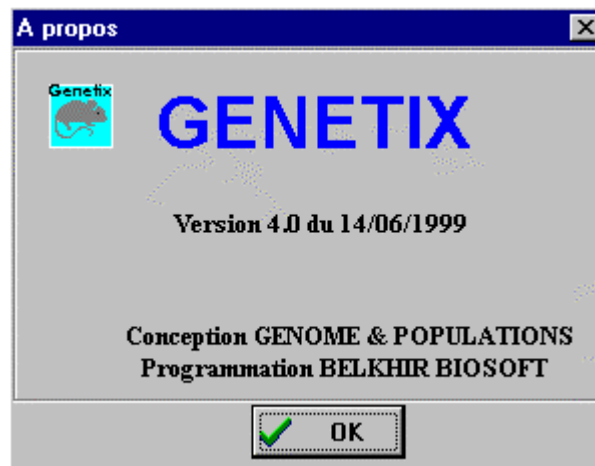




FuzzyVar

FuzzyVar : Categ->Fuzzy -----	1
FuzzyVar : From_GENETIX -----	2
FuzzyVar : FuzDivIndex -----	6
FuzzyVar : FuzFCMean -----	10
FuzzyVar : FuzRowMean -----	14
FuzzyVar : FuzSimpson -----	17
FuzzyVar : Fuzzy Centring -----	19
FuzzyVar : Genetic Missing Data -----	22
FuzzyVar : OneBlock->Fuzzy -----	26
FuzzyVar : Read Fuzzy File -----	29

Interface avec

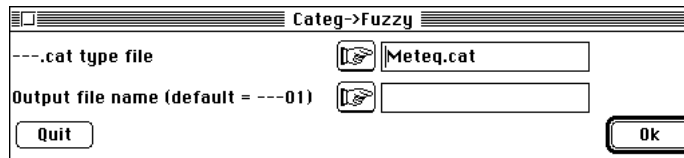


FuzzyVar : Categ->Fuzzy

Type Utilitaire de manipulation de fichiers.

Objet La fonction assurée est exactement celle de FuzzyVar : Read Fuzzy File en partant d'un fichier de variables qualitatives.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



- 1) Fichier du type ---.cat obtenu par CategVar : Read Categ File sur un fichier de variables qualitatives.
- 2) Nom générique des fichiers de sortie. Par défaut, on utilise le nom du fichier des variables qualitatives augmenté de "01".

Exemple Utiliser la fiche Meteq de la pile ADE-4•Data pour obtenir le fichier MeteoCat (23-10). Utiliser CategVar : Read Categ File sur MeteoCat. Comparer les deux listings d'exécution. Ils sont très voisins.

Lien En fait, la notion de variables floues contient complètement, comme cas particulier, la notion de variables qualitatives. Le tableau de variables floues obtenu par cette option est exactement le tableau disjonctif complet. L'analyse des correspondances simples du tableau disjonctif complet, l'analyse des correspondances multiples du tableau de variables qualitatives et l'analyse des correspondances floues du même tableau sont confondues.

Ce cas particulier est cependant très particulier, en ce sens que les indicatrices des classes d'une même variable qualitative sont non corrélées (ou orthogonales, en terme géométrique), ce qui simplifie considérablement certaines notions dérivées. C'est pourquoi nous avons conservé la manipulation des deux types de variables, pour respecter les habitudes des utilisateurs sur les variables qualitatives inspirées par des ouvrages désormais classiques.

Références

Lebart, L., Morineau, A. & Tabart, N. (1977) *Techniques de la description statistique, méthodes et logiciels pour la description des grands tableaux*. Dunod, Paris. 1-351.

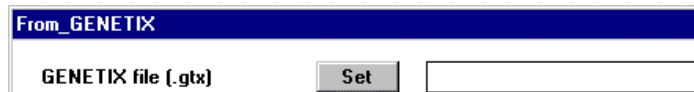
Lebart, L., Morineau, L. & Warwick, K.M. (1984) *Multivariate descriptive analysis: correspondence and related techniques for large matrices*. Wiley, New York. 1-231.

FuzzyVar : From_GENETIX

Type Utilitaire de lecture des fichiers .gtx du programme GENETIX. GENETIX est un logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations du Laboratoire Génome et Populations, CNRS UPR 9060, Université de Montpellier II, Montpellier (France), Université Montpellier 2, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier cedex 05, France. e-mail : Genetix@crit.univ-montp2.fr, tél. : (33) 67 14 38 87, fax : (33) 67 14 45 54. Il est écrit par K. Belkhir. Freeware à <http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix.htm>.

Objet Tous les traitements de GENETIX sont effectués sur des fichiers de données de génotypes multilocus d'organismes diploïdes. L'option permet d'importer un fichier de ce type dans ADE-4.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



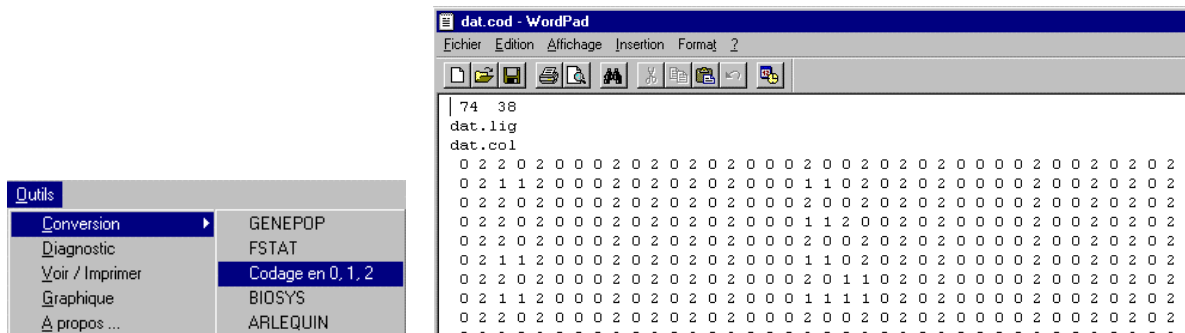
1) Nom de fichier du type .gtx.

Exemple Utiliser la carte Genetix. Elle contient le fichier d'exemple du logiciel GENETIX ¹.



```
Data input file (from GENETIX) E:\Ade4\GENETIX\data.gtx
Locus = 15
Populations = 4
Data format 11 heterozygote | 02 homozygote | 00 missing| E:\Ade4\GENETIX\data
Rows = 74 Cols = 38
```

Le tableau de données est passé en binaire. Les lignes sont les individus et les colonnes sont les allèles. Un individu hétérozygote est codé 0 1/2 0 1/2 0..., un individu homozygote est codé 000010..., une donnée manquante est codée 000000... Ci-dessous dans GENETIX et dans ADE-4 (renvoyé dans Excel) :



DATA.TXT		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	
1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
2	0	1	0.5	0.5	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	1	0	1	0	1	0
3	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
4	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0.5	0.5	1	0	0	1	0	1	0
5	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
6	0	1	0.5	0.5	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0	1	0	1	0	1	0
7	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0.5	0.5	0	1	0	1	0
8	0	1	0.5	0.5	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.5	0.5	0	1	0	1	0
9	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
10	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
11	0	1	0.5	0.5	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0
12	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0.5	0.5	0	1	0	1	0

Category indication file (allels/locus) E:\Ade4\GENETIX\data_bloA
 Rows = 38 Cols = 1

L'indicateur de blocs de colonnes (allèles par locus) est conservé dans un fichier binaire. Le tableau de données et son indicateur de blocs sont relus comme un fichier de variables floues.

```
*****
* Description of a fuzzy coded matrix *
*****
Input file: E:\Ade4\GENETIX\data
Row number: 74, column number: 38
Number of modalities for each variable: file E:\Ade4\GENETIX\data_bloA
Row number: 15
Missing data: 8
```

Description of categories:

Variable number 1 has 2 categories

```
-----
[ 1] Category: 1 Freq.: 0.149
[ 2] Category: 2 Freq.: 0.851
```

Variable number 2 has 2 categories

```
-----
[ 3] Category: 1 Freq.: 0.75
[ 4] Category: 2 Freq.: 0.25
```

Variable number 3 has 2 categories

```
-----
[ 5] Category: 1 Freq.: 0.703
[ 6] Category: 2 Freq.: 0.297
```

Variable number 4 has 3 categories

```
-----
[ 7] Category: 1 Freq.: 0.0811
[ 8] Category: 2 Freq.: 0.196
[ 9] Category: 3 Freq.: 0.723
```

...

