

# T. D. n° 11

## Analyse de la variance à un facteur

### Exercice 1. Mangez des pommes !

Nous souhaitons comparer la teneur en vitamine C de cinq variétés de pommes notées  $V_1$ ,  $V_2$ ,  $V_3$ ,  $V_4$  et  $V_5$ . Pour chaque variété la teneur en vitamine C, exprimée en  $mg/(100g)$  a été mesurée dans cinq pommes prises au hasard. Nous obtenons les données suivantes regroupées dans le tableau ci-dessous :

$V_1$	$V_2$	$V_3$	$V_4$	$V_5$
93,6	95,3	94,5	98,8	94,6
95,3	96,9	97,0	98,2	97,8
96,0	95,8	97,8	97,8	98,0
93,7	97,3	97,0	97,2	95,0
96,2	97,7	98,3	97,9	98,9

Qu'est-il possible de conclure ?

Pour répondre à cette question, vous allez procéder à une analyse de la variance à un facteur fixe.

1. Pourquoi faut-il faire ici une analyse de la variance à un facteur fixe et non pas une analyse de la régression linéaire ?
2. Écrire le modèle statistique de l'analyse de la variance à un facteur.
3. Quelles sont les hypothèses que vous faites pour pouvoir appliquer la théorie du modèle linéaire ? Sont-elles vérifiées ?
4. Calculer, à l'aide du logiciel R, le tableau de l'ANOVA correspondant à cette étude.
5. Réaliser le test de Fisher au seuil de significativité 5% puis de 1%. Qu'en déduisez-vous ?
6. Donner une estimation de la variance  $\sigma^2$ .
7. Dans le cas de cette étude, pouvez-vous faire des comparaisons multiples ? Si oui, pourquoi ? Et dans le cas de l'affirmatif, réaliser alors les comparaisons. Que pouvez-vous conclure ?

### Exercice 2. D'après Husson et Pagès. *Statistiques générales pour utilisateurs*. Les éditions PUR, 2005.

À l'issue d'un test de dégustation, on a recueilli 8 indices d'acidité pour chacune de 4 bières blanches. Ces indices, arrondis, sont rassemblés dans le tableau suivant.

	bière 1	bière 2	bière 3	bière 4
note 1	5	0	5	0
note 2	5	1	6	0
note 3	5	2	6	1
note 4	6	2	7	1
note 5	7	3	8	2
note 6	7	4	9	3
note 7	8	6	10	4
note 8	10	6	10	4

- Après avoir calculé les statistiques élémentaires sur ces notes, représenter ces dernières par des boîtes à moustaches.
- On veut savoir si les bières diffèrent selon leur acidité. Quelle est la méthode d'analyse adaptée? Justifier votre réponse.
- Écrire le modèle statistique correspondant.
- Donner le tableau d'analyse de la variance en justifiant brièvement vos réponses.
- Quel est le pourcentage de la variabilité de la note expliqué par le facteur bière?
- Proposer un test pour comparer globalement ces bières. Détailler la procédure de test. Prendre ensuite une décision pour un seuil de  $\alpha = 1\%$ .

**Exercice 3. D'après Prum. *Modèle linéaire. Comparaison de groupes et régression*. Les éditions INSERM, 1996.**

Nous souhaitons comparer trois traitements, notés  $A$ ,  $B$  et  $C$  contre l'asthme : le traitement  $B$  est un nouveau traitement, que nous souhaitons mettre en compétition avec les traitements classiques  $A$  et  $C$ . Nous répartissons par tirage au sort les patients venant consulter dans un centre de soin, et nous leur affectons l'un des trois traitements. Nous mesurons sur chaque patient la durée, en jours, séparant de la prochaine crise d'asthme. Les mesures sont reportées dans le tableau ci-dessous :

Traitement $A$	Traitement $B$	Traitement $C$
26; 27; 35; 36	29; 42; 44; 44	26; 26; 30; 30
38; 38; 41; 42	45; 48; 48; 52	33; 36; 38; 38
45; 50; 65	56; 56; 58; 58	39; 46; 47; 51
	60; 61; 63; 63	51; 56; 75
	69	

Pouvons-nous conclure que les traitements ont une efficacité différente pour le critère « temps séparant la prochaine crise? »

Pour répondre à cette question, vous procéderez à nouveau à une analyse de la variance à un facteur fixe. Reprenez les questions de l'exercice 1 et concluez.

