

Initiation à la statistique avec R, code et compléments

chapitre 5

Frédéric Bertrand et Myriam Maumy-Bertrand

11 décembre 2018

```
#Chapitre 5
#page 223
library(BioStatR)
attach(Mesures5)
table(graines,espece)

##          espece
## graines bignone glycine blanche glycine violette laurier rose
##    1      0        7        4      0
##    2      0       19       22      0
##    3      0       11       16      0
##    4      0       10        6      0
##    5      0        5        5      0
##    6      0        1        1      0
##    7      0        1        2      0

#page 224
table(graines,espece,useNA="ifany")

##          espece
## graines bignone glycine blanche glycine violette laurier rose
##    1      0        7        4      0
##    2      0       19       22      0
##    3      0       11       16      0
##    4      0       10        6      0
##    5      0        5        5      0
##    6      0        1        1      0
##    7      0        1        2      0
##    <NA>    70        0        0      72

(table.cont<-table(factor(graines),espece,dnn=c("nbr.graines","espece"),
  exclude=c("bignone","laurier rose")))

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##    1            7        4
##    2           19       22
##    3           11       16
##    4           10        6
##    5            5        5
##    6            1        1
##    7            1        2
##    <NA>          0        0

#page 225
(table.cont<-table(factor(graines),espece,dnn=c("nbr.graines","espece"),
  exclude=c("bignone","laurier rose"),useNA="no"))
```

```

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##      1           7           4
##      2          19          22
##      3          11          16
##      4          10           6
##      5           5           5
##      6           1           1
##      7           1           2

#En plus : deuxième manière de faire


```

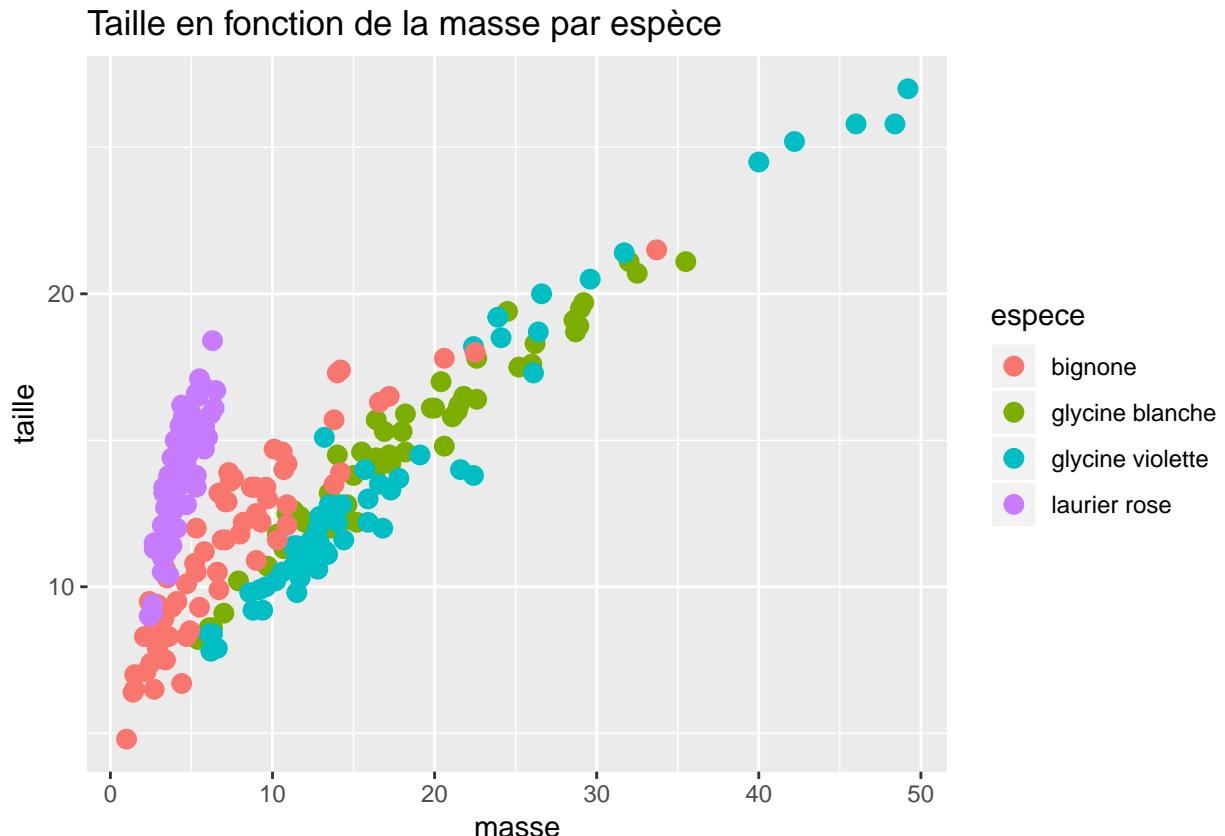
```

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##      1           7           4
##      2          19          22
##      3          11          16
##      4          10           6
##      5           5           5
##      6           1           1
##      7           1           2

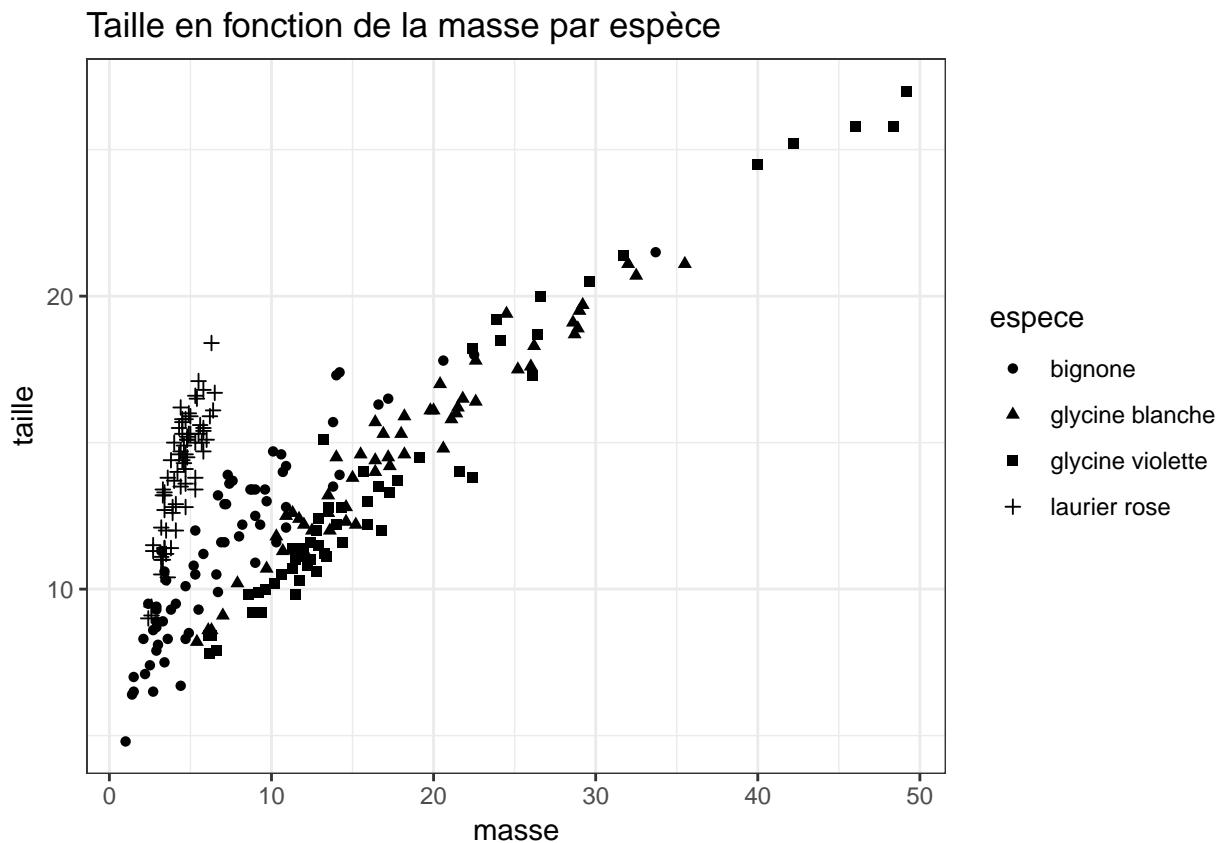
library(ggplot2)
#Couleur
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point(size=3,shape=19)+  

  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")

```



```
#Noir et blanc
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()
```



```
#page 226
#En plus : code figure 51A
pdf("fig51A.pdf")
print(ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw())
dev.off()
```

```
## pdf
## 2
addmargins(table.cont)

##          especie
## nbr.graines glycine blanche glycine violette Sum
##      1             7                 4    11
##      2            19                22   41
##      3            11                16   27
##      4            10                 6   16
##      5              5                 5   10
##      6              1                 1    2
##      7              1                 2    3
##      Sum           54                56 110
```

```
#page 227
print(prop.table(table.cont),digits=3)
```

```

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##      1        0.06364        0.03636
##      2        0.17273        0.20000
##      3        0.10000        0.14545
##      4        0.09091        0.05455
##      5        0.04545        0.04545
##      6        0.00909        0.00909
##      7        0.00909        0.01818

margin.table(table.cont,1)

## nbr.graines
## 1 2 3 4 5 6 7
## 11 41 27 16 10 2 3

#page 228
margin.table(table.cont,2)

## espece
##   glycine blanche glycine violette
##           54            56
margin.table(prop.table(table.cont),1)

## nbr.graines
##      1        2        3        4        5        6
## 0.10000000 0.37272727 0.24545455 0.14545455 0.09090909 0.01818182
##      7
## 0.02727273

margin.table(prop.table(table.cont),2)

## espece
##   glycine blanche glycine violette
##           0.4909091    0.5090909

#page 229
prop.table(table.cont,1)

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##      1        0.6363636        0.3636364
##      2        0.4634146        0.5365854
##      3        0.4074074        0.5925926
##      4        0.6250000        0.3750000
##      5        0.5000000        0.5000000
##      6        0.5000000        0.5000000
##      7        0.3333333        0.6666667

#page 230
prop.table(table.cont,2)

##          espece
## nbr.graines glycine blanche glycine violette
##      1        0.12962963        0.07142857
##      2        0.35185185        0.39285714

```

```

##      3     0.20370370    0.28571429
##      4     0.18518519    0.10714286
##      5     0.09259259    0.08928571
##      6     0.01851852    0.01785714
##      7     0.01851852    0.03571429

#page 233
cov(masse,taille)

## [1] 24.80598
cor(masse,taille)

## [1] 0.7520708

#page 235
require(BioStatR)
eta2(Mesures5$taille,Mesures5$espece)

## [1] 0.1195181

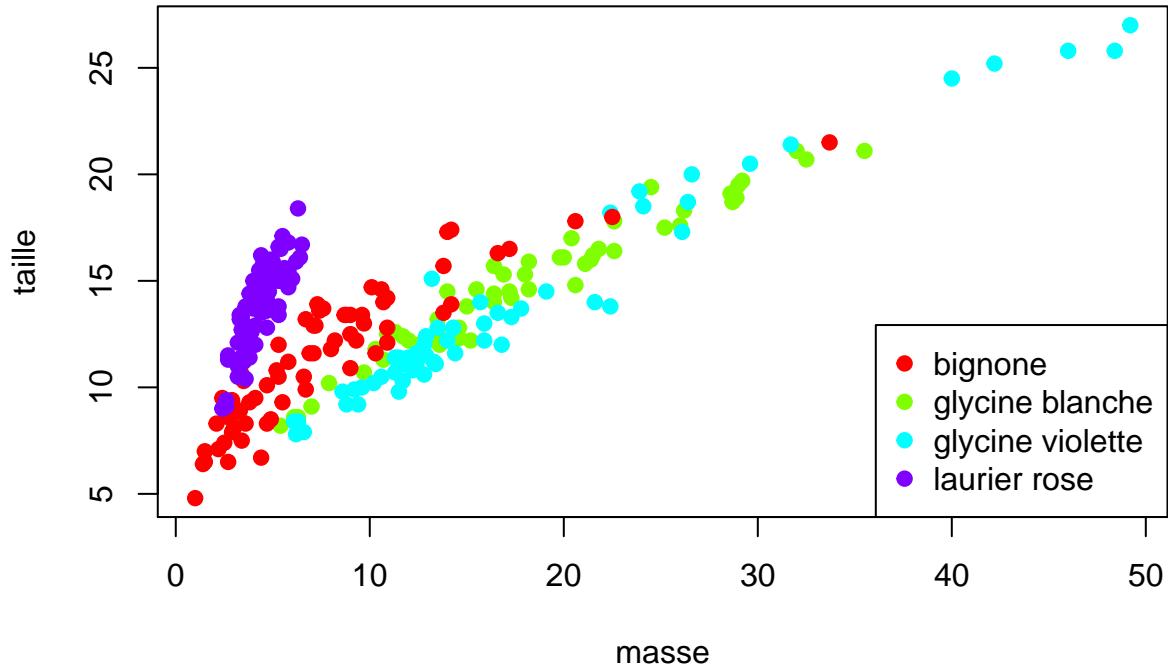
```

```

#page 236
#Couleur
plot(taille~masse,col=rainbow(4)[espece],pch=19,data=Mesures)
legend("bottomright",levels(Mesures$espece),pch=19,col=rainbow(4))
title("Taille en fonction de la masse par espèce")

```

Taille en fonction de la masse par espèce

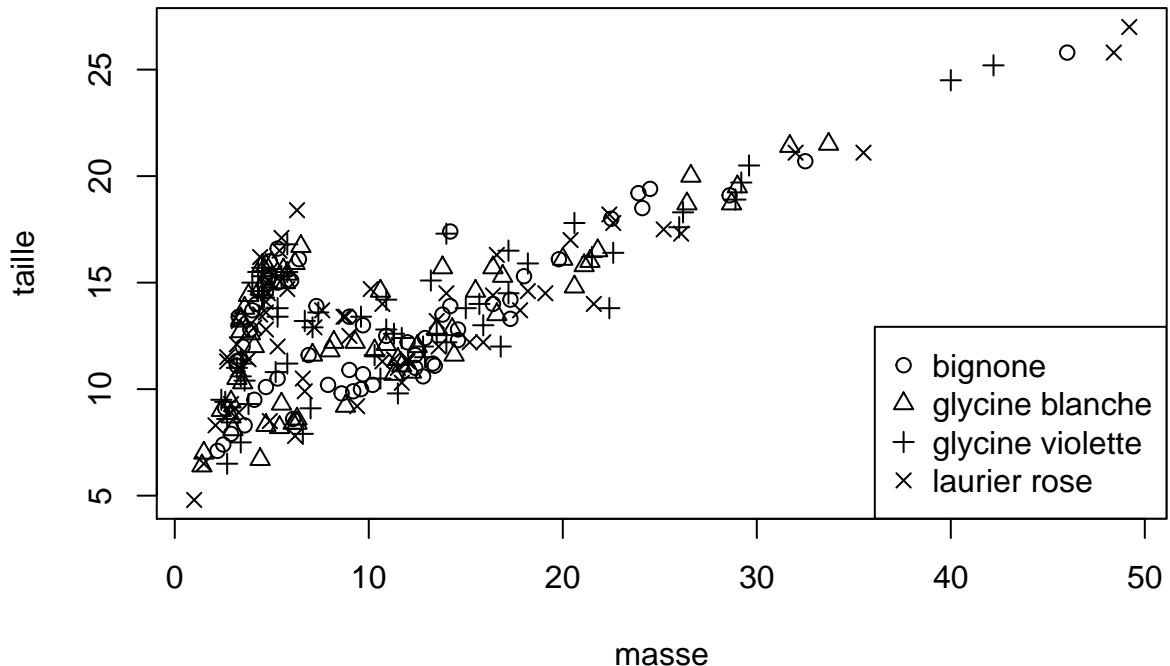


```

#Noir et blanc
plot(taille~masse,pch=1:4,data=Mesures)
legend("bottomright",levels(Mesures$espece),pch=1:4)
title("Taille en fonction de la masse par espèce")

