



Bachelor in de biologie, chemie
Biochemie en biotechnologie
Bio-ingenieurswetenschappen
Bachelor in de fysica, informatica, wiskunde
Ingenieurswetenschappen
Bachelor in de toegepaste economische wetenschappen
Handelsingenieur

Statistiek in R

Handleiding bij de oefeningen van de vakken

 ${\tt XOA14B-Statistiek}$

 $\mathtt{XOA17A}-\mathtt{Statistiek}\ \&\ \mathtt{data}\text{-analyse}$

DOW48A - Bedrijfsstatistiek (HIR)

Stijn Rebry

stijn.rebry@kuleuven-kulak.be

Inleiding

R is een computerpakket en programmeertaal, speciaal ontwikkeld voor het maken van numerieke berekeningen, het manipuleren van data en het grafisch voorstellen van gegevens. Dit alles maakt R erg geschikt voor statistische berekeningen. Bovendien is het programma open source en is de programmeertaal sterk objectgeoriënteerd, waardoor enorme bibliotheken vol gespecialiseerde commando's vrij beschikbaar zijn. De instructies kunnen één voor één via een commandolijn worden ingevoerd, maar meestal zullen ze per onderzoeksvraag worden gebundeld in een script.

Het programma kan worden gedownload via de home-pagina van $\tt R$ op het volgende adres

www.r-project.org.

De kern van het programma is de console: het scherm dat de opdrachtlijn bevat, waar alle commando's moeten worden ingevoerd en waar de output verschijnt. In de meeste besturingssystemen heeft R ook een eenvoudige grafische gebruikersinterface, maar de mogelijkheden daarvan zijn zeer beperkt. Het gebruiksgemak kan aanzienlijk worden verhoogd door het werken met een extra programma zoals RStudio. De specifieke functionaliteit van dit afzonderlijke programma 3 zal steeds in de marge worden toegelicht.

Deze handleiding geeft eerst een korte neerslag van "An Introduction to R" [4], met een overzicht van de algemene werking, syntax en programmeerstructuren (hoofdstuk 1) en omstandige uitleg voor het correct importeren en manipuleren van gegevensmatrices (hoofdstuk 2). Daarna volgt de tekst de globale structuur van het boek "Statistiek en Wetenschap" [1] met achtereenvolgens beschrijvende statistiek (hoofdstuk 3), hypothesetesten (hoofdstuk 4) en regressie (hoofdstuk 5). Waar in dit laatste hoofstuk achtergrondinformatie ontbreekt is "Practical Regression and Anova using R" [2] een zeer verhelderende bron. Algemeen zal intensief gebruik van de ingebouwde help-functie [3] onontbeerlijk zijn.

De hoofdtekst zal enkel de functionaliteit van het programma R behandelen, in de marge worden specifieke mogelijkheden van RStudio toegelicht. Dit is geen stand-alone programma maar integreert de R-console in een overzichtelijke grafische omgeving. Het werken in deze zogenaamde front-end verandert niets aan de werking van R maar maakt een aantal taken intuïtiever.

Inhoudsopgave

1	Aar	de slag 7				
	1.1	Basisbewerkingen				
	1.2	Vectoren en matrices				
	1.3	Kansen en kwantielen berekenen				
	1.4	Programmeerstructuren				
	1.5	De programma-omgeving				
2	Statistische datasets 19					
	2.1	De gegevensmatrix				
	2.2	Soorten variabelen				
	2.3	Gegevens ingeven				
	2.4	Gegevens inlezen				
	2.5	Gegevens selecteren en sorteren				
	2.6	Veranderlijken aanpassen				
	2.7	Kwalitatieve veranderlijken				
	2.8	Gegevens klaar voor gebruik				
	2.9	Classificatie van variabelen				
3	Beschrijvende statistiek 27					
	3.1	Frequenties van discrete veranderlijken				
	3.2	Frequenties van continue veranderlijken				
	3.3	Steekproefstatistieken				
	3.4	Boxplots				
	3.5	Het verband tussen veranderlijken				
	3.6	De klasse-afhankelijke methoden				
	3.7	Meer over grafieken				
4	Нуг	pothesetesten 39				
	4.1	Test voor normaliteit				
	4.2	Eén gemiddelde of gepaarde groepen				
	4.3	Twee gemiddelden, ongepaarde groepen				
	4.4	Test voor afhankelijkheid				
	4.5	Test voor proporties				
5	Regressie-analyse 60					
-	5.1	Model opstellen				
	5.2	Modelveronderstellingen				
	5.3	Openoren van uitschieters 64				

	5.4	Voorspellingen en voorspellingsintervallen
	5.5	Meervoudige regressie
	5.6	Transformaties van veranderlijken
	5.7	Indicatorvariabelen
	5.8	Kwaliteit van een regressiemodel
6	Var	iantie-analyse 77
	6.1	One-way ANOVA
	6.2	Paarsgewijze vergelijking tussen groepen 81
	6.3	Geneste modellen
	6.4	Partiële <i>F</i> -test
	6.5	ANCOVA
	6.6	Two-way ANOVA
	6.7	Goodness-of-fit
	6.8	ANOVA versus regressie

Lijst van figuren

1.1	Voorbeelden van verdelingen	13
3.1	Staaf- of Pareto diagram van een kwalitatieve veranderlijke	28
3.2	Histogrammen met verschillende klassebreedten	29
3.3	Dichtheidshistogram	29
3.4	Empirische cumulatieve distributiefunctie	31
3.5	Boxplots en vergelijkende boxplots	32
3.6	Puntenplot van twee continue veranderlijken	34
3.7	Een tikz-figuur	37
4.1	Dichtheidshistogrammen en kwantielplots	40
4.2	Vergelijkende boxplots van het mediane inkomen per regio	49
5.1	Voorspellingen en residuen bij een eenvoudig regressiemodel	61
5.2	Regressiemodel en modelveronderstellingen	65
5.3	Opsporen van outliers	67
5.4	Regressierechte met betrouwbaarheids- en predictieband	68
5.5	Residuplots bij meervoudige regressie	71
6.1	Voorspellingen en residuen bij een one-way ANOVA model	78
6.2	Voorstelling en veronderstellingen bij one-way ANOVA	80
6.3	Voorstelling van het ANCOVA-model	87
6.4	ANOVA modellen bij twee discrete regressoren	89
6.5	Voorstelling en veronderstellingen bij two-way ANOVA	90
6.6	Vergelijking van regressie- en one-way ANOVA-model	92

Lijst van tabellen

1.1	Aan de slag in R	18
2.1 2.2	Gegevens geordend als gegevens matrix en als kruistabel Statistische datasets in R	
3.1	Beschrijvende statistieken en grafieken in R \dots	38
4.1	Stappenplan voor het uitvoeren van hypothesetesten	56
4.2	Statistieken bij de belangrijkste hypothesetesten	57
4.3	Overzicht van de belangrijkste hypothesetesten	58
4.4	Hypothesetesten in R	59
5.1	Belangrijkste statistieken in verband met linaire regressie	74
5.2	Stappenplan voor achterwaartse regressie	75
5.3	Regressie in R	76
6.1	Stappenplan bij two-way ANOVA	94
6.2	Variantie-analyse in R	95

Hoofdstuk 1

Aan de slag

1.1 Basisbewerkingen

Voor de basisbewerkingen gebruikt R dezelfde syntax en voorrangsregels als de meeste rekenmachines. Een overzicht van de belangrijkste functies en constanten is te vinden in Tabel 1.1. Voorbeeldcommando's kunnen gewoon worden ingetypt in de console , verderop in de tekst wordt uitgelegd hoe de commando's automatisch kunnen worden ingelezen middels het samen met deze handleiding verspreide script.

```
1 > 1 + 1

[1] 2

3 > 2^3/4 - 2

[1] 0

5 > cos(pi)

[1] -1

7 > exp(1)

[1] 2.718282

9 log(10)

[1] 2.302585

> log10(10)

[1] 1

> log(10, base=10)

[1] 1
```

Binnen RGui en RStudio is het belangrijkste onderdeel de Console. Alle invoer en uitvoer komt hier terecht. Basiscommando's in deze sectie kunnen gewoon in dat venster na de prompt > worden ingetypt. De rest van de grafische interface speelt hier nog geen rol.

Enkele tips die het werken met de commandolijn aangenamer kunnen maken:

- Met de pijltjestoetsen, ↑ en ↓, kunnen eerder ingevoerde commando's terug worden opgeroepen. De invoer history() geeft een overzicht van alle gebruikte commando's.
- Met de Tab-toets wordt een gedeeltelijk ingevoerd commando automatisch aangevuld, of worden alle mogelijke commando's met deze beginletters getoond.
- R is hoofdlettergevoelig, abc, Abc en ABC zijn drie verschillende namen.
- R negeert spaties en regeleindes, dus deze kunnen naar wens worden tussengevoegd om de invoer leesbaarder te maken.

• Al wat achter een #-symbool komt, wordt beschouwd als commentaar.

Uitkomsten van berekeningen kunnen worden toegekend aan variabelen met een gelijkheidsteken (=) of pijltjes opgebouwd uit een minteken en een kleiner (<-) of groter dan teken (->). Toekenningen worden opgeheven met rm() en een overzicht van alle actieve veranderlijken wordt verkregen met ls().

```
> a = 1
> a <- 1
> 1 -> a
> 1 -> a

18 > b = 2
> a + b

20 [1] 3
> rm(a)

22 > a + b
Error: object "a" not found
24 > ls()
[1] "b"
```

1.2 Vectoren en matrices

Getallen kunnen worden opgeslaan in een geordende lijst, een vector, die kan worden gemaakt met het commando c(). Logische rijen kunnen worden gegenereerd met 1:n, seq() of rep(). De objecten in deze en voorgaande voorbeelden behoren tot de klasse numeric, wat kan opgevraagd worden met het commando class(). In wat volgt komen nog andere klassen aan bod en zal het belang van deze indeling in klassen blijken.

```
|26| > c(1, 2, 3)
  [1] 1 2 3
 > class(c(1, 2, 3))
  [1] "numeric"
| > length(c(1, 2, 3)) 
  [1] 3
32 > 1:10
  [1]
          2 3 4 5 6 7 8 9 10
      1
 > seq(0, 1, by=.1)
  [1] 0.0 0.1 0.2 0.3 0.4 0.5 0.6 0.7 0.8 0.9 1.0
_{36} > rep(c(1, 2, 3), times=5)
  [1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3
  > rep(c(1, 2, 3), each=5)
  [1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3
```

Op vectoren werken + en * als de gewone optelling van vectoren en de componentgewijze vermenigvuldiging. Wanneer de dimensies van twee vectoren in deze bewerkingen niet overeenstemmen, wordt de kortste vector herhaald tot de vereiste lengte.

```
40 > x = c(1, 2, 3)

> y = c(3, 4, 5)

42 > 2 * x

[1] 2 4 6

44 > x + y

[1] 4 6 8
```

```
46 > x * y
[1] 3 8 15

48 > c(1,1,1,1,1) + c(2,3)
[1] 3 4 3 4 3

Warning message:
In c(1, 1, 1, 1, 1) + c(2, 3):
longer object is not a multiple of shorter object
```

De meeste functies (zie Tabel 1.1) in R werken componentgewijs op matrices en vectoren. Bewerkingen als de scalaire vermenigvuldiging en norm zijn niet standaard geïmplementeerd maar kunnen gemakkelijk worden berekend mits samenstelling van commando's. Met t() wordt een vector of matrix getransponeerd. Het valt op dat R vectoren beschouwt als kolomvectoren maar niet altijd zo weergeeft.

```
> sin(1:10)
54 [1] 0.8414710 0.9092974 0.1411200 -0.7568025 -0.9589243
 |s_6| > sum(x*y)
 [1] 26
| >  sqrt(sum(x*x)) 
 [1] 3.741657
|_{60}| > t(x)
     [,1] [,2] [,3]
62 [1,] 1
            2
 > t(t(x))
    [,1]
 [1,]
66 [2,]
        2
 [3,]
```

Hier blijkt dat de aanduiding [1] eigenlijk betekent dat het eerstvolgende getal de eerste component van de uitvoer is, [6] op de tweede lijn betekent dat de uitvoer daar wordt verder gezet vanaf de zesde component. Deze notatie laat ook toe om één of meerdere elementen uit vectoren te selecteren. Om elementen te elimineren kunnen negatieve indices worden gebruikt.

Behalve functies kunnen ook (on)gelijkheden (==, !=, >, <, >=, <=) elementsgewijs worden getest op elke component van een vector. De logische connectieven en (&), of (|) en niet (!) kunnen gebruikt worden om logische tests samen te stellen. De resulterende vector van klasse logical kan worden gebruikt om precies die elementen te selecteren die voldoen aan de voorwaarde. De functie which() vertelt welke elementen aan de gestelde voorwaarde voldoen.

```
> v == 9
78 [1] FALSE FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

```
> v != 9
       TRUE
             TRUE FALSE
                         TRUE
                                TRUE
                                      TRUE
                                            TRUE
                                                  TRUE
                                                        TRUE
                                                               TRUE
     > 20
  [1] FALSE FALSE FALSE
                                TRUE
                                      TRUE
                                            TRUE
                                                  TRUE
                                                        TRUE
                                                               TRUE
   v > 20 & v < 80
  [1] FALSE FALSE FALSE
                                TRUE
                                      TRUE
                                            TRUE
                                                  TRUE FALSE FALSE
  > v[v > 20 \& v < 80]
  [1] 25 36 49 64
  > which(v>20 & v < 80)
88 [1] 5 6 7 8
```

Het commando array() zet een getal of een vector van lengte $m \cdot n$ om in een matrix (klasse matrix) met dimensies $m \times n$, cbind() en rbind() vormen matrices door vectoren als kolommen respectievelijk rijen aan elkaar te hangen, diag() maakt een diagonaalmatrix van een vector of geeft de diagonaal van een matrix.

```
> array(0, dim=c(2,2))
         [,1] [,2]
   [1,]
            0
                 0
   [2,]
            0
                 0
92
   > array(1:6, dim=c(2,3))
         [,1] [,2] [,3]
94
   [1,]
            1
   [2,]
            2
                        6
96
   > cbind(x,y)
   [2,] 2 4
100
   [3,] 3 5
  > rbind(x, y)
102
     [,1] [,2] [,3]
104
   > A = array(1:6, dim=c(2,3))
106
   > class(A)
   [1] "matrix"
   > dim(A)
  [1] 2 3
   > diag(A)
  [1] 1 4
112
   > diag(y)
              [,2] [,3]
         [,1]
   [1,]
            3
                 0
   [2,]
            0
                  4
                        0
116
```

het Workspace-venster,
zoals bijvoorbeeld
b | 2
v | numeric[10]
A | 2x3 double matrix
Bij een getal wordt de
waarde getoond, bij een
vector of matrix het datatype en de lengte of

dimensie. Bij aanklikken

wordt de corresponderende code getoond.

Zodra een veranderlijke

verschijnt de naam en be-

langrijkste specificatie in

wordt geïntroduceerd,

De manier om elementen uit een object te selecteren hangt af van het datatype o. Uit een matrix kunnen met A[i,j], A[,j] en A[i,j] respectievelijk rij i, kolom j en het element $A_{i,j}$ worden geselecteerd. Met dergelijke aanduidingen kunnen zeer flexibel delen van matrices en vectoren worden geselecteerd en aangepast. Logische uitdrukkingen vormen een andere manier om elementen uit een matrix te selecteren.

```
118 > A[2, 3]
```

```
[1] 6

> A[2,]
[1] 2 4 6

122
> A[2, c(1,3)]
[1] 2 6

> A[A>3] = 0

> A

126
      [,1] [,2] [,3]
[1,] 1 3 0

128 [2,] 2 0 0
```

Rekenen met matrices is analoog aan rekenen met vectoren. Speciale aandacht is wel vereist voor de matrixvermenigvuldiging. De asterisk staat opnieuw voor componentgewijze vermenigvuldiging, matrixvermenigvuldiging kan met het minder intuïtieve %*%. Andere belangrijke concepten uit de lineaire algebra zijn het berekenen van determinant, eigenstructuur en inverse van een matrix, in R met respectievelijk det(), eigen() en solve(). Dit laatste commando is ook geschikt voor het oplossen van lineaire stelsels.

```
> B = array(c(1,4,2,3,5,2,7,3,1), dim=c(3,3))
130 > B %*% x
        [,1]
132 [1,]
  [2,]
134 [3,]
  > A %*% B
      [,1] [,2] [,3]
        13
   [1,]
             18 16
          2
               6
138 [2,]
                  14
  > det(B)
140 [1] -9
  > eigen(B)
142 $values
   [1] 9.1806405 -2.5631142 0.3824737
  $vectors
                         [,2]
                                     [,3]
              [,1]
  [1,] -0.5570981 -0.8870363
                               0.6440541
   [2,] -0.7649654   0.3494436   -0.7220589
148 [3,] -0.3232176 0.3017544
                                0.2526366
  > B %*% eigen(B) $vectors[,1]
150 [1] -5.114518 -7.022872 -2.967345
  > eigen(B)$values[1] * eigen(B)$vectors[,1]
152 [1] -5.114518 -7.022872 -2.967345
  > solve(B)
              [,1]
                         [,2]
                                     [,3]
   [1,] 0.1111111 -1.222222
                               2.8888889
156 [2,] -0.2222222 1.4444444 -2.7777778
  [3,] 0.2222222 -0.4444444
                              0.7777778
| > solve(B,x) 
  [1] 6.333333 -5.666667 1.666667
```

1.3 Kansen en kwantielen berekenen

Is de verdeling van een stochastische veranderlijke X bekend, dan kunnen kansen en kwantielen worden berekend. Dit gebeurt middels de dichtheids-, verdelings-, en kwantielfunctie.

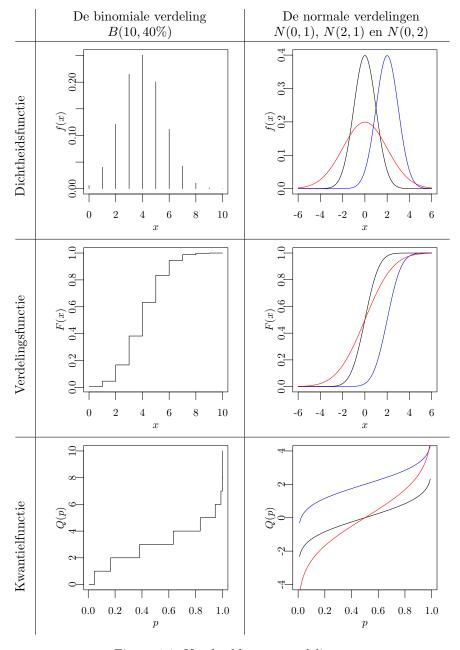
Deze drie karakteriserende functies zijn in R voor de meest voorkomende verdelingen geïmplementeerd. De dichtheidsfunctie begint steeds met de letter d, de verdelingsfunctie met een p en de naam van de kwantielfunctie wordt voorafgegaan door een q. Deze beginletter wordt telkens gevolgd door de naam van de verdeling, zoals te zien in Tabel 1.1. Ter illustratie staan hieronder grafieken van een paar zo'n functies. Details over het maken daarvan volgen in sectie 3.

