

Dzień 2 - Analiza wariancji - aov

Spis treści

Analiza wariancji - aov	1
Wersja jednoczynnikowa	1
Porównanie parami	8
Wersja dwuczynnikowa	9
Ćwiczenie	11

Analiza wariancji - aov

Wersja pdf

Wersja jednoczynnikowa

Funkcja aov jest używana do jednoczynnikowej i wieloczynnikowej analizy wariancji.

Wykonujemy testy istotności następująco:

- H_0 : wszystkie średnie są równe.
- H_1 : co najmniej jedna ze średnich jest różna od innych.

Załadujmy sobie ramkę danych:

```
dane<-PlantGrowth
head(dane)
```

```
##   weight group
## 1   4.17  ctrl
## 2   5.58  ctrl
## 3   5.18  ctrl
## 4   6.11  ctrl
## 5   4.50  ctrl
## 6   4.61  ctrl
```

```
levels(dane$group)
```

```
## [1] "ctrl" "trt1" "trt2"
```

Policzmy dla każdej grupy średnią i odchylenie standardowe:

```
library(dplyr)
```

```
##
## Attaching package: 'dplyr'
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##   filter, lag
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##   intersect, setdiff, setequal, union
```

```
group_by(dane, group) %>%
  summarise(
    count = n(),
    mean = mean(weight, na.rm = TRUE),
    sd = sd(weight, na.rm = TRUE)
  )
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   group count  mean   sd
##   <fct> <int> <dbl> <dbl>
## 1 ctrl    10  5.03 0.583
## 2 trt1    10  4.66 0.794
## 3 trt2    10  5.53 0.443
```

lub ręcznie:

```
ctrl<-dane[dane$group=="ctrl",]
mean(ctrl$weight)
```

```
## [1] 5.032
```

```
sd(ctrl$weight)
```

```
## [1] 0.5830914
```

```
trt1<-dane[dane$group=="trt1",]
mean(trt1$weight)
```

```
## [1] 4.661
```

```
sd(trt1$weight)
```

```
## [1] 0.7936757
```

```
trt2<-dane[dane$group=="trt2",]
mean(trt2$weight)
```

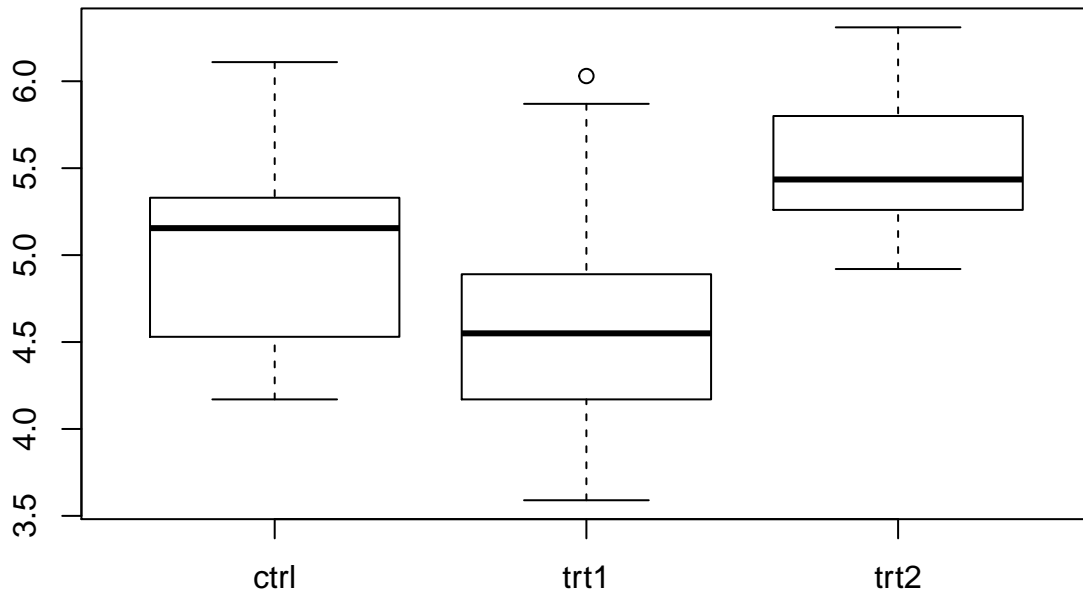
```
## [1] 5.526
```

```
sd(trt2$weight)
```

```
## [1] 0.4425733
```

