

# Botanica Iris : Analyse Exploratoire en R

Ce notebook a pour objectif d'explorer le dataset **Iris** à l'aide de **R**, de produire des visualisations, d'identifier des tendances, et de fournir une synthèse statistique claire.

```
In [21]: # Installer les packages manquants si besoin
packages <- c("GGally", "ggplot2", "dplyr", "tidyr", "corrplot", "kableExtra", "g
install_if_missing <- function(p) {
  if (!requireNamespace(p, quietly = TRUE)) install.packages(p)
}
invisible(lapply(packages, install_if_missing))
```

```
In [22]: # Chargement des packages
library(tidyverse)
library(ggplot2)
library(GGally)
library(corrplot)
library(kableExtra)
library(ggforce)
```

## Étape 1 : Exploration des Données

```
In [23]: # Chargement du dataset
data("iris")
head(iris)

# Aperçu structurel
str(iris)

# Aperçu visuel (fonction View seulement dans RStudio)
# View(iris)

# Noms des colonnes
names(iris)

# Espèces présentes
unique(iris$Species)

# Dimensions
dim(iris)

# Résumé statistique
summary(iris)

# Valeurs manquantes
colSums(is.na(iris))
```

A data.frame: 6 × 5

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<fct>
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa

'data.frame': 150 obs. of 5 variables:

\$ Sepal.Length: num 5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...

\$ Sepal.Width : num 3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...

\$ Petal.Length: num 1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...

\$ Petal.Width : num 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...

\$ Species : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...

'Sepal.Length' · 'Sepal.Width' · 'Petal.Length' · 'Petal.Width' · 'Species'

setosa · versicolor · virginica

## ► Levels:

150 · 5

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
Min. :4.300	Min. :2.000	Min. :1.000	Min. :0.100
1st Qu.:5.100	1st Qu.:2.800	1st Qu.:1.600	1st Qu.:0.300
Median :5.800	Median :3.000	Median :4.350	Median :1.300
Mean :5.843	Mean :3.057	Mean :3.758	Mean :1.199
3rd Qu.:6.400	3rd Qu.:3.300	3rd Qu.:5.100	3rd Qu.:1.800
Max. :7.900	Max. :4.400	Max. :6.900	Max. :2.500

Species

setosa :50

versicolor:50

virginica :50

**Sepal.Length: 0 Sepal.Width: 0 Petal.Length: 0 Petal.Width: 0 Species: 0**

## Analyse du dataset et interpretation des statistiques descriptives

### analyse du dataset

Le jeu de données Iris contient 150 observations réparties équitablement en 3 espèces :

- setosa
- versicolor
- virginica Chaque fleur est décrite par 4 variables numériques :
- Longueur et largeur du sépale ( `Sepal.Length` , `Sepal.Width` )

- Longueur et largeur du pétale ( `Petal.Length` , `Petal.Width` )

## Analyse du résumé statistique :

Chaque variable s'étend entre des valeurs min et max:

- `Sepal.Length` : entre 4.3 et 7.9 cm, moyenne  $\approx$  5.84 cm
- `Sepal.Width` : entre 2.0 et 4.4 cm, moyenne  $\approx$  3.06 cm
- `Petal.Length` : entre 1.0 et 6.9 cm, moyenne  $\approx$  3.76 cm
- `Petal.Width` : entre 0.1 et 2.5 cm, moyenne  $\approx$  1.20 cm
- Les pétales présentent des écarts beaucoup plus larges que les sépales, en particulier sur `Petal.Length` (écart : 5.9 cm).
- Cela indique une **plus grande variabilité** dans les dimensions des pétales, ce qui pourrait être utile pour distinguer les espèces.

## Étape 2 : Statistiques Descriptives & Corrélations

```
In [24]: ## Statistiques descriptives par espèce

# Setosa
setosa <- iris[iris$Species == "setosa", ]
summary(setosa)

# Versicolor
versicolor <- iris[iris$Species == "versicolor", ]
summary(versicolor)

# Virginica
virginica <- iris[iris$Species == "virginica", ]
summary(virginica)
```

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
Min. :4.300	Min. :2.300	Min. :1.000	Min. :0.100
1st Qu.:4.800	1st Qu.:3.200	1st Qu.:1.400	1st Qu.:0.200
Median :5.000	Median :3.400	Median :1.500	Median :0.200
Mean :5.006	Mean :3.428	Mean :1.462	Mean :0.246
3rd Qu.:5.200	3rd Qu.:3.675	3rd Qu.:1.575	3rd Qu.:0.300
Max. :5.800	Max. :4.400	Max. :1.900	Max. :0.600

Species

setosa :50  
versicolor: 0  
virginica : 0

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
Min. :4.900	Min. :2.000	Min. :3.00	Min. :1.000	setosa : 0
1st Qu.:5.600	1st Qu.:2.525	1st Qu.:4.00	1st Qu.:1.200	versicolor:50
Median :5.900	Median :2.800	Median :4.35	Median :1.300	virginica : 0
Mean :5.936	Mean :2.770	Mean :4.26	Mean :1.326	
3rd Qu.:6.300	3rd Qu.:3.000	3rd Qu.:4.60	3rd Qu.:1.500	
Max. :7.000	Max. :3.400	Max. :5.10	Max. :1.800	

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
Min. :4.900	Min. :2.200	Min. :4.500	Min. :1.400
1st Qu.:6.225	1st Qu.:2.800	1st Qu.:5.100	1st Qu.:1.800
Median :6.500	Median :3.000	Median :5.550	Median :2.000
Mean :6.588	Mean :2.974	Mean :5.552	Mean :2.026
3rd Qu.:6.900	3rd Qu.:3.175	3rd Qu.:5.875	3rd Qu.:2.300
Max. :7.900	Max. :3.800	Max. :6.900	Max. :2.500

