

J. HAYEK

A. LOEMBA

Appréciation comparée des variations, sous deux traitements, de la gêne éprouvée par des patients

Les cahiers de l'analyse des données, tome 16, n° 1 (1991),
p. 115-118

http://www.numdam.org/item?id=CAD_1991__16_1_115_0

© Les cahiers de l'analyse des données, Dunod, 1991, tous droits réservés.

L'accès aux archives de la revue « Les cahiers de l'analyse des données » implique l'accord avec les conditions générales d'utilisation (<http://www.numdam.org/conditions>). Toute utilisation commerciale ou impression systématique est constitutive d'une infraction pénale. Toute copie ou impression de ce fichier doit contenir la présente mention de copyright.

NUMDAM

Article numérisé dans le cadre du programme
Numérisation de documents anciens mathématiques

<http://www.numdam.org/>

APPRÉCIATION COMPARÉE DES VARIATIONS, SOUS DEUX TRAITEMENTS, DE LA GÊNE ÉPROUVÉE PAR DES PATIENTS

[COMP. VAR.]

J. HAYEK*
A. LOEMBA*

1 Les données de base: appréciation de la gêne sur une échelle

Les données analysées ici proviennent d'observations effectuées sur plusieurs dizaines de patients utilisant l'un ou l'autre de deux traitements, afin de porter remède à une gêne dont ils sont chroniquement affectés. Dans la suite, il ne sera pas utile de préciser le mal ni les remèdes: il suffira de désigner les traitements par les lettres 'C' et 'L'; et les patients par des sigles formés de la lettre du traitement reçu, suivie d'un numéro de référence.

Entre autres données, les observations médicales comportent une appréciation de la gêne, fournie quotidiennement par le patient du jour J00, d'entrée dans le traitement, au jour J14. Cette appréciation est portée sur une ligne horizontale, suivant le format usuel des *échelles*. L'échelle ayant une

absence _____ gêne
de gêne _____ maxima

longueur de 100 mm, l'appréciation est notée sur le protocole d'examen comme un nombre variant de 0 à 100.

Du point de vue de l'objectif de l'essai, l'information apportée par les échelles est précieuse, mais d'interprétation difficile: il est bien connu (et la lecture des données, dont nous publions un extrait, le confirme) que les ordres de grandeur des abscisses sur l'axe diffèrent grandement d'un sujet à l'autre; sans qu'on puisse d'après de telles différences apprécier le niveau de la gêne éprouvée par ces sujets.

(*) Étudiant en Doctorat, Université Pierre et Marie Curie, Paris VI.

traitement L contre traitement C; gène des sujets de J00 à J14

	15	Gn0	Gn1	Gn2	Gn3	Gn4	Gn5	Gn6	Gn7	Gn8	Gn9	G10	G11	G12	G13	G14
L01	24	20	26	27	22	25	20	31	23	24	29	28	28	21	20	
L04	100	96	87	92	87	95	94	85	83	70	61	31	15	10	10	
L12	77	64	42	13	5	25	8	3	5	7	5	8	3	3	5	
L13	91	82	34	11	6	35	19	45	8	7	7	5	9	3	1	
L15	87	90	84	75	62	57	37	29	34	16	13	13	17	16	7	
L29	48	53	50	31	19	51	65	74	77	70	73	54	60	41	40	
C02	72	2	16	15	13	14	14	14	13	15	16	20	32	33	33	
C14	86	82	63	39	11	5	8	5	6	6	6	6	8	7	7	
C16	71	70	22	1	1	10	6	0	1	0	26	3	6	13	13	
C17	84	74	64	53	46	45	47	31	32	32	28	30	33	30	28	
C19	70	38	28	29	33	28	27	35	30	52	33	31	34	25	25	

2 Analyse des profils de gène

En revanche, il semble légitime d'apprécier les lignes afférentes à chacun des sujets comme des *profils de gène*, dont l'analyse des correspondances révélera la tendance, plus ou moins prononcée au soulagement,... ou à

traitement L contre traitement C; profil cumulé en ‰ de J00 à J14

	Gn0	Gn1	Gn2	Gn3	Gn4	Gn5	Gn6	Gn7	Gn8	Gn9	G10	G11	G12	G13	G14
	145	115	94	77	67	65	56	56	58	60	51	43	39	38	36

l'aggravation. Le profil des notes cumulées sur tous les sujets témoigne d'ailleurs une amélioration générale (même si, pour le sujet L29 par exemple, il peut y avoir une recrudescence de la gène au cours du traitement).

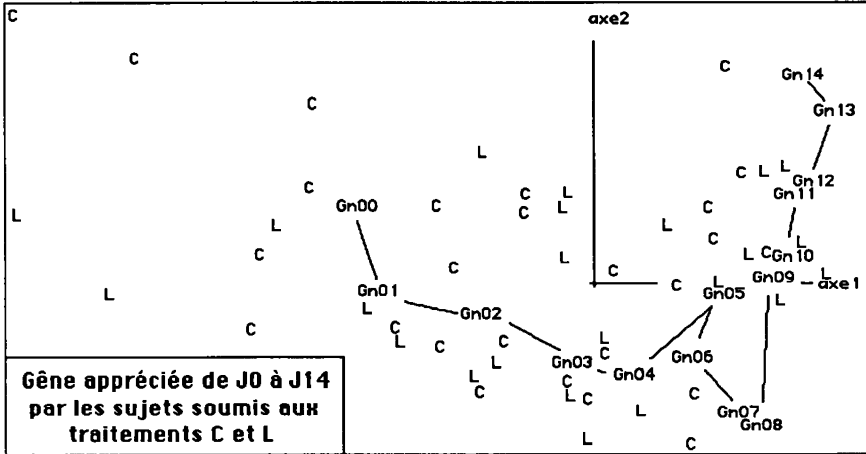
On a donc analysé un tableau (49 × 15) croisant l'ensemble I des 49 sujets pour lesquels on dispose de notes complètes (dont 26 sujets ayant reçu le traitement C et 23 le traitement L), avec l'ensemble J des 15 notes de gène désignées par les sigles de Gn00 à Gn14.