```
|160| > f = dbinom(0:10, 10, .4)
  > F = pbinom(0:10, 10, .4)
  > rbind(f, F)
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10] [,11]
  f 0.01 0.04 0.12 0.21 0.25 0.20 0.11 0.04 0.01
                                                    0.00
  F 0.01 0.05 0.17 0.38 0.63 0.83 0.95 0.99 1.00
                                                    1.00
166 > qbinom(F, 10, .4)
   [1] 0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
168 > plot(0:10, f, type="h",xlab="x")
  > plot(0:10, F, type="s",xlab="x")
170 > plot(F, 0:10, type="s",xlab="p")
  > x = seq(-6, 6, length=100)
|172| > plot(c(-6,6), c(0,.4), type="n")
  > lines(x, dnorm(x, 0, 1))
|x_{174}| > lines(x, dnorm(x, 2, 1), col="blue")
  > lines(x, dnorm(x, 0, 2), col="red")
|176| > plot(c(-6,6), c(0,1), type="n")
  > lines(x, pnorm(x, 0, 1))
|x_{178}| > lines(x, pnorm(x, 2, 1), col="blue")
  > lines(x, pnorm(x, 0, 2), col="red")
|p=seq(0, 1, length=100)
  > plot(c(0,1), c(-4,4), type="n")
  > lines(p, qnorm(p, 0, 1))
  > lines(p, qnorm(p, 2, 1), col="blue")
184 > lines(p, qnorm(p, 0, 2), col="red")
                                                  # zie Figuur 1.1
```

1.4 Programmeerstructuren

Het is eenvoudig om in R zelf functies te schrijven met function(). Dit kunnen eenvoudige 'wiskundige' functies zijn, met één of meerdere argumenten, maar even goed meer complexe structuren. De uitkomst is een functie van de klasse function. Volgende functie f berekent de standaardnormale dichtheid, de functie g doet hetzelfde, maar heeft optionele argumenten μ en σ , die standaard zijn ingesteld op 0 respectievelijk 1.

```
> f = function(x) {exp(-x^2/2)/sqrt(2*pi)}
> f(1)
[1] 0.2419707
> f(0:3)
```



Figuur 1.1: Voorbeelden van verdelingen

```
[1] 0.398942280 0.241970725 0.053990967 0.004431848

> g = function(x, mu=0, sigma=1)
+ {exp(-(x-mu)^2/2/sigma^2)/sqrt(2*pi*sigma^2)}

> g(0:3)
[1] 0.398942280 0.241970725 0.053990967 0.004431848

> g(0:3, mu=1, sigma=2)
[1] 0.1760327 0.1994711 0.1760327 0.1209854
```

Omdat een functie zelf gebruik kan maken van andere functies en het onmogelijk is om daarbij het gebruik van alle mogelijke opties en argumenten te voorzien, kan in de functiedefinitie met "..." worden aangegeven dat eventuele extra argumenten gewoon moeten worden doorgegeven.

```
196 > smartplot = function(f, a=c(0,10), ...)
+ {x = seq(a[1], a[2], length=100)}
+ y = f(x)
+ plot(x, f(x), type='l', ...)}
200 > smartplot(sin, col='red')
```

Het is mogelijk om een binaire operator te definiëren. De naam van deze operator staat steeds tussen twee percent-tekens en in de definitie hoort het geheel tussen aanhalingstekens. Volgend voorbeeld definieert het kruisproduct $\vec{a} \times \vec{b} \in \mathbb{R}^3$ van twee vectoren.

```
> "%x%" = function(X,Y)
+ {c(X[2]*Y[3] - X[3]*Y[2],
+ X[3]*Y[1] - X[1]*Y[3],
+ X[1]*Y[2] - X[2]*Y[1])}
> c(1,0,0) %x% c(0,1,0)
206 [1] 0 0 1
```

Om repetitieve taken uit te voeren zijn for()- en while()-lussen erg geschikt. Volgende lussen zijn louter illustratieve voorbeelden, die eenvoudiger op een andere manier kunnen worden uitgevoerd: het berekenen van de cumulatieve som van een vector (ingebouwd als cumsum()) en het zoeken van de eerste index waarvoor de waarde groter is dan 20 (als matrixuitdrukking: (1:10) [a>20] [1]).

Echter, alleen al de zoekoperaties bij het overlopen van grote datastructuren kunnen zeer tijdsintensief zijn. Het is daarom aanbevolen om bij het overlopen van elementen in grote vectoren of matrices for()- en while()-lussen zo veel mogelijk te vermijden en in de mate van het mogelijke te vervangen door matrixoperaties. Vergelijk ter illustratie de rekentijd voor grote invoer $n=10^5,10^6,\ldots$ van volgende functies f en g, die essentieel hetzelfde doen. Voor functies die standaard niet componentsgewijs op een matrixargument werken, kan sapply() mogelijk het gebruik van een for()-lus omzeilen. Om een functie per rij of per rij of kolom toe te passen is er apply().

```
> f = function(n)
                      {x=1:n; for (i in x) {y[i]=sin(x[i])}}
216 > g = function(n)
                       {x=1:n; y=sin(x)}
  > sapply(1:5, sin)
218 [1] 0.8414710 0.9092974 0.1411200 -0.7568025 -0.9589243
  > B = array(c(1,4,2,3,5,2,7,3,1), dim=c(3,3))
  > B
220
        [,1] [,2] [,3]
222 [1,]
          1
                3
   [2,]
           4
                5
           2
                2
224 [3,]
  > apply(B,1,max)
226 [1] 7 5 2
  > apply(B,2,max)
228 [1] 4 5 7
```

Voor het uitvoeren van voorwaardelijke opdrachten, ten slotte, bestaat een analoge syntax. Let er op dat de accolades links en rechts van else op dezelfde lijn staan. Deze functie if() laat echter geen gebruik van vectoren in de conditie toe, het commando ifelse() kan daarom soms flexibeler zijn. Volgend voorbeeld geeft een implementatie van de Heaviside-functie voor beide constructies,

$$H: \mathbb{R} \to \{0,1\}: x \mapsto \left\{ \begin{array}{l} 0 \text{ als } x < 0 \\ 1 \text{ als } x \ge 0. \end{array} \right.$$

Volgend voorbeeld combineert voorgaande technieken voor het berekenen van de grootste gemene deler. Merk het gebruik van return() op, dat de uitvoer van een functie specifieert in het geval deze niet in de laatste regel wordt berekend.

```
gcd = function(a,b) {
      if (a==0) {
240
       return(b)
242
   +
      } else {
       while (b!=0) {
        if (a>b) {
244
         a = a - b
        } else {
246
         b = b - a } }
         return(a) } }
248
   > gcd(12,30)
250 [1] 6
```

- In RStudio kan de werkmap worden ingesteld door rechts in het venster File op de knop ... te drukken, de gewenste map te selecteren en daarna via More te klikken op Set As Working Directory.
- RStudio heeft een ingebouwde editor die speciaal bedoeld is voor het schrijven van .R-scripts. Deze vergemakkelijkt het werken door functies en parameters in een afzonderlijke kleur te zetten, overeenkomstige haakjes aan te duiden, gekende commando's aan te vullen en pop-up's met helpinformatie te tonen door op Tab te drukken. Een nieuw script kan worden gestart via het menu File of door de toetscombinatie Ctrl+N en wordt opgeslaan met Ctrl+S. Het huidige commando kan vanuit het script worden uitgevoerd door de toetsencombinatie Ctrl+Enter. Omgekeerd kunnen commando's die via de commandolijn zijn ingevoerd naar het script worden gekopieerd door deze in het Historyvenster te selecteren en op de knop To Source te drukken.
- In het venster Workspace kunnen alle bestaande veranderlijken worden weggeschreven naar een .RData-bestand met de knop Save. Zo een bestand inladen kan met de knop Load.

1.5 De programma-omgeving

Het programma R kan commando's en gegevens in een bestand inlezen of wegschrijven. Daartoe is het belangrijk in te stellen in welke map deze bestanden staan: de zogenaamde werkmap. Met het commando getwd() kan de huidige werkmap worden opgevraagd, met setwd() kan een andere locatie worden ingesteld . Hieronder wordt als werkmap H:\statistiek ingesteld in de veronderstelling dat deze al een bestand script.R bevat. De inhoud van de werkmap kan worden opgevraagd met dir(). Let er op dat Windows-gebruikers elke backslash in een map-adres moeten vervangen door een gewone slash.

```
> getwd()
252
[1] "C:/Users/u0041551/Documents"
> setwd("H:/statistiek")
> dir()
[1] "script.R"
```

Het programma houdt permanent een lijst bij van de laatst uitgevoerde commando's. Deze kunnen met het commando history() worden opgeroepen. De lijst van alle commando's die tijdens het experimenteren worden ingetypt is meestal niet relevant. Voor een systematisch onderzoek is het aangewezen om een overzichtelijke reeks commando's met bijhorende commentaar te bundelen en op te slaan in een afzonderlijk bestand, een zogenaamd script: een tekstbestand waarvan de bestandsnaam als extensie .R heeft . Zo een script kan in zijn geheel worden uitgevoerd vanop de commandolijn met source().

```
256 > source("script.R", echo=TRUE)
```

Een script bevat dus enkel een lijst commando's. Het is ook mogelijk om waarden uit het werkgeheugen op te slaan, door de corresponderende variabelen naar een bestand weg te schrijven met save()/save.image(), en terug in te laden, met load() . Data uit R wordt opgeslaan met extensie .RData.

```
> ls()
[1] "a" "A" "b" "x" "y"
> save("A", "A.RData")
> rm(list=ls())
> load("A.RData")
> ls()
[1] "A"
> load("alles.RData")
> ls()
[1] "A"
| load("alles.RData")
```

Het allerbelangrijkste commando is ongetwijfeld help(), kortweg?, waar elk commando uitgebreid wordt toegelicht met al zijn opties en enkele voorbeelden. Het commando help.search() geeft alle help-secties die een bepaalde term behandelen.

```
268 > help("log")
> ?log
270 > help.search("logarithm")
```

Er zijn talloze extra commando's beschikbaar die niet automatisch vanuit R aan te spreken zijn. Om deze toch te kunnen gebruiken moet de juiste bibliotheek worden ingeladen met het commando library(). Soms zal het nodig zijn

deze extra bibliotheek eerst op de computer te installeren met het commando install.packages()

Het is aangewezen de optie dependencies=TRUE te gebruiken, zodat eventuele andere vereiste pakketten ook automatisch worden geïnstalleerd. De gebruiker moet daarna een *mirror* naar keuze kiezen, best de dichtstbijzijnde. Op sommige systemen is het enkel als administrator mogelijk extra pakketten te installeren.

> install.packages('car', dependencies=TRUE)

Samenvattend, de bestandstypes @ eigen aan R zijn de volgende:

- .R-bestanden: scripts. Maken en bewerken in een editor. Als geheel uitvoeren met source().
- .RData-bestanden: gegevens. Wegschrijven en inlezen van gegevens met save() respectievelijk load().
- .RHistory-bestanden: eerder uitgevoerde commando's. Tonen, wegschrijven en inlezen met history(), loadhistory() en savehistory().
- .tar.gz-, .zip- of .tgz-bestanden: pakketten. Installeren en inladen met install.packages() en library().

- ② Pakketten installeren in de grafische interface kan via Tools, Install Packages of door de gewenste pakketten aan te vinken in het tabblad Packages en te klikken op Install.
- © Er zijn drie load-knoppen in RStudio:
 - Scripts: links bovenaan in de knoppenbalk.
 - Data: rechts bovenaan in het tabblad Environment.
 - History: rechts bovenaan in het tabblad History.

Verwar deze niet, want dat leidt tot onverwachte resultaten.

Tabel 1.1: Aan de slag in R

```
## basisbewerkingen
abs(), sign(), sqrt(),
                             # basisfuncties
  exp(), log(), log10()
4 cos(), sin(), tan(), acos(), asin(), atan()
  cosh(), sinh(), tanh(), acosh(), asinh(), atanh()
6 factorial(), choose(),
                            # combinatoriek
  combn()
8 +, -, *, /, ^
                             # basisbewerkingen
  &, |, !, ==, <, <=, >=, > \# logische operatoren
10 Arg, Conj, Im, Mod, Re
                             # complexe getallen
  %%, %/%
                             # mod en div
12 ## vectoren en matrices
  :, c(), seq(), rep()
                             # vectoren en matrices
14 length(), sum(), prod(), sort()
  array(), cbind(), rbind(), diag()
16 t(), dim(), det(), eigen(), solve()
  ## verdelingsrekenen
18 d < dist > (...)
                             # dichtheidsfunctie
  p<dist>(...)
                             # verdelingsfunctie
20 q < dist > (...)
                             # kwantielfunctie
  dbinom(x,n,p),
                    pbinom(x,n,p),
                                        qbinom(q,n,p)
dpois(x,lambda),
                     ppois(x,lambda),
                                         qpois(q,lambda)
  dgeom(x,p),
                     pgeom(x,p),
                                         qgeom(q,p)
dnorm(x,mu,sigma), pnorm(x,mu,sigma), qnorm(q,mu,sigma)
  dexp(x,lambda),
                     pexp(x,lambda),
                                         qexp(q,lambda)
26 dt(x,df),
                                         qt(q,df)
                     pt(x,df),
  df(x,df1,df2),
                     pf(x,df1,df2),
                                         qf(q,df1,df2)
dchisq(x,df),
                     pchisq(x,df),
                                         qchisq(q,df)
  ## programmeerstructuren
30 function(X,Y=y0,...) {...} # functie schrijven
  "%x%" = function(X,Y){...} # binaire operator
                         # for-lus
# while-lus
32 for (i in 1:n) {...}
  while (x != 0) \{...\}
34 ifelse (x != 0, ..., ...) # if-then-else
  if (x != 0) {...} else {...}
36 ## de programma-omgeving
  getwd(), setwd(), dir(), ls(), rm()
10ad(), save(), save.image(), source()
  history(), loadhistory(), savehistory()
40 help(), help.search()
  library(), install.packages()
```

Hoofdstuk 2

Statistische datasets

2.1 De gegevensmatrix

Verzamelde steekproefgegevens bevatten informatie over verschillende eigenschappen (variables) van een verzameling onderzochte individuen (cases) uit de populatie. Deze moeten voor statistische verwerking altijd in een gegevensmatrix (case variable dataset) worden gestructureerd, met in elke rij één case en elke kolom één veranderlijke, en zeker niet als kruistabel, zoals te zien in Tabel 2.1.

2.2 Soorten variabelen

Naargelang het type veranderlijke zullen andere statistische methoden van toepassing zijn. Voor het vervolg is het dus belangrijk een duidelijk onderscheid te voeren tussen die verschillende types.

Kwantitatief of numeriek, de uitkomsten zijn getallen:

Continu, tussen twee uitkomsten is steeds nog een derde denkbaar; Discreet, het aantal mogelijke uitkomsten is aftelbaar.

Tabel 2.1: Gegevens geordend als gegevensmatrix en als kruistabel
(a) Gegevensmatrix
(b) Kruistabel

Studies	Geslacht	Aantal
Wiskunde	Man	17
Informatica	Man	9
Fysica	Man	26
Chemie	Man	17
Biologie	Man	12
Wiskunde	Vrouw	4
Informatica	Vrouw	0
Fysica	Vrouw	1
Chemie	Vrouw	17
Biologie	Vrouw	1
	1	1

	Man	Vrouw
Wiskunde	17	4
Informatica	9	0
Fysica	26	1
Chemie	17	17
Biologie	12	1
	'	

Kwalitatief of categorisch, de uitkomsten zijn geen getallen:

Ordinaal, geordende klassen;

Nominaal, ongeordende klassen.

In sectie 2.9 blijkt dat met elke soort veranderlijke een klasse in R is geassocieerd.

2.3 Gegevens ingeven

Een dataset aanmaken gebeurt door veranderlijke per veranderlijke een vector te maken met daarin de meetwaarden. Vervolgens brengt het commando data.frame() deze vectoren samen tot een gegevensmatrix van de gelijknamige klasse data.frame. De namen van de vectoren worden gebruikt als namen voor de veranderlijken. Als voorbeeld worden de gegevens uit Tabel 2.1 in R ingegeven.

```
> studie = rep(c("Wis","Inf","Fys","Che","Bio"), times=2)
 > geslacht = rep(c("M","V"), each=5)
   aantal = c(17, 9, 26, 17, 12, 4, 0, 1, 17, 1)
   gegevens = data.frame(studie, geslacht, aantal)
   gegevens
     studie geslacht aantal
        Wis
                  M
 2
        Inf
                   M
                          26
       Fys
                   M
  3
        Che
                          17
10 4
                   M
       Bio
                         12
  5
                   M
        Wis
12 6
                   V
        Inf
14 8
        Fys
                   V
  9
        Che
                   V
                          17
 10
        Bio
                   V
  > class(gegevens)
18 [1] "data.frame"
```

2.4 Gegevens inlezen

Doorgaans zullen gegevens niet binnen R worden ingetypt maar in een of ander bestandsformaat worden aangeboden. Deze handleiding beschrijft de nodige stappen om vertrekkend van een tekstbestand datasets in te lezen met het commando <code>read.table()</code>. Met aangepaste <code>read-commando</code>'s is het mogelijk om diverse andere bestandsformaten in te voeren, Tabel 2.2 en de helpbestanden van R geven meer details.

Eerst moet met setwd() de werkmap, working directory, worden ingesteld, de locatie waar de gegevens zich bevinden. Vervolgens moet in het tekstbestand nauwkeurig worden nagegaan hoe de gegevens zijn gestructureerd om volgende opties van het read.table()-commando correct te kunnen instellen.

header=TRUE|FALSE: Bevat de eerste rij in het tekstbestand de namen van de variabelen?

- col.names=VEC: Indien de eerste rij geen namen bevat, kan een vector VEC met namen voor de veranderlijken worden meegegeven.
- row.names=VAR: Duidt aan dat de veranderlijke VAR de namen van de cases bevat.
- na.strings="NA": Bepaalt welke markering in het tekstbestand wordt gebruikt voor ontbrekende waarden.
- dec=".": Bepaalt welk symbool in het tekstbestand wordt gebruikt als decimaalteken.

In de rest van deze tekst zal de pollutie-dataset uit het handboek [1] gebruikt worden. Deze is terug te vinden op

lib.stat.cmu.edu/DASL/Datafiles/SMSA.html.

en dient te worden opgeslaan in de werkmap, bijvoorbeeld als volgt,

H:\statistiek\pollutie.txt.

Vooraleer de data in te laden , wordt de structuur van pollutie.txt in detail bekeken:

- de eerste rij bevat de namen van de variabelen,
- een vector met kolomnamen is dus overbodig,
- de variabele city bevat de naam van elke case,
- de kolommen worden gescheiden door een tabulator,
- de ontbrekende waarden zijn blanco cellen,
- het decimaalteken is een punt.

```
> rm(list=ls())
20 > getwd()
  [1] "C:/Windows/system32"
22 > setwd("H:/statistiek")
  > pollutie = read.table("pollutie.txt",
   header=TRUE, row.names="city",
   sep="\t", na.strings="", dec=".")
26 > pollutie
                                 JanTemp JulyTemp RelHum
28 Akron, OH
                                               71
  Albany-Schenectady-Troy, NY
                                      23
                                               72
                                                      57
30 Allentown, Bethlehem, PA-NJ
                                      29
                                               74
  > names(pollutie)
32 [1] "JanTemp" "JulyTemp" "RelHum" ...
  > row.names(pollutie)
34 [1] "Akron, OH" "Albany-Schenectady-Troy, NY" ...
```

In RStudio volstaat het om in het scherm Workspace op de knop Import Dataset te klikken om een bestand in te lezen. Een dialoogscherm laat dan toe om het effect van de verschillende opties onmiddellijk te zien. Het resulterende commando kan dan uit het History-scherm naar het script worden verplaatst.

2.5 Gegevens selecteren en sorteren

Cases, variables en individuele meetwaarden kunnen worden aangesproken net als rijen, kolommen en cellen in een matrix. Bovendien is het mogelijk om een variabele VAR uit een gegevensmatrix gegevens te selecteren als gegevens\$VAR. Met behulp van de gepaste logische test kan een selectie gemaakt worden binnen een gegevensmatrix.