Species

setosa : 0

versicolor: 0

virginica :50

```
In [25]: # Visualisation des Statistiques descriptives par espèce
# Calcul des statistiques pour les variables souhaitées
stats <- iris %>%
  group_by(Species) %>%
  summarise(across(
    c(Petal.Length, Petal.Width, Sepal.Length, Sepal.Width),
    list(
      Min = ~min(.),
      Q1 = ~quantile(., 0.25),
      Médiane = ~median(.),
      Q3 = ~quantile(., 0.75),
      Max = ~max(.),
      Moyenne = ~mean(.)
    ),
    .names = "{.col}_{.fn}"
  )) %>%
  pivot_longer(~Species, names_to = "stat", values_to = "value") %>%
  separate(stat, into = c("Variable", "Statistique"), sep = "_") %>%
  mutate(Statistique = factor(Statistique,
                              levels = c("Min", "Q1", "Médiane", "Q3", "Max", "Moyenne")))

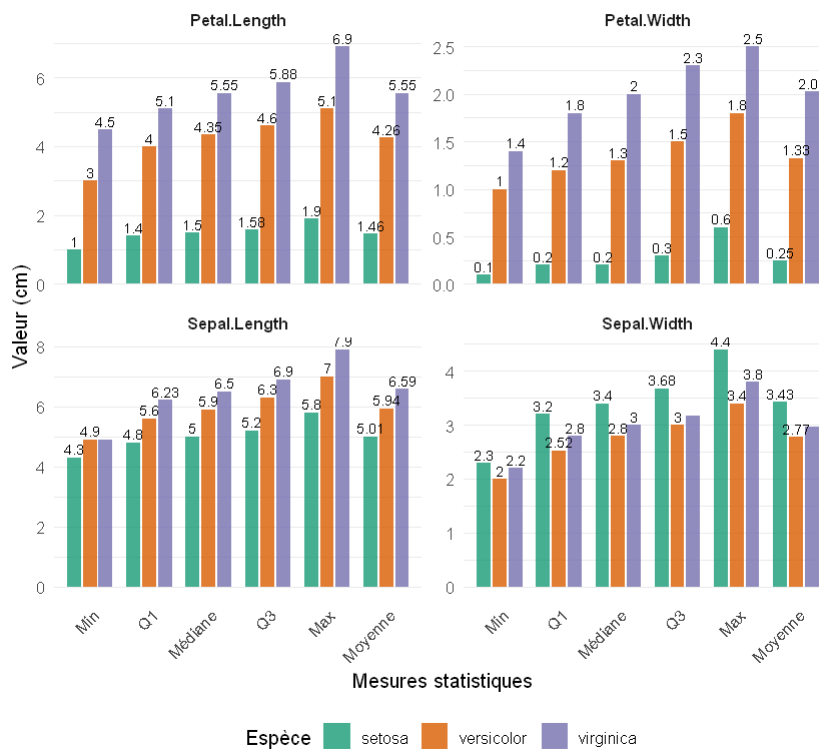
# Visualisation en barres
ggplot(stats, aes(x = Statistique, y = value, fill = Species)) +
  geom_col(position = position_dodge(width = 0.8), width = 0.7, alpha = 0.8) +
  facet_wrap(~Variable, scales = "free_y", ncol = 2) +
  scale_fill_manual(values = c("setosa" = "#1b9e77",
                              "versicolor" = "#d95f02",
                              "virginica" = "#7570b3")) +

  labs(
    title = "Statistiques descriptives par espèce",
    subtitle = "Incluant les quartiles",
    x = "Mesures statistiques",
    y = "Valeur (cm)",
    fill = "Espèce"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 12) +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
    legend.position = "bottom",
    panel.grid.major.x = element_blank(),
    strip.text = element_text(face = "bold")
  ) +
  geom_text(
    aes(label = round(value, 2)),
    position = position_dodge(width = 0.8),
```

```
vjust = -0.3,
size = 3,
check_overlap = TRUE
)
```

### Statistiques descriptives par espèce

Incluant les quartiles



## Interprétation des variables par espèce

### Sepal.Length

- Setosa : entre 4.3 et 5.8 cm, moyenne  $\approx 5.01$
  - Versicolor : entre 4.9 et 7.0 cm, moyenne  $\approx 5.94$
  - Virginica : entre 4.9 et 7.9 cm, moyenne  $\approx 6.59$
- Interprétation : La longueur des sépales augmente en moyenne d'une espèce à l'autre. Elle peut être utilisée pour distinguer Virginica des autres, mais Setosa et Versicolor présentent un léger recouvrement.

### Sepal.Width

- Setosa : entre 2.3 et 4.4 cm, moyenne  $\approx 3.43$
  - Versicolor : entre 2.0 et 3.4 cm, moyenne  $\approx 2.77$
  - Virginica : entre 2.2 et 3.8 cm, moyenne  $\approx 2.97$
- Interprétation : Setosa a des sépales plus larges en moyenne que les autres espèces. Bien qu'il y ait un recouvrement, cette variable peut aider à distinguer Setosa.

### Petal.Length

- Setosa : entre 1.0 et 1.9 cm, moyenne  $\approx 1.46$
- Versicolor : entre 3.0 et 5.1 cm, moyenne  $\approx 4.26$

- Virginica : entre 4.5 et 6.9 cm, moyenne  $\approx 5.55$  Interprétation : Les longueurs des pétales sont **très bien séparées** selon les espèces. Setosa est clairement isolée (aucune valeur au-dessus de 1.9), ce qui rend cette variable extrêmement utile pour la classification.

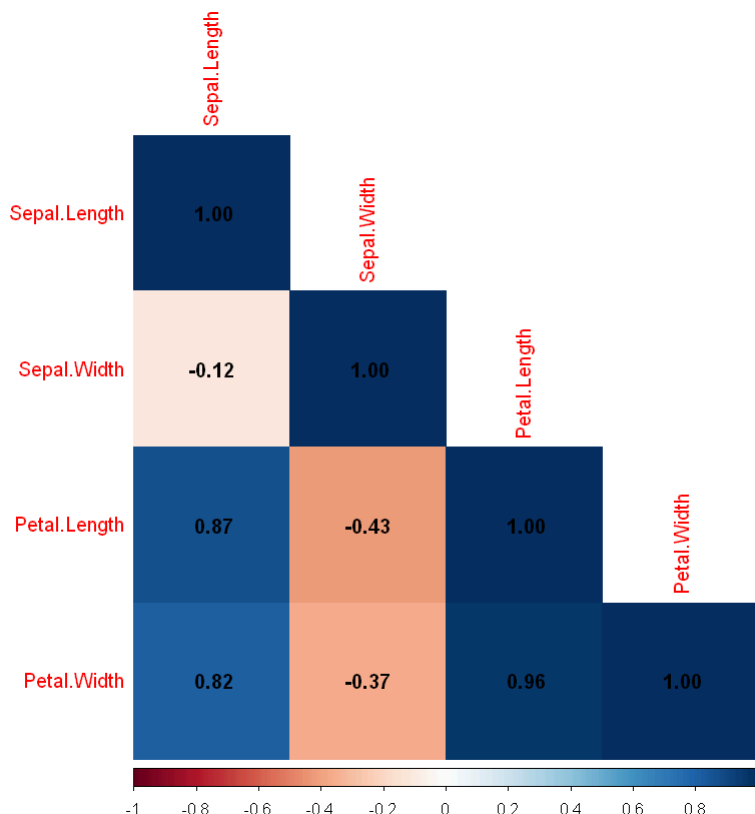
#### Petal.Width

- Setosa : entre 0.1 et 0.6 cm, moyenne  $\approx 0.25$
- Versicolor : entre 1.0 et 1.8 cm, moyenne  $\approx 1.33$
- Virginica : entre 1.4 et 2.5 cm, moyenne  $\approx 2.03$  Interprétation : Aucune valeur de `Petal.Width` de Setosa ne se recoupe avec celles de Versicolor et Virginica. C'est **la variable la plus discriminante** pour séparer Setosa des deux autres espèces.

