

# **Suivi du pâturage avec un appareil photo grand public et des logiciels libres : méthode et validation**

Maurice MAHIEU<sup>1\*</sup>, Rémy ARQUET<sup>2</sup>, Alexandre TRICHEUR<sup>3</sup>,  
Claire COLLAS<sup>4</sup>, Stefan JURJANZ<sup>4</sup>

## **Annexes**

**ANNEXE 1 : R script pour obtenir un vecteur standard de points-limites pour la classification des pixels en fonction de VARl<sub>green</sub>**

**ANNEXE 2 : Image aérienne (drone) utilisée comme référence pour le calcul des limites de classe de l'indice VARl<sub>green</sub>. a) Couleurs RVB, b) Fausses couleurs, 15 classes VARl<sub>green</sub>, avec le pourcentage de pixels correspondant à chaque classe.**

**ANNEXE 3 : R script pour interpréter les classes VARl<sub>green</sub> en comparant les organes de plantes clairement identifiables sur les images originales et sur les images codées en fausses couleurs**

**ANNEXE 4 : Exemple de codage d'images de feuilles, tiges et matériaux morts. a) image originale RVB avec une zone pâturée (sous la ligne pointillée), b) codage VARl<sub>green</sub> à 15 classes et c) codage VARl<sub>green</sub> à 3 classes (pourcentages de pixels de chaque classe).**

**ANNEXE 5 : Exemple de codage d'image de végétaux souillés par de la boue. a) image RVB originale avec à gauche salissure modérée et au centre salissure intense par le passage de véhicules en conditions humides, b) codage VARl<sub>green</sub> à 15 classes et c) codage VARl<sub>green</sub> à 3 classes.**

**ANNEXE 6 : Exemple de traitement d'image : a) image originale de la zone pâturée la veille (les bouses ont déjà été collectées et les animaux déplacés à la position suivante), b) sélection des pixels correspondant à la zone pâturée et images codées selon la valeur VARl<sub>green</sub> de chaque pixel c) codage en 15 classes et d) codage en 3 classes (et pourcentages de pixels correspondants).**

**ANNEXE 7 : R script de traitement automatique de plusieurs images, quantification et comparaison des classes VARl<sub>green</sub>.**

## ANNEXE 1 : R script pour obtenir un vecteur standard de points-limites pour la classification des pixels en fonction de $VARI_{green}$ .

### IMPORTANT.

La ligne de texte en vert n'est pas une commande exécutable pour R, mais du commentaire.

Seules les lignes en noir sont des lignes de commandes (script) R

Il est possible de copier-coller ce script dans n'importe quel éditeur de script R

Les noms de variable, fichier ou dossier sont modifiables au gré de l'utilisateur

Exécuter les lignes de script une à une peut aider à mieux comprendre la logique du script et à l'adapter aux besoins de l'utilisateur

```
require(jpeg)
```

Appelle le package "jpeg", qui doit avoir été installé sur la machine au préalable

```
img=readJPEG(file.choose(),native = F)
```

Ouvre l'explorateur pour sélectionner et importer un fichier image.jpg

```
imgDm <- dim(img)
```

Extrait les dimensions de la matrice image

Transforme la matrice image en tableau avec, pour chaque pixel, les coordonnées x, y et les valeurs des canaux Rouge, Vert et Bleu

```
imgRGB <- data.frame(
  x = rep(1:imgDm[2], each = imgDm[1]),
  y = rep(imgDm[1]:1, imgDm[2]),
  R = as.vector(img[, , 1]),
  G = as.vector(img[, , 2]),
  B = as.vector(img[, , 3])
)
```

```
imgRGB$VARI <- (imgRGB$G - imgRGB$R)/(imgRGB$G + imgRGB$R - imgRGB$B)
```

Calcul de l'index  $VARI_{green}$  pour chaque pixel, d'après Gitelson et al. (2002)

```
imgRGB$VARI <- ifelse(imgRGB$VARI > 10, 10, ifelse(imgRGB$VARI < -10, -10, imgRGB$VARI))
```

Remplace les valeurs  $VARI \pm inf$ , résultant de  $R+G-B = 0$

```
imgRGB <- na.omit(imgRGB)
```

Conserve les pixels de la zone d'intérêt, en supprimant les pixels noirs ( $R=G=B=0$ ), calcul  $VARI_{green}$  impossible (0/0) donnant des NAs

```
require(cluster)
```

```
avari <- clara(imgRGB[, "VARI"], 15, metric = "euclidean", stand = FALSE,
  samples = 5, sampsize = min(nrow(imgRGB), 1000 + 2 * 15), trace = 0,
  medoids.x = TRUE, keep.data = T, rngR = FALSE, pamLike = FALSE)
```

