Graphiques de base

Pr Jean R. Lobry

Université de Lyon – France

Table des matières

Table des matières

Plan détaillé

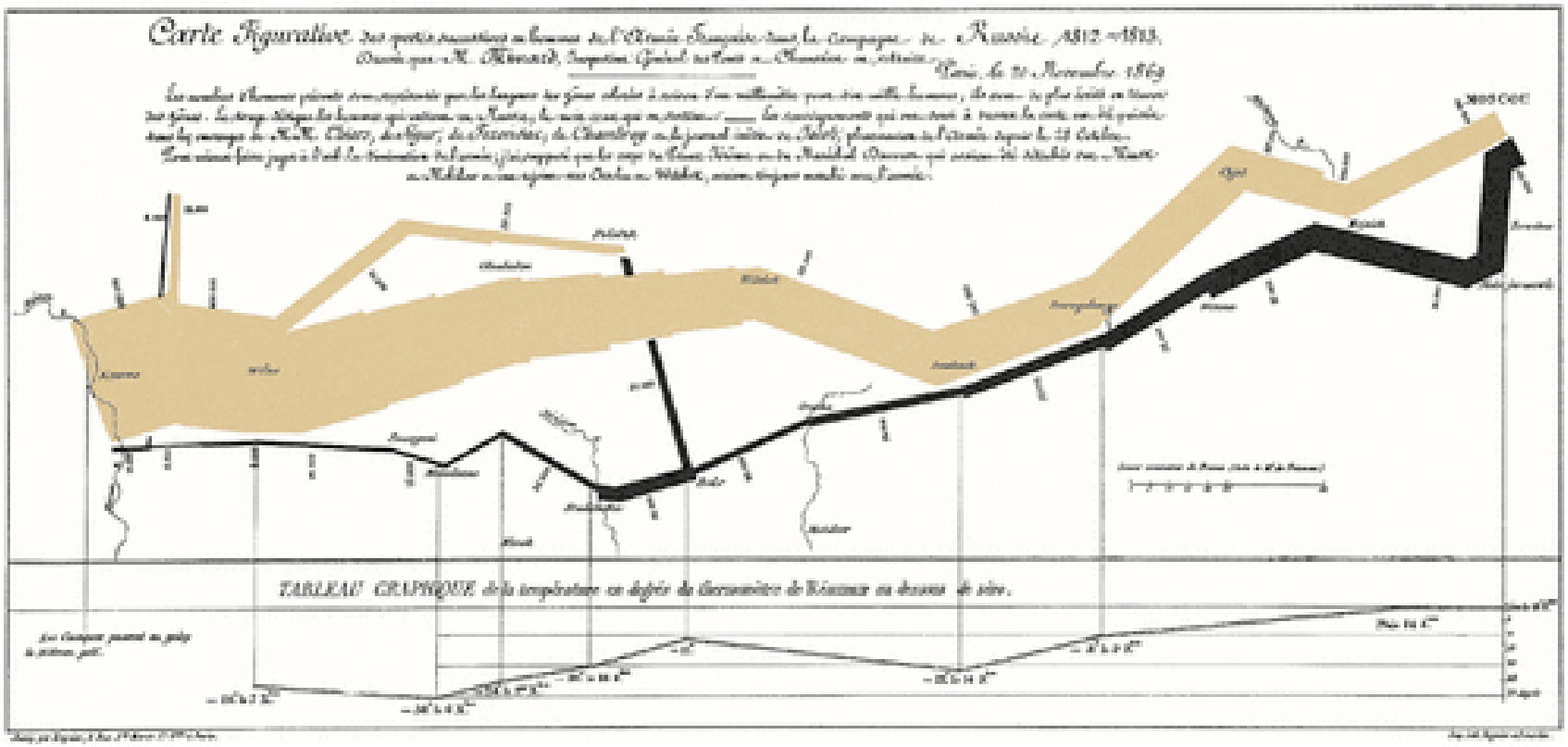
Citation

« Un bon croquis vaut mieux qu'un long discours. »

Charles Minard

- Par une ironie de l'histoire, le graphique statistique considéré par beaucoup comme étant le meilleur jamais produit illustre la désastreuse campagne de Russie conduite par Napoléon en 1812.
- Ce graphique est de l'ingénieur français Charles Minard (1781-1870).
- Le graphique représente le nombre de survivants de l'armée par l'épaisseur des bandes sur la carte de la campagne, à l'aller et au retour. La température pendant la retraite est indiquée au bas de la figure.

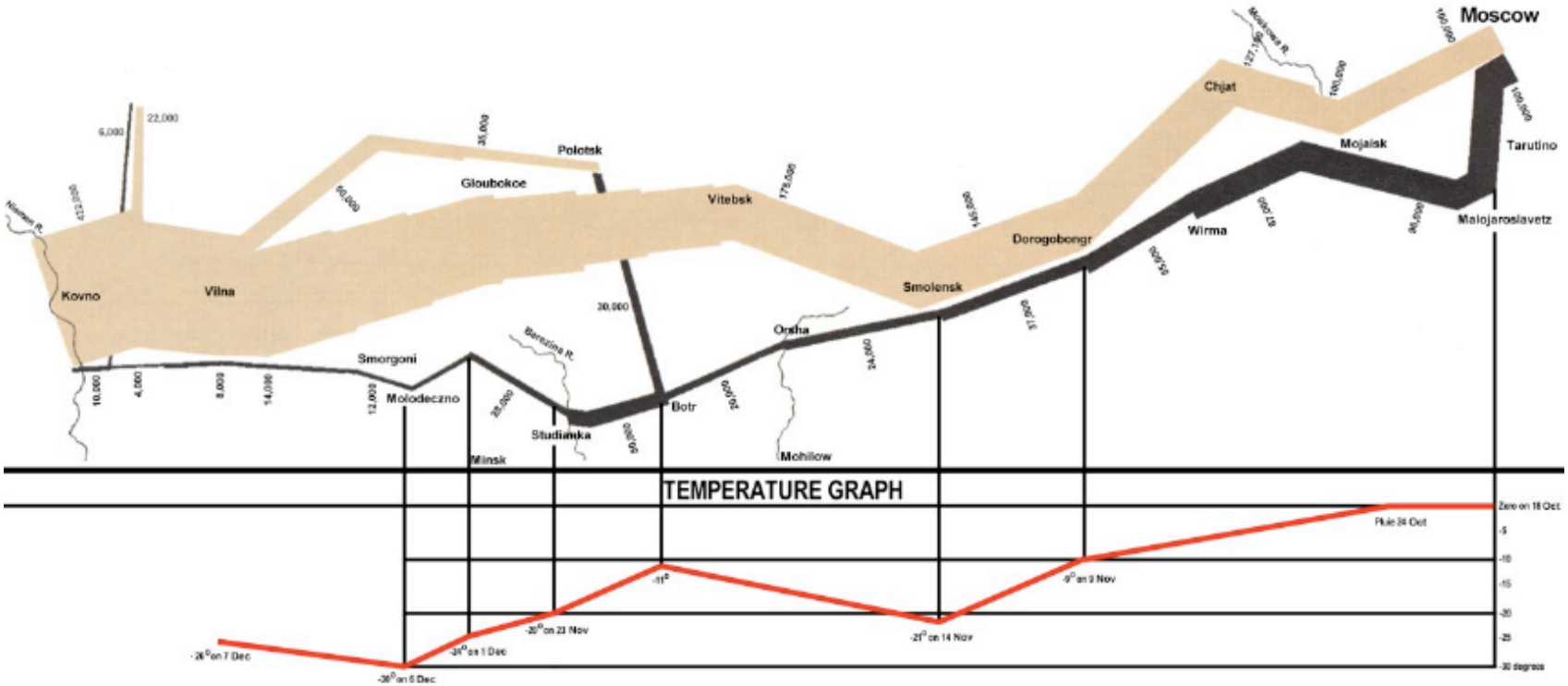
Le graphique original de Charles Minard



Carte figurative des pertes successives en hommes de l'armée française dans la campagne de Russie 1812-1813.

Reprises du graphique de Charles Minard

Voir par exemple
(`http://www.math.yorku.ca/SCS/Gallery/re-minard.html`).



Source : `http://www.napoleonic-literature.com/index.html`

Plan détaillé

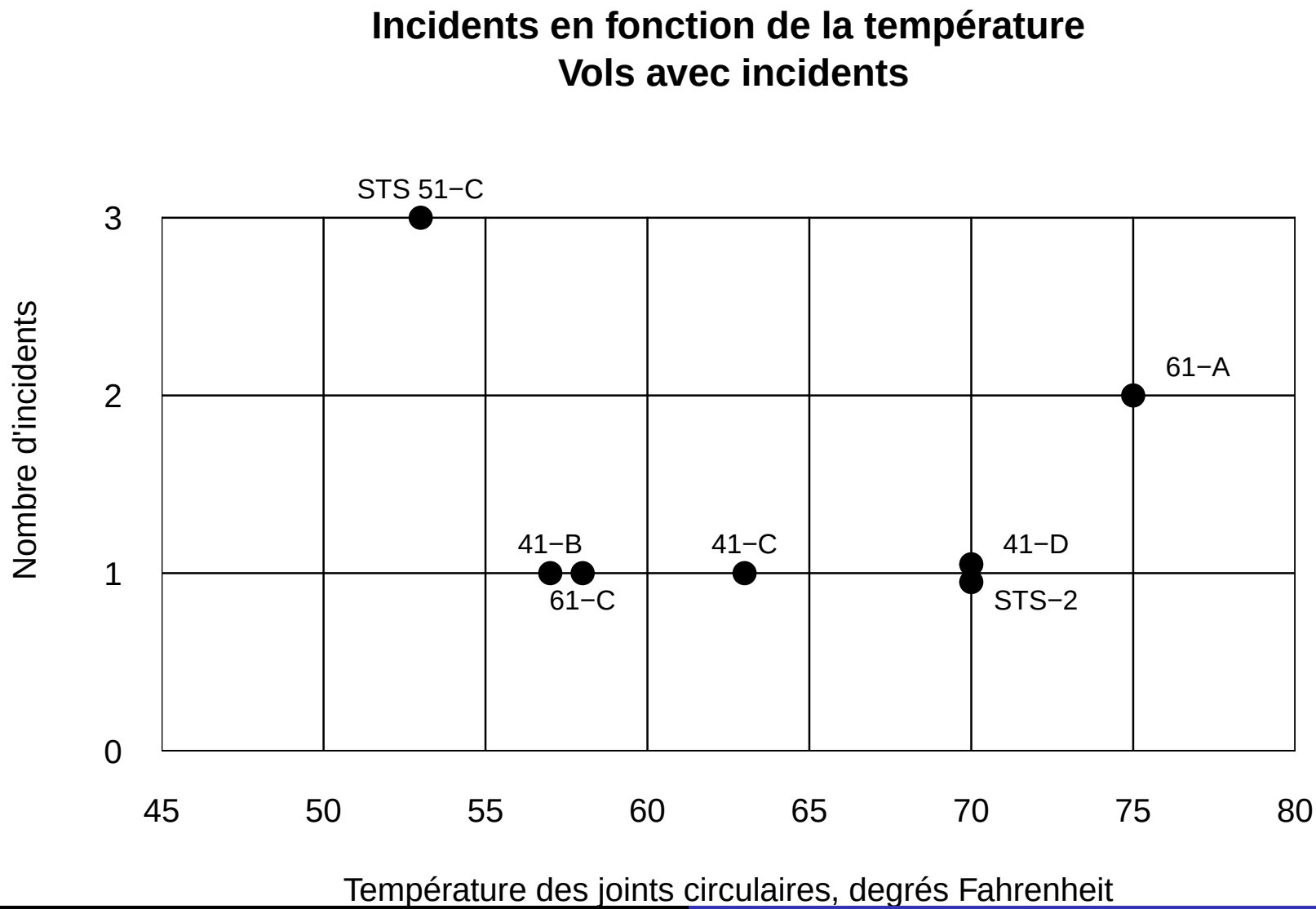
Explosion de la navette spatiale Challenger

Un mauvais graphique peut avoir des conséquences catastrophiques.

On peut (aussi) faire de mauvais graphiques sous R

```
orf <- read.table("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/ORingFailure.txt", head
plot(orf[orf$Failure > 0 & orf$Temperature != 70, ], pch = 19, xlim = c(45,80)
ylim = c(0,3.5), cex = 1.5,
las = 1, xlab = "Température des joints circulaires, degrés Fahrenheit", bty =
ylab = "Nombre d'incidents", xaxs = "i", yaxs = "i", xaxt = "n", yaxt = "n",
main = "Incidents en fonction de la température\n Vols avec incidents")
points(c(70,70), c(0.95,1.05), pch = 19, cex = 1.5)
axis(1, at = seq(45,80,by = 5), tick = FALSE)
axis(2, at = 0:3, las = 1, tick = FALSE)
abline(h = 0:3)
for( i in  seq(45,80,by = 5)) segments(i,0,i,3)
text(53, 3, "STS 51-C", pos = 3, cex = 0.8)
text(77, 2, "61-A", pos = 3, cex = 0.8)
text(57, 1, "41-B", pos = 3, cex = 0.8)
text(58, 1, "61-C", pos = 1, cex = 0.8)
text(63, 1, "41-C", pos = 3, cex = 0.8)
text(72, 1, "41-D", pos = 3, cex = 0.8)
text(72, 1, "STS-2", pos = 1, cex = 0.8)
```

On peut (aussi) faire de mauvais graphiques sous R

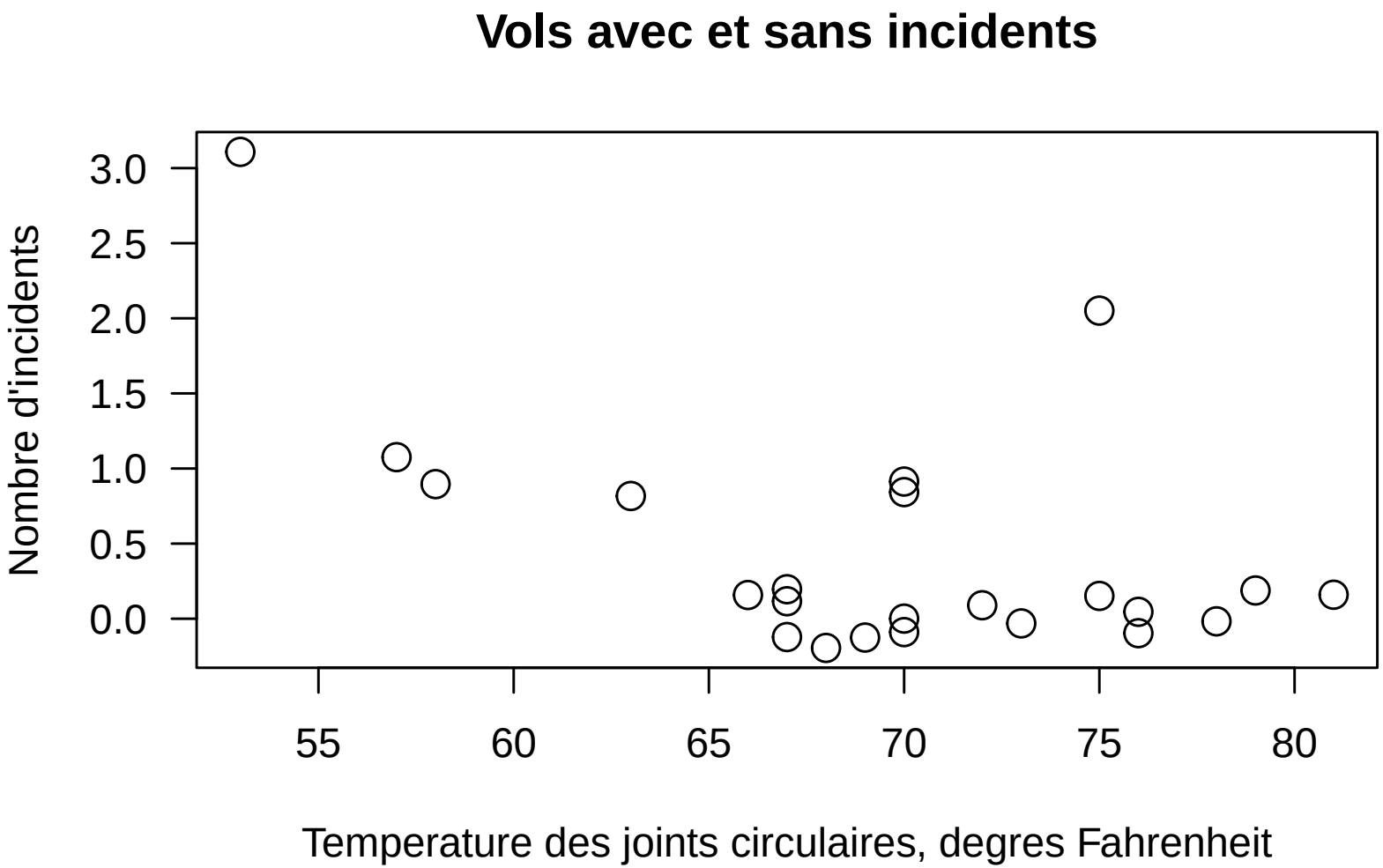


Les options par défaut des graphiques R

Les options par défaut des fonctions graphiques de R sont étudiées pour donner de bons résultats.

```
plot(orf$Temperature, jitter(orf$Failure), cex = 1.5,
las = 1, xlab = "Temperature des joints circulaires, degres Fahrenheit",
ylab = "Nombre d'incidents",
main = "Vols avec et sans incidents")
```

Les options par défaut des graphiques R



Plan détaillé

Les fonctions graphiques de R

R est un très bon environnement pour produire de façon reproductible des graphiques statistiques de haute qualité. On peut classer les fonctions graphiques en plusieurs catégories :

- Les fonctions liées format de sortie des graphiques.
- Les fonction permettant d'interagir avec les graphiques.
- Les fonctions graphiques de bas niveau pour retoucher un graphique existant.
- Les fonctions graphiques de haut niveau.

Les fonctions de format de sortie des graphiques

- Il existe de nombreuses fonctions pour ouvrir un nouveau périphérique graphique (*e.g.* `pdf()`, `jpeg()`, `postscipt()`, `x11()`, `png()`, `gnome()`, `quartz()`, `xfig()`, `bitmap()`, `pictex()`).
- Elles ne sont pas toutes disponibles pour tous les systèmes d'exploitation.
- Pour en savoir plus voir `?Devices`.
- Le dispositif utilisé par défaut est donné par `getOption("device")`.

Les fonctions de format de sortie des graphiques

Exemple d'utilisation pour sauvegarder un graphique dans un fichier au format PDF :

```
pdf("monfichier.pdf")
plot(0)
dev.off()
```

Les fonctions interactives

Ces fonctions permettent de retoucher « à la main » un graphique, tout en conservant le résultat pour sa reproductibilité ultérieure.

- `locator()` permet de récupérer les coordonnées des points lorsque en cliquant dessus.
- `identify()` permet d'identifier des points. Donne le rang des points dans le jeu de données.

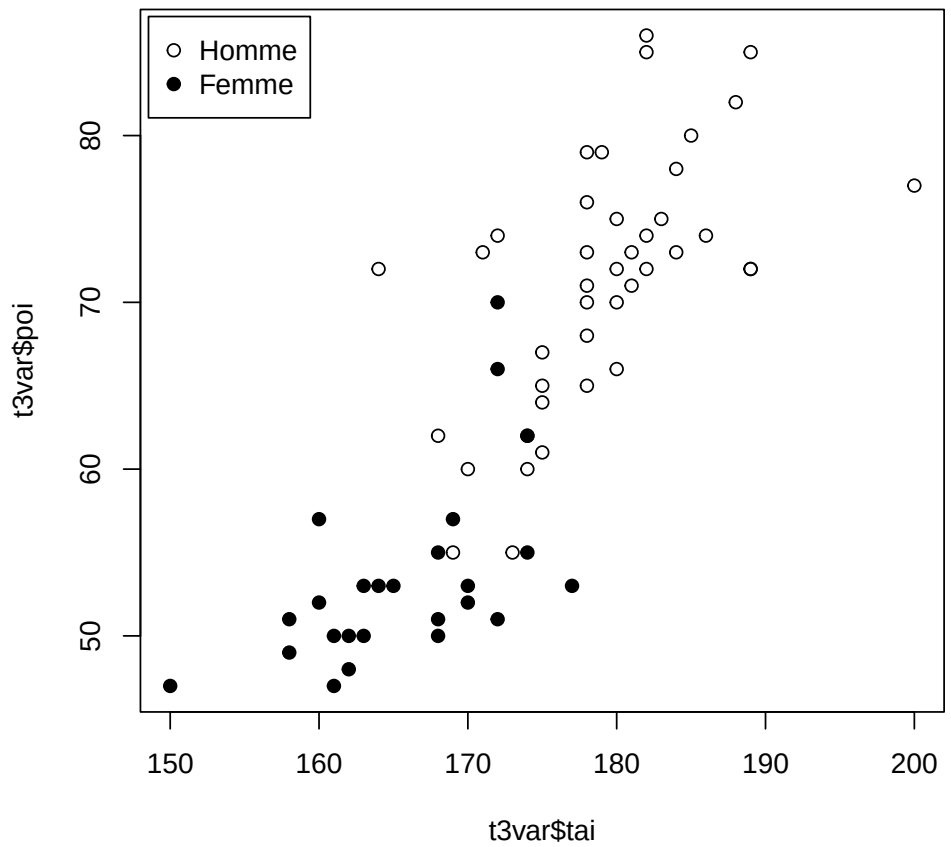
Les fonctions graphiques de bas niveau

Ces fonctions permettent de retoucher un graphique déjà existant (*e.g.* `points()`, `abline()`, `arrows()`, `lines()`, `seqments()`, `polygon()`, `rect()`, `box()`, `axis()`, `title()`, `rug()`, `grid()`, `legend()`, `text()`, `mtext()`).

Par exemple pour ajouter une légende :

```
t3var <- read.table("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/t3var.txt", h = T)
plot(t3var$tai,t3var$poi, pch = ifelse(t3var$sex == "h", 1, 19))
legend("topleft", inset = 0.01, c("Homme","Femme"), pch = c(1, 19))
```

Les fonctions graphiques de bas niveau



Les fonctions graphiques de haut niveau

Ce sont celles que l'on utilise le plus souvent parce qu'elles donnent un graphique complet. Elles sont très nombreuses (*e.g.* `plot()`, `hist()`, `dotchart()`, `stripchart()`, `pie()`, `barplot()`, `boxplot()`, `curve()`, `sunflowerplot()`, `symbols()`, `pairs()`, `stars()`, `assocplot()`, `mosaicplot()`, `coplot()`, `contour()`, `image()`, `persp()`).

Nous allons envisager ci-après quelques fonctions graphiques de haut niveau très utilisés en analyse exploratoire des données.

Table des matières

Plan détaillé

Variables numériques

On parle également de variables quantitatives, elles sont représentées par une valeur numérique (`numeric()`).
On distingue parfois :

- les variables quantitatives discrètes, ne pouvant prendre qu'un nombre fini de valeurs (par exemple le nombre de jambes d'un individu).
- les variables quantitatives continues, pouvant prendre un nombre infini de valeurs (par exemple la taille d'un individu).

Cette distinction est un peu artificielle puisque les variables continues *stricto sensu* n'existent pas à cause de la précision limitée des intruments de mesure. Illustrons ce point.

Taille de 237 étudiants

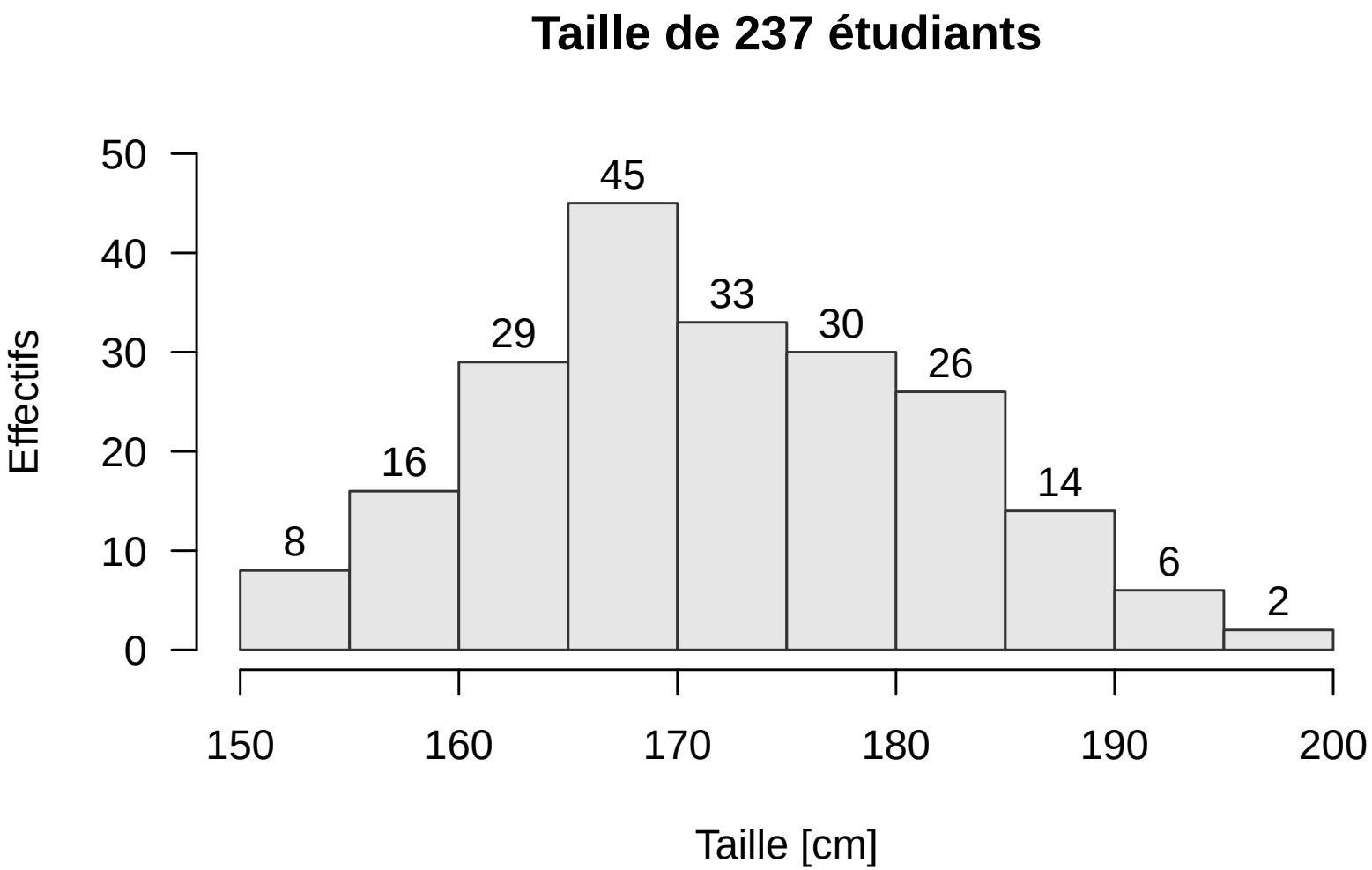
Intéressons nous à la taille de 237 étudiants disponibles dans le jeu de données survey de la bibliothèque MASS. Utilisons un histogramme pour représenter ces données.

```
library(MASS)
data(survey)
names(survey)
```

```
 [1] "Sex"    "Wr.Hnd" "NW.Hnd" "W.Hnd"  "Fold"   "Pulse"  "Clap"
 [8] "Exer"   "Smoke"  "Height" "M.I"    "Age"
```

```
hist( survey$Height, col = grey(0.9), border = grey(0.2),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    ylab = "Effectifs",
    labels = TRUE, las = 1, ylim = c(0, 50))
```

