

# tests statistiques

Emile Sodinyessi

2025-11-13

## 1 Packages

```
set.seed(123)
library(ggplot2)
library(dplyr)

## 
## Attachement du package : 'dplyr'

## Les objets suivants sont masqués depuis 'package:stats':
## 
##     filter, lag

## Les objets suivants sont masqués depuis 'package:base':
## 
##     intersect, setdiff, setequal, union

library(survival)
library(survminer)

## Le chargement a nécessité le package : ggpubr

## 
## Attachement du package : 'survminer'

## L'objet suivant est masqué depuis 'package:survival':
## 
##     myeloma
```

```

# Simulation de données : taux de CD4 selon le sexe

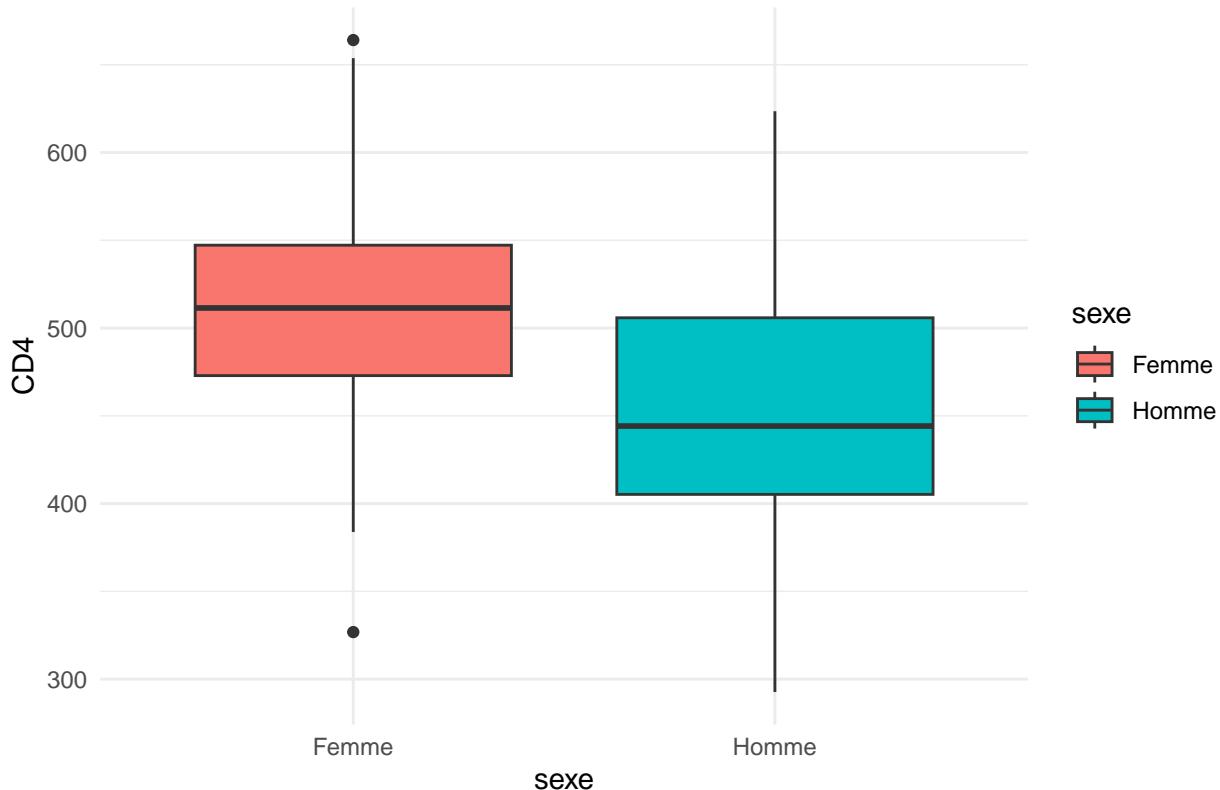
data_t <- data.frame(
  sexe = rep(c("Homme", "Femme"), each = 50),
  CD4 = c(rnorm(50, mean=450, sd=80), rnorm(50, mean=500, sd=75))
)

# Visualisation

ggplot(data_t, aes(x=sexe, y=CD4, fill=sexe)) +
  geom_boxplot() +
  theme_minimal() +
  labs(title="Distribution du taux de CD4 selon le sexe")

```

Distribution du taux de CD4 selon le sexe



```

# Test t de Student

res_t <- t.test(CD4 ~ sexe, data = data_t, var.equal = TRUE)
res_t

