

TD 8

Analyse de la variance

Exercice 1 Trois forêts

Le fichier de données “foret3.txt” est téléchargeable à l’adresse suivante.

<http://samm.univ-paris1.fr/IMG/txt/foret3.txt>

On dispose d’un échantillon de taille 37 et d’une variable explicative qualitative, ou facteur, le numéro de la forêt. Il peut être considéré comme trois échantillons indépendants. On désire comparer leurs moyennes.

Question 1 : Comparer les figures tracées par les codes suivants. Que représentent les rectangles coupés dans la deuxième figure ?

```
par(mfrow = c(1, 2))
foret3 = read.table("emplacement/foret3.txt", header = TRUE)
plot(hauteur~foret, data = foret3)

foret3$foret = as.factor(foret3$foret)
plot(hauteur~foret, data = foret3)
```

Question 2 : Quelle commande utilisez vous pour afficher la taille de l’échantillon ? Comment afficher la taille de l’échantillon pour chaque forêt différente ?

Question 3 : Interpréter les sorties de traitement suivant.

```
lm.foret = lm(hauteur~foret, foret3); anova(lm.foret)
```

Question 4 : Les commandes suivantes effectuent le test d’HSD. Pouvez vous expliquer ce test et interpréter les sorties et la figure ?

```
aov.foret = aov(hauteur~foret, data = foret3)
hsd.foret = TukeyHSD(aov.foret); plot(hsd.foret); hsd.foret
```

Question 5 : Que fait la commande suivante ? Interpréter les sorties. Combien valent elles les moyennes des trois forêts ?

```
summary(lm.foret)
```

Exercice 2 chickwts

Étudiez les données `chickwts` comme suggéré par l’aide en ligne correspondant à celles-ci.

```
help("chickwts")
```

Exercice 3 Analyse de la variance à deux facteurs croisés

Le fichier de données “dents.txt” est téléchargeable à l’adresse suivante.

<http://samm.univ-paris1.fr/IMG/txt/dents.txt>

On compare l'action de deux traitements désinfectants sur des échantillons de racines de dents de vaches contaminées au préalable par deux sources de germes. La réponse est le logarithme du nombre moyen de germes restants. Pour chaque combinaison de germe et traitement nous avons 16 réponses.

```
attach(dents); germe = as.factor(GERME); trait = as.factor(TRAIT)
lm.dents = lm(LNBAC~germe:trait-1); summary(lm.dents)
```

```
par(mfrow = c(1, 2))
interaction.plot(trait, germe, LNBAC, fixed = TRUE, col = 2:3, leg.bty = "o")
interaction.plot(germe, trait, LNBAC, fixed = TRUE, col = 2:3, leg.bty = "o")
```

```
lm.dents.2 = lm(LNBAC~germe*trait, contrasts = list(germe = contr.sum, trait = contr.sum))
anova(lm.dents.2); summary(lm.dents.2)
```

Exercice 4 warpbreaks

Étudiez les données `warpbreaks` comme suggéré par l'aide en ligne correspondant à celles-ci.

```
help("warpbreaks")
```