

Statistiques appliquées aux sciences

SCI 1018

# Analyse de variance à deux critères

Marc J. Mazerolle

*Institut de recherche sur les forêts, Université du Québec en Abitibi-Témiscamingue*



© TÉLUQ, 2014

# Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>ANOVA à deux critères</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Suppositions et dispositif expérimental</b>	<b>3</b>
<b>4</b>	<b>Hypothèses statistiques</b>	<b>4</b>
<b>5</b>	<b>Sommes des carrés</b>	<b>5</b>
<b>6</b>	<b>Effets additifs</b>	<b>22</b>
	<b>Conclusion</b>	<b>37</b>
	<b>Index</b>	<b>38</b>

# 1 Introduction

Dans la leçon précédente, nous avons vu l'application de l'analyse de la variance (ANOVA) dans des expériences où il n'y avait qu'un seul critère de classification (ou facteur). Les observations étaient classées selon un seul facteur en un nombre donné de groupes. Nous pouvions ainsi tester l'influence de ce facteur (p. ex., le sexe) sur la variable réponse. Dans d'autres cas, les données peuvent être réparties selon deux facteurs ou critères de classification. Par exemple, nous pourrions avoir une expérience qui étudie la concentration de calcium dans le plasma sanguin (la variable réponse) selon le traitement hormonal (avec traitement *vs* sans traitement) pour des individus selon leur sexe (mâle *vs* femelle). Nous pouvons généraliser l'ANOVA en présence de plusieurs facteurs. En présence de deux facteurs, nous réaliserons l'ANOVA à deux critères de classification (c.-à-d., facteurs).

## 2 ANOVA à deux critères

On pourrait avoir le réflexe d'effectuer deux analyses, en effectuant une ANOVA à un critère sur chacun des facteurs pris séparément. Toutefois, cette approche n'est pas optimale, puisqu'effectuer deux tests séparément augmentera notre probabilité de commettre une erreur de type I (c.-à-d., un faux positif). En plus de tester l'effet de chacun des facteurs sur la variable réponse, l'ANOVA à deux critères permet de tester si l'effet d'un facteur dépend du niveau de l'autre. C'est ce qu'on entend par l'**interaction** entre les deux facteurs sur la variable réponse. Ainsi, nous dirons qu'il y a interaction entre le traitement hormonal et le sexe lorsque la différence de la variable réponse entre mâle et femelle dépend du traitement hormonal (et vice-versa). C'est-à-dire que la différence entre les deux sexes varie avec le traitement. L'interaction est souvent d'intérêt puisqu'elle révèle un patron inattendu.

À noter qu'on peut tester le terme d'interaction uniquement lorsqu'on a plus d'une observation pour chaque combinaison des groupes des deux facteurs (p. ex., mâle avec traitement, mâle sans traitement, femelle avec traitement, femelle sans traitement). On dit alors qu'il y a

des **répétitions** (*replication*). Nous illustrerons le concept de l'interaction dans les exemples de cette leçon. L'ANOVA à un critère effectuée séparément sur chaque traitement ne permet pas de tester d'interaction, et c'est pourquoi il est préférable d'utiliser l'ANOVA à deux critères pour analyser les données en une seule étape.

### 3 Suppositions et dispositif expérimental

L'ANOVA à deux critères requiert les mêmes suppositions que l'ANOVA à un critère, soit l'indépendance des observations, l'homoscédasticité et la normalité des résidus. Toutefois, le design expérimental de l'ANOVA à deux critères diffère légèrement de celui de l'ANOVA à un critère. À titre de rappel, l'ANOVA à un critère utilise un dispositif expérimental complètement aléatoire. On attribue aléatoirement un traitement (c.-à-d., un des niveaux du facteur testé) à chacune des unités expérimentales. Ici, l'unité expérimentale dépend de l'expérience, mais peut être constituée d'un semis, d'un quadrat, d'un aquarium, ou d'un site, par exemple. Dans une expérience avec deux facteurs, nous attribuerons aléatoirement une combinaison des deux facteurs à chaque unité expérimentale.

Reprenons notre exemple sur le traitement hormonal en fonction du sexe. Quatre combinaisons de groupes des deux facteurs sont possibles : mâle sans traitement, mâle avec traitement hormonal, femelle sans traitement et femelle avec traitement hormonal. Un **dispositif équilibré** (*balanced design*), c'est-à-dire, une expérience avec un nombre égal d'observations pour chaque combinaison des traitements, procure une puissance plus élevée qu'un dispositif avec un nombre inégal d'observations par combinaison des traitements. Ainsi, on devrait sélectionner un nombre égal de mâles et de femelles et attribuer le traitement à la moitié des mâles et des femelles.

## 4 Hypothèses statistiques

Les hypothèses statistiques de l'ANOVA à deux critères sont formulées de la même façon qu'avec l'ANOVA à un critère. Poursuivons l'exemple en testant les différences entre les moyennes des groupes définis par le facteur d'intérêt :

Traitement hormonal :

$$H_0 : \mu_{\text{horm}} = \mu_{\text{sans.horm}} \text{ (non-différence)}$$

$$H_a : \mu_{\text{horm}} \neq \mu_{\text{sans.horm}}$$

Sexe :

$$H_0 : \mu_{\text{mâle}} = \mu_{\text{femelle}} \text{ (non-différence)}$$

$$H_a : \mu_{\text{mâle}} \neq \mu_{\text{femelle}}$$

Puisqu'il y a plusieurs observations par combinaison des deux facteurs (mâle avec traitement, mâle sans traitement, femelle avec traitement, femelle sans traitement), il est possible de tester l'interaction entre le traitement hormonal et le sexe. Le terme d'interaction teste si l'effet du traitement hormonal sur la variable réponse dépend du sexe.

Interaction traitement hormonal  $\times$  sexe :

$$H_0 : \mu_{\text{mâle}--\text{horm}} = \mu_{\text{femelle}--\text{horm}} = \mu_{\text{mâle}--\text{sans.horm}} = \mu_{\text{femelle}--\text{sans.horm}} \text{ (non-différence)}$$

$$H_a : \text{au moins une moyenne diffère des autres moyennes}$$

À noter que cette dernière hypothèse ne peut pas être testée en présence d'une seule observation pour chaque combinaison des deux facteurs – il faut plus d'une observation (répétition) pour tester le terme d'interaction.

## 5 Sommes des carrés

On construit les sommes des carrés de l'ANOVA à deux critères de classification de façon similaire à l'ANOVA à un critère de classification. Ainsi, la somme des carrés totale ( $SST$ ) s'obtient avec :

$$SST = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y})^2$$

où on compare l'observation  $k$  du groupe  $i$  du facteur  $A$  et du groupe  $j$  du facteur  $B$  ( $y_{ijk}$  à la moyenne globale ( $\bar{y}$ )). Les degrés de liberté associés à la somme des carrés totale est obtenue à l'aide de  $df = N - 1$ , où  $N$  correspond au nombre total d'observations dans l'expérience.

On calcule la somme des carrés de chaque facteur de la même manière que pour une ANOVA à un critère. Nous obtenons ainsi :

$$SSA = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (\bar{y}_i - \bar{y})^2$$

où on compare la moyenne de chaque groupe  $i$  du facteur  $A$  ( $\bar{y}_i$  à la moyenne globale). Les degrés de liberté correspondant à  $SSA$  sont donnés par  $df = a - 1$ , où  $a$  est le nombre de groupes défini par le facteur  $A$ . Le calcul de la somme des carrés du deuxième facteur ( $B$ ) est identique à celui du facteur  $A$  :

$$SSB = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (\bar{y}_j - \bar{y})^2$$

Les degrés de liberté s'obtiennent avec  $df = b - 1$ , où  $b$  correspond au nombre de groupes du facteur  $B$ .

La somme des carrés résiduelle ( $SSE$ ), aussi appelée somme des carrés des erreurs, se calcule de la même façon que pour l'ANOVA à un critère :

$$SSE = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{ij})^2$$

où on compare une observation  $k$  d'un groupe donné  $i$  du facteur  $A$  et d'un groupe  $j$  du facteur  $B$  à la moyenne de ces groupes combinés ( $\bar{y}_{ij}$ ). Les degrés de liberté associés à  $SSE$  sont  $df = ab(n - 1)$ , où  $a$  et  $b$  sont le nombre de groupes du facteur  $A$  et  $B$ , respectivement, et  $n$  est le nombre d'observations pour chaque combinaison des facteurs  $A$  et  $B$ .

