# FIN DU DOCUMENT DES TABLES DE CONTINGENCE

# MATRICE 2x2 MBASU TODO

Certainly! I'll create a 2x2 matrix as you've described, subdividing the observed data into "minor" (NA, C0, C1, C2) and "major" (C3, C4, C5, C6) disease manifestations for both left and right legs. Then, we'll compute some relevant statistics to draw conclusions about the relationship between these manifestations in the left and right legs.

Here's the Python code to perform this analysis:

```python

import pandas as pd

import numpy as np

from scipy.stats import chi2\_contingency

# Given observed data

observed = pd.DataFrame({

'D\_NA': [0, 0, 0, 3, 20, 9, 7, 39],

'D\_C0': [0, 0, 0, 1, 9, 2, 5, 29],

'D\_C1': [0, 0, 1, 1, 0, 1, 1, 3],

'D\_C2': [2, 1, 0, 10, 15, 3, 5, 33],

'D\_C3': [18, 8, 3, 14, 80, 17, 4, 9],

'D\_C4': [5, 2, 2, 3, 16, 23, 2, 5],

'D\_C5': [0, 2, 1, 3, 3, 7, 6, 7],

'D\_C6': [22, 14, 0, 18, 14, 5, 8, 21]

}, index=['G\_NA', 'G\_C0', 'G\_C1', 'G\_C2', 'G\_C3', 'G\_C4', 'G\_C5', 'G\_C6'])

# Create 2x2 matrix

minor\_indices = ['G\_NA', 'G\_C0', 'G\_C1', 'G\_C2']

major\_indices = ['G\_C3', 'G\_C4', 'G\_C5', 'G\_C6']

minor\_columns = ['D\_NA', 'D\_C0', 'D\_C1', 'D\_C2']

major\_columns = ['D\_C3', 'D\_C4', 'D\_C5', 'D\_C6']

matrix\_2x2 = pd.DataFrame({

'Right\_Minor': [observed.loc[minor\_indices, minor\_columns].sum().sum(),

observed.loc[major\_indices, minor\_columns].sum().sum()],

'Right\_Major': [observed.loc[minor\_indices, major\_columns].sum().sum(),

observed.loc[major\_indices, major\_columns].sum().sum()]

}, index=['Left\_Minor', 'Left\_Major'])

print("2x2 Contingency Table:")

print(matrix\_2x2)

# Perform chi-square test

chi2, p\_value, dof, expected = chi2\_contingency(matrix\_2x2)

# Calculate odds ratio

odds\_ratio = (matrix\_2x2.iloc[0, 0] \* matrix\_2x2.iloc[1, 1]) / (matrix\_2x2.iloc[0, 1] \* matrix\_2x2.iloc[1, 0])

# Calculate marginal probabilities

total = matrix\_2x2.sum().sum()

left\_minor\_prob = matrix\_2x2.loc['Left\_Minor'].sum() / total

left\_major\_prob = matrix\_2x2.loc['Left\_Major'].sum() / total

right\_minor\_prob = matrix\_2x2['Right\_Minor'].sum() / total

right\_major\_prob = matrix\_2x2['Right\_Major'].sum() / total

print(f"\nChi-square statistic: {chi2:.4f}")

print(f"p-value: {p\_value:.4f}")

print(f"Odds Ratio: {odds\_ratio:.4f}")

print(f"\nMarginal Probabilities:")

print(f"Left Leg - Minor: {left\_minor\_prob:.4f}, Major: {left\_major\_prob:.4f}")

print(f"Right Leg - Minor: {right\_minor\_prob:.4f}, Major: {right\_major\_prob:.4f}")

# Calculate conditional probabilities

print("\nConditional Probabilities:")

print(f"P(Right Major | Left Minor): {matrix\_2x2.iloc[0, 1] / matrix\_2x2.iloc[0].sum():.4f}")

print(f"P(Right Major | Left Major): {matrix\_2x2.iloc[1, 1] / matrix\_2x2.iloc[1].sum():.4f}")

print(f"P(Left Major | Right Minor): {matrix\_2x2.iloc[1, 0] / matrix\_2x2['Right\_Minor'].sum():.4f}")

print(f"P(Left Major | Right Major): {matrix\_2x2.iloc[1, 1] / matrix\_2x2['Right\_Major'].sum():.4f}")

```

Now, let's interpret the results:

1. 2x2 Contingency Table:

This table shows the distribution of minor and major disease manifestations between left and right legs.

2. Chi-square test:

- The chi-square test determines if there's a significant association between the severity of disease manifestation in the left and right legs.

- A low p-value (< 0.05) indicates a significant association.

3. Odds Ratio:

- This measure tells us how strongly the presence of major manifestations in one leg is associated with major manifestations in the other leg.

- An odds ratio > 1 indicates that major manifestations in one leg are associated with increased odds of major manifestations in the other leg.

4. Marginal Probabilities:

- These probabilities show the overall distribution of minor and major manifestations in each leg, regardless of the other leg's status.

5. Conditional Probabilities:

- These probabilities show how the manifestation in one leg is related to the manifestation in the other leg.

Conclusions:

1. Association: The chi-square test will likely show a significant association between left and right leg manifestations, indicating that the severity in one leg is not independent of the other.

2. Symmetry: By comparing the marginal probabilities, we can assess if there's an overall tendency for one leg to have more severe manifestations than the other.

3. Progression: The odds ratio and conditional probabilities can give us insight into how the disease might progress. For example, if P(Right Major | Left Major) is much higher than P(Right Major | Left Minor), it suggests that major manifestations in one leg are strongly associated with major manifestations in the other.

4. Risk Assessment: The conditional probabilities can be used to assess the risk of major manifestations in one leg given the status of the other leg, which could be clinically useful for prognosis and treatment planning.

This analysis provides a more aggregated view of how venous insufficiency manifests between the left and right legs, focusing on the broader categories of minor and major manifestations rather than individual CEAP classifications.

O O KO OOO KO KO KO

Certainly! I'll interpret the results and then provide Python code that can automate this interpretation.

1. Interpretation of the results:

a) Chi-square test:

- Chi-square statistic: 38.1829

- p-value: 0.0000 (< 0.05)

This indicates a highly significant association between the severity of disease manifestation in the left and right legs. The disease manifestation in one leg is not independent of the other.

b) Odds Ratio: 0.2072

An odds ratio less than 1 suggests that having a major manifestation in one leg is associated with decreased odds of having a major manifestation in the other leg. This is somewhat counterintuitive and warrants further investigation.

c) Marginal Probabilities:

- Left Leg: Minor (24.72%), Major (75.28%)

- Right Leg: Minor (36.90%), Major (63.10%)

There's a higher overall prevalence of major manifestations in both legs, but the left leg shows a notably higher proportion of major manifestations compared to the right leg.

d) Conditional Probabilities:

- P(Right Major | Left Minor): 0.8582

- P(Right Major | Left Major): 0.5564

- P(Left Major | Right Minor): 0.9050

- P(Left Major | Right Major): 0.6637

These probabilities reveal interesting patterns:

1. When the left leg has minor manifestations, there's a high probability (85.82%) that the right leg will have major manifestations.

2. When the left leg has major manifestations, the probability of the right leg having major manifestations actually decreases to 55.64%.

3. When the right leg has minor manifestations, there's a very high probability (90.50%) that the left leg will have major manifestations.

4. When the right leg has major manifestations, the probability of the left leg having major manifestations is 66.37%.

Overall conclusions:

1. There's a significant association between disease manifestations in the left and right legs, but the pattern is complex.

2. The left leg tends to have more severe manifestations overall.

3. Interestingly, minor manifestations in one leg are strongly associated with major manifestations in the other leg.

4. The disease doesn't simply progress symmetrically; there's an intricate relationship between the legs that might suggest some compensatory or protective mechanisms at play.

```

This Python code provides an automated interpretation of the 2x2 contingency table and associated statistics. It covers the chi-square test, odds ratio, marginal probabilities, and conditional probabilities. The interpretation is generated based on the values of these statistics and provides insights into the relationship between disease manifestations in the left and right legs.

You can use this function by passing your 2x2 contingency table to it, and it will return a string with the interpretation. This automated approach allows for consistent interpretation of similar datasets and can be easily integrated into larger analysis pipelines.

# Valeurs résiduelles

A black background with white letters and dots

Description automatically generated

A black background with white dots and letters

Description automatically generated

A black background with white letters and numbers

Description automatically generated

A black background with white letters

Description automatically generated

Oui, l'analyse des \*\*résidus (standardisés)\*\* du tableau de contingence peut fournir des informations précieuses, en particulier lorsque le test du chi carré (ou des tests connexes tels que Stuart-Maxwell, Bowker, etc.) indique une association ou une asymétrie significative. L'analyse des résidus vous permet d'explorer \*\*les cellules spécifiques\*\* du tableau de contingence qui contribuent le plus à la statistique du test, vous aidant ainsi à comprendre la nature de l'association.

### Pourquoi analyser les résidus standardisés ?

1. \*\*Comprendre la source de l'association\*\* :

- Les tests du chi carré ou similaires donnent une \*\*mesure globale\*\* de l'association ou de l'asymétrie, mais ils ne vous indiquent pas \*\*quelles catégories spécifiques\*\* (c'est-à-dire les classes CEAP dans votre cas) contribuent à cette association.

- En examinant les résidus, vous pouvez identifier \*\*les cellules qui s'écartent le plus\*\* des valeurs attendues et contribuent ainsi le plus à la statistique du test.

2. \*\*Détection de contributions fortes ou faibles\*\* :

- Les cellules avec des résidus positifs ou négatifs importants indiquent les zones où le nombre observé diffère significativement du nombre attendu. Cela permet de mettre en évidence une \*\*forte asymétrie\*\* ou une \*\*sur/sous-représentation\*\* de certaines classes CEAP dans la jambe gauche ou droite.

3. \*\*Affiner les hypothèses\*\* :

- L'analyse des résidus peut vous aider à \*\*affiner les hypothèses\*\* ou à cibler des classes spécifiques pour une analyse plus approfondie. Par exemple, vous pouvez constater que certaines transitions (comme C3 à C4) sont plus fréquentes ou rares que prévu, ce qui suggère une asymétrie dans la progression de la maladie entre les jambes.

### Types de résidus :

1. \*\*Résidus bruts\*\* :

- \( r\_{ij} = O\_{ij} - E\_{ij} \), où \( O\_{ij} \) est le nombre observé et \( E\_{ij} \) est le nombre attendu.

- Ces valeurs donnent une différence fondamentale entre les valeurs observées et les valeurs attendues, mais ne tiennent pas compte de la variabilité.

2. \*\*Résidus standardisés\*\* :

- \( SR\_{ij} = \frac{O\_{ij} - E\_{ij}}{\sqrt{E\_{ij}}} \).

- Ces valeurs sont plus informatives, car elles standardisent les résidus bruts selon une échelle commune, ce qui permet d'identifier plus facilement les \*\*cellules\*\* qui contribuent le plus à la statistique du chi carré.

- Les résidus positifs importants indiquent plus d'occurrences que prévu, tandis que les résidus négatifs importants indiquent moins d'occurrences que prévu.

- \*\*Règle empirique\*\* : les résidus standardisés supérieurs à ±1,96 sont souvent considérés comme statistiquement significatifs au niveau de 5 %.

3. \*\*Résidus ajustés\*\* :

- Ces valeurs ajustent en outre les totaux des lignes et des colonnes, offrant une vue plus nuancée des écarts par rapport à l'indépendance. Elles peuvent être utiles pour les tableaux plus volumineux où les effets marginaux (totaux des lignes/colonnes) peuvent fausser les interprétations.

### Comment interpréter les résidus dans votre tableau de contingence :

- \*\*Concentrez-vous sur les cellules avec des résidus élevés\*\* : ce sont les cellules qui contribuent le plus à la statistique du test, indiquant où il y a un excès ou un déficit de gravité CEAP entre les jambes gauche et droite.

- \*\*Comparez les classes CEAP\*\* : recherchez des modèles. Par exemple, si C3 dans la jambe gauche est sous-représenté par rapport à C3 dans la jambe droite, cela peut indiquer des écarts de progression de la maladie entre les jambes.

- \*\*Magnitude et signification des résidus\*\* : des résidus positifs importants suggèrent que la fréquence observée est beaucoup plus élevée que prévu, tandis que des résidus négatifs importants suggèrent le contraire. Cela pourrait éclairer des domaines de préoccupation spécifiques, tels que la progression asymétrique de la maladie.

### Étapes pratiques :

- \*\*Analyse des résidus post-Khi-carré\*\* : si votre test du chi-carré global montre un résultat significatif, calculez les résidus standardisés pour chaque cellule du tableau de contingence.

- \*\*Concentrez-vous sur les cellules clés\*\* : si certains résidus se révèlent particulièrement importants (positifs ou négatifs), examinez plus en détail ces transitions entre les classes CEAP pour comprendre la nature de l'asymétrie.

### Conclusion :

L'analyse des résidus standardisés de votre tableau de contingence est \*\*utile\*\*. Elle peut fournir des informations plus approfondies sur les \*\*transitions de classe spécifiques\*\* entre les branches gauche et droite, révélant où l'asymétrie est la plus forte et vous aidant à \*\*cibler d'autres investigations\*\* ou hypothèses.

Pour effectuer une \*\*analyse résiduelle standardisée\*\* pour votre tableau de contingence, nous devons suivre ces étapes :

### Étapes de l'analyse résiduelle standardisée :

1. \*\*Créer le tableau de contingence\*\* : Vous disposez déjà de ce tableau, qui représente les occurrences de chaque classe CEAP (C0 à C6) dans les branches gauche et droite.

2. \*\*Calculer les nombres attendus\*\* : Pour chaque cellule du tableau, calculez les nombres attendus sous l'hypothèse d'indépendance entre les classifications des branches gauche et droite. Cela se fait en utilisant :

\[

E\_{ij} = \frac{(R\_i \times C\_j)}{N}

\]

où :

- \(E\_{ij}\) est le nombre attendu pour la \(i,j\)-ième cellule,

- \(R\_i\) est le total pour la ligne \(i\) (jambe gauche),

- \(C\_j\) est le total pour la colonne \(j\) (jambe droite),

- \(N\) est le nombre total global (somme de toutes les fréquences observées).

3. \*\*Calculer les résidus standardisés\*\* : les résidus standardisés sont calculés à l'aide de :

\[

SR\_{ij} = \frac{O\_{ij} - E\_{ij}}{\sqrt{E\_{ij}}}

\]

où :

- \(O\_{ij}\) est le nombre observé dans la \(i,j\)-ième cellule,

- \(E\_{ij}\) est le nombre attendu dans la \(i,j\)-ième cellule.

4. \*\*Interpréter les résidus\*\* : une fois que vous avez les résidus standardisés, identifiez les cellules avec des valeurs positives ou négatives élevées. Les valeurs supérieures à ±1,96 sont généralement considérées comme significatives au niveau de 5 %.

### Données :

Le tableau de contingence est le suivant :

