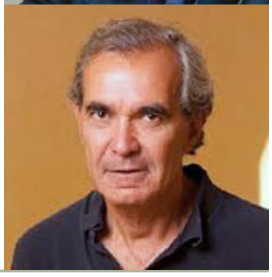
Entretien avec Jean-Louis Foulley



Jean-Louis FOULLEY[1]
Directeur de Recherches INRA à la retraite
Gilles CELEUX[2]
Institut de mathématiques d'Orsay, Université Paris-Sud et Inria Orsay

TITLE
Interview of Jean-Louis Foulley

RÉSUMÉ
Jean-Louis Foulley est un généticien à la retraite qui a travaillé à l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) dans le domaine de la sélection animale. Il a milité pour l'implantation de la statistique bayésienne dans ce domaine d'application important de la statistique. Il a bénéficié de séjours longs et décisifs aux USA pour son orientation.

Mots-clés **:** *statistique bayésienne, génétique, agronomie.*

ABSTRACT
Jean-Louis Foulley is a retired genetician who worked at the French National Institute for Agronomical Research (INRA) in animal selection. He was influential for the use of bayesian statistics in an important and historical domain of application of statistics. He largely benefited of longterm and crucial visiting scholarships in the US for his later scientific orientation.

Keywords: *bayesian statistics, genetics, agronomy.*

G. Celeux : Peux-tu nous indiquer le contexte de tes études supérieures?

J.-L. Foulley : J'appartiens à la génération 68, perdue pour certains voire honnie, bénie pour d'autres, mais assurément singulière. Nourri d'humanités et de géométrie dans le secondaire, j'ai complété ce régime en prépa par des doses massives de sciences et notamment de mathématique à base exclusive d'analyse. Je me suis retrouvé à l'entrée à l'Agro de Paris n'ayant jamais entendu parler de probabilité ni, *a fortiori*, de statistique, de génétique et encore moins d'informatique. Certains y verraient actuellement une lacune. J'y vois pour ma part une chance, ayant abordé ces disciplines par un enseignement rigoureux des concepts de base sous la férule de grands maîtres : Guy Lefort, Albert Jacquard, Gustave Malécot notamment. En statistique, Guy Lefort et son équipe (Paule Renaud, Camille Duby) nous concoctaient un enseignement de haut vol alliant théorie et applications et, à cette époque, dans un cadre purement classique où, rétrospectivement, je me rends compte que Fisher tout comme Benzecri n'avaient guère de place.

G. Celeux : Quand as-tu découvert la statistique bayésienne?

J.-L. Foulley : Au DEA de Génétique quantitative et appliquée, Albert Jacquard et Jean Génermont recouraient au théorème dit de Bayes en inférant la probabilité des génotypes d'individus sachant les phénotypes d'apparentés. Jacquard poussait la chansonnette plus loin en évoquant l'intérêt d'une estimation de la probabilité d'une proportion sous un modèle binomial avec

1. foulleyjl@gmail.com
2. gilles.celeux@inria.fr

un a priori beta uniforme dans le cas d'un très faible effectif. Mais, c'était beaucoup plus que succinct. En fait, la véritable confrontation avec le bayésien est venue dès mes premières années à l'INRA lors de discussions avec Guy Lefort au sujet de l'évaluation génétique des reproducteurs. Ce dernier ne comprenait pas pourquoi nous traitions les effets des taureaux comme aléatoires alors que l'échantillon des taureaux en question n'avait que peu à voir avec un choix au hasard. Lefort s'alarmait de cette incohérence des généticiens traitant un facteur, tantôt comme aléatoire, tantôt comme fixé, au gré des coutumes et techniques établies. Nous fûmes plusieurs promotions à sécher sur cette question récurrente que posait Guy Lefort sur nos travaux. À notre grande satisfaction, il résolut lui-même l'énigme en interprétant le BLUP comme un estimateur bayésien pris égal à l'espérance de la loi *a posteriori* de la valeur génétique transmise par le reproducteur, sachant que celle-ci est munie d'une loi a priori qui est « *un résumé de la connaissance plus ou moins précise qu'a le spécialiste des valeurs des paramètres* » (Lefort, 1980). Cette période (milieu des années 70) correspond d'ailleurs à l'orientation marquée de son enseignement à l'INA-PG vers la statistique bayésienne (Lefort, 1975) et à son engagement dans cette voie ; il fut le seul participant français au premier congrès de statistique bayésienne de Valencia en 1979. Son influence fut déterminante dans mon orientation personnelle. Pour nos détracteurs futurs, le ver était maintenant dans le fruit et il ne restait plus qu'à le laisser se développer sachant que les trois grands noms que j'ai mentionnés s'affirmèrent tous des bayésiens convaincus (Lefort, 1975; Jacquard, 1970; Malécot, 1947). En fait, Charles Henderson, le père du BLUP, avait établi ses équations du modèle mixte par une approche bayésienne, certes inconsciente, mais prémonitoire. Il eut recours à cette occasion, avant tout le monde, à des concepts et des outils d'avant-garde : vraisemblance des données complètes (données observées augmentées des effets aléatoires) et algorithme de type EM greffé sur les équations du modèle mixte pour estimer les composantes de la variance par maximum de vraisemblance résiduelle nommée *REML* selon son acronyme anglais (Henderson et al., 1959; Henderson, 1973).

