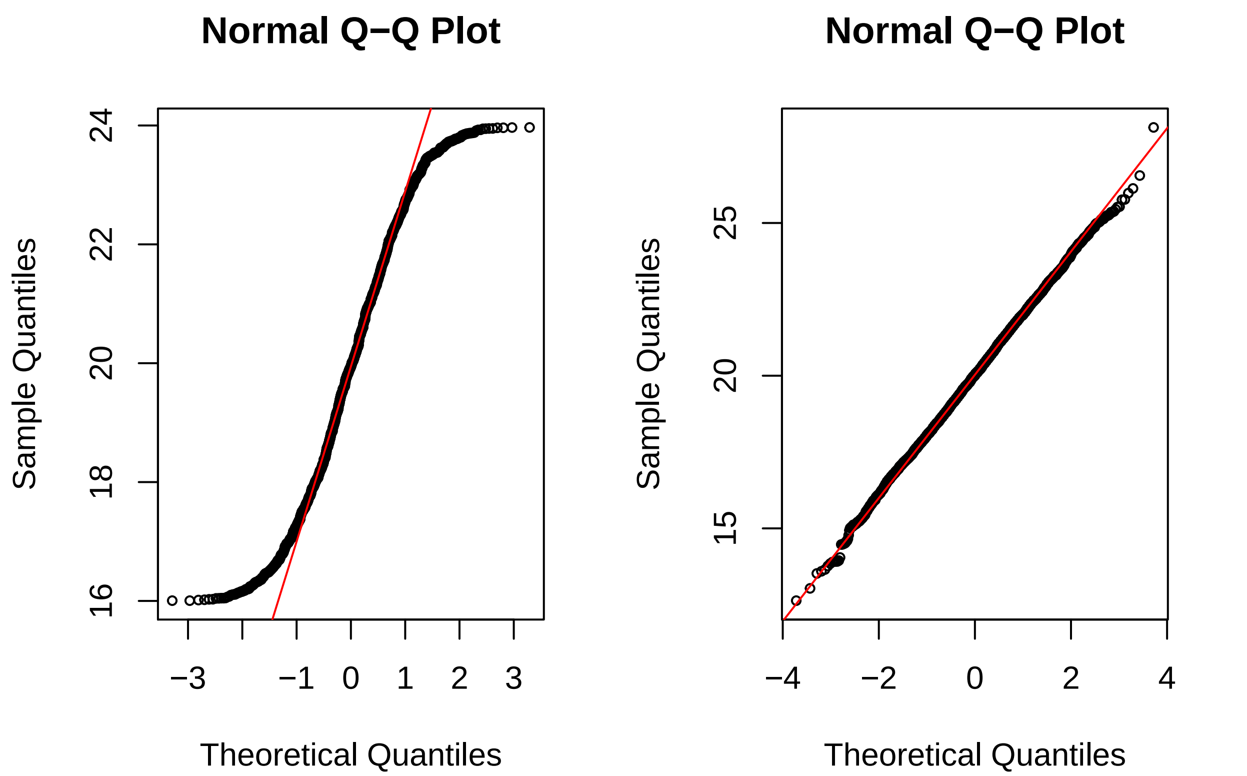
1.2.1.3 Le QQ (Quantile-Quantile) plot "gaussien"

Le principe du QQ-plot "général" est de comparer la position de certains quantiles dans la population observée avec leur position dans la population théorique.

Le QQ-plot gaussien est un outil graphique qui permet d'apprécier visuellement la normalité d'une variable quantitative. La fonction à utiliser est la fonction *qnorm()*.

Exemple sur les variables **u** et **v** :

```
op <- par(mfrow = c(1, 2))
qqnorm(u, cex = 0.6)
qqline(u, col = "red")
qqnorm(v, cex = 0.6)
qqline(v, col = "red")
```




```r
par(op)
```

Interprétation statistique : si les points sont alignés autour de la droite tracée par la fonction *qqline()*, c'est que la distribution de la variable étudiée est celle d'une loi normale. Ceci peut se voir dans les figures ci-dessus qui confirment que l'échantillon représenté à gauche n'est pas issue d'une loi normale, ce qui n'est pas le cas de l'échantillon à droite.