Variable number 15 has 2 categories

```
-----
[ 37] Category: 1 Freq.: 0.122
[ 38] Category: 2 Freq.: 0.878
```

```
-----
Output file: E:\Ade4\GENETIX\data
Row number: 74, column number: 38
It contains the modified table with type [L1/.../Lv]
[0, 0, ..., 0] are preserved for missing data
```

File E:\Ade4\GENETIX\data.fuz contains

```

----- number of rows: 74
----- number of variables: 15
----- number of categories: 38
----- categorie number per variable (vector of 15 values)
----- marginal frequency of modality (vector of 38 values)
-----
Auxiliary binary output file E:\Ade4\GENETIX\dataModa: Indicator vector of
modalities
It contains variable number for each modality
It has 38 rows (modalities) and one column

Auxiliary ASCII output file E:\Ade4\GENETIX\data.123: labels (two characters) for
38 modalities
It contains one label for each modality
It has 38 rows (modalities) and labels 1a,1b, ..., 2a, 2b, ...
Variable number 1,2, ..., A, ..., Z,+, Modality number a,b, ..., z,+
-----

```

Les étiquettes des locus, des allèles et des populations sont conservées :

```

Labels of locus in file E:\Ade4\GENETIX\data_labloc
Labels of allels in file E:\Ade4\GENETIX\data_laball
Labels of populations in file E:\Ade4\GENETIX\data_labpop
Pop  1 | domesticus          | n =  24 |
Pop  2 | castaneus              | n =  11 |
Pop  3 | musculus                | n =   9 |
Pop  4 | casitas                | n =  30 |

```

L'indicateur de blocs des populations est dans :

```

Category indication file (individuals/population) E:\Ade4\GENETIX\data_bloP
Rows = 4 Cols = 1
Bloc 1: 24
Bloc 2: 11
Bloc 3: 9
Bloc 4: 30

```

Il donne une variable qualitative :

```

-----
File E:\Ade4\GENETIX\data_Pop contains one categorical variable
Row number: 74   Column number: 1
-----

```

```

|      Description of a coding matrix      |
-----

```

```

Qualitative variables file: E:\Ade4\GENETIX\data_Pop
Number of rows: 74, variables: 1, categories: 4

```

Description of categories:

```

-----
Variable number 1 has 4 categories
-----

```

```

[  1]Category:      1 Num:   24 Freq.:   0.3243
[  2]Category:      2 Num:   11 Freq.:   0.1486
[  3]Category:      3 Num:    9 Freq.:   0.1216
[  4]Category:      4 Num:   30 Freq.:   0.4054

```

```

-----
Auxiliary ASCII output file E:\Ade4\GENETIX\data_Pop.123: labels (two characters)
for 4 modalities
It contains one label for each modality
It has 4 rows (modalities) and labels 1,2, ..., 4
-----

```

Le tableau de génotype est donc un tableau de variables floues particulières accompagné d'une variable qualitative indicatrice des populations.

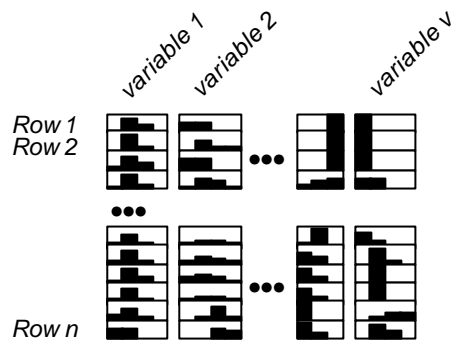
Références

¹ Orth, A., Adama, T., Din, W. & Bonhomme, F. (1998) Hybridation naturelle entre deux sous espèces de souris domestique *Mus musculus domesticus* et *Mus musculus castaneus* près de Lake Casitas (Californie). *Genome* : 41, 104-110.

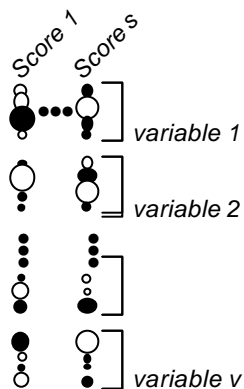
FuzzyVar : FuzDivIndex

Type Utilitaire de calcul d'indices de diversité pour variables floues.

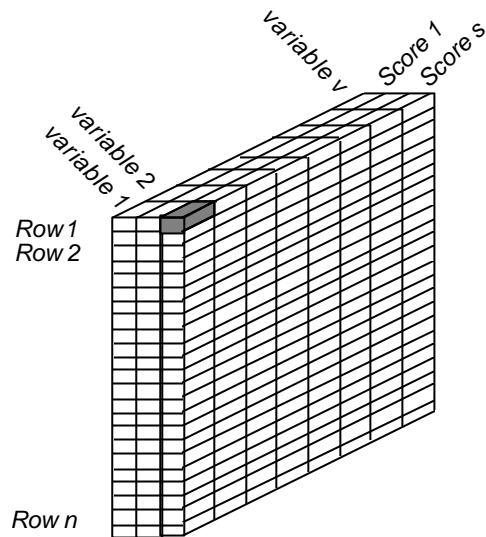
Objet L'objectif de l'option est simple. Un tableau de variables floues est un tableau de distributions de fréquence :



On peut lui associer un ensemble de scores numériques des modalités des variables :

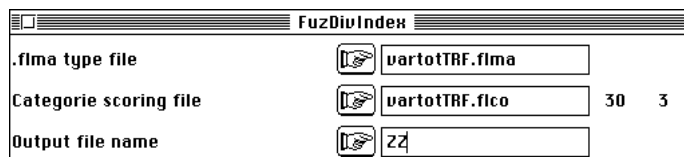


L'association d'un score, d'une variable et d'une ligne définit une moyenne et une variance. On ne s'intéresse ici qu'aux variances qui sont des indices de diversité.



L'option calcule ces variances et les somme de diverses manières pour définir des indices de diversité synthétique. Lorsque les scores sont les coordonnées factorielles de l'ACF (Analyse des correspondances floues ¹) on étend la diversité factorielle justifiée dans ². Cette pratique est utilisée et explicitée dans ³.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



1) Nom du fichier binaire d'entrée de type ---.flma créé par MCA : Fuzzy Correspondence Analysis.

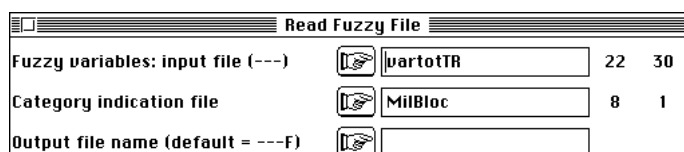
2) Nom du fichier binaire des scores des modalités. Il doit avoir autant de lignes qu'il y a de colonnes dans le fichier flou utilisé. Ce peut être le fichier des coordonnées ---.flco associé à ---.flma, mais ce n'est pas obligatoire.

3) Nom générique des fichiers binaires de sortie (création).