#### Conclusion générale :

- Les deux variables les plus discriminantes sont `Petal.Length` et `Petal.Width`.
- Elles permettent une séparation quasi-parfaite des trois espèces.
- `Sepal.Length` et `Sepal.Width` sont utiles mais présentent davantage de recouvrement.

```
In [26]: # Matrice de corrélation
cor_matrix <- cor(iris[,1:4])
corrplot(cor_matrix, method = "color", type = "lower", addCoef.col = "black")
```



## Interprétation Corrélacion entre variables (Pearson)

- Corrélacion très forte :

- `Petal.Length` et `Petal.Width` :  $r = 0.96$  Cela indique une relation linéaire presque parfaite : les fleurs ayant de longs pétales ont aussi des pétales larges.

► Corrélations fortes :

- `Sepal.Length` et `Petal.Length` :  $r = 0.87$
- `Sepal.Length` et `Petal.Width` :  $r = 0.82$  Ces relations suggèrent que la taille du sépale est globalement liée à la taille du pétale. Cela peut être exploité dans des modèles prédictifs.

► Corrélations faibles ou négatives :

- `Sepal.Width` et les autres variables :
- `Sepal.Width` vs `Sepal.Length` :  $r = -0.12$
- `Sepal.Width` vs `Petal.Length` :  $r = -0.43$
- `Sepal.Width` vs `Petal.Width` :  $r = -0.37$  Cela signifie que les fleurs ayant de larges sépales n'ont pas nécessairement de grands pétales.

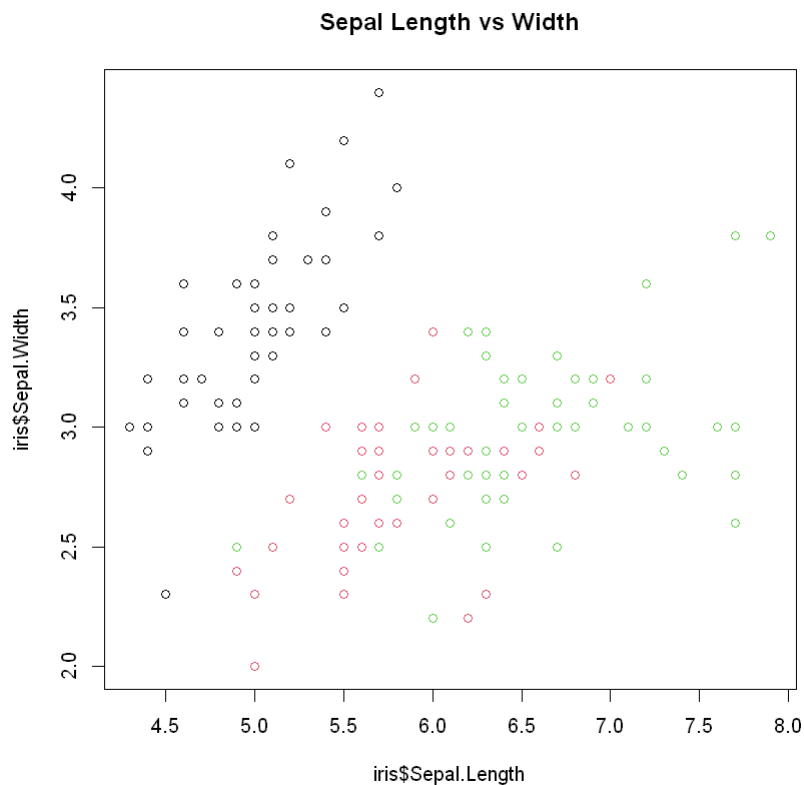
## Conclusion :

Les variables `Petal.Length` et `Petal.Width` sont non seulement fortement corrélées entre elles, mais aussi très utiles pour discriminer les espèces.

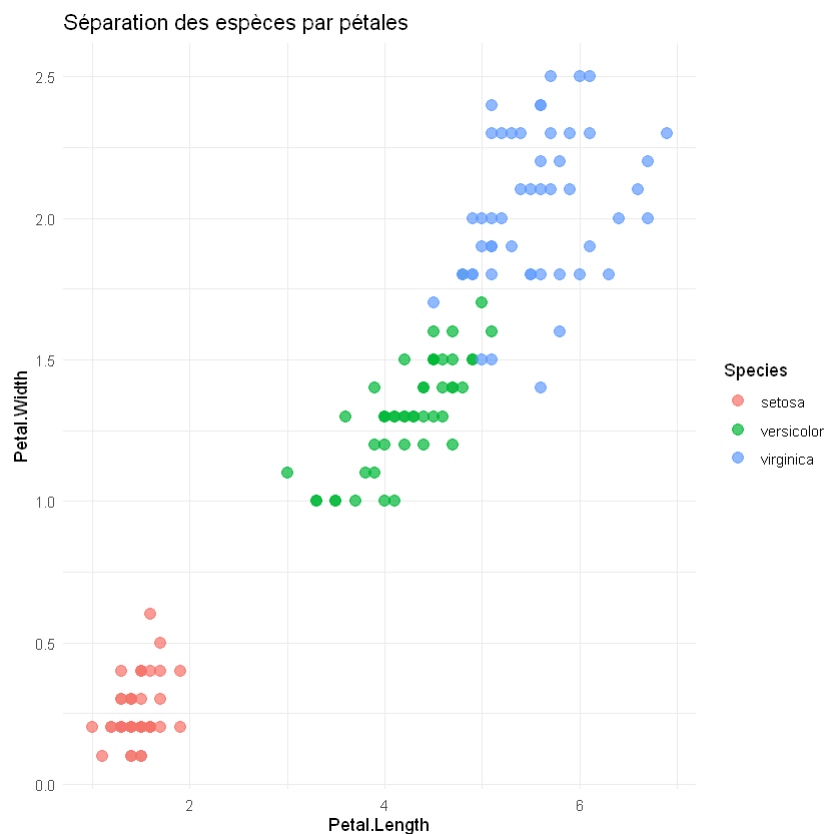
`Sepal.Width`, en revanche, est moins informatif.

