



Lyon 1



département
Mathématiques

Master MAS, parcours M2 SMSD, Université Claude Bernard Lyon 1

Régressions et Grande Dimension,

Année 2022-2023

Examen du 1er février 2023,

Documents écrits et calculatrice autorisés,

Appareils connectables interdits.

Durée 2h30.

Note: Les trois exercices utilisent des données qui se trouvent dans des packages R et elles ont été traitées avec le même logiciel. Vous trouvez les codes R et les sorties associées sur les feuilles suivantes.

Pour les tests d'hypothèse et les intervalles de confiance, il faut prendre le risque $\alpha = 0.05$.

Exercice 1.

Dans cet exercice on utilise les données *eyedata* du package R *flare*. Les données concernent des expressions de différents gènes pour 120 rats. La variable expliquée Y représente le niveau d'expression du gène TRIM32. La matrice x contient 200 colonnes avec les résultats obtenus sur les 120 rats par 200 sondes génétiques. Nous allons considérer seulement les colonnes de x de 101 à 200. En utilisant la fonction R *head* vous trouvez quelques observations pour les colonnes de x de 101 à 110. Pour faire simple on va noter les variables correspondantes à ces 100 colonnes par X_1, \dots, X_{100} .

Remarque: Si parmi les modèles (M1), ..., (M8) certains ont la même forme statistique, il faut le spécifier, sans réécrire la forme statistique.

- 1) En vous aidant du code R, donnez la forme statistique du modèle (M1). Il s'agit de quel type de modèle?
- 2) Quels sont les paramètres du modèles (M1) et par quelle méthode ils ont été estimés?
- 3) Testez si le modèle (M1) est significatif. (spécifiez: les hypothèses H_0 , H_1 , les modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , valeur de la statistique de test, conclusion)
- 4) Si le modèle (M1) est significatif, quelles sont les variables qui influent la variable y ? (il faut donner les détails seulement pour une seule variable. Ces détails sont: hypothèses H_0 , H_1 , modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , valeurs de la statistique, conclusion. Pour les autres variables explicatives, donnez seulement la conclusion.) Donc, quelles sont les variables qu'il faut enlever du modèle (M1)?
- 5) Donnez les estimations des paramètres du modèle (M1). Interprétez ces estimations.
- 6) Quelle est la qualité globale d'ajustement du modèle (M1)? Interprétation.
- 7) Donnez la définition des résidus (plus précisément comment ils sont calculés). Pour le modèle (M1), est-ce que ces résidus sont de loi Normale? Justification pas un test d'hypothèse (écrire les deux hypothèses H_0 et H_1 , la valeur de la statistique de test, la p-value et l'interprétation). A-t-on eu raison de considérer comme méthode d'estimation des coefficients celle que vous avez spécifié à la question 2)?
- 8) Donnez la forme statistique du modèle (M2). Les résidus sont-ils de loi normale (donnez seulement la conclusion basée sur la p-value, sans autres détails).
- 9) Donnez la forme statistique du modèle (M3). Les résidus sont-ils de loi normale (donnez seulement la conclusion basée sur la p-value, sans autres détails).
- 10) Quelle est la forme statistique associée au modèle (M4)? Par quelle méthode ont été estimés les coefficients du modèle (M4)? Donnez la forme du processus aléatoire qui a permis d'obtenir les estimations.
- 11) Commentez le nuage de points des coefficients estimés par les modèles (M3) et (M4) .
- 12) Qu'est ce que représentent les éléments de l'ensemble A ?
- 13) Donnez la forme statistique du modèle (M5) et interprétez les résultats obtenus pour ce modèle.
- 14) Donnez la forme statistique du modèle (M6). Par quelle méthode d'estimation les coefficients de ce modèle sont estimés? Ecrivez la forme du processus aléatoire qui a permis d'obtenir ces estimateurs.
- 15) Pour le modèle (M6), quelles sont les variables qui influent la variable y ? (il faut donner les détails seulement

pour une seule variable. Ces détails sont: hypothèses H_0 , H_1 , modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , valeurs de la statistique, conclusion. Pour les autres variables explicatives, donnez seulement la conclusion.) Donc, quelles sont les variables qu'il faut enlever du modèle (M6)?

16) Comment le modèle (M7) a été obtenu? Pourquoi à partir de ce modèle on continue avec le modèle (M8)? Quel est le point commun entre les modèles (M2) et (M8)?

17) Est-ce que les estimations des coefficients obtenues pour le modèle (M2) peuvent être considérées égales avec celles obtenues pour le modèle (M8)? Justification.

Exercice 2.