Exemple Utiliser le dossier de travail créé par la carte Ostracodes de la pile ADE-4•Data. Transposer le fichier vartot par FilesUtil : Transpose :



Lire le fichier vartotTR par FuzzyVar : Read Fuzzy File :



Exécuter l'analyse des correspondances floues par MCA : Fuzzy Correspondence Analysis :



Garder 3 facteurs et dépouiller l'analyse pour vérifier que les scores des modalités ont un sens. Utiliser la présente option :

```
-----
Fuzzy table vartotTRF
Categorie score table vartotTRF.flco
Fuzzy diversity indices
-----
```

Edition par ligne et par score des variances : pour une ligne du tableau flou et pour un score des modalités, chaque variable renseignée (on tolère les profils vides notés 0 partout) on a une variance. Le listing indique le numéro de lignes et le nombre de variables floues participant à la moyenne de ces variances. Cette moyenne est la diversité de cette ligne pour ce score. On somme les indices sur les scores pour obtenir la diversité globale de la ligne :

```
| 1 | 8 | 2.985e-02 | 4.734e-02 | 5.721e-03 | Tot = 8.291e-02 |
| 2 | 8 | 5.635e-02 | 7.315e-02 | 8.854e-03 | Tot = 1.384e-01 |
| 3 | 8 | 3.372e-02 | 6.534e-02 | 1.337e-02 | Tot = 1.124e-01 |
| 4 | 7 | 1.643e-02 | 3.673e-02 | 5.649e-04 | Tot = 5.372e-02 |
...
| 18 | 4 | 2.759e-02 | 3.918e-02 | 1.378e-01 | Tot = 2.046e-01 |
| 19 | 4 | 2.468e-02 | 2.432e-02 | 8.456e-02 | Tot = 1.336e-01 |
| 20 | 4 | 2.816e-02 | 2.306e-02 | 8.690e-02 | Tot = 1.381e-01 |
| 21 | 8 | 3.992e-02 | 5.033e-02 | 8.869e-02 | Tot = 1.789e-01 |
| 22 | 8 | 4.337e-02 | 6.527e-02 | 1.561e-01 | Tot = 2.647e-01 |
```

Les indices de diversité donnent pour chaque score et globalement une moyenne pondérée par le nombre de variables participant à la définition des indices :

```
-----
| Total | 155 | 6.535e-02 | 5.761e-02 | 4.984e-02 | Tot = 1.728e-01 |
-----
```

Conservation dans un fichier des indices de diversité par lignes et par scores :

```
File ZZ_drowscor contains component of the diversity index (row) for each
score. It has 22 rows and 3 columns
-----
```

Conservation dans un fichier des indices de diversité globaux par lignes :

```
File ZZ_drow contains the global diversity index for each row
It has 22 rows and 1 column
-----
```

Edition par variable et par score des variances : pour une variable du tableau flou et pour un score des modalités, chaque individu renseigné (on tolère les profils vides notés 0 partout) on a une variance. Le listing indique le numéro des variables et le nombre de lignes participant à la moyenne de ces variances. Cette moyenne est la diversité de cette variable pour ce score. On somme les indices sur les scores pour obtenir la diversité globale de la variable :

```
-----
| 1 | 17 | 4.371e-02 | 1.362e-02 | 1.180e-03 | Tot = 5.852e-02 |
| 2 | 17 | 4.209e-02 | 1.096e-01 | 6.630e-03 | Tot = 1.583e-01 |
| 3 | 17 | 8.838e-03 | 1.574e-01 | 6.815e-03 | Tot = 1.730e-01 |
| 4 | 16 | 5.532e-02 | 4.843e-02 | 2.980e-02 | Tot = 1.336e-01 |
```

	5		22		1.021e-01		5.683e-02		1.102e-02		Tot = 1.699e-01	
	6		22		9.289e-02		3.201e-02		5.271e-02		Tot = 1.776e-01	
	7		22		7.349e-02		2.748e-02		7.303e-02		Tot = 1.740e-01	
	8		22		7.864e-02		3.752e-02		1.814e-01		Tot = 2.976e-01	

Les indices de diversité donnent pour chaque score et globalement une moyenne pondérée par le nombre de lignes participant à la définition des indices :

	Total		155		6.535e-02		5.761e-02		4.984e-02		Tot = 1.728e-01	
--	-------	--	-----	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------------	--

On obtient strictement les mêmes moyennes calculées soit comme moyenne des moyennes par lignes, soit comme moyenne des moyennes par variables.

Conservation dans un fichier des indices de diversité par variables et par scores :

File ZZ_dvarscor contains component of the diversity index (variable) for each score. It has 8 rows and 3 columns

Conservation dans un fichier des indices de diversité globaux par variables :

File ZZ_dvar contains the global diversity index for each variable
It has 8 rows and 1 column

Références

1 Chevenet, F., Dolédec, S. & Chessel, D. (1994) A fuzzy coding approach for the analysis of long-term ecological data. *Freshwater Biology* : 31, 295-309.

2 Chessel, D., Lebreton, J.D. & Prodon, R. (1982) Mesures symétriques d'amplitude d'habitat et de diversité intra-échantillon dans un tableau espèces-relevés: cas d'un gradient simple. *Compte rendu hebdomadaire des séances de l'Académie des sciences*. Paris, D : III, 295, 83-88.

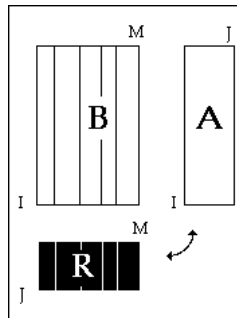
Thioulouse, J. & Chessel, D. (1992) A method for reciprocal scaling of species tolerance and sample diversity. *Ecology* : 73, 670-680.

3 Cellot, B., Dole-Olivier, M.J., Bornette, G. & Pautou, G. (1994) Temporal and spatial environmental variability in the Upper Rhône River and its floodplain. *Freshwater Biology* : 31, 311-325.

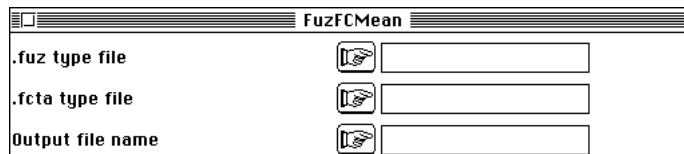
FuzzyVar : FuzFCMean

Type Utilitaire de manipulation de matrices.

Objet **A** est un tableau d'AFC (par exemple un tableau faunistique) après COA : COrrépondence Analysis ou COA : Row weighted COA. **B** est un tableau de variables floues (par exemple un tableau de stratégie des espèces) après FuzzyVar : Read Fuzzy File. **R** est le tableau des moyennes des profils des variables floues sur les distributions colonnes de **A**. **R** peut être un nouveau tableau flou à relire avec la même variable de partition des modalités que pour **B**.

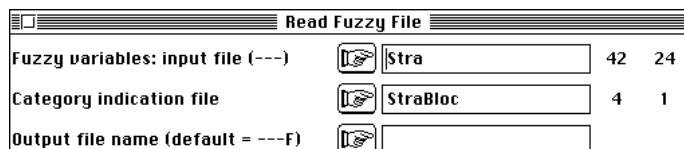


Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



- 1) Fichier de type .fuz créé par FuzzyVar : Read Fuzzy File.
- 2) Fichier de type .fcta créé par COA : COrrépondence Analysis ou COA : Row weighted COA.
- 3) Nom du fichier de sortie (création).

Exemple Faire un dossier de travail avec la carte Tricho¹ de la pile ADE-4•Data. Le fichier Stra contient 42 lignes-espèces et 24 colonnes-modalités (profils écologiques bibliographiques). Le lire avec FuzzyVar : Read Fuzzy File :



```
Input file: Stra
Row number: 42, column number: 24
Number of modalities for each variable: file StraBloc
Row number: 4
Missing data: 1
```

```
...
Variable number 3 has 2 categories
-----
[ 14] Category:    1   Freq.:    0.726
```

```
[ 15] Category:    2    Freq.:    0.274
...
```

Ajouter à partir de la carte Tricho+1 de la pile ADE-4•Data le fichier Fau avec 42 lignes-espèces et 15 colonnes-relevés. Analyser ce tableau faunistique par COA : COrrépondence Analysis :

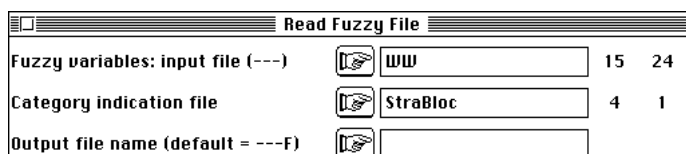


et noter qu'il est très faiblement structuré. Chaque relevé contient une combinaison d'espèces. L'option calcule pour chaque relevés les profils écologiques moyens des espèces qu'on y trouve.



```
File WW contains means of the fuzzy variables from StraF.fuz
computed with profiles from Fau.
It has 15 rows and 24 columns
```

Relire le fichier de sortie :



```
Input file: WW
Row number: 15, column number: 24
Number of modalities for each variable: file StraBloc
Row number: 4
Missing data: 0
...
Variable number 3 has 2 categories
-----
[ 14] Category:    1    Freq.:    0.735
[ 15] Category:    2    Freq.:    0.265
...
```

En faire l'analyse avec la pondération colonne du tableau faunistique pour retrouver les distributions par modalités de l'analyse du tableau flou de départ analysé avec la pondération ligne du même tableau faunistique :



```
...
Marginal distributions by variable:
...
Variable number 3 has 2 categories
-----
[14]   Category:  1   Weight:  0.727
[15]   Category:  2   Weight:  0.273
```

Fuzzy Correspondence Analysis			
.fuz type file		StraF.fuz	
Option: Row weighting file		Fau.fcpl	42 1

•••

Marginal distributions by variable:

•••

Variable number 3 has 2 categories

```
-----
[14] Category: 1      Weight:  0.727
[15] Category: 2      Weight:  0.273
```

La question se pose à l'écologue de savoir si le calcul de la moyenne des traits biologiques des espèces pour chaque relevé a un sens. On peut évidemment répondre qu'on peut toujours calculer des moyennes. La question devient alors : est-ce que ces moyennes diffèrent significativement d'un relevé à l'autre ?

