

FIGURE 5.4 – Détection des points atypiques sur des patches contenant des signatures inusuelles par un seuillage sur les p-valeurs des tests statistiques au niveau de chaque point. Le seuil de détection est défini par les approches indépendantes, FWER, FWER avec une valeur du seuil adaptée aux données et FDR. Les signatures sont visuellement détectables à partir de l’approche indépendante. Les approches basées sur le FWER sont trop conservatrices et ne permettent pas la détection des signatures atypiques. Le FDR permet la détection de certaines signatures sur les patches mais restent également trop conservateur.

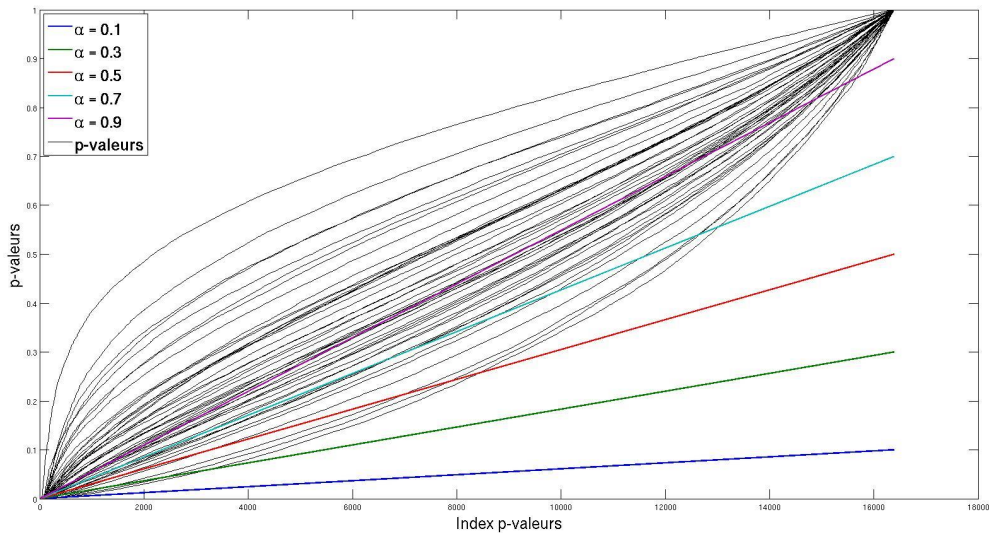


FIGURE 5.5 – Courbes des p-valeurs ordonnées des mêmes patches de différents spectrogrammes. Comparaison aux droites d’équation  $\alpha/m$  pour  $\alpha = \{0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 0.9\}$ . Le seuil de détection de l’approche basée sur le FDR correspond à la dernière intersection entre ces la courbe des p-valeurs ordonnées et la droite d’équation  $\alpha/m$ . Les courbes des p-valeurs ordonnées possèdent différents comportements (convexe ou concave) entraînant une grande variabilité dans les détections.

situés sur ces raies ont des valeurs de densités très faibles car ces densités sont calibrées sur des points ne faisant pas partie en général de signatures vibratoires liées au  $N_1$ . Les tests statistiques ont donc plus fortement tendance à rejeter l'adéquation de ces points aux distributions estimées.

Les approches de tests multiples sont donc trop conservatrices pour détecter les signatures inusuelles sur les patchs. Ces approches ont tendance à accepter le plus possible les hypothèses  $\mathcal{H}_0^i$  plutôt que les rejeter à tort. Ce comportement n'est pas compatible avec la détection d'anomalies sur les moteurs d'avions où nous cherchons à déterminer l'ensemble des signatures inusuelles présentes. Les méthodes basées sur le FWER sont bien trop conservatrices pour être mises en place car le nombre de tests diminue fortement le seuil de détection. Les approches basées sur le FDR permettent la définition d'un seuil adapté aux données suivant le niveau voulu. L'approche est basée sur le comportement de la courbe des p-valeurs ordonnées. Cependant ces courbes n'ont pas les mêmes caractéristiques suivant les différents spectrogrammes dont les patchs sont extraits. Certaines des courbes des p-valeurs sont fortement concaves entraînant des seuils de détection très faible car l'intersection avec la droite de pente  $\alpha/m$  s'effectue très tôt. Très peu de tests rejettent alors l'hypothèse  $\mathcal{H}_0^i$  et l'approche peut-être considérée comme conservatrice. D'autres patchs possèdent des courbes de p-valeurs convexes entraînant une valeur importante du seuil de détection, l'approche a alors tendance à rejeter la majorité des tests sur le patch étudié ce qui n'est pas réaliste pour nos données de spectrogrammes. La figure 5.5 présente les courbes de p-valeurs ordonnées du même patch de différents spectrogrammes avec les droites de pente  $\alpha/m$  pour différentes valeurs de  $\alpha$ . Nous pouvons voir les différents comportements des courbes des p-valeurs ordonnées aussi bien convexes que concaves entraînant une grande variabilité du seuil de détection sur les patchs.