```

```

## 
## Two Sample t-test

```

```

## 
## data: CD4 by sexe
## t = 4.0974, df = 98, p-value = 8.615e-05
## alternative hypothesis: true difference in means between group Femme and group Homme
## 95 percent confidence interval:
## 30.02672 86.42995
## sample estimates:
## mean in group Femme mean in group Homme
## 510.9806 452.7523

# Interprétation des résultats du test t de Student

# Extraction des valeurs utiles
moyennes <- tapply(data_t$CD4, data_t$sexe, mean, na.rm = TRUE)
p_value <- res_t$p.value

# Commentaire interprétatif
if (p_value < 0.05) {
  cat("Les moyennes de CD4 diffèrent significativement selon le sexe (p =", round(p_value, 3), ").")
  cat("Cela suggère qu'il existe une différence statistiquement significative entre les deux groupes.")
  cat("Moyenne CD4 chez les hommes : ", round(moyennes["Homme"], 1), "\n")
  cat("Moyenne CD4 chez les femmes : ", round(moyennes["Femme"], 1), "\n")
} else {
  cat("Aucune différence significative n'a été trouvée entre les moyennes de CD4 selon le sexe.")
  cat("Cela signifie que les niveaux moyens de CD4 sont statistiquement comparables entre les deux groupes.")
}

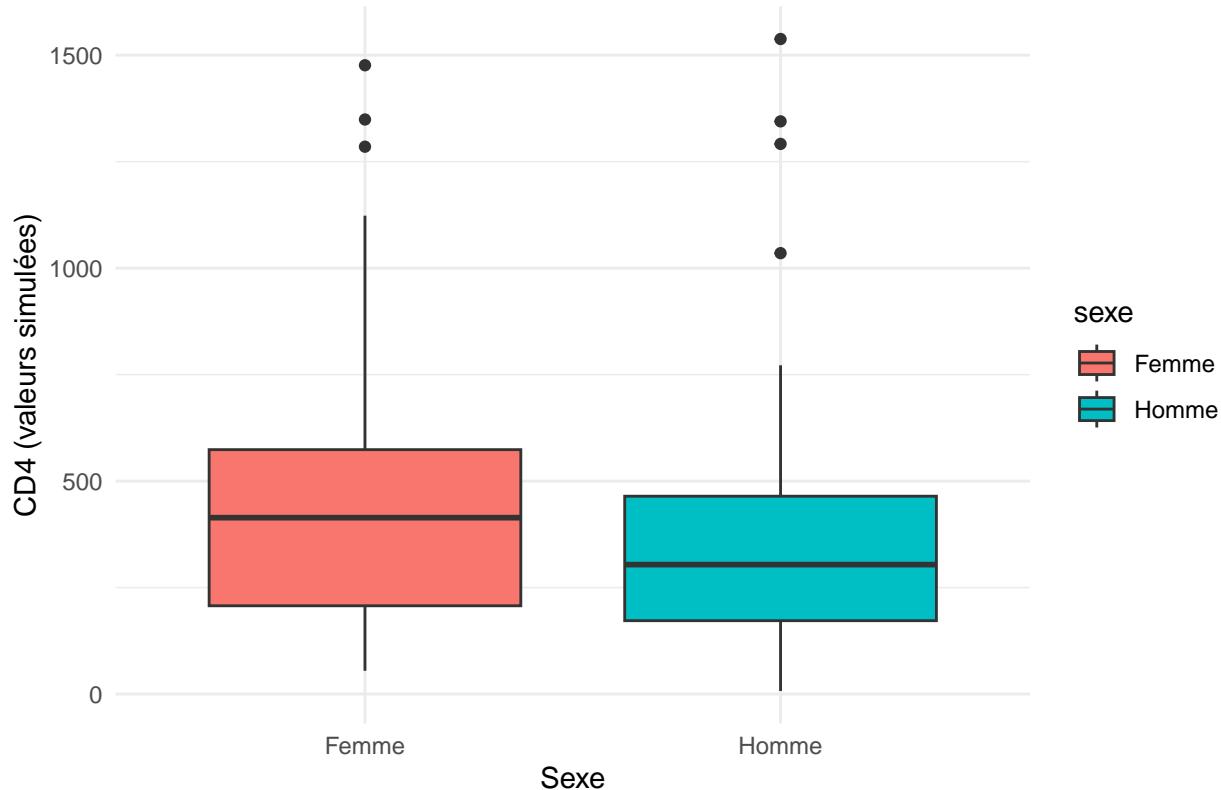
## Les moyennes de CD4 diffèrent significativement selon le sexe (p = 8.615e-05).
## Cela suggère qu'il existe une différence statistiquement significative entre les deux groupes.
## Moyenne CD4 chez les hommes : 452.8
## Moyenne CD4 chez les femmes : 511

# --- Jeu de données avec distribution non normale ---
set.seed(123)
data_t$CD4_non_normal <- c(rchisq(50, df=3)*150, rchisq(50, df=3)*180)

# Visualisation
library(ggplot2)
ggplot(data_t, aes(x = sexe, y = CD4_non_normal, fill = sexe)) +
  geom_boxplot() +
  theme_minimal() +
  labs(title = "Distribution non normale des CD4 selon le sexe",
       y = "CD4 (valeurs simulées)", x = "Sexe")

