



HAL
open science

Explorations statistiques autour du temps de relaxation T2 en IRM

Charlotte Pauquet

► **To cite this version:**

Charlotte Pauquet. Explorations statistiques autour du temps de relaxation T2 en IRM. Méthodologie [stat.ME]. 2011. dumas-00618552

HAL Id: dumas-00618552

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-00618552v1>

Submitted on 2 Sep 2011

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

EXPLORATIONS STATISTIQUES AUTOUR DU TEMPS DE RELAXATION T2 EN IRM.

Auteur: *Charlotte PAUQUET*

Rapport de stage: *1ère Année de Master de Mathématiques
et Application spécialité Statistique.*

Maitre de Stage
Gabriela HOSSU
Chef de projet

Etablissement d'accueil
Laboratoire IADI-U947
CHU de Nancy Brabois
4ème étage Tour Drouet
Rue du Morvan
54 511 VANDOEUVRE-LES-NANCY

www.iadi-nancy.fr/
www.cic-it.fr/

REMERCIEMENTS

Ce rapport est l'occasion d'exprimer mes remerciements à tous ceux qui m'ont accueillie, conseillée et écoutée. J'adresse mes sincères gratitude à toutes ces personnes qui ont contribué au bon déroulement de mon stage aux laboratoires IADI et CIC-IT de Nancy:

Au professeur Jacques FELBLINGER, directeur du laboratoire IADI et CIC-IT, pour m'avoir fait confiance et accueillie au sein de son équipe de recherche.

A ma chef de stage Gabriela HOSSU, chef de projets, pour le bon déroulement de mon projet et son écoute. Je tiens également à la remercier chaleureusement pour sa permission d'assister à des examens IRM dans le but de comprendre au mieux le monde complexe de l'IRM.

A Marine BEAUMONT, chef de projet, pour son intérêt apporté à mon travail et son aide dans la compréhension de connaissances médicales.

A mes chers collègues de bureau et doctorants Anou SEWONU, Marion DE ROQUEFEUIL, Helen POINSIGNON pour leur disponibilité et tous les échanges enrichissants que nous avons pu entretenir.

A mes collègues stagiaires, à Romain CENDRE, et à Lucas ALBOUY, ingénieur hospitalier, ainsi qu'aux autres membres du laboratoire IADI et CIC-IT pour leur bonne humeur et la bonne ambiance qu'ils ont su installer au sein de l'équipe.

Enfin, ces remerciements vont également à toutes les personnes qui de près ou de loin m'ont permis de faire de ce stage une réussite.

SOMMAIRE

Introduction	p.4
1ère Partie : Contexte de travail	
I. Présentation de l'entreprise.....	p.5
II. Principes fondamentaux de l'IRM.....	p.7
III. Objectif du stage.....	p.10
2^{ème} PARTIE : Etude de l'influence de paramètres sur le temps de relaxation T2	
I. ANATOMIE ET REVOLUTION CARDIAQUE.....	p.11
1. Structure du cœur.....	p.12
2. Révolution cardiaque.	
II. CONTEXTE CLINIQUE ET DESCRIPTION DES EXPERIENCES MENEES.....	p.12
III. ETUDE DE MODELES.....	p.13
A. Vérification des estimations des valeurs de T2.....	p.13
B. Etude de l'influence des facteurs segments, phases, volontaires.....	p.16
1. Explication des différentes variables étudiées.....	p.16
2. Etude du modèle.....	p.18
3. Calcul de la puissance de test.....	p.25
C. Etude de l'influence des facteurs segments, phases, sexe, âge, taille poids.....	p.26
D. Comparaison des valeurs de T2 sur ventricule gauche et droit en période systolique. ...	p.29
E. Conclusion et limite de validité de l'étude générale.....	p.32
3^{ème} PARTIE : Mise en place d'un modèle de référence	
I. IMPORTATION DE DONNEES SOUS MATLAB.....	p.33
II. RECHERCHE D'UNE METHODE POUR LA MISE EN PLACE D'UN MODELE DE REFERENCE.....	p.33
Conclusion	p.38
Bibliographie	p.39
Annexe	
1. Lexique.....	p.41
2. Code pour le logiciel R.....	p.42

INTRODUCTION

L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est une nouvelle technologie non-invasive basée sur le magnétisme nucléaire (relatif au noyau). Inventée au XX^{ème} siècle, elle permet d'obtenir des images de très haute résolution et donne la possibilité d'observer des détails difficilement visibles sur des techniques type radiographies ou scanners. La quantification, par IRM, des paramètres tissulaires apporte des informations précieuses pour la caractérisation des tissus. Ainsi, elle permet de visualiser certaines maladies telles que les tumeurs ou les œdèmes.

Le Centre d'Investigation Clinique – Innovation Technologique « Dispositifs, Méthodologie et Techniques pour l'IRM » de Nancy a pour but de valoriser de nouveaux dispositifs médicaux, de nouvelles séquences et techniques IRM en partenariat avec l'industrie et des équipes de recherche, en particulier le laboratoire IADI (Imagerie Adaptative, Diagnostique et Interventionnelle). Il propose également un soutien pour la réalisation de protocoles de recherche utilisant l'imagerie comme l'IRM. Certains de ces protocoles de recherche clinique ont pour but d'évaluer la faisabilité d'une nouvelle technique par rapport à une technique de référence. Il apparaît alors nécessaire de mettre en place l'analyse statistique de données acquises en IRM pour ces études pilotes à faible échantillon.

Durant mon stage, je me suis plus particulièrement intéressée à l'IRM cardiaque, axe de recherche principal du laboratoire IADI. L'exploration du cœur en IRM doit faire face à de nombreuses difficultés car nous nous adressons à un organe comportant des structures mobiles : battements cardiaques, mouvements respiratoires et flux sanguin. Mes travaux se sont divisés en deux parties : la première s'est axée sur l'étude d'un paramètre caractéristique du contraste de l'image et utilisé pour le diagnostic médical : le temps de relaxation T2. Certaines raisons de sa variation sont aujourd'hui connues (fonction du pourcentage d'eau, de la composition des tissus) mais la mise en place de nouveaux protocoles cliniques amène à l'étude de contraintes imposées lors d'examen IRM.

Dans ce contexte, le mouvement respiratoire engendre également des artéfacts sur l'image nuisibles à l'analyse quantitative et qualitative des images et donc au diagnostic médical. Pour palier à ce mouvement, il est demandé au patient d'effectuer une apnée pour apporter une correction sur l'image post examen. Au cours cette apnée, l'activité électrique du cœur est loin d'être constante mais adopte une allure remarquable. Ainsi, la deuxième partie de mon travail a consisté à mettre en place un modèle de référence afin d'apporter une correction avant examen, ce qui améliorerait la procédure du protocole clinique.

I. PRESENTATION DE L'ENTREPRISE

Créés en 1992, les Centres d'Investigation Clinique (CIC), sont situés au sein d'établissements hospitaliers sous l'initiative de la DHOS (Direction de l'Hospitalisation et de l'Organisation des Soins) ainsi que de l'INSERM (Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale) pour y développer la recherche clinique dans les CHU. Les CIC sont entièrement dédiés à l'amélioration de la connaissance des maladies, de leurs traitements et de leur prévention. Ainsi, 54 CIC sont répartis en quatre modules :

- **CIC-P** (pluri-thématiques) : réalisation d'études physiopathologiques et tests de nouveaux médicaments
- **CIC-EC** (Epidémiologie Clinique) : méthodologie des essais cliniques
- **CIC-BT** (Biothérapies) : réalisation de projets de recherche en thérapie cellulaire et génique, immunothérapie et vaccination
- **CIC-IT** (Innovations Technologique) : évaluation de biomatériaux et dispositifs utilisés pour le diagnostic ou le traitement de maladies.

Les huit CIC-IT de France, ayant chacun une spécialité, sont thématiquement complémentaires. Leur rôle principal est de faciliter le passage d'innovation en amont au développement de produits industriels.

Inscrit dans le cadre du projet « innovations thérapeutiques et technologie de la santé » du contrat de plan Etat Région (CPER) 2007-2013, le CIC-IT de Nancy est devenu une structure d'accueil et d'appui du programme de recherche en Imagerie et plus particulièrement en IRM. Le CIC-IT propose un soutien pour la réalisation de protocoles de recherche clinique (conception, mise en œuvre et traitement des données). Ses principales activités concernent la valorisation et la validation de nouveaux dispositifs médicaux dédiés à l'environnement IRM (ECG, capteurs compatibles,...) ainsi que le développement de nouvelles techniques d'acquisition et de traitement des images en IRM (séquences, reconstruction, post-traitement,...).

En étroite collaboration avec différents partenaires, son principal associé est le laboratoire IADI avec qui il partage les locaux.

Le laboratoire IADI intervient dans des domaines très différents comme la physique de l'acquisition des images IRM ou le traitement du signal et de l'image. Son nouveau concept consiste à prendre en compte les mouvements physiologiques du patient et/ou de ses organes dans le but d'améliorer l'imagerie des organes en mouvement pour le diagnostic et la compréhension de leur fonctionnement. Les différents domaines d'application sont l'imagerie cardiaque, pulmonaire, rénale, hépatique et cérébrale.

Cette collaboration entre l'IADI et le CIC-IT suit le schéma suivant :

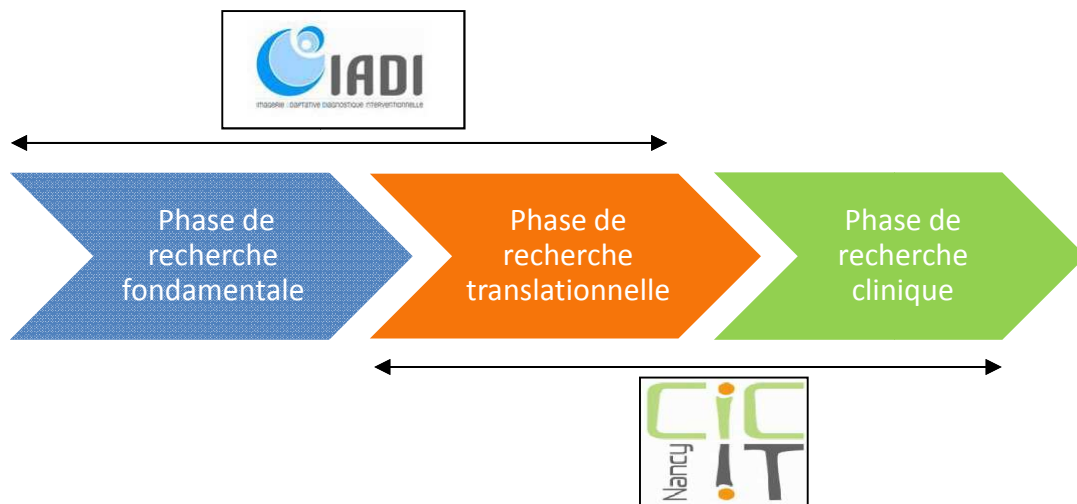


Figure 1 : Schéma représentant la collaboration entre le CIC-IT et le laboratoire IADI

Le laboratoire IADI valide les protocoles de solutions technologiques pour l'IRM conçues et développées essentiellement sur des objets tests. A l'obtention de résultats corrects, le CIC-IT et le laboratoire IADI travaillent conjointement sur la translation de ces résultats entre la recherche fondamentale et la recherche clinique. Le CIC-IT expérimente ensuite sur des volontaires sains les différents protocoles retenus.

Ce stage s'est placé justement dans le cadre de cette collaboration. Les données sur lesquelles j'ai été amenée à manipuler sont issues de recherches effectuées au sein du laboratoire IADI dans le but d'apporter des informations pour la recherche clinique. Afin de saisir toute la teneur de la mission confiée, il convient de rappeler brièvement le principe de fonctionnement de l'IRM dans le but de percevoir le lien entre le travail réalisé et cette nouvelle technologie.

II. PRINCIPES FONDAMENTAUX DE L'IRM

L'IRM est une technique d'imagerie médicale permettant d'obtenir des vues de l'intérieur du corps humain. Elle repose sur des connaissances très pointues dans des domaines très diversifiés. L'acquisition d'images en IRM peut se décomposer en une série d'événements, ce qui par conséquent, en fait un processus d'acquisition séquentiel relativement lent.

Voici les différentes les différentes étapes d'acquisition d'une image IRM [1]:

(A)

L'IRM repose sur le principe, bien connu des physiciens, de la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) des atomes d'hydrogène H.

Au cours du temps, les scientifiques se sont intéressés à cet atome pour deux raisons :

-il possède des propriétés magnétiques remarquables : son noyau possède un moment magnétique que l'on appelle spin.

-l'homme étant constitué à 70% d'eau, l'atome d'hydrogène y est abondant dans le corps humain.

En l'absence de champ magnétique extérieur, l'orientation du spin du proton est aléatoire. Une première application d'un champ magnétique B_0 par un aimant supraconducteur va impliquer une orientation aux spins sans suivre exactement sa direction.

Les IRM du CHU de Nancy ont une intensité de 1,5 T et 3 T (Tesla). Pour avoir un ordre d'idée, 1,5T correspond à 30 000 fois le champ magnétique de la Terre.

(B)

Il s'en suit l'application d'une onde électromagnétique, le plus souvent sous forme de pulses, qui va produire un basculement de l'aimantation tissulaire (représenté par le vecteur M sur schéma page 9).

Cette bascule est liée à l'absorption d'énergie de rayonnement par les atomes d'hydrogène. C'est ce qu'on appelle la phase d'excitation.

L'onde électromagnétique mise en jeu lors de ce phénomène a une fréquence particulière dite fréquence de résonance. En effet pour que le champ oscillant puisse avoir un effet notable sur les atomes, il faut qu'il entre en résonance avec ceux-ci, i.e. que sa fréquence soit ajustée au mouvement de rotation des spins. La fréquence de résonance des atomes d'hydrogène est autour de 128MHz à 3 Tesla.

(C)

Après ces courtes impulsions, les protons d'hydrogène vont chercher à se remettre naturellement dans leur position d'équilibre, toujours soumis au champ constant B_0 . C'est ce qu'on appelle la phase de relaxation. Elle est caractérisée par deux temps : le temps de relaxation longitudinal T1 et le temps de relaxation transversal T2.

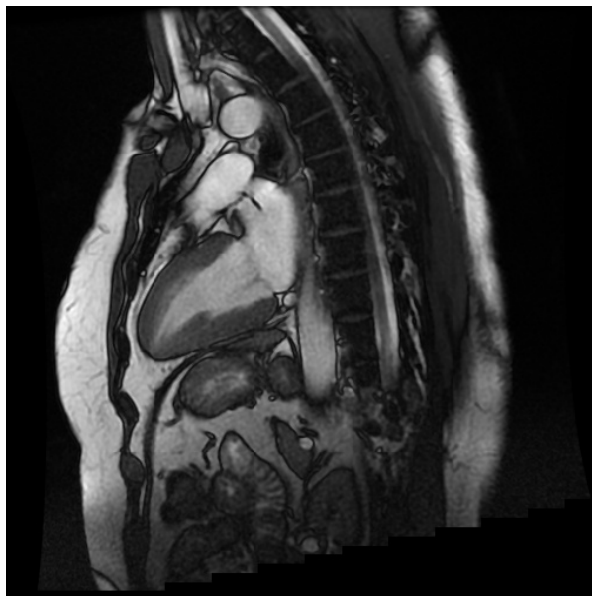
Pendant le temps de relaxation, les protons d'hydrogène vont réémettre une onde, appelée signal, captée par une antenne réceptrice.

(D)

Le signal enregistré correspond à la composition en fréquences spatiales de la coupe imagée. Via un traitement informatique, il est stocké dans un espace nommé espace-k sur lequel une transformée de Fourier est appliquée afin d'obtenir l'image finale de la coupe.

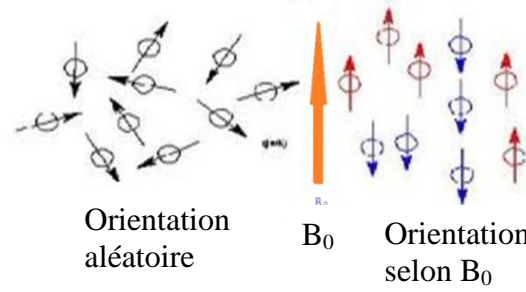
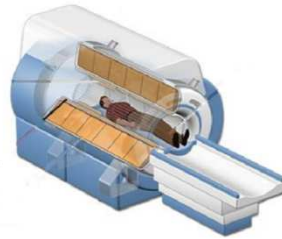


Photo d'un complexe IRM



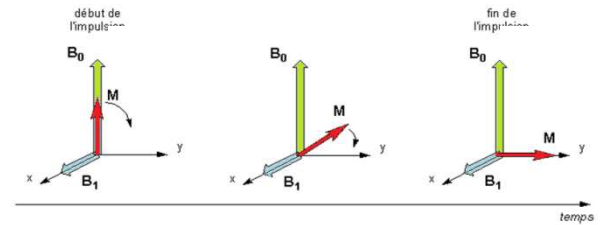
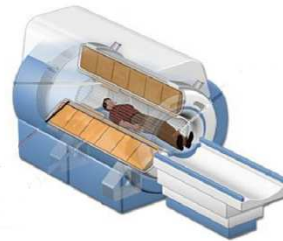
Exemple d'image IRM du cœur en période systolique, coupe longitudinale du thorax.

(A)



(B)

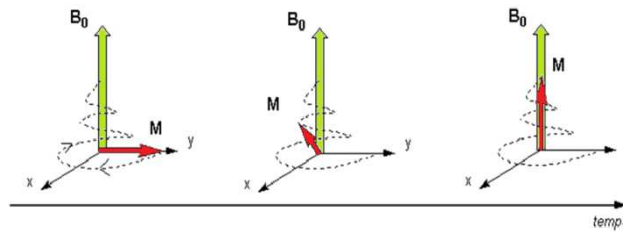
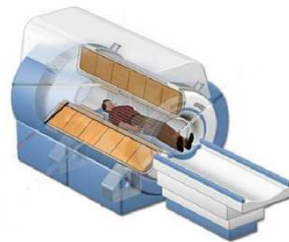
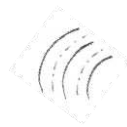
Ondes électromagnétiques



début de l'impulsion

fin de l'impulsion

(D)



(C)



Retour à l'état d'équilibre

III. OBJECTIFS DU STAGE

Les missions qui m'ont été confiées s'inscrivent dans un programme de recherche. Toutes les méthodes utilisées et résultats obtenus sont alors susceptibles d'être exploités dans d'autres travaux de recherche. Ainsi, différents objectifs m'ont été confiés :

-La compréhension du principe de fonctionnement d'acquisition d'images IRM a bien sûr été indispensable tout comme l'assimilation de connaissances sur l'anatomie et sur le cycle cardiaque.

-Analyse statistique de l'influence de paramètres inclus volontairement ou non lors d'une expérience menée pour évaluer la mesure quantitative du temps de relaxation T2.

-Mise en place d'une procédure d'importation de données de Matlab© vers R©. La majorité du personnel du laboratoire IADI et du CIC-IT travaille avec le logiciel Matlab pour le traitement et l'analyse d'images. Cependant, il est de rigueur d'utiliser des logiciels plus performants tels que le logiciel R pour une étude statistique des données.

-Analyse de courbes représentant l'activité cardiaque en apnées inspiratoires dans le but d'apporter un modèle de référence afin d'apporter une correction avant examen.

-Mise en place d'un support décrivant les démarches de base pour procéder à une analyse statistique avec utilisation du logiciel R.

2^{ème} PARTIE : ETUDE DE L'INFLUENCE DE PARAMETRES SUR LE TEMPS DE RELAXATION T2

Les maladies cardio-vasculaires sont un problème majeur de santé publique. L'IRM est une technique non irradiante et particulièrement adaptée à la détection de certaines maladies cardiaques telles que l'œdème du myocarde ou le rejet de greffe précoce. Cependant, les mouvements du cœur sont sources d'artéfacts et de multiples stratégies ont dû être développées pour s'en affranchir. Les progrès techniques récents de l'IRM ont toutefois permis de rendre l'exploration cardiaque en IRM possible en pratique clinique courante, avec des indications dans de nombreuses pathologies.

I. ANATOMIE ET REVOLUTION CARDIAQUE

1. Structure du cœur

Pour une bonne compréhension de l'imagerie cardiaque, il est important de connaître le fonctionnement du cœur [2]. L'image ci-dessous représente l'anatomie détaillée de celui-ci:

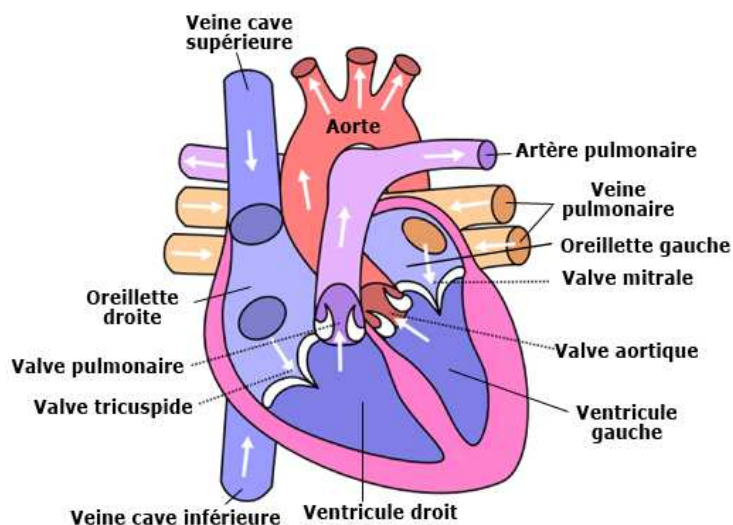


Figure2 : Schéma du cœur humain.

Le cœur se situe dans le médiastin (région de la cage thoracique) entouré par les poumons. Il a pour fonction de pomper le sang appauvri en oxygène, de le faire oxygéner par les poumons, puis de le redistribuer à l'organisme. Le cœur est constitué de deux systèmes : le cœur droit et le cœur gauche, tous deux constitués d'une oreillette et d'un ventricule.

2. Révolution cardiaque

La fréquence cardiaque au repos est de 60 à 80 battements par minute ce qui entraîne une séquence d'événements appelée révolution cardiaque. Celle-ci est constituée de deux étapes, la systole et la diastole, et se répète au cours du temps.

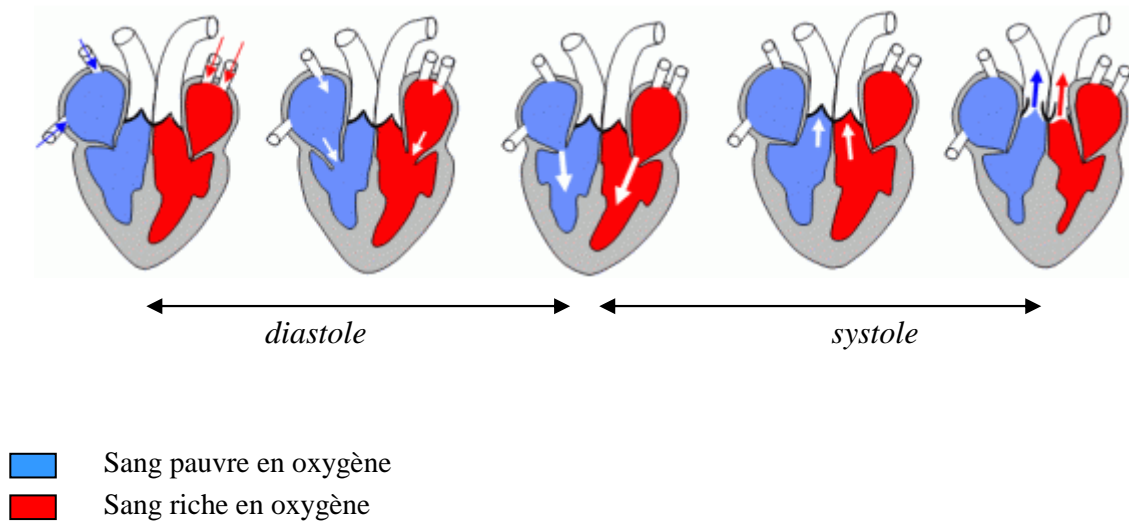


Figure3 : Schéma du cycle cardiaque.

La diastole est une phase pendant laquelle le cœur se relâche. Les oreillettes se contractent dans le but de faire circuler le sang vers les ventricules. La systole, quant à elle, correspond à la phase de contraction du cœur. Les ventricules se compriment et permettent ainsi l'éjection du sang vers l'organisme.

II. CONTEXTE CLINIQUE ET DESCRIPTIONS DES EXPERIENCES MENEES.

Nous savons aujourd'hui que la qualité de l'image IRM dépend de différents facteurs tels que le contraste qui est lui-même fonction du temps de relaxation T2. La recherche de variables pouvant influencer cette mesure est alors essentielle pour ne pas altérer l'information qu'elle fournit sur la caractérisation tissulaire.

De nombreuses études ont été menées sur la mesure *in vivo* de T2 sur le ventricule gauche, qui est par conséquent bien quantifié et largement utilisé dans la détection de différentes pathologies telles que les œdèmes du myocarde ou les rejets de greffe; le rejet de greffe se caractérisant par une augmentation importante de la valeur de T2. La mesure de T2 du ventricule droit est au contraire peu étudiée ce qui peut être en partie expliqué par la difficulté de visualiser à l'IRM les fines parois du ventricule droit.

L'imagerie cardiaque utilisée en clinique s'effectue avec la synchronisation de l'ECG (électrocardiogramme) du patient. La phase diastolique étant plus longue que la systole, il est préférable que les images soient réalisées en diastole. Cependant, il a été démontré que, chez

les patients ayant une fréquence cardiaque élevée, c'est-à-dire supérieure à 85 bpm (battement par minute), la télésystole (fin de systole) est plus longue. Par conséquent, il serait intéressant d'approfondir cette réflexion en considérant différentes valeurs de T2 en diastole et systole.

Pour tenter d'apporter une réponse à ses différentes réflexions, des travaux ont été menés au sein du laboratoire IADI. Plusieurs expériences ont ainsi été réalisées en 2010 par Brice Fernandez alors doctorant [3] [4]. Celles-ci étant exploratoires, un nombre limité d'individus a été inclus. Seulement treize volontaires ont fait parti de cette étude pilote.

Sur chaque volontaire ont été acquises sept images en diastole et sept autres en systole. Sur chacune des images, le ventricule gauche est segmenté en six zones anatomiques normalisées par l'American Heart Association (AHA). De plus, une région d'intérêt appelée ROI (Region Of Interest) englobant l'ensemble du ventricule gauche est considérée. Cette région est nommée segment 7 dans le jeu de données.