Remarque : pour mieux comprendre ce que représente la fonction *qqnorm()*, voici une autre façon d'obtenir le même graphique.

```r
plot(qnorm(ppoints(length(v)), 0, 1), sort(v))
abline(lm(quantile(v, c(0.25, 0.75)) ~ qnorm(c(0.25, 0.75))),
        col = "blue")
```

1.2.2 Test de comparaison à une moyenne

Pour comparer la moyenne d'un échantillon à une valeur fixée a priori, il existe plusieurs méthodes, selon que l'on puisse supposer ou non la normalité de l'échantillon en notre possession. Si une telle supposition peut être faite, on utilise alors le test de Student, effectué par la fonction *t.test()*. Dans le cas contraire, on a recours au test non paramétrique des rangs signés de Wilcoxon (*Wilcoxon signed-rank test* en anglais), effectué par la fonction *wilcox.test()*.

1.2.2.1 Le test de Student

Ici, il s'agit du cas où on sait que la distribution de la variable X est normale, de moyenne μ inconnue et de variance σ^2 inconnue. Le test de Student est mis en oeuvre dans **R** par la fonction *t.test()*. Prenons ici un échantillon **u** de taille 100, issu d'une loi normale de moyenne 0.5 et de variance 1 :

```r
u <- rnorm(100, 0.5, 1)
```

Supposons qu'on se retrouve avec cette échantillon sans en connaître les paramètres (mais en sachant que la distribution est normale), et qu'on souhaite vérifier que la moyenne est différente de 0. Pour cela, on va choisir l'hypotèse nulle suivante $H_0 : \{\mu = 0\}$ contre $H_1 : \{\mu \neq 0\}$.

Remarque : nous avons choisi comme hypoyhèse nulle, l'hypothèse que l'on souhaite rejeter. C'est en général ce que l'on fait de telle sorte qu'on ait un test plus puissant.

En précisant le vecteur contenant l'échantillon et la moyenne à comparer (argument **mu**), on obtient le résultat du test par la commande :

```
(res.ttest <- t.test(u, mu = 0))
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  u
## t = 5.759, df = 99, p-value = 9.544e-08
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.3716268 0.7623189
## sample estimates:
## mean of x
## 0.5669729
```

La formule de la statistique de test t retournée par la fonction *t.test()* est donnée dans cette page https://fr.wikipedia.org/wiki/Test_de_Student. Sous $H_0 : \{\mu = 0\}$, la valeur de t est supposée suivre une loi de Student à $(n-1)$ degrés de libertés (99 ici puisque l'échantillon est de taille 100). On va donc regarder comment se comporte la statistique de test t par rapport à une telle loi.
La probabilité qu'une observation soit supérieure à la valeur de la statistique de test en valeur absolue $|t| = 5.7589962$ (il s'agit d'un test bilatéral par défaut) est inférieure à 0.0000001 (faible probabilité). Autrement dit, la valeur de t ne semble pas être issue d'une loi de Student à $n-1$ degrés de libertés et par conséquent, on ne peut pas accepter l'hypothèse nulle (la valeur de μ n'est pas égale à 0).

Parmi les autres résultats qui sont affichés par la fonction, on trouve la valeur de la moyenne calculée sur l'échantillon ($\bar{x} = 0.5669729$) ainsi que l'intervalle de confiance associé à 95%. En d'autres termes, si on avait choisi une valeur de μ comprise dans cet intervalle de confiance, on n'aurait pas pu rejeter l'hypothèse nulle.

Remarque 1 : la fonction rappelle quelle est l'hypothèse alternative. Ici, on peut lire **alternative hypothesis: true mean is not equal to 0**.

Remarque 2 : dans les modèles de régression linéaire, on utilise un test de Student pour tester la nullité de chacun des paramètres β_i.

1.2.2.2 Le test de Wilcoxon

Pour ce test, on se place dans le cas d'un échantillon de faible taille et/ou dont on ne connait pas la distribution. On sait seulement qu'elle est symétrique. Prenons par exemple un échantillon **s** issu d'une loi de Student à 5 degrés de liberté :

```
s <- rt(120, 5)
mean(s)
```

```
## [1] 0.01584314
```

La moyenne calculée sur cet échantillon est proche de 0. On veut donc savoir si elle l'est significativement.

```
(res.wilco <- wilcox.test(s, mu = 0))
```

```
##
##  Wilcoxon signed rank test with continuity correction
```

```
##
## data:  s
## V = 3764, p-value = 0.7266
## alternative hypothesis: true location is not equal to 0
```

La formule de la statistique de test V est donnée dans cette page https://fr.wikipedia.org/wiki/Test_de_Wilcoxon-Mann-Whitney. Sous $H_0 : \{\mu = 0\}$, la probabilité qu'une observation soit supérieure à la valeur de la statistique de test $V = 3764$ est 0.7266246, ce qui n'est donc pas un fait rare. On ne peut pas rejeter l'hypothèse nulle et on admet donc que `s` est issu d'une distribution dont l'espérance vaut 0.