```

## Distribution non normale des CD4 selon le sexe



```
# --- Test de Wilcoxon-Mann-Whitney ---
res_wilcox <- wilcox.test(CD4_non_normal ~ sexe, data = data_t)

# Affichage des résultats du test
res_wilcox
```

```
##
##  Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data:  CD4_non_normal by sexe
## W = 1493, p-value = 0.09457
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

```
# --- Interprétation automatique ---
p_value <- res_wilcox$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", inférieure au seuil de 0.05. On rejette donc l'hypothèse nulle.\n",
```

```

    "=> Il existe une différence statistiquement significative entre les deux sexes ",
    "concernant la distribution des taux de CD4 (test de Wilcoxon-Mann-Whitney)."
)
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", supérieure au seuil de 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune différence statistiquement significative n'a été mise en évidence ",
    "entre les deux sexes pour la distribution des taux de CD4."
)
}

cat("\n# Interprétation du test de Wilcoxon-Mann-Whitney\n", interpretation)

## 
## # Interprétation du test de Wilcoxon-Mann-Whitney
## La p-value est de 0.0946, supérieure au seuil de 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse
## => Aucune différence statistiquement significative n'a été mise en évidence entre les

# --- Test t apparié (avant/après) ---

set.seed(123)

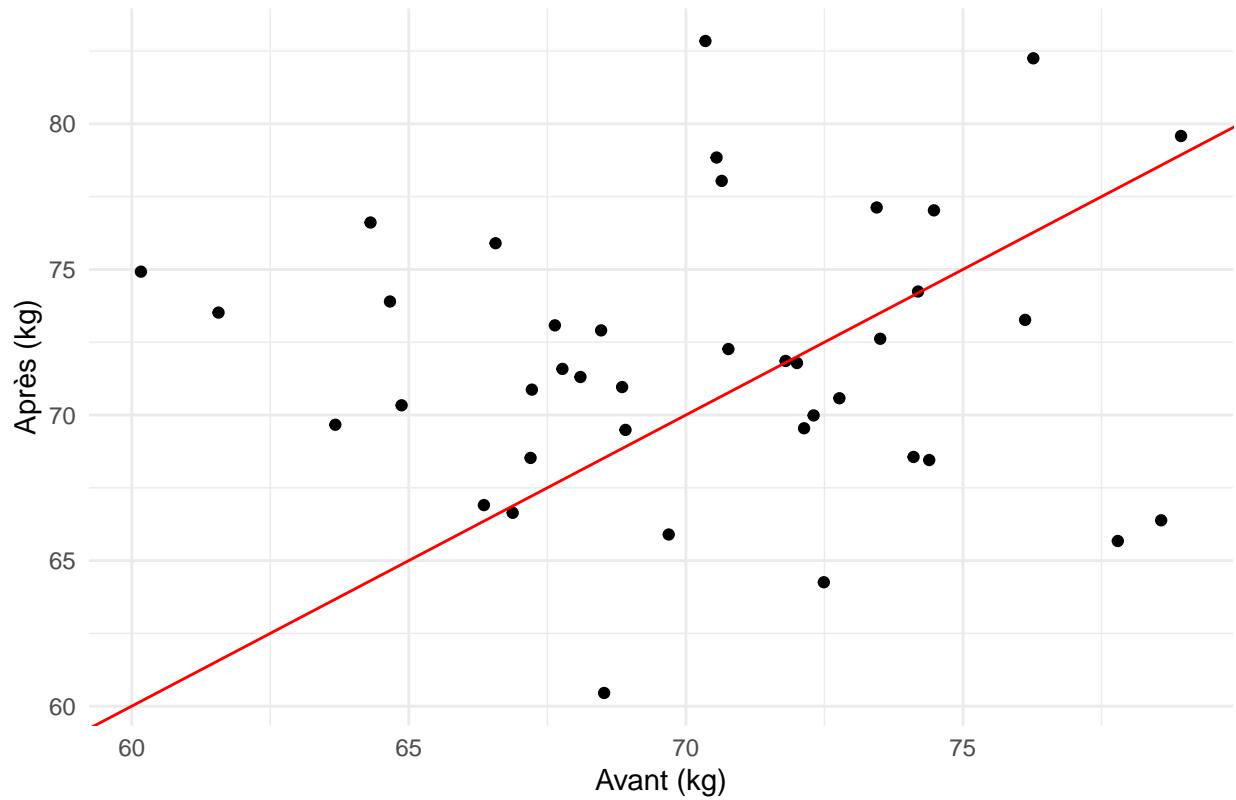
data_paired <- data.frame(
  avant = rnorm(40, 70, 5),
  apres = rnorm(40, 72, 5)
)