```
> pollutie[1,]
          JanTemp JulyTemp RelHum ...
  Akron, OH
               27
                          71
                                59 ...
_{38}| > pollutie[1,3]
  [1] 59
40 > pollutie$RelHum
  [1] 59 57 54 56 ...
42 > pollutie$RelHum[1]
| > pollutie[pollutie$JanTemp>50,]
                               JanTemp JulyTemp RelHum ...
46 Houston, TX
                                   55
                                       84
                                                     59 ...
                                    53
  Los Angeles, Long Beach, CA
                                             68
                                                     47 ...
                                    67
48 Miami-Hialeah, FL
                                             82
                                                     60 ...
                                                     62 ...
  New Orleans, LA
                                    54
                                             81
                                    55
                                             70
                                                     61 ...
50 San Diego, CA
  > max(pollutie$JulyTemp-pollutie$JanTemp)
  Γ1] 61
  > pollutie[pollutie$JulyTemp-pollutie$JanTemp==61,]
                               JanTemp JulyTemp RelHum
  Minneapolis-St. Paul, MN-WI
                                    12
                                             73
```

Een vector sorteren kan met het commando sort(), maar om een gegevensmatrix volgens een welbepaalde veranderlijke te sorteren, is order() aangewezen, welke per index i de rang geeft waar de i-de kleinste waarde zich bevindt. Zodoende zal de uitdrukking x[order(x)] een vector genereren met dezelfde lengte als x, en als i-de component telkens de i-de kleinste waarde van x, formeel: $x[order(x)] \equiv sort(x)$.

```
56 > sort(pollutie$JanTemp)
  [1] 12 20 23 23 24 24 24 24 24 25 26 26 27 27 27 ...
58 > order(pollutie$JanTemp)
  [1] 34 33 2 54 9 20 22 52 58 45 12 53 1 10 19 ...
60 > row.names(pollutie)[34]
  [1] "Minneapolis-St. Paul, MN-WI"
62 > pollutie[order(pollutie$JanTemp),]
                               JanTemp JulyTemp RelHum ...
64 Minneapolis-St. Paul, MN-WI
                                 12
                                            73
                                                 58 ...
  Milwaukee, WI
                                    20
                                             69
                                                    64 ...
66 Albany-Schenectady-Troy, NY
                                    23
                                             72
                                                    57 ...
                                    2.3
  Utica-Rome, NY
                                             71
                                                    60 ...
68 Buffalo, NY
                                    24
                                             70
                                                    61 ...
```

In het voorbeeld is via sort() te zien dat de kleinste meetwaarde 12 Fahrenheit is en, via order(), dat deze in rij 34 van de gegevensmatrix voorkomt. De

stad met de laagste wintertemperatuur is dus blijkbaar *Minneapolis -St. Paul*, de eerste stad in de volgens JanTemp gesorteerde lijst.

2.6 Veranderlijken aanpassen

Een veranderlijke aanpassen kan door ze te overschrijven, hieronder geïllustreerd door de veranderlijken naar SI-eenheden te converteren. Een extra veranderlijke maken kan door toekenning aan een nieuwe naam gegevens\$nieuw. Door een toekenning van NULL kan een veranderlijke worden verwijderd.

2.7 Kwalitatieve veranderlijken

Het bestand pollutie-regiocodes.RData bevat een vector met de geografische ligging van de steden in de dataset pollutie. Als dit bestand in de werkmap staat, kan het worden ingelezen met load() . Dit resulteert in een nieuwe veranderlijke regiocodes die echter nog een verkeerde waarde M bevat en van de klasse character is, bedoeld voor tekstvelden waarop geen statistiek wordt toegepast. Daarom wordt de foutieve waarde eerst overschreven, vooraleer regiocodes als een nieuwe, categorische veranderlijke aan de dataset pollutie toe te voegen. Door de veranderlijke met as.factor() te converteren naar het type factor, beschouwt R deze als een nominale variabele waarvoor de gepaste statistische methodes van toepassing zullen zijn. De mogelijke uitkomsten vormen een attribuut, \$levels, van de categorische veranderlijke. Aangezien een nominale veranderlijke geen natuurlijke ordening heeft, zal R de labels alfabetisch ordenen.

® Een .RData-bestand kan in RStudio rechtstreeks ingeladen worden door er op te klikken in het Workspace-venster. Er wordt bevestiging van de gebruiker gevraagd om overschrijven van bestaande gegevens te vermijden. Het corresponderende load()-commando verschijnt automatisch in de console.

```
94 C N NO W ZO

10 15 24 6 5

96 > attributes(pollutie$regio)

$levels

98 [1] "C" "M" "N" "NO" "W" "ZO"

$class

100 [1] "factor"
```

Soms is het ook nuttig een continue veranderlijke te categoriseren, te verdelen in een beperkt aantal klassen. De veranderlijke X.WC, die het percentage bedienden in een stad voorstelt, kan bijvoorbeeld worden omgezet en gediscretiseerd tot een nieuwe variabele arbeid met volgende drie categorieën:

```
hoog – meer dan 58% arbeiders;
gemiddeld – tussen 48% en 58% arbeiders;
laag – minder dan 48% arbeiders.
```

Met cut(VAR,c(a_0,...,a_n)) kan een continue veranderlijke in halfopen intervallen $]a_{i-1},a_i], i \in \{1,...,n\}$, worden opgedeeld. Waarden buiten het interval $]a_0,a_n]$ worden als ontbrekend gemarkeerd (NA). Nuttige opties hier zijn labels om de klassen namen te geven, ordered_result om een ordinale veranderlijke (klasse ordered factor) te bekomen, en include.lowest om het meest linkse interval te sluiten.

```
> pollutie$arbeid = cut(100-pollutie$X.WC,
+ c(0,48,58,100),
+ labels=c("laag","gemiddeld","hoog"),
+ ordered_result=TRUE, include.lowest=TRUE)
> pollutie$arbeid

106 [1] gemiddeld gemiddeld hoog gemiddeld gemiddeld ...
Levels: laag < gemiddeld < hoog
> class(pollutie$arbeid)
  [1] "ordered" "factor"
>> sort(pollutie$arbeid)
  [1] laag laag laag gemiddeld gemiddeld ...
112 Levels: laag < gemiddeld < hoog</pre>
```

Als tweede voorbeeld wordt income gecategoriseerd tot de nieuwe veranderlijke inkomen:

```
1 – mediaan inkomen < 30000 dollar; 2-30000 \ dollar < mediaan inkomen < 35000 \ dollar; \\ 3-35000 \ dollar < mediaan inkomen < 40000 \ dollar; \\ 4-40000 \ dollar < mediaan inkomen.
```

De uitkomstenverzameling van de resulterende veranderlijke telt dan wel enkel de getallen 1 tot 4, het resultaat is een categorische veranderlijke. Aangezien deze getallen slechts labels zijn, weigert R dan ook om het gemiddelde te berekenen.

2.8 Gegevens klaar voor gebruik

Eens een dataset volledig op punt staat, is het mogelijk om er met het commando attach() voor te zorgen dat elke veranderlijke gegevens\$VAR rechtstreeks via VAR kan worden aangeroepen. Dit commando maakt eigenlijk een kopie van de veranderlijke gegevens\$VAR naar een nieuw object VAR, wat voor verwarring kan zorgen als de dataset daarna alsnog wordt aangepast of als er verschillende datasets worden gebruikt waarin de zelfde namen voorkomen. Is het toch nodig om nog aanpassingen te doen, dan is er het commando detach() om de verkorte versie VAR van de variabelen te verwijderen.

De gegevensverzameling wordt ten slotte weggeschreven naar een . R
Databestand voor later gebruik.

```
> RelHum
terror: object 'RelHum' not found
> attach(pollutie)
> RelHum
[1] 59 57 54 56 55 ...
> save(pollutie,file="pollutie-gegevens.RData")
```

2.9 Classificatie van variabelen

De soorten veranderlijken corresponderen met klassen in R als volgt.

```
numeric - continue veranderlijke.
```

integer - discrete veranderlijke. Met as.integer() kan een numerieke veranderlijke expliciet als discreet worden ingesteld.

factor – nominale veranderlijke. De verschillende waarden, levels, worden aan het einde van de lijst in alfabetische volgorde opgesomd:

```
Levels: C M N NO W ZO.
```

ordered factor – ordinale veranderlijke. De verschillende waarden worden telkens in oplopende volgorde opgesomd:

```
Levels: laag < gemiddeld < hoog.
```

character – tekstvelden. Dit zijn bijvoorbeeld *case names* of opmerkingen en bevatten gegevens die niet bedoeld zijn voor statistische bewerkingen.

Het is steeds noodzakelijk na te gaan of de klasse van een veranderlijke klopt, zodat de gebruikte methoden correct werken.

Tabel 2.2: Statistische datasets in R

```
## gegevens inlezen
  gegevens = read.table(
                           # naam toekennen aan dataset
      "gegevens.txt",
                           # bestand inladen
     header=FALSE,
                           # eerste rij bevat rijkoppen
      sep="\t",
                           # kolomscheidingsteken
                          # ontbrekende waarden
     na.strings="NA",
     dec=".")
                           # decimaalteken
                           # namen van variabelen
8 names (gegevens)
                          # case names toekennen
  row.names(gegevens)
10 gegevens$NAME
                          # veranderlijke selecteren
                          # NAME = gegevens$NAME
  attach(gegevens)
                          # gegevensmatrix ontkoppelen
detach (gegevens)
  ## cases manipuleren
gegevens [52,]
                            # case oproepen
  gegevens[row.names(gegevens)=="ABC",]
gegevens[52,] = NULL # case wissen
  rbind(gegevens,c(...))
                          # case toevoegen
18 gegevens[gegevens$CTU>3,] # selectie maken
  sort(gegevens$ORD)
                           # veranderlijke sorteren
20 gegevens =
                            # data sorteren
   gegevens[order(gegevens$VAR1,gegevens$VAR2),]
22 ## veranderlijke manipuleren
  gegevens[,6]
                            # veranderlijke oproepen
24 gegevens$NAME
                           # veranderlijke oproepen
  gegevens$NAME = NULL
                           # veranderlijke verwijderen
26 gegevens$TOT =
                           # nieuwe veranderlijke maken
   gegevens$CTU1 + gegevens$CTU2
28 factor(gegevens$NOM, # nominale var maken
   levels=c(1,2,3), labels=c('rood','geel','blauw'))
levels = c(1,2,3), labels=c('small', 'medium', 'large'),
      ordered=TRUE)
  as.integer(gegevens$INT) # discrete var maken
                          # rangveranderlijke maken
34 rank(gegevens$ORD)
  cut(gegevens$CTU,
                          # veranderlijke categoriseren
  seq(min(gegevens$CTU), max(gegevens$CTU), length.out=3),
   labels=c('rood','geel','blauw'))
38 ## gegevens controleren
                            # "data.frame"
  class(gegevens)
                           # aantal veranderlijken
40 length (gegevens)
  dim(gegevens)
                           # afmetingen van de matrix
42 class(NOM)
                            # "factor"
  class(ORD)
                            # "ordered" "factor"
44 class(INT)
                            # "integer"
                            # "numeric"
  class(CTU)
```

Hoofdstuk 3

Beschrijvende statistiek

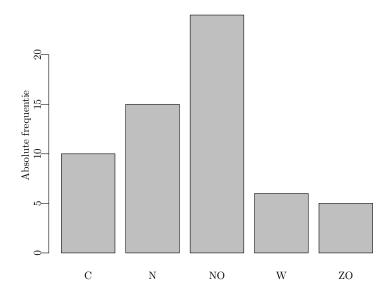
De lijst met commando's in Tabel 3.1 aangevuld met de ingebouwde ?-help, is voldoende om de meest gangbare statistieken te berekenen en grafieken te genereren. In de praktijk zullen de klasse-afhankelijke methodes summary() en plot() zelfs meestal volstaan. Hieronder toch nog een bondige bespreking.

3.1 Frequenties van discrete veranderlijken

Het commando table() berekent een absolute frequentietabel of kruistabel naargelang de vorm van het argument. Er is geen rechtstreeks commando voor een tabel met relatieve frequenties, maar deze kan uiteraard eenvoudig worden berekend uit het aantal meetwaarden met length(). Het resultaat van table() is een object van de klasse table, waarop nog andere methoden van toepassing zijn, zoals cumsum() voor cumulatieve frequenties en barplot() voor een staafof Pareto diagram. Hoewel ze in de praktijk vaak worden gebruikt, zijn taartdiagrammen (pie()) minder geschikt om gegevevens mee voor te stellen.

Om de commando's in onderstaande voorbeelden niet te overbelasten, zijn de gebruikte opties in de afgedrukte code tot een minimum beperkt. De figuren die in de handleiding zijn opgenomen, zijn daarentegen zo goed mogelijk afgewerkt. Hierdoor kan de output in R verschillen van die in deze tekst. Details over het aanpassen van de lay-out, bereik, astitels,...en het wegschrijven van grafieken via de commandolijn is te vinden in sectie 3.7 .

Figuren kunnen via de grafische interface worden opgeslaan in diverse formaten door op de knop Export te klikken. Het verdient aanbeveling te kiezen voor een vectorafbeelding (.pdf) en niet voor een rasterafbeelding (.jpg).



Figuur 3.1: Staafdiagram van de kwalitatieve veranderlijke regio

3.2 Frequenties van continue veranderlijken

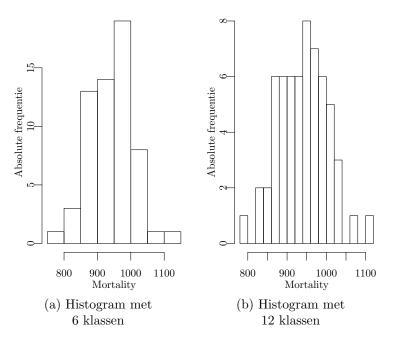
Om een frequentietabel voor een kwantitatieve veranderlijke op te stellen dient deze eerst te worden gecategoriseerd. Daarna zijn dezelfde methodes als eerder toepasbaar. Het commando hist() maakt een histogram van een continue veranderlijke, waarvoor het deze zelf in een aantal klassen verdeelt.

```
table(cut(Mortality, 6))
                                   (844,898]
                                                         (898,952]
             (790,844]
                                          11
14
        (952,1.01e+03] (1.01e+03,1.06e+03]
                                              (1.06e+03,1.11e+03]
                    20
16
    table(cut(Mortality, 6))/length(Mortality)
             (790,844]
                                   (844,898]
                                                         (898,952]
18
            0.0666667
                                  0.18333333
                                                       0.28333333
        (952,1.01e+03]
                        (1.01e+03,1.06e+03]
                                              (1.06e+03,1.11e+03]
20
            0.33333333
                                  0.10000000
                                                       0.03333333
  > hist(Mortality, breaks=6)
22
                                                    # zie Figuur 3.2
    hist (Mortality, breaks=12)
```

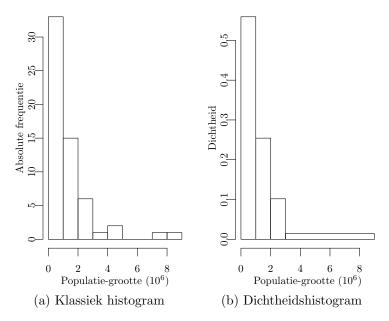
Bovendien definieert men voor kwantitatieve veranderlijken het klassiek histogram en het dichtheidshistogram. Van zodra de klassebreedten ongelijk zijn, kiest R automatisch voor een dichtheidshistogram, enkel dan stellen de oppervlakten in de grafiek immers kansen voor.

```
24 > hist(pop/10^6)
    > hist(pop/10^6, breaks=c(0,1,2,3,9)) # zie Figuur 3.3
26 > hist(pop/10^6, breaks=c(0,1,2,3,9), freq=TRUE)
Warning message: ... AREAS in the plot are wrong ...
```

Waar de histogrammen een beeld geven van de dichtheidsfunctie, kan met ecdf() de empirische cumulatieve dichtheidsfunctie gegenereerd worden. Het



Figuur 3.2: Histogrammen met verschillende klassebreedte van Mortality



Figuur 3.3: Klassiek en dichtheidshistogram van de populatie-grootte

resultaat hiervan is van de klasse function die kan worden getoond met plot().

```
28 > ecdf(Mortality)
    Empirical CDF
30 Call: ecdf(Mortality)
    x[1:60] = 790.73, 823.76, 839.71, ..., 1071.3, 1113.2
32 > plot(ecdf(Mortality))  # zie Figuur 3.4
    > class(ecdf(Mortality))
34 [1] "ecdf" "stepfun" "function"
```

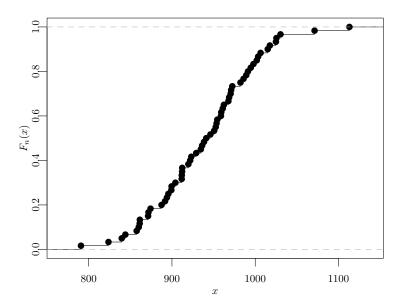
3.3 Steekproefstatistieken

De meeste steekproefstatistieken hebben voor de hand liggende commando's, maar steeds is voorzichtigheid geboden. Indien bepaalde waarden ontbreken (NA), dienen deze immers expliciet te worden uitgesloten met de optie na.rm.