L'ANOVA à deux critères qui contient plus d'une observation des combinaisons de groupes des deux facteurs permet de tester l'interaction entre les deux facteurs de l'expérience. La somme des carrés de l'interaction ( $SSInter$ ) s'obtient avec :

$$SSInter = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_i - \bar{y}_j + \bar{y})^2$$

où  $\bar{y}_{ij}$  correspond à la moyenne des groupes  $i$  du facteur  $A$  et  $j$  du facteur  $B$  combinés. L'exemple qui suit illustre le calcul de ces différentes valeurs nécessaires à l'ANOVA à deux critères. Les degrés de liberté associés au terme  $SSInter$  sont donnés par  $df = (a - 1)(b - 1)$ , où  $a$  et  $b$  correspondent aux nombre de groupes du facteur  $A$  et  $B$ , respectivement.

---

**Exemple 7.1** On s'intéresse à l'effet d'un traitement hormonal sur la concentration de calcium dans le plasma sanguin chez des oiseaux mâles et femelles. La variable réponse est la concentration du calcium dans le plasma sanguin. Nos deux facteurs sont le traitement hormonal (avec traitement, sans traitement) et le sexe (mâle, femelle). Les données sont contenues dans le fichier `calcium.txt`.

```
> ##on importe le jeu de données
> calcium <- read.table("calcium.txt", header = TRUE)
> ##on jette un coup d'oeil aux premières observations
> head(calcium)

  Concentration    Trait Sexe
1          16.5 sans_horm    f
2          18.4 sans_horm    f
```

```

3          12.7 sans_horm    f
4          14.0 sans_horm    f
5          12.8 sans_horm    f
6          14.5 sans_horm    m

> ##on crée un boxplot pour chaque
> ##combinaison des deux facteurs
> boxplot(Concentration ~ Trait + Sexe, data = calcium,
          ylab = "Concentration",
          xlab = "Combinaison de traitement et sexe",
          cex.lab = 1.2)

```

La Fig 1 illustre les données selon les différentes combinaisons des deux facteurs.

On peut déterminer le nombre d'observations pour chaque combinaison des deux facteurs à l'aide de la fonction `table( )` :

```

> ##on détermine le nombre de répétitions par groupe
> table(calcium$Trait, calcium$Sexe)

      f m
horm   5 5
sans_horm 5 5

```

On constate qu'il y a cinq observations pour chaque combinaison des niveaux des deux facteurs. Nous dirons donc qu'il y a cinq répétitions (*replicates*) par combinaison de traitements.

Calculons la somme des carrés totale :

```

> ##moyenne globale
> y.bar <- mean(calcium$Concentration)

```



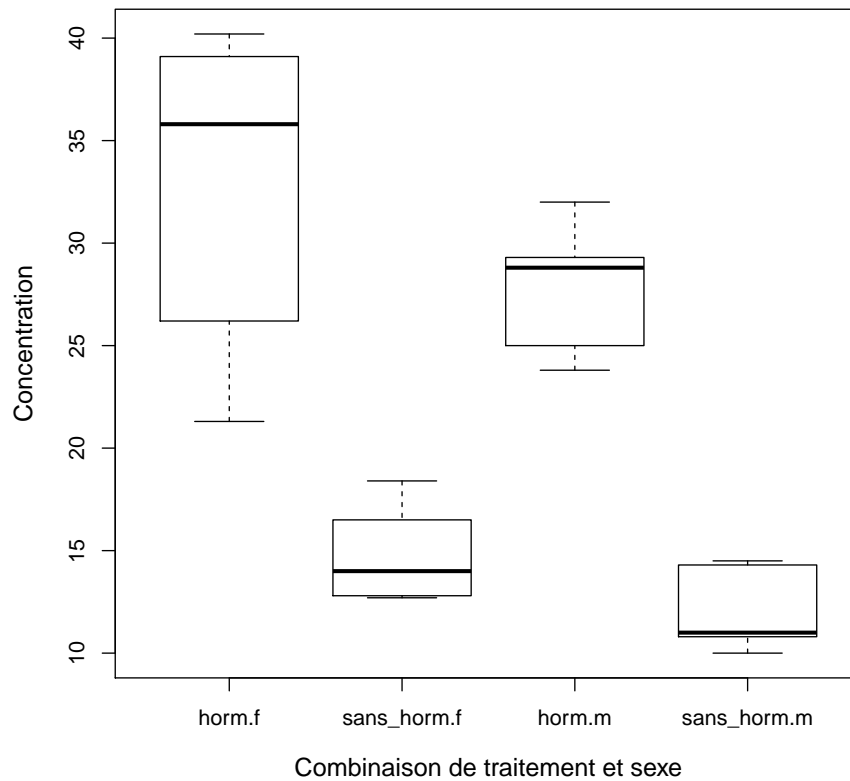


FIGURE 1 – Diagramme de boîtes et moustaches avec les données de concentration en calcium en fonction du traitement hormonal et du sexe.

```
> ##SST
> SST <- sum((calcium$Concentration - y.bar)^2)
> SST
[1] 1827.697
> ##df
> df.SST <- length(calcium$Concentration) - 1
```

On peut ensuite calculer la somme des carrés des facteurs  $A$  et  $B$  :

```
> ##sous-jeu de données
> fem <- calcium[calcium$Sexe == "f", ]
> mal <- calcium[calcium$Sexe == "m", ]
```

```

> horm <- calcium[calcium$Trait == "horm", ]
> nohorm <- calcium[calcium$Trait == "sans_horm", ]
> ##moyenne des groupes
> y.bar.f <- mean(fem$Concentration)
> y.bar.m <- mean(mal$Concentration)
> y.bar.horm <- mean(horm$Concentration)
> y.bar.nohorm <- mean(nohorm$Concentration)
> ##SSA
> SSA <- 10 * (y.bar.f - y.bar)^2 + 10 * (y.bar.m - y.bar)^2
> SSA

[1] 70.3125

> df.SSA <- 2 - 1
> df.SSA

[1] 1

> ##SSB
> SSB <- 10 * (y.bar.horm - y.bar)^2 + 10 * (y.bar.nohorm - y.bar)^2
> SSB

[1] 1386.112

> df.SSB <- 2 - 1
> df.SSB

[1] 1

```

La somme des carrés des erreurs se calcule comme suit :

```

> ##sous-groupes en combinant les deux facteurs
> f.horm <- calcium[calcium$Sexe == "f" & calcium$Trait == "horm", ]
> m.horm <- calcium[calcium$Sexe == "m" & calcium$Trait == "horm", ]

```

```

> f.nohorm <- calcium[calcium$Sexe == "f" & calcium$Trait == "sans_horm", ]
> m.nohorm <- calcium[calcium$Sexe == "m" & calcium$Trait == "sans_horm", ]
> ##calculs des moyennes des combinaisons de groupes
> y.bar.f.horm <- mean(f.horm$Concentration)
> y.bar.m.horm <- mean(m.horm$Concentration)
> y.bar.f.nohorm <- mean(f.nohorm$Concentration)
> y.bar.m.nohorm <- mean(m.nohorm$Concentration)
> SSE.f.horm <- sum((f.horm$Concentration - y.bar.f.horm)^2)
> SSE.m.horm <- sum((m.horm$Concentration - y.bar.m.horm)^2)
> SSE.f.nohorm <- sum((f.nohorm$Concentration - y.bar.f.nohorm)^2)
> SSE.m.nohorm <- sum((m.nohorm$Concentration - y.bar.m.nohorm)^2)
> SSE <- SSE.f.horm + SSE.m.horm + SSE.f.nohorm + SSE.m.nohorm
> SSE

[1] 366.372

> ##degrés de liberté
> df.SSE <- length(levels(calcium$Sexe)) *
               length(levels(calcium$Trait)) * (5 - 1)
> df.SSE

[1] 16

```

Finalement, on obtient la somme des carrés du terme d'interaction entre les deux facteurs :

```

> ##SS de l'interaction
> SSInter.f.horm <- 5 * sum((y.bar.f.horm - y.bar.f - y.bar.horm + y.bar)^2)
> SSInter.m.horm <- 5 * sum((y.bar.m.horm - y.bar.m - y.bar.horm + y.bar)^2)
> SSInter.f.nohorm <- 5 * sum((y.bar.f.nohorm - y.bar.f -
                               y.bar.nohorm + y.bar)^2)

```

```

> SSInter.m.nohorm <- 5 * sum((y.bar.m.nohorm - y.bar.m -
                                y.bar.nohorm + y.bar)^2)
> SSInter <- SSInter.f.horm + SSInter.m.horm + SSInter.f.nohorm +
              SSInter.m.nohorm
> SSInter
[1] 4.9005
> ##degrés de liberté de SSInter
> df.SSInter <- df.SSA * df.SSB
> df.SSInter
[1] 1