Taille de 237 étudiants

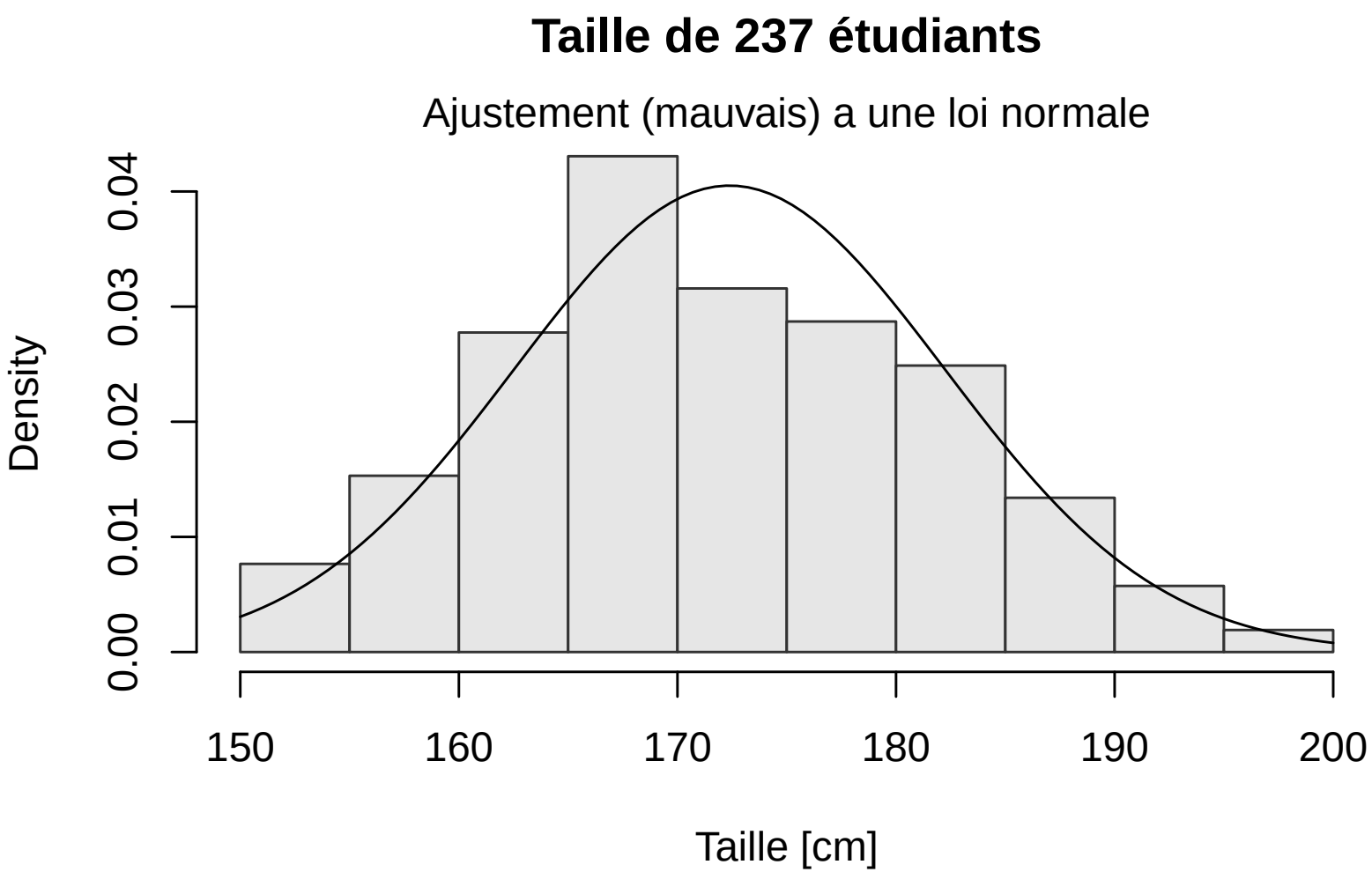


Taille de 237 étudiants

Nous avons utilisé ici des fréquences absolues, on préfère généralement utiliser des fréquences relatives (`proba = TRUE`) pour pouvoir superposer facilement des distributions de référence, par exemple :

```
hist( survey$Height, col = grey(0.9), border = grey(0.2),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    proba = TRUE)
x <- seq(from = min(survey$Height, na.rm=T), to = max(survey$Height, na.rm=T),
         length = 100)
lines(x, dnorm(x, mean(survey$Height, na.rm = TRUE), sd(survey$Height,
                                                        na.rm = TRUE)))
mtext("Ajustement (mauvais) a une loi normale")
```

Taille de 237 étudiants

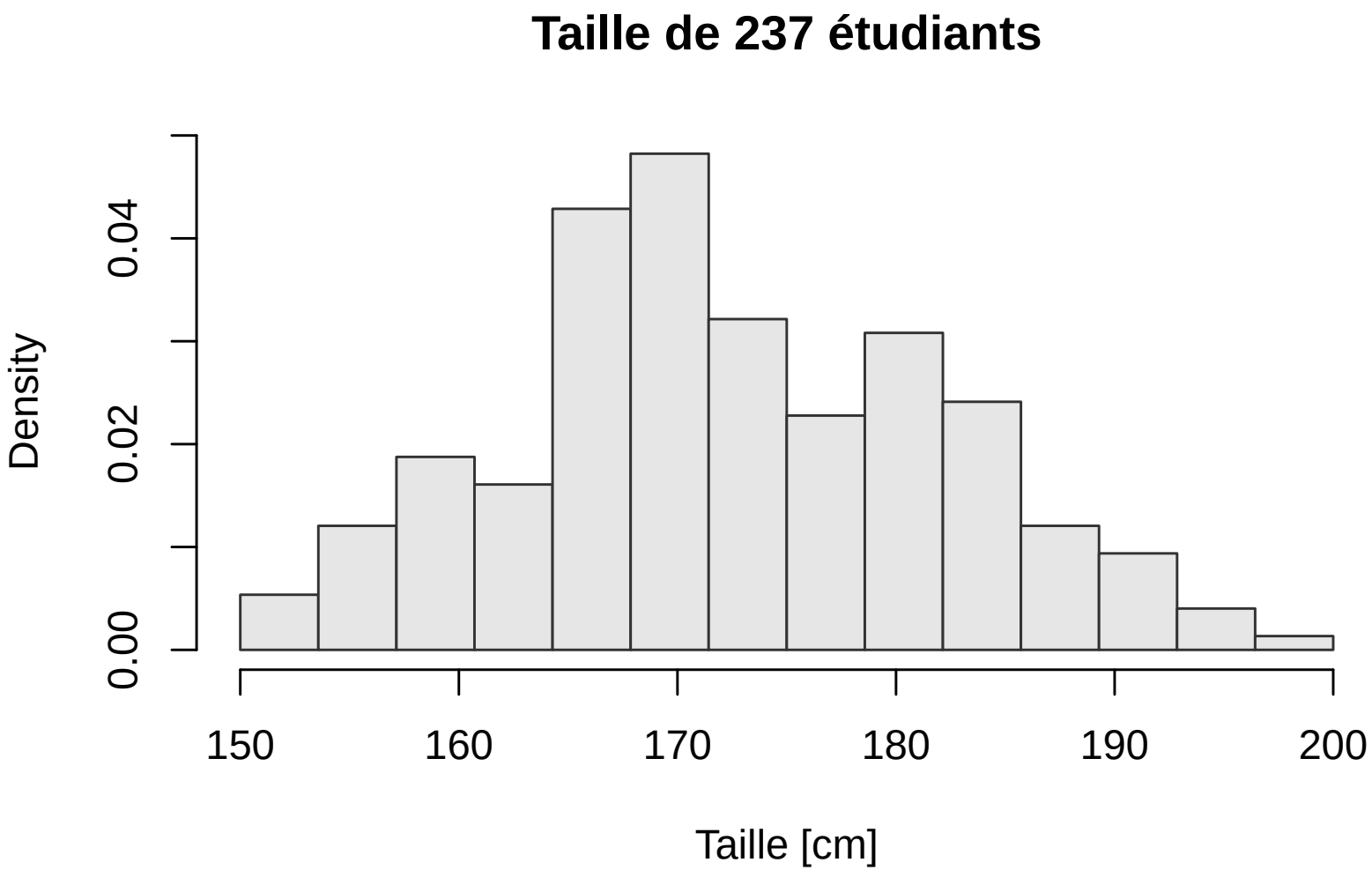


Taille de 237 étudiants

Le problème des histogrammes est que le choix du découpage en intervalles est assez arbitraire. On peut le contrôler avec le paramètre `break` de la fonction `hist()`, par exemple :

```
hist( survey$Height, col = grey(0.9), border = grey(0.2),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    proba = TRUE, breaks = seq(from = 150, to = 200, length = 15))
```

Taille de 237 étudiants

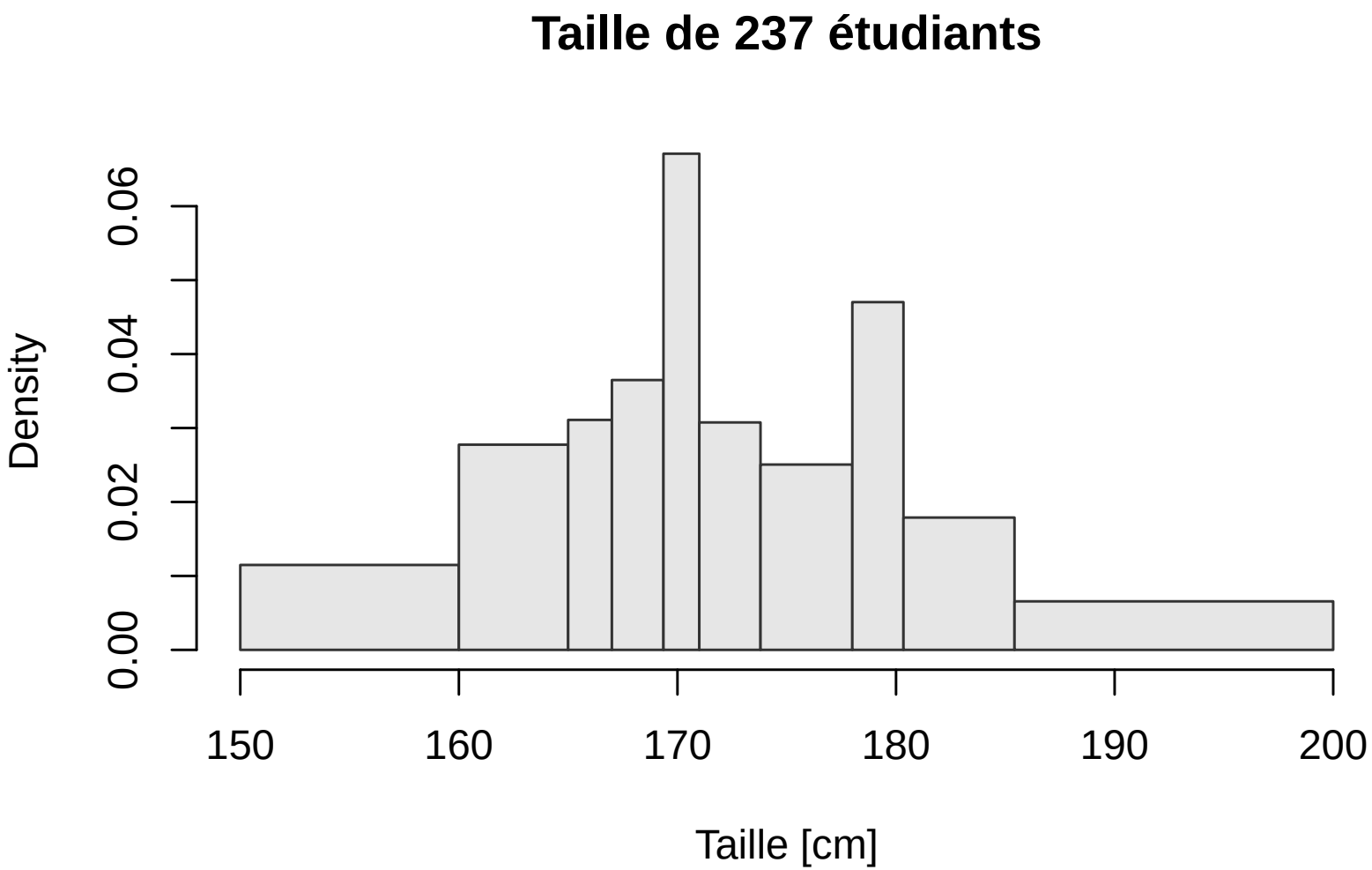


Taille de 237 étudiants

On a plus l'impression dans ce dernier cas que la distribution est bimodale. Le choix du découpage en intervalle est un problème délicat qui risque de biaiser fortement notre perception des données. Avec des intervalles de même effectifs on aurait :

```
isohist <- function(x, nclass, ...){
  breaks <- quantile(x, seq(from = 0, to = 1, length = nclass + 1),
                     na.rm = TRUE)
  invisible(hist(x, breaks = breaks, ...))
}
isohist(survey$Height, 10, col = grey(0.9), border = grey(0.2),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    proba = TRUE)
```

Taille de 237 étudiants

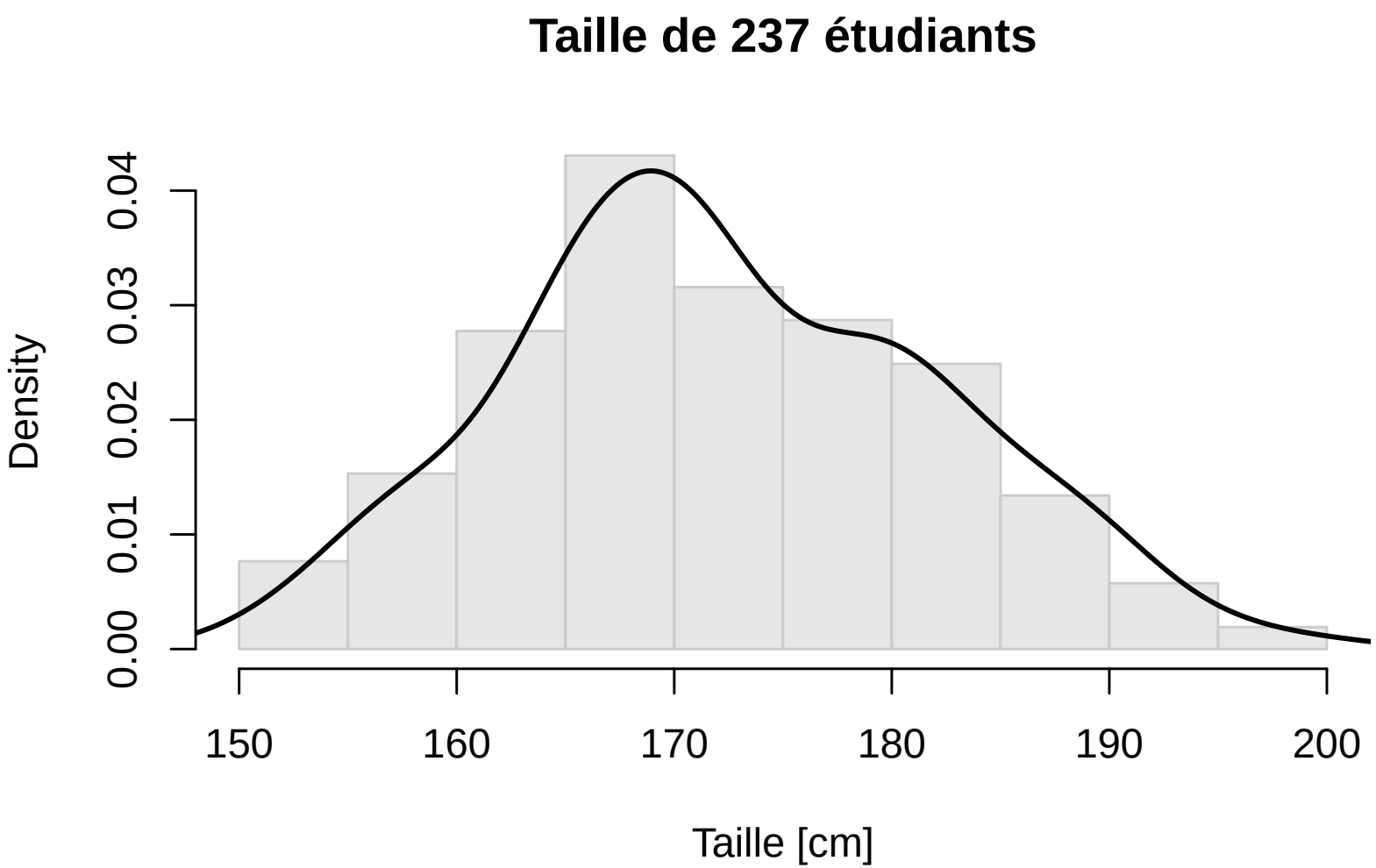


Taille de 237 étudiants

De nos jours, on préfère utiliser des estimateurs locaux de la densité des points et explorer différentes échelles. Par exemple :

```
hist( survey$Height, col = grey(0.9), border = grey(0.8),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    proba = TRUE)
lines(density(survey$Height, na.rm = TRUE), lwd = 2)
```

Taille de 237 étudiants

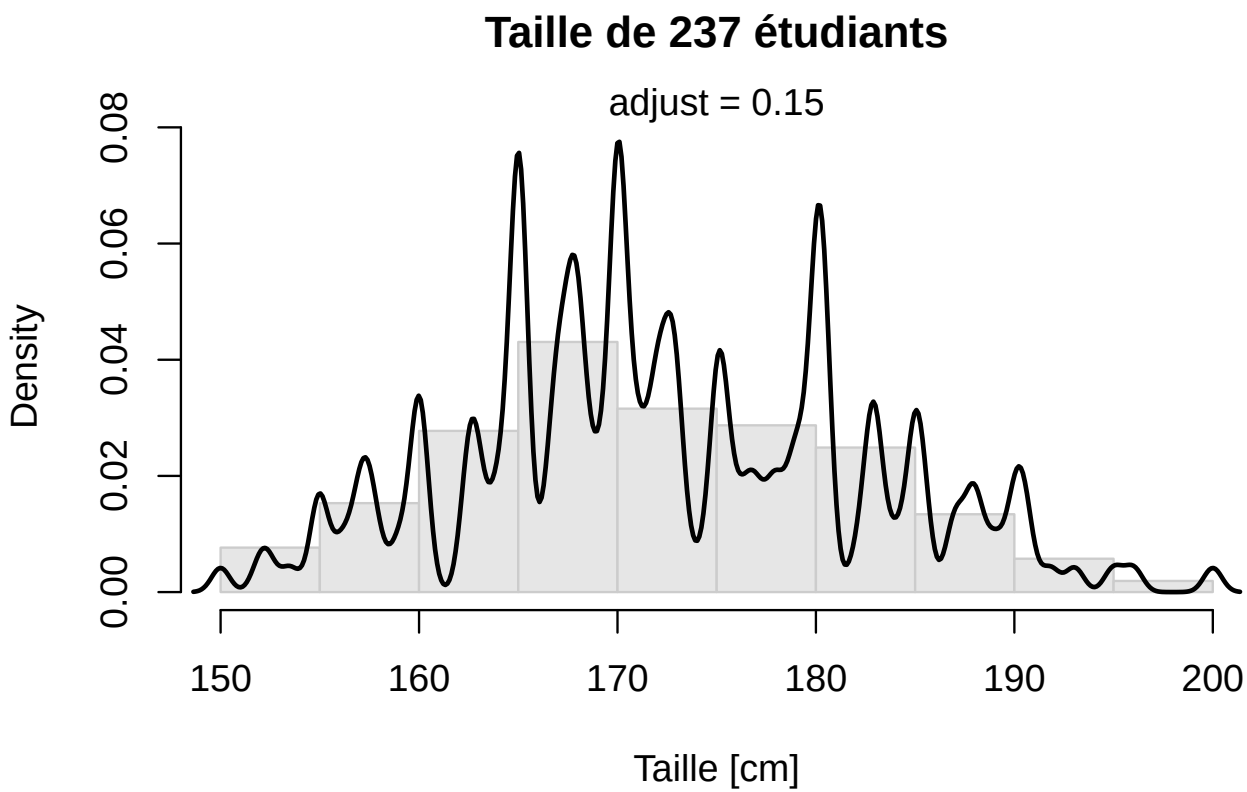


Taille de 237 étudiants

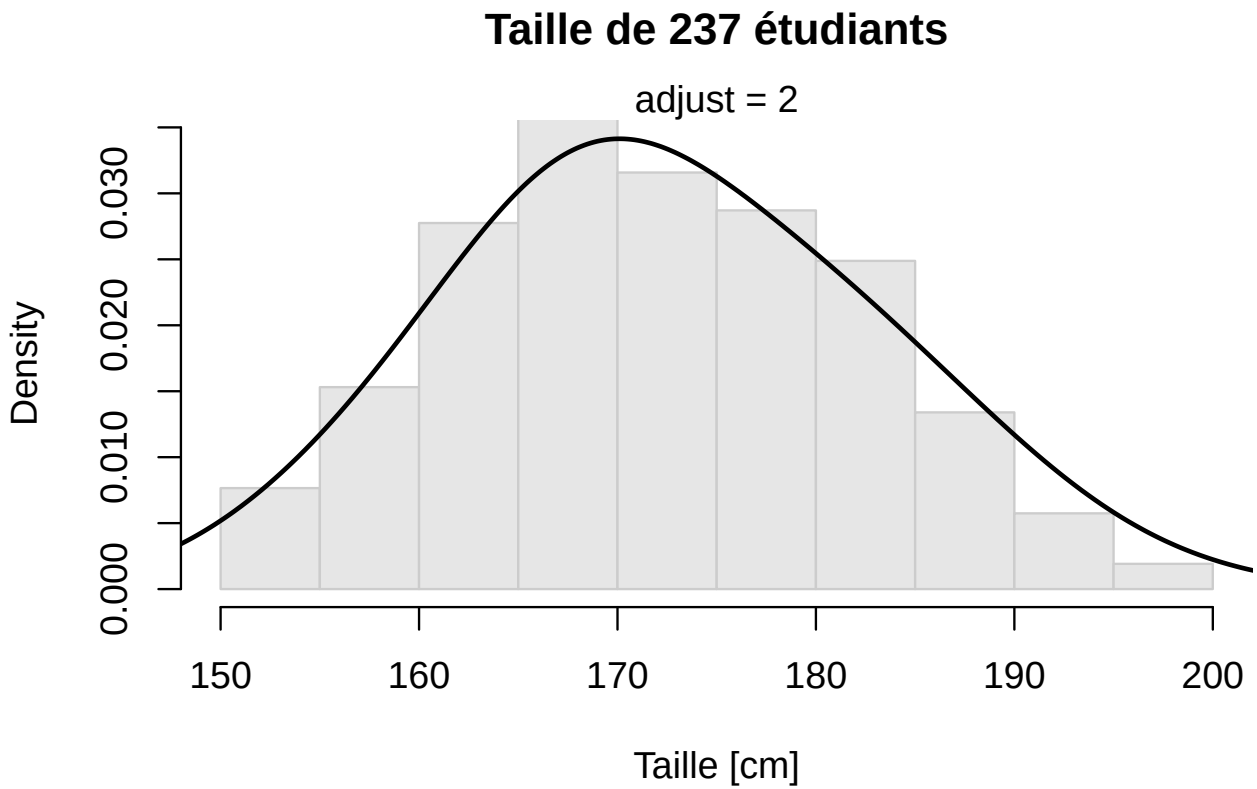
Le paramètre important de la fonction `density()` est le paramètre `adjust` :

- `adjust = 1` C'est la valeur par défaut, celle que nous avons utilisée dans le graphe précédent.
- `adjust < 1` On regarde les choses de près, on va vers la nature discrète de la variable.
- `adjust > 1` On regarde les choses de loin, on veut lisser le signal pour voir la variable comme étant continue.

Taille de 237 étudiants



Taille de 237 étudiants

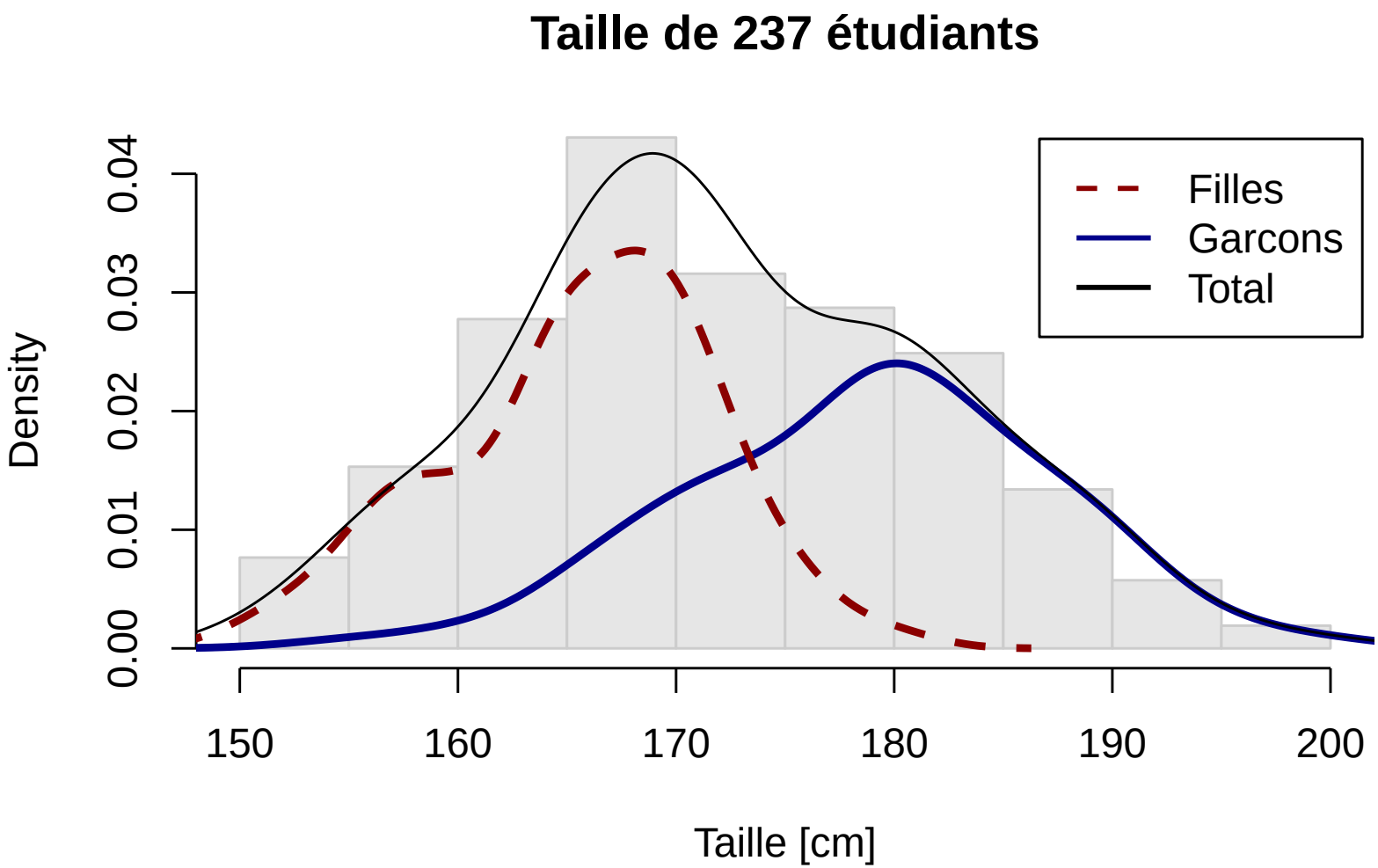


Taille de 237 étudiants

Un autre avantage des estimateurs locaux de la densité par rapport aux histogrammes est qu'il permettent de superposer facilement plusieurs distributions :

```
par(lend="butt")
ng <- sum(survey$Sex == "Male", na.rm = TRUE)
nf <- sum(survey$Sex == "Female", na.rm = TRUE)
n <- ng + nf
dst <- density(survey$Height, na.rm = TRUE)
dstg <- density(survey$Height[survey$Sex == "Male"], na.rm = TRUE)
dstf <- density(survey$Height[survey$Sex == "Female"], na.rm = TRUE)
hist( survey$Height, col = grey(0.9), border = grey(0.8),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    xlab = "Taille [cm]",
    proba = TRUE, ylim = c(0, max(dst$y)))
lines(dstg$x, ng/n*dstg$y, lwd = 3, col = "darkblue")
lines(dstf$x, nf/n*dstf$y, lwd = 3, lty = 2, col = "darkred")
lines(dst$x, dst$y)
legend("topright", inset = 0.01, legend = c("Filles", "Garcons","Total"),
       col = c("darkred","darkblue","black"),
  lty = c(2, 1,1), lwd = 2, pt.cex = 2)
```

Taille de 237 étudiants



Plan détaillé

Diagramme en bâtons

Quand la nature discrète de la variable étudiée ne fait pas de doute, on utilise en général un diagramme en bâtons :

```
library(ade4)
data(deug)
plot(table(deug$tab$Option1), main = paste("Notes de", nrow(deug$tab),
                                           "étudiants"),
  las = 1, xlab = "note (Option 1)", ylab = "Nombre d'étudiants")
```