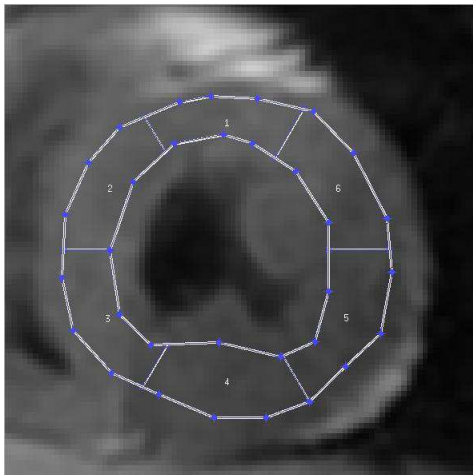


Figure 4 : Image d'un ventricule gauche segmenté.

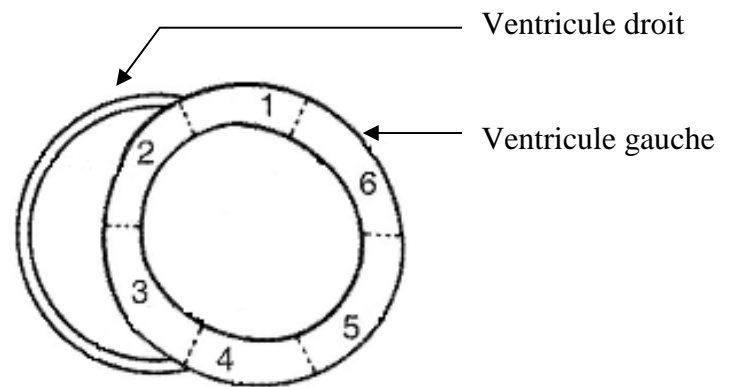


Figure 5 : Schéma représentant les six zones atomiques normalisées par l'AHA.

Les volontaires sont composés de sept femmes et 6 hommes. L'âge moyen des volontaires est de $32\text{ans} \pm 10\text{ans}$, de taille moyenne $171\text{cm} \pm 7,6\text{cm}$ et de poids moyen $70,6\text{kg} \pm 14,3\text{kg}$.

III. ETUDE DE MODELES

A. VERIFICATION DES ESTIMATIONS DES VALEURS T2.

Dans un premier temps, rappelons le principe de la mesure de T2. La meilleure façon de mesurer le T2 est d'appliquer une répétition d'impulsions de 90° - 180° . Celle-ci constitue ce que l'on appelle une séquence. Lors de cette séquence deux paramètres sont fondamentaux :

- Le temps d'écho TE : temps entre le signal d'excitation et la réception de l'écho.
- Le temps de répétition TR : temps correspondant à l'intervalle entre deux impulsions de 90° .

La pondération T2 d'une image demande l'application d'un TR et d'un TE long. Avec une telle configuration de la séquence, les tissus qui ont un T2 différent auront un contraste différent. Dans ces conditions le signal se réduit à :

$$S(TE) = S_0 \cdot \exp\left(-\frac{TE}{T_2}\right)$$

Où S_0 est la valeur de l'aimantation transversale à l'équilibre.

En faisant varier la valeur du TE lors de l'acquisition de plusieurs images sur un même individu, il est possible de décrire la décroissance exponentielle en T2. Ensuite, après l'application d'une régression exponentielle de paramètres inconnus S_0 et T2, il est possible d'estimer les valeurs de T2.

Pour traiter les images ainsi obtenues, une interface sous Matlab a été créée permettant de relever directement la valeur de T2. Mon travail se faisant avec l'utilisation du logiciel R, il devient nécessaire de vérifier si la méthode de régression non linéaire implémentée sous Matlab est semblable sous R.

Le tableau de données se présente ainsi :

segment	t2	r2	nb_pixels	te1	te2	te3	te4	te5	te6	te7	cst	...	
1	1	50.937	0.95236	651	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
2	2	52.183	0.97286	516	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
3	3	56.969	0.98065	547	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
4	4	62.210	0.94913	598	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
5	5	60.773	0.96616	723	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
6	6	50.674	0.99065	612	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
7	7	56.923	0.98931	3647	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208	-1	...
8	1	50.627	0.98594	695	9.216	18.432	32.256	41.472	50.688	59.904	69.120	-1	...
9	2	53.550	0.99395	577	9.216	18.432	32.256	41.472	50.688	59.904	69.120	-1	...
10	3	63.111	0.98007	517	9.216	18.432	32.256	41.472	50.688	59.904	69.120	-1	...

...	s1	s2	s3	s4	s5	s6	s7	volontaire	age	sexe	taille	poids	phase
...	1632.4	1218.00	1110.90	750.85	775.86	574.55	599.86	R957	33	F	177	58	systole
...	1688.0	1332.70	1072.60	846.00	782.02	640.45	638.84	R957	33	F	177	58	systole
...	1608.2	1263.50	1041.50	898.61	810.69	643.38	618.68	R957	33	F	177	58	systole
...	1325.6	1127.30	993.98	894.73	828.76	508.12	485.15	R957	33	F	177	58	systole
...	1322.4	1183.20	1013.60	875.64	808.24	537.99	467.60	R957	33	F	177	58	systole
...	1469.1	1194.00	1015.50	841.91	720.44	491.88	478.12	R957	33	F	177	58	systole
...	1458.1	1208.70	1033.80	852.60	788.73	559.93	537.93	R957	33	F	177	58	systole
...	1430.6	1092.20	837.30	762.09	588.63	544.03	431.84	R959	30	F	177	58	systole
...	1282.7	1066.40	782.93	734.07	583.02	498.81	414.36	R959	30	F	177	58	systole
...	1175.3	929.62	824.57	718.17	590.11	536.25	407.87	R959	30	F	177	58	systole

...

-Pour la confidentialité des volontaires, ceux-ci sont renommés par un code conventionné par le laboratoire. Le volontaire 1 est ainsi désigné par R957.

- TE_x et S_x sont estimés sur l'image n°x.

- Le nombre de pixels par segment est également inclus dans ce jeu de données.

- *cst* est une colonne permettant la séparation des parties TE1-TE7 de S1-S7.

- R^2 est le coefficient de détermination de la régression sur T2.

- t_2 est la valeur estimée avec Matlab correspondant aux valeurs TE_x et S_x .

Méthode

Notre jeu de données comportant 182 valeurs de T2 différentes, nous devons procéder à 182 régressions. La méthode est alors de créer une boucle effectuant une régression exponentielle et qui parcourt chacune des lignes de notre tableau. Les nouvelles valeurs de T2 seront rangées dans une colonne nommée `tab_sys` puis comparées avec les anciennes estimations de T2.

Avant de procéder à l'ensemble des vérifications de T2, nous appliquons cette méthode d'ajustement non linéaire sur la première ligne de notre tableau dans le but de valider la démarche.

Nous vérifions d'abord graphiquement l'hypothèse de régression exponentielle décroissante :

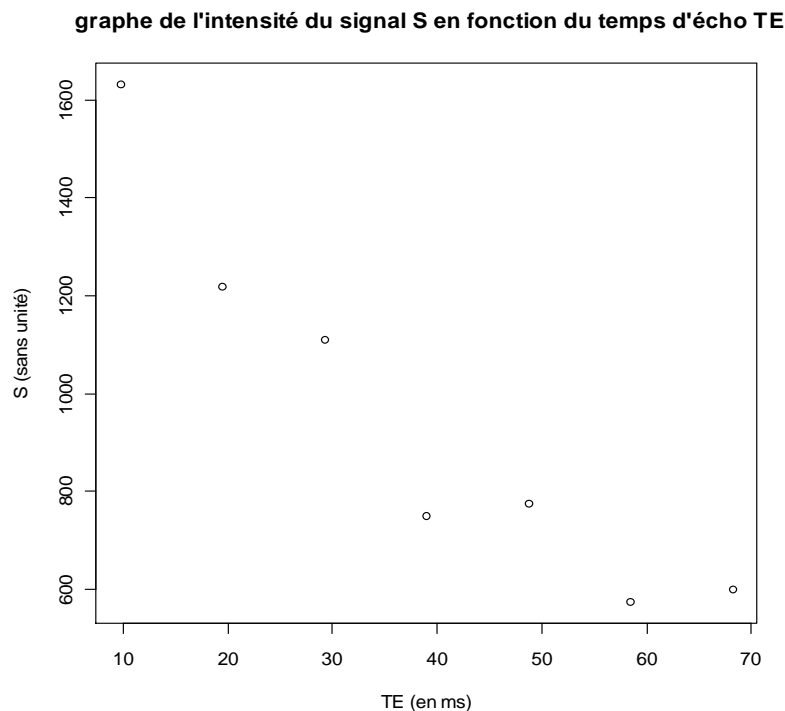


Figure 6 : Graphe de l'intensité du signal S en fonction du temps d'écho TE

Une régression non linéaire est bien justifiée.

Pour effectuer une telle régression sous R, on utilise la commande `nls` (Nonlinear Least Squares), semblable à la fonction `lm` (Linear Models) au niveau de son fonctionnement. Néanmoins, il est impératif d'indiquer quelques précisions, à savoir la forme de la fonction qui va servir à l'estimation (dans notre cas $a.e^{bx}$) ainsi que la liste des paramètres à estimer en spécifiant leurs valeurs initiales. Dans notre cas, ce dernier renseignement a été obtenu de manière empirique.

L'estimation des coefficients de la courbe de régression nous donne :

S_0 (sans unité)	T2 (en ms)
50,937	1897,591

Nous juxtaposons maintenant l'ancien graphe avec la courbe estimée d'équation :

$$S(TE) = 50,94. \exp\left(\frac{-TE}{1897,59}\right)$$

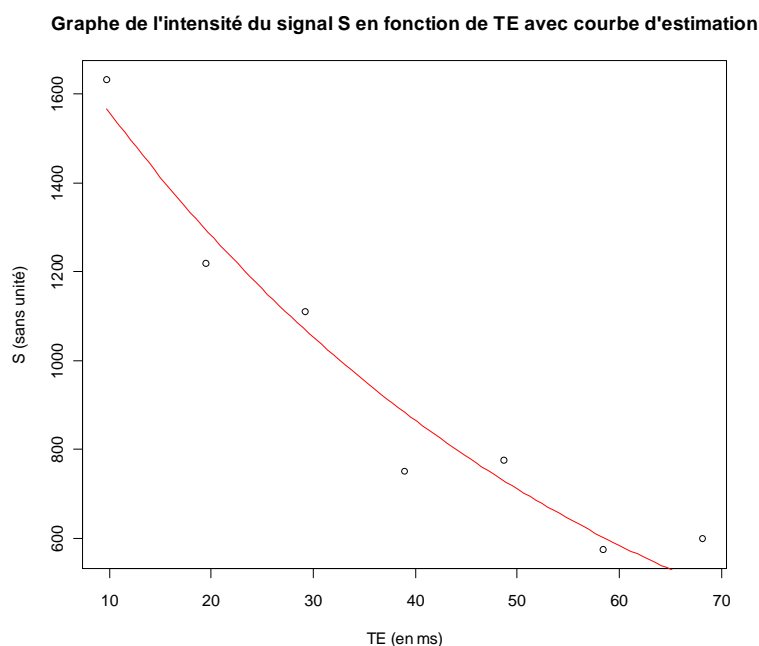


Figure 7 : Graphe de l'intensité du signal s en fonction de TE avec la courbe estimée.

Nous validons cette démarche et l'appliquons à l'ensemble des valeurs T2. Par la fonction *round* de R, nous arrondissons les résultats à 0,001 et comparons les deux colonnes. Aucune différence n'est constatée entre les valeurs estimées sous Matlab et R. Une analyse statistique pourra donc être menée sans erreur de données sur les différentes valeurs de T2.

B. ETUDE DE L'INFLUENCE DES FACTEURS SEGMENT PHASE VOLONTAIRE SUR LA MESURE DE T2.

1. Explication des différentes variables étudiées.

Comme mentionné précédemment, il est intéressant d'exploiter les estimations des valeurs de T2 du ventricule gauche en période de systole et de diastole. Ce modèle va aussi permettre l'exploitation d'un autre facteur pouvant intervenir dans l'estimation de T2: la valeur de T2 de chaque segment. La valeur T2 retenue comme référence correspond au T2 du segment 7 (ventricule gauche global) mais aucune démarche n'a encore démontré l'influence ou non d'un segment sur la valeur de T2 du segment 7.

L'objet de cette partie est d'évaluer l'influence des facteurs « phase » et « segment » sur le temps de relaxation T2.

Nous incluons ici un graphique permettant de visualiser la répartition des données :

Graphique de T2 en fonction du numéro de segment et selon la phase

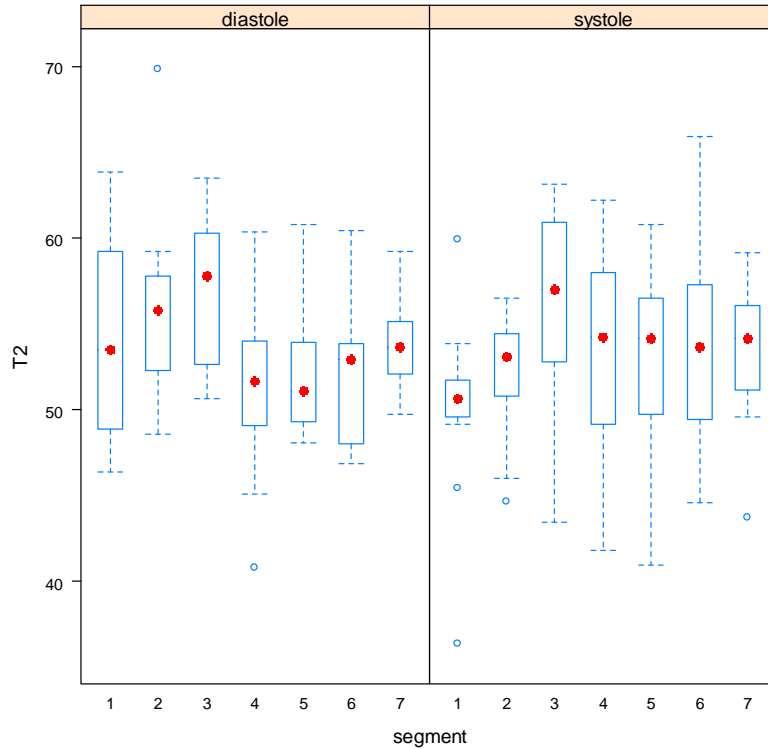


Figure 8 : Graphe de T2 en fonction du numéro de segment et selon la phase

Nous pouvons d'ores et déjà observer certains comportements. En période diastolique, les segments 1,2 et 3 affichent une augmentation progressive de la moyenne des T2 sur chacun des segments; ce qui amène en conséquence un détachement du segment 3 du reste des autres segments. Les segments 4, 5 et 6 sont quant à eux plus proches de la valeur de référence représentée par le segment 7 qui est de $53,76 \pm 2,63$ ms.

En période systolique, la constatation est identique. Il semble essentiel de procéder à cette étude pour vérifier l'influence de la valeur de T2 du segment 3 sur la valeur T2 du reste du ventricule.

Statistiques Descriptives

N° de segment	Moyenne systole (en ms)	Ecart-type systole (en ms)	Coefficient de variation systole (en %)	Moyenne Diastole (en ms)	Ecart-type diastole (en ms)	Coefficient de variation diastole (en %)
1	50.09	5.25	10.48	53.65	6.24	11.63
2	51.94	3.61	6.96	55.37	5.65	10.21
3	56.48	5.68	10.06	56.82	4.35	7.66
4	53.45	6.30	11.79	51.62	5.44	10.54
5	52.71	5.39	10.22	52.24	3.94	7.54
6	54.12	6.07	11.22	52.09	4.05	7.78
7	53.18	4.06	7.63	53.73	2.63	4.90

N° de segment	Moyenne (en ms)	Ecart-type (en ms)	Coefficient de variation (en %)
1	51.87	5.93	11.44
2	53.66	4.97	9.26
3	56.65	4.96	8.76
4	52.54	5.84	11.12
5	52.47	4.63	8.83
6	53.10	5.16	9.72
7	53.45	4.36	6.29

Les colonnes "Moyenne" et "Ecart-type" représentant l'ensemble des observations sans distinctions des phases systole-diastole.

Le coefficient de variation est donné par la formule suivante:

$$C_v = \frac{\sigma}{\mu}$$

où μ représente la moyenne

σ représente l'écart-type

Plus la valeur du coefficient de variation est élevée, plus la dispersion autour de la moyenne est grande.

Nous pouvons observer que le coefficient de variation varie entre 4.9% et 11.6%. Cette variation semble raisonnable.

2. Etude du modèle

Modèle

Lors de cette étude, quatorze images ont été obtenues à partir de chaque volontaire. Cette manœuvre implique de prendre en compte la variabilité « inter-sujet ». Cette expérience va alors se modéliser par un plan à mesures répétées.

Pour écrire le modèle, nous cherchons la présence de termes d'interactions en traçant le nuage de points de la réponse T2 en fonction des segments et en distinguant la phase systole et diastole.

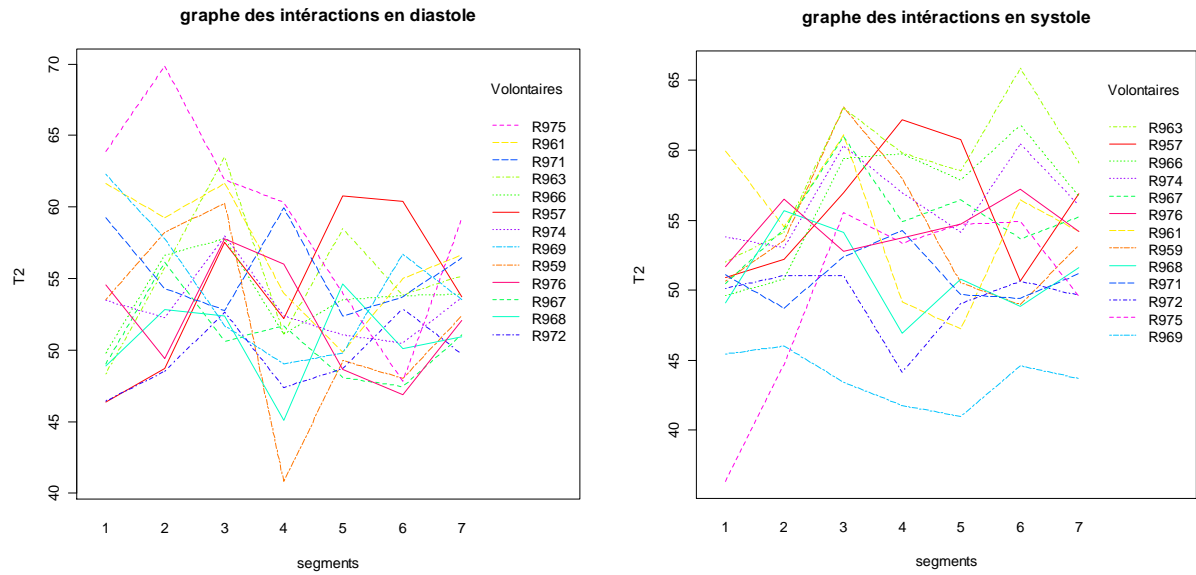


Figure 9 : Graphe des interactions en fonction des phases systolique ou diastolique.

Au vu des deux graphiques, nous pouvons affirmer qu'il subsiste des termes d'interactions. L'option `Error(volontaire/(segment*phase))` dans la commande `summary` permet d'évaluer l'influence de chaque termes d'interactions possibles. Nous trouvons alors que le modèle est de la forme suivante :

$$Y_{ijs} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \tau_s + (\alpha\beta)_{ij} + (\beta\tau)_{js} + \varepsilon_{ijs}$$

Où α est associé au facteur phase, $i = 1, 2$
 où 1 code la phase systolique
 2 code la phase diastolique

β est associé au facteur segment, $j = 1, \dots, 7$
 τ est associé au facteur volontaire, $s = 1, \dots, 13$

Hypothèses du modèle

Contraintes

$$\alpha_1 = -\alpha_2$$

$$\sum_{j=1}^7 \beta_j = 0$$

$$\forall j, \sum_{i=1}^2 (\alpha\beta)_{ij} = 0, \forall i, \sum_{j=1}^7 (\alpha\beta)_{ij} = 0$$

Conditions liées à ce type d'analyse

Nous supposons que :

$$- \mathcal{L}((\beta\tau)_{js}) = \mathcal{N}(0, \frac{J-1}{J} \sigma^2_{\beta\tau}) = \mathcal{N}(0, \frac{6}{7} \sigma^2_{\beta\tau})$$

- Les effets aléatoires $(\beta\tau)_{js}$ sont indépendants
- Les effets aléatoires $(\beta\tau)_{js}$ et τ_s sont indépendants

Sur le facteur volontaire

Le facteur τ_s doit vérifier plusieurs hypothèses : l'indépendance, la normalité ainsi que l'homogénéité des variances.

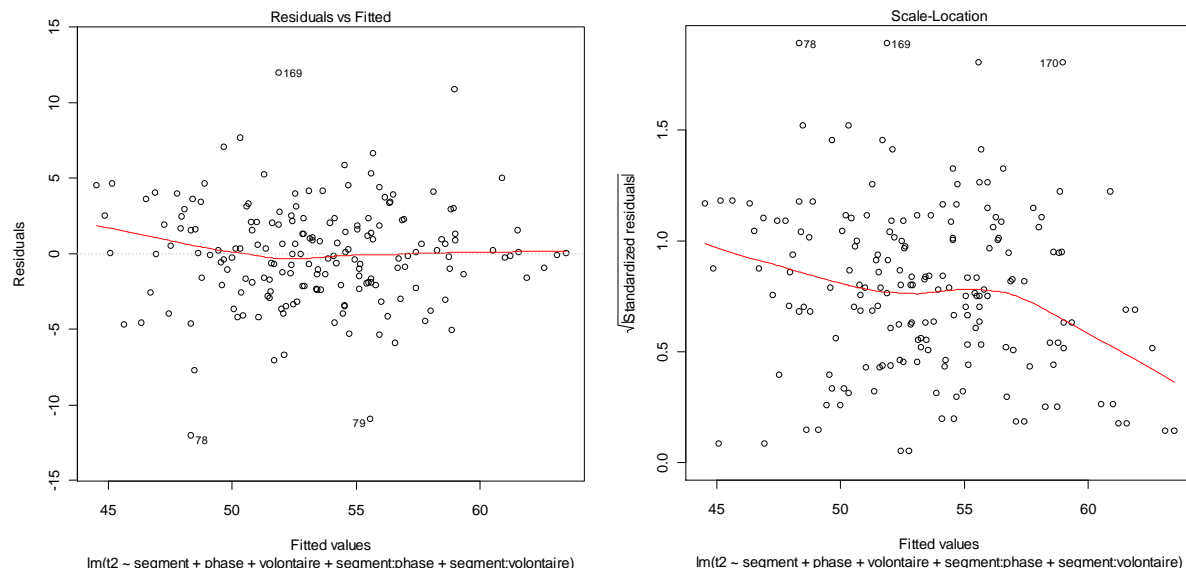
- Il n'existe pas de test pour vérifier l'indépendance du facteur τ_s mais elle est acceptée du fait que les treize sujets sont indépendants.
- La normalité du facteur τ_s ne peut être effectuée car le nombre de volontaires est insuffisant.
- L'homogénéité des variances du facteur τ_s ne peut être évaluée en l'absence de répétitions au sein de chacun des patients.

Sur les erreurs

Les variables erreurs ε_{ijs} doivent être indépendantes et suivre une loi normale centrée et de variance σ^2 .

- Les erreurs doivent être indépendantes. Aucun test ne permet de vérifier cette hypothèse mais nous la supposons valide compte tenu du protocole expérimental qui a été suivi.

- Les erreurs doivent être de même variance σ^2 : le test de Bartlett n'est pas applicable ici car nous n'avons qu'une observation pour chaque segment de chaque image. Nous procédons alors à une vérification graphique. Pour cela nous analysons le graphe des valeurs prédites en fonction des résidus (i) ainsi que le graphe des écart-types des valeurs prédites en fonction des résidus standardisés (ii).



Graphique (i)

Graphe (ii)

Figure 10 : Graphes des valeurs prédites en fonction des résidus (i) et en fonction des résidus standardisés (ii).

La dispersion des points autour des courbes rouge est parfois importante mais nous acceptons cependant l'homogénéité des variances des résidus.

- Finalement, les variables erreurs doivent suivre une loi normale. Pour cela nous effectuons le test de Shapiro-Wilk dont le protocole est le suivant :

Hypothèses du test :

H_0 : {les variables d'erreur ε_{ij} suivent une loi normale}
 contre H_1 : {les variables d'erreur ε_{ij} ne suivent pas une loi normale}

R nous renvoie alors une p-valeur égale à 0,013. Cette p-valeur est strictement inférieure au seuil $\alpha = 5\%$, ce qui implique que le test est significatif. Nous décidons de rejeter l'hypothèse nulle H_0 et d'accepter l'hypothèse alternative H_1 avec un risque de première espèce $\alpha = 5\%$. L'hypothèse de normalité des résidus n'est donc pas vérifiée.

Le tracé du « QQ-Plot », permet de mettre en évidence trois observations atypiques qui pourraient contredire la normalité des résidus.

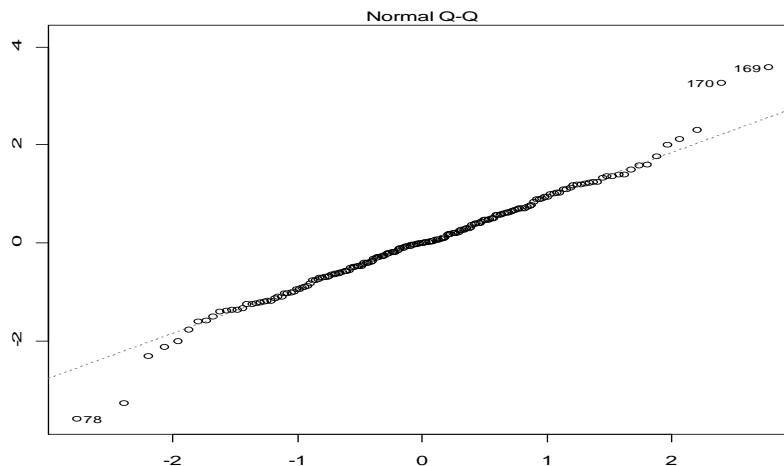


Figure 11 : QQ-plot des résidus avec droite de Henri.