```

On peut réaliser tous ces calculs directement dans R à l'aide de la fonction `aov( )` :

```

> aov2 <- aov(Concentration ~ Sexe + Trait + Sexe:Trait, data = calcium)
> summary(aov2)

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Sexe	1	70.3	70.3	3.071	0.0989 .
Trait	1	1386.1	1386.1	60.534	7.94e-07 ***
Sexe:Trait	1	4.9	4.9	0.214	0.6499
Residuals	16	366.4	22.9		

```

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

```

On peut reconstituer ce même tableau à partir des calculs que nous avons effectués plus haut :

```

> result <- data.frame(Df = c(df.SSA, df.SSB, df.SSInter, df.SSE),
                        Sum.Sq = c(SSA, SSB, SSInter, SSE))
> result$Mean.Sq <- result$Sum.Sq/result$Df
> result$F.value <- c(result$Mean.Sq[1]/result$Mean.Sq[4],
                      result$Mean.Sq[2]/result$Mean.Sq[4],
                      result$Mean.Sq[3]/result$Mean.Sq[4],
                      NA)
> result$P.value <- c(1 - pf(result$F.value[1],
                             df1 = result$Df[1], df2 = result$Df[4]),
                      1 - pf(result$F.value[2],
                             df1 = result$Df[2], df2 = result$Df[4]),
                      1 - pf(result$F.value[3],
                             df1 = result$Df[3], df2 = result$Df[4]),
                      NA)
> ##tableau identique à aov( )
> result

```

	Df	Sum.Sq	Mean.Sq	F.value	P.value
1	1	70.3125	70.31250	3.070650	9.885618e-02
2	1	1386.1125	1386.11250	60.533556	7.943078e-07
3	1	4.9005	4.90050	0.214012	6.498700e-01
4	16	366.3720	22.89825	NA	NA

Avant d'interpréter les résultats, on doit vérifier les suppositions du modèle. On vérifie les suppositions de l'ANOVA à deux critères avec les mêmes outils que pour l'ANOVA à un critère. On constate que les résidus suivent une distribution normale (fig. 2a) :

Le graphique des résidus en fonction des valeurs prédites présente des signes

```

> ##vérification de la normalité des résidus
> par(mfrow = c(1, 2))
> qqnorm(residuals(aov2), main = "Normalité des résidus",
        ylab = "Quantiles observés",
        xlab = "Quantiles théoriques", cex.lab = 1.2)
> qqline(residuals(aov2))
> text(x = -1.9, y = 7.5, labels = "a", cex = 1.2)
> plot(residuals(aov2) ~ fitted(aov2), xlab = "Valeurs prédites",
      ylab = "Résidus", cex.lab = 1.2)
> text(x = 12.5, y = 7.5, labels = "b", cex = 1.2)

```

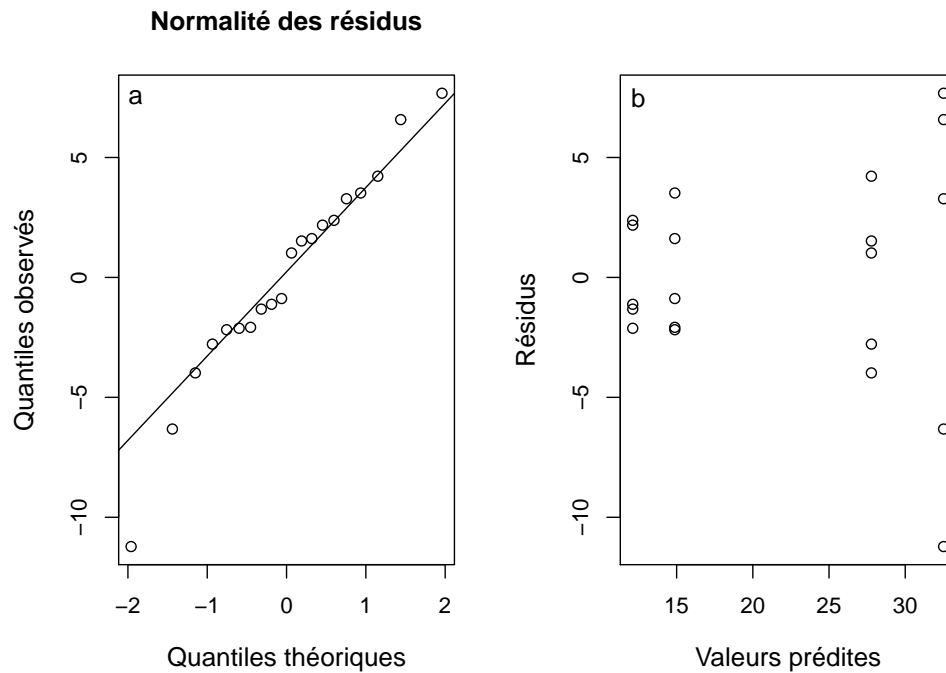


FIGURE 2 – Graphique quantile-quantile évaluant la normalité des résidus (a) et le graphique des résidus en fonction des valeurs prédites pour diagnostiquer l’hétérogénéité de la variance (b) à partir de l’ANOVA à deux critères sur les données de concentration en calcium dans le plasma sanguin.

d'hétérogénéité de la variance (fig. 2b). En effet, le patron en forme d'entonnoir montre que la variance augmente avec les valeurs prédites. Par conséquent, on ne peut pas interpréter le tableau de l'ANOVA obtenu plus haut. Afin de corriger l'hétérogénéité de la variance, la transformation logarithmique s'avère souvent efficace. Essayons-la sur la concentration en calcium.

```
> ##transformation log
> calcium$log.concentration <- log(calcium$Concentration)
> aov.log <- aov(log.concentration ~ Trait + Sexe + Trait:Sexe,
                  data = calcium)
```

Les suppositions de normalité et d'homogénéité de la variance sont maintenant respectées (fig. 3).

Le tableau d'ANOVA réalisé à partir du logarithme de la concentration en calcium donne :

```
> ##résultats
> summary(aov.log)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Trait	1	3.196	3.196	86.121	7.69e-08 ***
Sexe	1	0.145	0.145	3.901	0.0658 .
Trait:Sexe	1	0.007	0.007	0.176	0.6805
Residuals	16	0.594	0.037		

---

Signif. codes:

0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Lorsqu'on effectue une analyse de variance à deux critères avec répétitions, on

```

> par(mfrow = c(1, 2))
> qqnorm(residuals(aov.log),
        ylab = "Quantiles observés", xlab = "Quantiles prédits",
        main = " ", cex.lab = 1.2)
> qqline(residuals(aov.log))
> text(x = 1.5, y = -0.35, labels = "a", cex = 1.2)
> plot(residuals(aov.log) ~ fitted(aov.log),
        ylab = "Résidus", xlab = "Valeurs prédites",
        cex.lab = 1.2)
> text(x = 3.3, y = -0.35, labels = "b", cex = 1.2)

```

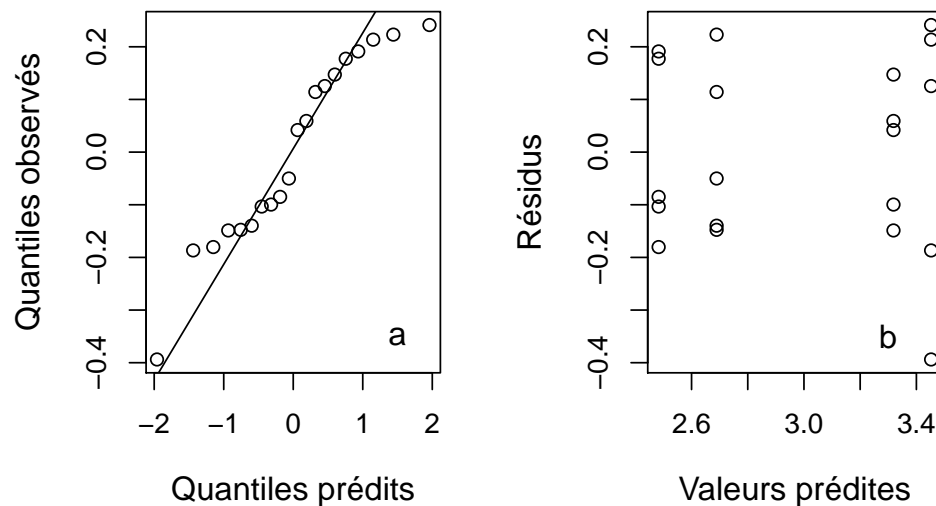


FIGURE 3 – Graphique quantile-quantile (a) et résidus en fonction des valeurs prédites (b) de l'ANOVA à deux critères réalisée à partir des données de concentration de calcium log-transformées.



doit toujours vérifier en premier la signification du terme d'interaction. Ici, on remarque qu'il n'y a pas d'interaction entre les deux facteurs ( $F_{1,16} = 0.18, P = 0.681$ ). Par ailleurs, on remarque un effet marginal du sexe ( $F_{1,16} = 3.90, P = 0.066$ )<sup>1</sup> et un effet important du traitement hormonal sur le log de la concentration en calcium ( $F_{1,16} = 86.12, P < 0.0001$ ). L'effet de chaque facteur est indépendant de l'effet de l'autre, puisque l'ANOVA n'a pu démontrer que le terme d'interaction était statistiquement significatif.