Dans cet exercice on utilise les données *crabs* du package R *MASS* concernant 5 mesures morphologiques sur 50 crabes de deux couleurs. Nous nous intéressons seulement aux variables:

- *sp*: donne l'espèce et prend deux valeurs: "B" pour bleu et "O" pour orange;
- *sex*: donne le sexe et prend les valeurs: "M" pour mâle et "F" pour femelle;
- *FL*: la taille du lobe frontal (en mm);
- *RW*: la largeur arrière (en mm);
- *CL*: longueur de la carapace (en mm).

En utilisant la fonction R *head* vous trouvez quelques observations du tableau de données.

On s'intéresse maintenant dans la modélisation de la variable *W*.

1) Il y a combien de crabes mâle et crabes femelle dans l'étude?

2) En vous aidant du code R, donnez la forme statistique du modèle (M9). Il s'agit de quel type de modèle?

3) Pour le modèle (M9), quelles variables ont une influence sur la probabilité qu'un crabe soit mâle ? (donnez les détails suivants pour une seule variable explicative: les hypothèses H_0 , H_1 , les modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , conclusion. Pour les autres variables explicatives, donnez seulement la conclusion).

4) En tenant compte des réponses données à la question 3), justifiez le choix du modèle (M10).

5) Donnez les estimations de tous les paramètres du modèle (M10). Interprétation.

15) Commentez la prévision (notée dans le code R par *prev*) faite par le modèle (M10).

Exercice 3.

Dans cet exercice on utilise les données *coop* du package R *MASS* concernant l'analyse chimique de Analyte. Les variables considérées sont:

- *Lab*: le laboratoire. Prend les valeurs: L1, L2, ..., L6;
- *Spc*: l'échantillon. Prend les valeurs: S1, S2, ..., S7;
- *Bat*: le lot. Prend les valeurs: B1, B2, B3;
- *Conc*: la concentration d'Analyte (en g/kg).

1) En vous aidant du code R, donnez la forme statistique du modèle (M11). Il s'agit de quel type de modèle?

2) Sans donner les résultats du test d'hypothèse, en vous aidant des histogrammes et boxplots, justifiez le passage du modèle (M11) au modèle (M13).

3) Testez si le modèle (M13) est significatif. (spécifiez: les hypothèses H_0 , H_1 , les modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , valeur de la statistique de test, conclusion)

4) Quelles sont les variables du modèle (M13) qui influent la variable modélisée (donnez les détails suivants pour une seule variable explicative: les hypothèses H_0 , H_1 , les modèles correspondants, statistique de test et sa loi sous H_0 , conclusion. Pour les autres variables explicatives, donnez seulement la conclusion)? Justifiez le passage au modèle (M14).

5) Donnez les estimations des paramètres du modèle (M14). Interprétez ces estimations. Se focaliser sur un seul exemple de variable explicative du modèle.

6) Donnez la qualité globale du modèle (M14). Interprétation.

