

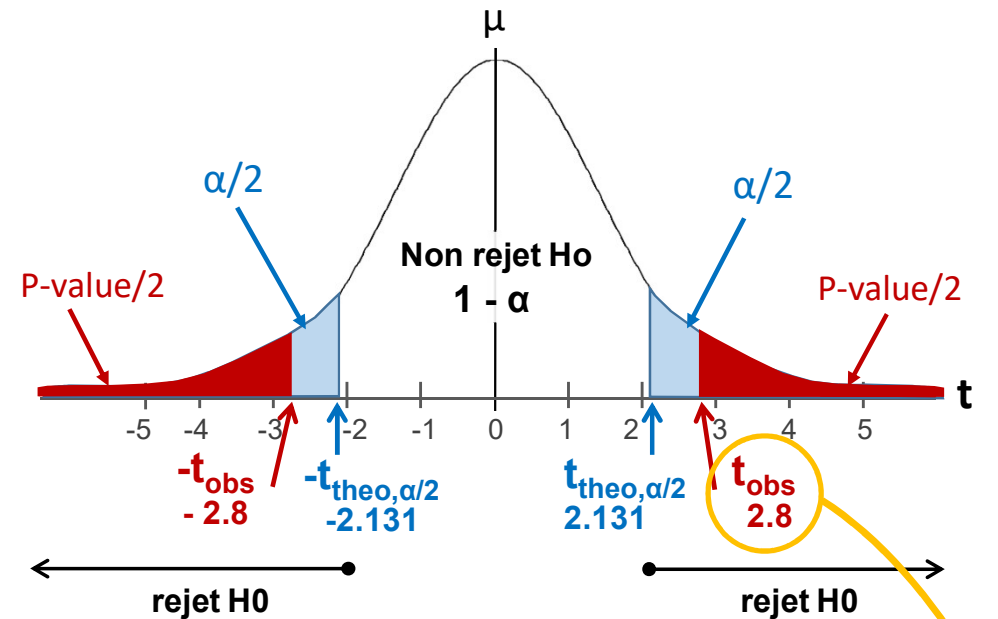
Test de conformité : moyenne observée vs théorique

Comment trouver la p-value ??

On cherche un encadrement pour t_{obs} dans la table de Student (sur la même ligne de ddl).

- $2.602 < t_{obs} = 2.8 < 3.733$
→ correspondant à risque $0.001 < \alpha/2 < 0.01$
- Comme le test est bilatéral, on multiplie par 2
→ $0.002 < \text{p-value} < 0.02$
- p-value (max 0.02) $< \alpha = 0.05$
→ **Rejet H_0** au seuil de 5%, acceptation H_1 .
→ La différence est **significative**.

ddl →



$\alpha/2$ (test bilatéral)

α	0.45	0.3	0.2	0.1	0.05	0.025	0.01	0.001
1	0.158	0.727	1.376	3.078	6.314	12.706	31.821	318.309
14	0.128	0.537	0.868	1.345	1.761	2.145	2.624	3.787
15	0.128	0.536	0.866	1.341	1.753	2.131	2.602	3.733
16	0.128	0.535	0.865	1.337	1.746	2.120	2.583	3.686

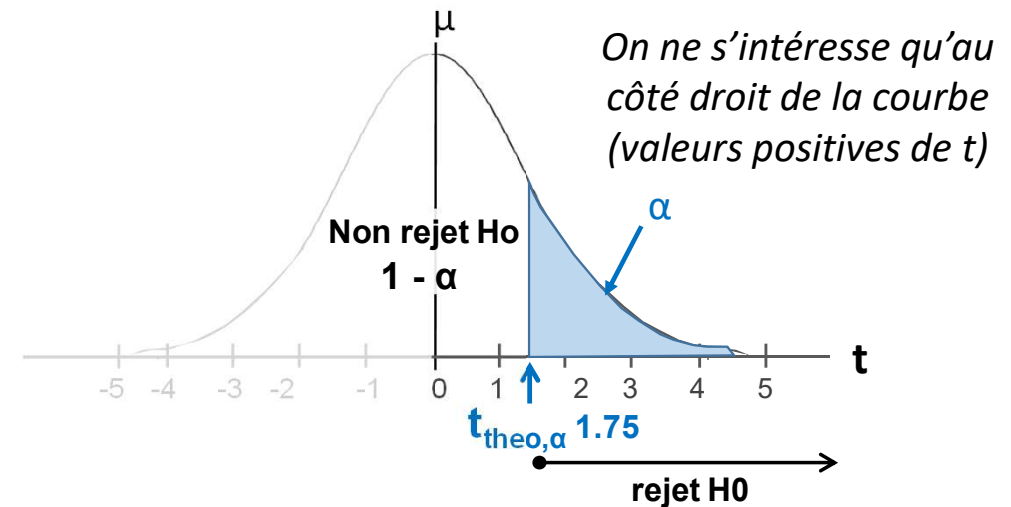
Test de conformité : moyenne observée vs théorique

Et si on avait fait un test unilatéral ??