Analyse des résultats du modèle comprenant toutes les observations

Malgré l'absence de la condition de la normalité des résidus, nous procédons à l'analyse de ce modèle dans le but d'apporter une conclusion médicale avant d'effectuer dans le paragraphe suivant une suppression d'observations.

Nous utilisons la commande `summary` dans R et trouvons que le coefficient de détermination $R^2_{\text{ajusté}}$ de ce modèle est de 9,95% ce qui est très faible. L'analyse de la variance permet de faire cinq tests de Fisher.

- $(H_0) : \{\alpha_1 = \alpha_2 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\exists i=1,2 ; \alpha_i \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_1 = \dots = \beta_7\}$ contre $(H_1) : \{\exists i=1, \dots, 7; \beta_i \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\tau_1 = \dots = \tau_{13}\}$ contre $(H_1) : \{\exists i=1, \dots, 13; \tau_i \neq 0\}$
- $(H_0) : \{(\alpha\beta)_{11} = \dots = (\alpha\beta)_{2,7}\}$ contre $(H_1) : \{\exists i=1,2; \exists j=1,\dots,7; (\alpha\beta)_{ij} \neq 0\}$
- $(H_0) : \{(\beta\tau)_{11} = \dots = (\beta\tau)_{7,13}\}$ contre $(H_1) : \{\exists j=1,\dots,7; \exists s=1,\dots,13; (\beta\tau)_{js} \neq 0\}$

Nous concluons à l'aide de la p-valeur : rejet de l'hypothèse H_0 (absence d'effet du facteur) si celle-ci est inférieure ou égale au seuil $\alpha = 5\%$. Nous avons :

Facteur étudié	P-value
Phase α_i	0.4889
Segment β_j	0.0216 *
Volontaire τ_s	0.00047 *
Phase:Segment $(\alpha\beta)_{ij}$	0.2292
Segment:Volontaire $(\beta\tau)_{js}$	0.9232

Les tests concernant les facteurs "segment", "volontaire" sont significatifs. Le risque d'erreur de première espèce associée vaut $\alpha = 5\%$.

Il y a donc une différence entre les moyennes des temps de relaxation T2 selon les segments. Nous allons chercher à mettre en évidence les segments qui se distinguent en appliquant la méthode de Tukey HSD (Honestly Significant Difference).

La procédure du test de Tukey est la suivante :

Pour chaque $i < i'$, nous considérons l'hypothèse nulle (H_0) : $\{\mu(i) = \mu(i')\}$ contre l'hypothèse alternative (H_1) : $\{\mu(i) \neq \mu(i')\}$

Les deux commandes utilisées sous R sont `tukeyHSD(modèle, " paramètre ")` ainsi que `plot(tukeyHSD(modèle, " paramètre "))`. Nous obtenons comme représentation graphique :

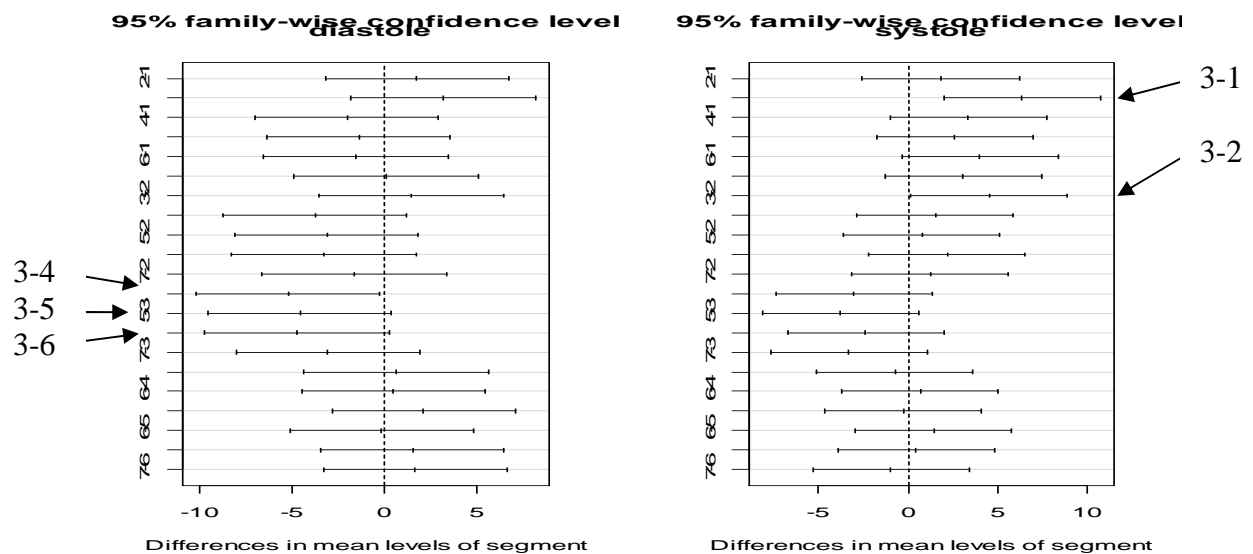


Figure 12 : Graphe représentant les différents résultats des tests de Tukey du facteur segment en distinguant les phases systole et diastole.

Ces deux graphes associés aux tests de Tukey mettent en évidence que le segment 3 est significativement différent des autres segments. La moyenne de T2 du segment 3 est supérieure; c'est ce que nous avons constaté lors de l'observation de la boîte à moustache de T2 en fonction du numéro de segment et selon la phase.

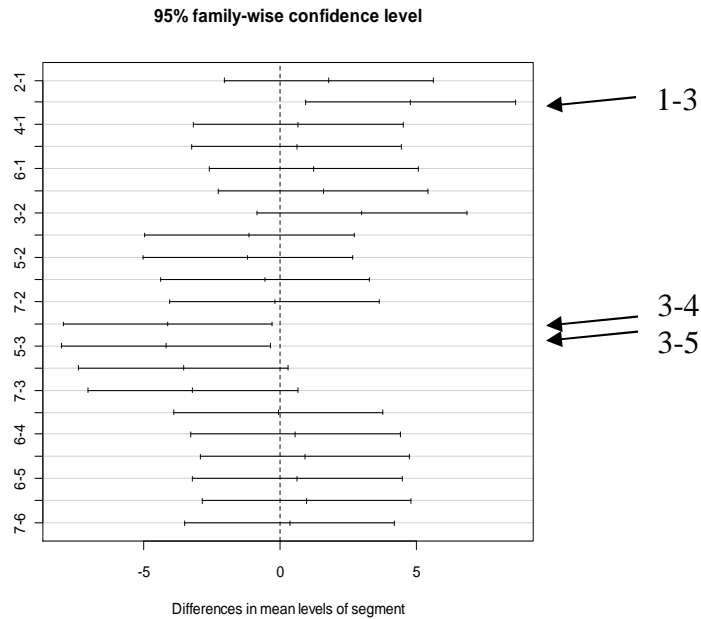


Figure 13 : Graphe représentant les résultats des différents tests de Tukey pour le facteur segment sans distinction des phases.

Pour l’analyse sans distinction entre les phases cardiaques, le segment 3 se distingue à nouveau des autres segments.

Suppression des observations 78, 79, 170 suite au graphique QQ-plot des résidus

Le modèle est inchangé, ce qui entraîne que les hypothèses sont identiques et restent valides. Seule la normalité des variables erreurs est à revoir. Nous procédons de nouveau à un test de Shapiro-Wilk et obtenons à présent une p-value égale à 0,8745. Nous acceptons alors l’hypothèse de normalité des résidus. Toutes les conditions du modèle sont vérifiées.

Analyse des résultats sans les observations 78, 79, 170

Nous relevons d’abord le coefficient de détermination $R^2_{\text{ajusté}}$ du modèle : celui-ci est de 24,25% ce qui reste relativement peu élevé pour apporter une conclusion pertinente d’un point de vue statistique bien que supérieur à celui du précédent modèle avec toutes les observations. Si nous procédons néanmoins à l’analyse des facteurs influents comme précédemment, nous trouvons, par différents tests de Fisher, les p-values suivantes :

Facteur	P-value
Phase α_i	0.9771
Segment β_j	0.00434 *
Volontaire τ_s	1.687e-05 *
Phase :Segment $(\alpha\beta)_{ij}$	0.47076
Segment :Volontaire $(\beta\tau)_{is}$	0.45369

Comme pour le précédent modèle, les facteurs “volontaire” et “segment”, en ayant une p-value inférieure au seuil $\alpha = 5\%$, sont significativement influents.

Interprétation des résultats

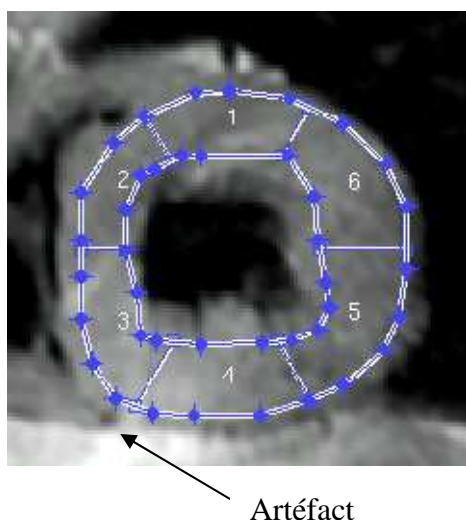
Comme nous venons de le mentionner, en nous basant sur l'indicateur de la qualité de régression $R^2_{\text{ajusté}}$, nous sommes amenés à penser que, d'un point de vue statistique, les facteurs présents dans le modèle ne semblent pas expliquer la variation du temps de relaxation T2, d'autant plus que ce précédent résultat s'est accompagné d'une suppression de trois observations pour être valable.

D'un point de vue médical, la suppression d'observations représente une perte d'information non négligeable. Rappelons-nous que le nombre de volontaires étant seulement de treize, la non prise en compte de certaines données constitue une nouvelle lacune. Ainsi, malgré l'absence de validation de la condition de normalité des variable erreurs du modèle et du faible pourcentage de la qualité de régression, les résultats des tests de Fisher qui mentionnent que le facteur "segment" influencerait la réponse T2 est une information importante. Pour approfondir davantage cette réflexion, nous avons mis en place différents tests de Tukey qui ont mis en évidence la prédominance du segment 3.

Il est capital de savoir que les segments 3 et 4 sont, en général, les segments utilisés lors de diagnostics médicaux. Ainsi la mise en évidence d'une différence significative concernant le segment 3 implique une recherche d'approfondissement des raisons qui ont pu aboutir à cette conclusion.

De manière générale, nous observons sur le graphe de *T2 en fonction du segment et selon la phase*, figure 8, une augmentation des valeurs moyennes de T2 en période diastolique des segments 1, 2, 3 (comprise entre 53 ms et 54 ms) alors que les segments 4, 5, 6 sont associés à de plus faibles valeurs (comprises entre 51ms et 53ms). Cette constatation s'explique par l'emplacement géographique des segments. En effet, les segments 4, 5 et 6 se trouvent près de graisses ou d'organes tels que le foie ou les poumons qui ont une valeur de T2 très différente de celle du cœur. Ainsi la difficulté d'acquisition d'image engendre une baisse de la qualité d'image ce qui a pour répercussion une mauvaise évaluation de la valeur de T2. Les segments 1,2 et 3, quant à eux sont plus proches des valeurs de référence de T2 (56ms [5]) et traduisent en fait un meilleur relevé des valeurs de T2.

Concernant la période systolique, la cause diffère. L'observation de l'image ci-dessous permet de mettre en évidence que le tracé de la ROI (région d'intérêt) englobe une zone de brillance, appelé artéfact, en bas à gauche de l'image, qui a perturbé et donc modifié la valeur de T2.



*Figure 14 :
Découpe du ventricule gauche en phase
systolique.*

Pour éviter cette erreur, il conviendrait de retracer les ROI de chaque image puis de recalculer les différentes valeurs de T2 dans le but de recommencer l'analyse des données.

Une seconde explication pourrait aussi expliquer la significativité du segment 3 : pouvons-nous, face au petit effectif des volontaires, nous fier aux différents tests de Fisher ? Ainsi la notion de puissance de test est évoquée : cette expérience est-elle la mise en lumière d'un phénomène médical ou bien sommes nous face à un phénomène aléatoire de faible probabilité mais mis en valeur du fait du faible effectif de l'expérience ?

3. Calcul de puissance de tests

Suite à la conclusion des précédents résultats, nous nous intéressons ici à la puissance $1-\beta$ des tests de Fisher ; β étant le risque de commettre une erreur de deuxième espèce, c'est-à-dire d'accepter à tort l'hypothèse nulle du test de Fisher. A l'aide de la commande `pwr` dans R nous allons calculer la puissance des tests de Fisher, puis le nombre idéal de sujets à inclure dans l'expérience pour obtenir une puissance de test de 80%.

Cette dernière fonction fait intervenir quatre paramètres :

- La taille de l'échantillon n
- La taille d'effet d
- L'erreur de première espèce α
- L'erreur de seconde espèce β

L'effet de taille évalue de combien on s'écarte de l'hypothèse nulle [6]. En présence de mesures répétées, elle répond à la formule suivante :

$$d = \frac{\mu(T2_{systole}) - \mu(T2_{diastole})}{\sigma}$$

Où

- μ représente la moyenne

- $\sigma = \sqrt{\sigma_{systole}^2 + \sigma_{diastole}^2 + 2 \cdot r \cdot \sigma_{systole} \sigma_{diastole}}$

r : coefficient de corrélation linéaire entre l'échantillon systole et l'échantillon diastole.

Trois de ces paramètres sont à préciser dans la fonction pour que R puisse nous renvoyer le quatrième élément souhaité.

Calcul de la puissance de test

Une fonction a été créée sous R pour renvoyer directement le résultat de la taille d'effet. Nos trois paramètres sont alors :

$$\begin{aligned}d &= -1,023 \\n &= 13\end{aligned}$$

$$\alpha = 0,05$$

Le calcul se fait uniquement à partir des données du segment 7, segment représentant l'ensemble du ventricule gauche, sinon R prend en compte les 182 données de façon indépendante et indique une puissance de test supérieure à 95%. Nous obtenons en réalité $\beta = 0,25$; ce qui signifie que la probabilité de rejeter l'hypothèse nulle à raison, et de considérer ainsi l'hypothèse alternative comme vraie, est de 25%. La puissance de test n'est pas satisfaisante.

Calcul de la taille d'échantillon

On considère que la puissance d'un test doit être au moins de 80% pour être satisfaisante. Trois nouveaux paramètres sont alors définis dans la fonction *pwr* :

$$d = -1,023$$

$$\alpha = 0,05$$

$$\beta = 0,80$$

R nous renvoie $n = 54,06$; ce qui signifie qu'il faudrait inclure 54 volontaires lors de l'expérience pour atteindre une puissance de test de 80%. Cependant, les différentes expériences menées s'inscrivent dans le cadre d'étude pilotes limitant ainsi le nombre de volontaires à intégrer. Une limite de validité dans les calculs statistiques est donc inévitable.

C. ETUDE DU MODELE COMPRENANT LES FACTEURS AGE, SEXE, TAILLE, POIDS, SEGMENT, PHASE, VOLONTAIRE.

Nous décidons de poursuivre notre raisonnement et cherchons d'autres variables qui pourraient expliquer la variation du temps de relaxation T2 sur un individu sain. Les données recueillies lors de la constitution des dossiers des volontaires nous ont permis d'analyser l'influence des facteurs sexe, âge, taille, poids. Parmi ces variables, trois sont quantitatives et seul le facteur sexe est qualitatif.

Pour cette étude, nous introduisons un modèle de régression linéaire :

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_3 + \beta_4 X_4 + \beta_5 X_5 + \beta_6 X_6 + \varepsilon$$

où X_1 est associée au facteur phase

X_2 est associée au facteur segment

X_3 est associée au facteur sexe

X_4 est associée au facteur poids

X_5 est associée au facteur taille

X_6 est associée au facteur âge

Le graphique ci-dessous représente les boîtes à moustaches des variables poids, taille, âge. R relève la présence de valeurs atypique pour le facteur âge. Compte tenu du petit effectif, nous ne prêterons pas attention à cette dernière remarque.

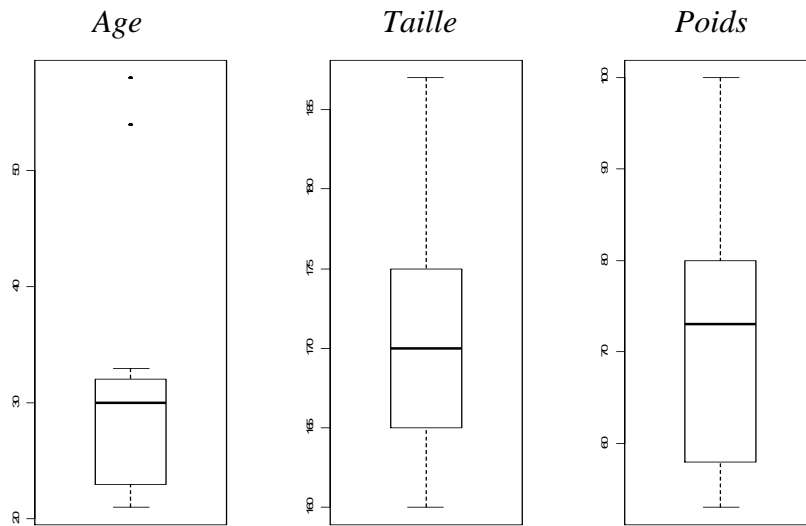


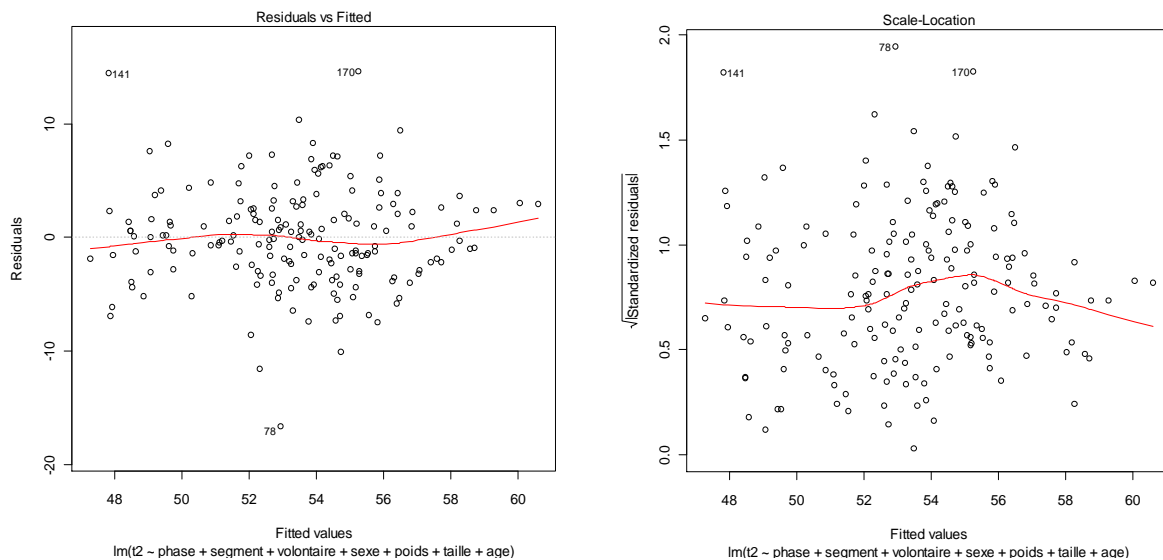
Figure 15 : Boîtes à moustache représentant les facteurs âge, taille, poids.

Hypothèses

Pour pouvoir analyser le modèle linéaire, nous devons vérifier que les variables erreurs sont indépendantes et suivent une loi normale centrée et de variance σ^2 .

-Il n'existe pas de test pour vérifier l'indépendance des erreurs mais nous supposons valide cette hypothèse compte tenu du protocole expérimental qui a été suivi. Chaque individu ne fait qu'une fois l'expérience.

-Nous ne pouvons pas effectuer le test d'égalité des variances de Bartlett du fait de l'unique observation dont nous disposons. Nous vérifions toute fois cette hypothèse par représentation graphique des valeurs prédites en fonction des résidus (i) et des résidus standardisés (ii).



Graphe (i)

Graphe (ii)

Figure 16 : Graphe des valeurs prédites en fonctions des résidus (i) et des résidus standardisés (ii).

Nous validons l'hypothèse d'homogénéité des variances des variables erreurs malgré une grande dispersion autour des courbes en rouge pour certaines données.

- Pour vérifier la normalité des résidus, nous faisons le test de Shapiro-Wilk dont le protocole est le suivant :

Hypothèses du test :

H_0 : {les variables d'erreur ε_{ij} suivent une loi normale}
contre H_1 : {les variables d'erreur ε_{ij} ne suivent pas une loi normale}

R nous renvoie une p-valeur égale à 0,2382, strictement supérieure à $\alpha = 5\%$. Nous acceptons l'hypothèse nulle H_0 avec un risque de première espèce $\alpha = 5\%$. L'hypothèse de normalité des résidus est vérifiée.

Le tracé du « QQ-Plot », permet d'illustrer graphiquement ce dernier résultat :

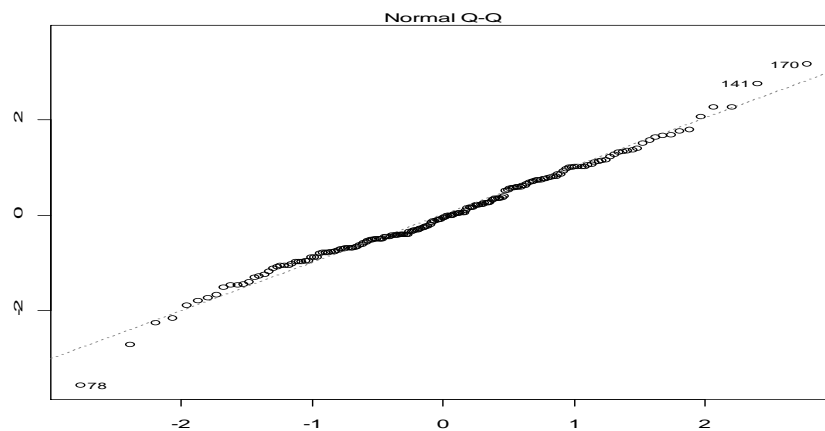


Figure 17 : QQ-plot des résidus

Analyse des résultats

Comme précédemment, nous utilisons ici la commande `summary`. Le coefficient de détermination R^2_{adj} s'élève à 15,38% ce qui indique une mauvaise qualité de régression.

Pour comprendre quels sont les facteurs qui ont le plus d'influence sur la mesure de T2, nous effectuons six tests de Fisher dont le protocole est détaillé ci-dessous :

- $(H_0) : \{\beta_1 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_1 \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_2 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_2 \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_3 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_3 \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_4 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_4 \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_5 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_5 \neq 0\}$
- $(H_0) : \{\beta_6 = 0\}$ contre $(H_1) : \{\beta_6 \neq 0\}$

Pour conclure quant à la significativité des tests, nous analysons les six p-values associées aux différents tests.

Facteur	P-value
Phase	0.4743739
Segment	0.0125570 *
Sexe	0.5167967
Poids	0.0003114 *
Taille	0.0101906 *
Age	0.0167073 *

Interprétation des résultats

Nous ne revenons pas sur l'interprétation du facteur « segment » qui est identique à la précédente étude.

Ici, trois autres facteurs sont affichés comme significativement différents : il s'agit des facteurs poids, taille, âge. L'influence des variables poids et taille s'explique par le nombre de pixels qui composent chaque segment.

En outre, il a été démontré [7] qu'il existe une corrélation entre le volume du cœur et la taille ainsi que de la corpulence d'un individu. Ainsi, plus le cœur est volumineux, plus le nombre de pixels qui composent l'image du cœur augmente. Ceci entraîne une meilleure qualité de résolution d'image et l'estimation de T2 se voit alors améliorée.

L'influence du facteur âge est plus difficile à interpréter. La taille du cœur n'augmentant que légèrement avec le vieillissement, la mise en évidence de cette variable serait alors due au faible effectif qui entraîne une faible puissance de test.

D. COMPARAISON DES VALEURS DE T2 SUR VENTRICULE GAUCHE ET DROIT EN PERIODE SYSTOLIQUE.

En raison de la finesse de ses parois, le tracé de la ROI sur le ventricule droit est très délicat. Avec le schéma ci-dessous, on peut comparer la différence d'épaisseur des parois du ventricule gauche et droit.

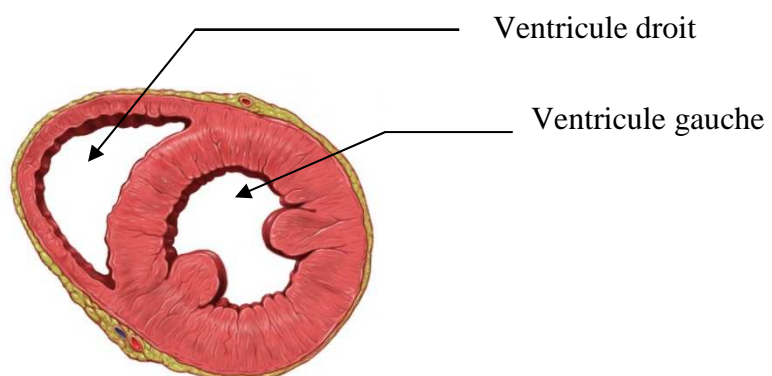


Figure 18 : Coupe transversale du cœur humain [2]

Lors de la systole, les ventricules se contractent augmentant ainsi l'épaisseur des parois des ventricules au maximum. Le ventricule droit devient alors visible. Les précédentes analyses effectuées sur le ventricule gauche n'ayant montré aucune différence significative entre la période systolique et diastolique, il est légitime de vouloir estimer des valeurs de T2 sur le ventricule droit en période de systole dans le but de les comparer avec celles réalisées sur le ventricule gauche en systole également.

Le ventricule droit n'est pas soumis à la même procédure de segmentation que le ventricule gauche. Une unique valeur de T2 est estimée sur le ventricule droit. Un exemple de ROI est donné à la figure 19.



Figure 19: Exemple de ROI sur la paroi du ventricule droit

Nous devons alors décider quel segment, parmi les sept segments possibles du ventricule gauche, il est préférable de choisir.

