

Table des matières

Introduction générale	4
1 Revue des tests classiques	5
1.1 Test paramétrique	5
1.1.1 Test de Student	5
1.2 Test non paramétrique	7
1.2.1 Test de type Cramer-von Mises et notamment d'Anderson-Darling	8
1.2.2 Test de Wilcoxon-Mann-Whitney	8
1.2.3 Test de Kolmogorov-Smirnov :	10
2 Introduction du nouveau test	12
2.1 Splines :	12
2.1.1 B-splines [1]	13
2.2 Estimation de densité par splines :	15
2.3 Construction du nouveau test : <i>Test Ducharme</i>	18
3 Validation de notre test :	21
3.1 Obtention des seuils critiques :	21
3.2 Comparaison de la puissance avec celle des tests classiques :	22
3.3 Calibration des hyperparamètres du test pour améliorer sa puissance :	28
Conclusion générale	31

Table des figures

2.1	Trois exemples d'ajustement polynomial avec 20 points de données. Comme on peut le voir, les fonctions ajustées commencent à mal se comporter, en particulier pour les valeurs élevées de x .	13
2.2	Trois exemples d'ajustement par spline avec 20 points de données et $d = 3$. Comme on peut le voir, dans ces exemples, les splines se comportent moins mal que les ajustements polynomiaux.	14
2.3	Les fonctions B-Spline normalisées de différents degrés d .	15
2.4	Graphique des noeuds intérieurs positionnées avec choix de $d=3$ et $k=5$	16
2.5	Estimation de $h(x)$ pour les densités $f = \text{Beta}(2,3)$, $g = \text{Beta}(1,1)$ et pour les choix de $k=5$, $d=3$	17
2.6	Estimation des densités pour $d = 2$ et $k = 1$	18
3.1	L'estimation des puissances des trois tests(ducharme(blue), kolmogorov (red), wilcox (orange)), où $X \sim \text{Beta}(1,1)$ et $Y \sim \text{Beta}(2,\beta)$, où β est la variable indépendante dans le graphique.	26
3.2	Pour chaque α, β dans le graphique ci-dessus on prend $X \sim \text{Beta}(1,1)$ et $Y \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$. Puis on trace pour ce cas la puissance du test Ducharme soustraite de la puissance du test Kolmogorov.	26
3.3	Pour chaque α, β dans le graphique ci-dessus on prend $X \sim \text{Beta}(1,1)$ et $Y \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$. Puis on trace pour ce cas la puissance du test Ducharme soustraite de la puissance du test wilcoxon .	27
3.4	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 1, d = 1$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	28
3.5	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 1, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	29
3.6	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 2, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	29
3.7	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 3, d = 1$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	29

3.8	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 3, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	30
3.9	Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 4, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.	30

Introduction générale

Notre projet vise à approfondir notre compréhension des étapes cruciales dans le développement, la construction et la validation d'un test statistique spécifique. Nous nous concentrons spécifiquement sur l'étude des tests pour les hypothèses $H_0 : F = G$ contre $H_1 : F \neq G$.

Les tests statistiques jouent un rôle primordial dans de nombreux domaines en permettant d'analyser des données, de prendre des décisions et d'élimination des suppositions subjectives en faveur de choix plus objectifs et transparents, sujets à critique. Leur utilité s'étend à la recherche scientifique, aux entreprises et à l'économie, aux sciences sociales, à la médecine et à la santé publique, ainsi qu'à l'ingénierie et aux sciences appliquées. Ces tests offrent une approche objective pour évaluer la signification des données, identifier les tendances et les différences significatives, et améliorer le processus de prise de décision.

L'objectif principal de notre travail est de comprendre la naissance, la genèse et la mise au point d'un nouveau test statistique pour les hypothèses mentionnées ci-dessus. Nous examinerons en détail un nouveau test appelé **DUCHARME**, qui est basé sur les noyaux proposés par **Monsieur DUCHARME**. Ce test présente des caractéristiques spécifiques qui le distinguent des tests classiques et offre une approche novatrice pour évaluer les différences significatives entre les densités de probabilité.

Notre projet commencera par une revue approfondie des tests classiques, en distinguant entre les tests paramétriques et non paramétriques, sous les hypothèses mentionnées précédemment. Nous examinerons les principes fondamentaux de ces tests et les scénarios dans lesquels ils sont applicables.

Ensuite, nous nous intéresserons à l'estimation des densités de probabilité à l'aide de la méthode des fonctions splines. Nous expliquerons en détail la méthodologie des fonctions splines et discuterons de leurs avantages et de leurs limitations dans notre contexte d'étude.

Enfin, nous aborderons la phase de validation du test statistique. Nous explorerons les procédures utilisées pour évaluer l'efficacité et la fiabilité du test **DUCHARME** dans la détection de différences significatives entre les densités de probabilité.

En résumé, notre projet vise à développer un nouveau test statistique, le test **DUCHARME**, pour les hypothèses $H_0 : f = g$ contre $H_1 : f \neq g$. Nous étudierons les tests classiques, l'estimation des densités par les fonctions splines, et nous évaluerons l'efficacité de notre test.

Chapitre 1

Revue des tests classiques

Dans la première partie de notre travail, nous consacrons un temps pour rappeler les concepts des tests statistiques. Les tests statistiques se divisent généralement en deux catégories : les tests paramétriques et les tests non paramétriques. Les tests paramétriques se basent sur les critères de la normalité et de l'égalité des variances. Les tests non paramétriques, en revanche, n'imposent pas ces hypothèses et sont souvent utilisés lorsque les données ne suivent pas une distribution normale ou lorsque les variances des groupes sont différentes. Si les données étudiées ne suivent pas une distribution gaussienne, les tests non paramétriques tels que le test de *Mann-Whitney* ou le test de *Kolmogorov-Smirnov* peuvent être plus appropriés que les tests paramétriques comme le test de Student. Ces tests non paramétriques permettent de comparer les groupes sans supposer une distribution spécifique des données et sont donc plus flexibles et robustes aux violations des hypothèses de normalité et d'égalité des variances.

1.1 Test paramétrique

Un test paramétrique est utilisé pour tester une hypothèse sur un ou plusieurs paramètres d'une distribution de probabilité spécifique. Il suppose que les données suivent une loi connue et utilise une statistique de test qui suit une distribution de probabilité sous l'hypothèse nulle. En comparant p -value du test à une valeur critique ou en calculant la p -value, on peut décider de rejeter ou de ne pas rejeter l'hypothèse nulle. Les tests paramétriques offrent une puissance statistique élevée lorsque les hypothèses paramétriques sont valides, mais ils peuvent être moins robustes en cas de non-respect de ces hypothèses.

1.1.1 Test de Student

le test de Student est un test paramétrique car il suppose que les données suivent une distribution normale ou gaussienne dans les deux groupes. Il suppose également que les variances des deux groupes sont égaux.

Le test de Student, également appelé le test t de Student, est un test statistique qui est utile quand les deux échantillons suivent une distribution normale .Il permet de déterminer si la différence entre deux moyennes est significative ou due au hasard. Le test de Student est souvent utilisé pour comparer les moyennes de deux groupes, par exemple pour déterminer si un traitement a un effet significatif sur une maladie par rapport à un groupe témoin.

Soit X_i avec $i \in (1, \dots, n)$ et Y_j avec $j \in (1, \dots, m)$ deux échantillons iid indépendants qui suivent une distribution gaussienne. On pose :

$$X_i \sim N(\mu_1, \sigma^2)$$

$$Y_j \sim N(\mu_2, \sigma^2)$$

Où σ^2 est une variance inconnue.

• **La statistique du test :**

le test de student permet de tester les hypothèses :

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$

$$H_1 : \begin{cases} \text{contre} \\ \mu_1 \neq \mu_2 \\ \mu_1 < \mu_2 \\ \mu_1 > \mu_2 \end{cases}$$

A partir des X_i et Y_i on forme \bar{X} et \bar{Y}

$$S_X^2 := \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2 \quad (1.1)$$

$$S_Y^2 := \frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (Y_i - \bar{Y})^2 \quad (1.2)$$

Alors on écrit la statistique du test de la forme suivante :

$$T := \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}} \sqrt{\frac{(n-1)S_X^2 + (m-1)S_Y^2}{n+m-2}}} = \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}} S} \quad (1.3)$$

Alors la valeur observé t s'écrit sous la forme :

$$t_{obs} := \frac{\bar{x} - \bar{y}}{\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}} S} \quad (1.4)$$

Avec :

$$S^2 := \frac{(n-1)S_x^2 + (m-1)S_y^2}{n+m-2} \quad (1.5)$$

Sous $H_0 : T \sim t_{n+m-2}$ (suit une loi student de $n + m - 2$ degré de liberté).

