

Initiation à R

Brigitte SCHAEFFER¹ et Sophie SCHBATH²

¹ INRA-Jouy, Unité Mathématique et Informatique Appliquées

² INRA-Jouy, Unité Mathématique, Informatique & Génome

Mars 2014

Table des matières

1	Introduction	3
1.1	Historique	3
1.2	Environnement	3
1.3	Quelques fonctions utiles	4
1.4	Le système d'aide	4
2	Langage de programmation	7
2.1	Les données	7
2.1.1	Caractéristiques d'un objet	7
2.1.2	Créer des objets	9
2.1.3	Convertir un objet	14
2.1.4	Lister et supprimer des objets en mémoire	14
2.1.5	Générer des données	15
2.1.6	Accéder aux valeurs d'un objet	17
2.2	Opérateurs et calcul arithmétique	23
2.2.1	Opérateurs arithmétiques	23
2.2.2	Opérateurs de comparaison	24
2.2.3	Opérateurs logiques	25
2.2.4	Fonctions mathématiques simples	25
2.2.5	Calcul matriciel	26
2.3	Entrées et sorties	26
2.3.1	Lire des données dans un fichier	26
2.3.2	Afficher des résultats	29
2.3.3	Sauvegarder des données	30
2.4	Programmation	30
2.4.1	Boucles	30
2.4.2	Tests	31
2.4.3	Vectorisation	32
2.4.4	Écrire une fonction	32
2.4.5	Écrire un programme	33
3	Graphiques	34
3.1	Graphe 2D	34
3.1.1	Nuage de points	34
3.1.2	Courbe	37

3.2	Histogramme	38
3.3	Boxplot	40
3.4	Fonctions graphiques secondaires	41
3.5	Paramètres graphiques	41
3.6	Périphériques graphiques	42
4	Quelques analyses statistiques	44
4.1	Statistiques descriptives	45
4.1.1	Analyse en Composantes Principales (ACP)	45
4.1.2	Classification	49
4.2	Statistiques inférentielles	55
4.2.1	La régression linéaire	55
4.2.2	L'analyse de variance	57

Chapitre 1

Introduction

1.1 Historique

R est un logiciel libre basé sur le langage de programmation S, langage inventé chez AT & T Bell Laboratories par John Chambers et ses collègues (Becker et al., 1988). L'approche S est vite devenue très populaire dans les milieux académiques du fait de son caractère interactif et flexible. En effet, les utilisateurs peuvent implémenter leurs propres techniques et les diffuser sous forme de bibliothèques. Ainsi, il existe un très grand nombre de bibliothèques, disponibles sur Statlib, un système de distribution de logiciels statistiques (<http://lib.stat.cmu.edu/S/>).

A l'origine, S n'existait pas sous MacIntosh. Or Robert Gentleman et Ross Ihaka à l'Université d'Auckland en Nouvelle Zélande, étaient équipés de Mac. Ils décidèrent alors, au début des années 1990, d'initier un projet pour fournir un "environnement statistique" à leur laboratoire. Comme ils connaissaient S, ils choisirent d'implémenter une syntaxe à la S, et déposèrent leur logiciel sur Statlib. Puis en 1995, R est devenu un logiciel libre, imposant que toute modification reste dans le domaine du libre. R s'est depuis, largement développé, sans doute du fait d'Internet qui a permis à des personnes géographiquement dispersées de collaborer et d'y apporter des améliorations.

1.2 Environnement

R est distribué librement sous les termes de la *GNU, General Public Licence* ; son développement et sa distribution sont assurés par plusieurs statisticiens rassemblés dans le *R Development Core Team* (<http://www.r-project.org/>).

R est écrit principalement en C et parfois en Fortran. Pour les machines Windows, Linux et Macintosh, R est disponible sous forme d'exécutables précompilés. Pour télécharger une version du logiciel, il faut passer par CRAN (*Comprehensive R Archive Network*), un réseau mondial de sites miroirs qui stockent de façon identique les différentes versions, les mises à jour, les bibliothèques et la documentation. Afin d'optimiser le chargement, on choisit généralement le site miroir le plus près de chez soi. En France, il existe 2 sites, l'un à Toulouse, <http://cran.fr.r-project.org/> et l'autre à Paris <http://cran.miroir-francais.fr/>.

Une fois R installé, il suffit de lancer le programme correspondant (typiquement en tapant **R** sous Unix/Linux). Deux fichiers **.Rhistory** et **.RData** sont alors automatiquement créés dans le répertoire courant, et le symbole **>** apparaît indiquant que R est prêt.

Comme on va le voir, R travaille avec des données et des fonctions qui permettent de manipuler ces données. Plusieurs bibliothèques de fonctions sont installées par défaut (**base**, **graphics**, **stats**, etc...). Pour utiliser des bibliothèques spécifiques, à condition que celles-ci aient été chargées, il est nécessaire de les appeler en utilisant la commande **library**. Par exemple, les fonctions de classification développées par Rousseeuw et ses collaborateurs sont contenues dans la bibliothèque **cluster**. Pour les utiliser, il faut donc appeler cette bibliothèque :

```
> library(cluster)
```

Si la bibliothèque appelée n'est pas chargée sur votre machine, R retourne un message d'erreur. Par exemple, si on appelle la bibliothèque "actuar" qui n'est pas chargée, on obtient :

```
Erreur dans library(actuar) : aucun package nommé 'actuar' n'est trouvé
```

La liste de toutes les bibliothèques existantes est accessible sur le site du CRAN sous la rubrique **packages**.

1.3 Quelques fonctions utiles

- **getwd()** permet de connaître le répertoire dans lequel on travaille.
- **dir()** permet de connaître le contenu du répertoire de travail.
- **setwd("repertoire")** permet de changer de répertoire de travail.
- **source("script.r")** exécute un fichier script.
- **save(monobjet, file="monobjet.rdata")** permet de sauver l'objet **monobjet** sous le format R. Il est aussi possible de sauver plusieurs objets dans le même fichier. Par exemple : **save(objet1, objet2, file="mesobjets.rdata")**.
- **load("mesobjets.rdata")** permet de recharger des objets sauvegardés au cours d'une session précédente.
- **write.table(montableau, file="montableau.txt")** permet de sauvegarder le tableau de données **montableau** sous un format **.txt**.

Noter que l'appel à une fonction se fait toujours sous la forme *fonction(arguments, options)* et que les parenthèses sont indispensables même sans arguments ni options.

Pour quitter R, il faut utiliser la commande **q()**. R pose alors la question :

```
Save workspace image? [y/n/c]:
```

Si vous répondez **y**, R sauvegarde le fichier **.RData**, qui contient tous les objets créés au cours de la session. Si vous répondez **n**, ces objets sont perdus. Pour continuer la session, il faut répondre par la lettre **c**.

L'historique des commandes est conservé automatiquement dans le fichier **.Rhistory**.

1.4 Le système d'aide

Il existe une aide directement disponible dans R : on y accède en utilisant le **?** suivi du nom de la fonction, ou bien **help(nom.fonction)**. Si la fonction appartient à une bibliothèque particulière, il faut que celle-ci soit chargée.

En réponse à cette commande d'aide, le logiciel affiche une page comportant :

- le nom de la fonction et le nom de la bibliothèque à laquelle elle appartient,
- le titre de la fonction,
- une brève description de la fonction et de son utilisation,
- une description détaillée des arguments de la fonction, et du type d’objet qu’elle retourne,
- des références, des liens vers des fonctions similaires et des exemples.

Nous pouvons, par exemple, obtenir la documentation de la fonction “mean” avec la commande :

```
> help(mean)
```

Cette commande ouvre la page suivante :

```
mean                package:base                R Documentation
```

```
Arithmetic Mean
```

```
Description:
```

```
Generic function for the (trimmed) arithmetic mean.
```

```
Usage:
```

```
mean(x, ...)
```

```
## Default S3 method:
```

```
mean(x, trim = 0, na.rm = FALSE, ...)
```

```
Arguments:
```

```
x: An R object. Currently there are methods for numeric data frames, numeric vectors and dates. A complex vector is allowed for 'trim = 0', only.
```

```
trim: the fraction (0 to 0.5) of observations to be trimmed from each end of 'x' before the mean is computed.
```

```
na.rm: a logical value indicating whether 'NA' values should be stripped before the computation proceeds.
```

```
...: further arguments passed to or from other methods.
```

```
Value:
```

```
For a data frame, a named vector with the appropriate method being applied column by column.
```

```
If 'trim' is zero (the default), the arithmetic mean of the values
```

in 'x' is computed, as a numeric or complex vector of length one. If any argument is not logical (coerced to numeric), integer, numeric or complex, 'NA' is returned, with a warning.

If 'trim' is non-zero, a symmetrically trimmed mean is computed with a fraction of 'trim' observations deleted from each end before the mean is computed.

References:

Becker, R. A., Chambers, J. M. and Wilks, A. R. (1988) *The New S Language*. Wadsworth & Brooks/Cole.

See Also:

'weighted.mean', 'mean.POSIXct'

Examples:

```
x <- c(0:10, 50)
xm <- mean(x)
c(xm, mean(x, trim = 0.10))

mean(USArrests, trim = 0.2)
```

Il existe également une aide au format html permettant l'utilisation d'un moteur de recherche; on y accède en utilisant `help.start()` qui ouvre la page d'accueil de l'aide de R, dans la fenêtre d'un navigateur interne.

Il existe aussi des commandes permettant une investigation de la documentation à partir de mots-clés :

- la fonction `apropos("keyword")` retourne la liste de toutes les fonctions qui contiennent dans leur nom, le mot-clé recherché.
- la fonction `help.search("keyword")` retourne la liste de toutes les fonctions qui contiennent dans leur nom ou dans leur titre, le mot-clé recherché.

La fonction `args` donne en général la liste des arguments d'une fonction. Par exemple :

```
> args(sort)
```

```
function (x, decreasing = FALSE, ...)
NULL
```

Un conseil : ne pas hésiter à consulter l'aide d'une fonction la première fois qu'on l'utilise car on peut y découvrir des options intéressantes.

Chapitre 2

Langage de programmation

R est un langage interprété et non compilé, autrement dit les commandes tapées au clavier sont directement exécutées lorsque l'on appuie sur la touche "Entrée". On pourra soit taper une commande par ligne, soit taper plusieurs commandes séparées par le symbole ';' sur une même ligne. Une commande peut s'écrire sur plusieurs lignes, auquel cas R matérialise le début de la 2ème ligne d'instructions par le symbole '+'.

R est un langage simple et intuitif dans lequel chaque chose est un objet. Utiliser R revient donc à créer et manipuler des objets. On distingue deux types d'objets, les données et les fonctions.

2.1 Les données

Les données se caractérisent par un type (scalaire, vecteur, tableau, ...), un mode (numérique, caractère, logique), une taille, une valeur et un nom.

2.1.1 Caractéristiques d'un objet

Type Les données manipulées par R peuvent être de différents types :

- vecteur : suite d'éléments (une dimension),
- tableau : tableau à k dimensions,
- matrice : tableau à 2 dimensions,
- facteur : suite d'éléments catégoriels avec les différents niveaux possibles,
- tableau de données : ensemble de vecteurs de même longueur,
- séries temporelles : jeu de données de type séries temporelles (avec fréquence, dates),
- liste : liste d'objets.

Mode Les éléments stockés dans un objet peuvent être de 4 modes différents :

- numérique,
- caractère (entre guillemets),
- complexe,
- logique (**TRUE** ou **FALSE**),

Pour connaître le mode d'un objet **x**, on utilise la fonction **mode** :

```
> x<-0
> mode(x)
```

```
[1] "numeric"
```

```
> titre<-"coucou"
> mode(titre)
```

```
[1] "character"
```

Seuls les tableaux de données et les listes peuvent contenir des éléments de modes différents.

Taille La taille d'un objet est le nombre d'éléments qu'il contient. Elle s'obtient à l'aide de la fonction `length` :

```
> length(x)
```

```
[1] 1
```

Nom Le nom d'un objet doit obligatoirement commencer par une lettre et ne peut comporter que des lettres, des chiffres, des espaces soulignés et des points.

Valeur Quelque soit le mode, une valeur manquante est représentée par `NA`.

Voici quelques remarques sur les valeurs numériques.

– R représente correctement les valeurs infinies avec `Inf` et `-Inf` :

```
> x<-0
> 1/x
```

```
[1] Inf
```

– ainsi que les valeurs qui ne sont pas des nombres avec `NaN` :

```
> y<-1/0
> y-y
```

```
[1] NaN
```

– La notation exponentielle est utilisée pour les grandes valeurs :

```
> x<- 100 * 5.3e12
> x
```

```
[1] 5.3e+14
```

```
> 1/x
```

```
[1] 1.886792e-15
```

2.1.2 Créer des objets

L'opérateur d'assignation `<-` est une façon implicite de créer un objet ; le mode et le type de l'objet sont en effet automatiquement déterminés.

```
> x<-2
> y<-x
> y
```

```
[1] 2
```

Création d'un vecteur L'opérateur d'assemblage `c()` est aussi une façon implicite pour créer un vecteur :

```
> x<-c(1,3,5,7,9)
> x
```

```
[1] 1 3 5 7 9
```

```
> length(x)
```

```
[1] 5
```

```
> y<-c(x,11,13)
> y
```

```
[1] 1 3 5 7 9 11 13
```

La création d'un vecteur pourra aussi être faite via la génération de suites (cf. page 15).

On peut aussi créer un vecteur de façon explicite en spécifiant simplement son mode et sa longueur ; la valeur des éléments du vecteur sera alors initialisée selon le mode : 0 pour numérique, `FALSE` pour logique, `"` pour caractère.

```
> x<-vector(mode="numeric", length=5)
> x
```

```
[1] 0 0 0 0 0
```

```
> y<-vector(mode="logical", length=4)
> y
```

```
[1] FALSE FALSE FALSE FALSE
```

```
> z<-vector(mode="character", length=3)
```

Les éléments du vecteur seront ensuite modifiés en utilisant l'indexation (cf. page 17).

Création d'une matrice Une matrice est créée à l'aide de la fonction `matrix`. On spécifie le nombre de lignes et le nombre de colonnes via les arguments `nrow` et `ncol`, et les valeurs des éléments de la matrice via l'argument (vectoriel) `data`. Par exemple, pour initialiser une matrice (2×3) à 0, on utilisera :

```
> x<-matrix(data=0, nrow=2, ncol=3)
> x
```

```
      [,1] [,2] [,3]
[1,]    0    0    0
[2,]    0    0    0
```

Si l'on veut remplir la matrice avec des valeurs différentes, les valeurs fournies par le vecteur `data` rempliront alors par défaut les colonnes successives :

```
> x<-matrix(data=c(1,2,3,4,5,6), nrow=2, ncol=3)
> x
```

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

Pour remplir la matrice plutôt par ligne, il suffit de spécifier l'argument `byrow=TRUE` :

```
> x<-matrix(data=c(1,2,3,4,5,6), nrow=2, ncol=3, byrow=TRUE)
> x
```

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

On peut aussi rajouter des lignes (fonction `rbind`) ou des colonnes (fonction `cbind`) à une matrice existante (voire concaténer des matrices). Voici un exemple :

```
> cbind(x,c(7,7))
```

```
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    7
[2,]    4    5    6    7
```

```
> rbind(x,c(8,8,8))
```

```
      [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    3
[2,]    4    5    6
[3,]    8    8    8
```

```
> cbind(x,x)
```

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

On a la possibilité d'attribuer des noms aux lignes et aux colonnes d'une matrice via l'option `dimnames` (ces noms doivent être de type *character*).