## Étape 3 : Visualisations

```
In [27]: # Scatter plot sepal Length vs Width
plot(iris$Sepal.Length, iris$Sepal.Width,
     col = iris$Species,
     main = "Sepal Length vs Width")
```



```
In [28]: # Scatter plot : Petal.Length vs Petal.Width
ggplot(iris, aes(x = Petal.Length, y = Petal.Width, color = Species)) +
  geom_point(size = 3, alpha = 0.7) +
  theme_minimal() +
  labs(title = "Séparation des espèces par pétales")
```



## Comparaison des visualisations : sépales vs pétales



## Graphe 1 : Sepal.Length vs Sepal.Width

- Seule l'espèce Setosa (points foncés) forme un groupe identifiable (courts sépales larges).
- Versicolor et Virginica se chevauchent fortement. Conclusion : les dimensions des sépales **ne permettent pas** de séparer clairement les trois espèces.

## Graphe 2 : Petal.Length vs Petal.Width

- Setosa est nettement isolée en bas à gauche du graphique.
- Versicolor et Virginica forment deux groupes bien séparés malgré une zone de transition. Conclusion : les dimensions des pétales permettent une **classification quasi-parfaite**.

## conclusion

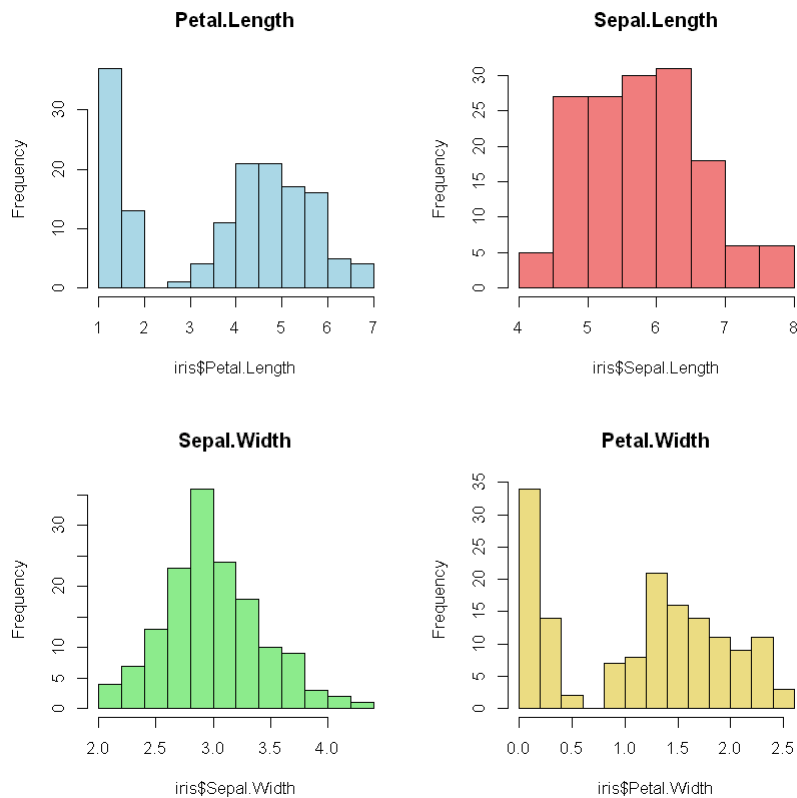
► Les variables liées aux **pétales** (longueur et largeur) sont bien plus discriminantes que celles des sépales pour différencier les trois espèces de fleurs.

► Cette analyse visuelle confirme les résultats de la **corrélation** et des **statistiques descriptives** : `Petal.Length` et `Petal.Width` sont les meilleurs candidats pour identifier les différentes espèces.

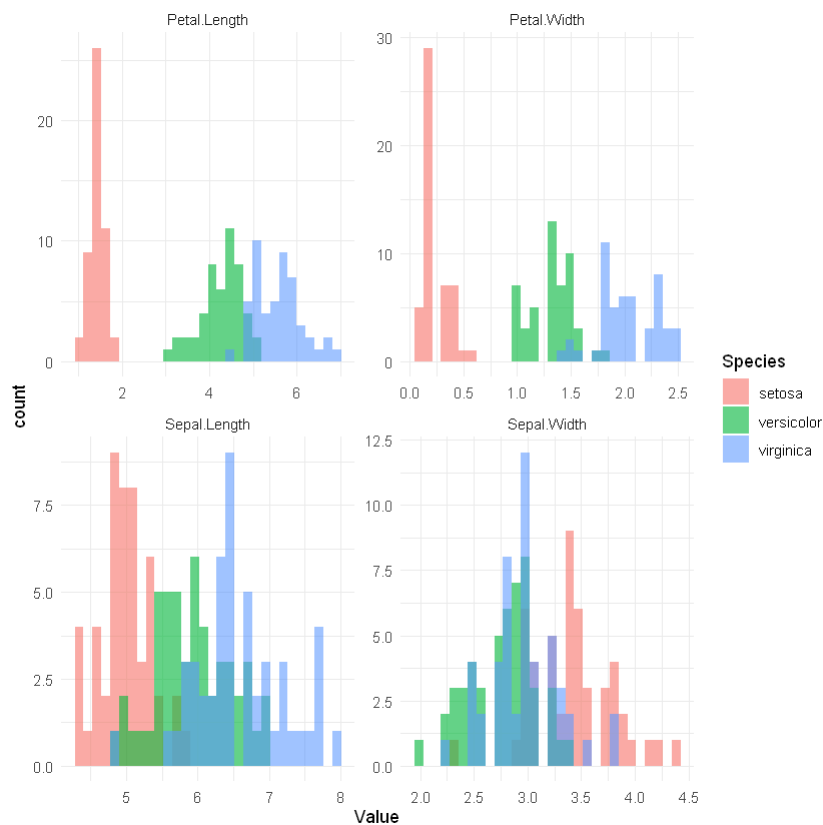
```
In [29]: # Histogrammes globaux pour chaque variable numérique
par(mfrow = c(2, 2)) # Affiche 4 graphiques (2 lignes x 2 colonnes)

hist(iris$Petal.Length, breaks = 10, col = "lightblue", main = "Petal.Length")
hist(iris$Sepal.Length, breaks = 10, col = "lightcoral", main = "Sepal.Length")
hist(iris$Sepal.Width, breaks = 10, col = "lightgreen", main = "Sepal.Width")
hist(iris$Petal.Width, breaks = 10, col = "lightgoldenrod", main = "Petal.Width")

par(mfrow = c(1, 1)) # Réinitialise l'affichage graphique
```



```
In [30]: # Histogrammes empilés par espèce pour chaque variable
iris %>%
  pivot_longer(cols = -Species, names_to = "Variable", values_to = "Value") %>%
  ggplot(aes(x = Value, fill = Species)) +
  geom_histogram(position = "identity", alpha = 0.6, bins = 30) +
  facet_wrap(~ Variable, scales = "free") +
  theme_minimal()
```



# Comparaison des histogrammes globaux et empilés

## Histogrammes globaux :

- Ils montrent la **répartition générale** de chaque variable pour l'ensemble du jeu de données.
- Petal.Length a une distribution clairement multimodale, suggérant plusieurs groupes.
- Sepal.Length est plus symétrique, mais légèrement étalé.
- Petal.Width a une grande concentration autour de faibles valeurs ( $\leq 0.5$ ), signe d'une espèce très différente.
- Sepal.Width est plus centré autour de 3.0, sans pic extrême.

