

TP Statistique

Gabriel Canaple

19 Janvier 2024

(décrire la régression, l'état des résidus, le test de normalité, est-elle centrée, variance est constante ? indépendance ?) test de shapiro, student, chi2 régression linéaire = chap 6 du cours $y = ax + b + \text{epsilon}$ y = variable expliquée a, b = inconnues x = variable explicative epsilon = résidus test de pertinence : $a=0$? test de biais : $b=0$?

on peut aussi avoir plusieurs variables explicatives : $y = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_nx_n + \text{epsilon}$

PENSER A définir le risque alpha pour chacun des tests (si on sait pas quoi prendre prendre 5%)

Voici le plan de ce qui sera fait dans le TP.

0. Visualisation de chemins

Lecture du fichier des villes :

```
set.seed(35)
villes <- read.csv('DonneesGPSvilles.csv',header=TRUE,dec='.',sep=';',quote="\")
str(villes)
```

```
## 'data.frame': 22 obs. of 5 variables:
## $ EU_circo : chr "Sud-Est" "Sud-Est" "Nord-Ouest" "Est" ...
## $ region : chr "Rhône-Alpes" "Corse" "Picardie" "Franche-Comté" ...
## $ ville : chr "Lyon" "Ajaccio" "Amiens" "Besançon" ...
## $ latitude : num 45.7 41.9 49.9 47.2 44.8 ...
## $ longitude: num 4.847 8.733 2.3 6.033 -0.567 ...
```

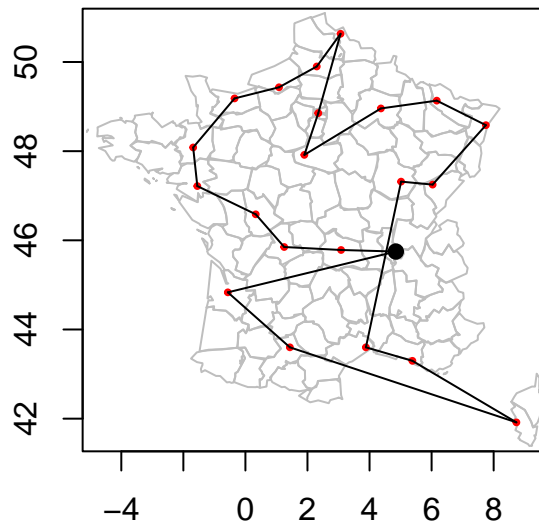
Représentation des chemins par plus proches voisins et du chemin optimal :

```
set.seed(35)
coord <- cbind(villes$longitude,villes$latitude)
dist <- distanceGPS(coord)
voisins <- TSPnearest(dist)

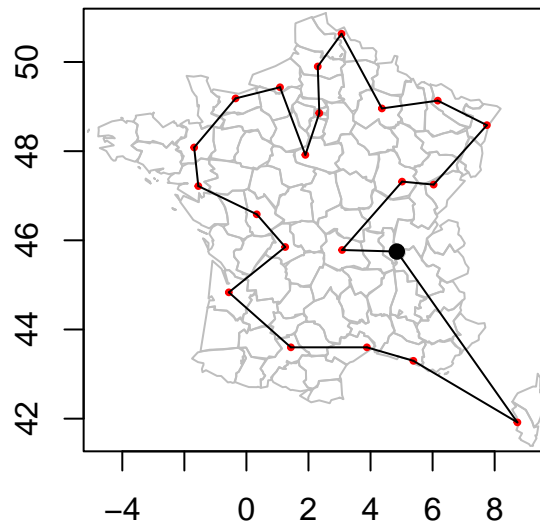
pathOpt <- c(1,8,9,4,21,13,7,10,3,17,16,20,6,19,15,18,11,5,22,14,12,2)

par(mfrow=c(1,2),mar=c(1,1,2,1))
plotTrace(coord[voisins$chemin,], title='Plus proches voisins')
plotTrace(coord[pathOpt,], title='Chemin optimal')
```

Plus proches voisins



Chemin optimal



Les longueurs des trajets (à vol d'oiseau) valent respectivement, pour la méthode des plus proches voisins :

```
## [1] 4303.568
```

et pour la méthode optimale :

```
## [1] 3793.06
```

Ceci illustre bien l'intérêt d'un algorithme de voyageur de commerce. Nous allons dans la suite étudier les performances de cet algorithme.

1. Comparaison d'algorithmes

Nombre de sommets fixes et graphes "identiques".

```
set.seed(35)
n <- 10 #nombre de noeud

#exemple de lancement unitaire
sommets <- data.frame(x = runif(n), y = runif(n))
couts <- distance(sommets)
TSPsolve(dist, 'nearest')
```

```
## [1] 4303.568
```

```

set.seed(35)

#calcul de plusieurs simulation de graphes qui seront analysées par les 5 méthodes
nsimu <- 50 #nombre de simu
methods <- c('arbitrary_insertion', 'repetitive_nn', 'two_opt', 'nearest', 'branch')
res <- array(0, dim=c(nsimu, length(methods)))
for(i in 1:nsimu){
  points <- data.frame(x = runif(n), y = runif(n))
  dist <- distance(points)
  res[i,] <- (sapply(methods, function(m){TSPsolve(dist, m)}))
}
colnames(res) <- c('insertion', 'repet_nn', 'two_opt', 'nearest', 'branch')
res