Diagramme en bâtons

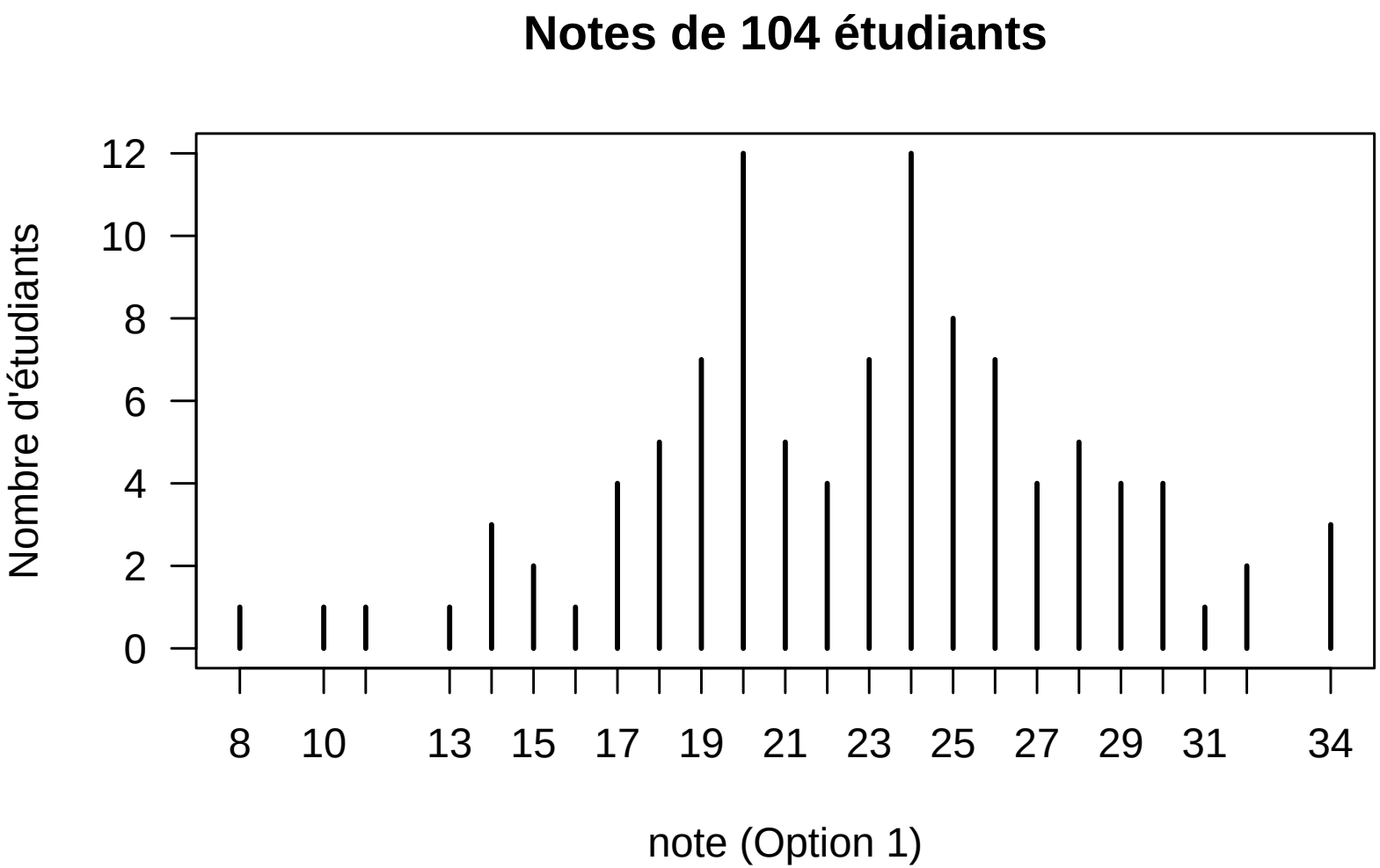


Diagramme en bâtons

On peut considérer les diagramme en bâtons comme une forme dégénérée des estimateurs locaux de densité quand le paramètre `adjust` est très petit :

```
plot(table(deug$tab$Option1), main = paste("Notes de", nrow(deug$tab),
                                           "étudiants"),
  las = 1, xlab = "note (Option 1)", ylab = "Nombre d'étudiants")
dst <- density(deug$tab$Option1, adjust = 0.1)
lines(dst$x, max(table(deug$tab$Option1))*dst$y/max(dst$y), col = "red")
```

Diagramme en bâtons

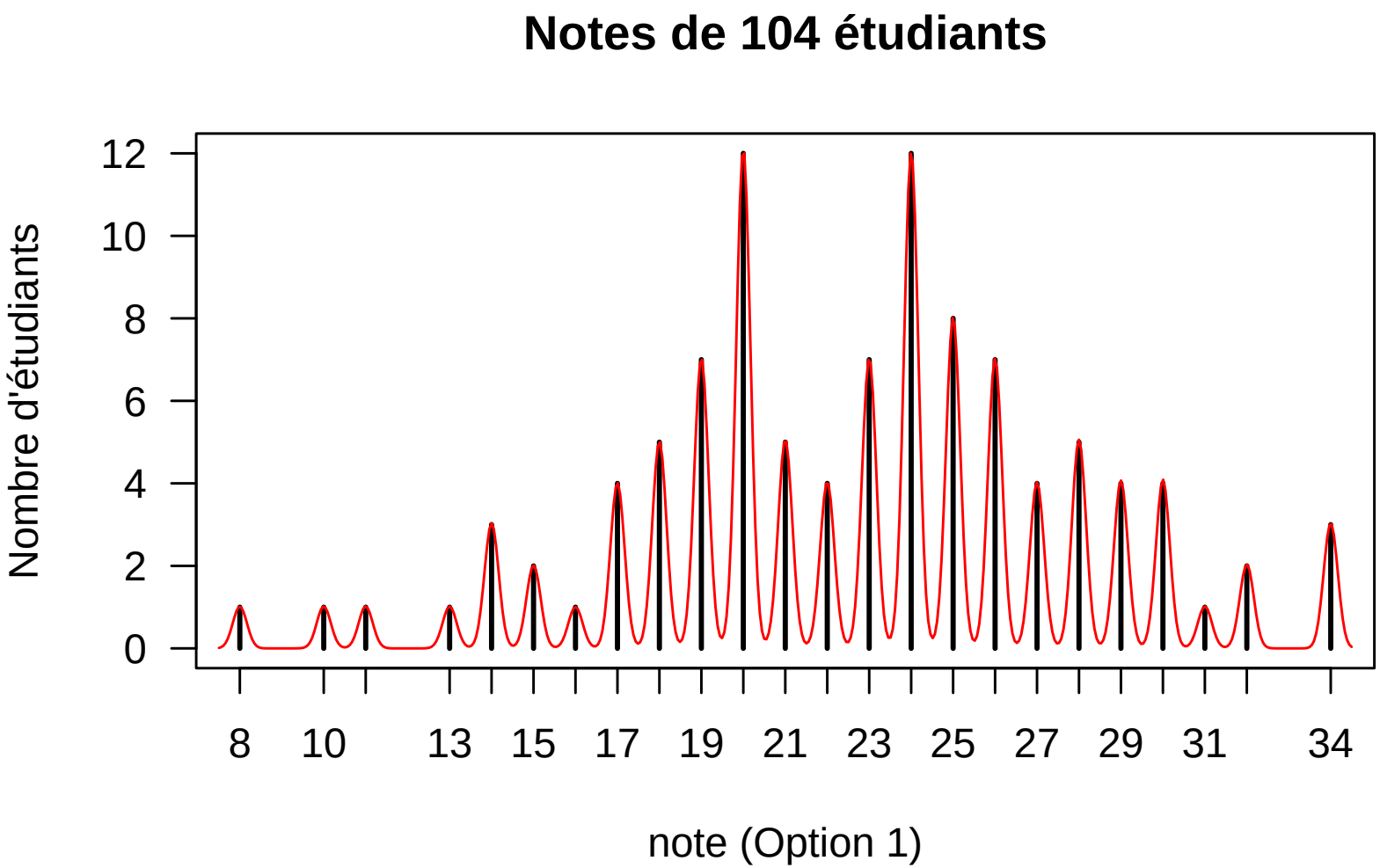
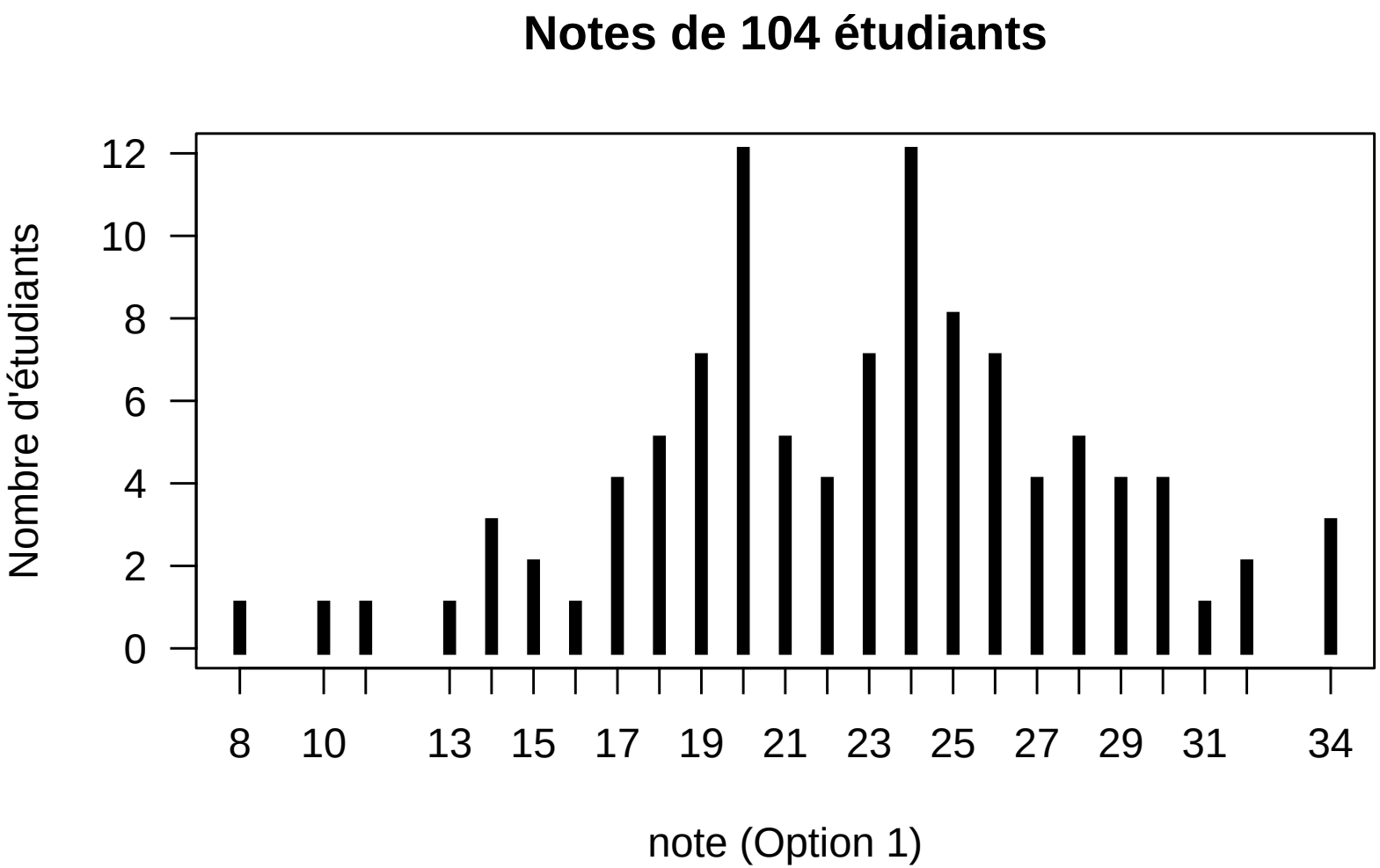


Diagramme en bâtons

Les paramètres graphiques lend (line end : fin des lignes) et lwd (line width : épaisseur des lignes) permettent de contrôler l'aspect terminal des bâtons et l'épaisseur des bâtons :

```
plot(table(deug$tab$Option1), main = paste("Notes de", nrow(deug$tab),
                                           "étudiants"),
  las = 1, xlab = "note (Option 1)", ylab = "Nombre d'étudiants",
lwd = 5, lend = "square")
```

Diagramme en bâtons



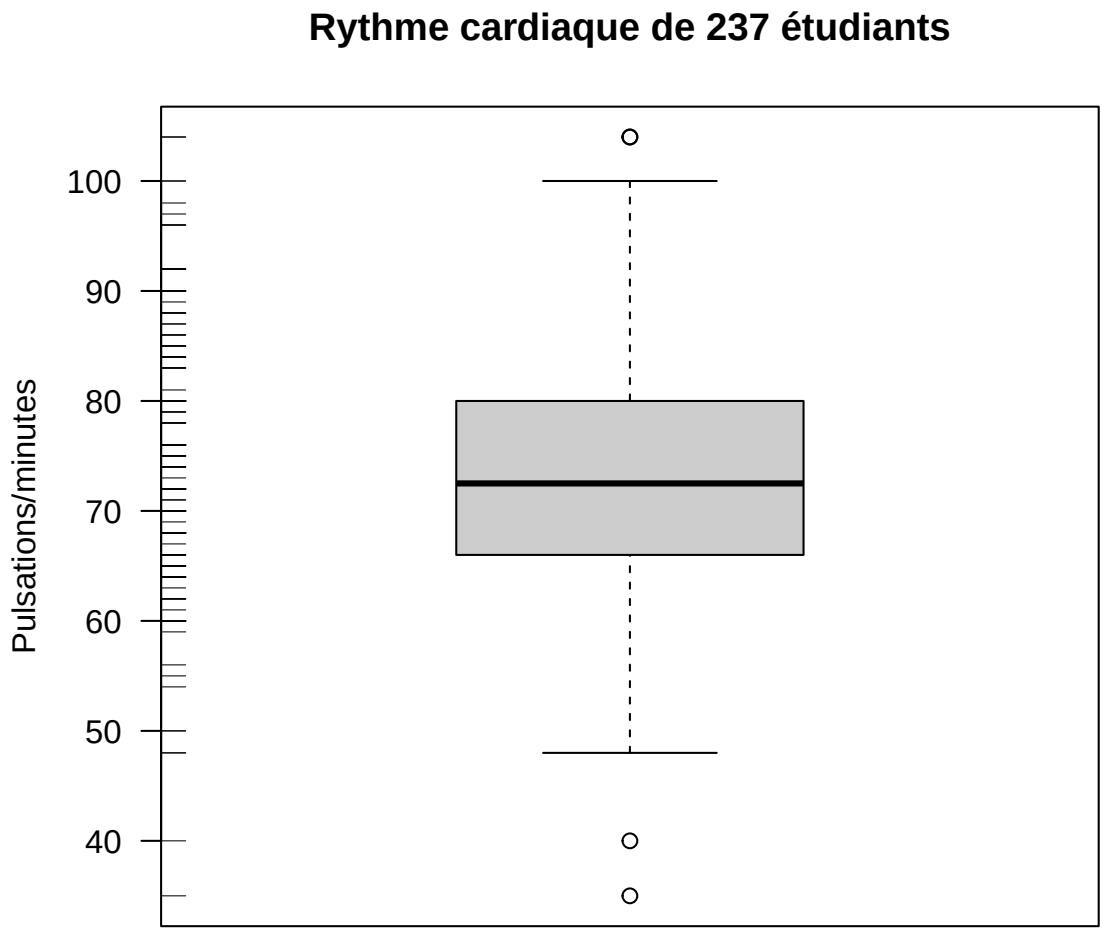
Plan détaillé

Boîte à moustaches

Nous avons déjà vu l'utilisation pour les variables continues des histogrammes et des estimateurs de la densité locale. On peut également utiliser une représentation en boîte à moustaches :

```
boxplot( survey$Pulse, col = grey(0.8),
    main = paste("Rythme cardiaque de", nrow(survey), "étudiants"),
    ylab = "Pulsations/minutes", las = 1)
rug(survey$Pulse, side = 2)
```

Boîte à moustaches

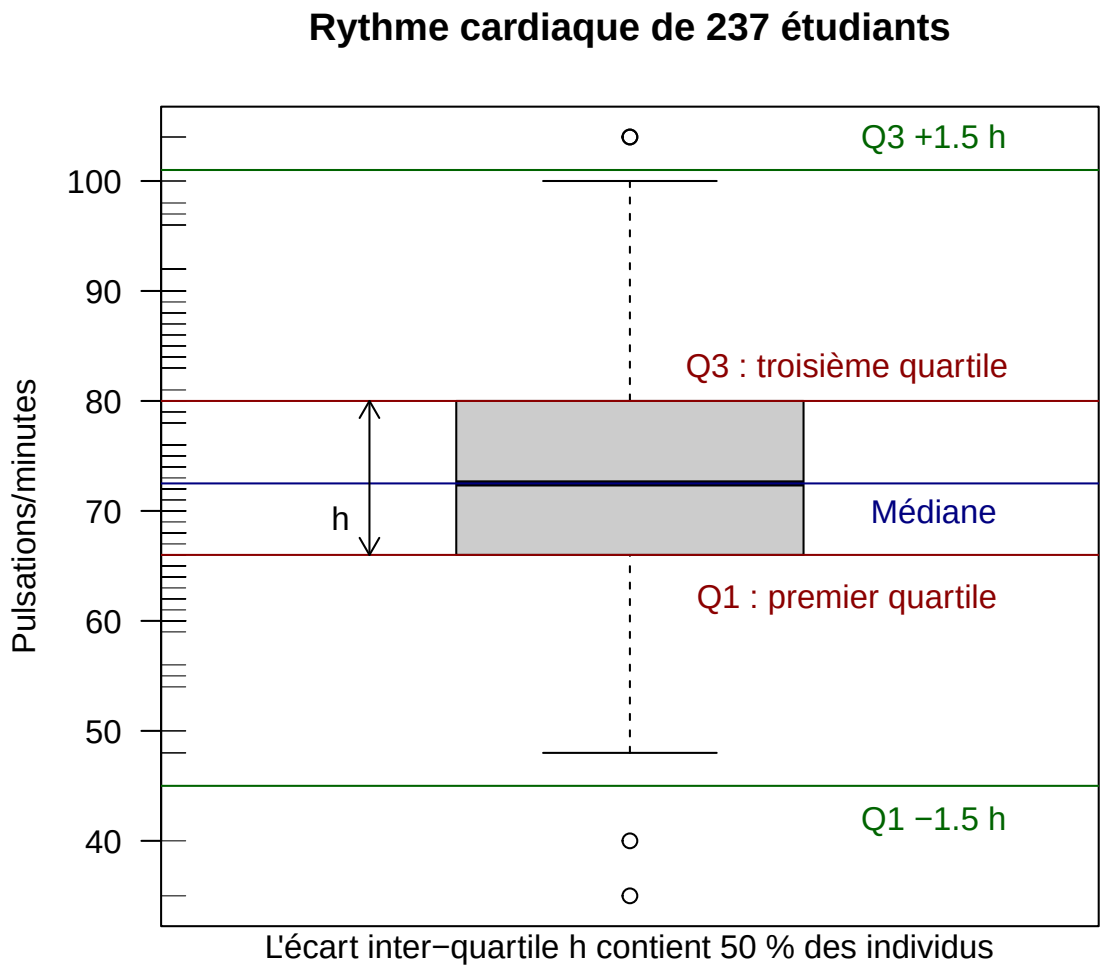


Boîte à moustaches

La signification est explicitée dans le graphique suivant :

```
boxplot( survey$Pulse, col = grey(0.8),
    main = paste("Rythme cardiaque de", nrow(survey), "étudiants"),
    ylab = "Pulsations/minutes", las = 1)
rug(survey$Pulse, side = 2)
abline( h = median(survey$Pulse, na.rm = TRUE), col = "navy")
text(1.35, 70, "Médiane", col = "navy")
Q1 <- quantile(survey$Pulse, probs = 0.25, na.rm = TRUE)
abline( h = Q1, col = "darkred")
text(1.25, 62, "Q1 : premier quartile", col = "darkred")
Q3 <- quantile(survey$Pulse, probs = 0.75, na.rm = TRUE)
abline( h = Q3, col = "darkred")
text(1.25, 83, "Q3 : troisième quartile", col = "darkred")
arrows(x0 = 0.7, y0 =quantile(survey$Pulse, probs = 0.75, na.rm = TRUE), x1 =
y1 = quantile(survey$Pulse, probs = 0.25, na.rm = TRUE), length = 0.1, code =
text(0.7, 69, "h", pos = 2)
mtext("L'écart inter-quartile h contient 50 % des individus", side = 1)
abline( h = Q1-1.5*(Q3-Q1), col = "darkgreen")
text(1.35, 42, "Q1 -1.5 h", col = "darkgreen")
abline( h = Q3+1.5*(Q3-Q1), col = "darkgreen")
text(1.35, 104, "Q3 +1.5 h", col = "darkgreen")
```

Boîte à moustaches

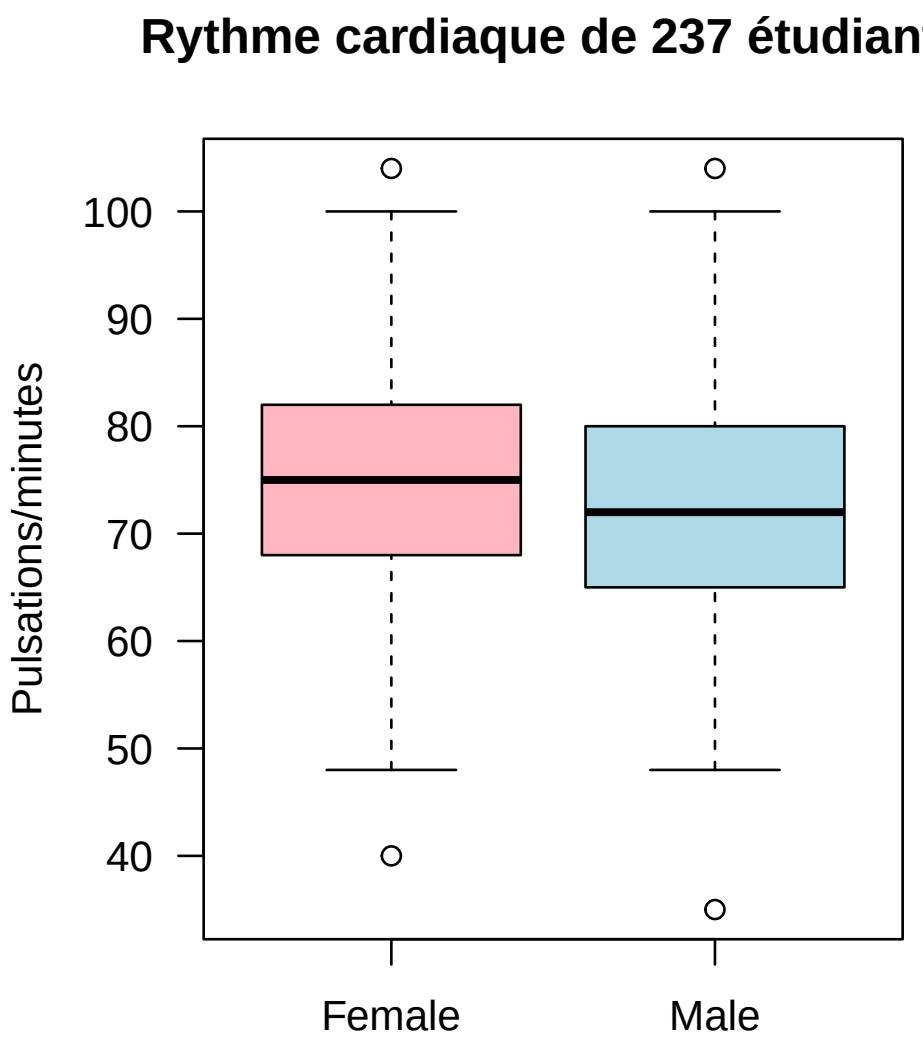


Boîte à moustaches

Les boîtes à moustaches permettent de comparer facilement des groupes d'individus, par exemple ici les garçons et les filles :

```
boxplot(survey$Pulse~survey$Sex, col = c("lightpink","lightblue"),
    main = paste("Rythme cardiaque de", nrow(survey), "étudiants"),
    ylab = "Pulsations/minutes", las = 1)
```

Boîte à moustaches

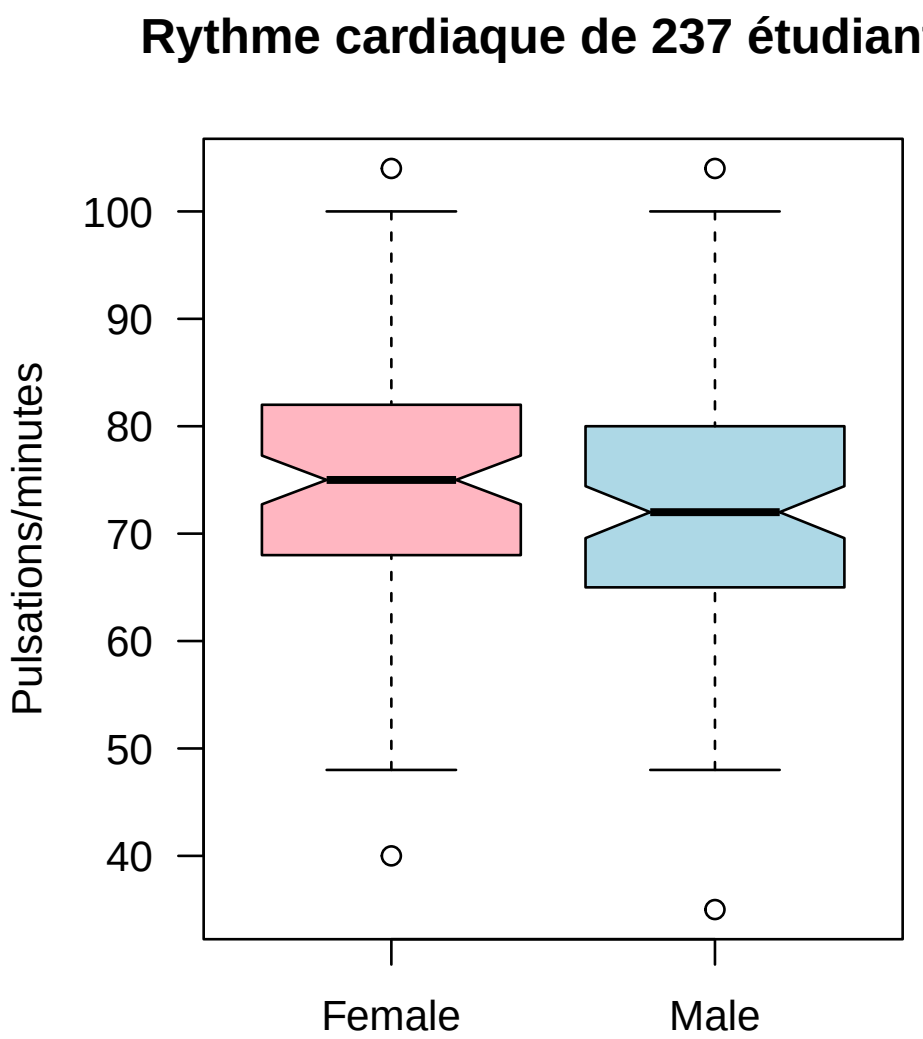


Boîte à moustaches

Une extension intéressante des boîtes à moustaches consiste à ajouter des encoches pour représenter un intervalle de confiance pour la médiane de chaque groupe :

```
boxplot( survey$Pulse~survey$Sex, col = c("lightpink","lightblue"),
    main = paste("Rythme cardiaque de", nrow(survey), "étudiants"),
    ylab = "Pulsations/minutes", las = 1, notch = TRUE)
```

Boîte à moustaches

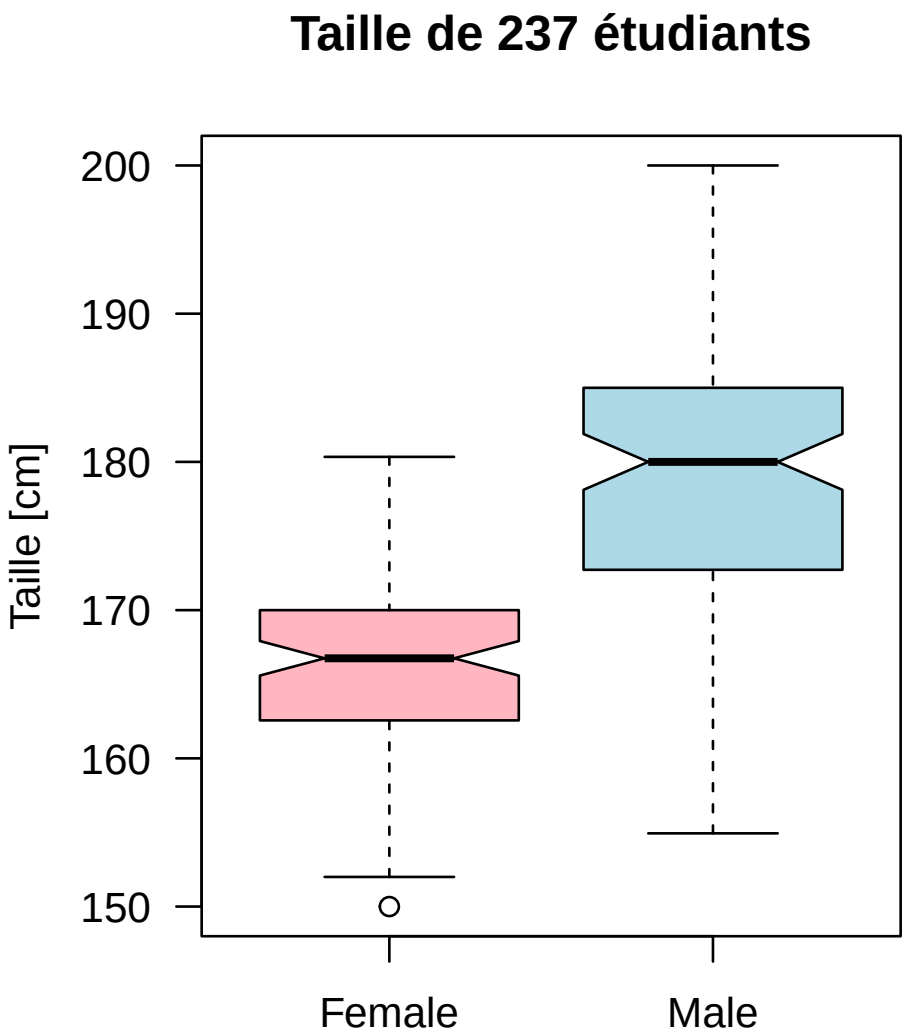


Boîte à moustaches

Ainsi, nous n'avons pas d'indication forte qu'il y ait une différence du rythme cardiaque entre les filles et les garçons. Pour ce qui est de la taille on trouve que les garçons sont significativement plus grands que les filles.

```
boxplot( survey$Height~survey$Sex, col = c("lightpink","lightblue"),
    main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"),
    ylab = "Taille [cm]", las = 1, notch = TRUE)
```

Boîte à moustaches



Diagrammes en violon

Les diagrammes en violon essayent de combiner les avantages des boîtes à moustaches et des estimateurs de la densité locale, par exemple :

```
library(sm)
library(vioplot)
par(las = 1)
vioplot(survey$Height[!is.na(survey$Height)], h = 1.5, names ="",
        col = "lightblue")
title(main = paste("Taille de", nrow(survey), "étudiants"))
```

Diagrammes en violon

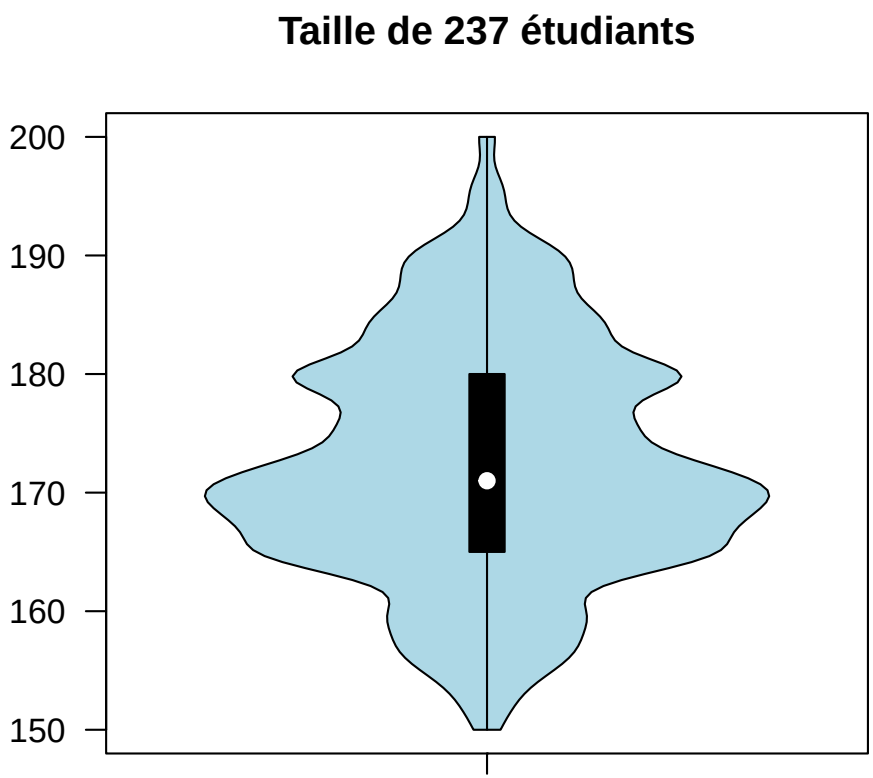


Table des matières

Plan détaillé

Variables qualitatives nominales et ordonnées

Les variables qualitatives sont toutes les variables à valeur non numérique (*e.g.* bleu, blanc, rouge) et codées par les `factor()`.Les variables qualitatives peuvent être :

- nominales sans ordre particulier : un simple nom.
- ordonnées avec un ordre : un peu, beaucoup, passionnément, à la folie.