Qu'est-ce que le modèle linéaire mixte ? Le modèle linéaire mixte généralise le modèle d'analyse de variance et de régression classiques en donnant aux résidus une structure de variance-covariance parcimonieuse induite par des effets aléatoires. Tel est le cas des modèles dits hiérarchiques à plusieurs niveaux de variabilité, par exemple 1) individus intrapopulation et 2) populations. Le modèle phare de la sélection animale qui a prévalu pendant plusieurs décennies avant la révolution génomique en constitue un très bon exemple (cf. entretien avec J.-L. Foulley). C'est un modèle qui décrit la performance d'un descendant (k) élevé dans un élevage (j) et issu d'un père (i). Dans ce modèle, les effets *élevage* sont traités comme fixes et les effets père comme aléatoires, si bien que les descendants d'un même père présentent une corrélation liée à cette origine commune (dite corrélation intraclasse). On peut également introduire dans ce modèle, les parentés entre les pères ainsi que les effets des grands-pères maternels qui permet une expression plus fine des relations de parenté entre individus. On aboutit ainsi logiquement au modèle dit *modèle animal* comportant les facteurs *élevage* fixe et *individu* aléatoire muni d'une matrice complète de parenté entre individus.

Pressentant qu'il se passait quelque chose qu'il ne fallait pas manquer, je mis les bouchées doubles pour me former au BLUP et plus généralement à toutes les méthodologies du modèle mixte auprès des spécialistes de Cornell, d'où un semestre sabbatique en 1979 à Guelph (Ontario) avec Larry Schaeffer et un cours d'été d'Henderson en 1981 à Landquart (Suisse) suivi par une collaboration avec Daniel Gianola lors de son séjour sabbatique à Jouy-en-Josas en 1982 et de mon année sabbatique en Illinois à Urbana-Champaign (IL) en 1885-86 puis à Madison (WI) en 1995.

Qu'est-ce que le BLUP ? Le BLUP (Best Linear Unbiaised Predictor) est une méthode statistique qui généralise au modèle linéaire mixte, la méthode d'estimation des moindres carrés en autorisant les résidus à présenter des corrélations. Tel est le cas notamment pour des résidus relatifs à des descendants d'un même géniteur et plus généralement à des individus apparentés. Il fait l'objet également d'applications à la génomique sous le vocable de g-BLUP. Le BLUP possède des propriétés d'optimalité (meilleur prédicteur linéaire sans biais au sens de l'erreur quadratique moyenne). Il a été développé par un généticien de l'Université Cornell, Charles Henderson, sous la forme d'un système d'équations qui miment celles des moindres carrés auxquelles on ajoute des éléments aux blocs des effets aléatoires (par exemple une information a priori de parenté entre individus). Développées pourtant dans un contexte de statistique classique, leurs solutions peuvent très naturellement s'interpréter dans le cadre bayésien comme l'espérance de distributions *a posteriori*.