# Visualisation

ggplot(data_paired, aes(x=avant, y=apres)) +
  geom_point() +
  geom_abline(intercept=0, slope=1, color="red") +
  theme_minimal() +
  labs(title="Poids avant vs après traitement", x="Avant (kg)", y="Après (kg)")

```

## Poids avant vs après traitement



```
# Test t apparié
```

```
res_paired <- t.test(data_paired$avant, data_paired$apres, paired=TRUE)
res_paired
```

```
##
## Paired t-test
##
## data: data_paired$avant and data_paired$apres
## t = -1.7207, df = 39, p-value = 0.09322
## alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -3.7864159 0.3054083
## sample estimates:
## mean difference
## -1.740504
```

```
# Interprétation automatique
```

```
p_value <- res_paired$p.value
alpha <- 0.05
```

```

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Poids significativement différent avant et après traitement."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune différence significative de poids avant/après traitement."
)
}

cat("\n# Interprétation du test t apparié\n", interpretation)

## 
## # Interprétation du test t apparié
## La p-value est de 0.0932, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune différence significative de poids avant/après traitement.

# --- ANOVA ( + de 3 groupes indépendants) ---

set.seed(123)

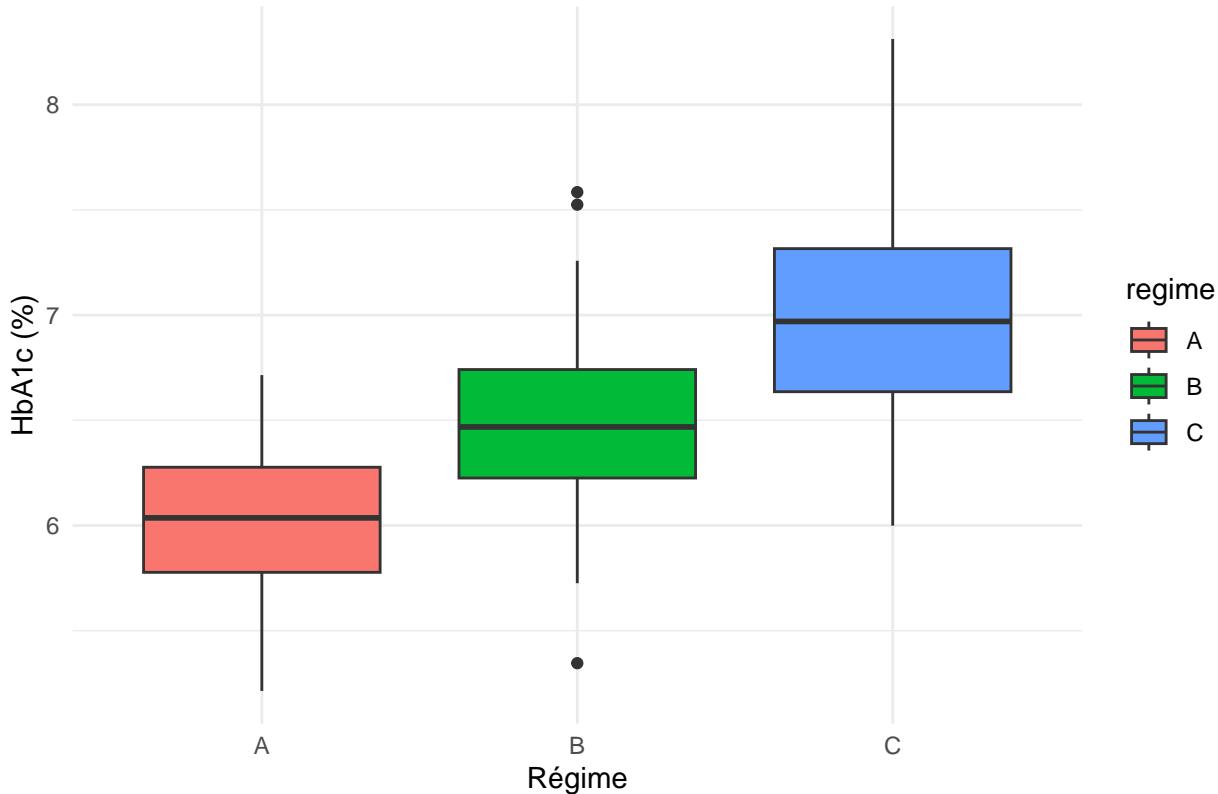
data_aov <- data.frame(
  regime = rep(c("A", "B", "C"), each=40),
  HbA1c = c(rnorm(40, 6.0, 0.4), rnorm(40, 6.5, 0.5), rnorm(40, 7.0, 0.6))
)

# Visualisation

ggplot(data_aov, aes(x=regime, y=HbA1c, fill=regime)) +
  geom_boxplot() +
  theme_minimal() +
  labs(title="HbA1c selon régime alimentaire", x="Régime", y="HbA1c (%)")

```

## HbA1c selon régime alimentaire