Limite : ces graphiques **ne montrent pas les différences entre espèces**, car les données sont toutes mélangées.

## Histogrammes empilés par espèce:

- Ils permettent de visualiser la **répartition des valeurs pour chaque variable, selon l'espèce** :

- **Setosa** (rose) → très regroupée et souvent isolée
- **Versicolor** (vert) → distributions modérées
- **Virginica** (bleu) → valeurs plus étalées vers le haut

- Petal.Length et Petal.Width :

- Très forte séparation des espèces
- Aucune superposition entre Setosa et les deux autres → **très discriminantes**

- Sepal.Length :

- Les distributions de Versicolor et Virginica se chevauchent
- Setosa est plus concentrée dans les petites longueurs

- Sepal.Width :

- Moins discriminante, car les 3 espèces présentent des valeurs qui se recoupent

## Conclusion

- Les histogrammes globaux sont utiles pour une **vue d'ensemble** de la distribution, mais **ne permettent pas de distinguer les espèces**.

- Les histogrammes empilés par espèce révèlent que :

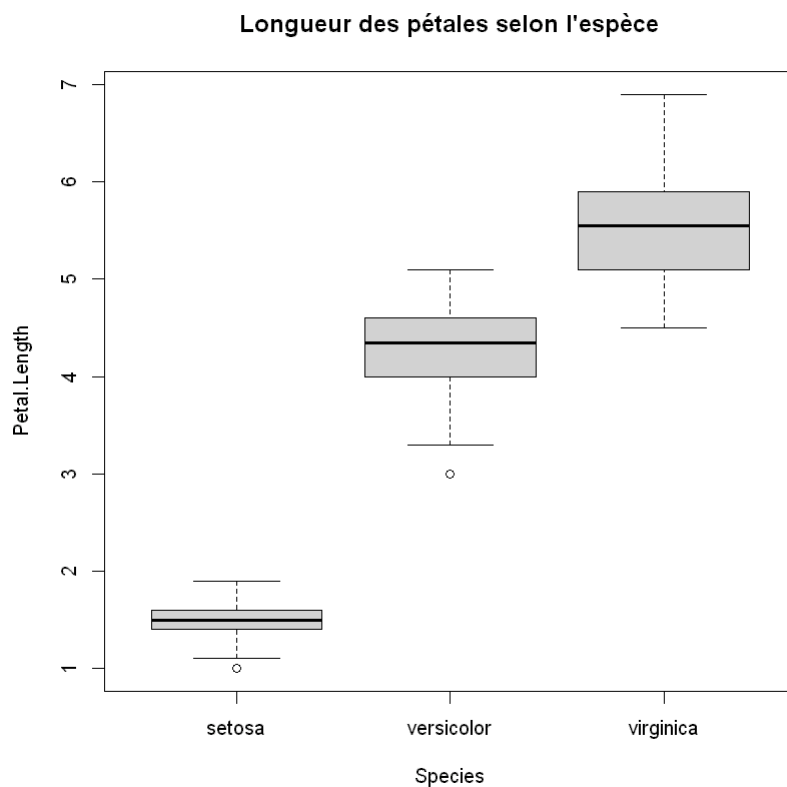
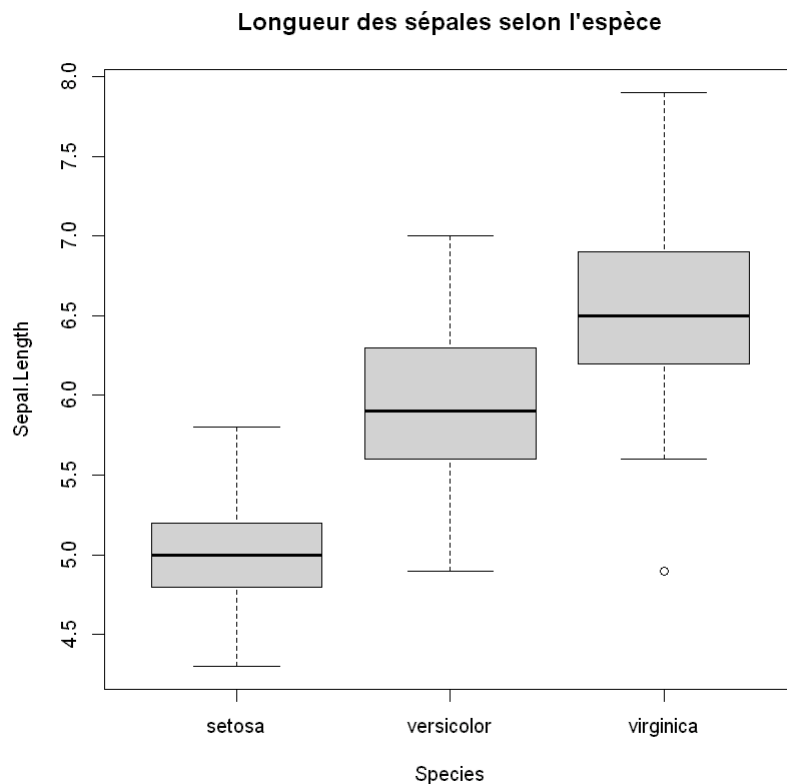
**Petal.Length** et **Petal.Width** sont **parfaitement adaptées à la classification**.

**Sepal.Length** et surtout **Sepal.Width** sont **moins discriminantes**.

Ces observations renforcent les conclusions déjà faites sur la **pertinence des variables des pétales**