Remarque : pour retrouver la statistique de test V, on effectue le calcul suivant.

```r
rank <- 1:length(s)
min(sum(rank[s[order(abs(s))] > 0]),
    sum(rank[s[order(abs(s))] < 0]))
```

```
## [1] 3496
```

1.2.3 Test de comparaison à une proportion

Lors d'un sondage réalisé auprès de 1000 individus, 521 d'entre eux ont affirmé apprécié la marque X. On peut représenter ce resultat sous forme de table de contingence :

Table 1:

apprecie_Oui	apprecie_Non	nombre_total
521	479	1,000

L'enseigne souhaiterait vérifier que plus de 50% de la population addhère à la marque. Pour cela, une façon de faire est de tester l'hypothèse $H_0 : p < 0.5$, où p est le pourcentage de la population ayant adhéré à la marque.

La statistique de test calculée est celle du χ^2. Cette statistique consiste à comparer les effectifs empiriques à ceux dits théoriques sous l'hypothèse nulle. Ici, la statistique de test sera égal à :

```r
(521 - 500)^2/500 + (479 - 500)^2/500
```

```
## [1] 1.764
```

Elle s'obtient directement au moyen de la fonction *prop.test()*. On précise ici l'argument **aternative="greater"** (qui spécifie que pour l'hypothèse alternative, on regrade $H_1 : \pi > 0.5$).

```r
(res.prop <- prop.test(521, 1000, p = 0.5, alternative = "greater",
                       correct = F))
```

```
##
##  1-sample proportions test without continuity correction
##
## data:  521 out of 1000, null probability 0.5
## X-squared = 1.764, df = 1, p-value = 0.09206
## alternative hypothesis: true p is greater than 0.5
## 95 percent confidence interval:
##  0.4949939 1.0000000
## sample estimates:
##     p
## 0.521
```

Sous H_0, la statistique de test est supposée être issue d'une loi de χ^2 à 1 degré de liberté. Ici, la valeur-p (0.0920632) est supérieure à 5%, autrement dit la valeur de la statistique de test n'est pas "anormale" (1.764) et on ne peut donc pas rejeter l'hypothèse nulle. L'enseigne devra encore revoir sa communication pour améliorer l'image de sa marque pour convaincre "significativement" plus de la moitié de la population.

1.3 Problèmes à deux ou plusieurs échantillons

Lorsque l'on dispose de deux ou plusieurs échantillons, la question se pose de savoir s'ils proviennent de la même population. On verra qu'avant d'effectuer un test, il faudra déterminer si les 2 échantillons sont indépendants ou appariés, dont on rappelle les deux définitions suivantes :

- **Données indépendantes** : les observations sont indépendantes à l'intérieur de chaque échantillon et d'un échantillon à l'autre. Exemple : résultats scolaires filles et garçons, dosage d'un produit chez 2 groupes de patients ayant reçu une molécule ou un placebo.
- **Données appariées** : les mêmes individus sont soumis à 2 mesures successives d'une même variable. Exemple : notes de copies soumises à une double correction, dosage d'un produit avant et après un traitement chez les mêmes individus.

Comme pour le paragraphe précédent, les tests ne seront pas les mêmes, suivant que l'on ait ou non pu faire l'hypothèse de la normalité des 2 distributions. Dans le premier cas, le test se décompose en deux phases en comparant successivement la variance et la moyenne.

1.3.1 Tests de comparaison de variance

1.3.1.1 Test de Fisher (sous hypothèse de normalité)

La comparaison des variances de deux échantillons est réalisée par le test de Fisher, à l'aide de la fonction *var.test()*. L'hypothèse nulle est la suivante : $H_0 : \{\frac{\sigma_1}{\sigma_2} = 1\}$ (égalité des variances).