Tout comme l'ANOVA à un critère, on peut poursuivre l'ANOVA à deux critères avec des comparaisons multiples afin de déterminer où se trouvent les différences lorsque nous avons rejeté  $H_0$ .<sup>2</sup>

```
> ##comparaisons multiples - Sexe
> sexe.mult <- TukeyHSD(aov.log, which = "Sexe")
> sexe.mult$Sexe
```

	diff	lwr	upr	p adj
m-f	-0.1701524	-0.3527725	0.01246759	0.06576033

```
> ##comparaisons multiples - Trait
> trait.mult <- TukeyHSD(aov.log, which = "Trait")
> trait.mult$Trait
```

	diff	lwr	upr
sans_horm-horm	-0.7994414	-0.9820614	-0.6168213

```

p adj
sans_horm-horm 7.686578e-08
```

---

1. Les résultats de l'ANOVA montrent que la probabilité associée au facteur sexe est suffisamment près du seuil de 0.05 pour que l'effet soit considéré biologiquement significatif. Pour cette raison, on peut retenir ce facteur dans les comparaisons multiples.

2. À noter que dans notre exemple, il n'y a que deux niveaux (groupes) à chaque facteur : sexe a deux niveaux (mâle, femelle), et traitement hormonal n'a que deux niveaux (avec traitement, sans traitement). Ainsi, il ne serait pas absolument nécessaire de poursuivre avec des comparaisons multiples, car si on rejette  $H_0$ , on sait que les deux groupes diffèrent entre eux.

```

> par(mfrow = c(1, 2))
> ##Sexe - moyenne des groupes
> ##valeurs pour lesquelles faire des prédictions
> pred.set <- expand.grid(Sexe = c("m", "f"), Trait = c("sans_horm", "horm"))
> ##prédictions
> sex.means <- predict(aov.log, newdata = pred.set, se.fit = TRUE)
> ##ajout dans le jeu de données
> pred.set$fit <- sex.means$fit
> pred.set$se.fit <- sex.means$se.fit
> ##IC à 95%
> pred.set$low95 <- pred.set$fit +
  qt(p = 0.025, df = aov.log$df.residual) * pred.set$se.fit
> pred.set$upp95 <- pred.set$fit -
  qt(p = 0.025, df = aov.log$df.residual) * pred.set$se.fit
> pred.set

```

	Sexe	Trait	fit	se.fit	low95	upp95
1	m	sans_horm	2.482887	0.08614538	2.300267	2.665507
2	f	sans_horm	2.689163	0.08614538	2.506543	2.871783
3	m	horm	3.318452	0.08614538	3.135832	3.501072
4	f	horm	3.452481	0.08614538	3.269861	3.635101

```

> ##créer graphique
> plot(y = 0, x = 0, ylab = "Log de la concentration en calcium",
  xlab = "Traitement", ylim = c(min(pred.set$low95), max(pred.set$upp95)),
  xlim = c(0, 3), type = "n", cex.lab = 1.2,
  xaxt = "n", main = "Moyennes ± IC 95 % (échelle log)")
> ##ajout de l'axe des x's
> axis(side = 1, at = c(1, 2), labels = c("sans horm", "horm"), cex = 1.2)

```

```

> ##ajout des points pour mâles
> points(y = pred.set$fit[c(1,3)], x = c(0.9, 1.9),
        pch = 1)
> ##ajout des points pour femelles
> points(y = pred.set$fit[c(2,4)], x = c(1.1, 2.1),
        pch = 2)
> ##barres d'erreurs pour mâles
> arrows(x0 = c(0.9, 1.9), y0 = pred.set$low95[c(1, 3)],
        y1 = pred.set$upp95[c(1, 3)],
        x1 = c(0.9, 1.9), angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> ##barres d'erreurs pour femelles
> arrows(x0 = c(1.1, 2.1), y0 = pred.set$low95[c(2, 4)],
        y1 = pred.set$upp95[c(2, 4)],
        x1 = c(1.1, 2.1), angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> ##ajouter légende
> legend(x = "topleft", legend = c("mâles", "femelles"), pch = c(1, 2))
> text(x = 2.8, y = 2.3, labels = "a", cex = 1.2)
> #####
> ##même graphique sur échelle originale
> ##convertir sur échelle originale
> pred.set$orig.fit <- exp(pred.set$fit)
> pred.set$orig.low95 <- exp(pred.set$low95)
> pred.set$orig.upp95 <- exp(pred.set$upp95)
> ##créer graphique
> plot(y = 0, x = 0, ylab = "Concentration en calcium",
      xlab = "Traitement",
      ylim = c(min(pred.set$orig.low95), max(pred.set$orig.upp95)),

```

```

      xlim = c(0, 3), type = "n", cex.lab = 1.2,
      xaxt = "n", main = "Moyennes ± IC 95 % (échelle originale)")
> ##ajout de l'axe des x's
> axis(side = 1, at = c(1, 2), labels = c("sans horm", "horm"), cex = 1.2)
> ##ajout des points pour mâles
> points(y = pred.set$orig.fit[c(1,3)], x = c(0.9, 1.9),
        pch = 1)
> ##ajout des points pour femelles
> points(y = pred.set$orig.fit[c(2,4)], x = c(1.1, 2.1),
        pch = 2)
> ##barres d'erreurs pour mâles
> arrows(x0 = c(0.9, 1.9), y0 = pred.set$orig.low95[c(1, 3)],
        y1 = pred.set$orig.upp95[c(1, 3)],
        x1 = c(0.9, 1.9), angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> ##barres d'erreurs pour femelles
> arrows(x0 = c(1.1, 2.1), y0 = pred.set$orig.low95[c(2, 4)],
        y1 = pred.set$orig.upp95[c(2, 4)],
        x1 = c(1.1, 2.1), angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> text(x = 2.8, y = 10, labels = "b", cex = 1.2)
> ##ajouter légende
> legend(x = "topleft", legend = c("mâles", "femelles"), pch = c(1, 2))

```

Les comparaisons multiples basées sur le test de Tukey indiquent la même conclusion que le tableau d'ANOVA, puisque chaque facteur ne comporte ici que deux niveaux. Le log de la concentration en calcium du plasma sanguin des femelles est marginalement supérieur à celui des mâles ( $\bar{x}_{\text{mâles}} - \bar{x}_{\text{femelles}} = -0.17, P = 0.0658$ ).

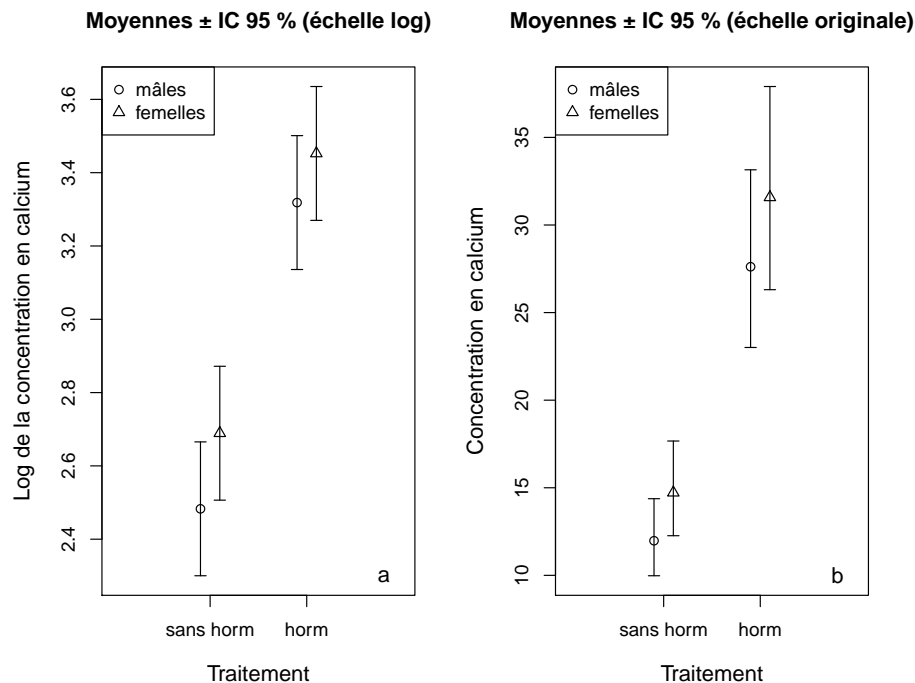


FIGURE 4 – Résultats de l’ANOVA à deux critères présentés sur l’échelle logarithmique (a) et sur l’échelle originale de la variable réponse (b).