G. Celeux : Comment cela s'est-il traduit dans tes activités de recherche et d'enseignement ?

J.-L. Foulley : J'avais acquis alors une boîte à outils suffisamment fournie pour approfondir les questions de prédiction qui se posaient à nous en génétique quantitative et en sélection animale. Dans le domaine multinormal, les méthodes fréquentistes aussi bien au niveau prédiction (BLUP) qu'estimation des composantes de la variance (Henderson I, II & III, MINQUE, ML, REML) avaient fait leurs preuves et ne nécessitaient plus que des ajustements à des problématiques locales (données manquantes et effets sélectifs notamment). Pourtant, elles étaient très complexes à maîtriser et restaient toujours approximatives en dehors de ce cadre. Avec Gianola, nous décidâmes de franchir le Rubicon et de proposer, dès 1982, une méthode de prédiction des effets aléatoires d'un modèle multinomial-probit basée sur la distribution *a posteriori* des paramètres de position. À cette époque, nous n'allions pas plus loin que le MAP et l'approximation de Laplace (Gianola et Foulley, 1983). En fait, la mise en oeuvre fut difficile vue la taille gigantesque des fichiers de données de contrôle de performances récoltées en ferme. Il nous a fallu l'aide d'informaticiens avertis comme Ignacy Misztal, pour proposer un programme opérationnel d'application aux difficultés de naissance et à la fertilité des bovins. On était encore loin des MCMC même si elles se profilaient à l'horizon. Je me trouvai embarqué dans l'encadrement d'une thèse sur l'estimation REML des composantes de la variance par l'algorithme EM qui répondait très bien au statut qu'il fallait faire jouer aux effets fixes et aux effets aléatoires dans une estimation de type REML des composantes de la variance. Tu me rétorqueras que tu vois mal où se loge la statistique bayésienne dans cette affaire ? C'est exact en apparence, mais la vraisemblance marginalisée par intégration est un concept clé en statistique bayésienne pour s'affranchir des effets de certains paramètres dits parasites. En incluant les effets fixes dans le vecteur des données manquantes, on les intègre *ipso facto* dans la vraisemblance à la phase E même si leur loi *a priori* est impropre. Cela me permit de mettre en oeuvre avec succès des modèles mixtes prenant en compte l'hétérogénéité de variance et de développer des estimations type REML des composantes de variance en modèle non-linéaire via un algorithme SAEM ou en modèle linéaire généralisé par MCMC.

G. Celeux : Quel bilan tires-tu de ces travaux vis-à-vis de ton cheminement vers la statistique bayésienne ?

J.-L. Foulley : Premièrement qu'il est toujours bon de se colleter avec le réel, en l'occurrence avec des modèles qui ont donné lieu à des applications d'envergure, je pense notamment à toutes celles concernant la prise en compte de l'hétérogénéité de variance dans l'évaluation des taureaux de races laitières (travaux de Christèle Robert et Bernard Bonaiti). La statistique bayésienne est avant tout une science d'ingénieurs comme l'a bien montré McGrayne (2011) dans son remarquable livre *The theory that would not die*. Elle a repris un second souffle à partir des années 90 grâce aux techniques de simulation MCMC et notamment à la méthode de Metropolis-Hastings et à l'échantillonneur de Gibbs. Depuis ce secteur est devenu un domaine de recherche à part entière qui mobilise beaucoup d'énergie à la frontière entre mathématique, informatique et statistique comme en attestent les ouvrages et travaux de Christian Robert. De ce point de vue, on adhérera volontiers à la position de Georges Canguilhem qui déclarait : « *La science procède de la technique et la technique doit être pensée comme création* ». Un bon exemple en est fourni par les méthodes ABC (Approximate Bayesian Computation) qui ont été introduites par des généticiens des populations (Tavaré, Beaumont, Cornuet) à la fin des années 1990 en tant qu'algorithme d'échantillonnage de l'*a posteriori* à partir des étapes constitutives d'échantillonnage dans l'*a priori* puis de simulation des données d'un modèle complexe dont on ne connaît pas la vraisemblance, celles-ci n'étant retenues que si elles s'avèrent suffisamment proches des données réelles. Ce n'est que plus tard que les théoriciens se sont attaqués aux propriétés des différents algorithmes qui avaient été proposés plus ou moins empiriquement par les généticiens, et ont pu préciser les conditions de validité de ces algorithmes. Mais il y a une contrepartie à cet essor, c'est le développement actuel d'usages opportunistes de la statistique bayésienne au nom de la disponibilité, de l'efficacité et de la simplicité conceptuelle de la boîte à outils bayésiens. Bruno Goffinet de l'INRA parlait du confort de la statistique bayésienne et Philip Dawid allait même jusqu'à la qualifier de boring. Comme le rappelait fort justement Bradley Efron (2005) : « *But using Bayes' rule does not make one a Bayesian ; always using it does, and that's where difficulties begin.* »