On notera alors que l'analyse du tableau flou des moyennes est très sensiblement l'analyse de co-inertie du tableau faunistique (AFC) et du tableau espèces-traits (ACM) pondéré par la marge ligne du tableau faunistique (CoInertia : Matching two statistical triplets et CoInertia : Coinertia analysis) :

Matching two statistical triplets			
First data input file		StraF.flta	42 24
Second data input file		Fau.fcta	42 15
Output file name		Z	

Coinertia analysis			
---.<ta input file		Z.<ta	24 15

Les deux approches sont identiques s'il n'y a pas de données manquantes (ici, il y en a quelques une). Le tableau moyen par relevés exprime donc la co-structure entre typologie des espèces par leur profils écologiques et typologie des espèces par leur répartition temporelle. Le test est celui de la co-inertie totale (CoInertia : Coinertia test - Fixed Tab 1 car le tableau faunistique à 15 colonnes a été placé en première position par rapport au tableau de profils à 24 colonnes) :

Coinertia test - Fixed Tab 1			
---.<ma input file		Z.<ma	
Select a number of permutations		1000	

```
The fixed table is table 1: Fau.fcta
number of random matching: 1000 Observed: 0.067202
Histogramm: minimum = 0.037351, maximum = 0.107948
number of simulation X<Obs: 740 (frequency: 0.740000)
number of simulation X>=Obs: 260 (frequency: 0.260000)
```

```

|*
|**
|*****
|*****
|*****
|*****
|*****
|*****
●->|*****
|*****
|*****
|*****
|***
|*
|*
|
|
|
|
```

Ici, le test n'est pas significatif et l'approche du tableau de moyennes est invalide.

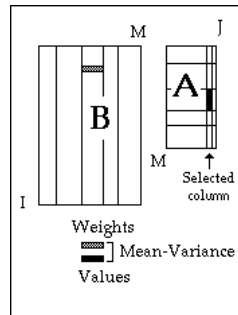
Références

¹ Usseglio-Polatera, P. (1991) Représentation graphique synthétique de la signification écologique d'un peuplement. Application aux macroinvertébrés du Rhône à Lyon. *Bulletin d'Ecologie* : 22, 195-202.

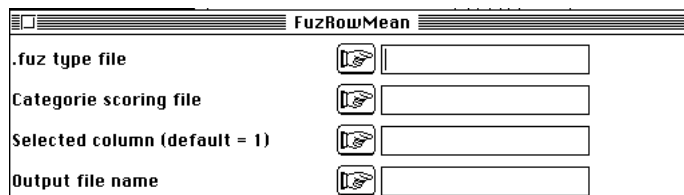
FuzzyVar : FuzRowMean

Type Utilitaire de statistique descriptive.

Objet **A** est un tableau de variables quantitatives dont on utilise une colonne. **B** est un tableau flou (après FuzzyVar : Read Fuzzy File), par exemple un tableau de profils écologiques. Pour chaque ligne et chaque variable de **B** on calcule la moyenne et la variance de la variable sélectionnée dans **A** :



Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :

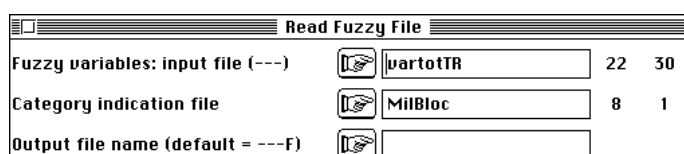


- 1) Fichier de type .fuz créé par FuzzyVar : Read Fuzzy File.
- 2) Nom du fichier du code numérique des modalités (binaire, quantitatif). Il doit avoir autant de lignes que le précédent a de colonnes.
- 3) Numéro de la colonne sélectionnée dans le fichier précédent. Par défaut, c'est la première..
- 4) Nom générique des fichiers de sortie (création).

Exemple Faire un dossier de travail avec la carte Ostracodes ¹ de la pile ADE-4•Data. Transposer (FilesUtil : Transpose) le fichier vartot (30-22) en vartotTR (22-30) pour avoir des variables floues en colonnes :



Lire (FuzzyVar : Read Fuzzy File) le fichier vartotTR :



vartotTRF				
	1	2	3	4
1	0.0200	0.6500	0.3300	0.0000
2	0.0800	0.6400	0.2800	0.0000
3	0.0100	0.7500	0.2300	0.0100
4	0.0700	0.6200	0.3100	0.0000
5	0.0800	0.6600	0.2600	0.0000
6	0.0300	0.7700	0.1800	0.0200
7	n nnnn	n nnnn	n nnnn	n nnnn

Pour la première variable (4 modalités) le premier habitat (première ligne) présente 2 % de valeurs dans la modalité 1, 65 % dans la modalité 2 et 33% dans la modalité 3. La modalité 4 n'y est pas représentée. Si on se donne un code numérique des modalités (par exemple 1, 2, 3 et 4), ce code permet de calculer la position moyenne de l'habitat et sa diversité sous forme de la variance.

FuzRowMean	
.fuz type file	<input type="text" value="vartotTRF.fuz"/>
Categorie scoring file	<input type="text" value="CodeModa"/> 30 1
Selected column (default = 1)	<input type="text"/>
Output file name	<input type="text" value="WW"/>

L'option édite les moyennes et les variances des codes modalités calculées avec la pondération moyenne sur l'ensemble des profils renseignés :

```

Marginal parameters
-----
| Var | Mean | Variance |
-----
| 1 | 2.125e+00 | 3.197e-01 |
| 2 | 2.355e+00 | 9.373e-01 |
| 3 | 1.769e+00 | 7.483e-01 |
| 4 | 1.948e+00 | 1.046e+00 |
| 5 | 1.386e+00 | 4.598e-01 |
| 6 | 2.890e+00 | 9.557e-01 |
| 7 | 2.055e+00 | 8.543e-01 |
| 8 | 1.732e+00 | 7.908e-01 |
-----

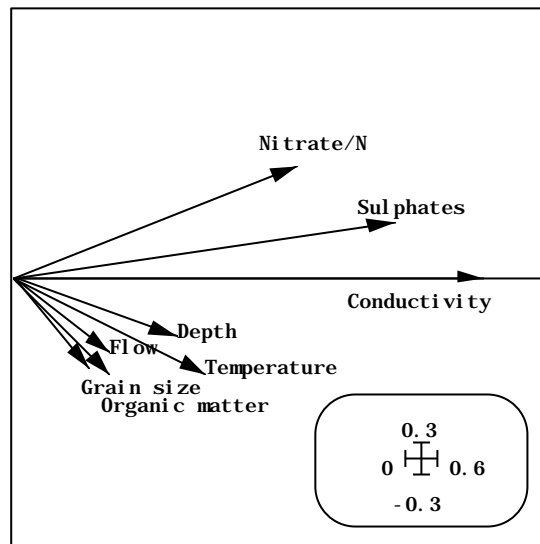
```

File WW_moy contains means of the scores from CodeModa computed with the fuzzy profiles from vartotTRF.fuz It has 22 rows and 8 columns

File WW_var contains variances of the scores from CodeModa computed with the fuzzy profiles from vartotTRF.fuz It has 22 rows and 8 columns

On peut faire une ACP non centrée des variances pour discuter des structures de l'hétérogénéité interne des types d'habitat :

Non centred PCA	
Matrix input file	<input type="text" value="WW_var"/> 22 8



Références

- ¹ Marmonier, P., Bodergat, A.M. & Dolédec, S. (1994) Theoretical habitat templet, species traits, and species richness: Ostracoda in the Upper Rhône River and its floodplain. *Freshwater Biology* : 31, 341-355.