En ce qui concerne le facteur du traitement hormonal, on constate que le groupe avec traitement hormonal est supérieur à celui du groupe sans traitement hormonal ( $\bar{x}_{\text{horm}} - \bar{x}_{\text{sans\_horm}} = -0.799, P < 0.0001$ ).

Mieux encore, on peut illustrer les résultats à l’aide d’un graphique (fig. 4a). Ici, nous avons présenté les moyennes de chaque groupe  $\pm$  un intervalle de confiance à 95 %. Le graphique sur l’échelle logarithmique montre clairement que les effets sont additifs (pas d’effet d’interaction), puisque la distance entre le cercle et le triangle du traitement hormonal est la même que celle entre les deux symboles du traitement sans hormone. Il est aussi approprié de présenter les résultats sur l’échelle originale de la variable réponse en effectuant l’opération inverse du logarithme naturel (c.-à-d.,  $\exp(\ )$ ) sur la moyenne et sur les bornes inférieures et

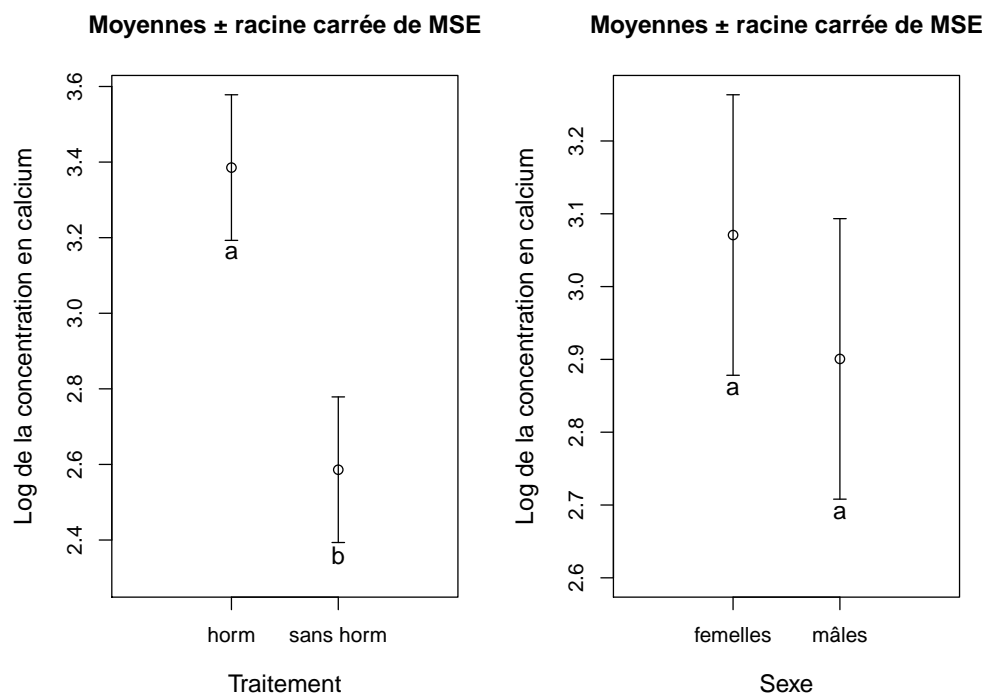


FIGURE 5 – Résultats présentés séparément pour chaque facteur de l'ANOVA à deux critères présentés sur l'échelle logarithmique. Les groupes qui ont les mêmes lettres ne diffèrent pas entre eux pour un facteur donné.

supérieures des intervalles de confiance (fig. 4b). Tant sur l'échelle logarithmique que sur l'échelle originale de la variable réponse, on voit que la concentration de calcium du groupe sans traitement hormonal est bien inférieure à celle du groupe avec traitement hormonal, alors que les différences entre mâles et femelles sont beaucoup moins marquées. En l'absence d'une interaction statistiquement significative (comme dans cet exemple), on présente généralement les résultats séparément pour chaque facteur (fig. 5).

---

## 6 Effets additifs

Dans l'exemple précédent, on remarque que l'effet du premier facteur est indépendant de l'effet du deuxième facteur. En d'autres mots, la différence entre les mâles et les femelles est constante, peu importe le traitement hormonal. En l'absence d'une interaction statistiquement significative entre les deux facteurs, nous dirons que les effets des facteurs sont **additifs**. C'est ce qu'on entend par l'**additivité** des facteurs. En contrepartie, la présence d'une interaction significative entre les facteurs complique l'interprétation des résultats de l'expérimentation. Effectivement, la présence d'une interaction permet d'identifier des phénomènes souvent plus intéressants scientifiquement que s'il n'y avait pas d'interaction entre les facteurs. C'est ce que nous constaterons dans certains des exemples suivants.

---

**Exemple 7.2** Nous désirons déterminer l'effet du type de moulée (avoine, blé ou orge) et du type de supplément alimentaire (*agrimore*, *control*, *supergain* et *supersupp*) sur le gain en masse en kg de bétail après 6 semaines. Les données sont stockées dans le fichier `croissance.csv`.<sup>3</sup>

---

3. Le fichier `csv` est un type de fichier de texte standard où chaque élément est séparé le plus souvent par

```

> ##importation avec séparateur virgule car ici
> ##les champs sont séparés par des virgules
> croissance <- read.table("croissance.csv", header = TRUE,
                           sep = ",")

> head(croissance)

  Supplement Diete      Gain
1  supergain   ble 17.37125
2  supergain   ble 16.81489
3  supergain   ble 18.08184
4  supergain   ble 15.78175
5   control   ble 17.70656
6   control   ble 18.22717

> str(croissance)

'data.frame':      48 obs. of  3 variables:
 $ Supplement: Factor w/ 4 levels "agrimore","control",...: 3 3 3 3 2 2 2 2 4 4 ...
 $ Diete      : Factor w/ 3 levels "avoine","ble",...: 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ Gain       : num  17.4 16.8 18.1 15.8 17.7 ...

> ##comparer avec importation sans sep = ","
> crois2 <- read.table("croissance.csv", header = TRUE)
> head(crois2)

  Supplement X..Diete...Gain.
1  supergain , "ble",17.37125111
2  supergain , "ble",16.81488903
3  supergain , "ble",18.0818374
4  supergain , "ble",15.78174829

```

---

une virgule, un espace ou une point-virgule. Ce format s'importe dans R à l'aide de `read.table( )` puisque c'est un fichier de texte, en modifiant la valeur de l'argument `delim`.



```

5   control , "ble", 17.70656456
6   control , "ble", 18.22716932

> ##on remarque un problème à l'importation
> ##les étiquettes des variables et les valeurs sont
> ##erronées
> str(crois2)

'data.frame':      48 obs. of  2 variables:
 $ Supplement      : Factor w/ 4 levels "agrimore","control",...: 3 3 3 3 2 2 2 2
 $ X..Diete...Gain.: Factor w/ 48 levels ", \"avoine\", 19.03556747",...: 20 19 24

```

On vérifie le nombre de répétitions pour chaque combinaison des deux facteurs :

```

> table(croissance$Supplement, croissance$Diete)

      avoine ble orge
agrimore      4   4   4
control       4   4   4
supergain     4   4   4
supersupp     4   4   4

```

Nous disposons de quatre répétitions pour chaque combinaison de facteurs. Ainsi, nous pourrions inclure un terme d'interaction dans l'ANOVA à deux facteurs. Avant de lancer l'analyse, on peut jeter un coup d'oeil aux données brutes à l'aide d'un diagramme de boîtes et moustaches (fig. 6).