La règle est simple : s'il y a un ordre, vos graphiques doivent impérativement le respecter.

Plan détaillé

592 étudiants

Nous allons illustrer le cas des variables qualitatives non ordonnées avec un jeu de données réelles portant sur 592 étudiants (extrait de Snee, R. D. (1974) Graphical display of two-way contingency tables. *The American Statistician*, **28** :9-12). Pour chaque étudiant on a observé 3 variables qualitatives : la couleur des cheveux, la couleur des yeux et le sexe.

```
genet <- read.table("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/qualitatif.txt",
                    header=TRUE)
summary(genet)
```

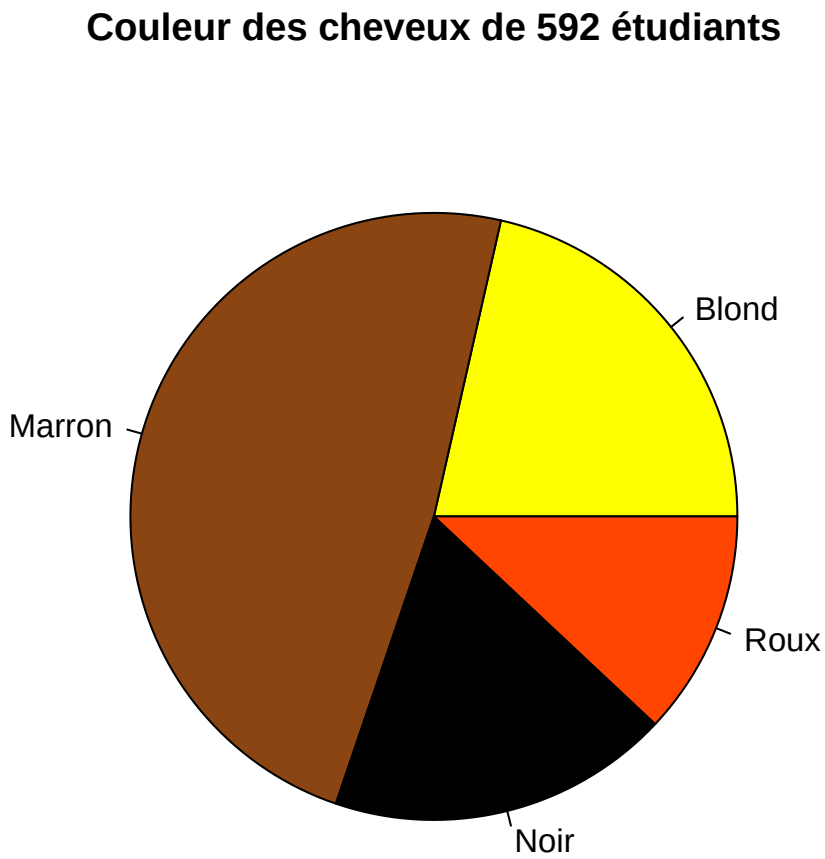
```
   cheveux              yeux               sexe
Length:592         Length:592         Length:592
Class :character   Class :character   Class :character
Mode  :character   Mode  :character   Mode  :character
```

Diagrammes en secteurs

Intéressons nous à la couleur des cheveux. On peut représenter les données sous la forme d'un diagramme en secteurs avec la fonction `pie()` :

```
pie(table(genet$cheveux), col = c("yellow", "chocolate4", "black", "orangered"
    main = "Couleur des cheveux de 592 étudiants")
```

Diagrammes en secteurs



Diagrammes en secteurs

Mais c'est une mauvaise idée. En effet, la documentation de la fonction `pie()` nous dit :

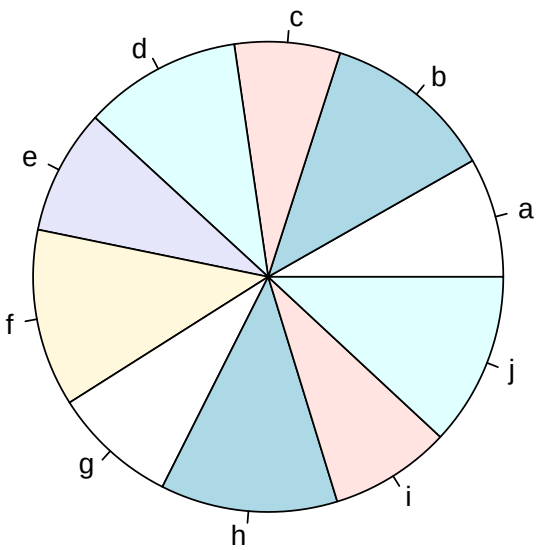
> *Pie charts are a very bad way of displaying information. The eye is good at judging linear measures and bad at judging relative areas. A bar chart or dot chart is a preferable way of displaying this type of data.*

On peut s'en convaincre facilement à l'aide de l'exemple suivant :

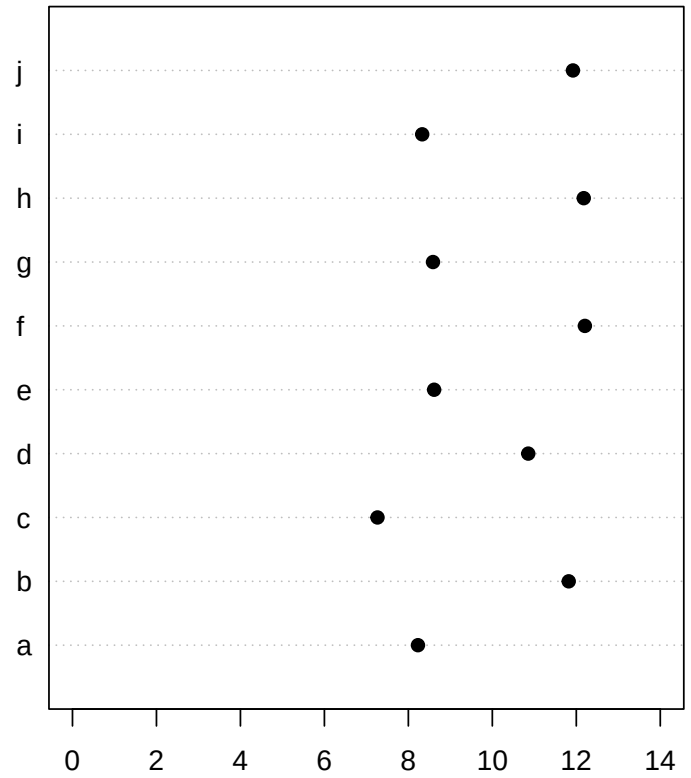
```
set.seed(01071966)
data <- rep(10,10) + rep( 2*runif(5), rep(2,5)) + rep(c(-2,2),5)
data <- 100*data/sum(data) # as percentage
names(data) <- letters[1:10]
par(mfrow = c(1, 2))
pie(data, main = "Diagramme en secteur")
dotchart(data, xlim = c(0, 14), pch = 19, main = "Graphe de Cleveland")
par(mfrow = c(1, 1))
```

Diagrammes en secteurs - graphe de Cleveland

Diagramme en secteur



Graphe de Cleveland

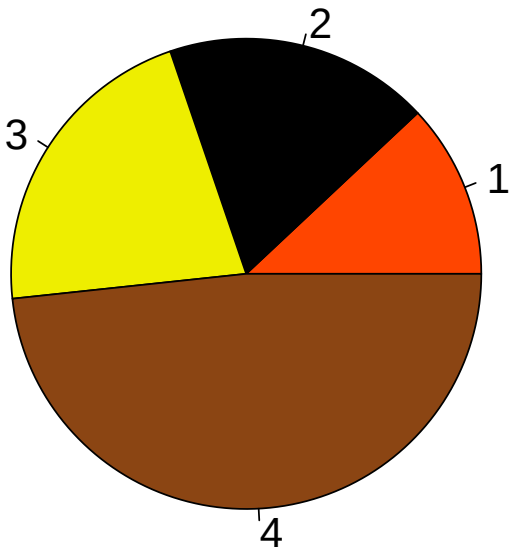


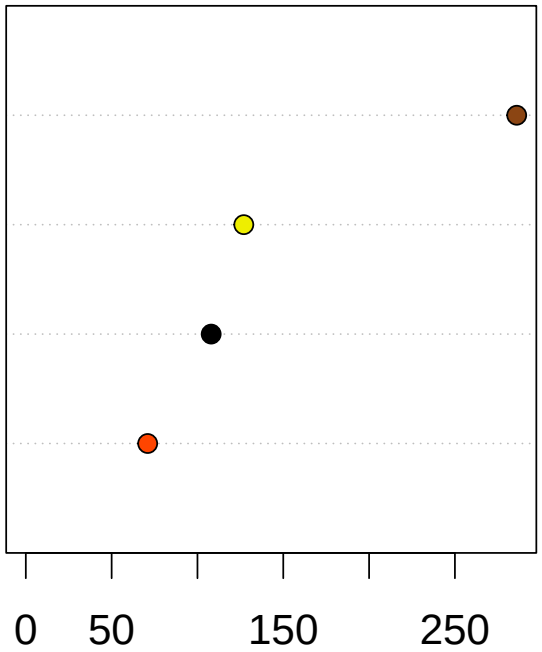
Diagrammes en secteurs - graphe de Cleveland

Il faut donc éviter d'utiliser des diagrammes en secteurs. Avec notre exemple sur la couleur des cheveux de 592 étudiants, On voit par exemple que l'écart entre les `Noir` et les `Roux` est plus important que l'écart entre les `Blond` et les `Noir`. On ne le voit pas avec un diagramme en secteurs.

```
data <- sort(as.numeric(table(genet$cheveux)))
par(mfrow = c(1, 2))
pie(data, col = c("orangered", "black", "yellow2", "chocolate4"), cex = 1.5)
dotchart(data, xlim = c(0, max(data)), pch = 21, bg = c("orangered",
  "black","yellow2","chocolate4"), cex = 1.5)
par(mfrow=c(1,1))
```

Diagrammes en secteurs - graphe de Cleveland



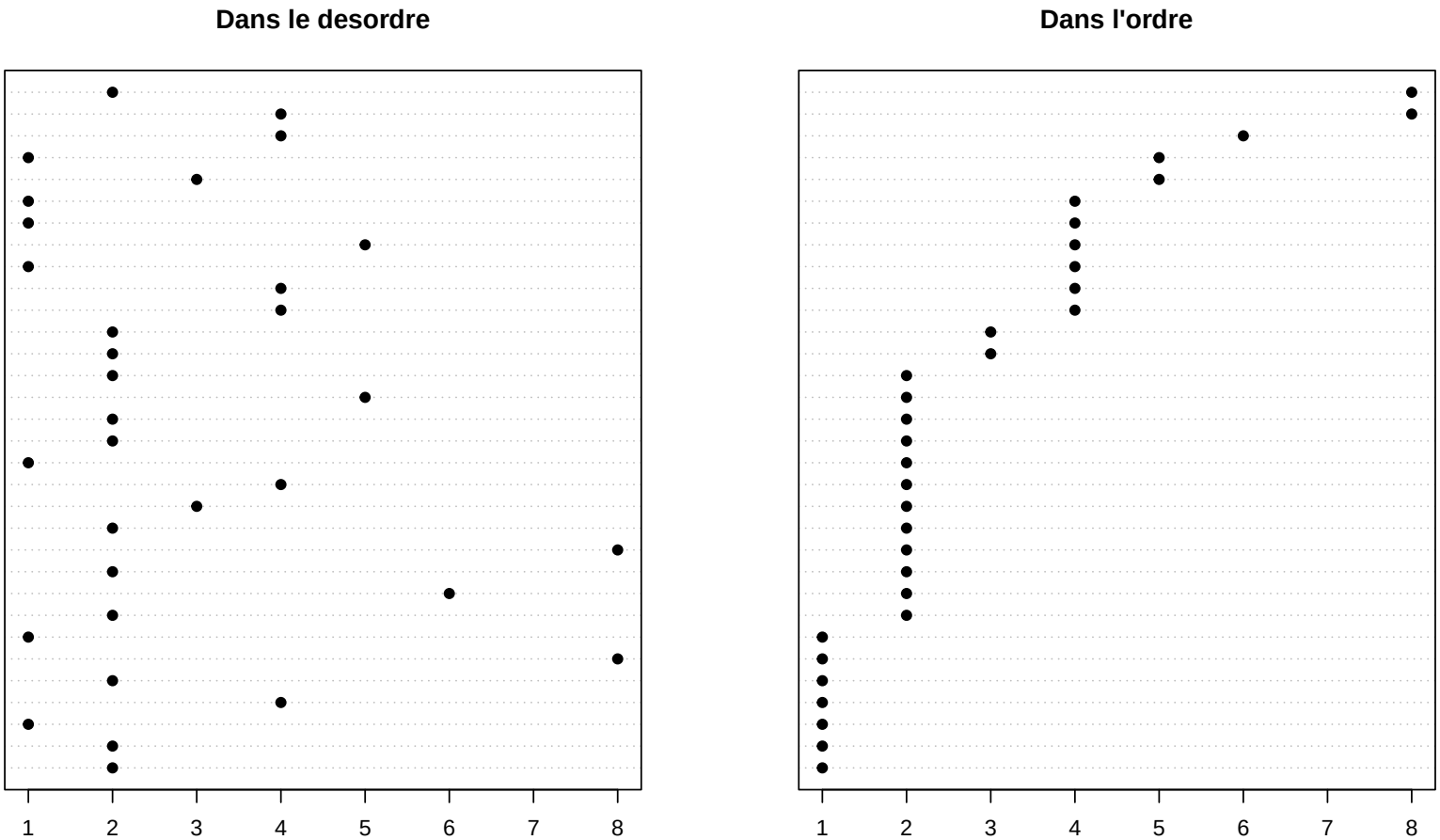


Graphe de Cleveland

Quand le nombre de modalités est important, on a tout intérêt à les classer en fonction de leur fréquence pour faciliter les comparaisons. Illustrons ceci avec un jeu de données consistant en un échantillon de 93 voitures sur lesquelles on a observé une variable qualitative non-ordonnée : le nom du constructeur.

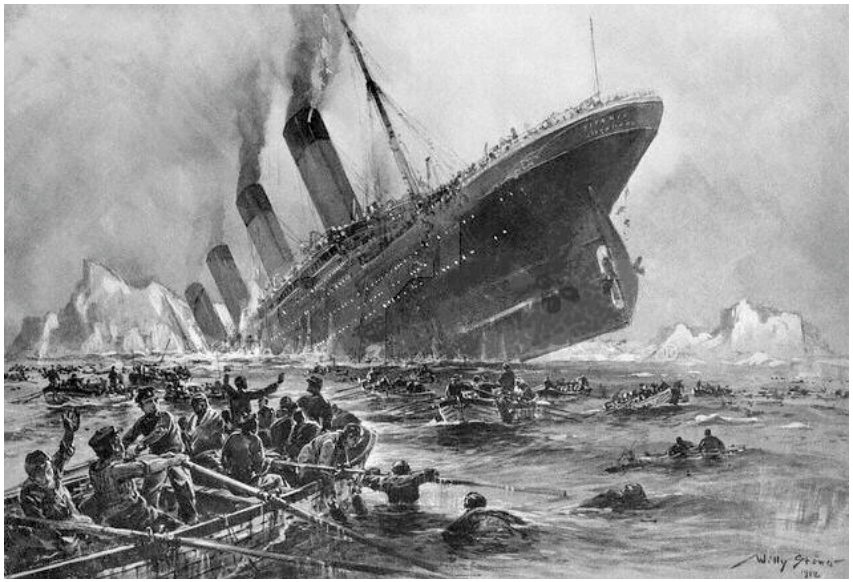
```
library(MASS)
data(Cars93)
par(mfrow=c(1,2))
dotchart(as.numeric(table(Cars93$Manufacturer)), pch=19, cex = 0.8,
         main="Dans le desordre")
dotchart(sort(as.numeric(table(Cars93$Manufacturer))), pch=19, cex = 0.8,
         main = "Dans l'ordre")
par(mfrow=c(1,1))
```

Graphe de Cleveland



Plan détaillé

Variables qualitatives ordinales



Les passagers du Titanic pouvaient voyager en première classe (`1st`), en seconde classe (`2nd`) ou en troisième classe (`3rd`). La variable `classe` est donc une variable qualitative ordinales dont les trois modalités sont 1st, 2nd et 3rd.

Variables qualitatives ordinales

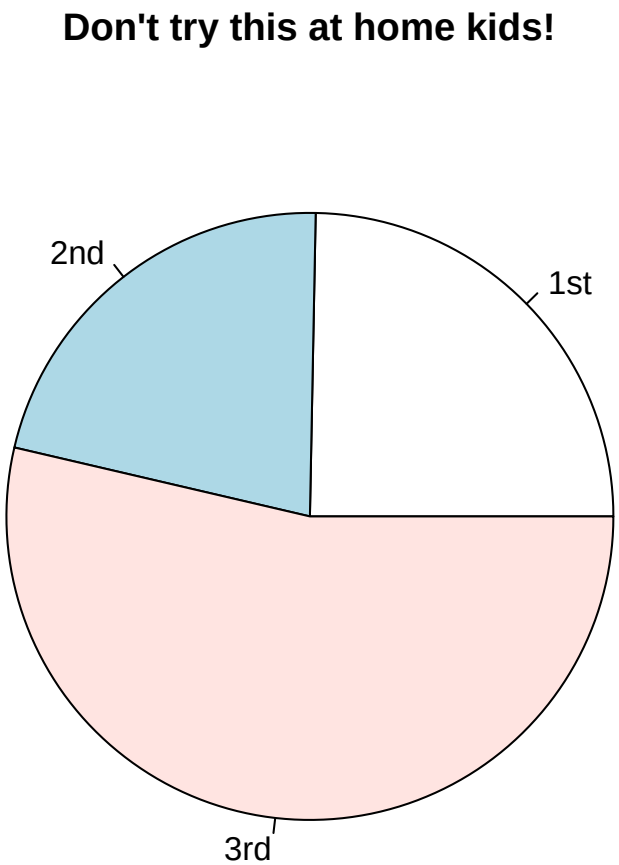
Récupérons les données historiques nous donnant le nombre de voyageur de chaque classe :

```
data(Titanic)
classe <- apply(Titanic, 1, sum)[1:3]
classe
```

```
1st 2nd 3rd
325 285 706
```

Il y avait donc 323 passagers en première classe, 285 en seconde classe et 706 en troisième classe.

Horreur ! La premiere classe jouxte la troisième classe !



Variables qualitatives ordinales

Il faut préserver l'ordre des modalités, c'est facile avec un diagramme de Cleveland :

```
dotchart(rev(classe), main="Classe des passagers du Titanic", pch = 19,
xlim = c(0,max(classe)), cex = 1.5)
```

Graphe de Cleveland

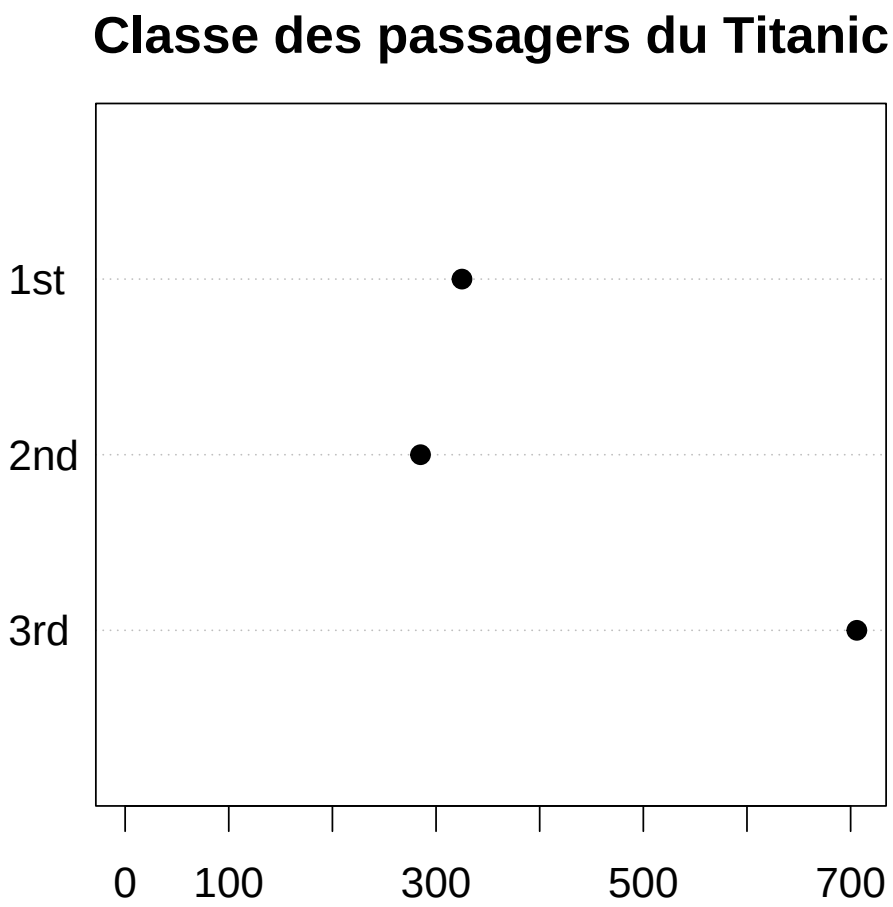


Table des matières

Plan détaillé

Tables de contingence

Quand on croise deux variables qualitatives on obtient une table de contingence, par exemple :

```
 (tc <- table(genet[,1:2]))
```

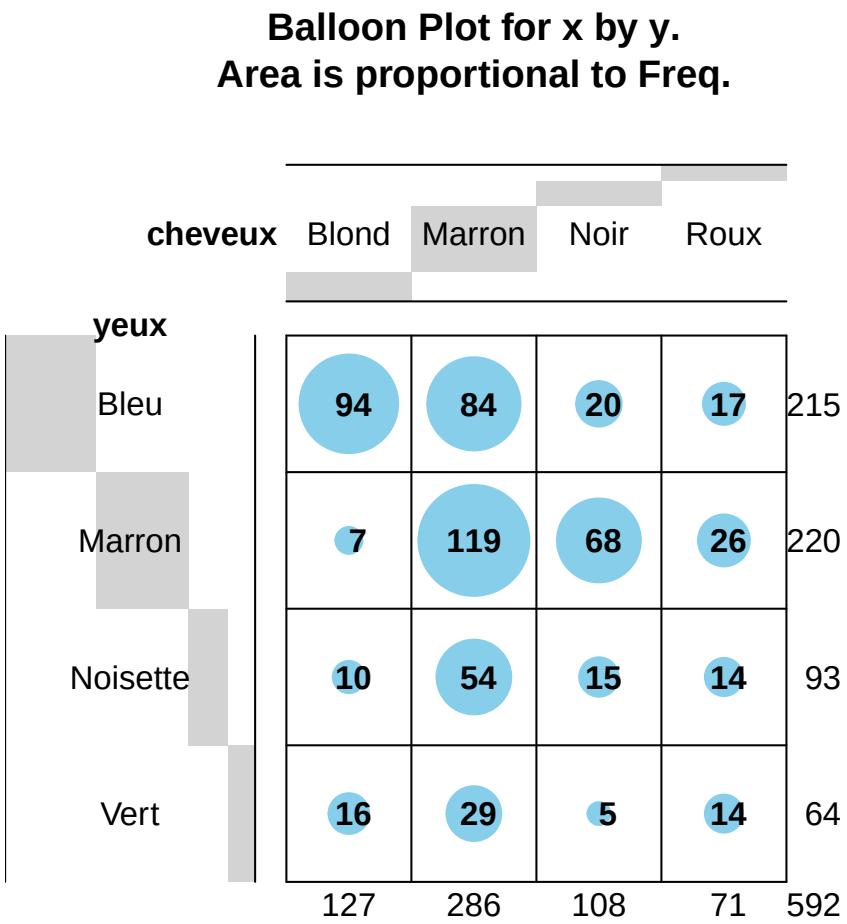
```
         yeux
cheveux   Bleu Marron Noisette Vert
  Blond     94      7        10   16
  Marron    84    119        54   29
  Noir      20     68        15    5
  Roux      17     26        14   14
```

Tables de contingence

On peut utiliser la fonction `balloonplot()` pour faire une représentation directe des données :

```
library(gdata)
library(gtools)
library(gplots)
balloonplot(tc, dotsize=10)
```

Tables de contingence : représentation directe



Tables de contingence : hypothèse d'indépendance

Sous l'hypothèse d'indépendance entre les deux variables, on déduit facilement les effectifs attendus :

$$P(A \wedge B) = P(A)P(B) \iff P(A \wedge B) = \frac{n_A}{n}\frac{n_B}{n} \iff n_{A \wedge B} = \frac{n_A n_B}{n}$$

Graphiquement :

```
par(mfrow = c(1,2))
balloonplot(tc, dotsize=8, main = "Observé")
balloonplot(as.table(chisq.test(tc)$expected), dotsize=8, main = "Attendu")
```