Test unilatéral à droite :

$$\begin{aligned} H_0 : \bar{x} &= \mu \\ H_1 : \bar{x} &> \mu \end{aligned}$$

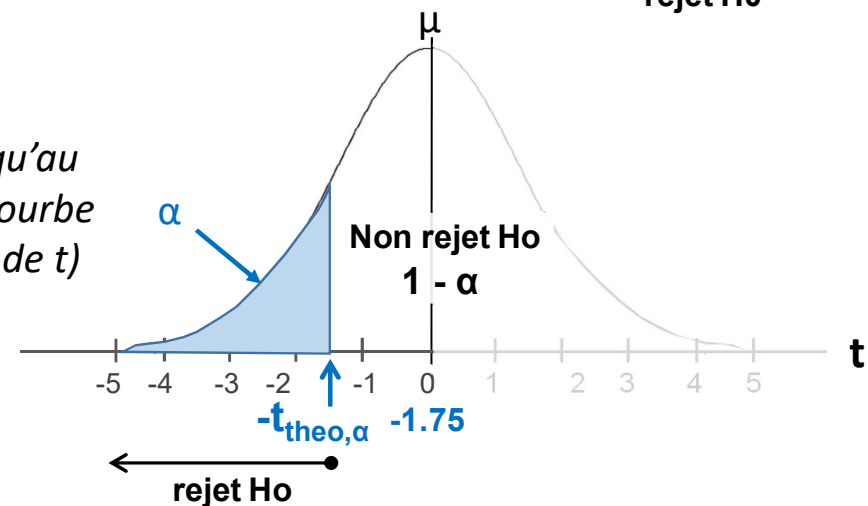
$$St = \frac{\bar{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}}$$



Test unilatéral à gauche :

$$\begin{aligned} H_0 : \bar{x} &= \mu \\ H_1 : \bar{x} &< \mu \end{aligned}$$

On ne s'intéresse qu'au côté gauche de la courbe (valeurs négatives de t)



→ Voir la réalisation de ces tests « à la main » sur Moodle (fin de la vidéo précédente) ←

Effectuer le test sous R

1. Statistiques descriptives :

Code :

```
musaraignes<-c(20, 30, 26, 28, 33, 28, 15,  
18, 32, 33, 32, 29, 24, 35, 34, 23)
```

```
length(musaraignes)
```

→

```
[1] 16
```

```
mean(musaraignes)
```

→

```
[1] 27.5
```

```
var(musaraignes)
```

→

```
[1] 36.4
```

```
sd(musaraignes)
```

→

```
[1] 6.033241
```

Effectuer le test sous R

Code :

Visualisation de la distribution de X : qu'en pensez vous ?

```
hist(musaraignes)
```

Intervalles de classes modifiables avec argument breaks :

```
hist(musaraignes, breaks = seq(10,40,2))
```

Ajouter une ligne verticale rouge pour la moyenne :

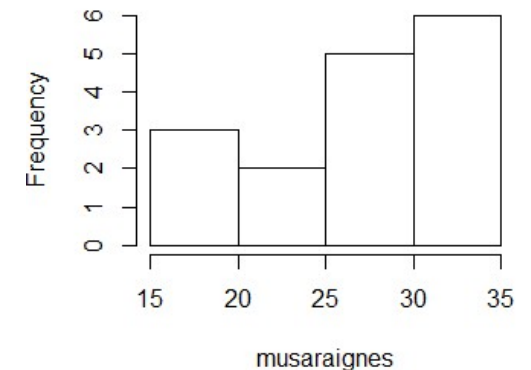
```
abline(v=mean(musaraignes),col="red", lw=3)
```

Ajouter une ligne verticale en pointillés bleue pour la médiane :

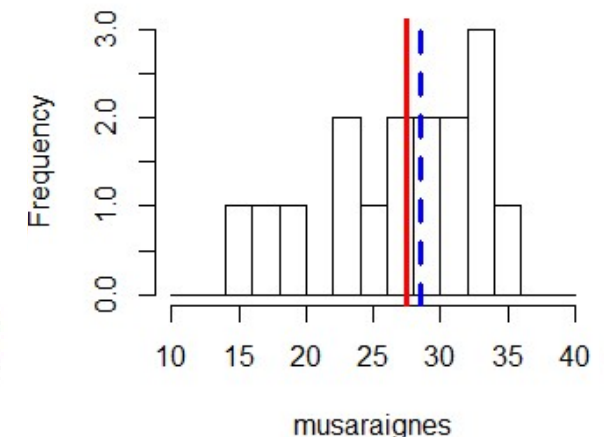
```
abline(v=median(musaraignes),col="blue", lw=3, lty=2)
```

Sorties :

Histogram of musaraignes



Histogram of musaraignes



Effectuer le test sous R

Code :

Visualisation de la distribution de X : qu'en pensez vous ?