## Résultats des tests unitaires

Les approches de tests multiples étudiées ne sont pas pertinentes pour la détection de signatures inusuelles sur les données vibratoires des moteurs d'avions. La considération des tests unitaires (avec définition des seuils sur la base de validation  $\Omega_{Val}$ ) est donc plus pertinente et permet la mise en évidence des signatures inusuelles malgré plusieurs fausses détections (Figure 5.4). Afin de limiter les fausses détections, un filtrage à partir du voisinage est mis en place de manière similaire à (4.12). Un point est considéré comme atypique si et seulement si sa p-valeur associée est inférieure au seuil de détection et si deux points parmi son voisinage direct  $\mathcal{V}$  (points à distance de 1 du point considéré) sont également détectés (5.3). Les signatures correspondant à des raies sur les spectrogrammes, cela permet d'éliminer les détections des points isolés.

$$\hat{Y}_{f,N_2}^i = \begin{cases} 1 & \text{si } \tilde{Y}_{f,N_2}^i \text{ \& } \sum_{k \in \mathcal{V}_{f,N_2}} \tilde{Y}_k^i \geq 2 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.3)$$

$\tilde{Y}_{f,N_2}^i$  correspond à la décision par test unitaire sans filtrage défini dans (5.2).

Le tableau 5.1 présente le taux de détections pour les différentes classes de points de la base

de test  $\Omega_{Test}$  annotée de  $\mathcal{B}_1$  à partir des tests unitaires avec et sans filtrage pour différentes données d'estimation de la distribution. La méthode permet une très bonne détection des points atypiques mais aussi des points des signatures vibratoires liées au  $N_1$ . Les points liés au bruit ne sont pas détectés et les points normaux liés au  $N_2$  sont partiellement détectés (il s'agit de fausses détections). Ce taux de détection reste inférieur à celui défini à partir du dictionnaire de la NMF. Le filtrage permet une légère diminution des taux de détection sur les différentes classes, son effet est plus visible sur une représentation visuelle des résultats.

TABLE 5.1 – Taux de détection à partir de la modélisation gamma des points avec et sans filtrage des différentes classes de points de la base de test  $\Omega_{Test}$  pour différentes données d'apprentissage

Classe de points	P-valeurs Gamma sans filtrage	P-valeurs Gamma avec filtrage
Classe "normal"	20.0% $\pm$ 2.15%	17.44% $\pm$ 2.15%
Classe "inusuel"	87.0% $\pm$ 1.27%	81.40% $\pm$ 2.85%
Classe "bruit"	3.12% $\pm$ 0%	3.12% $\pm$ 0%
Classe "décalé"	100%	94.36% $\pm$ 2.15%

La figure 5.6 présente les résultats visuels de détection pour différents patchs de la base de test (patchs utilisés pour illustrer les résultats dans la partie précédente) sans filtrage et avec filtrage. Le premier patch (1ère ligne) consiste en un patch sans signatures inusuelles, les suivants contiennent tous différentes signatures inusuelles afin de vérifier que la détection n'est pas dépendante du type de signature. Pour les différents patchs, les signatures inusuelles sont mises en évidence, il ne s'agit pas nécessairement de la signature inusuelle dans sa globalité. L'effet du filtrage est également plus visible sur le patch complet avec une forte diminution des points détectés à tort, tandis que les signatures inusuelles restent détectées. Seule la raie liée au  $N_1$  est détectée pour le patch normal (1ère ligne). Visuellement, la définition d'un modèle de normalité sur chaque point du spectrogramme (sans tenir compte de la multiplicité) à partir d'une distribution permet une bonne caractérisation de la normalité et la détection des signatures inusuelles.