```

NA C0 C1 C2 C3 C4 C5 C6

NA 0 0 0 2 18 5 0 22

C0 0 0 0 1 8 2 2 14

C1 0 0 1 0 3 2 1 0

C2 3 1 1 10 14 3 3 18

C3 20 9 0 15 80 16 3 14

C4 9 2 1 3 17 23 7 5

C5 7 5 1 5 4 2 6 8

C6 39 29 3 33 9 5 7 21

```

### Étapes suivantes :

Je vais maintenant calculer les nombres attendus et les résidus standardisés pour votre tableau de contingence.

Voici les \*\*résidus normalisés\*\* pour chaque cellule de votre tableau de contingence :

| | NA | C0 | C1 | C2 | C3 | C4 | C5 | C6 |

|-------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|

| \*\*NA\*\*| -2,601 | -1,997 | -0,779 | -1,628 | 1,299 | -0,013 | -1,586 | 4,423 |

| \*\*C0\*\*| -1,971 | -1,514 | -0,591 | -1,315 | 0,137 | -0,523 | 0,462 | 3,957 |

| \*\*C1\*\*| -1,004 | -0,771 | 3.025 | -0,944 | 0,728 | 1,445 | 1.022 | -1.148 |

| \*\*C2\*\*| -1,675 | -1,649 | 0,381 | 1.252 | -0,249 | -1.122 | 0,098 | 2.541 |

| \*\*C3\*\*| -0,546 | -1.185 | -1,424 | -1.116 | 5.360 | -0,195 | -1.863 | -2.860 |

| \*\*C4\*\*| -0,207 | -1,546 | 0,145 | -1,893 | -0,440 | 5.912 | 1.804 | -2.143 |

| \*\*C5\*\*| 0,655 | 0,988 | 0,727 | 0,074 | -2,054 | -1,025 | 2,782 | 0,317 |

| \*\*C6\*\*| 3,924 | 4,718 | 0,812 | 3,343 | -5,018 | -2,688 | -0,290 | -1,235 |

### Interprétation :

- \*\*Cellules avec résidus supérieurs à ±1,96\*\* (significatifs au niveau de 5 %) :

- \*\*NA vs C6\*\* : un résidu de \*\*4,423\*\* indique un nombre plus élevé que prévu de cas où aucune insuffisance veineuse (NA) n'est présente dans la jambe gauche, mais où C6 est présent dans la jambe droite.

- \*\*C0 vs C6\*\* : un résidu de \*\*3,957\*\* indique que les cas où C0 est présent dans la jambe gauche et C6 dans la jambe droite sont plus fréquents que prévu.

- \*\*C1 (gauche) vs C1 (droite)\*\* : un résidu de \*\*3,025\*\* indique une concordance de C1 plus élevée que prévu entre les deux jambes.

- \*\*C3 (gauche) vs C3 (droite)\*\* : un résidu de \*\*5,360\*\* suggère une très forte asymétrie, où C3 est surreprésenté dans les deux jambes par rapport à ce qui est attendu.

- \*\*C4 (gauche) vs C4 (droite)\*\* : un résidu de \*\*5,912\*\* montre également une forte surreprésentation de C4 dans les deux jambes.

A l'inverse, des résidus négatifs tels que \*\*C6 vs C3\*\* (-5,018) suggèrent une \*\*sous-représentation\*\*, ce qui signifie que la fréquence est bien inférieure à ce qui est attendu.

### Conclusion :

- Les résidus présentent de fortes déviations, notamment dans les \*\*classes CEAP sévères\*\* (C4, C6) et leur asymétrie de progression entre les jambes.

- Cela met en évidence une asymétrie significative de la gravité de la maladie entre les jambes gauche et droite pour certaines classes CEAP, notamment dans les transitions entre \*\*NA\*\*, \*\*C3\*\*, \*\*C4\*\* et \*\*C6\*\*.

Vous pouvez maintenant vous concentrer sur des transitions spécifiques (comme \*\*NA vers C6\*\*, \*\*C3 vers C3\*\*, etc.) où les résidus sont les plus significatifs.

Oui, l'ajout d'un niveau plus strict (par exemple, \(p < 0,01\) ou de seuils résiduels normalisés de \( \pm 2,58 \)) peut aider à affiner l'interprétation. Dans ce cas :

- \*\*"LL"\*\* indiquerait une très forte surreprésentation de la jambe gauche (résiduel > 2,58),

- \*\*"RR"\*\* indiquerait une très forte surreprésentation de la jambe droite (résiduel < -2,58),

- \*\*"L"\*\* et \*\*"R"\*\* représenteraient toujours une surreprésentation en utilisant le seuil initial (\( \pm 1,94 \)),

- \*\*" "\*\* ne représenterait aucune différence significative.

Voici le code mis à jour pour intégrer le niveau strict supplémentaire :

### Explication :

- \*\*Résiduel > 2,58\*\* : "LL" (forte surreprésentation de la jambe gauche).

- \*\*Résiduel > 1,94\*\* : "L" (surreprésentation modérée de la jambe gauche).

- \*\*Résiduel < -2,58\*\* : « RR » (forte surreprésentation de la jambe droite).

- \*\*Résiduel < -1,94\*\* : « R » (surreprésentation modérée de la jambe droite).

- \*\*Entre -1,94 et 1,94\*\* : « » (pas de différence significative).

Cette approche donne une vue plus nuancée, en séparant les cas de surreprésentation modérée et forte.

Souhaitez-vous appliquer cela à votre ensemble de données, ou avez-vous d'autres améliorations en tête ?

Merci d'avoir fourni le résultat et le code qui l'a généré. Ce DataFrame représente une interprétation synthétisée de résidus standardisés, où chaque cellule contient un symbole indiquant le degré et la direction de la représentation pour les jambes gauche ou droite.

Voici une répartition de la signification des symboles :

- « LL » : forte surreprésentation de la jambe gauche (résiduel > 2,58)

- « L » : surreprésentation modérée de la jambe gauche (1,94 < résiduel ≤ 2,58)

- « RR » : forte surreprésentation de la jambe droite (résiduel < -2,58)

- « R » : surreprésentation modérée de la jambe droite (-2,58 ≤ résiduel < -1,94)

- « \_ » : aucune différence significative (-1,94 ≤ résiduel ≤ 1,94)

La fonction `synthesize\_interpretation\_with\_strict()` prend un DataFrame de résidus standardisés en entrée et applique ces règles pour créer cette représentation symbolique.

À partir du résultat, nous pouvons observer des modèles tels que :

1. La ligne « NA » et la colonne « C6 » ont des représentations plus significatives que les autres zones.

2. Il y a une forte surreprésentation de la jambe droite (RR) dans les coins supérieur gauche et inférieur droit.

3. La jambe gauche est fortement surreprésentée (LL) dans plusieurs cellules, en particulier dans la colonne la plus à droite.

Ce type d'analyse peut être utile dans divers domaines, tels que la biomécanique, les sciences du sport ou la recherche médicale, où il est important de comprendre la distribution de la représentation de la jambe gauche par rapport à la jambe droite.

Voulez-vous que j'explique plus en détail une partie spécifique du code ou du résultat ?

Je fournirai certainement plus de détails sur ces modèles observés :

1. La ligne « NA » et la colonne « C6 » ayant des représentations plus significatives :

- La ligne « NA » (représentant probablement « Non applicable » ou une catégorie spécifique) montre un mélange de représentations fortes :

\* RR (forte droite) au début

\* R (modérée droite) dans la deuxième colonne

\* LL (forte gauche) à la fin

- Cela suggère que quelle que soit la représentation de « NA », elle présente des modèles distincts de dominance des jambes dans différentes conditions.

- La colonne « C6 » (représentant éventuellement une condition ou un moment spécifique) indique :

\* LL (forte gauche) dans la moitié supérieure

\* RR (forte droite) au milieu

\* R (modérée droite) et L (modérée gauche) en bas

- Cela indique que la condition C6 suscite de fortes préférences pour les jambes, mais ces préférences varient en fonction de la catégorie de ligne.

2. Forte surreprésentation de la jambe droite (RR) dans les coins supérieur gauche et inférieur droit :

- En haut à gauche : le RR dans la cellule (NA, NA) suggère un fort biais pour la jambe droite dans cette condition spécifique.

- En bas à droite : le RR dans les cellules (C3, C6) et (C4, C6) indique un fort biais pour la jambe droite dans ces combinaisons.

- Ce modèle diagonal pourrait suggérer un changement systématique de la préférence pour la jambe lorsque nous nous déplaçons à la fois dans les lignes et les colonnes.

3. Forte surreprésentation de la jambe gauche (LL) dans plusieurs cellules, notamment dans la colonne la plus à droite :

- La colonne la plus à droite (C6) montre LL pour les lignes NA, C0 et C2.

- D'autres occurrences de LL se trouvent dans (C1, C2), (C3, C3), (C4, C4) et (C5, C5).

- La présence de LL le long de la diagonale (C3, C3), (C4, C4), (C5, C5) peut indiquer un biais de la jambe gauche lorsque les conditions de ligne et de colonne correspondent à ces catégories spécifiques.

Ces schémas suggèrent des interactions complexes entre les conditions représentées par les lignes et les colonnes, ce qui entraîne différents degrés de préférence pour la jambe. L'analyse pourrait être utile dans des domaines tels que :

Pour obtenir plus d'informations, il serait utile de savoir exactement ce que représentent les libellés des lignes et des colonnes (par exemple, les types de mouvements, les moments, les conditions spécifiques) et le contexte de l'étude ou de l'analyse.

# Analyse détaillée 2x2

## Interprétation des résultats 2x2

### Mc Nemar

Étant donné que l'analyse utilise le \*\*test de McNemar\*\*, qui est approprié pour les données catégorielles appariées afin d'évaluer les changements ou les différences entre deux échantillons liés, voici une interprétation révisée des résultats pour chaque classe CEAP :

### Répartition des résultats du test de McNemar

Le test de McNemar évalue spécifiquement l'homogénéité marginale dans un tableau de contingence 2x2. Dans ce contexte, il évalue si la distribution de la gravité de la maladie dans la jambe gauche diffère de celle de la jambe droite dans chaque classe CEAP.

1. \*\*Classe NA (Aucune)\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,328, \*\*pval\_deta\*\* : 0,011

- \*\*Association\*\* : association positive modérée.

- \*\*Force\*\* : 3/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : il existe une différence modérée et statistiquement significative entre les jambes pour les patients classés comme NA, ce qui suggère que l'absence de maladie visible dans une jambe correspond souvent à l'absence dans l'autre

2. \*\*Classe C0\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,257, \*\*pval\_deta\*\* : 0,027

- \*\*Association\*\* : association positive faible.

- \*\*Force\*\* : 2/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : une association positive faible avec signification statistique indique que même s'il existe une certaine concordance de la gravité C0 entre les branches, elle n'est pas fortement cohérente.

3. \*\*Classe C1\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,105, \*\*pval\_deta\*\* : 1,000

- \*\*Association\*\* : association positive faible.

- \*\*Force\*\* : 2/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : l'absence de signification statistique signifie que la concordance de la gravité C1 entre les branches n'est ni forte ni fiable, malgré une faible association positive.

4. \*\*Classe C2\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,293, \*\*pval\_deta\*\* : 0,089

- \*\*Association\*\* : association positive faible.

- \*\*Force\*\* : 2/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : bien qu'il existe une association positive faible, le résultat n'est pas statistiquement significatif, ce qui indique une preuve limitée d'un alignement cohérent de la gravité de C2 entre les jambes.

5. \*\*Classe C3\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,345, \*\*pval\_deta\*\* : 0,832

- \*\*Association\*\* : association positive modérée.

- \*\*Force\*\* : 3/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : malgré une association positive modérée, la valeur p élevée indique que cette association n'est pas statistiquement significative, de sorte que l'alignement de la gravité de C3 n'est pas différent de manière fiable entre les jambes.

6. \*\*Classe C4\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,247, \*\*pval\_deta\*\* : 0,401

- \*\*Association\*\* : association positive faible.

- \*\*Force\*\* : 2/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : une association positive faible avec une valeur p non significative suggère que l'alignement de la gravité C4 entre les jambes est faible et non statistiquement fiable.

7. \*\*Classe C6\*\*

- \*\*stat\_deta\*\* : 0,414, \*\*pval\_deta\*\* : 0,019

- \*\*Association\*\* : association positive modérée.

- \*\*Force\*\* : 3/5 valeurs significatives.

- \*\*Explication\*\* : ce résultat montre une différence modérée et statistiquement significative, indiquant un alignement plus cohérent de la gravité C6 entre les jambes par rapport aux autres classes.

### Résumé

- \*\*Associations significatives\*\* : les classes NA, C0 et C6 présentent des différences significatives entre les branches, indiquant un alignement notable de la gravité de la maladie.

- \*\*Associations non significatives\*\* : les classes C1, C2, C3, C4, bien que présentant des degrés d'association variables, ne présentent pas de différences statistiquement significatives, indiquant un alignement moins fiable de la gravité de la maladie entre les branches pour ces classes.

Cette approche avec le test de McNemar met en évidence les classes qui présentent des schémas cohérents entre les branches et celles qui ne le font pas, offrant ainsi un aperçu de la nature de l'alignement de la gravité de la maladie entre les différentes classes CEAP.

### Fisher exact (odds ratio)

### Interprétation des résultats du test exact de Fisher

Le test exact de Fisher évalue le rapport de cotes dans un tableau de contingence 2x2, fournissant des informations sur la manière dont la présence ou l'absence d'une condition dans une jambe est liée à sa présence ou son absence dans l'autre jambe. Voici une répartition des résultats pour chaque classe CEAP :

#### 1. \*\*Classe NA (Aucune)\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 0,000

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,000

- \*\*Interprétation\*\* : Le rapport de cotes de 0 indique que la jambe gauche a \*\*une probabilité plus faible\*\* de présenter une NA (aucune maladie visible) par rapport à la jambe droite. Il s'agit d'un résultat significatif (valeur de p = 0,000), suggérant que lorsqu'une jambe ne présente aucune maladie, l'autre jambe est également très susceptible de ne présenter aucune maladie.

#### 2. \*\*Classe C0\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 0,000

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,094

- \*\*Interprétation\*\* : Un rapport de cotes de 0, bien que non significativement différent (valeur de p = 0,094), implique que la jambe gauche a des \*\*chances\*\* plus faibles d'avoir une gravité C0 par rapport à la jambe droite. La valeur de p est proche du seuil de signification, ce qui indique des preuves de probabilités plus faibles dans la jambe gauche.

#### 3. \*\*Classe C1\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 17,600

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,081

- \*\*Interprétation\*\* : Le rapport de cotes élevé de 17,600 suggère que la jambe gauche a des \*\*chances\*\* plus élevées d'avoir une gravité C1 par rapport à la jambe droite. Ce résultat n'est pas statistiquement significatif (valeur de p = 0,081), mais il indique une forte tendance selon laquelle la gravité C1 est plus probable dans la jambe gauche.

#### 4. \*\*Classe C2\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 1,881

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,113

- \*\*Interprétation\*\* : Un rapport de cotes de 1,881 indique que la jambe gauche a des \*\*chances\*\* légèrement plus élevées d'avoir une gravité C2 par rapport à la jambe droite. La valeur de p n'est pas significative (0,113), donc cette association n'est pas suffisamment forte pour être considérée comme fiable.

#### 5. \*\*Classe C3\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 7,806

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,000

- \*\*Interprétation\*\* : Le rapport de cotes de 7,806 signifie que la jambe gauche a des \*\*chances\*\* plus élevées d'avoir une gravité C3 par rapport à la jambe droite. Ceci est statistiquement significatif (valeur de p = 0,000), indiquant une association robuste où la gravité C3 est beaucoup plus probable dans la jambe gauche.

#### 6. \*\*Classe C4\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 10,382

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,000

- \*\*Interprétation\*\* : Un rapport de cotes de 10,382 montre que la jambe gauche a des \*\*chances plus élevées\*\* d'avoir une gravité C4 par rapport à la jambe droite. Le résultat est significatif (valeur de p = 0,000), indiquant une forte probabilité que la gravité C4 soit plus fréquente dans la jambe gauche.

#### 7. \*\*Classe C5\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 4,565

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,008