```

```

##      insertion repet_nn two_opt nearest branch
## [1,] 2.633229 2.633229 2.794858 3.115361 2.633229
## [2,] 2.825005 2.825005 2.825005 2.825005 2.825005
## [3,] 2.770953 2.772088 2.686786 2.772088 2.686786
## [4,] 2.190799 2.278822 2.383056 2.340315 2.190799
## [5,] 2.912380 2.912380 3.273722 3.190969 2.912380
## [6,] 2.595074 2.595074 2.595074 2.655550 2.595074
## [7,] 2.646389 2.645636 2.645636 2.646389 2.645636
## [8,] 2.745412 2.858674 2.858674 2.858674 2.745412
## [9,] 2.835688 2.923733 3.376079 3.859938 2.835688
## [10,] 3.373221 3.207543 3.862590 3.207543 3.176170
## [11,] 3.124444 3.124444 3.616421 3.124444 3.124444
## [12,] 2.890743 2.773278 2.773278 2.773278 2.773278
## [13,] 2.848830 2.844378 3.119311 2.844378 2.844378
## [14,] 2.519599 2.519599 2.728469 2.704847 2.519599
## [15,] 3.184302 3.461219 3.184302 3.677381 3.052222
## [16,] 2.884755 2.518767 2.518767 3.205048 2.518767
## [17,] 2.850912 3.068675 3.022136 3.633584 2.850912
## [18,] 2.354301 2.561375 2.452921 2.952219 2.354301
## [19,] 3.061982 3.047227 3.047227 3.047227 3.047227
## [20,] 2.740308 2.926457 2.954929 3.176949 2.721728
## [21,] 3.564941 3.653052 4.192473 3.653052 3.372445
## [22,] 3.781262 3.482438 3.631811 3.669414 3.429176
## [23,] 2.657181 2.556435 3.224014 2.974170 2.556435
## [24,] 2.461914 2.461914 2.589318 2.830472 1.577505
## [25,] 2.744475 2.744475 2.955204 2.744475 2.744475
## [26,] 2.803303 2.844387 3.003194 2.861528 2.803303
## [27,] 3.364041 3.364041 4.145997 3.469081 3.364041
## [28,] 2.979277 3.002270 3.472056 3.002270 2.979277
## [29,] 3.262933 3.175538 3.314849 3.428114 3.175538
## [30,] 2.591442 2.689641 2.696248 2.782370 2.579881
## [31,] 3.230837 3.183502 3.195253 3.545229 3.080201
## [32,] 2.709654 2.874452 2.730658 3.313752 2.709654
## [33,] 2.680623 2.680623 2.680623 2.680623 2.680623
## [34,] 3.326839 3.326839 3.898505 3.337159 3.326839
## [35,] 2.580709 2.668735 2.855464 2.857004 2.580709
## [36,] 2.930667 3.103744 2.930667 3.103744 2.930667
## [37,] 2.647981 2.647981 3.472386 2.647981 2.647981
## [38,] 3.132980 3.151552 3.151552 3.568476 3.064892

```

```
## [39,] 3.265676 3.048137 3.048137 4.035719 3.048137
## [40,] 3.287300 3.287300 3.287300 3.341229 3.188474
## [41,] 3.117638 3.216568 3.266287 3.261300 3.090471
## [42,] 2.831934 2.817945 2.817945 3.141993 2.817945
## [43,] 3.547758 3.196025 3.196025 3.413817 3.196025
## [44,] 2.894102 2.956698 2.956201 3.376576 2.894102
## [45,] 2.491742 2.658104 2.620072 2.841973 2.478914
## [46,] 2.359488 2.533346 3.180524 2.533346 2.359488
## [47,] 3.553958 3.374373 3.749130 3.611851 3.374373
## [48,] 2.390917 2.540526 2.975510 2.691639 2.390917
## [49,] 3.110281 3.334878 3.334878 3.800788 3.110281
## [50,] 2.575929 2.746920 2.575929 2.821483 1.960579
```

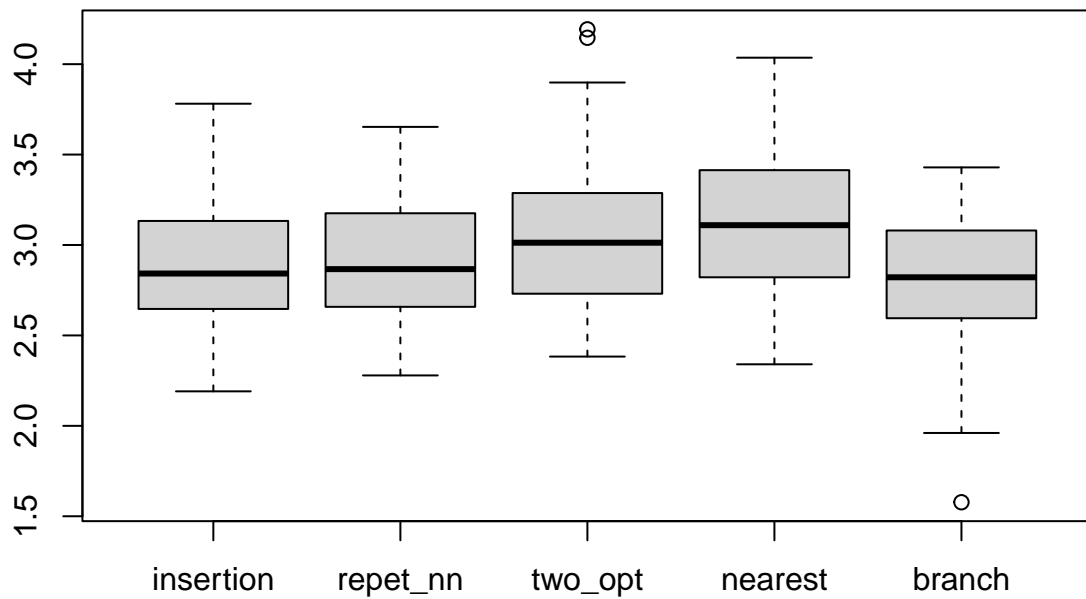
1.1. Longueur des chemins

Comparaison des longueurs de différentes méthodes :