CODE R

```
library(flare)
library(glmnet)
library(quantreg)
library(MASS)
library(car) # pour la fonction "Anova"
par(mfrow=c(1,2))

##### EXERCICE 1 #####
cat("Debut EXERCICE 1 \n \n")
d=data(eyedata)
X=x[,101:200]
Xi=x[,101:110]
colnames(Xi)=c(1:10)
cat("Quelques observations des variables de la matrice Xi \n")
head(Xi)

#####
M1=lm(y~Xi)
summary(M1)
shapiro.test(residuals(M1))

#####
M2=lm(y~Xi[,1]+Xi[,2]+Xi[,7])
shapiro.test(residuals(M2))

#####
M3=lm(y~X-1)
c3=coef(M3)
plot(c3, main="estim par (M3) \n");
shapiro.test(residuals(M3))

#####
pp=-11/20; # c est la puissance de lambda
g=2/5;
n=length(y)
la=n^pp;
wj=(1/abs(c3))^g;
M4=glmnet(x=X,y=y,family = "gaussian",intercept = F,penalty.factor = wj,lambda = la)
c4=coef(M4)
plot(c4, main="estim par (M4)")

A=which(c4[2:length(c4),1]!=0)
cat("Les elements de l ensemble A sont: \n")
print(A)
Xb=X[,c4[2:length(c4),1]!=0];
colnames(Xb)=c(as.character(A))
M5=lm(y~Xb-1);
summary(M5)

#####
M6=rq(y~Xi, tau=0.5)
summary(M6,se="iid")

#####
M7=rq(y~Xi[,c(1,2,5,6,7)], tau=0.5)
summary(M7,se="iid")

#####
```

```

M8=rq(y~Xi[,c(1,2,7)], tau=0.5)
summary(M8,se="iid")
summary(M8)

##### EXERCICE 2 #####
cat("Debut EXERCICE 2 \n \n")
data("crabs")
attach(crabs)
cat("Quelques observations du tableau crabs \n")
head(crabs)
sex=factor(sex);
sp=factor(sp);

#####
table(sex)

#####
M9=glm(sex ~ sp+FL+RW+CL, family="binomial")
summary(M9);

#####
M10=glm(sex ~ FL+RW+CL, family="binomial")
summary(M10);

#####
pi=predict(M10,type = "response")
prev=vector(mode="numeric",length=length(pi))
prev[pi>0.5]=1  ### prévision de "sp" par le modèle "M10"
cat("Tableau de contingence obtenu par le modèle M10 \n")
table(sex, prev)

##### EXERCICE 3 #####
cat("Debut EXERCICE 3 \n \n")
data("coop")
attach(coop)
cat("Quelques observations du tableau coop \n")
head(coop)
Lab=factor(Lab);
Spc=factor(Spc);
Bat=factor(Bat)

#####
M11=lm(Conc~Lab+Spc+Bat+Lab:Spc+Lab:Bat+Spc:Bat,
       contrasts=list(Lab=contr.sum,Spc=contr.sum,Bat=contr.sum))
shapiro.test((residuals(M11)))
hist(rstudent(M11))
boxplot(rstudent(M11), main="rstudent(M11)")

#####
Concl=Conc[abs(rstudent(M11))<2]
Lab1=Lab[abs(rstudent(M11))<2]
Spc1=Spc[abs(rstudent(M11))<2]
Bat1=Bat[abs(rstudent(M11))<2]

M12=lm(Concl~Lab1+Spc1+Bat1+Lab1:Spc1+Lab1:Bat1+Spc1:Bat1,
       contrasts=list(Lab1=contr.sum,Spc1=contr.sum,Bat1=contr.sum))
shapiro.test((residuals(M12)))
hist(rstudent(M12))
boxplot(rstudent(M12), main="rstudent(M12)")