Généralement on rejette l'hypothèse H_0 quand la p-value est inférieure à la valeur α choisi : Si la p-value est inférieure à α , cela indique que la probabilité d'obtenir une différence de moyenne aussi grande ou plus grande que celle observée dans les données est inférieure à α si H_0 est vraie. On peut alors constater qu'il y a une différence significative entre les moyennes des échantillons et rejeter l'hypothèse nulle.

En général, on choisit un niveau de signification alpha de 0,05 ou 0,01, ce qui signifie qu'on accepte un risque d'erreur de 5% ou 1% de conclure à tort qu'il y a une différence significative entre les moyennes des échantillons, alors que H_0 est vraie

Exemple 1.1. (*RSTUDIO*)

On prend deux échantillons x et y .

Code :

```
x <- c(4.5, 6.1, 5.3, 7.2, 8.5)
y <- c(2.6, 3.8, 5.1, 4.2, 6.7)

t.test(x,y)
```

Résultat :

```
Welch Two Sample t-test

data:  x and y
t = 1.8723, df = 7.9938, p-value = 0.09809
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.4265368  4.1065368
sample estimates:
mean of x mean of y
   6.32      4.48
```

Pour cet exemple la p-value est supérieure à $\alpha = 0.05$ d'où on ne rejette pas l'hypothèse nulle H_0 .

1.2 Test non paramétrique

Un test non paramétrique est un type de test statistique qui ne repose pas sur des hypothèses spécifiques sur la distribution sous-jacente des données. Contrairement aux tests paramétriques les tests non paramétriques sont plus flexibles et peuvent être utilisés lorsque les hypothèses paramétriques ne sont pas satisfaites ou lorsque les données sont d'ordre nominal ou ordinal. Ces tests sont généralement basés sur des rangs ou des ordres des données plutôt que sur leurs valeurs exactes. En effet, on les

utilise souvent lorsque les données sont échantillonnées de manière non aléatoire, sont fortement asymétriques ou contiennent des valeurs aberrantes. Ils sont également utiles lorsque les échelles de mesure ne sont pas continues.

1.2.1 Test de type Cramer-von Mises et notamment d'Anderson-Darling

Le test de type Cramer-von Mises et le test d'Anderson-Darling sont tous deux des tests statistiques utilisés pour évaluer si un échantillon de données suit une certaine distribution théorique. Le test de Cramer-von Mises mesure la distance entre la distribution empirique des données et la distribution théorique en calculant la somme des différences au carré entre les fonctions de répartition empirique et théorique. Une valeur plus élevée du test de Cramer-von Mises indique une plus grande divergence entre les deux distributions.

Le test de Cramer-Von-Mises est une version modifiée du test d'Anderson-Darling. Il s'agit donc d'un test ajusté qui teste si une variable continue donnée suit une loi de distribution fixe. La normalité est un cas particulier.

On veut tester sous H_0 que la loi de X_i est F_0 , et sous H_1 si la loi n'est pas F_0

- **La statistique du test d'Anderson-Darling :**

Le test d'Anderson-Darling utilise une statistique de test A^2 La statistique de test est donnée par :

$$A^2 = -n - \sum_{i=1}^n \frac{2i-1}{n} (\ln(F(X_i)) + \ln(1 + F(X_{n-i+1}))) \quad (1.6)$$

- **La statistique du test de type Cramer-von Mises :**

Le test de Cramer-von Mises utilise la statistique W^2 calculée en comparant la fonction de répartition empirique $F_n(X)$ avec la fonction de répartition théorique $F(X)$ de la distribution sous-jacente. Cette statistique est donnée par :

$$W^2 = \frac{1}{12n} + \sum_{i=1}^n (F(X_i) - \frac{2i-1}{n})^2 \quad (1.7)$$

Où : n est la taille de l'échantillon

X_i est la i -ème observation dans l'échantillon

1.2.2 Test de Wilcoxon-Mann-Whitney

Le test de Wilcoxon-Mann-Whitney est un test statistique non paramétrique utilisé pour comparer les distributions de deux échantillons indépendants. Il est utilisé lorsque les données ne suivent pas une distribution normale ou lorsque l'on souhaite éviter des hypothèses paramétriques. Le test compare les sommes des rangs des observations dans les deux échantillons pour déterminer s'il y a une différence significative entre eux. C'est une alternative utile lorsque les hypothèses paramétriques

ne sont pas appropriées ou vérifiables. En outre, Lorsqu'on a affaire à deux échantillons X_1, \dots, X_n et Y_1, \dots, Y_n appariés (c'est-à-dire non indépendants), on applique le test de Wilcoxon.

- **La statistique du test pour les échantillons appariés :**

Le test de Wilcoxon permet de tester :

$$H_0 : P(X \leq Y) = \frac{1}{2}$$

$$\text{contre } H_1 : \begin{cases} P(X \leq Y) \neq \frac{1}{2} \\ P(X \leq Y) < \frac{1}{2} \\ P(X \leq Y) > \frac{1}{2} \end{cases}$$

On note T est calculée comme la somme des rangs des différences positives :

$$T = \sum_{i=1}^n R_i^+ \quad (1.8)$$

- **La statistique du test pour les échantillons indépendants :**

Dans ce cas la statistique sera notée U, de deux échantillons distincts .

La statistique est donnée par

$$U = \sum_{i=1}^n R_i \quad (1.9)$$

0 Avec R_i qui est la somme des rangs du plus petit échantillon des deux.

Exemple 1.2. *Test wilcoxon appliqué sur des données pairés. Code :*

```
# Données pairé
avant <- c(10, 12, 9, 8, 11)
apres <- c(8, 9, 7, 6, 10)
# Test de Wilcoxon
test_wilcoxon <- wilcox.test(avant, apres, paired = TRUE)
# Affichage des résultats
cat("Statistique de test : ", test_wilcoxon$statistic)
cat("p-value: ", test_wilcoxon$p.value)
```

Résultat :

```
Statistique de test : 15
p-value: 0.05447404
```

On ne dispose pas de suffisamment de preuves statistiques pour rejeter l'hypothèse nulle au niveau de signification de 0,05 car $p - \text{value} > \alpha = 0.05$. Cela signifie qu'on ne rejette pas H_0 .

1.2.3 Test de Kolmogorov-Smirnov :

Le test de *Kolmogorov-Smirnov* est un test statistique non paramétrique utilisé pour déterminer si un échantillon de données suit une distribution spécifique. Il est couramment utilisé pour comparer la distribution empirique d'un échantillon avec une distribution théorique, telle qu'une distribution normale ou une distribution uniforme, afin de vérifier si les données sont distribuées de manière aléatoire ou s'ils présentent un modèle spécifique.

- **La statistique du test :**

Le test de *Kolmogorov-Smirnov* à deux échantillons est un test qui a pour hypothèse H_0 de déterminer si deux échantillons sont indépendants. $X_1, \dots, X_n \sim F$ iid et $Y_1, \dots, Y_m \sim G$ iid proviennent de la même distribution, c'est-à-dire :

$$H_0 = \{(F, G) | F, G \text{ sont des fonctions de répartition et } F = G\} \text{ versus : } H_1 := \overline{H_0}$$

La statistique du test $D_{n,m}$ est une mesure de la différence entre les fonctions de répartition empiriques F_n et G_m :

$$F_n(x) := \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbb{1}_{(-\infty, x]}(X_i) \text{ et par analogie } G_m.$$

$$D_{n,m} := \sup_x |F_n(x) - G_m(x)| \quad (1.10)$$

Pour pouvoir utiliser notre statistique de test $D_{n,m}$, nous devons définir correctement la région de rejet R_α en fonction du niveau de signification α . R_α doit satisfaire la propriété suivante sous l'hypothèse nulle :

Intuitivement, il est logique pour une fonction de répartition F fixée que sous

$$H_{0|F} := \{(F, G) | F = G\}$$

il est plus probable d'obtenir une petite valeur de $D_{n,m}$ que sous $H_{1|F} := \overline{H_{0|F}}$. (Je tiens à préciser que nous n'avons pas encore prouver cette affirmation). De plus, sous H_0 , D_n converge avec n croissant vers zéro presque sûrement.