Simulons 2 échantillons **u1** et **u2** issus respectivement d'une $\mathcal{N}(\mu_1 = 20, \sigma_1^2 = 25)$ et d'une $\mathcal{N}(\mu_2 = 25, \sigma_2^2 = 25)$.

```r
u1 <- rnorm(150, 20, 5)
u2 <- rnorm(120, 25, 5)
```

Dans ces conditions, on doit s'attendre à ne pas rejeter l'hypothèse H_0. C'est ce que l'on va vérifier :

```r
(res.var <- var.test(u1, u2))
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  u1 and u2
## F = 0.9403, num df = 149, denom df = 119, p-value = 0.7187
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.6655577 1.3196757
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.9403031
```

Interprétation : la statistique de test F est basée sur le rapport des variances empiriques ($\frac{s_{u1}^2}{s_{u2}^2}$). Sous H_0, F est supposée être issue d'une loi de Fisher à 149 (taille du 1er échantillon moins 1) et 119 (taille du 2ème échantillon moins 1) degrés de libertés. On regarde donc si cette statistique est très éloignée de la valeur 1. Dans notre exemple, la valeur-p n'étant pas un événement rare ($p - value = 0.7186719$) la statistique de test $F = 0.9403031$ est donc bien issue d'une loi de Fisher. On ne peut donc pas rejeter l'hypothèse d'égalité des variances. Une autre façon de déterminer l'issue du test est de regarder si la valeur 1 est comprise dans l'intervalle de confiance à 95%. Dans cet exemple, c'est bien le cas ce qui suggère que le rapport des variances n'est pas significativement différent de 1.

Remarque : la fonction *var.test()* ne peut s'appliquer qu'à deux échantillons, ce qui n'est pas le cas de la fonction suivante.

1.3.1.2 Test de Barlett (sous hypothèse de normalité)

Le test de comparaison de variance de Barlett rend possible, lui, la comparaison de plusieurs échantillons de tailles différentes, tous issus d'une loi normale. Simulons ici 3 échantillons **u1**, **u2** et **u3** issus respectivement de lois $\mathcal{N}(\mu_1 = 30, \sigma_1^2 = 81)$, $\mathcal{N}(\mu_2 = 30, \sigma_2^2 = 25)$ et $\mathcal{N}(\mu_3 = 30, \sigma_3^2 = 16)$.

```
u1 <- rnorm(100, 30, 9)
u2 <- rnorm(80, 30, 5)
u3 <- rnorm(110, 30, 4)
```

L'hypothèse nulle est donc ici $H_0 : \{\sigma_1 = \sigma_2 = \sigma_3\}$. De par la définition des 3 variances (81, 25 et 16), le test devrait conduire à rejeter l'hypothèse nulle d'égalité des variances. La fonction *bartlett.test()*, qui réalise ce test, admet deux arguments principaux : un vecteur numérique contenant toutes les observations (ici la concaténation de **u1**, **u2** et **u3** de taille $n = 290$) et un objet de type **factor** (de taille $n = 290$) indiquant l'échantillon d'appartenance.

```
x <- c(u1, u2, u3)
groupe <- as.factor(paste("G", c(rep(1, 100), rep(2, 80), rep(3, 110)), sep = ""))
(res.bart <- bartlett.test(x, groupe))
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  x and groupe
## Bartlett's K-squared = 48.475, df = 2, p-value = 2.977e-11
```

Interprétation: la formule de la statistique de test qui permet d'obtenir la valeur retournée par la fonction est donnée dans cette page https://fr.wikipedia.org/wiki/Test_de_Bartlett. L'hypothèse alternative n'est pas rappelée dans la sortie. On regarde dans l'aide de la fonction et on peut lire : "Performs Bartlett's test of the null that the variances in each of the groups (samples) are the same".

Sous H_0, la statistique de test est supposée être issue d'une loi de χ^2 à 2 degrés de libertés. Dans cet exemple, la valeur-p est très faible, ce qui sous-entend que la statistique de test est anormalement grande $K = 48.4750869$ par rapport à une loi du χ^2 à 2 degrés de libertés. On rejette donc bien l'hypothèse nulle : toutes les variances ne sont pas égales.

Remarque : pour utiliser la fonction *bartlett.test()*, on peut également utiliser la syntaxe de type **formula** à partir d'un **data.frame**. Pour cela, on créé d'abord le **data.frame** :

```
test_groupe <- data.frame(x = x, groupe = groupe)
head(test_groupe)
```

```
##          x groupe
## 1 42.24399     G1
## 2 25.23731     G1
## 3 33.23491     G1
## 4 28.14750     G1
## 5 41.88340     G1
## 6 41.78205     G1
```

Ensuite, on utilise la syntaxe suivante :

```r
(res.bart <- bartlett.test(x ~ groupe, data = test_groupe))
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  x by groupe
## Bartlett's K-squared = 48.475, df = 2, p-value = 2.977e-11
```

1.3.2 Tests de comparaison des moyennes

1.3.2.1 Echantillons supposés de lois gaussiennes

La principale fonction permettant de réaliser un test paramétrique de comparaison de moyennes d'échantillons issus de lois normales est *oneway.test()* (basé sur la statistique de test de Fisher). La fonction *t.test()* (basée sur la statistique de test de Student) le permet également, mais est restreinte à la comparaison de seulement 2 échantillons. Toutefois, la fonction *t.test()* permet de mentioner le fait que les échantillons sont appariés ou non.