- boxplots
- test entre 'nearest' et 'branch'
- tests 2 à 2

```
set.seed(35)
res2 <- as.vector(res)
meth_names <- c('insertion', 'repetitive_nn', 'two_opt', 'nearest', 'branch')
methods2 <- rep(meth_names, each=nsimu)

boxplot(res)
```



```
shapiro.test(res[,1])
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  res[, 1]
## W = 0.97675, p-value = 0.4246
```

```
shapiro.test(res[,2])
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  res[, 2]
## W = 0.97601, p-value = 0.3983
```

```
shapiro.test(res[,3])
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  res[, 3]
## W = 0.95152, p-value = 0.03939
```

```
shapiro.test(res[,4])
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  res[, 4]  
## W = 0.96797, p-value = 0.1911
```

```
shapiro.test(res[,5])
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  res[, 5]  
## W = 0.95604, p-value = 0.06067
```

```
nearest_branch <- res[,4] - res[,5]  
shapiro.test(nearest_branch) #ne suit pas une loi normale
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  nearest_branch  
## W = 0.87519, p-value = 8.02e-05
```

```
t.test(res[,4], res[,5], alternative = "greater")
```

```
##  
## Welch Two Sample t-test  
##  
## data:  res[, 4] and res[, 5]  
## t = 4.0462, df = 97.621, p-value = 5.211e-05  
## alternative hypothesis: true difference in means is greater than 0  
## 95 percent confidence interval:  
##  0.1814195      Inf  
## sample estimates:  
## mean of x mean of y  
##  3.119036  2.811328
```

```
result <- pairwise.t.test(res2,methods2, p.adjust.method = "bonferroni")
```

Analyse des boxplots

On observe qu'il n'y a pas de différence significative entre les algorithmes. Ils ont une moyenne proche, même si on remarque `two_opt` et `nearest` ont des valeurs globalement plus élevées que les trois autres, qui sont, eux, plus proches de 3.0 en valeur. `two_opt` se distingue aussi par une dispersion plus faible que celle des quatre autres.

Test de normalité

Avec un seuil de 5%, on ne rejette pas l'hypothèse nulle pour les tests de Shapiro-Wilk (qui est que la distribution suit une loi normale), donc les distributions pour nearest et branch suivent une loi normale.

Comparaison de nearest et de branch and bound

Nous effectuons une soustraction afin de limiter l'incertitude. Nous pouvons le faire car nos deux algorithmes ont été exécutés sur des échantillons appariés. Nous prenons comme risque α le seuil à 5%. La p-valeur obtenue pour l'hypothèse que la différence est inférieure à 0 est égale à 0.008%, nous rejetons donc l'hypothèse H_0 , et nous pouvons donc en conclure que la différence est significativement supérieure à 0. La p-valeur étant très inférieure à notre risque, nous pouvons être assez confiants dans notre conclusion.

Test deux à deux

Nous prenons un risque α égal à 5%. La seule différence notable est entre nearest et branch, avec une p-valeur inférieure à 5%. Nous avons choisi de répartir les algorithmes entre 4 groupes : - Le premier groupe est composé d'insertion, et de repetitive-nn. - Le deuxième groupe se constitue de nearest. - Le troisième groupe contient two-opt. - Le quatrième groupe contient branch and bound La philosophie de cette répartition est de rassembler les algorithmes similaires entre eux, et ayant des différences avec les même algorithmes. A compléter.

1.2. Temps de calcul

Comparaison des temps à l'aide du package microbenchmark.

Exemple d'application de microbenchmark :

```
set.seed(35)
microbenchmark(sqrt(x), x^0.5, times=100, setup={x <- runif(1)})

## Unit: nanoseconds
##      expr min  lq mean median  uq  max neval cld
##  sqrt(x) 100 100 160    100 200 2500   100   a
##   x^0.5 100 200 226    200 200 3900   100   a
```

Exemple d'application de la fonction TSPsolve :

```
set.seed(35)

microbenchmark::microbenchmark(TSPsolve(jeuDeDonnees, method=methods[1]), TSPsolve(jeuDeDonnees, method=

## Unit: microseconds
##              expr      min       lq      mean  median
## TSPsolve(jeuDeDonnees, method = methods[1])  425.2  476.95  553.525  521.95
## TSPsolve(jeuDeDonnees, method = methods[2]) 4069.7 4351.30 4913.065 4807.95
## TSPsolve(jeuDeDonnees, method = methods[3])  368.7  486.80  551.430  559.90
## TSPsolve(jeuDeDonnees, method = methods[4])   12.2   17.65   20.000   18.45
## TSPsolve(jeuDeDonnees, method = methods[5]) 1822.4 3167.05 4640.090 4142.65
##           uq      max neval cld
##    631.4    871.7    20   a
```

```
## 5440.7 6089.4 20 b
## 640.6 784.2 20 a
## 22.8 31.8 20 a
## 5489.2 12688.8 20 b
```

2. Etude de la complexité de l'algorithme Branch and Bound

2.1. Comportement par rapport au nombre de sommets : premier modèle

Récupération du temps sur 10 graphes pour différentes valeurs de n .

Ajustement du modèle linéaire de $\log(\text{temps})^2$ en fonction de n .

Analyse de la validité du modèle :

- pertinence des coefficients et du modèle,
- étude des hypothèses sur les résidus.

Dans un premier temps, nous considérons les graphes générés auparavant, c'est-à-dire,

```
set.seed(35)
sommets <- data.frame(x = runif(n), y = runif(n))
couts <- distance(sommets)
```