Classification des pixels d'après les valeurs  $VARI_{green}$

```
avari$medoids
```

Affiche les 15 valeurs des médoïdes

```
b <- as.vector(avari$medoids[order(avari$medoids[, 1]), 1])
```

Trie les valeurs de médoïdes en ordre ascendant

```
Bki <- as.vector(NA, mode="numeric")
for (k in 1:(length(b) - 1))
{
  bki[k] <- (b[k + 1] + b[k])/2
}
```

Calcul des limites de classe à utiliser comme standard

```
bk15 <- c(-10, bki, 10)
```

Construit le vecteur des limites de classes, 15 classes  $VARI_{green}$

```
dput(bk15, file = paste("~/xx/bk15-", Sys.Date(), sep = ""))
```

Enregistre le vecteur des limites de classes dans le dossier xx

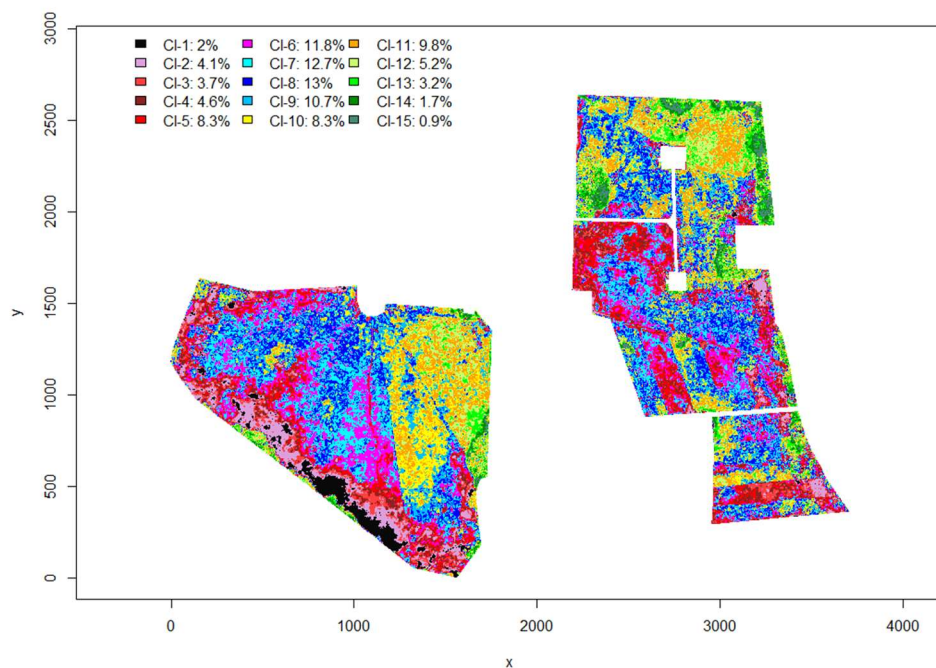
**ANNEXE 2 : Image aérienne (drone) utilisée comme référence pour le calcul des limites de classe de l'indice VARlgreen. a) Couleurs RVB, b) Fausses couleurs, 15 classes VARlgreen, avec le pourcentage de pixels correspondant à chaque classe.**

**APPENDIX 2 : Drone reference image used as standard for VARlgreen breakpoint calculation. 1) Top: RGB colours; 2) bottom: 15-class VARlgreen false colours.**

**a) Couleurs RVB**



**b) Fausses couleurs (15 classes VARlgreen, % par classe)**



## ANNEXE 3 : R script pour interpréter les classes $VARI_{green}$ en comparant les organes de plantes clairement identifiables sur les images originales et sur les images codées en fausses couleurs