Pour connaître les dimensions d'une matrice, on peut utiliser séparément les fonctions `nrow` et `ncol`, ou alors la fonction `dim` (la fonction `length` retourne le nombre d'éléments de la matrice :

```
> dim(x)
```

```
[1] 2 3
```

```
> length(x)
```

```
[1] 6
```

Création d'un tableau de données Un tableau de données est une collection de vecteurs de même longueur. On peut créer un tableau de données en utilisant la fonction `data.frame`. Par exemple :

```
> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)
> seq2<-c(0.25,0.35,0.15,0.25)
> df<-data.frame(seq1,seq2)
> df
```

```
  seq1 seq2
1  0.2 0.25
2  0.3 0.35
3  0.4 0.15
4  0.1 0.25
```

On peut affecter un nom de colonne particulier (différent du nom du vecteur) directement à la création du tableau de données :

```
> toto<-c(0.25,0.25,0.4,0.1)
> df<-data.frame(seq1,seq2, seq3=toto)
> df
```

```

seq1 seq2 seq3
1  0.2 0.25 0.25
2  0.3 0.35 0.25
3  0.4 0.15 0.40
4  0.1 0.25 0.10

```

Il est possible de donner des noms aux lignes avec l'option `row.names` qui doit fournir un vecteur de mode caractère et de longueur égale au nombre de lignes du tableau de données. Par exemple, dans l'exemple ci-dessus le tableau de données correspond aux compositions en nucléotides de deux séquences, on pourrait donc écrire :

```

> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)
> seq2<-c(0.25,0.35,0.15,0.25)
> df<-data.frame(seq1,seq2,seq3=toto,row.names=c("A","C","G","T"))
> df

```

```

seq1 seq2 seq3
A  0.2 0.25 0.25
C  0.3 0.35 0.25
G  0.4 0.15 0.40
T  0.1 0.25 0.10

```

On verra au paragraphe 2.3.1 page 26 que la fonction `read.table` qui permet de lire des données dans un fichier crée implicitement un objet de type tableau de données.

Les fonctions `cbind` et `rbind` que nous avons vu page 10 pour les matrices s'appliquent aussi pour des tableaux de données.

On notera aussi les fonctions `ncol` et `nrow` qui renvoient le nombre de colonnes et le nombre de lignes d'un tableau de données (ou d'une matrice).

Création d'une liste Une liste est une collection d'objets (non nécessairement de même types) ; elle se crée via la fonction `list` :

```

> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)
> L1<-58402
> res<-list(L1,seq1)
> res

```

```

[[1]]
[1] 58402

```

```

[[2]]
[1] 0.2 0.3 0.4 0.1

```

Le nombre d'objets contenus dans une liste s'obtient en faisant

```

> length(res)

```

```
[1] 2
```

Pour rallonger une liste d'éléments, on utilise l'opérateur d'assemblage `c()` :

```
> espece1<-"phage"  
> c(espece1,res)
```

```
[[1]]  
[1] "phage"
```

```
[[2]]  
[1] 58402
```

```
[[3]]  
[1] 0.2 0.3 0.4 0.1
```

Contrairement à `data.frame`, la fonction `list` ne conserve pas les noms des objets ; autrement dit, la longueur de la séquence (`L1`) est le premier élément de la liste, et la composition en nucléotides est le 2ème élément. On peut attribuer des étiquettes **différentes** plus explicites aux différents éléments d'une liste, ce qui sera très pratique pour y accéder (sans avoir à se souvenir dans quel ordre ils sont rangés dans la liste!). Par exemple,

```
> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)  
> L1<-58402  
> res<-list(longueur=L1,composition=seq1)  
> res
```

```
$longueur  
[1] 58402
```

```
$composition  
[1] 0.2 0.3 0.4 0.1
```

On verra page 21 que pour accéder aux champs `longueur` (resp. `composition`) de la liste `res`, on utilisera l'opérateur `$` : `res$longueur` (resp. `res$composition`).

Création d'une chaîne de caractère Une fonction très utile pour créer une chaîne de caractère, outre l'opérateur d'assignation `<-`, est `paste` qui permet de concaténer des chaînes de caractères mais aussi des objets automatiquement convertis en chaîne de caractères. Ceci est particulièrement utile par exemple lorsque l'on veut créer un fichier de sortie dont le nom est "dynamique". Voici quelques exemples :

```
> nom<-paste("filename",".", "txt", sep="")  
> nom
```

```
[1] "filename.txt"
```

```

> prefix<-"resultats."
> i<-5
> nom<-paste(prefix,i, ".ps", sep="")
> nom

```

```
[1] "resultats.5.ps"
```

Par défaut `sep=" "` et indique le séparateur de concaténation.

2.1.3 Convertir un objet

On peut vouloir convertir un objet d'un type à un autre. Voici quelques exemples :

– numérique → caractère

```

> i

[1] 5

> as.character(i)

[1] "5"

```

– numérique → logique

```

> x<-0:3
> as.logical(x)

[1] FALSE TRUE TRUE TRUE

```

– logique → numérique

```

> ok<-c(TRUE,FALSE,FALSE,TRUE)
> as.numeric(ok)

[1] 1 0 0 1

```

2.1.4 Lister et supprimer des objets en mémoire

Quand R est utilisé, les variables, les objets, les fonctions, ... sont stockées dans la mémoire vive de l'ordinateur. On peut afficher la liste de tous les objets en mémoire en tapant la commande :

```

> ls()

[1] "df"      "espece1" "i"        "L1"      "nom"     "ok"      "prefix"
[8] "res"    "seq1"     "seq2"     "titre"   "toto"    "x"       "y"
[15] "z"

```

Si l'on souhaite se restreindre aux objets dont le nom contient une chaîne de caractère, il suffit de spécifier celle-ci via l'option `pattern`. Par exemple, si l'on veut connaître la liste des objets commençant par la lettre `s`, on tape :


```
> ls(pattern="^s")
```

```
[1] "seq1" "seq2"
```

La commande `ls.str()` va quant à elle lister tous les objets en mémoire mais aussi en donner leur détail (type, mode, valeur, etc.).

```
> ls.str()
```

```
df : 'data.frame':      4 obs. of  3 variables:
 $ seq1: num  0.2 0.3 0.4 0.1
 $ seq2: num  0.25 0.35 0.15 0.25
 $ seq3: num  0.25 0.25 0.4 0.1
espece1 : chr "phage"
i : num 5
L1 : num 58402
nom : chr "resultats.5.ps"
ok : logi [1:4] TRUE FALSE FALSE TRUE
prefix : chr "resultats."
res : List of 2
 $ longueur : num 58402
 $ composition: num [1:4] 0.2 0.3 0.4 0.1
seq1 : num [1:4] 0.2 0.3 0.4 0.1
seq2 : num [1:4] 0.25 0.35 0.15 0.25
titre : chr "coucou"
toto : num [1:4] 0.25 0.25 0.4 0.1
x : int [1:4] 0 1 2 3
y : logi [1:4] FALSE FALSE FALSE FALSE
z : chr [1:3] "" "" ""
```

Pour effacer des objets de la mémoire, on utilise la fonction `rm` :

```
> rm(x)
```

Si l'on veut maintenant accéder à `x`, le message suivant apparaît "Error : Object "x" not found".

Pour effacer tous les objets de la mémoire, on tape `rm(list=ls())`.

2.1.5 Générer des données

Suites régulières Une suite d'entiers consécutifs peut s'obtenir avec l'opérateur `:`; par exemple

```
> 5:12
```

```
[1] 5 6 7 8 9 10 11 12
```

Un vecteur est ainsi créé. Cet opérateur est prioritaire sur les opérations arithmétiques :

```
> n<-10  
> 1:(n-2)
```

```
[1] 1 2 3 4 5 6 7 8
```

```
> 1:n-2
```

```
[1] -1 0 1 2 3 4 5 6 7 8
```

La fonction `rep` crée un vecteur dont les éléments sont identiques ou répétés :

```
> rep(x=1,times=10)
```

```
[1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
```

```
> rep(x=1:5,times=3)
```

```
[1] 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5
```

```
> rep(x=1:5,each=2)
```

```
[1] 1 1 2 2 3 3 4 4 5 5
```

La fonction `seq` peut générer des suites régulières de nombres de deux manières différentes :

– soit en lui spécifiant, le début, la fin, puis le pas (argument `by`)

```
> seq(from=2,to=20,by=2)
```

```
[1] 2 4 6 8 10 12 14 16 18 20
```

– soit en lui spécifiant le début, la fin et le nombre d'éléments (argument `length`)

```
> seq(from=1,to=5,length=10)
```

```
[1] 1.000000 1.444444 1.888889 2.333333 2.777778 3.222222 3.666667 4.111111  
[9] 4.555556 5.000000
```

Variables aléatoires Il est très utile en statistique de pouvoir générer des variables aléatoires selon diverses lois de probabilité. R peut le faire pour un grand nombre de lois via les fonctions de la forme `rfunc(n,p1,p2,...)` où *func* indique la loi de probabilité, *n* est le nombre de variables à générer et *p1*, *p2*, ... sont les paramètres de la loi. En voici quelques exemples :

Loi	Fonction R
gaussienne	<code>rnorm(n, mean=0, sd=1)</code>
uniforme	<code>runif(n, min=0, max=1)</code>
Poisson	<code>rpois(n,lambda)</code>
exponentielle	<code>rexp(n, rate=1)</code>
χ^2	<code>rchisq(n, df)</code>
binomiale	<code>rbinom(n,size,prob)</code>

```
> rnorm(10)
```

```
[1] -0.53525692 -0.07899742  1.04405807 -0.75068378  1.04103439  0.36420742
[7]  2.69983724  0.78452909  1.08543175  0.94225084
```

```
> runif(10)
```

```
[1] 0.43374663 0.20935199 0.15297768 0.76683049 0.34756296 0.03601323
[7] 0.61545430 0.74771498 0.45578426 0.60788089
```

```
> rpois(10,lambda=4)
```

```
[1] 5 3 4 5 7 7 6 7 3 2
```

Remarque : les fonctions de la forme *rfunc* ont toutes des petites soeurs de la forme

- *pfunc*(*q*,*p1*,*p2*,...) : pour la probabilité cumulée jusqu'à *q*,
- *qfunc*(*p*,*p1*,*p2*,...) : pour le quantile associé à la probabilité cumulée *p*,
- *dfunc*(*x*,*p1*,*p2*,...) : pour la densité de probabilité en *x*.

Cela permet ainsi de tracer des densités et de connaître la probabilité d'être supérieur ou égal à *q* sous une loi donnée. Si on prend l'exemple de la loi normale de moyenne 0 et de variance 1 avec *q* = 2.5 (cf. Figure2.1), on a :

```
> 1-pnorm(2.5)
```

```
[1] 0.006209665
```

2.1.6 Accéder aux valeurs d'un objet

L'indexation (opérateur `[]`) permet d'accéder de façon sélective aux éléments d'un objet.

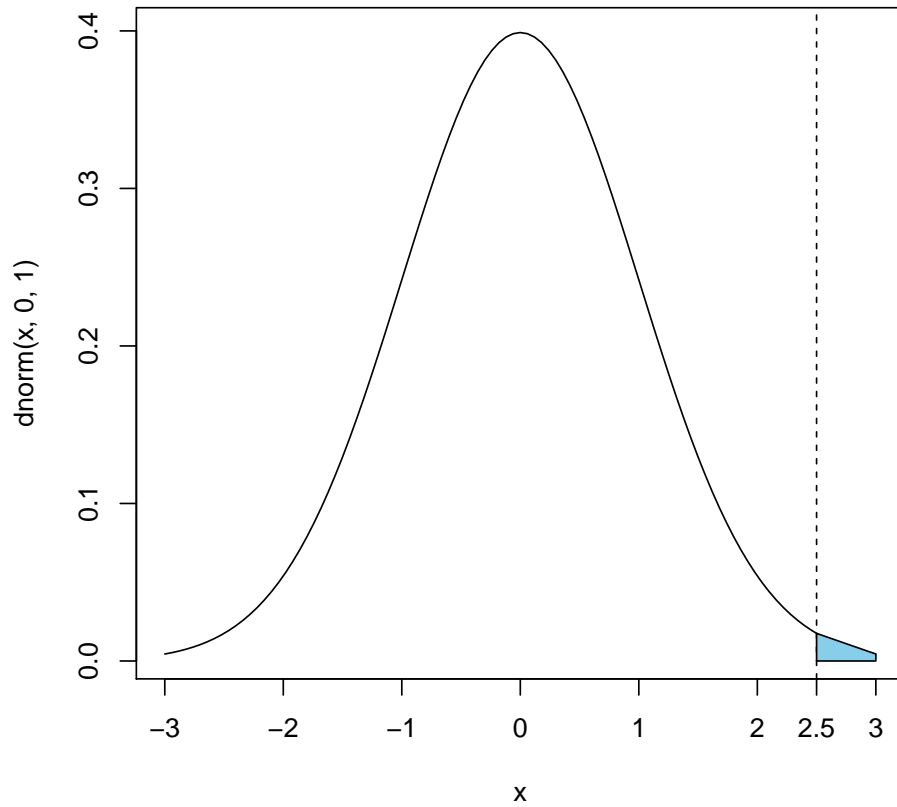


FIG. 2.1 – Densité de la loi normale centrée réduite et probabilité de dépasser 2.5

Vecteurs Pour accéder au 2ème élément d'un vecteur x , il suffit de taper $x[2]$. Cela permet aussi d'aller modifier spécifiquement certains éléments :

```
> x<-1:10
> x[2]
```

```
[1] 2
```

```
> x[1]<-10
> x
```

```
[1] 10 2 3 4 5 6 7 8 9 10
```

On peut aussi accéder à plusieurs éléments d'un vecteur et les modifier tous ensemble :

```
> x<- seq(2,20,by=2)
> x[1:5]
```

```
[1] 2 4 6 8 10
```

```
> x[1:5]<- rep(0,5)
> x
```

```
[1] 0 0 0 0 0 12 14 16 18 20
```

La commande `x[1 :5]` est équivalente à `x[c(1,2,3,4,5)]`.