Tables de contingence : hypothèse d'indépendance

Observé

yeux \ cheveux	Blond	Marron	Noir	Roux	
Bleu	94	84	20	17	215
Marron	7	119	68	26	220
Noisette	10	54	15	14	93
Vert	16	29	5	14	64
	127	286	108	71	592

Attendu

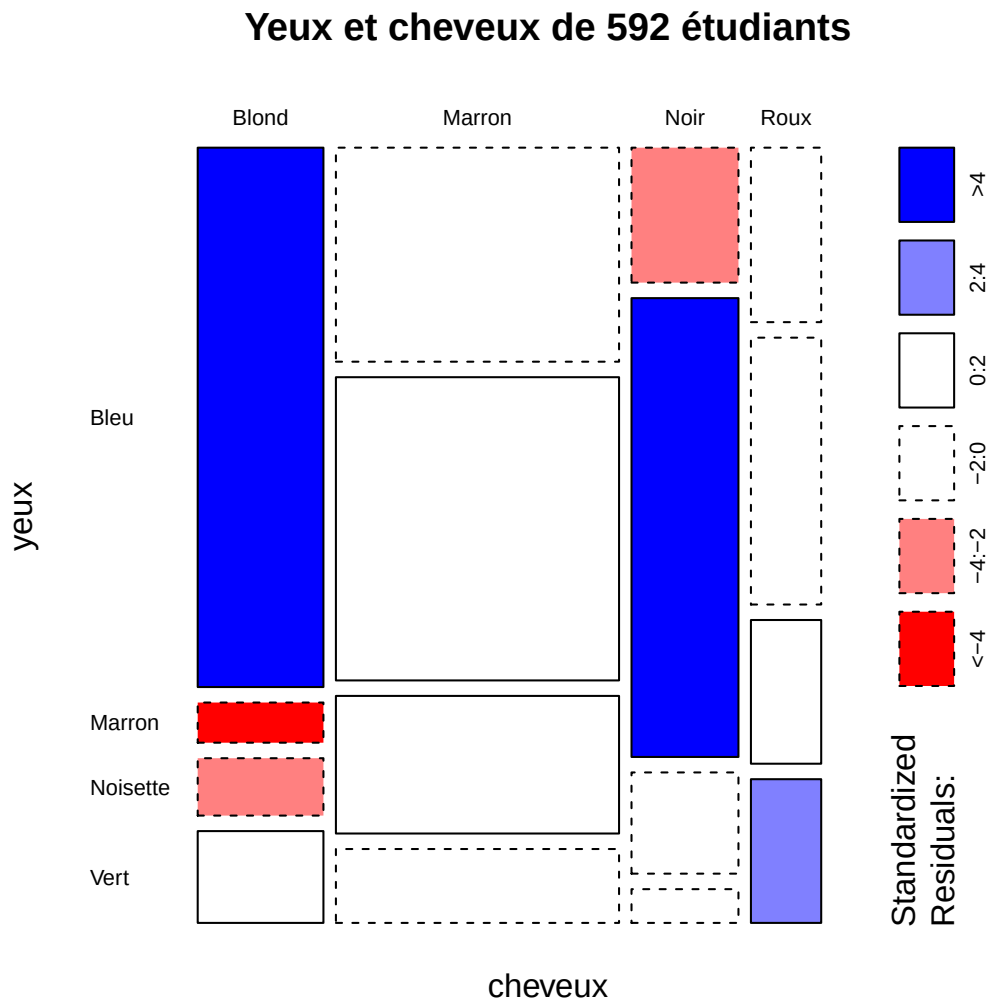
yeux \ cheveux	Blond	Marron	Noir	Roux	
Bleu	46.1	103.9	39.2	25.8	215
Marron	47.2	106.3	40.1	26.4	220
Noisette	20.0	44.9	17.0	11.2	93
Vert	13.7	30.9	11.7	7.7	64
	127	286	108	71	592

Tables de contingence : hypothèse d'indépendance

Les représentations directes ne permettent pas de faire facilement des comparaisons. Pour visualiser les écarts par rapport à l'hypothèse d'indépendance, on peut utiliser la fonction `mosaicplot()` :

```
mosaicplot(tc, shade = TRUE, las =1,
main = paste("Yeux et cheveux de", nrow(genet),"étudiants"))
```

Tables de contingence : mosaicplot



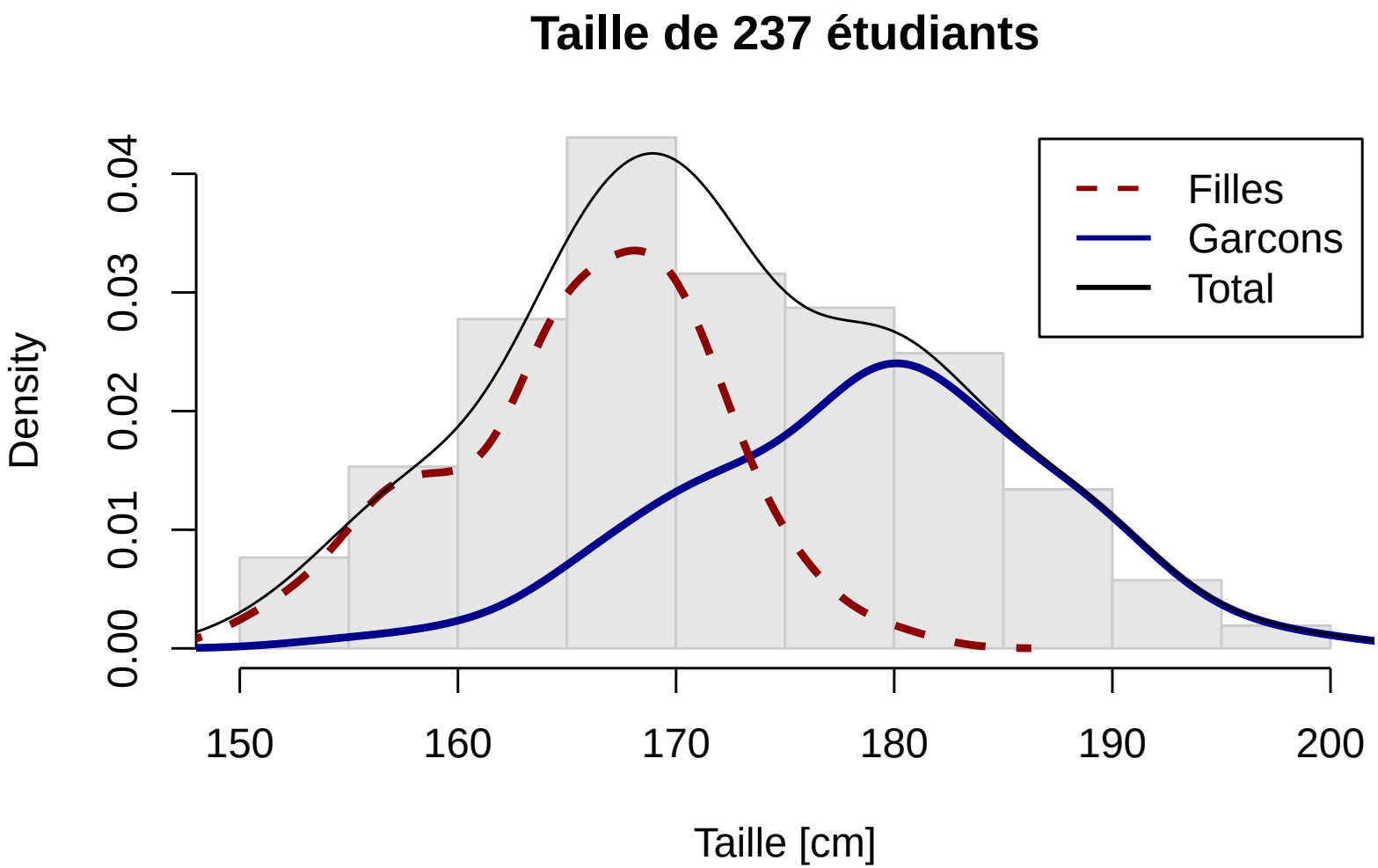
Plan détaillé

Croisement numérique qualitatif

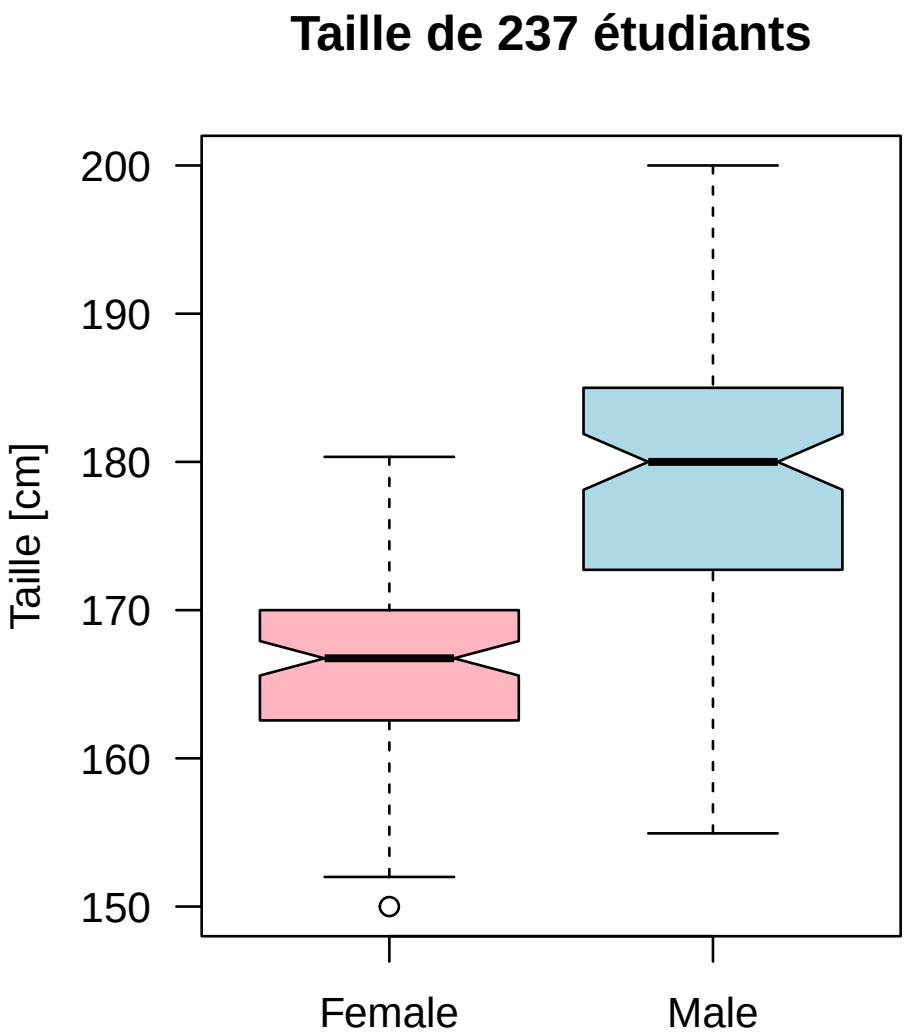
Nous avons vu deux façon de représenter la distribution d'une variable numérique en fonction d'une variable qualitative :

1. Avec des estimateurs de la densité locale.
2. Avec des boîtes à moustache.

Croisement numérique qualitatif : density()



Croisement numérique qualitatif : boxplot()

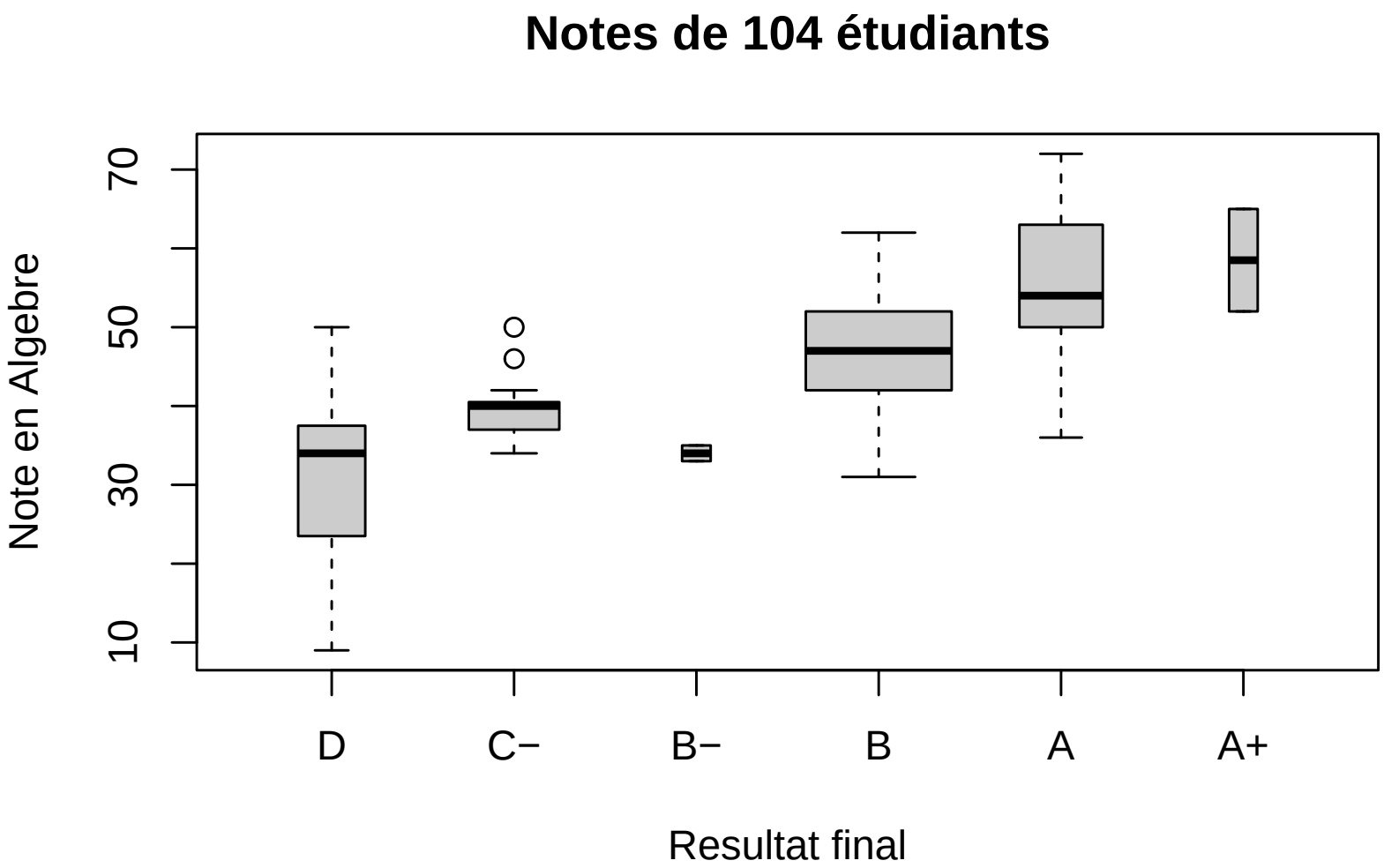


l'option varwidth des boîtes à moustaches

A noter l'option `varwidth = TRUE` qui permet de conserver graphiquement l'information sur les effectifs des groupes dans le cas d'une représentation avec des boîtes à moustaches.

```
boxplot(deug$tab$Algebra~deug$result, at = c(1, 5, 6, 2, 3, 4),
        col = grey(0.8), xlab = "Resultat final", ylab = "Note en Algebre",
        varwidth  = TRUE,
        main = paste("Notes de", nrow(deug$tab),"étudiants"))
```

Croisement numérique qualitatif : boxplot()



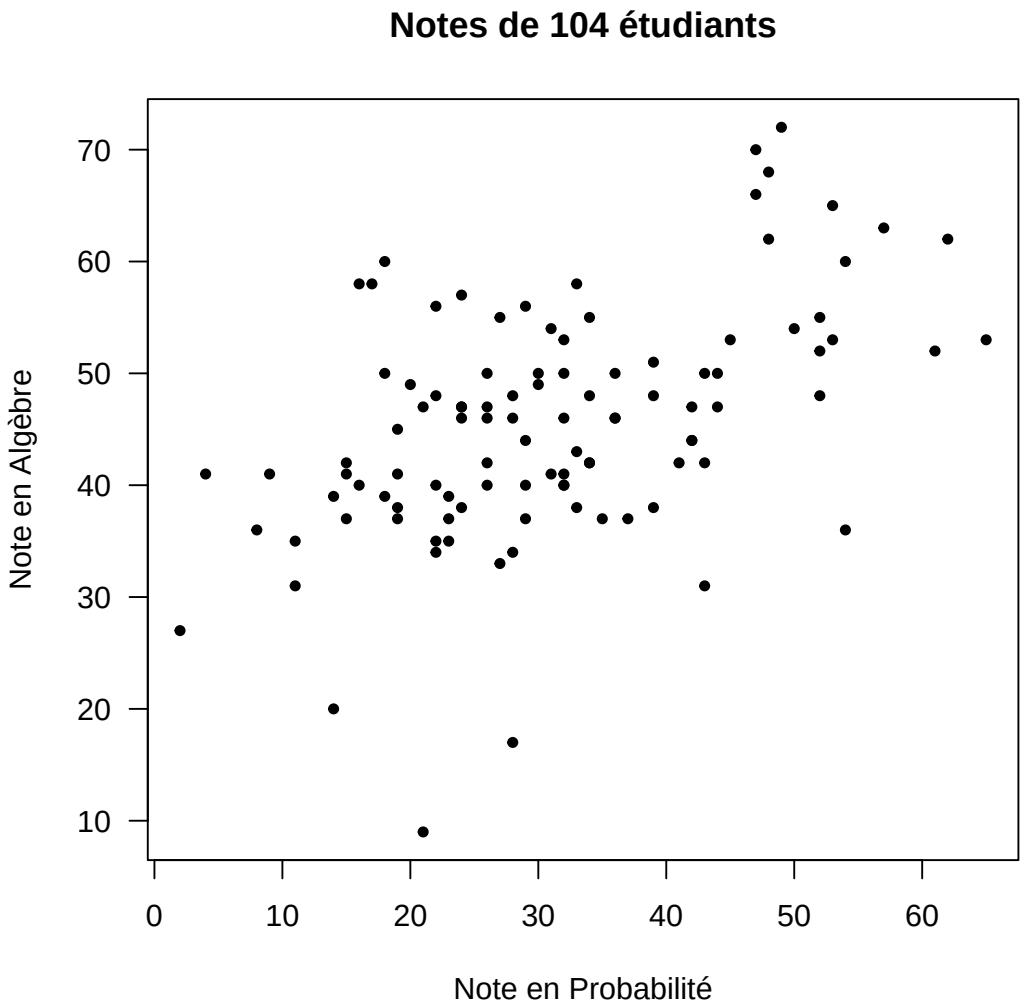
Plan détaillé

Les nuages de points

On utilise classiquement un nuage de points, où chaque point représente un individu. Exemple :

```
plot(x = deug$tab$Proba, y = deug$tab$Algebra, pch = 20,
main = paste("Notes de", nrow(deug$tab),"étudiants"),
xlab = "Note en Probabilité", ylab = "Note en Algèbre", las = 1)
```

Les nuages de points

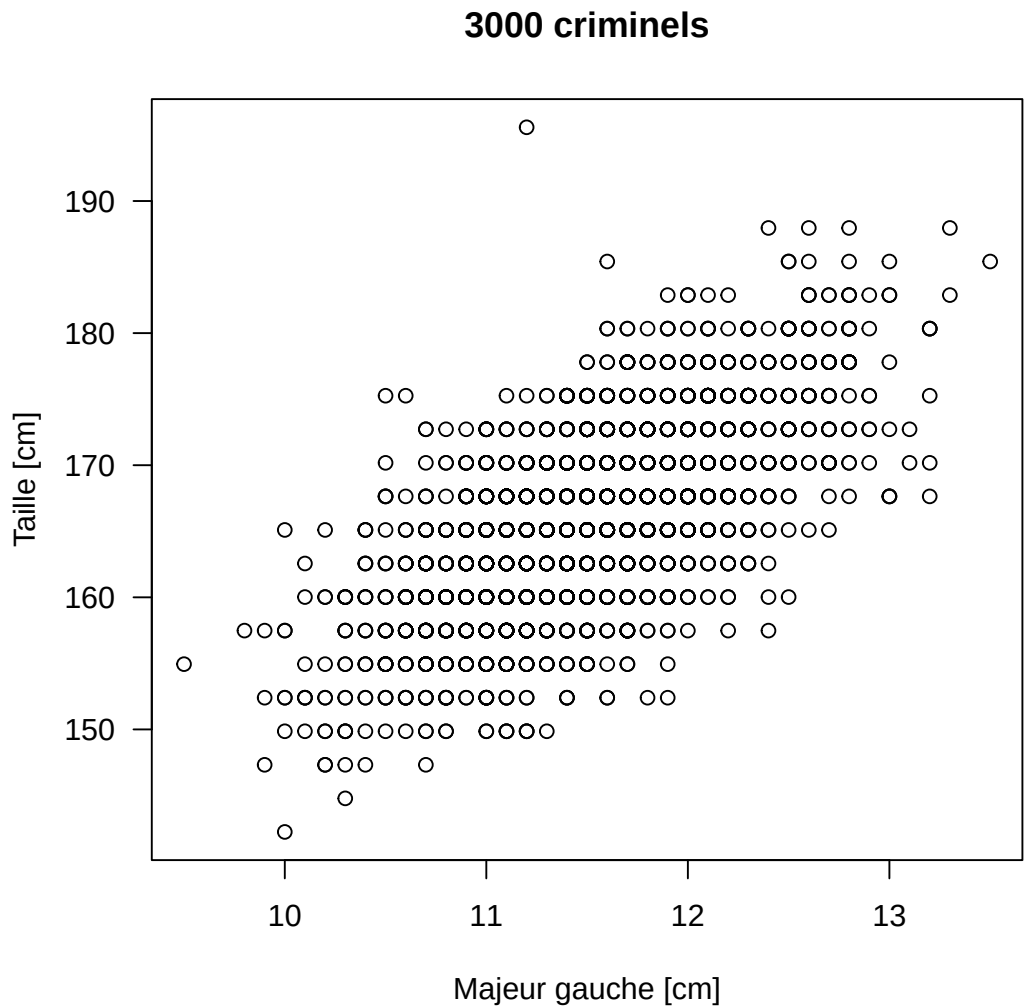


Le problème de la superposition des points

La principale difficulté des nuages de points vient de la gestion de la superposition des points. Nous allons illustrer ce point avec un exemple simple : la taille et la longueur du majeur de 3000 criminels (les données du test *t* de Student).

```
data(crimtab)
crimtab.dft <- as.data.frame(crimtab)
expand.dft <- function(x, na.strings = "NA", as.is = FALSE, dec = ".") {
  DF <- sapply(1:nrow(x), function(i) x[rep(i, each = x$Freq[i]), ],
               simplify = FALSE)
  DF <- subset(do.call("rbind", DF), select = -Freq)
  for (i in 1:ncol(DF))
  {
    DF[[i]] <- type.convert(as.character(DF[[i]]),
                            na.strings = na.strings,
                            as.is = as.is, dec = dec)
  }
  DF
}
crimtab.raw <- expand.dft(crimtab.dft)
x <- crimtab.raw[,1]
y <- crimtab.raw[,2]
plot(x, y, las = 1, main = "3000 criminels", ylab = "Taille [cm]",
xlab = "Majeur gauche [cm]")
```

Un nuage de points trompeur

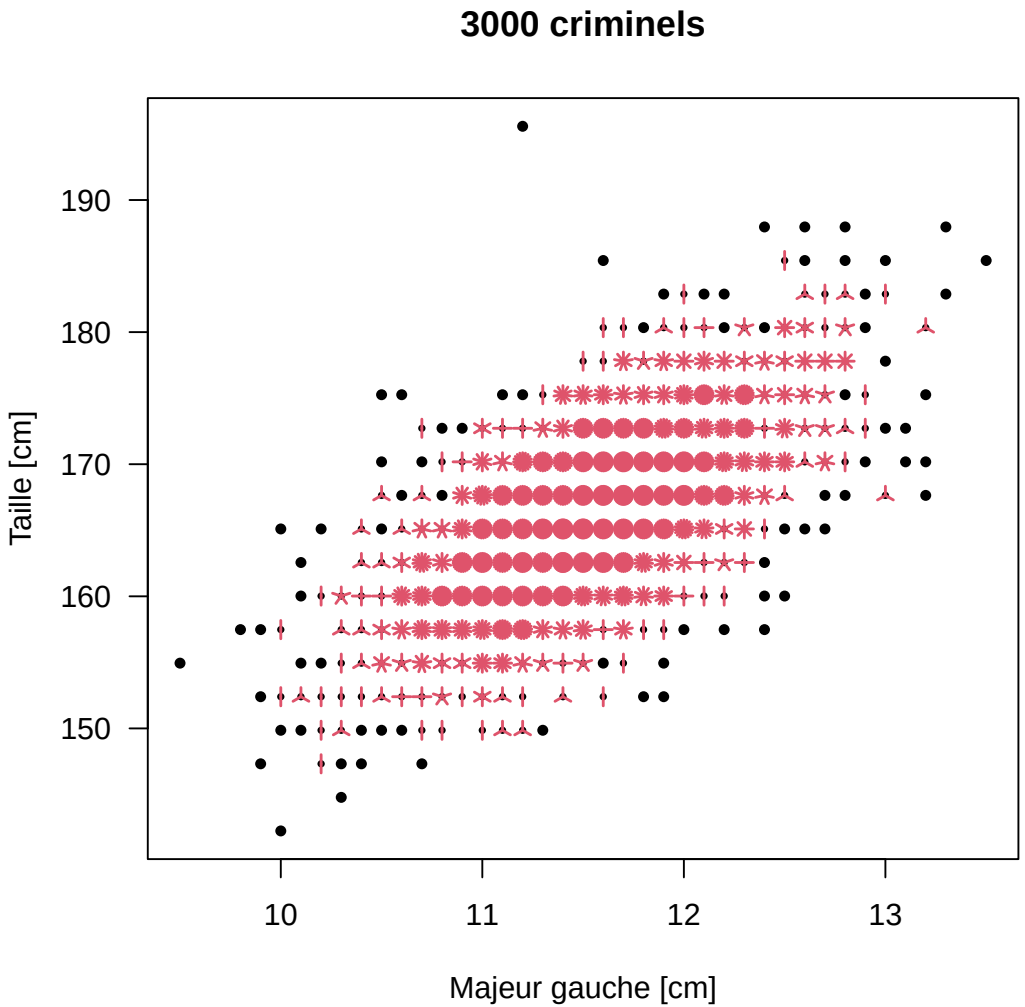


Tournesol (sunflower)

Premier palliatif possible : utiliser la représentation donnée par `sunflowerplot()` : en cas de superposition on trace autant de rayons qu'il y a de superpositions, d'où le nom de tournesol.

```
sunflowerplot(crimtab.raw, las = 1, main = "3000 criminels",
ylab = "Taille [cm]", xlab = "Majeur gauche [cm]", size = 1/20)
```

Tournesol

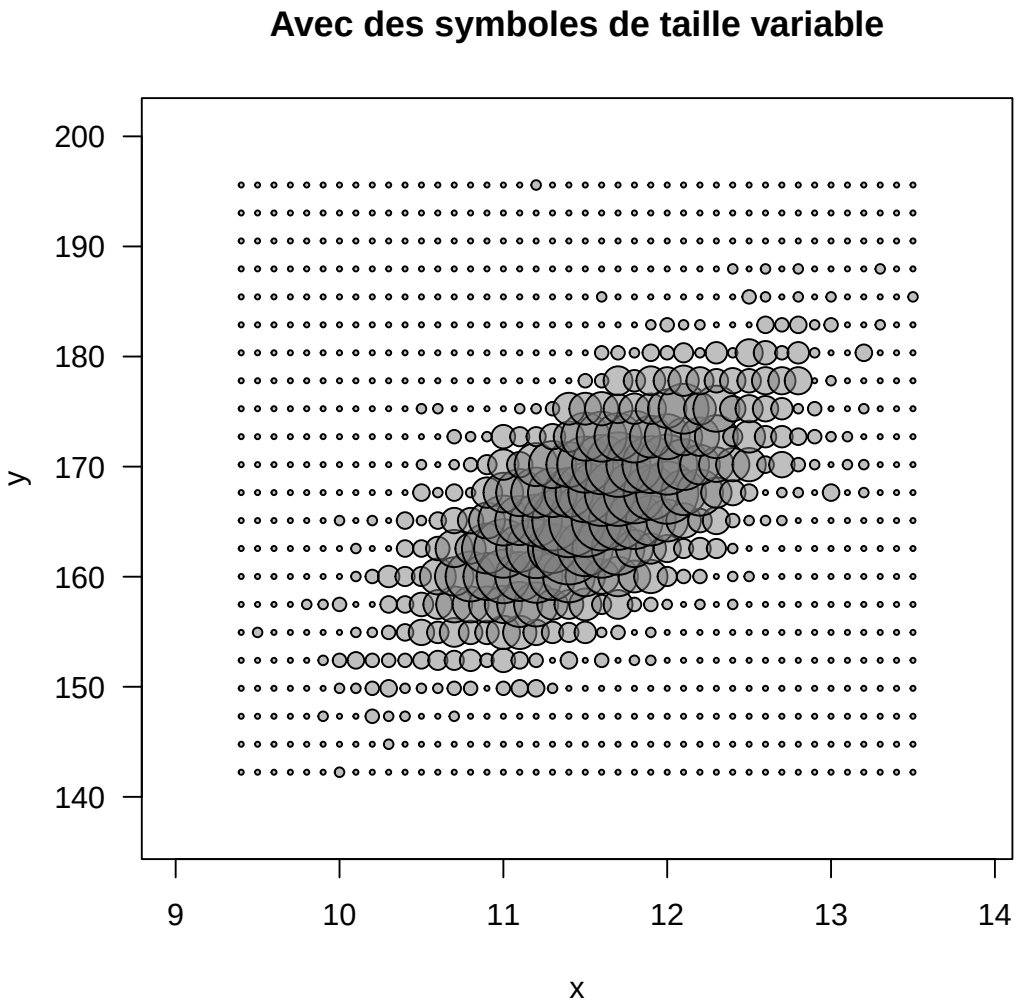

3000 criminels
Taille [cm]
190
180
170
160
150
10
11
12
13
Majeur gauche [cm]