- **Définir la région critique :**

Afin d'utiliser notre statistique de test $D_{n,m}$, nous devons définir correctement la région critique R_α pour notre test en fonction du niveau de signification α . R_α doit, par construction de notre test d'hypothèse, satisfaire cette propriété :

$$P_{H_0}(D_{n,m} \in R_\alpha) = \alpha$$

Comme il n'y a pas d'information sur F et G , on pourrait penser à première vue qu'il est impossible d'en savoir assez sur $D_{n,m}$ pour obtenir R_α à partir de n , m et α . Mais, à ma grande surprise, c'est exactement le cas lorsque n et m sont proche de l'infini. Cela est dû à la propriété selon laquelle, sous l'hypothèse nulle, la distribution de $\sqrt{\frac{nm}{n+m}}D_{n,m}$ converge avec de grands n et m vers la distribution de Kolmogorov, qui ne dépend pas des distributions G et F . Ainsi, pour de grandes valeurs de n et m , R_α peut être défini comme suit :

$$R_\alpha = \left(\sqrt{\frac{\ln(\alpha/2)}{2} \cdot \frac{n+m}{n \cdot m}}, \infty \right)$$

Pour des valeurs plus petites de n et m , R_α peut encore être obtenu à partir des tableaux tels que [this](#). [2]

Exemple 1.3. (*RSTUDIO*)

On prend deux échantillons x et y dont on veut tester l'égalité entre les densités.

Code :

```
x <- c(1, 2, 3, 4, 5)
y <- c(2, 4, 6, 8, 10)
ks.test(x, y)
```

Résultat :

```
Exact two-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  x and y
D = 0.6, p-value = 0.2857
alternative hypothesis: two-sided
```

On remarque que la p-value est supérieure au niveau de signification choisi $\alpha = 0.05$, cela indiquerait qu'il n'y a pas suffisamment de preuves pour rejeter l'hypothèse nulle. D'où on peut conclure que sachant que H_0 est vraie on ne rejette pas H_0 . En d'autres termes, on peut dire que les échantillons x et y peuvent provenir de la même distribution.

Chapitre 2

Introduction du nouveau test

Dans la deuxième partie de notre travail, nous introduisons notre test statistique spécifique que nous souhaitons étudier. Nous allons donc étudier un nouveau test statistique qui sera basé sur les noyaux qui suivent presque la même approche globale sur le test de *Kolmogorov-Smirnov*.

Alors on suppose qu'on a deux échantillon :

(X_1, \dots, X_n) iid de loi f sur $[0,1]$

(Y_1, \dots, Y_m) iid de loi g sur $[0,1]$

$$\text{On pose } h(x) = \frac{f(x)}{g(x)}$$

Notre but est d'approcher les deux densités f et g par les fonctions *splines*, afin d'estimer les densités. Pour ce faire nous allons utiliser des méthodes d'interpolation ou de lissage.

2.1 Splines :

Étant donné un ensemble de points de données, on cherche souvent à trouver une fonction qui s'ajuste à cet ensemble de points et qui fournit . Cette pratique s'appelle l'interpolation. Il existe une infinité de façons d'interpoler un ensemble de points. Une façon simple serait, étant donné n points de données, de trouver un polynôme de degré, qui passe par tous ces points. Un effet secondaire de cette méthode, qui peut être désavantageux (selon l'usage que vous voulez faire de la fonction résultante), est que pour un nombre élevé de points, ce polynôme a un degré élevé. Les polynômes de degré élevé ont tendance à avoir des pentes fortes et à ne pas se comporter de toutes les manières possibles, de sorte que cette interpolation est souvent irréaliste, voir figure [2.1](#).

Une méthode permettant d'éviter cet effet secondaire est appelée "interpolation spline". Dans l'interpolation spline, la fonction d'ajustement est une combinaison de $n + 1$ polynômes p_0, \dots, p_n . On décide pour une valeur d , qui est le degré de ces

polynômes. Puis on a une simple méthode pour former chacun des polynômes suivants, et x_k, y_k , les polynômes p_k et p_{k+1} ont les mêmes premiers d dérivés et ont la valeur y_k . Par exemple : $p_k(x_k) = p_{k+1}(x_k) = y_k, p'_k(x_k) = p'_{k+1}(x_k), \dots, p_k^{(d)}(x_k) = p_{k+1}^{(d)}(x_k)$. La fonction d'ajustement p peut alors être définie comme suit :

$$p(x) = \begin{cases} p_k(x), & \text{if } x_k \leq x < x_{k+1} \\ p_0(x), & \text{if } x < x_1 \\ p_n(x), & \text{if } x_n \leq x \end{cases} \quad (2.1)$$

De cette façon, la fonction résultante p peut toujours être obtenue de façon simple, la fonction peut être dérivée d fois (ce qui signifie qu'elle est lisse), et elle n'obtient pas ces valeurs extrêmement élevées et irréalistes, que l'on obtient à partir d'un polynôme de degré très élevé (nous limitons simplement le degré par d et d est généralement inférieur à 3).

2.1.1 B-splines [1]

Il existe également d'autres méthodes pour trouver une représentation de la spline polynomiale par morceaux. On peut également utiliser différentes fonctions et une méthode différente pour attacher différents polynômes de degré d l'un après l'autre. Le choix d'une autre méthode peut faciliter plusieurs applications mathématiques, et aussi parce qu'en procédant d'une autre manière, on évite la distinction des cas difficiles comme dans l'équation 2.1. De plus, plus tard, lorsque nous mettrons en œuvre notre test, la représentation b-spline de la spline sera très utile. Lors de l'interpolation B-spline, les fonctions utilisées portent le nom assez surprenant de

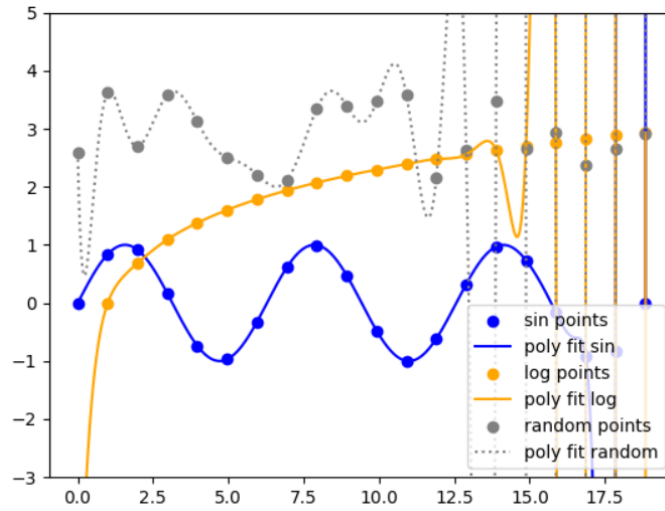


FIGURE 2.1 – Trois exemples d'ajustement polynomial avec 20 points de données. Comme on peut le voir, les fonctions ajustées commencent à mal se comporter, en particulier pour les valeurs élevées de x .

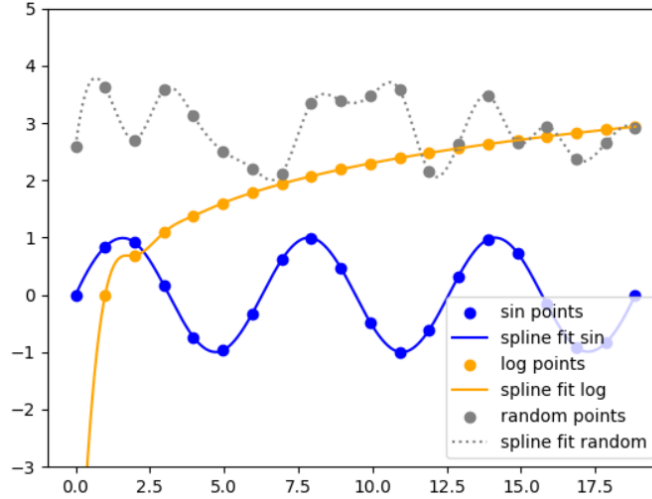


FIGURE 2.2 – Trois exemples d'ajustement par spline avec 20 points de données et $d = 3$. Comme on peut le voir, dans ces exemples, les splines se comportent moins mal que les ajustements polynomiaux.