On peut accéder aux éléments dont la valeur vérifie une expression de comparaison. Par exemple, aux valeurs positives d'un vecteur :

```
> x<- runif(10,min=-1,max=1)
> x
```

```
[1] 0.17161211 0.83954929 -0.86150332 0.52861523 0.72082959 0.71281956
[7] 0.22071215 -0.93806888 0.06028443 -0.07278903
```

```
> x>=0
```

```
[1] TRUE TRUE FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE FALSE TRUE FALSE
```

```
> x[x>=0]
```

```
[1] 0.17161211 0.83954929 0.52861523 0.72082959 0.71281956 0.22071215 0.06028443
```

On peut supprimer un ou plusieurs éléments d'un vecteur en utilisant des indices négatifs :

```
> x<- (1:5)^2
> x[-1]
```

```
[1] 4 9 16 25
```

```
> x[c(-2,-4)]
```

```
[1] 1 9 25
```

Matrice On peut accéder à un élément, à une colonne, à une ligne, à une sous-matrice d'une matrice de la façon suivante :

```
> x<-matrix(data=c(1,2,3,4,5,6), nrow=2, ncol=3)
> x
```

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

```
> x[1,3]
```

```
[1] 5
```

Noter que l'indice de ligne précède toujours l'indice de colonne.

```
> x[2,]
```

```
[1] 2 4 6
```

```
> x[,3]
```

```
[1] 5 6
```

```
> x[1:2,1:2]
```

```
      [,1] [,2]
[1,]    1    3
[2,]    2    4
```

Noter que `x[,3]` est un vecteur car, par défaut, R retourne un objet de la plus petite taille. Pour conserver le format d'origine, ici une matrice, il suffit de spécifier l'option `drop=FALSE`. Par exemple

```
> x[,3,drop=FALSE]
```

```
      [,1]
[1,]    5
[2,]    6
```

La modification des éléments d'une matrice se fait comme pour les vecteurs. On peut également supprimer une ou plusieurs lignes ou colonnes d'une matrice en utilisant des indices négatifs. Par exemple, pour supprimer la 2ème colonne d'une matrice :

```
> x<-matrix(data=c(1,2,3,4,5,6), nrow=2, ncol=3)
> x
```

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

```
> x[,-2]
```

```
      [,1] [,2]
[1,]    1    5
[2,]    2    6
```

Liste Pour accéder aux objets d'une liste on utilisera soit les crochets simples (dans ce cas une liste d'objets est retournée), soit les crochets doubles avec un unique indice (dans ce cas l'objet est extrait) :

```
> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)
> L1<-58402
> titre<-"phage"
> res<-list(titre,L1,seq1)
> res[1:2]
```

```
[[1]]
[1] "phage"
```

```
[[2]]
[1] 58402
```

```
> res[[3]]
```

```
[1] 0.2 0.3 0.4 0.1
```

Si l'on a donné des étiquettes aux différents objets de la liste, alors on peut extraire ces objets en utilisant l'opérateur \$:

```
> seq1<-c(0.2,0.3,0.4,0.1)
> L1<-58402
> titre<-"phage"
> res<-list(espece=titre,longueur=L1,composition=seq1)
> res$espece
```

```
[1] "phage"
```

```
> res$longueur
```

```
[1] 58402
```

```
> res$composition
```

```
[1] 0.2 0.3 0.4 0.1
```

Tableau de données Pour fabriquer un sous-tableau de données en sélectionnant certaines colonnes d'un tableau de données, on utilise les crochets simples :

```
> df
```

```
  seq1 seq2 seq3
A  0.2 0.25 0.25
C  0.3 0.35 0.25
G  0.4 0.15 0.40
T  0.1 0.25 0.10
```

```
> df[1:2]
```

```
  seq1 seq2
A  0.2 0.25
C  0.3 0.35
G  0.4 0.15
T  0.1 0.25
```

```
> df[c("seq1", "seq3")]
```

```
  seq1 seq3
A  0.2 0.25
C  0.3 0.25
G  0.4 0.40
T  0.1 0.10
```

Si l'on veut seulement récupérer un vecteur colonne du tableau de données, on utilisera la notation matricielle `df[,1]` ou l'opérateur `$` (`df$seq1`).

2.2 Opérateurs et calcul arithmétique

2.2.1 Opérateurs arithmétiques

Les opérateurs arithmétiques agissent aussi bien sur des variables numériques que logiques (dans ce dernier cas, les valeurs logiques sont converties en valeurs numériques : 0 pour **FALSE** et 1 pour **TRUE**). Mis à part les opérateurs classiques, addition (+), soustraction (-), multiplication (*) et division (/), on notera les 3 autres opérateurs suivants :

- ^ : puissance
- %% : modulo
- %/% : division entière

Ces opérateurs peuvent aussi s'appliquer à des vecteurs (et à des matrices); dans ce cas, attention, l'opération est effectuée composante par composante :

```
> x<-1:10
> x^2
```

```
[1] 1 4 9 16 25 36 49 64 81 100
```

```
> y<-1:10
> x+y
```

```
[1] 2 4 6 8 10 12 14 16 18 20
```

```
> x*y
```

```
[1] 1 4 9 16 25 36 49 64 81 100
```

Si les deux vecteurs n'ont pas la même taille le plus petit sera "recyclé" autant de fois que nécessaire (avec un *warning message*)

```
> x<-1:10
> y<-1:3
> x+y
```

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

2.2.2 Opérateurs de comparaison

Les opérateurs de comparaison s'appliquent à deux objets de n'importe quel mode et retournent une valeur logique. En fait les opérateurs opèrent sur chaque élément des objets comparés et retourne donc un objet logique de même taille :

```
> x<-1:10
> y<- (-3:6)^2
> x

[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

> y

[1] 9 4 1 0 1 4 9 16 25 36

> x<=y

[1] TRUE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

L'opérateur `==` (resp `!=`) vérifie l'égalité (resp. la différence) de deux objets, élément par élément ; il retourne donc un vecteur logique :

```
> x<-seq(2,10,by=2)
> y<- 2 * (1:5)
> x==y

[1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

Pour effectuer une comparaison globale d'objets, la fonction équivalente est `identical(x,y)` :

```
> x<-seq(2,10,by=2)
> y<- 2 * (1:5)
> identical(x,y)

[1] TRUE
```

Cette fonction (ainsi que l'opérateur `==`) compare la représentation interne des données et retourne `TRUE` si les objets sont **strictement identiques**. On se méfiera ainsi des erreurs numériques dues aux calculs numériques sur ordinateur :

```
> (1.1-0.2)==0.9

[1] FALSE
```

Pour y remédier, la fonction `all.equal` compare l'égalité approximative, c'est-à-dire avec un seuil de tolérance (qui par défaut dépend des paramètres de la machine), entre deux objets :

```
> all.equal(1.1-0.2,0.9)

[1] TRUE
```

2.2.3 Opérateurs logiques

Les opérateurs logiques s'appliquent à un ou deux objets de mode logique et retournent une ou plusieurs valeurs logiques :

- `!x` : NON logique
- `x&y` : ET logique
- `x|y` : OU logique
- `xor(x,y)` : OU exclusif

2.2.4 Fonctions mathématiques simples

Il existe un nombre très important de fonctions pour manipuler des données numériques (généralement sous la forme de vecteurs). Outre les fonctions mathématiques de base du type `log`, `exp`, `cos`, `abs`, `sqrt` etc. en voici quelques-unes assez courantes :

- `sum(x)`, `prod(x)` : somme, produit des éléments de `x`,
- `min(x)`, `max(x)` : minimum, maximum des éléments de `x`,
- `which.min(x)`, `which.max(x)` : indice du min, max des éléments de `x` (seule la première occurrence est considérée),
- `round(x,digits=2)` : arrondi de `x` avec un nombre de chiffres après la virgule défini par l'option `digits`,
- `floor(x)`, `ceiling(x)` : parties entières inférieures ou supérieures de `x`,
- `length(x)` : nombre d'éléments de `x`,
- `rev(x)` : inverse l'ordre des éléments de `x`,
- `sort(x,decreasing=F)` : trie les éléments de `x` dans l'ordre croissant,
- `choose(n,k)` : combinaisons de k éléments parmi n .

Par exemple

```
> x<-choose(6,0:6)
> x
```

```
[1] 1 6 15 20 15 6 1
```

```
> sum(x)
```

```
[1] 64
```

```
> max(x)
```

```
[1] 20
```

```
> which.max(x)
```

```
[1] 4
```

```
> sort(x,decreasing=TRUE)
```

```
[1] 20 15 15 6 6 1 1
```

En voici d'autres à connotation statistique :

- `mean(x)` : moyenne des éléments de `x`,
- `median(x)` : médiane des éléments de `x`,
- `var(x)` : variance des éléments de `x`,
- `cov(x,y)` : covariance entre `x` et `y`,
- `cor(x,y)` : corrélation entre `x` et `y`,
- `sample(x,size=n,replace=FALSE)` : tirage aléatoire sans remise de `n` éléments parmi ceux de `x`.

2.2.5 Calcul matriciel

R offre des facilités pour le calcul matriciel. En voici quelques unes :

- `x%*%y` : produit de deux matrices,
- `t(x)` : transposée de `x`,
- `diag(x)` : extrait la diagonale d'une matrice `x` (dans ce cas renvoie un vecteur) ou crée une matrice diagonale de diagonale `x`,
- `solve(x)` : matrice inverse de `x`
- `solve(A,b)` : résout le système linéaire $Ax = b$,
- `eigen(x)` : calcule les valeurs et vecteurs propres de `x`.

2.3 Entrées et sorties

Pour les lectures et écritures de données dans des fichiers, R utilise le répertoire de travail. Il est donc nécessaire de préciser le chemin d'accès au fichier si celui-ci n'est pas dans le répertoire de travail.

2.3.1 Lire des données dans un fichier

Nous nous intéresserons ici à la lecture de fichiers ASCII. Les deux principales fonctions sont `read.table` et `scan`.

`read.table` Cette fonction crée un tableau de données directement à partir des données disposées dans un fichier sous la forme d'un tableau. Par exemple, prenons le fichier `virus-count-tri.tab` présent dans le répertoire `data`. Celui-ci est composé de 67 lignes et 87 colonnes : la première ligne est une ligne de commentaire (qu'il conviendra d'ignorer au moment de la lecture les données grâce à l'option `skip=1`), la deuxième ligne contient la légende des 86 colonnes (virus), la 3ème ligne donne la longueur des séquences de virus et les 64 lignes suivantes correspondent aux 64 trinucéotides. La première colonne du tableau contient les légendes de lignes. La commande suivante :

```
> mydata<-read.table(file="data/virus-count-tri.tab",header=TRUE, skip=1)
```

crée donc un tableau de données nommé `mydata` de dimension 65×86 :

```
> dim(mydata)
```

```
[1] 65 86
```

dont les colonnes sont nommées selon la première ligne du fichier (`header=TRUE`) et les lignes selon la première colonne du fichier. Ces noms peuvent s'obtenir en utilisant les fonctions `colnames` et `rownames` :

```
> colnames(mydata)
```

```
[1] "virus01.sq" "virus02.sq" "virus03.sq" "virus04.sq" "virus05.sq"
[6] "virus06.sq" "virus07.sq" "virus08.sq" "virus09.sq" "virus10.sq"
[11] "virus11.sq" "virus12.sq" "virus13.sq" "virus14.sq" "virus15.sq"
[16] "virus16.sq" "virus17.sq" "virus18.sq" "virus19.sq" "virus20.sq"
[21] "virus21.sq" "virus22.sq" "virus23.sq" "virus24.sq" "virus25.sq"
[26] "virus26.sq" "virus27.sq" "virus28.sq" "virus29.sq" "virus30.sq"
[31] "virus31.sq" "virus32.sq" "virus33.sq" "virus34.sq" "virus35.sq"
[36] "virus36.sq" "virus37.sq" "virus38.sq" "virus39.sq" "virus40.sq"
[41] "virus41.sq" "virus42.sq" "virus43.sq" "virus44.sq" "virus45.sq"
[46] "virus46.sq" "virus47.sq" "virus48.sq" "virus49.sq" "virus50.sq"
[51] "virus51.sq" "virus52.sq" "virus53.sq" "virus54.sq" "virus55.sq"
[56] "virus56.sq" "virus57.sq" "virus58.sq" "virus59.sq" "virus60.sq"
[61] "virus61.sq" "virus62.sq" "virus63.sq" "virus64.sq" "virus65.sq"
[66] "virus66.sq" "virus67.sq" "virus68.sq" "virus69.sq" "virus70.sq"
[71] "virus71.sq" "virus72.sq" "virus73.sq" "virus74.sq" "virus75.sq"
[76] "virus76.sq" "virus77.sq" "virus78.sq" "virus79.sq" "virus80.sq"
[81] "virus81.sq" "virus82.sq" "virus83.sq" "virus84.sq" "virus85.sq"
[86] "virus86.sq"
```

```
> rownames(mydata)
```

```
[1] "long" "aaa" "aac" "aag" "aat" "aca" "acc" "acg" "act" "aga"
[11] "agc" "agg" "agt" "ata" "atc" "atg" "att" "caa" "cac" "cag"
[21] "cat" "cca" "ccc" "ccg" "cct" "cga" "cgc" "cgg" "cgt" "cta"
[31] "ctc" "ctg" "ctt" "gaa" "gac" "gag" "gat" "gca" "gcc" "gcg"
[41] "gct" "gga" "ggc" "ggg" "ggt" "gta" "gtc" "gtg" "gtt" "taa"
[51] "tac" "tag" "tat" "tca" "tcc" "tcg" "tct" "tga" "tgc" "tgg"
[61] "tgt" "tta" "ttc" "ttg" "ttt"
```

Comme on l'a vu page 22, on accède à la colonne `virus05.sq` du tableau de données `mydata` en tapant

```
> mydata$virus05.sq
```

```

[1] 39630 1213 743 757 1175 666 410 482 635 798 374 409
[13] 795 1129 624 639 1276 799 434 423 738 527 300 159
[25] 467 366 162 166 537 584 530 399 867 876 358 515
[37] 644 452 183 177 312 522 169 244 320 818 427 411
[49] 728 1000 658 682 1111 749 560 414 966 706 418 436
[61] 732 920 1108 843 1574

```

Le résultat est un vecteur, tout comme `mydata[,5]`.

Par défaut, `header=FALSE`, ce qui implique que chaque colonne est nommée par défaut `V1`, `V2`, etc. Si le fichier ne contient pas les labels de lignes et/ou colonnes, on peut les spécifier au moment de la lecture du tableau de données en utilisant les options `row.names/col.names` de la fonction `read.table`. On peut aussi les modifier après coup en utilisant les fonctions `rownames()` et `colnames()`, par exemple :

```
> colnames(mydata)<-paste(sep="", "virus",1:86)
```

Si les lignes du fichier de données n'ont pas toutes le même nombre de valeurs, un message d'erreur apparaîtra aussitôt après la commande `read.table`.

Par défaut, le symbole séparant les décimales est le point, mais on peut le modifier via l'option `dec` ; par exemple, on pourra spécifier `dec=","` si besoin. De la même façon, le symbole par défaut permettant de séparer les colonnes est l'espace ; si ce n'est pas le cas, on peut le spécifier via l'option `sep`, par exemple, `sep="|"`.

`scan` Une autre possibilité pour lire un fichier de données est d'utiliser la fonction `scan`. La principale différence est que `scan` crée un vecteur numérique par défaut (et non un tableau de données), ou une liste de vecteurs si on lui spécifie leurs modes via l'option `what`. Cela suppose que chaque colonne contienne des valeurs de même mode. Par exemple, supposons que le fichier `short-virus.tab` (répertoire `data`) ne contienne que les 10 premières lignes du fichier `data/virus-count-tri.tab` (la longueur et les comptages des 9 premiers trinuécléotides) pour seulement les 3 premiers virus, sans les labels de lignes (on verra page 30 comment a été créé ce fichier). Alors en tapant

```
> myshortdata<-scan("data/short-virus.tab",what=list(0,0,0),skip=1)
> myshortdata
```

```

[[1]]
[1] 23814 728 453 588 732 431 234 141 485 571

[[2]]
[1] 20869 760 422 553 503 544 223 145 396 726

[[3]]
[1] 31787 833 531 463 1087 695 294 310 836 390

```

on obtient une liste (`myshortdata`) formée de 3 vecteurs en mode numérique (d'où les 0 dans l'option `what` ; mettre `"` si le vecteur est en mode caractère). L'option `skip=1` permet de spécifier le nombre de lignes du fichier à sauter avant d'enregistrer les données (en général des commentaires mais aussi, comme ici, les labels en mode caractère des colonnes).

On peut spécifier les noms (ou étiquettes) de ces 3 objets :

```
> myshortdata<-scan("data/short-virus.tab",what=list(seq1=0,seq2=0,seq3=0),skip=1)
> myshortdata
```

```
$seq1
 [1] 23814  728  453  588  732  431  234  141  485  571
```

```
$seq2
 [1] 20869  760  422  553  503  544  223  145  396  726
```

```
$seq3
 [1] 31787  833  531  463 1087  695  294  310  836  390
```

En pratique, si le fichier contient une unique colonne, on privilégiera `scan` à `read.table` en spécifiant `what=character()` ou `what=logical()` si besoin.

2.3.2 Afficher des résultats

Affichage à l'écran On a vu que la façon la plus simple d'afficher le contenu d'un objet à l'écran était de taper son nom suivi de la touche "Entrée". C'est équivalent à écrire explicitement `print(x)` :

```
> x<-choose(6,0:6)
> print(x)
```

```
[1] 1 6 15 20 15 6 1
```

On utilisera `print(x)` à l'intérieur d'une boucle, d'une fonction ou d'un programme (§ 2.4).

