02402: Introduktion til Statistik

Forelæsning 11: En-vejs variansanalyse, ANOVA

DTU Compute
Danmarks Tekniske Universitet
2800 Kgs. Lyngby

Overview

Analysis of Variance

"ANalysis Of VAriance"(ANOVA) introduceredes af R.A. Fisher for ca. 100 år siden som en systematisk måde at analysere grupper på og har siden da været helt centralt i statistik og anvendelser deraf.

- I dag: Et inddelingskriterium (one-way ANOVA)
- Næste uge: To inddelingskriterier (two-way ANOVA)
- Inddelingskriterium = faktor
- Første faktor kaldes typisk *treatment*, anden faktor *block*.

Overview

Envejs variansanalyse – eksempel

Group A	Group B	Group C
2.8	5.5	5.8
3.6	6.3	8.3
3.4	6.1	6.9
2.3	5.7	6.1

Er der forskel (i middelværdien) på grupperne A, B and C?

Variansanalyse (ANOVA) kan anvendes til analysen, såfremt observationerne i hver gruppe kan antages at være normalforde.

Envejs variansanalyse – eksempel i R

```r
# Input data
y <- c(2.8, 3.6, 3.4, 2.3,
       5.5, 6.3, 6.1, 5.7,
       5.8, 8.3, 6.9, 6.1)

## Define treatment groups
treatm <- factor(c(1, 1, 1, 1,
                   2, 2, 2, 2,
                   3, 3, 3, 3))

## Plot data by treatment groups
par(mfrow = c(1,2))
plot(y ~ as.numeric(treatm), xlab = "Treatment", ylab = "y")
boxplot(y ~ treatm, xlab = "Treatment", ylab = "y")
```


Eksempel: Komøg og antibiotika

Nedbrydning af komøg: hvor meget organisk materiale er tilbage?

Control	α-cypermethrin	Ivermectin	Spiramycin
2.43	3.00	3.03	2.80
2.63	3.02	2.81	2.85
2.56	2.87	3.06	2.84
2.76	2.96	3.11	2.93
2.70	2.77	2.94	
2.54	2.75	3.06	

Komøg og antibiotika – eksempel i R

```r
dung <- c(2.43, 2.63, 2.56, 2.76, 2.70, 2.54, 3.00, 3.02, 2.87, 2.96,
          2.77, 2.75, 3.03, 2.81, 3.06, 3.11, 2.94, 3.06, 2.80, 2.85,
          2.84, 2.93)
treat <- factor(c(rep("control", 6), rep("a-cyperm", 6),
                  rep("iverm", 6), rep("spiram", 4)))


plot(dung ~ as.numeric(treat), xlab = "Treatment", ylab = "y")
boxplot(dung ~ treat, xlab = "Treatment", ylab = "y")

model <- lm(dung ~ treat)
anova(model)
```

Overview

Envejs variansanalyse, model

- Modellen kan opskrives som

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij},$$

  hvor det antages ε_{ij} er i.i.d. med

$$\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2).$$

- μ er samlet middelværdi
- α_i angiver effekt af gruppe (behandling) i.
- Y_{ij}: den j'te måling i gruppe i (j går fra 1 til n_i).

Envejs variansanalyse, hypotese

- Vi vil nu sammenligne (flere end to) middelværdier $\mu + \alpha_i$ i modellen

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, \quad \varepsilon_{ij} \overset{\text{i.i.d.}}{\sim} N(0, \sigma^2).$$

- Hypotesen er så givet ved:

$$H_0: \quad \alpha_i = 0 \quad \text{for alle } i$$

  med alternativ hypotese

$$H_1: \quad \alpha_i \neq 0 \quad \text{for mindst et } i$$

Overview

Envejs variansanalyse, dekomposition og ANOVA-tabellen

- Med modellen

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, \quad \varepsilon_{ij} \overset{\text{i.i.d.}}{\sim} N(0, \sigma^2)$$

  kan den totale variation i data opspaltes:

$$SST = SS(Tr) + SSE.$$

- 'Envejs' hentyder til, at der kun er én faktor i forsøget, på i alt k niveauer.
- Metoden kaldes variansanalyse, fordi testningen foregår ved at sammenligne varianser.