```
# ANOVA
```

```
res_aov <- aov(HbA1c ~ regime, data=data_aov)
summary(res_aov)
```

```
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## regime      2 19.48   9.738   47.44 8.16e-16 ***
## Residuals  117 24.01    0.205
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Interprétation automatique
```

```
p_value <- summary(res_aov)[[1]][["Pr(>F)"]][1]
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
interpretation <- paste0(
"La p-value est de ", round(p_value,4),
", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
"=> Au moins une moyenne de HbA1c diffère significativement entre les régimes."
```

```

)
} else {
interpretation <- paste0(
"La p-value est de ", round(p_value,4),
", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
"=> Aucune différence significative de HbA1c entre les régimes."
)
}

cat("\n# Interprétation de l'ANOVA\n", interpretation)

## 
## # Interprétation de l'ANOVA
## La p-value est de 0, inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.
## => Au moins une moyenne de HbA1c diffère significativement entre les régimes.

# --- Test du chi-deux (proportions indépendantes) ---

set.seed(123)

data_chi <- data.frame(
sexe = rep(c("Homme", "Femme"), each=100),
guerison = c(rbinom(100, 1, 0.6), rbinom(100, 1, 0.75))
)

# Tableau de contingence

table_chi <- table(data_chi$sex, data_chi$guerison)
colnames(table_chi) <- c("Non_gueri", "Gueri")
table_chi

## 
##      Non_gueri Gueri
## Femme        20     80
## Homme        40     60

# Test du chi-deux

res_chi <- chisq.test(table_chi)
res_chi

##
```

```

## Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
##
## data: table_chi
## X-squared = 8.5952, df = 1, p-value = 0.00337

# Interprétation automatique

p_value <- res_chi$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> La guérison dépend significativement du sexe."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> La guérison n'est pas significativement liée au sexe."
)
}

cat("\n# Interprétation du test du chi-deux\n", interpretation)

```

```

##
## # Interprétation du test du chi-deux
## La p-value est de 0.0034, inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.
## => La guérison dépend significativement du sexe.

```

```

# --- Test exact de Fisher (petits effectifs) ---

set.seed(123)

# Exemple : petits effectifs guérison / traitement

data_fisher <- matrix(c(3,1,1,3), nrow=2)
colnames(data_fisher) <- c("Guéri","Non_guéri")
rownames(data_fisher) <- c("Traitement","Placebo")
data_fisher

```

```

##           Guéri Non_guéri
## Traitement      3        1
## Placebo         1        3

```

```

# Test exact de Fisher

res_fisher <- fisher.test(data_fisher)
res_fisher

## 
## Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data: data_fisher
## p-value = 0.4857
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##     0.2117329 621.9337505
## sample estimates:
## odds ratio
##    6.408309

# Interprétation automatique

p_value <- res_fisher$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Association significative entre traitement et guérison."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune association significative entre traitement et guérison."
)
}

cat("\n# Interprétation du test exact de Fisher\n", interpretation)

## 
## # Interprétation du test exact de Fisher
## La p-value est de 0.4857, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune association significative entre traitement et guérison.

```

```

# --- Test de McNemar (proportions appariées) ---

set.seed(123)

# Données avant / après une campagne anti-tabac (1 = fumeur, 0 = non-fumeur)

avant <- c(1,1,0,0,1,0,1,1,0,0)
apres <- c(0,1,0,0,0,0,1,1,0,0)
table_mc <- table(avant, apres)
table_mc

##          apres
## avant 0 1
##      0 5 0
##      1 2 3

# Test de McNemar

res_mcneumar <- mcneumar.test(table_mc)
res_mcneumar

## 
## McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data: table_mc
## McNemar's chi-squared = 0.5, df = 1, p-value = 0.4795

# Interprétation automatique

p_value <- res_mcneumar$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> La proportion de fumeurs a changé significativement après la campagne."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune différence significative de proportion de fumeurs avant/après."
}

```

```

)
}

cat("\n# Interprétation du test de McNemar\n", interpretation)

## # Interprétation du test de McNemar
## La p-value est de 0.4795, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune différence significative de proportion de fumeurs avant/après.

# --- Corrélation de Pearson (relation linéaire) ---

set.seed(123)

# Simulation : âge vs glycémie

data_corr <- data.frame(
age = runif(100,20,70),
glycemie = 3 + 0.05*runif(100,20,70) + rnorm(100,0,0.5)
)