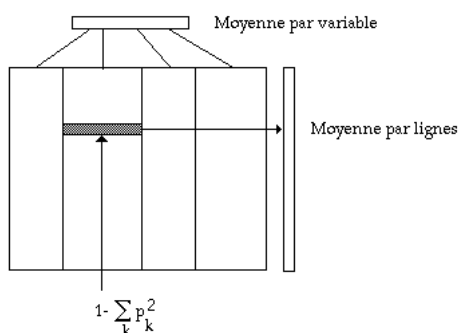
FuzzyVar : FuzSimpson

Type Utilitaire de calcul d'indices de diversité.

Objet L'objectif est très simple. Les valeurs d'une variable floue pour les modalités d'une variable forment une distribution de fréquence, ce qui donne un indice de Simpson dans la version 1-D (voir 1) qui s'écrit :

$$I_S = 1 - D = 1 - \sum_{k=1}^p p_k^2$$

où p_k est la fréquence relative de la modalité k dans le profil de l'individu considéré pour la variable étudiée :



On calcule l'indice pour chaque couple individu-variable puis la moyenne des indices par individu et la moyenne des indices par variable.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



1) Nom du fichier de type ---.fuz créé par FuzzyVar : Read Fuzzy File.

Exemple Créer un dossier de travail avec la carte Rhône_Granu_Archi de la pile ADE-4•Data. Lire le fichier binaire Granu_Archi avec FuzzyVar : Read Fuzzy File et utiliser l'option :

```
Simpson diversity index for fuzzy data
Input file: Granu_ArchiF.fuz for access to file Granu_ArchiF
Row number: 100, column number: 9
Uniform row weights
```

```
File Granu_ArchiF_simtot contains Simpson Diversity Indices
It has 100 rows and 2 columns (variables)
```

```
File Granu_ArchiF_simr contains mean Index for each row
It has 100 rows and 1 column
```

```
File Granu_ArchiF_simv contains mean Index for each variable
It has 2 rows and 1 column
```

Références

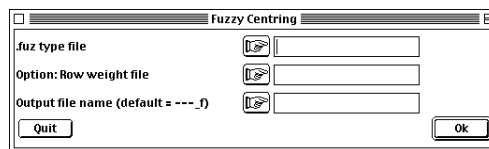
¹ Magurran, A.E. (1988) *Ecological diversity and its measurement*. Croom Helm Limited, London. 1-179.

FuzzyVar : Fuzzy Centring

Type Utilitaire de manipulation de données.

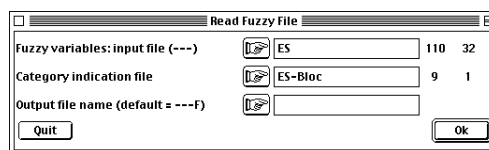
Objet Après FuzzyVar: Read Fuzzy File, un tableau de variables floues est formé de distribution de fréquences par individus-lignes et bloc de modalités-colonnes. Pour son analyse et son utilisation, plusieurs méthodes sont disponibles. L'opération la plus simple consiste à remplacer les blocs de données manquantes (0, 0, ..., 0) par la moyenne des profils des individus renseignés pour cette variable et à centrer simplement le résultat. On a alors un tableau centré par colonnes avec à nouveau (0, 0, ..., 0) pour les blocs de données manquantes. Ce calcul est fait par la présente option. Cela suffit pour étudier la corrélation entre variables floues par les méthodes implanté dans Canonical. Pour analyser directement le tableau par une ACP utiliser directement PCA: Fuzzy PCA qui calcule le même tableau pour l'insérer dans un triplet statistique. Pour analyser directement le tableau par une AFC utiliser directement MCA: Fuzzy Correspondence Analysis qui utilise un autre centrage.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :

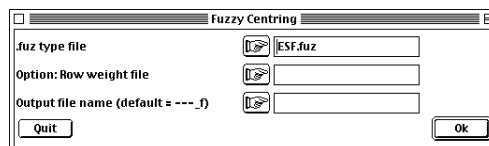


- 1) Nom du fichier de type ---.fuz issu de FuzzyVar: Read Fuzzy File.
- 2) Option sur la pondération des lignes : utiliser un tableau contenant une pondération. Par défaut la pondération uniforme est utilisée.
- 3) Nom générique des fichiers de sortie (création). Par défaut on utilise “---_f”.

Exemple Utiliser la carte Coléoptères. Lire le fichier :



Centrer le tableau :



```
Centring of a fuzzy array
Input file: ESF.fuz for access to file ESF
Row number: 110, column number: 32
Uniform row weights

Missing data: 5
File ESF_f0mm contains the table mm = mean for missing data
It has 110 rows and 32 columns (categories)
```

File ESF_fO contains the centred table
 It has 110 rows and 32 columns (categories)

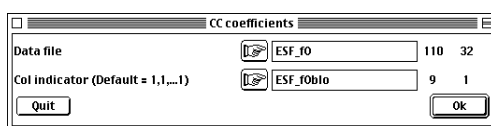
File ESF_fOp1 contains the row weights
 It has 110 rows and 1 column

File ESF_fOblo contains the column block indicator
 It has 9 rows and 1 column

Le découpage en bloc est répété pour simplifier la recherche des fichiers.

Lien

On peut faire directement toutes les analyses canoniques des couples de deux variables floues considérées comme des tableaux de variables centrées par Canonical :



```
Input file: ESF_fO
-> Rows: 110, columns: 32
-> 9 blocs: 4/5/4/2/4/3/5/3/2/
```

```
Block: 1 Dim: 110 - 4 Rank: 3
Block: 2 Dim: 110 - 5 Rank: 4
Block: 3 Dim: 110 - 4 Rank: 3
Block: 4 Dim: 110 - 2 Rank: 1
Block: 5 Dim: 110 - 4 Rank: 3
Block: 6 Dim: 110 - 3 Rank: 2
Block: 7 Dim: 110 - 5 Rank: 4
Block: 8 Dim: 110 - 3 Rank: 2
Block: 9 Dim: 110 - 2 Rank: 1
```

Canonical correlation coefficients
 Hotelling 1936

```
----- Correlation matrix -----
[ 1] 1000
[ 2] 519 1000
[ 3] 630 852 1000
[ 4] 480 735 652 1000
[ 5] 458 830 747 780 1000
[ 6] 311 375 377 117 282 1000
[ 7] 477 546 632 392 499 994 1000
[ 8] 385 699 578 696 713 135 360 1000
[ 9] 274 826 628 659 621 163 416 809 1000
-----
```

ESF_fO.CCr1 is a binary file with 9 rows and 9 columns
 Content: Canonical correlation (sqrt(lambda1))
 cancor squared

```
----- Correlation matrix -----
[ 1] 1000
[ 2] 270 1000
[ 3] 397 726 1000
[ 4] 230 540 425 1000
[ 5] 209 689 558 608 1000
[ 6] 97 141 142 14 79 1000
[ 7] 228 298 400 154 249 987 1000
[ 8] 148 488 334 484 508 18 129 1000
[ 9] 75 682 394 434 385 26 173 654 1000
-----
```

ESF_fO.LSr2 is a binary file with 9 rows and 9 columns
 Content: Squared canonical correlation (lambda1)

Dans cette approche, c'est la corrélation entre deux traits écologiques qui est l'objectif principal. La très forte corrélation canonique entre régime alimentaire (*diet*) et mode d'alimentation (*feeding*) indique une redondance inutile dans les données. (Voir partie 5).