La modélisation unitaire par loi gamma est aisée à mettre en place et donne de bons résultats. Cependant cette loi n'est pas valide pour plusieurs points du spectrogramme. La figure 5.7 donne l'ensemble des points rejetant l'hypothèse gamma du point à partir d'un test de Mann-Whitney au niveau 5%. Le choix de la loi gamma a été effectué à but exploratoire en observant les histogrammes de différents points. Cette distribution était pratique pour étudier le comportement des tests multiples dans notre problématique. Le choix de loi gamma suppose une distribution unimodale des points, cette affirmation est correcte dans notre base de données du fait du faible nombre de données. Dans les cas d'une base de données beaucoup plus volumineuse, cette affirmation est fausse. En effet, les signatures normales ne sont pas toujours présentes ou complètes sur les spectrogrammes, elles peuvent également être décalées. De ce fait, il est fort possible que la distribution des points faisant partie des signatures soit bimodale, un mode correspondant au passage d'une raie vibratoire par ce point sur le spectrogramme et un autre à son absence. Dans la suite du manuscrit, la distribution des points est estimée sur des données normales de manière non paramétrique sans a priori afin de définir au mieux cette distribution.

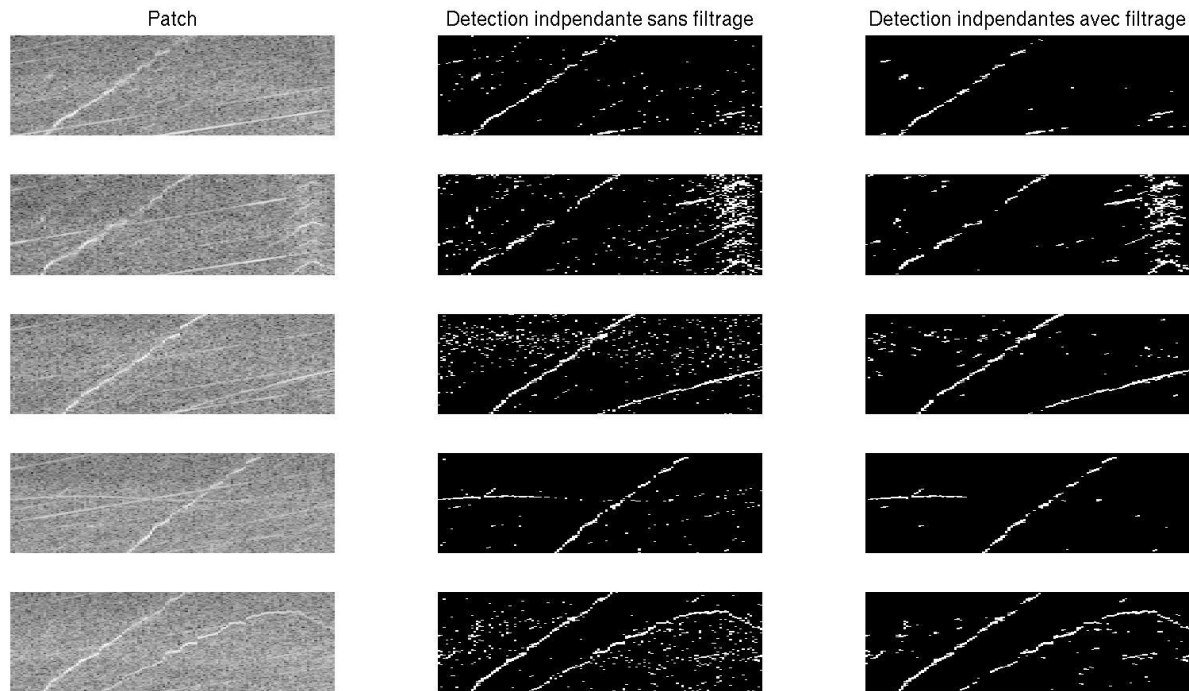


FIGURE 5.6 – Détection à partir de la modélisation gamma des points de différents patchs avec (3ème colonne) et sans filtrage (2ème colonne). Le premier patch ne contient pas de signatures inusuelles, les suivants contiennent différentes signatures inusuelles. La méthode permet une bonne mise en évidence des signatures atypiques sur les patchs. L'application du filtrage de voisinage réduit les fausses détections et ne détériore pas la détection des signatures atypiques.

