

BIOSTATISTIQUES AVEC R

CHEAT SHEETS DES FONCTIONS INDISPENSABLES



CLAIRE DELLA VEDOVA

A Lire – très important

*Le simple fait de lire le présent document vous donne le droit de *l'offrir en cadeau* à qui vous le souhaitez. Vous êtes autorisé à l'utiliser selon les mêmes conditions commercialement, c'est-à-dire à l'offrir sur votre blog, sur votre site web, à l'intégrer dans des packages et à l'offrir en bonus avec des produits, mais PAS à le vendre directement, ni à l'intégrer à des offres punies par la loi dans votre pays.*

Ce document est sous licence Creative Common 3.0 « Paternité – pas de modification », ce qui signifie que vous êtes libre de le distribuer à qui vous voulez, à condition de ne pas le modifier, et de toujours citer l'auteur Claire Della Vedova comme l'auteur de ce document, et d'inclure un lien vers : <https://statistique-et-logiciel-r.com>.



« Biostatistiques avec R – cheat sheet des fonctions indispensables » by Claire Della Vedova est mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Paternité - Pas de Modification 3.0 Unported.

SOMMAIRE

1. Paramètres Descriptifs	3
2. Manipulation de data frame (tableau de données).....	5
3. Evaluation de la normalité	8
4. Evaluation de l'homogénéité	10
5. Evaluation des outliers	12
6. Comparaison de deux moyennes	14
6.1 Méthodes paramétriques	14
6.2 Méthodes non paramétriques	15
7. Comparaison de K moyennes ($k > 2$).....	16
7.1 Méthodes paramétriques	16
7.2 Méthodes non paramétriques	18
8. Fonctions utiles autour des pourcentages	20
9. Comparaison d'un pourcentage a un pourcentage théorique	21
10. Comparaison de deux pourcentages	22
10.1 Echantillons indépendants	22
10.2 Echantillons appariés	24
11. Comparaison de k pourcentages ($k > 2$)	25
12. Comparaison de k pourcentages avec hypothèse d'ordre ($p_1 < \dots < p_k$)	27
13. Corrélation.....	28

1. PARAMETRES DESCRIPTIFS

Paramètre	Exemple	Package	Commentaires	Infos complémentaires
Moyenne	mean (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base	na.rm=TRUE permet d'éviter un message d'erreur en cas de présence d'une donnée manquante (NA)	
Médiane	median (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
Mmin	min (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
Max	max (iri\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
[min ; max]	range (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
1er quartile	quantile (iris\$Sepal.Length, 0.25, na.rm=TRUE)	base		
3ème quartile	quantile (iris\$Sepal.Length, 0.75, na.rm=TRUE)	base		
Ecart type	sd (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
Variance	var (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
Intervalle inter quartile	IQR (iris\$Sepal.Length, na.rm=TRUE)	base		
Moyenne tronquée	mean (iris\$Sepal.Length, trim=0.1)	base	(ici troncature de 10%)	la moyenne géométrique peut aussui être obtenue avec cette commande : exp(mean(log(x))) l'écart type géométrique peut aussui être obtenue avec cette commande : exp(sd(log(x)))
Moyenne géométrique	geoMean (iris\$Sepal.Length,)	EnvStats	ne supporte pas les NA	
Ecart type géométrique	geoSD (iris\$Sepal.Length))		ne supporte pas les NA	

<i>Paramètre</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Commentaires</i>	<i>Infos complémentaires</i>
Multiples paramètres	summary (iris)	base		
	stat.desc (iris)	pastecs		
Asymétrie (skewness) et aplatissement (kurtosis)	stat.desc (iris, norm=TRUE)	pastecs	la fonction réalise aussi un test d'asymétrie et d'aplatissement l'aplatissement (plus d'infos dans la page d'aide de la fonction stats.desc)	
Multiples paramètres par groupe	by (iris, iris\$Species, summary)	base		
	stat.desc (iris, norm=TRUE)	pastecs	norm=TRUE permet d'avoir accès aux paramètres permettant d'évaluer la normalité	