Le problème de la superposition des points

Deuxième palliatif possible : utiliser des symboles dont la surface est proportionnelle au nombre de points superposés.

```
xyg <- expand.grid(as.numeric(rownames(crimtab)),
                   as.numeric(colnames(crimtab)))
symbols(x = xyg[,1], y = xyg[,2], circles = sqrt(as.vector(crimtab)),
        inches = 0.2, bg = rgb(0.5,0.5,0.5,0.5), xlab = "x", ylab ="y", las=1,
        main = "Avec des symboles de taille variable")
```

Le problème de la superposition des points

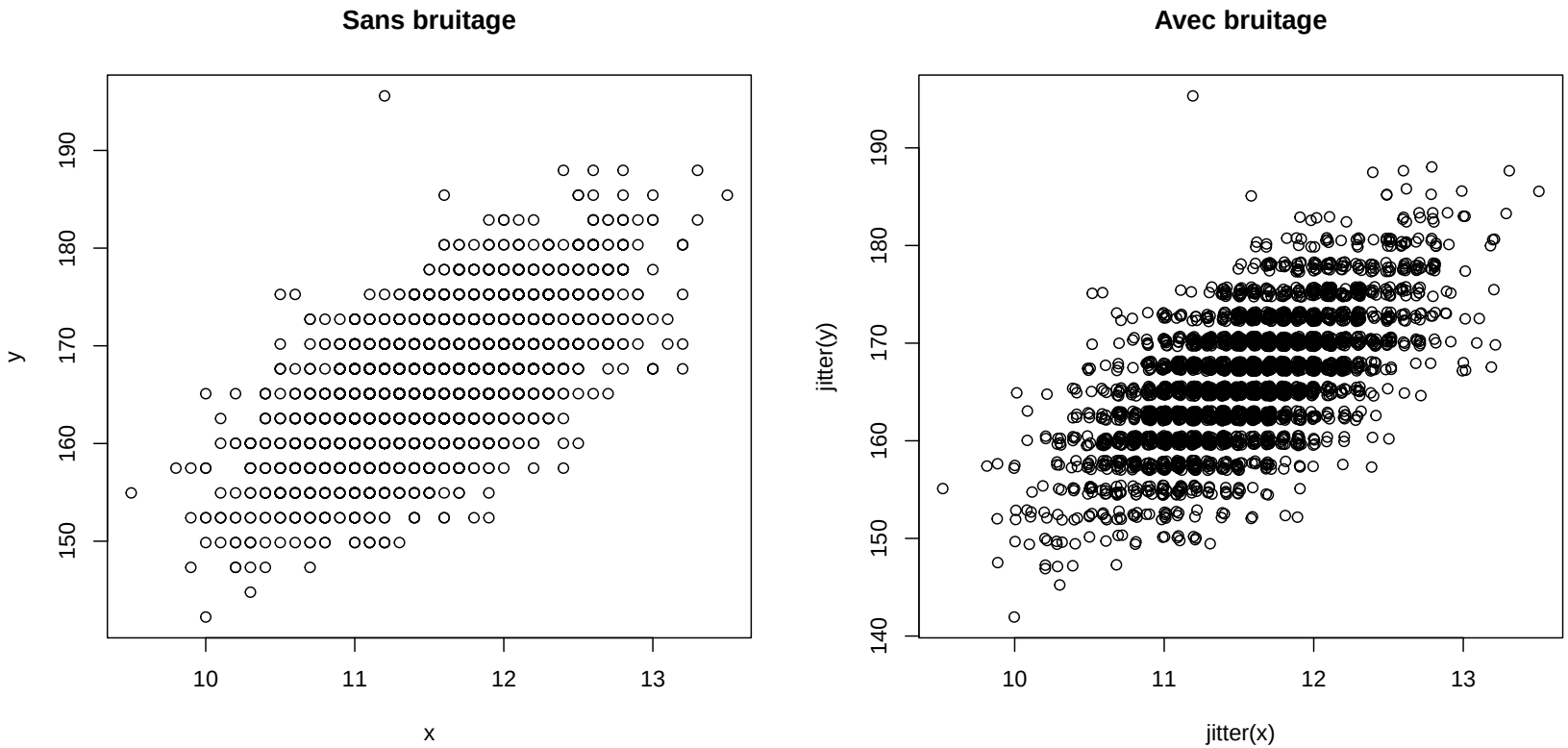


Le problème de la superposition des points

Troisième palliatif possible : bruiter les données ! C'est une solution qui semble paradoxale à première vue puisque l'on dégrade l'information mais qui donne souvent de bons résultats du point de vue de la perception globale de l'information.

```
par(mfrow = c(1,2))
plot(x, y, main = "Sans bruitage")
plot(jitter(x), jitter(y), main = "Avec bruitage")
```

De l'intérêt de bruiter les données : jitter()

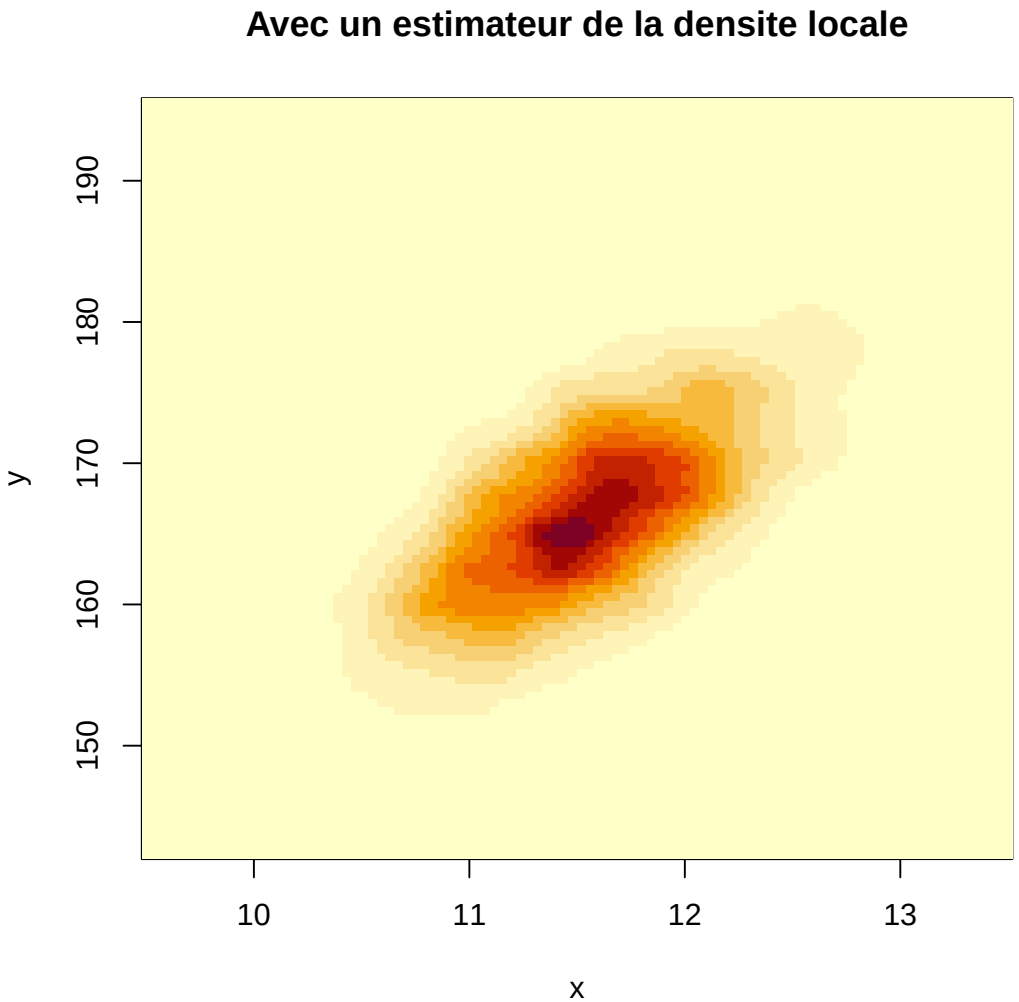


Le problème de la superposition des points

Quatrième palliatif possible : utiliser un estimateur de la densité locale des points (comme `density()` mais en 2 dimensions). On peut utiliser la fonction `kde2d()` de la bibliothèque `MASS`.

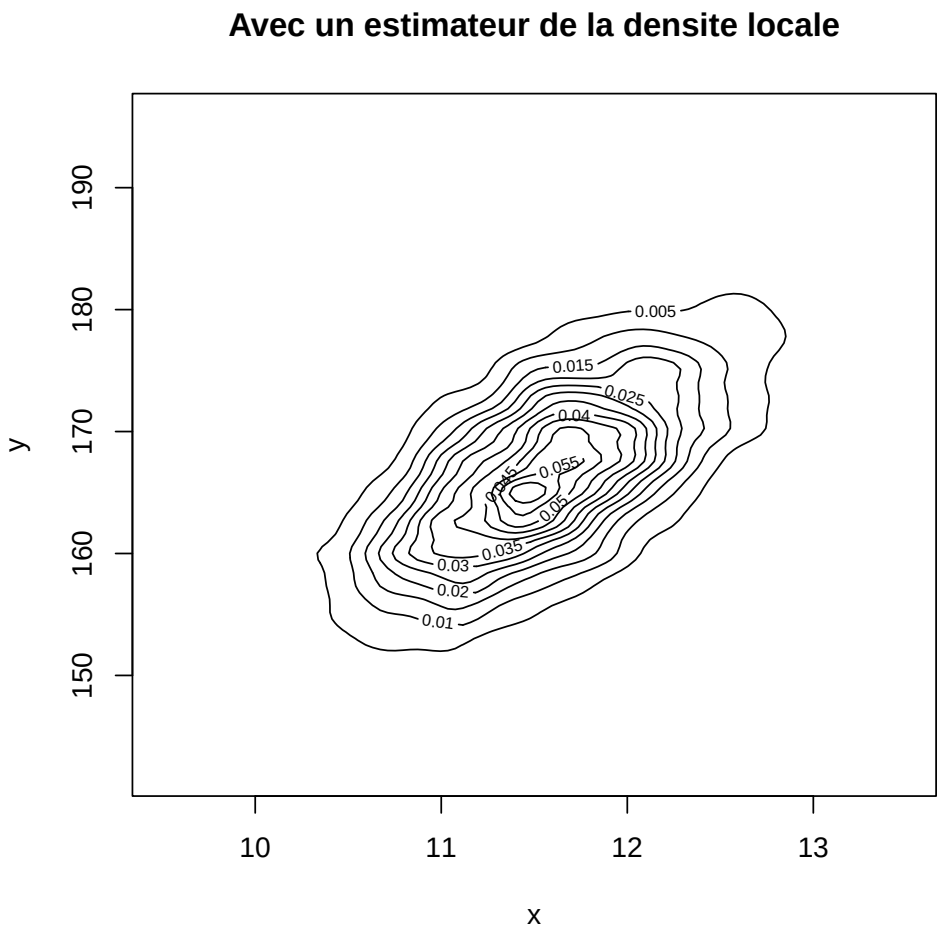
```
edl <- kde2d(x,y, n = 100)
image(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale",
      xlab = "x", ylab = "y")
```

Avec image()


Avec un estimateur de la densite locale
y
190
180
170
160
150
10
11
12
13
x

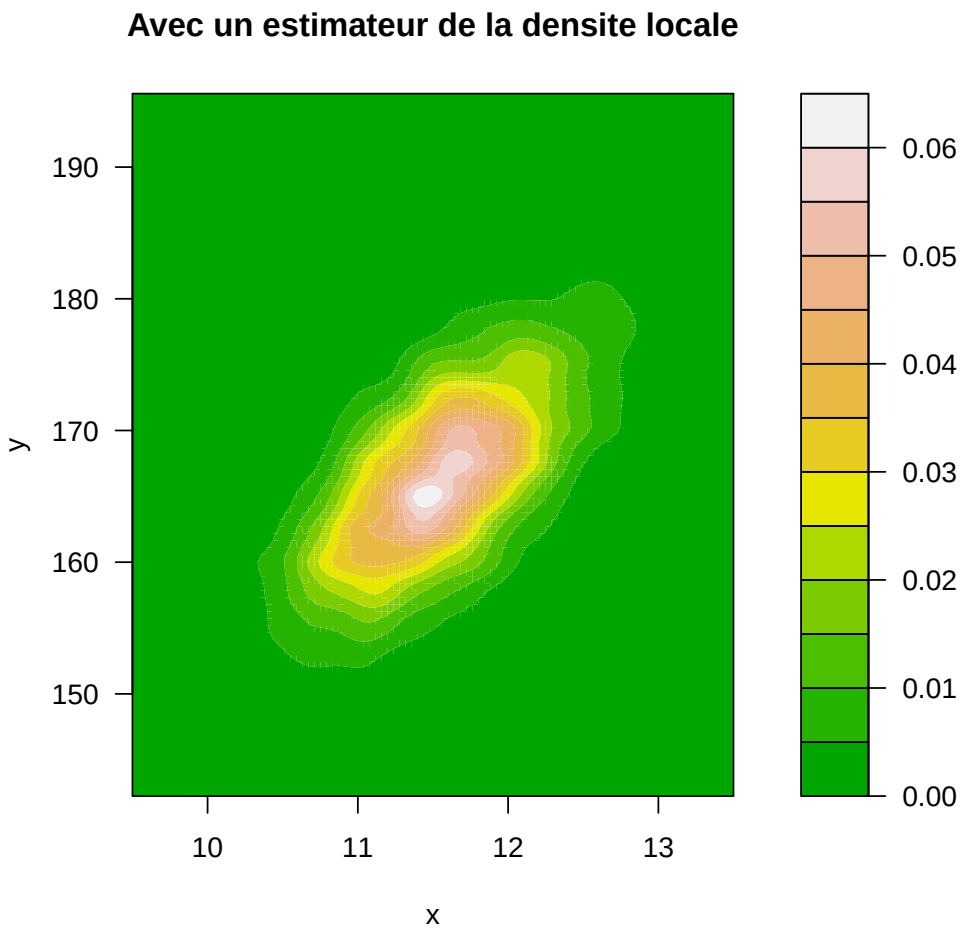
Avec contour()

```
contour(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale", xlab = "x",
        ylab = "y")
```



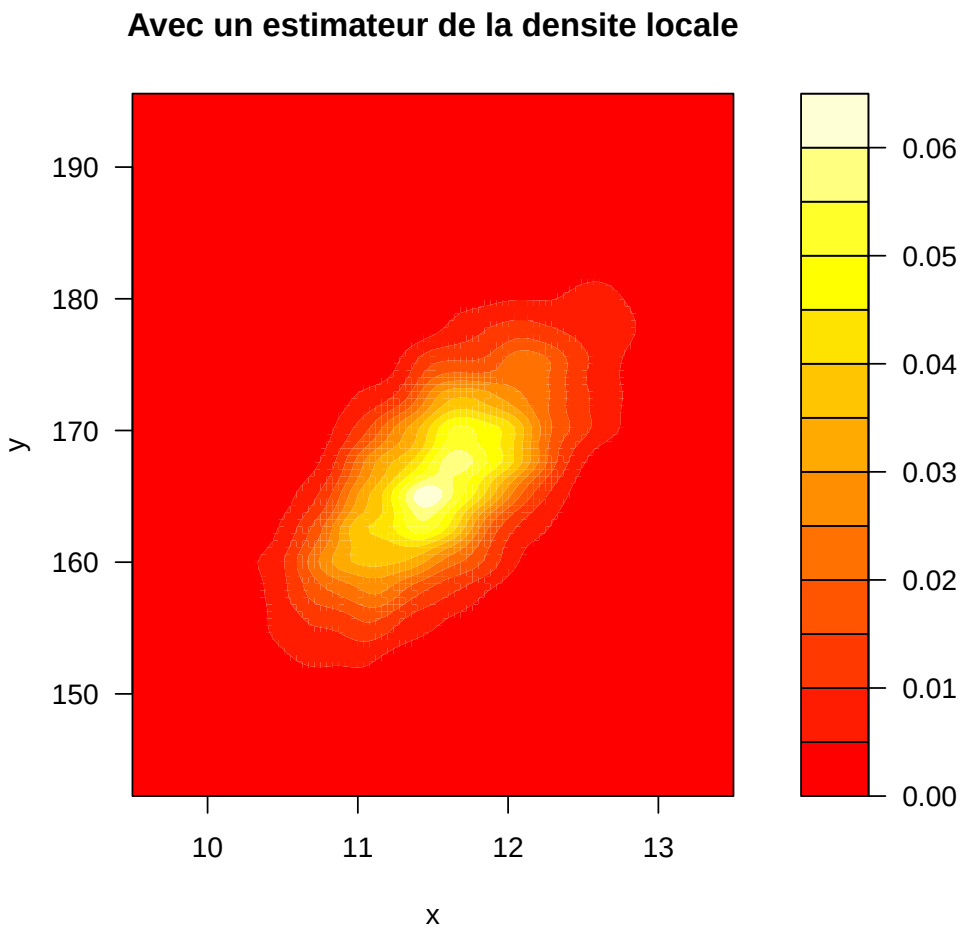
Avec filled.contour() et terrain.colors

```
filled.contour(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale",
               xlab = "x", ylab = "y", color = terrain.colors)
```



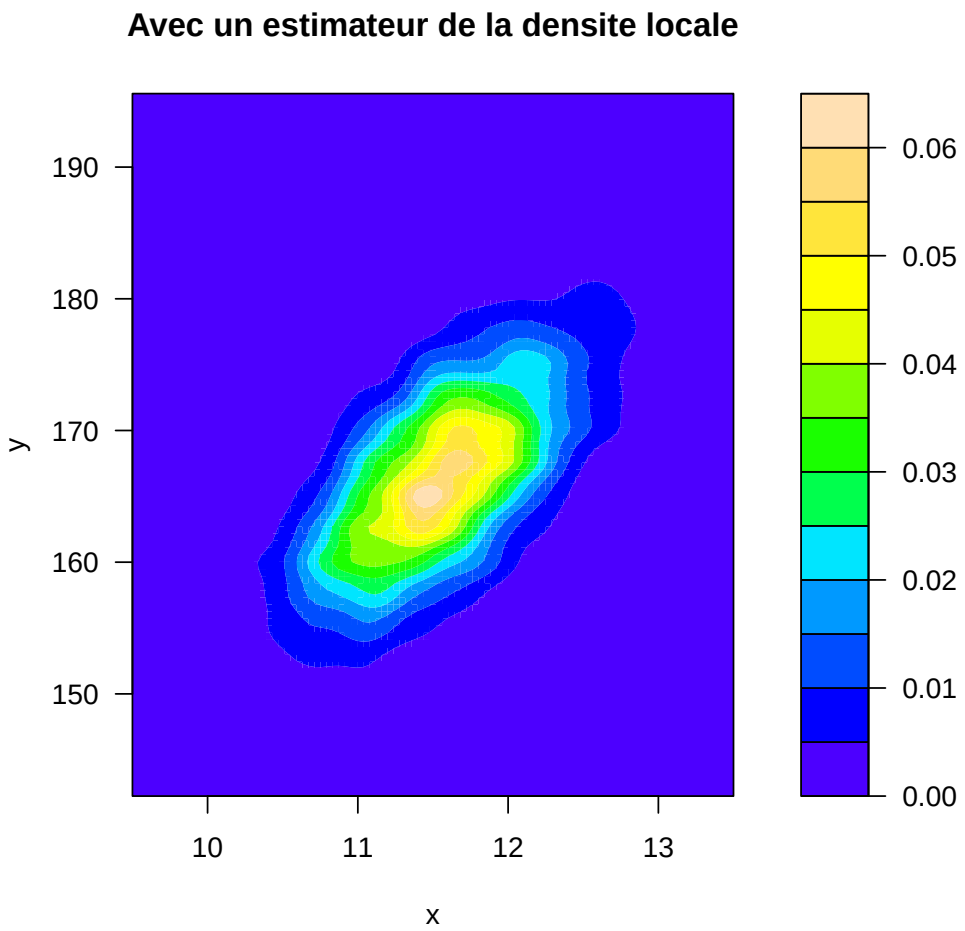
Avec filled.contour() et heat.colors

```
filled.contour(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale",
               xlab = "x", ylab = "y", color = heat.colors)
```



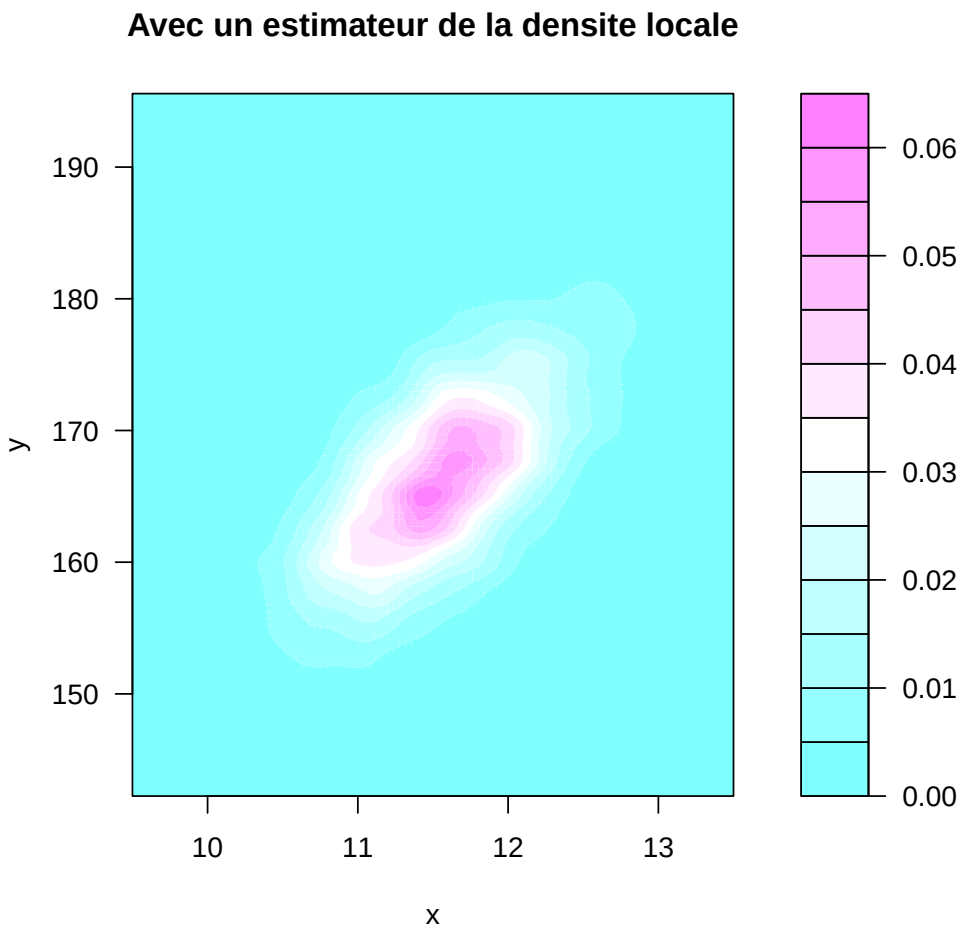
Avec filled.contour() et topo.colors

```
filled.contour(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale",
               xlab = "x", ylab = "y", color = topo.colors)
```



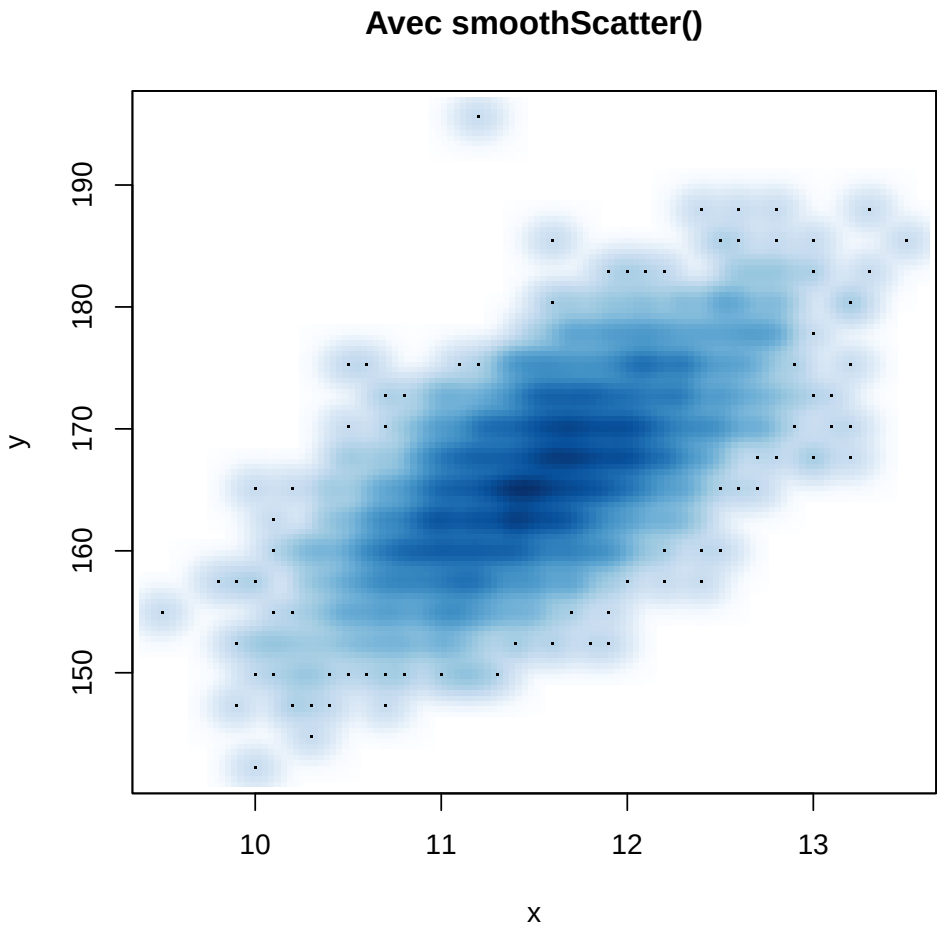
Avec filled.contour() et cm.colors

```
filled.contour(edl, main = "Avec un estimateur de la densite locale",
               xlab = "x", ylab = "y", color = cm.colors)
```



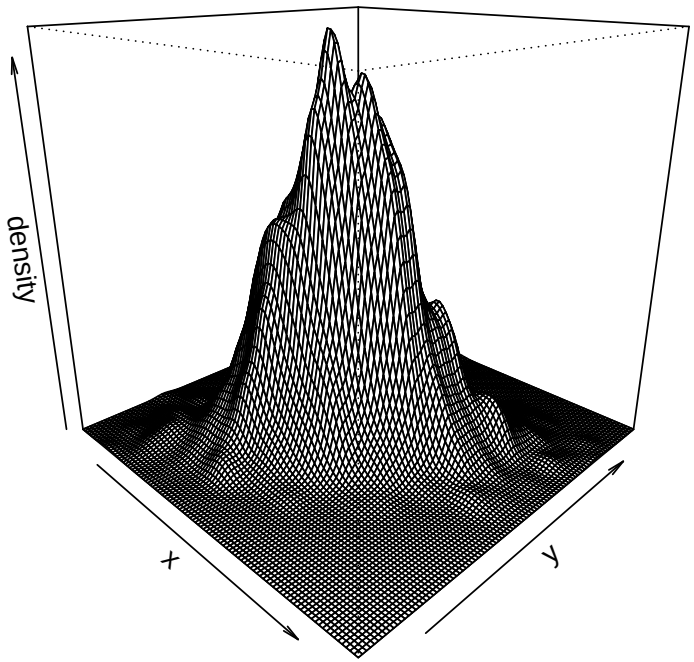
Avec smoothScatter()

```
smoothScatter(x, y, main = "Avec smoothScatter()")
```



Avec persp()

```
persp(edl, xlab = "x", ylab = "y", zlab = "density", theta = 45, phi = 20,
main = "Avec un estimateur de la densite locale")
```



Avec persp3d()

Pour manipuler des graphiques 3D on peut utiliser les fonctions de la bibliothèque `rgl`.