Nous avons vu précédemment, que pour des raisons d'anatomie, les segments 3 et 4 étaient ceux les plus utilisés dans la procédure d'un diagnostic médical. Nous faisons alors le choix d'effectuer une première comparaison des valeurs de T2 du ventricule droit avec les valeurs du segment 3 du ventricule gauche, puis une seconde avec celle du segment 4.

Exploitation de l'expérience

Après acquisition des images, les volontaires R963 et R975 ont été supprimés de l'analyse car la paroi du ventricule droit était trop fine pour tracer correctement la ROI.

De plus, concernant les volontaires R959 et R969 des données manquantes ont dû être définies. En effet, les mesures du TE7 et du S7 ne figuraient pas dans le tableau de données (difficulté lors de l'acquisition des images). Cette comparaison s'effectuera donc sur onze individus.

Hypothèses

Nous devons ici comparer deux échantillons représentant les valeurs de T2 des ventricules gauche et droit. Un test de Student est adapté à notre situation. Pour appliquer un tel test, nous devons nous assurer que chaque échantillon suit une loi gaussienne et vérifier l'homogénéité des variances des deux échantillons.

- La taille de chaque échantillon étant seulement de 11, les tests de normalité de Kolmogorov-Smirnov et Shapiro-Wilk auront une faible puissance de test. A titre indicatif, voici les p-values correspondantes à ces deux tests:

P-value correspondant au test de Kolmogorov-Smirnov	P-value correspondant au test de Shapiro-Wilk
0,951	0,945

Aucune p-value n'est inférieure au seuil $\alpha = 5\%$. Nous supposons alors la normalité de chaque échantillon.

- Pour le test d'homogénéité des variances, nous utilisons la commande *var.test* avec R.

$(H_0) : \{ \sigma_{\text{ventricule gauche}} = \sigma_{\text{ventricule droit}} \}$ contre $(H_1) : \{ \sigma_{\text{ventricule gauche}} \neq \sigma_{\text{ventricule droit}} \}$

P-value correspond au test d'égalité des variances - Segment 3	P-value correspond au test d'égalité des variances - Segment 4
0.749	0.493

Nous obtenons dans chacun des cas une p-value strictement supérieure au seuil $\alpha = 5\%$. Nous acceptons l'hypothèse nulle et supposons par conséquent l'homogénéité des variances.

Test

La procédure du test de Student est la suivante:

$(H_0) : \{ \mu_{\text{ventricule gauche}} = \mu_{\text{ventricule droit}} \}$ contre $(H_1) : \{ \mu_{\text{ventricule gauche}} \neq \mu_{\text{ventricule droit}} \}$

	Comparaison avec le segment 3	Comparaison avec le segment 4
Valeur des p-values	0,00304	0,000286

R, via la commande *var.test* nous renvoie deux p-value strictement inférieur au seuil $\alpha = 5\%$. Les tests sont significatifs. Nous décidons de rejeter l'hypothèse nulle H_0 et d'accepter l'hypothèse alternative H_1 avec un risque de première espèce $\alpha = 5\%$.

Interprétation

Il y a une différence significative entre les T2 relevés sur le ventricule droit et le ventricule gauche. Cependant, étant donné le faible effectif contenu dans chaque échantillon, il est difficile d'affirmer avec certitude cette conclusion. De plus, des contraintes techniques ont été mentionnées par le praticien lors de cette étude : mauvaise élimination du sang sur l'image et difficultés à distinguer le ventricule droit de la graisse sous péricardique. Par conséquent, ces résultats sont à considérer avec précaution.

E. CONCLUSION ET LIMITE DE VALIDITE DE L'ETUDE GENERALE

Les résultats obtenus sur le ventricule gauche ne permettent pas de mettre en évidence de différence de T2 entre les différents segments conventionnés pas l'AHA ni entre les acquisitions en systole et diastole. On peut alors supposer équivalentes les acquisitions effectuées en période systolique et diastolique. Ainsi, les patients ayant un rythme cardiaque élevé verront leur IRM cardiaque acquis en phase systolique plutôt que diastolique.

Tous ces résultats dépendent cependant d'une condition essentielle: la variation du rythme cardiaque, au cours de l'acquisition, ne doit pas être trop importante sous peine de provoquer d'autres problèmes d'estimation de valeur de T2.

Une dernière stratégie pour la réalisation d'imagerie d'organes en mouvement n'a pas encore été mentionnée dans ce rapport mais est pratiquée au cours des différentes expériences. Pour palier aux mouvements respiratoires et diminuer ainsi le nombre d'artéfacts sur l'image, il est généralement demandé au patient, si son état clinique le lui permet, d'effectuer une apnée. Or, au cours d'une apnée, le rythme cardiaque varie et est loin d'être supposé constant. Cette remarque n'ayant pas été prise en compte lors des précédentes expériences, il existe un risque non négligeable d'une mauvaise quantification de la valeur de T2. Cependant, d'autres travaux ont permis de mettre en évidence une allure générale du rythme cardiaque lors d'une apnée. Ainsi, si une courbe de référence est modélisable, une correction pourrait être apportée.

L'objet de cette troisième partie va être, après mise en place d'une méthode d'importation des données de Matlab vers R, d'exploiter statistiquement un travail effectué sur la variabilité du rythme cardiaque au cours d'apnées inspiratoires afin d'en tirer un modèle de référence. L'apnée inspiratoire peut se définir par une apnée réalisée après une inspiration.

3^{ème} Partie : Mise en place d'une méthode pour l'importation de données Matlab dans le but d'exploiter la variabilité du rythme cardiaque en apnée.

I. IMPORTATION DE DONNEES DE MATLAB SOUS R.

Une grande majorité du personnel du laboratoire IADI et du CIC-IT travaille avec le logiciel Matlab, très utile dans le traitement d'images et la manipulation de données bioinformatiques. Cependant, ce logiciel, bien que possédant des bibliothèques mathématiques, est incomplet dans le traitement statistique de données. Il devient alors essentiel de pouvoir importer directement des données de Matlab sous R pour une meilleure gestion statistique des mesures.

Pour importer des données depuis Matlab [8], un certain nombre de packages est nécessaire à télécharger sous R :

- R.methodsS3
- R.oo
- R.matlab

Avant de pouvoir utiliser des données sous R, celles-ci doivent être décompressées. Deux solutions sont possibles : soit le téléchargement de fichiers zip permettant de décompresser directement les données depuis R. Cette méthode est peu appréciable ici compte tenu du fait de l'existence de différents types de systèmes informatiques au sein du laboratoire: linux, Windows, Mac, qui verront ce type de fichier propre à chacun système. La deuxième méthode, plus générale, consiste à enregistrer les données de Matlab sous forme non compressée en tapant la commande suivante sous ce dernier logiciel :

```
save -v6 nom.du.fichier
```

Il suffit ensuite d'utiliser la fonction `readMat()` dans R afin d'importer ces données sous R.

II. RECHERCHE D'UNE METHODE POUR LA MISE EN PLACE D'UN MODELE DE REFERENCE.

Il est possible aujourd'hui de représenter le potentiel électrique de l'activité musculaire du cœur graphiquement grâce à un examen ECG (ElectroCardioGramme). Le tracé de l'exercice électrique du cœur comporte plusieurs ondes remarquables. L'une d'elles, appelée onde R, correspond à la contraction des ventricules gauche et droit. Un rythme cardiaque dit "régulier" se caractérise par plusieurs paramètres tels qu'une distance RR constante. La figure 20 permet d'illustrer un tel rythme cardiaque.

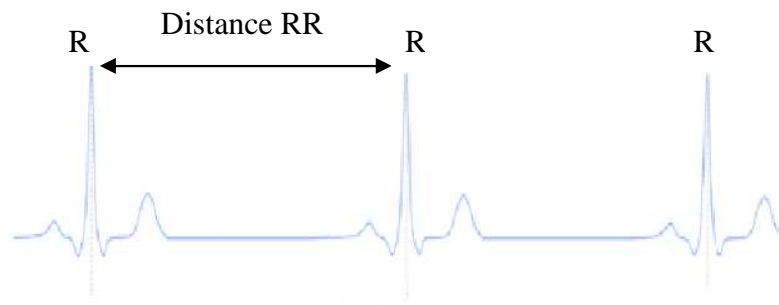


Figure 20: Représentation d'un ECG régulier.

Objectif et limite de l'étude

Lors d'une apnée inspiratoire, c'est-à-dire une apnée provoquée après une inspiration, il a été remarqué que la distance RR variait et ne restait pas constante. Néanmoins, une analogie de l'évolution de la distance RR est observable comme nous le montre la figure 21.

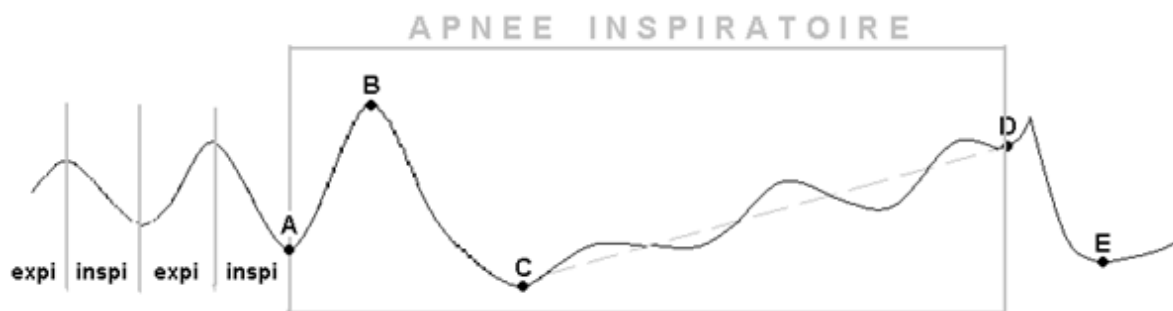


Figure 21: Allure temporelle de l'évolution de la distance RR au cours d'une apnée inspiratoire.

La prédiction de l'évolution du temps RR permettrait d'apporter une correction avant examen IRM et améliorerait alors la qualité d'image. Dans le but d'approfondir cette réflexion, une expérience, portant sur la variabilité de la distance RR, a été réalisée en 2009 [9]. Les données étant enregistrées sous Matlab, nous avons pu facilement les importer sous R.

Initialement, treize volontaires ont été inclus pour cette expérience. A chacun d'entre eux, il a été demandé la provocation d'une apnée après avoir inspiré. Lors de l'acquisition des IRM cardiaques, certaines images ont été supprimées car trop mauvaises pour être analysées. Ainsi sur les vingt six apnées prévues, seulement dix-sept ont été retenues. De plus, la suppression de ces images n'a pas été notifiée, si bien qu'il est impossible de définir si le jeu de données dont nous disposons possède deux apnées pour un même volontaire, si une des deux apnées effectuées a été écartée ou si un volontaire a été complètement retiré de l'expérience. La variabilité inter-sujets ne peut être prise en compte ici et pose une limite dans une analyse statistique des données. Suite à ce constat, il m'a alors été proposé de traiter les dix-sept apnées comme indépendantes (c'est-à-dire, de considérer que l'expérience comporte dix-sept volontaires) et de développer une méthode permettant l'obtention d'un modèle de référence.

Méthode

Cette partie a constitué pour moi une phase de recherche dans le but d'extraire un modèle de référence parmi les dix-sept apnées retenues. Sur le graphe si dessous, nous pouvons observer l'évolution de la distance RR au cours du temps après normalisation des données pour les dix-sept apnées.

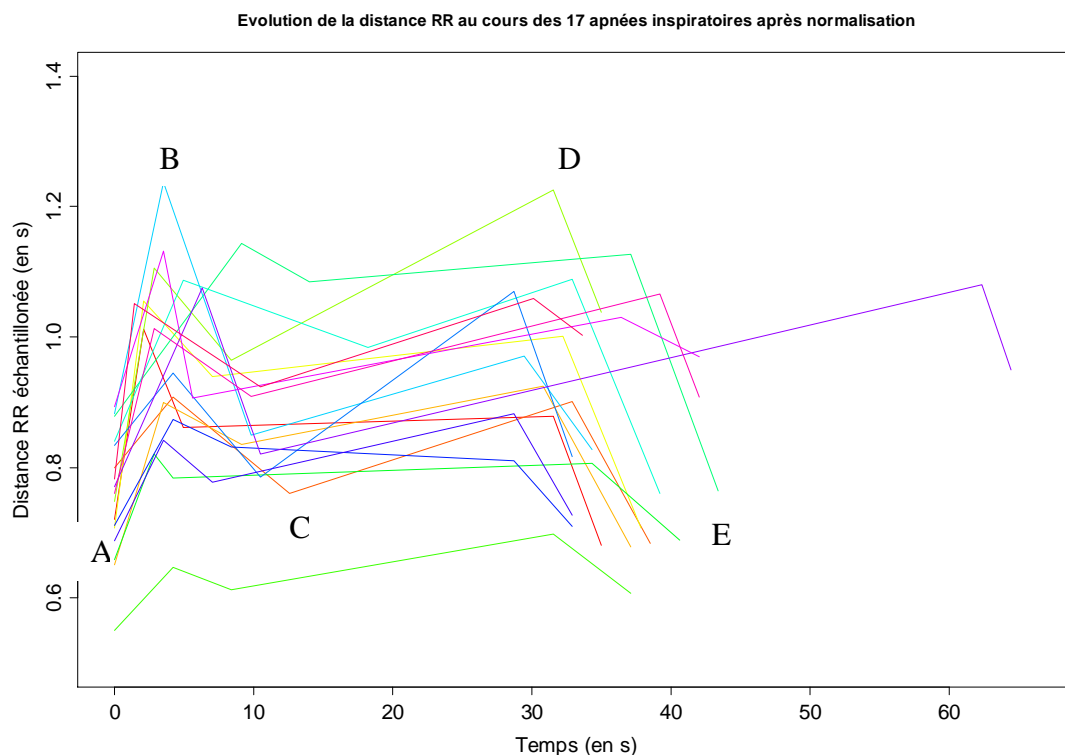


Figure 22: Evolution de la distance RR au cours des dix-sept apnées inspiratoires après normalisation.

L'abscisse "temps" correspond au temps de l'apnée tenue par le volontaire. Elle est donc propre à chaque volontaire. On retrouve également les points caractéristiques mentionnés sur la figure 21.

On remarque aisément qu'une allure générale se dessine. Il nous vient alors à l'idée de regrouper ces différentes courbes selon plusieurs critères: la distance entre les courbes, leur coefficient directeur et la longueur des quatre segments [10].

La Classification Ascendante Hiérarchique [11] est une méthode qui va nous permettre de répartir nos dix-sept volontaires dans un certain nombre de classes. Elle suppose l'utilisation d'un indice d'agrégation et d'un calcul de distance. Nous utiliserons ici la distance moyenne pour critère d'agrégation et la distance euclidienne pour le calcul de distance.

Initialement chaque individu forme une classe, soit dix-sept classes, et le but est de réduire ce nombre. A chaque étape, les deux classes les plus proches (en termes de distance euclidienne) sont fusionnées. Pour cela, nous calculons la matrice dite des "distances" qui nous est renvoyée par R, après centrage de nos données, par à la commande `mat=dist(centrage, method="euclidean", diag=F, upper=F)`.

Pour permettre la visualisation de ces regroupements, le graphique associé à cette méthode est un dendrogramme.

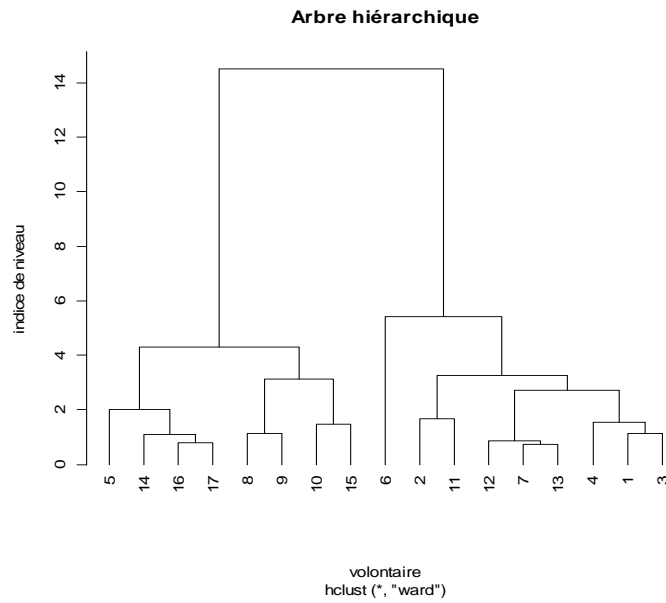


Figure 23: Dendrogramme binaire.

Nous définissons un niveau de coupure (en rouge ci-dessous) de telle sorte que les différents niveaux d'agrégation soient peu élevés. En procédant de cette manière, on peut espérer obtenir une partition de bonne qualité. Nous avons ici quatre classes que nous pouvons également récupérer par la fonction *cutree* sous R.

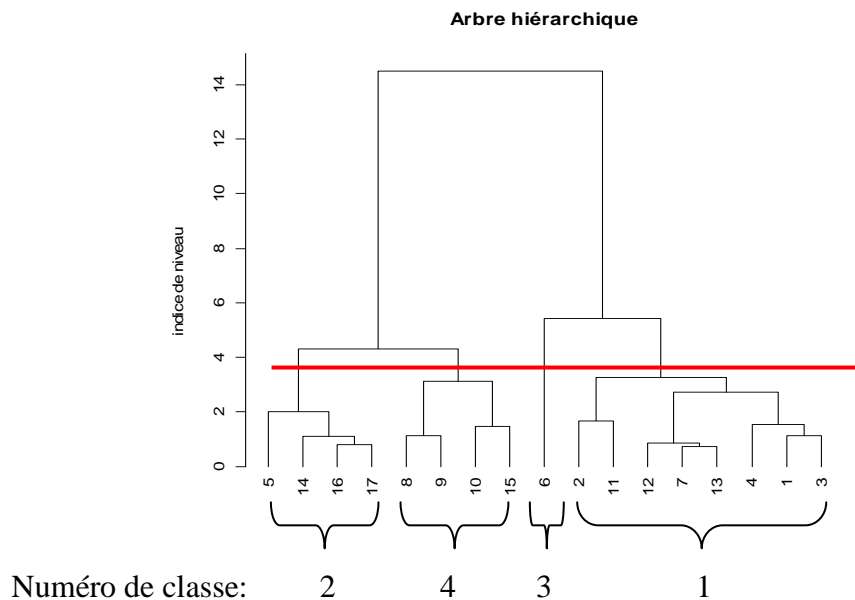


Figure 24

L'illustration des classes se fait ensuite sur un plan A.C.P (Analyse en Composantes Principales) qui permet d'explorer toutes les corrélations entre variables et les ressemblances entre individus.

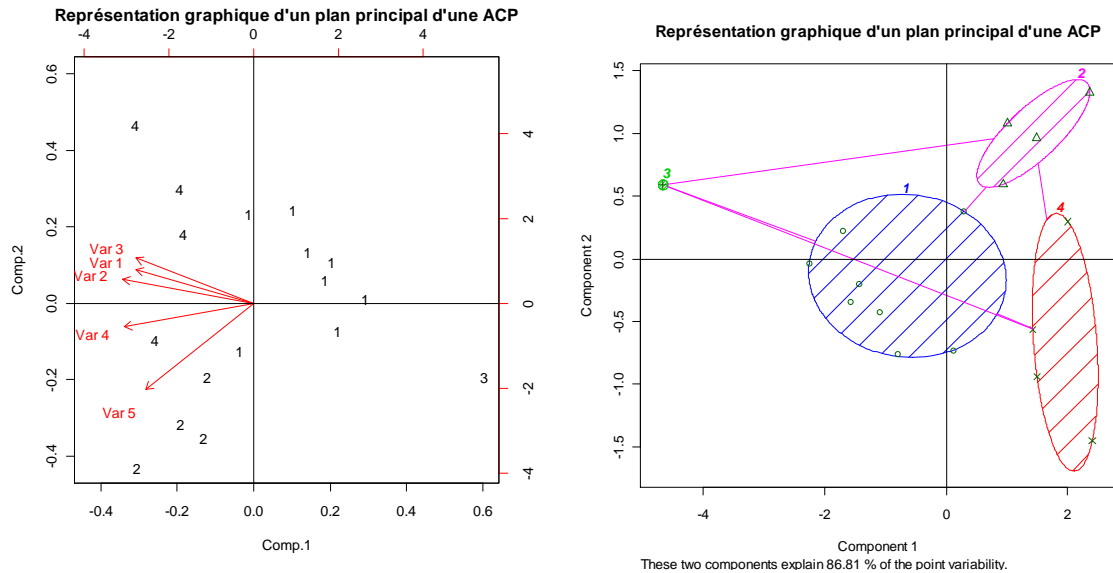


Figure 25: Deux exemples de représentation graphique d'un plan principal d'une ACP.

Interprétation

L'arbre hiérarchique ne semble pas nous aider quant à la définition d'un modèle de référence du fait de la présence d'une quasi symétrie. Nous remarquons seulement que la classe 1 est celle comportant le plus de volontaires, le modèle de référence pourrait être trouvé dans cette classe. Nous voyons également que le volontaire 6 se distingue assez nettement des autres volontaires ce qui s'observe aussi sur les deux représentations graphiques du plan principal A.C.P. Une analyse complémentaire serait souhaitable en supprimant ce volontaire.

Faute de temps et de connaissances plus approfondies, l'objectif qui était de déterminer un modèle de référence n'a pu aboutir.

Remarque: Il est placé en annexe les calculs annoncés sur la longueur des différents segments ainsi que leurs coefficients directeurs.

CONCLUSION

Les principaux objectifs qui m'ont été confiés étaient tout d'abord de comprendre les mécanismes de la technologie IRM afin de mieux cerner le contexte des différentes études à entreprendre. Pour la première étude qui portait sur l'influence de la période systolique sur le temps de relaxation T2, aucune différence significative n'a été constatée. Ce résultat a appuyé l'hypothèse qu'il est possible de prendre en compte l'estimation de T2 au cours de la période systolique sur le ventricule gauche ce qui facilite le diagnostic chez les personnes présentant une pulsation cardiaque élevée. La seconde analyse comprenait des facteurs classiques (sexe, âge, taille, poids) mais a seulement révélé qu'un cœur plus volumineux avait une représentation image de meilleure qualité. Enfin, la dernière analyse qui avait pour but la comparaison du temps T2, en période systolique, sur le ventricule gauche et droit a révélé des différences significatives. Cependant, compte tenu du faible effectif inclus pour cette expérience, une réserve quant à la véracité de ces résultats peut être émise.

La seconde partie de mon travail s'est accompagné d'une phase de recherche dans le but d'apporter un modèle de référence sur la variabilité du rythme cardiaque au cours d'une apnée inspiratoire. A l'aide de la méthode de classification ascendante hiérarchique, des regroupements entre volontaires ont pu être effectués, déterminant ainsi des classes mais sans aboutir à un modèle de référence comme il a été prévu.

D'un point de vue plus personnel, ce stage s'est révélé comme une expérience très enrichissante. Face à la complexité du fonctionnement IRM et à mes connaissances limitées dans le domaine médical, et plus particulièrement sur le fonctionnement du cœur, le travail d'équipe s'est révélé être un aspect fondamental pour que je puisse apporter un travail complet et précis. Le CIC-IT et le laboratoire IADI ayant pour intérêt commun une bonne collaboration, ce travail d'équipe s'est produit d'autant plus naturellement.

Comme mentionné tout au long de ce rapport, les analyses statistiques effectuées à partir d'études pilotes (c'est-à-dire à faible effectif) ont été restreintes quant à une interprétation plus statistique. Toutefois, j'ai pu accroître mes compétences sur la maîtrise du logiciel R. D'autres difficultés telles que le délai d'attente pour l'obtention de jeux de données, la confrontation à des mesures réelles et non fictives ou encore la communication de mes connaissances m'ont fait prendre en compte de la dimension du travail au sein d'un laboratoire de recherche. Ainsi, cette expérience n'a fait que confirmer mes choix d'orientation professionnelle vers l'application des méthodes statistiques dans le domaine des sciences du vivant.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] D. Hoa, *L'irm Pas a Pas: Edition Noir & Blanc*, Campus Medica/ Sauramps médical. 2007.
- [2] « Cœur - Wikipédia ». [Online]. Available: <http://fr.wikipedia.org/wiki/C%C5%93ur>. [Accessed: 04-août-2011].
- [3] B. Fernandez, « Techniques Adaptatives pour l'Imagerie par Résonance Magnétique des Organes en Mouvement. », Université Henri Poincaré.
- [4] L. Hammen, *Développement d'une interface flexible pour la mesure quantitative du temps de relaxation T2 en IRM*. Nancy: , 2009.
- [5] P. Marie, « Detection and Prediction of Acute Heart Transplant Rejection With the Myocardial T2 Determination Provided by a Black-Blood Magnetic Resonance Imaging Sequence ». mars-2001.
- [6] S. Champely, « Tests statistiques paramétriques: Puissance taille d'effet et taille d'échantillon (sous R) ». 17-févr-2006.
- [7] D. Mandry, « Correlation between cardiac and vascular remodeling in middle aged subjects with abdominal obesity. » .
- [8] P. L. de Micheaux, R. Drouilhet, et B. Liquet, *Le logiciel R: Maîtriser le langage, Effectuer des analyses statistiques*. Springer, 2010.
- [9] M. deRoquefeuil, *Synchronisation adaptative en IRM cardiaque*. Nancy: .
- [10] J. M. Loubes, « Classification de courbes par apprentissage ». .
- [11] F. G. Carpentier, « Classification Ascendante Hiérarchique ». 2005-2004.
- [12] E. Paradis, « R pour les débutants ». .
- [13] « Introduction. / Le langage. / Aide mémoire R. ».

ANNEXES

1. Lexique

2. Code pour le logiciel R

LEXIQUE

Pour faciliter la lecture et la compréhension de ce manuscrit, certains termes techniques sont rappelés ici :

IRM : Imagerie par résonance magnétique. Ce terme a remplacé celui de Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) car le mot nucléaire prêtait à confusion.

Signal : Le principe de l'IRM est la résonance des noyaux atomiques placés dans un champ magnétique intense. Soumis à une excitation par une onde de radiofréquence, les noyaux vont résonner, c'est-à-dire réémettre une onde radio. Cette onde est captée par une antenne comme un signal dont l'intensité et l'évolution dans le temps dépendent de la nature physico-chimique de l'atome et du type de la séquence utilisée.

TE : Temps d'Écho. Il n'est pas possible d'enregistrer le signal de résonance naturellement émis par un tissu. Cependant il est possible de créer des échos de cette onde qui peuvent être recueillis par l'antenne. Cet écho est caractérisé par le temps TE, temps entre l'excitation et le moment où il survient.