```

Taille en fonction de la masse par espèce



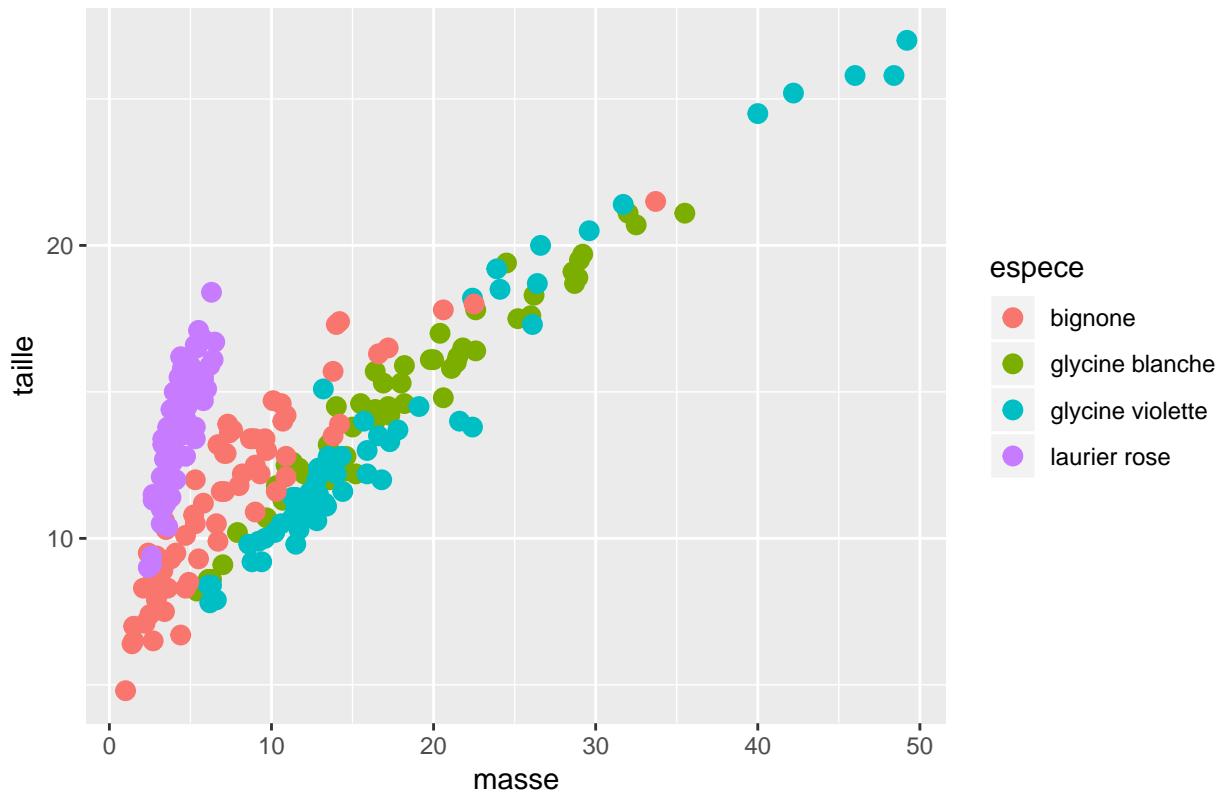
#En plus : code figure 51B

```
pdf("fig51B.pdf")
plot(taille~masse,pch=1:4,data=Mesures)
legend("bottomright",levels(Mesures$espece),pch=1:4)
title("Taille en fonction de la masse par espèce")
dev.off()
```

```
## pdf
## 2
```

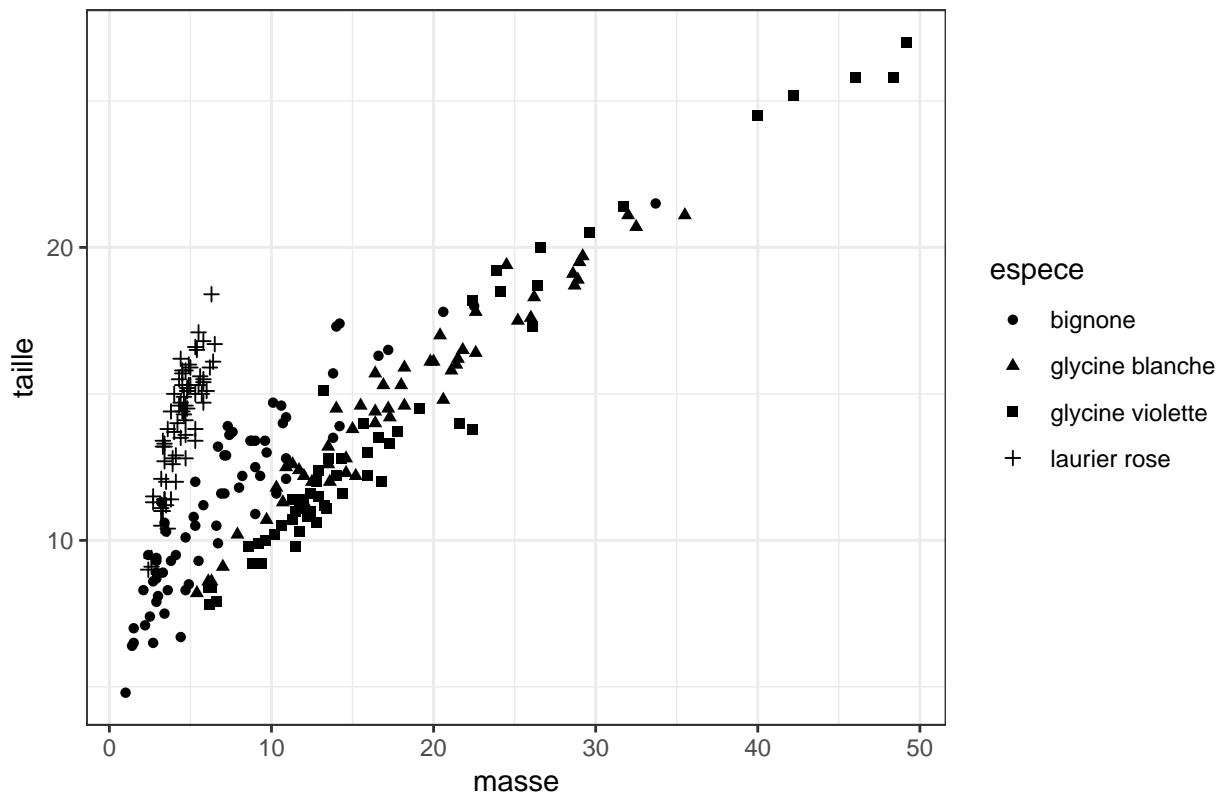
```
#Les mêmes figures avec ggplot2 (code page 225 et 226)
library(ggplot2)
#Couleur
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point(size=3,shape=19)+
```

Taille en fonction de la masse par espèce

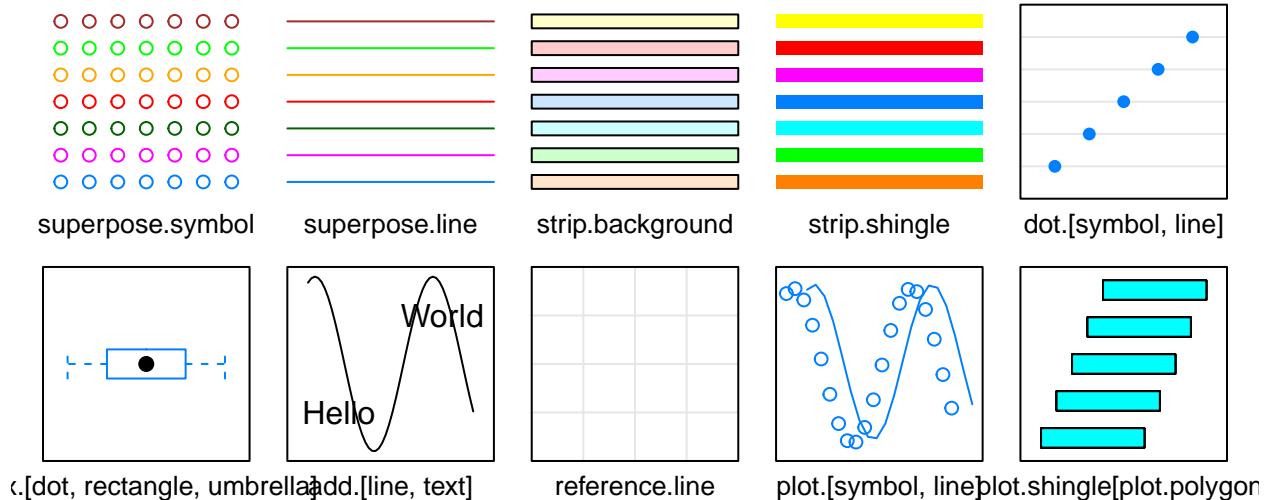


```
#Noir et blanc
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()
```

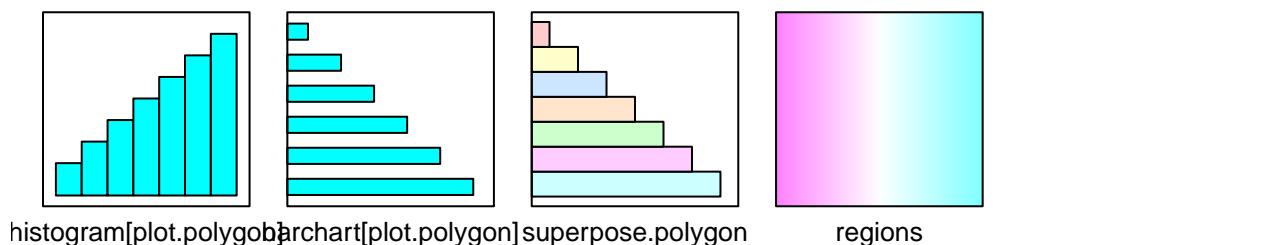
Taille en fonction de la masse par espèce



```
#page 237
library(lattice)
show.settings()
```

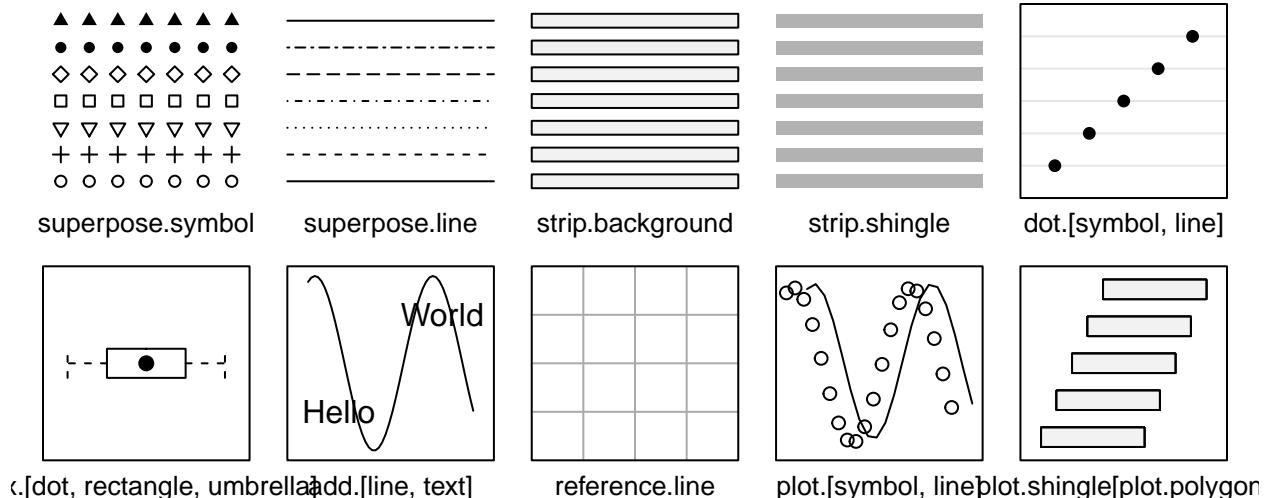


```
).(dot, rectangle, umbrella)add.[line, text] reference.line plot.[symbol, line]plot.shingle[plot.polygon]
```

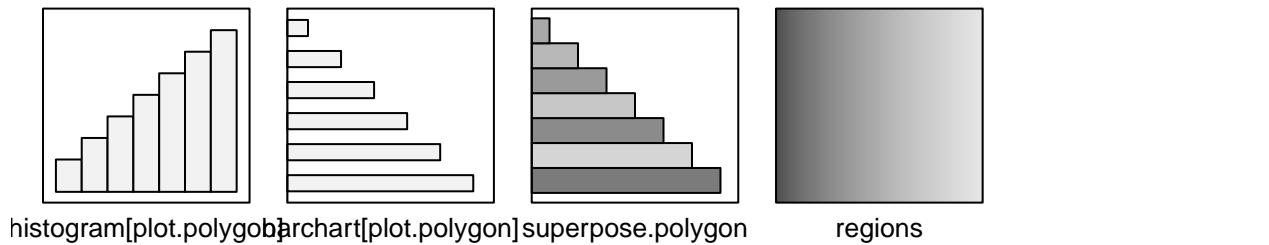


```
histogram[plot.polygon]barchart[plot.polygon]superpose.polygon regions
```

```
show.settings(x=standard.theme(color=FALSE))
```



```
).(dot, rectangle, umbrella)add.[line, text] reference.line plot.[symbol, line]plot.shingle[plot.polygon]
```



```
histogram[plot.polygon]barchart[plot.polygon]superpose.polygon regions
```

```
lattice.options(default.theme=standard.theme(color=FALSE))
```

```
#page 238
```

```

lattice.options(default.theme=NULL)
trellis.device(theme=standard.theme(color=FALSE))
dev.off()

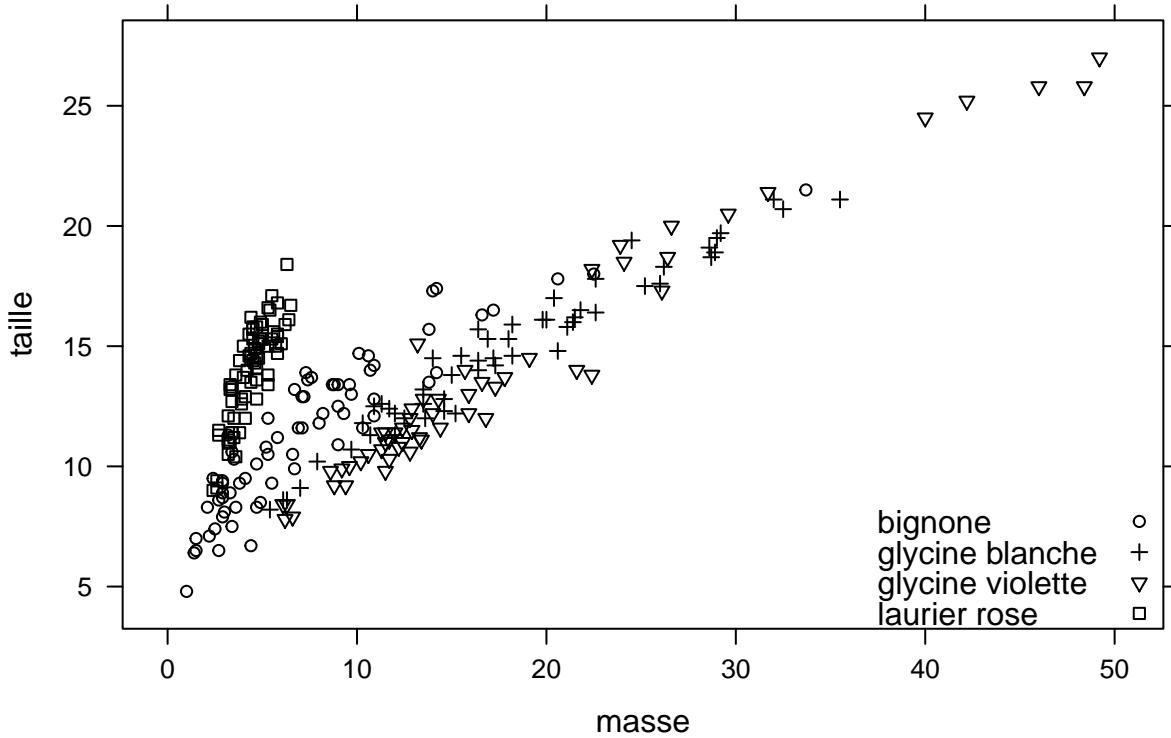
## pdf
## 2
trellis.device(color=FALSE)
dev.off()

## pdf
## 2
#Pour obtenir les graphiques en noir et blanc
trellis.device(theme=standard.theme(color=FALSE),new=FALSE)

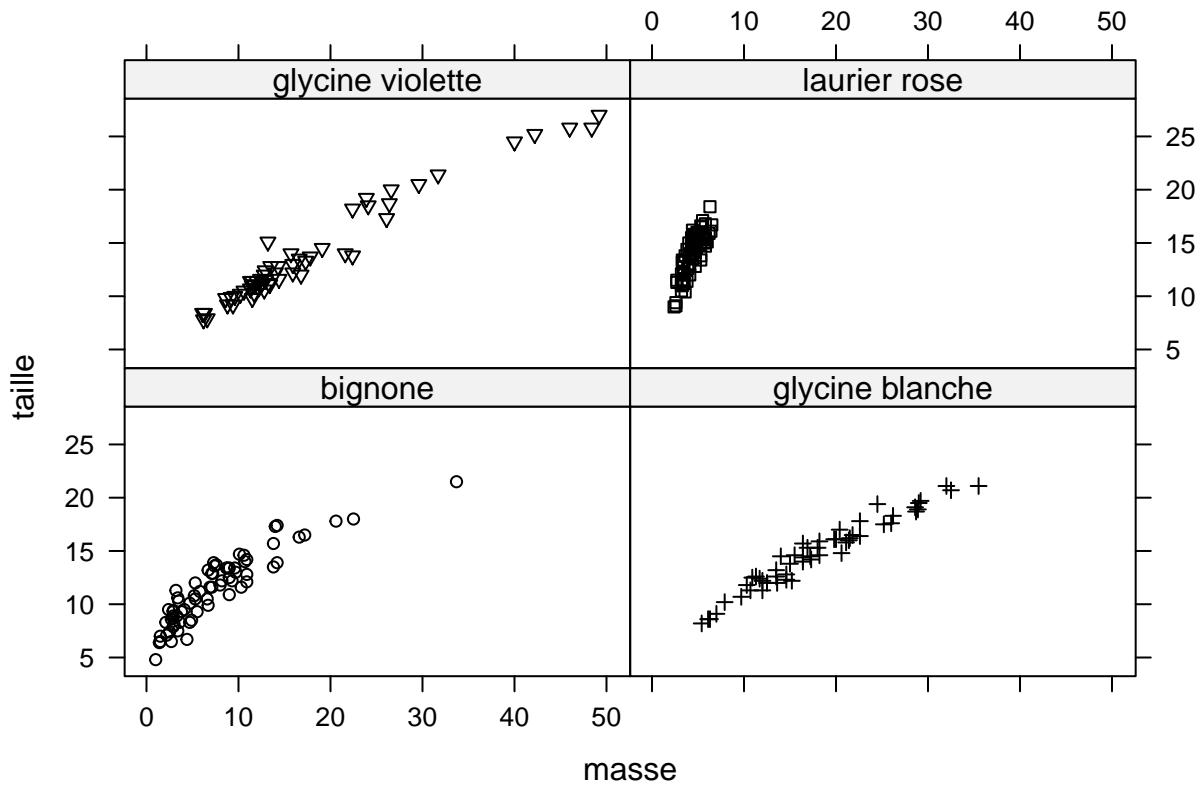
#page 239
xyplot(taille~masse,groups=espece,auto.key = list(corner = c(1, 0)),
       main="Taille en fonction de la masse par espèce",data=Mesures)