```
> mean(income)
  [1] NA
  > mean(income, na.rm=TRUE)
  [1] 33246.66
  > mean(income, trim=0.05, na.rm=TRUE)
  [1] 32968.04
  > weighted.mean(income, pollutie$pop, na.rm=TRUE)
  [1] 34748.11
  > median(income, na.rm=TRUE)
  [1] 32452
  > var(income, na.rm=TRUE)
  [1] 20008579
  > sd(income, na.rm=TRUE)
  [1] 4473.095
  > range(income, na.rm=TRUE)
  [1] 25782 47966
  > diff(range(income, na.rm=TRUE))
  [1] 22184
  > quantile(income, 0:4/4, na.rm=TRUE)
      0% 25% 50% 75%
  25782.0 30004.5 32452.0 35496.0 47966.0
56 > fivenum(income)
  [1] 25782.0 30004.5 32452.0 35496.0 47966.0
  > mad(income, na.rm=TRUE)
  [1] 3989.677
  > scale(income)
 [1,] -0.82418572
  [2,] -0.39987101
64 [3,] -0.31089458
  [...]
```

3.4 Boxplots

Een snelle aanzet om verdelingen te bestuderen of veranderlijken te vergelijken is het bekijken van boxplots. Met de naam van één veranderlijke als argument



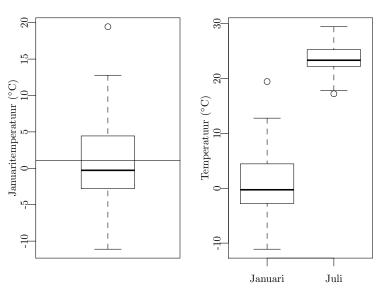
Figuur 3.4: Empirische cumulatieve distributiefunctie van Mortality

geeft boxplot() uiteraard de boxplot van die ene veranderlijke. Interessanter is om meerdere veranderlijken mee te geven, waarna R de verschillende boxplots ter vergelijking naast elkaar zet. Om de invloed van een factor als regio na te gaan, kan het interessant zijn om de boxplots van bijvoorbeeld JanTemp binnen elke groep van regio (C, N, NO, ...) naast elkaar te zetten. Notaties als VAR1 \sim VAR2 + VAR3 zijn van de klasse formula en komen bij regressie nog uitgebreid terug aan bod.

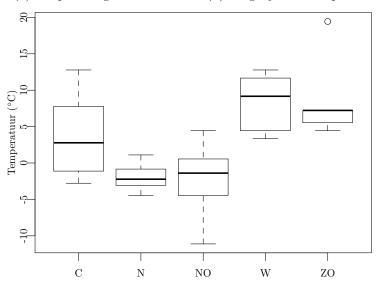
3.5 Het verband tussen veranderlijken

Afhankelijkheid tussen continue veranderlijken wordt gemeten met correlatie of covariantie en het best gevisualiseerd met een puntenplot. Om de correlatiematrix op te stellen, moeten de veranderlijken eerst worden gebundeld in een data.frame(). Correlatie tussen ordinale veranderlijken zal niet kunnen worden getest met de gewone Pearsoncorrelatie, maar zal gebruik maken van de rangveranderlijken – de Spearmancorrelatie. Omdat het bij het vergelijken van verschillende veranderlijken niet voldoende is om enkel de ontbrekende waarden te negeren, omdat daardoor ook beschikbare gegevens ongebruikt blijven, moet bij deze commando's de optie use worden ingesteld in plaats van na.rm.

Een spreidingsdiagram (*scatterplot*) is de aangewezen manier om het verband tussen twee continue veranderlijken grafisch voor te stellen. Het commando plot() met twee argumenten van het type numeric genereert dat soort figuren.



- (a) Boxplot en gemiddelde
- (b) Vergelijkende boxplots



(c) Gecategoriseerde boxplots van ${\tt JanTemp}$ ten opzichte van ${\tt regio}$

Figuur 3.5: Boxplots en vergelijkende boxplots

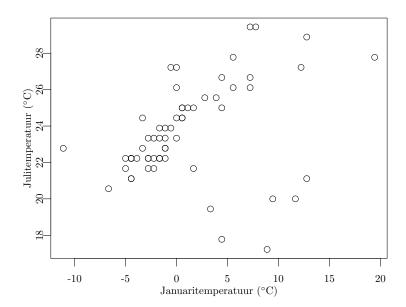
Nominale veranderlijken worden vergeleken in een kruistabel. Statistieken van continue veranderlijken berekenen per groep van een nominale veranderlijke kan met tapply().

```
70 > cov(JanTemp, JulyTemp)
  [1] 5.176728
 > cor(JanTemp, JulyTemp)
  [1] 0.3462819
74 > cor(data.frame(JanTemp, JulyTemp, RelHum))
             JanTemp JulyTemp
                                     RelHum
76 JanTemp 1.00000000 0.3462819 0.06787158
  JulyTemp 0.34628186 1.0000000 -0.45280915
78 RelHum 0.06787158 -0.4528092 1.00000000
  > cor(JanTemp, JulyTemp, method="spearman")
80 [1] 0.4371762
  > cor(rank(JanTemp), rank(JulyTemp))
82 [1] 0.4371762
  > plot(JanTemp, JulyTemp)
                                               # zie Figuur 3.6
84 > cor(pop, income, use="complete.obs")
  [1] 0.3184839
86 > table(arbeid, inkomen)
           inkomen
           1 2 3
88 arbeid
              1 0
   laag
                       1
    gemiddeld 9 24 10
   hoog
              5 4 0
92 > tapply(income, regio, mean, na.rm=TRUE)
                 N
                         NO
 36893.22 31626.80 32430.62 38209.83 29503.60
  > tapply(income, regio, sd, na.rm=TRUE)
    C N NO
  5389.124 2439.165 3251.236 5863.121 3041.000
```

3.6 De klasse-afhankelijke methoden

Op basis van de klasse van een veranderlijke kan R bepalen welke grafieken en statistieken het meest relevant zijn. In de praktijk zal het dus vaak volstaan summary() en plot() te gebruiken. Hieronder staat het resultaat van het summary()-commando toegepast op de datatypes integer, factor en data.frame. Naargelang de invoer maakt het plot()-commando een tijdreeksgrafiek, staafdiagram, vergelijkende boxplots of een spreidingsdiagram.

```
98 > summary(income)
                            Mean 3rd Qu.
     Min. 1st Qu. Median
    25780 30000
                   32450
                           33250 35500
                                           47970
  > summary(regio)
102 C N NO W ZO
  10 15 24 6 5
| 104 | > summary(pollutie)
                       JulyTemp
                                    ... inkomen
     JanTemp
                                     1 :15
  Min. :-11.1111
                    Min. :17.22
106
   1st Qu.: -2.7778
                     1st Qu.:22.22
                                         2
                                             :28
108 Median : -0.2778
                     Median :23.33
                                             :12
```



Figuur 3.6: Puntenplot van JulyTemp ten opzichte van JanTemp

```
Mean : 1.1019 Mean :23.66 4 : 4
3rd Qu.: 4.4444 3rd Qu.:25.14 NA's: 1
Max. : 19.4444 Max. :29.44
```

3.7 Meer over grafieken

Omdat de standaardoutput vaak nog aanpassingen vergt om een publiceerbare grafiek te bekomen, volgen hier nog meer mogelijkheden van het plotcommando. Een algemene opmerking over de manier waarop grafieken in een rekenpakket worden gemaakt is misschien nuttig:

Een symbolisch rekenpakket beschikt typisch over een zogenaamd *smartplot*-commando, de gebruiker dient enkel een vergelijking en grenzen voor de veranderlijken in te geven en het pakket bepaalt zelf welke punten worden uitgerekend. Voor het tekenen van de grafiek van een functie bijvoorbeeld, zal het pakket dan de functiewaarde in een voldoende groot aantal punten berekenen en de bekomen punten met lijnstukken verbinden. In numerieke pakketten zoals R zullen de meeste situaties echter vereisen dat de gebruiker zelf de punten bepaalt die moeten worden getekend, dat deze de corresponderende functiewaarden zelf berekent en zelf een lijngrafiek van de corresponderdende punten maakt.

Een heel aantal mogelijkheden worden hieronder geïllustreerd bij het maken van een functie-onderzoek van de standaardnormale dichtheidsfunctie.

1. Functies en puntenrijen definiëren.

2. Een leeg grafiekvenster starten met passende assen en titels.

```
> plot(c(-4,4), c(-.4,.4), type='n',
116 + xlab='$x$', ylab='$y$',
  + main='De standaardnormale dichtheid')
|x| > x = seq(-1, 1, length=100)
  > polygon( c(x,rev(x)), c(f(x),rep(0,length=100)),
120 + col="gray", border=NA)
   3. Punten en lijnen in de gewenste stijl toevoegen aan het grafiekvenster.
  > x = seq(-4, 4, length=100)
|122| > lines(x, f(x), lwd=3, col='blue')
  > lines(x, g(x), lwd=2, col='green', lty='dashed')
| 124 | > lines(x, h(x), lwd=2, col='red', lty='dashed')
  > abline(h=0); abline(v=0)
|c| > points(c(-1,0,1), c(0,0,0),
    col=c('red','green','red'), pch='o')
| 128 | > points(c(-1,0,1), f(c(-1,0,1)),
  + col=c('red','green','red'), pch='o')
> lines(c(0,0), c(0,f(0)), col='green', lty='dashed')
| 132 | > lines(c(1,1), c(0,f(1)), col='red', lty='dashed')
```

4. Tekst en legende toevoegen.

```
> text(1.75, f(1), "buigpunt", col='red')
> text(-1.75, f(1), "buigpunt", col='red')
> text(1.75, f(0),
+ paste("maximum $f(0) \\approx ",
+ round(f(0),2),"$", sep=''), col='green')
> text(0.5, f(0.5)/2,
+ paste(round(100*(1-2*pnorm(-1))),'$\\%$'),
+ col='white')
> legend(-4, y=-.2, col=c('blue','green','red'),
+ lwd=c(3,2,2),
+ lty=c('solid','dashed','dashed'),  # zie Figuur 3.7
+ legend=c("$y=f(x)$","$y=f\'(x)$","$y=f\'\'(x)$"))
```

De bekomen grafiek kan dan worden opgeslaan zoals eerder beschreven.

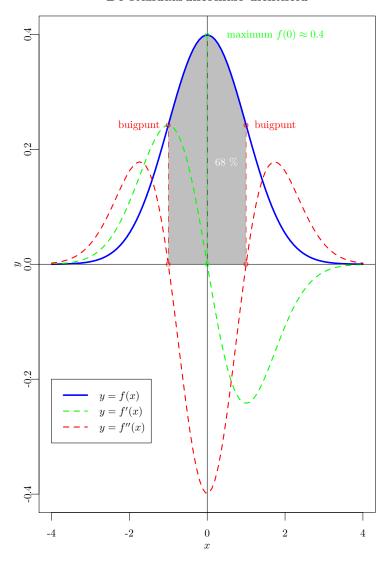
IATEX-gebruikers kunnen de grafiek ook als TikZ-code exporteren, welke dan rechtstreeks in een TEX-bron kan worden ingevoegd. Dit garandeert een leesbare grafiek met lettertypes conform het document. Hiervoor moet het pakket tikzDevice worden geladen in R en met het commando tikz() wordt de bestandsnaam gespecifieerd. Vervolgens de plot-commando's uitvoeren waarvan de output dan niet te zien is op het scherm. Het is mogelijk om IATEX-code te gebruiken in alle tekstlabels. Om technische redenen moet elke backslash in IATEX-annotaties dubbel worden gezet. Met dev.off() wordt de grafiek ten slotte weggeschreven naar het bestand.

```
> library(tikzDevice)
> tikz(file = "grafiek.tex")
> plot(...)
[...]
> legend(...)
> dev.off()
null device
```

In het .tex-document moet het pakket tikz worden geladen en kan de grafiek met \input{grafiek} worden ingevoegd. De code uit de vijf bovenliggende blokken R-code resulteert zo in figuur 3.7 door onderstaande LATEX-commando's.

```
\documentclass{article}
   \usepackage{tikz}
\begin{document}
   \input{grafiek}
\end{document}
```

${\bf De\ standaard normale\ dichtheid}$



Figuur 3.7: Een tikz-figuur.

Tabel 3.1: Beschrijvende statistieken en grafieken in R

```
## steekproefstatistieken voor 1 veranderlijke
2 summary(X)
                           # samenvatting ngl. klasse X:
   # frequentietabel, kwantielen en gemiddelde, ...
  table(CAT)
                           # frequentietabel
  mean(NUM)
                           # gemiddelde
  mean(NUM, trim=0.05)
                           # getrimd gemiddelde
                           # mediaan
  median(NUM)
                           # standaarddeviatie
 sd(NUM)
  var(NUM)
                           # variantie
10 mad(income)
                          # mediaan abs deviatie
  min(NUM)
                          # minimum
12 max (NUM)
                           # maximum
  quantile(NUM, .25)
                          # kwantiel (1e kwartiel)
14 fivenum (income)
                          # kwartielen
  ## vergelijkende steekproefstatistieken
16 cor(gegevens) # correlatiematrix
  cor(ORD1, ORD2,
                          # correlatie
  method = "spearman") # "pearson", "kendall"
  cov(NUM1,NUM2)
                          # covariantie
table(CAT1, CAT2)
                           # kruistabel
                        # statistieken per groep
  tapply(NUM, CAT, mean)
22 ## nieuwe grafiek - high-level
  plot(CAT)
                           # staafdiagram
24 plot(NUM)
                           # tijdreeksgrafiek
  plot(NUM1, NUM2)
                           # spreidingsdiagram
plot(CAT1, CAT2)
                           # vergelijkende staafdiagrammen
  plot(CAT, NUM)
                           # vergelijkende boxplots
                          # emp. verdelingsfunctie
28 plot(ecdf(VAR))
                           # boxplot
  boxplot(NUM)
30 boxplot(NUM ~ CAT1 + CAT2) # vergelijkende boxplots
                           # histogram
 hist(NUM)
32 barplot(table(CAT))
                          # staafdiagram
  qqnorm(CTU); qqline(CTU) # kwantielplot
34 ## opties binnen plot-commando's
  main|sub|xlab|ylab = "..." # (as)titels toevoegen
36 xlim|ylim = c(a,b)
                          # bereik van de assen
  asp = 1
                          # assen schalen
38 type = "p|1|b|h|s|n"
                         # grafiektype
  col = "red|blue|..."
                          # kleur van de grafiek
_{40} pch = 0:25
                           # plot-symbool
                           # lijndikte
  lwd = 2
42 ## elementen toevoegen aan grafieken - low-level
  points|lines(NUM3, NUM4) # punten|lijnplot toevoegen
44 abline(intercept, slope) # rechte toevoegen
  abline(h=1|v=1)
                           # hor. | vert. rechte toevoegen
46 title(main=..., sub=...) # titels toevoegen
  # tekstvak toevoegen
48 legend(X, Y, c(...))
```

Hoofdstuk 4

Hypothesetesten

Dit hoofdstuk illustreert aan de hand van een aantal voorbeelden hoe hypothesetests met R kunnen worden uitgevoerd. Een lijst van de belangrijkste commando's en attributen van testen is te vinden in Tabel 4.4.

Per soort test wordt de samenhang tussen de belangrijkste testmethodes schematisch voorgesteld in Tabel 4.3. Deze schema's zijn uiteraard slechts een geheugensteuntje, in de praktijk dienen altijd de veronderstellingen te worden nagegaan. In het algemeen hebben de tests in de gegeven volgorde telkens aflopende kracht.

Het uitvoeren van een test verloopt steeds volgens het schema in Tabel 4.1. De eerste 3 stappen kunnen grotendeels worden beantwoord vooraleer een steekproef is genomen en bevatten in principe geen steekproefgegevens. Deze stappen vormen het design van de test en laten bijvoorbeeld toe om voorafgaand aan metingen de kracht van een test na te gaan of de vereiste steekproefgrootte te schatten.

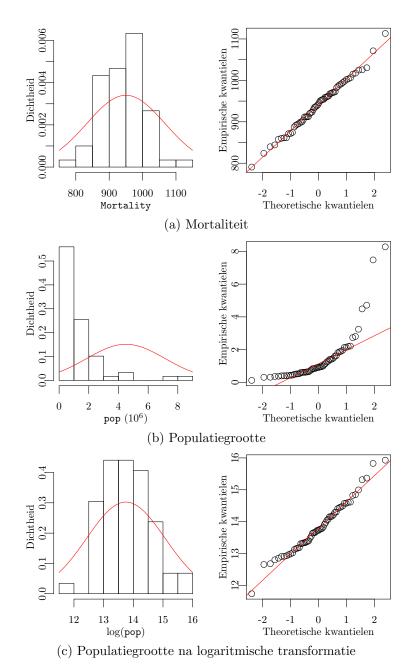
4.1 Test voor normaliteit

Veel hypothesetesten vereisen normaliteit van de veranderlijke X of van het steekproefgemiddelde \overline{X} , maar meestal is de verdeling van een veranderlijke niet gekend. Daarom starten de meeste analyses met het nagaan van de normaliteit.

Een eerste mogelijkheid om de verdeling van een veranderlijke te achterhalen is naar de vorm van het histogram te kijken, aangevuld met een passende normale kromme. Hoewel deze voorstelling relevante informatie kan geven over symmetrie en de globale vorm van de verdeling, is het onmogelijk uitspraken te doen over de exacte verdeling, aangezien door het categoriseren van de data veel informatie verloren gaat.

```
> x = Mortality
> hist(x, freq=FALSE)
> curve(dnorm(x, mean(x), sd(x)), col='red', add=TRUE)
4 > x = pop/10^6
> hist(x,freq=FALSE, main="")  # zie Figuur 4.1
6 > curve(dnorm(x, mean(x), sd(x)), col='red', add=TRUE)
```

Een normale kwantielplot levert een veel duidelijkere manier om te bepalen of een veranderlijke X normaal verdeeld is op basis van een steekproef x_i ,



Figuur 4.1: Dichtheidshistogrammen en kwantielplots

 $i=1,\ldots,n.$ Bovendien kunnen hierop objectieve statistische tests worden uitgevoerd.

Voor het maken van een normale kwantielplot wordt uit de gesorteerde steekproef $x_{(i)}$ de empirische kwantielfunctie \hat{Q} behaald,

$$\hat{Q}\left(\frac{i}{n}\right) = x_{(i)}.$$

Binnen de steekproef is immers i/n van de data kleiner of gelijk aan $x_{(i)}$.

Bij de empirische kansen i/n horen dus de empirische kwantielen $x_{(i)}$, maar kunnen even goed theoretische kwantielen $\Phi^{-1}\left(\frac{i}{n}\right)$ worden berekend, de kwantielen die bij deze kansen horen onder een standaardnormale verdeling. Omdat $\Phi^{-1}(1)$ niet bestaat, dringt zich een zogenaamde continuïteitscorrectie op, die $\frac{i}{n}$ vervangt door $\frac{i-0.5}{n}$. De theoretische kwantielen worden

$$z_i = \Phi^{-1} \left(\frac{i - 0.5}{n} \right)$$

en omdat voor een normale verdeelde veranderlijke $X \sim N(\mu, \sigma^2)$ geldt dat

$$Q(p) = \mu + \sigma \cdot \Phi^{-1}(p)$$

vormt de puntenverzameling

$$(z_i, x_i) = \left(\Phi^{-1}\left(\frac{i - 0.5}{n}\right), x_i\right).$$

idealiter een perfecte rechte met intercept μ en slope σ .

In de praktijk liggen de punten in een normale kwantielplot natuurlijk nooit perfect op een rechte, en is ook deze methode dus niet objectief. De Shapiro-Wilk test (shapiro.test()()) laat toe een test uit te voeren op basis van de correlatiecoëfficiënt van de normale kwantielplot.

In het vervolg van deze tekst zullen er naast de <code>shapiro.test()</code> nog heel wat andere testen aan bod komen. R toont telkens een overzicht van de testprocedure, maar de uitvoer is eigenlijk een object van de klasse <code>htest</code>, met een aantal attributen zoals teststatistiek, p-waarde en – waar van toepassing – betrouwbaarheidsinterval conf.int.