TR : Temps de Répétition, temps écoulé entre deux excitations successives. Plusieurs excitations des noyaux d'hydrogène par une onde de radiofréquence sont souvent nécessaires pour réaliser une séquence complète.

T2 : Type de pondération d'une séquence caractérisée par un signal élevé des liquides biologiques comme les lésions œdémateuses ou nécrotiques riches en eau. Ainsi, elles sont souvent plus sensibles dans la détection des images pathologiques. Pour les obtenir, l'utilisateur choisit des paramètres TE et TR longs, ce qui en fait des séquences relativement lentes.

Plans de coupes : Plans de l'espace possibles pour une étude par IRM.

Systole : Phase du cycle cardiaque pendant laquelle les parties du cœur se contractent dans le but d'éjecter le sang vers le système circulatoire.

Diastole : Phase du cycle cardiaque pendant laquelle toutes les parties du cœur se relâchent pour permettre le remplissage des ventricules.

ECG: Représentation graphique du potentiel électrique qui commande l'activité musculaire du cœur.

Onde R: Onde remarquable sur un ECG. Elle témoigne de l'activation électrique des ventricules.

CODE POUR R

```
##### ##### 1ère PARTIE ##### #####
```

```
#####
```

```
# Importation des données
```

```
##### ##### DONNEES POUR SYSTOLE ##### #####
```

```
pat1<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat2<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat3<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat4<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat5<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat6<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat7<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat8<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat9<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat10<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat11<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat12<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat13<-read.csv(file.choose(), header = F)
```

```
pat1$id="R957"
pat2$id="R959"
pat3$id="R961"
pat4$id="R963"
pat5$id="R966"
pat6$id="R967"
pat7$id="R968"
pat8$id="R969"
pat9$id="R971"
pat10$id="R972"
pat11$id="R974"
pat12$id="R975"
pat13$id="R976"
```

```
> tab_sys = as.data.frame(rbind(pat1_sys,pat2_sys,pat3_sys, pat4_sys,pat5_sys,
pat6_sys,pat7_sys,pat8_sys,pat9_sys,pat10_sys,pat11_sys,pat12_sys,pat13_sys))
```

```
>names(tab_sys)
```

```
[1] "v1" "v2" "v3" "v4" "v5" "v6" "v7" "v8" "v9" "v10" "v11" "v12" "v13" "v14" "v15" "v16" "v17"
"v18" "v19" "v20"
```

```
> names(tab_sys)=c("segment","t2","r2","nb_pixels","te1","te2","te3","te4","te5","te6","te7",
"cs1","s1","s2","s3","s4","s5","s6","s7","volontaire")
```

DONNEES SUR LE DIASTOLE

```
pat1_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat2_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat3_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat4_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat5_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat6_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat7_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat8_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat9_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat10_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat11_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat12_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
pat13_dias<-read.csv(file.choose(), header = F)
```

```
pat1_dias$Id="R957"
pat2_dias$Id="R959"
pat3_dias$Id="R961"
pat4_dias$Id="R963"
pat5_dias$Id="R966"
pat6_dias$Id="R967"
pat7_dias$Id="R968"
pat8_dias$Id="R969"
pat9_dias$Id="R971"
pat10_dias$Id="R972"
pat11_dias$Id="R974"
pat12_dias$Id="R975"
pat13_dias$Id="R976"
```

```
> tab_dias=as.data.frame(rbind(pat1_dias, pat2_dias, pat3_dias, pat4_dias,pat5_dias, pat6_dias,
pat7_dias, pat8_dias, pat9_dias, pat10_dias, pat11_dias, pat12_dias, pat13_dias))
```

```
>names(tab_dias)
```

```
[1] "v1" "v2" "v3" "v4" "v5" "v6" "v7" "v8" "v9" "v10" "v11" "v12" "v13" "v14" "v15" "v16" "v17"
"v18" "v19" "v20"
```

```
>names(tab_dias)=c("segment","t2","r2","nb_pixels","te1","te2","te3","te4","te5","te6","te7","cst","s1",
,"s2","s3","s4","s5","s6","s7","volontaire")
```

```
>save(tab_sys,tab_dias, file = "SysEtDias.RData")
```

```
# Saisie des données sexe, âge, taille, poids.
```

```
>age=2011-c(1978,1981,1988,1957,1981,1988,1981,1988,1990,1983,1982,1979,1953)
```

```
>sexe=factor(c("F","F","H","F","H","F","H","H","F","f","H","F","H"))
```

```
>taille=c(177,170,181,165,187,160,173,170,170,160,175,172,163)
```

```
>poids=c(58,63,73,91,100,55,80,73,53,54,80,61,77)
```

```
> par(mfrow=c(1,3))
```

```
> boxplot(table_dias$age)
```

```
> title("Age")
```

```
>
```

```
> boxplot(table_dias$taille)
```

```
> title("Taille")
```

```
>
> boxplot(table_dias$poids)
> title("Poids")
```

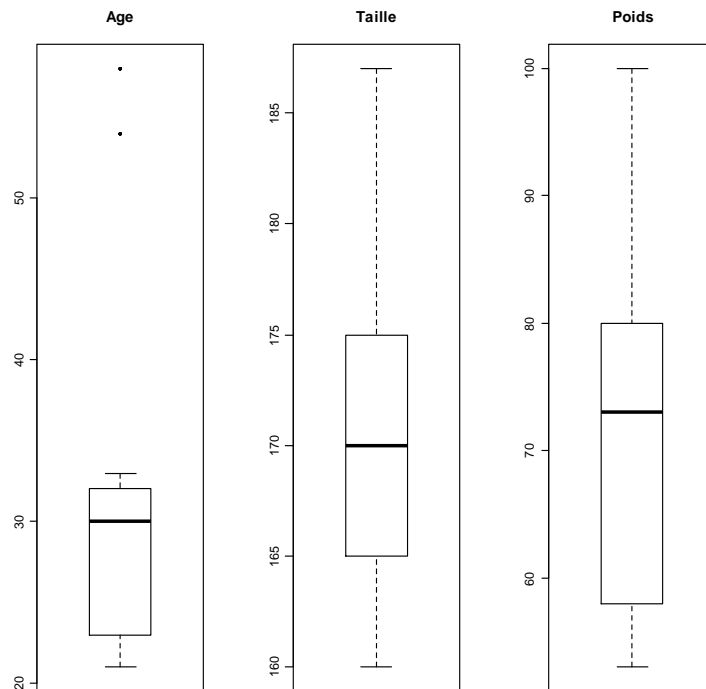


Figure 1

```
##### ##### CONCATENATION EN UNE TABLE ##### #####
```

```
> unique(tab_dias$volontaire)
[1] "R957" "R959" "R961" "R963" "R966" "R967" "R968" "R969" "R971" "R972" "R974"
"R975" "R976"
```

```
>volontaire = unique(tab_sys$volontaire)
>length(volontaire)
13
```

```
## Création de deux tables en fonctions de systole et diastole
```

```
>table = data.frame(volontaire,age,sexe,taille,poids)
> table_sys=merge(tab_sys,table,by.xy="volontaire")
> table_dias=merge(tab_dias,table,by.xy="volontaire")
```

```
> save(tab_sys,table_sys,tab_dias,table_dias, file = "Sys_Dias.RData")
```

```
## Concaténation en une table
```

```
> table_sys$phase="systole"
> table_dias$phase="diastole"
> tab=rbind(table_sys,table_dias)
> tab
```


140	R968	7 50.939 0.99324	2677 9.296 18.592 27.888 41.832
141	R969	1 62.318 0.95497	737 9.424 18.848 28.272 37.696
142	R969	2 57.803 0.97255	592 9.424 18.848 28.272 37.696
143	R969	3 51.722 0.97224	817 9.424 18.848 28.272 37.696
144	R969	4 49.059 0.95955	669 9.424 18.848 28.272 37.696
145	R969	5 49.795 0.95661	719 9.424 18.848 28.272 37.696
146	R969	6 56.688 0.96869	780 9.424 18.848 28.272 37.696
147	R969	7 53.522 0.96922	4314 9.424 18.848 28.272 37.696
148	R971	1 59.226 0.86910	348 9.184 18.368 32.144 41.328
149	R971	2 54.298 0.89765	380 9.184 18.368 32.144 41.328
150	R971	3 52.762 0.89963	361 9.184 18.368 32.144 41.328
151	R971	4 59.932 0.86653	334 9.184 18.368 32.144 41.328
152	R971	5 52.368 0.93764	280 9.184 18.368 32.144 41.328
153	R971	6 53.736 0.87570	367 9.184 18.368 32.144 41.328
154	R971	7 56.486 0.89695	2070 9.184 18.368 32.144 41.328
155	R972	1 46.407 0.98549	249 9.264 18.528 27.792 41.688
156	R972	2 48.561 0.99129	291 9.264 18.528 27.792 41.688
157	R972	3 52.651 0.99649	357 9.264 18.528 27.792 41.688
158	R972	4 47.406 0.99093	301 9.264 18.528 27.792 41.688
159	R972	5 48.704 0.98792	317 9.264 18.528 27.792 41.688
160	R972	6 52.916 0.98055	215 9.264 18.528 27.792 41.688
161	R972	7 49.740 0.99622	1730 9.264 18.528 27.792 41.688
162	R974	1 53.469 0.99706	472 9.280 18.560 27.840 41.760
163	R974	2 52.303 0.97876	562 9.280 18.560 27.840 41.760
164	R974	3 57.990 0.97525	560 9.280 18.560 27.840 41.760
165	R974	4 52.401 0.86804	391 9.280 18.560 27.840 41.760
166	R974	5 51.046 0.95980	478 9.280 18.560 27.840 41.760
167	R974	6 50.524 0.98631	440 9.280 18.560 27.840 41.760
168	R974	7 53.644 0.98691	2903 9.280 18.560 27.840 41.760
169	R975	1 63.857 0.87184	383 9.328 18.656 27.984 41.976
170	R975	2 69.870 0.83436	468 9.328 18.656 27.984 41.976
171	R975	3 61.931 0.91894	544 9.328 18.656 27.984 41.976
172	R975	4 60.356 0.90019	462 9.328 18.656 27.984 41.976
173	R975	5 53.954 0.85296	411 9.328 18.656 27.984 41.976
174	R975	6 47.809 0.94935	484 9.328 18.656 27.984 41.976
175	R975	7 59.209 0.90128	2752 9.328 18.656 27.984 41.976
176	R976	1 54.569 0.98992	564 9.136 18.272 31.976 41.112
177	R976	2 49.434 0.99440	629 9.136 18.272 31.976 41.112
178	R976	3 57.806 0.99198	684 9.136 18.272 31.976 41.112
179	R976	4 55.991 0.98318	541 9.136 18.272 31.976 41.112
180	R976	5 48.649 0.95581	547 9.136 18.272 31.976 41.112
181	R976	6 46.871 0.98255	548 9.136 18.272 31.976 41.112
182	R976	7 52.099 0.99072	3513 9.136 18.272 31.976 41.112

te5	te6	te7	cst	s1	s2	s3	s4	s5	s6												
1	48.720	58.464	68.208	-1	1632.40	1218.00	1110.90	750.85	775.86	574.55	22	51.392	60.736	70.080	-1	1318.90	1066.30	957.98	696.77	613.76	469.78
2	48.720	58.464	68.208	-1	1688.00	1332.70	1072.60	846.00	782.02	640.45	23	51.392	60.736	70.080	-1	1324.30	1086.40	892.85	691.76	600.43	501.46
3	48.720	58.464	68.208	-1	1608.20	1263.50	1041.50	898.61	810.69	643.38	24	51.392	60.736	70.080	-1	1182.30	1059.10	903.01	693.16	600.20	551.04
4	48.720	58.464	68.208	-1	1325.60	1127.30	993.98	894.73	828.76	508.12	25	51.392	60.736	70.080	-1	1142.90	1041.40	891.16	678.13	550.11	515.28
5	48.720	58.464	68.208	-1	1322.40	1183.20	1013.60	875.64	808.24	537.99	26	51.392	60.736	70.080	-1	1016.60	974.18	866.50	578.86	489.90	459.74
6	48.720	58.464	68.208	-1	1469.10	1194.00	1015.50	841.91	720.44	491.88	27	51.392	60.736	70.080	-1	1047.10	996.46	914.54	639.56	562.95	497.50
7	48.720	58.464	68.208	-1	1458.10	1208.70	1033.80	852.60	788.73	559.93	28	51.392	60.736	70.080	-1	1161.40	1035.10	908.29	655.67	572.23	502.06
8	50.688	59.904	69.120	-1	1430.60	1092.20	837.30	762.09	588.63	544.03	29	52.096	61.568	71.040	-1	1152.70	916.57	788.86	603.00	450.76	415.51
9	50.688	59.904	69.120	-1	1282.70	1066.40	782.93	734.07	583.02	498.81	30	52.096	61.568	71.040	-1	988.90	854.10	695.52	555.48	397.11	380.52
10	50.688	59.904	69.120	-1	1175.30	929.62	824.57	718.17	590.11	536.25	31	52.096	61.568	71.040	-1	926.50	775.70	674.00	627.45	380.84	393.20
11	50.688	59.904	69.120	-1	1159.90	880.72	697.68	681.92	562.77	467.16	32	52.096	61.568	71.040	-1	757.95	682.21	579.12	529.61	315.80	340.37
12	50.688	59.904	69.120	-1	1178.60	884.59	609.50	644.43	475.16	442.27	33	52.096	61.568	71.040	-1	738.65	619.92	537.99	459.03	318.61	308.80
13	50.688	59.904	69.120	-1	1399.40	983.38	774.50	719.76	559.37	502.11	34	52.096	61.568	71.040	-1	953.23	847.37	788.99	647.72	428.15	410.97
14	50.688	59.904	69.120	-1	1279.20	980.37	756.39	705.38	559.94	498.62	35	52.096	61.568	71.040	-1	893.96	757.90	658.24	559.44	373.56	366.91
15	48.160	57.792	72.240	-1	1128.80	964.71	756.33	693.37	591.65	496.53	36	50.336	59.488	68.640	-1	1584.60	1250.70	987.63	792.34	660.49	596.67
16	48.160	57.792	72.240	-1	1125.40	918.72	750.01	662.98	564.64	449.29	37	50.336	59.488	68.640	-1	1487.30	1229.70	974.83	797.06	671.43	600.73
17	48.160	57.792	72.240	-1	1108.20	927.79	843.52	694.31	585.30	481.21	38	50.336	59.488	68.640	-1	1388.70	1175.80	849.57	768.25	678.17	693.76
18	48.160	57.792	72.240	-1	1046.60	865.59	703.91	606.86	489.89	366.32	39	50.336	59.488	68.640	-1	1258.90	1069.40	784.96	659.02	575.81	552.15
19	48.160	57.792	72.240	-1	935.70	798.22	744.72	548.53	414.71	316.85	40	50.336	59.488	68.640	-1	1380.60	1146.20	843.97	746.93	633.97	644.40
20	48.160	57.792	72.240	-1	972.39	919.31	706.23	590.10	483.87	446.77											
21	48.160	57.792	72.240	-1	1063.10	914.96	757.71	638.26	523.73	427.36											

age	sexe	taille	poids	phase
1	F	177	58	systole
2	F	177	58	systole
3	F	177	58	systole
4	F	177	58	systole
5	F	177	58	systole
6	F	177	58	systole
7	F	177	58	systole
8	F	170	63	systole
9	F	170	63	systole
10	F	170	63	systole
11	F	170	63	systole
12	F	170	63	systole
13	F	170	63	systole
14	F	170	63	systole
15	H	181	73	systole
16	H	181	73	systole
17	H	181	73	systole
18	H	181	73	systole
19	H	181	73	systole
20	H	181	73	systole
21	H	181	73	systole
22	F	165	91	systole
23	F	165	91	systole
24	F	165	91	systole
25	F	165	91	systole
26	F	165	91	systole
27	F	165	91	systole
28	F	165	91	systole
29	H	187	100	systole
30	H	187	100	systole
31	H	187	100	systole
32	H	187	100	systole
33	H	187	100	systole
34	H	187	100	systole
35	H	187	100	systole
36	F	160	55	systole
37	F	160	55	systole
38	F	160	55	systole
39	F	160	55	systole
40	F	160	55	systole
41	F	160	55	systole
42	F	160	55	systole
43	H	173	80	systole
44	H	173	80	systole
45	H	173	80	systole
46	H	173	80	systole
47	H	173	80	systole
48	H	173	80	systole
49	H	173	80	systole
50	H	170	73	systole
51	H	170	73	systole
52	H	170	73	systole
53	H	170	73	systole
54	H	170	73	systole
55	H	170	73	systole
56	H	170	73	systole
57	F	170	53	systole
58	F	170	53	systole
59	F	170	53	systole
60	F	170	53	systole
61	F	170	53	systole
62	F	170	53	systole
63	F	170	53	systole
64	F	160	54	systole
65	F	160	54	systole
66	F	160	54	systole
67	F	160	54	systole
68	F	160	54	systole
69	F	160	54	systole
70	F	160	54	systole
71	H	175	80	systole
72	H	175	80	systole
73	H	175	80	systole
74	H	175	80	systole
75	H	175	80	systole
76	H	175	80	systole
77	H	175	80	systole
78	F	172	61	systole
79	F	172	61	systole
80	F	172	61	systole
81	F	172	61	systole
82	F	172	61	systole
83	F	172	61	systole
84	F	172	61	systole
85	H	163	77	systole
86	H	163	77	systole
87	H	163	77	systole
88	H	163	77	systole
89	H	163	77	systole
90	H	163	77	systole
91	H	163	77	systole
92	F	177	58	diastole
93	F	177	58	diastole
94	F	177	58	diastole
95	F	177	58	diastole
96	F	177	58	diastole
97	F	177	58	diastole
98	F	177	58	diastole
99	F	170	63	diastole
100	F	170	63	diastole
101	F	170	63	diastole
102	F	170	63	diastole
103	F	170	63	diastole
104	F	170	63	diastole
105	F	170	63	diastole
106	H	181	73	diastole
107	H	181	73	diastole
108	H	181	73	diastole
109	H	181	73	diastole
110	H	181	73	diastole
111	H	181	73	diastole
112	H	181	73	diastole
113	F	165	91	diastole
114	F	165	91	diastole
115	F	165	91	diastole
116	F	165	91	diastole
117	F	165	91	diastole
118	F	165	91	diastole
119	F	165	91	diastole
120	H	187	100	diastole
121	H	187	100	diastole
122	H	187	100	diastole
123	H	187	100	diastole
124	H	187	100	diastole
125	H	187	100	diastole
126	H	187	100	diastole
127	F	160	55	diastole
128	F	160	55	diastole
129	F	160	55	diastole
130	F	160	55	diastole
131	F	160	55	diastole
132	F	160	55	diastole
133	F	160	55	diastole
134	H	173	80	diastole
135	H	173	80	diastole
136	H	173	80	diastole
137	H	173	80	diastole
138	H	173	80	diastole
139	H	173	80	diastole
140	H	173	80	diastole
141	H	170	73	diastole
142	H	170	73	diastole
143	H	170	73	diastole
144	H	170	73	diastole
145	H	170	73	diastole
146	H	170	73	diastole

```

147 331.67 23 H 170 73 diastole
148 706.96 21 F 170 53 diastole
149 769.87 21 F 170 53 diastole
150 887.22 21 F 170 53 diastole
151 914.00 21 F 170 53 diastole
152 721.29 21 F 170 53 diastole
153 723.19 21 F 170 53 diastole
154 792.63 21 F 170 53 diastole
155 657.38 28 F 160 54 diastole
156 635.09 28 F 160 54 diastole
157 596.81 28 F 160 54 diastole
158 493.61 28 F 160 54 diastole
159 434.37 28 F 160 54 diastole
160 502.84 28 F 160 54 diastole
161 552.27 28 F 160 54 diastole
162 417.60 29 H 175 80 diastole
163 397.58 29 H 175 80 diastole
164 339.31 29 H 175 80 diastole
165 351.58 29 H 175 80 diastole
166 372.73 29 H 175 80 diastole
167 419.71 29 H 175 80 diastole
168 383.06 29 H 175 80 diastole
169 557.57 32 F 172 61 diastole
170 606.04 32 F 172 61 diastole
171 562.52 32 F 172 61 diastole
172 479.52 32 F 172 61 diastole
173 400.42 32 F 172 61 diastole
174 451.51 32 F 172 61 diastole
175 512.45 32 F 172 61 diastole
176 345.21 58 H 163 77 diastole
177 294.91 58 H 163 77 diastole
178 289.18 58 H 163 77 diastole
179 241.08 58 H 163 77 diastole
180 212.85 58 H 163 77 diastole
181 253.02 58 H 163 77 diastole
182 272.24 58 H 163 77 diastole

```

```
> save(tab_sys,table_sys,tab_dias,table_dias,tab, file = "Sys_Dias.RData")
```

```
#####
```

```
##### VERIFICATION DES ESTIMATIONS T2 #####
```

```
# Ajout d'une colonne T2.estimé dans le tableau tab
```

```
> tab$t2estime=1
```

```
> i=NULL
```

```
>
```

```
> te=numeric()
```

```
> s=numeric()
```

```
>
```

```
> for(i in 1:182){
```

```
+
```

```
+ te=as.numeric(unique(tab[i,6:12]))
```

```
+ s=as.numeric(tab[i,14:20])
```

```
+
```

```
+ mod=nls(s~a*exp(-te/t2),start=list(a=1500,t2=50))
```

```
+ co=coef(mod)
```

```
+ tab$t2estime[i]=co[2]
```

```
+
```

```
+ }
```

```
> head(tab,10)
volontaire segment t2 r2 nb_pixels te1 te2 te3 te4 te5
1 R957 1 50.937 0.95236 651 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
2 R957 2 52.183 0.97286 516 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
3 R957 3 56.969 0.98065 547 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
4 R957 4 62.210 0.94913 598 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
5 R957 5 60.773 0.96616 723 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
6 R957 6 50.674 0.99065 612 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
7 R957 7 56.923 0.98931 3647 9.744 19.488 29.232 38.976 48.720
8 R959 8 50.627 0.98594 695 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688
9 R959 9 53.550 0.99395 577 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688
10 R959 10 63.111 0.98007 517 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688
te6 te7 cst s1 s2 s3 s4 s5 s6 s7 age sexe
1 58.464 68.208 -1 1632.4 1218.00 1110.90 750.85 775.86 574.55 599.86 33 F
2 58.464 68.208 -1 1688.0 1332.70 1072.60 846.00 782.02 640.45 638.84 33 F
3 58.464 68.208 -1 1608.2 1263.50 1041.50 898.61 810.69 643.38 618.68 33 F
4 58.464 68.208 -1 1325.6 1127.30 993.98 894.73 828.76 508.12 485.15 33 F
5 58.464 68.208 -1 1322.4 1183.20 1013.60 875.64 808.24 537.99 467.60 33 F
6 58.464 68.208 -1 1469.1 1194.00 1015.50 841.91 720.44 491.88 478.12 33 F
7 58.464 68.208 -1 1458.1 1208.70 1033.80 852.60 788.73 559.93 537.93 33 F
8 59.904 69.120 -1 1430.6 1092.20 837.30 762.09 588.63 544.03 431.84 30 F
9 59.904 69.120 -1 1282.7 1066.40 782.93 734.07 583.02 498.81 414.36 30 F
10 59.904 69.120 -1 1175.3 929.62 824.57 718.17 590.11 536.25 407.87 30 F
taille poids phase t2estimate
1 177 58 systole 50.93797
2 177 58 systole 52.18253
3 177 58 systole 56.96856
4 177 58 systole 62.20832
5 177 58 systole 60.77163
6 177 58 systole 50.67489
7 177 58 systole 56.92138
8 170 63 systole 50.62665
9 170 63 systole 53.55150
10 170 63 systole 63.11327
```

```
# Comparaison T2 estimé par R et Matlab.
```

```
> round(tab$t2==tab$t2estimate,10)
[1] 0000000000000000000000000000000000000000000000000000000
[40] 0000000000000000000000000000000000000000000000000000000
[79] 0000000000000000000000000000000000000000000000000000000
[118] 00000000000000000000000000000000000000000000000000000000
[157] 0000000000000000000000000000000000000000000000000000000
```

```
## Conclusion: pas de problème d'estimation de T2.
```

```
#####
```

```
##### MODELE STATISTIQUE AVEC SEGMENT ET PHASE #####
```

```
# Graphe des données
```

```
> library(lattice)
> bwplot(tab$t2~tab$segment|tab$phase,xlab="segment", ylab="T2 (en ms)",main="Graphe de T2 en fonction du numéro de segment et selon la phase", col="red")
```