"fonctions B-Spline". Les fonctions B-Spline de degré d , appelées $\beta^{(d)}$, sont définies comme suit :

$$\beta_{a,b}^{(0)}(x) = \begin{cases} 1, & \text{if } a < x < b \\ \frac{1}{2}, & \text{if } x = a \text{ or } x = b \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2.2)$$

$$\beta_{a,b}^{(d+1)} := (\beta_{a,b}^{(d)} * \beta_{a,b}^{(0)})(x) = \int_{-\infty}^{\infty} \beta_{a,b}^{(d)}(\tau) \beta_{a,b}^{(0)}(x - \tau) d\tau \text{ for } d \geq 0,$$

La figure 2.3 montre différents exemples de $\beta_{-\frac{1}{2}, \frac{1}{2}}^{(d)}$.

Même si cela n'est pas visible à première vue en regardant l'équation 2.2, on peut prouver que $\beta_{a,b}^{(d)}$ est une fonction polynomiale par morceaux de degré d . Une autre chose importante est que toute spline p de degré d sur les noeuds $\{x_1, \dots, x_n\}$ peut être exprimée par une combinaison linéaire de B-Splines de degré d :

$$p(x) = \sum_{i=1}^{n-1} c_i \beta_{x_i, x_{i+1}}^{(d)}(x) \quad (2.3)$$

Il existe plusieurs méthodes pour déterminer les facteurs c_i , que nous n'aborderons pas ici. Il est important de noter qu'une fois les facteurs c_i déterminés, la représentation B-Spline de la fonction spline est complète.

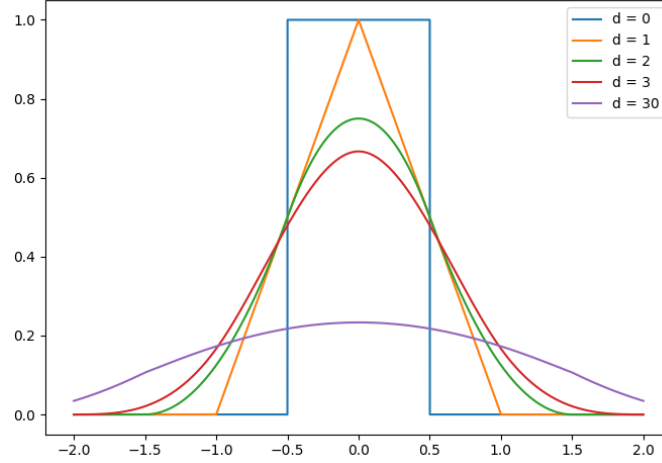


FIGURE 2.3 – Les fonctions B-Spline normalisées de différents degrés d .

2.2 Estimation de densité par splines :

L'estimation de densité par splines est une méthode utilisée pour approximer la densité d'une distribution à partir d'un ensemble de données. Elle repose sur l'utilisation de fonctions splines, qui sont des fonctions polynomiales définies sur des intervalles locaux. Alors pour procéder à cette estimation : Au premier lieu, nous allons collecter deux échantillon de données représentatif et qui suivent une certaine distribution qu'on souhaite estimer. On suppose :

$$(X_1, \dots, X_n) \sim \text{Beta}(2, 3)$$

$$(Y_1, \dots, Y_m) \sim \text{Beta}(1, 1)$$

Au deuxième lieu, nous allons sélectionner un ensemble de noeuds qu'on a choisit. C'est à dire des points où les fonctions splines seront définies.

Alors pour le choix des noeuds nous avons pris $k=5$ et $d=3$ pour le degré de la base b-splines (Proposer par Monsieur Ducharme), avec les noeuds internes positionnées de $1/6, 2/6, \dots, 5/6$. Voici le vecteur des fonctions splines qu'on a $N'(x) = (N_1(x), \dots, N_9(x))$.

On va donc essayer d'estimer $h(x) = \frac{f(x)}{g(x)}$ avec $f(x) = \text{Beta}(2, 3)$ et $g(x) = \text{Beta}(1, 1)$.

Pour estimer $f(x)$ on a $\hat{f}_n(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K(x, X_i)$ avec $K(x, X_i) = N'(x) M^{-1} N(X_i)$. Ainsi que l'estimateur de $h(x)$ est :

$$\hat{h}(x) = N'(x) \hat{M}^{-1}(Y) \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n N(X_i) \quad (2.4)$$

où la base du b-splines $N'(x)$ s'écrit sous la forme :

$$N'(x) = (N_1(x), \dots, N_{k+d+1}(x))$$

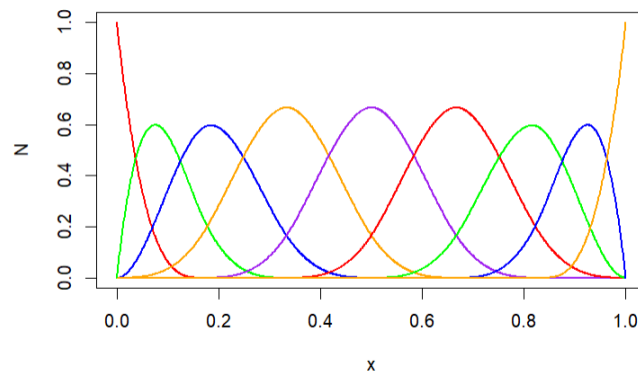


FIGURE 2.4 – Graphique des noeuds intérieurs positionnées avec choix de $d=3$ et $k=5$

Où $\hat{M}_Y = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [N(Y_i)N'(Y_i)]$ estime $M_Y = \int N(y)N'(y)g(y)dy$.

Certes, pour estimer nos densités nous allons représenter graphiquement l'estimation de la densité obtenue à l'aide des splines, où on compare \hat{h} estimé avec les vraies densités. On met ci-dessous le code qu'on a programmé pour tracer les graphiques.

1. Préparation des données de X et Y avec leurs base b-splines avec le choix de $d=3$ et $k=5$:
2. Pour la taille de l'échantillon on prend $n=m=500$.
3. On utilise la fonction "bs" pour générer une base de b-splines

```
n = 500
num_x = 1000
d=3
k=5
alpha_x = 2
beta_x = 3
alpha_y = 1
beta_y = 1
fbeta_X <- function(x) dbeta(x, alpha_x, beta_x)
fbeta_Y <- function(x) dbeta(x, alpha_y, beta_y)
X <- sort(rbeta(n, alpha_x, beta_x))
Y <- sort(rbeta(n, alpha_y, beta_y))
x <- seq(from=0, to=1, length.out=num_x)
num_splines = k+d+1
N = bs(x, df = num_splines, degree = d, intercept = TRUE)
N_X <- bs(X, df = num_splines, degree = d, intercept = TRUE)
N_Y <- bs(Y, df = num_splines, degree = d, intercept = TRUE)
```


4. Matrice \hat{M}_y :

```
M_y = matrix(0,nrow = num_splines, ncol = num_splines)
for (i in (1:n)){
  M_y = M_y + N_Y[i,] %*% t(N_Y[i,])
}
M_y = M_y / n
```

5. Estimation de \hat{h} :

```
N_x_avg = matrix(0, nrow = 1, ncol = num_splines)
for (i in (1:n)){
  N_x_avg = N_x_avg + N_X[i,]
}
N_x_avg = N_x_avg / n

h_chap = matrix(0, nrow = num_x, ncol=2)
for (i in (1:num_x)) {
  h_chap[i,1] = x[i]
  h_chap[i,2] = N[i,] %*% inv(M_y) %*% t(N_x_avg)
}
```