```
> TEST = shapiro.test(pop/10^6)
> attributes(TEST)
```

Blijkt een veranderlijke X de normale verdeling niet te volgen, dan is het misschien mogelijk een transformatie f te vinden zodat f(X) wel normaal is.

Een kandidaat functie f kan afgelezen worden van de normale kwantielplot. Is namelijk f(X) normaal, dan zullen de getallen $f(x_i)$ een rechte normale kwantielplot $z_i = f(x_i)$ opleveren, dus toont de normale kwantielplot de inverse transformatie $x_i = f^{-1}(z_i)$.

In het bijzonder zal het vaak mogelijk zijn om met behulp van een logaritme een scheve verdeling te tranformeren naar een (bij benadering) normale verdeling.

In Tabel 4.3 staat een stappenplan dat toelaat te beslissen of X of \overline{X} normaal verdeeld zijn. Samenvattend spelen volgende drie factoren daarin mee.

- **Steekproefgrootte** Is de steekproefgrootte echt klein, dan is er te weinig informatie om een normaliteitstest te doen en kan over de verdeling van geen van beide veranderlijken X of \overline{X} een geldige uitspraak gedaan worden.
- C.L.S. Is de steekproef voldoende groot, minstens een twintigtal meetwaarden voor een symmetrische verdeling of 40 voor een eerder scheve verdeling, dan is de centrale limietstelling (C.L.S.) geldig en is het steekproefgemiddelde \overline{X} bij benadering normaal (zie [1] pagina 194).
- **S.W.T.** Voor de steekproefwaarden zelf kan bij een steekproefgrootte vanaf 10 à 15 de Shapiro-Wilk test (S.W.T.) worden uitgevoerd. Deze vertelt of de veranderlijke X zelf normaal verdeeld is (zie [1] pagina 244).

4.2 Eén gemiddelde of gepaarde groepen

Om een test voor één gemiddelde EX of gelijkheid E(X-Y) = 0 van het gemiddelde van twee gepaarde groepen X en Y uit te voeren, zijn vier verschillende tests opgelijst in Tabel 4.3. Gerangschikt naar aflopende kracht:

z-test Indien het steekproefgemiddelde \overline{X} normaal verdeeld is en de populatievariantie σ^2 gekend, kan de normale test gebruikt worden. In principe is

dat nooit het geval. Daarom is deze in R dan ook niet geïmplementeerd (zie [1] pagina's 244 en 272).

- t-test In de meeste gevallen is de Student's t-test van toepassing. Deze vereist enkel normaliteit van het steekproefgemiddelde (zie [1] pagina 232).
- W.R.S. Indien de centrale limietstelling niet geldig is, kan Wilcoxon's rangsomtest (W.R.S.) worden gebruikt. Deze test is aangewezen als beide verdelingen ongeveer dezelfde vorm hebben (zie [1] pagina 261).
- Mediaan In extremis kan de mediaantest of tekentest worden gebruikt. Deze is geldig ongeacht verdeling van de veranderlijke of het gemiddelde, maar is in het typische geval van kleine steekproefgrootte zeer zwak. Bovendien is het een test voor de mediaan en niet voor het gemiddelde (zie [1] pagina 247).

Als voorbeeld zijn hier een aantal testen in detail uitgeschreven. Waar elders enkel de R-code staat afgedrukt, blijft de interpretatie van de test aan de lezer.

Voorbeeld 1. Verschilt de gemiddelde januaritemperatuur in de U.S.A. significant van het vriespunt?

```
> mean(JanTemp)
40 [1] 1.101852
  > sd(JanTemp)
42 [1] 5.649388
  > length(JanTemp)
44 [1] 60
  > t = mean(JanTemp)/sd(JanTemp)*sqrt(length(JanTemp)); t
46 [1] 1.510767
  > qt(.975, 59)
48 [1] 2.000995
  > 2*pt(-abs(t),length(JanTemp)-1)
50 [1] 0.1361856
  > t.test(JanTemp, mu=0, alternative="two.sided")
         One Sample t-test
  data: JanTemp
t = 1.5108, df = 59, p-value = 0.1362
  alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
56 95 percent confidence interval:
   -0.3575398 2.5612435
58 sample estimates:
  mean of x
60 1.101852
```

1. Test voor één gemiddelde:

```
X = \mathtt{JanTemp},
\int H_0: \mu_X = 0
                    met significantie \alpha = 5\%.
H_1: \mu_X \neq 0
```

```
2. Student's t-test voor één gemiddelde: T = \frac{\overline{X}_n - 0}{S/\sqrt{n}} \overset{\text{C.L.s.}}{\sim} t_{n-1},
      C.L.S. is geldig wegens n = 60
```

3. Tweezijdige test:

 H_0 verwerpen als $|t| > t_{n-1,\alpha/2}$.

4. Geobserveerde statistieken:

$$\overline{x}_{60} = 1.10, \ t = \frac{1.10 - 0}{5.65 / \sqrt{60}} = 1.51 < 2.00 = t_{59,2.5\%}$$
 $p = P(|T| > 1.51) = 13.62\% > 5\%.$

5. Besluit:

De test bevestigt wat op basis van figuur 3.5 (a) al kon worden vermoed: op basis van deze steekproef kan niet worden beslist dat de gemiddelde januaritemperatuur in de U.S.A. verschilt van het vriespunt. Het geobserveerde verschil van 1.10°C is niet significant.

Voorbeeld 2. Is de gemiddelde julitemperatuur in de U.S.A. significant hoger dan de gemiddelde januaritemperatuur?

```
> mean(JanTemp)
 [1] 1.101852
  > mean(JulyTemp)
64 [1] 23.65741
  > mean(JanTemp - JulyTemp)
66 [1] -22.55556
  > sd(JanTemp - JulyTemp)
68 [1] 5.344582
  > length(JanTemp - JulyTemp)
70 [1] 60
  > qt(.05,59)
72 [1] -1.671093
  > t.test(JanTemp, y=JulyTemp, alternative="less",
    paired=TRUE)
          Paired t-test
76 data: JanTemp and JulyTemp
  t = -32.69, df = 59, p-value < 2.2e-16
  alternative hypothesis: true difference is less than O
  95 percent confidence interval:
       -Inf -21.40253
80
  sample estimates:
  mean of the differences
                -22.55556
84 > t.test(JanTemp-JulyTemp, mu=0, alternative="less")
         One Sample t-test
86 data: JanTemp - JulyTemp
  t = -32.69, df = 59, p-value < 2.2e-16
88 alternative hypothesis: true mean is less than 0
  95 percent confidence interval:
       -Inf -21.40253
  sample estimates:
92 mean of x
  -22.55556
```

1. Test voor twee gemiddelden, gepaarde groepen:

2. Student's t-test voor twee gepaarde gemiddelden, equivalent met t-test voor één verschilveranderlijke:

$$T = \frac{\overline{X-Y}}{S/\sqrt{n}} \stackrel{\text{C.L.s.}}{\sim} t_{n-1},$$
 C.L.S. is geldig wegens $n = 60$.

- 3. Eenzijdige test: H_0 verwerpen als $t < -t_{n-1,\alpha}$.
- 5. Besluit:

Rekening houdend met de spreiding, ziet het verschil van 22.56° tussen januari- en julitemperatuur er op figuur 3.5 (b) zeer groot uit. Dit verschil blijkt inderdaad significant: op basis van deze steekproef kan worden beslist dat de gemiddelde julitemperatuur in de U.S.A. hoger is dan de gemiddelde januaritemperatuur.

Twee gemiddelden, ongepaarde groepen 4.3

Het is uiteraard niet mogelijk om de verschilveranderlijke X-Y te gebruiken in het geval van ongepaarde groepen. Er kan wel met de veranderlijke $\overline{X} - \overline{Y}$ worden gewerkt, maar daarvan is de verdeling afhankelijk van de onderliggende varianties σ_X^2 en σ_Y^2 . Daarom zijn in dit geval andere tests van toepassing, te vinden in tabel 4.3 en hieronder opnieuw gerangschikt naar aflopende kracht.

Tests voor gemiddelden

- z-test De normale test, in de praktijk nooit geldig wegens onbekende varianties (zie [1] pagina's 250 en 276).
- $t_{\sigma_1^2 \neq \sigma_2^2}$ -test Welch test of Student's t-test voor verschillende varianties (zie [1] pagina 252).
- $t_{\sigma_1^2=\sigma_2^2}$ -test Student's t-test voor gelijke varianties (zie [1] pagina 254).
- W.R.S. De Wilcoxon rangeometest of Mann-Whitney test, een veralgemening van het geval voor één gemiddelde, is aangewezen indien de centrale limietstelling in een van beide groepen niet van toepassing is (zie [1] pagina 261).

Test voor varianties

F-test Om op basis van twee steekproeven te bepalen of X en Y dezelfde dan wel verschillende variantie hebben, is de Fisher test voor twee varianties aangewezen. Deze is echter enkel geldig indien beide populaties normaal zijn (zie [1] pagina 254).

Voorbeeld 3. Is er een significant verschil tussen de gemiddelde temperatuur in januari in de noordelijke en noordoostelijke regio van de U.S.A.?

```
94 > table(regio)
  regio
  C N NO W ZO
  10 15 24 6 5
98 > tapply(JanTemp, regio, mean)
      C N NO
  3.944444 -2.074074 -1.527778 8.425926 8.777778
100
  > tapply(JanTemp, regio, sd)
       C N NO
                                   W
  5.887899 1.605583 3.612504 3.807346 6.078194
  > shapiro.test(JanTemp[regio=="N"])
         Shapiro-Wilk normality test
106 data: JanTemp[regio == "N"]
  W = 0.9622, p-value = 0.7314
  > shapiro.test(JanTemp[regio=="NO"])
108
          Shapiro-Wilk normality test
        JanTemp[regio == "NO"]
  data:
  W = 0.9588, p-value = 0.4143
  > var.test(JanTemp[regio=="N"], JanTemp[regio=="NO"])
          F test to compare two variances
114 data: JanTemp[regio == "N"] and JanTemp[regio == "NO"]
  F = 0.1975, num df = 14, denom df = 23, p-value = 0.002938
116 alternative hypothesis: true ratio is not equal to 1
  95 percent confidence interval:
  0.0791222 0.5532753
  sample estimates:
120 ratio of variances
           0.1975370
  > t.test(JanTemp[regio=="N"], y=JanTemp[regio=="NO"],
    paired=FALSE, var.equal=FALSE)
         Welch Two Sample t-test
  data: JanTemp[regio == "N"] and JanTemp[regio == "NO"]
t = -0.6458, df = 34.22, p-value = 0.5227
  alternative hypothesis: true difference is not equal to 0
128 95 percent confidence interval:
   -2.265049 1.172457
130 sample estimates:
  mean of x mean of
132 -2.074074 -1.527778
```

1. Test voor twee gemiddelden, ongepaarde groepen:

2. Student's t-test, twee ongepaarde groepen, verschillende varianties:

$$T = \frac{\overline{X} - \overline{Y}}{\sqrt{S_X^2/n_X + S_Y^2/n_Y}} \stackrel{\text{C.L.s.}}{\sim} t_r,$$

C.L.S. geldig omdat beide veranderlijken normaal verdeeld zijn, hierdoor kan de Fisher test worden gebruikt om varianties te vergelijken.

(a) Test voor normaliteit: $\begin{cases} H_0: X \sim N \\ H_1: X \nsim N \end{cases} \text{ en } \begin{cases} H_0: Y \sim N \\ H_1: Y \nsim N \end{cases} \text{ met significantie } \alpha = 5\%.$

- (b) Shapiro-Wilk test: geldig voor $n_X = 15$ en $n_Y = 24$.
- (c) Verwerpingsregel: $H_0 \text{ verwerpen als } p < \alpha.$
- (d) Geobserveerde statistieken: voor X: p = 73% > 5%, voor Y: p = 41% > 5%.
- (e) Besluit: Beide veranderlijken zijn normaal verdeeld.
- (a) TEST VOOR TWEE VARIANTIES:

$$\begin{cases} H_0: \frac{\sigma_X^2}{\sigma_Y^2} = 1\\ H_1: \frac{\sigma_X}{\sigma_Y^2} \neq 1 \end{cases} \text{ met significantie } \alpha = 5\%.$$

- (b) Fisher test voor twee varianties: geldig wegens $X \sim N$ en $Y \sim N$.
- (c) Verwerpingsregel: H_0 verwerpen als $p < \alpha$.
- (d) Geobserveerde statistieken: $\frac{s_X^2}{s_Y^2}=0.20 \text{ en } p=0.29\%\ll 5\%.$
- (e) Besluit: De varianties zijn verschillend.
- 3. Tweezijdige test: H_0 verwerpen als $|t| > t_{r,\alpha/2}$.
- 4. Geobserveerde statistieken: $\overline{x}=-2.07, \ \overline{y}=-1.53, \ |t|=|-0.65|<2.03=t_{34.22,2.5\%}.$ p=P(|T|>0.65)=52.27%>5%.
- 5. Besluit:

Het minieme geobserveerde verschil in figuur 3.5 (c) is niet significant. Op basis van deze steekproef kan niet worden beslist dat de gemiddelde januaritemperatuur in het noorden en het noordoosten van de U.S.A. verschillend is.

Voorbeeld 4. Is er een significant verschil tussen het mediane inkomen in steden van de noordelijke en noordoostelijke regio van de U.S.A.?

```
Shapiro-Wilk normality test
data: income[regio == "NO"]

W = 0.9337, p-value = 0.1181

> t.test(income[regio=="N"], y=income[regio=="NO"],

+ paired = FALSE, var.equal=FALSE)

Welch Two Sample t-test
data: income[regio == "N"] and income[regio == "NO"]

t = -0.8786, df = 35.62, p-value = 0.3855

alt. hyp.: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-2660.051 1052.401

sample estimates:

mean of x mean of y

31626.80 32430.62
```

1. Test voor twee gemiddelden, ongepaarde groepen:

2. Student's t-test, twee ongepaarde groepen, verschillende varianties:

$$T = \frac{\overline{X} - \overline{Y}}{\sqrt{S_X^2/n_X + S_Y^2/n_Y}} \stackrel{\text{C.L.S.}}{\sim} t_T$$

S.W.Ť. verwerpt normaliteit in één groep dus is de Fisher test niet geldig, maar omdat de afwijking van normaliteit niet te groot is $(p \approx 5\%)$, is de C.L.S. wel bij benadering geldig voor $n_1 = 15$ en $n_2 = 24$: gebruik een ttest voor 2 onafhankelijke groepen met verschillende variantieschattingen.

3. Tweezijdige test:

 H_0 verwerpen als $|t| > t_{r,\alpha/2}$.

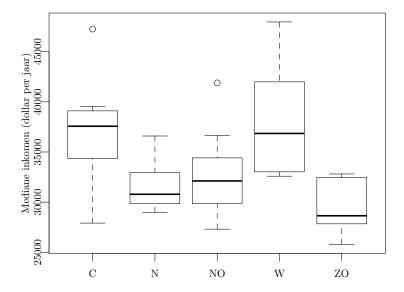
4. Geobserveerde statistieken:

```
\overline{x} = 31626.80, \ \overline{y} = 32430.62, \ |t| = |-0.8786| < 2.03 = t_{35.62,2.5\%}.
p = P(|T| > 0.8786) = 38.55\% > 5\%.
```

5. Besluit:

Zoals figuur 4.2 al suggereert is het geobserveerde verschil niet significant. Op basis van deze steekproef kan niet worden beslist dat het mediane loon in steden van de noordelijke en de noordoostelijke regio van de U.S.A. verschillend is.

Voorbeeld 5. Is er een significant verschil tussen de gemiddelde temperatuur in januari in de noordelijke en de centrale regio van de U.S.A.?



Figuur 4.2: Vergelijkende boxplots van het mediane inkomen per regio

1. Test voor twee gemiddelden, ongepaarde groepen:

2. Wilcoxon rangsomtest:

 $W={\rm rangsom}$ van waarden in een groep, steekproefgrootte $n_Y=10$ ontoereikend voor zowel C.L.S. als S.W.T.

3. Tweezijdige test: H_0 verwerpen als $p < \alpha$.

4. Geobserveerde statistieken: w = 24.5, p = 0.53% < 5%.

5. Besluit:

Het verschil tussen januaritemperaturen in het noorden en het centrum van de U.S.A. ziet er op figuur 3.5 (c) eerder uitgesproken uit en is inderdaad significant. Op basis van deze steekproef kan worden beslist dat het tijdens de maand januari in het noorden van de U.S.A. gemiddeld kouder is dan in het centrum van het land.

4.4 Test voor afhankelijkheid

Voorgaande testprocedures vergeleken enkel populatieparameters. Vaak is het ook interessant om het verband tussen verschillende veranderlijken te bestuderen. Hiertoe bestaan verschillende tests die voornamelijk afhangen van het type veranderlijke, zoals te zien in tabel 4.3.

- P.C.T. Samenhang tussen continue veranderlijken kan bestudeerd worden middels de correlatiecoëfficiënt. De Pearson correlatietest (P.C.T.) is echter enkel geldig voor normale populaties (zie [1] pagina 278).
- **S.C.T.** Voor niet-normale populaties is er de Spearman correlatietest. Deze gebruikt de rangen in plaats van de meetwaarden en kan in bepaalde gevallen dus ook gebruikt worden voor ordinale veranderlijken, namelijk als er niet overmatig veel samenvallende waarden (*ties*) zijn.
- χ^2 -Test Voor kwalitatieve veranderlijken kan een kruistabel worden opgesteld, waarin dan verwachte met geobserveerde aantal kunnen worden vergeleken. Zijn de celfrequenties voldoende groot (Cochran-regel), dan is de Pearson χ^2 -test voor afhankelijkheid in een kruistabel van toepassing (zie [1] pagina 279).
- **F.E.T.** In het geval van een 2×2 -tabel waarin de Cochran-regel niet geldig is, kan de Fisher exacte test worden gebruikt. De precieze werking valt buiten bestek van de cursus, maar de hypothesen zijn identiek als bij de χ^2 -test voor afhankelijkheid en de door R berekende p-waarde kan dus probleemloos worden geïnterpreteerd.

Voor kwalitatieve veranderlijken zijn er tests voor algemene afhankelijkheid, gebaseerd op kruistabellen. Onderscheid is nodig naargelang het aantal verwachte observaties in elke cel.

Voorbeeld 6. Is er significante samenhang tussen de hoeveelheid arbeiders en het inkomen?

```
_{166}| > chisq.test(arbeid, inkomen)$observed
              inkomen
                1
                   2
  arbeid
    laag
                1
                  0
    gemiddeld
                9 24 10
170
                5
    hoog
  Warning message: ... approximation may be incorrect
   > chisq.test(arbeid, inkomen) $expected
              inkomen
  arbeid
                1.016949 1.898305 0.8135593 0.2711864
    laag
176
     gemiddeld 11.440678 21.355932 9.1525424 3.0508475
                2.542373 4.745763 2.0338983 0.6779661
  Warning message: ... approximation may be incorrect
  > arbeid2 = cut(100-X.WC, c(0,55,100),
180
         labels=c("laag2", "hoog2"), ordered_result=TRUE)
  > inkomen2 = cut(income, c(0,30000,35000,Inf),
182
          labels=c("1","2","3-4"), ordered_result=TRUE)
  > chisq.test(arbeid2, inkomen2)$observed
          inkomen2
  arbeid2 1 2 3-4
    laag2 5 18 12
    hoog2 10 10
  > chisq.test(arbeid2, inkomen2)$expected
         inkomen2
190
  arbeid2
                                   3 - 4
```

1. Test voor afhankelijkheid:

```
X = 	ext{arbeid}, Y = 	ext{inkomen}, \begin{cases} H_0: X \text{ en } Y \text{ zijn onafhankelijk} \\ H_1: X \text{ en } Y \text{ zijn afhankelijk} \end{cases} met significantie \alpha = 5\%.
```

2. χ^2 -test voor afhankelijkheid:

Heel wat verwachte aantallen zijn kleiner dan 5, dus wordt een nieuwe veranderlijke arbeid2 gemaakt als volgt,

```
hoog2 – meer dan 55% arbeiders;
laag2 – minder dan 55% arbeiders.
```

Analoog voor inkomen2,

- 1 mediaan inkomen < 30000 dollar;
- 2 30000 dollar < mediaan inkomen < 35000 dollar;
- 3-4 35000 dollar < mediaan inkomen.

Hiermee worden de vereiste aantallen wel gehaald en zal de χ^2 -benadering voldoende accuraat zijn.

3. Eenzijdige test:

$$H_0$$
 verwerpen als $\chi^2 > \chi_{\rm df,\alpha}^2$ of $p < \alpha$.

4. Geobserveerde statistieken:

$$\chi^2 = 6.11 > 5.99 = \chi^2_{2.5\%}$$
 en $p = 4.70\% < 5\%$.

5. Besluit:

Er is een indicatie dat het mediaan inkomen en het aantal arbeiders in een stad afhankelijk zijn van elkaar. In de tabel met residuen is te zien dat de grootste afwijking zich voordoet in cel (hoog2, 1) met geobserveerde frequentie 10 en verwachte frequentie 6. In de dataset zijn dus meer steden met veel arbeiders en lage lonen dan verwacht in het geval er geen afhankelijkheid zou zijn. Dit effect wordt bevestigd in de andere cellen: de gegevens suggereren dus dat de lonen lager liggen als er meer arbeiders zijn en hoger als er meer bedienden zijn.

Ter illustratie worden hieronder de verschillende statistieken bij de χ^2 -test manueel nagerekend.