```

```

Conc2=Conc1[abs(rstudent(M12))<2]
Lab2=Lab1[abs(rstudent(M12))<2]
Spc2=Spc1[abs(rstudent(M12))<2]
Bat2=Bat1[abs(rstudent(M12))<2]

M13=lm(Conc2~Lab2+Spc2+Bat2+Lab2:Spc2+Lab2:Bat2+Spc2:Bat2,
       contrasts=list(Lab2=contr.sum,Spc2=contr.sum,Bat2=contr.sum))
shapiro.test((residuals(M13)))

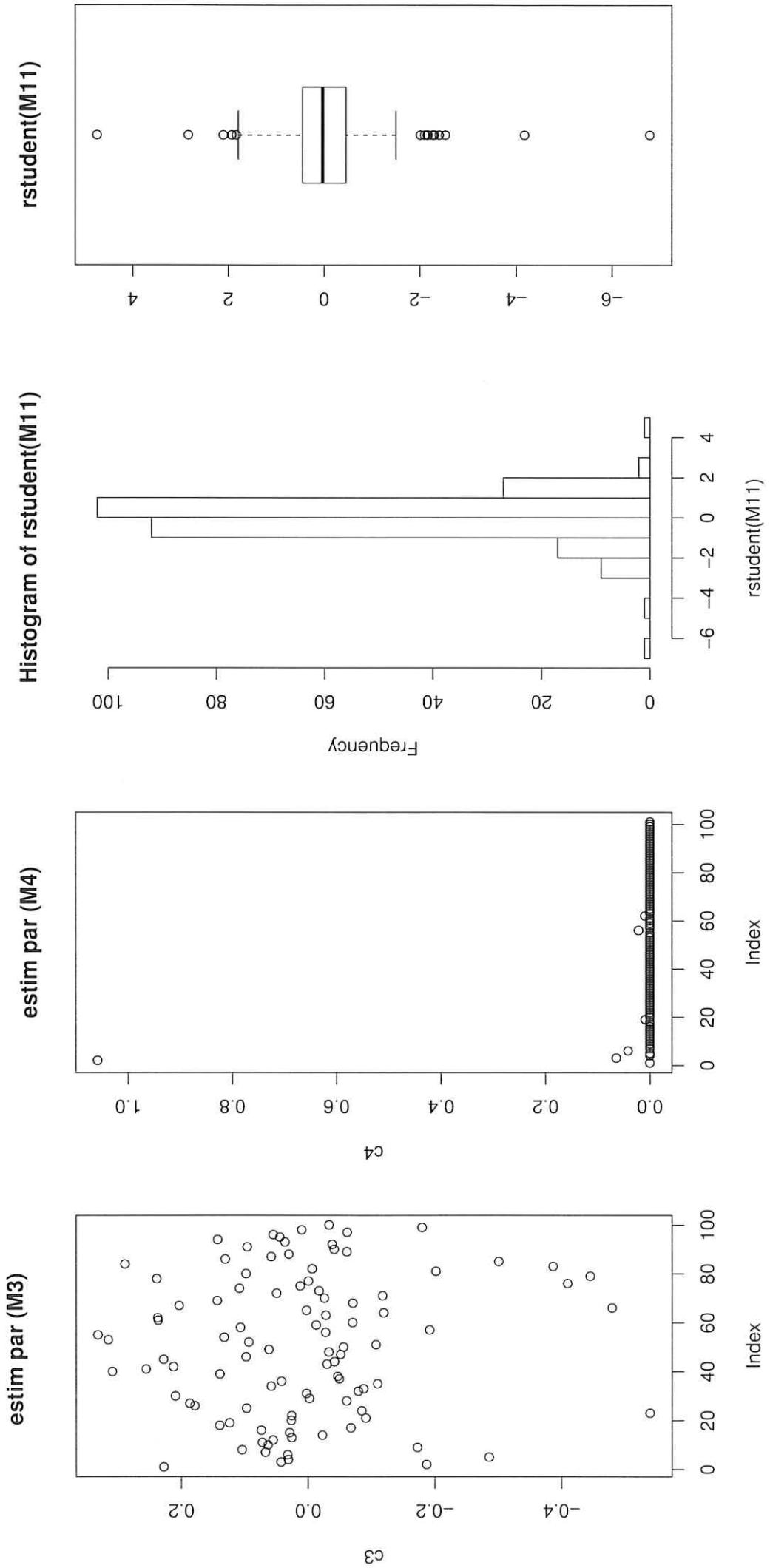
#####
cat("\n ANOVA DE TYPE III \n ")
print(Anova(M13))

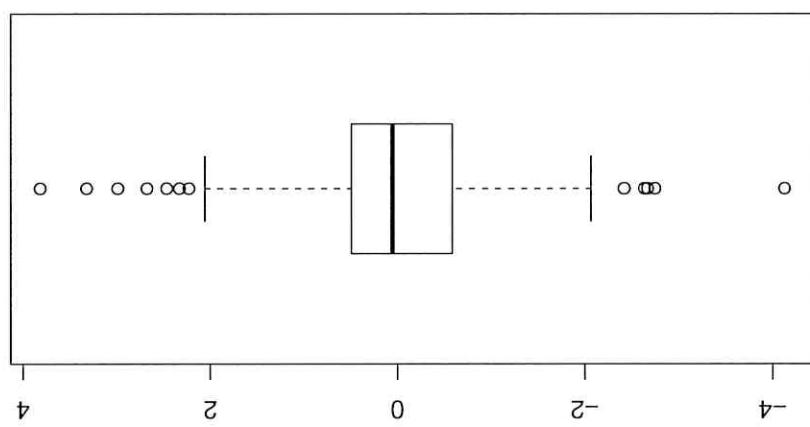
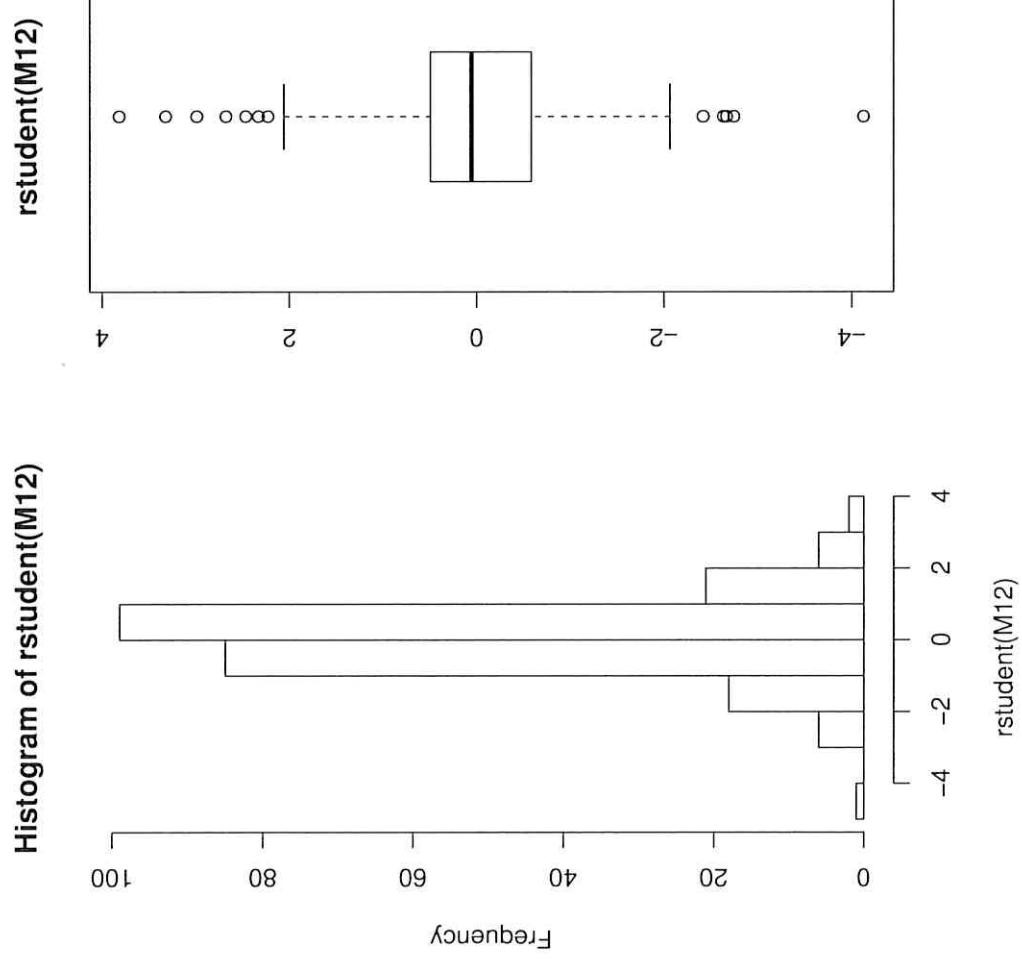
#####
M14=lm(Conc2~Lab2+Spc2+Lab2:Spc2+Lab2:Bat2+Spc2:Bat2,
       contrasts=list(Lab2=contr.sum,Spc2=contr.sum,Bat2=contr.sum))
shapiro.test((residuals(M14)))
cat("\n ANOVA DE TYPE III \n ")
print(Anova(M14))

#####
print(summary(M14))
cat("Nombre de mesures par valeur des variables \n")
table(Lab, Spc, Bat)

```


Nuages des estimations, histogrammes, boxplots





Quelques observations des variables de la matrice \mathbf{X}_i

	1	2	3	4	5	6	7
V2	6.947325	5.863089	4.862177	4.006838	8.377505	6.683116	6.902003
V3	6.857985	5.854433	4.926959	3.868333	8.135946	6.762065	7.112861
V4	6.976723	5.817554	4.855656	4.156977	8.053925	6.639196	7.109596
V5	6.891653	6.002515	4.920427	4.256350	7.871976	6.671766	6.926411
V6	6.883879	5.932460	4.845276	3.948479	8.140621	6.512107	7.028790
V7	7.191345	6.270432	4.943225	3.629747	7.981376	6.980560	7.510312
	8	9	10				
V2	4.592785	4.700703	4.956535				
V3	4.688382	4.324785	4.954438				
V4	4.548792	4.489862	4.992179				
V5	4.794610	4.753155	4.894403				
V6	4.525857	4.549288	5.091669				
V7	4.579244	4.723823	4.413583				

Call:

lm(formula = y ~ \mathbf{X}_i)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.239101	-0.046394	-0.001242	0.046191	0.252506

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	7.34478	0.88954	8.257	3.85e-13 ***
$\mathbf{X}_i 1$	0.16852	0.07285	2.313	0.0226 *
$\mathbf{X}_i 2$	-0.14921	0.06150	-2.426	0.0169 *
$\mathbf{X}_i 3$	-0.01013	0.06777	-0.149	0.8815
$\mathbf{X}_i 4$	-0.02247	0.05967	-0.377	0.7072
$\mathbf{X}_i 5$	0.05941	0.05727	1.037	0.3019
$\mathbf{X}_i 6$	0.03046	0.03799	0.802	0.4244
$\mathbf{X}_i 7$	0.12712	0.04873	2.609	0.0104 *
$\mathbf{X}_i 8$	-0.07462	0.06051	-1.233	0.2201
$\mathbf{X}_i 9$	-0.03160	0.06322	-0.500	0.6182
$\mathbf{X}_i 10$	-0.04217	0.04956	-0.851	0.3968

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

Residual standard error: 0.08852 on 109 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.6568, Adjusted R-squared: 0.6253

F-statistic: 20.86 on 10 and 109 DF, p-value: < 2.2e-16

(M1)

Shapiro-Wilk normality test

```
data: residuals(M1)
W = 0.98279, p-value = 0.1292
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data: residuals(M2)
W = 0.9814, p-value = 0.09608
```

(M2)

Shapiro-Wilk normality test

(M3)

data: residuals(M3)
W = 0.98813, p-value = 0.3831

Les éléments de l'ensemble A sont:
22110 22140 22304 23041 25367 25903
1 2 5 18 55 61