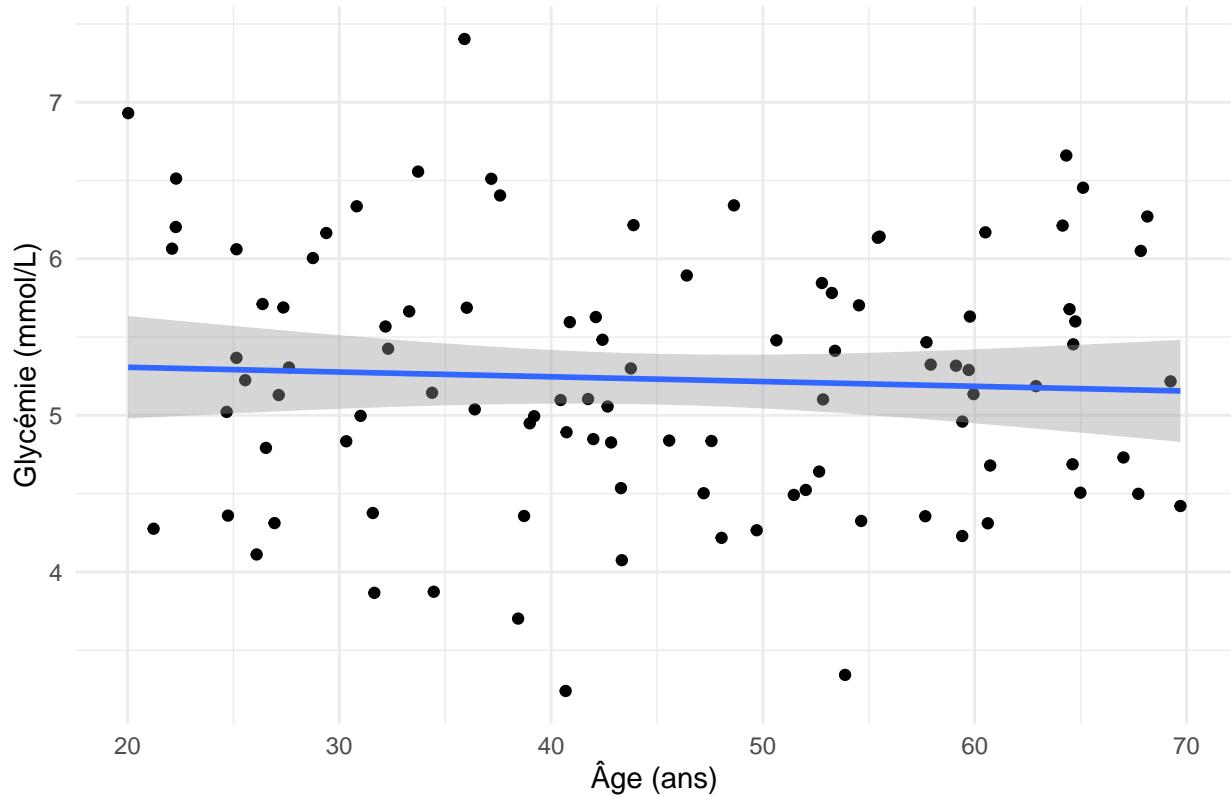
# Visualisation

ggplot(data_corr, aes(x=age, y=glycemie)) +
geom_point() +
geom_smooth(method="lm", se=TRUE) +
theme_minimal() +
labs(title="Corrélation âge vs glycémie", x="Âge (ans)", y="Glycémie (mmol/L)")

## `geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'

```

## Corrélation âge vs glycémie



```
# Test de corrélation de Pearson

res_pearson <- cor.test(data_corr$age, data_corr$glycemie, method="pearson")
res_pearson
```

```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
## data: data_corr$age and data_corr$glycemie
## t = -0.52823, df = 98, p-value = 0.5985
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.2471153 0.1446485
## sample estimates:
##      cor
## -0.05328348
```

```
# Interprétation automatique
```

```
p_value <- res_pearson$p.value
alpha <- 0.05
```

```

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Il existe une corrélation linéaire significative entre âge et glycémie."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune corrélation linéaire significative entre âge et glycémie."
)
}

cat("\n# Interprétation de la corrélation de Pearson\n", interpretation)

## 
## # Interprétation de la corrélation de Pearson
## La p-value est de 0.5985, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune corrélation linéaire significative entre âge et glycémie.

# --- Corrélation de Spearman (relation monotone non paramétrique) ---

set.seed(123)

# Exemple : niveau d'éducation (1-5) vs glycémie

data_corr$education <- sample(1:5, 100, replace=TRUE)

# Test de corrélation de Spearman

res_spearman <- cor.test(data_corr$education, data_corr$glycemie, method="spearman")

## Warning in cor.test.default(data_corr$education, data_corr$glycemie, method =
## "spearman"): Impossible de calculer la p-value exacte avec des ex-aequos

res_spearman

## 
## Spearman's rank correlation rho
## 
## data: data_corr$education and data_corr$glycemie

```

```

## S = 193786, p-value = 0.1055
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##      rho
## -0.1628295

# Interprétation automatique

p_value <- res_spearman$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Il existe une corrélation monotone significative entre éducation et glycémie."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune corrélation monotone significative entre éducation et glycémie."
  )
}

cat("\n# Interprétation de la corrélation de Spearman\n", interpretation)

## # Interprétation de la corrélation de Spearman
## La p-value est de 0.1055, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune corrélation monotone significative entre éducation et glycémie.