Si l'on veut un "bel" affichage, on peut alors utiliser la fonction `cat` qui va convertir le contenu des objets en chaîne de caractères (donc sous la forme d'un vecteur), concaténer autant de chaînes de caractères que demandées et imprimer la chaîne résultante :

```
> x<-choose(6,0:6)
> cat("Les combinaisons parmi 6 elements sont : ",x,"\n")
```

```
Les combinaisons parmi 6 elements sont : 1 6 15 20 15 6 1
```

La chaîne de caractères `"\n"` signifie un retour à la ligne. Par défaut, la concaténation des chaînes de caractères se fait avec le séparateur `sep=" "`.

La fonction `cat` est donc particulièrement adaptée à l'affichage de vecteurs (éventuellement de longueur 1). Pour afficher un tableau (matrice ou tableau de données) on utilisera `print`.

Affichage dans un fichier Si l'on veut imprimer des résultats dans un fichier, on peut procéder de deux manières :

- Soit rediriger la sortie standard (c'est-à-dire la console) dans un fichier via la fonction `sink(file="file.res", append=TRUE)` avant d'afficher ; si l'option `append` n'est pas spécifiée (`FALSE` par défaut), l'écriture écrase l'ancien contenu du fichier. Ne pas oublier de rebasculer la sortie standard après écriture en faisant `sink()`.

```
> sink("toto")
> cat("Combinaisons parmi 6 elements : \n")
> print(x)
> sink()
```

Le fichier *toto* a été créé et contient :

```
Combinaisons parmi 6 elements :
[1] 1 6 15 20 15 6 1
```

– Soit en utilisant l’option `file` (et `append`) de la fonction `cat`.

```
> cat(file="toto","x=",x,append=TRUE)
```

Le fichier *toto* contient maintenant :

```
Combinaisons parmi 6 elements :
[1] 1 6 15 20 15 6 1
x= 1 6 15 20 15 6 1
```

Si l’on veut plutôt écrire le contenu d’un objet, plus précisément un tableau de données ou une matrice, dans un fichier (pour former un nouveau fichier de données par exemple), on pourra utiliser la fonction `write.table`. Celle-ci stocke l’objet sous la forme d’un tableau de données et le fichier créé pourra alors être relu avec `read.table`. Par exemple, le fichier `short-virus.tab` qui a été utilisé page 28 a été obtenu de la façon suivante à partir du tableau de données `mydata` :

```
> write.table(mydata[1:10,1:3],file="short-virus.tab",row.names=FALSE,quote=FALSE)
```

L’option `row.names` indique si le nom des lignes doit être écrit dans le fichier (`col.names` pour les colonnes), tandis que l’option `quote` indique si les chaînes de caractères sont écrites avec leurs guillemets.

2.3.3 Sauvegarder des données

La sauvegarde des données n’est pas automatique, toutefois, on a la possibilité de sauvegarder l’ensemble des objets en mémoire avant de quitter une session R. Pour cela, il suffit de répondre ‘y’ à la question posée suite à la commande `q()` : ”Save workspace image? [y/n/c]”. Les objets sont alors sauvegardés dans le répertoire `.RData` du répertoire de travail et seront disponibles lors de la prochaine session R.

On peut néanmoins sauvegarder explicitement des objets R dans un fichier en utilisant la fonction `save(mydata,file="mydata.Rdata")` (à noter : le fichier `mydata.Rdata` n’est pas lisible à l’œil). Pour recharger l’objet enregistré lors d’une nouvelle session, il suffira de faire `load("mydata.Rdata")`.

2.4 Programmation

2.4.1 Boucles

Boucle for La boucle `for` est utilisée pour répéter une suite d’instructions un nombre prédéfini de fois. La syntaxe standard est la suivante :

```
for (compteur in suite) {
```


instructions

}

Les accolades ne sont pas nécessaires s'il n'y a qu'une instruction.

Voici un exemple ; pour calculer la quantité $\sum_{i=1}^{10} i^2$, on effectuera

```
> somme<-0
> for (i in 1:10){
+   somme <- somme + i^2
+ }
> somme
```

[1] 385

Boucle while La boucle **while** est utilisée pour répéter une suite d'instructions tant qu'une condition est vraie. La syntaxe standard est la suivante :

```
while (condition) {
    instructions
}
```

Voici un exemple ; on souhaite trouver le plus grand entier dont le carré est strictement plus petit que 999 :

```
> entier<-0
> while ( (entier+1)^2 < 999 ){
+   entier <- entier + 1
+ }
> entier
```

[1] 31

2.4.2 Tests

Un test *si alors* permet d'exécuter des instructions seulement si une condition est réalisée, tandis qu'un test *si alors sinon* permet d'exécuter des instructions différentes selon qu'une condition est vraie ou fausse. La syntaxe standard est la suivante :

```
if (condition) {
    instructions
}else{
    instructions
}
```

Voici un exemple :

```
> x<-rpois(1,20)
> if (x%%2==0){
+   pair<-TRUE
+ }else{
```

```
+ pair<-FALSE
+ }
> x
```

```
[1] 20
```

```
> pair
```

```
[1] TRUE
```

L'instruction *sinon* n'est pas obligatoire mais si elle existe alors le mot-clé **else** doit être sur la même ligne que l'accolade fermante du *si*.

On peut imbriquer plusieurs boucles *si alors sinon si alors sinon* etc.

2.4.3 Vectorisation

Comme on l'a déjà vu, un gros avantage de R est sa capacité à travailler vectoriellement ce qui évite d'avoir à programmer des boucles **for** et/ou des tests. Ainsi, la boucle **for** du § 2.4.1 peut être remplacée simplement par

```
> x<-1:10
> y<-x^2
```

tandis que la boucle suivante :

```
> n<-10
> x<-rpois(n,20)
> pair<-rep(FALSE,n)
> for (i in 1:n){
+   if (x[i]%2==0) pair[i]<-TRUE
+ }
```

peut s'écrire simplement `pair[x%2==0]<-TRUE`.

Plus généralement, toute fonction (de R ou créée par l'utilisateur) peut être appliquée à tous les éléments d'une matrice (ou seulement à certaines lignes ou colonnes), d'un vecteur ou d'une liste. Pour cela on utilise les fonctions **apply**, **sapply** ou **lapply**.

2.4.4 Écrire une fonction

L'essentiel du travail sous R se fait à l'aide de fonctions dont les arguments sont indiqués entre parenthèses. Outre les fonctions déjà implémentées dans R (on en a déjà vu un certain nombre), l'utilisateur peut écrire ses propres fonctions (c'est même d'ailleurs conseillé!) afin de pouvoir efficacement répéter certaines opérations. La syntaxe standard est la suivante :

```
function_name<-function(arg1, arg2,..., argn) {
  instructions
  return(result)
}
```

Voici par exemple l'écriture de la fonction `zscore` qui prend 3 arguments, une observation `obs` (éventuellement plusieurs sous la forme d'un vecteur), une moyenne `exp` (éventuellement un vecteur) et une variance `var` (éventuellement un vecteur), et retourne le z -score associé c'est-à-dire $(obs - exp)/\sqrt{var}$:

```
> zscore<-function(obs,exp,var)
+ {
+ res<- (obs-exp)/sqrt(var)
+ return(res)
+ }
```

Pour pouvoir exécuter cette fonction, il faut la charger en mémoire, soit en tapant chacune des lignes au clavier soit en l'écrivant dans un fichier et en "compilant" ce dernier avec la fonction `source`, comme pour un programme (paragraphe suivant). Dès que la fonction est chargée, on l'utilise naturellement :

```
> x<-c(3,5)
> xmoyenne<-c(2.5,4.8)
> xvariance<-c(0.7,0.9)
> score<-zscore(obs=x,exp=xmoyenne,var=xvariance)
> score
```

```
[1] 0.5976143 0.2108185
```

Dans cet appel à la fonction `zscore`, le nom des arguments (`obs`, `exp` et `var`) a été utilisé (fortement recommandé) ce qui permet par exemple de passer leur valeur dans le désordre. On peut omettre le nom des arguments, en appelant alors `zscore(x,xmoyenne,xvariance)`, mais dans ce cas il faut absolument respecter l'ordre des arguments.

Les variables définies dans les fonctions (`res` dans la fonction `zscore` par exemple) sont considérées comme des variables locales. Si ces variables existaient déjà dans l'environnement "extérieur" à la fonction alors leur contenu n'est pas modifié. Si elles n'existaient pas, alors elles n'existeront pas plus après l'appel à la fonction. Par contre, si la fonction utilise une variable non définie dans la fonction, alors R va la chercher dans l'environnement extérieur ; si elle existe, R utilise sa valeur, sinon un message d'erreur est donné.

Le code des fonctions créées et chargées en mémoire s'obtient simplement en tapant le nom de la fonction suivi de "entrée".

2.4.5 Écrire un programme

On écrira typiquement un programme R dans un fichier texte ayant l'extension `'r'`, par exemple `myprog.r`.

Si le programme définit des fonctions et les utilise, il convient de les définir avant de les utiliser (par exemple en tête du fichier, éventuellement après l'assignation des variables globales).

Le caractère `'#'` sert à ajouter des commentaires : en effet, R passe à la ligne suivante.

Pour exécuter le programme contenu dans le fichier `myprog.r`, il suffit de taper

```
> source("myprog.r")
```

Chapitre 3

Graphiques

R offre de nombreuses possibilités pour effectuer des graphiques et les multiples options graphiques permettent une grande flexibilité. La commande `demo(graphics)` donne un aperçu de ces possibilités. Ici nous allons nous contenter de voir les représentations graphiques les plus classiques (graphe 2D, histogramme, boxplot) ainsi que les options graphiques les plus courantes. Pour chaque fonction, la liste complète des options s'obtient via l'aide-en-ligne.

Généralement, l'affichage d'un graphique se fait dans une fenêtre graphique que l'on ouvre avec la commande

```
> x11()
```

La fermeture de la fenêtre graphique se fait avec la commande :

```
> dev.off()
```

On verra plus loin que le graphique peut aussi être sauvegardé ou directement effectué dans un périphérique graphique de type fichier (page 42).

3.1 Graphe 2D

3.1.1 Nuage de points

Nous allons nous mettre ici dans le cas où nous avons un certain nombre de points à représenter en dimension 2, c'est-à-dire que chaque point a une abscisse et une ordonnée. En d'autres termes, nous disposons d'un vecteur d'abscisses (x) et un vecteur d'ordonnées associées (y). L'exemple sur lequel nous allons travailler va être le suivant : les points correspondent à des trinucleotides, leur abscisse (resp. ordonnée) est leur comptage dans la première (seconde) séquence du tableau de données `mydata` :

```
> x<-mydata[-1,1]
> y<-mydata[-1,2]
> length(x)
```

```
[1] 64
```

```
> length(y)
```

```
[1] 64
```

Le graphique de base (cf. Figure 3.1) s'obtient alors en faisant :

```
> plot(x,y)
```

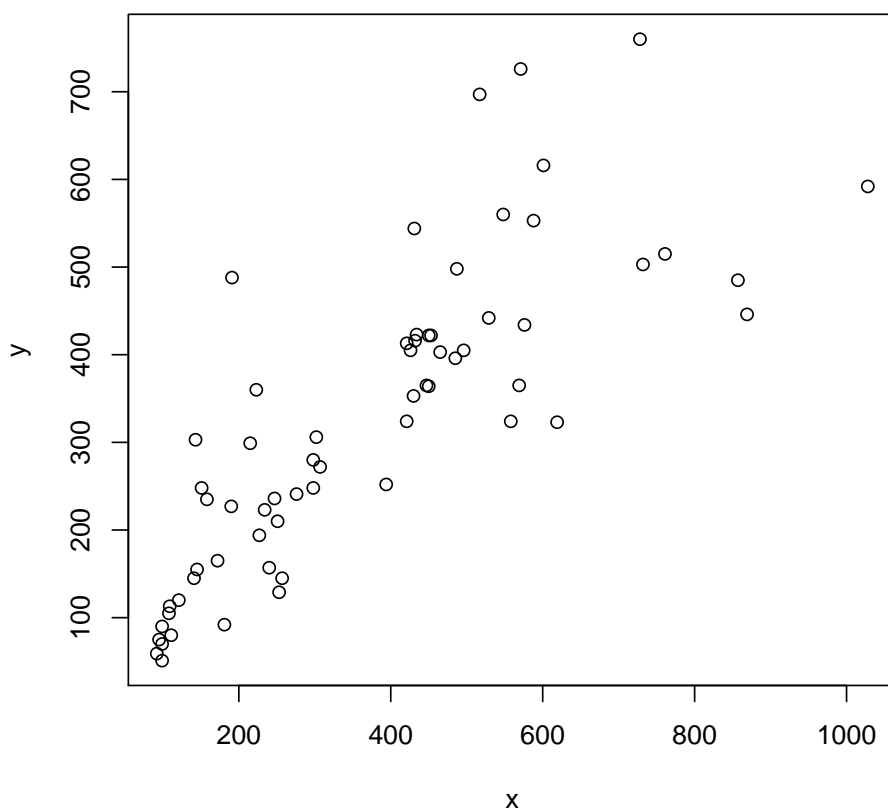


FIG. 3.1 – La fonction `plot(x,y)` sans options

Nous allons modifier ce graphique en jouant sur plusieurs options.

`xlim`, `ylim` fixent les limites inférieures et supérieures des axes (vecteurs à deux éléments),

`xlab`, `ylab` permettent de spécifier la légende des axes (mode caractère),

`main` permet de mettre un titre au dessus du graphique (mode caractère),

`pch` définit le symbole représentant les points : soit un entier de 1 à 25, soit n'importe quel caractère entre guillemets,

`col` spécifie la couleur des symboles ("`blue`", "`red`" etc. la liste des couleurs est disponible avec `colors()` tandis que `rainbow(n)` retourne un vecteur de `n` couleurs régulièrement réparties dans l'arc-en-ciel); on peut aussi jouer sur la couleur du titre (`col.main`), des labels des axes (`col.lab`) et de la graduation des axes (`col.axis`),

`bty` contrôle la forme du cadre : carré par défaut ("`o`"), en L ("`l`"), en U ("`u`"), en C ("`c`"), en 7 ("`7`") ou en crochet ("`]`").