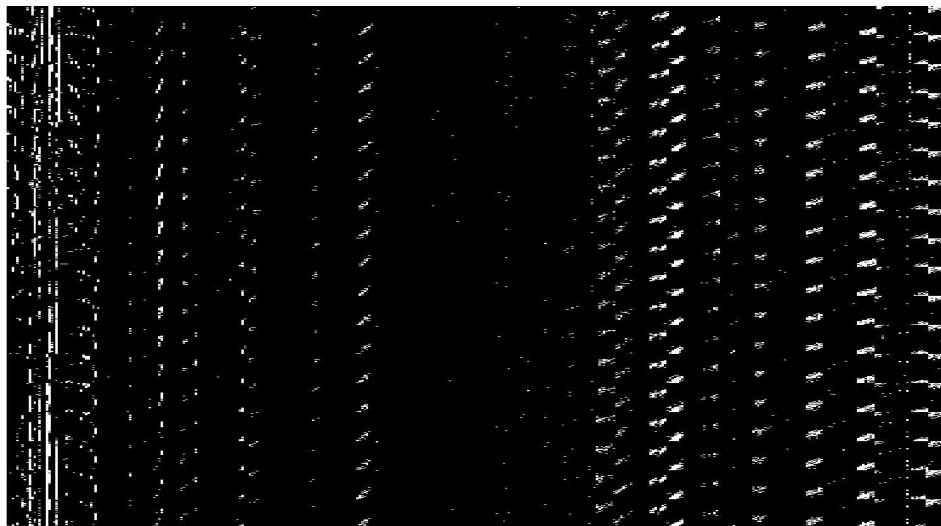


FIGURE 5.7 – Résultats des tests statistiques de Mann-Whitney vérifiant l'hypothèse gamma pour chaque point du spectrogramme. Les points blancs sont les points rejetant l'hypothèse gamma. Plusieurs points rejettent l'hypothèse de caractérisation de la normalité par une loi gamma.

## 5.3 Estimation non paramétrique de la densité par noyau

### 5.3.1 Formulation

L'estimation de densité par noyau (ou fenêtre de Parzen) [89, 49] permet de caractériser la distribution d'un jeu de données de manière non paramétrique. En considérant un ensemble de variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées  $X = X_1, \dots, X_n$ , l'estimation  $\hat{f}_X$  de la densité  $f_X$  par noyau de ce jeu de données est donnée par :

$$\hat{f}_{X,h}(x) = \frac{1}{nh} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{x - X_i}{h}\right) \quad (5.4)$$

$K$  correspond au noyau utilisé pour caractériser la distribution et  $h$  à l'échelle appliquée au noyau. Toutes les observations contribuent à l'estimation de densité en tout point  $x$ . La valeur de la densité en un point  $x$  correspond à la moyenne des différentes contributions. Les zones ayant peu de points dans  $(X_1, \dots, X_n)$  sont de densités faibles, à l'inverse les zones contenant de nombreux points dans  $X$  ont des valeurs de densités importantes (Figure 5.8). Les noyaux utilisés pour l'estimation sont le plus souvent symétriques.

Cette méthode est une version continue de l'estimation de densité par histogramme. A l'inverse de l'estimation par histogramme limitée par la valeur maximale des données, la méthode à noyau permet de donner une valeur de la densité en tout point de l'espace. Sans perte de généralité, une autre façon de voir l'estimation de densité à partir de noyau symétrique consiste à considérer une application du noyau centré sur la valeur  $x$  sur les différentes observations de  $X$ . La valeur de la densité en  $x$  correspond alors à la moyenne des applications et l'estimateur

