

Rappels

- · Hypothèse nulle \mathcal{H}_0 , c'est l'hypothèse du *statu* quo
- · Hypothèse alternative \mathcal{H}_1 , c'est la situation intéressante ! (signal)
- · α : risque de première espèce, rejeter \mathcal{H}_0 lorsqu'elle est vraie ("erreur de détection")
- β : risque de deuxième espèce, ne pas rejeter \mathcal{H}_0 alors que \mathcal{H}_1 est vraie ("rater un signal")
- Puissance : 1β

Décision / Verité	Non rejet de \mathcal{H}_0	Rejet \mathcal{H}_0
\mathcal{H}_0	Confiance	Erreur de 1ère esp.
\mathcal{H}_1	Erreur de 2ème esp.	Puissance

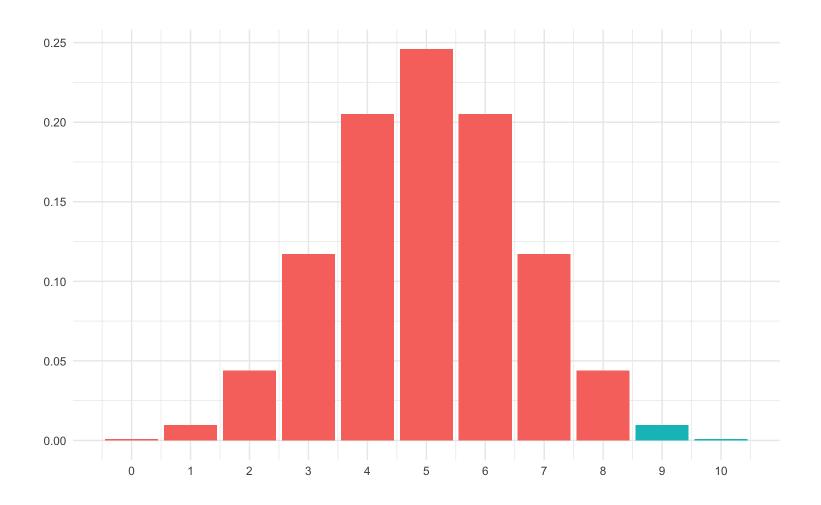
Expérience de Chastaing (1958)





Keewee ou Koowoo?

Les résultats



Rappel 1 : variable aléatoire du χ^2

Une variable suivant une loi du khi-deux à k degrés de liberté ($\chi^2(k)$) est la somme des carrés de k variable normales indépendantes :

$$\sum_{i=1}^k Z_i^2 \sim \chi^2(k)$$

Remarques:

- parfois on note une telle variable X^2
- en pratique, ces "carrés" sont souvent des "variances"

Rappel 2 : variable aléatoire de Student

Une variable obtenue en divisant un variable normale par la racine carrée d'une variable du khi-deux (indépendante de la première) elle-même normalisée par son dégré de liberté d suit une loi de Student à d degrés de liberté :

$$\frac{Z}{\sqrt{\frac{1}{d}X}} \sim T(d)$$

En pratique:

$$\frac{\text{moyenne}}{\frac{1}{\sqrt{\text{taille}}}} \sim T(\text{taille} - 1)$$

Rappel 3 : variable aléatoire de Fisher

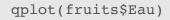
Le ratio de deux variables indépendantes du khi-deux à d_1 et d_2 degrés de liberté est une variable aléatoire de Fisher à d_1 et d_2 degrés de liberté :

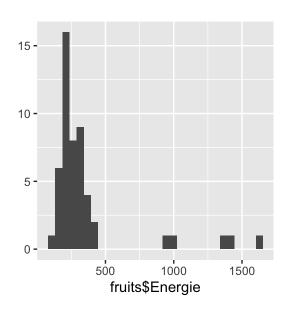
$$\frac{X_1^2}{X_2^2} \sim \mathcal{F}(d_1, d_2)$$

En pratique : des ratios de variance !

Intermède: Création d'un exemple

qplot(fruits\$Energie)





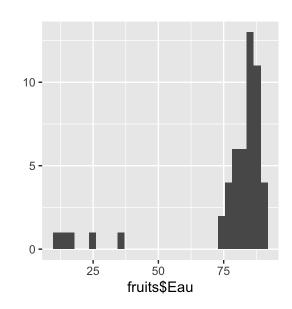


Table de contingence

Une table de contingence, ou table de comptage, est un tableau croisé (de comptage) entre deux variables qualitatives ou plus.