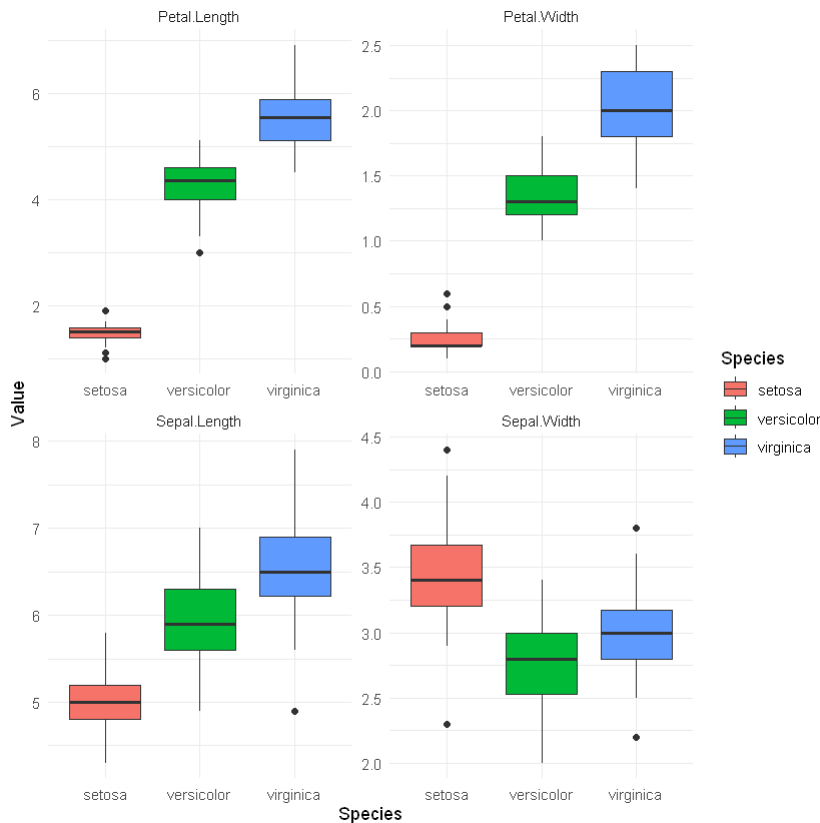
```
In [14]: # Boxplot
boxplot(Sepal.Length ~ Species, data = iris,
        main = "Longueur des sépales selon l'espèce")
```

```
boxplot(Petal.Length ~ Species, data = iris,
        main = "Longueur des pétales selon l'espèce")
```



```
In [15]: # Boxplots
iris %>%
  pivot_longer(cols = -Species, names_to = "Variable", values_to = "Value") %>%
  ggplot(aes(x = Species, y = Value, fill = Species)) +
  geom_boxplot() +
```

```
facet_wrap(~ Variable, scales = "free") +  
theme_minimal()
```



## Interprétation des boxplots

### Boxplots simples

#### ► Sepal.Length :

- Moyenne croissante : setosa < versicolor < virginica
- Mais recouvrement important entre versicolor et virginica
- Quelques valeurs atypiques (outliers) observées

#### ► Petal.Length :

- Setosa a des longueurs très faibles et très concentrées (~1.4 cm).
- Virginica : les plus longues (~5.5 à 6.9 cm).
- Versicolor : au milieu.
- Très peu de recouvrement (variable très discriminante ).

### Boxplots groupés pour les 4 variables

#### ► Petal.Width :

- Séparation parfaite entre les espèces, surtout Setosa vs les autres
- Virginica domine largement en largeur de pétales

#### ► Sepal.Width :

- Grande variabilité dans chaque groupe, recouvrement entre espèces
- Variable **moins discriminante**

► Globalement :

- `Petal.Length` et `Petal.Width` montrent une séparation nette entre les 3 espèces
- `Sepal.Length` est modérément discriminant
- `Sepal.Width` est le moins utile pour différencier les espèces

## Conclusion

► Les boxplots confirment :

`Petal.Length` et `Petal.Width` sont des variables **fortement discriminantes**.

`Sepal.Width` apporte peu d'information discriminante.

► Ces visualisations renforcent l'idée que les dimensions des **pétales** sont les plus pertinentes pour une classification.

## Introduction de la variable ratio entre pétal.length/petal.width

```
In [16]: # Créer une nouvelle variable : ratio Petal.Length / Petal.Width
iris$Ratio <- iris$Petal.Length / iris$Petal.Width
head(iris)
# distribution du ratio par espèce
boxplot(Ratio ~ Species, data = iris,
        main = "Ratio Petal.Length / Petal.Width selon l'espèce")
# statistiques du ratio

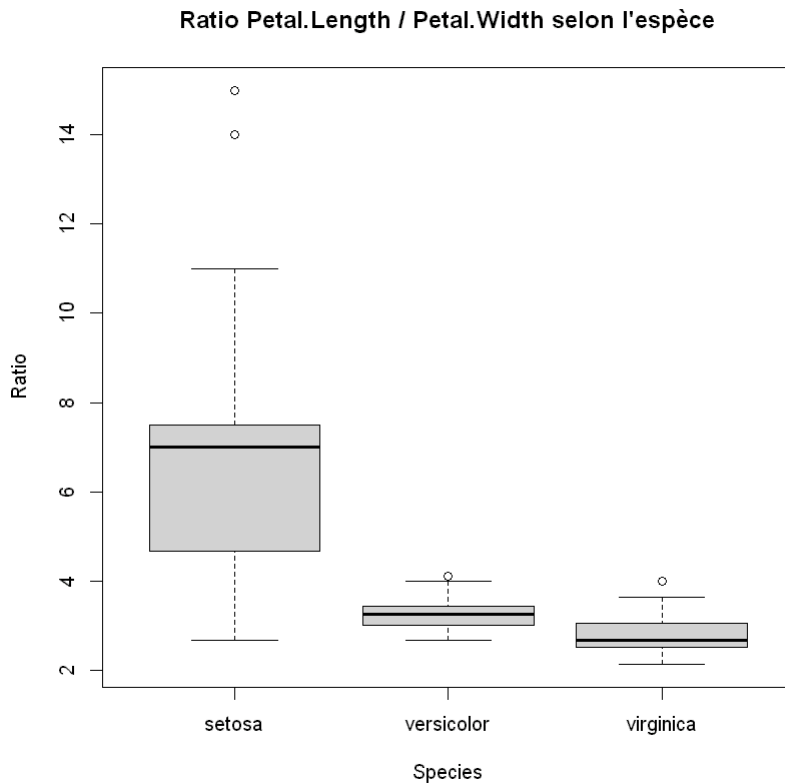
aggregate(Ratio ~ Species, data = iris, summary)
```

A data.frame: 6 × 6

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	Ratio
	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<fct>	<dbl>
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa	7.00
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa	7.00
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa	6.50
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa	7.50
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa	7.00
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa	4.25

A data.frame: 3 × 2

Species	Ratio
<fct>	<dbl[,6]>
setosa	2.666667, 4.687500, 7.000000, 6.908000, 7.500000, 15.0
versicolor	2.666667, 3.016667, 3.240385, 3.242837, 3.417582, 4.1
virginica	2.125000, 2.511364, 2.666667, 2.780662, 3.055556, 4.0



## Interprétation du ratio Petal.Length / Petal.Width par espèce

- Setosa : - Ratio très élevé (souvent entre 6 et 8, jusqu'à 15 pour des cas extrêmes) - Très faible largeur de pétales combinée à une longueur non négligeable - Distribution concentrée et bien distincte → indicateur fort
- Versicolor : - Ratio centré autour de 3.2 - Variabilité modérée - Légère superposition avec Virginica mais distinct de Setosa
- Virginica : - Ratio légèrement inférieur à Versicolor (~2.8 à 4) - Distribution légèrement plus étalée

## Conclusion

Le ratio `Petal.Length / Petal.Width` est un excellent indicateur pour identifier l'espèce :

- Il permet une **séparation très nette entre Setosa** et les deux autres
- Il améliore la lisibilité des différences de proportion pétale long / large
- Ce ratio peut être utilisé comme **variable dérivée (feature engineering)** dans un modèle de classification

## Étape 4 : Synthèse et Rapport

Comment identifier les valeurs aberrantes dans le dataset ?