2. MANIPULATION DE DATA FRAME (TABLEAU DE DONNEES)

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
Afficher les 10 premières lignes	head (iris, 10)	utils	
Afficher les 10 dernières lignes	tail (iris, 10)	utils	
Afficher 10 lignes aléatoires	sample_n (iris, 10 , replace=FALSE)	dplyr	
Afficher la structure des données	str (iris) summary (iris\$Sepal.Length)	utils	
Afficher les noms des variables	names (iris)	base	
Sélectionner des colonnes	library (dplyr) iris2 <- iris %>% select (Sepal.Length, Petal.Length)	dplyr	
Sélectionner des lignes	library (dplyr) setosa <- iris %>% filter (Species=="setosa")	dplyr	

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
Sélectionner des lignes selon plusieurs critères	<pre>library(dplyr) set_vir <- iris %>% filter (Species %in% c("setosa","virginica"))</pre>	dplyr	<p>Le package dplyr peut parfois entrer en conflit avec d'autre package, et cela empêche certaines fonctions de fonctionner correctement.</p> <p>Pour contourner le problème il suffit de rajouter dplyr :: nom_fonction, ex : dplyr :: filter()</p>
Exclure une colonne	<pre>iris3 <- iris %>% select (- Petal.Length)</pre>		
Exclure une ligne	<pre>virgi_versi <- iris %>% filter (Species!="setosa")</pre>	dplyr	
Couper un data frame en liste selon les modalités d'une variable catégorielle	<pre>iris_ls <- split (iris, iris\$Species)</pre>	base	
Regroupe les éléments d'une liste dans un data frame	<pre>iris_df <- data.frame (Reduce (rbind, iris_ls))</pre>	base	
Recréer des levels à partir de levels existants	<pre>levels (iris\$Species) levels (iris\$Species)[c(1,2)] <- c("virgi_et_versi") levels (iris\$Species)</pre>	base	

<i>Méthode</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Infos complémentaires</i>
Changer le niveau de référence	levels (iris\$Species) iris\$Species <- relevel (iris\$Species, ref= "versicolor") levels (iris\$Species)		
Ajouter une modalité	iris\$Species <- as.character (iris\$Species) iris\$Species [1:5] <- c("new_setosa") iris\$species <- as.factor (iris\$Species) head (iris,7)		
Calculer les sommes de colonnes	colSums (iris[, (1:4)])	base	
Calculer les moyennes de colonnes	colMeans (iris [, (1:4)])	base	
Calculer les sommes de lignes	rowSums (iris [, (1:4)])	base	
Calculer les moyennes de lignes	rowMeans (iris [, (1:4)])		

3. EVALUATION DE LA NORMALITE

Méthode	Exemple	Package	Commentaires	Infos complémentaires
Evaluation graphique de la normalité QQ plot ou droite d'Henry	qqnorm (iris\$Sepal.Length) qqline (iris\$Sepal.Length)	stats		
Histogramme	ggplot (iris, aes (Sepal.Length)) + geom_histogram (bins=7)	ggplot2	Alternatives : hist(iris\$Sepal.Length, breaks=6)	bin et breaks permettent d'augmenter ou de réduire le nombre de classes
Plot de densité	ggplot (iris, aes (Sepal.Length)) + geom_density()	ggplot2	Alternatives : plot(density(iris\$Sepal.Length))	
<u>Evaluation de la normalité par test</u>	<i>H0 : les données sont distribuées selon une loi Normale</i> <i>H1 : les données ne sont pas distribuées selon une loi Normale</i> <i>si pval < 0.05 alors la normalité est rejetée</i> <i>si pval > 0.05 alors la normalité est acceptée</i>			
Test de Shapiro-Wilk	shapiro.test (iris\$Sepal.Length) shapiro.test (residuals (mod))	stats		Evaluation de la normalité des résidus d'une régression
Test de Kolmogorov-Smirnov	ks.test (iris\$Sepal.Length, "pnorm")	stats		
Test de Cramer-Von Mises	cvm.test (iris\$Sepal.Length)	nortest		