Exemple : on a mesuré la hauteur (en mètres) de 12 arbres selon deux méthodes différentes, avant et après la coupe de l'arbre. Ces données sont extraites de D. Chessel et A.B. Dufour (Biométrie et Biologie Evolutive, Université de Lyon 1), Pratique des tests élémentaires.

```r
debout <- c(20.4, 25.4, 25.6, 25.6, 26.6, 28.6, 28.7, 29.0, 29.8, 30.5, 30.9, 31.1)
abattu <- c(21.7, 26.3, 26.8, 28.1, 26.2, 27.3, 29.5, 32.0, 30.9, 32.3, 32.3, 31.7)
arbres <- c(debout, abattu)
groupe <- as.factor(c(rep("debout", 12), rep("abbatu", 12)))
```

Dans un premier temps, on traite les deux échantillons comme s'ils étaient **indépendants**, de lois normales et on vérifie que le test d'égalité des variances vu précédemment ne peut être rejeté :

```r
var.test(debout, abattu)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  debout and abattu
## F = 0.89819, num df = 11, denom df = 11, p-value = 0.8619
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.2585696 3.1200517
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.8981929
```

1.3.2.2 Cas de données indépendantes

Une fois ceci vérifié, on peut ensuite faire le test de comparaison des moyennes en utilisant une des fonctions *oneway.test()* ou *t.test()* et en précisant que les variances des échantillons sont les mêmes (option **var.equal=TRUE**).

```r
(res.F <- oneway.test(arbres ~ groupe, var.equal = TRUE))
```

```
##
##  One-way analysis of means
##
## data:  arbres and groupe
```

```
## F = 0.67994, num df = 1, denom df = 22, p-value = 0.4185
```

La statistique de test F est celle utilisée dans un modèle d'analyse de variance (on pourra voir la p.9 du document suivant : http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf) pour plus de précisions sur sa définition. Cette statistique de test est supposée être issue d'une loi de Fisher à 1 degré de liberté au numérateur (le nombre de groupes moins 1) et 22 au dénominateur (la taille totale de l'échantillon moins le nombre de groupes).

Remarque : comme les données sont non appariés, cela revient à dire qu'elles sont indépendantes. Dans ce cas, la taille de l'échantillon est $12 + 12 = 24$.

Sous $H_0 : \{\mu_1 = \mu_2\}$, la statistique de test de Fisher $F = 0.6799435$ n'est pas anormalement grande, la valeur-p ne reflétant pas un évenement rare ($p - value = 0.4184573$), c'est donc qu'on ne ne peut pas rejeter l'hypothèse nulle, autrement dit les deux échantillons ont une moyenne qui n'est pas significativement différente.

Remarque : dans ce cas particulier, on aurait pu faire un test de Student avec la fonction *t.test()* dans la mesure où nous avons seulement deux échantillons. Dans ce cas, l'hypothèse nulle est $H_0 : \{\mu_1 - \mu_2 = 0\}$ et la formule de la statistique de test est donnée à la p. 7 de http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf. Cela nous aurait conduit exactement à la même conclusion, les deux tests étant ici équivalents.

1.3.2.3 Cas de données appariées

A présent, nous allons considérer les deux échantillons comme étant **appariés**, ce qui est effectivement le cas puisqu'il s'agit des mêmes individus (les arbres) qui ont été mesurés selon deux façons différentes. On va donc utiliser la fonction *t.test()*, celle-ci nous permetant d'utiliser l'option **paired = TRUE**. On garde l'hypothèse d'égalité des variances. Dans ce cas, l'hypothèse nulle est $H_0 : \{\mu_1 - \mu_2 = 0\}$.

```
(res.ttest <- t.test(arbres ~ groupe, paired = TRUE, var.equal = TRUE))
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data:  arbres by groupe
## t = 3.2343, df = 11, p-value = 0.007954
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.3434464 1.8065536
## sample estimates:
## mean of the differences
##                   1.075
```

Interprétation : la formule de la statistique de test est donnée à la p. 8 de http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf. Cette statistique de test est supposée suivre une loi de Student dont le degré de liberté vaut la taille de l'échantillon moins 1 (ici 11).