Les boxplots réalisés pour chaque variable (Sepal.Length, Sepal.Width, Petal.Length, Petal.Width) permettent de visualiser les valeurs aberrantes :

Quelques outliers isolés ont été repérés, notamment :

Pour Sepal.Length chez Virginica

Pour Petal.Length chez Setosa (valeur extrême  $\approx 1.0$ )

Le ratio Petal.Length / Petal.Width a révélé des extrêmes élevés (jusqu'à 15) dans Setosa, confirmés visuellement dans son boxplot.

Conclusion : Les boxplots et le calcul de statistiques comme les min/max ou les quantiles permettent d'identifier efficacement les outliers.

## Quelles sont les relations entre les variables ?

La matrice de corrélation met en évidence des liens forts :

Petal.Length  $\leftrightarrow$  Petal.Width : corrélation très forte ( $r = 0.96$ )

Sepal.Length est modérément corrélé à Petal.Length et Petal.Width

Sepal.Width est faiblement ou négativement corrélée aux autres variables

Les scatter plots confirment :

Des liens linéaires marqués entre Petal.Length et Petal.Width

Une séparation naturelle des espèces dans l'espace des pétales

Des recouvrements plus importants pour les sépales

### Conclusion :

Les pétales (longueur et largeur) montrent des relations linéaires fortes et une meilleure capacité de discrimination entre espèces.

## Peut-on prédire l'espèce d'une fleur à partir de ses mesures ?

Les analyses visuelles (scatter plots, boxplots, histogrammes empilés) montrent une séparation quasi parfaite entre les espèces selon :

Petal.Length et Petal.Width (très discriminants)

Le ratio Petal.Length / Petal.Width, nouvel indicateur puissant

Les variables des sépales (notamment Sepal.Width) sont moins informatives pour différencier versicolor et virginica.

L'utilisation conjointe des bonnes variables (et du ratio) pourrait permettre d'entraîner un modèle supervisé performant (classification).



## Conclusion :

Oui, les espèces peuvent être prédites avec précision en utilisant les variables des pétales, en particulier Petal.Length, Petal.Width et leur ratio.

## Pour aller plus loin: proposition de classification des especes:

```
In [17]: cat("--- Histogrammes de Petal.Width par espèce ---\n\n")

# Filtrer uniquement Petal.Width
iris_long <- iris %>%
  pivot_longer(cols = -Species, names_to = "Variable", values_to = "Value") %>%
  filter(Variable == "Petal.Width")

# Calcul des bins basé sur l'étendue réelle des données
bin_width <- (max(iris_long$Value) - min(iris_long$Value))/25

# Graphique
iris_long %>%
  ggplot(aes(x = Value, fill = Species)) +
  # Histogramme
  geom_histogram(
    binwidth = bin_width,
    alpha = 0.7,
    position = "identity",
    color = "white",
    boundary = 0
  ) +

  # Seuils analytiques
  geom_vline(
    xintercept = c(0.6, 1.0, 1.4, 1.8),
    linetype = "dashed",
    color = "red",
    linewidth = 0.8
  ) +

  # Zones critiques
  annotate("rect",
    xmin = -Inf, xmax = 0.6,
    ymin = 0, ymax = Inf,
    alpha = 0.1, fill = "#1b9e77") +
  annotate("rect",
    xmin = 1.4, xmax = 1.8,
    ymin = 0, ymax = Inf,
    alpha = 0.2, fill = "gold") +

  # Annotations
  annotate("text",
    x = 0.3, y = Inf,
    label = "SETOSA\n(≤ 0.6 cm)",
    color = "#1b9e77",
    fontface = "bold",
    vjust = 2) +
  annotate("text",
```

```

x = 1.6, y = Inf,
label = "Chevauchement\n1.4-1.8 cm",
color = "darkorange",
fontface = "bold",
vjust = 2) +

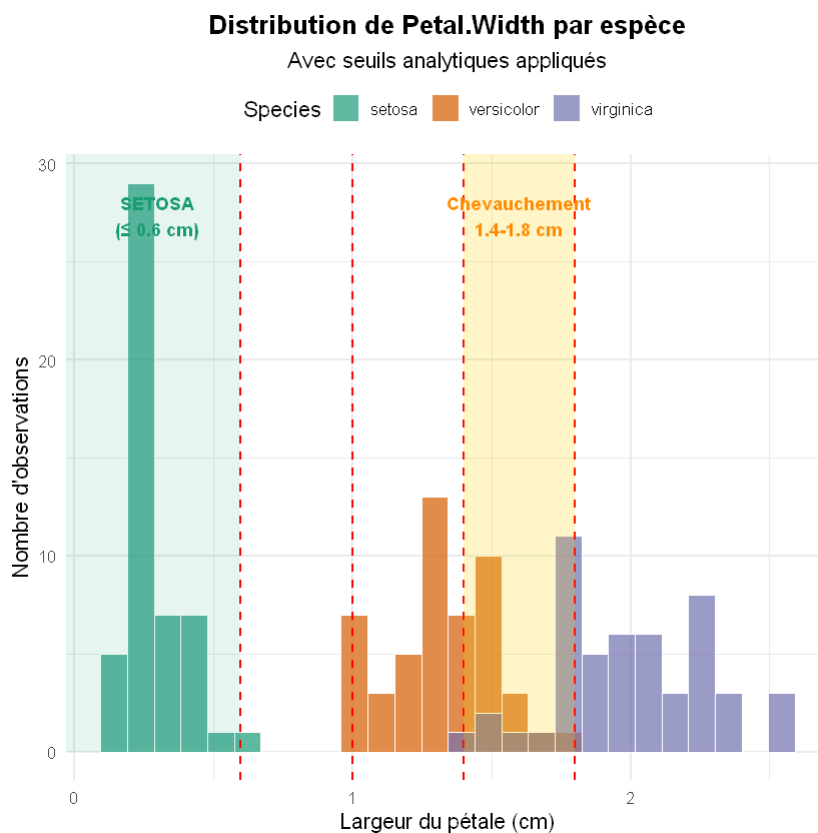
# Couleurs des espèces
scale_fill_manual(values = c(
  "setosa" = "#1b9e77",
  "versicolor" = "#d95f02",
  "virginica" = "#7570b3"
)) +

# Titres
labs(
  title = "Distribution de Petal.Width par espèce",
  subtitle = "Avec seuils analytiques appliqués",
  x = "Largeur du pétale (cm)",
  y = "Nombre d'observations",
) +

theme_minimal(base_size = 13) +
theme(
  legend.position = "top",
  plot.title = element_text(face = "bold", hjust = 0.5),
  plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5)
)