Par exemple, la Figure 3.2 a été obtenue par :

```
> plot(x,y,xlab="Sequence 1",ylab="Sequence 2",main="Comptage des trinucleotides",  
+ xlim=c(0,1200),ylim=c(0,1200),pch=18,col="blue",bty="l")
```

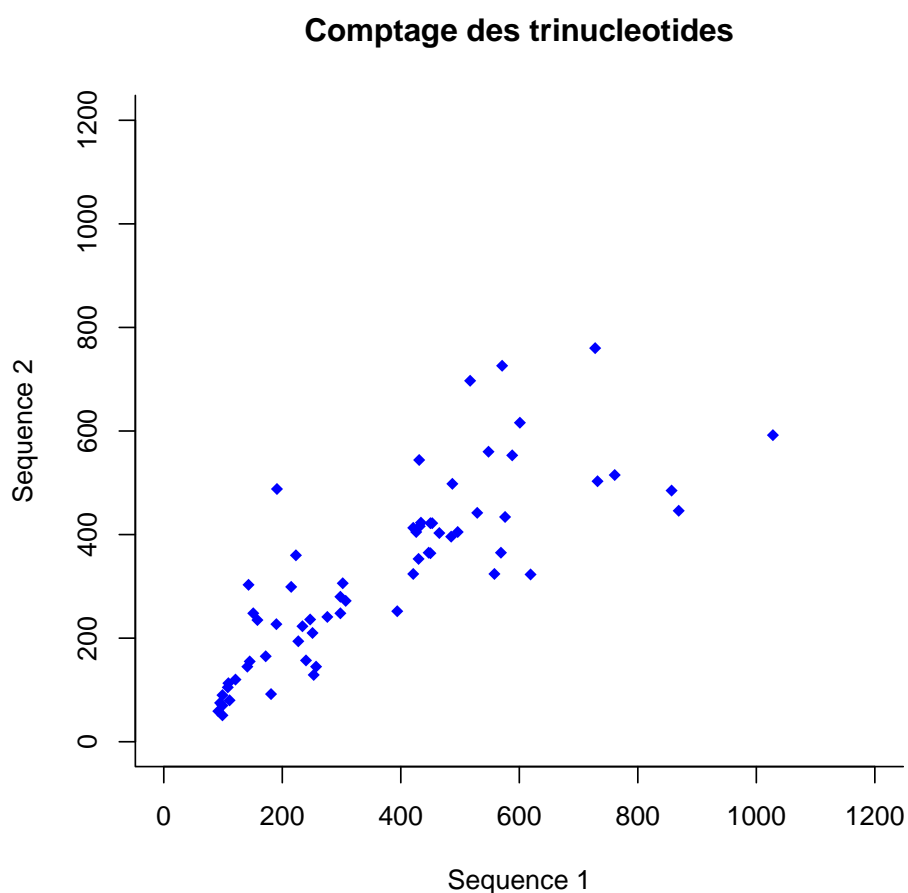


FIG. 3.2 – La fonction `plot` avec les options `xlab`, `ylab`, `main`, `xlim`, `ylim`, `pch`, `bty` et `col`

On verra au §3.4 comment rajouter des éléments graphiques sur cette figure : axes, droites, texte, légende etc.

On peut jouer sur la taille des symboles grâce à l'option `cex`. Par défaut `cex=1` ; on peut lui fournir un nombre positif qui représente un coefficient multiplicatif par rapport à la taille par défaut (une valeur entre 0 et 1 pour réduire la taille, ou plus grande que 1 pour au contraire

l'augmenter). De la même façon les options `cex.axis`, `cex.lab` et `cex.main` contrôlent la taille des graduations des axes, des labels des axes et du titre.

Pour changer le style du texte, on utilise l'option `font` qui se décline aussi sous les formes `font.axis`, `font.lab` et `font.main`, (1 pour normal, 2 pour gras, 3 pour italique et 4 pour gras italique).

Pour utiliser une échelle logarithmique, on utilisera l'option `log` qui vaudra soit `"x"`, soit `"y"`, soit `"xy"`.

3.1.2 Courbe

Pour dessiner une “courbe”, on utilise aussi la fonction `plot` à la “seule” différence que l'on souhaite relier les points entre eux. Pour cela l'option principale est `type` qui vaudra soit `"b"` si l'on veut des points connectés par une ligne soit `"l"` si l'on veut seulement une ligne (par défaut `type="p"`).

Comme exemple, nous allons tracer la densité de la loi normale de moyenne 0 et de variance 1 entre -3 et 3 (cf. Figure 3.3) :

```
> t<-seq(-3,3,by=0.2)
> plot(t,dnorm(t,mean=0,sd=1),type="l",col="red",main="densite N(0,1)",font.main=4)
```

Pour cet exemple, on aurait pu utiliser la fonction `curve` qui trace la courbe de fonctions de type $f(x)$ pour lequel R a accès aux valeurs pour tout x .

On peut jouer sur le type de ligne à l'aide de l'option `lty`. Par défaut `lty=1` ce qui donne des lignes continues, mais on peut obtenir des tirets (`lty=2`), des pointillés (`lty=3`), une alternance de points et tirets (`lty=4`), des tirets longs (`lty=5`) ou une alternance de tirets courts et longs (`lty=6`).

On peut aussi jouer sur l'épaisseur des lignes à l'aide de l'option `lwd` qui vaut 1 par défaut.

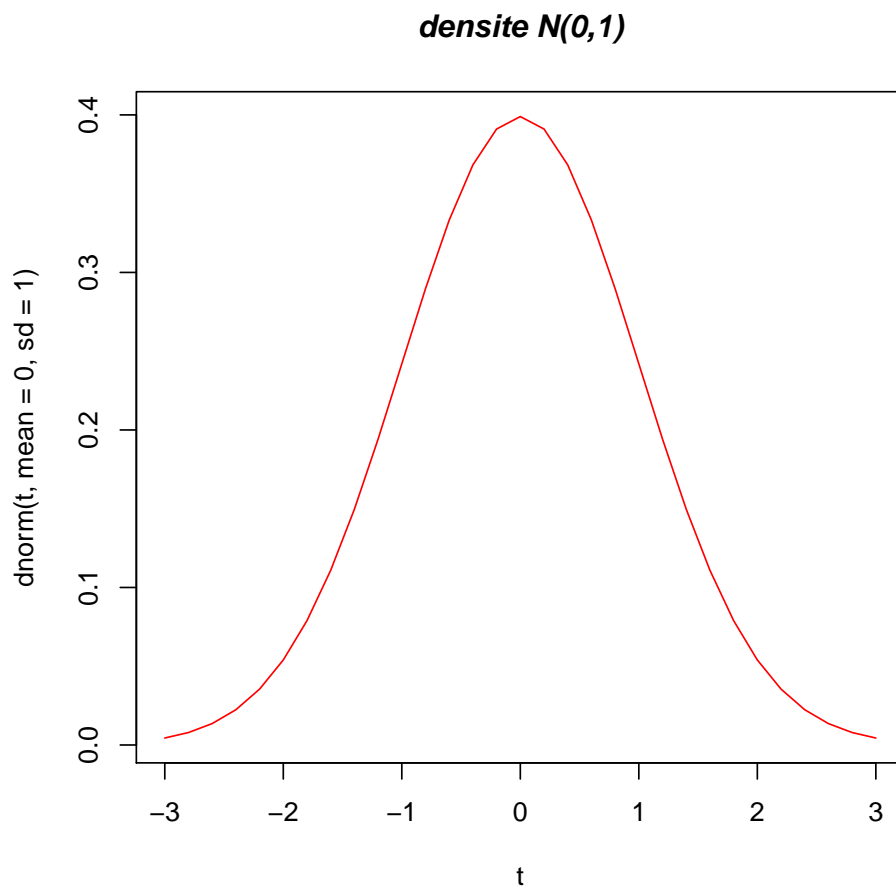


FIG. 3.3 – La fonction plot avec `type="l"`

3.2 Histogramme

Pour tracer un histogramme, la commande de base est la fonction `hist` (cf. Figure 3.4) :

```
> hist(x)
```

Voici certaines options spécifiques de la fonction `hist` :

- `breaks` : permet de spécifier les points de ruptures entre les barres de l'histogramme, soit sous la forme d'un vecteur, soit sous la forme d'un nombre de barres.
- `freq` : permet de choisir l'histogramme des effectifs, *frequency* en anglais (`freq=TRUE`, option par défaut), ou celui des proportions (`freq=FALSE`).
- `col` : indique la couleur pour remplir les barres.
- `plot` : si `plot=FALSE`, l'histogramme n'est pas tracé et la fonction renvoie la liste des points de ruptures et les effectifs.
- `right` : permet de choisir des intervalles de la forme $]a, b]$ si `right=TRUE` (par défaut ils sont de la forme $[a, b[$).

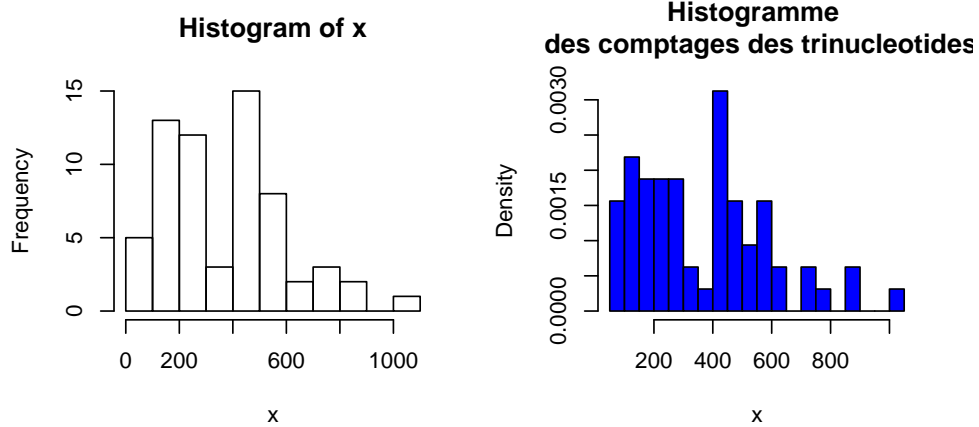


FIG. 3.4 – La fonction `hist` sans option (à gauche) et avec les options spécifiques `breaks`, `freq` et `col`(à droite)

L'histogramme de droite de la Figure 3.4 est ainsi obtenu :

```
> hist(x,breaks=15,freq=FALSE,col="blue",
+ main="Histogramme \n des comptages des trinucleotides")
```

3.3 Boxplot

La représentation en “*boîte à moustache*” d’un vecteur est à mi-chemin entre un histogramme et la fonction de répartition. Elle permet de visualiser la moyenne, la médiane, les quartiles à 25% et 75% de la distribution empirique. Elle s’obtient avec la fonction `boxplot`. Voici comment obtenir le boxplot de nos deux vecteurs `x` et `y` (cf. Figure 3.5) :

```
> boxplot(list(x,y))
```

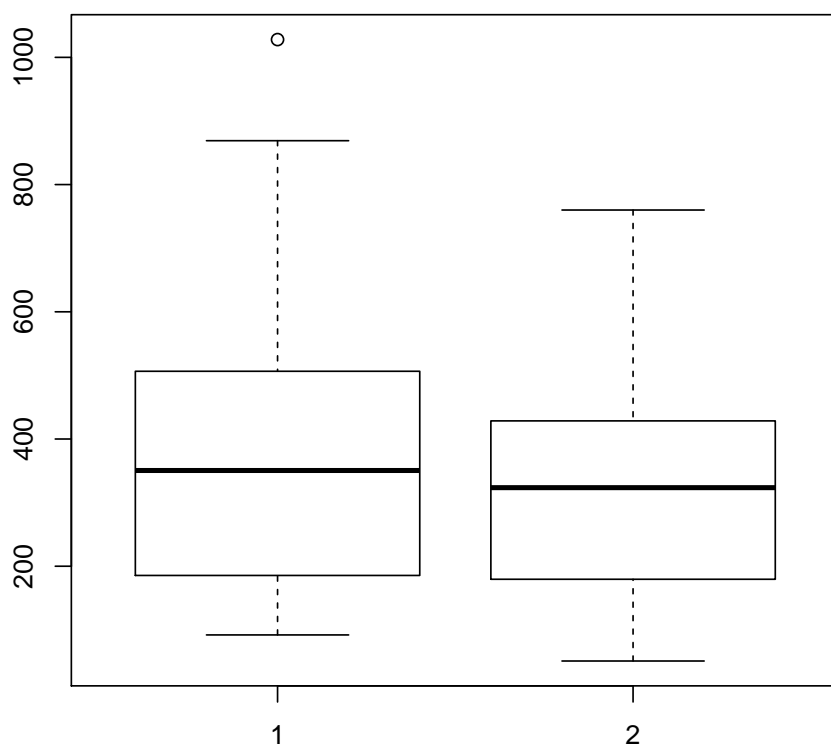


FIG. 3.5 – La fonction `boxplot` sans option

Par défaut, les moustaches ont une longueur maximale égale à 1.5 fois la taille de la boîte. Ce coefficient peut être modifié avec l’option numérique `range`. On peut aussi modifier la largeur de boîte avec l’option `width` (c’est un vecteur aussi long qu’il y a de boxplots à afficher). L’option `names` de type caractère permet de spécifier les labels à afficher sous chaque boîte, par exemple ici on pourrait utiliser `names=c("x", "y")`.

3.4 Fonctions graphiques secondaires

Voici d'autres fonctions graphiques dites *secondaires* car elles agissent sur un graphique existant.

- `abline(a,b)` : trace la droite $y = bx + a$. Pour tracer une droite horizontale (resp. verticale), on pourra utiliser `abline(h=)` (resp. `abline(v=)`).
- `segments(x,y,x',y')` : trace le segment entre le point de coordonnées (x,y) et le point de coordonnées (x',y') . `<`
- `points(x,y,...)` : ajoute des points, `<`
- `lines(x,y,...)` : relie de nouveaux points,
- `text(x,y,labels,...)` : ajoute le texte défini par `labels` au point de coordonnées (x,y) .

- `mtext(text,side=3,line=0,...)` : ajoute le texte défini par `text` dans la marge (du bas si `side=1`, de gauche si `side=2`, du haut si `side=3`, de droite si `side=4`) et à un nombre de lignes du cadre spécifié par `line`.
- `legend(x,y,legend,...)` : ajoute une légende au point de coordonnées (x,y) .

Cette liste n'est pas exhaustive.

Voici un premier exemple (cf. Figure 3.6) qui reprend la Figure 3.2

```
> trinucleotides<-rownames(mydata)[-1]
> plot(x,y,xlab="Sequence 1",ylab="Sequence 2",main="Comptage des trinucleotides",
+ xlim=c(0,1200),ylim=c(0,1200),type="n")
> text(x,y,labels=trinucleotides,col="green")
> abline(h=0)
> abline(v=0)
> abline(a=0,b=1)
```

Noter l'option `type="n"` qui affiche les points de façon invisible.

Voici un deuxième exemple (cf. Figure 3.7) qui reprend la Figure 3.3

```
> t<-seq(-3,3,by=0.2)
> plot(t,dnorm(t,mean=0,sd=1),ylab="densite", type="l",col="red")
> points(t,dnorm(t,mean=0,sd=sqrt(2)),type="l",lty=2,col="blue")
> legend(1.5,0.35,c("N(0,1)","N(0,2)"),lty=c(1,2),col=c("red","blue"))
> mtext(side=3,line=1,"Densites gaussiennes")
```

3.5 Paramètres graphiques

Certaines options des fonctions graphiques vues précédemment (`cex`, `col`, `font`, `lty`, `lwd`, `pch`, `bty` etc.) sont en fait des paramètres graphiques qui peuvent être modifiés indépendamment de ces fonctions. Néanmoins, il existe d'autres paramètres graphiques qui ne peuvent pas être utilisés comme options de fonctions graphiques. Le nombre de paramètres graphiques est élevé (leur liste s'obtient en tapant `?par`). Nous en citerons 3 nouveaux :

- `bg` : spécifie la couleur de l'arrière-plan,
- `mfcol` : un vecteur de la forme `c(nrow,ncol)` qui partitionne la fenêtre graphique en `nrow` lignes et `ncol` colonnes ; les graphiques s'affichent alors successivement par colonne,

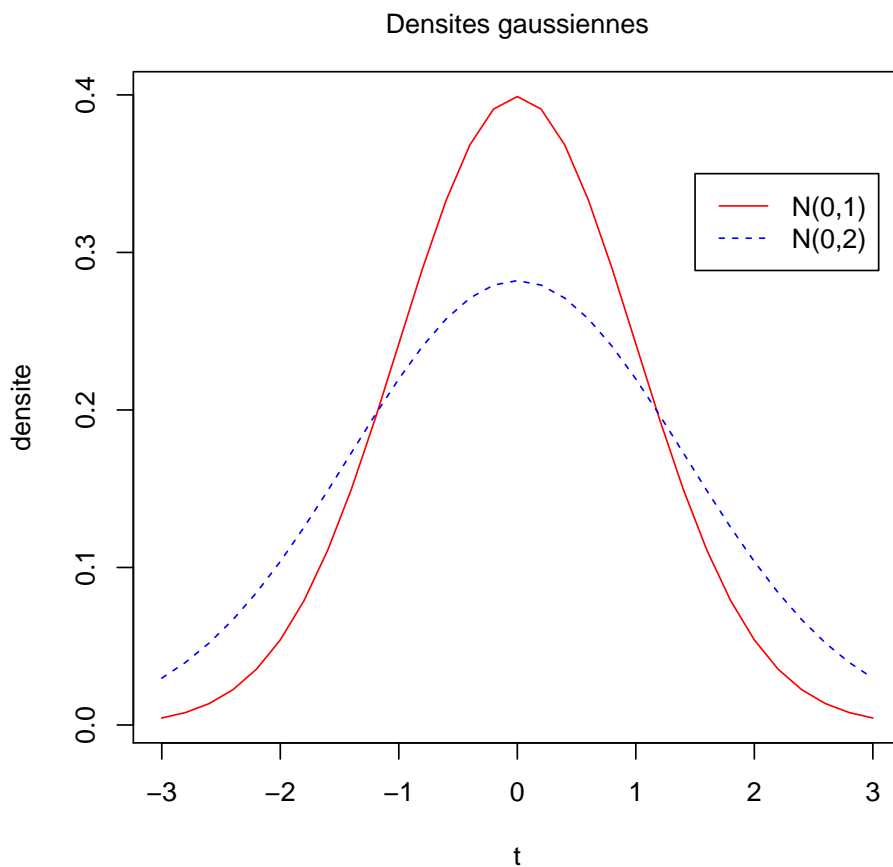


FIG. 3.7 – Utilisation des fonctions `points`, `legend` et `mtext` avec la fonction `plot`

Les graphiques peuvent aussi directement s'exécuter dans d'autres périphériques que la fenêtre graphique, en particulier dans des fichiers. Ces périphériques sont ouverts avec une fonction qui dépend du format du fichier, par exemple :

```
postscript(file="graphe.ps")
pdf(file="graphe.pdf")
jpeg(file="graphe.jpg")
```

La liste des périphériques disponibles pour votre installation s'obtient en tapant `?device`.