L'ANOVA nous donne :

```

> aov.crois <- aov(Gain ~ Supplement + Diete + Supplement:Diete,
                    data = croissance)

> summary(aov.crois)

```

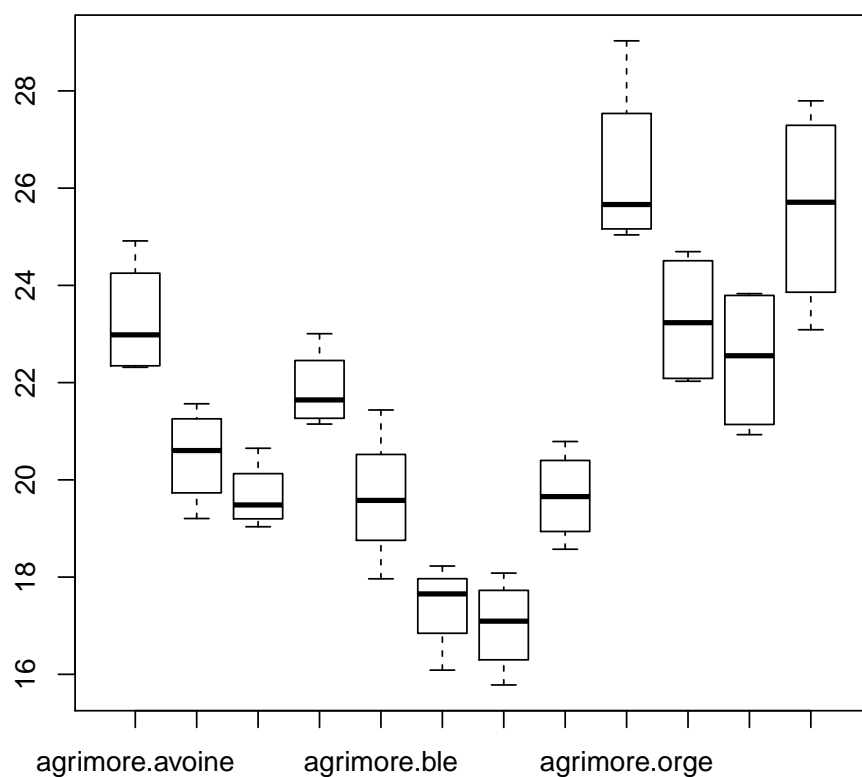


FIGURE 6 – Diagramme de boîtes et moustaches présentant les données de gain de masse en fonction du type de moulée (Diete) et de supplément (Supplement).

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Supplement	3	91.88	30.63	17.82	2.95e-07 ***
Diete	2	287.17	143.59	83.52	3.00e-14 ***
Supplement:Diete	6	3.41	0.57	0.33	0.917
Residuals	36	61.89	1.72		

---

Signif. codes:

0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

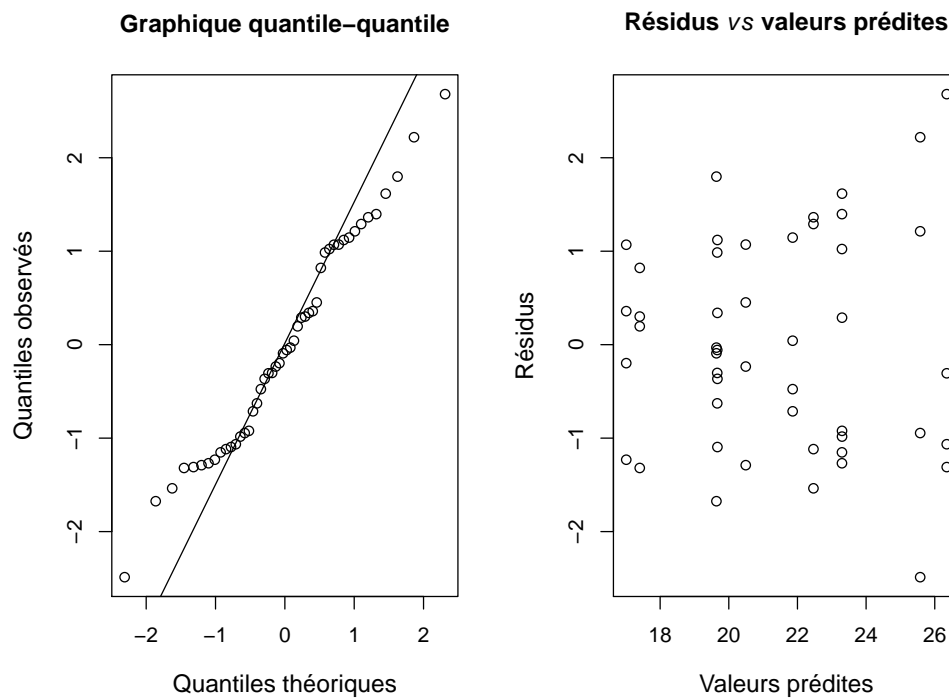


FIGURE 7 – Vérification des suppositions de l'ANOVA à deux critères.

Avant d'interpréter les résultats, on vérifie les suppositions du modèle. Nous remarquons que les résidus sur le graphique suivent généralement une distribution normale et qu'à l'exception de trois observations, l'homogénéité des variances est respectée (Fig 7). Nous pouvons donc procéder à l'interprétation des résultats.

Le type de supplément et le type de moulée ont tous deux un effet important sur le gain de masse (supplément :  $F_{3,36} = 17.81, P < 0.0001$ ; type de moulée :  $F_{2,36} = 83.52, P < 0.0001$ ). Toutefois, il n'y aucune preuve d'une interaction entre les deux facteurs ( $F_{6,36} = 0.33, P = 0.92$ ). On peut donc conclure que les effets sont additifs. Les comparaisons multiples suggèrent des différences entre certains groupes de chaque facteur :

```
> ##moyennes
> tapply(X = croissance$Gain, INDEX = croissance$Supplement,
```

```

FUN = mean)

agrimore    control    supergain    supersupp
23.09531    20.39861    19.71385    22.36796

> ##Tukey
> mult.supp <- TukeyHSD(aov.crois, which = "Supplement")
> mult.supp$Supplement

              diff      lwr      upr
control-agrimore -2.6967005 -4.138342 -1.2550592
supergain-agrimore -3.3814586 -4.823100 -1.9398173
supersupp-agrimore -0.7273521 -2.168993  0.7142892
supergain-control -0.6847581 -2.126399  0.7568832
supersupp-control  1.9693484  0.527707  3.4109897
supersupp-supergain 2.6541065  1.212465  4.0957478

              p adj
control-agrimore  7.641492e-05
supergain-agrimore 1.534370e-06
supersupp-agrimore 5.326710e-01
supergain-control  5.817637e-01
supersupp-control  4.053368e-03
supersupp-supergain 9.722472e-05

> ##moyennes
> tapply(X = croissance$Gain, INDEX = croissance$Diete,
FUN = mean)

avoine      ble      orge
21.32882    18.43134    24.42164

> ##Tukey
> mult.diete <- TukeyHSD(aov.crois, which = "Diete")

```

```
> mult.diete$Diete
```

	diff	lwr	upr	p adj
ble-avoine	-2.897481	-4.030582	-1.764379	9.530072e-07
orge-avoine	3.092817	1.959715	4.225918	2.634600e-07
orge-ble	5.990298	4.857196	7.123399	0.000000e+00

On peut représenter les résultats des comparaisons multiples comme suit pour le type de supplément :

supergain	control	supersupp	agrimore
19.714	20.399	22.368	23.095
<hr/>		<hr/>	

On peut représenter les résultats des comparaisons multiples comme suit pour le type de moulée (`Diete`) :

blé	avoine	orge
18.431	21.329	24.422
<hr/>	<hr/>	<hr/>

La figure 8 illustre les résultats.



**Exemple 7.3** Comme dernier exemple, nous analyserons l'effet de la concentration d'un antibiotique et de l'humidité sur l'activité bactérienne en plat de Petri.

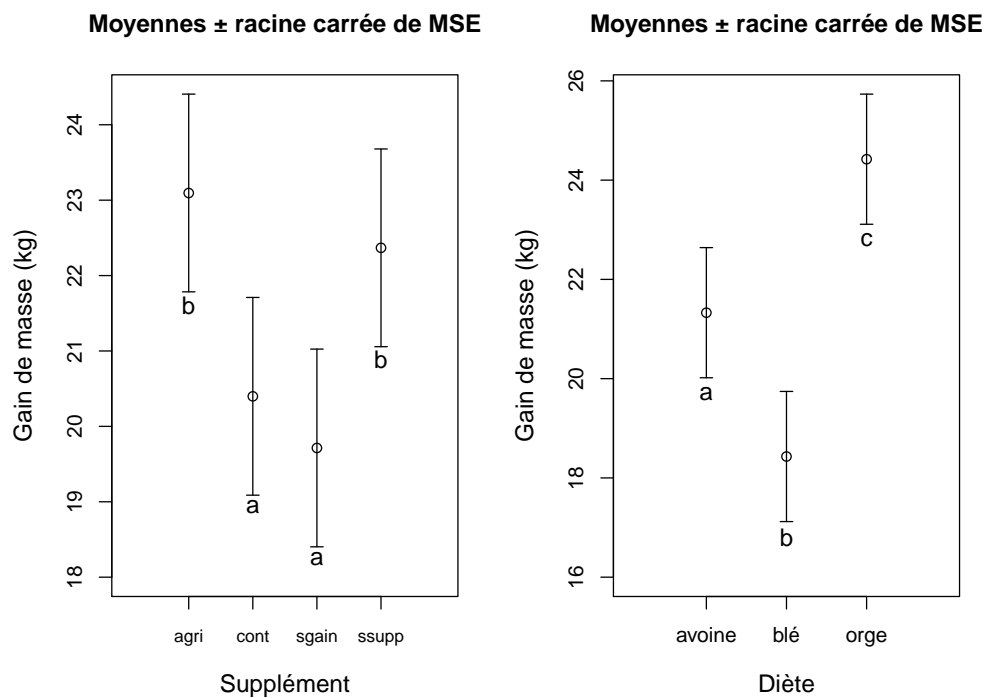


FIGURE 8 – Graphique des effets du type de supplément alimentaire (Supplement) et du type de moulée (Diète) sur le gain de masse en kilogrammes.