G. Celeux : N'y aurait-il pas un revers à la médaille bayésienne ?

J.-L. Foulley : On peut dire cela ainsi. Mais avant de parler des difficultés sinon des revers, on pourrait évoquer les points saillants de la théorie qui ont milité pour moi en faveur de la statistique bayésienne. J'en vois trois, à mon sens, fondamentaux : 1) l'inférence sur les paramètres du modèle définie conditionnellement aux données observées et non pas par rapport à des données potentiellement observables ; 2) la dualité de l'interprétation de la probabilité (épistémique et aléatoire selon la terminologie de Ian Hacking) reconnue de tous depuis très longtemps, mais enfin assumée et intégrée dans un même formalisme par la théorie bayésienne ; 3) la structure de la formule de Bayes qui permet une actualisation séquentielle de l'information, la distribution *a posteriori* d'aujourd'hui servant d'*a priori* pour demain. La combinaison de 1) et 2) permet alors de formuler des énoncés probabilistes sur les paramètres et autres variables du modèle notamment des observations à venir. Fisher avait certes intégré le point 1) dans la théorie de la vraisemblance, mais il ne franchissait jamais complétement le pas du point 2), malgré la tentative contestable de l'inférence fiduciaire et de sa version moderne des distributions de confiance.

G. Celeux : Bien, mais je reviens à ma question sur les revers de la théorie ?

J.-L. Foulley : Une difficulté fondamentale à plusieurs égards réside dans le choix des *a priori*. Elle est la source du contentieux entre fréquentistes disciples de Neyman-Pearson, fisheriens et bayésiens depuis les origines (Dale, 1999; Fienberg, 2006; Leonard, 2014; Stigler, 1986) et, en particulier, à propos des tests d'hypothèses. Ce contentieux divise même la communauté bayésienne en plusieurs courants (objectif, subjectif, empiriste). C'est aussi un facteur limitant à la diffusion plus large de l'inférence bayésienne dans des secteurs, dont le biomédical par exemple, qui se veulent à l'abri de toute critique partisane. Ce souci explique l'intérêt depuis les pères fondateurs, Bayes, Price et Laplace, pour les a priori dits objectifs (Berger, 2004) notamment les *a priori* non informatifs de Jeffreys (Robert et al., 2004), qui possèdent de plus la propriété d'invariance c'est-à-dire de cohérence des *a priori* quelle que soit l'échelle d'expression des paramètres. Mais poser un *a priori* non informatif relève un peu de l'homéopathie, qui ne peut pas faire de mal à défaut de faire du bien. Comme d'autres bayésiens, je considère ce type d'*a* *priori* comme un point de départ « *a priori-0* » d'un processus itératif qui se nourrit de l'addition séquentielle de données passées à chaque étape au filtre de la formule de Bayes, l' *a priori* de l'étape (t) étant l'*a posteriori* de l'étape (t-1) comme je l'indiquais au point 3. C'est du moins l'approche que j'ai adoptée dans l'établissement des pronostics de football aussi bien d'une saison à l'autre qu'intra-saison d'un ensemble de journées à la journée suivante (Foulley, 2015). Je suis un peu réticent vis-à-vis de l'élicitation d' *a priori* par des experts, qui relève beaucoup du coaching d'équipes de stars en mal de leadership ! En revanche, les procédés utilisés en apprentissage avec séparation des données en échantillon d'apprentissage et échantillon test, le premier servant à construire l'*a priori*, sont à mon sens plus à même d'aboutir à des résultats pertinents. On doit se méfier de pièges tendus par la spécification quasi automatique d'*a priori* notamment en situation de lois conjuguées où l'*a priori* par défaut est beaucoup plus informatif qu'on ne le croit. Je pense notamment aux *a priori* sur les variances qui enferment, dans le cas multidimensionnel, les *a priori* dans une structure bien particulière d'échangeabilité entre composantes.

Pourquoi un problème avec l'a priori en statistique bayésienne ? La formule de Bayes donne la règle de l'apprentissage statistique : effectuer un calcul des probabilité conditionnelle qui dicte comment une loi de probabilité décrivant la connaissance d'une inconnue (loi *a priori*) doit se modifier (en une loi *a posteriori*) lorsque l'on prend en compte une nouvelle observation. Mais elle ne dit rien de l'état de connaissance initiale : comment le spécifier, en particulier quand aucune connaissance *a priori* n'est disponible ? Comme il n'existe pas de consensus chez les mathématiciens pour quantifier l'ignorance, divers critères concurrents (maximum d'entropie, invariance par reparamétrisation, etc.) peuvent être utilisés pour construire des lois *a priori* non informatives.