6. Visualisation et évaluation :

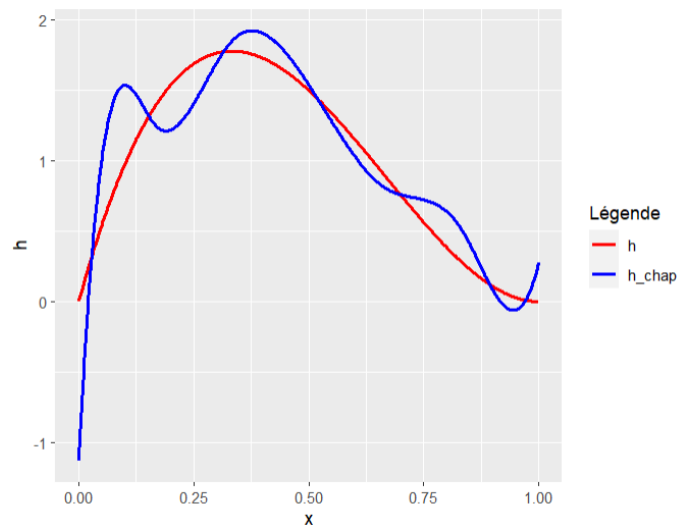


FIGURE 2.5 – Estimation de $h(x)$ pour les densités $f = \text{Beta}(2,3)$, $g = \text{Beta}(1,1)$ et pour les choix de $k=5$, $d=3$

On remarque que l'estimation observée n'est pas parfaite , donc on peut soit choisir d'autres données ou changer le nombres des noeuds et le degré de la base b-splines.

De ce fait, on refait l'estimation avec le même jeu de données mais on change le nombre des noeuds internes à $k = 1$ et le degré de la base b-spline à $d = 2$.

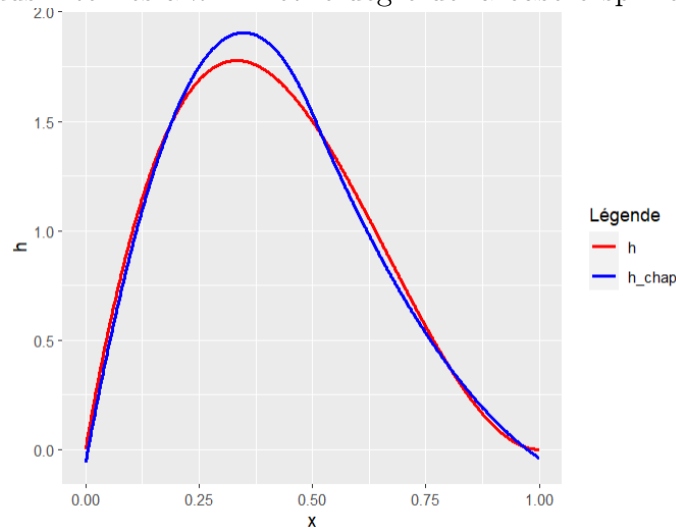


FIGURE 2.6 – Estimation des densités pour $d = 2$ et $k = 1$

7. Calcul de l'écart entre h et son estimation :

On a calculé l'erreur moyenne quadratique entre les h et \hat{h}

```
mean((h(x) - h_chap[,2])^2)
```

```
[1] 0.04605714
```

On remarque qu'on a obtenue une bonne estimation parce qu'elle est proche de la vraie densité.

2.3 Construction du nouveau test : *Test Ducharme*

Après avoir estimé les densités à l'aide des fonctions "splines" pour notre test, nous souhaitons évaluer si les échantillons proviennent de la même distribution ou s'il existe une différence significative entre eux. Pour cela on va procéder au calcul de la statistique de notre test.

Soit X_1, \dots, X_n un échantillon de la fonction densité f et Y_1, \dots, Y_n un échantillon de la fonction densité g . Tout d'abord et à l'aide de notre test on veut tester les hypothèses suivantes :

$$H_0 : f = g$$

contre

$$H_1 : f \neq g$$

Ceci revient donc à tester :

$$H_0 : h = 1$$

contre

$$H_1 : h \neq 1$$

puisque $h(x) = \frac{f(x)}{g(x)}$

En effet, le but de notre test est de vérifier pour l'hypothèse nulle si les deux échantillons suivent la même distribution.

La statistique de notre test s'écrit sous la forme :

$$D = n \int (\hat{h}(x) - 1)^2 dx$$

ou encore :

$$D = n \mathbf{1}' [\hat{M}_x - \hat{M}_y] \hat{M}_y^{-1} M \hat{M}_y^{-1} [\hat{M}_x - \hat{M}_y] \mathbf{1} \quad (2.5)$$

On va calculer la statistique des deux échantillons X et Y qui suivent respectivement la même loi $Beta(1, 1)$.

2.3.0.1 Programmation de la statistique

- Définir des fonctions d'aide

```
# returns a vector equidistal distributed numbers from 0 to 1
# corresponds to x in script
equidist_points<-function(n){seq(from=0, to=1, length.out=n)}

num_splines<-function(d,k){d+k+1}

# calculates the base spline functions given the random data X
# given the parameters d and k
B_Splines<-function(X,d,k){
  N_X <- bs(X, df = num_splines(d,k), degree = d,
    intercept = TRUE)
  N_X
}
```

- Définir la fonction pour calculer \hat{M}_X, \hat{M}_Y et M

```
# calculates M hat as described in the script, for given
# samples X and parameters d and k
M_hat<-function(X,d,k,n, alt = F){
  b_spls = B_Splines(X,d,k)
  M_x = matrix(0,nrow = num_splines(d,k), ncol = num_splines(d,k))
  if (!alt){n = length(X)}
```

```
for (i in (1:n)){  
  M_x = M_x + b_spls[i,] %*% t(b_spls[i,])  
}  
M_x<-M_x/n  
M_x  
}
```

- Définir de la fonction pour calculer la statistique D

```
# Calculates the test statistic D for the two sample  
# vectors X and Y. num_e refers to the number of  
# equidistant points in vector x  
D <- function(X,Y,num_e=10000,d=1,k=2, M_x= NULL, alt=F) {  
  
  n = length(X)  
  
  # vector containing ones  
  vec.1 <- matrix(1,num_splines(d,k))  
  
  # approximations of the M matrix, if not provided  
  if (is.null(M_x)){  
    x <- equidist_points(num_e)  
    M_x <- M_hat(x,d,k,n, alt=alt)  
  }  
  
  # estimation of M head matrices  
  Mh_X<-M_hat(X,d,k,n)  
  Mh_Y<-M_hat(Y,d,k,n)  
  
  # calculation of the statistic  
  X.m.Y <- Mh_X-Mh_Y  
  inv.Y <- inv(Mh_Y)  
  D<-n*t(vec.1)%*%X.m.Y%*%inv.Y%*%M_x%*%inv.Y%*%X.m.Y%*%vec.1  
  D  
}
```

En général, la statistique du test varie car les données sont distribuées de manière aléatoire.

Chapitre 3

Validation de notre test :

La troisième partie de notre projet consiste à valider le test statistique que nous avons développé et à évaluer les densités que nous avons estimées par les fonctions *splines*. On cherche donc à démontrer l'efficacité de notre test en détectant de manière fiable les différences significatives entre les densités f et g , tout en minimisant les erreurs de rejet incorrect lorsque les densités sont similaires.

En effet, pour valider notre test, nous mettrons en place une méthodologie rigoureuse comprenant des données de test spécifiques, des comparaisons avec d'autres tests tels que le test de *Kolmogorov* qui a presque la même approche et le test de *Wilcoxon* (généralement toujours puissant). Nous évaluerons sa capacité à rejeter l'hypothèse nulle lorsque les distributions diffèrent réellement en calculant sa puissance et en la comparant avec les autres tests existants.

3.1 Obtention des seuils critiques :

Afin de déterminer quand est-ce que nous rejeterons l'hypothèse H_0 et à quel niveau de signification α , nous devons diviser l'espace des valeurs que notre statistique de test D peut prendre en une région critique R et une région de non rejet $\bar{R} = \mathbb{R} \setminus R$. Dans le cas où $D \in R$, nous rejetons H_0 , R doit donc remplir cette propriété : $\mathbb{P}_{H_0}[D \in R] = \alpha$.