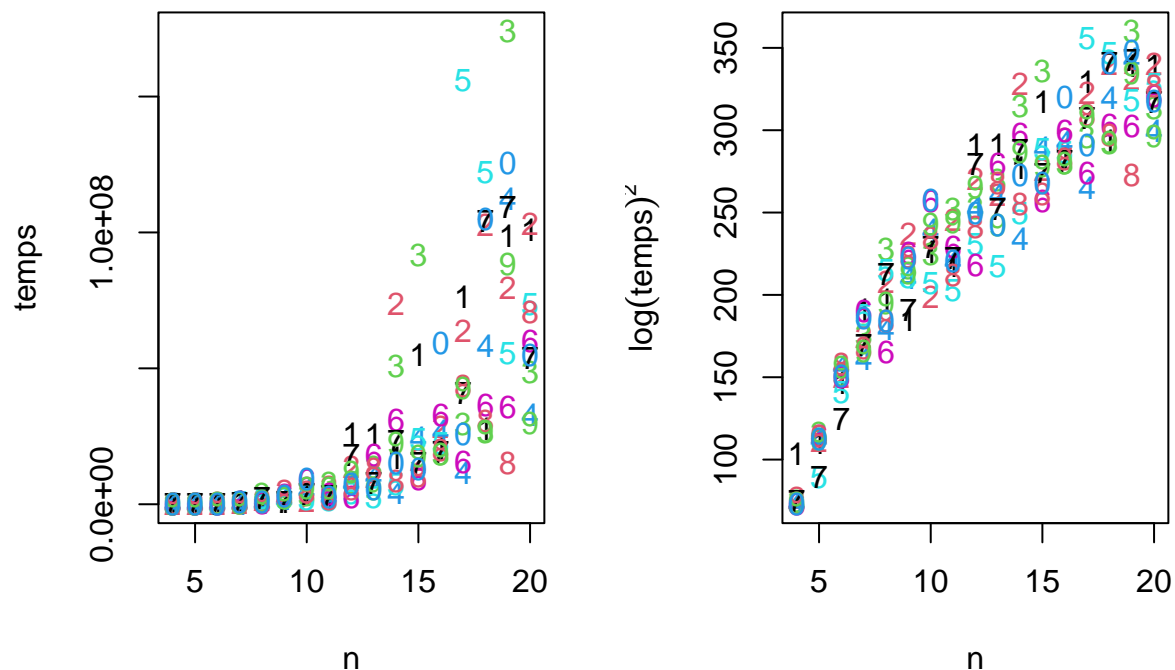
Nous construisons un modèle de régression linéaire simple du temps d'exécution de Branch&Bound en fonction du nombre de sommets n . Introduisons

```
set.seed(35)
seqn <- seq(4,20,1)
```

- Construire la matrice temps telle que la i ème ligne soit obtenue par :

```
set.seed(35)
temps <- matrix(nrow = length(seqn), ncol=10)
for (i in 1:17) {
  temps[i,] =
    microbenchmark(TSPsolve(couts, method = 'branch'),
      times = 10,
      setup = { n <- seqn[i]
        couts <- distance(cbind(x = runif(n), y = runif(n))) }
    )$time
}
```

```
set.seed(35)
par(mfrow=c(1,2)) # 2 graphiques sur 1 ligne
matplot(seqn, temps, xlab='n', ylab='temps')
matplot(seqn, log(temps)^2, xlab='n', ylab=expression(log(temps)^2))
```

```
set.seed(35)
vect_temps <- log(as.vector(temps))^2
vect_dim <- rep(seqn, times=10)
temps.lm <- lm(vect_temps ~ vect_dim)
summary(temps.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = vect_temps ~ vect_dim)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -64.007 -18.272   0.389  18.370  62.925