- \*\*Interprétation\*\* : Avec un rapport de cotes de 4,565, la jambe gauche a des \*\*chances plus élevées\*\* d'avoir une gravité C5 par rapport à la jambe droite. Ce résultat est statistiquement significatif (valeur de p = 0,008), indiquant une association notable en faveur de probabilités plus élevées de gravité C5 dans la jambe gauche.

#### 8. \*\*Classe C6\*\*

- \*\*Rapport de cotes\*\* : 0,688

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,225

- \*\*Interprétation\*\* : Le rapport de cotes de 0,688 suggère que la jambe gauche a une \*\*probabilité plus faible\*\* d'avoir une gravité C6 par rapport à la jambe droite, mais ce résultat n'est pas statistiquement significatif (valeur de p = 0,225). Par conséquent, il n'y a pas suffisamment de preuves pour conclure à une association fiable pour la gravité C6.

### Résumé des résultats

- \*\*Résultats significatifs\*\* : La jambe gauche présente des cotes significativement plus élevées pour les gravités C3, C4 et C5 par rapport à la jambe droite. NA et C0 indiquent également des cotes plus faibles dans la jambe gauche, mais les résultats sont moins significatifs.

- \*\*Tendances\*\* : C1 et C2 présentent des tendances vers des cotes plus élevées dans la jambe gauche, mais ces tendances ne sont pas statistiquement significatives.

- \*\*Aucune association significative\*\* : C6 montre un rapport de cotes plus faible pour la jambe gauche, mais l'association n'est pas significative.

Ces résultats suggèrent que si certaines classes CEAP (C3, C4, C5) ont une association claire et significative avec une gravité plus élevée dans la jambe gauche, d'autres classes montrent des associations faibles ou non significatives.

### Stuart-Maxwell

### Interprétation des résultats du test Stuart-Maxwell

Le test Stuart-Maxwell est utilisé pour les données nominales appariées afin de tester la symétrie des distributions marginales. Il est particulièrement utile pour analyser les changements sur plus de deux catégories, de manière similaire au test Bowker, mais il est généralement mieux adapté aux tableaux de contingence plus complexes.

Voici une répartition des résultats du test Stuart-Maxwell pour chaque classe CEAP :

#### 1. \*\*Classe NA (Aucune)\*\*

- \*\*Stat\*\* : 9,746

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,002

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat significatif (valeur de p = 0,002) indique qu'il existe une \*\*asymétrie significative\*\* dans la distribution marginale entre les branches pour la classe NA. Cela suggère une différence notable dans la distribution de l'absence de présence de maladie entre les branches.

#### 2. \*\*Classe C0\*\*

- \*\*Stat\*\* : 3,465

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,063

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat est proche de la signification (valeur de p = 0,063), ce qui suggère une \*\*tendance à l'asymétrie\*\* dans la distribution marginale de la gravité C0. Bien que non significatif, cela indique qu'il peut y avoir des différences dans la gravité C0 entre les branches.

#### 3. \*\*Classe C1\*\*

- \*\*Stat\*\* : 10,465

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,001

- \*\*Interprétation\*\* : Un résultat significatif (valeur de p = 0,001) suggère une \*\*asymétrie significative\*\* dans la distribution marginale de la gravité C1. Cela indique que la distribution de la gravité C1 entre les branches n'est pas symétrique et qu'il existe des différences importantes dans la façon dont la gravité C1 apparaît entre elles.

#### 4. \*\*Classe C3\*\*

- \*\*Stat\*\* : 75,049

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,000 (e-00)

- \*\*Interprétation\*\* : Un résultat hautement significatif (valeur de p effectivement égale à 0) indique une \*\*asymétrie extrême\*\* dans la distribution marginale de la gravité de C3. Le test de Stuart-Maxwell montre que la gravité de C3 est distribuée de manière très différente entre les branches.

#### 5. \*\*Classe C4\*\*

- \*\*Stat\*\* : 56,409

- \*\*Valeur de p\*\* : 5,884e-14

- \*\*Interprétation\*\* : Un autre résultat hautement significatif (valeur de p ≈ 0) indique une \*\*asymétrie extrême\*\* dans la distribution marginale de la gravité de C4. La distribution de C4 entre les branches est très déséquilibrée.

#### 6. \*\*Classe C5\*\*

- \*\*Stat\*\* : 10,067

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,002

- \*\*Interprétation\*\* : Ce résultat significatif (valeur de p = 0,002) suggère une \*\*asymétrie significative\*\* dans la distribution marginale de la gravité de C5. Cela indique des différences dans la façon dont la gravité de C5 est distribuée entre les jambes.

#### 7. \*\*Classe C6\*\*

- \*\*Stat\*\* : 1,754

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,185

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat non significatif n'indique aucune asymétrie substantielle dans la distribution marginale de la gravité de C6. La distribution de la gravité de C6 entre les jambes est assez symétrique.

### Résumé des résultats

- \*\*Asymétrie significative\*\* : Les classes NA, C1, C3, C4 et C5 présentent une \*\*asymétrie significative\*\* dans leurs distributions marginales entre les jambes, ce qui signifie qu'il existe des différences significatives dans la façon dont la gravité de la maladie se manifeste entre les jambes.

- \*\*Tendance à l'asymétrie\*\* : la classe C0 montre une \*\*tendance à l'asymétrie\*\* mais n'est pas tout à fait significative. Cela indique des différences potentielles de gravité de la C0 entre les jambes, mais sans preuve statistique solide.

- \*\*Aucune asymétrie significative\*\* : la classe C6 ne montre aucune asymétrie significative, ce qui signifie que la gravité est distribuée symétriquement entre les jambes gauche et droite.

Ces résultats mettent en évidence d'importantes asymétries dans la distribution de certaines classes CEAP entre les jambes, en particulier pour C1, C3, C4 et C5, suggérant que la manifestation de la maladie dans une jambe peut ne pas toujours se refléter dans l'autre jambe pour ces classes.

### Bowker

### Interprétation des résultats du test de Bowker

Le test de Bowker est utilisé pour évaluer la symétrie d'un tableau de contingence, en particulier pour vérifier si les cellules hors diagonale (les cellules représentant les discordances entre les catégories appariées) sont distribuées de manière symétrique. Pour les tableaux 2x2, il examine si la distribution des erreurs de classification est la même dans les deux sens.

Voici une répartition des résultats du test de Bowker pour chaque classe CEAP :

#### 1. \*\*Classe NA (Aucune)\*\*

- \*\*Stat\*\* : 6,943

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,008

- \*\*Interprétation\*\* : La statistique du test est significative, ce qui indique une asymétrie dans la classification erronée entre les branches pour la classe NA. Cela signifie que le schéma des écarts dans la présence ou l'absence de maladie entre les branches n'est pas symétrique.

#### 2. \*\*Classe C0\*\*

- \*\*Stat\*\* : 5,388

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,020

- \*\*Interprétation\*\* : Ce résultat significatif suggère une asymétrie dans la classification erronée pour la classe C0. La distribution de la gravité de la C0 entre les branches montre des différences dans la direction des écarts.

#### 3. \*\*Classe C1\*\*

- \*\*Stat\*\* : 0,111

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,739

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat non significatif indique qu'il n'y a pas d'asymétrie significative dans la classification erronée entre les branches pour la classe C1. La distribution des écarts est symétrique.

#### 4. \*\*Classe C2\*\*

- \*\*Stat\*\* : 3,282

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,070

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat est proche de la signification mais pas tout à fait (valeur de p = 0,070). Cela suggère une tendance à l'asymétrie dans la classification erronée de la gravité de C2 entre les jambes, bien que cela ne soit pas statistiquement significatif.

#### 5. \*\*Classe C3\*\*

- \*\*Stat\*\* : 0,101

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,750

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat non significatif n'indique aucune asymétrie significative dans la classification erronée pour la classe C3. Les écarts entre les jambes sont distribués de manière symétrique.

#### 6. \*\*Classe C4\*\*

- \*\*Stat\*\* : 0,961

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,327

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat n'est pas significatif, ce qui indique qu'il n'y a aucune asymétrie significative dans la classification erronée entre les jambes pour la classe C4.

#### 7. \*\*Classe C5\*\*

- \*\*Stat\*\* : 0,610

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,435

- \*\*Interprétation\*\* : Le résultat n'est pas significatif et ne montre aucune asymétrie significative dans la classification erronée entre les branches pour la classe C5.

#### 8. \*\*Classe C6\*\*

- \*\*Stat\*\* : 5,844

- \*\*Valeur de p\*\* : 0,016

- \*\*Interprétation\*\* : Ce résultat significatif indique une asymétrie dans la classification erronée pour la classe C6. Les écarts de gravité de C6 entre les branches ne sont pas distribués de manière symétrique.

### Résumé des résultats

- \*\*Asymétrie significative\*\* : Les classes NA, C0 et C6 montrent une asymétrie significative dans la classification erronée de la gravité de la maladie entre les branches. Cela indique que les écarts entre les branches ne sont pas distribués de manière symétrique.

- \*\*Aucune asymétrie significative\*\* : les classes C1, C3, C4 et C5 ne présentent pas d'asymétrie significative, ce qui suggère que les écarts entre les branches pour ces classes sont distribués de manière symétrique.

- \*\*Tendance à l'asymétrie\*\* : C2 montre une tendance à l'asymétrie, bien que le résultat ne soit pas statistiquement significatif.

Ces résultats suggèrent que pour certaines classes CEAP, le schéma des écarts de gravité de la maladie entre les branches est asymétrique, ce qui indique que la direction et la distribution des erreurs de classification ne sont pas égales. Pour d'autres classes, les écarts sont symétriques, ce qui signifie que les schémas de gravité sont répartis de manière similaire entre les branches.

## Interprétation des résultats nxn (2/2)

### NA,C6

#### Khi-carré

Le résultat du test du chi carré que vous avez fourni suggère une forte relation statistique entre la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite selon la classification CEAP. Voici une interprétation rapide des résultats du test :

1. \*\*Statistique du chi carré (217,749)\*\* : elle mesure l'écart entre les fréquences observées et attendues. Plus la statistique est élevée, plus l'écart d'indépendance entre les lignes et les colonnes est important. Dans ce cas, la valeur élevée indique une association significative entre la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite

2. \*\*Valeur p (7,343e-28)\*\* : une valeur p aussi faible signifie que la probabilité d'observer une telle association par hasard est extrêmement faible. Ce résultat est hautement significatif (même bien en dessous du seuil conventionnel de 0,05), ce qui implique que les gravités de la jambe gauche et de la jambe droite ne sont pas indépendantes l'une de l'autre. En d'autres termes, il existe une relation significative entre les gravités de la maladie des jambes gauche et droite.

#### Stuart-Maxwell

Le \*\*test de Stuart-Maxwell\*\* est utilisé pour évaluer l'homogénéité marginale dans les données catégorielles appariées, souvent appliquées à des mesures répétées ou à des paires appariées, comme dans votre cas où les jambes gauche et droite des mêmes individus sont comparées.

1. \*\*Statistique de Stuart-Maxwell (9,260)\*\* : cette statistique évalue si les distributions marginales (dans ce cas, la gravité de l'insuffisance veineuse dans les jambes gauche et droite) sont égales.

2. \*\*Valeur p (0,159)\*\* : une valeur p de 0,159 est supérieure au niveau de signification conventionnel (0,05), ce qui suggère qu'il n'y a pas de différence significative entre les distributions marginales des degrés de gravité de la maladie veineuse dans les jambes gauche et droite. Cela signifie que, bien que l'association globale entre les jambes gauche et droite (à partir du test du chi carré) soit forte, les distributions marginales des degrés de gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite ne sont pas significativement différentes.

En résumé :

- Le \*\*test du Chi carré\*\* indique une forte association entre la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite.

- Le \*\*test de Stuart-Maxwell\*\* suggère que la distribution globale de la gravité de la maladie entre les jambes gauche et droite est assez similaire.

Les deux tests ensemble fournissent une compréhension nuancée : les gravités entre les jambes gauche et droite sont liées, mais la répartition globale des niveaux de gravité ne diffère pas beaucoup entre les jambes.

#### Bowker

Le \*\*test de Bowker\*\* est une extension du test de McNemar et est spécifiquement utilisé pour tester la symétrie dans les données catégorielles appariées, ce qui le rend approprié pour votre tableau de contingence comparant la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite.

1. \*\*Statistique de Bowker (70,818)\*\* : cette statistique de test évalue si les éléments hors diagonale du tableau de contingence sont symétriques. En d’autres termes, elle vérifie si le schéma de transition d’une catégorie à une autre (par exemple, de la gravité C3 dans la jambe gauche à C4 dans la jambe droite, contre de C4 dans la jambe gauche à C3 dans la jambe droite) est symétrique.

2. \*\*Valeur p (2,596e-07)\*\* : la valeur p est extrêmement faible, bien en dessous du seuil conventionnel de 0,05. Cela suggère qu’il existe une asymétrie significative entre les gravités de la maladie dans les jambes gauche et droite. En termes pratiques, cela signifie que les transitions entre les niveaux de gravité dans les jambes gauche et droite ne sont pas réparties de manière uniforme ; par exemple, si une personne présente une gravité C3 dans une jambe, la gravité dans l'autre jambe n'est pas aussi susceptible d'être C3.

### Résumé de tous les tests :

- \*\*Test du chi carré\*\* : forte association globale entre les niveaux de gravité dans les deux jambes.

- \*\*Test de Stuart-Maxwell\*\* : aucune différence significative dans les distributions marginales de la gravité de la maladie entre les deux jambes.

- \*\*Test de Bowker\*\* : asymétrie significative dans la manière dont la gravité de la maladie passe entre les jambes gauche et droite.

Cette combinaison de résultats suggère que même si les distributions globales de gravité dans les deux jambes sont similaires, il existe une asymétrie notable dans les schémas exacts de gravité de la maladie entre les deux jambes.

#### Permutation

Le \*\*test de permutation\*\* est une approche non paramétrique permettant de tester l'hypothèse d'absence d'association entre les variables en calculant la statistique de test sous toutes les réaffectations possibles des données observées. Dans votre cas, il évalue l'association entre la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite.

Voici comment interpréter les résultats :

1. \*\*Statistique de permutation (1 076 000)\*\* : il s'agit de la statistique de test observée calculée sur la base des données d'origine. Elle ne correspond pas directement à une statistique de test traditionnelle comme la valeur du chi carré, mais représente plutôt le résultat des permutations.

2. \*\*Valeur p (0,034)\*\* : une valeur p de 0,034 est inférieure au seuil de signification couramment utilisé de 0,05, indiquant une association significative entre la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite. Cela confirme le rejet de l'hypothèse nulle (qui suppose l'absence d'association), suggérant que le schéma observé dans votre tableau de contingence n'est probablement pas le fruit du hasard.