```

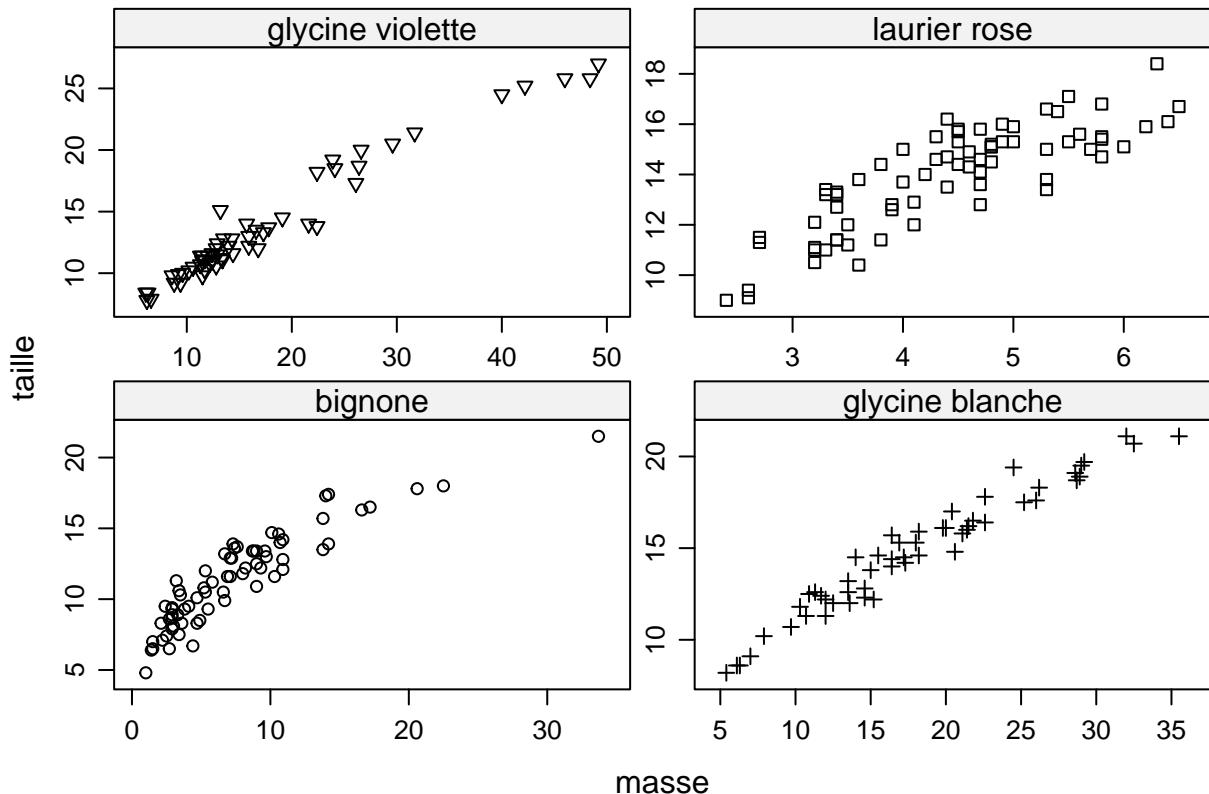
Taille en fonction de la masse par espèce



```
xyplot(taille~masse|espece,groups=espece,data=Mesures)
```



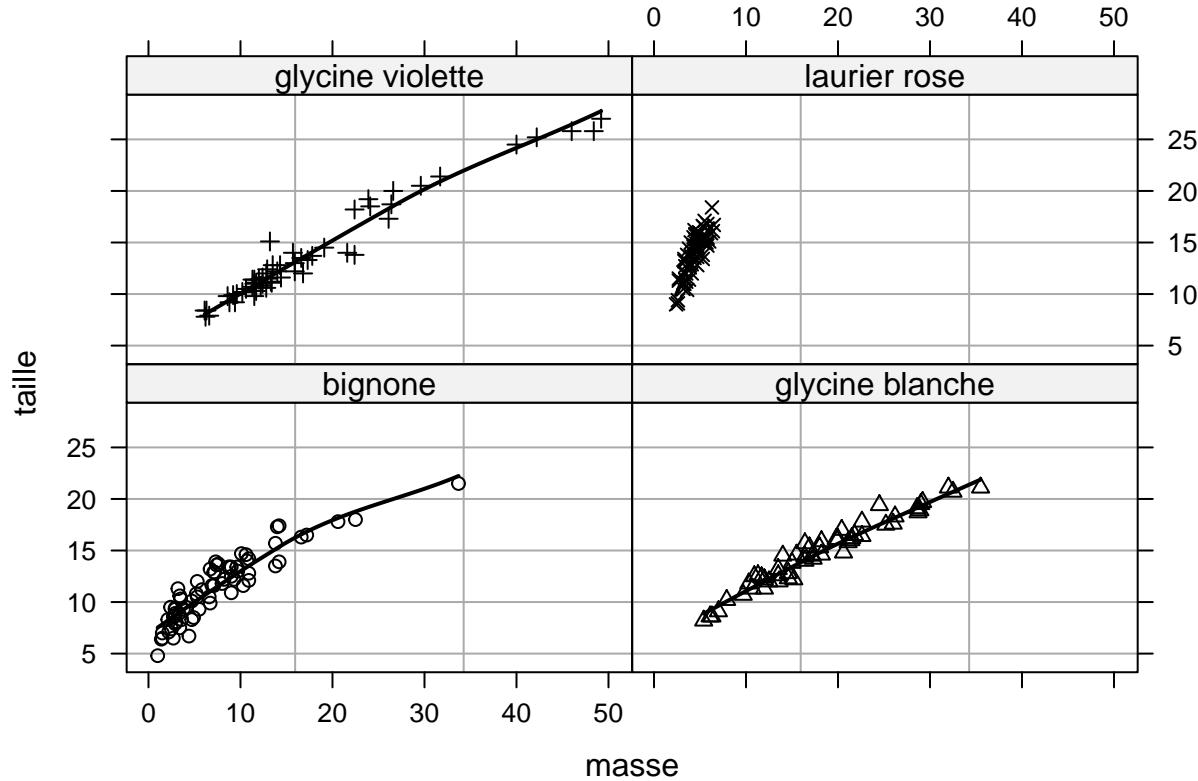
```
xypplot(taille~masse|espece,groups=espece,scales="free",data=Mesures)
```



```
#page 241
xypplot(taille~masse|espece,data=Mesures,groups=espece,
```

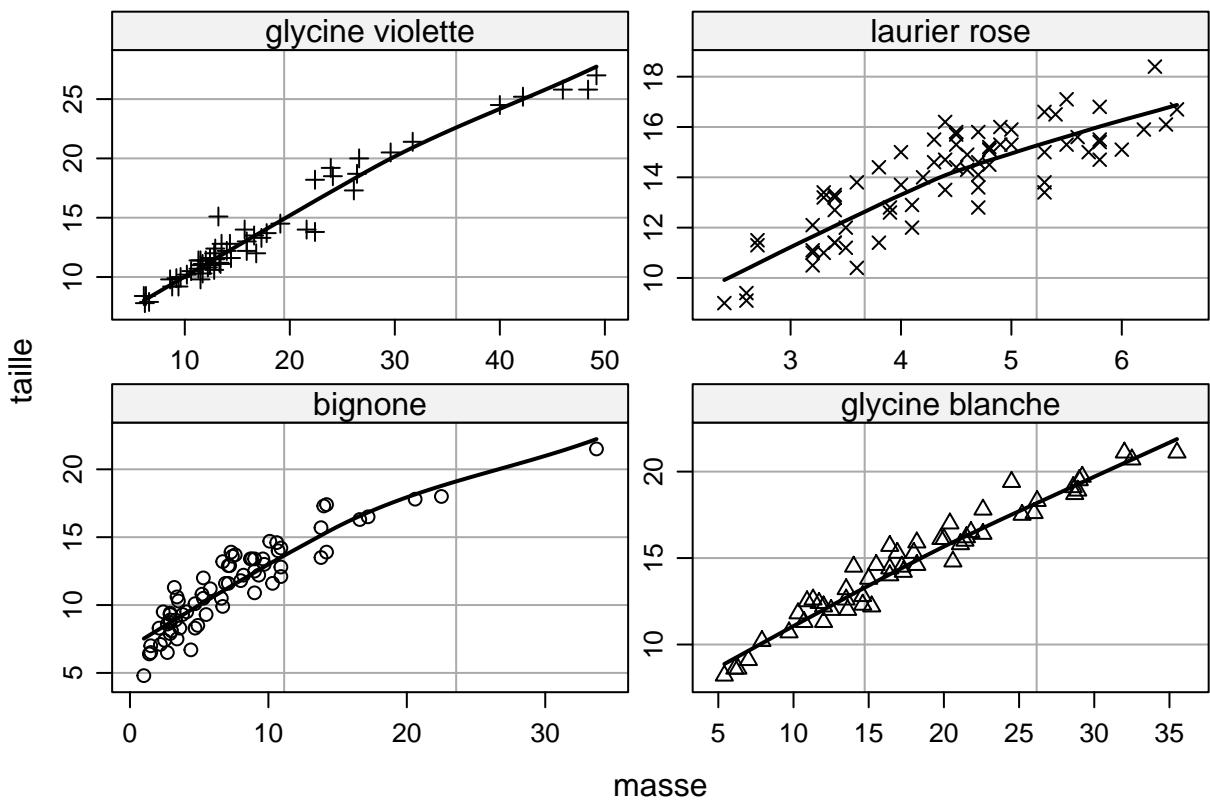
```

prepanel=function(x,y) prepanel.loess(x,y,span=1),
panel=function(x,y,subscripts,groups) {
  panel.grid(h=-1,v=2)
  panel.xyplot(x,y,pch=groups[subscripts])
  panel.loess(x,y,span=1,lwd=2,pch=groups[subscripts]))}
```

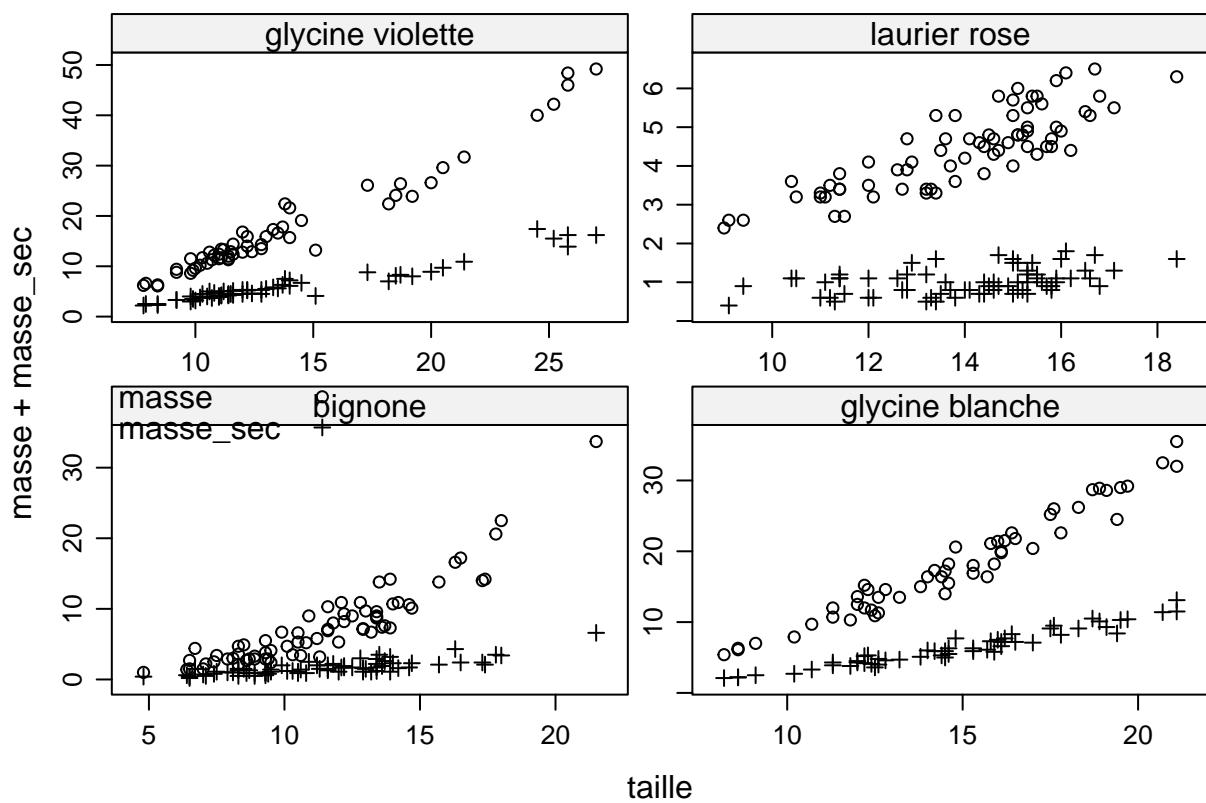


```

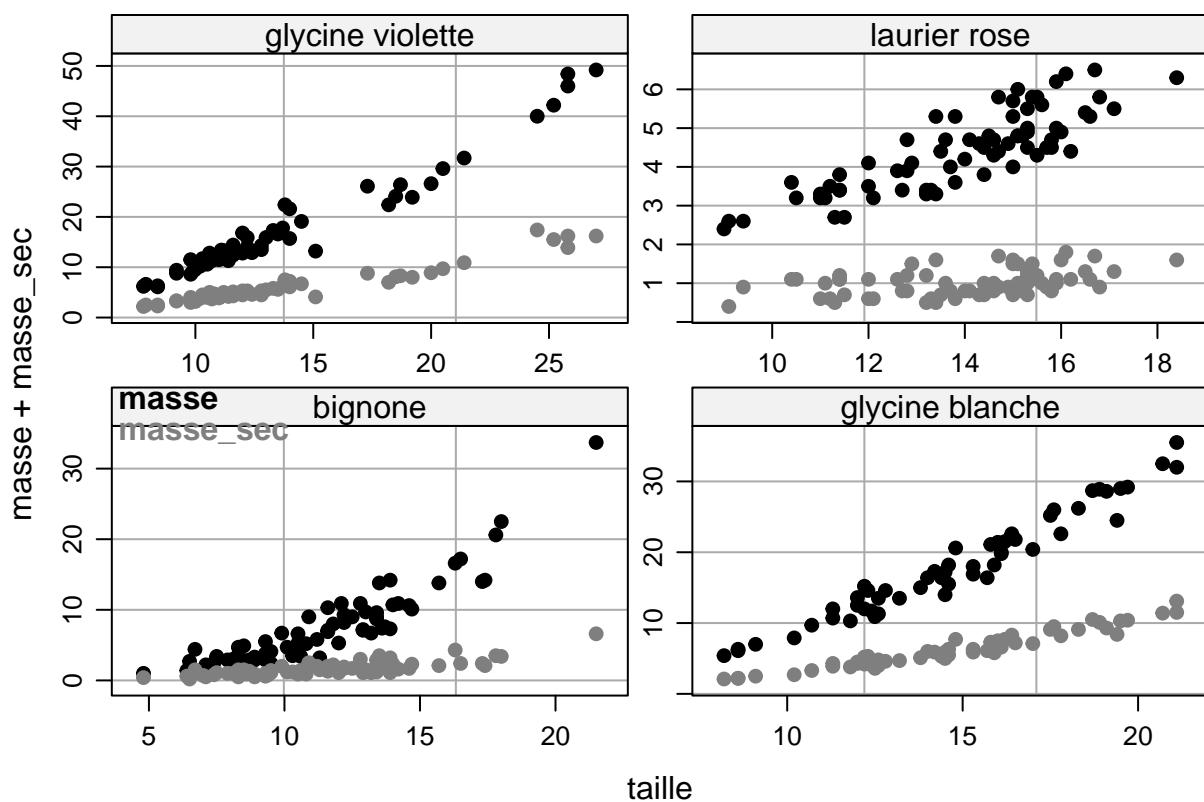
#début page 241 et fin page 242
xyplot(taille~masse|espece,data=Mesures,groups=espece,scales="free",
       prepanel=function(x,y) prepanel.loess(x,y,span=1),
       panel=function(x,y,subscripts,groups) {
         panel.grid(h=-1,v=2)
         panel.xyplot(x,y,pch=groups[subscripts])
         panel.loess(x,y,span=1,lwd=2,pch=groups[subscripts])
       }
)
```



```
#page 242
xyplot(masse+masse_sec~taille|espece,data=Mesures5,scales="free",
       layout=c(2,2),auto.key=list(x=-.01,y=.37,corner=c(0,0)))
```