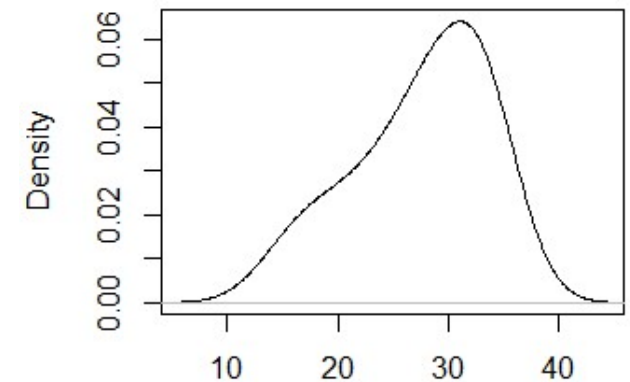
```
plot(density(musaraignes))
```

Estimation non paramétrique de densité par noyau (kernel)
Courbe « lissées » : ne dépend pas du nombre et largeur des classes

```
boxplot(musaraignes,  
        main="Distribution masse (g)")
```

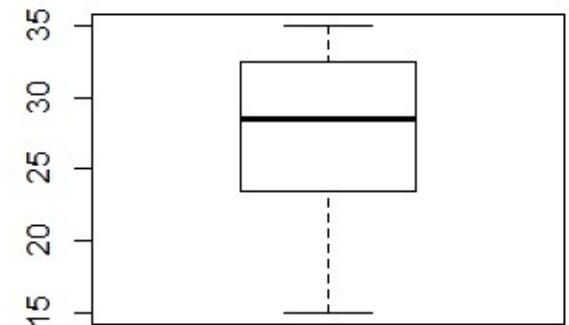
Sorties :

density.default(x = musaraignes)



N = 16 Bandwidth = 3.119

Distribution masse (g)



Effectuer le test sous R

Code :

```
qqnorm(musaraignes); qqline(musaraignes)
```

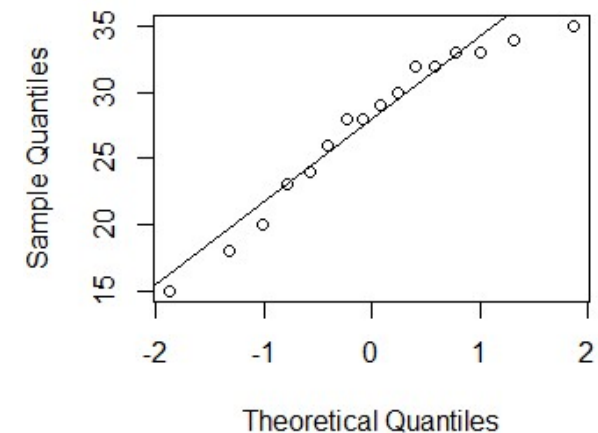
- Si la distribution est parfaitement normale, les points (observations) doivent s'aligner sur la diagonale
... pas toujours facile à interpréter...

```
install.packages("car")  
library(car)  
qqPlot(musaraignes)
```

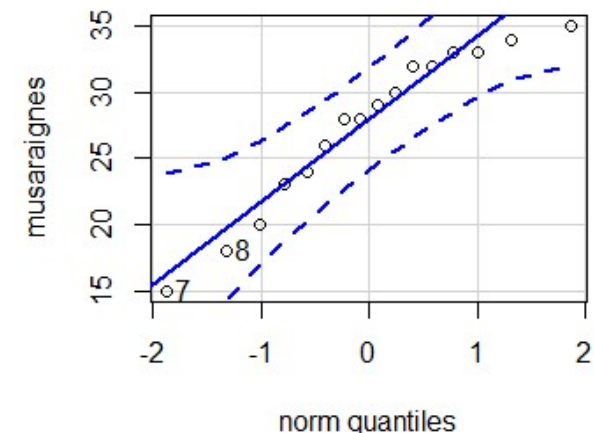
- Les observations ne doivent pas sortir de l'IC à 95%
→ Les points douteux sont signalés par leur numéro (position)

Sorties :

Normal Q-Q Plot



qqPlot avec IC

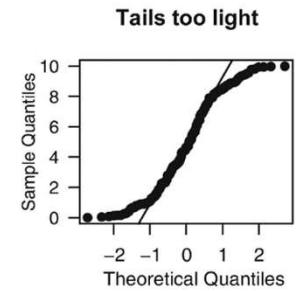
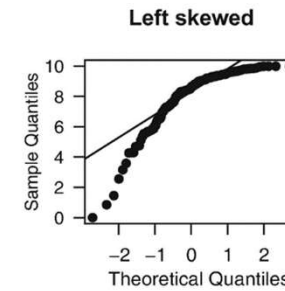
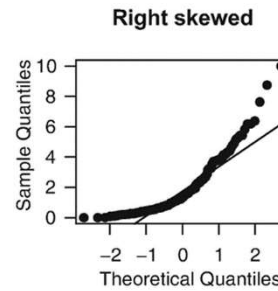




A quel qq-plot ressemble

le notre ?