Spójrzmy na wykres:

```
boxplot(weight~group,data=dane)
```



Przeprowadźmy analizę wariancji w R za pomocą aov:

```
model <- aov(weight ~ group, data = dane)
summary(model)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## group      2  3.766  1.8832   4.846 0.0159 *
## Residuals 27 10.492  0.3886
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Obliczmy to ręcznie:

```
y<-dane$weight
ym<-mean(y)
yh<-model$fitted.values
ssm<-sum((yh-ym)^2)
ssm
```

```
## [1] 3.76634
```

```
ssr<-sum((y-yh)^2)
ssr
```

```
## [1] 10.49209
```

Liczba stopni swobody:

- przy grupie - liczba grup minus 1
- przy resztach - liczba obserwacji minus liczba grup

```
msm<-ssm/2  
msm
```

```
## [1] 1.88317
```

```
mse<-ssr/27  
mse
```

```
## [1] 0.3885959
```

Statystyka $F = \frac{MSM}{MSE}$.

```
f<-msm/mse  
f
```

```
## [1] 4.846088
```

Obliczamy kwantyl

```
qf(0.95, 2,27)
```

```
## [1] 3.354131
```

Jeśli wartość statystyki jest większa kwantylowi, odrzucamy hipotezę zerową. W przeciwnym wypadku przyjmujemy hipotezę zerową.

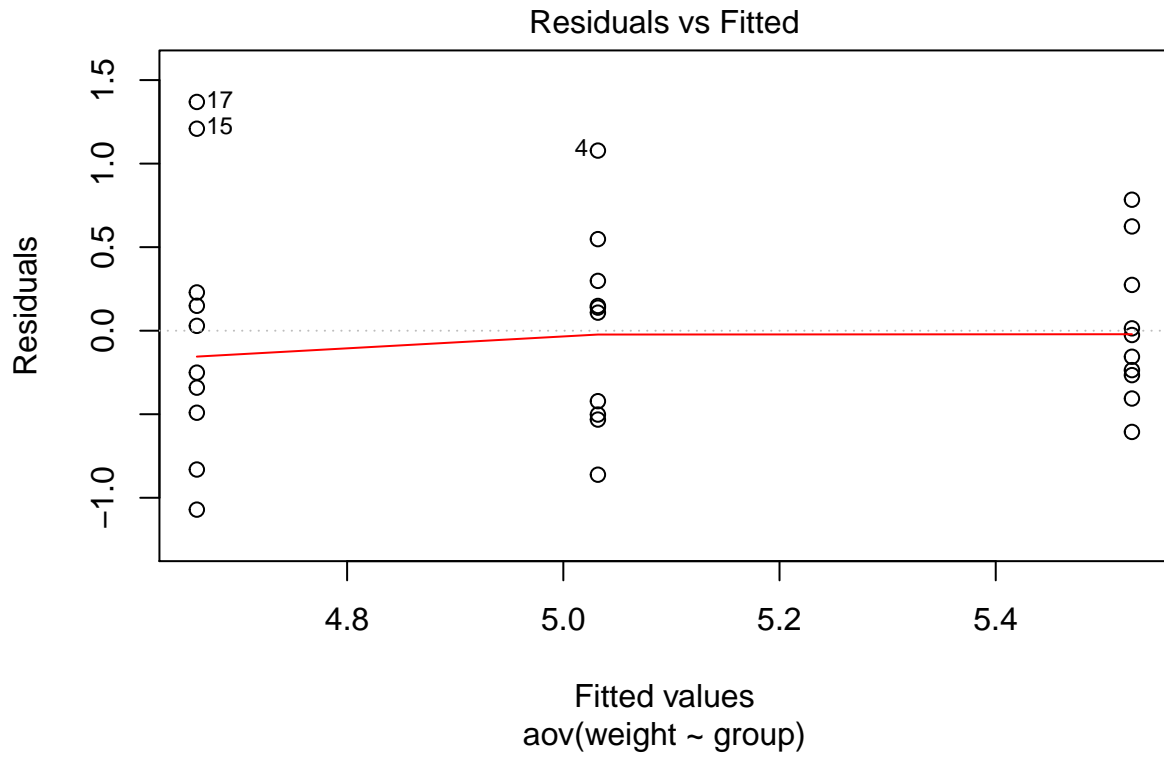
```
p<-1-pf(f, 2,27)  
p
```

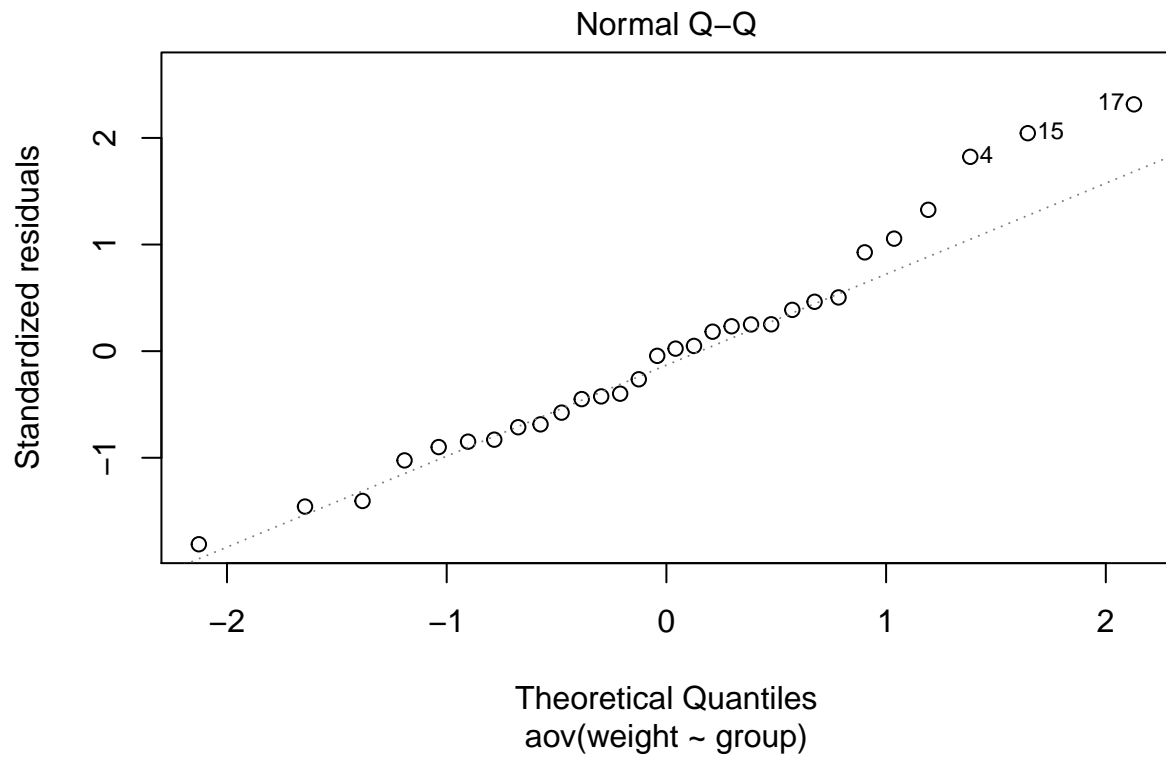
```
## [1] 0.01590996
```

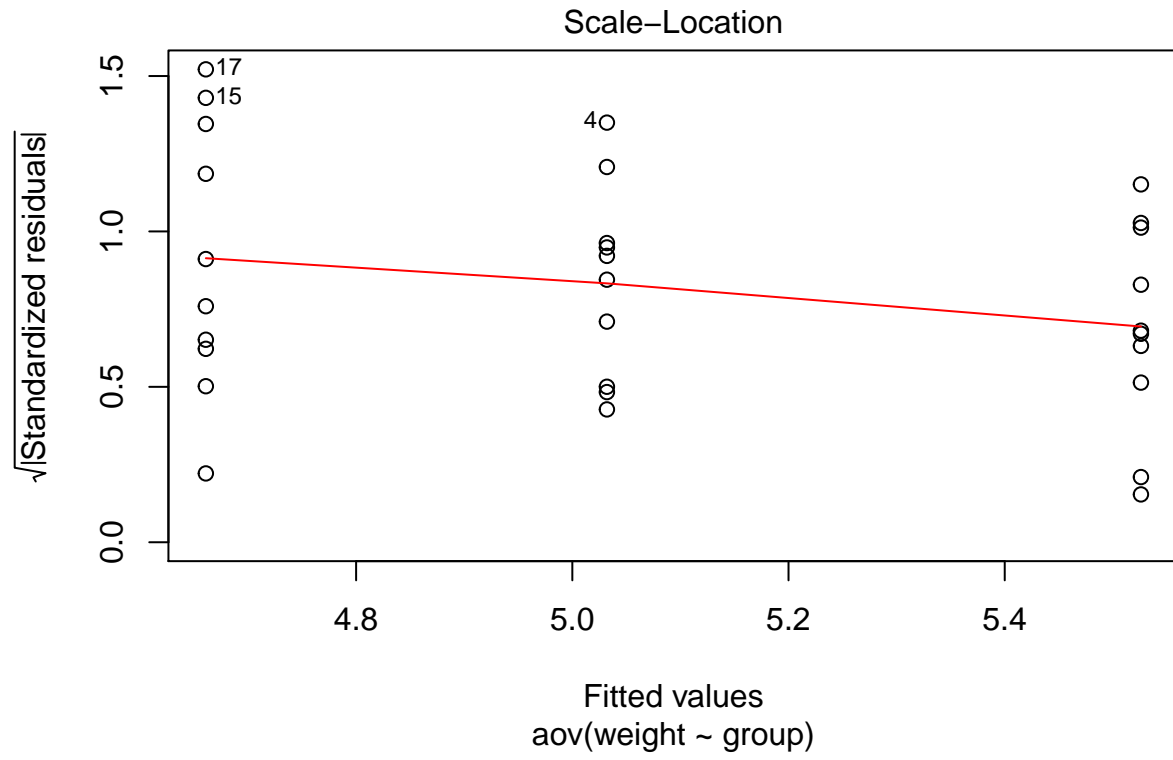
W naszym wypadku stwierdzamy, że skoro p jest mniejsze niż 0,05, to istnieją wystarczając różnice między średnimi w grupach.

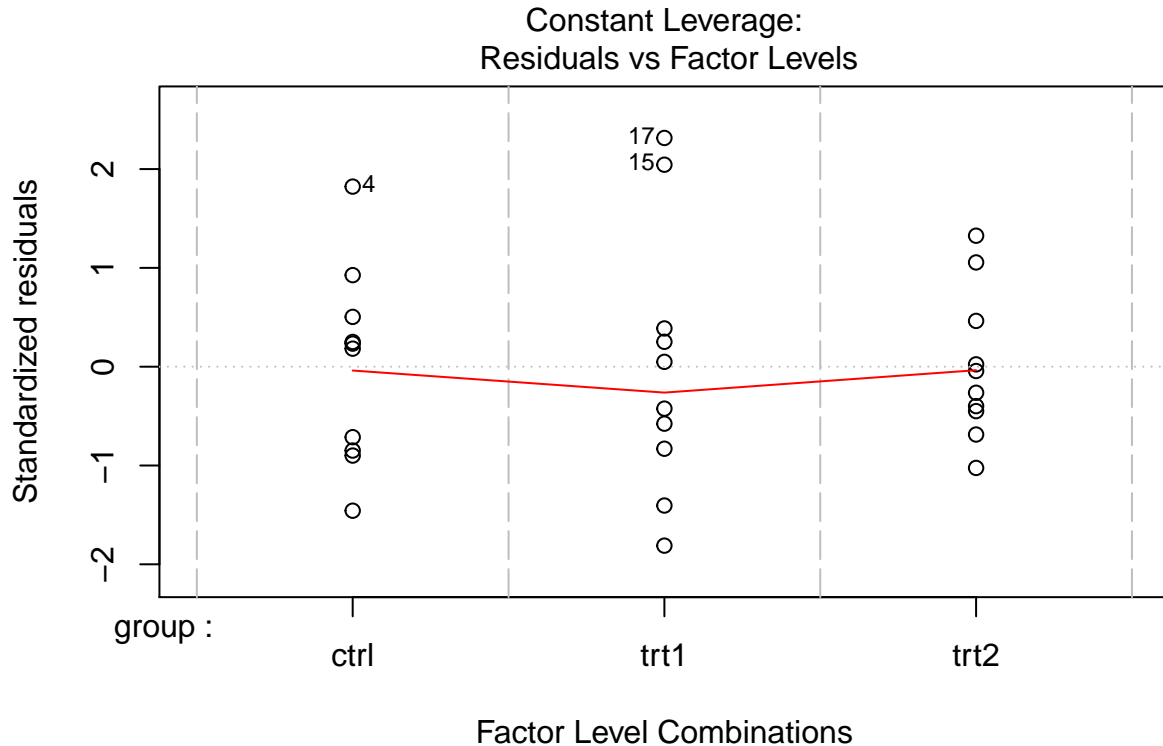
Na koniec wykresy:

```
plot(model)
```









Porównanie parami

W naszym przypadku dotychczas dowiedzieliśmy się, że są różnice pomiędzy średnimi, ale nie mam informacji w której grupie występuje różnica.

Wykorzystamy: **Tukey Honest Significant Differences**.

```
TukeyHSD(model)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = weight ~ group, data = dane)
##
## $group
##          diff          lwr          upr          p adj
## trt1-ctrl -0.371 -1.0622161  0.3202161  0.3908711
## trt2-ctrl  0.494 -0.1972161  1.1852161  0.1979960
## trt2-trt1  0.865  0.1737839  1.5562161  0.0120064
```

Pierwsza kolumna to różnice pomiędzy odpowiednimi średnimi. Muszą być większe od *HSD*.

```
q<-qtukey(0.95,3,27)
hsd <- q * sqrt(mse / 10)
hsd
```

```
## [1] 0.6912161
```

Aby różnice było można uznać za wiarygodne, musi zachodzić $|Y_1 - Y_2| \geq HSD$. Wyjaśnienie *q* - link.

Przedziały ufności są wyznaczone metodą Tukeya-Kramera.

$$\bar{x}_i - \bar{x}_j \pm q \sqrt{\left(\frac{MSE}{2}\right) \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}\right)}$$

gdzie q - odpowiedni kwantyl, n_i - liczebność odpowiedniej grupy.

```
mean(trt1$weight)-mean(ctrl$weight) + q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] 0.3202161
```

```
mean(trt1$weight)-mean(ctrl$weight) - q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] -1.062216
```

```
mean(trt2$weight)-mean(ctrl$weight) + q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] 1.185216
```

```
mean(trt2$weight)-mean(ctrl$weight) - q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] -0.1972161
```

```
mean(trt2$weight)-mean(trt1$weight) + q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] 1.556216
```

```
mean(trt2$weight)-mean(trt1$weight) - q * sqrt(mse / 2 * (2 / 10))
```

```
## [1] 0.1737839
```

By wyjaśnić skorygowane p , wykonamy obliczenia:

```
center.trt1.ctrl <- (mean(trt1$weight)-mean(ctrl$weight))/sqrt(mse/10)
ptukey(abs(center.trt1.ctrl), 3, 27, lower.tail=FALSE)
```