Graphe de T2 en fonction du numéro de segment et selon la phase

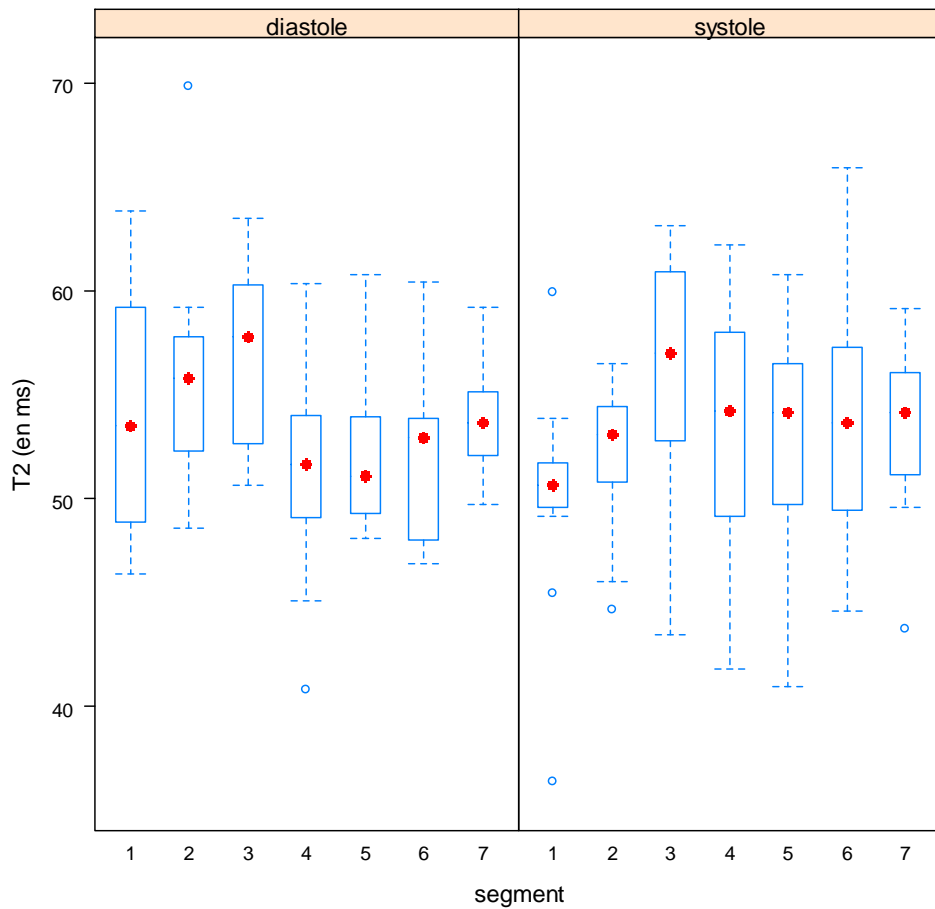


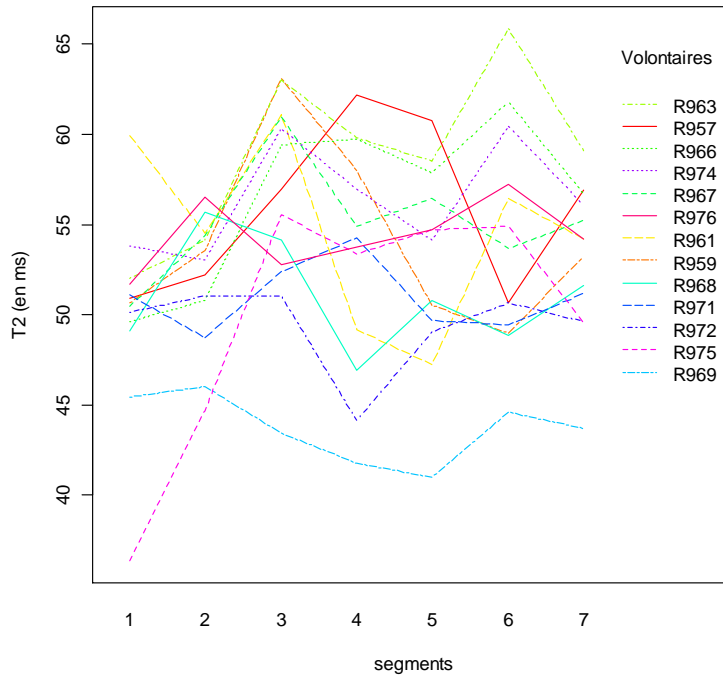
Figure 2

```
> interaction.plot( table_sys$segment,table_sys$volontaire,table_sys$t2,
  xlab="segments",ylab="T2",
  col=rainbow(13),
  main="graphe des interactions en systole",
  trace.label="Volontaires")
```

```
>x11()
```

```
> interaction.plot( table_dias$segment,table_dias$volontaire,table_dias$t2,
  xlab="segments",ylab="T2 ",
  col=rainbow(13),
  main="graphe des interactions en diastole",
  trace.label="Volontaires")
```

graphe des interactions en systole



graphe des interactions en diastole

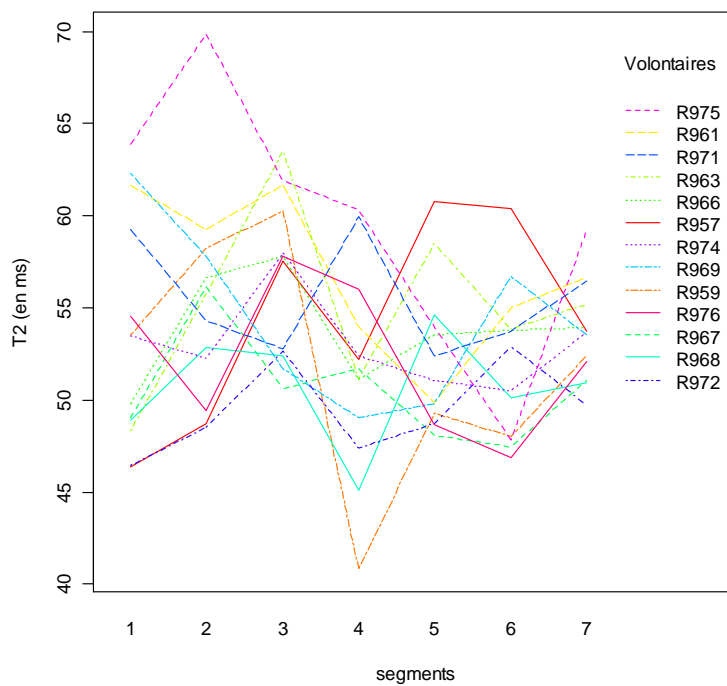


Figure 3

```
> options(contrasts=c("contr.sum", "contr.poly"))
> tab$phase=as.factor(tab$phase)
> tab$segment=as.factor(tab$segment)
> tab$volontaire=as.factor(tab$volontaire)

>summary(aov(t2~phase*segment +Error(volontaire/(segment*phase)),data=tab))
```

```
Error: volontaire
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
```

Residuals 12 976.06 81.338

Error: volontaire:phase

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
phase	1	11.63	11.626	0.134	0.7207
Residuals	12	1040.94	86.745		

Error: volontaire:segment

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
segment	6	380.6	63.434	3.6608	0.003149 **
Residuals	72	1247.6	17.328		

Signif. Codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Error: volontaire:segment:phase

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
segment:phase	6	200.34	33.390	2.451	0.03262 *
Residuals	72	980.83	13.623		

Signif. Codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
>modele=lm(t2~ phase+segment+volontaire+segment :phase+ segment :volontaire,data=tab)
```

```
### Vérification des condition
```

```
# Graphe du modèle
```

```
> par(mfrow=c(2,2))
```

```
> plot(modele)
```

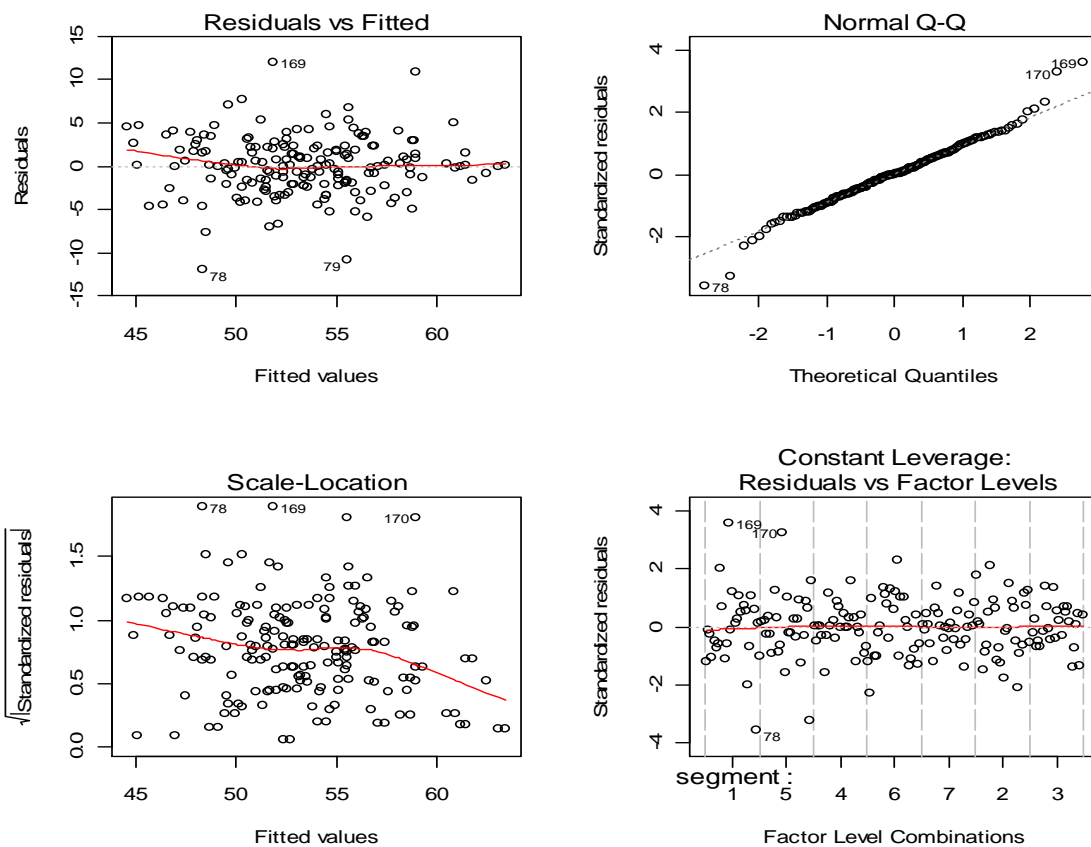


Figure 4

```
> res=residuals(modele)
```

```
# Test de normalité
```

```
> shapiro.test(res)
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: res
```

```
W = 0.9809, p-value = 0.01354
```

```
### Analyse du modèle
```

```
> summary(modele)
```

```
Call:
```

```
lm(formula = t2 ~ phase + segment + volontaire + segment:phase +  
    segment:volontaire, data = tab)
```

```
Residuals:
```

```
    Min     1Q  Median     3Q     Max  
-11.981 -2.067  0.000  2.067  11.981
```

```
Coefficients:
```

```
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
```

(Intercept)	53.39565	0.36366	146.830	< 2e-16	***
phase1	0.25275	0.36366	0.695	0.488962	
segment1	-1.52088	0.89077	-1.707	0.091446	.
segment2	0.26458	0.89077	0.297	0.767180	
segment3	3.25520	0.89077	3.654	0.000448	***
segment4	-0.85496	0.89077	-0.960	0.339914	
segment5	-0.91757	0.89077	-1.030	0.305926	
segment6	-0.28730	0.89077	-0.323	0.747851	
volontaire1	1.63057	1.25974	1.294	0.199086	
volontaire2	-0.49936	1.25974	-0.396	0.692814	
volontaire3	2.35121	1.25974	1.866	0.065472	.
volontaire4	3.65814	1.25974	2.904	0.004708	**
volontaire5	1.78328	1.25974	1.416	0.160592	
volontaire6	-0.52493	1.25974	-0.417	0.677961	
volontaire7	-2.53015	1.25974	-2.008	0.047806	*
volontaire8	-4.33308	1.25974	-3.440	0.000909	***
volontaire9	-0.13843	1.25974	-0.110	0.912758	
volontaire10	-3.96515	1.25974	-3.148	0.002279	**
volontaire11	1.32935	1.25974	1.055	0.294333	
volontaire12	1.32335	1.25974	1.050	0.296503	
phase1:segment1	1.52641	0.89077	1.714	0.090294	.
phase1:segment2	1.46410	0.89077	1.644	0.103990	
phase1:segment3	-0.08267	0.89077	-0.093	0.926277	
phase1:segment4	-1.17075	0.89077	-1.314	0.192320	
phase1:segment5	-0.49052	0.89077	-0.551	0.583325	
phase1:segment6	-1.27009	0.89077	-1.426	0.157621	
segment1:volontaire1	-4.84534	3.08572	-1.570	0.120118	
segment2:volontaire1	-4.83280	3.08572	-1.566	0.121066	
segment3:volontaire1	-1.02741	3.08572	-0.333	0.739996	
segment4:volontaire1	3.02274	3.08572	0.980	0.330101	
segment5:volontaire1	6.65836	3.08572	2.158	0.033799	*
segment6:volontaire1	0.79909	3.08572	0.259	0.796297	
segment1:volontaire2	0.70209	3.08572	0.228	0.820565	
segment2:volontaire2	2.74113	3.08572	0.888	0.376901	
segment3:volontaire2	5.54402	3.08572	1.797	0.075983	.
segment4:volontaire2	-2.64083	3.08572	-0.856	0.394531	
segment5:volontaire2	-2.09921	3.08572	-0.680	0.498186	
segment6:volontaire2	-4.09398	3.08572	-1.327	0.188187	
segment1:volontaire3	6.56452	3.08572	2.127	0.036320	*
segment2:volontaire3	0.85156	3.08572	0.276	0.783250	
segment3:volontaire3	2.36645	3.08572	0.767	0.445290	
segment4:volontaire3	-3.33640	3.08572	-1.081	0.282685	
segment5:volontaire3	-6.28929	3.08572	-2.038	0.044677	*
segment6:volontaire3	0.24595	3.08572	0.080	0.936662	
segment1:volontaire4	-5.34641	3.08572	-1.733	0.086832	.
segment2:volontaire4	-2.37787	3.08572	-0.771	0.443104	
segment3:volontaire4	2.97552	3.08572	0.964	0.337671	
segment4:volontaire4	-0.73833	3.08572	-0.239	0.811477	
segment5:volontaire4	2.36729	3.08572	0.767	0.445129	
segment6:volontaire4	3.09302	3.08572	1.002	0.319046	
segment1:volontaire5	-3.95805	3.08572	-1.283	0.203126	
segment2:volontaire5	-1.71851	3.08572	-0.557	0.579060	
segment3:volontaire5	0.16237	3.08572	0.053	0.958159	
segment4:volontaire5	1.10753	3.08572	0.359	0.720555	
segment5:volontaire5	1.44614	3.08572	0.469	0.640529	
segment6:volontaire5	2.89137	3.08572	0.937	0.351436	
segment1:volontaire6	-1.60484	3.08572	-0.520	0.604373	
segment2:volontaire6	2.12020	3.08572	0.687	0.493911	
segment3:volontaire6	-0.34741	3.08572	-0.113	0.910627	
segment4:volontaire6	1.29024	3.08572	0.418	0.676917	
segment5:volontaire6	0.32786	3.08572	0.106	0.915638	
segment6:volontaire6	-2.00741	3.08572	-0.651	0.517113	
segment1:volontaire7	-0.33262	3.08572	-0.108	0.914416	
segment2:volontaire7	3.16242	3.08572	1.025	0.308374	
segment3:volontaire7	-0.83620	3.08572	-0.271	0.787064	
segment4:volontaire7	-4.00504	3.08572	-1.298	0.197865	
segment5:volontaire7	2.72907	3.08572	0.884	0.378994	
segment6:volontaire7	-1.07070	3.08572	-0.347	0.729471	
segment1:volontaire8	6.33331	3.08572	2.052	0.043238	*
segment2:volontaire8	2.58935	3.08572	0.839	0.403774	
segment3:volontaire8	-4.73027	3.08572	-1.533	0.129045	
segment4:volontaire8	-2.78412	3.08572	-0.902	0.369500	
segment5:volontaire8	-2.76750	3.08572	-0.897	0.372350	
segment6:volontaire8	1.87423	3.08572	0.607	0.545232	
segment1:volontaire9	3.42466	3.08572	1.110	0.270234	
segment2:volontaire9	-1.99880	3.08572	-0.648	0.518909	

segment3:volontaire9	-3.93091	3.08572	-1.274	0.206211	
segment4:volontaire9	4.68174	3.08572	1.517	0.132964	
segment5:volontaire9	-1.30964	3.08572	-0.424	0.672344	
segment6:volontaire9	-1.38141	3.08572	-0.448	0.655537	
segment1:volontaire10	0.36388	3.08572	0.118	0.906410	
segment2:volontaire10	0.09192	3.08572	0.030	0.976307	
segment3:volontaire10	-0.85070	3.08572	-0.276	0.783464	
segment4:volontaire10	-2.80904	3.08572	-0.910	0.365250	
segment5:volontaire10	0.35557	3.08572	0.115	0.908537	
segment6:volontaire10	2.64980	3.08572	0.859	0.392933	
segment1:volontaire11	0.44788	3.08572	0.145	0.884944	
segment2:volontaire11	-2.31008	3.08572	-0.749	0.456168	
segment3:volontaire11	1.17030	3.08572	0.379	0.705449	
segment4:volontaire11	0.80696	3.08572	0.262	0.794337	
segment5:volontaire11	-1.21493	3.08572	-0.394	0.694781	
segment6:volontaire11	1.04080	3.08572	0.337	0.736735	
segment1:volontaire12	-3.10112	3.08572	-1.005	0.317788	
segment2:volontaire12	2.27692	3.08572	0.738	0.462639	
segment3:volontaire12	0.77030	3.08572	0.250	0.803480	
segment4:volontaire12	2.98996	3.08572	0.969	0.335344	
segment5:volontaire12	0.52257	3.08572	0.169	0.865927	
segment6:volontaire12	-3.07820	3.08572	-0.998	0.321357	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 4.906 on 84 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.5821, Adjusted R-squared: 0.09954

F-statistic: 1.206 on 97 and 84 DF, p-value: 0.1895


```
> summary(aov(modele))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
phase	1	11.63	11.626	0.4830	0.4889622
segment	6	380.60	63.434	2.6355	0.0216547 *
volontaire	12	976.06	81.338	3.3794	0.0004738 ***
phase:segment	6	200.34	33.390	1.3873	0.2292611
segment:volontaire	72	1247.61	17.328	0.7199	0.9232215
Residuals	84	2021.77	24.069		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
> momo=aov(t2~ segment+phase+volontaire, data=tab)
```

```
> momod=aov(t2~ segment+volontaire, data=tab_dias)
```

```
> momos=aov(t2~ segment+volontaire, data=tab_sys)
```

```
> par(mfrow=c(1,2))
```

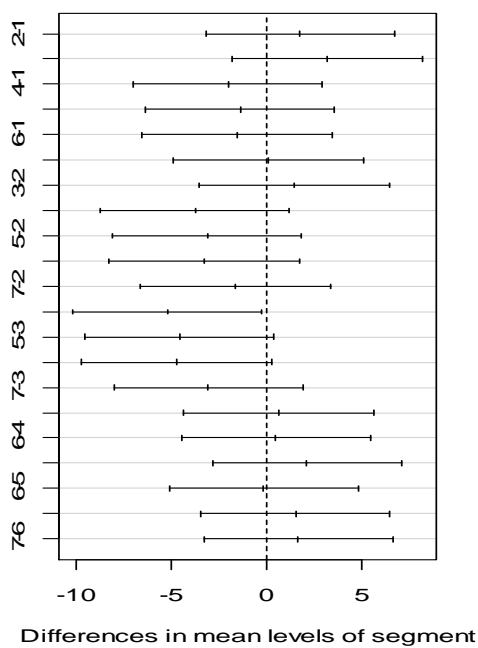
```
> plot(TukeyHSD(momod, "segment"), main="diastole")
```

```
> plot(TukeyHSD(momos, "segment"), main="systole")
```

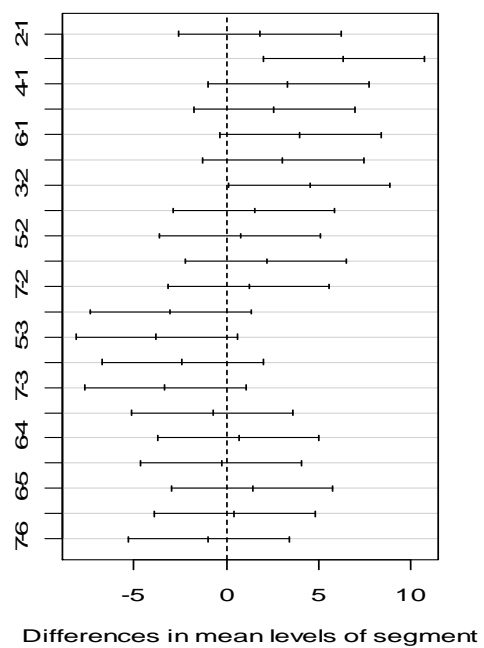
```
> x11()
```

```
> plot(TukeyHSD(momo, "segment"))
```

95% family-wise confidence level
diastole



95% family-wise confidence level
systole



95% family-wise confidence level

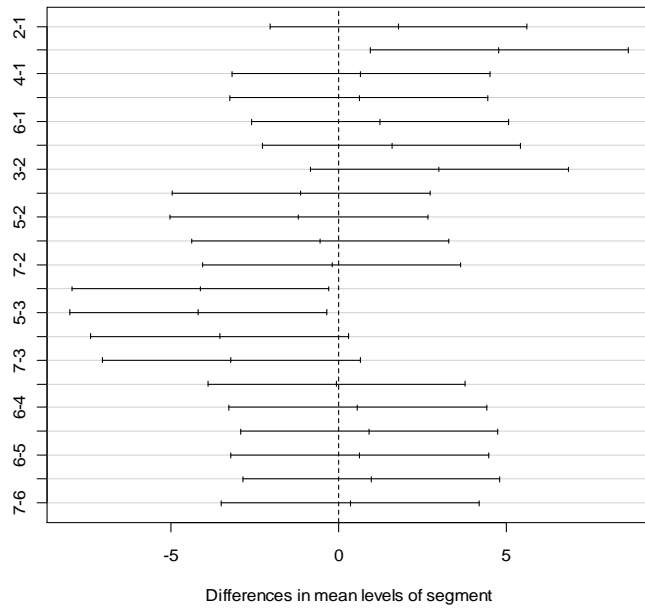


Figure 6

```
> modbis=lm(t2[-c(78,169,170)]~ segment[-c(78,169,170)] + phase[-c(78,169,170)] +volontaire[-c(78,169,170)] + (segment:phase)[-c(78,169,170)] + (segment:volontaire)[-c(78,169,170)] , + data=tab)
```

```
> # Graphe
> par(mfrow=c(2,2))
> plot(modbis)
```

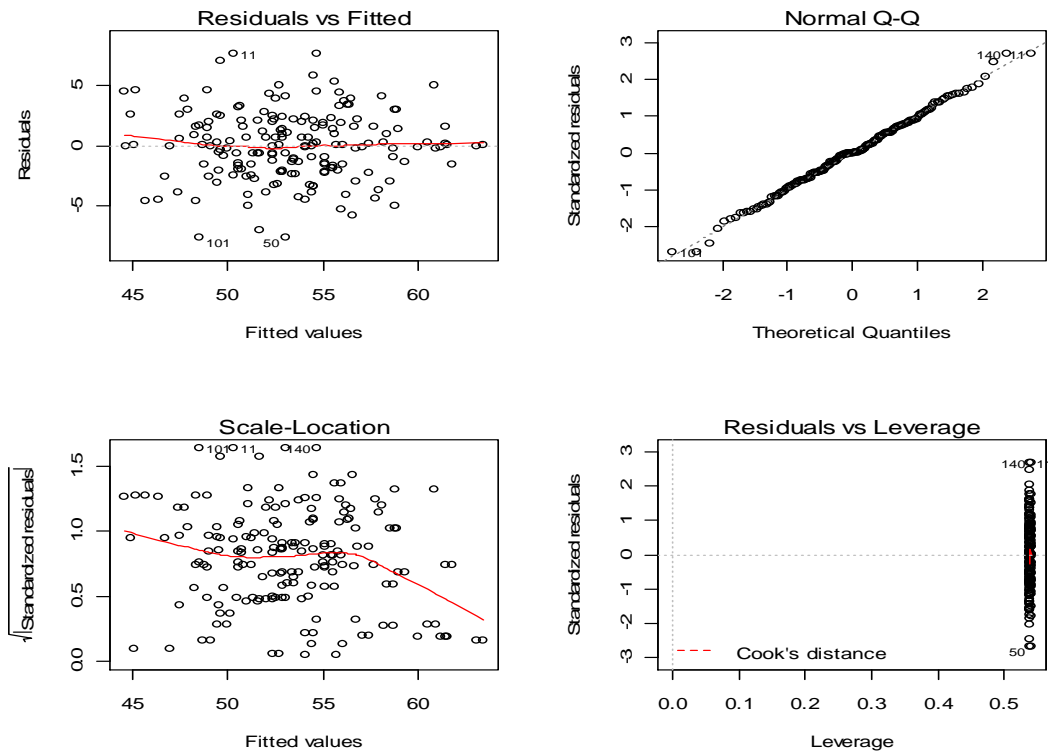


Figure 7

```
> resbis=residuals(modbis)
>
> # Test de normalité
> shapiro.test(resbis)
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data: resbis
W = 0.9955, p-value = 0.8745
```

```
> summary(modbis)
```

```
Call:
lm(formula = t2[-c(78, 169, 170)] ~ phase[-c(78, 169, 170)] + segment[-c(78, 169, 170)] +
  volontaire[-c(78, 169, 170)] + (segment:phase)[-c(78, 169, 170)] +
  (segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)], data = tab)
```

```
Residuals:
   Min    1Q  Median    3Q   Max
-7.707 -1.932  0.000  1.932  7.707
```