Formler for kvadratafvigelsessummer

- Kvadratafvigelsessum ("den totale varians")

$$SST = \sum_{i=1}^{k} \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y})^2$$

- Kvadratafvigelsessummen for residualerne ("varians tilbage efter model")

$$SSE = \sum_{i=1}^{k} \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_i)^2$$

- Kvadratafvigelsessum af behandling ("varians forklaret af model")

$$SS(Tr) = \sum_{i=1}^{k} n_i (\bar{y}_i - \bar{y})^2$$

Envejs variansanalyse, estimater

- $\hat{\mu} = \bar{y}$
- $\hat{\alpha}_i = \bar{y}_i - \bar{y}$
- $\hat{\sigma}^2 = \frac{SSE}{n-k}$

```
# \bar{y}
mean(y)

## [1] 5.233

# \bar{y}_i: use 'tapply'
tapply(y, treatm, mean)

##     1     2     3
## 3.025 5.900 6.775

# SSE: use anova(..)
```


Variansanalysetabel

Source of variation	Deg. of freedom	Sums of squares	Mean sum of squares
Treatment	$k-1$	$SS(Tr)$	$MS(Tr) = \frac{SS(Tr)}{k-1}$
Residual	$n-k$	SSE	$MSE = \frac{SSE}{n-k}$
Total	$n-1$	SST	

```
# One-way ANOVA using anova() and lm()
anova(lm(y ~ treatm))

## Analysis of Variance Table
##
## Response: y
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## treatm     2   30.8   15.40    26.7 0.00017 ***
## Residuals  9    5.2    0.58
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Overview

Envejs variansanalyse, F-test

- Vi har altså: (Theorem 8.2)

$$SST = SS(Tr) + SSE$$

- og kan finde teststørrelsen:

$$F = \frac{SS(Tr)/(k-1)}{SSE/(n-k)} = \frac{MS(Tr)}{MSE}$$

hvor

- k er antal nivauer af faktoren,
- n er antal observationer.

- Vælg et signifikansniveau α, og beregn teststørrelsen F.
- Sammenlign teststørrelsen med den relevante fraktil i F-fordelingen:

$$F \sim F_\alpha(k-1, n-k) \text{ (Theorem 8.6)}$$

F-fordelingen og F-testet

```r
# Remember, this is "under H0" (i.e. we compute as if H0 is true)

# Number of groups
k <- 3

# Total number of observations
n <- 12

# Sequence for plot
xseq <- seq(0, 10, by = 0.1)

# Plot density of the F-distribution
plot(xseq, df(xseq, df1 = k-1, df2 = n-k), type = "l", xlab = "x", ylab = "f(x)")

# Plot critical value for significance level 5%
cr <- qf(0.95, df1 = k-1, df2 = n-k)
abline(v = cr, col = "red")
```


Eksempel på F-fordeling og kritisk værdi

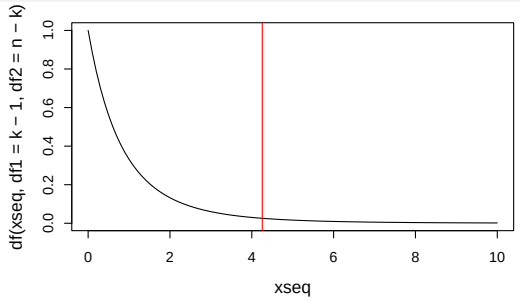
```r
# Number of groups
k <- 3

# Total number of observations
n <- 12

# Sequence for plot
xseq <- seq(0, 10, by = 0.1)

# Plot density of the F-distribution
plot(xseq, df(xseq, df1 = k-1, df2 = n-k), type = "l", xlab = "x", ylab = "f(x)")

# Plot critical value for significance level 5%
cr <- qf(0.95, df1 = k-1, df2 = n-k)
abline(v = cr, col = "red")
```



Variansanalysetabel

Source of variation	Deg. of freedom	Sums of squares	Mean sum of squares	Test-statistic F	p-value
treatment	$k-1$	$SS(Tr)$	$MS(Tr) = \frac{SS(Tr)}{k-1}$	$F_{\text{obs}} = \frac{MS(Tr)}{MSE}$	$P(F > F_{\text{obs}})$
Residual	$n-k$	SSE	$MSE = \frac{SSE}{n-k}$		
Total	$n-1$	SST			

```
anova(lm(y ~ treatm))

## Analysis of Variance Table
##
## Response: y
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## treatm     2   30.8   15.40    26.7 0.00017 ***
## Residuals  9    5.2    0.58
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```


Envejs ANOVA F-test "i hånden"

```
k <- 3; n <- 12  # Number of groups k, total number of observations n

# Total variation, SST
(SST <- sum( (y - mean(y))^2 ))

# Residual variance after model fit, SSE
y1 <- y[1:4]; y2 <- y[5:8]; y3 <- y[9:12]

(SSE <- sum( (y1 - mean(y1))^2 ) +
        sum( (y2 - mean(y2))^2 ) +
        sum( (y3 - mean(y3))^2 ))

# Variance explained by the model, SS(Tr)
(SSTr <- SST - SSE)

# Test statistic
(Fobs <- (SSTr/(k-1)) / (SSE/(n-k)))

# P-value
(1 - pf(Fobs, df1 = k-1, df2 = n-k))
```


Overview

Indenfor-gruppe variabilitet og sammenhæng med two-sample t-testet (Theorem 8.4)