On peut aussi calculer les proportions

```
prop.table(tab)
#> eauqual
#> energiequal (0,85] (85,100]
#> (0,250] 0.05882353 0.45098039
#> (250,2e+03] 0.49019608 0.00000000
```

Profils lignes et profils colonnes

Proportions conditionnellement aux lignes :

Proportions conditionnellement aux colonnes :

```
prop.table(tab, margin = 1)
#> eauqual  #> energiequal  (0,85] (85,100]
#> (0,250]  0.1153846 0.8846154  #> (0,250]  0.1071429 1.0000000
#> (250,2e+03] 1.0000000 0.0000000  #> (250,2e+03] 0.8928571 0.0000000
```

Comparer des proportions

Avec la fonction prop.test:

```
prop.test(table(energiequal, eauqual))
#>
#> 2-sample test for equality of proportions with continuity
#> correction
#>
#> data: table(energiequal, eauqual)
#> X-squared = 36.788, df = 1, p-value = 1.317e-09
#> alternative hypothesis: two.sided
#> 95 percent confidence interval:
#> -1.0000000 -0.7225806
#> sample estimates:
#> prop 1 prop 2
#> 0.1153846 1.0000000
```

Attention, le test des proportions a besoin de données de comptage, pour lui :

$$\frac{2}{4} \neq \frac{50}{100}$$

La fonction prop. test

- · Accepte des tables de contingences,
- · Ou bien deux vecteurs : x pour les "succès", n pour le nombre total,
- · Eventuellement un vecteur de proportions de référence p

Un des exemples de la fonction (cf. ?prop.test):

```
smokers <- c( 83, 90, 129, 70 )
patients <- c( 86, 93, 136, 82 )
prop.test(smokers, patients)
#>
#> 4-sample test for equality of proportions without continuity
#> correction
#>
#> data: smokers out of patients
#> X-squared = 12.6, df = 3, p-value = 0.005585
#> alternative hypothesis: two.sided
#> sample estimates:
#> prop 1 prop 2 prop 3 prop 4
#> 0.9651163 0.9677419 0.9485294 0.8536585
```

Test du "khi-deux"

Avec la fonction chisq.test:

```
chisq.test(energiequal, eauqual)
#>
#> Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction
#>
#> data: energiequal and eauqual
#> X-squared = 36.788, df = 1, p-value = 1.317e-09
```

La fonction chisq.test

- · Accepte deux variables qualitatives,
- · Ou une table de contingence

Un des exemples de la fonction (cf. ?chisq.test):

```
M \leftarrow as.table(rbind(c(762, 327, 468), c(484, 239, 477)))
dimnames(M) <- list(gender = c("F", "M"),</pre>
                    party = c("Democrat", "Independent", "Republican"))
(Xsq <- chisq.test(M)) # Prints test summary</pre>
#>
#> Pearson's Chi-squared test
#>
#> data: M
#> X-squared = 30.07, df = 2, p-value = 2.954e-07
Xsq$expected # expected counts under the null
        party
#> gender Democrat Independent Republican
       F 703.6714 319.6453 533.6834
#>
#>
      M 542.3286 246.3547 411.3166
```

La statistique du test du χ^2

Elle compare les fréquences observées aux fréquences attendues. Les fréquences attendues sont calculées à partir des fréquences marginales sous hypothèse d'indépendance.

$$X^{2} = \sum \frac{\left(n_{ij} - \frac{n_{i} \cdot n_{\cdot j}}{n}\right)^{2}}{\frac{n_{i} \cdot n_{\cdot j}}{n}},$$

avec n_{ij} l'effectif observé, n_i . l'effectif marginal ligne, $n_{\cdot j}$ l'effectif marginal colonne et n l'effectif total.

Rappel: quand A et B son indépendants, $P(A \cap B) = P(A)P(B)$.

Test exact de Fisher

Avec la fonction fisher.test:

```
fisher.test(energiequal, eauqual)
#>
#> Fisher's Exact Test for Count Data
#>
#> data: energiequal and eauqual
#> p-value = 1.474e-11
#> alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
#> 95 percent confidence interval:
#> 0.00000000 0.03850145
#> sample estimates:
#> odds ratio
#> 0
```

La fonction fisher.test

- · Accepte deux variables qualitatives,
- · Ou une table de contingence

Un des exemples de la fonction (cf. ?fisher.test):

```
Convictions <- matrix(</pre>
 c(2, 10, 15, 3),
 nrow = 2
 dimnames = list(
    c("Dizygotic", "Monozygotic"),
    c("Convicted", "Not convicted")))
fisher.test(Convictions, alternative = "less")
#>
#> Fisher's Exact Test for Count Data
#>
#> data: Convictions
\#> p-value = 0.0004652
#> alternative hypothesis: true odds ratio is less than 1
#> 95 percent confidence interval:
#> 0.0000000 0.2849601
#> sample estimates:
#> odds ratio
#> 0.04693661
```

Comparer des moyennes

Avec la fonction t.test:

```
t.test(fruits$VitamineC ~ eauqual)
#>
#> Welch Two Sample t-test
#>
#> data: fruits$VitamineC by eauqual
#> t = -1.6272, df = 37.768, p-value = 0.112
#> alternative hypothesis: true difference in means between group (0,85] and group (85,100)
#> 95 percent confidence interval:
#> -21.202176    2.308077
#> sample estimates:
#> mean in group (0,85] mean in group (85,100]
#> 10.82643    20.27348
```

Les formules

Les formules permettent à l'utilisateur de décrire un modèle :

$$Y = X_1 + X_2 + X_3 + X_2 * X_3 + X_3 * X_4$$

deviendra

$$y \sim x1 + x2 * x3 + x3:x4$$

Repérez le tilde sur votre clavier, il est très important en R!