```
Coefficients: (25 not defined because of singularities)
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    53.3918    0.4229 126.238 <2e-16 ***
segment[-c(78, 169, 170)]1    9.9667    24.0989  0.414  0.6803
```

segment[-c(78, 169, 170)]2	-3.7386	5.9185	-0.632	0.5293	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]46	-2.9485	7.2927	-0.404	0.6870
segment[-c(78, 169, 170)]3	-0.7796	5.9122	-0.132	0.8954	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]47	3.4880	7.2927	0.478	0.6337
segment[-c(78, 169, 170)]4	-0.1210	5.9122	-0.020	0.9837	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]48	-3.6870	7.2927	-0.506	0.6145
segment[-c(78, 169, 170)]5	-4.0047	5.9122	-0.677	0.5001	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]49	0.0685	7.2927	0.009	0.9925
segment[-c(78, 169, 170)]6	-2.8312	4.0354	-0.702	0.4849	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]50	2.6910	5.9545	0.452	0.6525
phase[-c(78, 169, 170)]1	-1.0173	0.8257	-1.232	0.2215	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]51	NA	NA	NA	NA
volontaire[-c(78, 169, 170)]1	1.7058	2.8969	0.589	0.5576	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]52	8.8945	7.2927	1.220	0.2261
volontaire[-c(78, 169, 170)]2	-0.8027	2.8969	-0.277	0.7824	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]53	0.5155	7.2927	0.071	0.9438
volontaire[-c(78, 169, 170)]3	1.7983	2.8969	0.621	0.5365	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]54	-3.4250	7.2927	-0.470	0.6399
volontaire[-c(78, 169, 170)]4	3.5348	2.8969	1.220	0.2259	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]55	4.8020	7.2927	0.658	0.5121
volontaire[-c(78, 169, 170)]5	1.7023	2.8969	0.588	0.5584	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]56	3.8385	7.2927	0.526	0.6001
volontaire[-c(78, 169, 170)]6	-0.4537	2.8969	-0.157	0.8759	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]57	2.5680	7.2927	0.352	0.7256
volontaire[-c(78, 169, 170)]7	-2.3272	2.8969	-0.803	0.4241	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]58	4.8375	7.2927	0.663	0.5090
volontaire[-c(78, 169, 170)]8	-4.9982	2.8969	-1.725	0.0882	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]59	0.2090	7.2927	0.029	0.9772
volontaire[-c(78, 169, 170)]9	0.2258	2.8969	0.078	0.9381	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]60	0.6375	7.2927	0.087	0.9306
volontaire[-c(78, 169, 170)]10	-3.9167	2.8969	-1.352	0.1801	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]61	2.6185	7.2927	0.359	0.7205
volontaire[-c(78, 169, 170)]11	1.7283	2.8969	0.427	0.6702	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]62	1.1875	7.2927	0.163	0.8711
volontaire[-c(78, 169, 170)]12	0.7928	2.6511	0.299	0.7657	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]63	3.3645	5.9545	0.565	0.5736
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]1	-0.8011	2.6329	-0.304	0.7617	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]64	NA	NA	NA	NA
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]2	-4.3973	3.8877	-1.131	0.2613	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]65	3.2715	5.9545	0.549	0.5842
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]3	3.6529	2.3837	1.532	0.1293	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]66	-1.2430	5.9545	-0.209	0.8352
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]4	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]67	3.3465	5.9545	0.562	0.5756
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]5	2.3748	2.3355	1.017	0.3122	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]68	5.7640	5.9545	0.968	0.3359
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]6	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]69	5.5200	5.9545	0.927	0.3566
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]7	0.1987	2.3355	0.085	0.9324	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]70	0.4690	5.9545	0.079	0.9374
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]8	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]71	1.2740	5.9545	0.214	0.8311
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]9	1.5592	2.3355	0.668	0.5063	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]72	5.0870	5.9545	0.854	0.3954
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]10	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]73	0.8020	5.9545	0.135	0.8932
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]11	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]74	5.1490	5.9545	0.865	0.3897
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]12	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]75	3.6795	5.9545	0.618	0.5383
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]13	NA	NA	NA	NA	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]76	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]1	-13.8051	23.9764	-0.576	0.5663	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]77	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]2	-7.8791	23.9764	-0.329	0.7433	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]78	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]3	-1.7671	23.9764	-0.074	0.9414	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]79	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]4	-14.1076	23.9764	-0.588	0.5579	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]80	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]5	-12.7616	23.9764	-0.532	0.5960	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]81	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]6	-10.5606	23.9764	-0.440	0.6608	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]82	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]7	-9.4201	23.9764	-0.393	0.6954	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]83	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]8	-1.8861	23.9764	-0.079	0.9375	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]84	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]9	-5.8241	23.9764	-0.243	0.8087	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]85	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]10	-8.5691	23.9764	-0.357	0.7217	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]86	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]11	-8.3456	23.9764	-0.348	0.7287	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]87	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]12	-9.1176	28.8431	-0.316	0.7527	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]88	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]13	-2.7275	7.2927	-0.374	0.7094	(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]89	NA	NA	NA	NA
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]14	5.2250	7.2927	0.716	0.4757	---				
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]15	3.5850	7.2927	0.492	0.6243	Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1				
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]16	-0.0740	7.2927	-0.010	0.9919	Residual standard error: 4.21 on 82 degrees of freedom				
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]17	0.5430	7.2927	0.074	0.9408	Multiple R-squared: 0.651, Adjusted R-squared: 0.2425				
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]18	4.2295	7.2927	0.580	0.5635	F-statistic: 1.593 on 96 and 82 DF, p-value: 0.01552				
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]19	5.1400	7.2927	0.705	0.4829					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]20	5.4350	7.2927	0.745	0.4582					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]21	-0.1825	7.2927	-0.025	0.9801					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]22	2.2240	7.2927	0.305	0.7612					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]23	-0.0385	7.2927	-0.005	0.9958					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]24	-6.8124	6.7126	-1.015	0.3132					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]25	NA	NA	NA	NA					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]26	1.7485	7.2927	0.240	0.8111					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]27	8.6985	7.2927	1.193	0.2364					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]28	5.7705	7.2927	0.791	0.4311					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]29	5.9500	7.2927	0.816	0.4169					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]30	3.0945	7.2927	0.424	0.6724					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]31	2.4325	7.2927	0.334	0.7396					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]32	1.8120	7.2927	0.248	0.8044					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]33	-1.2140	7.2927	-0.166	0.8682					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]34	-1.4440	7.2927	-0.198	0.8435					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]35	1.9520	7.2927	0.268	0.7896					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]36	4.1125	7.2927	0.564	0.5743					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]37	4.1520	5.9545	0.697	0.4876					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]38	NA	NA	NA	NA					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]39	2.1180	7.2927	0.290	0.7722					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]40	-3.1670	7.2927	-0.434	0.6652					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]41	-3.6130	7.2927	-0.495	0.6216					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]42	-1.4445	7.2927	-0.198	0.8435					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]43	0.3590	7.2927	0.049	0.9609					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]44	0.3895	7.2927	0.053	0.9575					
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]45	-5.0375	7.2927	-0.691	0.4917					

```
> summary(aov(modbis))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
phase[-c(78, 169, 170)]	1	0.01	0.015	0.0008	0.97710
segment[-c(78, 169, 170)]	6	367.00	61.167	3.4503	0.00434 **
volontaire[-c(78, 169, 170)]	12	953.68	79.473	4.4830	1.687e-05 ***
(segment:phase)[-c(78, 169, 170)]	6	100.05	16.675	0.9406	0.47076
(segment:volontaire)[-c(78, 169, 170)]	71	1291.17	18.186	1.0258	0.45369
Residuals	82	1453.69	17.728		

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
> library(pwr)
```

```
Message d'avis :
```

```
le package 'pwr' a été compilé avec la version R 2.12.2
```

```
> # calcul de la taille d'effet
```

```
> tailleff=function(a,b){(mean(a)-mean(b))/(sd(a)^2+sd(b)^2-2*sd(a)*sd(b))^(1/2)}
```

```
> d=tailleff(a=tab_sys$T2[tab_sys$segment==7], b=tab_dias$T2[tab_sys$segment==7])
```

```
> d
```

```
[1] -0.3880951
```

```
> # calcul de la puissance de test pour n=13
```

```
> pwr.t.test( n=13,
```

```
+ d=d,
```

```
+ sig.level=0.05, type="paired")
```

Paired t test power calculation

```
n = 13
```

```
d = 0.3880951
```

```
sig.level = 0.05
```

```
power = 0.2516216
```

```
alternative = two.sided
```

NOTE: n is number of *pairs*

```
> # calcul de la taille d'échantillon
```

```
> pwr.t.test( power=0.80,
```

```
+ d=d,
```

```
+ sig.level=0.05,
```

```
+ type="paired")
```

Paired t test power calculation

```
n = 54.06328
```

```
d = 0.3880951
```

```
sig.level = 0.05
```

```
power = 0.8
```

```
alternative = two.sided
```

```
#####
```

```
# MODELE STATISTIQUE AVEC SEGMENT, PHASE, SEXE, POIDS, TAILLE, AGE #
```

```
> tab$phase=as.factor(tab$phase)
> tab$segment=as.factor(tab$segment)
> tab$sexe=as.factor(tab$sexe)
> tab$poids=as.numeric(tab$poids)
> tab$taille=as.numeric(tab$taille)
> tab$age=as.numeric(tab$age)

>options(contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
> modele2=lm(t2~phase+segment+sexe+poids+taille+age, data=tab)
```

```
### Vérification des conditions du modèle 2
```

```
> res2=residuals(modele2)
```

```
# Test de normalité
```

```
> shapiro.test(res2)
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: res2
```

```
W = 0.9901, p-value = 0.2382
```

```
> jpeg('graphemodele2.jpeg')
```

```
> par(mfrow=c(2,2))
```

```
# Graphe des résidus du modèle
```

```
> jpeg('graphemodele2.jpeg')
```

```
> par(mfrow=c(2,2))
```

```
> plot(modele2)
```

```
> getwd()
```

```
[1] "U:/scriptR"
```

```
> dev.off
```

```
function (which = dev.cur())
```

```
{
```

```
  if (which == 1)
```

```
    stop("cannot shut down device 1 (the null device)")
```

```
  .Internal(dev.off(as.integer(which)))
```

```
  dev.cur()
```

```
}
```

```
<environment: namespace:grDevices>
```

```
> par(mfrow=c(2,2))
```

```
> plot(modele2)
```

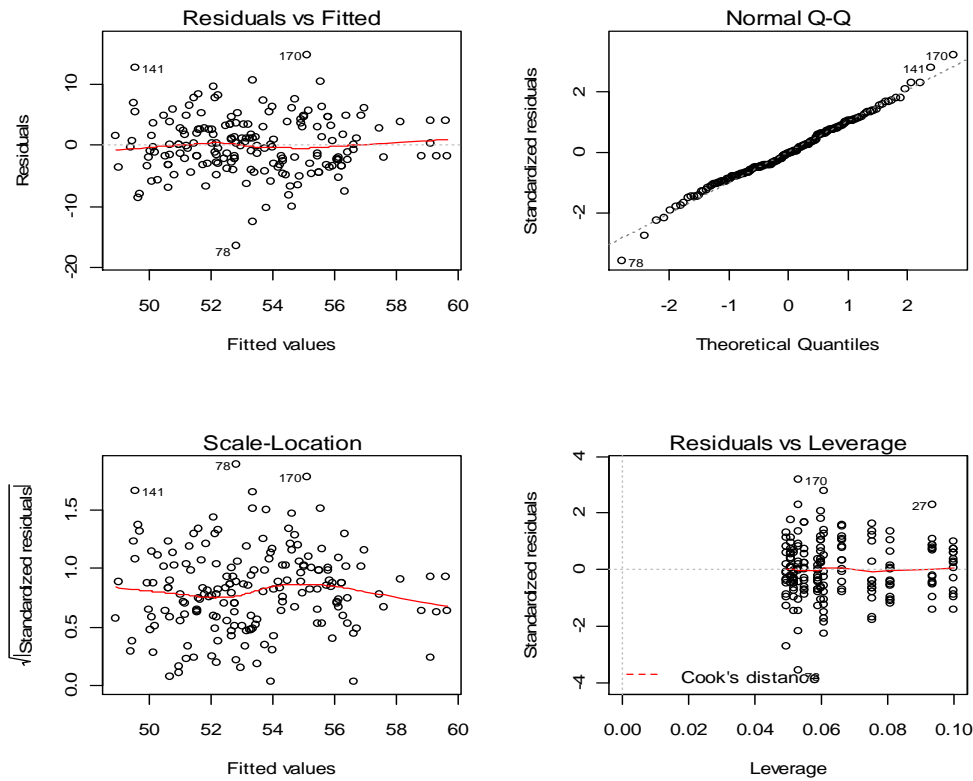


Figure 8

> summary(modele2)

Call:

lm(formula = t2 ~ phase + segment + sexe + poids + taille + age,
data = tab)

Residuals:

Min 1Q Median 3Q Max
-16.5147 -3.0513 -0.2026 3.2183 14.7274

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	8.52700	10.64430	0.801	0.424200
phase1	0.25275	0.35252	0.717	0.474374
segment1	-1.52088	0.86349	-1.761	0.079983 .
segment2	0.26458	0.86349	0.306	0.759668
segment3	3.25520	0.86349	3.770	0.000225 ***
segment4	-0.85496	0.86349	-0.990	0.323525
segment5	-0.91757	0.86349	-1.063	0.289458
segment6	-0.28730	0.86349	-0.333	0.739755
sexe1	1.28676	0.49340	2.608	0.009920 **
poids	0.02157	0.04546	0.474	0.635796
taille	0.23194	0.06597	3.516	0.000562 ***
age	0.11255	0.04656	2.417	0.016707 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 4.756 on 170 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.2053, Adjusted R-squared: 0.1538
F-statistic: 3.992 on 11 and 170 DF, p-value: 3.487e-05

```
> summary(aov(modele2))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
phase	1	11.6	11.626	0.5141	0.4743739
segment	6	380.6	63.434	2.8047	0.0125570 *
sexe	1	9.5	9.545	0.4220	0.5167967
poids	1	306.5	306.494	13.5514	0.0003114 ***
taille	1	152.7	152.694	6.7513	0.0101906 *
age	1	132.1	132.125	5.8418	0.0167073 *
Residuals	170	3844.9	22.617		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
#####
```

```
## COMPARAISON DES VALEURS DE T2 SUR VENTRICULE GAUCHE ET DROIT ##
```

```
## Importation des données
```

```
pat1=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat2=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat3=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat4=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat5=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat6=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat7=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat8=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat9=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat10=read.csv(file.choose(), header=F)  
pat11=read.csv(file.choose(), header=F)
```

```
pat1$Id="R957"  
pat2$Id="R959"  
pat3$Id="R961"  
pat4$Id="R966"  
pat5$Id="R967"  
pat6$Id="R968"  
pat7$Id="R969"  
pat8$Id="R971"  
pat9$Id="R972"  
pat10$Id="R974"  
pat11$Id="R976"
```

```
save(pat2,pat7,pat1,pat3,pat4,pat5,pat6,pat8,pat9,pat10,pat11,file="VD.RData")
```

```
# Mise en évidence des données manquantes  
# Pour le volontaire 2
```

```
> pat2
```



```

      V1      V2      V3 V4      V5      V6      V7      V8      V9      V10 V11      V12      V13
1 1 72.787 0.92306 128 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688 59.904 -1 1185.6 926.58
      V14      V15      V16      V17 id
1 765.47 677.12 710.56 574.25 R959

```

```

> pat2$V19='NA'
> pat2$V20='NA'

```

```

> pat2[,12:19]=pat2[,11:18]
> pat2

```

```

      V1      V2      V3 V4      V5      V6      V7      V8      V9      V10 V11 V12      V13      V14
1 1 72.787 0.92306 128 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688 59.904 -1 -1 1185.6 926.58
      V15      V16      V17      id V19 V20
1 765.47 677.12 710.56 574.25 R959 NA

```

```

> pat2$V11='NA'

```

```

> pat2[,19:20]=pat2[,18:19]
> pat2

```

```

      V1      V2      V3 V4      V5      V6      V7      V8      V9      V10 V11 V12      V13      V14
1 1 72.787 0.92306 128 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688 59.904 NA -1 1185.6 926.58
      V15      V16      V17      id      V19 V20
1 765.47 677.12 710.56 574.25 574.25 R959

```

```

>pat2$V19='NA'

```

```

> names(pat2)= c("V1" , "V2" , "V3" , "V4" , "V5" , "V6" , "V7" ,
+ "V8" , "V9" , "V10" , "V11" , "V12" , "V13" , "V14" ,
+ "V15" , "V16" , "V17" , "V18" , "V19" , "id")

```

```

> pat2
      V1      V2      V3 V4      V5      V6      V7      V8      V9      V10 V11 V12      V13      V14
1 1 72.787 0.92306 128 9.216 18.432 32.256 41.472 50.688 59.904 NA -1 1185.6 926.58
      V15      V16      V17      V18      V19 id
1 765.47 677.12 710.56 574.25 NA R959

```

Pour le volontaire 7: même procédure que pour le volontaire2

```

> pat7$V19='NA'
> pat7$V20='NA'
> pat7[,12:19]=pat7[,11:18]
> pat7$V11='NA'
> pat7[,19:20]=pat7[,18:19]
> pat7$V19='NA'
> names(pat7)= c("V1" , "V2" , "V3" , "V4" , "V5" , "V6" , "V7" ,
+ "V8" , "V9" , "V10" , "V11" , "V12" , "V13" , "V14" ,
+ "V15" , "V16" , "V17" , "V18" , "V19" , "id")
> pat7

```

```

      V1      V2      V3      V4      V5      V6      V7      V8      V9      V10 V11 V12      V13
1 1 62.969 0.95241 303 9.424 18.848 28.272 37.696 51.832 70.68 NA -1 1179.3

      V14      V15      V16      V17      V18      V19 id
1 972.16 919 839.4 634.18 359.81 NA R969

```

```

>vd=as.data.frame(rbind(pat1,pat2,pat3,pat4,pat5,pat6,pat7,pat8,pat9,pat10,pat11))

```

```

>names(vd)=c("segment","t2","r2","nb_pixels","te1","te2","te3","te4","te5","te6","te7",

```

```
"cst","s1","s2","s3","s4","s5","s6","s7","volontaire")
```

```
>save( tab_sys,tab_dias,table_sys,table_dias, vd,file = "VG_VD.RData")
```

```
> vd
```

segment	t2	r2	nb_pixels	te1	te2	te3	te4	te5	te6	te7	
1	1	68.052	0.93646	74	9.744	19.488	29.232	38.976	48.720	58.464	68.208
2	1	72.787	0.92306	128	9.216	18.432	32.256	41.472	50.688	59.904	NA
3	1	68.357	0.98364	591	9.632	19.264	28.896	38.528	48.160	57.792	72.24
4	1	65.336	0.99392	241	9.472	18.944	28.416	37.888	52.096	61.568	71.04
5	1	57.733	0.99233	102	9.152	18.304	32.032	41.184	50.336	59.488	68.64
6	1	55.122	0.95037	198	9.296	18.592	27.888	41.832	51.128	60.424	69.72
7	1	62.969	0.95241	303	9.424	18.848	28.272	37.696	51.832	70.680	NA
8	1	60.625	0.90334	180	9.184	18.368	32.144	41.328	50.512	59.696	68.88
9	1	64.188	0.98919	261	9.264	18.528	27.792	41.688	50.952	60.216	69.48
10	1	68.263	0.98708	194	9.280	18.560	27.840	41.760	51.040	60.320	69.6
11	1	60.243	0.96911	65	9.136	18.272	31.976	41.112	50.248	59.384	68.52

	cst	s1	s2	s3	s4	s5	s6	s7	volontaire
1	-1	1746.30	1421.40	1137.00	1011.20	876.37	852.68	827.45	R957
2	-1	1185.60	926.58	765.47	677.12	710.56	574.25	NA	R959
3	-1	1104.50	896.15	768.58	676.51	621.83	530.65	450.72	R961
4	-1	873.58	748.29	662.50	536.74	453.71	381.86	359.62	R966
5	-1	1220.90	1000.80	828.40	650.78	601.20	496.61	452.32	R967
6	-1	1130.30	1061.10	857.85	579.29	457.67	506.71	447.73	R968
7	-1	1179.30	972.16	919.00	839.40	634.18	359.81	NA	R969
8	-1	1945.00	2070.80	1623.60	1069.90	1071.20	868.93	817.15	R971
9	-1	1772.50	1488.20	1364.00	1087.40	952.47	725.46	710.68	R972
10	-1	1049.30	872.36	772.64	650.80	529.03	526.90	414.94	R974
11	-1	936.34	749.70	566.45	493.57	492.91	396.59	362.16	R976

```
## Traitement des données
```

```
# Normalité des données
```

```
> shapiro=(shapiro.test(vd[,2]))$p
```

```
> kolmogo=(ks.test((vd[,2]),"pnorm",mean=mean(vd[,2]),sd=sd(vd[,2])))$p
```

```
> mat=cbind(shapiro,kolmogo)
```

```
> mat
```

```
      shapiro kolmogo  
[1,] 0.9455985 0.9510173
```

```
## Comparaison T2_systole VG avec T2_systole VG ____SEGMENT 4
```

```
> t2_vg=tab_sys[tab_sys$segment ==4,]$t2      #longueur=13
```

```
> t2_vd=vd[,2]                                #longueur=11
```

```
# Quels sont les volontaires à retirer ?
```

```
> unique(tab_sys$volontaire)
```

```
[1] "R957" "R959" "R961" "R963" "R966" "R967" "R968" "R969" "R971" "R972" "R974"
```

```
[12] "R975" "R976"
```

```
> t2_vg
```

```
[1] 62.210 58.025 49.142 59.814 59.727 54.940 46.899 41.788 54.236 44.127 56.953
```

```
[12] 53.352 53.750
```

```
# Pour que t2_vg ait la même longueur que t2_vd, nous devons supprimer les volontaires 4 et 12.
```

```
> t2_vg=t2_vg[-c(4,12)]
> t2_vg
[1] 62.210 58.025 49.142 59.727 54.940 46.899 41.788 54.236 44.127 56.953 53.750
```

```
# TEST DE STUDENT
# Égalité des variances?
> var.test(t2_vd,t2_vg)
```

F test to compare two variances

```
data: t2_vd and t2_vg
F = 0.64, num df = 10, denom df = 10, p-value = 0.493
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.1721906 2.3787349
sample estimates:
ratio of variances
 0.6399968
```

```
# Test
> t.test(t2_vg,t2_vd)
```

Welch Two Sample t-test

```
data: t2_vg and t2_vd
t = -4.3597, df = 19.081, p-value = 0.0003343
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
-16.397595 -5.762042
sample estimates:
mean of x mean of y
 52.89064 63.97045
```

```
## Comparaison T2_systole VG avec T2_systole VG_SEGMENT 3
```

```
#Définition des vecteurs à comparer
> t2_vg3=tab_sys[tab_sys$segment==3,]$t2      #long=13
> t2_vd=vd[,2]                                #long=11
```

```
# t2_vg doit avoir la même longueur que t2_vd pour pouvoir les comparer
> t2_vg3=t2_vg3[-c(4,12)]
> t2_vg3
[1] 56.969 63.111 61.093 59.414 60.939 54.146 43.453 52.401 51.019 60.311 52.794
```

```
# TEST DE STUDENT

# égalité des variances?
> var.test(t2_vd,t2_vg3)
```

F test to compare two variances

```
data: t2_vd and t2_vg3
```

```
F = 0.8131, num df = 10, denom df = 10, p-value = 0.7499
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.2187759 3.0222890
sample estimates:
ratio of variances
 0.8131445
```

```
# Test
> t.test(t2_vg3,t2_vd)
```

Welch Two Sample t-test

```
data: t2_vg3 and t2_vd
t = -3.3755, df = 19.79, p-value = 0.00304
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
-12.950871 -3.053675
sample estimates:
mean of x mean of y
55.96818 63.97045
```

```
##### 2nd PARTIE #####
#####
```

```
## Importation de données de Matlab sous R
```

```
> library(R.methodsS3)
R.methodsS3 v1.2.1 (2010-09-18) successfully loaded. See ?R.methodsS3 for help.
```

```
Message d'avis :
le package 'R.methodsS3' a été compilé avec la version R 2.13.1
```

```
> library(R.oo)
R.oo v1.8.0 (2011-04-03) successfully loaded. See ?R.oo for help.
```

```
Message d'avis :
le package 'R.oo' a été compilé avec la version R 2.13.1
```

```
> library(R.matlab)
R.matlab v1.3.7 (2011-02-01) successfully loaded. See ?R.matlab for help.
```

```
Message d'avis :
le package 'R.matlab' a été compilé avec la version R 2.13.1
```

```
> liste=readMat(file.choose())
```

```
> class(liste)
```

```
[1] "list"
```

```
> names(liste)
```

```
[1] "Instants.selected.inspi" "Instants.selected.expi" "data.inspi" "data.expi"
```

> liste

```
$Instants.selected.inspi
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 58 61 65 103 108
[2,] 37 43 55 84 92
[3,] 52 57 65 96 105
[4,] 42 45 52 88 96
[5,] 38 42 50 83 88
[6,] 36 42 48 81 89
[7,] 39 43 45 88 97
[8,] 26 39 46 79 88
[9,] 28 35 54 75 84
[10,] 18 23 32 60 67
[11,] 25 31 40 66 72
[12,] 32 38 44 73 79
[13,] 19 24 29 60 66
[14,] 27 36 42 116 119
[15,] 28 33 36 80 88
[16,] 43 47 57 99 103
[17,] 26 28 41 69 74
```

```
$Instants.selected.expi
  [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 33 47 78 82
[2,] 47 57 107 108
[3,] 46 52 91 95
[4,] 47 58 95 102
[5,] 63 71 95 101
[6,] 50 61 111 114
[7,] 45 50 91 98
[8,] 52 57 95 98
[9,] 39 44 81 83
[10,] 36 41 77 80
[11,] 35 47 75 78
[12,] 28 34 69 77
[13,] 31 41 70 78
[14,] 29 34 79 82
[15,] 27 31 91 93
[16,] 28 37 70 73
[17,] 32 46 79 81
[18,] 37 40 78 81
[19,] 25 28 68 70
```

```
$data.inspi
, , 1
```

```
  [,1]  [,2]  [,3]  [,4]
[1,] 700 0.00000000 0.000000000 0.0000000
[2,] 1400 0.27779548 1.1688977424 0.7672676
[3,] 2100 0.25829787 1.1634042553 0.7509677
[4,] 2800 0.21809741 1.2186910198 0.7031458
[5,] 3500 0.17099853 0.7139500734 0.6594204
[6,] 4200 0.18987234 1.0681276596 0.6839291

...

[114,] 79800 0.22140749 1.0804086266 0.8308190
[115,] 80500 0.23729852 1.3108286039 0.8737577
[116,] 80500 0.24000000 1.3500000000 0.8810573
[117,] 80500 0.24000000 1.3500000000 0.8810573
```

```
[118,] 80500 0.24000000 1.3500000000 0.8810573
[119,] 80500 0.24000000 1.3500000000 0.8810573
[120,] 80500 0.24000000 1.3500000000 0.8810573
```

```
$data.inspi
```

```
., 2
., 3
., 4
., 5
., 6
., 7
., 8
., 9
., 10
., 11
., 12
., 13
., 14
., 15
., 16
., 17
```

```
attr("header")
```

```
attr("header")$description
```

```
[1] "MATLAB 5.0 MAT-file, Platform: PCWIN, Created on: Thu Jul 21 17:10:50 2011"
```

```
"
```

```
attr("header")$version
```

```
[1] "5"
```

```
attr("header")$endian
```

```
[1] "little"
```

Pour des raisons d'optimisation de place, nous n'incluons pas ici l'ensemble des données qui s'étendrait sur une trentaine de pages. Nous avons inclus uniquement le tableau concernant le premier volontaire. Les seize autres tableaux associés aux seize volontaires sont identiques à celui-ci dans sa conception.