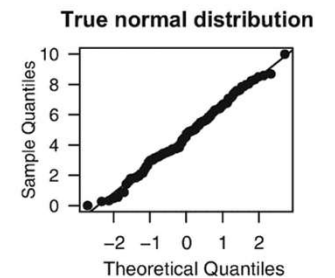
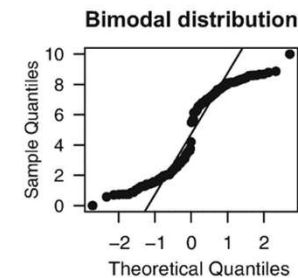
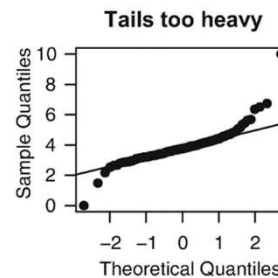
✓ **B**



A

B

C



D

E

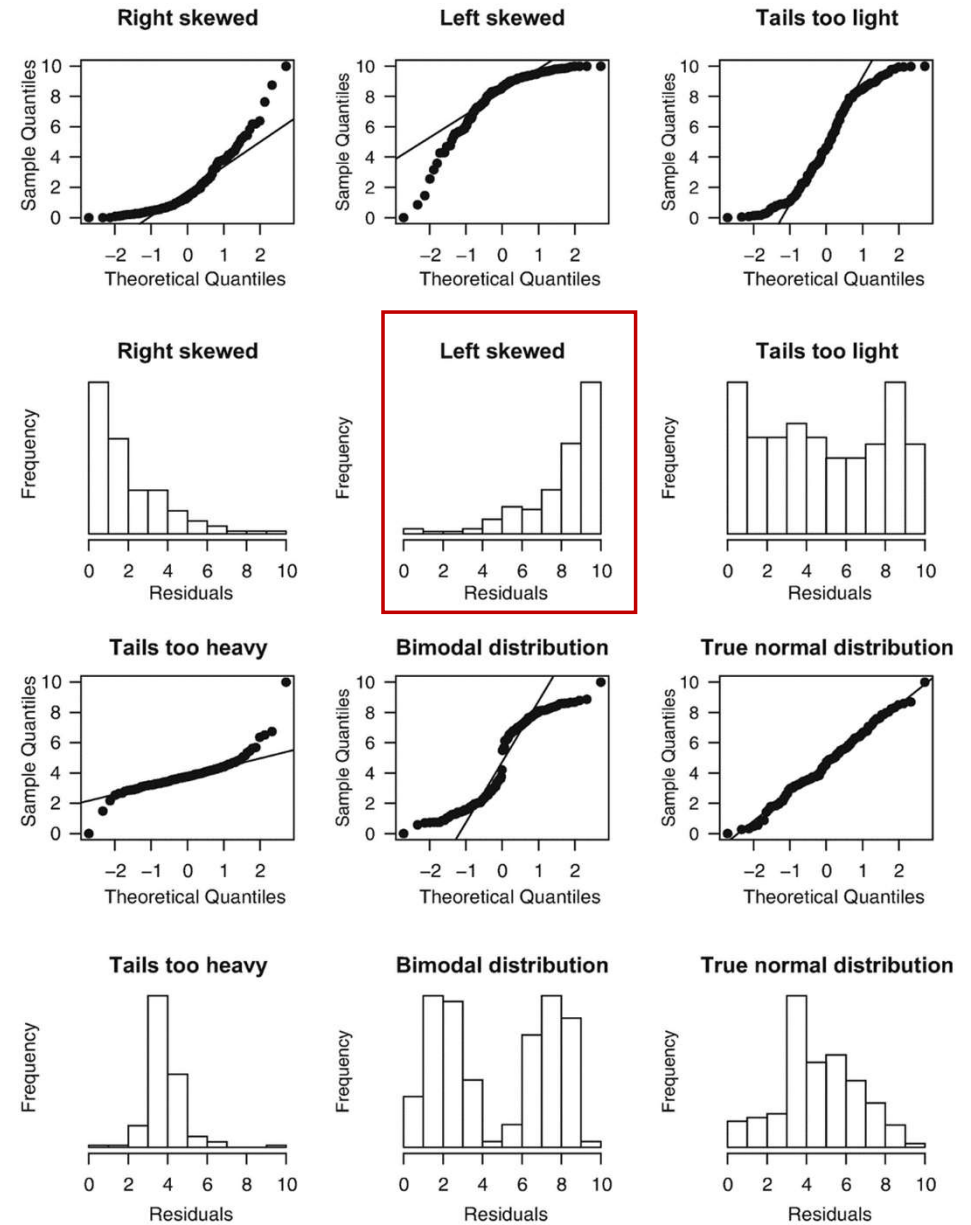
F



A quel qq-plot ressemble

le notre ?