```
## [1] 0.3908711
```

```
center.trt2.ctrl <- (mean(trt2$weight)-mean(ctrl$weight))/sqrt(mse/10)
ptukey(abs(center.trt2.ctrl), 3, 27, lower.tail=FALSE)
```

```
## [1] 0.197996
```

```
center.trt2.trt1 <- (mean(trt2$weight)-mean(trt1$weight))/sqrt(mse/10)
ptukey(abs(center.trt2.trt1), 3, 27, lower.tail=FALSE)
```

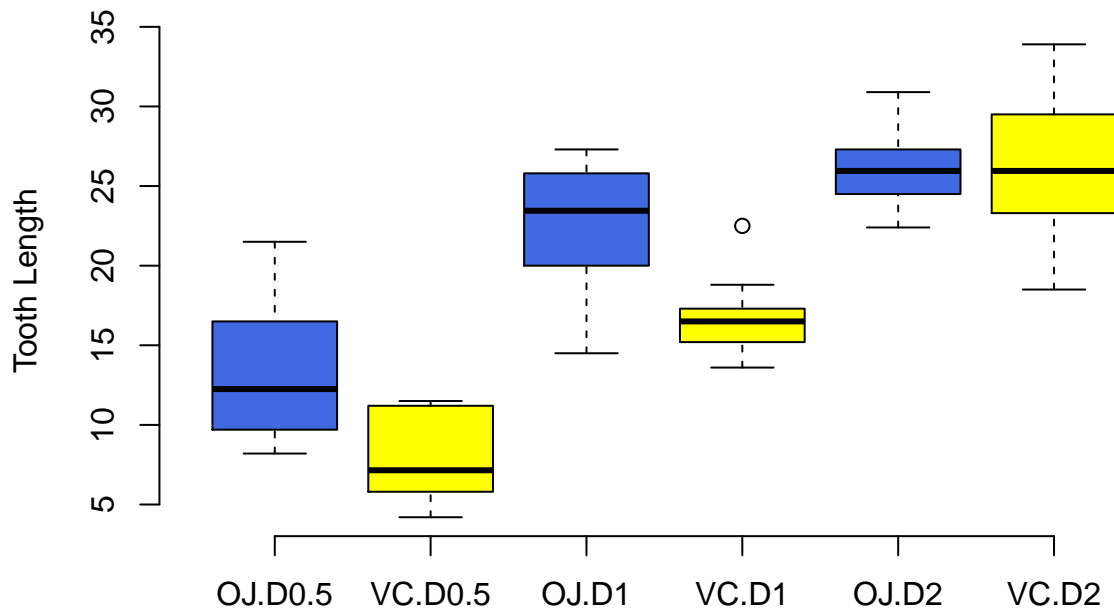
```
## [1] 0.01200642
```

Wersja dwuczynnikowa

Ramka ToothGrowth opisuje długość odontoblaststów (komórek produkujących zębiny) u świnek morskich. Zwierzęta otrzymywały witaminę C w dwóch postaciach (OJ - sok pomarańczowy, VC - kwas askorbinowy, zmienna *supp*). Zmienna *dose* zawiera informację o dawce.

Kod do samodzielnego przeanalizowania:

```
dane2 <- ToothGrowth
dane2$dose <- factor(dane2$dose,
                    levels = c(0.5, 1, 2),
                    labels = c("D0.5", "D1", "D2"))
boxplot(len ~ supp * dose, data=dane2, frame = FALSE,
        col = c("royalblue", "yellow"), ylab="Tooth Length")
```



```
model2<- aov(len ~ supp + dose, data = dane2)
summary(model2)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## supp      1  205.4   205.4   14.02 0.000429 ***
## dose      2 2426.4  1213.2   82.81 < 2e-16 ***
## Residuals 56   820.4    14.7
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
model3 <- aov(len ~ supp * dose, data = dane2)
summary(model3)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## supp      1  205.4   205.4   15.572 0.000231 ***
## dose      2 2426.4  1213.2   92.000 < 2e-16 ***
## supp:dose  2   108.3    54.2    4.107 0.021860 *
## Residuals 54   712.1    13.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
model4 <- aov(len ~ supp + dose + supp:dose, data = dane2)
summary(model4)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## supp      1  205.4   205.4   15.572 0.000231 ***
## dose      2 2426.4  1213.2   92.000 < 2e-16 ***
## supp:dose  2   108.3    54.2    4.107 0.021860 *
```