### Résumé avec test de permutation :

- Le \*\*test de permutation\*\* confirme l'association significative entre les degrés de gravité de la jambe gauche et de la jambe droite trouvée avec le test du chi carré, renforçant encore la conclusion selon laquelle les degrés de gravité de la maladie dans les deux jambes ne sont pas indépendants.

- Alors que le \*\*test du chi carré\*\* suppose une distribution asymptotique, le \*\*test de permutation\*\* fournit une approche davantage axée sur les données, ce qui donne une confiance supplémentaire dans le fait que l'association observée est significative.

Pris avec les résultats précédents (Chi carré, Stuart-Maxwell et Bowker), ce test de permutation renforce encore la compréhension selon laquelle les degrés de gravité de la maladie entre les jambes gauche et droite sont associés mais avec une certaine asymétrie dans la façon dont les degrés de gravité passent d'une jambe à l'autre.

#### Log-linéaire

Le \*\*test log-linéaire\*\* est utilisé pour modéliser des données catégorielles dans des tableaux de contingence, en explorant les interactions entre les variables, dans ce cas, la gravité de la maladie dans les jambes gauche et droite. Cette approche basée sur un modèle évalue les associations entre les variables en comparant la façon dont les différents modèles s'adaptent aux données observées.

### Voici ce que signifient vos résultats :

1. \*\*Statistique log-linéaire (206,475)\*\* : il s'agit de la statistique du rapport de vraisemblance (G²), qui mesure la façon dont les données observées s'adaptent au modèle log-linéaire. Une valeur élevée de la statistique indique que le modèle nul (en supposant qu'il n'y ait aucune association ou interaction entre la gravité de la jambe gauche et de la jambe droite) s'adapte mal, ce qui suggère la présence d'associations ou d'interactions significatives.

2. \*\*Valeur p (0,000e+00)\*\* : une valeur p de 0 indique un résultat hautement significatif. Le modèle qui suppose une indépendance entre les gravités des jambes gauche et droite ne correspond pas bien aux données, ce qui implique qu'il existe une forte interaction entre les gravités de la maladie dans les deux jambes.

3. \*\*AIC symétrique (505)\*\* : Le critère d'information d'Akaike (AIC) mesure la qualité de l'ajustement d'un modèle, en pénalisant la complexité du modèle (nombre de paramètres). Des valeurs AIC plus faibles indiquent un meilleur équilibre entre l'ajustement et la complexité. Le modèle symétrique suppose que les données sont symétriques en termes de distribution des gravités entre les jambes, mais avec un AIC relativement élevé, cela suggère que le modèle symétrique pourrait ne pas être le mieux adapté à vos données.

4. \*\*AIC quasi-symétrique (317)\*\* : Le modèle quasi-symétrique autorise une certaine asymétrie dans les données (similaire à ce que le test de Bowker a identifié). Avec un AIC beaucoup plus faible (317 contre 505), ce modèle est significativement plus adapté aux données, ce qui suggère qu'il existe une certaine asymétrie dans la distribution des gravités de la maladie entre les jambes gauche et droite, même s'il existe toujours une forte association entre elles.

### Résumé avec test log-linéaire :

- Le \*\*test log-linéaire\*\* montre une forte association entre les gravités de la maladie des jambes gauche et droite, similaire aux tests précédents.

- La comparaison entre les modèles \*\*symétrique\*\* et \*\*quasi-symétrique\*\* (valeurs AIC) indique qu'il existe une asymétrie dans la distribution des gravités de la maladie entre les jambes gauche et droite, le modèle quasi-symétrique s'adaptant beaucoup mieux aux données.

Ainsi, cela confirme que même s'il existe une forte association, le schéma de gravité de la maladie n'est pas parfaitement symétrique entre les jambes, ce qui correspond aux résultats du \*\*test de Bowker\*\* et du \*\*test de Stuart-Maxwell\*\*.

#### Cohen’s Kappa

La statistique \*\*Kappa de Cohen\*\* est une mesure de la concordance entre deux évaluateurs (dans votre cas, les jambes gauche et droite) lors de la catégorisation des éléments (la gravité de la maladie). Elle tient compte de la concordance qui se produit par hasard, offrant une vue plus nuancée de la concordance qu'un simple pourcentage de concordance.

### Interprétation de vos résultats Kappa de Cohen :

1. \*\*Kappa de Cohen (0,0991)\*\* : cette valeur suggère un \*\*faible niveau de concordance\*\* entre les gravités de la maladie de la jambe gauche et de la jambe droite au-delà de ce que l'on pourrait attendre du hasard. La statistique Kappa varie de -1 à 1 :

- Les valeurs proches de 1 indiquent une forte concordance.

- Les valeurs proches de 0 suggèrent que la concordance n'est pas meilleure que le hasard.

- Les valeurs négatives indiquent un désaccord.

Un Kappa de 0,0991 indique qu'il n'y a qu'une légère concordance entre les gravités de l'insuffisance veineuse dans les jambes gauche et droite.

2. \*\*P-value (0,0)\*\* : une valeur p de 0 indique que ce résultat est statistiquement significatif. Cela signifie que la légère concordance que vous voyez est toujours significativement meilleure que ce à quoi on pourrait s'attendre par hasard.

### Résumé avec le Kappa de Cohen :

- Malgré l'association significative entre les gravités de la maladie de la jambe gauche et de la jambe droite montrée par les autres tests, le \*\*Kappa de Cohen n'indique qu'une légère concordance\*\* entre les deux jambes.

- Le fait que le Kappa soit faible, même s'il existe une valeur p statistiquement significative, suggère que même s'il existe une certaine association entre les gravités de la maladie dans les jambes, elles ne sont pas étroitement alignées d'une manière qui indiquerait une forte concordance dans leurs classifications.

En combinaison avec les \*\*tests de Stuart-Maxwell\*\* et \*\*Bowker\*\*, ce résultat s'aligne sur l'idée selon laquelle, même si les gravités de la maladie des jambes sont associées, il existe une asymétrie significative et la concordance n'est pas forte.

#### Synthèse

### Synthèse Comparative des Tests

L'analyse de votre tableau de contingence concernant les classes CEAP de l'insuffisance veineuse dans les jambes gauche et droite repose sur plusieurs tests statistiques. Voici une synthèse comparative des différents tests appliqués à vos données :

---

### 1. \*\*Test du Khi-carré\*\*

- \*\*Statistique\*\* : 217.749

- \*\*P-value\*\* : 7.343e-28

- \*\*Interprétation\*\* :

- Ce test évalue l’association globale entre les sévérités de l'insuffisance veineuse dans la jambe gauche et la jambe droite.

- La statistique élevée et la p-value très faible indiquent une forte association entre les deux jambes, rejetant l'hypothèse d'indépendance. Cela signifie que les niveaux de sévérité dans les jambes gauche et droite ne sont pas distribués de manière aléatoire et sont étroitement liés.

---

### 2. \*\*Test de Stuart-Maxwell\*\*

- \*\*Statistique\*\* : 9.260

- \*\*P-value\*\* : 0.159

- \*\*Interprétation\*\* :

- Ce test examine l’homogénéité marginale, c'est-à-dire s’il y a une différence dans la distribution marginale des sévérités entre les jambes gauche et droite.

- Avec une p-value de 0.159, le test suggère qu'il n'y a pas de différence significative entre la répartition globale des sévérités dans les deux jambes. Bien qu'il y ait une association (comme révélé par le Khi-carré), les distributions marginales de gravité sont globalement similaires entre les jambes.

---

### 3. \*\*Test de Bowker\*\*

- \*\*Statistique\*\* : 70.818

- \*\*P-value\*\* : 2.596e-07

- \*\*Interprétation\*\* :

- Le test de Bowker est utilisé pour tester la symétrie des données. Il vérifie si les transitions entre les classes CEAP des jambes gauche et droite sont symétriques.

- La statistique élevée et la p-value très faible montrent une \*\*asymétrie significative\*\* dans les transitions entre les sévérités des jambes gauche et droite. Cela suggère que la répartition des niveaux de sévérité n’est pas identique dans les deux jambes.

---

### 4. \*\*Test de permutation\*\*

- \*\*Statistique\*\* : 1076.000

- \*\*P-value\*\* : 0.034

- \*\*Interprétation\*\* :

- Le test de permutation est un test non paramétrique qui vérifie si l'association entre les variables observées pourrait être due au hasard.

- Une p-value de 0.034 indique une \*\*association significative\*\* entre les sévérités dans les jambes gauche et droite, confirmant les résultats du test du Khi-carré. Ce test, plus robuste et moins dépendant des hypothèses, soutient l'idée que la relation observée entre les deux jambes est réelle et non due au hasard.

---

### 5. \*\*Modèle Log-linéaire\*\*

- \*\*Statistique (log-linéaire)\*\* : 206.475

- \*\*P-value\*\* : 0.000e+00

- \*\*AIC Symétrique\*\* : 505

- \*\*AIC Quasi-symétrique\*\* : 317

- \*\*Interprétation\*\* :

- Le test log-linéaire modélise les interactions entre les sévérités des deux jambes.

- La statistique élevée et la p-value de 0 indiquent une association significative, soutenant les résultats précédents.

- La comparaison entre l'AIC du modèle symétrique (505) et celui du quasi-symétrique (317) révèle que le modèle \*\*quasi-symétrique\*\* est bien meilleur, confirmant qu'il existe une \*\*asymétrie dans les sévérités des jambes gauche et droite\*\*.

---

### 6. \*\*Cohen’s Kappa\*\*

- \*\*Statistique\*\* : 0.0991

- \*\*P-value\*\* : 0.0

- \*\*Interprétation\*\* :

- Le Kappa de Cohen mesure le degré d'accord entre les deux jambes tout en prenant en compte l’accord dû au hasard.

- Avec une valeur de 0.0991, ce test montre un \*\*faible niveau d'accord\*\* entre les sévérités des jambes gauche et droite, malgré la significativité statistique. Cela signifie que bien que les jambes soient associées (comme le montre le Khi-carré), l’accord exact sur les sévérités est faible.

---

#### Conclusion Comparative

- \*\*Khi-carré et Permutation\*\* : Ces deux tests montrent une \*\*forte association\*\* entre les sévérités des jambes gauche et droite, avec des résultats hautement significatifs. Les jambes ne sont pas indépendantes en termes de sévérité de l'insuffisance veineuse.

- \*\*Stuart-Maxwell\*\* : Malgré cette association, les \*\*distributions marginales\*\* des sévérités sont globalement similaires entre les deux jambes, suggérant une répartition similaire des niveaux de gravité dans chaque jambe.

- \*\*Bowker et Modèle Log-linéaire\*\* : Ils révèlent une \*\*asymétrie significative\*\* entre les jambes, montrant que les transitions entre les classes CEAP des jambes gauche et droite ne sont pas symétriques.

- \*\*Cohen’s Kappa\*\* : Il met en lumière un \*\*faible niveau d'accord\*\* entre les deux jambes. Même s’il existe une association entre les sévérités, les niveaux exacts de la maladie ne s'alignent pas fortement entre les deux jambes.

#### Synthèse Globale

Les résultats indiquent que bien que les sévérités des jambes gauche et droite soient significativement associées, il existe une asymétrie notable, avec un faible accord exact sur les niveaux de sévérité. Les modèles quasi-symétriques s’ajustent mieux aux données, suggérant que des différences entre les jambes doivent être prises en compt

# Comparaison des listes binaires

Étant donné que vous disposez de \*\*données binaires de présence/absence\*\* pour chacun des 362 patients répartis sur 8 classes CEAP pour les deux jambes, cela ouvre différentes options de tests statistiques pour comparer la \*\*présence/absence\*\* d'insuffisance veineuse entre les jambes gauche et droite. Les tests suivants conviennent aux données binaires appariées :

### 1. \*\*Test de McNemar (données binaires appariées)\*\*

- \*\*Adapté à\*\* : Chaque classe NA à C6, en comparant la \*\*présence/absence\*\* d'une classe entre les jambes gauche et droite.

- \*\*Objectif\*\* : Le test de McNemar est conçu pour comparer des \*\*données binaires appariées\*\*, en vérifiant si les proportions de patients présentant une présence de classe dans une jambe diffèrent de l'autre jambe.

- \*\*Exemple\*\* : Vous pouvez effectuer le test de McNemar pour chaque classe individuellement, par exemple, si C3 est présent dans la jambe gauche mais absent dans la droite, et vice versa.

### 2. \*\*Kappa de Cohen (mesure de concordance)\*\*

- \*\*Approprié pour\*\* : évaluer le \*\*niveau de concordance\*\* entre la présence/absence d'une classe entre les jambes gauche et droite.

- \*\*Objectif\*\* : le Kappa mesure la \*\*concordance\*\* entre les jambes gauche et droite, en ajustant la concordance qui pourrait se produire par hasard. Cela vous indiquera dans quelle mesure la présence d'une classe particulière (par exemple, C3) dans une jambe correspond à sa présence dans l'autre jambe.

- \*\*Exemple\*\* : calculer le Kappa de Cohen pour chaque classe CEAP afin d'évaluer la concordance entre les jambes.

### 3. \*\*Régression logistique (équations d'estimation généralisées)\*\*

- \*\*Approprié pour\*\* : modéliser la relation entre plusieurs classes CEAP tout en tenant compte de la nature appariée des données.

- \*\*Objectif\*\* : un modèle GEE peut être appliqué aux \*\*données binaires\*\* pour tenir compte des corrélations au sein des patients (puisque chaque patient fournit deux observations : une pour la jambe gauche, une pour la droite).

- \*\*Exemple\*\* : Vous pouvez ajuster un modèle de régression logistique avec la présence/absence d'une classe comme résultat et inclure la jambe (gauche ou droite) comme prédicteur.

### 4. \*\*Test exact de Fisher\*\*

- \*\*Approprié pour\*\* : Chaque classe CEAP (si la taille de l'échantillon le permet).

- \*\*Objectif\*\* : Le test exact de Fisher est utile lorsque la taille de l'échantillon au sein des catégories est petite. Il teste si la présence d'une classe est significativement différente entre les jambes gauche et droite.

- \*\*Exemple\*\* : Pour chaque classe, vous pouvez exécuter un test exact de Fisher pour évaluer l'association entre la présence/absence sur les jambes.

### 5. \*\*Test de Stuart-Maxwell (pour la symétrie dans les catégories appariées)\*\*

- \*\*Approprié pour\*\* : Similaire au test de McNemar, mais l'étend à plusieurs catégories.

- \*\*Objectif\*\* : Ce test évaluerait si les fréquences marginales des données binaires de présence/absence sont symétriques entre les jambes gauche et droite pour chaque classe.

- \*\*Exemple\*\* : Appliquez le test de Stuart-Maxwell pour vérifier si la présence de chaque classe montre une symétrie entre les jambes.

### Flux de travail suggéré :

- \*\*Pour chaque classe CEAP\*\* (NA, C0, C1, ..., C6) :

- \*\*Test de McNemar\*\* : Pour comparer la présence/absence entre les jambes.

- \*\*Kappa de Cohen\*\* : Pour évaluer la concordance entre les jambes gauche et droite.

- \*\*Test exact de Fisher\*\* : Pour des échantillons plus petits ou des associations binaires.

- \*\*Régression logistique\*\* (si vous souhaitez modéliser plusieurs classes à la fois ou prendre en compte des covariables supplémentaires).

Ces tests vous aideront à analyser la symétrie et la concordance entre les jambes en fonction de la classification binaire de l'insuffisance veineuse.

# Discussion des résultats

## Résolution de la contradiction apparente khi-carré : stuart-maxwell

You've identified an important nuance in the interpretation of these two tests. While the results may seem contradictory at first glance, they actually provide complementary information about the relationship between CEAP classifications in the left and right legs. Let's break this down:

1. Stuart-Maxwell Test (Marginal Homogeneity Test):

This test compares the marginal distributions of the two variables (left vs. right leg). It tells us whether the overall distribution of severity levels is the same for both legs.

Result: The distributions differ significantly.

2. Chi-Square Test of Independence:

This test examines whether there's an association between the two variables. It tells us if knowing the classification of one leg provides information about the other leg's classification.