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  64.1554     5.3465   12.00  <2e-16 ***
## vect_dim     14.3604     0.4125   34.81  <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 26.35 on 168 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8783, Adjusted R-squared:  0.8775
## F-statistic: 1212 on 1 and 168 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Test de pertinence

Ici, la p-valeur de l'hypothèse $a=0$ (ligne vect_dim) est extrêmement inférieure à 5%, ainsi, l'hypothèse que $a=0$ est rejetée avec une grande confiance.

Etude du biais

Ici, la p-valeur de l'hypothèse $b=0$ (ligne vect_dim) est extrêmement inférieure à 5%, ainsi, l'hypothèse est rejetée avec une grande confiance.

Etude des résidus

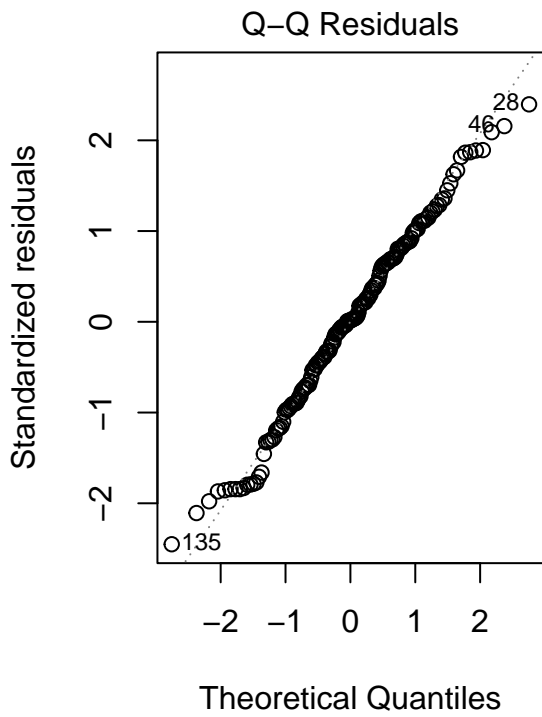
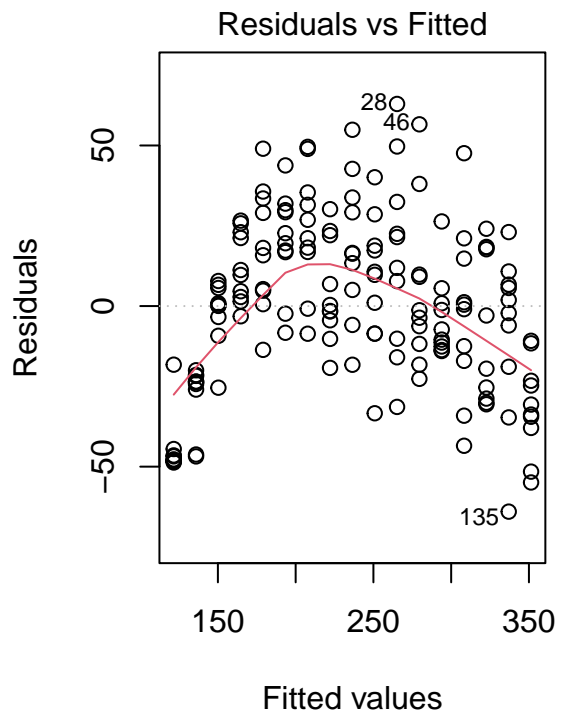
```
shapiro.test(residuals(temps.lm))
```

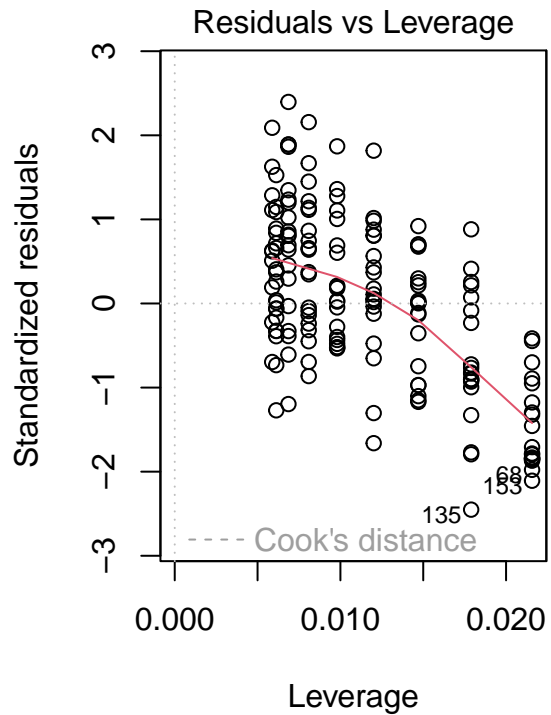
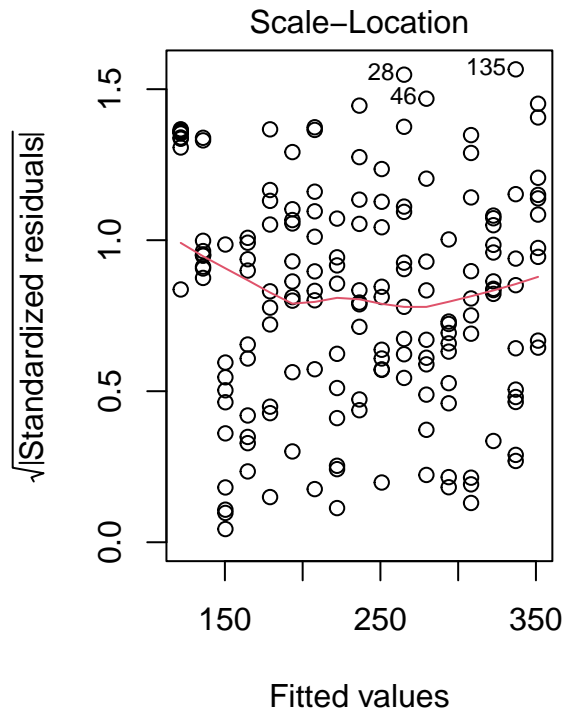
Test de normalité

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: residuals(temps.lm)  
## W = 0.99067, p-value = 0.3324
```