Remarque : comme les données sont appariées, cela revient à dire qu'on considère que même si une observation a été observée deux fois (debout et abbatu), elle ne va compter que pour une autre observation (contrairement au cas indépendant). Dans ce cas, la taille de l'échantillon est 12.

Dans ce cas, la valeur-p étant inférieure au seuil de 5%, cela implique que la statistique de test n'est pas issue d'une loi de Student à 11 degrés de liberté. L'hypothèse H_0 ne peut donc être acceptée. Autrement dit, la moyenne n'est pas la même dans les deux groupes. Cette conclusion n'est pas la même que celle où on a supposé les données indépendantes, d'où l'importance de bien faire la distinction entre données appariées et données indépendantes.

1.3.2.4 Echantillons de lois quelconques

Si aucune hypothèse n'a pu être faite sur la distribution des variables, nous pouvons avoir recours à un test non paramétrique : le test de Kruskall-Wallis ou celui de Mann-Whitney.

1.3.2.4.1 Test non paramétrique de Mann-Whitney

Le test de Mann-Whitney est utilisée lorsque l'on ne peut faire l'hypothèse de normalité pour les distributions des deux échantillons. Dans la littérature anglo-saxonne, il est connu sous le nom de *Wilcoxon rank-sum test*. Il est réalisé dans **R** par la fonction *wilcox.test()*. Il s'agit de la même fonction utilisée pour le test de comparaison à une moyenne. En fait, selon les arguments qu'on lui donne, cette dernière n'effectue pas les mêmes tests. Dans le cas qui nous intéresse ici, en indiquant le nom des deux vecteurs, nous obtiendrons le résultat de la comparaison entre la différence des moyennes et l'argument **mu**, égal à 0 par défaut. Dans ce cas, l'hypothèse nulle est $H_0 : \{\mu_1 - \mu_2 = 0\}$.

Exemple : la concentration d'un produit est mesurée sur 2 échantillons indépendants de tailles respectives $n_1 = 5$ et $n_2 = 6$. Il est à noter que lorsque les échantillons sont de petites tailles (ce qui n'est pas rare, notamment dans les expériences biologiques), les test non paramétriques sont à privilégier. Voici les mesures :

```
ech.1 <- c(1.31, 1.46, 1.85, 1.58, 1.64)
ech.2 <- c(1.49, 1.32, 2.01, 1.59, 1.76, 1.86)
x <- c(ech.1, ech.2)
groupe <- factor(c(rep("G1", 5), rep("G2", 6)))
```

On souhaite savoir si les données sont significativement différentes dans les 2 groupes. Pour cela, on utilise la fonction *wilcox.test()* :

```
wilcox.test(ech.1, ech.2, mu = 0)
```

```
##
##  Wilcoxon rank sum test
##
## data:  ech.1 and ech.2
## W = 10, p-value = 0.4286
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Interprétation : La statistique de test est donnée à la p.13 de https://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf. Il n'y a pas de lois connus, mais elle a été tabulée (autrement dit, pour chaque valeur de la statistique de test, est associée une valeur-p). Sous H_0 (hypothèse sous laquelle les moyennes des deux échantillons sont égales), la valeur-p étant égale à 0.4286 cela signifie que la statistique de test $W = 10$ n'est pas anormalement petite. On ne peut donc pas rejeter l'hypothèse nulle.

Remarque : comment peut-on retrouver manuellement la statistique de test W renvoyée par **R** ?

Etape 1

- 1. Classer toutes les observations par ordre croissant
- 2. Affecter son rang à chaque observation
- 3. Calculer la somme des rangs d'un échantillon (en général celui de plus petite taille).

Ici, on calcule la statistique W_1 de l'échantillon le plus petit :

```
(w1 <- sum(rank(x)[groupe == "G1"]))
```

```
## [1] 25
```

Etape 2

La statistique de test utilisée dans la fonction *wilcox.test()* consiste à construire la statistique de test W obtenue à partir de W_1 : $W = W_1 - n_1(n_1 + 1)/2 = 10$. Elle correspond au nombre total de fois où un élément de l'échantillon 1 dépasse un élément de l'échantillon 2. On comprend donc que plus W est petit, plus cela implique que l'échantillon 1 aurait de petites valeurs comparées à l'échantillon 2.

1.3.2.4.2 Test non paramétrique de Kruskall-Wallis

Il est possible de comparer les moyennes de plusieurs échantillons avec le test non paramétrique de Kruskall-Wallis. Ce dernier est utile lorsque l'on se trouve face à plusieurs échantillons dont on ne connait pas la distribution. Il est mis en oeuvre par la fonction *kruskal.test()*. On reprend l'exemple précédent et on considère un troisième échantillon :