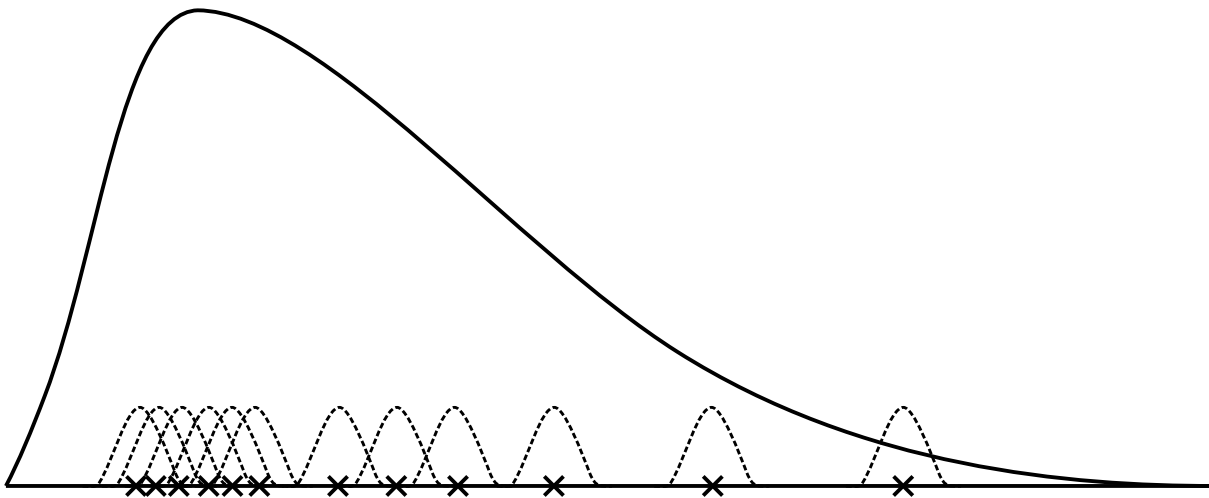


FIGURE 5.8 – Illustration de l'estimation de densité par noyau. Les croix correspondent aux points  $X = (X_1, \dots, X_n)$ , les distributions associées à chacun de ces points (en pointillées) aux noyaux et la distribution globale (trait plein) à l'estimation de la distribution des données  $X$ .

peut se réécrire :

$$\hat{f}_{X,h}(x) = \frac{1}{nh} \sum_{i=1}^n K_{x,h}(X_i), \quad (5.5)$$

avec  $K_{x,h}$  le noyau centré  $x$  et d'échelle  $h$ .

Le noyau le plus couramment utilisé est le noyau gaussien (5.6) symétrique et permettant des facilités de calcul.

$$K_{\mathcal{N}}(y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{y^2}{2}\right) \quad (5.6)$$

Avec ce type de noyau, l'approche est similaire à un mélange de gaussiennes [15] où le nombre de mélanges correspond au nombre de points d'apprentissage, les moyennes des différentes gaussiennes du mélange sont les points d'apprentissage et les variances correspondent aux échelles des noyaux.

Le biais et la variance de l'estimateur (5.4) s'expriment lorsque la distribution à estimer est suffisamment lisse et que le moment d'ordre 4 du noyau est fini [102] :

$$\begin{aligned} \text{biais}(\hat{f}_{X,h}(x)) &= \frac{h^2}{2} \mu_2(K) f''(x) + o(h^2), \\ \text{var}(\hat{f}_{X,h}(x)) &= \frac{1}{nh} R(K) f(x) + o\left(\frac{1}{nh}\right), \end{aligned}$$

avec  $\mu_2(K) = \int y^2 K(y) dy$  et  $R(K) = \int K^2(y) dy$ .

Le choix du noyau n'a pas une influence forte sur l'estimation de la densité. Les noyaux symétriques permettent l'estimation des distributions sur  $[0, +\infty[$  mais entraînent un biais à l'origine car la densité est non-nulle pour les valeurs négatives. Certains noyaux, comme le noyau gamma, permettent de caractériser les distributions sur les valeurs positives uniquement. L'échelle  $h$  attribuée au noyau joue un rôle fondamental dans l'estimation. Plus cette échelle est petite, plus les noyaux sont concentrés autour des données de calibration de la densité, les différentes contributions sont alors généralement faibles. On observe alors un surapprentissage de la densité. Si cette échelle est trop grande, les noyaux s'aplatissent donnant alors des contributions significatives pour les points éloignés des points d'apprentissage, la densité est alors totalement lissée avec des modes de la distribution mal caractérisés.