```

--- Histogrammes de Petal.Width par espèce ---



## Analyse du chevauchement selon la variable Petal.Width

## Résumé des seuils observés

Espèce	Petal.Width minimum	Petal.Width maximum
Setosa	0.1 cm	0.6 cm
Versicolor	1.0 cm	1.8 cm
Virginica	1.4 cm	2.5 cm

## Interprétation

- Il n'existe aucun chevauchement entre *Setosa* et les deux autres espèces sur `Petal.Width`. La valeur maximale pour *Setosa* (0.6 cm) est bien inférieure à la valeur minimale observée pour *Versicolor* (1.0 cm).
- Un chevauchement partiel est observé entre *Versicolor* et *Virginica*, dans l'intervalle 1.4 cm – 1.8 cm. Cet intervalle constitue une zone d'ambiguïté dans la classification entre ces deux espèces.

## Nettoyage du dataset iris et passage au dataset iris\_clean

```
In [18]: # Suppression de toutes les outliers
iris_clean <- iris %>%
  slice(-c(23, 24, 42, 44, 99, 107))
```

```
In [19]: # Extraire les fleurs dans la zone de chevauchement (Petal.Width ≥ 1.4)
chevauchement <- iris_clean[iris_clean$Petal.Width >= 1.4, ]

# Afficher un résumé simple des espèces dans la zone de chevauchement
# Nombres de spécimens dans la zone de chevauchement
cat("=== Nombre de spécimens dans la zone de chevauchement ===")
table(chevauchement$Species)

# Règles simples basées uniquement sur Petal.Width
cat("\n=== RÈGLES SIMPLIFIÉES ===\n")
cat("• Petal.Width ≤ 0.6 → SETOSA (certain)\n")
cat("• 1.0 ≤ Petal.Width < 1.4 → VERSICOLOR (certain)\n")
cat("• Petal.Width ≥ 1.4 → VERSICOLOR ou VIRGINICA (zone d'ambiguïté)\n")
```

```
=== Nombre de spécimens dans la zone de chevauchement ===
```

```
setosa versicolor virginica
      0         22         49
```

```
=== RÈGLES SIMPLIFIÉES ===
```

- $\text{Petal.Width} \leq 0.6 \rightarrow \text{SETOSA}$  (certain)
- $1.0 \leq \text{Petal.Width} < 1.4 \rightarrow \text{VERSICOLOR}$  (certain)
- $\text{Petal.Width} \geq 1.4 \rightarrow \text{VERSICOLOR ou VIRGINICA}$  (zone d'ambiguïté)

## Affinage des critères discriminants

```
In [20]: iris_ambiguous <- iris_clean %>%
  filter(Petal.Width < 1.8, Petal.Width > 0.6, Petal.Length < 5 )

# Affichage du sous-ensemble ambigu
print(iris_ambiguous)
```

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	Ratio
1	7.0	3.2	4.7	1.4	versicolor	3.357143
2	6.4	3.2	4.5	1.5	versicolor	3.000000
3	6.9	3.1	4.9	1.5	versicolor	3.266667
4	5.5	2.3	4.0	1.3	versicolor	3.076923
5	6.5	2.8	4.6	1.5	versicolor	3.066667
6	5.7	2.8	4.5	1.3	versicolor	3.461538
7	6.3	3.3	4.7	1.6	versicolor	2.937500
8	4.9	2.4	3.3	1.0	versicolor	3.300000
9	6.6	2.9	4.6	1.3	versicolor	3.538462
10	5.2	2.7	3.9	1.4	versicolor	2.785714
11	5.0	2.0	3.5	1.0	versicolor	3.500000
12	5.9	3.0	4.2	1.5	versicolor	2.800000
13	6.0	2.2	4.0	1.0	versicolor	4.000000
14	6.1	2.9	4.7	1.4	versicolor	3.357143
15	5.6	2.9	3.6	1.3	versicolor	2.769231
16	6.7	3.1	4.4	1.4	versicolor	3.142857
17	5.6	3.0	4.5	1.5	versicolor	3.000000
18	5.8	2.7	4.1	1.0	versicolor	4.100000
19	6.2	2.2	4.5	1.5	versicolor	3.000000
20	5.6	2.5	3.9	1.1	versicolor	3.545455
21	6.1	2.8	4.0	1.3	versicolor	3.076923
22	6.3	2.5	4.9	1.5	versicolor	3.266667
23	6.1	2.8	4.7	1.2	versicolor	3.916667
24	6.4	2.9	4.3	1.3	versicolor	3.307692
25	6.6	3.0	4.4	1.4	versicolor	3.142857
26	6.8	2.8	4.8	1.4	versicolor	3.428571
27	6.0	2.9	4.5	1.5	versicolor	3.000000
28	5.7	2.6	3.5	1.0	versicolor	3.500000
29	5.5	2.4	3.8	1.1	versicolor	3.454545
30	5.5	2.4	3.7	1.0	versicolor	3.700000
31	5.8	2.7	3.9	1.2	versicolor	3.250000
32	5.4	3.0	4.5	1.5	versicolor	3.000000
33	6.0	3.4	4.5	1.6	versicolor	2.812500
34	6.7	3.1	4.7	1.5	versicolor	3.133333
35	6.3	2.3	4.4	1.3	versicolor	3.384615
36	5.6	3.0	4.1	1.3	versicolor	3.153846
37	5.5	2.5	4.0	1.3	versicolor	3.076923
38	5.5	2.6	4.4	1.2	versicolor	3.666667
39	6.1	3.0	4.6	1.4	versicolor	3.285714
40	5.8	2.6	4.0	1.2	versicolor	3.333333
41	5.0	2.3	3.3	1.0	versicolor	3.300000
42	5.6	2.7	4.2	1.3	versicolor	3.230769
43	5.7	3.0	4.2	1.2	versicolor	3.500000
44	5.7	2.9	4.2	1.3	versicolor	3.230769
45	6.2	2.9	4.3	1.3	versicolor	3.307692
46	5.7	2.8	4.1	1.3	versicolor	3.153846

En se basant sur nos analyses et en acceptant d'exclure 3 entrées Versicolor (-6%), un iris est un versicolor:

- Si Petal.Width supérieur à 0,6, et inférieur à 1,8
- Et si Petal.Length est inférieur à 5

In [ ]: