

Modèle d'ANOVA à 1 facteur - Biomasse et traitement

Sarah Ouadah

Module DYST, M2 BEE, Septembre 2023

Données

On souhaite mesurer l'effet d'un traitement fongicide et fertilisant du blé sur sa biomasse aérienne (variable : Biom). Pour cela, on considère cinq traitements différents (variable : Trait) :

1. N160 = 160kg d'azote / ha;
2. N160S = N160 + traitement fongicide sur les semences;
3. N240 = 240kg d'azote / ha;
4. N240F = N240 + traitement fongicide à l'épiaison;
5. témoin = aucun traitement.

On dispose d'un champ découpé en 30 parcelles réparties en 6 lignes (variable : Ligne) et 5 colonnes (variable : Colonne). Chaque traitement est appliqué à 6 parcelles choisies aléatoirement.

Extrait des données récoltées :

```
Biom <- read.table("Traitement.txt", sep="\t", header=TRUE)
head(Biom)
```

```
##   Ligne Colonne Trait Code Biom
## 1     2        2 Temoi    1   848
## 2     5        2 Temoi    1  1070
## 3     6        1 Temoi    1  1036
## 4     2        3 Temoi    1   856
## 5     2        4 Temoi    1  1037
## 6     4        2 Temoi    1   963
```

```
str(Biom)
```

```
## 'data.frame':   30 obs. of  5 variables:
## $ Ligne : int  2 5 6 2 2 4 3 3 2 5 ...
## $ Colonne: int  2 2 1 3 4 2 5 4 1 5 ...
## $ Trait : chr  "Temoi" "Temoi" "Temoi" "Temoi" ...
## $ Code : int  1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 ...
## $ Biom : int  848 1070 1036 856 1037 963 1153 1126 1134 1124 ...
```

```
Biom$Trait=as.factor(Biom$Trait)
levels(Biom$Trait)
```

```
## [1] "N160" "N160S" "N240" "N240F" "Temoi"
```

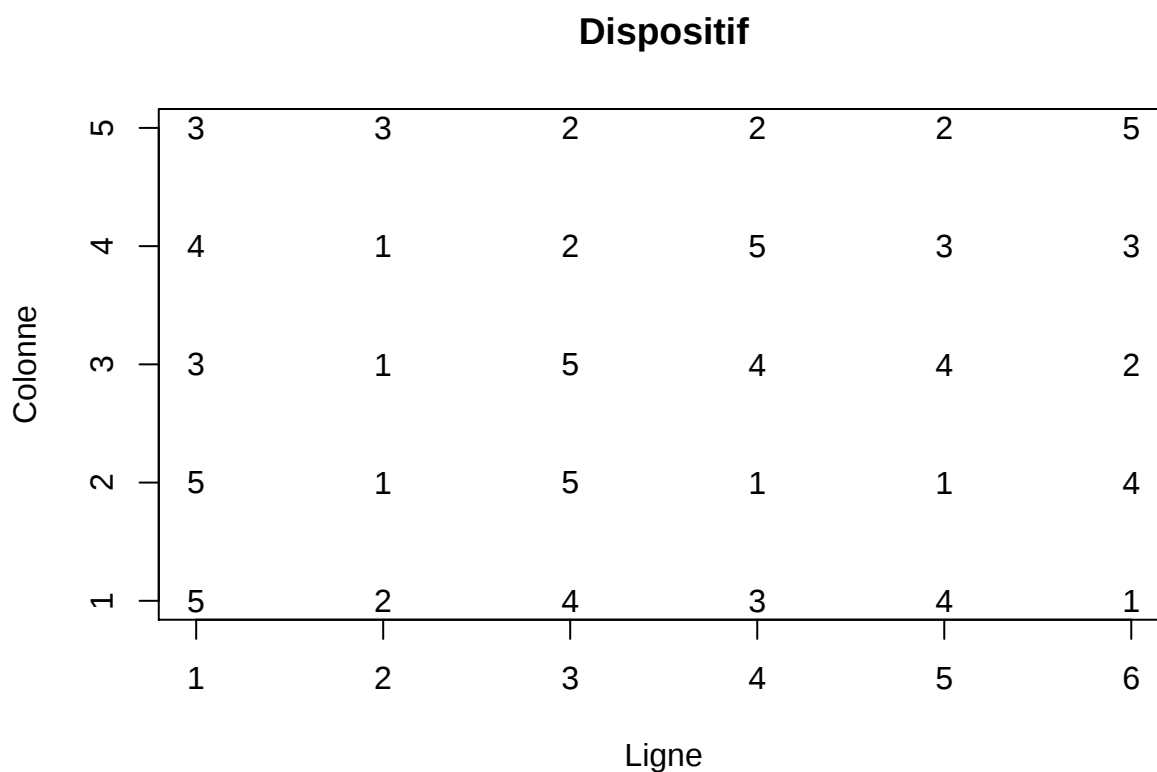
Les questions que l'on se pose sont les suivantes. Y-a-t'il un effet d'un traitement fongicide et fertilisant du blé sur sa biomasse aérienne ? Et si oui, quel traitement préconisez-vous ?

Statistiques descriptives

```
table(Biom$Trait)
```

```
##
##   N160  N160S   N240  N240F Temoin
##     6     6     6     6     6
```

```
plot(Biom$Ligne,Biom$Colonne,type="n",xlab="Ligne",ylab="Colonne",main="Dispositif")
text(Biom$Ligne,Biom$Colonne,Biom$Code)
```



```
summary(Biom$Biomass)
```

```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##      848   1039   1144   1150   1258   1481
```

```
by(Biom$Biomass,Biom$Trait,mean)
```

```
## Biom$Trait: N160
```

```
## [1] 1182
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N160S
```

```
## [1] 1041.833
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N240
```

```
## [1] 1252.167
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N240F
```

```
## [1] 1303.167
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: Temoin
```

```
## [1] 968.3333
```

```
by(Biom$Biomass,Biom$Trait,sd)
```

```
## Biom$Trait: N160
```

```
## [1] 82.78889
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N160S
```

```
## [1] 48.20961
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N240
```

```
## [1] 55.63242
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: N240F
```

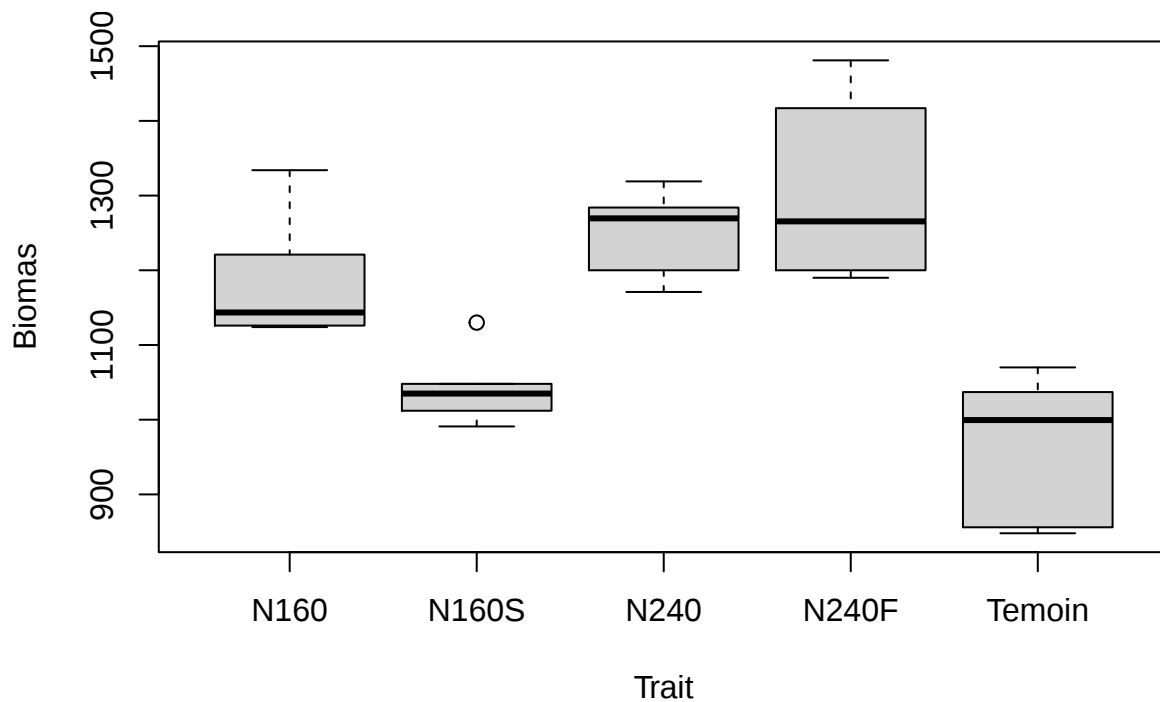
```
## [1] 120.059
```

```
## -----
```

```
## Biom$Trait: Temoin
```

```
## [1] 96.70298
```

```
boxplot(Biomass ~ Trait, data = Biom, col = "lightgray")
```

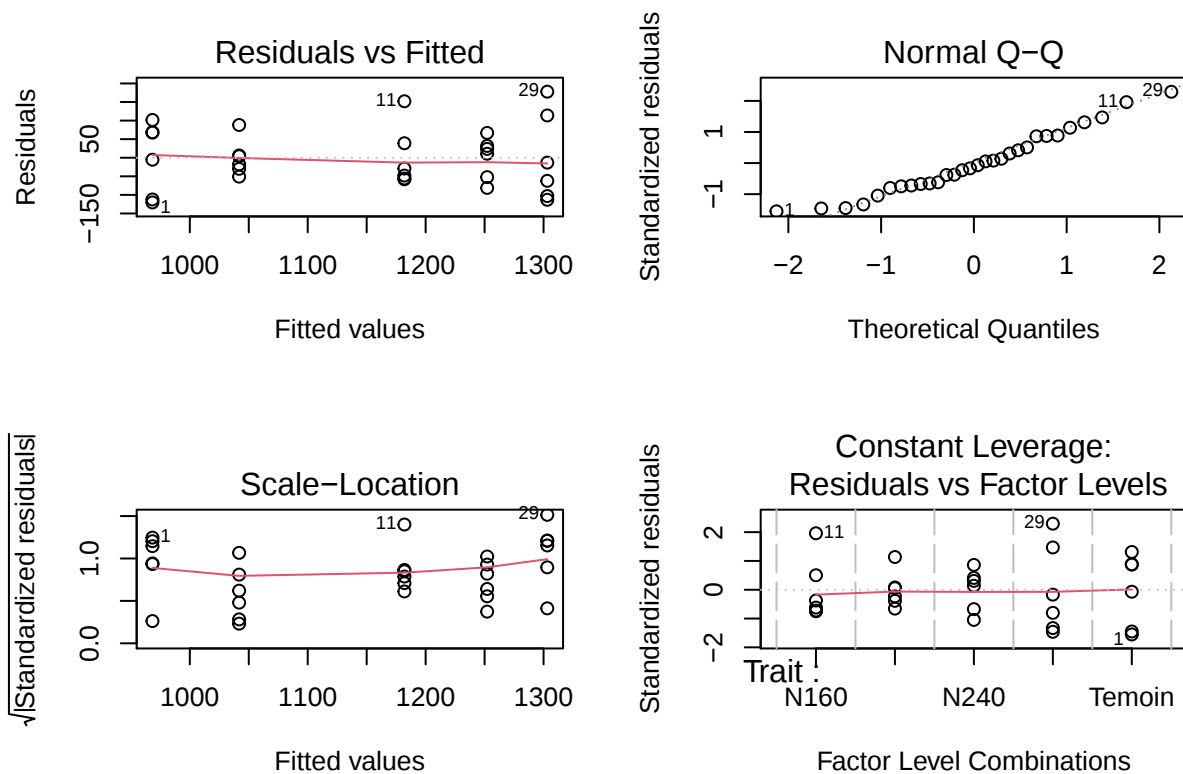


Modèle

```
biom.lm=lm(Biomass~Trait,data=Biom)
```

Hypothèses du modèle

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(biom.lm)
```



Test du modèle

```
anova(biom.lm)

## Analysis of Variance Table
##
## Response: Biomas
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trait      4 477742  119435   16.57 9.392e-07 ***
## Residuals 25 180194    7208
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Estimation et tests des paramètres - Prédictions

```
summary(biom.lm)

##
## Call:
## lm(formula = Biomas ~ Trait, data = Biom)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -120.33  -55.04   -9.25   59.88  177.83
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  1182.00     34.66   34.103 < 2e-16 ***
## TraitN160S   -140.17     49.02   -2.860 0.008438 **
```

```
## TraitN240      70.17      49.02    1.432 0.164671
## TraitN240F     121.17      49.02    2.472 0.020596 *
## TraitTemoin   -213.67      49.02   -4.359 0.000196 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 84.9 on 25 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7261, Adjusted R-squared:  0.6823
## F-statistic: 16.57 on 4 and 25 DF,  p-value: 9.392e-07
```

```
biom.lm$fitted.values
```

```
##          1          2          3          4          5          6          7          8
## 968.3333 968.3333 968.3333 968.3333 968.3333 968.3333 1182.0000 1182.0000
##          9         10         11         12         13         14         15         16
## 1182.0000 1182.0000 1182.0000 1182.0000 1041.8333 1041.8333 1041.8333 1041.8333
##         17         18         19         20         21         22         23         24
## 1041.8333 1041.8333 1252.1667 1252.1667 1252.1667 1252.1667 1252.1667 1252.1667
##         25         26         27         28         29         30
## 1303.1667 1303.1667 1303.1667 1303.1667 1303.1667 1303.1667
```

Comparaison des traitements

```
lsmeans(biom.lm,pairwise~Trait,adjust='bonferroni')
```

```
## $lsmeans
## Trait  lsmean   SE df lower.CL upper.CL
## N160    1182 34.7 25    1111    1253
## N160S   1042 34.7 25     970    1113
## N240    1252 34.7 25    1181    1324
## N240F   1303 34.7 25    1232    1375
## Temoin   968 34.7 25     897    1040
##
## Confidence level used: 0.95
##
## $contrasts
## contrast      estimate SE df t.ratio p.value
## N160 - N160S      140.2 49 25   2.860 0.0844
## N160 - N240       -70.2 49 25  -1.432 1.0000
## N160 - N240F     -121.2 49 25  -2.472 0.2060
## N160 - Temoin     213.7 49 25   4.359 0.0020
## N160S - N240     -210.3 49 25  -4.291 0.0023
## N160S - N240F    -261.3 49 25  -5.332 0.0002
## N160S - Temoin    73.5 49 25   1.500 1.0000
## N240 - N240F      -51.0 49 25  -1.040 1.0000
## N240 - Temoin     283.8 49 25   5.791 <.0001
## N240F - Temoin     334.8 49 25   6.831 <.0001
##
## P value adjustment: bonferroni method for 10 tests
```