### ANNEXE 3 : R script pour interpréter les classes $VARI_{green}$ en comparant les organes de plantes clairement identifiables sur les images originales et sur les images codées en fausses couleurs

```
require(jpeg)

img <- readJPEG(file.choose(),native = F)
Ouvre l'explorateur pour sélectionner et importer un fichier image.jpg

imgDm <- dim(img)
Extrait les dimensions de la matrice image
imgRGB <- data.frame(x = rep(1:imgDm[2],each = imgDm[1]),y = rep(imgDm[1]:1, imgDm[2]), R
= as.vector(img[, ,1]),G = as.vector(img[, ,2]),B = as.vector(img[, ,3]))
Transforme la matrice image en tableau avec, pour chaque pixel, les coordonnées x, y et les valeurs des canaux Rouge, Vert et Bleu
imgRGB$VARI <- (imgRGB$G - imgRGB$R)/(imgRGB$G + imgRGB$R - imgRGB$B)
Calcul de l'index  $VARI_{green}$  pour chaque pixel, d'après GITELSON et al. (2002)

imgRGB$VARI <- ifelse(imgRGB$VARI > 10,10,ifelse(imgRGB$VARI < -10, -10, imgRGB$VARI))
Remplace les valeurs VARI  $\pm$  inf, résultant de R+G-B = 0
imgRGB <- na.omit(imgRGB)
Conserve les pixels de la zone d'intérêt, en supprimant les pixels noirs (R=G=B=0), calcul  $VARI_{green}$  impossible (0/0) donnant des NAs

bk15 <- dget(file.choose())
Récupère le vecteur des limites de classes dans le dossier xx "~/xx/bk15-yyyy-mm-dd"

imgRGB$kclv <- cut(imgRGB$VARI,breaks = bk15,labels = F)
Encode les pixels dans une des 15 classes  $VARI_{green}$  prédéfinies
coulv <- c("grey4", "plum", "brown1", "brown4", "red", "magenta", "cyan", "blue",
"deepskyblue", "yellow", "orange", "darkolivegreen1", "green", "green4", "aquamarine4")
Définit 15 couleurs pour coder les 15 classes  $VARI_{green}$  avec des fausses couleurs (peuvent être changées au goût des utilisateurs)

coulxv <- col2rgb(coulv, alpha = FALSE)
Codage hexagesimal des couleurs pour un affichage accéléré
colxv <- data.frame(t(coulxv))
names(colxv) <- c("R","G","B")
row.names(colxv) <- 1:nrow(colxv)
kFColv <- rgb(colxv[imgRGB$kclv,],maxColorValue = 255)
Construction du vecteur des fausses couleurs pour l'image graphique

statisv <- data.frame(NA)
for (i in 1:(length(bk15) - 1))
{
  Kcli <- imgRGB$kclv[imgRGB$kclv == i]
  statisv[i,1] <- coulv[i]
  statisv[i,2] <- length(kcli)
}
statisv[,3] <- sum(statisv[,2])
Calcul du nombre de pixels de chaque classe
statisv[,4] <- statisv[,2]/statisv[,3]
statisv[,5] <- round(100*statisv[,4],1)

names(statisv) <- c("colcode","pixCount","pixtot","ratio","pcpx")
sum(statisv$ratio,na.rm=T)
Pour vérification, doit être égal à 1
```

```
plot(x = imgRGB$x,y = imgRGB$y,col = kFColv,pch = ".",  
ylim = c(0,max(imgRGB$y)*1.1), asp = 1,xlab = "x",ylab = "y",  
main = expression(paste("k -Medoids Clustering of 15 ", VARI[green], " classes")), cex =  
.01)
```

**Graphe en fausses couleurs, avec codage en 15 classes VARIgreen**

```
legend("top",ncol = 15,  
paste("Cl-",1:15,"\n",as.character(statisv$pcpx),"%",sep=""),  
fill = statisv$colcode,cex = .7, bty = "n")
```

**Ajoute une légende avec le pourcentage de pixels dans chaque classe**

```
plot(x = imgRGB$x,y = imgRGB$y,col = rgb(imgRGB[,3:5]) ",type = "p", pch = ".", cex =  
.01, ylim = c(0,max(imgRGB$y)*1.1),xlab = "x",ylab = "y", asp = 1,  
main = "RGB colors)
```

**Graphe en couleurs naturelles (RVB)**

ANNEXE 4 : Exemple de codage d'images de feuilles, tiges et matériaux morts. a) image originale RVB avec une zone pâturée (sous la ligne pointillée), b) codage VARlgreen à 15 classes et c) codage VARlgreen à 3 classes (pourcentages de pixels de chaque classe).

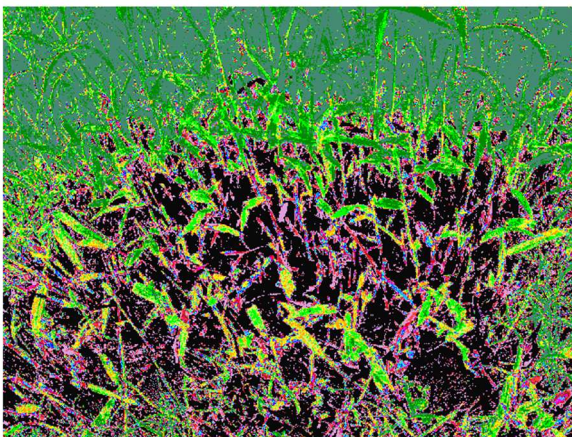
APPENDIX 4 : Example of image coding of leaves, stems and dead materials. 1) Top: original RGB image: grazed area (below the dotted line) vs. non grazed grass (above the dotted line). 2) Bottom left: VARlgreen coding with 15 classes and 3) bottom right: VARlgreen coding with 3 classes. The pixel percentages of each class are indicated.