On obtient une pvalue = 0.37 > 5%. Les résidus suivent donc une loi normale ##### Etude graphique

```
par(mfrow=c(1,2)) # 4 graphiques sur 2 lignes et 2 colonnes  
plot(temps.lm)
```





Résiduels vs Fitted : la courbe n'est ni horizontale ni homogène. Normal Q-Q : L'ensemble des points sont sur la diagonale avec quelques exceptions (points 135 et 46). On peut en déduire que les résidus suivent une loi normale

Scale location : courbe moins concave que Résiduels vs Fitted mais toujours pas horizontale Residuals vs Leverage : les points sont éloignés de la distance de Cook = 1

Tests

Test d'espérance

Etude graphique

Tests

Test de variance

Etude graphique

Tests

Test d'indépendance

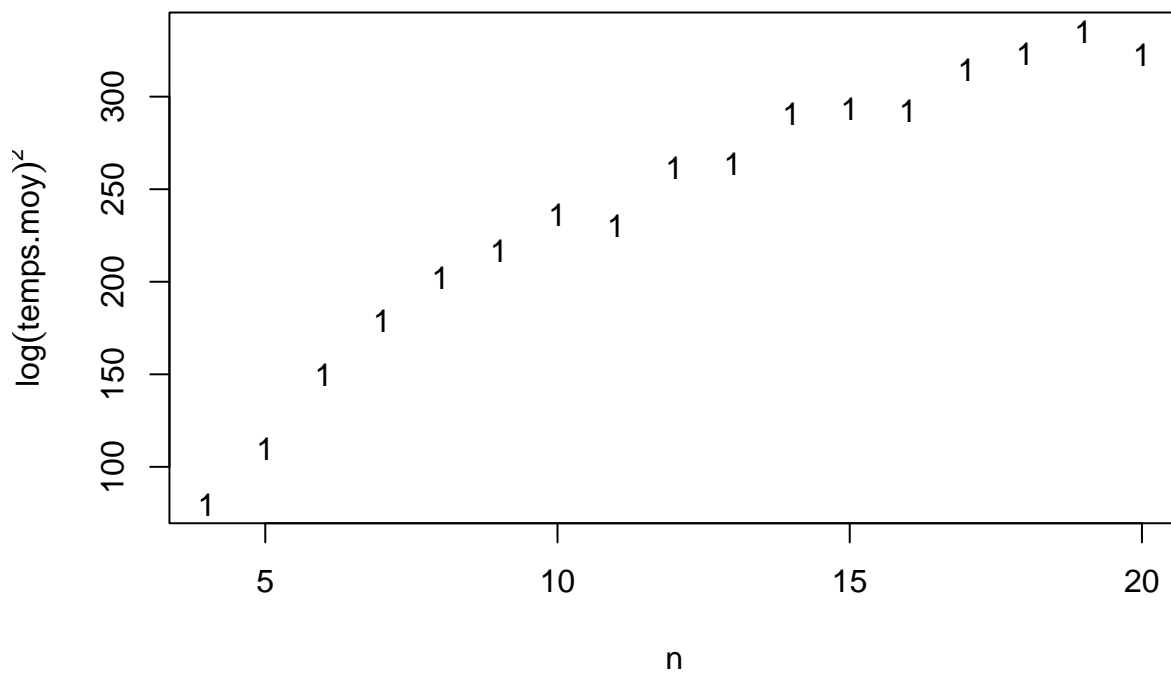
Etude graphique

2.2. Comportement par rapport au nombre de sommets : étude du comportement moyen

Récupération du temps moyen.

Ajustement du modèle linéaire de $\log(\text{temps.moy})^2$ en fonction de n .

```
temps.moy <- rowMeans(temps)
matplot(seqn, log(temps.moy)^2, xlab='n', ylab=expression(log(temps.moy)^2))
```



Analyse de la validité du modèle :

- pertinence des coefficients et du modèle,

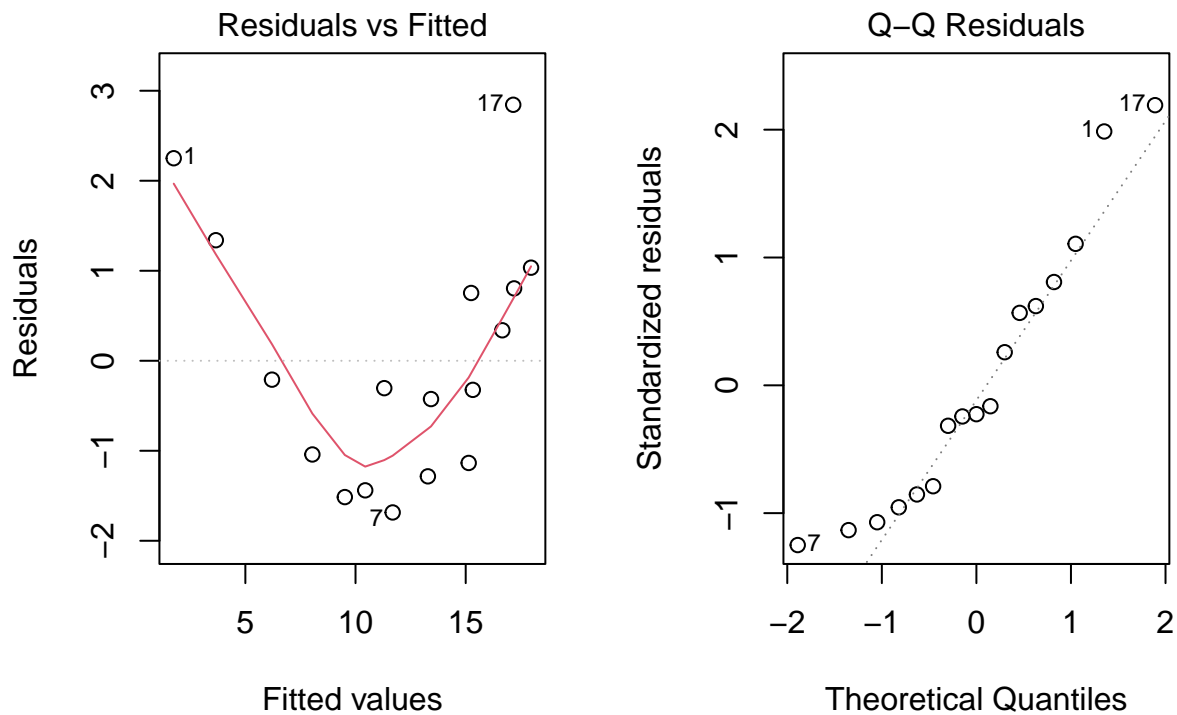
```
vect_moy <- log(as.vector(temps.moy))^2
vect_dim_moy <- rep(seqn)
temps.moy.lm <- lm(vect_dim_moy ~ vect_moy)
summary(temps.moy.lm)
```