Ces périphériques se ferment de la même façon que pour la fenêtre graphique à savoir avec `dev.off()`.

Le dernier périphérique ouvert devient celui sur lequel les graphiques s'affichent. Si plusieurs périphériques ont été ouverts (et non fermés), leur liste s'obtient par la commande `dev.list()` et on peut les fermer en spécifiant à `dev.off` leur numéro.

Chapitre 4

Quelques analyses statistiques

Nous illustrerons ce chapitre en utilisant deux jeux de données.

Le premier jeu de données provient du tableau symétrique de celui déjà utilisé au chapitre 2; il concerne des comptages de mots (en colonnes) dans des séquences d'ADN de différents virus (en ligne).

```
> mynewdata <- read.table("data/composition3mer.tab",header=T, skip=1)
> dim(mynewdata)
```

```
[1] 86 66
```

```
> colnames(mynewdata)
```

```
[1] "seq" "long" "aaa" "aac" "aag" "aat" "aca" "acc" "acg" "act"
[11] "aga" "agc" "agg" "agt" "ata" "atc" "atg" "att" "caa" "cac"
[21] "cag" "cat" "cca" "ccc" "ccg" "cct" "cga" "cgc" "cgg" "cgt"
[31] "cta" "ctc" "ctg" "ctt" "gaa" "gac" "gag" "gat" "gca" "gcc"
[41] "gcg" "gct" "gga" "ggc" "ggg" "ggg" "ggt" "gta" "gtc" "gtg" "gtt"
[51] "taa" "tac" "tag" "tat" "tca" "tcc" "tcg" "tct" "tga" "tgc"
[61] "tgg" "tgt" "tta" "ttc" "ttg" "ttt"
```

Comme nous avons besoin de la fréquence des mots dans la séquence (et non du nombre de mots), nous allons construire, à partir de `mynewdata`, un nouveau jeu de données `Y` en divisant le nombre de mots par la longueur de la séquence correspondante.

```
> Y <- cbind(mynewdata[,c(1,2)],mynewdata[,-c(1,2)]/mynewdata[,2])
> dim(Y)
```

```
[1] 86 66
```

Le deuxième jeu de données est extrait d'une expérimentation en nutrition animale; il concerne l'augmentation de poids de porcelets en fonction du régime alimentaire de leur mère.

```
> porcelets <- read.table("data/poids.txt",header=T)
> dim(porcelets)
```

```
[1] 24  2
```

```
> colnames(porcelets)
```

```
[1] "aliment" "pds"
```

4.1 Statistiques descriptives

4.1.1 Analyse en Composantes Principales (ACP)

L'analyse en composantes principales ou ACP, donne une représentation synthétique, numérique ou graphique, des données. Cette méthode est particulièrement intéressante lorsqu'on dispose d'un nuage de points dans un espace de dimension élevée, c'est-à-dire qu'à chaque observation correspond un grand nombre de variables. L'ACP va conduire à un sous-espace de plus petite dimension, tel que la projection sur ce sous-espace retienne la majeure partie de l'information.

L'ACP s'utilise avec des données quantitatives. Les données sont structurées en lignes, associées aux individus (individu \equiv unité observable), et en colonnes, associées aux variables qui décrivent les individus. Les lignes sont généralement indicées par i , $i \in \{1, \dots, n\}$ et les colonnes par j , $j \in \{1, \dots, p\}$. Si l'on appelle X ce tableau de données, l'élément (i, j) de X , noté $x_{i,j}$, est égal à la valeur prise par la variable j pour l'individu i .

Le principe de l'ACP est d'établir une nouvelle base orthonormée dans laquelle les axes (appelés composantes) sont construits séquentiellement de façon à absorber une quantité maximale de variance. Les nouveaux axes sont ainsi ordonnés, le premier axe portant la plus grande part de la variabilité et le dernier axe portant la plus faible part.

L'ACP nécessite une phase de préparation des données qui doivent être centrées. Les variables seront aussi réduites si l'on veut qu'elles aient toutes la même influence dans l'analyse.

La fonction `scale()` permet de centrer et/ou réduire les données en colonnes (à noter : par défaut `center` et `scale` valent `TRUE`) : `scale(x, center = TRUE, scale = TRUE)`

Dans les fonctionnalités chargées par défaut avec R (package `stats`), 2 fonctions sont disponibles pour réaliser une ACP : `princomp()` et `prcomp()`.

`princomp()` calcule les valeurs propres sur la matrice de covariance ou de corrélation alors que `prcomp()` utilise la décomposition en valeurs singulières ; `prcomp` est une généralisation de la méthode `princomp`.

Pour illustrer l'ACP, nous allons sélectionner un sous-ensemble du jeu de données Y :

```
> indd1 <- c(3,4,6,7,9,12,16,21,22,30,31,37,39,44,46,47,53,54,60,66,70,81,82)
> mots1 <- c("aaa","agg","cgt","tgt","ttt")
> Y1 <- Y[indd1,mots1]
> dim(Y1)
```

[1] 23 5

Sur ce sous-ensemble, noté `Y1`, nous allons appliquer une ACP en utilisant la fonction `prcomp` qui possède les options `center` et `scale` fixées respectivement à `TRUE` et `FALSE` par défaut. Ici, nous avons choisi de normaliser les données, aussi nous modifions l'option `scale` :

```
> Y1.prcomp <- prcomp(Y1,scale=T)
```

Nous utilisons ensuite la fonction `summary()` qui résume les résultats d'une analyse. Cette fonction reconnaît le type d'objet qu'on lui attribue et applique sur l'objet la fonction `summary` spécifique à cet objet.

```
> summary(Y1.prcomp)
```

Importance of components:

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Standard deviation	1.6230	1.3900	0.56236	0.30439	0.15789
Proportion of Variance	0.5268	0.3864	0.06325	0.01853	0.00499
Cumulative Proportion	0.5268	0.9132	0.97648	0.99501	1.00000

La variabilité totale est représentée par la surface de l'histogramme (Figure 4.1). Le but de l'analyse étant de conserver le maximum de variabilité avec le minimum de composantes, on observe la décroissance de la variance sur les différentes composantes et on cherche une rupture de la pente. Ainsi, on remarque sur la Figure 4.1 une rupture de la pente entre la deuxième et la troisième composante. En se rapportant aux valeurs de proportions de variance cumulées, on voit que les deux premières composantes portent 91,3% de la variance. On peut donc choisir de réduire l'espace à ces 2 premières composantes.

La représentation sous forme de biplot (Figure 4.2) permet de visualiser la proximité entre les individus. Elle permet également d'apprécier les corrélations entre les variables. Par défaut, le nuage est projeté sur les deux premiers axes principaux, mais on peut spécifier explicitement les axes en utilisant l'option `choices=c(1,2)` (valeur par défaut).


```
> plot(Y1.prcomp)
```

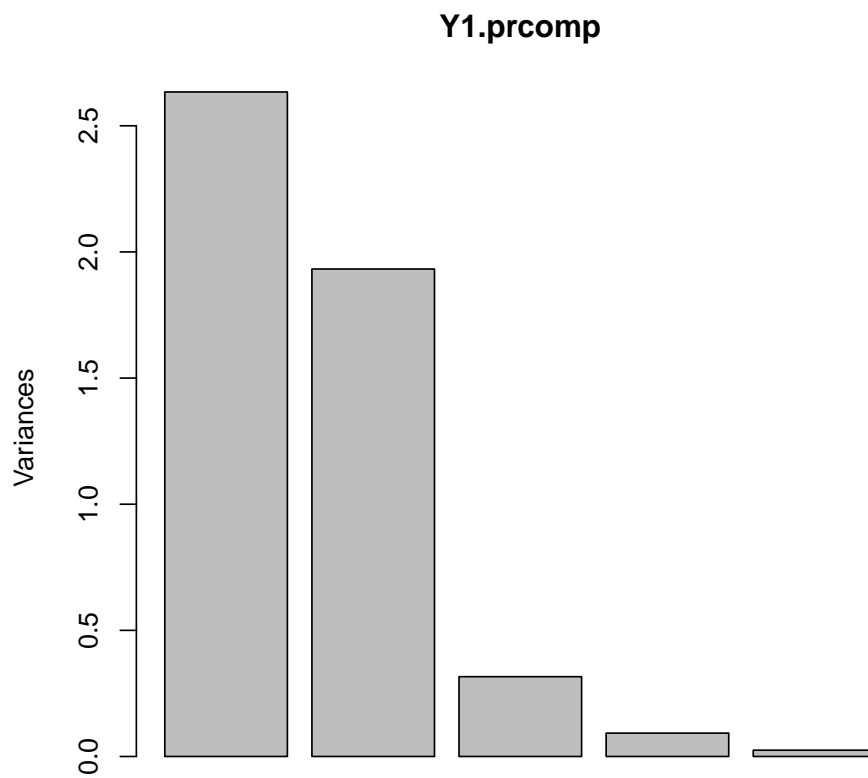


FIG. 4.1 – Variance portée par chacune des composantes

```
> biplot(Y1.prcomp)
```

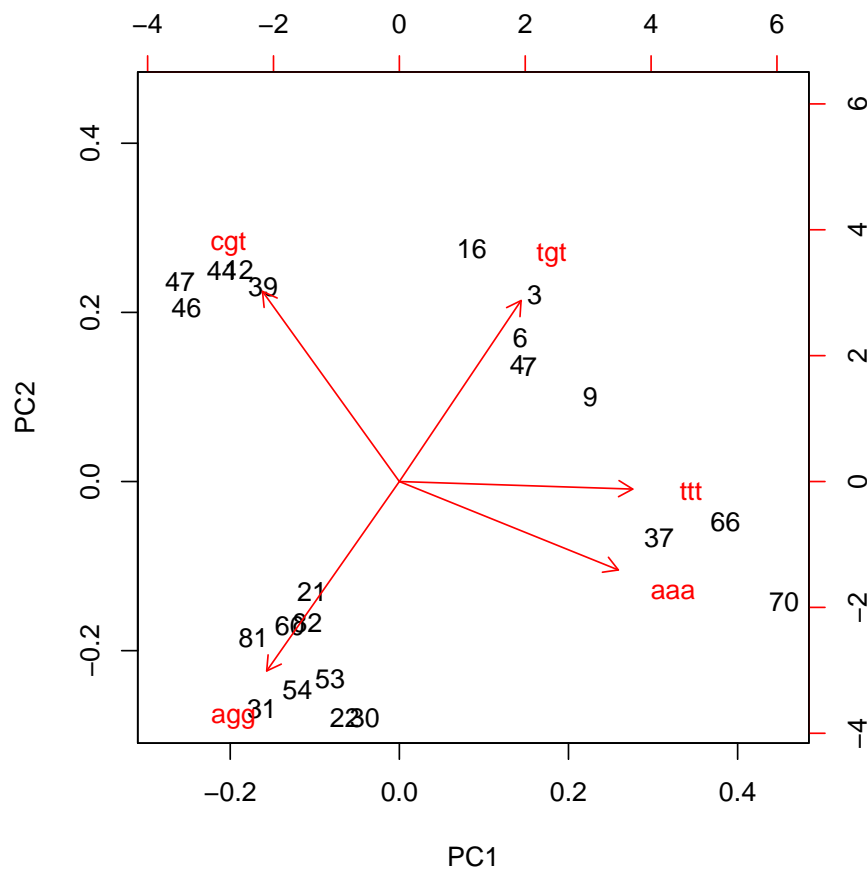


FIG. 4.2 – Biplot issu des 2 premières composantes de l'ACP

4.1.2 Classification

L'objectif de la classification est de regrouper les objets similaires parmi un ensemble d'objets dont les caractéristiques sont connues.

La similarité des objets est appréciée en calculant leurs distances. Plusieurs distances sont disponibles dans R. Il existe aussi plusieurs façons de regrouper les objets : soit par un processus hiérarchique, ascendant ou descendant, soit sur la base du "partitionnement" à partir d'un nombre prédéfini de classes.

Dans R, il existe la bibliothèque `cluster` qui propose plusieurs méthodes de classification adaptées à différents types de données.

Par exemple, la fonction `agnes()` permet de réaliser une classification hiérarchique ascendante : à chaque étape du processus les deux objets ou classes les plus proches sont fusionnés pour former une nouvelle classe, et les distances de cette nouvelle classe à tous les autres, objets ou classes, sont recalculées.

```
> library(cluster)
> agnes(Y1)
```

```
Call:      agnes(x = Y1)
Agglomerative coefficient:  0.8894554
Order of objects:
 [1] 3  16 4  7  6  9  37 12 44 39 46 47 21 60 82 81 22 31 53 54 30 66 70
Height (summary):
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
0.001691 0.003807 0.006542 0.012210 0.014180 0.056260
```

```
Available components:
 [1] "order"      "height"     "ac"         "merge"      "diss"       "call"
 [7] "method"     "order.lab"  "data"
```

La fonction `agnes` retourne une liste composée de plusieurs champs, en particulier, le coefficient d'agglomération (`ac`) qui est une mesure de force de la "structure en classes". Cette mesure est calculée de la façon suivante : soit $d(i)$ la hauteur de la première fusion de chaque objet et soit h la hauteur de la dernière fusion, le coefficient d'agglomération s'écrit alors comme la moyenne des $(1 - d(i)/h)$. Une valeur proche de 1 du coefficient d'agglomération signifie que les objets sont fortement structurés en classes. Une valeur proche de 0 signifie que les objets appartiennent tous à une même classe.

Le champ "merge" liste les étapes de fusion. Les chiffres affectés du signe "-" correspondent aux objets de départ. Les chiffres sans signes sont les numéros des classes attribués au fur et à mesure qu'elles sont construites.

Le champ "height" est le vecteur des hauteurs de fusion.