### 5.3.2 L'estimation de la densité par noyau gamma

Le noyau gamma [29] permet une bonne caractérisation des distributions sur  $[0, +\infty[$  et de ne pas avoir de biais à l'origine, il atteint le niveau de convergence optimal parmi les estimateurs de densité positive [29]. Une première formulation de l'estimation de densité par noyau gamma  $\hat{f}_{X,h}^{K_{\Gamma}}$  pour un jeu de données  $X = (X_1, \dots, X_n)$  est donnée par :

$$\hat{f}_{X,h}^{K_{\Gamma}}(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\frac{x}{h}+1,h}(X_i), \quad x \in \mathbb{R}_+$$

avec  $h$  l'échelle du noyau et  $K_{\frac{x}{h}+1,h}$  le noyau gamma.

$$K_{u,v}(t) = \frac{t^{u-1}e^{-\frac{t}{v}}}{v^u\Gamma(u)} = \Gamma(u, v), \quad (u, v) \in \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+$$

Cette formulation est similaire à (5.5) du noyau gaussien et peut donc être vue comme l'application du noyau gamma paramétré par  $x$  à tous les points de  $X = (X_1, \dots, X_n)$  utilisés pour définir la distribution.

A la différence du noyau gaussien ayant la même forme pour les points sur lesquels il est appliqué, la forme du noyau gamma change pour chaque point. Une seconde différence par rapport au noyau gaussien provient de sa non-symétrie autour de la valeur  $x$ . Pour le noyau gaussien, cette valeur  $x$  pouvait être vue comme la moyenne du noyau. Cependant dans le cas du noyau gamma, la valeur  $x$  ne correspond pas à la moyenne mais au mode du noyau. Il est possible de modifier les paramètres du noyau en  $\Gamma(x/h, h)$  de telle sorte que  $x$  en soit la moyenne, le noyau ne serait alors borné en 0. Dans [29], le noyau de l'estimateur est défini de manière différente aux voisinage de 0 et en dehors du voisinage de 0 (5.7).

$$\hat{f}_{X,h}^{K_\Gamma}(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{\rho_h(x),h}(X_i), \quad x \in \mathbb{R}_+ \quad (5.7)$$

avec

$$\rho_h(x) = \begin{cases} \frac{x}{h} & \text{si } x \geq 2h \\ \frac{1}{4} \left(\frac{x}{h}\right)^2 + 1 & \text{si } x \in [0, 2h[ \end{cases}$$

Le biais de cet estimateur augmente avec la valeur de  $x$  tandis que sa variance diminue lorsque  $x$  croît.

### 5.3.3 Estimation de l'échelle du noyau

L'estimation de l'échelle appliquée au noyau passe par la minimisation de grandeurs estimant l'écart entre la densité réelle et la densité estimée :

- asymptotic mean squared error (AMSE) mesure la distance entre la densité et son estimation

$$AMSE(\hat{f}_{X,h}(x)) = \text{var}(\hat{f}_{X,h}(x)) + \text{biais}^2(\hat{f}_{X,h}(x)) \approx \frac{1}{nh} R(K) f(x) + \frac{h^4}{4} \mu_2^2(K) [f''(x)]^2$$

- mean integrated square error (MISE) permet de juger de l'écart moyen

$$MISE(\hat{f}_{X,h}(x)) = \mathbb{E} \left\{ \int \left( \hat{f}_{X,h}(y) - f(y) \right)^2 dy \right\} = \int \text{biais}^2(\hat{f}_{X,h}(y)) dy + \int \text{var}(\hat{f}_{X,h}(y)) dy$$

- Asymptotic mean integrated squared error (AMISE)

$$AMISE(\hat{f}_{X,h}(x)) = \frac{1}{nh} R(K) + \frac{h^4}{4} \mu_2^2(K) R(f'')$$

— Integrated squared error (ISE)

$$ISE(\hat{f}_{X,h}(x)) = \int (\hat{f}_{X,h}(y) - f(y))^2 dy$$

Dans le cas de la grandeur AMISE, il existe une valeur théorique de  $h$  la minimisant :

$$\hat{h}_{AMISE} = \left[ \frac{R(K)}{\mu_2^2(K)R(f'')} \right]^{\frac{1}{5}} n^{-\frac{1}{5}}. \quad (5.8)$$

Cependant il est nécessaire de connaître la densité réelle pour trouver cette valeur optimale ce qui n'est pas le cas en pratique. Différentes approches permettent alors d'approximer cette échelle optimale. Des états de l'art des méthodes d'estimation de l'échelle du noyau pour l'estimation de densité ont été réalisés dans [102, 57].