a) Image originale, couleurs RVB



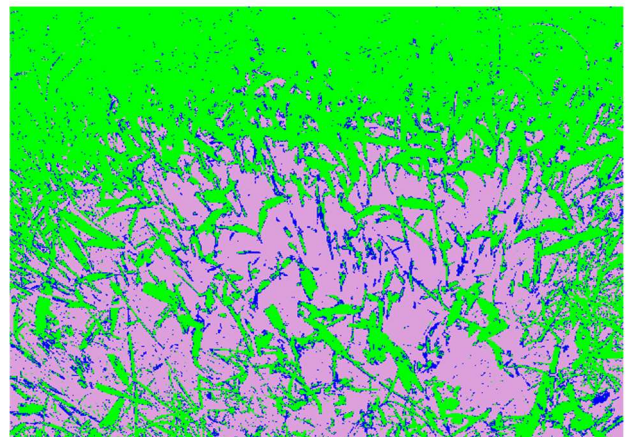
b) codage VARlgreen à 15 classes

■ CI-1: 28.2%	■ CI-4: 2.4%	■ CI-7: 1.9%	■ CI-10: 3.6%	■ CI-13: 6.4%
■ CI-2: 8.1%	■ CI-5: 2.1%	■ CI-8: 1.7%	■ CI-11: 3.8%	■ CI-14: 11.3%
■ CI-3: 3.3%	■ CI-6: 2.2%	■ CI-9: 2.3%	■ CI-12: 4.1%	■ CI-15: 18.5%



c) codage VARlgreen à 3 classes

■ CI-A: 39.6%	■ CI-B: 8.7%	■ CI-C: 51.7%
---------------	--------------	---------------



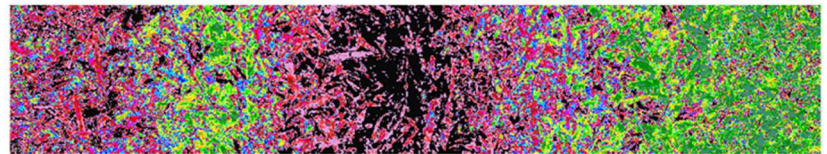
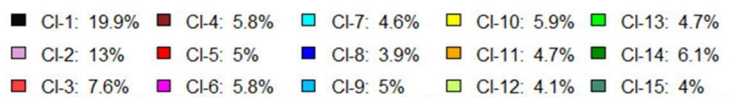
ANNEXE 5 : Exemple de codage d'image de végétaux souillés par de la boue. a) image RVB originale avec à gauche salissure modérée et au centre salissure intense par le passage de véhicules en conditions humides, b) codage VARI<sub>green</sub> à 15 classes et c) codage VARI<sub>green</sub> à 3 classes.

APPENDIX 5 : Example of image coding of mud-soiled grass. From top to bottom a) RGB original image with medium trampling (left) and heavy trampling by vehicle wheel in humid conditions (centre) b) 15-class VARI<sub>green</sub> and c) 3-class VARI<sub>green</sub> coding.

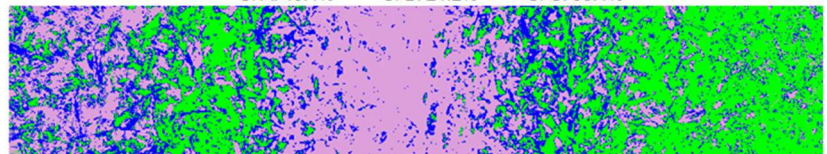
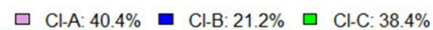
a) Image originale, couleurs RVB