G. Celeux : Malgré ces difficultés techniques, pourquoi tout le monde n'est-il pas encore bayésien ?

J.-L. Foulley : Oui, c'est une bonne question que posait déjà Efron en 1986 en mettant en avant de réelles difficultés pour mettre en oeuvre l'approche bayésienne par rapport aux commodités des recettes fréquentistes. Je pourrais répondre en forme de boutade en te disant que tu fais du bayésien sans le savoir (Lecoutre, 1997) et depuis assez longtemps en réalité, depuis ta naissance si j'en crois le *bébé bayésien* de Stanislas Dehaene (2013) ! Mais je ne serai pas si péremptoire. Tout ce que je viens de raconter n'est en fait que tracas quotidien face à des questionnements beaucoup plus fondamentaux. En ce qui me concerne, c'est le paradoxe de Jeffreys-Lindley qui a servi de révélateur (Lindley, 1957). Je le rumine depuis maintenant une vingtaine d'années. Je crois à chaque fois en avoir fini avec mes doutes et pourtant j'y reviens malgré moi quelques mois ou années plus tard, comme d'autres (Robert, 2014). Il est d'autant plus perturbant que c'est le domaine où la statistique classique et la statistique bayésienne aboutissent à des résultats diamétralement opposés et à de vives polémiques (Mayo, 2018). J'avais intitulé une de mes présentations à Applibugs, fin 2013, « *Le paradoxe de Jeffreys-Lindley : pierre dans le jardin des fréquentistes ou épine dans le pied des bayésiens ?* », pour bien marquer l'embarras des deux camps face à cette divergence. Aussi déstabilisants qu'ils puissent être, les paradoxes ne sont pas que des démons maléfiques (comme celui de Maxwell), ils recèlent aussi beaucoup de vertus. C'est grâce à ce paradoxe que j'ai enfin compris pourquoi le critère BIC pénalisait la dimension d'un modèle en proportion du log de l'effectif N ce qui m'apparaissait contre-intuitif. La crise actuelle de défiance à l'égard des p-values et seuils de signification des tests d'hypothèse nulle n'a fait que raviver la plaie. Je n'en suis pas encore à désavouer l'usage des facteurs de Bayes comme certains bayésiens de premier plan l'ont fait dont Robert (2016). Leur construction pose avec encore plus d'acuité le problème du choix de l'*a priori*. J'en viens même à penser que ce choix devrait être spécifique à la construction du facteur de Bayes.

G. Celeux : Ces questions posent donc le problème de la formation.

J.-L. Foulley : Oui, on ne peut donc faire l'économie d'un apprentissage et d'une maturation de la théorie notamment par des formations adaptées et une lecture des ouvrages des auteurs de référence tels que ceux de Jeffreys, Zellner, Box & Tiao, Berger, Robert, Robert & Casella, Marin & Robert, Gelman *et al.*, Carlin & Louis, Leonard & Hsu, Bernardo & Smith, Parent & Bernier, mais aussi Cox & Hinkley, Lehman & Casella, etc. ! Je suis redevable au groupe de lecture BaBayes , initié par mon collègue biométricien de Jouy-en-Josas, Jean-Baptiste Denis, qui m'a permis d'éplucher les ouvrages fondamentaux de C. P. Robert, *The Bayesian Choice*, puis ceux de Gelman et al., Bayesian Data Analysis, et de Carlin & Louis, *Bayesian Methods for Data Analysis*. Dans cette perspective, Jean-Baptiste Denis et moi-même avons lancé en 2006 avec Isabelle Albert, Chantal Guihenneuc et Eric Parent, le groupe informel *Applibugs* qui se réunit deux fois par an pour des échanges sur des travaux d'application de statistique bayésienne, avec notamment de jeunes chercheurs. Je ne manquerai pas non plus la lecture quotidienne des blogs de Christian Robert et d'Andrew Gelman qui, dans des styles très différents, m'ont souvent intrigué et m'ont fait découvrir ce qui se cachait dans les coulisses de la scène bayésienne. Enfin, on ne saurait se prétendre bayésien sans mettre la main dans le cambouis. Pour ma part, j'ai essayé de diffuser les rudiments de la méthodologie bayésienne dans le cadre d'un cours annuel sur le modèle mixte donné à l'ENSAI de Rennes. À cet égard, les logiciels *Winbugs* et *Openbugs* ont été – et me sont toujours – d'une aide précieuse non seulement pour mettre en oeuvre des applications de plus ou moins grande envergure, mais aussi pour tester des modèles ou des idées. J'y ai appris beaucoup de choses non seulement sur la statistique bayésienne, mais aussi sur les modèles graphiques et en particulier sur la structure des DAG, indispensable pour savoir comment spécifier une distribution conditionnelle en présence de nombreuses variables.