Call:
lm(formula = y ~ Xb - 1)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.33052	-0.05297	0.00292	0.05466	0.23280

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Xb1	0.35771	0.06586	5.431	3.2e-07 ***
Xb2	0.04210	0.04484	0.939	0.349825
Xb5	0.11428	0.05937	1.925	0.056731 .
Xb18	0.29912	0.07772	3.849	0.000196 ***
Xb55	0.03360	0.04942	0.680	0.497987
Xb61	0.27330	0.07784	3.511	0.000641 ***

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

Residual standard error: 0.09985 on 114 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.9999, Adjusted R-squared: 0.9999
F-statistic: 1.413e+05 on 6 and 114 DF, p-value: < 2.2e-16

Call: rq(formula = y ~ Xi, tau = 0.5)

tau: [1] 0.5

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	6.63799	0.68028	9.75777	0.00000
Xi1	0.10855	0.05571	1.94836	0.05394
Xi2	-0.09894	0.04704	-2.10361	0.03771
Xi3	-0.04187	0.05183	-0.80785	0.42094
Xi4	-0.02745	0.04563	-0.60156	0.54872
Xi5	0.14083	0.04380	3.21535	0.00171
Xi6	0.06470	0.02905	2.22678	0.02802
Xi7	0.09991	0.03726	2.68106	0.00848
Xi8	-0.08151	0.04627	-1.76146	0.08097
Xi9	0.05546	0.04835	1.14714	0.25384
Xi10	-0.05719	0.03790	-1.50888	0.13422

Call: rq(formula = y ~ Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)], tau = 0.5)

tau: [1] 0.5

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	6.17718	0.67767	9.11525	0.00000
Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)]1	0.26337	0.06749	3.90233	0.00016
Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)]2	-0.21132	0.05486	-3.85214	0.00019
Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)]5	0.07515	0.05375	1.39819	0.16477
Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)]6	0.03731	0.03605	1.03484	0.30294
Xi[, c(1, 2, 5, 6, 7)]7	0.10724	0.04323	2.48042	0.01458

```
Call: rq(formula = y ~ Xi[, c(1, 2, 7)], tau = 0.5)
```

```
tau: [1] 0.5
```

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	6.43532	0.73828	8.71664	0.00000
Xi[, c(1, 2, 7)]1	0.29123	0.06873	4.23729	0.00005
Xi[, c(1, 2, 7)]2	-0.19785	0.06442	-3.07110	0.00266
Xi[, c(1, 2, 7)]7	0.15573	0.04543	3.42749	0.00084

(M8)

```
Call: rq(formula = y ~ Xi[, c(1, 2, 7)], tau = 0.5)
```

```
tau: [1] 0.5
```

Coefficients:

	coefficients	lower bd	upper bd
(Intercept)	6.43532	5.19061	7.52708
Xi[, c(1, 2, 7)]1	0.29123	0.12014	0.45316
Xi[, c(1, 2, 7)]2	-0.19785	-0.33562	-0.13931
Xi[, c(1, 2, 7)]7	0.15573	0.03880	0.31042

Début EXERCICE 2

Quelques observations du tableau crabs

	sp	sex	index	FL	RW	CL	CW	BD
1	B	M	1	8.1	6.7	16.1	19.0	7.0
2	B	M	2	8.8	7.7	18.1	20.8	7.4
3	B	M	3	9.2	7.8	19.0	22.4	7.7
4	B	M	4	9.6	7.9	20.1	23.1	8.2
5	B	M	5	9.8	8.0	20.3	23.0	8.2
6	B	M	6	10.8	9.0	23.0	26.5	9.8

sex

F M

100 100

Call:

```
glm(formula = sex ~ sp + FL + RW + CL, family = "binomial")
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.91526	-0.00079	0.00000	0.00002	1.56628

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	20.038	7.145	2.804	0.00504 **
sp0	2.871	3.322	0.864	0.38733
FL	-5.246	3.041	-1.725	0.08447 .
RW	-17.624	6.444	-2.735	0.00624 **
CL	8.978	3.276	2.741	0.00613 **

(M9)

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```
Null deviance: 277.259 on 199 degrees of freedom  
Residual deviance: 18.127 on 195 degrees of freedom  
AIC: 28.127
```

Number of Fisher Scoring iterations: 11

Call:
glm(formula = sex ~ FL + RW + CL, family = "binomial")

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.12958	-0.00050	0.00000	0.00001	1.51262

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	19.867	7.185	2.765	0.00569 **
FL	-3.247	1.740	-1.866	0.06198 .
RW	-18.562	6.577	-2.822	0.00477 **
CL	8.436	3.134	2.691	0.00711 **