### La règle du pouce

Cette première approche consiste à remplacer  $R(f'')$  par sa valeur dans une famille paramétrique (comme les gaussiennes) afin d'estimer la valeur optimale de AMISE. Dans [104], l'estimation de  $h$  dans un cadre gaussien est donnée par  $\hat{h}_{AMISE} = 1.06\sigma n^{-1/5}$  et  $\hat{h}_{AMISE} = 0.79IQRn^{-1/5}$ , avec  $\sigma$  et  $IQR$  estimée sur les données. De plus, afin de détecter de manière plus efficace les différents modes de la distribution, le facteur 1.06 est réduit à 0.9 avec une sélection du minimum entre l'écart-type et l'écart inter-quantile.

$$\hat{h} = 0.9 \min(\hat{\sigma}, I\hat{Q}R/1.34)n^{-\frac{1}{5}}$$

Ces estimations dépendent intégralement de jeu de données avec la variance et l'IQR de ce dernier et du nombre d'échantillons. Il n'y a donc pas d'optimisation à réaliser ce qui rend cette estimation la plus rapide dans un cadre industriel.

### Les méthodes basées sur le maximum de vraisemblance

Ces approches consistent à calculer le maximum de vraisemblance sur les données à partir de la distribution estimée par rapport au paramètre d'échelle  $h$  du noyau. Dans [74], ce maximum est calculé dans un cadre gaussien multidimensionnel à partir d'une formulation de point fixe dans un cadre sphérique où la matrice de covariance est diagonale et dans un cadre sans a priori avec une matrice de covariance pleine.

Il existe d'autres méthodes (autres que la règle du pouce et le maximum de vraisemblance) permettant d'estimer l'échelle optimale basées sur la validation croisée [102, 100] et des méthodes plug-in [103]. Il s'agit de méthodes basées sur des optimisations. Dans le cadre des spectrogrammes, cela revient à effectuer une optimisation pour chacun des points.



## 5.4 Modèle de normalité défini à partir de l'estimation de densité par noyau gaussien

### 5.4.1 Le modèle de normalité

De même que dans la section 5.2 où un modèle de normalité était défini pour chaque point par une distribution gamma, chaque point du spectrogramme (paramétré par un régime  $N_2$  et une fréquence  $f$ ) est caractérisé par une distribution estimée à partir des données normales de ce point et caractérisant le modèle de normalité de ce point uniquement. Aucun a priori n'est apporté à la distribution obtenue à partir de l'estimation de cette densité par noyau gaussien (5.9). La distribution de normalité est donc caractérisée par les données normales, le type de noyau et l'échelle du noyau.

$$\begin{aligned} \forall(f, N_2), \quad \hat{f}_{f, N_2}(x | \Omega_{App}^{f, N_2}, h) &= \frac{1}{\text{card}(\Omega_{App}^{f, N_2})h} \sum_{i \in \Omega_{App}^{f, N_2}} K_{\mathcal{N}}\left(\frac{x - S_{f, N_2}^i}{h}\right) \\ &= \frac{1}{\text{card}(\Omega_{App}^{f, N_2})h} \sum_{i \in \Omega_{App}^{f, N_2}} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x - S_{f, N_2}^i)^2}{h^2}\right) \end{aligned} \quad (5.9)$$

avec  $\Omega_{App}^{f, N_2}$  les données d'apprentissage normales des spectrogrammes aux coordonnées  $(f, N_2)$  et  $S_{f, N_2}^i$  le point du spectrogramme  $i$  sur ces mêmes coordonnées.

Le modèle de normalité est donc entièrement caractérisé à partir des données normales au niveau de chaque point, de la nature du noyau et de l'échelle associée permettant de donner une estimation de la distribution de normalité.