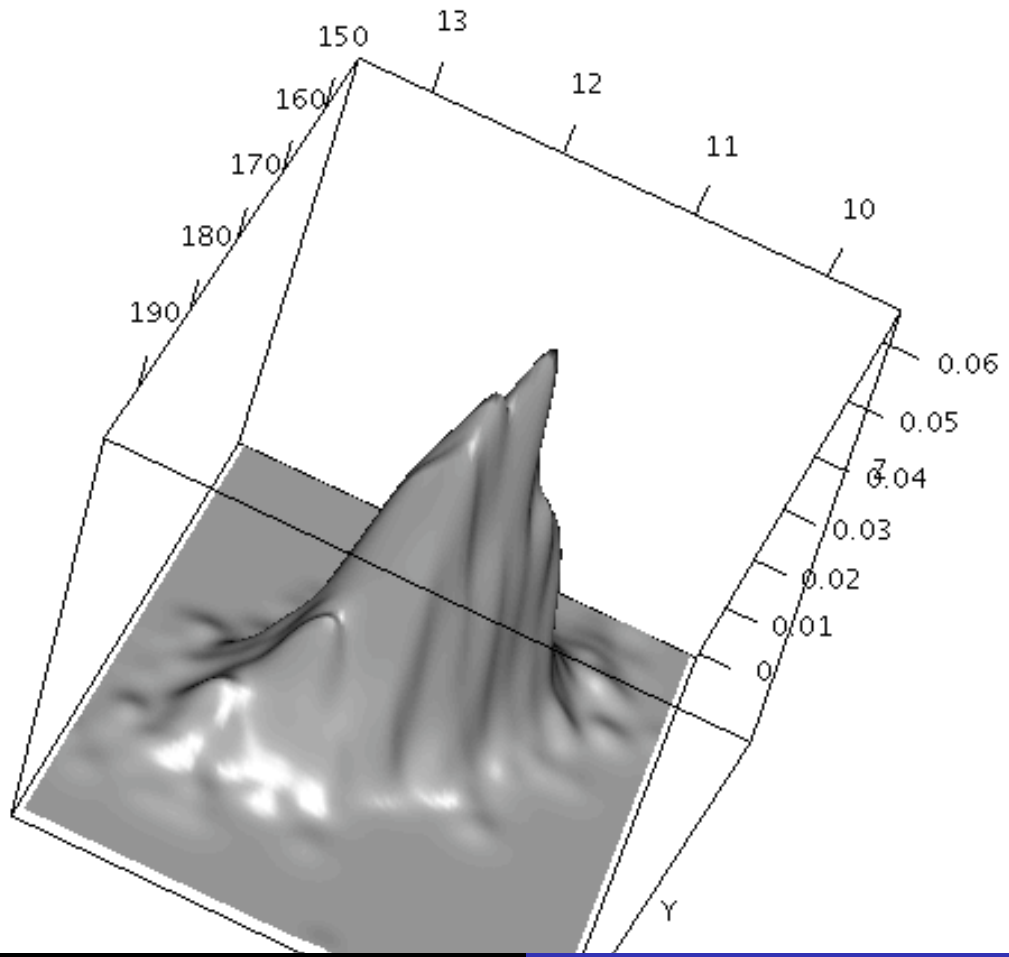


Table des matières

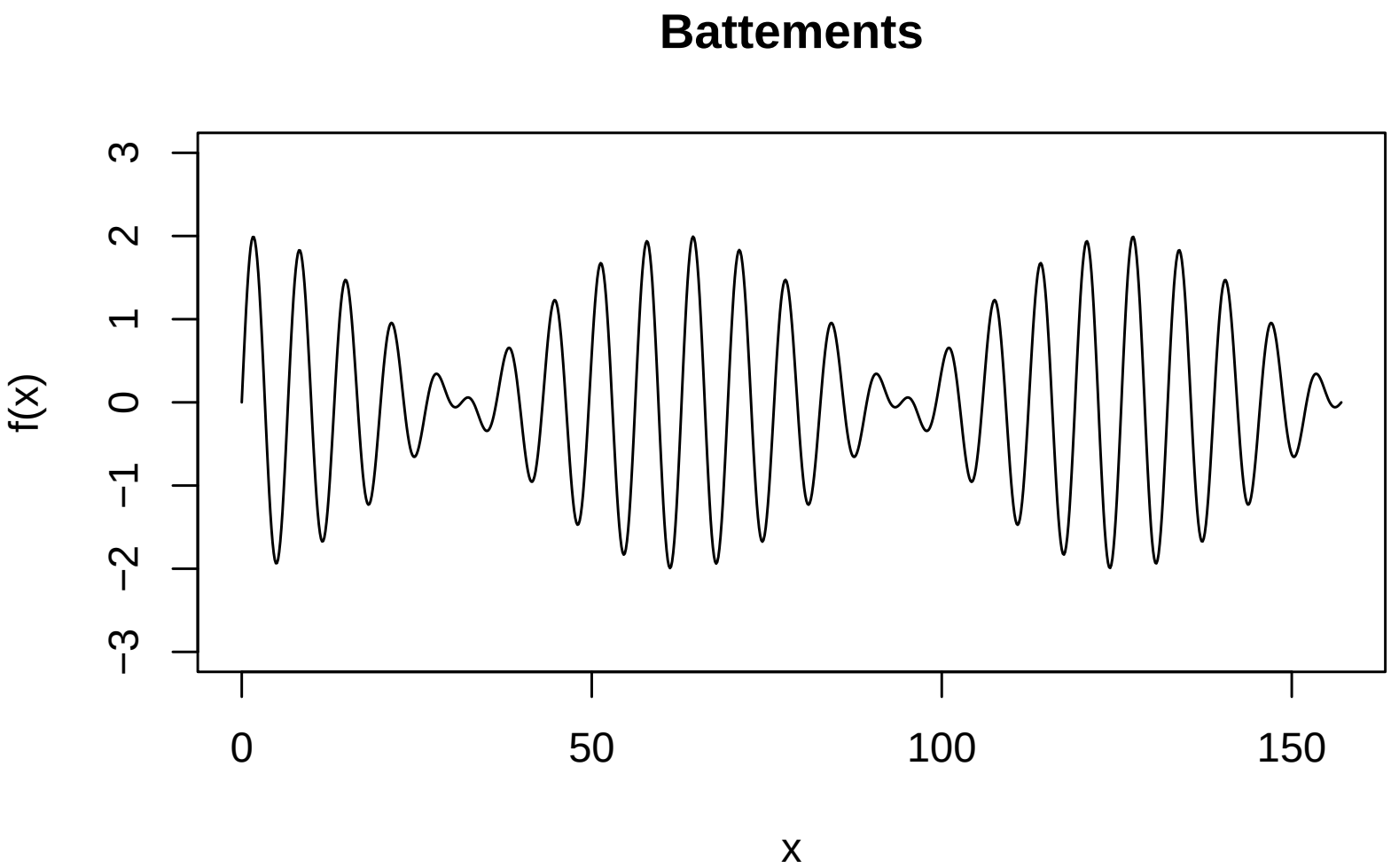
Plan détaillé

Tracé d'une fonction

On peut utiliser `curve()` pour représenter des fonctions :

```
f <- function(x) { sin(x) + sin(0.9*x) }
curve(f, from = 0, to = 50*pi, n = 1000, main = "Battements", ylim = c(-3,3))
```

Tracé d'une fonction



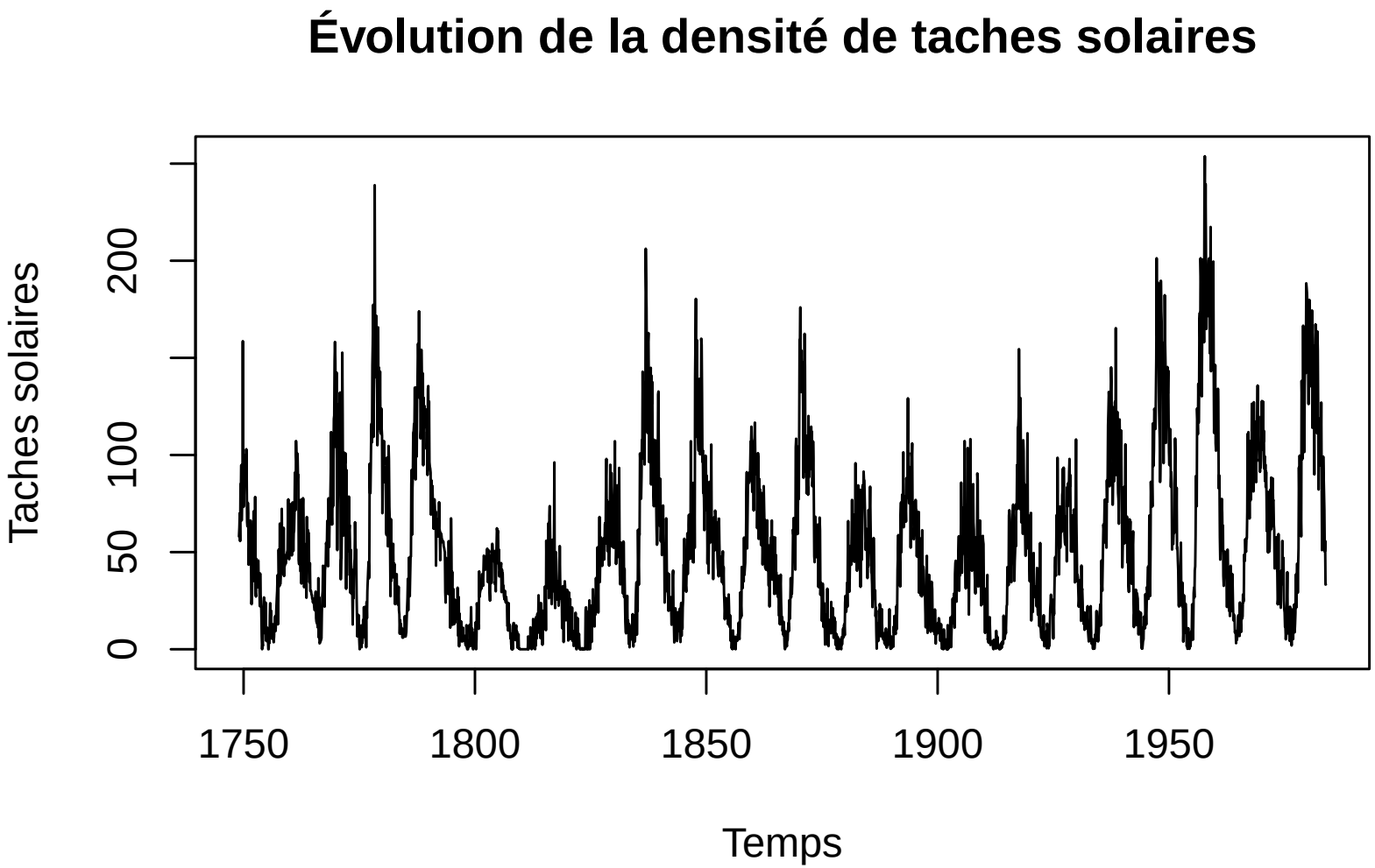
Plan détaillé

Série "Temporelles"

On peut utiliser des courbes pour représenter l'évolution d'une variable au cours du temps (où d'une autre variable) :

```
data(sunspots)
plot(sunspots, main = "Évolution de la densité de taches solaires",
xlab = "Temps", ylab = "Taches solaires")
```

Série "Temporelles"

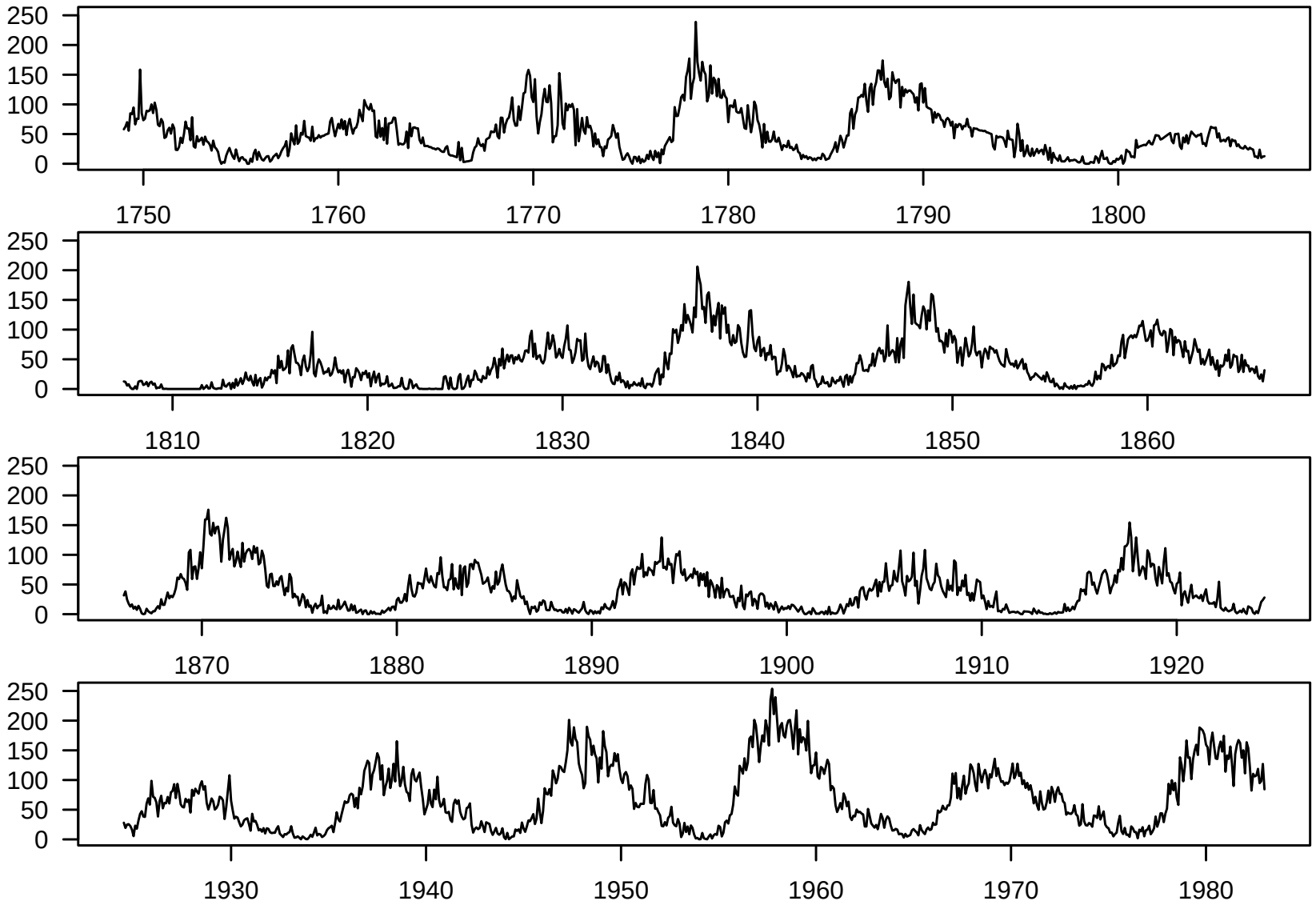


Série "Temporelles"

La représentation graphique précédente n'est pas bonne. Il faut que les courbes suivent au plus près la direction de la première ou de la deuxième bissectrice.

```
n <- 4
wd <- seq( start(sunspots)[1], end(sunspots)[1], length = n+1)
opar <- par(no.readonly = TRUE)
par(mfrow = c(n,1), mar = c(2,3,0.1,1))
for( i in 1:(length(wd)-1))
{
plot( window(sunspots, wd[i], wd[i+1]), ylab = "", xlab = "", las = 1,
ylim = c(0,max(sunspots)))
}
```

Série "Temporelles"



Série "Temporelles"

On voit maintenant que les montées et descentes ne sont pas symétriques. On peut aussi lisser le signal avec divers outils, par exemple :

```
opar <- par(no.readonly = TRUE)
par(mfrow = c(n,1), mar = c(2,3,0.1,1))
for( i in 1:(length(wd)-1))
{
plot( window(sunspots, wd[i], wd[i+1]), ylab = "", xlab = "", las = 1, type =
ylim = c(0,max(sunspots)))
lines(lowess(window(sunspots, wd[i], wd[i+1]), f = 0.025), lwd = 2)
}
```

Série "Temporelles"

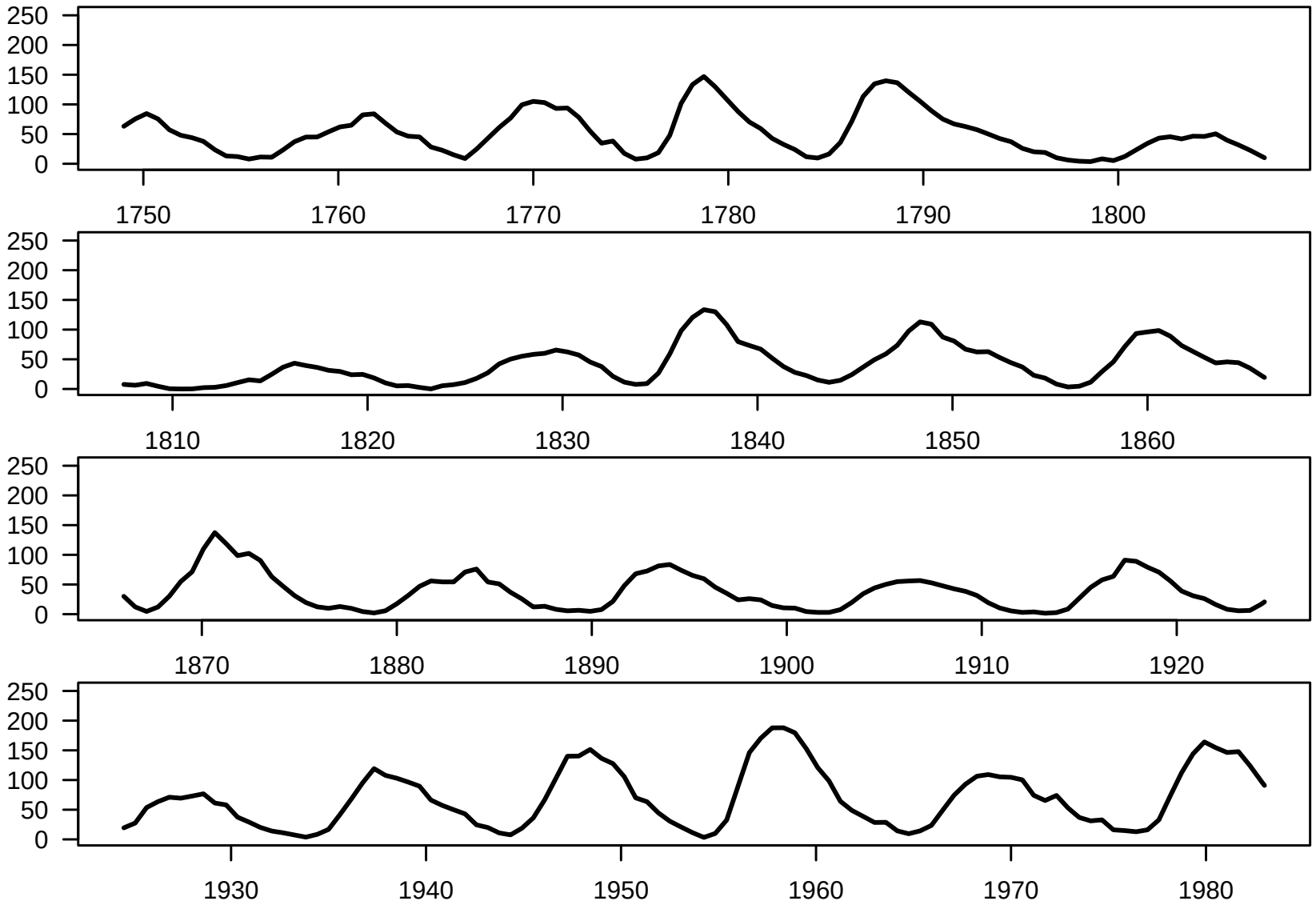


Table des matières

Sauvegarde des paramètres graphiques

Les options des graphiques sont consultables et contrôlables avec la fonction `par()` que l'on utilise typiquement de la façon suivante :

```
# On sauvegarde les options graphiques modifiables :
old.par <- par(no.readonly = TRUE)
# ...
# ... plein de modifications des options graphiques,
# ... par exemple par(mfrow = c(1, 2))
# ...
# On restaure les options graphiques précédentes :
par(old.par)
```

Les paramètres graphiques

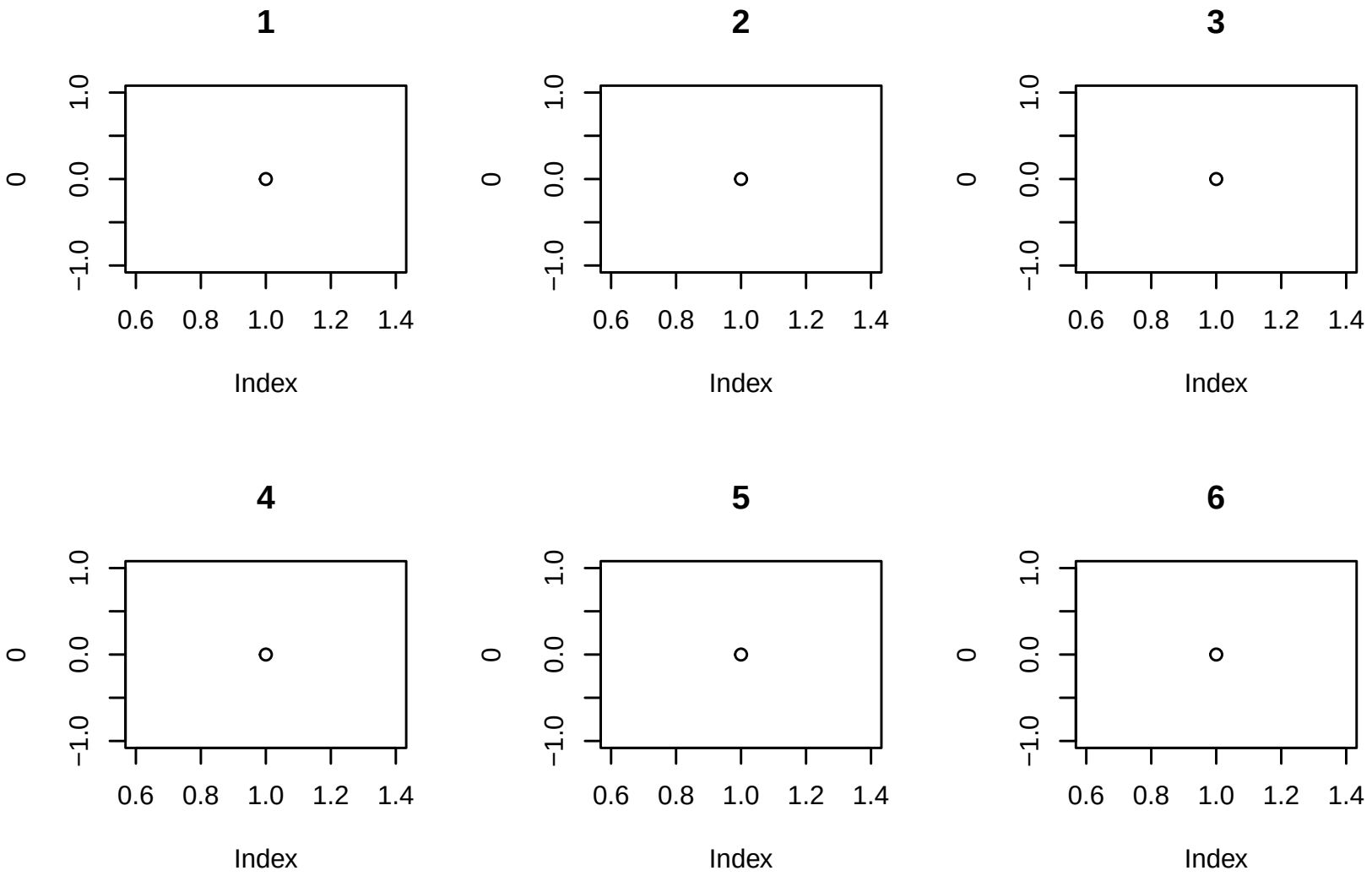
Pour une exploration systématique des paramètres graphiques voir la fiche de TD
`http://pbil.univ-lyon1.fr/R/fichestd/tdr75.pdf`.
On n'envisage ici que les paramètres graphiques les plus courants.

mfrow

Le paramètre `mfrow` permet de disposer simultanément plusieurs graphiques.

```
par(mfrow = c(2,3))
for(i in 1:6) plot(0, main = i)
```

mfrow

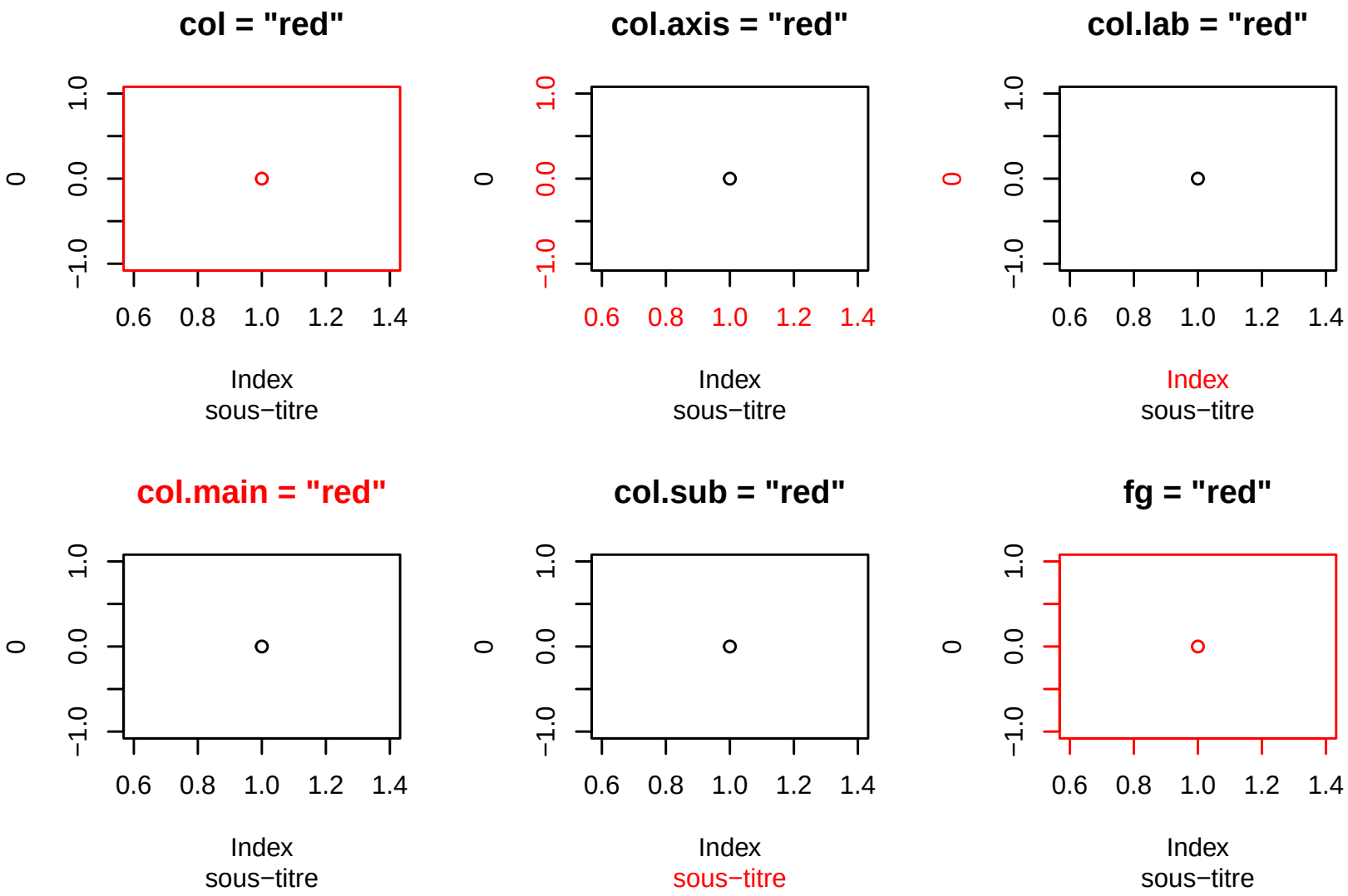


col*

Les paramètres `col*` contrôlent la couleur des éléments du graphique.

```
par(mfrow = c(2,3))
par(col = "red")
plot(0, main = "col = \"red\"", sub = "sous-titre")
par(col = "black", col.axis = "red")
plot(0, main = "col.axis = \"red\"", sub = "sous-titre")
par(col.axis = "black", col.lab = "red")
plot(0, main = "col.lab = \"red\"", sub = "sous-titre")
par(col.lab = "black", col.main = "red")
plot(0, main = "col.main = \"red\"", sub = "sous-titre")
par(col.main = "black", col.sub = "red")
plot(0, main = "col.sub = \"red\"", sub = "sous-titre")
par(col.sub = "black", fg = "red")
plot(0, main = "fg = \"red\"", sub = "sous-titre")
```

col*


col = "red"
col.axis = "red"
col.lab = "red"
col.main = "red"
col.sub = "red"
fg = "red"
1.0
0.0
−1.0
0.6
0.8
1.0
1.2
1.4
Index
sous−titre