```
> class(liste)
```

```
[1] "list"
```

```
> names(liste)
```

```
[1] "Instants.selected.inspi" "Instants.selected.expi" "data.inspi" "data.expi"
```

```
> ins=liste$Instants.selected.inspi
```

```
> exp=liste$Instants.selected.expi
```

```
> save(liste,ins,exp,file="donneesMarion.RData")
```

```
### TRAITEMENT DES DONNEES CONCERNANT LES APNEES INSPIRATOIRES ###
```

```
> class(ins)
```

```
[1] "matrix"
```

```
> temps=matrix(nrow=17,ncol=5)
```

```
> RR=matrix(nrow=17,ncol=5)
```

```
>
```

```
> for(i in 1:17){
```

```
+
```

```
+ temps[i,]=c( liste$data.inspi[ins[i,1],1,i],
```

```
+ liste$data.inspi[ins[i,2],1,i],
```

```

+ liste$data.inspi[ins[i,3],1,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,4],1,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,5],1,i])/1000
+
+ RR[i,]=c(liste$data.inspi[ins[i,1],4,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,2],4,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,3],4,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,4],4,i],
+ liste$data.inspi[ins[i,5],4,i])
+
+ }

>save(liste,exp,ins,RR,temps,file="donneesMarion.RData")

```

```

>RR
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 0.7210046 1.0115470 0.8610351 0.8786164 0.6807877
[2,] 0.7993184 0.9070763 0.7602506 0.9016391 0.6830631
[3,] 0.6512576 0.9003519 0.8345679 0.9250694 0.6780593
[4,] 0.7073371 1.0558694 0.9390453 1.0007858 0.7067850
[5,] 0.7483933 1.1052903 0.9643473 1.2259910 1.0380062
[6,] 0.5508767 0.6464537 0.6118663 0.6984732 0.6076924
[7,] 0.6588061 0.8202884 0.7844235 0.8065312 0.6886032
[8,] 0.8785520 1.1438901 1.0843264 1.1264884 0.7636031
[9,] 0.8407124 1.0875802 0.9845760 1.0878470 0.7600617
[10,] 0.8826415 1.2371323 0.8501389 0.9709344 0.8272766
[11,] 0.8344173 0.9447906 0.7854835 1.0695863 0.8161435
[12,] 0.7108602 0.8733677 0.8316862 0.8098440 0.7098267
[13,] 0.6870277 0.8420737 0.7771372 0.8822033 0.7273027
[14,] 0.7702859 1.0755816 0.8204400 1.0805346 0.9492627
[15,] 0.8936441 1.1319352 0.9067645 1.0306479 0.9702722
[16,] 0.7596120 1.0136189 0.9096375 1.0654302 0.9082538
[17,] 0.7821936 1.0509359 0.9241329 1.0599343 1.0023450

```

```

> temps
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 40.6 42.7 45.5 72.1 75.6
[2,] 25.9 30.1 38.5 58.8 64.4
[3,] 36.4 39.9 45.5 67.2 73.5
[4,] 29.4 31.5 36.4 61.6 67.2
[5,] 26.6 29.4 35.0 58.1 61.6
[6,] 25.2 29.4 33.6 56.7 62.3
[7,] 27.3 30.1 31.5 61.6 67.9
[8,] 18.2 27.3 32.2 55.3 61.6
[9,] 19.6 24.5 37.8 52.5 58.8
[10,] 12.6 16.1 22.4 42.0 46.9
[11,] 17.5 21.7 28.0 46.2 50.4
[12,] 22.4 26.6 30.8 51.1 55.3
[13,] 13.3 16.8 20.3 42.0 46.2
[14,] 18.9 25.2 29.4 81.2 83.3
[15,] 19.6 23.1 25.2 56.0 61.6
[16,] 30.1 32.9 39.9 69.3 72.1
[17,] 18.2 19.6 28.7 48.3 51.8

```

```

>coul=rainbow(17)
> plot(temps[1,],RR[1,],type='l',
+ main='Evolution de la distance RR au cours des 17 apnées inspiratoires',
+ xlim=c(min(temps)-2,max(temps+2)),ylim=c(0.7,1.4),

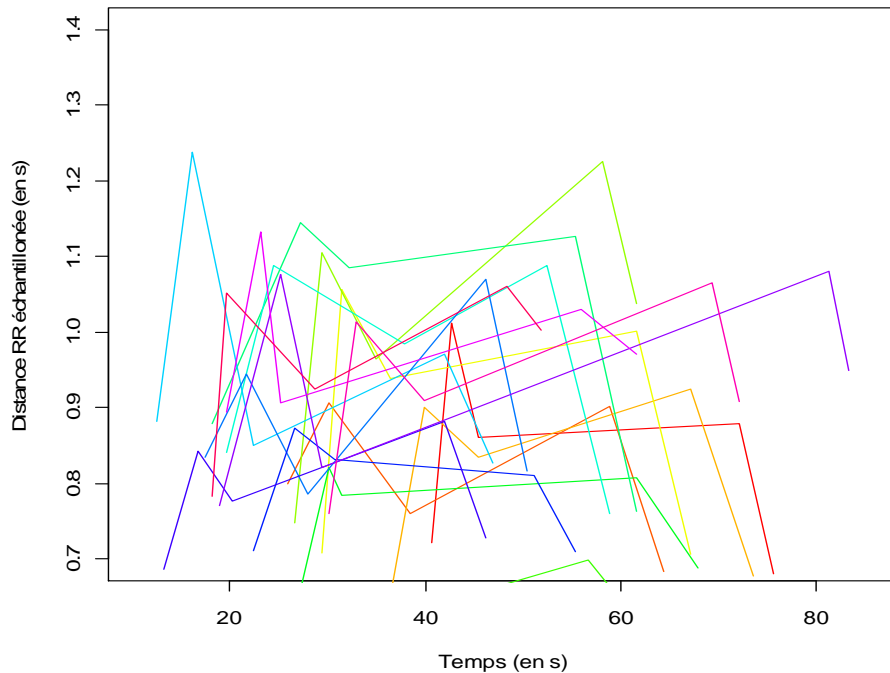
```

```

+ xlab="Temps (en s)", ylab="Distance RR échantillonnée (en s) ",
+ col=rainbow(17)[1])
>
> for(i in 2:17){
+ lines(temps[i,],RR[i,],col=coul[i])
+ }

```

Evolution de la distance RR au cours des 17 apnées inspiratoires



Normalisation du temps

```

> oo=matrix(rep(temps[,1],5),nrow=17, ncol=5)
> tps=temps-oo
> tps

```

```

  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]  0  2.1  4.9 31.5 35.0
[2,]  0  4.2 12.6 32.9 38.5
[3,]  0  3.5  9.1 30.8 37.1
[4,]  0  2.1  7.0 32.2 37.8
[5,]  0  2.8  8.4 31.5 35.0
[6,]  0  4.2  8.4 31.5 37.1
[7,]  0  2.8  4.2 34.3 40.6
[8,]  0  9.1 14.0 37.1 43.4
[9,]  0  4.9 18.2 32.9 39.2
[10,] 0  3.5  9.8 29.4 34.3
[11,] 0  4.2 10.5 28.7 32.9
[12,] 0  4.2  8.4 28.7 32.9
[13,] 0  3.5  7.0 28.7 32.9
[14,] 0  6.3 10.5 62.3 64.4
[15,] 0  3.5  5.6 36.4 42.0
[16,] 0  2.8  9.8 39.2 42.0
[17,] 0  1.4 10.5 30.1 33.6

```

```

> coul=rainbow(17)
> plot(tps[,1,],RR[1,],type='l',
+ main="Evolution de la distance RR au cours des 17 apnées inspiratoires après normalisation",
+cex.lab = 1.5, cex.axis = 1.5,

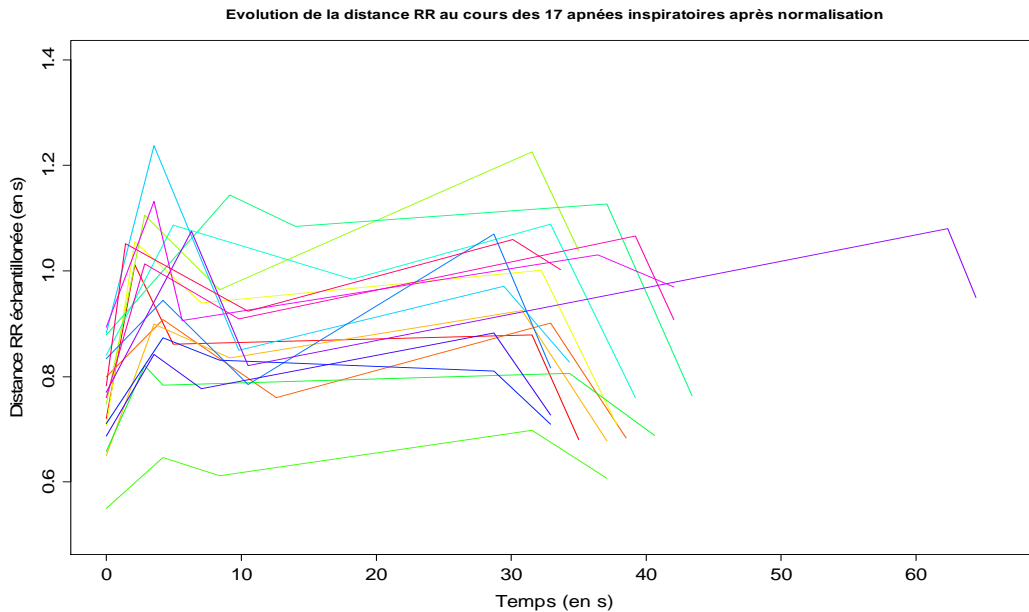
```



```

+ xlim=c(min(tps),max(tps+2)),ylim=c(0.5,1.4),
+ xlab="Temps (en s)", ylab="Distance RR échantillonnée (en s)",
+ col=rainbow(17)[1])
>
> for(i in 2:17){
+ lines(tps[i,],RR[i,],col=coul[i])
+ }

```



```
#####
```

Classification Ascendante Hiérarchique

```

# Centrage et réduction des données
> centrage=scale(RR, center=T, scale=T)
> centrage
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] -0.39118540 0.1399449 0.004238275 -0.72868232 -0.8669559
[2,] 0.44899904 -0.5731991 -0.934309881 -0.55933396 -0.8497045
[3,] -1.13946234 -0.6191015 -0.242235041 -0.38698741 -0.8876411
[4,] -0.53781707 0.4425008 0.730703147 0.16996115 -0.6698549
[5,] -0.09734770 0.7798602 0.966326033 1.82650746 1.8413258
[6,] -2.21639367 -2.3522760 -2.316128911 -2.05376555 -1.4211334
[7,] -1.05847890 -1.1656358 -0.709201503 -1.25892104 -0.8077016
[8,] 1.29905296 1.0433525 2.083623099 1.09459423 -0.2390841
[9,] 0.89309249 0.6589668 1.154704290 0.81035881 -0.2659335
[10,] 1.34292632 1.6798482 -0.097231664 -0.04961706 0.2436616
[11,] 0.82555650 -0.3157517 -0.699330913 0.67603828 0.1592555
[12,] -0.50001911 -0.8033028 -0.269070892 -1.23455299 -0.6467943
[13,] -0.75570537 -1.0169239 -0.777054712 -0.70229804 -0.5142985
[14,] 0.13752627 0.5770610 -0.373800094 0.75657129 1.1685097
[15,] 1.46096717 0.9617455 0.430090609 0.38961850 1.3277947
[16,] 0.02301175 0.1540877 0.456845439 0.64546766 0.8575970
[17,] 0.26527707 0.4088233 0.591832719 0.60504098 1.5709575
attr("scaled:center")
[1] 0.7574671 0.9910461 0.8605800 0.9776798 0.7951379
attr("scaled:scale")

```

```
[1] 0.09321016 0.14649316 0.10738334 0.13594865 0.13189860
```

```
# Matrice des distance
```

```
> mat=dist(centrage, method="euclidean", diag=F, upper=F)
```

```
> mat
```

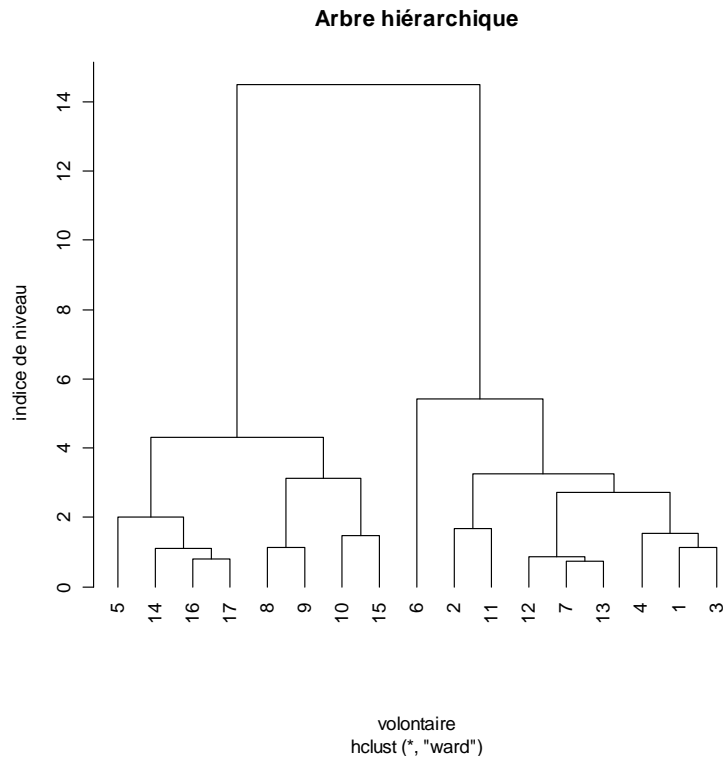
```
      1      2      3      4      5      6      7      8
2 1.4575093
3 1.1462993 1.7422476
4 1.2195085 2.3112633 1.6712893
5 3.9096329 4.3215234 4.1049405 3.0681455
6 4.1218457 3.8391032 3.3952134 5.0419205 7.1256791
7 1.7156579 1.7791377 1.1357703 2.6440922 4.9044200 2.5177716
8 3.4227844 3.9436133 4.0908968 2.5702172 2.8515816 7.3861956 4.9091562
9 2.4438087 2.8803262 3.0880958 1.6874236 2.5503280 6.3498713 3.8970992 1.1211410
10 2.6614550 2.8339528 3.5863789 2.5761264 3.1761449 6.3748288 4.0994894 2.5894868
11 2.2824285 1.6755401 2.5275033 2.3285768 2.9965765 5.0955260 2.9918328 3.1859158
12 1.1316516 1.3759431 1.1044965 2.1274857 4.4447258 3.2873114 0.8144706 4.2158178
13 1.4854973 1.3438264 0.9112462 2.2881791 4.3179934 2.9890365 0.7171511 4.4670810
14 2.6386774 2.7457385 2.9350122 2.3276208 1.8680675 5.7007754 3.5422500 3.1146558
15 3.2178724 3.2990509 3.9018720 2.8972357 2.2532953 6.7508647 4.4101443 2.3914735
16 2.2888826 2.6480464 2.5592382 1.7412424 1.7401797 5.6093363 3.2666303 2.5436004
17 2.9275836 3.2469380 3.2793930 2.4240285 1.4051654 6.1855040 3.8802468 2.6856417

      9      10      11      12      13      14      15      16
2
3
4
5
6
7
8
9
10 1.9522137
11 2.1426413 2.2685489
12 3.2299919 3.4335113 2.5455954
13 3.4071473 3.6248434 2.3133436 0.8184787
14 2.2303441 2.0617717 1.5496935 3.0956003 2.9088499
15 1.9121228 1.4751090 2.1814809 3.7398695 3.8563660 1.6449147
16 1.6698683 2.2884887 1.6401787 2.7413105 2.6830482 0.9954912 1.7341532
17 2.0469178 2.3327952 2.1222556 3.3314579 3.3175956 1.0779595 1.3664162 0.8076644
```

```
# Classification, ie critère de hiérarchisation
```

```
> hier=hclust(mat,"ward")
```

```
> plot(hier, hang=-1, ylab="indice de niveau", xlab="volontaire", main="Arbre hiérarchique")
```



Récupération des classes

```
> classe=cutree(hier,4)
```

```
> classe
```

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

```
> length(classe)
```

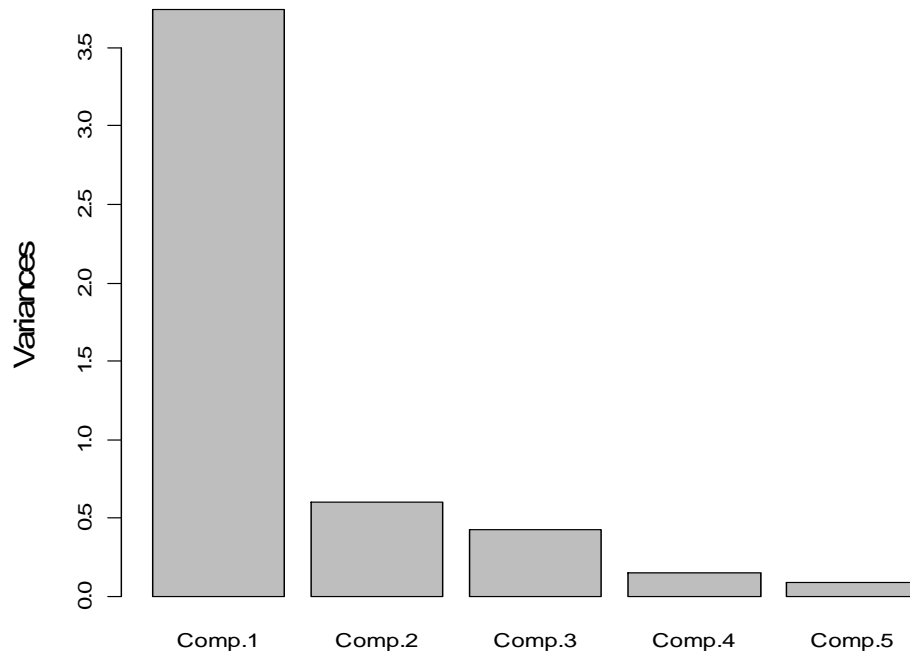
```
[1] 17
```

Illustration des classes

```
> ill=princomp(as.matrix(centrage), cor=T)
```

```
> plot(ill, main="illustration des classes", cex.lab=1.5)
```

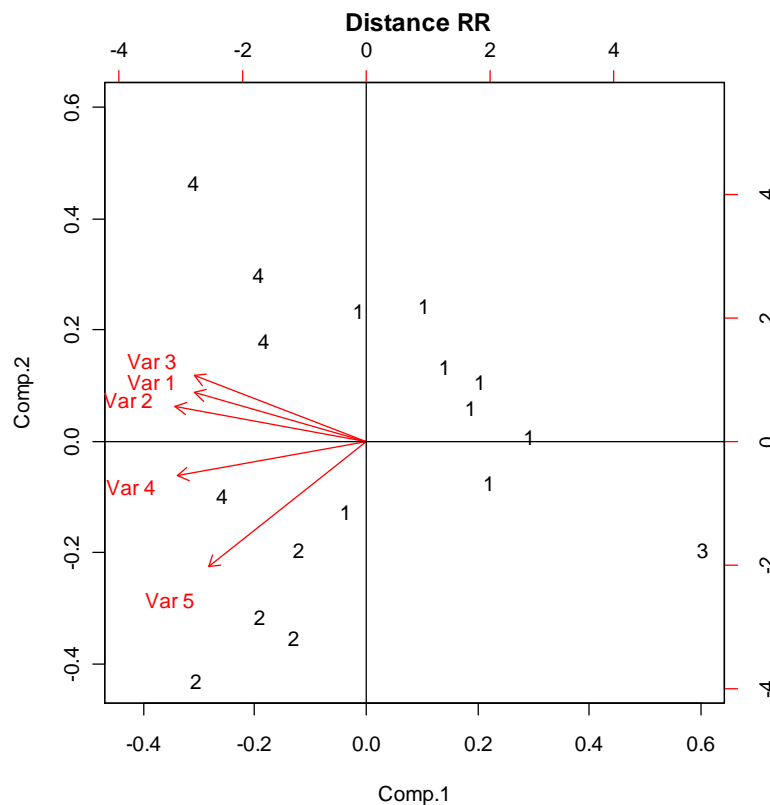
illustration des classes



Représentation graphique du plan principal

```
> biplot(ill, xlabs=classe, main=" Distance RR")
```

```
> abline(v=0, h=0)
```

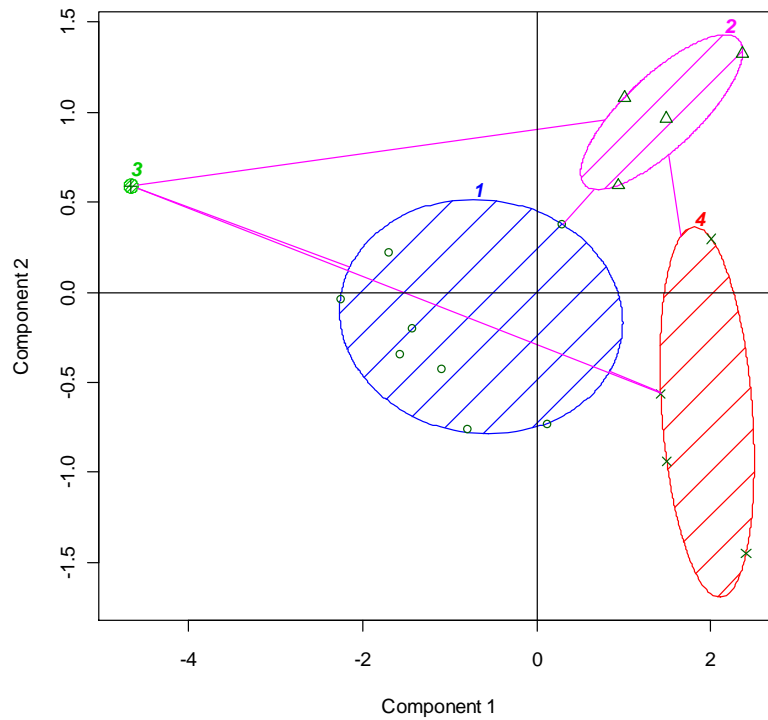


Une autre représentation: on utilise la matrice des distance et les différentes classes

```
> library(cluster)
```

```
> clusplot(mat, classe, diss=T, shade=T, color=T, labels=4, main="")
```

```
> abline(v=0, h=0)
```



These two components explain 86.81 % of the point variability.

#####

Calcul des longueurs des segments

Fonction calculant la longueur d'un segment
 > long=function(a,b,c,d){ ((a-c)^2+(b-d)^2)^(1/2) }

Calcul des coordonnées des points

Point A (matrice)

> A=c(tps[,1],RR[,1])

> dim(A)=c(17,2)

> A

```

  [,1] [,2]
[1,] 0 0.7210046
[2,] 0 0.7993184
[3,] 0 0.6512576
[4,] 0 0.7073371
[5,] 0 0.7483933
[6,] 0 0.5508767
[7,] 0 0.6588061
[8,] 0 0.8785520
[9,] 0 0.8407124
[10,] 0 0.8826415
[11,] 0 0.8344173
[12,] 0 0.7108602
[13,] 0 0.6870277
[14,] 0 0.7702859
[15,] 0 0.8936441
[16,] 0 0.7596120
[17,] 0 0.7821936

```

> class(A)

[1] "matrix"

```

# Point B
> B=c(tps[,2],RR[,2])
> dim(B)=c(17,2)

# Point C
> C=c(tps[,3],RR[,3])
> dim(C)=c(17,2)

# Point D
> D=c(tps[,4],RR[,4])
> dim(D)=c(17,2)

# Point E
> E=c(tps[,5],RR[,5])
> dim(E)=c(17,2)

# Segment [AB]
> distAB=numeric()
> for(i in 1:17){distAB[i]=long(a=A[i,1], b=A[i,2], c=B[i,1], d=B[i,2])}

> mean(distAB)
[1] 3.83976
> sd(distAB)
[1] 1.781407
> coefvarAB=sd(distAB)/mean(distAB)*100
> coefvarAB
[1] 46.39371

> # Segment [BC]
> distBC=numeric()
> for(i in 1:17){distBC[i]=long(a=B[i,1], b=B[i,2], c=C[i,1], d=C[i,2])}

> mean(distBC)
[1] 5.520375
> sd(distBC)
[1] 2.86264
> coefvarBC=sd(distBC)/mean(distBC)*100
> coefvarBC
[1] 51.8559

# Segment [CD]
> distCD=numeric()
> for(i in 1:17){distCD[i]=long(a=C[i,1], b=C[i,2], c=D[i,1], d=D[i,2])}

> mean(distCD)
[1] 24.66514
> sd(distCD)
[1] 8.236218
> coefvarCD=sd(distCD)/mean(distCD)*100
> coefvarCD
[1] 33.39214

```

```

# Segment [DE]
> distDE=numeric()
> for(i in 1:17){distDE[i]=long(a=D[i,1], b=D[i,2], c=E[i,1], d=E[i,2])}

> mean(distDE)
[1] 4.739491
> sd(distDE)
[1] 1.345398
> coefvarDE=sd(distDE)/mean(distDE)*100
> coefvarDE
[1] 28.38698

### Calcul des coefficients directeurs des segments

# Définition d'une fonction qui calcule le coefficient directeur d'une droite
> coef_dir=function(a,b,c,d){(d-b)/(c-a)}

# coef directeur pour segment [AB]
> coefAB=numeric()
> for(i in 1:17){ coefAB[i]=coef_dir(a=A[i,1], b=A[i,2], c=B[i,1], d=B[i,2])}
> mean(coefAB)
[1] 0.07637357
> sd(coefAB)
[1] 0.05196134
> varAB=sd(coefAB)/mean(coefAB)*100
> varAB
[1] 68.03575

# coef directeur pour segment [BC]
> coefBC=numeric()
> for(i in 1:17){ coefBC[i]=coef_dir(a=B[i,1], b=B[i,2], c=C[i,1], d=C[i,2])}
> mean(coefBC)
[1] -0.02927629
> sd(coefBC)
[1] 0.02663839
> varBC=sd(coefBC)/mean(coefBC)*100
> varBC
[1] -90.98963

# coef directeur pour segment [CD]
> coefCD=numeric()
> for(i in 1:17){ coefCD[i]=coef_dir(a=C[i,1], b=C[i,2], c=D[i,1], d=D[i,2])}
> mean(coefCD)
[1] 0.005042182
> sd(coefCD)
[1] 0.004026847
> varCD=sd(coefCD)/mean(coefCD)*100
> varCD
[1] 79.86319

# coef directeur pour segment [DE]
> coefDE=numeric()

```

```
> for(i in 1:17){ coefDE[i]=coef_dir(a=D[i,1], b=D[i,2], c=E[i,1], d=E[i,2])}
> mean(coefDE)
[1] -0.04010402
> sd(coefDE)
[1] 0.01779532
> varDE=sd(coefDE)/mean(coefDE)*100
> varDE
[1] -44.37291
```