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 277.259 on 199 degrees of freedom
Residual deviance: 19.003 on 196 degrees of freedom
AIC: 27.003

Number of Fisher Scoring iterations: 11

Tableau de contingence obtenu par le modèle M10

prev	0	1
sex	F	97 3
	M	2 98

Debut EXERCICE 3

Quelques observations du tableau coop

	Lab	Spc	Bat	Conc
1	L1	S1	B1	0.29
2	L1	S1	B1	0.33
3	L1	S1	B2	0.33
4	L1	S1	B2	0.32
5	L1	S1	B3	0.34
6	L1	S1	B3	0.31

Shapiro-Wilk normality test

data: (residuals(M11))
W = 0.91437, p-value = 7.763e-11

Shapiro-Wilk normality test

data: (residuals(M12))
W = 0.97575, p-value = 0.0004229

Shapiro-Wilk normality test

data: (residuals(M13))
W = 0.99244, p-value = 0.3091

(M10)

(M11)

(M12)

(M13)

ANOVA DE TYPE III

Anova Table (Type III tests)

Response: Conc2

	Sum Sq	Df	F value	Pr(>F)
(Intercept)	741.89	1	67595.5373	< 2.2e-16 ***
Lab2	14.47	5	263.6886	< 2.2e-16 ***
Spc2	905.79	6	13754.8583	< 2.2e-16 ***
Bat2	0.02	2	0.8891	0.4130762
Lab2:Spc2	10.56	30	32.0610	< 2.2e-16 ***
Lab2:Bat2	0.61	10	5.5172	5.14e-07 ***
Spc2:Bat2	0.46	12	3.4724	0.0001478 ***
Residuals	1.72	157		

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

Shapiro-Wilk normality test

```
data: (residuals(M14))
W = 0.99244, p-value = 0.3091
```

ANOVA DE TYPE III

Anova Table (Type III tests)

(M14)

Response: Conc2

	Sum Sq	Df	F value	Pr(>F)
(Intercept)	741.89	1	67595.5373	< 2.2e-16 ***
Lab2	14.47	5	263.6886	< 2.2e-16 ***
Spc2	905.79	6	13754.8583	< 2.2e-16 ***
Lab2:Spc2	10.56	30	32.0610	< 2.2e-16 ***
Lab2:Bat2	0.64	12	4.8256	1.006e-06 ***
Spc2:Bat2	0.46	12	3.4724	0.0001478 ***
Residuals	1.72	157		

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

Call:

```
lm(formula = Conc2 ~ Lab2 + Spc2 + Lab2:Spc2 + Lab2:Bat2 + Spc2:Bat2,
  contrasts = list(Lab2 = contr.sum, Spc2 = contr.sum, Bat2 = contr.sum))
```

Residuals:

Min	10	Median	30	Max
-0.267547	-0.054074	0.000954	0.055850	0.284607

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	1.946610	0.007487	259.991	< 2e-16 ***
Lab21	-0.338515	0.015974	-21.192	< 2e-16 ***
Lab22	0.057881	0.016202	3.572	0.000470 ***
Lab23	-0.337487	0.015431	-21.871	< 2e-16 ***
Lab24	0.496190	0.019224	25.811	< 2e-16 ***
Lab25	-0.013753	0.015175	-0.906	0.366151
Spc21	-1.438555	0.016548	-86.934	< 2e-16 ***
Spc22	-1.542136	0.017838	-86.452	< 2e-16 ***
Spc23	-0.896234	0.017838	-50.243	< 2e-16 ***
Spc24	-1.263633	0.017655	-71.574	< 2e-16 ***
Spc25	5.933698	0.021194	279.971	< 2e-16 ***
Spc26	-0.178870	0.017917	-9.983	< 2e-16 ***
Lab21:Spc21	0.150460	0.036660	4.104	6.50e-05 ***