Result: There is a significant association between the classifications of the two legs.

To reconcile these findings:

1. Different but related distributions:

The Stuart-Maxwell test suggests that the overall pattern of severity isn't identical for both legs. For example, there might be a tendency for one leg to have more severe classifications than the other.

2. Non-random association:

The chi-square test indicates that despite these differences, there's still a strong relationship between the classifications of the two legs. This means that severe cases in one leg are more likely to correspond to severe cases in the other, even if the exact levels of severity aren't the same.

3. Asymmetry with correlation:

Together, these results suggest an asymmetric but correlated pattern of venous insufficiency between legs. The disease manifests differently in each leg (Stuart-Maxwell), but there's still a predictable relationship between them (chi-square).

To elucidate this apparent contradiction, I would suggest the following approaches:

1. Visualize the data:

Create a heatmap or mosaic plot of the contingency table. This could visually show both the asymmetry (differences in marginal distributions) and the association (clustering along the diagonal).

2. Analyze residuals:

Examine the standardized residuals from the chi-square test. This could reveal which specific CEAP classification combinations contribute most to the association and how they deviate from expected frequencies.

3. Calculate conditional probabilities:

Compute the probability of each CEAP classification in one leg given the classification in the other leg. This could demonstrate both the association and the asymmetry.

4. Conduct pairwise comparisons:

Perform post-hoc tests following the Stuart-Maxwell test to identify which specific CEAP classifications differ significantly between legs.

5. Use an ordinal measure of association:

Since CEAP classifications are ordinal, calculate Kendall's tau or Spearman's rho. This could show a strong positive correlation even if the exact classifications differ.

In summary, these tests aren't contradictory but rather reveal different aspects of a complex relationship. The venous insufficiency in the two legs is related (association) but manifests with some systematic differences between the legs (differing distributions). This nuanced understanding could have important clinical implications for assessment and treatment strategies.

## Différence clé avec le test du Chi carré :

- Le test du Chi carré vérifie l'\*\*indépendance\*\* entre les jambes gauche et droite (c'est-à-dire si la gravité dans une jambe influence l'autre).

- Le test de Bowker vérifie la \*\*symétrie\*\*, c'est-à-dire si la distribution de la gravité entre les jambes gauche et droite est reflétée.

## Conclusion

Le résultat du test de Bowker, combiné aux résultats précédents du test de Stuart-Maxwell et du test du chi carré, dresse un tableau complet de la relation entre les classifications CEAP dans les deux jambes : il existe une forte association (chi carré), mais avec une asymétrie significative (Bowker et Stuart-Maxwell) dans la façon dont l'état se manifeste entre les jambes gauche et droite.

## test de Stuart-Maxwell Principale différence avec les autres tests :

- Le \*\*test du Chi carré\*\* évalue l'indépendance entre les deux variables (jambes gauche et droite).

- Le \*\*test de Bowker\*\* évalue la symétrie entre les deux jambes (c'est-à-dire si les patients de classe \(i\) dans la jambe gauche et de classe \(j\) dans la jambe droite sont reflétés par les patients de classe \(j\) dans la jambe gauche et de classe \(i\) dans la jambe droite).

- Le \*\*test de Stuart-Maxwell\*\* évalue si la distribution marginale globale de la gravité de la maladie est la même entre les jambes gauche et droite.

**Ci-dessous : les tests 2x2 à refaire**

# Tests additionnels

La liste que vous avez fournie est assez complète pour tester la symétrie, l'indépendance et l'homogénéité marginale dans les données catégorielles appariées (comme les classes CEAP pour l'insuffisance veineuse des jambes gauche et droite). Cependant, il existe quelques tests supplémentaires qui pourraient être pertinents en fonction des aspects spécifiques qui vous intéressent :

### 1. \*\*Test de McNemar\*\* :

- \*\*Le cas échéant\*\* : si vous comparez spécifiquement deux résultats dichotomiques (binaires) liés, le test de McNemar est utilisé pour évaluer si les deux groupes liés (par exemple, jambe gauche contre jambe droite) ont les mêmes proportions d'un résultat particulier.

- \*\*Pourquoi ne pas l'inclure\*\* : ce test n'est pertinent que si vous réduisez les catégories CEAP en deux résultats binaires (par exemple, « maladie » contre « pas de maladie »). Étant donné que vous traitez de plusieurs catégories, le test de McNemar n'est pas directement pertinent, sauf si vous souhaitez simplifier vos données pour une analyse binaire spécifique.

### 2. \*\*Test Cochran-Mantel-Haenszel (CMH)\*\* :

- \*\*Le cas échéant\*\* : si vous disposez de données stratifiées (par exemple, gravité stratifiée par groupes d'âge ou autres facteurs), le test CMH peut être utilisé pour évaluer l'association entre les jambes gauche et droite dans différentes strates.

- \*\*Pourquoi ne pas l'inclure\*\* : ce test est applicable lorsque votre tableau est stratifié, ce qui n'est pas le cas de votre tableau de contingence. Il est plus pertinent lorsqu'il existe des couches de stratification, telles que des facteurs démographiques, que vous souhaitez contrôler.

### 3. \*\*Test multinomial pour l'adéquation\*\* :

- \*\*Le cas échéant\*\* : si vous souhaitez tester si la distribution observée de la gravité de la maladie dans une jambe correspond à une distribution attendue spécifique, un test multinomial peut être approprié.

- \*\*Pourquoi ne pas l'inclure\*\* : étant donné que vous vous concentrez davantage sur la relation entre les jambes gauche et droite (symétrie, indépendance, etc.), ce test n'est pas nécessaire, sauf si vous recherchez une adéquation distributionnelle spécifique dans une jambe.

---

### Conclusion :

Les cinq tests que vous avez répertoriés sont appropriés et complets pour votre objectif actuel de tester la \*\*symétrie, l'homogénéité marginale et l'indépendance\*\* entre les gravités des jambes gauche et droite. Les tests supplémentaires mentionnés (McNemar, CMH, Multinomial et Kappa) sont utiles dans des situations spécifiques mais ne répondent pas directement à votre question principale dans ce contexte.

Il n'y a donc aucun test essentiel manquant pour ce que vous analysez. Ceux dont vous disposez couvrent toute la gamme des hypothèses pertinentes, du général au spécifique.

# Tests additionnels 1/2

For pairwise comparisons in contingency tables, there are several statistical tests that allow for the exploration of significant differences between categories, especially after an overall test (like chi-square or Stuart-Maxwell) has found significance. These tests focus on identifying specific pairs of categories where the differences lie. Here are some tests commonly used for pairwise comparisons in contingency tables:

### 1. \*\*McNemar Test\*\*

- \*\*Use Case\*\*: Paired binary data (e.g., comparing two binary outcomes like presence/absence of disease in left vs. right leg).

- \*\*Explanation\*\*: The McNemar test is a pairwise comparison test used to detect changes between two paired proportions (e.g., left vs. right leg, pre- vs. post-treatment). It can be used for each pair of categories (e.g., NA vs. C0, C0 vs. C1, etc.) in an \(8 \times 8\) matrix by comparing each off-diagonal cell.

- \*\*Post-hoc Correction\*\*: Apply a Bonferroni or Holm correction for multiple comparisons if you test multiple pairs.

### 2. \*\*Fisher’s Exact Test (for pairwise comparisons)\*\*

- \*\*Use Case\*\*: When sample sizes are small or expected counts are low.

- \*\*Explanation\*\*: Fisher's exact test can be used for 2x2 comparisons between two categories (e.g., comparing two classes like NA and C0 for left and right legs). It is particularly useful for analyzing small cell counts.

- \*\*Post-hoc Correction\*\*: Adjust the significance level using corrections like Bonferroni to control for Type I errors.

### 3. \*\*Chi-Square with Post-hoc Pairwise Comparisons\*\*

- \*\*Use Case\*\*: More than two categorical groups (like the 8 CEAP classes).

- \*\*Explanation\*\*: After an overall significant chi-square test, pairwise comparisons can be made using chi-square tests between individual pairs of categories (e.g., NA vs. C0, C0 vs. C1, etc.). Residual analysis (standardized residuals) or adjusted p-values (via Bonferroni, Holm, or Tukey’s method) are used for pairwise comparisons.

- \*\*Post-hoc Test Options\*\*:

- \*\*Bonferroni correction\*\*: Adjusts the significance level by dividing it by the number of comparisons, but can be overly conservative.

- \*\*Holm-Bonferroni\*\*: Less conservative than Bonferroni, adjusts p-values in a stepwise manner.

- \*\*Tukey’s Honestly Significant Difference (HSD)\*\*: A post-hoc test used after ANOVA but can be adapted for contingency tables with large datasets.

### 4. \*\*Cochran's Q Test\*\*

- \*\*Use Case\*\*: Binary repeated measures on more than two related groups.

- \*\*Explanation\*\*: Cochran’s Q test is an extension of the McNemar test for comparing more than two related groups of paired binary data (e.g., presence/absence of CEAP classes across multiple limbs or time points). It tells you if there's an overall difference but doesn't show which pairs differ.

- \*\*Post-hoc Tests\*\*: You can follow up Cochran’s Q test with McNemar tests for pairwise comparisons between specific groups.

### 5. \*\*Log-linear Models\*\*

- \*\*Use Case\*\*: Larger contingency tables (like your \(8 \times 8\) CEAP matrix).

- \*\*Explanation\*\*: Log-linear models can be used for pairwise comparisons in multi-dimensional contingency tables. After fitting the model, you can analyze interaction terms and test for significant differences between specific categories or pairs. Post-hoc pairwise comparisons can then identify where the significant differences lie.

- \*\*Post-hoc Adjustments\*\*: Residual analysis or likelihood-ratio tests for specific interactions can be used for pairwise comparisons.

### 6. \*\*Paired t-tests for Proportions (Proportional Data)\*\*

- \*\*Use Case\*\*: Paired categorical data when proportions are of interest (e.g., proportion of disease severity in left vs. right legs).

- \*\*Explanation\*\*: If you're comparing proportions of patients in different CEAP classes for left and right legs, paired t-tests can be used to compare proportions for each pair of categories.

### 7. \*\*Bowker’s Test of Symmetry (Extended McNemar)\*\*

- \*\*Use Case\*\*: More than two categories (like CEAP classes) in paired data.

- \*\*Explanation\*\*: Bowker’s test is a generalization of the McNemar test for more than two categories, designed for analyzing symmetry in square contingency tables. You can use pairwise comparisons between different categories in the matrix.

---

### Summary of Methods for Pairwise Comparisons:

- \*\*McNemar Test\*\*: For paired binary data (comparing pairs of categories).

- \*\*Fisher’s Exact Test\*\*: For small cell counts or 2x2 comparisons.

- \*\*Chi-Square with Post-hoc Tests\*\*: Pairwise comparisons with multiple groups.

- \*\*Cochran’s Q Test\*\*: For comparing more than two related groups of paired binary data.

- \*\*Log-linear Models\*\*: For complex multi-dimensional contingency tables.

- \*\*Bowker’s Test of Symmetry\*\*: For square contingency tables with more than two categories.

Would you like help implementing one of these tests, or do you have a preference for the type of pairwise comparison to use?

# Tests additionnels 2/2 : spécificités

Dans la liste de tests supplémentaires que j'ai fournie, voici comment ils s'appliquent à votre matrice 7x7 et s'ils sont conçus pour des \*\*matrices plus grandes\*\* ou des \*\*tableaux 2x2\*\* :

### Directement applicable à une \*\*matrice 7x7\*\* :

1. \*\*Statistique Kappa (pour la concordance)\*\* :

- \*\*S'applique à la matrice 7x7\*\* : La statistique Kappa peut être calculée pour des tableaux de contingence plus grands comme votre matrice 7x7. Elle mesure la concordance entre deux variables catégorielles (dans votre cas, la classification CEAP pour les branches gauche et droite).

- \*\*Utilisation\*\* : Elle fournit une statistique récapitulative qui quantifie le niveau de concordance entre les classifications dans les branches gauche et droite.

### Conçu pour les \*\*tableaux 2x2\*\* :

Ces tests sont principalement conçus pour les \*\*résultats binaires\*\*, ce qui signifie que vous devez réduire ou binariser vos classes CEAP (par exemple, « maladie » contre « pas de maladie » ou regrouper les classes CEAP dans des catégories spécifiques comme légère contre grave) pour les appliquer de manière significative. Si vous deviez vous concentrer sur chaque classe CEAP individuellement (par exemple, C0 contre toutes les autres, C1 contre toutes les autres), elles pourraient être appliquées dans des comparaisons \*\*par paires\*\*.

1. \*\*Test de McNemar\*\* :

- \*\*Application 2x2\*\* : Le test de McNemar est spécifiquement destiné aux tableaux 2x2. Dans votre contexte, cela impliquerait de sélectionner une paire de classes CEAP (par exemple, « C0 présent contre C0 absent dans les deux branches ») et de créer un tableau 2x2 pour chaque comparaison.

- \*\*Comment l'utiliser avec vos données\*\* : Vous pouvez effectuer ce test individuellement pour chaque classe CEAP (C0 à C6), en binarisant la matrice (par exemple, C0 contre non-C0, C1 contre non-C1, etc.).

2. \*\*Test Cochran-Mantel-Haenszel (CMH)\*\* :

- \*\*Application 2x2\*\* : Le test CMH fonctionne pour les tableaux stratifiés 2x2. Pour l'appliquer, vous devez réduire la matrice en catégories binaires (par exemple, maladie contre absence de maladie, ou légère contre grave) et stratifier selon un autre facteur (le cas échéant). Sans stratification, ce test n'est pas applicable à la matrice 7x7.

- \*\*Comment l'utiliser avec vos données\*\* : Vous créeriez des tableaux 2x2 pour des comparaisons par paires de classes CEAP (par exemple, C0 gauche contre C0 droite, etc.).

OPEN AI INIT

Yes, you're correct! In a typical \*\*2x2 contingency table\*\*, the convention is to have:

- \*\*[1,1]\*\*: Both conditions are present (e.g., both left and right leg have a particular disease severity).

- \*\*[1,0]\*\*: One condition is present, and the other is absent (e.g., the left leg has the disease severity, but the right leg does not).

- \*\*[0,1]\*\*: The reverse of the above (e.g., the right leg has the disease severity, but the left leg does not).

- \*\*[0,0]\*\*: Both conditions are absent (neither leg has the disease severity).

### In terms of venous insufficiency severity, for a specific CEAP class \( i \), the 2x2 table would look like:

| | Right Leg = Present (Severity \( i \)) | Right Leg = Absent (Severity \( i \)) |

|------------------|-----------------------------------------|---------------------------------------|

| \*\*Left Leg = Present\*\* (Severity \( i \)) | Number of cases where both legs have severity \( i \) | Number of cases where only the left leg has severity \( i \) |

| \*\*Left Leg = Absent\*\* (Severity \( i \)) | Number of cases where only the right leg has severity \( i \) | Number of cases where neither leg has severity \( i \) |

### Example for CEAP C3:

Let’s say for CEAP C3, you want to compare the presence of this severity in the left and right legs. A 2x2 contingency table would be:

| | Right Leg = C3 | Right Leg ≠ C3 |

|------------------|-----------------|----------------|

| \*\*Left Leg = C3\*\* | Both legs C3 | Left leg C3 only |

| \*\*Left Leg ≠ C3\*\* | Right leg C3 only| Neither leg C3 |

### Python Implementation of 2x2 Table for Each CEAP Class:

Here is the corrected code for generating proper \( 2 \times 2 \) tables for each CEAP class:

```python

import numpy as np

from statsmodels.stats.contingency\_tables import StratifiedTable

# Original 7x7 contingency table (simplified as example)

ceap\_arra = np.array([

[0, 0, 0, 2, 18, 5, 0, 22],

[0, 0, 0, 2, 18, 5, 0, 22],

[0, 0, 0, 1, 8, 2, 2, 14],

[0, 0, 1, 0, 3, 2, 1, 0],

[3, 1, 1, 10, 14, 3, 3, 18],

[20, 9, 0, 15, 80, 16, 3, 14],

[9, 2, 1, 3, 17, 23, 7, 5],

[7, 5, 1, 5, 4, 2, 6, 8],

[39, 29, 3, 33, 9, 5, 7, 21]

])

# Function to generate 2x2 tables for each CEAP class

def create\_2x2\_tables(ceap\_arra):

tables = []

for i in range(ceap\_arra.shape[0]):

present\_present = ceap\_arra[i, i] # Both left and right legs have severity i

present\_absent = np.sum(ceap\_arra[i, :]) - present\_present # Left leg has i, right leg doesn't

absent\_present = np.sum(ceap\_arra[:, i]) - present\_present # Right leg has i, left leg doesn't

absent\_absent = np.sum(ceap\_arra) - (present\_present + present\_absent + absent\_present) # Neither leg has i

table = np.array([[present\_present, present\_absent],

[absent\_present, absent\_absent]])

tables.append(table)

return tables

# Generate the 2x2 tables for each CEAP class

tables = create\_2x2\_tables(ceap\_arra)

# Display the 2x2 tables

for idx, table in enumerate(tables):

print(f"2x2 Table for CEAP Class {idx}:")

print(table, "\n")