b) codage VARI<sub>green</sub> à 15 classes



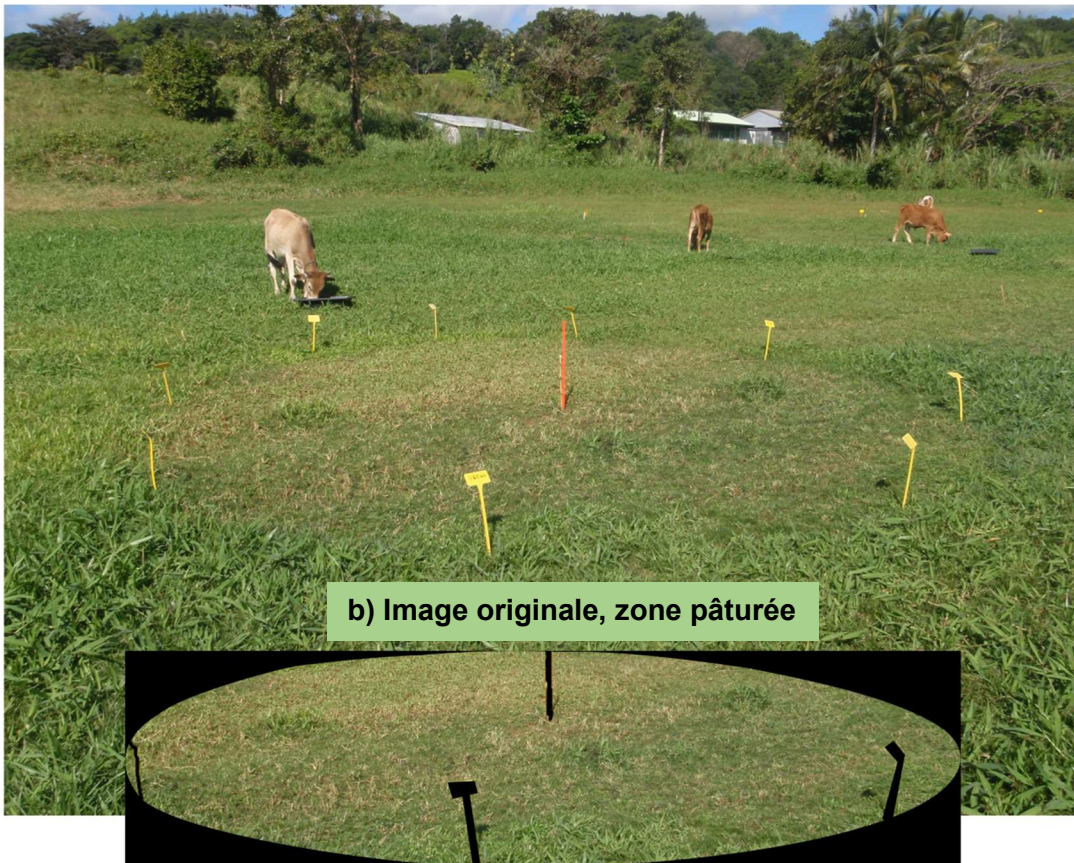
c) codage VARI<sub>green</sub> à 3 classes



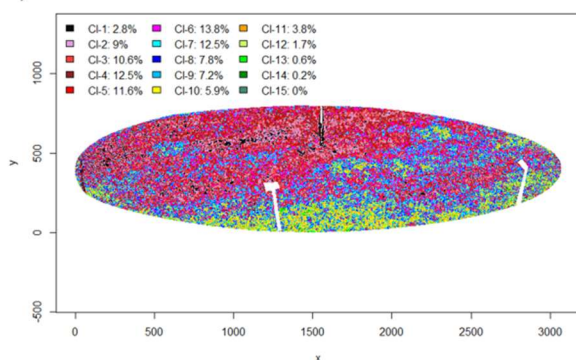
**ANNEXE 6 : Exemple de traitement d'image :** a) image originale de la zone pâturée la veille (les bouses ont déjà été collectées et les animaux déplacés à la position suivante), b) sélection des pixels correspondant à la zone pâturée et images codées selon la valeur  $VARI_{green}$  de chaque pixel c) codage en 15 classes et d) codage en 3 classes (et pourcentages de pixels correspondants).

**APPENDIX 6 : Example of image processing.** a) image of the area grazed the day before (the dung pats have already been collected and the animal moved to the next area), b) selection of pixels corresponding to the grazed area and images coded according to the  $VARI_{green}$  value of each pixel: c) 15-class clustering, d) 3-class clustering).