Une remarque : quelle est la différence entre l'exercice 1 et l'exercice 3?

**Exercice 4. D'après Parreins. *Techniques statistiques, moyens rationnels de choix et de décision*. Dunod technique, 1974.**

Nous irradiions avec des doses croissantes de rayons X, exprimées en roentgens des espèces vivantes et nous calculons le pourcentage de décès :

Dose 0	Dose 500	Dose 1 000	Dose 2 000	Dose 3 000
2,5	5,0	10,0	30,0	46,5
2,7	4,5	6,5	27,0	41,0
2,5	3,5	8,0	26,0	43,0

1. Les variances sont-elles égales ? Pour répondre à cette question, utiliser une procédure que vous commencez à bien connaître. Dans le cas où elles ne sont pas égales, que pouvez-vous faire ? En quoi cela est-il limitant pour vous ?
2. Après analyse, nous arrivons à la conclusion que la dose de 500 roentgens n'est pas significativement plus mortelle que la dose zéro. Que devons-nous conclure pour les autres doses ?

**Exercice 5. D'après Frontier, Davoult, Gentilhomme, Lagadeuc. *Statistiques pour les sciences de la vie et de l'environnement*. Dunod, 2001.**

Pour étudier la maturation gonadique d'une espèce d'échinoderme, des données de poids sec de gonades, en *mg*, sont récoltées en trois sites différents, pour les mâles et pour les femelles.

• Mâles

Site 1	21,4	20,7	18,3	35,5	23,5	38,7	41,7	35,7	36,2	20,0		
Site 2	75,1	58,9	61,5	58,7	38,4	26,4	38,0	42,5	24,5	32,6	35,5	41,9
Site 3	9,0	18,6	21,7	20,5	22,6	30,4	14,0	17,0	22,1	12,7	27,0	13,9

• Femelles

Site 1	36,7	46,2	45,7	41,2	38,9	44,8	39,7	45,4	29,9	30,7		
Site 2	61,5	53,1	46,3	32,4	23,9	38,0	25,3	51,2	33,7	56,7	48,5	51,4
	23,7	46,0	28,3	32,7								
Site 3	17,5	12,7	20,0	19,1	12,6	16,6	21,8	22,6	22,9	21,0	13,4	14,4

1. Pour chaque sexe, le poids gonadique varie-t-il significativement selon le site ? Pour répondre à cette question, vous serez amené à réaliser une analyse de la variance à un facteur fixe, pour chaque sexe.
2. Entre quels sites existe-t-il une différence ?
3. Tester simultanément les significativités des effets du site, du sexe et de leur interaction. Avec le cours que vous avez à disposition, pouvez-vous répondre à cette question ? Si oui, pourquoi ? Si non, pourquoi ?

**Exercice 6. Et pour finir : génotype.**

Scheffé (1959, pp. 140–141) a reproduit les données d’une expérience destinée à étudier les variations dans la masse, en  $g$ , de rats femelles hybrides en fonction du génotype de la mère nourricière de la portée et du génotype de la portée. Il s’agit des masses moyennes des individus femelles de 61 portées en fonction du génotype de la mère nourricière de la portée et du génotype de la portée. Précisons que les portées proviennent de mères distinctes et n’ont pas eu les mêmes mères nourricières.

1. Télécharger le fichier `foster` du package `HSAUR`.
2. Afficher-le à l’écran.
3. Combien de lignes ? Combien de colonnes ? Quel est le type de chaque colonne ?
4. Vous remarquez qu’il y a deux facteurs dans ce `data.frame`. Nous souhaitons étudier le gain de masse en fonction de ces deux facteurs à l’aide d’un modèle de l’analyse de la variance. Il se pose alors la question naturelle de savoir si le plan est équilibré ou déséquilibré ? Quel type d’analyse de la variance pouvez-vous faire sous réserve que les conditions soient vérifiées ? À deux facteurs avec interaction ? À deux facteurs sans interaction ?

5. Exécuter la ligne de commande suivante :

```
plot.design(foster)
```

**Remarque :** Faire un `help` de `plot.design`.

6. La figure que vous venez d’obtenir indique que les différences dans les poids pour les quatre niveaux du génotype de la mère sont substantielles. Les différences correspondantes pour le génotype de la lignée sont plus petites. Nous allons appliquer une analyse de la variance en utilisant la fonction `aov`, mais dans ce cas présent une complication apparaît du fait que le plan n’est pas équilibré. Ici, le nombre d’observations est différent dans chaque groupe. Par conséquent, il n’est plus possible de partitionner la variation que l’on observe dans le jeu de données en des sommes de carrés orthogonales représentant les effets principaux et les interactions.