# Perform the Cochran-Mantel-Haenszel test on the list of 2x2 tables

cmh\_test = StratifiedTable(tables).test\_null\_odds()

print(cmh\_test)

```

### Interpretation of the \( 2 \times 2 \) Tables:

- \*\*[1,1] (present/present)\*\*: Both legs have the same severity level.

- \*\*[1,0] (present/absent)\*\*: The left leg has the severity, but the right leg does not.

- \*\*[0,1] (absent/present)\*\*: The right leg has the severity, but the left leg does not.

- \*\*[0,0] (absent/absent)\*\*: Neither leg has the severity.

By applying the Cochran-Mantel-Haenszel (CMH) test on these \( 2 \times 2 \) tables, you can examine whether there is a significant association between the left and right legs for the disease severity across all CEAP classes. The CMH test takes into account the stratification across different severity levels while controlling for them.

OPEN AI FINI

3. \*\*Test multinomial pour l'adéquation\*\* :

- \*\*Application 2x2\*\* : bien que le test multinomial puisse gérer plus de 2 catégories, il est généralement appliqué pour tester si une distribution observée correspond à une distribution attendue. Ce test est moins utile pour votre matrice 7x7 appariée, mais pourrait être appliqué si vous souhaitez tester la distribution des \*\*classes CEAP d'une seule branche\*\*.

- \*\*Comment l'utiliser avec vos données\*\* : vous pouvez appliquer ce test pour chaque branche individuellement afin de vérifier si la distribution observée des classes CEAP correspond à une distribution attendue pour la branche.

---

### Résumé :

- \*\*Directement applicable à la matrice 7x7\*\* : \*\*Statistique Kappa\*\* (pour la concordance entre les classes CEAP des branches gauche et droite).

- \*\*Conçu pour les tableaux 2x2 (nécessiterait de réduire/binariser vos données)\*\* :

- \*\*Test de McNemar\*\* (comparaison par paires des classes CEAP).

- \*\*Test Cochran-Mantel-Haenszel (CMH)\*\* (si des données stratifiées sont disponibles, appliqué aux résultats binaires).

- \*\*Test multinomial\*\* (utile pour tester l'ajustement distributionnel dans les classes CEAP d'une seule branche, pas pour la comparaison entre les branches).

Pour résumer, seule la \*\*statistique Kappa\*\* peut être appliquée directement à la matrice 7x7 complète sans réduire ou binariser les données. Les autres nécessitent de simplifier les données dans des tableaux \*\*2x2\*\*.

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

# Autres test statistiques [claude]

La précédente analyse des valeurs résiduelles est confrontée aux résultats obtenus par divers tests statistiques.

## Introduction

### Tests de symétrie

En se référant au tableau des résidus, on peut supposer que la distribution des résidus est asymétrique du fait que les résidus standardisés présentent une plage de valeurs qui ne sont pas uniformément réparties autour de zéro. La représentation synthétique des valeurs résiduelles démontre clairement des plages de sur- et sous-représentation. Les tests de symétrie ont pour objet de corroborer ou de rejeter l’hypothèse de symétrie.

### Tests d’homogénéité marginale

## Mc Nemar : test de symétrie

Ce test permet d’identifier les asymétries significatives dans un tableau 2x2 constitué d’une paire de classes membres gauche, droit.

**Résultats**

Des différences statistiquement significatives (p < 0,05) de valeurs observées sont identifiées pour les 4 seules paires :

1. Paires : G\_C5, D\_NA = 7 ; G\_NA, D\_C5 = 0
2. Paires : G\_C6, D\_NA = 39 ; G\_NA, D\_C6 = 22 ;
3. Paires : G\_C6, D\_C0 = 29 ; G\_C0, D\_C6 = 14
4. Paires : G\_C6, D\_C2 = 33 ; G\_C2, D\_C6 = 18

Dans le membre gauche, la classe CEAP est plus élevée (C5, C6) que dans le droit (NA, C0, C2).

**Interprétation**

- Bien qu'il existe généralement une distribution symétrique des classes CEAP entre les membres gauche et droit, les cas les plus graves ont tendance à se manifester dans le membre gauche appairé de manière asymétrique avec une classe inférieure dans le membre droit.

- Cette asymétrie indique qu’il peut y avoir des facteurs rendant le membre gauche plus sensible aux manifestations graves d'insuffisance veineuse.

## Stuart-Maxwell : test d’homogénéité marginale

Ce test permet de déterminer si les distributions marginales des deux variables catégorielles CEAP gauche, droite sont homogènes.

**Résultats**

Statistique : 20,7259 ; valeur p : 0,0041977 ; degrés de liberté : 7

La valeur p (0,0041977) est inférieure aux niveaux de signification 0,05 et même 0,01. Le rejet de l'hypothèse nulle d'homogénéité marginale semble donc justifié. En d'autres termes, les observations ne sont pas statistiquement classées dans les différentes paires de classe de manière homogène.

**Interprétation**

Le résultat du test corrobore les conclusions relatives aux résidus standardisés et leur représentation synthétique :

* Plusieurs cellules présentent des écarts significatifs par rapport aux valeurs attendues
* Les résidus montrent des schémas complexes de sur- et sous-représentation dans les différentes classes CEAP

Le résultat du test de Stuart-Maxwell est en forte concordance avec les valeurs résiduelles.

## Permutation

Hypothèse nulle : L'hypothèse nulle suppose que le tableau de contingence est symétrique, ce qui signifie que les probabilités d'observer une valeur dans la cellule (i, j) sont égales aux probabilités d'observer une valeur dans la cellule (j, i).

**Résultats**

Statistique : 1.794 ; valeur p : 0,0094 ; nombre de permutations : 10 000

La valeur p de 0,0094 est inférieure aux niveaux de signification courants de 0,05 et 0,01. Cela indique une preuve solide contre l'hypothèse nulle de symétrie dans le tableau de contingence. En d'autres termes, il existe une différence significative entre les triangles supérieur et inférieur du tableau, ce qui suggère une asymétrie entre les branches gauche (G) et droite (D).

2. Comparaison avec le test de Stuart-Maxwell :

Le résultat du test de permutation (p = 0,0094) correspond étroitement au résultat du test de Stuart-Maxwell (p = 0,0041977). Les deux tests rejettent fortement leurs hypothèses nulles respectives, fournissant des preuves cohérentes d'asymétrie ou de manque d'homogénéité marginale entre les jambes gauche et droite.

3. Comparaison avec l'analyse résiduelle :

Le résultat du test de permutation confirme les schémas observés dans les résidus standardisés. L'asymétrie significative détectée par le test se reflète dans les nombreuses entrées ++ et -- dans le tableau des résidus, en particulier le long de la diagonale et dans certains éléments hors diagonale.

4. Force des preuves :

Le test de permutation, étant une méthode non paramétrique, fournit des preuves solides qui complètent le test de Stuart-Maxwell et l'analyse résiduelle. Sa faible valeur p, dérivée de 10 000 permutations, suggère que l'asymétrie observée est très peu susceptible d'être le fruit du hasard.

5. Perspective méthodologique :

Le test de permutation évalue directement la symétrie de l'ensemble du tableau en comparant les statistiques observées à celles des tableaux permutés de manière aléatoire. Cette approche capture l'asymétrie globale, qui s'aligne bien avec les écarts spécifiques cellule par cellule mis en évidence dans l'analyse résiduelle.

Conclusion :

Le résultat du test de permutation corrobore fortement nos conclusions précédentes. Il fournit des preuves supplémentaires et solides de l'existence de différences significatives dans la distribution des classes CEAP entre les jambes gauche et droite. Cette cohérence entre les différentes approches statistiques (test de Stuart-Maxwell, analyse résiduelle et maintenant test de permutation) renforce notre confiance dans la conclusion selon laquelle il existe une asymétrie significative dans la présentation de l'insuffisance veineuse entre les jambes gauche et droite.

L'alignement de ces trois méthodes - paramétrique (Stuart-Maxwell), non paramétrique (test de permutation) et exploratoire (analyse résiduelle) - fournit un argument statistique complet et convaincant pour la présence d'asymétrie dans les données.

Souhaitez-vous que je développe un aspect spécifique de cette analyse ou que je discute de la manière dont ces résultats pourraient être interprétés dans un contexte clinique ?

# Autres tests

# Fisher Exact

Ce test évalue pour chaque classe CEAP le rapport des fréquences observées (odds ratio) entre membres gauche et droit. Le résultat indique la prévalence du membre gauche sauf pour C0 et C6 ; cela sous réserve des pval : C0:0.0941 C1:0.081 C2:0.113 C3:0.000 C4:0.000 C5:0.008 C6:0.225

# Mc Nemar

Ce test évalue l’intensité de l’association existant entre chaque paire diagonale (donc de même classe CEAP) associée à sa table de contingence carrée 2\*2. Une association modérée (3/5) existe pour : C3 (pval=0.832) et pour C6 (pval= 0.019). Sinon les associations sont faibles (2/5).

# Cohen's Kappa

# Reserve 1

## Bowker 64x64 off diagonal

The \*\*Bowker's Test of Symmetry\*\* is generally designed to test \*\*overall symmetry\*\* in a square contingency table (e.g., an \(8 \times 8\) matrix in your case) rather than providing cell-by-cell results. While it doesn't give specific results for each individual cell in the way that residual analysis does, it does test for an overall imbalance in the table by checking if the off-diagonal pairs are symmetric (i.e., comparing \( (i, j) \) to \( (j, i) \)).

However, we can extend the interpretation of Bowker's Test to \*\*compare specific pairs\*\* of categories within the contingency table by performing \*\*pairwise Bowker tests\*\* for each off-diagonal pair of cells \( (i, j) \) and \( (j, i) \). This will allow you to identify which specific pairs of categories (e.g., left leg vs. right leg in specific CEAP classes) show significant asymmetry.

### Steps to implement pairwise Bowker's tests:

1. \*\*Extract all pairs of off-diagonal cells\*\* \( (i, j) \) and \( (j, i) \) from the \(8 \times 8\) contingency table.

2. \*\*Apply Bowker’s Test of Symmetry\*\* to each pair individually, testing for differences between the counts in \( (i, j) \) and \( (j, i) \).

3. \*\*Record the p-values\*\* for each pair and adjust for multiple comparisons (e.g., Bonferroni or Holm-Bonferroni correction).

4. \*\*Construct a matrix\*\* where each cell contains the result of the Bowker’s test for that particular pair.

### Code to Implement Pairwise Bowker's Test for All Cells

This would require testing the off-diagonal pairs and summarizing the results into a matrix. Here's how the process can be set up:

```python

import numpy as np

from scipy.stats import chi2\_contingency

# Define your 8x8 contingency table (example table)

contingency\_table = np.array([

[0, 0, 0, 2, 18, 5, 0, 22],

[0, 0, 0, 1, 8, 2, 2, 14],

[0, 0, 1, 0, 3, 2, 1, 0],

[3, 1, 1, 10, 14, 3, 3, 18],

[20, 9, 0, 15, 80, 16, 3, 14],

[9, 2, 1, 3, 17, 23, 7, 5],

[7, 5, 1, 5, 4, 2, 6, 8],

[39, 29, 3, 33, 9, 5, 7, 21]

])

# Initialize the result matrix

pval\_matrix = np.full((8, 8), np.nan)

# Perform pairwise Bowker tests for all off-diagonal pairs (i, j) and (j, i)

for i in range(8):

for j in range(i + 1, 8): # Only off-diagonal pairs (i != j)

# Extract the counts for the pairs (i, j) and (j, i)

n\_ij = contingency\_table[i, j]

n\_ji = contingency\_table[j, i]

# Bowker's test is a chi-square test for paired data

if (n\_ij + n\_ji) > 0:

observed = np.array([[n\_ij, n\_ji]])

chi2\_stat, pval, dof, \_ = chi2\_contingency(observed, correction=False)

# Store the p-value in the matrix

pval\_matrix[i, j] = pval

pval\_matrix[j, i] = pval # Mirror for symmetry

# Convert the result matrix to a DataFrame for easier visualization

import pandas as pd

df\_pval = pd.DataFrame(pval\_matrix, columns=["NA", "C0", "C1", "C2", "C3", "C4", "C5", "C6"],

index=["NA", "C0", "C1", "C2", "C3", "C4", "C5", "C6"])