Puisque, si X et Y sont distribués différemment, D a tendance d'être plus grande et que si X et Y sont équitablement distribués, D a tendance à être plus petit, nous pouvons définir R_α pour ce test de la manière suivante :

$$R := [q_\alpha, \infty[, \text{ où } q_\alpha \text{ est définie par l'équation suivante } \mathbb{P}_{H_0}[D \geq q_\alpha] = \alpha$$

Trivialement, q_α est la quantile de $(1 - \alpha)$ de D sous la condition de H_0 . Comme le terme $\mathbb{P}_{H_0}[D \geq q_\alpha]$ est difficile à calculer analytiquement, nous estimerons q_α en effectuant de nombreuses simulations. Nous calculerons simplement un nombre suffisant d'échantillons de D sous la condition H_0 , puis nous utiliserons la fonction *R quantile* afin de calculer le 95ème quantile empirique.

3.2. COMPARAISON DE LA PUISSANCE AVEC CELLE DES TESTS CLASSIQUES :

Afin d'atteindre la condition H_0 (X et Y sont tirés de la même distribution), nous tirerons X et Y de la distribution uniforme.

C'est ce qui a été fait avec ce code :

- Définir la fonction pour approximer des quantiles de D

```
# creates M random samples of of D of size n, in the case,
#where H_0 is true
D_dist_H0 <-function(M,n, num_e = 10000, debug=F, d=1,k=2){
  x <- equidist_points(num_e)
  M_x <- M_hat(x,d,k,n)
  Dobs <- to_vec(for (i in (1:M)) D(rbeta(n,1,1),
                                   rbeta(n,1,1), num_e=NULL, M_x=M_x,d=d,k=k))
  Dobs
}
# calculates the q'th quantile under H_0 condition of the
#statistic D
D.quantile <- function(M,n, q=.95, num_e = 10000,d=1,k=2){
  quantile(D_dist_H0(M,n,num_e =num_e,d=d,k=k), q)
}
```

- Exemple d'utilisation de cette fonction :

```
M = 1000
n = 50
q.10000 = D.quantile(M,n,q=0.95,num_e = 10000, d=1, k=1)
print(paste("seuil critique pour d=1, k=2: ", q.10000))
# -> seuil critique pour d=1, k=2: 9.79386679219783
```

3.2 Comparaison de la puissance avec celle des tests classiques :

Dans cette sous-partie on veut comparer notre test avec d'autres tests , plus précisément *Kolmogorov-Smirnov* afin d'évaluer la fiabilité de notre test.

Par ailleurs, afin d'effectuer cette comparaison nous procéderons à une analyse de puissance pour chaque test sous un niveau $\alpha = 5\%$, avec les deux échantillons $X \sim \text{Beta}(2,2)$ et $Y \sim \text{Beta}(1,1)$ et avec une taille d'échantillons $n = m = 50$.

En effet, la puissance d'un test est définie comme la probabilité de rejeter correctement l'hypothèse nulle lorsqu'elle est fausse.

Généralement la puissance se calcule sous la forme : $1 - \beta$ où β désigne le risque de deuxième espèce qui est le risque de ne pas rejeter H_0 sachant que H_1 est vraie .

$$\beta = P_{H_1}(H_0)$$

— calcul de la puissance : Fonction d'aide générale pour le calcul de la puissance.

3.2. COMPARAISON DE LA PUISSANCE AVEC CELLE DES TESTS CLASSIQUES :

```
puissance <- function(alpha.1, beta.1, test.res.generator,
                      n=50, M=1000){
  # estimates puissance for the test case, where n Y samples
  # are uniformly distributed and n X samples follow a
  # different distribution Beta(alpha.1, beta.1)
  # test.res.generator: a function, which when called
  # runs a test and returns 1 if H0 was rejected and 0 if not
  # M: number of trials in order to calculate puissance

  X.smpl <- function(){rbeta(n, 1, 1)}
  Y.smpl <- function(){rbeta(n, alpha.1, beta.1)}
  puiss <- mean(to_vec(for (i in (1:M))
                    test.res.generator(X.smpl(), Y.smpl())))
  puiss
}
```

- Des fonctions pour calculer les puissances du test *Ducharme* et du test *Kolmogorov-Smirnov*.

```
puissance.ducharme <- function(alpha.1, beta.1, rt=NULL, sig.level = 0.05,
                              n=50 , M=1000, num_e=10000, d=1, k=2){
  # Calculates the puissance of the ducharme test for, when the critical region
  # is above rt (=reject threshold), where  $X \sim \text{beta}(2,2)$  and  $Y \sim \text{beta}(1,1)$ .

  if(is.null(rt)){
    # calculate rt for the given significance of q
    rt = D.quantile(M, n, q=1-sig.level, num_e = 100000)
  }

  x <- equidist_points(num_e)
  M_x <- M_hat(x, d, k, n)

  test.res.generator <- function(X, Y){
    as.numeric(D(X, Y, num_e=num_e, M_x = M_x, d=d, k=k) > rt)
  }

  puiss = puissance(alpha.1, beta.1, test.res.generator, n=n, M=M)
  puiss
}

puissance.ks <- function(alpha.1, beta.1, sig.level=0.05,
                        n=50 , M=1000){
  # Calculates the puissance of the ks test for, when
  # the critical region is above reject.threshold,
```

3.2. COMPARAISON DE LA PUISSANCE AVEC CELLE DES TESTS CLASSIQUES :

```
# where  $X \sim \text{beta}(2,2)$  and  $Y \sim \text{beta}(1,1)$ 

test.res.generator <- function(X,Y){
  as.numeric(ks.test(X, Y, alternative = "two.sided")$p.val
    < sig.level)
}

puiss = puissance(alpha.1, beta.1,
  test.res.generator, n=n, M=M)
puiss
}
```

```
puissance.wilcox <- function(alpha.1, beta.1,
  sig.level=0.05, n=50, M=1000){
  test.res.generator <- function(X,Y){
    as.numeric(wilcox.test(X, Y, alternative = "two.sided")$p.val
      < sig.level)
  }
  puiss = puissance(alpha.1, beta.1, test.res.generator, n=n, M=M)
  puiss
}
```

Il faut bien noté que pour que le test fonctionne est H_0 doit être vraie, la probabilité de rejeter H_0 doit être inférieure ou égale à α .

Utilisons les fonctions de puissance que nous venons de définir, afin de valider nos tests.

```
source("./ducharme_methods.R")
M = 1000
num_e = 10000
n=50

# reject threshold: calculated in previous section of this document
rt = q.10000

# puissance in  $H_0$  case, should be equal to 5%
alpha.D = puissance.ducharme(1,1,rt,M=M, num_e=num_e,n=n, d=d, k=k)
print(paste("alpha of ducharme: ", alpha.D))
# -> alpha of ducharme: 0.053

alpha.K = puissance.ks(1,1,sig.level=0.05, M=M, n=n)
print(paste("alpha of kologorov: ", alpha.K))
# -> "alpha of kologorov: 0.033"
```



```
alpha.W = puissance.wilcox(1,1,sig.level=0.05, M=M, n=n)
print(paste("alpha of wilcox: ", alpha.W))
# -> "alpha of wilcox: 0.049"
```

les tests satisfont la condition que lorsque H_0 est vraie, la probabilité pour rejeter H_0 n'est pas supérieure à α .

Nous pouvons maintenant utiliser ces fonctions pour générer des données et les représenter (voir la figure 3.1) afin d'avoir une première impression de notre test.

Les données de cette visualisation ont été générées par ce code :

```
library(purrr)
M = 1000
alpha = 2
rt=q.10000
betas = seq(from=0.1, to=4, length.out=50)

d.puissances = betas %>% map(function(beta.i)
  puissance.ducharme(alpha,beta.i,rt=rt,M=M,
    num_e=num_e,n=n, d=d, k=k))

ks.puissances = betas %>% map(function(beta.i)
  puissance.ks(alpha,beta.i,M=M, n=n))

suppressWarnings({
  wilcox.puissances = betas %>% map(function(beta.i)
    puissance.wilcox(alpha,beta.i,M=M, n=n))
})
```

Afin d'examiner la puissance dans d'autres scénarios, nous traçons la puissance de notre test *Ducharme* moins la puissance de kolmogorov voir 3.2 et la puissance de ducharme - puissance de wilcoxon voir 3.2. 3.3.