Références

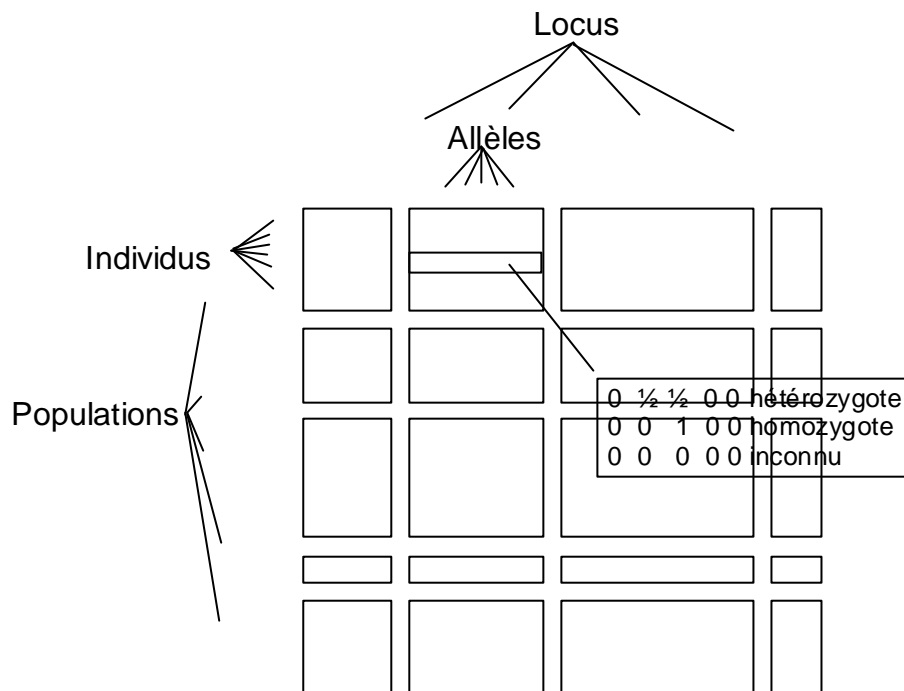
Bournaud, M., Richoux, P. & Usseglio-Polatera, P. (1992a) An approach to the synthesis of qualitative ecological information from aquatic coleoptera communities. *Regulated rivers: Research and Management* : 7, 165-180.

Hotelling, H. (1936) Relations between two sets of variates. *Biometrika* : 28, 321-377.

FuzzyVar : Genetic Missing Data

Type Utilitaire de manipulation de fichiers.

Objet L'option recode les données manquantes dans un tableau de génotypes par la distribution de fréquence des allèles de la population à laquelle appartient l'individu porteur de la donnée manquante. Elle porte sur des fichiers de données utilisant le codage flou pour définir un génotype multilocus. Pour un locus un individu hétérozygote est codé $0 \frac{1}{2} 0 0 \frac{1}{2}$..., un individu hétérozygote est codé 000010..., une donnée manquante est codée 000000... Les individus sont rangés par blocs définissant les populations :



Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



- 1) Nom du fichier d'entrée de type .fuz.
- 2) Indicateur de blocs des populations.

Exemple Utiliser la carte Genetix qui renvoie au logiciel GENETIX (voir From_GENETIX). Lire le fichier :



...
Variable number 5 has 2 categories

```
-----
[ 10] Category: 1 Freq.: 0.116
[ 11] Category: 2 Freq.: 0.884
Missing data Num: 1 Freq.: 0.0135
```

Variable number 6 has 2 categories

```
-----
[ 12] Category: 1 Freq.: 0.466
[ 13] Category: 2 Freq.: 0.534
Missing data Num: 1 Freq.: 0.0135
```

Variable number 7 has 3 categories

```
-----
[ 14] Category: 1 Freq.: 0.375
[ 15] Category: 2 Freq.: 0.535
[ 16] Category: 3 Freq.: 0.0903
Missing data Num: 2 Freq.: 0.027
```

...

Genetic Missing Data		
.fuz type file	<input type="button" value="Set"/>	E:\Ade4\GENETIX\data.fuz
Bloc indicator	<input type="button" value="Set"/>	E:\Ade4\GENETIX\data_bloP4

Input file: E:\Ade4\GENETIX\data.fuz

Row: 74 Col: 15 Categories: 38

Input file: E:\Ade4\GENETIX\data_bloP

populations: 4

|24|11|9|30|

* Description of a fuzzy coded matrix *

Input file: AUXI

Row number: 74, column number: 38

Number of modalities for each variable: file VECAUXI

Row number: 15

Missing data: 0 Il n'y a plus de données manquantes

Description of categories:

Variable number 1 has 2 categories

```
-----
[ 1] Category: 1 Freq.: 0.149
[ 2] Category: 2 Freq.: 0.851
```

...

Variable number 5 has 2 categories

```
-----
[ 10] Category: 1 Freq.: 0.115
[ 11] Category: 2 Freq.: 0.885
```

Variable number 6 has 2 categories

```
-----
[ 12] Category: 1 Freq.: 0.459
[ 13] Category: 2 Freq.: 0.541
```

Variable number 7 has 3 categories

```
-----
[ 14] Category: 1 Freq.: 0.378
[ 15] Category: 2 Freq.: 0.534
[ 16] Category: 3 Freq.: 0.0878
```

...

Variable number 15 has 2 categories

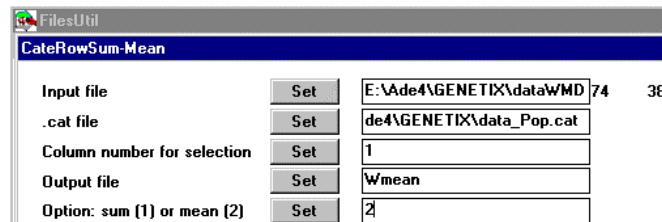

```

-----
[ 37] Category: 1   Freq.: 0.122
[ 38] Category: 2   Freq.: 0.878
-----
Output file: E:\Ade4\GENETIX\dataWMD
Row number: 74, column number: 38
It contains the modified table with type [L1/.../Lv]
[0, 0, ..., 0] are preserved for missing data
-----
File E:\Ade4\GENETIX\dataWMD.fuz contains
----- number of rows: 74
----- number of variables: 15
----- number of categories: 38
----- categorie number per variable (vector of 15 values)
----- marginal frequency of modality (vector of 38 values)
-----
Auxiliary binary output file E:\Ade4\GENETIX\dataWMDmoda: Indicator vector of
modalities
It contains variable number for each modality
It has 38 rows (modalities) and one column

Auxiliary ASCII output file E:\Ade4\GENETIX\dataWMD.123: labels (two characters)
for 38 modalities
It contains one label for each modality
It has 38 rows (modalities) and labels 1a,1b, ..., 2a, 2b, ...
Variable number 1,2, ..., A, ..., Z,+, Modality number a,b, ..., z,+

```

Faire les moyennes par population des codages flous :



```

Input file: E:\Ade4\GENETIX\dataWMD
--- Number of rows: 74, columns: 38
Output file: Wmean
--- Number of rows: 4, columns: 38

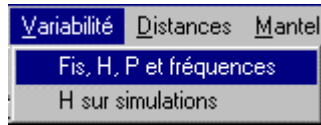
```

```

Binary input file: E:\Ade4\GENETIX\Wmean - 4 rows, 38 cols.
  1 | 0.0000  1.0000  0.8125  0.1875  1.0000  0.0000  0.0000  0.0000  1.0000
0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  0.0000  0.0000  0.7917
0.2083  0.1458  0.8542  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  0.0000  0.0000
0.0000  1.0000  0.0000  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000
  2 | 0.3182  0.6818  1.0000  0.0000  0.2273  0.7727  0.0455  0.5455  0.4091
0.0000  1.0000  0.7273  0.2727  1.0000  0.0000  0.0000  0.4545  0.0455  0.4091
0.0909  0.0455  0.9545  0.0000  1.0000  0.0000  0.2727  0.7273  0.0000  0.5909
0.0000  0.4091  0.0000  0.3182  0.6818  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000
  3 | 0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  1.0000  0.0000  0.9444  0.0556
0.9444  0.0556  0.8333  0.1667  1.0000  0.0000  0.0000  0.0000  0.0000  0.0000
1.0000  0.0000  0.3889  0.6111  1.0000  0.0000  0.1250  0.8750  0.5000  0.0000
0.5000  0.0000  0.2500  0.7500  0.0000  0.3125  0.6875  1.0000  0.0000
  4 | 0.2500  0.7500  0.8333  0.1667  0.8500  0.1500  0.1833  0.0000  0.8167
0.0000  1.0000  0.6167  0.3833  0.2667  0.5167  0.2167  0.0833  0.0000  0.7167
0.2000  0.1833  0.8167  0.0000  0.2333  0.7667  1.0000  0.0000  0.0000  0.0000
0.0000  1.0000  0.0000  0.0000  1.0000  0.1167  0.8833  0.0000  1.0000