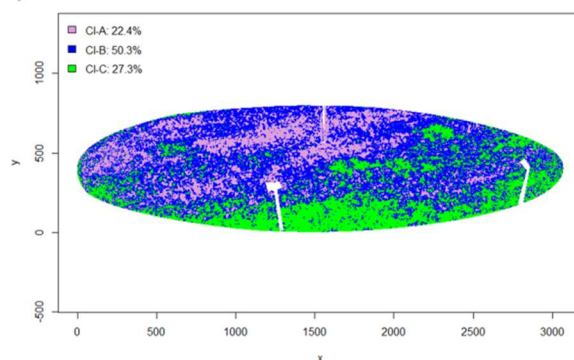
**a) Image originale**



**c) codage  $VARI_{green}$  à 15 classes**



**d) codage  $VARI_{green}$  à 3 classes**





## ANNEXE 7 : R script de traitement automatique de plusieurs images, quantification et comparaison des classes VARI<sub>green</sub>

```
require(jpeg)

bk15 <- dget(file.choose())
Récupère le vecteur des limites de classes dans le dossier xx "~/xx/bk15-yyyy-mm-dd"

files <- choose.files()
Ouvre l'explorateur pour sélectionner tous les fichiers image.jpg à analyser, et enregistre les chemins d'accès dans files

resu <- data.frame(NA)
for (i in 1:length(files))
Lit et analyse séquentiellement toutes les images
{
  Img <- readJPEG(files[i],native = F)
  imgDm <- dim(img)

  imgRGB <- data.frame(x = rep(1:imgDm[2], each = imgDm[1]),y = rep(imgDm[1]:1, imgDm[2]),R
= as.vector(img[, ,1]),G = as.vector(img[, ,2]),B = as.vector(img[, ,3]))

  imgRGB$VARI <- (imgRGB$G - imgRGB$R)/(imgRGB$G + imgRGB$R - imgRGB$B)
  imRGB <- na.omit(imgRGB)
  imRGB$VARI <- ifelse(imRGB$VARI > 10,10,ifelse(imRGB$VARI < -10,-10,imRGB$VARI))

  imRGB$kclv <- cut(imRGB$VARI,breaks = bk15,labels = F)
Pixel coding

save(imRGB,file = paste("~/zz/",substring(files[i], nchar(files[i]) - 15), nchar(files[i])
- 4),"code.RData",sep = "")
Sauvegarde les fichiers de résultat dans un dossier dédié zz, avec le même nom de code "code.RData" que l'image
d'origine, sans l'extension ".jpg". Adaptez le nom de fichier à votre propre codification.
for (j in 1:(length(bk15)-1))
{
  Kcli <- imRGB$kclv[imRGB$kclv==j]
  resu[i,1] <- tablexif[i,1]
  resu[i,j+1] <- length(kcli)
}
}
Pour chaque image,et pour chaque classe VARIgreen, enregistre le nombre de pixels.
resu[,17] <- resu[,2] + resu[,3] + resu[,4] + resu[,5] + resu[,6] + resu[,7] +
resu[,8] + resu[,9] + resu[,10] + resu[,11] + resu[,12] + resu[,13] + resu[,14] +
resu[,15] + resu[,16]
Calcul du pourcentage de pixel de chaque classe VARIgreen class pour chaque image

for (l in 1:(length(bk15)-1))
{
  resu[,17 + l]=round(resu[,l + 1]/resu[,17],4)
}

names(resu) <- c("file", "c101", "c102", "c103", "c104", "c105", "c106", "c107", "c108",
"c109", "c110", "c111", "c112", "c113", "c114", "c115", "sumPx", "ratiocl01", "ratiocl02",
"ratiocl03", "ratiocl04", "ratiocl05", "ratiocl06", "ratiocl07", "ratiocl08", "ratiocl09",
"ratiocl10", "ratiocl11", "ratiocl12", "ratiocl13", "ratiocl14", "ratiocl15")
resu$dphot <- as.Date(paste(substring(resu$file,nchar(resu$file) - 5, nchar(resu$file) -
4),"/", substring(resu$file,nchar(resu$file) - 7, nchar(resu$file) - 6),"/",
substring(resu$file,nchar(resu$file) - 9, nchar(resu$file) - 8),sep=""),"%y/%m/%d")
Récupère la date de prise de vue du nom du fichier image. DEPEND de la CODIFICATION du nom de fichier!!!
resu$dpat <- as.Date(ifelse(nchar(resu$file) < 20,resu$dphot + 2,
resu$dphot - 1),origin = "1970-01-01")
Récupère la date de pâturage en fonction de la date de prise de vue et du codage "avant" ou "après" pâturage.
DEPEND de la CODIFICATION du nom de fichier!!!
resu$offer <- ifelse(nchar(resu$file) < 20,"AV", substring(resu$file,4,6))
Récupère le niveau d'offre (traitement) en fonction du codage du nom de fichier.
DEPEND de la CODIFICATION du nom de fichier!!!
```

```
resu$anim <- ifelse(nchar(resu$file) < 20,"av", substring(resu$file,9,12))
```

Récupère l'identification de l'animal du nom de fichier, ou l'indication de "avant pâturage".

DEPEND de la CODIFICATION du nom de fichier!!!

```
resu$ratioCl_A <- round((resu[,2] + resu[,3] + resu[,4])/resu[,17],4)
```

```
resu$ratioCl_B <- round((resu[,5] + resu[,6] + resu[,7] + resu[,8])/resu[,17],4)
```

```
resu$ratioCl_C <- round((resu[,9] + resu[,10] + resu[,11] + resu[,12] + resu[,13] +  
resu[,14] + resu[,15] + resu[,16])/resu[,17],4)
```

Regroupement des classes cl01 à cl03, cl04 à cl07 et cl08 à cl15 (Cl-A, Cl-B et Cl-C)

```
save.image("~/yy/imageresults.RData")
```