<i>Méthode</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Commentaires</i>	<i>Infos complémentaires</i>
Test de Liliefors	lillie.test (iris\$Sepal.Length)	nortest		
Evaluation visuelle de la normalité de résidus	mod <- lm (Sepal.Length ~ Sepal.Width, data=iris) plot (mod, 2)	stats		

4. EVALUATION DE L'HOMOGENEITE

Méthode	Exemple	Package	Commentaires	Infos complémentaires
<u>Test de comparaison de variances</u> <i>H0 : les variances des k groupes sont égales (homogénéité)</i> <i>H1 : les variances d'au moins deux groupes sont différentes (hétérogénéité)</i> <i>si pval < 0.05 alors l'homogénéité est rejetée</i> <i>si pval > 0.05 alors l'homogénéité est acceptée</i>				
<u>Comparaisons de 2 variances</u>				
Test F	var.test (Puromycin\$rate ~ Puromycin\$state)	stats		autre syntaxe : var.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Sepal.Width)
<u>Comparaisons de k variances</u>				
Test de Levene	leveneTest (iris\$Sepal.Length, iris\$Species)	car		
Test de Bartlett	bartlett.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Species)	stats	idem	
Test de Fligner	fligner.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Species)	stats		

Méthode	Exemple	Package	Commentaires	Infos complémentaires
<u>Evaluation de l'homogénéité de résidus par test</u> <i>H0 : les résidus du modèle de régression linéaire sont homogènes</i> <i>H1 : les résidus du modèle de régression linéaire sont hétérogènes</i> <i>si pval < 0.05 alors l'homogénéité est rejetée</i> <i>si pval > 0.05 alors l'homogénéité est acceptée</i>				
Test de Breush-Pagan	mod <- lm (Sepal.Length ~ Sepal.Width, data=iris) ncvTest (mod)	car		
	bptest (mod)	lmtest	idem	version studentisée du ncvTest (bpTest= plus robuste)
<u>Evaluation visuelle de l'homogénéité de résidus</u> mod <- lm (Sepal.Length ~ Sepal.Width, data=iris)				

5. EVALUATION DES OUTLIERS

Méthode	Exemple	Package	Commentaires	Infos complémentaires
<u>Détection par boxplot</u>				
	boxplot (mtcars\$wt)	graphics	Est détectée comme outlier toute donnée située en dehors de l'intervalle 1.5*IQR.	IQR est l'intervalle inter quartile (la différence entre le premier et troisième quartile)
	boxplot.stats (mtcars\$wt)\$out	grDevices	permet d'obtenir les valeurs des données outliers	
	which (mtcars\$wt %in% boxplot.stats (mtcars\$wt)\$out)		permet de connaître l'indice (le numéro de ligne) des données outlier	
Par groupe	boxplot (mtcars\$wt ~ as.factor (mtcars\$gear))			
<u>Détection par test</u>				
	<i>H0 : la valeur la plus élevée n'est <u>pas</u> outlier</i> <i>H1 : la valeur la plus élevée est un outlier</i> <i>si pval < 0.05 alors la donnée la plus élevée est outlier</i> <i>si pval > 0.05 alors la donnée la plus élevée n'est pas outlier</i>			
	grubbs.test (mtcars\$wt)	outliers	permet de tester la valeur la plus élevée	
	grubbs.test (mtcars\$wt,opposite = TRUE)		opposite=TRUE , permet de tester la valeur la plus faible	

<i>Méthode</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Commentaires</i>	<i>Infos complémentaires</i>
<u>Détection sur des résidus</u>	<pre>mod <- lm (Sepal.Length ~ Sepal.Width, data=iris)</pre> <pre>outlierTest (mod,3)</pre>			