```

Comparer avec les résultats édités par GENETIX :



```

4 15
2 2 2 3 2 2 3 4 3 2 2 4 3 2 2
domesticus 0.0000 1.0000 0.8125 0.1875 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000
1.0000 0.0000 1.0000 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.7917 0.2083 0.1458 0.8542
0.0000 1.0000 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000 1.0000
0.0000 1.0000 0.0000 1.0000
castaneus 0.3182 0.6818 1.0000 0.0000 0.2273 0.7727 0.0455 0.5455 0.4091 0.0000
1.0000 0.7273 0.2727 1.0000 0.0000 0.0000 0.4545 0.0455 0.4091 0.0909 0.0455 0.9545
0.0000 1.0000 0.0000 0.2727 0.7273 0.0000 0.5909 0.0000 0.4091 0.0000 0.3182 0.6818
0.0000 1.0000 0.0000 1.0000
musculus 0.0000 1.0000 0.0000 1.0000 0.0000 1.0000 0.0000 0.9444 0.0556 0.9444
0.0556 0.8333 0.1667 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000 0.3889
0.6111 1.0000 0.0000 0.1250 0.8750 0.5000 0.0000 0.5000 0.0000 0.2500 0.7500 0.0000
0.3125 0.6875 1.0000 0.0000
casitas 0.2500 0.7500 0.8333 0.1667 0.8500 0.1500 0.1833 0.0000 0.8167 0.0000
1.0000 0.6167 0.3833 0.2667 0.5167 0.2167 0.0833 0.0000 0.7167 0.2000 0.1833 0.8167
0.0000 0.2333 0.7667 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000 1.0000
0.1167 0.8833 0.0000 1.0000

```

HPD				
(N)	23	11	8	30
95	0.0000	1.0000	1.0000	0.2667
100	1.0000	0.0000	0.0000	0.5167
105	0.0000	0.0000	0.0000	0.2167

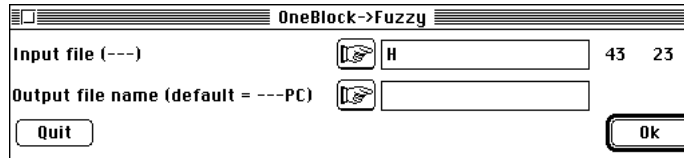
Les moyennes par blocs sont exactement les fréquences alléliques par population.

FuzzyVar : OneBlock->Fuzzy

Type Utilitaire de manipulation de fichiers.

Objet La fonction assurée est exactement celle de FuzzyVar : Read Fuzzy File dans le cas particulier d'une seule variable floue.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



- 1) Nom du fichier d'entrée.
- 2) Nom générique des fichiers de sortie. Par défaut, on utilise le nom du fichier d'entrée augmenté de "PC" (abrégé de "Pour Cent").

Exemple Utiliser la fiche Forêts de la pile ADE-4•Data pour obtenir le fichier H (43-23).

```
*****
* Description of a fuzzy coding matrix *
*****
Input file: H
Row number: 43, column number: 23
Number of modalities for each variable: file provi
Row number: 1
Missing data: 0

Description of categories:
-----

Variable number 1 has 23 categories
-----
[  1] Category:   1   Freq.:   0.0726
[  2] Category:   2   Freq.:   0.0717
...
[ 22] Category:  22   Freq.:   0.0132
[ 23] Category:  23   Freq.:   0.0256
-----

Output file: HPC
Row number: 43, column number: 23
It contains the modified table with type [L1/.../Lv]
[0, 0, ..., 0] are preserved for missing data
-----

File HPC.fuz contains
----- number of rows: 43
----- number of variables: 1
----- number of categories: 23
----- categorie number per variable (vector of 1 values)
----- marginal frequency of modality (vector of 23 values)
-----

Auxiliary binary output file HPCmoda: Indicator vector of modalities
It contains variable number for each modality
It has 23 rows (modalities) and one column

Auxiliary ASCII output file HPC.123: labels (two characters) for 23
modalities
```

```

It contains one label for each modality
It has 23 rows (modalities) and labels 1a,1b, ..., 2a, 2b, ...
Variable number 1,2, ..., A, ..., Z,+, Modality number a,b, ..., z,+
-----

```

Lien L'exemple ci-dessus porte sur un tableau floristique et permet de préciser une question importante sur le choix d'une méthode d'ordination. Un tel tableau génère deux types de profils : les profils espèces (rapport de l'abondance de l'espèce dans le relevé sur l'abondance totale de l'espèce) et les profils relevés (rapport de l'abondance de l'espèce dans le relevé sur l'abondance totale du relevé).

Seule l'analyse des correspondances (COA : COrrespondence Analysis) fonctionne implicitement sur les deux systèmes. L'analyse des correspondances floues (FuzzyVar : OneBlock->Fuzzy suivi de MCA : Fuzzy Correspondence Analysis) travaille seulement sur les profils lignes donc les profils relevés si ceux-ci sont en lignes. L'ACP sur profils (PCA : After row % transformation PCA) fait de même. Les deux analyses ont en commun une pondération uniforme des lignes mais diffèrent par le choix de la métrique (métrique du Chi2 pour l'AFC floue et métrique canonique pour l'ACP).

Ces deux méthodes donnent des résultats différents après transposition du tableau (l'analyse des profils espèces ne donnent pas le même résultat que l'analyse des profils relevés). Seule l'AFC est insensible à la transposition. C'est un avantage qui a pour inconvénient associé de donner des poids aux relevés fonction des espèces présentes. Écologiquement, ce n'est pas toujours une bonne chose. Pour choisir on peut faire le raisonnement suivant.

Si l'abondance par relevé varie beaucoup, par exemple si on a un relevé presque vide :

- cela indique que ce relevé est sans intérêt (exemple : avifaune par mauvais temps, les oiseaux ne chantent pas !) : choisir l'AFC ;
- cela indique que ce relevé est particulier et que le résultat est important (exemple : station polluée en hydrobiologie) : choisir une ACP centrée par taxon ;

Si l'abondance par relevé varie peu :

- on s'intéresse essentiellement à la typologie réciproque espèces-relevés : choisir l'AFC ;
- on s'intéresse essentiellement à la typologie des espèces, en particulier en connexion avec de l'information connexe sur la biologie des espèces, utiliser une analyse sur les profils espèces ;
- on s'intéresse essentiellement à la typologie des relevés, en particulier en connexion avec de l'information connexe sur le milieu environnant, utiliser une analyse sur les profils relevés. Dans ce dernier cas, l'AFC floue donne plutôt trop d'importance aux espèces rares et l'ACP sur profils donne plutôt trop d'importance aux espèces abondantes.

Difficulté Il n'y a pas de méthode qui donne le meilleur résultat dans toutes les circonstances.

Il y a plusieurs enchaînements possibles pour un même résultat, par exemple :

- 1) Bin->Bin : Frequencies (option pourcentage par ligne)
- 2) COA : COrrespondence Analysis

est équivalent de 1) FuzzyVar : OneBlock->Fuzzy

2) MCA : Fuzzy Correspondence Analysis

ou encore de 1) COA : Row weighted COA

FuzzyVar : Read Fuzzy File

Type Utilitaire de manipulation de fichier.

Objet L'option constitue la première étape obligatoire pour toute utilisation d'un fichier de variables floues. On désigne, dans ADE-4, par variable floue l'enregistrement de l'information sous la forme d'une répartition de poids entre des modalités.