✓ **B**



Effectuer le test sous R

2. Le test statistique :

Code :

```
shapiro.test(musaraignes)
```

Sortie :

```
shapiro-wilk normality test
```

```
data: musaraignes  
W = 0.92652, p-value = 0.2146
```

Mais que test ce test ??

H0 : la distribution de l'échantillon est compatible avec la loi normale

H1 : la distribution de l'échantillon n'est pas compatible avec la loi normale

Que conclure??

A. H0 : ~ Normale ✓ A

B. H1 : pas Normale



Effectuer le test sous R

Code :

```
t.test(musaraignes, mu=23.3, alternative = "two.sided")
```

Pour un test bilatéral
(par défaut)

Sortie :

One sample t-test

```
data: musaraignes
t = 2.7846, df = 15, p-value = 0.01389
alternative hypothesis: true mean is not equal to 23.3
95 percent confidence interval:
 24.28511 30.71489
sample estimates:
mean of x
 27.5
```

t_{obs}

Moyenne
échantillon

p-value

Rappel H_1
testée

Moyenne de référence (23.3) pas incluse dans $IC_{\mu} 95\%$ de
moyenne μ de la population dont est issue l'échantillon.

Effectuer le test sous R

Code :

```
t.test(musaraignes, mu=23.3, alternative = "greater")
```

Pour un test
unilatéral droit

Sortie :

One sample t-test

data: musaraignes

t = 2.7846, df = 15, p-value = 0.006943

alternative hypothesis: true mean is greater than 23.3

95 percent confidence interval:

24.85586 Inf

sample estimates:

mean of x
27.5

t_{obs}

p-value

Rappel H_1
testée

Moyenne
échantillon


Moyenne de référence (23.3) pas incluse dans $Ic_{\mu}95\%$

Effectuer le test sous R

Code :

```
t.test(musaraignes, mu=23.3, alternative = "less")
```

Pour un test
unilatéral gauche



Sortie :

One Sample t-test

```
data: musaraignes  
t = 2.7846, df = 15, p-value = 0.9931  
alternative hypothesis: true mean is less than 23.3  
95 percent confidence interval:  
-Inf 30.14414  
sample estimates:  
mean of x  
27.5
```

Moyenne de référence (23.3) incluse dans $I_{\mu}95\%$



Plan du cours

Partie 4. Les tests sur les différences de moyennes

1. Test de conformité : moyenne observée vs théorique

2. Test d'homogénéité : Comparer les moyennes de plusieurs échantillons

2.1. Comparaison de deux échantillons indépendants

2.1.1. Test paramétrique : t de Student (Welch)

(Comparaison de variances : test F de Fisher)