G. Celeux : S'il fallait conclure d'une ou deux phrases ton parcours bayésien ?

J.-L. Foulley : Il est en accord rétrospectivement avec mes origines, ma formation et ma forme d'esprit. Quant à la statistique bayésienne, je dirais que c'est une science d'ingénieurs, simple dans sa conception, mais plus délicate dans sa réalisation et qui passionne les théoriciens au point de les diviser !

Références

Berger, J. O. (2004), «The case for objective Bayesian analysis», *Bayesian Analysis*, vol. 1, pp. 1–17.

Dale, A. I. (1999), *A History of Inverse Probability from Thomas Bayes to Karl Pearson*, Springer-Verlag.

Dehaene, S. (2013), «Les principes bayésiens de l'apprentissage : sommes-nous des scientifiques dès le berceau ?», in «https://www.college-de-france.fr/site/stanislas-dehaene/course-2013-01-08-09h30.htm», Collège de France.

Fienberg, S. E. (2006), «When did Bayesian inference become Bayesian», *Bayesian Analysis*, vol. 1, pp. 1–40.

Foulley, J.-L. (2015), «A simple Bayesian procedure for forecasting the outcomes of the UEFA champion league matches», *Journal de la SFdS*, vol. 156, pp. 38–50.

Gianola, D. et J.-L. Foulley (1983), «Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model», *Genetics Selection Evolution*, vol. 15, pp. 201–224.

Henderson, C. R. (1973), «Sire evaluation and genetic trends», in «Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of Dr J. Lush», pp. 10–41, American Society Animal Science-American Dairy Science Association.

Henderson, C. R., O. Kempthorne, S. R. Searle, et C. von Krosigk (1959), «Estimation of environmental and genetics trends from records subject to culling», *Bometrics*, vol. 13, pp. 192–218.

Jacquard, A. (1970), *Structure génétique des populations*, Masson.

Lecoutre, B. (1997), «C'est bon à savoir ! Et si vous étiez un bayésien qui s'ignore ?», *Modulad*, vol. 18, pp. 81–87.

Lefort, G. (1975), *Cours d'Introduction à la théorie de la décision et à la statistique bayésienne*, Institut National Agronomique Paris-Grignon.

Lefort, G. (1980), «Le modèle de base de la sélection : justification et limites», *Biométrie & Génétique*, pp. 1–14.

Leonard, T. H. (2014), «A personal history of Bayesian statistics», *Wires Computational Statistics*, vol. 6, pp. 80–115.

Lindley, D. V. (1957), «A statistical paradox», *Biometrika*, vol. 44, pp. 187–192.

Malécot, G. (1947), «Les critères statistiques et la subjectivité de la connaissance scientifique», *Annales de l'Université de Lyon*, vol. 10, pp. 43–74, traduit en anglais par Gianola, D. in GSE 31, 269-298.

Mayo, D. G. (2018), *Statistical Inference as Severe Testing*, Cambridge University Press.

McGrayne, S. B. (2011), *The Theory That Would Not Die*, Yale University Press.

Robert, C. P. (2014), «On the Jeffreys-Lindley paradox», *Philosophy of Science*, vol. 5, pp. 216–232.

Robert, C. P. (2016), «The expected demise of the Bayes factor», *Journal of Mathematical Psychology*, vol. 72, pp. 33–37.

Robert, C. P., N. Chopin, et J. Rousseau (2004), «Harold Jeffreys's theory of probability revisited», *Statistical Science*, vol. 24, pp. 141–172.

Stigler, S. (1986), *The History of Statistics: The Measurement of Uncertainty before 1900*, Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, MA.