D'après le graphique ci-dessus, on remarque que généralement le test de Kolmogorov a une bonne performance que notre test. Cependant, le test *Ducharme* a une puissance supérieure à celle de (KS) dans certains cas quand les valeurs de α et β sont similaires.

3.2. COMPARAISON DE LA PUISSANCE AVEC CELLE DES TESTS CLASSIQUES :

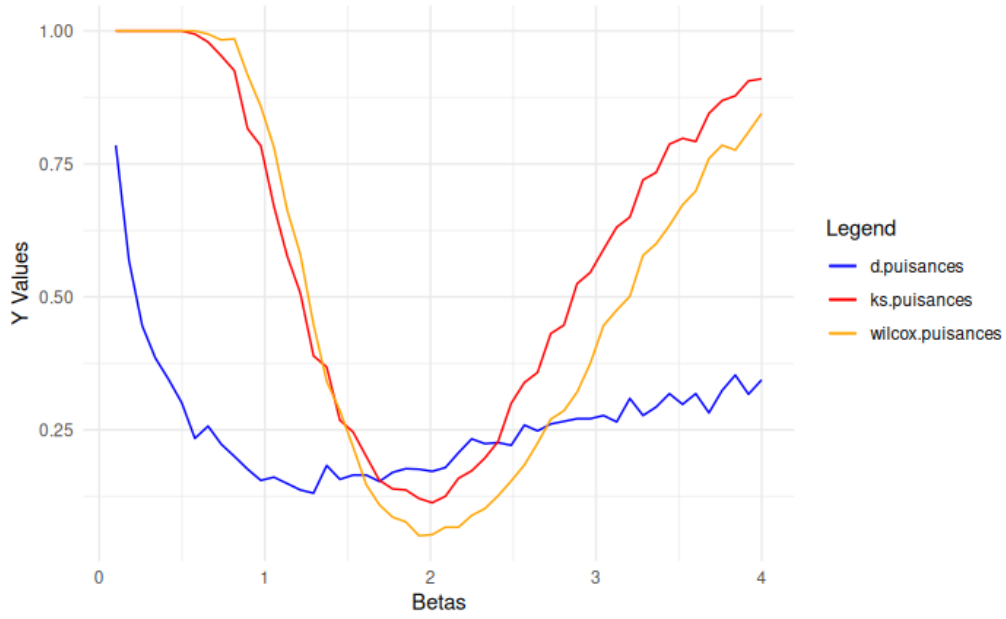


FIGURE 3.1 – L'estimation des puissances des trois tests(ducharme(blue), kolmogorov (red), wilcox (orange)), où $X \sim \text{Beta}(1,1)$ et $Y \sim \text{Beta}(2,\beta)$, où β est la variable indépendante dans le graphique.

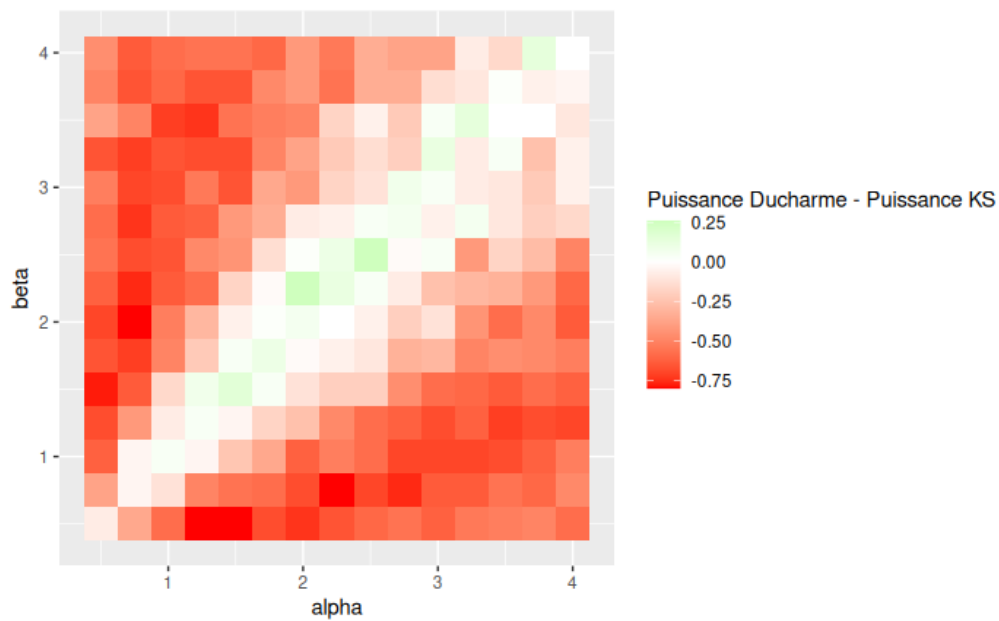


FIGURE 3.2 – Pour chaque α, β dans le graphique ci-dessus on prend $X \sim \text{Beta}(1,1)$ et $Y \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$. Puis on trace pour ce cas la puissance du test Ducharme soustraite de la puissance du test Kolmogorov.

3.2. COMPARAISON DE LA PUISSANCE AVEC CELLE DES TESTS CLASSIQUES :

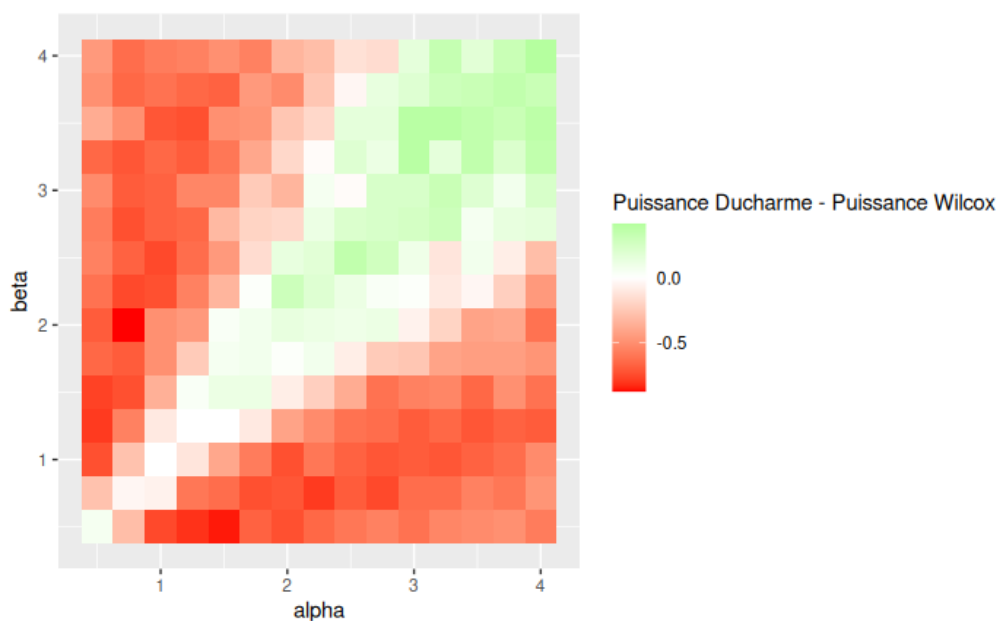


FIGURE 3.3 – Pour chaque α, β dans le graphique ci-dessus on prend $X \sim \text{Beta}(1, 1)$ et $Y \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$. Puis on trace pour ce cas la puissance du test Ducharme soustraite de la puissance du test wilcoxon .

D'après les figures 3.2 et 3.3 la puissance observée de notre test est meilleure que celle du test de *Wilcoxon* quand les valeurs de α et β sont égaux et quand aussi ils ont une tendance d'être élevé.

Le tableau ci-dessous représente les puissances des deux tests comparées à la puissance du test Ducharme pour certaines lois .