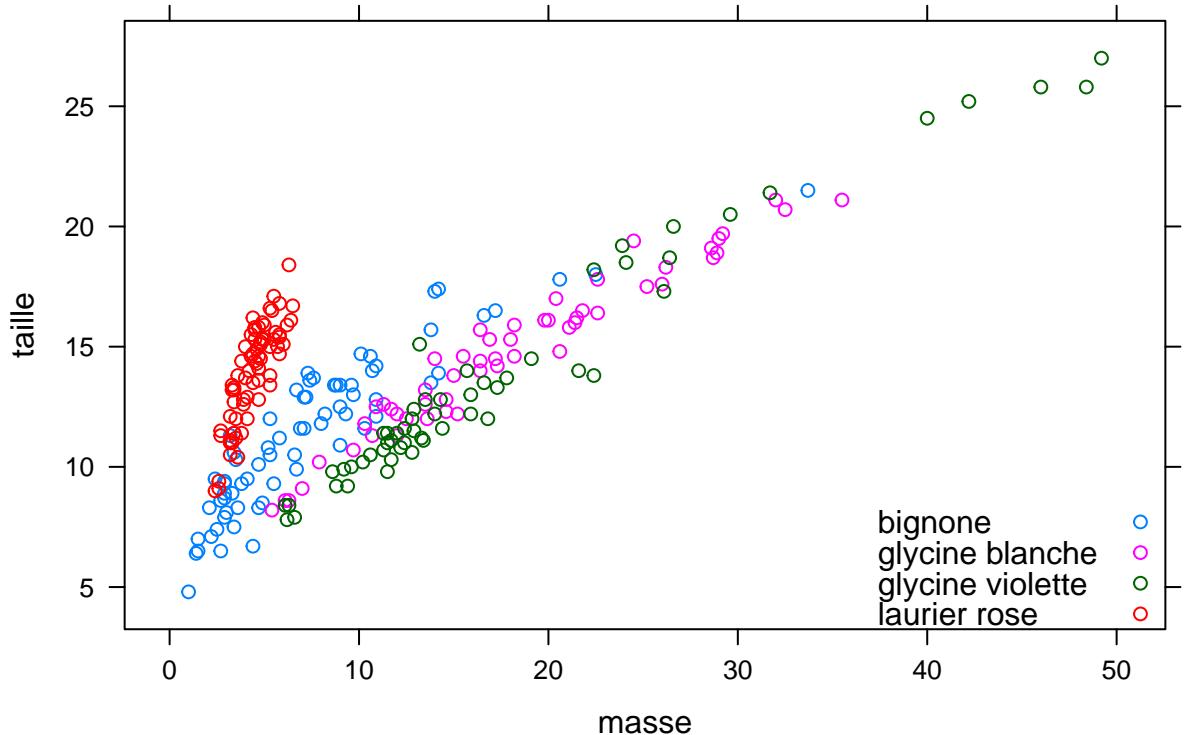
```
#début page 242 et fin page 243
xyplot(masse+masse_sec-taille|espece,data=Mesures5,scales="free",
  layout=c(2,2),auto.key=list(x=-.01,y=.37,points=FALSE,
  col=c("black","grey50"),font=2,corner=c(0,0)),
  panel=function(x,y,subscripts,groups) {
    panel.grid(h=-1,v= 2)
    panel.xyplot(x,y,pch=19,col=c("black","grey50")[groups[subscripts]])
  }
)
```



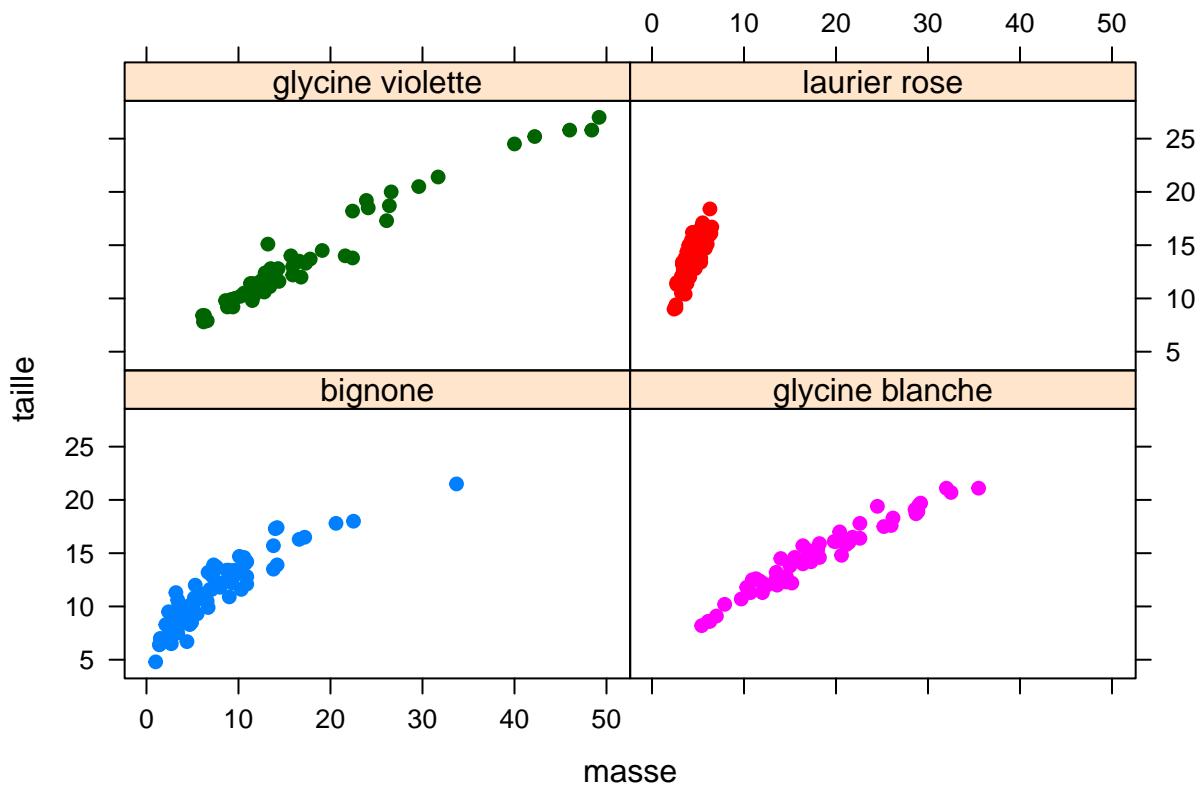
```
#page 243
#construction des graphiques précédents en couleur
trellis.device(theme=NULL,color = TRUE,new=FALSE)

#ceux de la page 239
xyplot(taille-masse,groups=espece,auto.key = list(corner = c(1, 0)),
  main="Taille en fonction de la masse par espèce",data=Mesures)
```

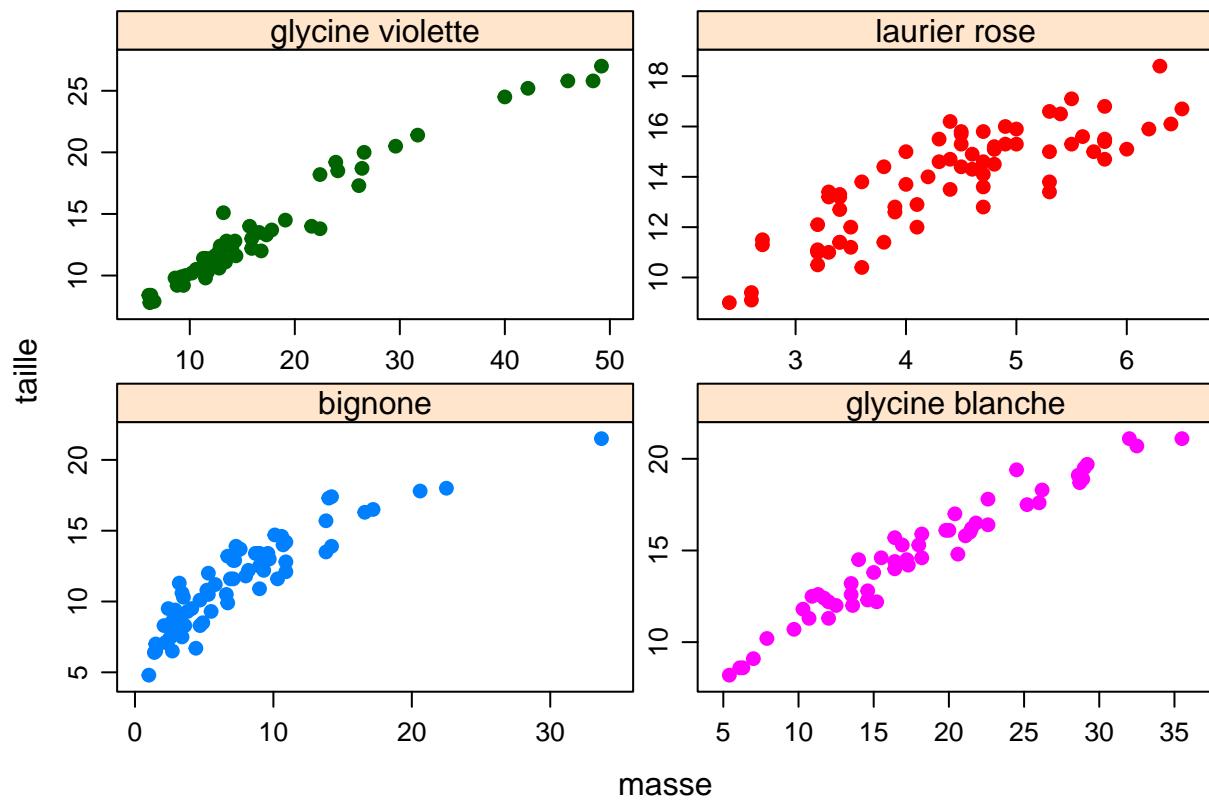
Taille en fonction de la masse par espèce



```
xypplot(taille~masse|espece,groups=espece,data=Mesures,pch=19)
```

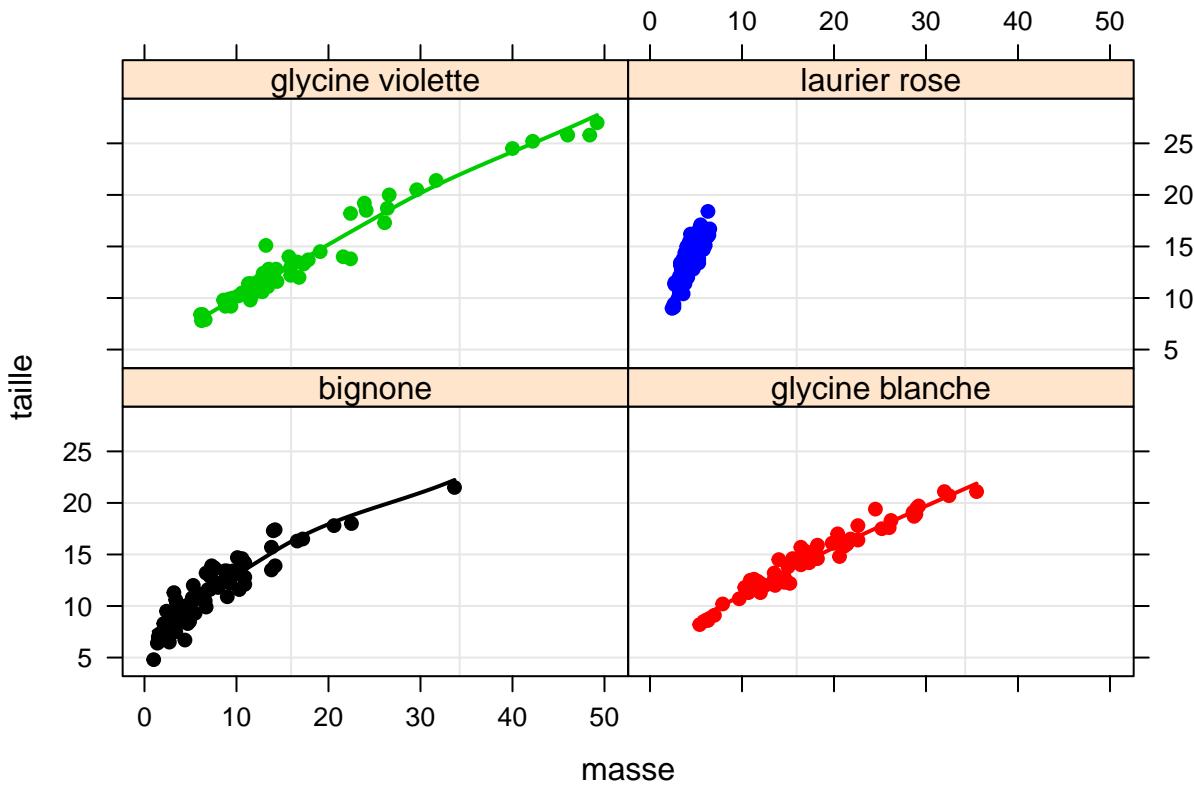


```
xyplot(taille~masse|espece,groups=espece,scales="free",data=Mesures,pch=19)
```

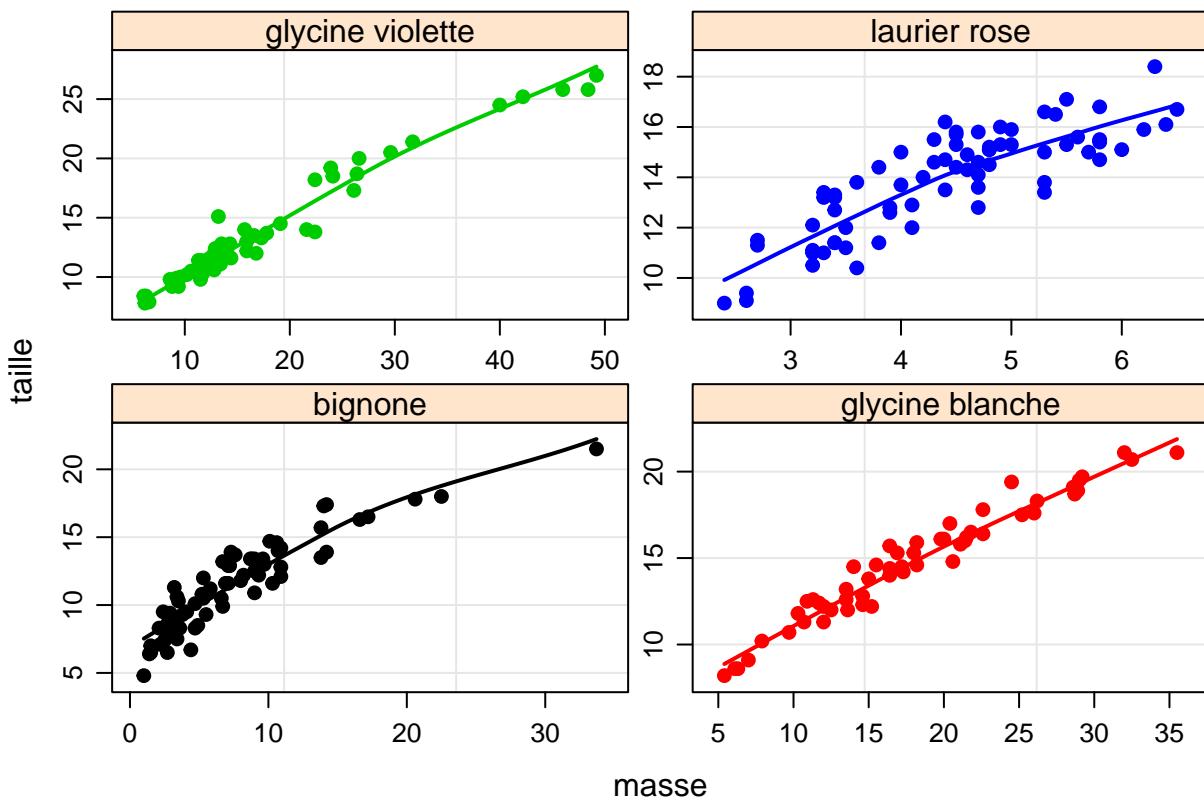


#ceux de la page 241

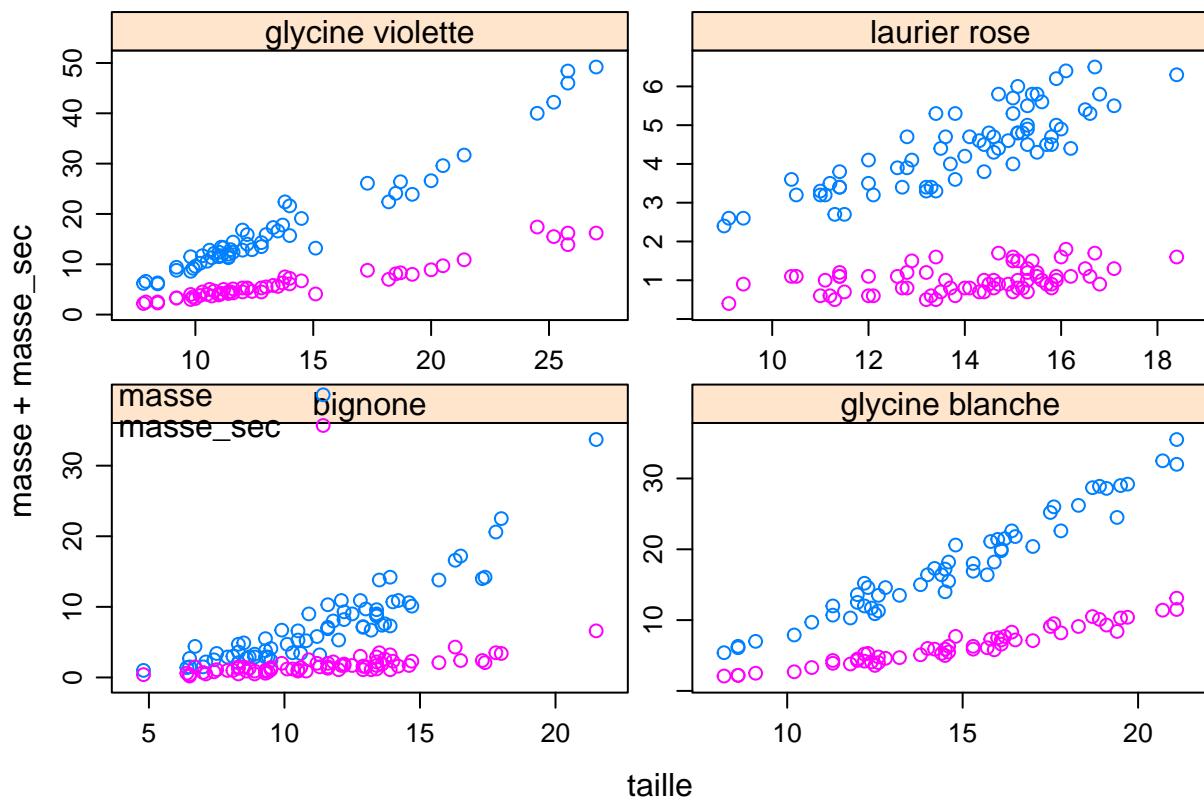
```
xyplot(taille-masse|espece,data=Mesures,groups=espece,prepanel=function(x,y) prepanel.loess(x,y,span=1)
       panel=function(x,y,subscripts,groups) {
         panel.grid(h=-1,v=2)
         panel.xyplot(x,y,pch=19,col=groups[subscripts])
         panel.loess(x,y,span=1,lwd=2,col=groups[subscripts])})
```



```
xyplot(taille~masse|espece,data=Mesures,groups=espece,scales="free",
       prepanel=function(x,y) prepanel.loess(x,y,span=1),
       panel=function(x,y,subscripts,groups) {
         panel.grid(h=-1,v=2)
         panel.xyplot(x,y,pch=19,col=groups[subscripts])
         panel.loess(x,y,span=1,lwd=2,col=groups[subscripts])})
```