```
> obs = table(arbeid2, inkomen2); obs
         inkomen2
204
   arbeid2 1 2 3-4
    laag2 5 18 12
206
    hoog2 10 10 4
  > exp = rowSums(obs)%*%t(colSums(obs))/sum(obs); exp
208
              1
                       2
                               3 - 4
210 [1,] 8.898305 16.61017 9.491525
   [2,] 6.101695 11.38983 6.508475
  > res = sign(obs-exp)*sqrt((obs-exp)^2/exp); res
         inkomen2
214 arbeid2
                               2
                                         3 - 4
                    1
    laag2 -1.3068393 0.3410160 0.8142199
    hoog2 1.5781584 -0.4118160 -0.9832639
   > chisq = sum(res^2); chisq
  [1] 6.114059
   > df = prod(dim(res)-1); df
  [1] 2
  > 1-pchisq(chisq,df)
222 [1] 0.04702718
```

Voorbeeld 7. Is er ook in de noordoostelijke regio significante samenhang tussen de hoeveelheid arbeiders en het inkomen?

```
> x = arbeid[regio=="NO"]; y = inkomen[regio=="NO"]
224 > chisq.test(x,y)$expected
                           2
226
                  1
                                     3
              0.50 1.083333 0.3333333 0.08333333
    laag
    gemiddeld 4.25 9.208333 2.8333333 0.70833333
228
               1.25 2.708333 0.8333333 0.20833333
    hoog
230 Warning message: ... approximation may be incorrect
  > fisher.test(x,y)
          Fisher's Exact Test for Count Data
232
   data: x and y
  p-value = 0.09498
  alternative hypothesis: two.sided
```

1. Test voor afhankelijkheid:

```
\begin{array}{l} X = \texttt{arbeid}_{\texttt{NO}}, \\ Y = \texttt{inkomen}_{\texttt{NO}}, \\ \begin{cases} H_0 : X \text{ en } Y \text{ zijn onafhankelijk} \\ H_0 : X \text{ en } Y \text{ zijn afhankelijk} \\ \end{array} \quad \text{met significantie } \alpha = 5\%. \end{array}
```

2. Fisher exacte test voor afhankelijkheid:

Zelfs na samenvoegen blijven heel wat celfrequenties kleiner dan 5, de χ^2 -benadering is niet betrouwbaar.

- 3. Tweezijdige test:
 - H_0 verwerpen als $p < \alpha$.
- 4. Geobserveerde statistieken: p = 9.50% > 5%.

5. Besluit:

De Fisher exacte test vindt geen significant verband tussen het mediane inkomen en het aantal arbeiders in noordoostelijke steden. Dit kan betekenen dat er in die regio inderdaad geen verband is, maar mogelijk is het aantal observaties hier te laag om de nulhypothese te verwerpen.

Voor kwantitatieve veranderlijken zijn er correlatietests, welke enkel lineaire afhankelijkheid nagaan. Het zal soms nuttig zijn om kwantitatieve veranderlijken door hercodering om te zetten in kwalitatieve veranderlijken namelijk om andere dan lineaire verbanden te vergelijken, of om afhankelijkheid tussen een continue en een categorische veranderlijke na te gaan. Voor een ordinale veranderlijke met veel categorieën en relatief weinig knopen kan een Spearmancorrelatietest aangewezen zijn, bijvoorbeeld als hercoderen te veel informatieverlies betekent. In dat geval worden de ordinale gegevens in essentie eerst met rank() omgezet in rangnummers vooraleer de steekproefcorrelatie te berekenen.

Voorbeeld 8. Is er significante samenhang tussen januari- en julitemperatuur?

```
236 > cor(JanTemp, JulyTemp)
   [1] 0.3462819
| > cor(JanTemp, JulyTemp, method = c("spearman"))
   [1] 0.4371762
240 > shapiro.test(JanTemp)
           Shapiro-Wilk normality test
         JanTemp
242 data:
  W = 0.9278, p-value = 0.001606
244 > shapiro.test(JulyTemp)
          Shapiro-Wilk normality test
246 data: JulyTemp
  W = 0.9778, p-value = 0.3443
| > cor.test(JanTemp, JulyTemp, method = c("spearman"))
           Spearman's rank correlation rho
250 data: JanTemp and JulyTemp
  S = 20256.03, p-value = 0.0004783
252 alt. hyp.: true rho is not equal to 0
  sample estimates:
        rho
254
256 Warning message: [] Cannot compute exact p-values with ties
```

1. Test voor afhankelijkheid:

```
\begin{array}{l} X = \mathtt{JanTemp}, \\ Y = \mathtt{JulyTemp}, \\ \begin{cases} H_0: \rho(X,Y) = 0 \\ H_0: \rho(X,Y) \neq 0 \end{cases} \quad \text{met significantie } \alpha = 5\%. \end{array}
```

2. Spearman correlatietest:

De Shapiro-Wilk test (p = 0.16%) toont dat JanTemp niet normaal verdeeld is, waardoor de Pearson correlatietest niet is aangewezen.

3. Eenzijdige test:

 H_0 verwerpen als $p < \alpha$.

4. Geobserveerde statistieken:

```
p = 0.05\% \ll 5\%.
```

5. Besluit:

De steekproefcorrelatie r=0.35 van januari- en julitemperatuur is significant verschillend van nul. De test bevestigt dus de trend in figuur 3.6: de gegevens tonen afhankelijkheid tussen beide veranderlijken, steden met een hogere januaritemperatuur hebben gemiddeld ook een hogere julitemperatuur.

4.5 Test voor proporties

In het geval van één of twee proporties is een normale benadering vaak te verantwoorden, maar in R zijn andere testen geïmplementeerd. Voor het testen van één proportie, is er immers de exacte, binomiale test. In het geval van twee proporties is het mogelijk een test voor afhankelijkheid uit te voeren op de kruistabel van successen en mislukkingen versus beide groepen.

Voorbeeld 9. Verschilt de proportie steden met een gemiddelde hoeveelheid arbeiders significant van 50%?

```
> table(arbeid)
  arbeid
258
        laag gemiddeld
                            hoog
260
   > length(arbeid)
  [1] 60
262
   > binom.test(46, 60, p=0.50, alternative="two.sided")
          Exact binomial test
264
   data: 46 and 60
  number of successes = 46, number of trials = 60, p-value =
266
   4.224e-05
268 alt. hyp.: true prob. of success not equal to 0.5
  95 percent confidence interval:
   0.6396172 0.8661627
270
  sample estimates:
272 probability of success
                0.7666667
|274| > 2*(1-pbinom(45, 60, .5))
  [1] 4.223705e-05
```

1. Test voor één proportie:

X = Een stad heeft een laag aantal arbeiders, $\begin{cases} H_0: \mu_X = 50\% \\ H_1: \mu_X \neq 50\% \end{cases}$ met significantie $\alpha = 5\%$.

2. Exacte test voor één proportie:

$$X_i \sim_{H_0} B(50\%)$$
 en $Y = \sum_{i=1}^{60} X_i \sim B(60, 50\%)$.

3. Tweezijdige test:

 H_0 verwerpen als $2P(Y \ge y) < \alpha$.

4. Geobserveerde statistieken:

```
n = 60 \text{ en } y = 46, p = 2P(Y \ge 46) \approx 0\% \ll 5\%.
```

5. Besluit:

De geobserveerde proportie, 77% steden met een gemiddeld aantal arbeiders, verschilt significant van 50%. De steekproef wijst op een grotere proportie steden met een gemiddeld aantal arbeiders.

Voorbeeld 10. Is er een significant verschil tussen de proportie steden met een gemiddeld aantal arbeiders in de noordoostelijke regio en de rest van de U.S.A.?

```
276 > table(arbeid=="gemiddeld", regio=="NO")
           FALSE TRUE
     FALSE
               7
278
     TRUE
              29
                   17
  > prop.test(c(17,29), c(24,36), alternative="two.sided")
           2-sample test for equality of proportions
           with continuity correction
282
         c(17, 29) out of c(24, 36)
284 \times - Squared = 0.3144, df = 1, p-value = 0.575
   alternative hypothesis: two.sided
286 95 percent confidence interval:
   -0.3550639 0.1606194
288 sample estimates:
     prop 1
               prop 2
290 0.7083333 0.8055556
```

1. Test voor twee proporties:

X= Een stad uit het NO heeft een gemiddeld aantal arbeiders, Y= Een stad uit een andere regio heeft een gemiddeld aantal arbeiders, $\begin{cases} H_0: \mu_X=\mu_Y\\ H_1: \mu_X\neq\mu_Y \end{cases} \quad \text{met significantie } \alpha=5\%.$

- 2. Test omtrent twee onbekende proporties.
- 3. Tweezijdige test: H_0 verwerpen als $p < \alpha$.
- 4. Geobserveerde statistieken:

$$p = 57.5\% > 5\%$$
.

5. Besluit:

De geobserveerde proporties steden met een gemiddeld aantal arbeiders in het noordoosten (71%) en in de rest van de U.S.A. (81%) zijn niet significant verschillend. Op basis van deze test kan niet worden beslist dat er een verschillende proportie arbeiders in het noorden of het noordoosten is.

Tabel 4.1: Stappenplan voor het uitvoeren van hypothesetesten

1. Testprobleem:

Voorbeeld:

• Soort test

Test voor één gemiddelde

• Nulhypothese en alternatieve hypothese

 $\begin{cases} H_0: \mu = \mu_0 \\ H_1: \mu \neq \mu_0 \end{cases}$

• Significantieniveau

 $\alpha = 5\%$

2. Teststatistiek:

• Veranderlijke

 $T_n = \frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n / \sqrt{n}}$

• Verdeling

 $T_n \sim t_{n-1}$

• Voorwaarden

C.L.S.

3. Testcriterium:

• Aanvaardingsgebied

 $[-t_{n-1,\alpha/2},t_{n-1,\alpha/2}]$

 \bullet Definieer p-waarde

 $p = P(|T_n| > |t_{obs}|)$

• Schets van de verdeling en het aanvaardingsgebied

4. Observaties:

• Steekproefstatistiek

 $t_{obs} = \frac{\overline{x}_n - \mu_0}{s_n / \sqrt{n}}$

 \bullet Bereken p-waarde

 $p = P(|T_n| > |t_{obs}|)$

 $\bullet\,$ Vul figuur aan met statistiek en p-waarde

5. Besluit:

- Schrijf of H_0 wordt aanvaard of verworpen
- Formuleer een conclusie: Op basis van deze steekproef . . .
- \bullet Schrijf niet dat de nul
hypothese waar is of dat de alternatieve wordt verworpen.

Tabel 4.2: Statistieken bij de belangrijkste hypothesetesten

z-test voor één gemiddelde $Z = \frac{\overline{X} - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} \sim N(0,1)$

z-test

t-test voor één gemiddelde $T = \frac{\overline{X} - \mu_0}{S_X/\sqrt{n}} \sim t_{n-1}$

t-test

Twee gemiddelden, gepaarde gegevens $T = \frac{\overline{X-Y}}{S_{X-Y}/n} \sim t_{n-1}$

Twee gemiddelden, ongepaard, gelijke varianties

 $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$

$$T = \frac{(\overline{X} - \overline{Y})}{S_p \sqrt{1/n_1 + 1/n_2}} \sim t_{n_1 + n_2 - 2} \text{ met } S_p^2 = \frac{(n_1 - 1)S_1^2 + (n_2 - 1)S_2^2}{n_1 + n_2 - 2}$$

Twee gemiddelden, ongepaard, verschillende varianties

 $t_{\sigma_1^2 \neq \sigma_2^2}$

$$T = \frac{\overline{X} - \overline{Y}}{\sqrt{S_1^2/n_1 + S_2^2/n_2}} \approx t_r \text{ met } r = (\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2})^2 / (\frac{(s_1^2/n_1)^2}{n_1 - 1} + \frac{(s_2^2/n_2)^2}{n_2 - 1})$$

Twee varianties $F = \frac{S_1^2}{S_2^2} \sim F_{n_1-1,n_2-1}$

F-test

Wilcoxon-rangsom of Mann-Whitney test

W.R.S.

$$\frac{W - n_1 \cdot (n_1 + n_2 + 1)/2}{\sqrt{n_1 \cdot n_2 \cdot (1 + n_1 + n_2)/12}} \approx N(0, 1)$$

z-test voor één proportie $Z = \frac{\hat{p} - p_0}{\sqrt{p_0(1-p_0)/n}} \sim N(0,1)$

z-test voor twee proporties $Z = \frac{(\hat{p}_1 - \hat{p}_2)}{\sqrt{p_1(1-p_1)/n_1 + p_2(1-p_2)/n_2}} \sim N(0,1)$

Pearson correlatietest $T = \frac{R\sqrt{n-2}}{\sqrt{1-R^2}} \sim t_{n-2}$

P.C.T.

 χ^2 -test voor afhankelijkheid van kwalitatieve variabelen

 χ^2 -test

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \sim \chi^2_{(m-1)(n-1)}$$

 χ^2 -test P.C.T. S.C.T. $\leftarrow Cochran \xrightarrow{2 \times 2, \text{ ongeldig}} F.E.T.$ W.R.S. $t_{\sigma_1^2
eq \sigma_2^2}$ $t_{\sigma_1^2=\sigma_2^2}$ \Rightarrow z-test (b) Testen voor 2 gemiddelden, ongepaarde groepen $X,Y \sim ?$ (d) Testen voor afhankelijkheid nee $n \times m$, ongeldig F-test $\overline{X}, \overline{Y} \sim ?$ $\overline{X}, \overline{Y} \sim N, \ \sigma_1^2 \text{ en } \sigma_2^2 \text{ gekend}$ Kruis-tabel ties? Ordinaal Nominaal Normaliteit Numeriek Data- $_{\mathrm{type}}$ Mediaan W.R.S. $\Rightarrow t$ -test $\frac{X \sim ?}{\overline{X}} \approx_{C.L.S.} N(\mu, \frac{\sigma^2}{n})$ z-test $\frac{X \sim N(\mu, \sigma^2)}{\overline{X} \sim N(\mu, \frac{\sigma^2}{n})}$ (a) Testen voor één gemiddelde of gepaarde groepen $X \sim X$ $X \sim 2$ schatting s^2 nee (c) Testen voor normaliteit Symmetrie Variantie H_1 , n groot n zeer klein H_1 , n klein $X \sim ?$ Steekproefgrootte S.W.T. C.L.S

Tabel 4.3: Overzicht van de belangrijkste hypothesetesten

Tabel 4.4: Hypothesetesten in R

```
## hypothesetest uitvoeren
2 shapiro.test(CTU)
                             # Shapiro-Wilk-test
  t.test(CTU,
                             # t-test voor 1 gemiddelde
  mu = mu0,
   alternative="two.sided" # "less", "greater"
6 conf.level=0.95)
  t.test(CTU1,
                             # t-test voor 2 gemiddelden
s y = CTU2,
   paired = FALSE,
var.equal = FALSE)
  binom.test(x, n, p = 0.5) # binomiale test 1 proportie
                           # chi^2-test voor 2 proporties
prop.test(x, n)
  wilcox.test(ORD, mu = 0,  # Wilcoxon-tekenrangsomtest
y = NULL,
   paired = FALSE)
var.test(CTU1, CTU2)
                             # F-test voor 2 varianties
  cor.test(VAR1, VAR2,
                             # Correlatietest
  method = "pearson")
                          # "kendall", "spearman
# chi^2-test afhankelijkheid
# Fisher exacte test
                             # "kendall", "spearman"
18
  chisq.test(CAT1, CAT2)
fisher.test(CAT1, CAT2)
  ## resultaten van een testprocedure
22 TEST = <naam>.test(...)
                            # testresultaten toekennen
                            # "htest"
  class(TEST)
                            # alle attributen bij test
24 attributes (TEST)
                            # teststatistiek
  TEST$statistic
                            # vrijheidsgraden
26 TEST$parameter
                            # p-waarde
  TEST$p.value
28 TEST$conf.int
                            # betrouwbaarheidsinterval
  TEST$estimate
                            # schatter
30 TEST$null.value
                            # HO-waarde
  TEST$alternative
                            # H1
32 TEST$method
                             # testmethode
  TEST$data.name
                             # naam van de dataset
34 ? < naam > ()
                             # meer info onder 'value'
```

Hoofdstuk 5

Regressie-analyse

Waar een correlatietest enkel kan vertellen of er een verband is tussen verschillende veranderlijken, zal het met regressie mogelijk zijn om dat verband expliciet op te stellen. Dit vereist echter een aantal weldoordachte stappen zoals schematisch weergegeven in tabel 5.2. Het is immers niet moeilijk om de best passende rechte door een puntenwolk te trekken, wel om na te gaan of deze effectief het onderliggende verband tussen de veranderlijken beschrijft.

Eerst zal een eenvoudig regressiemodel worden opgesteld, omdat het resultaat, residu-analyse en outlier-onderzoek in geval van één enkele veranderlijke gemakkelijk grafisch voor te stellen zijn. Vanaf sectie 5.5 wordt het algemene geval van meerdere kandidaat regressoren bestudeerd.

5.1 Model opstellen

Op basis van theorie, voorkennis of verkennende grafieken, wordt een model voorgesteld, met p-1 verklarende veranderlijken en p onbekende, te schatten coëfficiënten β_i ,

$$E(Y \mid X = x_i) = \beta_0 + \sum_{i=1}^{p-1} \beta_i \cdot x_i.$$

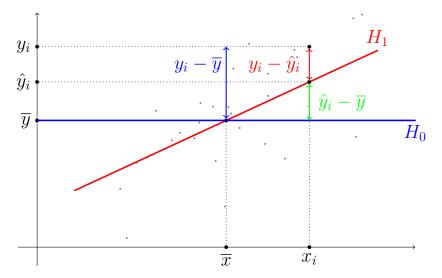
De kleinste kwadratenmethode levert schattingen $b_i = \hat{\beta}_i$ voor deze coëfficiënten. Algemeen zullen de meetpunten (x_i, y_i) zoals geïllustreerd in Figuur 5.1 niet gelijk zijn aan de voorspellingen (x_i, \hat{y}_i) van het model

$$\hat{y}_i = b_0 + \sum_{i=1}^{p-1} b_i \cdot x_i,$$

maar is er een afwijking r_i , het residu,

$$y_i = b_0 + \sum_{i=1}^{p-1} b_i \cdot x_i + r_i = \hat{y}_i + r_i.$$

Deze residuen zullen de sleutel zijn om de kwaliteit van een model te bepalen: ze laten toe problemen met modelveronderstellingen te ontdekken, hypothesetesten uit te voeren en om modellen te vergelijken.



Figuur 5.1: Voorspellingen en residuen bij een eenvoudig regressiemodel.

Als een regressiemodel de variatie in de data ten opzichte van het evenwichtspunt \overline{y} goed verklaart, zullen de voorspellingen \hat{y}_i dicht aansluiten bij de meetwaarden y_i en zullen de residuen klein zijn. Om kwantitatieve uitspraken te doen over alle residuen, wordt gekeken naar de kwadratensommen:

- $SST = \sum_{i=1}^{n} (y_i \overline{y})^2 = Sum \ of \ Squares \ Total$
- SSM = $\sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_i \overline{y})^2 = Sum \text{ of } Squares \text{ for } Model$
- SSE = $\sum_{i=1}^{n} (y_i \hat{y}_i)^2 = Sum \text{ of } Squares \text{ for } Error$

Een eerste maat die op basis van deze kwadratensommen wordt gedefinieerd is de determinatiecoëfficiënt $R^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \overline{y})^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \overline{y})^2} = \frac{\text{SSM}}{\text{SST}} = 1 - \frac{\text{SSE}}{\text{SST}}$, maat voor het percentage van de variabiliteit in de dataset dat door het model wordt verklaard. Voor een perfect model, waarin alle residuen gelijk zijn aan nul, geldt SSM = SST en is $R^2 = 1$, voor een model waar alle coëfficiënten nul zijn en waarin de regressoren dus niets verklaren geldt $R^2 = 0$.

In de praktijk wordt doorgaans de aangepaste determinatiecoëfficiënt gebruikt,

$$R_{\rm adj}^2 = 1 - \frac{{\rm SSE}/(n-p)}{{\rm SST}/(n-1)},$$

die dezelfde interpretatie heeft maar wordt gepenaliseerd voor extra termen in het regressiemodel: wordt een term toegevoegd die weinig of geen bijdrage aan het model levert, dan zal $R_{\rm adi}^2$ dalen.

Als de modelveronderstellingen geldig zijn (volgende sectie), kan worden nagegaan of het gevonden model wel degelijk enige variatie in de data verklaart,

$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \ldots = \beta_{n-1} = 0.$$

Indien het model absoluut niets verklaart, zal SSM klein zijn in vergelijking met SSE, in het andere geval wordt SSM relatief groot. De test bij deze hypothese

op basis van volgende teststatistiek heet de globale F-test,

$$F = \frac{\text{SSM}/(p-1)}{\text{SSE}/(n-p)} \sim F_{p-1,n-p}.$$

Van elke coëfficiëntenschatter $\hat{\beta}_i$ kan de standaardfout $s(\hat{\beta}_i)$ worden berekend en, als de modelveronderstellingen geldig zijn, de verdeling opgesteld,

$$\frac{\hat{\beta}_i - \beta_i}{s_{\beta_i}} \sim t_{n-p-1}.$$

Deze statistieken laten toe te testen of een individuele coëfficiënt β_i al dan niet signifiant van nul verschilt.

Een regressiemodel wordt gemaakt met het commando lm() dat een argument van de klasse formula heeft. Het resultaat is een object van klasse lm dat heel wat attributen bevat. Verder geven de methoden summary() en plot() een overzicht van de belangrijkste aspecten van het regressiemodel.