Lab22:Spc21	-0.164270	0.036761	-4.469	1.50e-05	***
Lab23:Spc21	0.189431	0.036427	5.200	6.12e-07	***
Lab24:Spc21	-0.004245	0.038189	-0.111	0.911629	
Lab25:Spc21	-0.050969	0.036319	-1.403	0.162487	
Lab21:Spc22	0.069040	0.037261	1.853	0.065774	.
Lab22:Spc22	-0.245689	0.037360	-6.576	6.79e-10	***
Lab23:Spc22	0.133012	0.037008	3.594	0.000435	***
Lab24:Spc22	0.497851	0.051086	9.745	< 2e-16	***
Lab25:Spc22	-0.167388	0.036925	-4.533	1.15e-05	***
Lab21:Spc23	0.031472	0.037261	0.845	0.399600	
Lab22:Spc23	-0.044924	0.037360	-1.202	0.230993	
Lab23:Spc23	0.087110	0.037008	2.354	0.019820	*
Lab24:Spc23	-0.039306	0.051086	-0.769	0.442805	
Lab25:Spc23	0.080043	0.036925	2.168	0.031688	*
Lab21:Spc24	0.177204	0.037173	4.767	4.23e-06	***
Lab22:Spc24	-0.055858	0.037274	-1.499	0.135988	
Lab23:Spc24	0.196176	0.036918	5.314	3.62e-07	***
Lab24:Spc24	0.024702	0.045973	0.537	0.591819	
Lab25:Spc24	-0.139224	0.036837	-3.779	0.000223	***
Lab21:Spc25	-0.405126	0.048892	-8.286	4.87e-14	***
Lab22:Spc25	0.635993	0.045032	14.123	< 2e-16	***
Lab23:Spc25	-0.638957	0.041896	-15.251	< 2e-16	***
Lab24:Spc25	-0.668869	0.043253	-15.464	< 2e-16	***
Lab25:Spc25	0.183445	0.038658	4.745	4.65e-06	***
Lab21:Spc26	-0.017559	0.037298	-0.471	0.638457	
Lab22:Spc26	-0.005289	0.043263	-0.122	0.902849	
Lab23:Spc26	0.053079	0.037066	1.432	0.154122	
Lab24:Spc26	0.041284	0.044508	0.928	0.355057	
Lab25:Spc26	0.129346	0.036963	3.499	0.000607	***
Lab2L1:Bat21	-0.038885	0.023822	-1.632	0.104624	
Lab2L2:Bat21	0.042105	0.024986	1.685	0.093952	.
Lab2L3:Bat21	-0.016981	0.023052	-0.737	0.462449	
Lab2L4:Bat21	0.100772	0.030494	3.305	0.001178	**
Lab2L5:Bat21	-0.025714	0.022861	-1.125	0.262393	
Lab2L6:Bat21	-0.107566	0.025576	-4.206	4.36e-05	***
Lab2L1:Bat22	0.041897	0.023832	1.758	0.080698	.
Lab2L2:Bat22	-0.047398	0.024800	-1.911	0.057793	.
Lab2L3:Bat22	0.075162	0.023052	3.261	0.001364	**
Lab2L4:Bat22	0.016815	0.029988	0.561	0.575790	
Lab2L5:Bat22	0.001429	0.022861	0.062	0.950253	
Lab2L6:Bat22	-0.005423	0.026335	-0.206	0.837125	
Spc21:Bat21	0.001322	0.023275	0.057	0.954760	
Spc22:Bat21	0.009830	0.024132	0.407	0.684325	
Spc23:Bat21	-0.021268	0.024132	-0.881	0.379490	
Spc24:Bat21	-0.048599	0.023988	-2.026	0.044457	*
Spc25:Bat21	-0.098833	0.028048	-3.524	0.000558	***
Spc26:Bat21	0.078371	0.024674	3.176	0.001796	**
Spc21:Bat22	-0.030136	0.023316	-1.292	0.198084	
Spc22:Bat22	-0.019888	0.024187	-0.822	0.412162	
Spc23:Bat22	0.032543	0.024187	1.345	0.180405	
Spc24:Bat22	0.023276	0.024031	0.969	0.334241	
Spc25:Bat22	0.021328	0.029466	0.724	0.470239	
Spc26:Bat22	0.018250	0.025680	0.711	0.478333	

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

Residual standard error: 0.1048 on 157 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.9985, Adjusted R-squared: 0.9978
 F-statistic: 1585 on 65 and 157 DF, p-value: < 2.2e-16

(M14)

Nombre de mesures par valeur des variables

, , Bat = B1

Spc	Lab	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7
	L1	2	2	2	2	2	2	2
	L2	2	2	2	2	2	2	2
	L3	2	2	2	2	2	2	2
	L4	2	2	2	2	2	2	2
	L5	2	2	2	2	2	2	2
	L6	2	2	2	2	2	2	2

, , Bat = B2

Spc	Lab	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7
	L1	2	2	2	2	2	2	2
	L2	2	2	2	2	2	2	2
	L3	2	2	2	2	2	2	2
	L4	2	2	2	2	2	2	2
	L5	2	2	2	2	2	2	2
	L6	2	2	2	2	2	2	2

, , Bat = B3

Spc	Lab	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7
	L1	2	2	2	2	2	2	2
	L2	2	2	2	2	2	2	2
	L3	2	2	2	2	2	2	2
	L4	2	2	2	2	2	2	2
	L5	2	2	2	2	2	2	2
	L6	2	2	2	2	2	2	2

(M04)