Exemple:

$$y \sim x + age + sex + SCL:disease$$

La fonction t.test

- · Accepte une formule,
- · Ou bien deux vecteurs contenant respectivement les deux groupes de valeurs à comparer,
- · L'argument paired = TRUE pour des données appariées,
- · Ou bien un seul vecteur (pour un test sur une moyenne),

Un des exemples de la fonction (cf. ?t.test):

```
t.test(extra ~ group, data = sleep)

#>

Welch Two Sample t-test

#>

data: extra by group

#> t = -1.8608, df = 17.776, p-value = 0.07939

#> alternative hypothesis: true difference in means between group 1 and group 2 is not equal to 0

#> 95 percent confidence interval:

#> -3.3654832 0.2054832

#> sample estimates:

#> mean in group 1 mean in group 2

#> 0.75 2.33
```

Equivalent non-paramétrique

L'équivalent non-paramétrique du test de Student est le test de Wilcoxon-Mann-Whitney :

```
wilcox.test(fruits$VitamineC ~ eauqual)

#> Warning in wilcox.test.default(x = c(0.25, 18.3, 7.16, 0.25, 11.5,
#> 14.5, : cannot compute exact p-value with ties

#>
Wilcoxon rank sum test with continuity correction

#>
data: fruits$VitamineC by eauqual

#> W = 262.5, p-value = 0.2637

#> alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Remarque sur ces fonctions

L'objet retourné est une liste qui contient (en général) les deux éléments les plus intéressants : statistic et p.value.

Exemple de récupération de la P-value :

```
res.ttest <- t.test(fruits$VitamineC ~ eauqual)
pval <- res.ttest$p.value</pre>
```

ANOVA

Faire une ANOVA en R n'est pas une mince affaire!

Et récupérer la P-value est ridiculement difficile :

```
res <- summary(aov(VitamineC ~ groupe, data = fruits))
res[[1]]$\Pr(>F)\[1]
#> [1] 0.01161733
```

ANOVA non paramétrique

Et la syntaxe est différente pour l'équivalent non-paramétrique : le test de Kruskal-Wallis :

```
kruskal.test(fruits$VitamineC, fruits$groupe)

#>

#> Kruskal-Wallis rank sum test

#> data: fruits$VitamineC and fruits$groupe

#> Kruskal-Wallis chi-squared = 17.902, df = 3, p-value =

#> 0.0004609
```

Récupérer la p-valeur s'effectue de la même façon que pour un test de Student.

Corrélation

Avec la fonction cor.test. Exemple:

```
cor.test(fruits$Eau, fruits$Energie)
#>
Pearson's product-moment correlation
#>
#> data: fruits$Eau and fruits$Energie
#> t = -49.719, df = 49, p-value < 2.2e-16
#> alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
#> 95 percent confidence interval:
#> -0.9944420 -0.9828672
#> sample estimates:
#> cor
#> -0.9902339
```

La fonction cor.test

- · Accepte deux vecteurs x et y de même longueur,
- · Permet de tester les trois types de corrélation (Pearson, Sparman et Kendall)

Un des exemples de la fonction (cf. ?cor.test):

```
x <- c(44.4, 45.9, 41.9, 53.3, 44.7, 44.1, 50.7, 45.2, 60.1)
y <- c( 2.6, 3.1, 2.5, 5.0, 3.6, 4.0, 5.2, 2.8, 3.8)

cor.test(x, y, method = "kendall", alternative = "greater")
#>

#> Kendall's rank correlation tau
#>

#> data: x and y
#> T = 26, p-value = 0.05972
#> alternative hypothesis: true tau is greater than 0
#> sample estimates:
#> tau
#> 0.4444444
```

Modèles linéaires

Avec la fonction 1m. Exemple:

```
res.lm <- lm(Energie ~Proteines + Sucres + Fibres + Eau,
           data = fruits)
summary(res.lm)
#>
#> Call:
#> lm(formula = Energie ~ Proteines + Sucres + Fibres + Eau, data = fruits)
#>
#> Residuals:
     Min 10 Median 30
                                     Max
#> -112.599 -8.071 -2.870 2.291 192.788
#>
#> Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
#> (Intercept) 1377.713 142.894 9.642 1.28e-12 ***
#> Proteines 12.312 13.544 0.909 0.3680
#> Sucres 4.041 1.583 2.553 0.0141 *
           #> Fibres
#> Eau
#> ---
#> Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
#>
#> Residual standard error: 38.78 on 46 degrees of freedom
#> Multiple R-squared: 0.9869, Adjusted R-squared: 0.9858
#> F-statistic: 868.8 on 4 and 46 DF, p-value: < 2.2e-16
```