6. COMPARAISON DE DEUX MOYENNES

6.1 Méthodes paramétriques

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	H_0 : les deux moyennes sont égales H_1 : les deux moyennes sont différentes si $pval < 0.05$ alors les moyennes sont différentes si $pval > 0.05$ alors les moyennes sont égales		
<u>Echantillons indépendants et variances égales</u>			
Test de Student	<code>t.test</code> (Puromycin\$rate ~ Puromycin\$state, var.equal = TRUE)	stats	<u>syntaxe alternative</u> : <code>t.test</code> (data\$groupe1, data\$groupe2, var.equal=TRUE)
<u>Echantillons indépendants et variances différentes</u>			
Test de Welch	<code>t.test</code> (Puromycin\$rate ~ Puromycin\$state)		
<u>Echantillons appariés</u>			
Test de Student apparié	<code>t.test</code> (iris\$Sepal.Length, iris\$Petal.Length, paired=TRUE)	stats	

6.2 Méthodes non paramétriques

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
<u>Echantillons indépendants</u>			
Test de Wilcoxon	wilcox.test (Puromycin\$rate ~ Puromycin\$state)	stats	alternative : wilcox.test (data\$groupe1, data\$groupe2)
<u>Echantillons appariés</u>			
Test de Wilcoxon	wilcox.test (Puromycin\$rate ~ Puromycin\$state, paired=TRUE)	stats	alternative : wilcox.test (data\$groupe1, data\$groupe2)

7. COMPARAISON DE K MOYENNES (K > 2)

7.1 Méthodes paramétriques

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	<p>H_0 : les k moyennes sont égales</p> <p>H_1 : au moins 2 moyennes sont différentes</p> <p>si $pval < 0.05$ alors au moins 2 moyennes sont différentes</p> <p>si $pval > 0.05$ alors les k moyennes sont égales</p>		
ANOVA	<pre>my_lm <- lm (Sepal.Length ~ Species, data=iris) anova (my_lm)</pre>	stats	
	<pre>my_aov <- aov (Sepal.Length ~ Species, data=iris) summary (my_aov)</pre>		
<u>Comparaisons multiples après ANOVA</u>			
<u>Comparaisons 2 à 2</u>			
Test de Tukey	<code>pairwise.t.test</code> (iris\$Sepal.Length, iris\$Species, "holm")	stats	ajustement des pval selon "Holm"
			Options dispo: "bonferroni", "holm", "hochberg", "hommel", "BH", "fdr", "BY", "none" (cf. ?p.adjust)
ou	<code>lsmeans</code> (my_aov, "Species")	lsmeans	Ne fonctionne pas sur un objet lm

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
ou			
	TukeyHSD (my_aov) plot (TukeyHSD(my_aov)) mc <- glht (my_lm, linfct = mcp(Species = " Tukey ") summary(mc) plot (mc)	multcomp	
Comparaisons au Témoin			
Test de Dunnett	mc <- glht (my_lm, linfct = mcp(Species = " Dunnet ") summary(mc) plot(mc)	multcomp	

7.2 Méthodes non paramétriques

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	H_0 : les k moyennes sont égales H_1 : au moins 2 moyennes sont différentes si $pval < 0.05$ alors au moins 2 moyennes sont différentes si $pval > 0.05$ alors les k moyennes sont égales		
Test de Kruskal-Wallis	kruskal.test (Sepal.Length ~ Species, data=iris)	stats	Test de Kruskal-Wallis
<u>Comparaisons multiples après Kruskal-Wallis</u>			
Comparaisons 2 à 2	pairwise.t.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Species, "holm")	stats	ajustement des pval selon "Holm" Options dispo: "bonferroni", "holm", "hochberg", "hommel", "BH", "fdr", "BY" "none" (cf. ?p.adjust)
Toutes les comparaisons des moyennes à la moyenne du témoin	recopier les pvalues d'intérêt à partir de pairwise.wilcox.test sans correction (method="none") pairwise.wilcox.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Species, "none") my_pval <- c(5.9e-07 ,8.3e-14) my_pval_ajust <- p.adjust (my_pval, "holm")		