2.1.2. Test non paramétrique : Wilcoxon -Mann-Whitney

2.3. Comparaison de deux échantillons appariés

2.3.1. Test paramétrique : t de Student apparié

2.3.2. Test non paramétrique : Wilcoxon apparié

2.4. Comparaison de trois échantillons ou plus

2.4.1. Test paramétrique : ANOVA 1 facteur

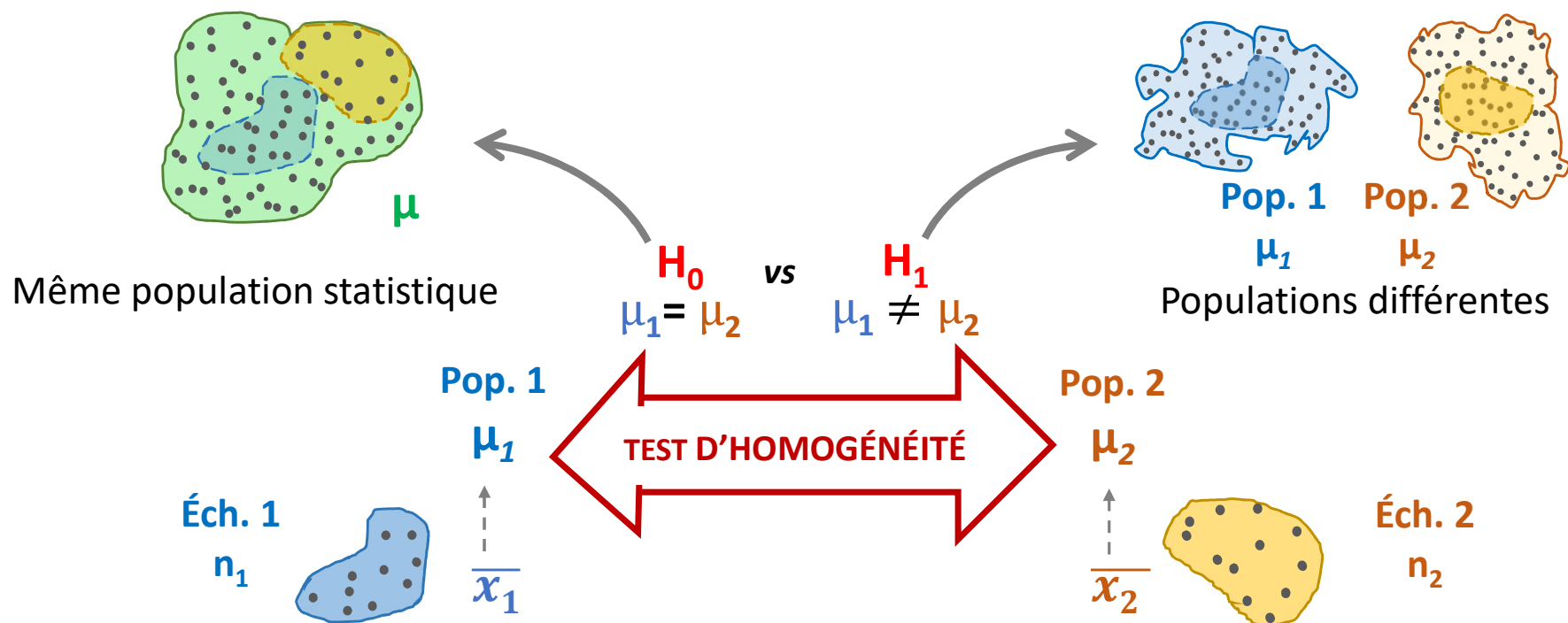
2.4.2. Test non paramétrique : Kruskal-Wallis

Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

Les données :

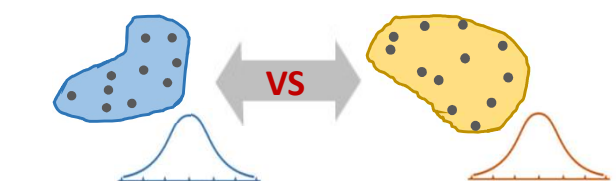
1 VA quantitative X mesurée sur 2 échantillons indépendants (VI qualitative à 2 modalités). Ils sont issus de 2 populations dont on estime les moyennes (μ_1, μ_2) et variances (σ_1^2, σ_2^2).

Principe : On calcule une différence entre les moyennes pour trancher entre 2 hypothèses.



Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

Comme pour le calcul de l'intervalle de confiance, on distingue globalement **deux cas** :

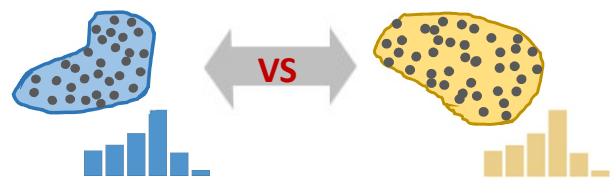


Petits ($n_1 \leq 30$ et/ou $n_2 \leq 30$),
Distri. \sim loi Normale



Cas 1 :

Approximation par
les lois de Student :
Test t de Student



Grands ($n_1 > 30$ et $n_2 > 30$),
Distri. quelconque



Cas 2 :

Approximation par la
loi Normale CR (TLC) :
Test Z

On ne **détaillera que** le cas du test
de **Student** car :

- La statistique t tend vers Z pour les grands échantillons (TLC)
- R fait automatiquement la correction via la fonction `t.test()`

Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

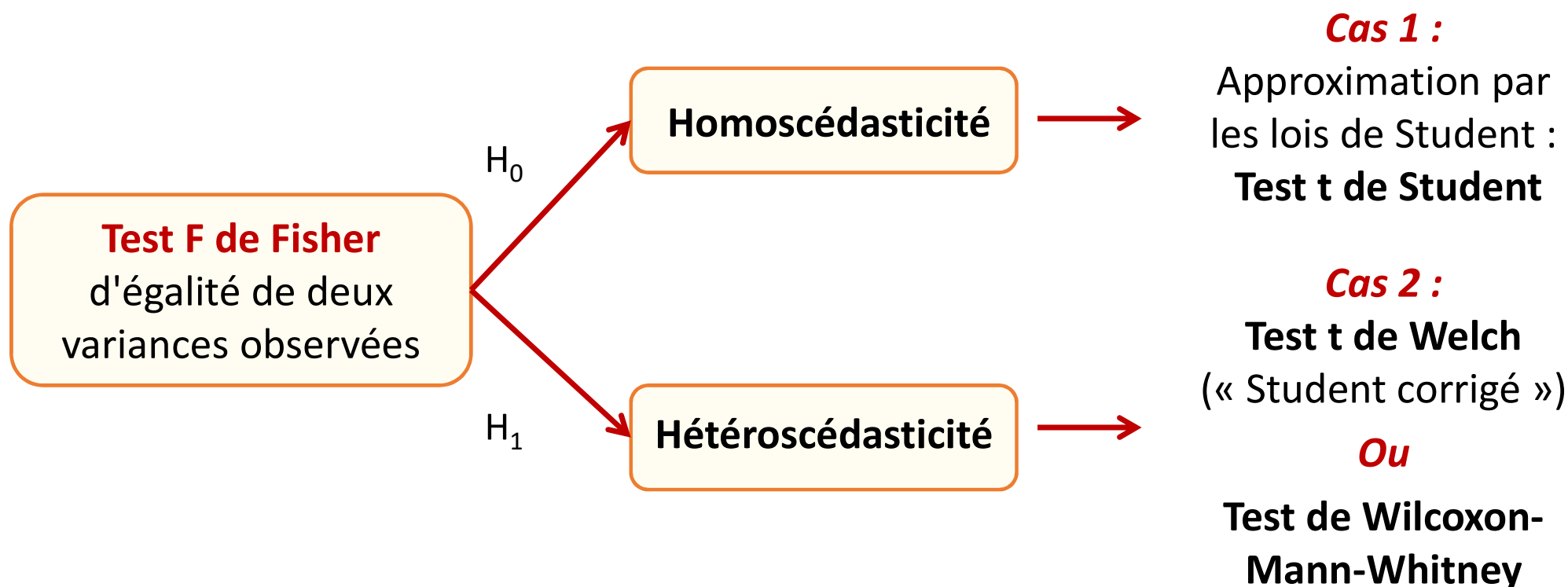
Conditions d'application : (vérifier avant de réaliser le test !)

- **Indépendance** des observations au sein des échantillons (par opposition à appariés)
(mesure de X sur des individus \neq et sans liens, effectifs éch1 et éch2 pas forcément égaux)
- **Normalité** distribution de X_1 et X_2 dans les 2 échantillons (graphique + test Shapiro-Wilk)
→ Peut s'en affranchir si les échantillons sont grands ($n_1 > 30$ **et** $n_2 > 30$) (TLC)
- **Homoscédasticité** = égalité des variances des 2 échantillons (test Fisher)
→ Peut s'en affranchir si les les tailles des échantillons sont voisines ($n_1 \approx n_2$)

Si au moins 1 des 2 échantillons est trop petit ($n_1 \leq 30$ ou $n_2 \leq 30$) **et** que la variable étudiée ne suit pas la loi Normale → approche non-paramétrique.

Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

Avant tout, il faut vérifier la condition d'Homoscédasticité = « égalité » des variances:



(Comparaison de variances)

Pourquoi comparer des variances ?

Homoscédasticité : condition nécessaire à la réalisation d'un bon nombre de tests...

→ La différence entre S_1^{2*} et S_2^{2*} est elle significative ou bien s'explique-t-elle par les fluctuations d'échantillonnage?

Test F de Fisher

Pour **2 échantillons** seulement

Test Bartlett (ou Levene)

Pour **> 2 échantillons**

 Ces tests sont très **sensibles à l'hypothèse de Normalité**, valide que si :

- Les échantillons sont grands (≥ 30)
- Au moins 1 des échantillons est petit (< 30) mais de distribution Normale

Test Fligner-Killeen

Option **non paramétrique** pour ≥ 2 échantillons

(Comparaison de variances – Test F de Fisher)

Objectif : comparer le rapport des 2 variances estimées (S_2^{2*} et S_1^{2*}) avec la loi de Fisher.

Ce rapport est supposé égal à 1 sous H_0 (cad si les variances sont égales).

Hypothèses :

$$H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 \rightarrow \sigma_1^2 / \sigma_2^2 = 1$$

$$H_1 : \sigma_1^2 \neq \sigma_2^2 \rightarrow \sigma_1^2 / \sigma_2^2 \neq 1$$

Généralement en bilatéral.

Statistique de test :

$$F = \frac{\max(S_1^{2*}, S_2^{2*})}{\min(S_1^{2*}, S_2^{2*})}$$

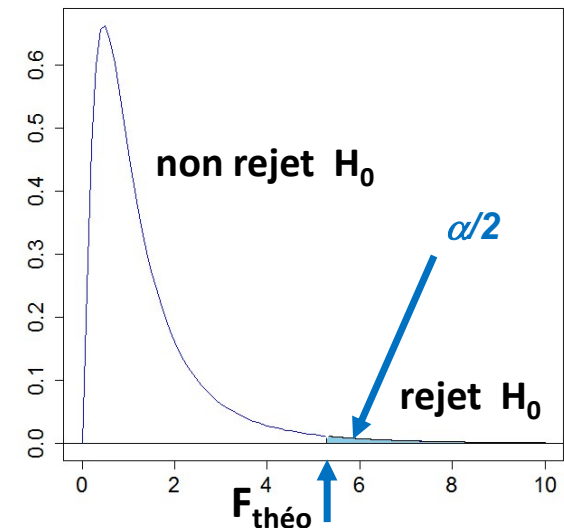
*Variance max en numérateur
car loi de Fisher pas symétrique!*

- Valeur critique $F_{théo}$ → **Table Fisher**, ddl = ($n_{S^2_{max}} - 1, n_{S^2_{min}} - 1$)
- Comparaison de F_{obs} à la distribution de F sous H_0 .