Tous les champs peuvent être extraits à l'aide du `$`. Par exemple :

```
> agnes(Y1)$height
```

```
[1] 0.007256906 0.011765932 0.001708030 0.003026567 0.022953801 0.014979353
[7] 0.034979462 0.001872430 0.003747635 0.005237884 0.001691141 0.029214443
[13] 0.005472515 0.003984952 0.005827433 0.011098483 0.008916999 0.005466319
[19] 0.003279229 0.018711126 0.056256535 0.011160517
```

Deux types de graphiques sont proposés pour afficher les résultats de la fonction `agnes` :

- la bannière, qui s’obtient avec la fonction `bannerplot()` et qui reproduit les hauteurs des différentes fusions dans l’ordre de sortie des objets ;
- l’arbre de classification qui s’obtient avec la fonction `pltree()` et qui permet une vue synthétique des regroupements et le repérage d’éventuelles classes.

Nous avons représenté sous forme de bannière (Figure 4.3) puis d’arbre (Figure 4.4) les résultats de la classification des séquences de Y1.

La classification peut être réalisée à partir des corrélations. Par exemple, les Figures 4.5 et 4.6 montrent l’arbre de classification établi pour les séquences de Y1 et celui établi pour les variables de Y, tous deux réalisés à partir des corrélations.

```
> bannerplot(agnes(Y1),main="",sub="")
```

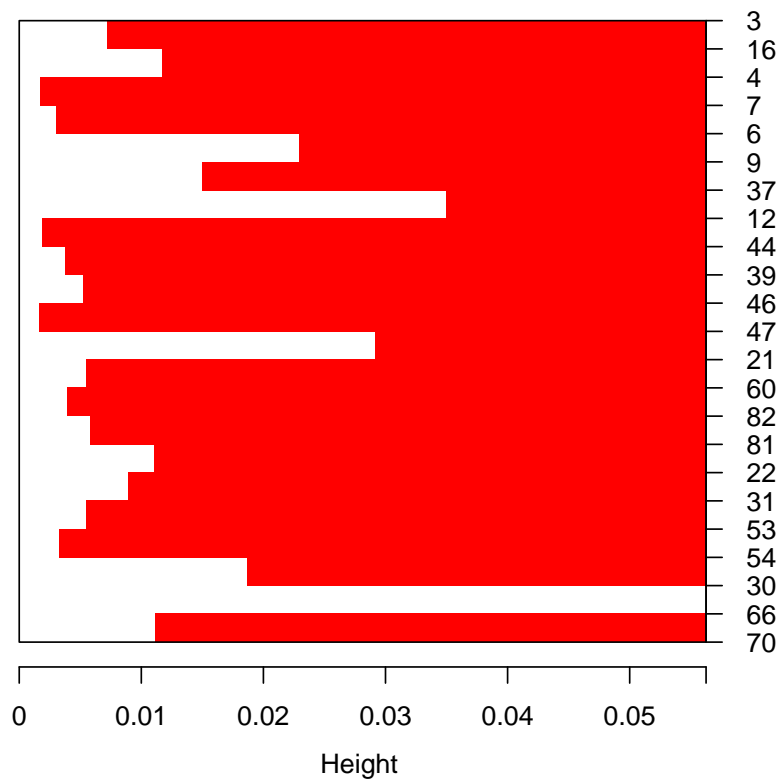


FIG. 4.3 – Bannière de Y1

```
> pltree(agnes(Y1))
```

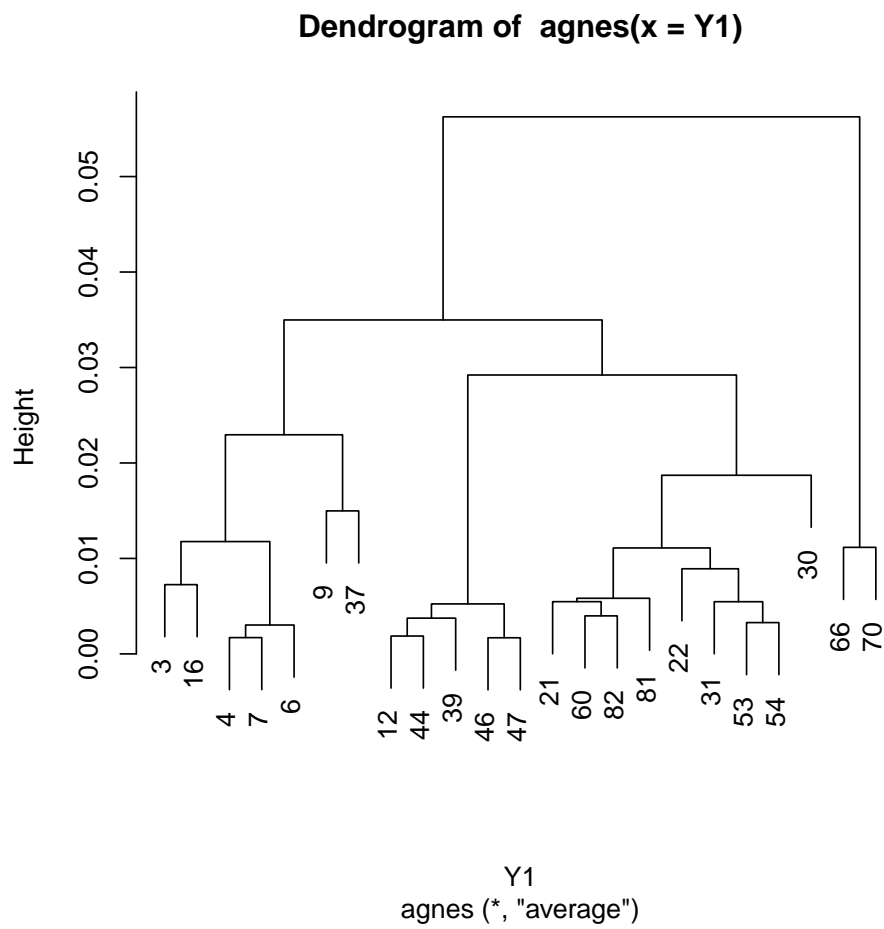


FIG. 4.4 – Arbre de classification des séquences de Y1

```
> pltree(agnes(cor(t(Y1))))
```

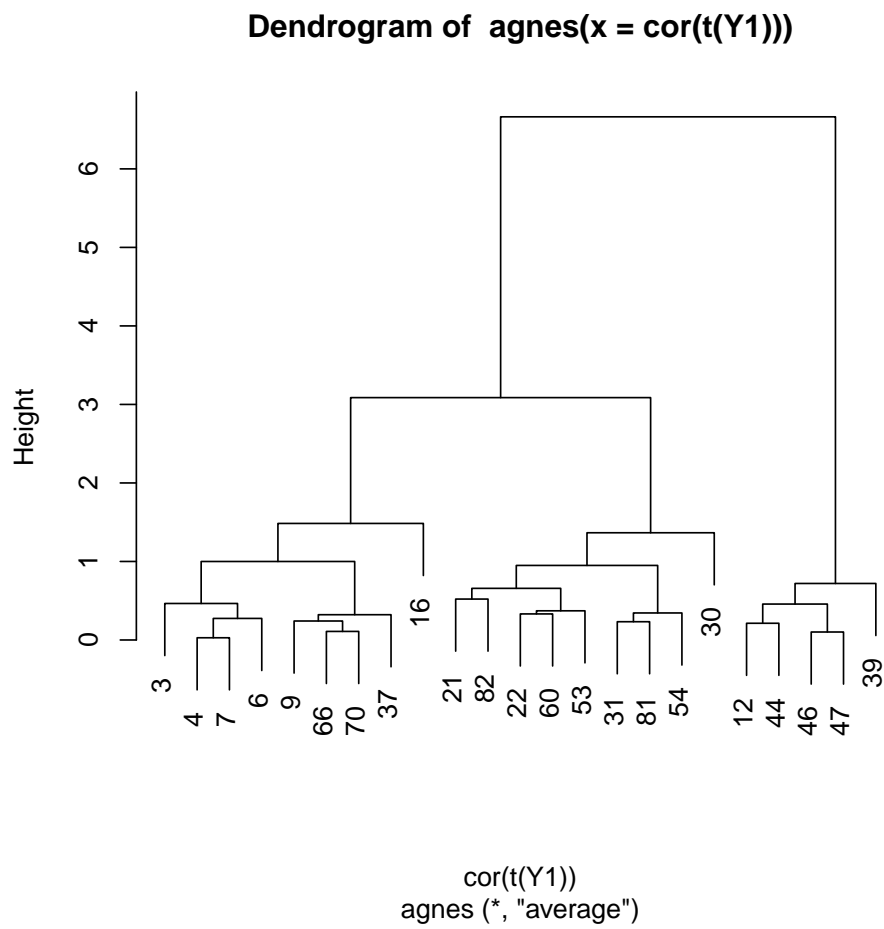


FIG. 4.5 – CHA des séquences de Y1 à partir des corrélations

4.2 Statistiques inférentielles

4.2.1 La régression linéaire

La régression linéaire est une technique statistique utilisée pour modéliser des relations entre un ensemble de variables prédictives (les prédicteurs) et une ou plusieurs variables “réponse”. Toutes les variables impliquées sont quantitatives.

Pour illustrer cette technique, nous considérerons la forme la plus simple avec une seule variable réponse, le mot “aaa”, et un seul prédicteur, le mot “gtg”. Si nous notons y la réponse et x_1 , le prédicteur, le modèle statistique s’écrit de la façon suivante :

$$y = \mu + \alpha x_1 + \varepsilon$$

où μ représente l’intersection de la droite de régression avec l’axe des ordonnées, α la pente de la droite de régression et ε l’erreur résiduelle.

La fonction R permettant de réaliser une régression linéaire est la fonction `lm()`. Les arguments principaux attendus par cette fonction sont le modèle, qui en langage R s’écrit : *reponse ~ predicteur*, et le nom du jeu de données.

```
> Y.lm <- lm(aaa ~ gtg , data=Y)
> summary(Y.lm)
```

Call:

```
lm(formula = aaa ~ gtg, data = Y)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.022422	-0.007019	-0.002900	0.006263	0.034720

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.062529	0.003566	17.536	< 2e-16 ***
gtg	-2.759367	0.280193	-9.848	1.17e-15 ***

Signif. codes: 0

Il est habituel de regarder la distribution des résidus afin de vérifier l’hypothèse de normalité sous-jacente au modèle. Cette distribution doit être centrée autour de zéro, et donc la médiane doit être proche de zéro. On peut le vérifier avec le champ `Residuals` du résumé de l’analyse.

Une autre façon de vérifier la normalité est de tracer un Q-Q plot des résidus. Le vecteur des résidus peut être extrait en utilisant soit `$resid`, soit la fonction `resid()`. On voit sur la Figure 4.7 que la linéarité n’est pas parfaite. L’hypothèse de normalité pourrait donc être, dans ce cas, remise en question. Le champ `Coefficients` fournit l’estimation des valeurs de la pente α et de l’intercept μ ainsi que les statistiques qui leur sont associées. Le vecteur des coefficients peut être extrait en utilisant `$coeff`. A partir de ces valeurs, on peut tracer la droite estimée sur le graphique représentant aaa en fonction de gtg (Figure 4.8).

```
> qqnorm(resid(Y.lm))  
> qqline(resid(Y.lm),col="blue")
```

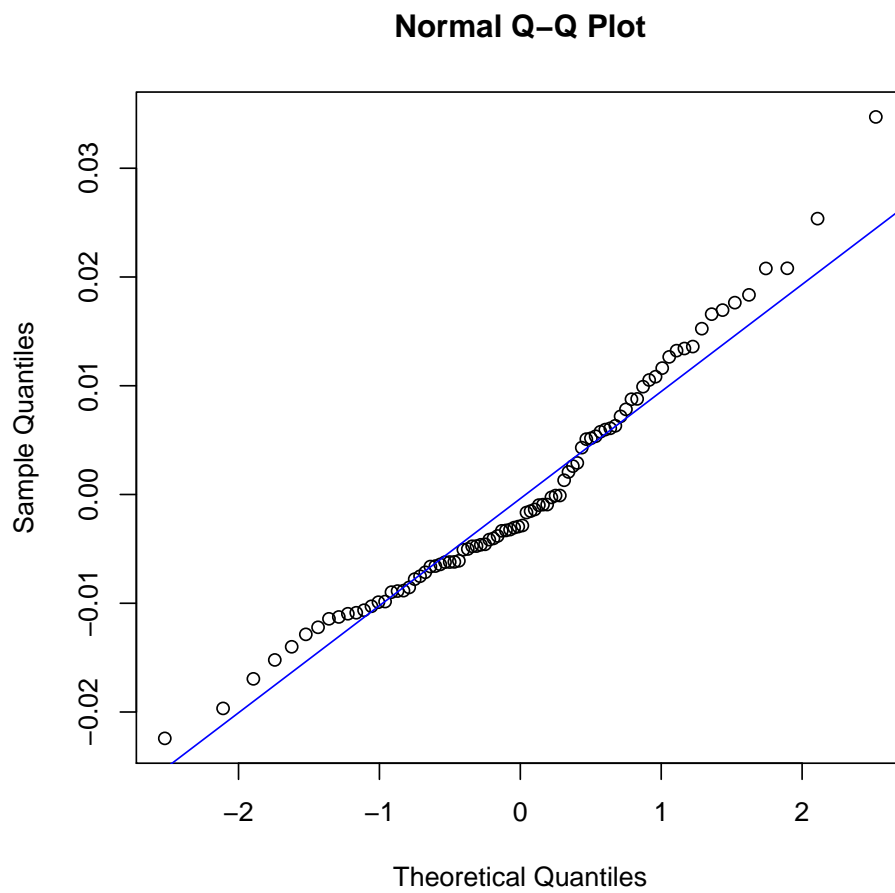


FIG. 4.7 – Q-Qplot des résidus de la régression

4.2.2 L'analyse de variance

L'analyse de variance est une méthode statistique permettant de comparer des groupes. Elle peut être utilisée, par exemple, pour rechercher l'action d'un facteur sur une variable d'intérêt. Nous illustrerons cette méthode avec le jeu de données "porcelets" relatif à l'augmentation du poids de i porcelets, $i \in \{1, \dots, n\}$, en fonction du type d'alimentation de leur mère.

Dans cette expérience, trois types d'aliments sont utilisés. Ils correspondent aux niveaux du facteur aliment :

```
> levels(porcelets$aliment)
```

```
[1] "al1" "al2" "T"
```

On peut représenter les données sous forme de boxplots pour chacun des groupes j , $j \in \{al1, al2, T\}$ (Figure 4.9). Dans la suite, nous noterons x_{ij} l'observation du porcelet i dont la mère reçoit l'aliment j .

Pour savoir s'il existe une influence de l'alimentation de la mère sur la croissance des porcelets, il faut comparer la part de variabilité due à l'alimentation de la mère et la part de variabilité résiduelle (variabilité entre les porcelets d'un même groupe). Pour cela, on calcule la somme des carrés des écarts à la moyenne intra groupes $(x_{ij} - x_{.j})^2$ que l'on notera "SSW", et la somme des carrés des écarts à la moyenne inter groupes $(x_{.j} - x_{..})^2$ que l'on notera "SSB". La somme des carrés totale $(x_{ij} - x_{..})^2$, notée "SST", peut ainsi se décomposer :

$$SST = SSW + SSB$$

La fonction `aov()` calcule les sommes de carrés intra et inter groupes.