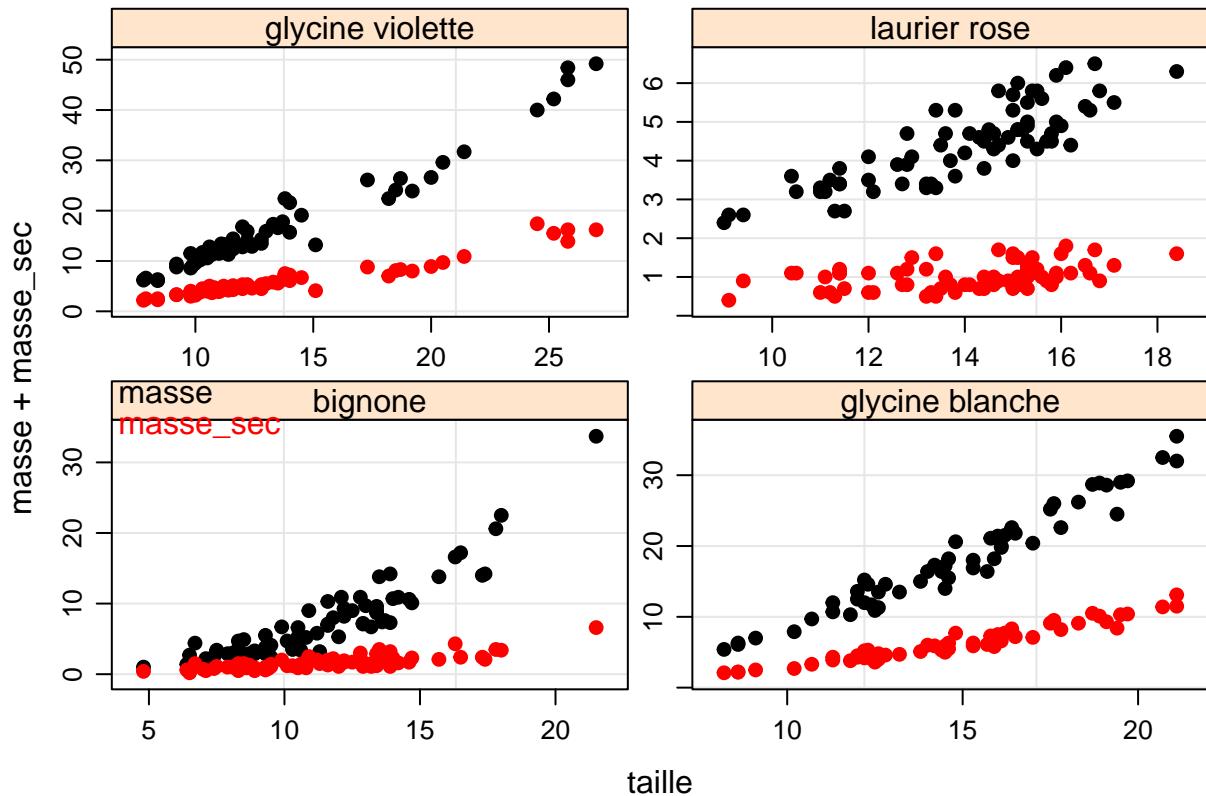
```
#ceux de la page 242
xyplot(masse+masse_sec~taille|espece,data=Mesures5,scales="free",layout=c(2,2),
auto.key=list(x=-.01,y=.37,corner=c(0,0)))
```



```

xyplot(masse+masse_sec-taille|espece, data=Mesures5, scales="free", layout=c(2, 2),
  auto.key=list(x=-.01, y=.37, points=FALSE, col=c("black", "red"), corner=c(0,0)),
  panel=function(x,y,subscripts,groups) {
    panel.grid(h=-1,v= 2)
    panel.xyplot(x,y,pch=19,col=groups[subscripts])
  }
)

```

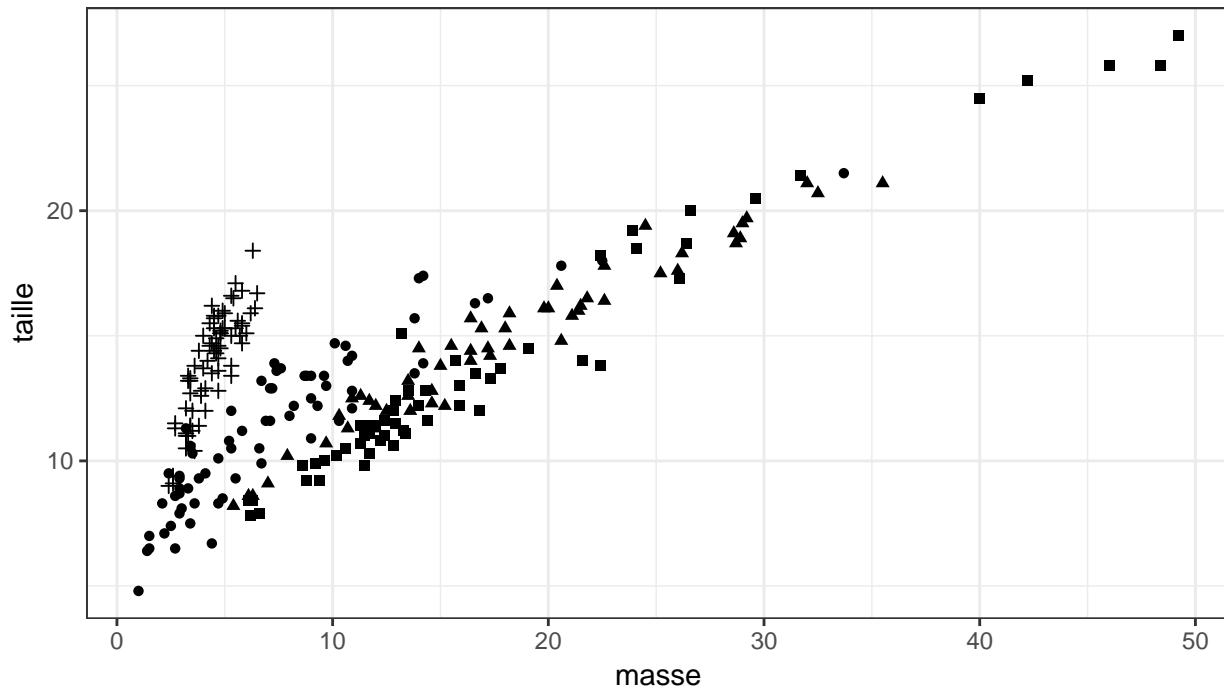


```

#page 245
#Construction des graphiques précédents avec ggplot2
#Noir et blanc
library(ggplot2)
#ceux de la page 239
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  theme(legend.position="bottom")

```

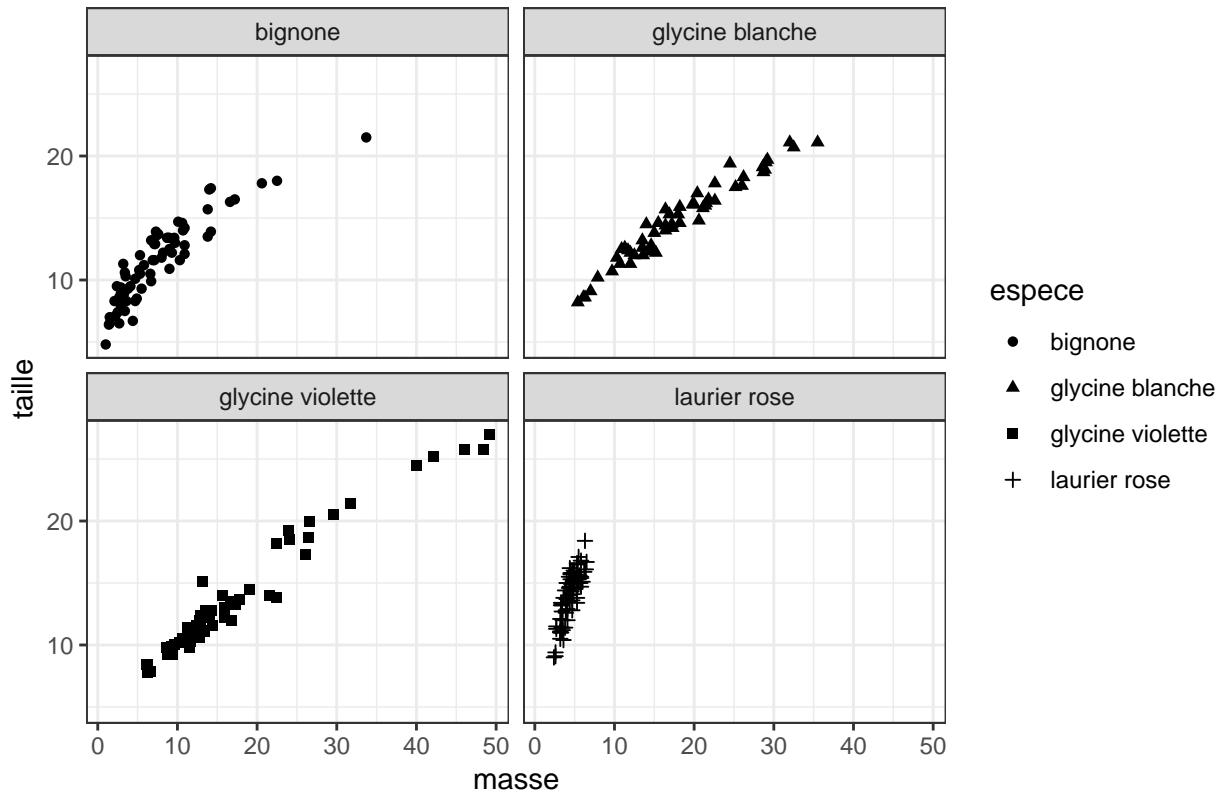
Taille en fonction de la masse par espèce



espece • bignone ▲ glycine blanche ■ glycine violette + laurier rose

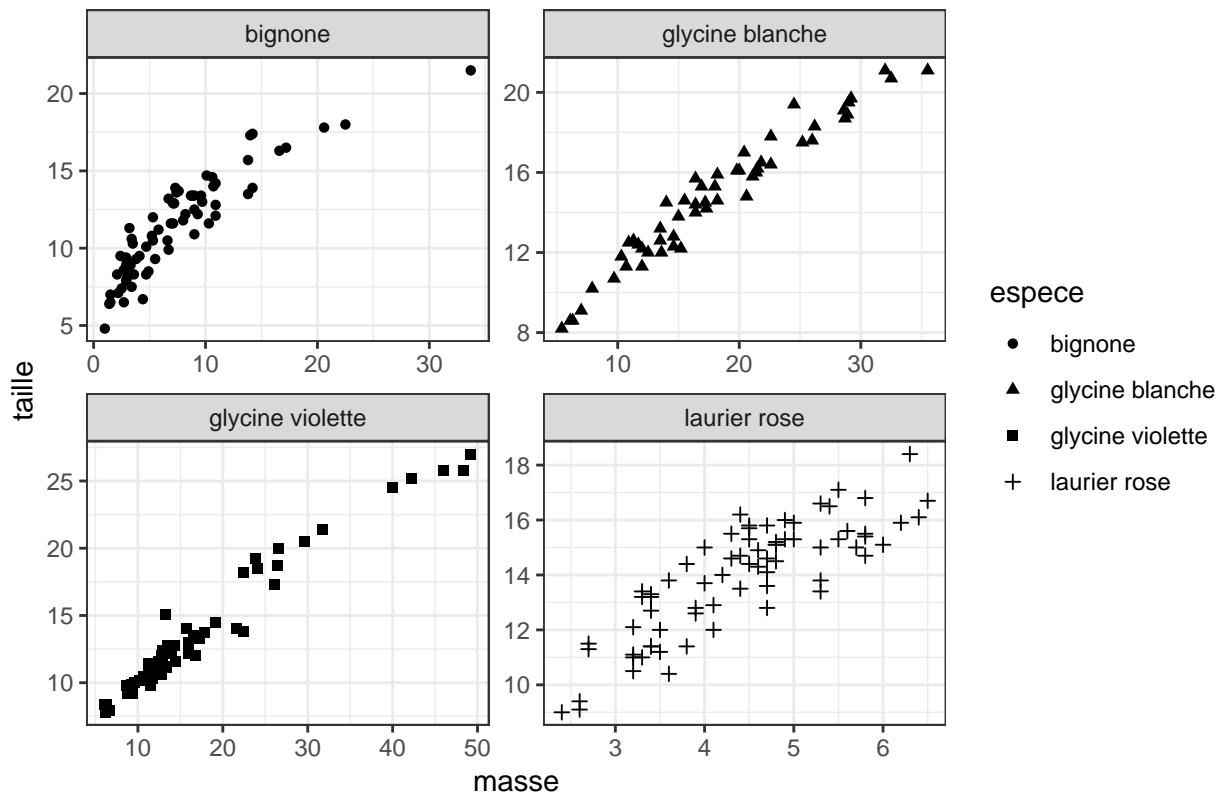
```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece)
```

Taille en fonction de la masse par espèce



```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece,scales = "free")
```

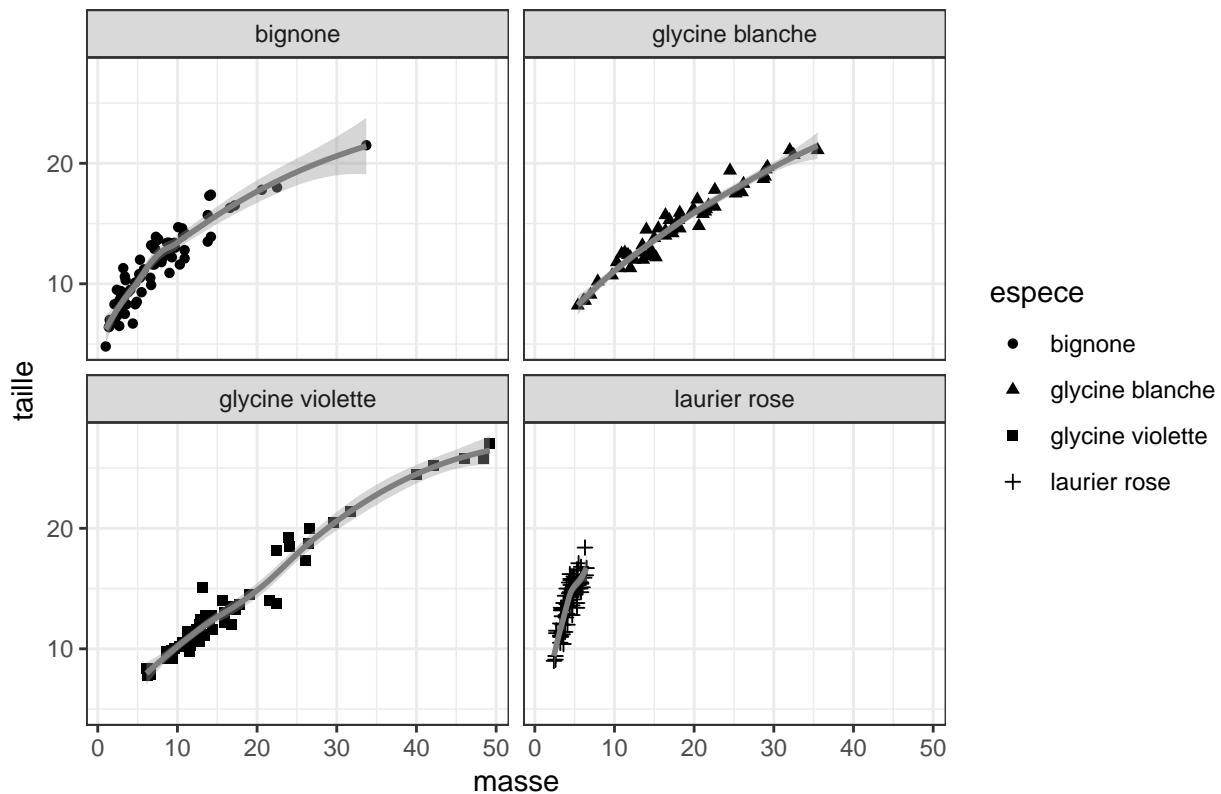
Taille en fonction de la masse par espèce



```
#ceux de la page 241
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece)+stat_smooth(color="grey50")
```