```
> model1 = lm(income~Education)
2 > plot(income~Education)
  > abline(model1, col='red')
                                                  # zie Figuur 5.2
4 > summary(model1)
  Call:
6 lm(formula = income ~ Education)
  Residuals:
              1Q Median
  -5977.7 -3070.4 -210.7 1918.5 14988.3
 Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
 (Intercept) 3984.1 6600.5 0.604 0.548
                2668.5
                            600.1 4.446 4.09e-05 ***
  Education
  Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1
Residual standard error: 3888 on 57 degrees of freedom
   (1 observation deleted due to missingness)
Multiple R-squared: 0.2575, Adjusted R-squared: 0.2445
  F-statistic: 19.77 on 1 and 57 DF, p-value: 4.090e-05
 > class(model1)
  [1] "lm"
22 > attributes(model1)
   [1] "coefficients" "residuals" "effects" "rank"
   [1] "coefficients residual"
[5] "fitted.values" "assign" "qr" "df.residual"
[6] "na action" "xlevels" "call" "terms"
  [9] "na.action"
  [13] "model"
```

Het voorgestelde eenvoudige lineaire model income = $\beta_0 + \beta_1$ · Education levert als kleinste kwadratenschatting

$$income = 3984 + 2669 \cdot Education. \tag{5.1}$$

Er wordt slechts een klein deel van de variabiliteit van income verklaard door Education ($R^2 = 0.26$) maar het waargenomen effect is zeker geen toevalseffect, aangezien de F-test extreem significant is ($p \approx 0\%$).

Deze vergelijking stelt dat het jaarinkomen in een stad met gemiddeld 2669 dollar stijgt per jaar opleiding dat de inwoners van die stad gemiddeld genieten en in principe is de betekenis van de intercept $b_0 = 3984$ dat het gemiddelde inkomen in een stad waar geen scholing is per jaar 3984 dollar bedraagt.

De intercept is echter niet te interpreteren omdat deze ver buiten het bereik [9.0, 12.3] van Education ligt en dus een enorm grote fout kent. Het heeft geen zin zich af te vragen wat het loon is in een stad waar geen scholing is, omdat in de steekproef scholing in elke stad minstens negen jaar is. Enkel indien de intercept een fysische betekenis heeft en indien het bereik van de regressor rond of in de buurt van de nul ligt, kan deze waarde worden geïnterpreteerd en heeft de corresponderende t-test (zie verder) zin. Maar zelfs in dat geval is het expliciet weglaten van de intercept doorgaans enkel aangewezen als het theoretisch model dit voorschrijft. De intercept onderdrukken kan met een commando van de vorm $lm(Y^*X-1)$.

5.2 Modelveronderstellingen

Zelfs al is een model significant, dan nog is het niet noodzakelijk juist of betrouwbaar. Of dit het geval is, kan nagegaan worden met de residuen, die zich zouden moeten gedragen als een zuiver lukrake steekproef uit een normaalverdeling met gemiddelde nul en een constante variantie ten opzichte van de regressoren, de zogenaamde Gauss-Markov voorwaarden:

$$\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2).$$

Deze modelveronderstellingen kunnen worden gecontroleerd op de normale kwantielplot en residuplots (\hat{y}_i, e_i) . Zijn de residuen niet normaal verdeeld, of is er sprake van heteroscedasticiteit, dan is het niet mogelijk om betrouwbare intervalschattingen rond de voorspellingen te maken. Een transformatie (sectie 5.6) kan eventueel wel soelaas bieden wanneer de residuen geen parallelle band rond nul vormen.

De specifieke deelset waarop de analyse is gebaseerd, is op te vragen met \$model. Deze bestaat enkel uit de veranderlijken die bij de regressie betrokken zijn en die cases waarvan geen waarden ontbreken voor deze veranderlijken. Er zijn attributen voor de residuen (\$residuals) en de geschatte respons (\$fitted.values).

```
42 > plot(x_i, residuen)
> abline(h=0, col='red') # zie Figuur 5.2
```

De residuplot toont een mooie parallelle band rond nul, dus de residuen hebben een constant gemiddelde nul en een constante variantie. De residuen zijn echter niet normaal verdeeld, dus intervalschattingen met dit model zijn niet noodzakelijk betrouwbaar. Er zijn op het zicht mogelijks twee belangrijke uitschieters, die nader kunnen worden onderzocht.

5.3 Opsporen van uitschieters

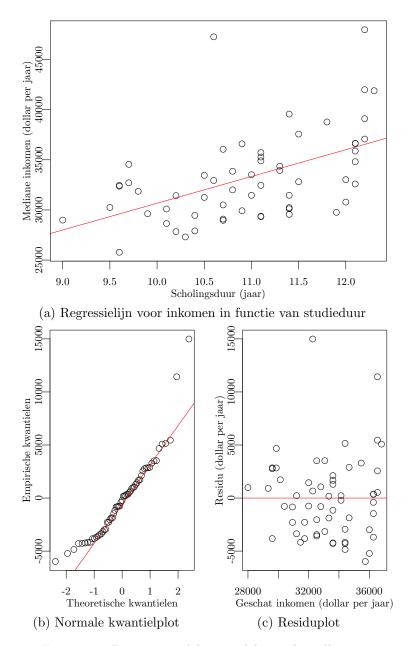
Tot slot is het mogelijk dat individuele waarden, uitschieters, de parameters van het model sterk beïnvloeden. Worden dergelijke waarden opgemerkt, dan moeten deze zeker worden gerapporteerd als invloedrijk, maar absoluut niet zonder meer uit het regressiemodel verwijderd. Dit mag enkel indien

- een waarde zo onwaarschijnlijk is dat het zeker een meetfout moet betreffen, bijvoorbeeld een julitemperatuur van 75°C;
- een case om duidelijke redenen niet binnen de onderzoekspopulatie past, bijvoorbeeld een klein dorpje in een steekproef met voor de rest enkel metropolen.

In elk van beide gevallen moet de keuze om een meetwaarde uit een regressiemodel te weren goed worden gemotiveerd. Punten kunnen op verschillende manieren invloed uitoefenen:

- als verticale outlier,
- als horizontale outlier,
- als invloedrijk punt.

De eerste soort outliers kan worden geïdentificeerd als die punten met de grootste waarden voor het gestandaardiseerde residu. Het is zeker niet de bedoeling om hier een bepaald percentage van de meest extreme punten weg te gooien. Enkel indien punten zich in de grafiek duidelijk van de andere distantiëren, komen ze eventueel in aanmerking als outlier, maar ze mogen pas definitief worden verwijderd uit het model indien ze een duidelijke en negatieve invloed hebben op het model, en indien het te verantwoorden is dat zij niet door dat model kunnen worden verklaard. Het opsporen van andere soorten outliers valt buiten bestek van deze handleiding maar wordt bijvoorbeeld behandeld in sectie 7.4 van [2].



Figuur 5.2: Regressiemodel en modelveronderstellingen

```
Coefficients:
                      Estimate Std.Err. t value Pr(>|t|)
  (Intercept)
                       5970.1 5175.2
                                           1.154
  Education[-c(8, 48)] 2444.8
                                           5.188 3.15e-06***
                                  471.2
58
  Multiple R-squared: 0.3286,
                                  Adjusted R-squared: 0.3164
  F-statistic: 26.92 on 1 and 55 DF, p-value: 3.153e-06
  > plot(income~Education)
   points (income [c(8,48)] Education [c(8,48)],
      pch=16, col='red')
  > abline(model1, col='red')
   abline(model2, col='blue')
                                                 # zie Figuur 5.3
```

De steden Bridgeport-Milford en San Francisco blijken een voor het regressiemodel onverklaarbaar hoog mediaan inkomen te hebben. Een model waarbij deze outliers zijn weggelaten,

$$income = 5970 + 2445 \cdot Education, \tag{5.2}$$

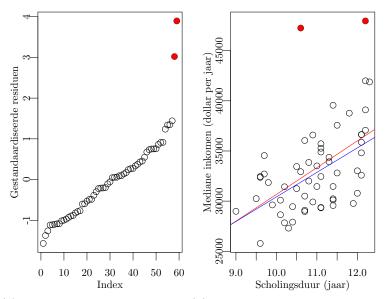
levert echter geen winst in de determinatiecoëfficiënt en verandert het model nauwelijks. Er is geen reden te bedenken waarom die twee steden zich van de andere onderscheiden, er is evenmin reden om aan te nemen dat de waarden voor **income** voor deze twee steden foutief zouden zijn. Het oorspronkelijke model (5.1) wordt behouden.

5.4 Voorspellingen en voorspellingsintervallen

Indien uiteindelijk een bevredigend model is gevonden, kan dit worden gebruikt om schattingen te doen:

- 1. Een puntschatting $\hat{y}_0 = b_0 + \sum_{i=1}^{p-1} b_i x_{i,0}$;
- 2. Een betrouwbaarheidsinterval dat met kans 1α de gemiddelde respons bij deze x_0 bevat;
- 3. Een voorspellingsinterval dat met dezelfde kans een individuele respons bij x_0 bevat.

Voorspellingen en voorspellingsintervallen worden berekend met predict(). Kansuitspraken betreffende de intervalschattingen zijn enkel geldig indien alle modelveronderstellingen zijn voldaan.



(a) Gestandaardiseerde residuen (b) Model met en zonder outliers

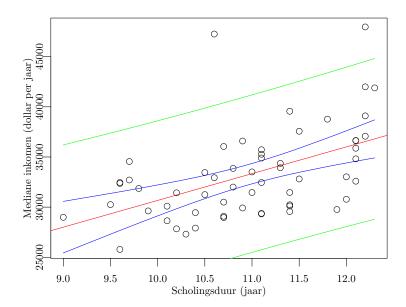
Figuur 5.3: Opsporen van outliers

```
rs + interval = "prediction", level = 0.95)
> plot(income ~ Education)
so > abline(model1, col='red')
> lines(sort(x_i), betrouwbh[order(x_i),2], col='blue')
> lines(sort(x_i), betrouwbh[order(x_i),3], col='blue')
> lines(sort(x_i), predictie[order(x_i),2], col='green')
so lines(sort(x_i), predictie[order(x_i),3], col='green')
zie Figuur 5.4
```

Het geschatte inkomen in steden met 10 jaar scholing bedraagt 30669 dollar. Het gemiddelde inkomen in steden met 10 jaar scholing ligt met 95% zekerheid tussen 29127 en 32210 dollar. Steden waar het mediaan aantal jaar opleiding 10 jaar bedraagt hebben 95% kans een mediaan inkomen tussen 22732 en 38605 dollar te hebben. Deze intervallen zijn niet zeer betrouwbaar gezien de residuen van een relatief kleine dataset niet normaal lijken te zijn. Betrouwbaarheids- en predictiebanden rond de regressierechte zijn weergegeven in figuur 5.4.

5.5 Meervoudige regressie

Indien meerdere verklarende veranderlijken worden gebruikt voor het opstellen van een regressiemodel, blijft de globale structuur van de analyse geldig, zij het met een aantal belangrijke verschillen. Ten eerste zal de determinatiecoëfficiënt doorgaans stijgen indien er meer veranderlijken in het model worden meegenomen. Daarom wordt er in de context van meervoudige regressie uitsluitend met de $R^2_{\rm adj}$ gewerkt. Ten tweede kan een model met meerdere veranderlijken dan wel significant zijn, daarom is iedere individuele regressor dat nog niet – om dit na te gaan, wordt per veranderlijke een bijkomende t-test uitgevoerd. Ten



Figuur 5.4: Regressierechte met betrouwbaarheids- en predictieband

derde geeft de residuplot (\hat{y}_i, e_i) niet noodzakelijk nog alle gewenste informatie en kan het ook nuttig zijn om per regressor ook naar de residuen ten opzichte van elke regressor afzonderlijk (x_i, e_i) te kijken.

In deze cursus wordt achterwaartse regressie gebruikt. De zoektocht naar een model start met een zo ruim mogelijke verzameling regressoren, waaruit dan de niet significante regressoren één voor één worden verwijderd. De veranderlijke met de grootste p-waarde, die niet significant van nul verschilt kan doorgaans immers uit het model worden geweerd zonder dat dit de determinatiecoëfficiënt of de significantie van de F-test schaadt.

Het aanpassen van een lopend regressiemodel kan met update(). De subset \$model wordt hierdoor aangepast en kan door ontbrekende waarden telkens een ander aantal cases bevatten.

```
loon = lm(income~Education+Mortality+pop+pop.house)
    summary(loon)
  Coefficients:
                 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
  (Intercept)
                1.658e+04
                            1.739e+04
                                         0.953
90
                2.155e+03
  Education
                            7.248e+02
                                         2.973
                                                 0.0044
                -5.414e+00
                            9.945e+00
                                        -0.544
                                                  0.5884
92
                6.703e-04
                            3.581e-04
                                         1.872
                                                  0.0667
                -8.706e+02
                                        -0.269
                            3.231e+03
                                                  0.7886
  Multiple R-squared: 0.3134,
                                     Adjusted R-squared: 0.2626
  > loon = update(loon, .~.-pop.house)
    summary(loon)
  Coefficients:
100
                 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
```

```
102 (Intercept) 1.404e+04
                           1.449e+04
                                         0.969
                                                 0.33695
                2.189e+03
                           7.076e+02
                                         3.093
                                                 0.00311
  Education
                -6.161e+00
                           9.470e+00
                                        -0.651
                                                 0.51805
  Mortality
104
                7.009e-04
                            3.369e-04
                                         2.081
                                                 0.04214
  pop
106
  Multiple R-squared: 0.3125,
                                     Adjusted R-squared: 0.275
  > loon = update(loon, .~.-Mortality)
108
  > summary(loon)
  {\tt Coefficients}:
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
112
   (Intercept) 5.617e+03
                          6.484e+03
                                        0.866 0.390011
               2.433e+03
                           5.965e+02
                                        4.079 0.000145
  Education
114
               6.597e-04
                           3.291e-04
                                        2.004 0.049887
  pop
116
  Multiple R-squared: 0.3072,
                                     Adjusted R-squared: 0.2825
  > loon$model
118
      income Education
                            pop
       29560
                 11.4
                         660328
120
  2
       31458
                  11.0
                         835880
  3
       31856
                   9.8
                        635481
122
```

Door het verwijderen van de minst significante veranderlijke pop.house wordt het aanvankelijk randsignificante pop plots significant. Deze modelaanpassing gaat bovendien gepaard met een lichte stijging van de determinatie-coëfficiënt. Analoog blijkt ook de veranderlijke Mortality niet in het model thuis te horen. Uiteindelijk bevat het regressiemodel de twee verklarende veranderlijken Education en pop,

income =
$$5617 + 2433 \cdot \text{Education} + 6.597 \cdot 10^{-4} \cdot \text{pop}.$$
 (5.3)

Door het toevoegen van de populatiegrootte wordt het inkomen meer verklaard dan door formule (5.1). Volgens dit nieuwe model stijgt het jaarinkomen in een stad met gemiddeld 2433 euro per extra jaar opleiding en met 659.7 dollar per miljoen inwoners. Om dit model te weerhouden moeten eerst de modelveronderstellingen worden nagegaan.

5.6 Transformaties van veranderlijken

Is het gemiddelde van de residuen niet constant nul ten opzichte van de verklarende veranderlijken, maar vertoont deze een gedrag $e_i = f(x_i)$, dan kan dit euvel mogelijks verholpen worden door de getransformeerde veranderlijke f(X) aan het regressiemodel toe te voegen met update(model, .~.-X+f(X)).

Let op bij gebruik van polynomiale transformaties. Om technische redenen moeten termen die aritmetische bewerkingen bevatten worden toegevoegd met behulp van de operator I(), bijvoorbeeld in het geval van een kwadratische term met update(model, .~.+I(X^2)). Bovendien moeten in het algemeen alle lagere orde termen in het model blijven. Is de coëfficiënt b_{p-1} bij X^{p-1} significant verschillend van nul, dan moeten alle termen $b_i \cdot X^i$ van lagere orde i < p-1 ook in het model blijven zelfs al verschillen deze b_i zelf niet significant van de nul.

De erg scheef verdeelde veranderlijke pop resulteert in een aberrante residuplot, zoals te zien in figuur 5.5 (a). In dit geval lijkt een logaritmische transformatie aangewezen.