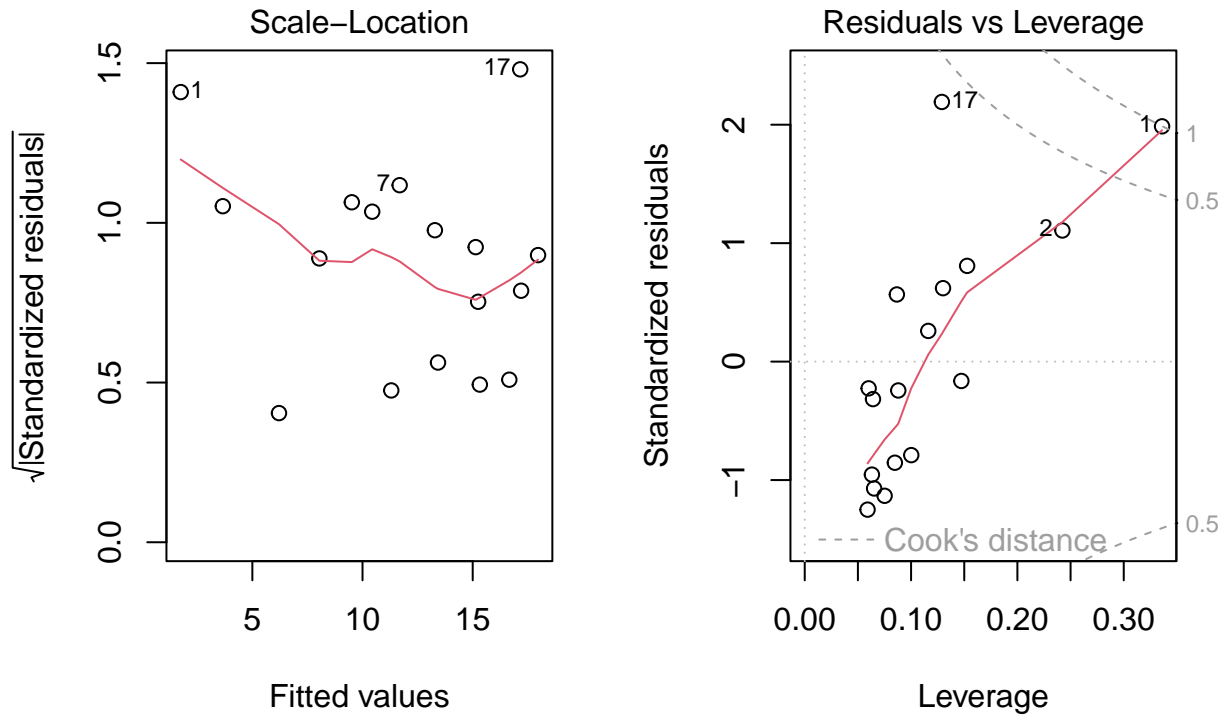
```
##
## Call:
## lm(formula = vect_dim_moy ~ vect_moy)
```

```
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.6853 -1.1354 -0.3044  0.8040  2.8441
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -3.312452   1.144366  -2.895   0.0111 *
## vect_moy     0.063473   0.004533  14.002 5.11e-10 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.39 on 15 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9289, Adjusted R-squared:  0.9242
## F-statistic: 196.1 on 1 and 15 DF,  p-value: 5.108e-10
```

- étude des hypothèses sur les résidus.

```
par(mfrow=c(1,2)) # 4 graphiques sur 2 lignes et 2 colonnes
plot(temps.moy.lm)
```





```
shapiro.test(residuals(temps.moy.lm))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  residuals(temps.moy.lm)
## W = 0.93371, p-value = 0.2509
```

2.3. Comportement par rapport à la structure du graphe

Lecture du fichier 'DonneesTSP.csv'.

```
data.graph <- read.csv(file='DonneesTSP.csv',header=TRUE)
str(data.graph)
```

```
## 'data.frame':  70 obs. of  8 variables:
## $ tps      : num  53692 144081 997803 2553322 6333009 ...
## $ dim      : int   4  6  8 10 12 14 16 18 20  4 ...
## $ mean.long: num   0.391 0.442 0.334 0.276 0.254 ...
## $ mean.dist: num   0.665 0.592 0.537 0.506 0.502 ...
## $ sd.dist  : num   0.276 0.259 0.246 0.238 0.227 ...
## $ mean.deg : num    3  5  7  9 11 13 15 17 19  3 ...
## $ sd.deg   : num    0  0  0  0  0  0  0  0  0 ...
## $ diameter : num    1  1  1  1  1  1  1  1  1 ...
```

Ajustement du modèle linéaire de $\log(\text{temps.moy})^2$ en fonction de toutes les variables présentes. Modèle sans constante.

```
data.graph$log.tps <- log(data.graph$tps) #log(donnees$tps)^2
data.graph$sqrt.dim <- sqrt(data.graph$dim)
data.graph$tps <- c() #on retire les variables tps et dim devenues inutiles
data.graph$dim <- c()
str(data.graph)
```

```
## 'data.frame': 70 obs. of 8 variables:
## $ mean.long: num 0.391 0.442 0.334 0.276 0.254 ...
## $ mean.dist: num 0.665 0.592 0.537 0.506 0.502 ...
## $ sd.dist : num 0.276 0.259 0.246 0.238 0.227 ...
## $ mean.deg : num 3 5 7 9 11 13 15 17 19 3 ...
## $ sd.deg : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## $ diameter : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ log.tps : num 10.9 11.9 13.8 14.8 15.7 ...
## $ sqrt.dim : num 2 2.45 2.83 3.16 3.46 ...
```

```
modele.complet = lm(data.graph$log.tps~., data = data.graph)
```

Mise en œuvre d'une sélection de variables pour ne garder que les variables pertinentes.