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
<u>FONCTIONS UTILES</u>			
Changer la modalité référence pour l'ANOVA ou le test de Dunnett	iris\$Species <- relevel (iris\$Species, ref = "virginica")		
Calculer l'intervalle de confiance d'une moyenne par bootstrap			
Globalement	slipper_ci (iris, mean(Sepal.Length), B=1000, lower=0.025, upper=0.975)	tidyverse,	slipper
Par groupe	iris %>% filter (Species=="setosa") %>% slipper_ci (mean(Sepal.Length), B=100, lower=0.025, upper=0.975)		

8. FONCTIONS UTILES AUTOUR DES POURCENTAGES

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
TABLE DE CONTINGENCE	<code>table</code> (Melanoma\$sex, Melanoma\$ulcer)	base	Melanoma est un dataset du package MASS
	ou <code>xtabs</code> (~ Melanoma\$sex + Melanoma\$ulcer)	stats	
CALCUL DE POURCENTAGES			
pourcentages globaux	TC <- <code>table</code> (Melanoma\$sex, Melanoma\$ulcer) <code>prop.table</code> (TC)	base	
pourcentages par ligne	<code>prop.table</code> (TC,1)	base	
pourcentages par colonne	<code>prop.table</code> (TC,2)	base	
CALCUL DE L'INTERVALLE DE CONFIANCE D'UN POURCENTAGE	<code>prop.test</code> (90, 90+115)\$ <code>conf.int</code>	stats	<code>prop.test</code> (succes, nb_Total)\$ <code>conf.int</code>

9. COMPARAISON D'UN POURCENTAGE A UN POURCENTAGE THEORIQUE

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	<i>H0 : le pourcentage est égal au pourcentage théorique</i> <i>H1 : les deux pourcentages sont différents</i> <i>si pval < 0.05 alors les 2 pourcentages sont différents</i> <i>si pval > 0.05 alors les 2 pourcentages sont égaux</i>		
ici p théorique=0.5	binom.test (55,100,0.5) ou binom.test (c (55,45),0.5)	stats	binom.test (Nb_succès, Nb Total, proba_théorique) ou : binom.test c (Nb_succès , Nb_echecs), proba_theorique)

10. COMPARAISON DE DEUX POURCENTAGES

10.1 Echantillons indépendants

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	<i>H0 : les deux pourcentages sont égaux</i> <i>H1 : les deux pourcentages sont égaux</i> <i>si pval < 0.05 alors les pourcentages sont différents</i> <i>si pval > 0.05 alors les pourcentages sont égaux</i>		
Test du Chi2	TC <- table (Melanoma\$sex, Melanoma\$ulcer) chisq.test (TC, correct = FALSE)	stats	Affiche le warning suivant si au moins un effectif calculé est autre syntaxe : prop.test (TC) la correction de continuité est l'option par défaut
Test du Chi2 avec <u>correction de continuité</u>	chisq.test (TC)		à utiliser si au moins un effectif calculé est <5
Test de Fisher	fisher.test (TC)		

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
<u>COMPARAISONS MULTIPLES</u>			
Comparaisons multiples (toutes les comparaisons 2 à 2)	pairwise.prop.test (TC, "holm")	stats	Options dispo: "bonferroni" ,"holm","hochberg","hommel","BH","fdr", "BY" "none"
	pairwise.fisher.test (TC, "holm")	stats	

10.2 Echantillons appariés

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	H_0 : les deux pourcentages sont égaux H_1 : les deux pourcentages sont égaux si $pval < 0.05$ alors les pourcentages sont différents si $pval > 0.05$ alors les pourcentages sont égaux		
Test du Chi2 de Mac Nemar <u>avec correction de continuité</u>	<pre>TC <- matrix(c(794, 86, 150, 570), nrow = 2, dimnames = list("Test1" = c("ok", "pas_ok"), "Test2" = c("ok", "pas_ok"))) mcnemar.test (TC)</pre>	stats	la correction de continuité est l'option par défaut. A utiliser si au moins un effectif calculé est <5
Test du Chi2 de Mac	<code>mcnemar.test (TC, correct=FALSE)</code>	stats	