```
> pds.aov <- aov(pds ~ aliment, data=porcelets)
> pds.aov
```

Call:

```
aov(formula = pds ~ aliment, data = porcelets)
```

Terms:

	aliment	Residuals
Sum of Squares	35.41750	54.10875
Deg. of Freedom	2	21

Residual standard error: 1.605181

Estimated effects may be unbalanced

Chaque somme de carrés est associée à un degré de liberté (df) qui est pour l'aliment, son nombre de niveaux - 1, et pour la résiduelle, le nombre total d'observations - le df de l'aliment - 1.

La fonction `anova()` réalise les tests statistiques à partir des résultats de l'aov et produit un tableau d'analyse de variance.

```
> anova(pds.aov)
```

Analysis of Variance Table

Response: pds

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
aliment	2	35.417	17.7087	6.8729	0.005056 **
Residuals	21	54.109	2.5766		

Signif. codes: 0

Ce tableau d'analyse de variance montre que la probabilité associée à l'effet de l'alimentation de la mère sur la croissance des porcelets est significative (si on considère un seuil de significativité à 0.05). Cela veut dire qu'au moins une des différences entre les 3 groupes est significative.

On peut en conclure que, globalement, l'alimentation de la mère influe sur la croissance des porcelets.

On peut aussi vouloir comparer les groupes 2 à 2. Pour cela, on utilise la fonction `pairwise.t.test()` qui réalise des comparaisons par paires basées sur des tests de Student. Une option de cette fonction permet de spécifier la méthode d'ajustement, en cas de comparaisons multiples. Par défaut, cette option est "holm".

```
> pairwise.t.test(porcelets$pds,porcelets$aliment,p.adjust.method="bonferroni")
```

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: porcelets\$pds and porcelets\$aliment

	a1	a2
a2	0.1041	-
T	0.5132	0.0042

P value adjustment method: bonferroni

```
> pairwise.t.test(porcelets$pds,porcelets$aliment,p.adjust.method="fdr")
```

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: porcelets\$pds and porcelets\$aliment

	a1	a2
a2	0.0520	-
T	0.1711	0.0042

P value adjustment method: fdr

Les résultats affichés montrent dans les 2 cas une différence significative de la croissance des porcelets entre les groupes T et al2. La différence entre les groupes al1 et al2 n'apparaît pas significative si la méthode d'ajustement choisie est celle de Bonferonni.

Remarque : La fonction `t.test()` est plus générale dans le sens où elle permet de faire un test de Student pour comparer deux groupes (vecteurs) de façon appariée ou non (par défaut) avec variance égale ou non (par défaut). Par exemple

```
> t.test(porcelets$pds[porcelets$aliment=="T"],porcelets$pds[porcelets$aliment=="al2"])
```

```
Welch Two Sample t-test
```

```
data: porcelets$pds[porcelets$aliment == "T"] and porcelets$pds[porcelets$aliment == "al2"]
t = 3.6747, df = 13.473, p-value = 0.002651
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 1.221853 4.678147
sample estimates:
mean of x mean of y
   7.075    4.125
```

De plus la fonction `p.adjust()` permet d'ajuster un ensemble de p -values pour tenir compte d'une comparaison multiple.

```
> intercept <- Y.lm$coeff[1]
> pente <- Y.lm$coeff[2]
> plot(Y$gtg,Y$aaa)
> abline(a=intercept, b=pente, col="blue")
```

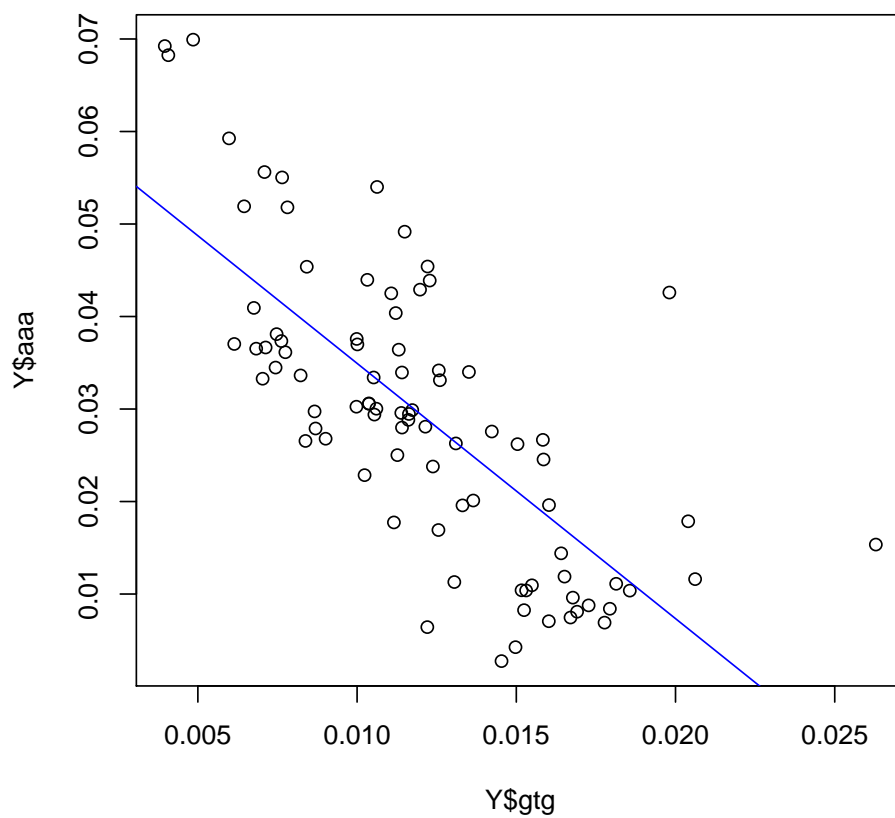


FIG. 4.8 – Graphe de aaa en fonction de gtg et droite estimée

```
> plot(porcelets)
```

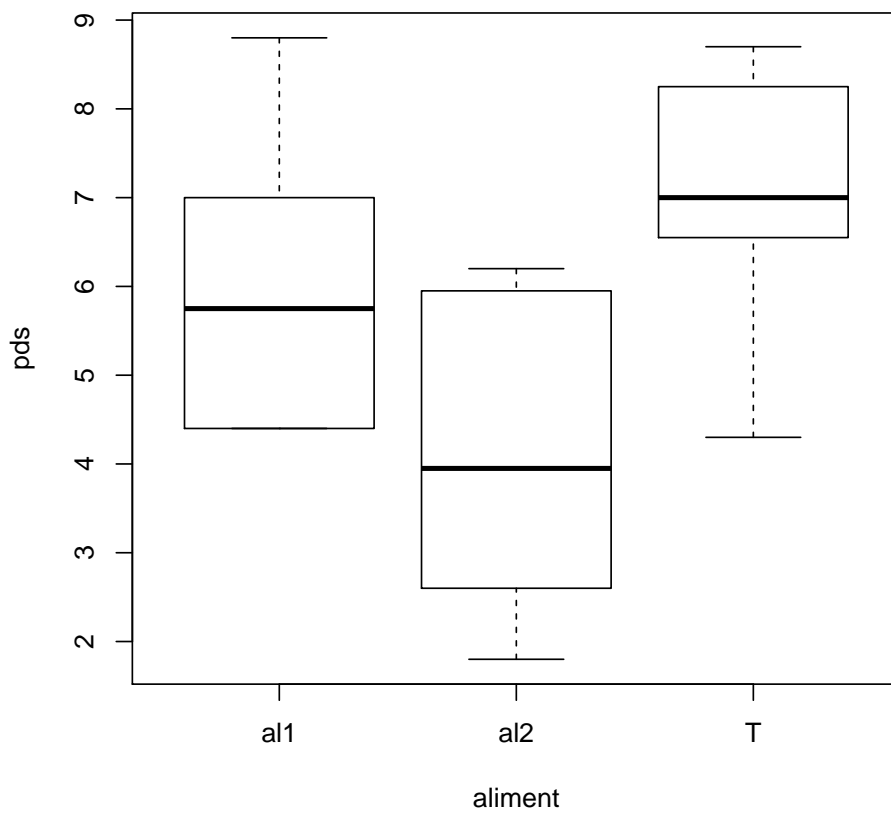


FIG. 4.9 – Augmentation de poids de porcelets en fonction du type d'alimentation de leur mère.

Index

- ., 16, 19
- <-, 9
- ==, 24
- ?, 4
- [], 17
- [[]], 21
- #, 33
- \$, 13, 22, 28
- échelle, 35
- abline()**, 41
- accès aux éléments d'un objet
 - liste, 21
 - matrice, 20
 - tableau de données, 22
 - vecteur, 17
- ACP, 45
- afficher
 - à l'écran, 29
 - dans un fichier, 29
- agnes()**, 49
- aide, 4
- all.equal()**, 24
- analyse de variance, 57
- analyse en composantes principales, 45
- anova()**, 58
- aov()**, 57
- append**, 30
- apropos()**, 6
- arbre de classification, 50
- args()**, 6
- arguments d'une fonction, 6
- arrondir, voir **round()**, **ceiling()**, **floor()**
- as.character()**, 14
- as.logical()**, 14
- as.numeric()**, 14
- assemblage, voir **c()**
- assignation, 9
- axes
 - échelle, 35
 - couleur, 36
 - graduation, 37
 - légende, 35, 37
- background, 41
- bannerplot()**, 50
- bg**, 41
- bibliothèque, 4
- biplot()**, 46
- boucle
 - for**, 30
 - while**, 31
- boxplot, 40
- boxplot()**, 40
- breaks, 38
- bty**, 36, 41
- by**, 16
- byrow**, 10
- c()**, 9, 13
- cadre, 36
- calcul matriciel, 26
- cat()**, 29
- cbind()**, 10, 12, 44
- ceiling()**, 25
- center**, 45
- centrer des données, 45
- cex**, 37, 41
- cex.axis**, 37
- cex.lab**, 37
- cex.main**, 37
- chaîne de caractères, 13
- choose()**, 25
- classification, 49
- col**, 36, 38, 41
- col.names**, 30
- col.axis**, 36

`col.lab`, 36
`col.main`, 36
`col.names`, 28
`colnames()`, 27, 28, 44
`colors()`, 36
comparaison, 19, 24
concaténation, 13, 29
`cor()`, 26
corrélation, 26
couleur, 36, voir `rainbow()`, `colors()`, 38, 41
courbe, 37
`cov()`, 26
covariance, 26
`curve()`, 37

décimales, 28
`data`, 10
`data.frame()`, 11
`dec`, 28
densité de probabilité, 17
`dev.list()`, 43
`device`, 43
`dev.off()`, 34, 43
`diag()`, 26
diagonalisation, 26
`dim()`, 11, 27, 44
`dimnames`, 11
`dir()`, 4
division entière, 23
`dnorm()`, 17, 37
donnée manquante, 8
droite, 41
`drop`, 20

`each`, 16
échantillonner, 26
échelle logarithmique, 37
`eigen()`, 26
ET logique, 25
étiquette, 13, 22, 27

fenêtre graphique, 34
 partitionner, 41
fichier, 43
 écriture, 29
 lecture, 26
`floor()`, 25

fonction, 33
font, 37, 41
`font.axis`, 37
fonte, 37
`font.lab`, 37
`font.main`, 37
for, 30
freq, 38
from, 16
function, 33

gaussienne, voir loi de probabilité
`getwd()`, 4
graduation, 35
 fonte, 37

header, 27
`help()`, 4
`help.search()`, 6
`help.start()`, 6
`hist()`, 38
histogramme, 38
 couleur des barres, 38
 densité, 38
 intervalles, 38
 largeur de barres, 38
 nombre de barres, 38

`identical()`, 24
if, 31
imprimer, 29
indexation, 17
Inf, 8

légende, 41
label, 35
lancer R, 3
`legend()`, 41
`length()`, 8, 11, 13, 25
`length`, 16
`library()`, 4, 49
ligne, 41
 épaisseur, 37
 type, 37
`lines()`, 41
lire un fichier, 26
`list()`, 12

- liste, 7, 21
 - étiquette, 13
 - création, 12
- lm(), 55
- load(), 4, 30
- loi de probabilité, 17
- ls(), 14
- ls.str(), 15
- lty, 37, 41
- lwd, 37, 41
- main, 35
- matrice, 7, 20
 - création, 10
 - diagonale, 26
 - dimension, 11
 - inversion, 26
 - nombre d'éléments, 11
 - produit, 26
 - suppression de lignes ou colonnes, 21
 - transposition, 26
 - valeurs propres, 26
- matrix(), 10
- max(), 25
- maximum des éléments d'un vecteur, voir max()
- mean(), 26
- mfcoll, 41
- mfrow, 42
- min(), 25
- minimum des éléments d'un vecteur, voir min()
- mode(), 8
- mode d'un objet, 7
- modulo, 23
- moyenne, 26
- mtext(), 41
- NA, 8
- names, 40
- NaN, 8
- ncol(), 11, 12
- ncol, 10, 41
- nom d'un objet, 8
- NON logique, 25
- nrow(), 11, 12
- nrow, 10, 41
- nuage de points, 34
- objet
 - conversion, 14
 - création, 9
 - lister, 14
 - supprimer, 14
- opérateurs, 23
- OU logique, 25
- périphérique graphique, 34, 42
- package, voir bibliothèque
- p.adjust(), 59
- pairwise.t.test(), 59
- par(), 42
- par, 41
- paramètres graphiques, 41
- partie entière, voir ceiling(), floor()
- paste(), 13
- pattern, 15
- pch, 35, 41
- plot(), 35
- pltree(), 50
- pnorm(), 17
- point
 - couleur, 36
 - symbole, 35
 - taille, 37
- points(), 41
- prcomp, 45
- princomp, 45
- print(), 29
- probabilité cumulée, 17
- prod(), 25
- produit des éléments d'un vecteur, voir prod()
- puissance, 23
- q(), 4
- Q-Q plot, 55
- qnorm(), 17
- qqnorm(), 55
- quantile, 17
- quitter R, 4
- quote, 30
- réduire des données, 45
- régression linéaire, 55
- répéter, 16
- répertoire de travail, 4, 26

racine carrée, 25
 rainbow(), 36
 range, 40
 rbind(), 10, 12
 rbinom(), 17
 rchisq(), 17
 .RData, 3, 4, 30
 read.table(), 26, 44
 rep(), 16
 retourner un vecteur, 25
 rev(), 25
 rexp(), 17
 .Rhistory, 3, 4
 right, 38
 rm(), 15
 rnorm(), 17
 round(), 25
 row.names, 12, 30
 row.names, 28
 rownames(), 27, 28
 rpois(), 17
 runif(), 17

 séparateur, voir `sep`
 sample(), 26
 sauvegarde, 30
 save(), 4, 30
 scale(), 45
 scale, 45
 scan(), 28
 segment, 41
 segments(), 41
 sep, 14, 28, 29
 seq(), 16
 setwd(), 4
 sink(), 29
 skip, 26
 solve(), 26
 somme des éléments d'un vecteur, voir `sum()`
 sort(), 25
 source(), 4, 33
 suite régulière, 15
 sum(), 25
 summary(), 46
 symbole de décimales, voir `dec`
 système linéaire, 26

 t(), 26
 tableau de données, 7, 22, 30, 44
 étiquettes, 11
 création, 11, 26
 taille d'un objet, 8
 taille de caractères, 37
 text(), 41
 texte, 41
 times, 16
 titre, 35
 fonte, 37
 taille des caractères, 37
 titres
 couleur, 36
 to, 16
 transposition, 26
 trier, 25
 t.test(), 59
 type, 37, 41

 valeur absolue, 25
 valeur indéfinie, 8
 var(), 26
 variable aléatoire, voir loi de probabilité
 variance, 26
 vecteur, 7, 18
 création, 9, 15
 suppression d'éléments, 19
 vector(), 9

 what, 28
 which.max(), 25
 which.min(), 25
 width, 40
 write.table(), 4, 30

 x11(), 34
 xlab, 35
 xlim, 35
 xor(), 25

 ylab, 35
 ylim, 35