traitement L contre traitement C; gène des sujets de J00 à J14

trace :	3.111e-1														
rang :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10					
lambda :	1179	551	318	281	230	133	124	79	65	53	e-4				
taux :	3789	1771	1024	904	740	427	398	254	209	171	e-4				
cumul :	3789	5560	6584	7488	8228	8655	9052	9307	9516	9687	e-4				

L'axe 1, nettement détaché des suivants quant au taux d'inertie, s'interprète clairement: la suite des modalités de gène est en effet, presque sans permutation, dans l'ordre des jours de J00 à J14. Un sujet situé du côté ($F1 < 0$), associé aux modalités des premiers jours de traitement, a un profil de gène dont la décroissance au cours du temps est plus rapide que la moyenne; au contraire, on trouve avec ($F1 > 0$) les sujets pour lesquels le poids de la gène en fin de traitement est relativement élevé: même s'il y a eu une décroissance (ce qui est général), elle est inférieure à la moyenne.

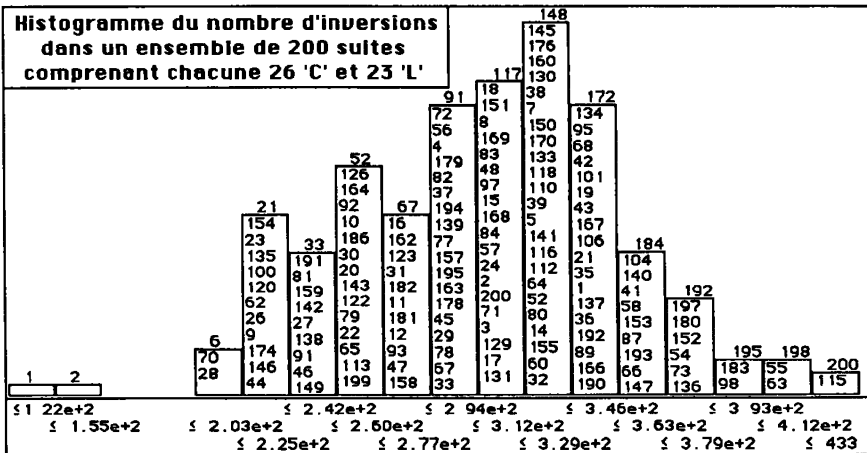
On s'interrogera maintenant sur l'efficacité comparée des deux traitements. À première vue, il n'y a pas de séparation nette entre les deux groupes de sujets (reconnaissables sur le graphique par la lettre initiale de leur sigle, seule affichée par l'option choisie du programme 'planF'). Il semble seulement que le



traitement C prédomine du côté ($F1 < 0$) de l'amélioration maxima; mais comme les sujets ayant reçu ce traitement sont aussi les plus nombreux (26/49), il ne semble pas possible d'affirmer, entre C et L une différence significative. Afin de vérifier cela, on a effectué un calcul de simulation.

3 Épreuve de rang par simulation

Partons par exemple de l'hypothèse: "C est plus efficace que L". Sur l'axe 1, l'expression la plus nette de cette hypothèse serait que les 26 'C' fussent tous à droite des 23 'L'. Le rejet de cette hypothèse (ainsi que de l'hypothèse opposée, favorable à L) correspondrait à une disposition aléatoire de l'ensemble des lettres sur l'axe 1. On a donc engendré aléatoirement par



programme 200 séquences de 49 caractères comprenant chacune 26 'C' et 23 'L'; et on a dénombré pour chaque séquence le nombre des inversions, i.e. le nombre des paires de caractères formées d'un L précédant un C.

Relativement à l'histogramme des nombres d'inversions ainsi obtenus, le nombre de 244, correspondant à l'axe 1 (i.e. le nombre de paires de sujets (Ci, Li) pour lesquelles $F1(Li) < F1(Ci)$), apparaît plutôt faible mais nullement exceptionnel: il se situe, sur les 200 nombres, entre les rangs 33 et 34; soit à (1/6) de 200. La simulation confirme donc notre appréciation formulée au §2: C a, dans l'essai analysé, mieux réussi que L; mais, compte tenu du petit nombre de sujets, la différence peut être de l'ordre des fluctuations d'échantillonnage.

4 Analyse complémentaire

L'analyse du §2 considère les profils de gène; la présentation verbale de l'axe, autant que son orientation naturelle de la gauche vers la droite suggère, en effet, que l'attention des sujets portait sur le mal, à l'exclusion de son complémentaire: le bien-être! On a toutefois considéré un tableau à 30 colonnes, créé en adjoignant à chaque colonne Gn_j une colonne complémentaire Bn_j donnant son complément à 100; en d'autres termes, la distance entre le point marqué sur l'échelle et l'extrémité droite de celle-ci. L'analyse montre d'abord, sur l'axe 1, une opposition entre l'ensemble des Gn_j ($F1 < 0$) et celui des Bn_j ($F1 > 0$): du côté ($F1 < 0$) sont donc les sujets qui ont exprimé leur gène par des valeurs élevées, ce qui, selon nous, ne signifie aucunement que celle-ci ait été particulièrement forte. L'axe 2, lui, montre le succès du traitement: ($F2 > 0$), conjonction entre gène au début et bien à la fin; ou l'échec: ($F2 < 0$), conjonction entre gène à la fin et bien-être au début (relativement du moins).

Cette dernière analyse éclaire l'usage que les sujets font des notes.