# --- Test du log-rank (survie) ---

set.seed(123)

# Simulation : temps de survie selon traitement

n <- 100
data_surv <- data.frame(
  time = rexp(n,0.1),
  status = rbinom(n,1,0.7),
  groupe = rep(c("A","B"), each=50)
)

```

```

# Courbes de Kaplan-Meier

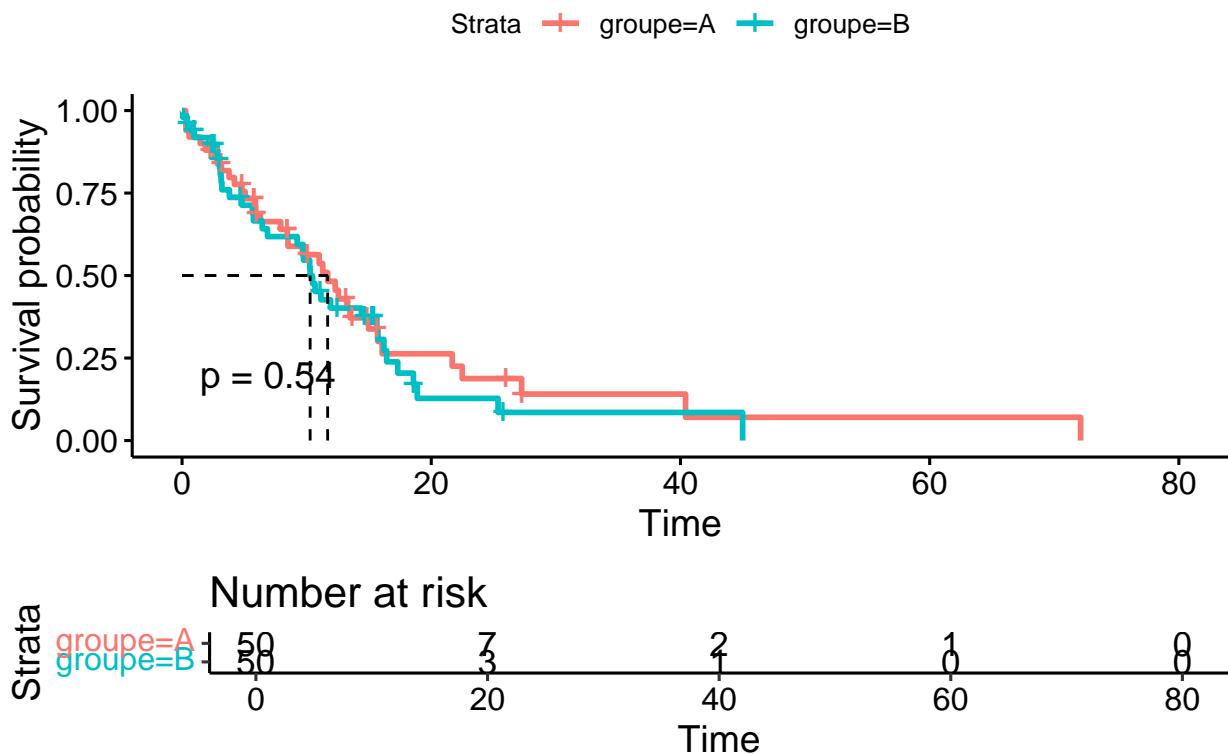
library(survival)
library(survminer)

fit <- survfit(Surv(time, status) ~ groupe, data=data_surv)
ggsurvplot(fit, data=data_surv, risk.table=TRUE, pval=TRUE, surv.median.line="hv",
title="Courbes de survie par groupe")

## Warning in geom_segment(aes(x = 0, y = max(y2), xend = max(x1), yend = max(y2)), :
## i Please consider using 'annotate()' or provide this layer with data containing
##   a single row.
## All aesthetics have length 1, but the data has 2 rows.
## i Please consider using 'annotate()' or provide this layer with data containing
##   a single row.
## All aesthetics have length 1, but the data has 2 rows.
## i Please consider using 'annotate()' or provide this layer with data containing
##   a single row.
## All aesthetics have length 1, but the data has 2 rows.
## i Please consider using 'annotate()' or provide this layer with data containing
##   a single row.

```

## Courbes de survie par groupe



```
# Test du log-rank

res_logrank <- survdiff(Surv(time, status) ~ groupe, data=data_surv)
res_logrank
```

```
## Call:
## survdiff(formula = Surv(time, status) ~ groupe, data = data_surv)
##
##          N Observed Expected (0-E)^2/E (0-E)^2/V
## groupe=A 50      35     37.5    0.170    0.371
## groupe=B 50      36     33.5    0.191    0.371
##
##  Chisq= 0.4 on 1 degrees of freedom, p= 0.5
```

*# Interprétation automatique*