Dans une variable qualitative, l'information est du type disjonctif. Un individu statistique est caractérisé par une modalité et une seule qui engendre une information du type :

$$0, 0, \dots, 1, 0, \dots, 0$$

Dans une variable floue, l'information est du type distributionnel. Un individu statistique est caractérisé par une distribution de poids entre les modalités du type :

$$p_1, p_2, \dots, p_j, \dots, p_m$$

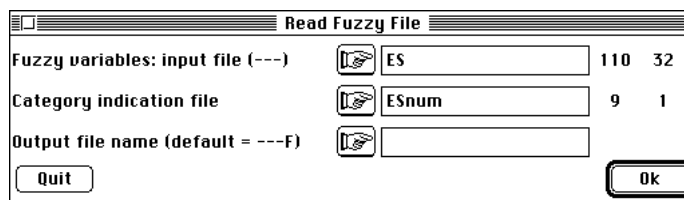
La somme des poids est égale à l'unité. Une variable qualitative est donc une variable floue dégénérée où la totalité du poids a été attribuée à une seule modalité.

Pour définir des variables floues il faut posséder deux types d'information. Le premier porte sur la structure du tableau individus-modalités. Les individus sont toujours en ligne et les modalités sont en colonnes. Les modalités d'une même variable sont contiguës. Il suffit de connaître les nombres de modalités par variables qui doivent être consignés dans un fichier binaire à une seule colonne et autant de lignes qu'il y a de variables. Ce fichier sera appelé l'indicateur des modalités.

Le second type d'information est le fichier de données lui-même qui ne contient que des nombres positifs ou nuls. La somme des valeurs pour un même individu et une même variable peut être quelconque mais elle est ramenée à l'unité dans le fichier de sortie. Il est donc équivalent d'enregistrer 5, 0, 3, 2 ou .5, 0, .3, .2 ou encore 50, 0, 30, 20.

L'enregistrement 0 pour toutes les modalités d'une variable est l'équivalent d'une donnée manquante. Le fait est toléré et le profil associé impossible à calculer est remplacé par une suite de 0. Il sera remplacé par le profil moyen de tous les individus ayant fourni une valeur dans l'analyse des correspondances floues. Il convient de ne pas abuser de cette possibilité.

Dialogue L'option utilise une seule fenêtre de dialogue :



- 1) Fichier d'entrée individus-modalités.
- 2) Fichier indicateur des modalités.

3) Nom de fichier de sortie (création) : par défaut c'est le nom du fichier d'entrée augmenté du caractère "F".

Exemple Utiliser la carte Coléoptères de la pile ADE-4•Data pour obtenir le fichier ES (110-32) et le fichier ESnum (9-1). On obtient un descriptif des données et des fichiers auxiliaires qui seront utilisés par d'autres modules :

```
*****
* Description of a fuzzy coding matrix *
*****
Input file: ES
Row number: 110, column number: 32
Number of modalities for each variable: file ESnum
Row number: 9
Missing data: 5
Description of categories:
-----

Variable number 1 has 4 categories
-----
[  1] Category:   1   Freq.:   0.468
[  2] Category:   2   Freq.:   0.261
[  3] Category:   3   Freq.:   0.152
[  4] Category:   4   Freq.:   0.119
Missing data Num:   2 Freq.:   0.0182

Variable number 2 has 5 categories
-----
[  5] Category:   1   Freq.:   0.0694
[  6] Category:   2   Freq.:   0.159
[  7] Category:   3   Freq.:   0.0907
[  8] Category:   4   Freq.:   0.0944
[  9] Category:   5   Freq.:   0.587

Variable number 3 has 4 categories
...
Variable number 9 has 2 categories
-----
[ 31] Category:   1   Freq.:   0.318
[ 32] Category:   2   Freq.:   0.682
-----

Output file: ESF
Row number: 110, column number: 32
It contains the modified table with type [L1/.../Lv]
[0, 0, ..., 0] are preserved for missing data
```

ESF-t																								
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X
1	.33	.4	.13	.135	.5	.	.	.25	.75	1.	.	.	.17	.33	.5	.	.14	.86	.5	.
2	.55	.27	.18	.	.17	.5	.33	.	.	.18	.36	.45	.	1.	.	.	.67	.33	.	.	.14	.86	.5	.
3	.5	.33	.172	.4	.4	.	.	.25	.75	1.	.	.	.67	.33	.	.	.14	.86	.5	.
4	.33	.33	.17	.17	1.	.	.	.25	.75	1.	.	.	.67	.33	.	.	.14	.86	.5	.
5	.5	.33	.17	.	.2	.2	.2	.2	.2	.17	.33	.33	.17	1.	.	.	.25	.5	.25	.	.14	.86	.5	.
95	1.5	.55	.33	.17	.	1.	.5	.533	.67	.2	.2	.
96	1.5	.55	.33	.17	.	1.	.5	.533	.67	.2	.2	.
97	1.29	.57	.14	.	.	.5	.33	.17	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
98	1.43	.5745	.36	.18	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
99	1.43	.574	.4	.2	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
100	1.43	.575	.33	.17	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
101	1.43	.574	.4	.2	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
102	1.43	.574	.4	.2	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
103	1.43	.575	.33	.17	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
104	1.43	.575	.33	.17	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
105	1.43	.575	.33	.17	.	1.	.5	.538	.63	.2	.2	.
106	.	.	1.	.	.56	.4445	.36	.18	.	1.	.5	.557	.43	.2	.2	.
10775	.255	.5	.	.	1.	.67	.3325	.75	.2	.2	.
108	.29	.29	.14	.29	1.	.	.	.5	.5	1.5	.5	.	.5	.5	.2	.2
109	.5	.25	.255	.5	.	.4	.4	.233	.67	.	.	.5	.5	.2	.2
110	.86	.14	1.	.	.	.43	.575	.5	.	.	.14	.86	.86	.
111																								
112																								
113																								
114																								

```

-----
File ESF.fuz contains
----- number of rows: 110
----- number of variables: 9
----- number of categories: 32
----- categorie number per variable (vector of 9 values)
----- marginal frequency of modality (vector of 32 values)
-----
Auxiliary binary output file ESFModa: Indicator vector of modalities
It contains variable number for each modality
It has 32 rows (modalities) and one column

Auxiliary ASCII output file ESF.123: labels (two characters) for 32
modalities
It contains one label for each modality
It has 32 rows (modalities) and labels 1a,1b, ..., 2a, 2b, ...
Variable number 1,2, ..., A, ..., Z,+, Modality number a,b, ..., z,+
-----

```

Le fichier ESF est du type individus-modalités et contient des distributions de fréquence par blocs de modalités. Vérifier cette structure en éditant le fichier avec Excel™ (Cf. ci-dessus).

Le fichier ESF.fuz contient de l'information sous forme texte, respectivement le nombre d'individus (110), le nombre de variables (9), le nombre de modalités (32), le nombre de modalités de la variable 1 (4), ..., le nombre de modalités de la variable 9 (2), la fréquence moyenne des modalités de la variable 1 (.468, .261, .152, .119), ..., la fréquence moyenne des modalités de la variable 9 (.318, .682).

Le fichier ESF.123 contient des étiquettes pour les modalités dans le format : 1a, 1b, 1c, 1d, 2a, 2b, 2c, 2d, 2e, 3a, 3b, 3c, 3d, 4a, 4b, 5a, 5b, 5c, 5d, 6a, 6b, 6c, 7a, 7b, 7c, 7d, 7e, 8a, 8b, 8c, 9a, 9b.

Les trois fichiers ESFModa (32-1), ESF.123 et ESF.cat (fichiers texte) contiennent des informations relatives aux modalités sous la forme de la variable qualitative qui donne à chaque modalité le numéro de la variable à laquelle elle appartient. Ces fichiers peuvent être utilisés dans certains modules graphiques quand on veut répartir les modalités par fenêtre.

Références

Chevenet, F., Dolédec, S. & Chessel, D. (1994) A fuzzy coding approach for the analysis of long-term ecological data. *Freshwater Biology* : 31, 295-309.

Lien L'option a des fonctions parallèles à celles de CategVar : Read Categ File. Ne pas oublier que :

```
*****  
* Les programmes qui manipulent des fichiers de *  
* variables floues supposent l'exécution *  
* préalable de ce programme qui permet en outre *  
* d'éditer les codes modalité. *  
*****
```