La variable réponse ici est la surface du substrat (agar-agar) couverte par les colonies de bactérie mesurée en  $\text{mm}^2$ . Le fichier `antibio.txt` contient les données et la figure 9 présente le diagramme de boîtes et moustaches.

```
> antibio <- read.table("antibio.txt", header = TRUE)
> head(antibio)

  Surface Humidite Concentration
1 2.103529      sec      faible
2 2.732448      sec      faible
3 1.864153      sec      faible
4 2.358879      sec      faible
5 2.195207      sec      faible
6 1.897846      sec    moderee

> ##nombre de répétitions
```

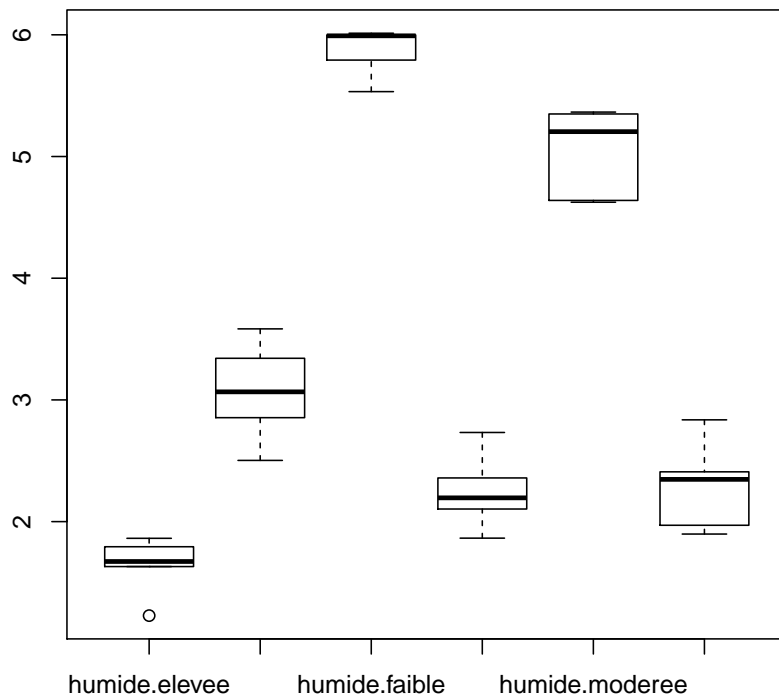


FIGURE 9 – Diagramme de boîtes et moustaches de la surface couverte en  $\text{mm}^2$  en fonction de la concentration d'un antibiotique et de l'humidité.

```
> table(antibio$Humidite, antibio$Concentration)

      elevee faible moderee
humide      5      5      5
sec         5      5      5

> boxplot(Surface ~ Humidite + Concentration, data = antibio)
```

On remarque que les suppositions d'homogénéité des variances et de la normalité des résidus sont respectées (fig. 10).

L'ANOVA à deux critères donne :

```

> aov.antibio <- aov(Surface ~ Humidite + Concentration +
                      Humidite:Concentration,
                      data = antibio)

> summary(aov.antibio)

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Humidite	1	20.23	20.228	181.6	1.09e-12
Concentration	2	15.93	7.965	71.5	7.76e-11
Humidite:Concentration	2	36.40	18.199	163.4	1.05e-14
Residuals	24	2.67	0.111		

```

Humidite ***
Concentration ***
Humidite:Concentration ***
Residuals
---
Signif. codes:
0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Le tableau d'ANOVA montre l'interaction entre les facteurs **Humidite** et **Concentration** très important ( $F_{2,24} = 163.4$ ,  $P < 0.0001$ ). Les effets de la concentration d'antibiotique et de l'humidité ne sont pas additifs. Ceci implique que nous ne pouvons pas interpréter ces effets séparément, car l'effet d'un facteur dépend du niveau de l'autre facteur. Nous pouvons utiliser les comparaisons multiples pour trouver les différences entre les groupes définis par les différentes combinaisons des deux facteurs.

```

> tapply(X = antibio$Surface,

```



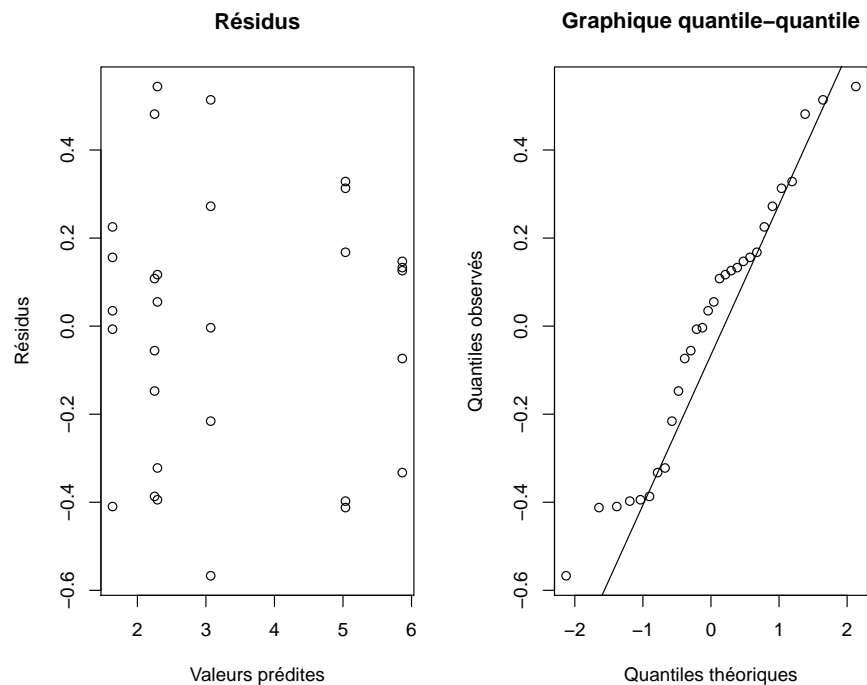


FIGURE 10 – Homogénéité des variances et normalité des résidus de l'ANOVA à deux critères réalisées sur les données d'activité bactérienne (surface couverte par les colonies de bactéries).

```

INDEX = list(antibio$Humidite, antibio$Concentration),
FUN = mean)

      elevee   faible  moderee
humide 1.637384 5.865661 5.036441
sec     3.069767 2.250843 2.292084

> mult.inter <- TukeyHSD(aov.antibio, which = "Humidite:Concentration")
> mult.inter$'Humidite:Concentration'

              diff          lwr
sec:elevee-humide:elevee    1.43238312  0.779715574
humide:faible-humide:elevee  4.22827694  3.575609401
sec:faible-humide:elevee    0.61345927 -0.039208277
humide:moderee-humide:elevee  3.39905706  2.746389512
sec:moderee-humide:elevee    0.65470026  0.002032716