```
p_value <- 1 - pchisq(res_logrank$chisq, length(res_logrank$n)-1)
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Différence significative des courbes de survie entre les groupes."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Aucune différence significative des courbes de survie entre les groupes."
)
}

cat("\n# Interprétation du test du log-rank\n", interpretation)

## # Interprétation du test du log-rank
## La p-value est de 0.5424, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Aucune différence significative des courbes de survie entre les groupes.
```

*# --- Modèle de Cox (survie multivariée) ---*

```
set.seed(123)
```

```

# Simulation : temps de survie selon traitement et âge

n <- 100
data_cox <- data.frame(
  time = rexp(n, 0.1),
  status = rbinom(n, 1, 0.7),
  groupe = rep(c("A","B"), each=50),
  age = runif(n, 40, 80)
)

library(survival)

# Modèle de Cox

res_cox <- coxph(Surv(time, status) ~ groupe + age, data = data_cox)
summary(res_cox)

## Call:
## coxph(formula = Surv(time, status) ~ groupe + age, data = data_cox)
##
##    n= 100, number of events= 71
##
##              coef exp(coef) se(coef)     z Pr(>|z|)
## groupeB  0.136602  1.146372 0.241312 0.566    0.571
## age      0.005527  1.005542 0.010098 0.547    0.584
##
##              exp(coef) exp(-coef) lower .95 upper .95
## groupeB     1.146      0.8723   0.7144    1.840
## age        1.006      0.9945   0.9858    1.026
##
## Concordance= 0.519  (se = 0.041 )
## Likelihood ratio test= 0.67  on 2 df,   p=0.7
## Wald test          = 0.67  on 2 df,   p=0.7
## Score (logrank) test = 0.67  on 2 df,   p=0.7

# Interprétation automatique (pour le groupe seulement)

p_value <- summary(res_cox)$coefficients["groupeB","Pr(>|z|)"]
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value pour le groupe est de ", round(p_value,4),

```

```

", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
"=> Le groupe B présente un hazard ratio significativement différent du groupe A."
)
} else {
interpretation <- paste0(
"La p-value pour le groupe est de ", round(p_value,4),
", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
"=> Aucun effet significatif du groupe B par rapport au groupe A sur la survie."
)
}

cat("\n# Interprétation du modèle de Cox\n", interpretation)

## 
## # Interprétation du modèle de Cox
## La p-value pour le groupe est de 0.5713, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypo
## => Aucun effet significatif du groupe B par rapport au groupe A sur la survie.

# --- Test de Shapiro-Wilk (normalité) ---

set.seed(123)

# Variable continue simulée : taux de CD4

data_shapiro <- rnorm(50, mean=500, sd=80)

# Test de Shapiro-Wilk

res_shapiro <- shapiro.test(data_shapiro)
res_shapiro

## 
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: data_shapiro
## W = 0.98928, p-value = 0.9279

# Interprétation automatique

p_value <- res_shapiro$p.value
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {

```

```

interpretation <- paste0(
  "La p-value est de ", round(p_value,4),
  ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
  "=> La variable ne suit pas une distribution normale."
)
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value,4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> La variable suit approximativement une distribution normale."
)
}
}

cat("\n# Interprétation du test de Shapiro-Wilk\n", interpretation)

```

```

##
## # Interprétation du test de Shapiro-Wilk
## La p-value est de 0.9279, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => La variable suit approximativement une distribution normale.

```

```

# --- Test de Levene (homogénéité des variances) ---

set.seed(123)

library(car)

```

```

## Le chargement a nécessité le package : carData

```

```

##
## Attachement du package : 'car'

## L'objet suivant est masqué depuis 'package:dplyr':
## 
##     recode

```

```

# Données simulées pour 2 groupes

data_levene <- data.frame(
  groupe = rep(c("Homme", "Femme"), each=50),
  CD4 = c(rnorm(50, mean=450, sd=80), rnorm(50, mean=500, sd=75))
)

```

```

# Test de Levene

res_levene <- leveneTest(CD4 ~ groupe, data=data_levene)

## Warning in leveneTest.default(y = y, group = group, ...): group coerced to
## factor.

res_levene

## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##          Df F value Pr(>F)
## group    1  0.7707 0.3821
##          98

# Interprétation automatique

p_value <- res_levene$`Pr(>F)`[1]
alpha <- 0.05

if (p_value < alpha) {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", inférieure à 0.05. On rejette l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Les variances des groupes ne sont pas homogènes."
  )
} else {
  interpretation <- paste0(
    "La p-value est de ", round(p_value, 4),
    ", supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.\n",
    "=> Les variances des groupes sont homogènes."
}
}

cat("\n# Interprétation du test de Levene\n", interpretation)

## # Interprétation du test de Levene
## La p-value est de 0.3821, supérieure à 0.05. On ne rejette pas l'hypothèse nulle.
## => Les variances des groupes sont homogènes.

```