Sauvegarde de l'espace de travail dans le dossier YY

#####

## POUR LA VISUALISATION DES DONNÉES, EXÉCUTER LES COMMANDES SUIVANTES

#####

```
bagay15 <- resu[,c(18:36)]
```

Extrait les variables d'intérêt pour analyses (vérifier et adapter la liste des variables si nécessaire)

```
cl15 <- c("01","02","03","04","05","06","07","08","09","10","11","12","13","14","15")
```

Nomme les 15 classes

```
VARI15asin <- data.frame(NA)
```

```
J <- 0
```

```
for (i in 1:nrow(bagay15))
```

```
{
```

```
  for (k in 1:15)
```

```
  {
```

```
    J <- j+1
```

```
    bik <- bagay15[i,1:15]
```

```
    VARI15asin[j,1] <- bagay15[i,18]
```

```
    VARI15asin[j,2] <- bagay15[i,19]
```

```
    VARI15asin[j,3] <- bagay15[i,20]
```

```
    VARI15asin[j,4] <- cl15[k]
```

```
    VARI15asin[j,5] <- bik[,k]
```

```
  }
```

```
}
```

```
names(VARI15asin) <- c("dpat","offer","anim","class","pixratio")
```

```
VARI15asin[,1] <- as.Date(VARI15asin[,1],origin = "1970-01-01")
```

```
VARI15asin[,2] <- as.factor(VARI15asin[,2])
```

```
VARI15asin[,3] <- as.factor(VARI15asin[,3])
```

```
VARI15asin[,4] <- as.factor(VARI15asin[,4])
```

```
VARI15asin$pcpx <- asin(sqrt(VARI15asin$pixratio))
```

```
summary(model15 <- aov(pcpx ~ offer/class,VARI15asin))
```

Lance une Analyse de Variance

```
require(agricolae)
```

```
(comp15 <- HSD.test(model15,c("offer","class"), group = T))
```

Lance un test de Tukey pour comparer les moyennes

```
backtrans15 <- comp15$means
```

Récupère les estimations des moyennes et écart-types transformés

```
backtrans15$moy <- (sin(comp15$means$pcpx))^2
```

Transformation inverse des moyennes

```
backtrans15$hi <- (sin(comp15$means$pcpx + (comp15$means$std)/sqrt(comp15$means$r)))^2
```

Calcule transformation inverse moyenne + erreur-standard

```
backtrans15$mi <- (sin(comp15$means$pcpx - (comp15$means$std)/sqrt(comp15$means$r)))^2
```

Calcule transformation inverse moyenne - erreur-standard

```

backtrans15$Min <- (sin(comp15$means$Min))^2
backtrans15$Max <- (sin(comp15$means$Max))^2

plot(1:15,backtrans15$moy[1:15],type = "l",col = "red",
     xlab = expression(paste(VARI[green], " classes 1 to 15: from 'soil' to 'chlorophyll'")),
     ylab = "pixels %", ylim = c(0,max(backtrans15$hi)), lty = 1,
     las = 1, lwd = 4, axes = F)

```

**Graphique des profils VARI<sub>green</sub>**

```

axis(1,at = 1:15,labels = 1:15)
axis(2,at = seq(0,.25,by = .05),labels = seq(0,25,by = 5),las = 1)
lines(1:15,backtrans15$moy[16:30], col = "black",lty = 2,lwd = 4)
lines(1:15,backtrans15$moy[31:45], col = "blue",lty = 3,lwd = 4)
lines(1:15,backtrans15$moy[46:60], col = "green4",lty = 4,lwd = 4)

segments((1:15)-0.03,backtrans15$hi[1:15],
         (1:15) - 0.03,backtrans15$mi[1:15],col = "red",lwd = 2,lty = 1)
segments((1:15) - 0.01,backtrans15$hi[16:30],
         (1:15) - 0.01,backtrans15$mi[16:30],col = "black",lwd = 2,lty = 1)
segments((1:15) + 0.01,backtrans15$hi[31:45],
         (1:15) + 0.01,backtrans15$mi[31:45],col = "blue",lwd = 2,lty = 1)
segments((1:15) + 0.03,backtrans15$hi[46:60],
         (1:15) + 0.03,backtrans15$mi[46:60],col = "green4",lwd = 2,lty = 1)

legend("top",lwd = 4,ncol = 2,col = c("red","black","blue","green4"),
      legend = paste(c("100", "150", "300", "before"), "n = ", comp15$means$r[seq(2,47,by =
15)]), bty = "n",lty = 1:4)

```

#####

**Regroupement en 3 classes VARI<sub>green</sub>: A = sol + organes végétaux morts ; B = tiges + organes sénescents ; C = organes verts (chlorophylliens).**