```
ech.3 <- c(2.49, 2.32, 3.01, 2.59, 2.76, 2.86)
x <- c(ech.1, ech.2, ech.3)
groupe <- factor(c(rep("G1", 5), rep("G2", 6), rep("G3", 6)))
```

Dans ce cas, l'hypothèse nulle est $H_0 : \{\mu_1 = \mu_2 = \mu_3\}$.

On utilise la fonction *kruskal.test()* ainsi :

```
(res.krus <- kruskal.test(x ~ groupe))
```

```
##
##  Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  x by groupe
## Kruskal-Wallis chi-squared = 11.359, df = 2, p-value = 0.003414
```

La formule de la statistique de test est donnée à la p. 13 de https://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/Wikistat/pdf/st-l-inf-tests.pdf. Sous H_0 (hypothèse sous laquelle les moyennes de tous les échantillons sont égales), la valeur-p étant égale à 0.0034145, cela implique que la statistique de test est anormalement grande ($K = 11.3594771$). On ne peut donc pas ici accepter l'hypothèse nulle.

1.4 Tests de corrélation

Les tests de corrélation peuvent se baser, au moins, sur trois "statistiques" différentes : le coefficient de corrélation linéaire de Pearson, le τ de Kendall et le ρ de Spearman. Ces trois méthodes sont disponibles dans la fonction *cor.test()*. Pour réaliser un test de corrélation entre deux variables, il suffit donc d'indiquer, en argument de cette fonction, les noms des deux vecteurs contenant les observations, ainsi que la méthode choisie (option **method**). Pour "affiner" le test, comme la plupart des fonctions de tests vues précédemment, il est également possible d'en préciser le type unilatéral ou bilatéral (option **alternative**) et le niveau de confiance (option **conf.level**).

Remarque : ce test peut être vu comme un test appliqué à deux échantillons appariés, dans la mesure où les variables X et Y ont été observées sur la même population.

Exemple : on considère la matrice des corrélations des variables quantitatives du jeu de données **iris**. On rappelle que la cellule (i, j) représente le coefficient de corrélation linéaire de Pearson r_{ij} entre la variable X_i et X_j.

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
Sepal.Length	1.0000000	-0.1175698	0.8717538	0.8179411
Sepal.Width	-0.1175698	1.0000000	-0.4284401	-0.3661259
Petal.Length	0.8717538	-0.4284401	1.0000000	0.9628654
Petal.Width	0.8179411	-0.3661259	0.9628654	1.0000000

Au vue de la matrice des corrélations, on se pose la question si le coefficient de corrélation linéaire de Pearson entre les variables **Sepal.Length** et **Sepal.Width** est significativement différent de 0. L'hypothèse nulle est donc : $H_0 : \{r = 0\}$. On utilise ici l'option par défaut **method = pearson**.

```
with(iris, cor.test(Sepal.Length, Sepal.Width))
```

```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
## data:  Sepal.Length and Sepal.Width
## t = -1.4403, df = 148, p-value = 0.1519
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.27269325  0.04351158
## sample estimates:
##        cor
## -0.1175698
```

La formule de la statistique de test t donnée dans https://en.wikipedia.org/wiki/Pearson_correlation_coefficient#Testing_using_Student.27s_t-distribution est supposée suivre une loi de Student à $(n-2)$ degrés de liberté (ici 148). La valeur-p qui est au-dessus du seuil de 5% indique que la valeur de la statistique de test n'est pas "anormale" et peut donc être assimilée à une loi de Student à 148 degrés de liberté. On ne peut donc pas rejeter l'hypothèse nulle, et donc affirmer que le coefficient de corrélation linéaire de Pearson n'est pas significativement différent de 0. Il n'existe pas de "lien linéaire" significatif entre les deux variables.

Remarque : on constate que la valeur 0 est comprise dans l'intervalle de confiance à 95%, ce qui confirme que le coefficient de corrélation linéaire de Pearson n'est pas significativement différent de 0.

1.5 Test d'indépendance de deux caractères

Les tests d'indépendance entre deux caractères reposent sur une table de contingence. Selon l'existence ou non de cellules ne comportant que peu d'observations (le seuil est à 5), le test utilisé sera différent. Dans le premier cas, le test du χ^2 sera utilisé. Dans le second, ce sera le test non paramétrique exact de Fisher. Pour illustrer ces tests, nous allons simuler un cas classique : on cherche à savoir si le fait de présenter une caractéristique particulière (exemple : le fait de fumer) a une influence sur la réponse à un traitement. On a donc deux vecteurs X et Y avec pour variable, deux modalités ("nonfumeur" et "fumeur") pour X et ("pas de problème" et "problème") pour Y. Ici, on n'observe pas directement les variables X et Y, mais la table de contingence qui se construit, on le rappelle, avec la commande *table()* :