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

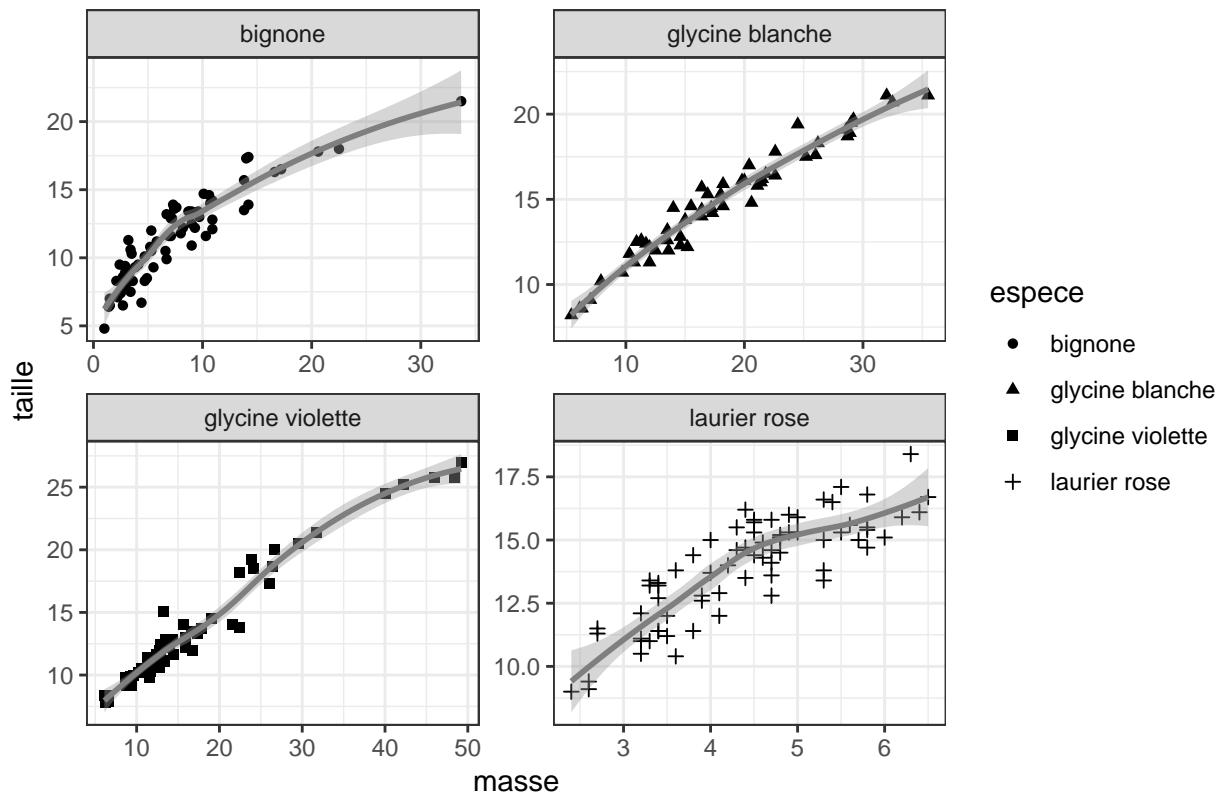
Taille en fonction de la masse par espèce



```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece,scales = "free")+stat_smooth(color="grey50")
```

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

Taille en fonction de la masse par espèce



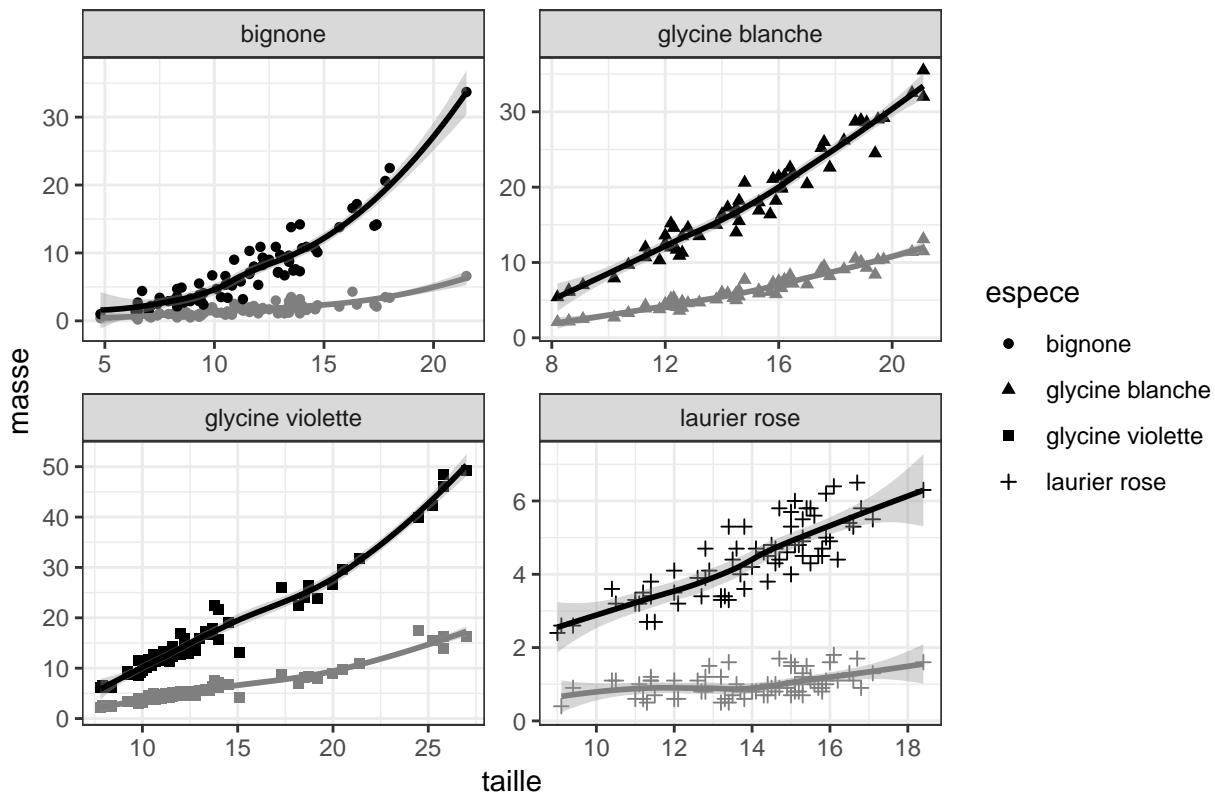
```
#ceux de la page 242
ggplot(Mesures5,aes(x=taille,y=masse,shape=espece))+geom_point(aes(x=taille,y=masse_sec),
  color="gray50")+geom_point()+ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+
  theme_bw() +facet_wrap(~espece,scales = "free") +stat_smooth(color="black")+
  stat_smooth(aes(x=taille,y=masse_sec),color="grey50")

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

## Warning: Removed 3 rows containing non-finite values (stat_smooth).

## Warning: Removed 3 rows containing missing values (geom_point).
```

Taille en fonction de la masse par espèce

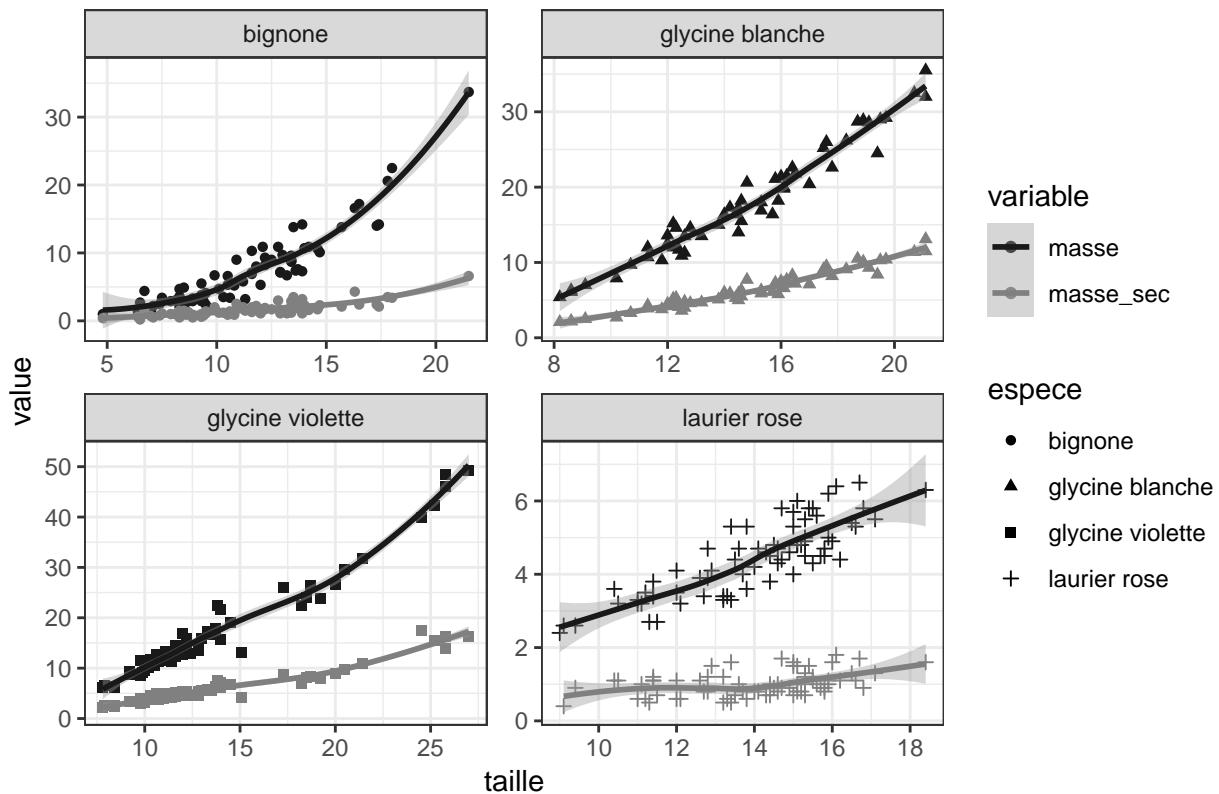


```
#Pour faire apparaître les deux variables dans la légende en plus des groupes liés #aux espèces
if(!("reshape" %in% rownames(installed.packages()))){install.packages("reshape")}
library(reshape)
Mesures5.long <- melt(Mesures5, id = c("taille", "espece"),
  measure = c("masse", "masse_sec"))
ggplot(Mesures5.long, aes(x=taille, y=value, shape=espece, color=variable)) + geom_point() +
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce") + theme_bw() +
  facet_wrap(~espece, scales = "free") + stat_smooth(aes(color=variable)) +
  scale_color_grey(start=.1, end=.5)

## `geom_smooth()` using method = 'loess' and formula 'y ~ x'
## Warning: Removed 3 rows containing non-finite values (stat_smooth).

## Warning: Removed 3 rows containing missing values (geom_point).
```

Taille en fonction de la masse par espèce



```

pdf("chap5fig511ggplot.pdf")
print(ggplot(Mesures5.long,aes(x=taille,y=value,shape=espece,color=variable))+
  geom_point() + ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce") + theme_bw() +
  facet_wrap(~espece,scales = "free") + stat_smooth(aes(color=variable)) +
  scale_color_grey(start=.1,end=.5)
)

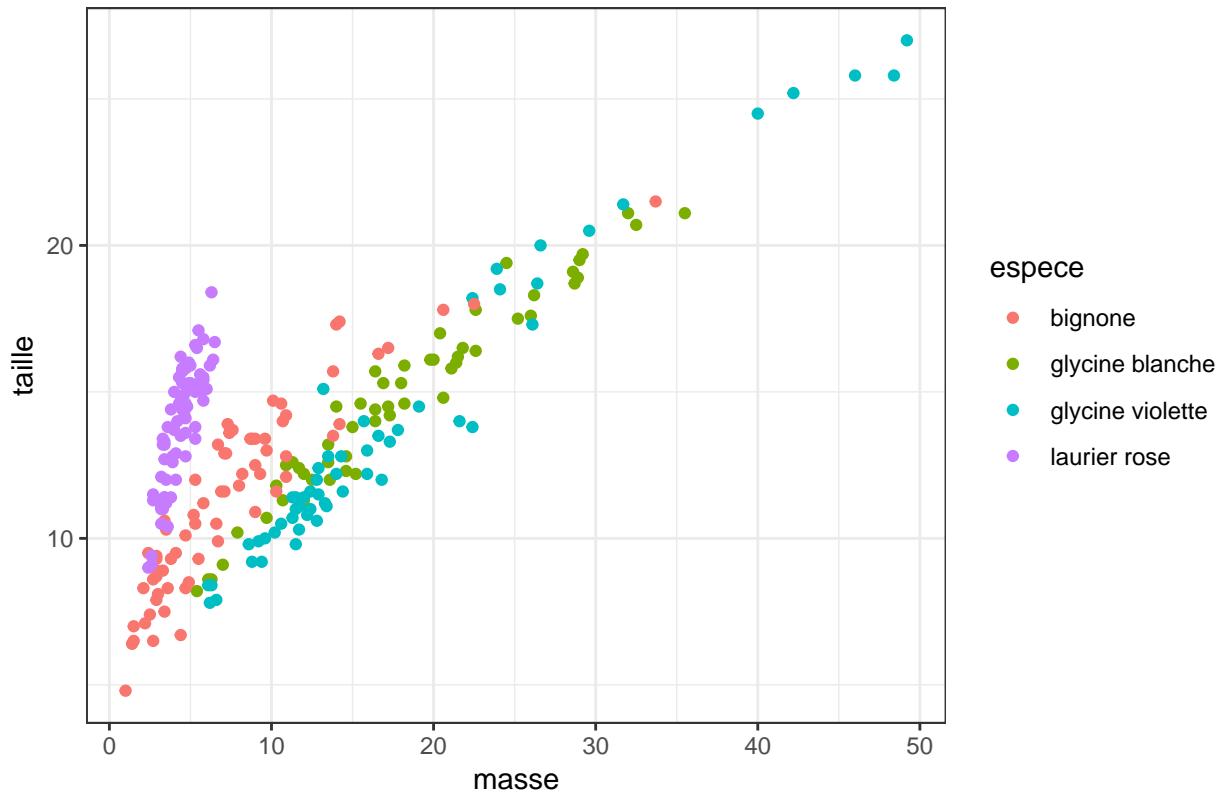
## `geom_smooth()` using method = 'loess' and formula 'y ~ x'
## Warning: Removed 3 rows containing non-finite values (stat_smooth).

## Warning: Removed 3 rows containing missing values (geom_point).
dev.off()

## pdf
## 2
#page 246
#Couleur
#ceux de la page 239
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce") + theme_bw()

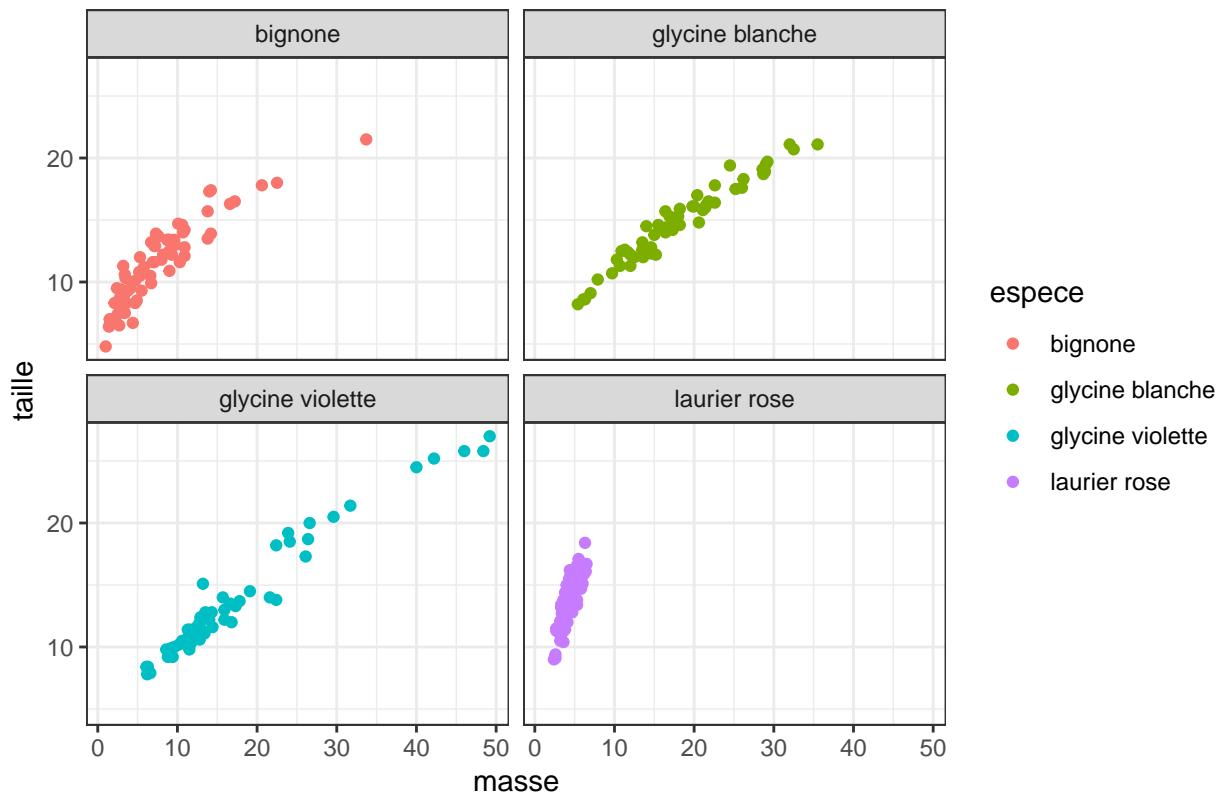
```