```
## Residuals  54  712.1   13.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
TukeyHSD(model3, "dose")
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = len ~ supp * dose, data = dane2)
##
## $dose
##      diff      lwr      upr  p adj
## D1-D0.5  9.130  6.362488 11.897512 0.0e+00
## D2-D0.5 15.495 12.727488 18.262512 0.0e+00
## D2-D1     6.365  3.597488  9.132512 2.7e-06
```

```
TukeyHSD(model3)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = len ~ supp * dose, data = dane2)
##
## $supp
##      diff      lwr      upr  p adj
## VC-OJ  -3.7 -5.579828 -1.820172 0.0002312
##
## $dose
##      diff      lwr      upr  p adj
## D1-D0.5  9.130  6.362488 11.897512 0.0e+00
## D2-D0.5 15.495 12.727488 18.262512 0.0e+00
## D2-D1     6.365  3.597488  9.132512 2.7e-06
##
## $`supp:dose`
##      diff      lwr      upr  p adj
## VC:D0.5-OJ:D0.5 -5.25 -10.048124 -0.4518762 0.0242521
## OJ:D1-OJ:D0.5   9.47   4.671876 14.2681238 0.0000046
## VC:D1-OJ:D0.5   3.54  -1.258124  8.3381238 0.2640208
## OJ:D2-OJ:D0.5  12.83   8.031876 17.6281238 0.0000000
## VC:D2-OJ:D0.5  12.91   8.111876 17.7081238 0.0000000
## OJ:D1-VC:D0.5  14.72   9.921876 19.5181238 0.0000000
## VC:D1-VC:D0.5   8.79   3.991876 13.5881238 0.0000210
## OJ:D2-VC:D0.5  18.08  13.281876 22.8781238 0.0000000
## VC:D2-VC:D0.5  18.16  13.361876 22.9581238 0.0000000
## VC:D1-OJ:D1   -5.93 -10.728124 -1.1318762 0.0073930
## OJ:D2-OJ:D1    3.36  -1.438124  8.1581238 0.3187361
## VC:D2-OJ:D1    3.44  -1.358124  8.2381238 0.2936430
## OJ:D2-VC:D1    9.29   4.491876 14.0881238 0.0000069
## VC:D2-VC:D1    9.37   4.571876 14.1681238 0.0000058
## VC:D2-OJ:D2    0.08  -4.718124  4.8781238 1.0000000
```

Ćwiczenie

1. Załaduj w R poniższą ramkę danych:

```
delivery.df = data.frame(  
  Service = c(rep("Carrier 1", 15), rep("Carrier 2", 15),  
             rep("Carrier 3", 15)),  
  Destination = c(rep(c("Office 1", "Office 2", "Office 3",  
                        "Office 4", "Office 5"), 9)),  
  Time = c(15.23, 14.32, 14.77, 15.12, 14.05,  
          15.48, 14.13, 14.46, 15.62, 14.23, 15.19, 14.67, 14.48, 15.34, 14.22,  
          16.66, 16.27, 16.35, 16.93, 15.05, 16.98, 16.43, 15.95, 16.73, 15.62,  
          16.53, 16.26, 15.69, 16.97, 15.37, 17.12, 16.65, 15.73, 17.77, 15.52,  
          16.15, 16.86, 15.18, 17.96, 15.26, 16.36, 16.44, 14.82, 17.62, 15.04)  
)
```

Przeprowadź analizę $\text{Time} \sim \text{Destination} * \text{Service}$.

2. Przeprowadź analizę dla zmiennych z ramki `marketing`. *Czy jest sens?*