```

humide:faible-sec:levee	2.79589383	2.143226283
sec:faible-sec:levee	-0.81892385	-1.471591395
humide:moderee-sec:levee	1.96667394	1.314006394
sec:moderee-sec:levee	-0.77768286	-1.430350402
sec:faible-humide:faible	-3.61481768	-4.267485222
humide:moderee-humide:faible	-0.82921989	-1.481887432
sec:moderee-humide:faible	-3.57357668	-4.226244229
humide:moderee-sec:faible	2.78559779	2.132930246
sec:moderee-sec:faible	0.04124099	-0.611426550
sec:moderee-humide:moderee	-2.74435680	-3.397024340
	upr	p adj
sec:levee-humide:levee	2.0850507	6.988460e-06
humide:faible-humide:levee	4.8809445	2.331468e-14
sec:faible-humide:levee	1.2661268	7.400734e-02
humide:moderee-humide:levee	4.0517246	3.608225e-13
sec:moderee-humide:levee	1.3073678	4.897318e-02
humide:faible-sec:levee	3.4485614	2.259004e-11
sec:faible-sec:levee	-0.1662563	8.269047e-03
humide:moderee-sec:levee	2.6193415	2.716546e-08
sec:moderee-sec:levee	-0.1250153	1.312775e-02
sec:faible-humide:faible	-2.9621501	1.112443e-13
humide:moderee-humide:faible	-0.1765523	7.359216e-03
sec:moderee-humide:faible	-2.9209091	1.366685e-13
humide:moderee-sec:faible	3.4382653	2.443656e-11
sec:moderee-sec:faible	0.6939085	9.999549e-01
sec:moderee-humide:moderee	-2.0916893	3.354361e-11

Les comparaisons multiples suggèrent les groupes suivants :

humide – élevée	sec – faible	sec – modérée	sec – élevée	humide – modérée	humide – faible
1.64 mm <sup>2</sup>	2.25 mm <sup>2</sup>	2.29 mm <sup>2</sup>	3.07 mm <sup>2</sup>	5.04 mm <sup>2</sup>	5.87 mm <sup>2</sup>
<hr/>			<hr/>	<hr/>	<hr/>
<hr/>					

La Figure 11 montre qu'il y a bien une interaction entre les deux facteurs. Nous voyons clairement que la différence entre la moyenne du groupe « sec » et celle du groupe « humide » varie énormément avec la concentration d'antibiotique, et que cette différence est la plus faible quand la concentration d'antibiotique est élevée.

```
> ##valeurs prédites
> pred.out <- expand.grid(Humidite = c("sec", "humide"),
                          Concentration = c("faible", "moderee", "elevee"))
> preds <- predict(aov.antibio, newdata = pred.out, se.fit = TRUE)
> pred.out$mean <- preds$fit
> pred.out$se <- preds$se.fit
> ##IC à 95%
> pred.out$low95 <- pred.out$mean +
  qt(p = 0.025, df = aov.antibio$df.residual) * pred.out$se
> pred.out$upp95 <- pred.out$mean -
  qt(p = 0.025, df = aov.antibio$df.residual) * pred.out$se
> ##graphique
> plot(y = 0, x = 0, ylab = "",
       xlab = "Concentration d'antibiotique",
       ylim = c(1, max(pred.out$upp95)),
       xlim = c(0, 4), type = "n", cex.lab = 1.2,
       xaxt = "n", main = "Moyennes ± IC à 95 %")
```

```

> ##ajout d'étiquette en marge
> ##expression permet d'ajouter des lettres grecques,
> ##indices ou exposants
> mtext(text = expression(paste("Surface (", mm^2, ")")),
        side = 2, line = 2, cex = 1.2)
> ##ajout de l'axe des x's
> axis(side = 1, at = c(1, 2, 3), labels = c("faible", "modérée", "élevée"),
        cex = 1.2)
> ##points pour sec
> points(y = pred.out$mean[c(1, 3, 5)], x = 1:3,
        pch = 1)
> ##barres d'erreurs
> arrows(x0 = 1:3, y0 = pred.out$low95[c(1, 3, 5)],
        y1 = pred.out$upp95[c(1, 3, 5)],
        x1 = 1:3, angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> ##points pour humide
> points(y = pred.out$mean[c(2, 4, 6)], x = 1:3,
        pch = 2)
> ##barres d'erreurs
> arrows(x0 = 1:3, y0 = pred.out$low95[c(2, 4, 6)],
        y1 = pred.out$upp95[c(2, 4, 6)],
        x1 = 1:3, angle = 90, code = 3, length = 0.05)
> ##légende
> legend(x = "topright", pch = c(1, 2), legend = c("sec", "humide"),
        title = "Humidité")
> ##groupes
> text(x = 1, y = 5.4, labels = "a", cex = 1.2)

```

```

> text(x = 2, y = 4.6, labels = "b", cex = 1.2)
> text(x = 3, y = 1.2, labels = "c", cex = 1.2)
> text(x = 1, y = 1.82, labels = "cd", cex = 1.2)
> text(x = 2, y = 1.87, labels = "d", cex = 1.2)
> text(x = 3, y = 2.6, labels = "e", cex = 1.2)

```

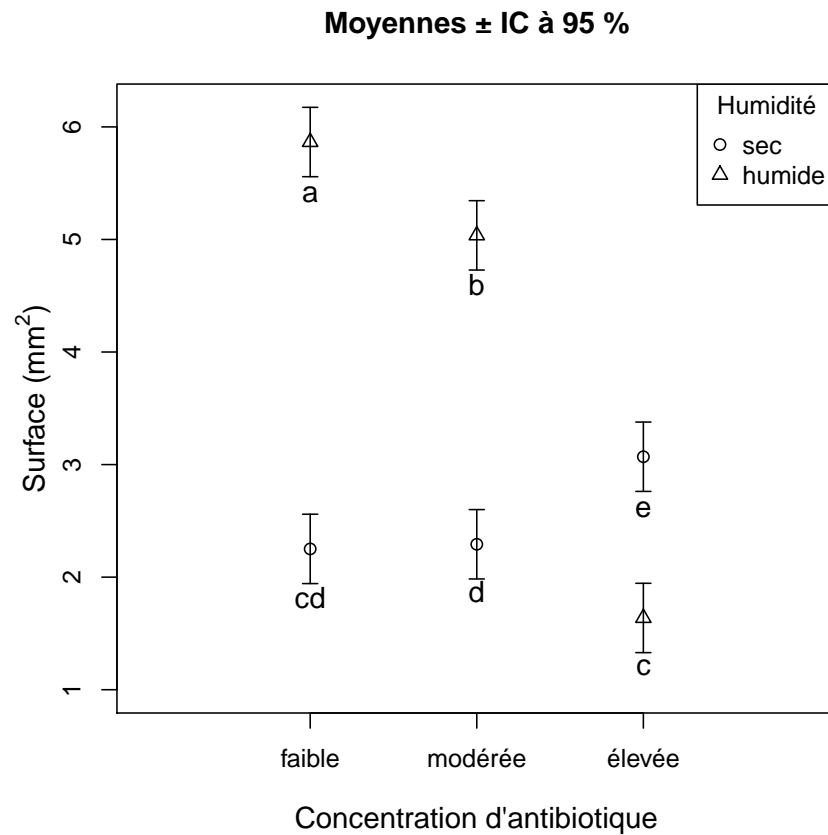


FIGURE 11 – Interaction significative entre l’humidité et la concentration d’antibiotique sur l’activité bactérienne.

On remarque qu’il y a une inversion des différences entre les groupes « sec » et les groupes « humide » : la surface couverte moyenne du groupe « humide » est supérieure à celle du groupe « sec » aux concentrations faible et modérée

d'antibiotique. Toutefois, le groupe « sec » a une plus grande surface couverte moyenne que le groupe « humide » à la concentration élevée d'antibiotique. On conclut que l'augmentation de la concentration de l'antibiotique réduit l'activité bactérienne sous des conditions humides, mais augmente l'activité bactérienne en conditions plus sèches.

---

## Conclusion

Dans ce texte, vous vous êtes familiarisés avec l'ANOVA à deux critères avec répétitions et particulièrement avec les concepts d'interaction et d'additivité. Trois exemples ont été présentés afin d'illustrer les différentes étapes de l'analyse, de la vérification des suppositions, de l'interprétation et de la présentation graphique des résultats. Nous avons vu qu'en présence d'une interaction entre deux facteurs, on ne peut pas interpréter les effets principaux, car l'effet d'un facteur sur la variable réponse dépend du niveau de l'autre. On dit dans ce cas que les effets ne sont pas additifs. C'est justement ce qu'illustre le dernier exemple sur l'activité bactérienne : l'augmentation de la concentration d'antibiotique n'avait pas le même effet selon le niveau d'humidité du milieu. Le concept d'interaction est important et il est souvent associé à des hypothèses intéressantes en sciences de l'environnement. Nous vous encourageons à revoir les exemples afin de bien saisir la notion d'interaction, car nous l'étudierons à nouveau dans les leçons à venir.

# Index

additivité, [22](#)

ANOVA à deux critères, [2](#)

comparaisons multiples, [16](#)

deux critères de classification, [2](#)

dispositif équilibré, [3](#)

effets additifs, [22](#)

hypothèses, [4](#)

interaction, [2](#)

répétitions, [3](#), [7](#)

somme des carrés, [5](#)

suppositions, [3](#)

test de Tukey, [19](#)