Dans un plan déséquilibré d’analyse de la variance à deux facteurs notés  $A$  et  $B$ , il y a une proportion de la variance de la variable réponse qui peut être attribuée soit au facteur  $A$ , soit au facteur  $B$ . La conséquence est que les facteurs  $A$  et  $B$  ensemble expliquent moins de variation de la variable dépendante que la somme de chacun explique à elle seule.

Nous allons maintenant envisager deux types d’analyse de la variance. Exécuter à la suite les lignes de commande suivantes :

```
>summary(aov(weight~litgen*motgen,data=foster))
```

et

```
>summary(aov(weight~motgen*litgen,data=foster))
```

Qu’observez-vous ? Il y a une petite différence dans la somme des carrés pour les deux effets principaux, et par conséquent, dans la statistique de Fisher et dans la  $p$ -valeur. En fait, cette différence qui apparaît est due au type de la somme des carrés qui est calculé. Ici la fonction `aov` calcule une somme de carrés de type I.

Vous pouvez lire cet extrait suivant :

« Le tableau Type I SS est construit en ajoutant les variables une à une dans le modèle, et en évaluant l'impact sur la somme des carrés du modèle. De ce fait, l'ordre dans lequel les variables sont entrées dans le modèle influe sur les résultats obtenus. Le tableau Type III SS est calculé en enlevant ponctuellement chacune des variables du modèle, toutes les autres étant présentes, afin d'évaluer l'impact de la variable supprimée sur le modèle. Ainsi, les valeurs obtenues dans le tableau Type III SS sont indépendantes de l'ordre dans lequel sont sélectionnées les variables. Le tableau Type III SS est souvent préféré pour l'analyse des résultats d'un modèle avec interactions. »

Il ne reste plus qu'à savoir comment calculer les sommes de carrés de Type III. Il est nécessaire d'utiliser la fonction *Anova* (attention avec un A majuscule du package « car »).

La ligne de commande à exécuter est la suivante :

```
>Anova(aov(weight~motgen*litgen,data=foster), type="III")
```

7. La représentation graphique classique pour une analyse de la variance se fait à l'aide des lignes de commande suivantes :

```
>layout(matrix((1 :4), nrow=2, ncol=2, byrow=T))
>plot(aov(weight~motgen*litgen,data=foster))
```

8. Il est évident qu'il faut absolument vérifier les hypothèses classiques d'une analyse de la variance paramétrique. Pour cela, exécuter les lignes de commande suivantes :

```
>residus<-residuals((aov(weight~litgen*motgen,data=foster)))
>qqnorm(residus)
>qqline(residus)
>shapiro.test(residus)
>library("car")
> bartlett.test(residus~litgen*motgen,data=foster)
```

**Remarque :** Le test de Bartlett est un test d'égalité des variances construit pour comparer au moins 3 échantillons. Indiquons également que le test de Fisher d'égalité des variances a pour commande « var.test (échantillon 1, échantillon 2) ».

9. Enfin, nous pouvons calculer les estimations des coefficients du modèle en exécutant la ligne de commande suivante :

```
>coefficients(aov(weight~motgen*litgen, data=foster))
```

10. Nous pouvons aussi calculer les valeurs ajustées en exécutant la ligne de commande suivante :

```
>fitted.values(aov(weight~motgen*litgen, data=foster))
```

11. Les « anovas » conduisent à dire qu'il y a un effet principal du facteur « motgen », qui signifie que le génotype de la mère ou encore que le facteur « génotype de la mère » est significatif au seuil  $\alpha = 5\%$ .

Maintenant, nous souhaitons savoir quelles sont les différences entre les effets des différents niveaux du facteur. Pour cela, nous allons avoir recours à des tests de comparaison multiples. Choisissons un des modèles d'analyse de la variance.

```
>foster_aov<-aov(weight~litgen*motgen,data=foster)
```

Puis exécuter les lignes de commande suivantes :  
>foster\_hsd<-TukeyHSD(foster\_aov,"motgen")  
>foster\_hsd  
Qu'observez-vous ? Que concluez-vous ?