11. COMPARAISON DE K POURCENTAGES (K >2)

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	H_0 : les k pourcentages sont égaux H_1 : au moins deux pourcentages sont différents si $pval < 0.05$ alors les pourcentages sont différents si $pval > 0.05$ alors les pourcentages sont égaux		
Test du Chi2	TC <- table (Melanoma\$sex, Melanoma\$ulcer) chisq.test (TC, correct = FALSE)	stats	Affiche le warning suivant si au moins un effectif calculé est <5 : "In chisq.test (my.mat) : l'approximation du Chi-2 est peut-être incorrecte" autre syntaxe : prop.test (TC)
Test du Chi2 avec correction de continuité	chisq.test (TC)		à utiliser si au moins un effectif calculé est <5
Test de Fisher	fisher.test (TC)		à utiliser si au moins un effectif calculé est <5
<u>COMPARAISONS MULTIPLES</u>			
Comparaisons multiples (toutes les comparaisons 2 à 2)	pairwise.prop.test (TC, "holm")		Options dispo: "bonferroni" , "holm", "hochberg", "hommel", "BH", "fdr", "BY" "none"
ou	pairwise.fisher.test (TC, "holm")		

<i>Méthode</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Infos complémentaires</i>
Comparaisons multiples (toutes les comparaisons au témoin)	<pre>pairwise.prop.test (TC, "none") my_pval <- c(1.6e-06 , 0.42) my_pval_ajust <- p.adjust (my_pval, "holm") my_pval_ajust</pre>	stats	

12. COMPARAISON DE K POURCENTAGES AVEC HYPOTHESE D'ORDRE ($P_1 < \dots < P_K$)

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
	H_0 : les pourcentages sont égaux ($p_1 = p_2 = \dots = p_n$) H_1 : les pourcentages sont ordonnés ($p_1 \leq p_2 \leq \dots \leq p_j$ ou $p_1 \geq p_2 \geq \dots \geq p_j$ avec au moins une inégalité stricte) si $pval < 0.05$ alors les pourcentages sont globalement ordonnés si $pval > 0.05$ alors les pourcentages sont globalement égaux		
	<pre>succes <- c(90,65,68,10) total <- rep(100,4) prop.trend.test (succes,total)</pre>		

13. CORRELATION

Méthode	Exemple	Package	Infos complémentaires
Evaluation de la relation monotone (Spearman & Kendall) ou linéaire (Pearson) entre deux variables continues	<p>H0 : pas de dépendance monotone/linéaire entre les deux variables</p> <p>H1 : dépendance monotone/linéaire entre les deux variables</p> <p>si $pval < 0.05$ alors il existe une monotone/linéaire entre les deux variables</p> <p>si $pval > 0.05$ alors il n'existe pas de dépendance monotone/linéaire entre les deux variables</p>		
Coefficient de corrélation de Pearson	cor.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Petal.Length , method = " pearson ")	stats	la méthode par défaut ="Pearson"
Coefficient de corrélation de Spearman	cor.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Petal.Length, method = " spearman ")	stats	
Coefficient de corrélation de Kendall	cor.test (iris\$Sepal.Length, iris\$Petal.Length, method = " kendall ")	stats	
Matrices			
Matrice de corrélation selon Pearson	cor (mtcars, method = " pearson ")	stats	

<i>Méthode</i>	<i>Exemple</i>	<i>Package</i>	<i>Infos complémentaires</i>
Matrice de corrélation selon Spearman	cor (mtcars, method = " spearman ")	stats	
Matrice de corrélation selon Kendall	cor (mtcars, method=" kendall ")	stats	
Matrice de variance covariance	cov (mtcars)		
<u>Test d'autocorrélation sur les résidus</u>	<p>H0 : les résidus ne sont pas auto-corrélées</p> <p>H1 : les résidus sont auto-corrélées</p> <p>si pval < 0.05 alors il existe une auto-corrélation</p> <p>si pval > 0.05 alors il n'existe pas d'auto-corrélation</p>		
Test de Durbin-Watson	mod <- lm (Sepal.Length~Petal.Length, data=iris) durbinWatsonTest (mod)	car	

Crédits photos : Lukas