### Estimation de l'échelle du noyau

La modélisation de la distribution permet une détection des points atypiques en analysant la queue de distribution. Le choix de  $h$  est donc important afin d'éviter, dans le cas où  $h$  est trop grand, de définir des points inusuels comme normaux car la distribution aura été fortement lissée et, dans le cas où  $h$  est trop petit, de détecter des points normaux également dû à un surapprentissage de cette distribution. Cette valeur doit être calibrée pour chaque point du spectrogramme. Nous utilisons deux méthodes afin de calibrer ce paramètre :

- issue de la règle du pouce [104] qui permet de donner une approximation directe de la valeur de  $h$  à partir des données d'apprentissage normale sans aucune optimisation

$$\hat{h}_{RP} = 1.06\hat{\sigma}n^{-\frac{1}{5}},$$

avec  $\hat{\sigma}$  la variance estimée sur les données d'apprentissage de la distribution,

- issue du maximum de vraisemblance par rapport à  $h$  calibrée sur des données de validation

normales (non utilisées pour apprendre la distribution), il aurait été également possible de faire du leave-one-out sur la base d'apprentissage.

$$\hat{h}_{ML} = \underset{h}{\operatorname{argmax}} \left\{ \prod_{j \in \Omega_{Val}^{f, N_2}} \hat{f}_{f, N_2}(S_{f, N_2}^j | \Omega_{App}^{f, N_2}, h) \right\}.$$

La figure 5.9 présente la vraisemblance des points de  $\Omega_{Val}^{f, N_2}$  en fonction de différentes valeurs de  $h$ , nous observons un pic de la vraisemblance pour une unique valeur de  $h$  définissant  $\hat{h}_{ML}$ . Cette estimation entraine cependant plus de variabilité que l'estimation de  $h$  donnée par la règle du pouce  $\hat{h}_{RP}$  (Tableau 5.2). Bien que les deux estimations restent dans les mêmes ordres de grandeur, l'estimation  $\hat{h}_{RP}$  de  $h$  à partir de la règle du pouce est toujours inférieure à celle à partir du maximum de vraisemblance  $\hat{h}_{ML}$  (Tableau 5.2). Cela entraine une distribution estimée à partir du maximum de vraisemblance plus lisse que celle à partir de la règle du pouce. La figure 5.10 représente les estimations des densités pour différents points du spectrogramme à partir de la règle du pouce (trait plein) et du maximum de vraisemblance (pointillé). Les distributions estimées sur plusieurs points des spectrogrammes possèdent des modes sur différentes intensités vibratoires et des queues de distribution différentes illustrant la variabilité au niveau des mêmes points sur les spectrogrammes. La définition d'un modèle de normalité sur chaque point des spectrogrammes est donc pertinente.

TABLE 5.2 – Estimation de l'échelle à partir de la règle du pouce et du maximum de vraisemblance pour différents points du spectrogramme et avec différentes données d'apprentissage pour estimer la distribution.

$\hat{h}_{RP}$	$\hat{h}_{ML}$
$(1.41 \pm 0.07) \times 10^{-2}$	$(4.58 \pm 1.71) \times 10^{-2}$
$(1.87 \pm 0.52) \times 10^{-2}$	$(4.17 \pm 2.81) \times 10^{-2}$
$(1.35 \pm 0.06) \times 10^{-2}$	$(3.67 \pm 1.07) \times 10^{-2}$
$(1.2 \pm 0.05) \times 10^{-2}$	$(3.67 \pm 1.07) \times 10^{-2}$
$(1.45 \pm 0.06) \times 10^{-2}$	$(4.18 \pm 1.88) \times 10^{-2}$

#### 5.4.2 Le score de détection

La décision est caractérisée, pour chaque point du spectrogramme, par un seuil sur les p-valeurs du test statistique confrontant l'hypothèse  $\mathcal{H}_0^{f, N_2}$  où le point aux coordonnées  $(f, N_2)$  est normal à l'hypothèse  $\mathcal{H}_1^{f, N_2}$  où le point de coordonnées  $(f, N_2)$  est inusuel. Ce test correspond à un test d'adéquation à la distribution de normalité du point estimée par  $\hat{f}_{f, N_2}(\cdot | \Omega_{App}^{f, N_2}, h)$ .

$$pval_{f, N_2}^{i, K_N} = \mathbb{P}_{\mathcal{H}_0^{f, N_2}}(X > S_{f, N_2}^i) \approx \mathbb{P}_{\hat{f}_{f, N_2}}(X > S_{f, N_2}^i) \quad (5.10)$$