α	β	D Puissance	KS Puissance	Wilcox Puissance
0.2	0.2	0.6855	0.8935	0.0680
0.2	1.1	0.2515	1.0000	1.0000
0.2	2.0	0.5500	1.0000	1.0000
1.1	0.2	0.2420	1.0000	1.0000
1.1	1.1	0.0545	0.0525	0.0475
1.1	2.0	0.1500	0.5955	0.7260
2.0	0.2	0.5485	1.0000	1.0000
2.0	1.1	0.1635	0.6345	0.7165
2.0	2.0	0.2050	0.1210	0.0595

3.3 Calibration des hyperparamètres du test pour améliorer sa puissance :

Dans cette section, nous voulons comparer les performances de notre test pour différentes valeurs de k et d . Pour cela, nous choisissons de comparer différentes paires de k et d aux valeurs des deux paramètres qui ont été choisis pour la sous-partie précédente du chapitre : $k = 2, d = 1$.

D'après les figures 3.4, 3.5 on peut constater que le test semble mieux fonctionner pour $k = 1, d = 1$ ou pour $k = 1, d = 2$. Cependant, pour des valeurs plus élevées de d et k , le test paraît être moins performant que notre configuration originale des paramètres.

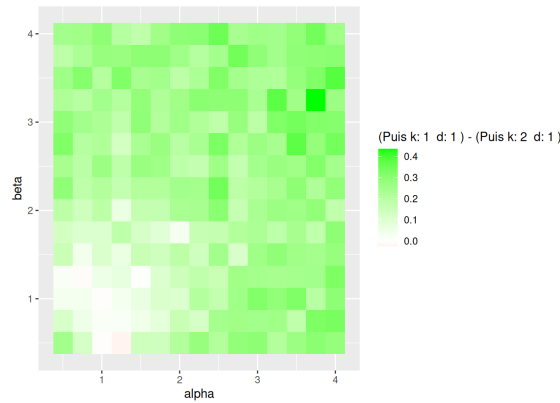


FIGURE 3.4 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 1, d = 1$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.

3.3. CALIBRATION DES HYPERPARAMÈTRES DU TEST POUR AMÉLIORER SA PUISSANCE :

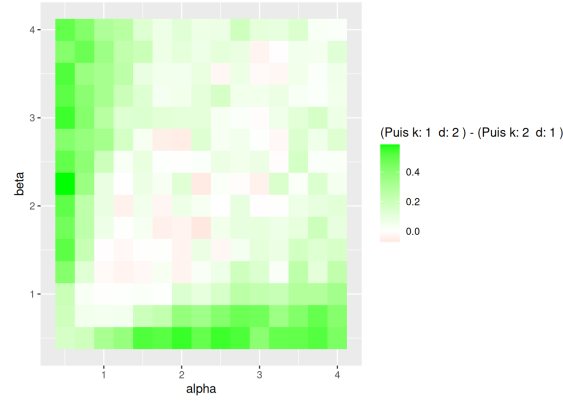


FIGURE 3.5 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k=2, d=1$ de la puissance des paramètres $k=1, d=2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k=2, d=1$ est pire.

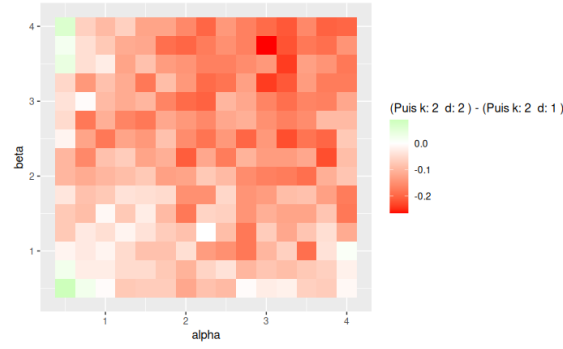


FIGURE 3.6 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k=2, d=1$ de la puissance des paramètres $k=2, d=2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k=2, d=1$ est pire.

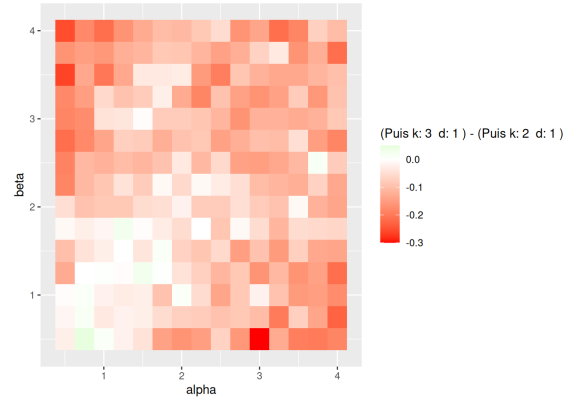


FIGURE 3.7 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k=2, d=1$ de la puissance des paramètres $k=3, d=1$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k=2, d=1$ est pire.

3.3. CALIBRATION DES HYPERPARAMÈTRES DU TEST POUR AMÉLIORER SA PUISSANCE :

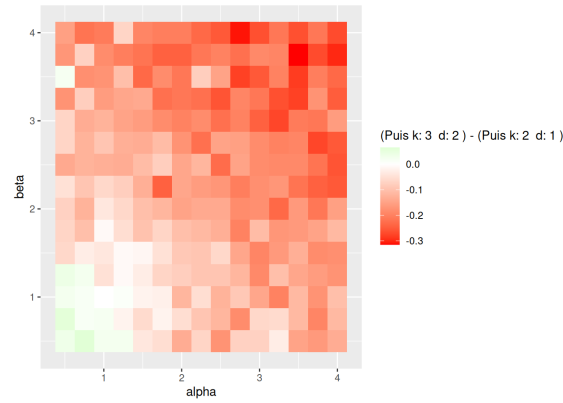


FIGURE 3.8 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 3, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.

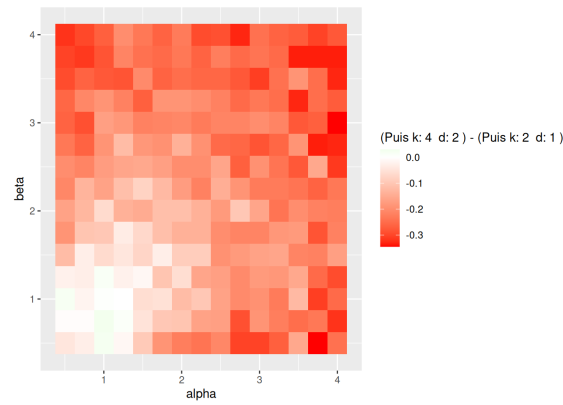


FIGURE 3.9 – Dans ce graphique on soustrait la puissance du cas régulier $k = 2, d = 1$ de la puissance des paramètres $k = 4, d = 2$. Les carrés verts représentent les noeuds et les degrés $k = 2, d = 1$ est pire.

Conclusion générale

Dans notre projet, nous avons développé et construit un nouveau test statistique appelé *Test Ducharme* pour tester l'égalité entre deux densités de deux échantillons. On a estimé ses densités à l'aide des fonctions *Splines*. Ensuite, dans la troisième partie on a procédé à la validation de notre test tout en calculant le seuil critique et en comparant la puissance de notre test avec celle de d'autres tests.

Bref, nous avons observé que la puissance du test *Ducharme* varie selon les lois. Dans certains cas et plus précisément quand α et β ont des valeurs similaires, la puissance de notre test est supérieure à celle du test de Kolmogorov-Smirnov (KS), tandis que dans d'autres cas, elle est inférieure. Il est important de noter que notre test n'est pas uniformément le plus puissant.

Cependant, il est important de souligner que notre analyse n'a pas encore inclus tous les types de lois ou distributions possibles. Il reste encore des tests à effectuer avec d'autres lois, ce qui pourrait contribuer à une évaluation plus complète de la performance de notre test.

En outre, il est recommandé de continuer à explorer et à valider notre test statistique en utilisant des données supplémentaires provenant de diverses sources et contextes. Cela permettrait de renforcer davantage sa robustesse et de généraliser ses résultats. En conclusion, notre projet nous a permis de développer et de valider un nouveau test statistique. La performance de ce test peut varier en fonction des distributions spécifiques étudiées. Notre travail constitue une étape importante dans la construction d'un niveau de test statistique fiable et performant et il ouvre également la voie à de futures recherches.

Bibliographie

- [1] T. Briand and P. Monasse. Theory and Practice of Image B-Spline Interpolation. *Image Processing On Line*, 8 :99–141, 2018. [1](#), [13](#)
- [2] M. I. of Technology. Kolmogorov–smirnov and mann–whitney–wilcoxon tests. [11](#)