Taille en fonction de la masse par espèce



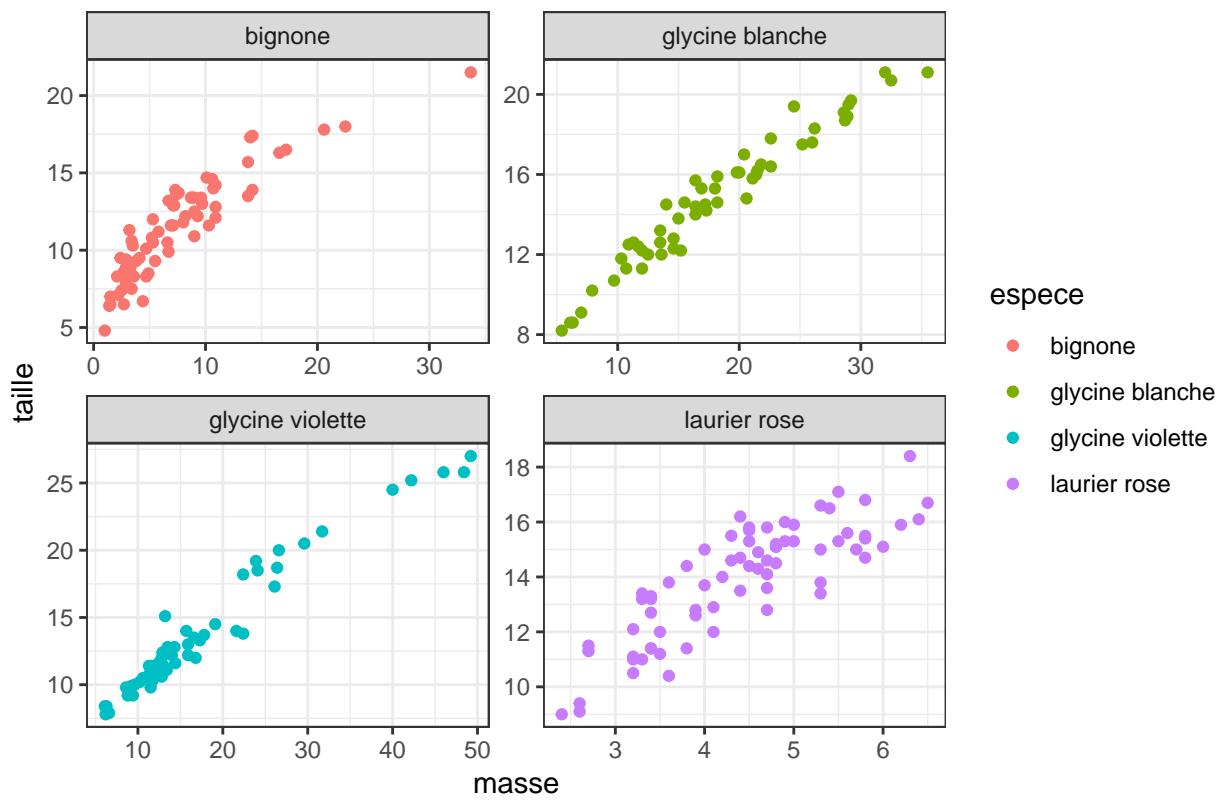
```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece)
```

Taille en fonction de la masse par espèce



```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece,scales = "free")
```

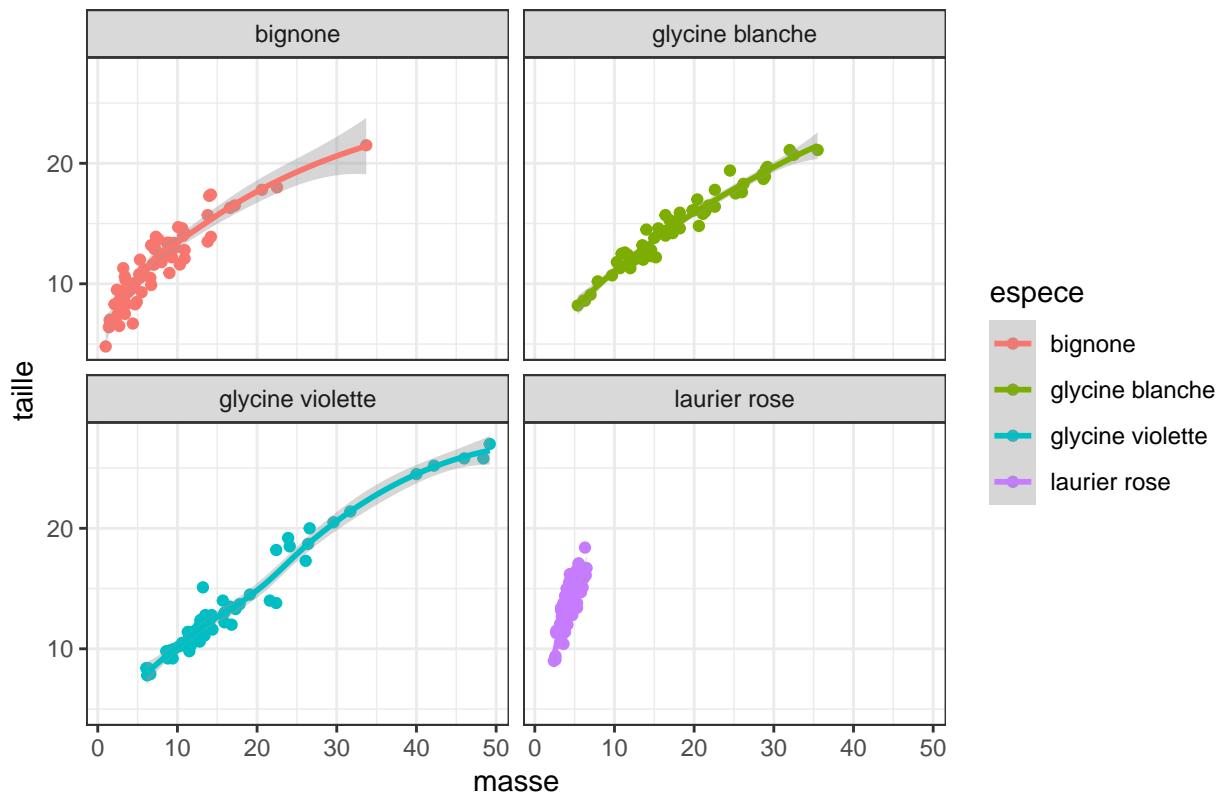
Taille en fonction de la masse par espèce



```
#ceux de la page 241
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece)+stat_smooth()
```

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

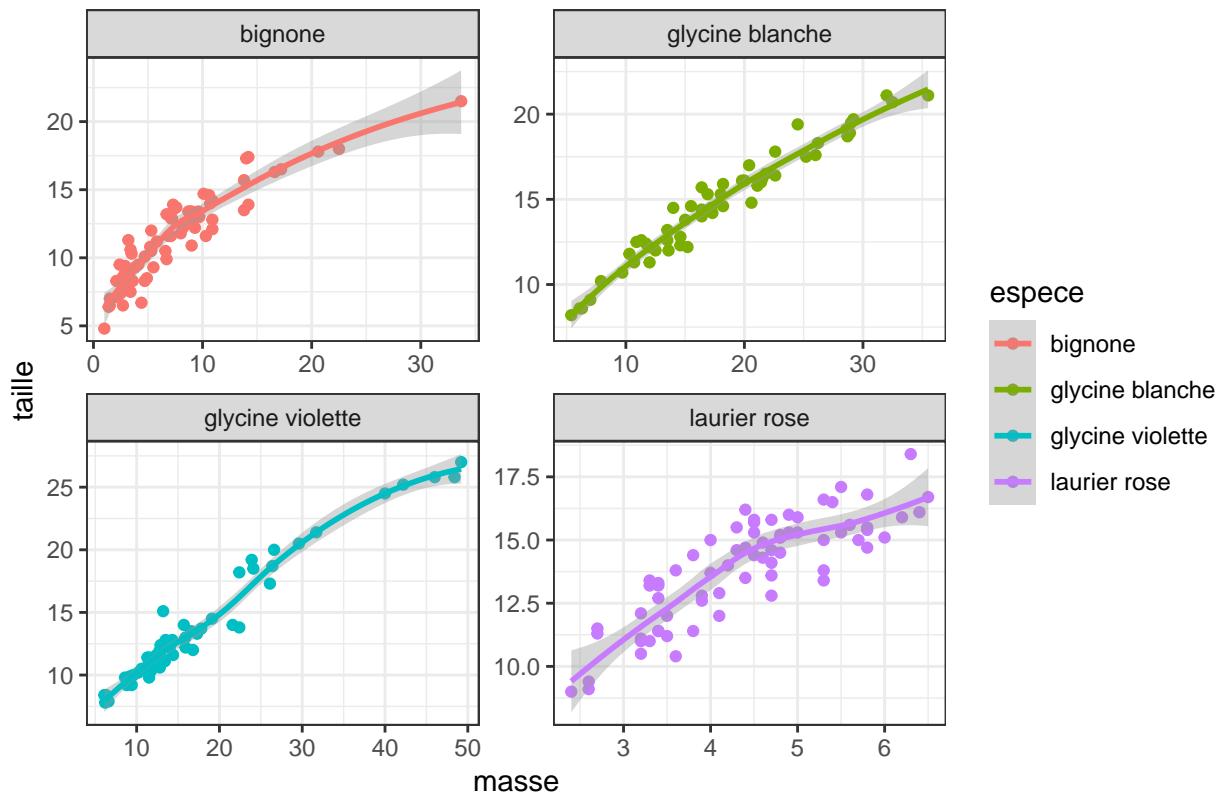
Taille en fonction de la masse par espèce



```
ggplot(Mesures,aes(x=masse,y=taille,color=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece,scales = "free")+stat_smooth()
```

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

Taille en fonction de la masse par espèce



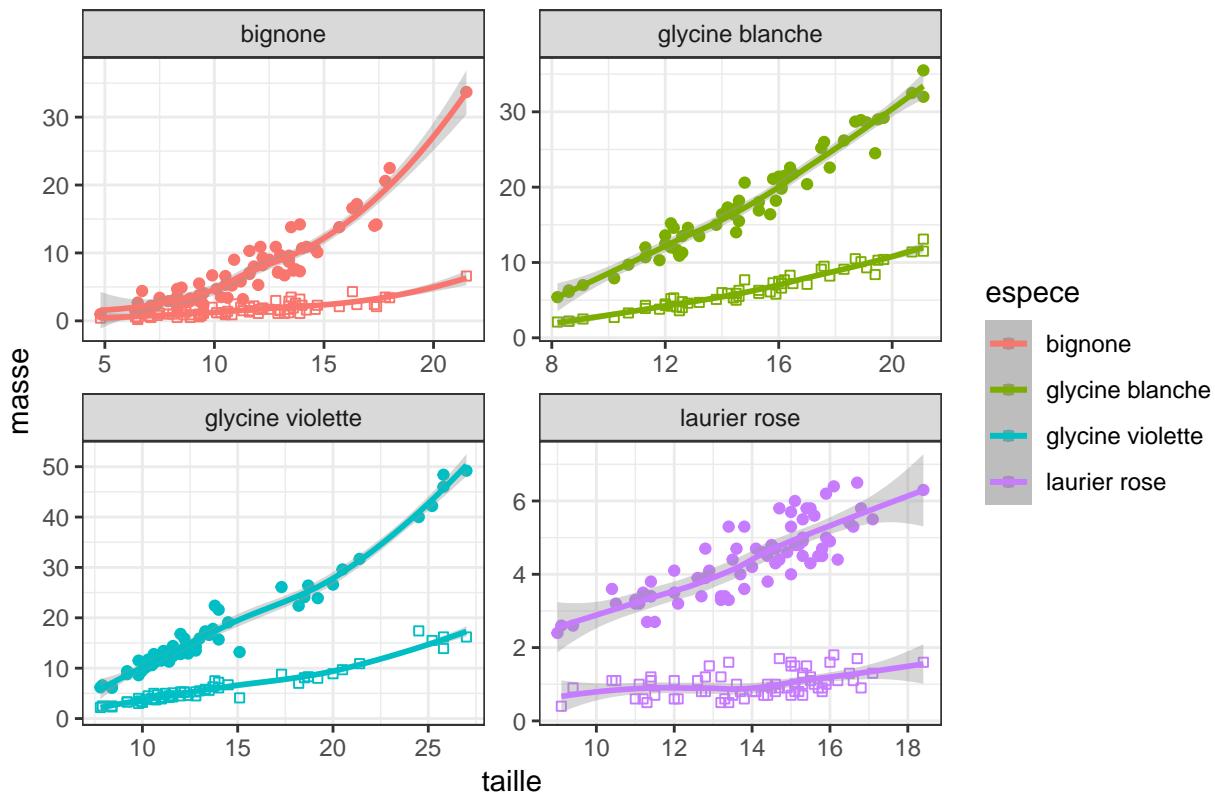
```
#ceux de la page 242
ggplot(Mesures5,aes(x=taille,y=masse,color=espece))+
  geom_point(aes(x=taille,y=masse_sec,color=espece),shape=22)+geom_point(shape=19)+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce")+theme_bw()+
  facet_wrap(~espece,scales = "free")+stat_smooth()+
  stat_smooth(aes(x=taille,y=masse_sec))

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

## Warning: Removed 3 rows containing non-finite values (stat_smooth).

## Warning: Removed 3 rows containing missing values (geom_point).
```

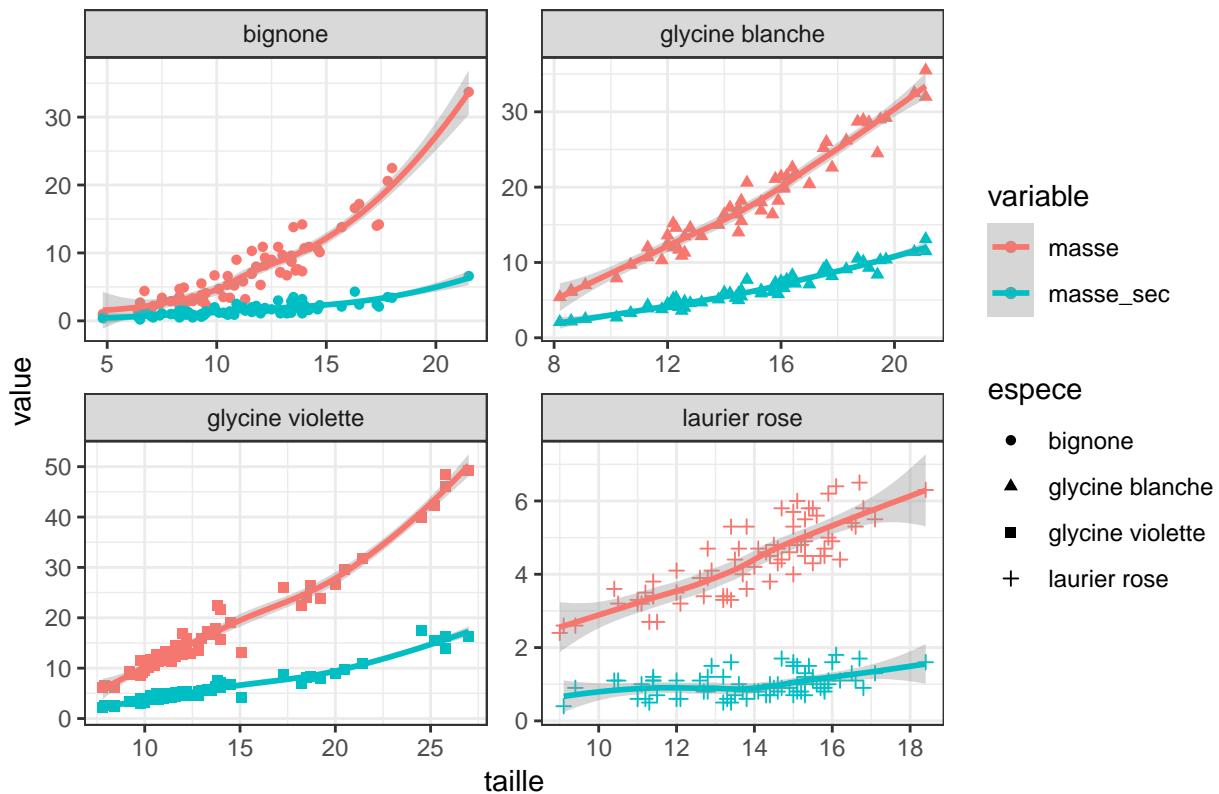
Taille en fonction de la masse par espèce



```
#page 247
#Pour faire apparaître les deux variables dans la légende en plus des groupes liés
#aux espèces
if(!("reshape" %in% rownames(installed.packages()))){install.packages("reshape")}
library(reshape)
ggplot(Mesures5.long,aes(x=taille,y=value,color=variable,shape=espece))+geom_point()+
  ggtitle("Taille en fonction de la masse par espèce") + theme_bw() +
  facet_wrap(~espece,scales = "free") + stat_smooth(aes(color=variable))

## `geom_smooth()` using method = 'loess' and formula 'y ~ x'
## Warning: Removed 3 rows containing non-finite values (stat_smooth).
## Warning: Removed 3 rows containing missing values (geom_point).
```