Règle de décision :

Si $F_{obs} \geq F_{théo}$ ou p-value < seuil α fixé

➔ Rejet de H_0 (Homoscédasticité) et on accepte H_1 (Hétéroscédasticité)



Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

Cas 1 : homoscedasticité non rejetée → Approximation par les lois de Student (Test t)

Hypothèses :

$$\begin{aligned} H_0 : \bar{x}_1 &= \bar{x}_2 \\ H_1 : \bar{x}_1 &\neq \bar{x}_2 \end{aligned}$$

Statistique de test :

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\hat{\sigma}^2 \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}}$$

Calcul de la **variance commune** $\hat{\sigma}^2$:

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{(n_1 - 1)s_1^{2*} + (n_2 - 1)s_2^{2*}}{n_1 + n_2 - 2}$$

- Valeur critique $t_{\text{théo}}$ → **table de Student**, ddl = $n_1 + n_2 - 2$ → borne(s) de (non)rejet de H_0 .
- Calculer t_{obs} à partir des observations et comparaison à la distribution de t sous H_0 .

Règle de décision : Si $|t_{\text{obs}}| \geq |t_{\text{théo}}|$ ou p-value $< \alpha$ ➔ Rejet de H_0 et on accepte H_1 .

Comparaison deux échantillons indépendants - Paramétrique

Application :

On dispose de deux échantillons (mâles vs. femelles) de souris des cactus (*Peromyscus eremicus*) dont on a mesuré la masse (g) chez des adultes.



Femelles : 31, 25, 29, 30, 31, 28, 31, 29, 29, 33, 30, 28

Mâles : 28, 29, 30, 29, 27, 26, 27, 28, 25, 28

Peut-on déceler, avec un risque d'erreur α de 5%, une différence de la moyenne du poids (g) chez l'individu adulte entre mâles et femelles ?

→ Voir la réalisation du test « à la main » en vidéo sur Moodle ←

Effectuer le test sous R

Etape 1 : Créer le jeu de données (data frame)

Code :

```
Fem<-c(31, 25, 29, 30, 31, 28, 31, 29, 29, 33, 30, 28)
Mal<-c(28, 29, 30, 29, 27, 26, 27, 28, 25, 28)

n_Fem<-length(Fem)
n_Mal<-length(Mal)

Sexe<-c(rep("F",12),rep("M",10))

souris<-data.frame(c(Fem,Mal),Sexe)
souris$Sexe<-as.factor(souris$Sexe)
names(souris)<-c("Masse","Sexe")

str(souris)
View(souris)
```

Sorties :

```
> n_Fem
[1] 12
> n_Mal
[1] 10
```

	Masse	Sexe
1	31	F
2	25	F
3	29	F
4	30	F
5	31	F
6	28	F
7	31	F
8	29	F
9	29	F
10	33	F
11	30	F
12	28	F
13	28	M

(...)

Facteur à « k » modalités :
échantillons à comparer (F=1, M=2) → 'data.frame': 22 obs. of 2 variables:
\$ Masse: num 31 25 29 30 31 28 31 29 29 33 ...
\$ Sexe : Factor w/ 2 levels "F","M": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...

Effectuer le test sous R

Etape 2 : Quelques stat descriptives

Code :

```
xbarre_Fem<-mean(souris$Masse[souris$Sexe=="F"])
xbarre_Fem<-mean(subset(souris$Masse,Sexe=="F"))
xbarre_Mal<-mean(subset(souris$Masse,Sexe=="M"))
```

*Equivalents
(voir TP)*

```
var_Fem<-var(subset(souris$Masse,Sexe=="F"))
var_Mal<-var(subset(souris$Masse,Sexe=="M"))
```

```
sd_Fem<-sd(subset(souris$Masse,Sexe=="F"))
sd_Mal<-sd(subset(souris$Masse,Sexe=="M"))
```

Sorties :

```
> xbarre_Fem
[1] 29.5
> xbarre_Mal
[1] 27.7
```

```
> var_Fem
[1] 4.090909
> var_Mal
[1] 2.233333
```

```
> sd_Fem
[1] 2.0226
> sd_Mal
[1] 1.494434
```