#####

```
c13 <- c("A","B","C")
```

```
bagay3 <- resu[,c(34:39)]
```

**Récupère les variables d'intérêt pour analyse (vérifier et adapter la liste des variables si nécessaire)**

```

VARI3asin = data.frame(NA)
J = 0
for (i in 1:nrow(bagay3))
{
  for (k in 1:3)
  {
    J = j + 1
    bik = bagay3[i,5:7]
    VARI3asin[j,1] <- bagay3[i,1]
    VARI3asin[j,2] <- bagay3[i,2]
    VARI3asin[j,3] <- bagay3[i,3]
    VARI3asin[j,4] <- bagay3[i,4]
    VARI3asin[j,5] <- c13[k]
    VARI3asin[j,6] <- bik[,k]
  }
}
names(VARI3asin) <- c("dpat","offer","anim","class","pixratio")
VARI3asin[,1] <- as.Date(VARI3asin[,2],origin = "1970-01-01")
VARI3asin[,2] <- as.factor(VARI3asin[,1])
VARI3asin[,3] <- as.factor(VARI3asin[,3])
VARI3asin[,4] <- as.factor(VARI3asin[,4])
VARI3asin $pcpx <- asin(sqrt(VARI3asin$pixratio))

```

```
summary(model3 <- aov(pcp ~ offer/class,VARI3asin))
```

```
summary(lm(fitted(model3)~VARI3asin$pcpx))
```

**Renvoie le R<sup>2</sup> du modèle**

```
require(agricolae)
```

```

(comp3 <- HSD.test(model3,c("offer","class"), group = T))

backtrans3 <- comp3$means

backtrans3$moy <- (sin(comp3$means$pcpx))^2

backtrans3$hi <- (sin(comp3$means$pcpx + (comp3$means$std)/sqrt(comp3$means$r)))^2
Calculé moyenne + erreur standard (transformation inverse)
backtrans3$mi <- (sin(comp3$means$pcpx - (comp3$means$std)/sqrt(comp3$means$r)))^2
Calculé moyenne - erreur standard (transformation inverse)

backtrans3$Min <- (sin(comp3$means$Min))^2
backtrans3$Max <- (sin(comp3$means$Max))^2

```

### Boîte à moustache des valeurs prises par les différentes classes/traitements

```

boxplot(pixratio ~ class + offer, data = VARI3asin, horizontal = F, axes = F,
  ylab = "pixels %", xlab = expression(paste(VARI[green]," class Cl-A to Cl-C")),
  border = rep(c("red","black","blue","green4"),each=3), boxwex = 0.5,
  ylim = c(0,1.2))

axis(2,at = seq(0,1,by = 0.10),labels = seq(0,100,by = 10),cex.axis = 1,las = 1)

axis(1,at = 1:3,labels = c("Cl-A","Cl-B","Cl-C"),cex.axis = 1, col.axis = "red")
axis(1,at = 4:6,labels = c("Cl-A","Cl-B","Cl-C"),cex.axis = 1, col.axis = "black")
axis(1,at = 7:9,labels = c("Cl-A","Cl-B","Cl-C"),cex.axis = 1, col.axis = "blue")
axis(1,at = 10:12,labels = c("Cl-A","Cl-B","Cl-C"),cex.axis = 1,
col.axis = "green4")

abline(v = c(3.5,6.5,9.5),col = 1)
text(c(2,5,8,11,14,17,20,23),rep(1.18,4),
  c(paste("offer =",c("100","150","300")), "before"),
  col = c("red","black","blue","green4"))
text(c(2,5,8,11,14,17,20,23),rep(1.12,8),
  paste("n =",backtrans3$r[c(2,5,8,11)]),
  col = c("red","black","blue","green4"),cex = 0.8)

lines(1:3,backtrans3$moy[1:3],col = "red",lwd=3)
segments(1:3,backtrans3$mi[1:3],1:3,backtrans3$hi[1:3],col = "red")
lines(4:6,backtrans3$moy[4:6],col = "black",lwd = 3)
segments(4:6,backtrans3$mi[4:6],4:6,backtrans3$hi[4:6],col = "black")
lines(7:9,backtrans3$moy[7:9],col = "blue",lwd = 3)
segments(7:9,backtrans3$mi[7:9],7:9,backtrans3$hi[7:9],col = "blue")
lines(10:12,backtrans3$moy[10:12],col = "green4",lwd = 3)
segments(10:12,backtrans3$mi[10:12],10:12,backtrans3$hi[10:12],col = "green4")

text(1:12,rep(1.04,12),c("a","$","A","b","$","B","c","$","C","d","£","D"),
cex = 0.8,col = "blue")

```

Ajoute des symboles pour signifier les différences, **DEPEND DES DONNÉES** et des résultats des analyses statistiques. À adapter à chaque situation