Residualkvadratafvigelsessummen, SSE, divideret med med $n-k$, også kaldet middelkvadratafvigelsen $MSE = SSE/(n-k)$, er den gennemsnitlige variation inden for grupper:

$$MSE = \frac{SSE}{n-k} = \frac{(n_1-1)s_1^2 + \cdots + (n_k-1)s_k^2}{n-k} \tag{1}$$

$$s_i^2 = \frac{1}{n_i - 1}\sum_{i=1}^{n_i}(y_{ij} - \bar{y}_i)^2$$

KUN når $k = 2$: (jf. Method 3.52)

$$MSE = s_p^2 = \frac{(n_1-1)s_1^2 + (n_2-1)s_2^2}{n-2}$$

$$F_{\text{obs}} = t_{\text{obs}}^2$$

hvor t_{obs} er den sammenvejede t-teststørrelse fra Metode 3.52 og 3.53.

Overview

Post hoc konfidensinterval – Metode 8.9

- En enkelt *forudplanlagt* sammenligning af forskelle på behandling i og j findes ved:

$$\bar{y}_i - \bar{y}_j \pm t_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{SSE}{n-k}\left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}\right)} \tag{2}$$

  hvor $t_{1-\alpha/2}$ er fra t-fordelingen med $n-k$ frihedsgrader.

- Bemærk de færre frihedsgrader, da der estimeres flere parametre i beregningen af $MSE = SSE/(n-k) = s_p^2$ (i.e. det sammenvejede variansestimat)

- Hvis alle $M = k(k-1)/2$ kombinationer af parvise konfidensintervaller udregnes, så brug formlen M gange, men hver gang med $\alpha_{\text{Bonferroni}} = \alpha/M$.

Post hoc parvis hypotesetest – Metode 8.10

- For en enkelt forudplanlagt hypotesetest på nivo α:

$$H_0 : \mu_i = \mu_j, \; H_1 : \mu_i \neq \mu_j$$

  udføres ved

$$t_{\text{obs}} = \frac{\bar{y}_i - \bar{y}_j}{\sqrt{MSE\left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}\right)}} \tag{3}$$

  og

$$p - \text{value} = 2P(t > |t_{\text{obs}}|)$$

  hvor t-fordelingen med $n-k$ frihedsgrader anvendes.

- Hvis alle $M = k(k-1)/2$ kombinationer af parvise konfidensintervaller udregnes, så bruges det korrigerede signifikansniveau $\alpha_{\text{Bonferroni}} = \alpha/M$.

Overview

Varianshomogenitet

Se på box-plottet om spredningen ser (meget) forskellig ud for hver gruppe

```
# Check assumption of homogeneous variance using, e.g.,
# a box plot.
plot(treatm, y)
```

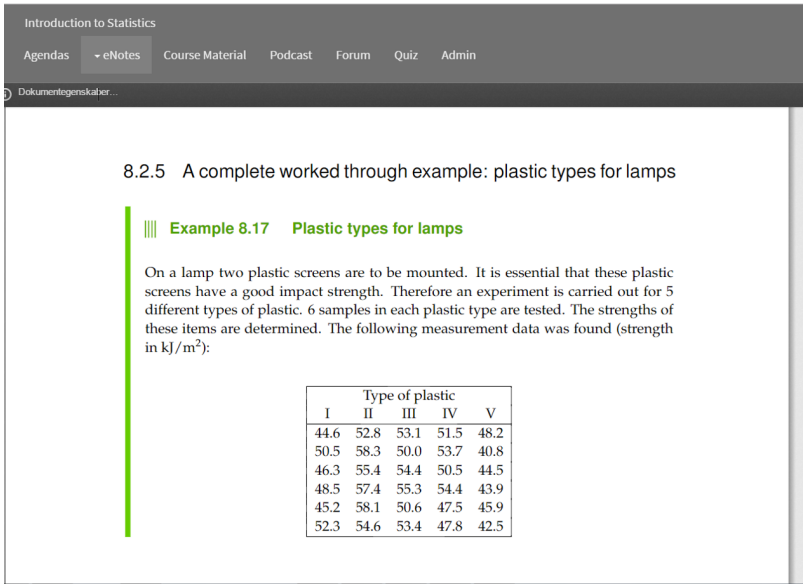

Normalfordelingsantagelse

Se normalfordelings-QQ-plottet af residualerne:

```
# Check normality of residuals using a normal QQ-plot
fit1 <- lm(y ~ treatm)
qqnorm(fit1$residuals)
qqline(fit1$residuals)
```


Overview

Et gennemregnet eksempel – fra bogen



Overview

1. Introduktion
2. Model og hypotese
3. Beregning – variansdekomposition og ANOVA-tabellen
4. Hypotetest (F-test)
5. Indenfor-gruppe variabilitet og sammenhæng med two-sample t-testet
6. Post hoc sammenligninger
7. Modelkontrol
8. Et gennemregnet eksempel – fra bogen