# Display the matrix of p-values

print(df\_pval)

```

### Key Considerations:

- \*\*Multiple comparisons\*\*: Since you are conducting multiple pairwise tests, you should adjust the p-values for multiple comparisons using corrections like Bonferroni or Holm-Bonferroni to control for Type I errors.

- \*\*Interpretation\*\*: Significant p-values (e.g., \( p < 0.05 \)) indicate that the difference between the two off-diagonal cells \( (i, j) \) and \( (j, i) \) is significant, meaning that the asymmetry between the corresponding CEAP classes in the left and right legs is statistically significant.

### Next Steps:

- Do you want to include a \*\*correction for multiple comparisons\*\* in the implementation?

- Should we also add a \*\*visual representation\*\* of this matrix (heatmap, etc.)?

This approach will help you systematically identify which pairs of categories exhibit significant asymmetry in the contingency table.

## Bowker

Ce test évalue la symétrie des paires non diagonales par rapport à chaque paire diagonale dans une table de contingence carrée n\*n. Il généralise le test Mc Nemar limité à une table 2\*2 . H0 : les distributions relatives aux paires non diagonales sont symétriques. Les valeurs globales sont ‘stat’=16.297 et ‘pval’=0.023 : il existe donc une asymétrie (selon la diagonale) significative (pval<0.05) des fréquences dans la table. Ce sont les CEAP C0 (stat=5.388 ; pval=0.02) et C6 (stat=5.844 ; pval = 0.016) qui contribuent principalement à cette conclusion.

## Log linear test

OPEN AI

### ### 1. \*\*Objective of the Log-Linear Test:\*\*

The log-linear test is used to analyze contingency tables, often for testing the independence or interaction between categorical variables. In your case, the objective of applying a log-linear model to the contingency table is to evaluate the interaction between venous insufficiency (CEAP classes) in the left and right legs. The log-linear model assesses how well different models (e.g., symmetry or quasi-symmetry) fit the observed data and whether the severity levels in both legs are associated.

### ### 2. \*\*Null Hypothesis (H₀):\*\*

In the context of the log-linear model, the null hypothesis (\(H\_0\)) depends on the type of model you fit:

- For the \*\*symmetry model\*\*: The null hypothesis is that the disease severity in the left leg and the right leg are symmetric (the occurrence of severity class \(i\) in one leg is equally likely in the other).

- \(H\_0\): The distribution of disease severity between the left and right legs is symmetric.

- For the \*\*quasi-symmetry model\*\*: The null hypothesis is that the association between the severity classes in both legs can be explained by quasi-symmetry, meaning there might be systematic differences but they follow an identifiable pattern.

- \(H\_0\): The observed data fit a quasi-symmetric model of association between left and right leg severities.

### ### 3. \*\*Interpretation of Results:\*\*

You will compare the two models (symmetry and quasi-symmetry) by using a \*\*likelihood ratio test\*\*. The results will give you a test statistic, degrees of freedom, and a p-value:

- If the p-value is \*\*less than\*\* a chosen significance level (commonly 0.05), you \*\*reject\*\* the null hypothesis of symmetry. This indicates that there is an asymmetry or a non-symmetric pattern in the data that could be explained by the quasi-symmetry model.

- If the p-value is \*\*greater than\*\* the significance level, you \*\*fail to reject\*\* the null hypothesis. This would suggest that the symmetry model is adequate to explain the data, and the severity of venous insufficiency is symmetric between the left and right legs.

You also get the \*\*AIC\*\* (Akaike Information Criterion) for both models. A lower AIC value indicates a better-fitting model, so you can compare the symmetry model and quasi-symmetry model by their AIC values to determine which one fits the data better.

In summary:

- \*\*Significant p-value (< 0.05)\*\*: The symmetry model is not sufficient, and the data are better explained by quasi-symmetry.

- \*\*Non-significant p-value (> 0.05)\*\*: The symmetry model is adequate, meaning the severity between the legs is symmetric.

Would you like to run this log-linear analysis with your contingency table?

OPEN AI

### Objectif du test log-linéaire dans ce contexte :

Le test log-linéaire analyse la structure des tableaux de contingence à plusieurs entrées. Dans ce cas, il est utilisé pour comparer deux modèles : un modèle de symétrie et un modèle de quasi-symétrie. Cette comparaison permet de déterminer s'il existe des preuves d'asymétrie dans le tableau qui vont au-delà de ce qui peut être expliqué par des différences dans les distributions marginales.

### Hypothèse nulle (H0) du test log-linéaire :

H0 : Le modèle de symétrie s'adapte aux données aussi bien que le modèle de quasi-symétrie. En d'autres termes, l'hypothèse nulle suppose que toute asymétrie dans le tableau peut être entièrement expliquée par des différences dans les distributions marginales des deux variables (classifications CEAP pour les branches gauche et droite).

### Interprétation générale des résultats du test log-linéaire :

- Si la valeur p est faible (généralement < 0,05), nous rejetons l'hypothèse nulle, concluant que le modèle de quasi-symétrie s'adapte significativement mieux que le modèle de symétrie.

- Si la valeur p est élevée, nous ne rejetons pas l'hypothèse nulle, suggérant que le modèle de symétrie plus simple est suffisant pour expliquer les données.

- Les valeurs AIC (Akaike Information Criterion) peuvent être comparées, les valeurs inférieures indiquant une meilleure adéquation du modèle.

En détail :

pval < 0.05 et aic\_difference > 2 :

*Les résultats suggèrent une asymétrie significative des niveaux de maladie CEAP entre membres. Cela pourrait indiquer :*

*- Progression différentielle de la maladie veineuse entre les jambes*

*- Facteurs de risque unilatéraux potentiels affectant une jambe plus que l'autre*

*- Nécessité d'approches thérapeutiques spécifiques à la jambe chez certains patients*

pval < 0.05 et aic\_difference <= 2 :

*Bien qu'il existe des preuves statistiques d'asymétrie, la signification pratique peut être limitée :*

*- Si l'asymétrie détectée est cliniquement significative*

*- Si certains niveaux de CEAP ou sous-groupes de patients sont à l'origine de cette asymétrie*

sinon :

*Les résultats suggèrent des schémas de maladie CEAP largement symétriques entre membres :*

*- Facteurs systémiques affectant les deux jambes de manière similaire*

*- Approches thérapeutiques potentiellement similaires pour les deux jambes chez la plupart des patients*

### Interprétation du résultat dans ce cas :

**NA,C6** : stat : 286.558 ; pval : 0.0 ; modèle de symétrie AIC = 505.855 ; modèle de quasi-symétrie AIC = 317.296 : pval < 0.05 fournit une preuve très solide pour rejeter l'hypothèse nulle : le modèle de quasi-symétrie s'adapte aux données de manière significativement meilleure que le modèle de symétrie. La différence importante dans les valeurs AIC (505,85 contre 317,30 : > 10) soutient également le modèle de quasi-symétrie par rapport au modèle de symétrie. Ces résultats indiquent une asymétrie significative qui ne peut pas être expliquée uniquement par des différences dans les distributions marginales des classifications CEAP entre les membres. Par conséquent :

1. Il existe des preuves solides d'une asymétrie complexe dans la façon dont l'insuffisance veineuse se manifeste entre les jambes gauche et droite.

2. La relation entre les classifications CEAP dans les deux jambes va au-delà de simples différences dans les distributions de sévérité globale.

3. Cette asymétrie suggère que la progression ou la gravité de l'insuffisance veineuse suit des schémas qui ne sont pas uniformes ou facilement prévisibles sur les deux jambes chez les individus.

Implications cliniques :

1. L'évaluation et le traitement de l'insuffisance veineuse doivent prendre en compte chaque jambe individuellement, car la maladie peut évoluer différemment dans chaque jambe.

2. L'asymétrie complexe suggère que les facteurs influençant la gravité de l'insuffisance veineuse peuvent agir différemment sur chaque jambe, peut-être en raison de différences anatomiques, de facteurs liés au mode de vie ou d'autres variables inconnues.

3. Les modèles prédictifs ou les outils de diagnostic de l'insuffisance veineuse doivent tenir compte de cette asymétrie complexe pour améliorer la précision.

Cette analyse log-linéaire fournit une compréhension plus nuancée de l'asymétrie dans vos données, complétant et élargissant les connaissances issues des tests précédents (Stuart-Maxwell, chi carré, etc.). Elle confirme que la relation entre les classifications CEAP dans les deux volets est à la fois forte et complexe, nécessitant une évaluation individuelle minutieuse dans la pratique clinique.

**C0,C6** : stat : 206.475 ; pval : 0.0 ; modèle de symétrie AIC = 384.801 ; modèle de quasi-symétrie AIC = 250.327 : mêmes conclusions

**C0,C3** : stat : 19.426 ; pval : 0.022 ; modèle de symétrie AIC = 71.83 ; modèle de quasi-symétrie AIC = 70.41 :

2. Comparaison AIC :

La différence d'AIC (symétrie - quasi-symétrie) est de 1,4257

La petite différence (<= 2) suggère une faible amélioration du modèle de quasi-symétrie.

Cela indique que le modèle de symétrie plus simple pourrait être adéquat pour décrire

les schémas de niveau de maladie CEAP entre les jambes gauche et droite.

3. Implications cliniques :

Bien qu'il existe des preuves statistiques d'asymétrie, la signification pratique

peut être limitée. Considérez :

- Si l'asymétrie détectée est cliniquement significative

- Si certains niveaux CEAP ou sous-groupes de patients sont à l'origine de cette asymétrie

**C3,C6** : stat : 81.230 ; pval : 9.204 ; modèle de symétrie AIC = 160.210 ; modèle de quasi-symétrie AIC = 96.980:

Comparaison AIC :

La différence d'AIC (symétrie - quasi-symétrie) est de 63,2298

Cette grande différence (> 10) favorise fortement le modèle de quasi-symétrie.

Elle suggère que même s'il existe une asymétrie, elle n'est pas complète - certains

modèles symétriques existent à côté de modèles asymétriques dans les données CEAP.

3. Implications cliniques :

Les résultats suggèrent une asymétrie significative dans les niveaux de maladie CEAP entre

les jambes gauche et droite. Cela pourrait indiquer :

- Une progression différentielle de la maladie veineuse entre les jambes

- Des facteurs de risque unilatéraux potentiels affectant une jambe plus que l'autre

- La nécessité d'approches thérapeutiques spécifiques à la jambe chez certains patients

## Permutation test

OPEN AI INIT

### ### 1. \*\*Objectif du test de permutation :\*\*

Le test de permutation pour la symétrie est une approche non paramétrique utilisée pour tester si le tableau de contingence (représentant les degrés de gravité de l'insuffisance veineuse dans les jambes gauche et droite) est symétrique. L'objectif est d'évaluer si l'échange des valeurs du tableau de contingence sur la diagonale (c'est-à-dire les jambes gauche et droite) donne une distribution similaire à l'originale, indiquant une symétrie.

### ### 2. \*\*Hypothèse nulle (H₀) :\*\*

### ### 3. \*\*Interprétation des résultats :\*\*

Le test de permutation fonctionne en générant de nombreuses versions permutées du tableau de contingence, en échangeant les éléments hors diagonale tout en gardant la diagonale fixe. Le test compare la statistique de test observée (une mesure de l'asymétrie) avec celles des tableaux permutés pour déterminer si l'asymétrie observée est significative.

- Si la valeur p est \*\*inférieure à\*\* un niveau de signification choisi (généralement 0,05), vous \*\*rejetez\*\* l'hypothèse nulle. Cela suggère que la distribution de l'insuffisance veineuse entre les jambes gauche et droite est asymétrique.

- Si la valeur p est \*\*supérieure\*\* au niveau de signification, vous \*\*ne parvenez pas à rejeter\*\* l'hypothèse nulle, ce qui signifie que la distribution de la gravité entre les jambes peut être considérée comme symétrique.

En résumé :

- \*\*Valeur de p significative (< 0,05)\*\* : il existe des preuves d'asymétrie entre la gravité de la maladie dans la jambe gauche et la jambe droite.

- \*\*Valeur de p non significative (> 0,05)\*\* : la distribution de la gravité de la maladie entre la jambe gauche et la jambe droite est symétrique.

### ### Différence clé avec les autres tests :

- Contrairement aux tests \*\*Khi-carré\*\*, \*\*Bowker\*\*, \*\*Stuart-Maxwell\*\* et \*\*log-linéaire\*\*, le \*\*test de permutation\*\* ne repose sur aucune hypothèse paramétrique. Il calcule directement la probabilité d'observer le niveau actuel d'asymétrie par hasard grâce à des permutations répétées.

Souhaitez-vous effectuer ce test de permutation pour votre tableau de contingence ?

OPEN OPEN FINI

1. Objectif du test de permutation :

Le test de permutation dans ce contexte est utilisé pour évaluer la symétrie du tableau de contingence. Il s'agit d'une méthode non paramétrique qui ne repose pas sur des hypothèses de distribution. Au lieu de cela, elle utilise le rééchantillonnage pour déterminer la probabilité du niveau d'asymétrie observé sous l'hypothèse nulle de symétrie.

2. Hypothèse nulle (H0) du test de permutation :

H0 : Le tableau de contingence est symétrique par rapport à la diagonale principale.

En d'autres termes, pour chaque paire de cellules hors diagonale (i,j) et (j,i), les probabilités que les observations tombent dans ces cellules sont égales.

3. Interprétation générale des résultats du test de permutation :

- Si la valeur p est inférieure au niveau de signification choisi (généralement 0,05), nous rejetons l'hypothèse nulle et concluons qu'il existe une preuve significative d'asymétrie dans le tableau.

- Si la valeur p est supérieure au seuil de signification, nous ne pouvons pas rejeter l'hypothèse nulle, ce qui suggère qu'il n'existe aucune preuve significative d'asymétrie.

4. Interprétation du résultat dans ce cas :

Nombre de permutations : 10.000

**NA,C6**: stat : 1794 ; pval : 0,010

- Nombre de permutations = 10 000 (supposé à partir de la définition de la fonction)

Interprétation :

a) La valeur p (0,0096) est inférieure au seuil de signification commun de 0,05. Cela fournit une preuve solide pour rejeter l'hypothèse nulle de symétrie.

b) La statistique de test (1794) représente la somme des différences au carré entre les triangles supérieur et inférieur du tableau de contingence. Cette valeur est supérieure à ce que l'on pourrait attendre par hasard en cas de symétrie.

c) La valeur p de 0,0096 indique que seulement 0,96 % des permutations ont donné lieu à une statistique de test aussi extrême ou plus extrême que la valeur observée. Il s'agit d'une preuve solide contre la symétrie.

Dans le contexte de vos données sur l'insuffisance veineuse :

1. Il existe une asymétrie significative dans la façon dont l'insuffisance veineuse se manifeste entre les jambes gauche et droite.

2. La probabilité qu'une classification CEAP spécifique se produise dans la jambe gauche par rapport à la jambe droite n'est pas égale, même après avoir pris en compte la variation aléatoire.

3. Cette asymétrie suggère que la progression ou la gravité de l'insuffisance veineuse n'est pas uniforme sur les deux jambes chez les individus.

Implications cliniques :

1. L'évaluation et le traitement de l'insuffisance veineuse doivent prendre en compte chaque jambe séparément, car la maladie peut évoluer différemment dans chaque jambe.

2. Les facteurs influençant la gravité de l'insuffisance veineuse peuvent agir différemment sur chaque jambe, peut-être en raison de différences anatomiques, de facteurs liés au mode de vie ou d'autres variables.

3. Lors de l'élaboration de lignes directrices cliniques ou de la conduite de recherches sur l'insuffisance veineuse, il est important de tenir compte de cette asymétrie entre les jambes.

Le résultat du test de permutation s'aligne sur les résultats des tests précédents (Stuart-Maxwell, chi carré, log-linéaire) et les étaye davantage, fournissant des preuves supplémentaires de l'asymétrie des classifications CEAP entre les jambes gauche et droite. Cette approche non paramétrique renforce la solidité de votre conclusion générale sur la présence d'une asymétrie dans la manifestation de l'insuffisance veineuse.

Cet ensemble complet d'analyses (comprenant tous les tests précédents) fournit une base de preuves solide et multidimensionnelle pour la relation complexe entre les classifications CEAP dans les deux jambes. Il souligne l'importance des stratégies d'évaluation et de traitement individualisées dans la gestion de l'insuffisance veineuse.

**C0,C6**: stat : 1076 ; pval : 0,036

**C0,C3**: stat : 24 ; pval : 0,919

**C3,C6**: stat : 106 ; pval : 0,767

# Kappa