Analyse de la validité du modèle :

```
step(modele.complet)
```

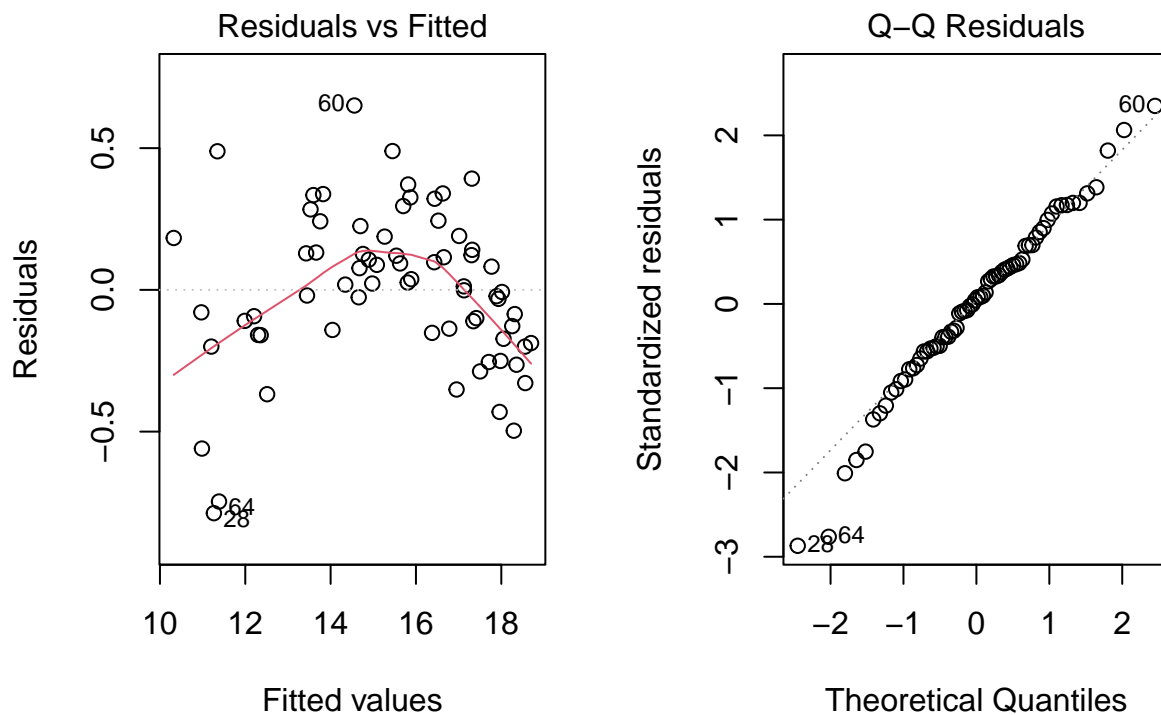
```
## Start: AIC=-165.23
## data.graph$log.tps ~ mean.long + mean.dist + sd.dist + mean.deg +
## sd.deg + diameter + sqrt.dim
##
##           Df Sum of Sq    RSS    AIC
## - diameter  1    0.0145  5.2711 -167.038
## <none>                        5.2566 -165.230
## - sd.deg    1    0.2182  5.4748 -164.384
## - mean.dist 1    0.3014  5.5581 -163.327
## - mean.deg  1    0.8757  6.1324 -156.444
## - mean.long 1    3.6951  8.9517 -129.965
## - sd.dist   1    4.4335  9.6902 -124.417
## - sqrt.dim  1   17.3311 22.5877  -65.176
##
## Step: AIC=-167.04
## data.graph$log.tps ~ mean.long + mean.dist + sd.dist + mean.deg +
## sd.deg + sqrt.dim
##
##           Df Sum of Sq    RSS    AIC
## <none>                        5.2711 -167.038
## - sd.deg    1    0.2065  5.4776 -166.349
## - mean.dist 1    0.6554  5.9265 -160.835
## - mean.deg  1    0.9820  6.2531 -157.080
## - mean.long 1    3.8220  9.0931 -130.869
## - sd.dist   1    4.9133 10.1844 -122.935
## - sqrt.dim  1   18.7788 24.0499  -62.785
```

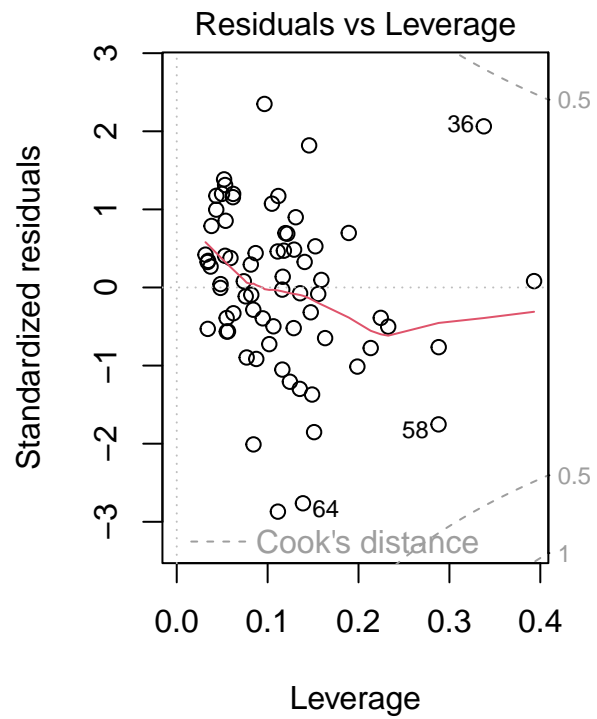
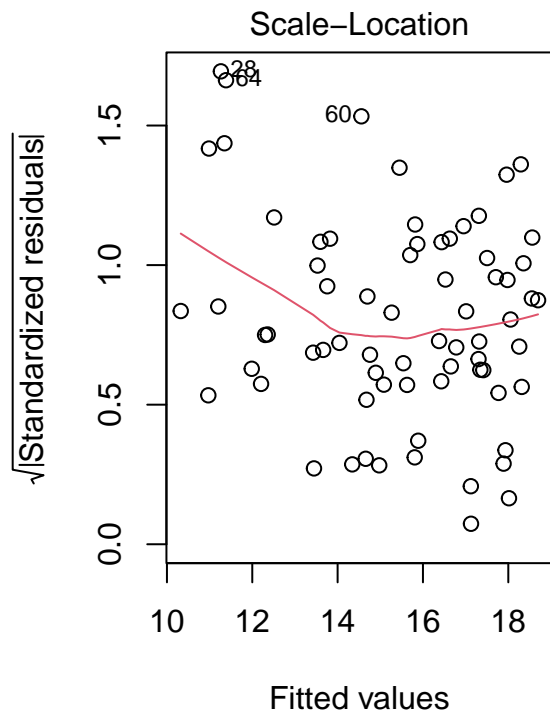


```
##
## Call:
## lm(formula = data.graph$log.tps ~ mean.long + mean.dist + sd.dist +
##     mean.deg + sd.deg + sqrt.dim, data = data.graph)
##
## Coefficients:
## (Intercept)    mean.long    mean.dist      sd.dist    mean.deg      sd.deg
##   6.396008    -4.854857    -0.002284     0.004883    -0.140823     0.126916
##   sqrt.dim
##   3.444077
```

- pertinence des coefficients et du modèle,
- étude des hypothèses sur les résidus.

```
par(mfrow=c(1,2)) # 4 graphiques sur 2 lignes et 2 colonnes
plot(modele.complet)
```





```
shapiro.test(residuals(modele.complet))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  residuals(modele.complet)
## W = 0.98289, p-value = 0.455
```