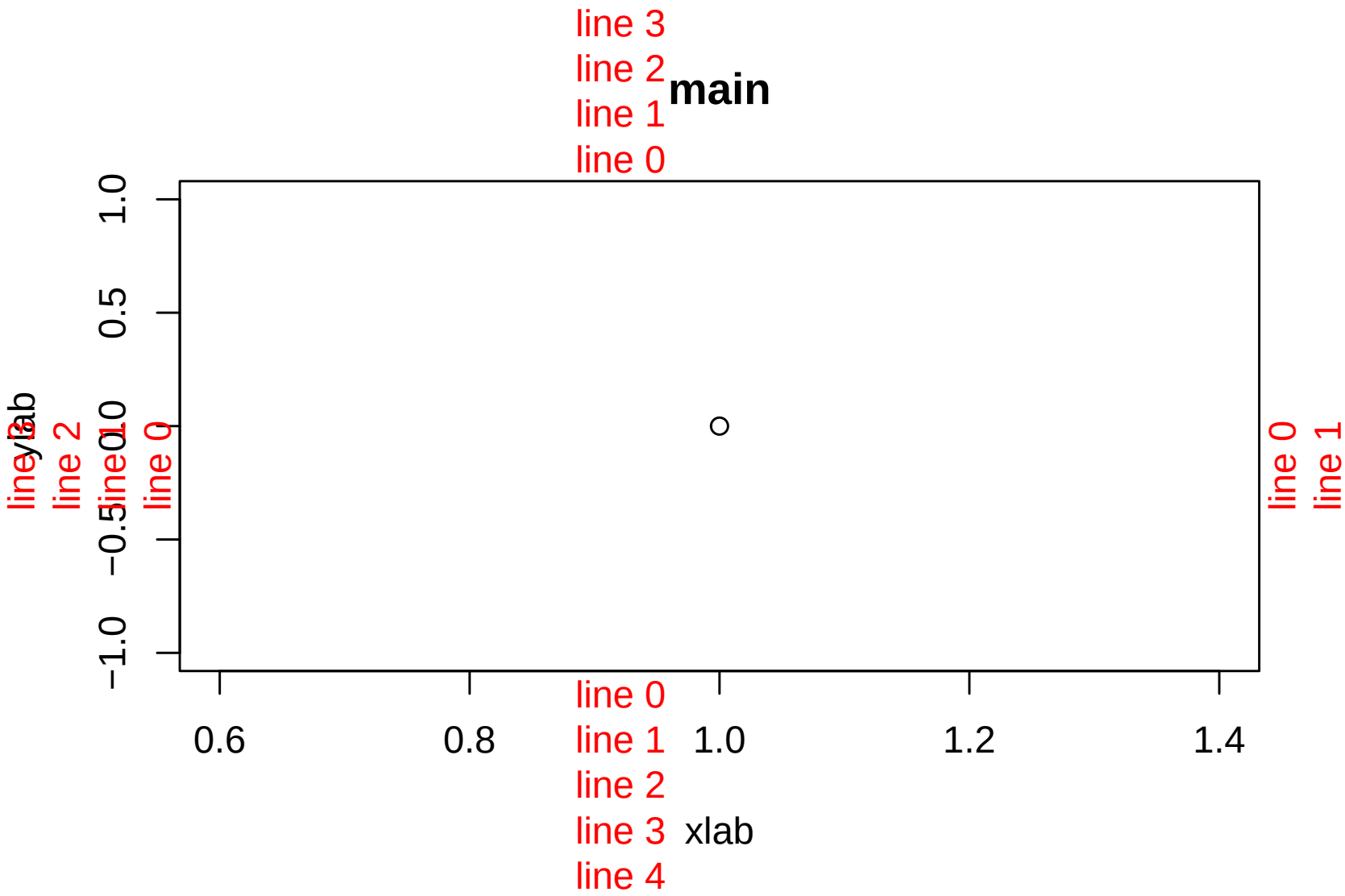
mar

Ce paramètre contrôle les marges, exprimées en lignes de texte, du graphique qui par défaut sont :

1. En bas : 5 lignes : une ligne pour les graduations (*ticks*), une ligne pour les étiquettes des graduations, une ligne vide, une ligne de légende, une ligne vide.
2. À gauche 4 lignes : une ligne pour les graduations, une ligne pour les labels des graduations, une ligne vide, une ligne de légende.
3. En haut : 4 lignes pour le titre.
4. À droite : 2 lignes vides.

plus d'une bordure vide d'un dixième de ligne tout autour.
Graphiquement :

mar

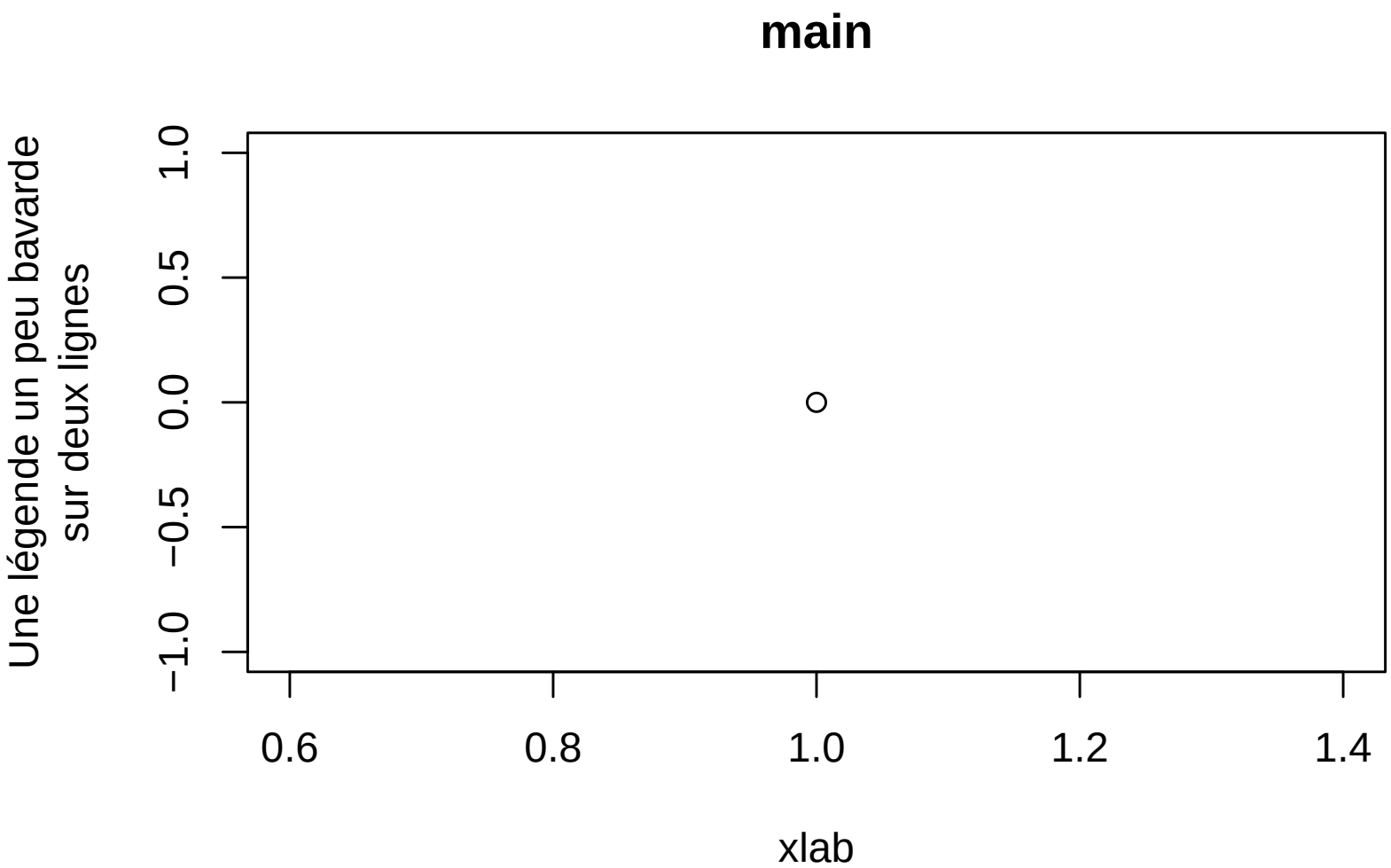

line 3
line 2
line 1
line 0
main
1.0
0.5
0.0
−0.5
−1.0
ylab
line 2
line 1
line 0
line 0
line 1
0.6
0.8
1.0
1.2
1.4
line 0
line 1
line 2
line 3
line 4
xlab

mar

Pour ajouter une ligne à la marge de gauche, on utiliserait :

```
par(mar = par("mar") + c(0, 1, 0, 0))
plot(0, xlab = "xlab", ylab = "Une légende un peu bavarde\nsur deux lignes",
main = "main")
```

mar

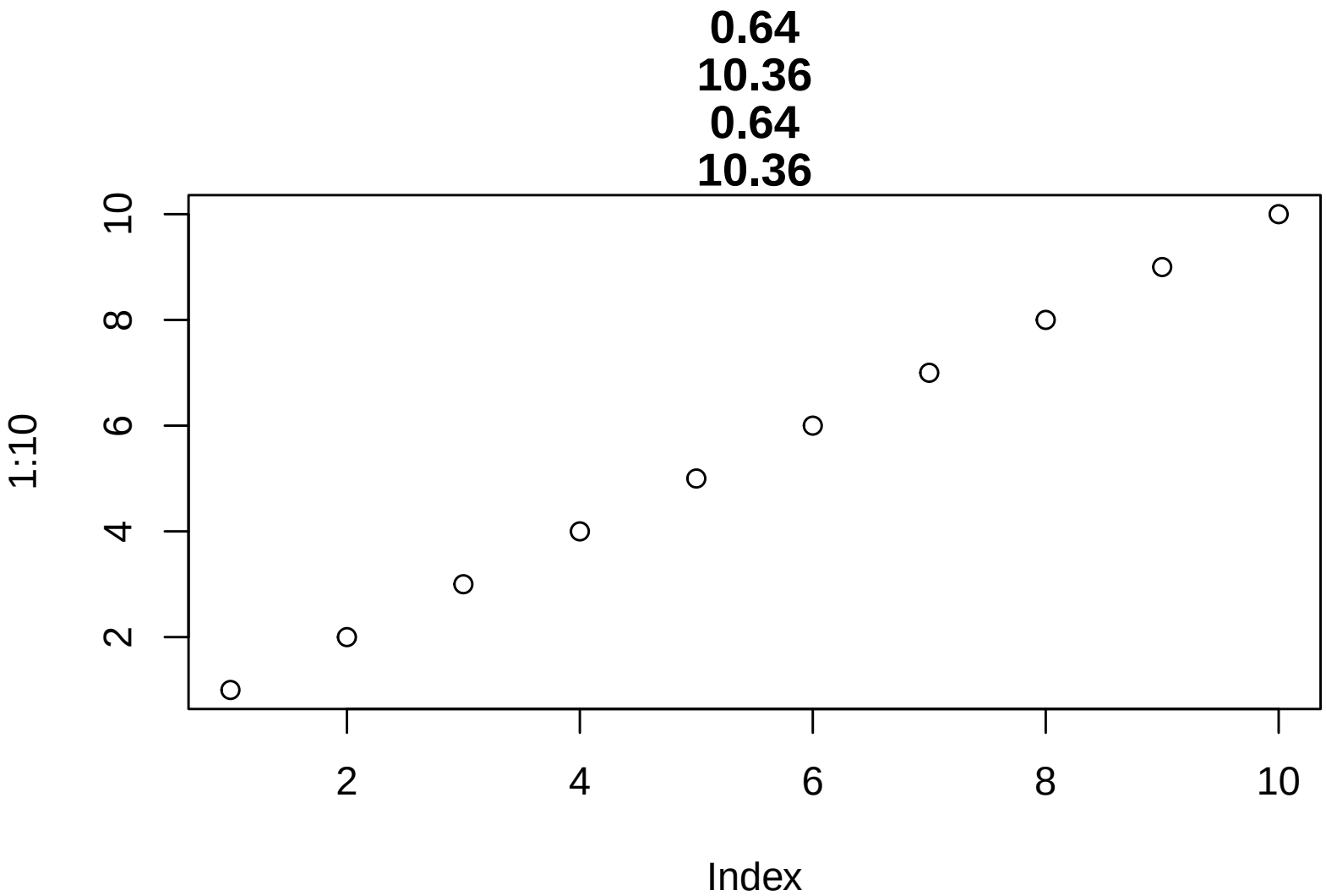

main
Une légende un peu bavarde
sur deux lignes
1.0
0.5
0.0
−0.5
−1.0
0.6
0.8
1.0
1.2
1.4
xlab

usr

Ce paramètre donne les coordonnées extrêmes de la région utile du graphique, par exemple :

```
plot(1:10,main = par("usr"))
```

usr

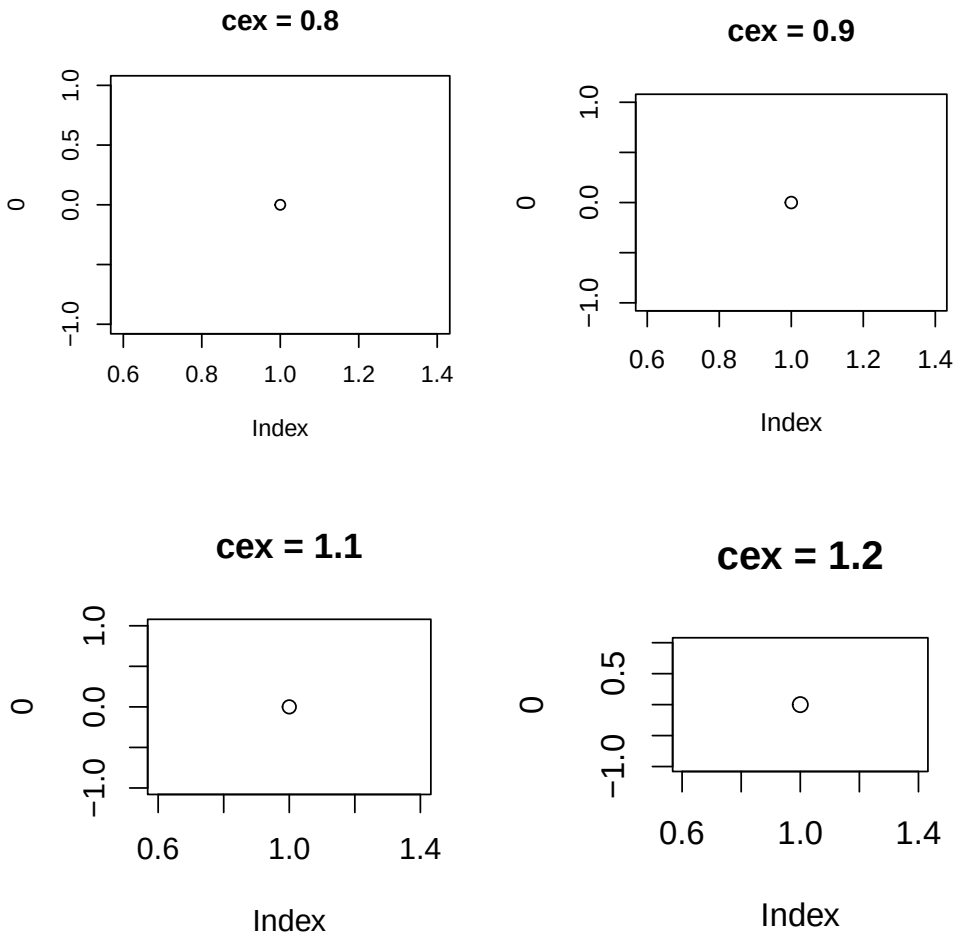


cex*

Ces paramètres contrôlent la taille relative des chaînes de caractères, notez que les marges s'adaptent automatiquement à la taille des caractères :

```
par(mfrow=c(2,2))
for(cex in seq(from = 0.8, to = 1.2, length = 4))
{
  par(cex=cex)
  plot(0, main = paste("cex =", round(cex,1)))
}
```

cex*

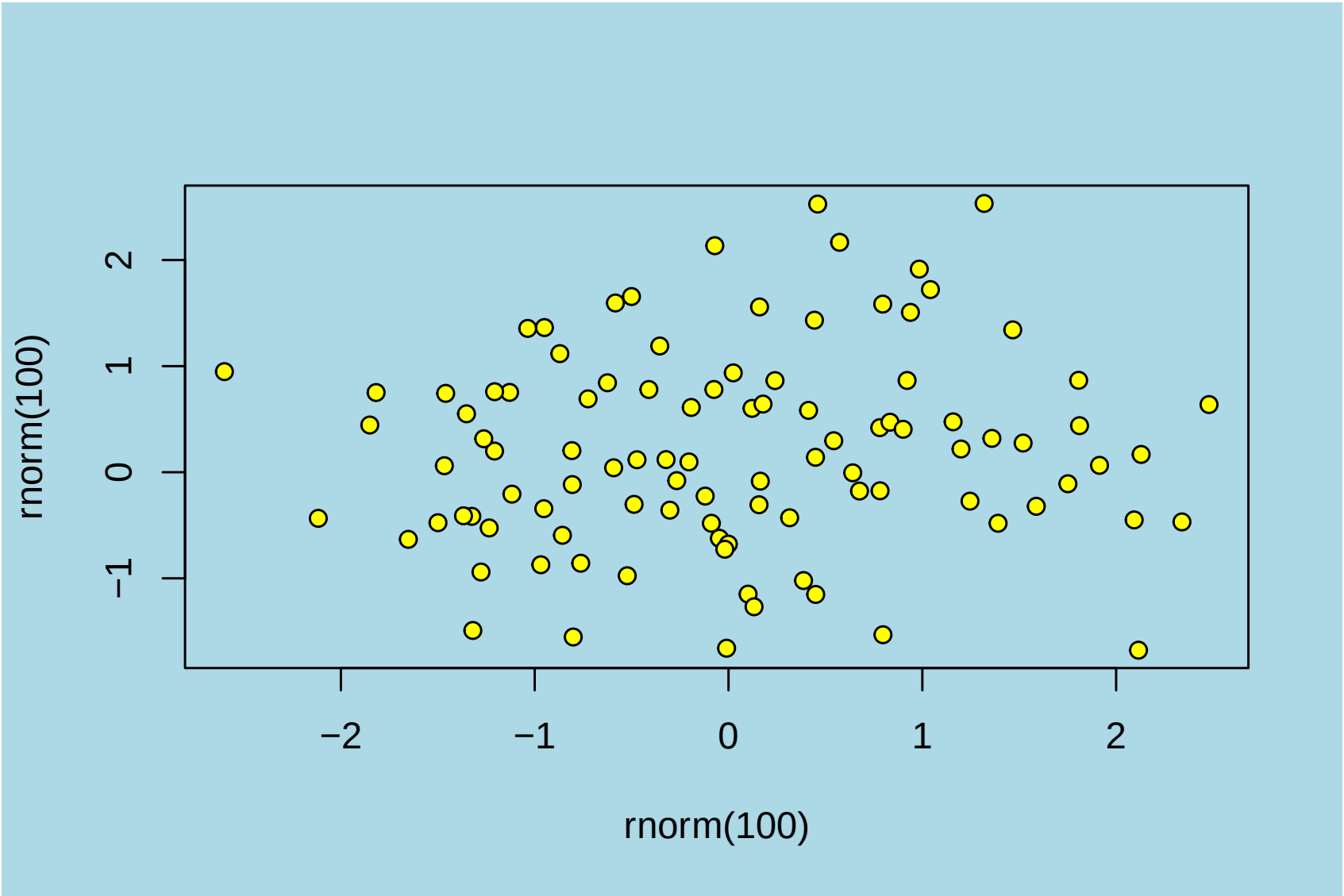


bg

La couleur de fond du graphique, attention les fonctions graphiques de haut niveau comme `plot()` ou `points()` ont un argument de même nom pour donner la couleur de remplissage des points :

```
par(bg = "lightblue")
plot(rnorm(100),rnorm(100), pch = 21, bg = "yellow")
```

bg

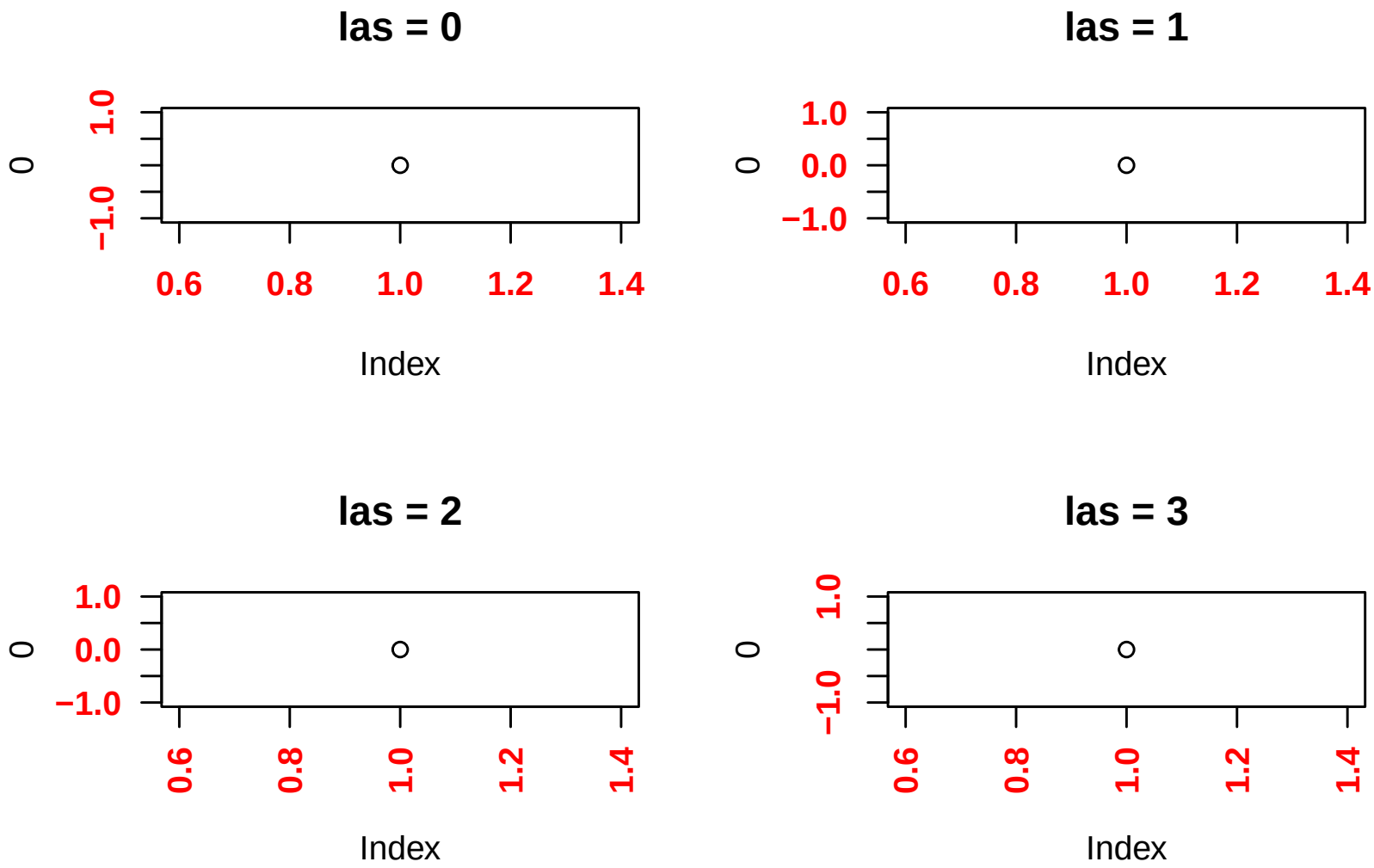


las

Le paramètre `las` contrôle le style des étiquettes des axes. À noter l'option `las = 1` qui permet de lire tous les étiquettes facilement car elles sont alors horizontales.

```
par(mfrow=c(2,2))
for(i in 0:3) plot(0,las=i,main=paste("las =",i), font.axis = 2,
                   col.axis = "red")
```

las

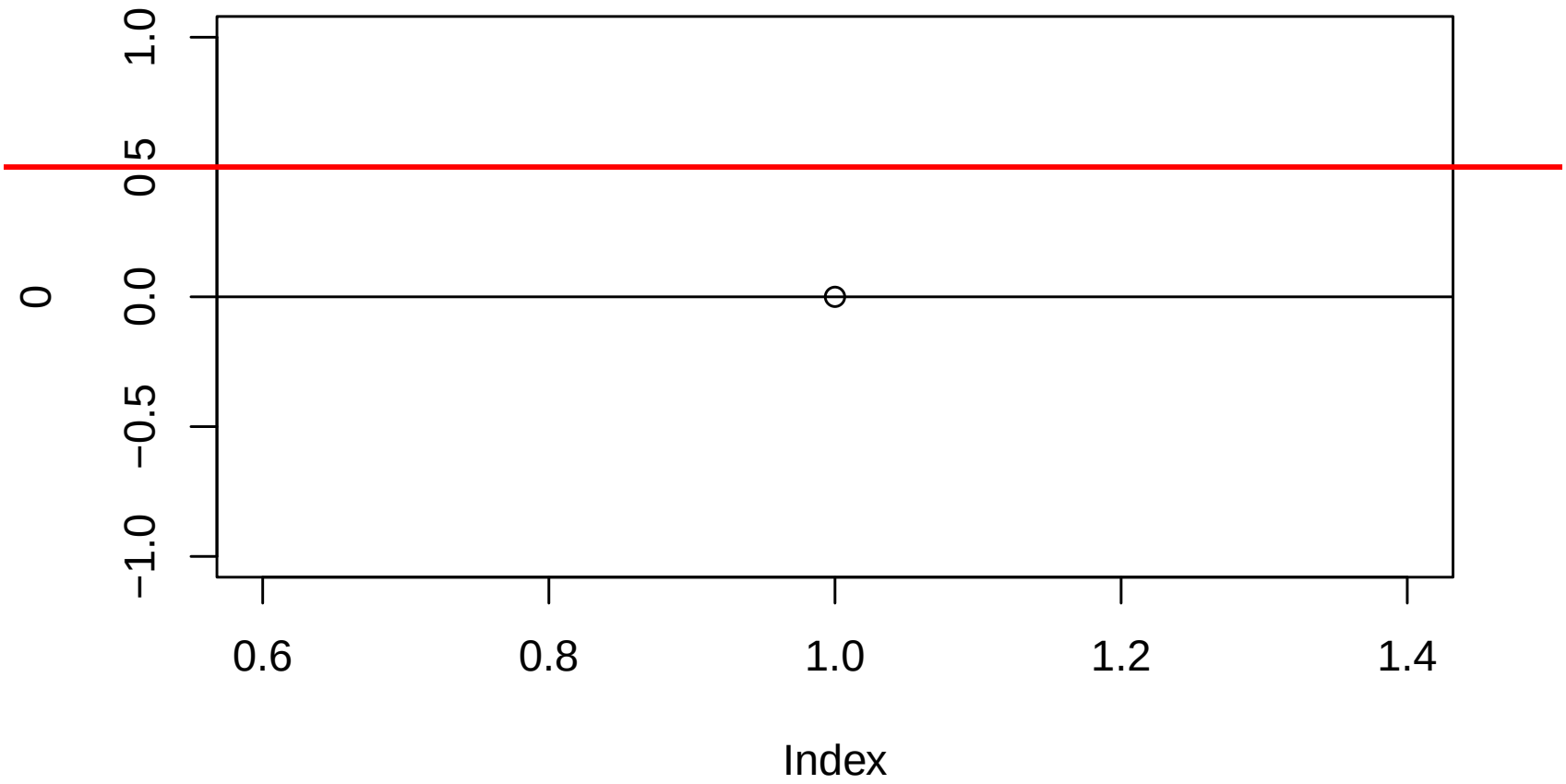


xpd

Le paramètre xpd permet de déborder de la région utile du graphique, par exemple :

```
plot(0)
abline(h=0)
par(xpd=NA)
abline(h=0.5,col="red",lwd=2)
```

xpd



Graphiques de base

Pr Jean R. Lobry

Université de Lyon – France