```
m <- matrix(c(14, 10, 20, 45), 2, 2, byrow = TRUE)
rownames(m) <- c("non fumeur", "fumeur")
colnames(m) <- c("pas pbme", "pbme")
tab <- as.table(m)
```

On obtient la table de contingence suivante :

	pas pbme	pbme
non fumeur	14	10
fumeur	20	45

Remarque : si on avait disposé du jeu de données original (cf table ci-dessous), aurait pu utiliser directement la fonction *table()* pour obtenir la table de contingence.

Table 4: Extrait du jeu de données original

fumeur	probleme
TRUE	TRUE
TRUE	TRUE
FALSE	FALSE
FALSE	TRUE
FALSE	FALSE
FALSE	TRUE
TRUE	TRUE

L'hyothèse nulle est ici H_0 : $\{$ X et Y sont indépendantes$\}$.

1.5.1 Test d'indépendance du χ^2

Pour ces 2 variables, nous nous retrouvons dans le cas où les cellules contiennent au moins 5 observations. Le test est donc valable. Pour utiliser la fonction *chisq.test()*, on a le choix de mettre comme argument directement les variables qualitatives, ou bien directement la table de contingence. Ici, on indique donc la table de contingence :

```
(res.chisq <- chisq.test(tab, simulate.p.value = TRUE))
```

```
##
##  Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 2000
##  replicates)
##
## data:  tab
## X-squared = 5.6411, df = NA, p-value = 0.03248
```

L'objet créé par la fonction contient les effectifs observés (**res.chisq$observed**), les effectifs théoriques (**res.chisq$expected**), et les résidus de Pearson (**res.chisq$residuals**). On peut retrouver ainsi la valeur de la statistique de test en utilisant la formule :

$$\chi^2 = \sum_i \sum_j \frac{(n_{ij} - n_{ij}^{th})^2}{n_{ij}^{th}}$$

où n_{ij} est la valeur observée dans la ligne i et colonne j de la table de contingence et $n_{ij}^{th} = \frac{n_{i.}n_{.j}}{n}$ est la fréquence théorique sous l'hypothèse que les variables X et Y sont indépendantes.

```
sum((res.chisq$observed-res.chisq$expected)^2/res.chisq$expected)
```

```
## [1] 5.64106
```

On a choisi ici l'option **simulate.p.value = TRUE** qui signifie que la valeur-p n'est pas obtenue en utilisant une table théorique d'une loi de χ^2 à $(I-1)\times(J-1)$ degrés de libertés (I et J sont les nombres de modalités de X et Y), mais par une méthode de simulation de Monte Carlo. C'est pourquoi ici le degré de liberté n'est pas disponible (NA i.e. Non Available).
La valeur-p étant très faible (0.0324838), cela indique que la statistique de test est une valeur peu probable, et on ne peut donc pas accepter l'hypothèse d'indépendance des deux variables. Le fait de fumer peut donc entraîner des complications pendant le traitement.

1.5.2 Test exact de Fisher

Ce test est particulièrement utile lorsque des cellules de la table de contingence à étudier sont inférieures à 5. Les calculs utilisés pour construire la statistique de test ne sont pas triviaux (ils font appel à des factorielles qui peuvent être compliqués à calculer), mais la fonction *fisher.test()* fait appel à un algorithme qui permet de faire ces calculs.

```
(res.F <- fisher.test(tab))
```

```
##
##  Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:  tab
## p-value = 0.02635
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  1.076182 9.323975
## sample estimates:
## odds ratio
##   3.106185
```

Comme pour le test d'indépendance du χ^2, la valeur-p (0.0263478) nous conduit à rejeter l'hypothèse nulle d'indépendance de X et Y.