Taille en fonction de la masse par espèce



```
#Exercice 5.1
```

```
#page 248
```

```
#2)
```

```
outer(1:6,1:6,"+")
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
## [1,]     2     3     4     5     6     7
## [2,]     3     4     5     6     7     8
## [3,]     4     5     6     7     8     9
## [4,]     5     6     7     8     9    10
## [5,]     6     7     8     9    10    11
## [6,]     7     8     9    10    11    12
```

```
outer(1:6,1:6,pmin)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
## [1,]     1     1     1     1     1     1
## [2,]     1     2     2     2     2     2
## [3,]     1     2     3     3     3     3
## [4,]     1     2     3     4     4     4
## [5,]     1     2     3     4     5     5
## [6,]     1     2     3     4     5     6
```

```
(effs<-table(outer(1:6,1:6,"+"),outer(1:6,1:6,pmin)))
```

```
##
##      1 2 3 4 5 6
##      2 1 0 0 0 0 0
##      3 2 0 0 0 0 0
```

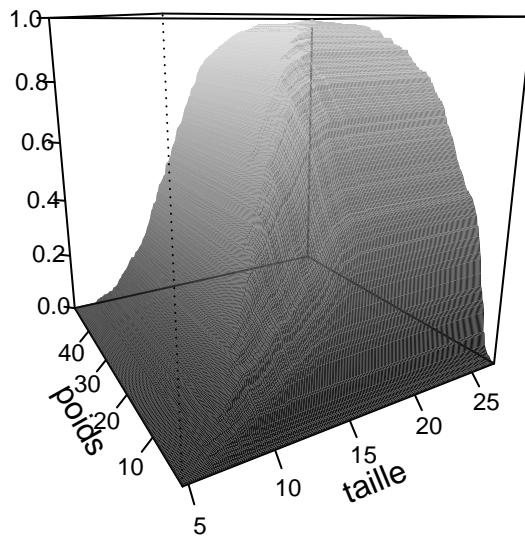
```

##   4 2 1 0 0 0 0
##   5 2 2 0 0 0 0
##   6 2 2 1 0 0 0
##   7 2 2 2 0 0 0
##   8 0 2 2 1 0 0
##   9 0 0 2 2 0 0
##  10 0 0 0 2 1 0
##  11 0 0 0 0 2 0
##  12 0 0 0 0 0 1

#page 250
#1)
require(BioStatR)
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids",theme="bw")

```

Stéréogramme des deux variables

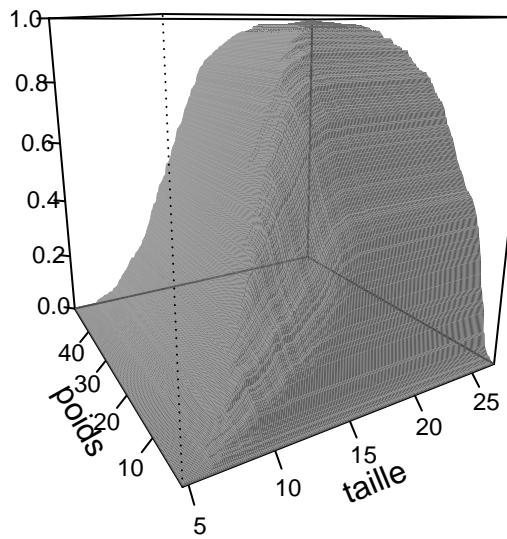


```

#En plus : autres options pour plotcdf2
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids",col="gray50")

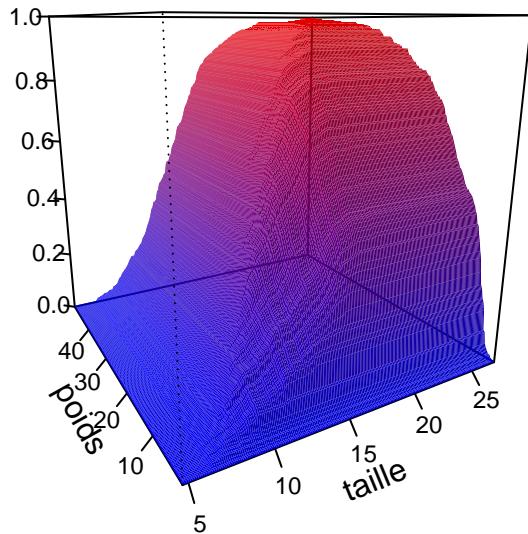
```

Stéréogramme des deux variables



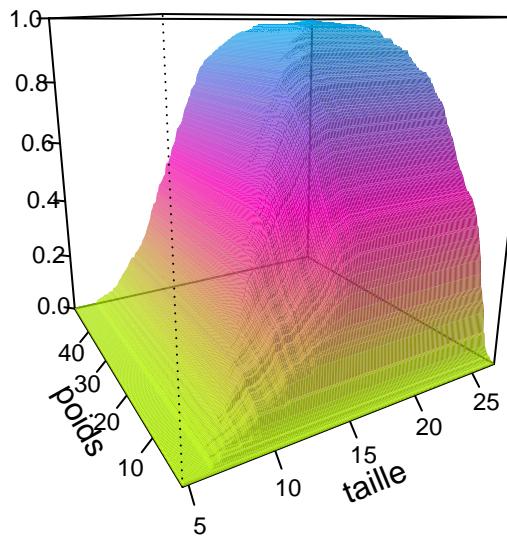
```
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids")
```

Stéréogramme des deux variables



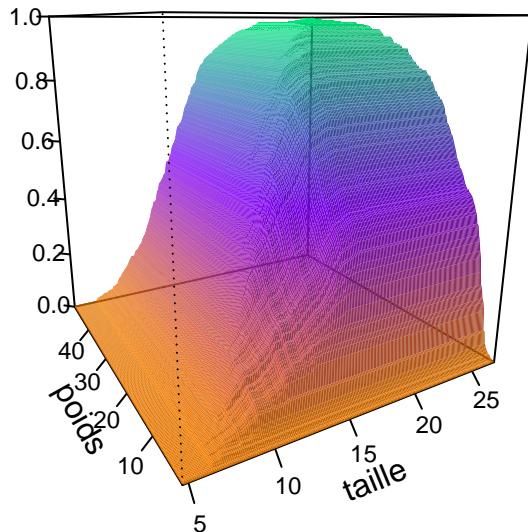
```
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids",theme="1")
```

Stéréogramme des deux variables



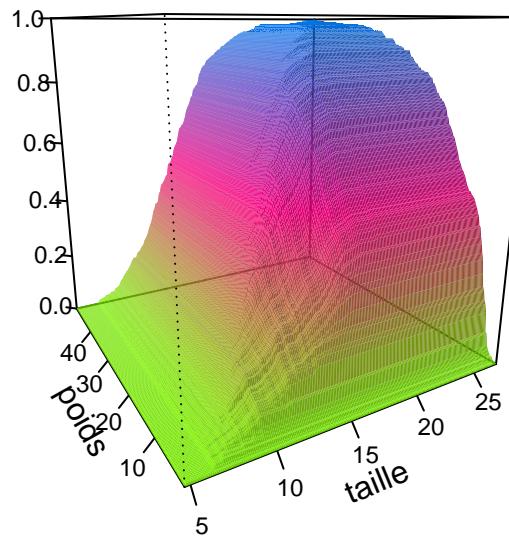
```
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids",theme="2")
```

Stéréogramme des deux variables



```
plotcdf2(Mesures5$taille,Mesures5$masse,f=0,"taille","poids",theme="3")
```

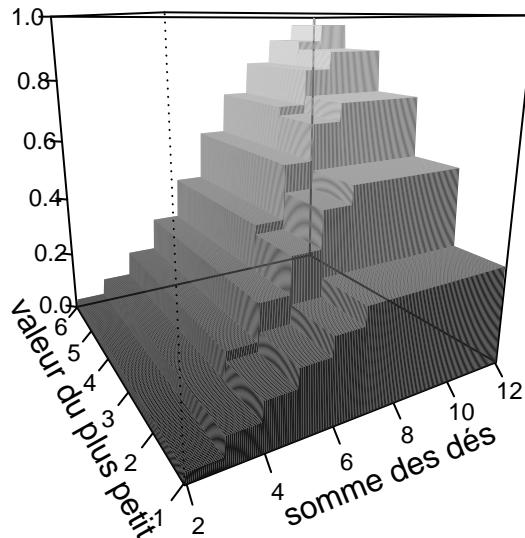
Stéréogramme des deux variables



```
#page 251
#2)
margin.table(effs)

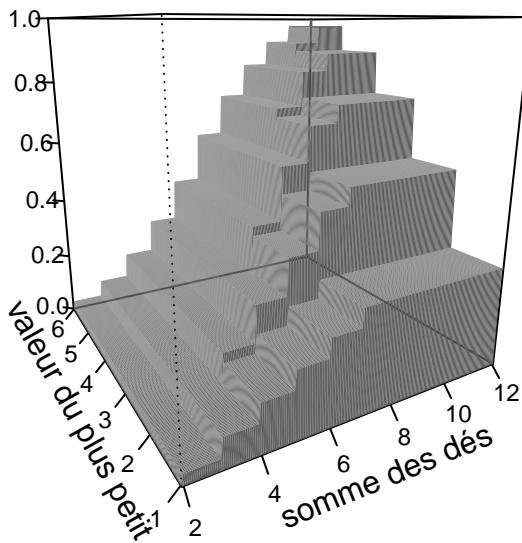
## [1] 36
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit",the="bw")
```

Stéréogramme des deux variables



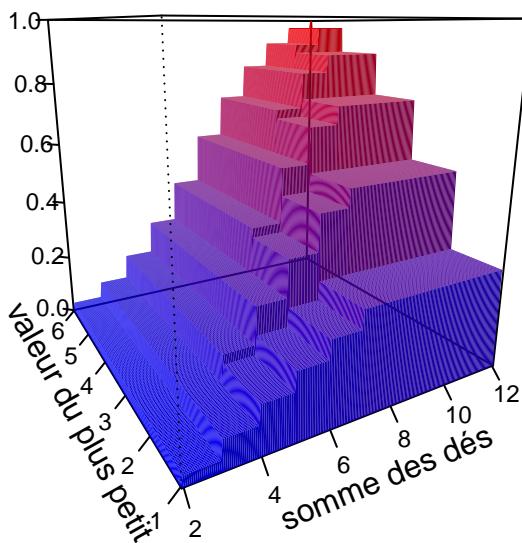
```
#En plus : autres options pour plotcdf2
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit",col="gray50")
```

Stéréogramme des deux variables



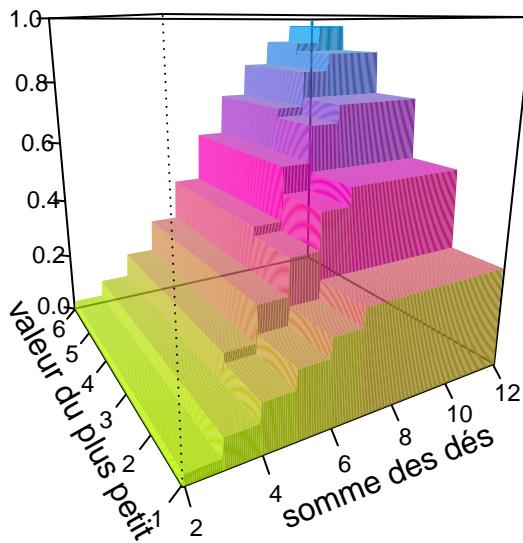
```
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit")
```

Stéréogramme des deux variables



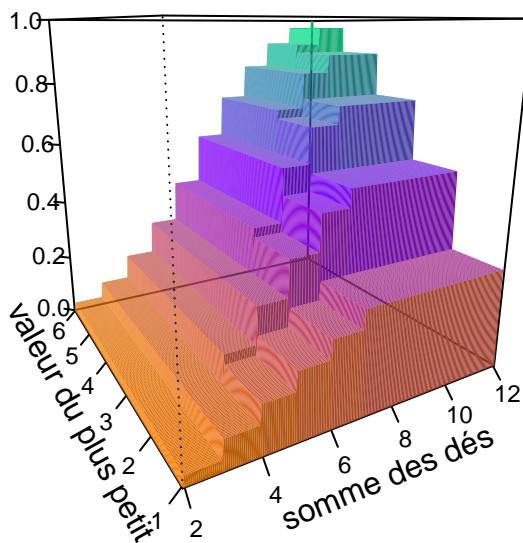
```
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit",theme="1")
```

Stéréogramme des deux variables



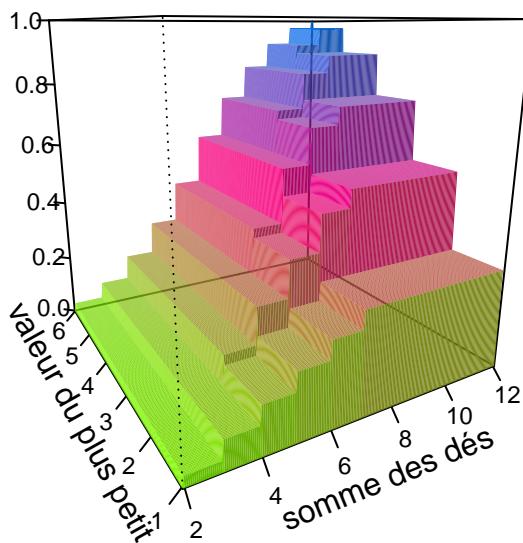
```
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit",theme="2")
```

Stéréogramme des deux variables



```
plotcdf2(2:12,1:6,f=effs/36,"somme des dés","valeur du plus petit",theme="3")
```

Stéréogramme des deux variables



```
#3)
margin.table(effs,1)

##
##   2   3   4   5   6   7   8   9   10  11  12
##   1   2   3   4   5   6   5   4   3   2   1

#page 252
margin.table(effs,2)

##
##   1   2   3   4   5   6
## 11   9   7   5   3   1

print(prop.table(margin.table(effs,1)),3)

##
##      2      3      4      5      6      7      8      9      10     11
## 0.0278 0.0556 0.0833 0.1111 0.1389 0.1667 0.1389 0.1111 0.0833 0.0556
##      12
## 0.0278

print(prop.table(margin.table(effs,2)),3)

##
##      1      2      3      4      5      6
## 0.3056 0.2500 0.1944 0.1389 0.0833 0.0278

#4)
print(prop.table(effs,1),digit=3)

##
##      1      2      3      4      5      6
## 2 1.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
## 3 1.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000
## 4 0.667 0.333 0.000 0.000 0.000 0.000
```

```

##   5  0.500 0.500 0.000 0.000 0.000 0.000
##   6  0.400 0.400 0.200 0.000 0.000 0.000
##   7  0.333 0.333 0.333 0.000 0.000 0.000
##   8  0.000 0.400 0.400 0.200 0.000 0.000
##   9  0.000 0.000 0.500 0.500 0.000 0.000
##  10 0.000 0.000 0.000 0.667 0.333 0.000
##  11 0.000 0.000 0.000 0.000 1.000 0.000
##  12 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 1.000

#page 253
print(prop.table(effs,2),digit=3)

##          1      2      3      4      5      6
##  2  0.0909 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
##  3  0.1818 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
##  4  0.1818 0.1111 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
##  5  0.1818 0.2222 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000
##  6  0.1818 0.2222 0.1429 0.0000 0.0000 0.0000
##  7  0.1818 0.2222 0.2857 0.0000 0.0000 0.0000
##  8  0.0000 0.2222 0.2857 0.2000 0.0000 0.0000
##  9  0.0000 0.0000 0.2857 0.4000 0.0000 0.0000
## 10 0.0000 0.0000 0.0000 0.4000 0.3333 0.0000
## 11 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.6667 0.0000
## 12 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000

#Exercice 5.2
#1)
cov(Mesures5[,1:4])

##          masse     taille    graines  masse_sec
## masse     81.02811 24.80598       NA        NA
## taille    24.80598 13.42640       NA        NA
## graines      NA        NA        NA        NA
## masse_sec     NA        NA        NA        NA

cor(Mesures5[,1:4])

##          masse     taille    graines  masse_sec
## masse     1.0000000 0.7520708       NA        NA
## taille    0.7520708 1.0000000       NA        NA
## graines      NA        NA         1        NA
## masse_sec     NA        NA        NA         1

#page 254
#2)
cov(Mesures5[,1:4],use="pairwise.complete.obs")

##          masse     taille    graines  masse_sec
## masse     81.02811 24.805983 10.028632 28.579414
## taille    24.80598 13.426403  4.541877  8.089633
## graines    10.02863  4.541877  1.892327  3.510584
## masse_sec  28.57941  8.089633  3.510584 10.707880

cor(Mesures5[,1:4],use="pairwise.complete.obs")

##          masse     taille    graines  masse_sec
## masse     1.0000000 0.7520708 0.8024751 0.9685758

```

```
## taille      0.7520708 1.0000000 0.7812662 0.6731472
## graines     0.8024751 0.7812662 1.0000000 0.8076360
## masse_sec   0.9685758 0.6731472 0.8076360 1.0000000
```