```
124 > residuen = loon$residuals
  > plot(loon$model[,3], residuen)
  > abline(h=0, col='red')
  > loon = update(loon, .~.-pop+log10(pop))
| 28 | > summary(loon)
  Coefficients:
130
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
  (Intercept) -13896.6 9233.3 -1.505 0.137930
  Education 2246.0
                           592.9 3.788 0.000373 ***
                3751.5
  log10(pop)
                           1420.2
                                   2.641 0.010679 *
136 Multiple R-squared: 0.3398,
                                 Adjusted R-squared: 0.3162
  F-statistic: 14.41 on 2 and 56 DF, p-value: 8.933e-06
| > residuen = loon$residuals
  > plot(loon$model[,3], residuen)
| 140 | > abline(h=0, col='red')
                                                 # zie Figuur 5.5
```

Door het vervangen van de veranderlijke pop door zijn tiendeling logaritme $\log_{10}(\texttt{pop})$ is de residuplot nu wel zeer aanvaardbaar. Bovendien is de determinatiecoëfficiënt gestegen en is de nieuwe coëfficiënt duidelijk significanter. Het weerhouden model is

$$income = -13897 + 2246 \cdot Education + 3752 \cdot log_{10}(pop).$$
 (5.4)

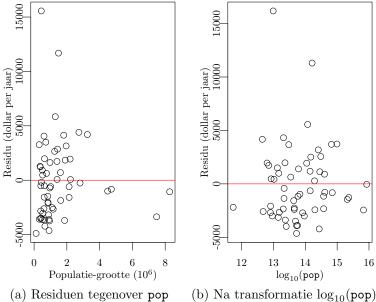
Het jaarinkomen neemt hier met gemiddeld 2246 dollar toe per extra jaar opleiding, zeer vergelijkbaar met modellen 5.1 en 5.3. Doordat de modelveronderstellingen hier beter voldaan zijn dan bij het vorige model, is een logaritmisch verband tussen inkomen en populatie-grootte meer plausibel dan een lineair. Het gemiddelde inkomen neemt toe met gemiddeld 3752 dollar per vertienvoudiging van het inwonersaantal. De intercept heeft hier opnieuw geen enkele betekenis, want deze ligt ver buiten de puntenwolk en het is niet relevant te spreken over een stad zonder inwoners of scholing.

In principe moet nu opnieuw worden nagegaan of er geen outliers zijn, maar deze analyse wijkt niet af van wat er in sectie 5.3 werd gedaan en wordt overgelaten aan de lezer.

5.7 Indicatorvariabelen

Regressie $Y = \beta_0 + \sum_{i=1}^{p-1} \beta_i \cdot X_i$ werd tot nu toe enkel besproken voor continue veranderlijken. Het is echter ook in het geval van een binaire veranderlijke B mogelijk om deze als verklarende veranderlijke toe te voegen. De groepen die door zo een veranderlijke worden bepaald, kunnen op twee manieren een rol spelen in het model.

Hoofdeffect: De term $\delta_0 \cdot B$ impliceert verschillende intercepten en beschrijft dus een systematisch verschil tussen beide groepen (dat echter meestal niet verder geïnterpreteerd kan worden als het interactie-effect significant is).



Figuur 5.5: Residuplots bij meervoudige regressie

Interactie-effect: De termen $\delta_i \cdot B \cdot X_i$ impliceren verschillende richtingscoëfficiënten voor alle afzonderlijke regressoren. Indien significant verschillend van nul betekent deze term dus een andere gemiddelde verandering van Y per eenheid toename in X_i voor beide groepen.

Vertrekkend van de vergelijking

$$Y = \beta_0 + \sum_{i=1}^{p-1} \beta_i \cdot X_i + \delta_0 \cdot B + \sum_{i=1}^{p-1} \delta_i \cdot B \cdot X_i$$

ontstaan dus twee modellen, deze waarvoor B=0, waaruit de geïntroduceerde termen wegvallen, en deze waarvoor B=1, wat aanleiding geeft tot coëfficiënten die het verschil tussen beide groepen beschrijven,

$$\begin{cases} \hat{y}_{B=0} = b_0 + \sum_{i=1}^{p-1} b_i \cdot x_i \\ \hat{y}_{B=1} = (b_0 + d_0) + \sum_{i=1}^{p-1} (b_i + d_i) \cdot x_i \end{cases}$$

Merk op dat het zonder meer toevoegen van een categorische veranderlijke met meer dan twee klassen aan een regressiemodel zinloos is aangezien de regressiecoëfficiënten automatisch een lineair verband tussen deze klassen impliceren. Het is wel degelijk mogelijk om regressie te doen met categorische veranderlijken met n>2 niveaus, namelijk door n-1 binaire dummy-veranderlijken te maken, maar deze techniek valt buiten het bestek van deze tekst.

Een indicatorvariabele in R aan een model toevoegen, gebeurt met een term B*X. Let er op dat bij het gebruik van interacties de afzonderlijke termen X en B steeds in het model blijven, ook al zijn de corresponderende coëfficiënten eventueel niet significant verschillend van 0. Deze termen worden dus analoog behandeld als de intercept of lagere orde termen bij polynomiale transformaties.

```
> binair = arbeid=="laag"
  > loon1 = update(loon,
142
       .~.+binair*Education+binair*log10(pop))
  > summary(loon1)
144
  Coefficients:
146
                        Estimate Std.Err. t value Pr(>|t|)
  (Intercept)
                        -11341.5 10290.9 -1.102
                                                  0.27540
                                  661.3
                                          3.180
  Education
                          2102.6
                                                   0.00246
                                   1460.6
  log10(pop)
                          3561.7
                                            2.438
                                                   0.01814
  binairTRUE
                        -25450.8
                                 55667.8
                                           -0.457
                                                   0.64940
  Education:binairTRUE -1139.8
                                  3587.0
                                           -0.318
                                                   0.75191
  log10(pop):binairTRUE 6670.1
                                 14755.6
                                            0.452
154
  . . .
  Residual standard error: 3747 on 53 degrees of freedom
  > x = data.frame(Education=10, pop=500000, binair=TRUE)
    predict(loon1, x, interval="confidence", level=0.95)
       fit lwr
158
  1 31146.07 25058.02 37234.12
```

Er worden twee verschillende modellen gevonden:

```
\begin{cases} \texttt{income}_{\texttt{midden-hoog}} = -11342 + 2103 \cdot \texttt{Education} + 3562 \cdot \log_{10}(\texttt{pop}) \\ \texttt{income}_{\texttt{laag}} = -36792 + 963 \cdot \texttt{Education} + 10232 \cdot \log_{10}(\texttt{pop}) \end{cases}  (5.5)
```

De kleinstekwadratenmethode geeft aanleiding tot twee ogenschijnlijk compleet verschillende modellen: in steden met een laag aantal arbeiders is het effect van scholing een pak minder (-1140) maar weegt de populatiegrootte veel zwaarder door (6670). Geen van de nieuwe veranderlijken is echter significant en deze kunnen één voor één weer uit het model worden gehaald. Er blijkt dat het mediaan inkomen niet afhangt van het feit of er een lage dan wel hogere proportie arbeiders in een stad is. Het eerder gevonden model (5.4) is dus meer aangewezen om voorspellingen te doen.

5.8 Kwaliteit van een regressiemodel

Blijkbaar geeft vergelijking (5.4) het meest geschikte model om het mediane inkomen in een stad te verklaren uit de beschikbare veranderlijken. Ondanks de uitgebreide analyse, is dit model toch niet ideaal. Volgende aspecten bepalen immers de kwaliteit van een regressiemodel.

Significantie. Het loon in een stad stijgt naarmate de opleidingsgraad en (het logaritme van) het inwonersaantal hoger is. Dit is een systematisch effect, niet te wijten aan toeval want zowel de F- test als beide t-testen zijn zeer significant.

Juistheid. De vorm van de vergelijking lijkt juist te zijn, want de residuplot in figuur 5.5 (b) lijkt aan de modelveronderstellingen te voldoen: inkomen stijgt lineair met opleidingsgraad en logaritmisch met het bevolkingsaantal.

Betrouwbaarheid. De betrouwbaarheid om aan voorspellingen te doen is beperkt omdat de residuen niet normaal verdeeld zijn. Hierdoor zullen kans-

uitspraken met betrekking tot betrouwbaarheids- en voorspellingsintervallen slechts bij benadering geldig zijn.

Volledigheid. De determinatiecoëfficiënt is laag, wat er op wijst dat het inkomen niet enkel door het opleidingsniveau en de populatiegrootte kan worden verklaard. Vermoedelijk zijn er nog andere factoren die impact hebben op het loon maar die niet in de dataset zijn opgenomen. Dit resulteert in brede voorspellingsintervallen.

Tabel 5.1: Belangrijkste statistieken in verband met linaire regressie

Meervoudig regressiemodel $Y_i = a + \sum_{i=1}^{p-1} b_j \cdot x_{i,j} + \epsilon_i \text{ met } \epsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$

Kleinste kwadratenschatting voor p = 2

$$y_i = \hat{a} + \hat{b} \cdot x_i + r_i = \hat{y}_i + r_i \text{ met } \begin{cases} \hat{a} = \overline{y} - \hat{b} \cdot \overline{x} \\ \hat{b} = \frac{\text{cov}(x, y)}{s_x^2} \end{cases}$$

t-test voor individuele coëfficiënten voor p=2

$$T_a = \frac{\hat{a} - a}{s\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{\overline{x}^2}{(n-1)s_x^2}}} \sim t_{n-2} \text{ en } T_b = \frac{\hat{b} - b}{s\sqrt{\frac{1}{(n-1)s_x^2}}} \sim t_{n-2}$$

Determinatie coëfficiënt $R^2=\frac{\sum_{i=1}^n(\hat{y}_i-\overline{y})^2}{\sum_{i=1}^n(y_i-\overline{y})^2}=\frac{SSM}{SST}=1-\frac{SSE}{SST}$

Aangepaste determinatiecoëfficiënt $R_{\mathrm{adj}}^2 = 1 - \frac{SSE/(n-p)}{SST/(n-1)}$

F-test voor totaal regressiemodel $F = \frac{SSM/(p-1)}{SSE/(n-p)} \sim F_{p-1,n-p}$

Gemiddelde kwadratische fout $MSE = \hat{\sigma}^2 = s^2 = \frac{1}{n-p} \sum_{i=1}^n r_i^2$

Betrouwbaarheidsinterval voor p = 2, $P(E Y_0 \in [A, B]) = 1 - \alpha$ met

$$[A,B] = [\widehat{a} + \widehat{b}x_0 - t_{n-2,\frac{\alpha}{2}}s\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{(x_0 - \overline{x})^2}{(n-1)s_x^2}}, \widehat{a} + \widehat{b}x_0 + t_{n-2,\frac{\alpha}{2}}s\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{(x_0 - \overline{x})^2}{(n-1)s_x^2}}]$$

Predictie-interval voor p = 2, $P(Y_0 \in [A, B]) = 1 - \alpha$ met

$$[A,B] = [\widehat{a} + \widehat{b}x_0 - t_{n-2,\frac{\alpha}{2}}s\sqrt{\frac{n+1}{n} + \frac{(x_0 - \overline{x})^2}{(n-1)s_x^2}}, \widehat{a} + \widehat{b}x_0 + t_{n-2,\frac{\alpha}{2}}s\sqrt{\frac{n+1}{n} + \frac{(x_0 - \overline{x})^2}{(n-1)s_x^2}}]$$

Regressiemodel Geschatte regressie kleinste $y = \hat{a} + \sum_{i} \hat{b}_{i} \cdot x_{i} + r_{i}$ $y = a + \sum_{i} b_i \cdot x_i$ kwadraten methode $H_0: \forall i, b_i = 0$ Y en X_i F-test lin. onafh. $H_1: \exists i, b_i \neq 0$ $\begin{array}{c|c}
\hline t\text{-test}, \forall i \\
 & \forall i, H_1: b_i \neq 0
\end{array}$ $b_i = 0$, elimineer X_i met hoogste p-waarde vereisten Residu-analyse: voldaan - residuplot Model - kwantielplot aanvaarden $f(X_i)$ toevoegen Y transformeren - outlier-onderzoek outlier elimineren

Tabel 5.2: Stappenplan voor achterwaartse regressie

Tabel 5.3: Regressie in R

```
FIT = lm(Y^X)
                              # eenvoudig lineair model
plot(Y~X), abline(FIT)
                             # voorstelling van het model
 FIT = lm(Y^X1+X2)
                              # meervoudig lineair model
FIT = update(FIT,.~.+X3)
                             # regressor toevoegen
 FIT = update(FIT,.~.-X2)
                             # regressor verwijderen
6 FIT = update(FIT, .~.-1)
                              # intercept verwijderen
  FIT = update(FIT,.~.+f(X)) # getransformeerde toevoegen
8 FIT = update(FIT,.~.+I(X^2))# polynomiale transformatie
  class(FIT)
                              # "lm"
10 attributes(FIT)
                              # alle attributen bij model
  summary(FIT)
                              # belangrijkste statistieken
12 FIT$model
                              # de gebruikte data
  FIT$fitted.values
                             # de modelschattingen
14 FIT$residuals
                             # residuen
  rstandard(FIT)
                             # gestandaardiseerde residuen
                              # voorspellingen
predict(FIT,
                           # waarden van de regressoren
     data.frame(X=x,Y=y),
     interval = "confidence", # "none" of "prediction"
18
     level = 0.95)
                              # betrouwbaarheidsniveau
```

Hoofdstuk 6

Variantie-analyse

Twee vragen zijn in de vorige hoofdstukken nog niet beantwoord:

- Hoe meer dan twee gemiddelden tegelijk vergelijken?
- Hoe categorische data gebruiken om een veranderlijke te verklaren?

Variantie-analyse (ANOVA) zal in beide gevallen een antwoord bieden. De naam is enigszins misleidend: ANOVA bestudeert weliswaar varianties, maar doet in het algemeen uitspraken over gemiddelden.

6.1 One-way ANOVA

Het eenvoudigste model waarop ANOVA wordt toegepast is het geval waarin de gemiddelden tussen p verschillende groepen worden vergeleken, bepaald door één categorische veranderlijke X met uitkomsten $\Omega_X = \{x_0, x_1, \dots, x_{p-1}\}$. De nulhypothese stelt dat de gemiddelden in alle groepen gelijk zijn aan elkaar,

$$H_0: \mu_0 = \mu_1 = \ldots = \mu_{p-1}$$

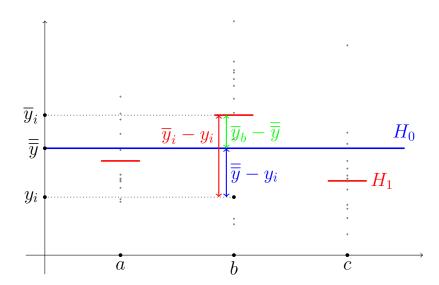
en dus ook gelijk aan het gemiddelde μ over alle groepen heen.

Staat de notatie \overline{y}_i voor het gemiddelde van de meetwaarden in de groep waartoe y_i behoort en is $\overline{\overline{y}}$ het gemiddelde over alle groepen heen, dan moeten als de nulhypothese geldig is de groepsgemiddelden \overline{y}_i in een steekproef op een toevalsfout na gelijk zijn aan het globale gemiddelde $\overline{\overline{y}}$ (zie Figuur 6.1). Dit leidt tot analoge kwadratensommen als bij regressie, die in deze context vaak anders benoemd worden:

- SST = $\sum_{i=1}^{n} (y_i \overline{\overline{y}})^2 = Sum \ of \ Squares \ Total$
- SSM = $\sum_{i=1}^{n} (\overline{y}_i \overline{\overline{y}})^2 = Sum \text{ of Squares Between Groups}$
- SSE = $\sum_{i=1}^{n} (y_i \overline{y}_i)^2 = Sum \ of \ Squares \ Within \ Groups$

Dezelfde statistiek, onder dezelfde voorwaarden, laat toe om de nulhypothese te testen:

$$F = \frac{SSM/(p-1)}{SSE/(n-p)}.$$



Figuur 6.1: Voorspellingen en residuen bij een one-way ANOVA model

Aangezien er geen kleinstekwadratenschattingen moeten worden berekend, maar enkel gemiddelden, zijn de schattingen bij one-way ANOVA zeer eenvoudig te berekenen. Toch is dit in wezen een regressiemodel, namelijk

$$y = \beta_0 + \sum_{i=1}^{p-1} \beta_i B_i,$$

met indicatorvariabelen B_i , i = 1, ..., p-1 die voldoen aan

$$B_i = \left\{ \begin{array}{l} 1 \text{ als de i-e observatie tot groep i behoort} \\ 0 \text{ als de i-e observatie $niet$ tot groep i behoort} \end{array} \right.$$

In dit model is de parameter β_0 het gemiddelde μ_0 in de referentiegroep en meten de andere coëfficiënten $\beta_i = \mu_i - \mu_0$ het effect binnen elke groep ten opzichte van de referentiegroep. De nulhypothese van de globale F-test en die bij one-way ANOVA zijn dus equivalent,

$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \ldots = \beta_{p-1} = 0 \Leftrightarrow H_0: \mu_0 = \mu_1 = \ldots = \mu_{p-1}.$$

Dit schetst hoe one-way ANOVA toelaat om meerdere groepsgemiddelden te vergelijken, hoe categorische veranderlijken in een regressiemodel te gebruiken en meteen ook dat beide equivalent zijn. Alle statistieken, interpretaties en voorwaarden uit het vorige hoofdstuk zijn hier ook van toepassing. In het bijzonder moet voldaan zijn aan de Gauss-Markov-voorwaarden,

$$\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2).$$

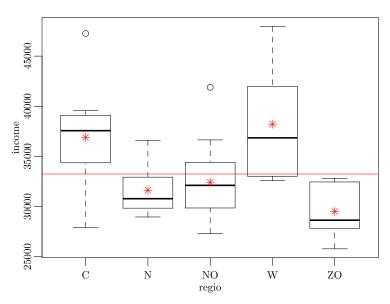
De residuen moeten zich gedragen als een zuiver lukrake steekproef uit een normaalverdeling met een constante variantie. Aangezien bij een one-way ANOVA-model het gemiddelde in elke groep afzonderlijk wordt geschat, is automatisch voldaan aan de voorwaarde dat de residuen gemiddelde nul moeten hebben.

Voorbeeld 11. Verschilt het gemiddelde inkomen naargelang de regio waarin een stad zich bevindt?

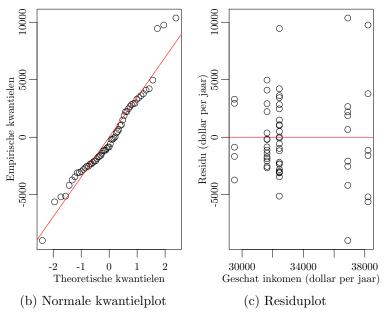
```
| xibar = tapply(income, regio, mean, na.rm=TRUE); xibar
     C
         N NO W
                          Z0
  36893 31626 32430 38209 29503
  > tapply(income, regio, sd, na.rm=TRUE)
                   W ZO
    C N NO
164
   5389 2439 3251 5863 3041
| xbar = mean(income, na.rm=TRUE); xbar
  [1] 33246.66
168 > income.aov = aov(income~regio)
  > summary(income.aov)
170 Df Sum Sq Mean Sq F value
                             Pr(>F)
            4 392868884 98217221
                                 6.909 0.000144 ***
  regio
           54 767628698 14215346
172 Residuals
  [...]
| 174 | > plot(income~regio)
  > abline(h=xbar,col='red')
| points(1:5,xibar,pch=8,col='red')
                                        # zie Figuur 6.2 (b)
  > plot(income.aov$residuals~income.aov$fitted.values)
| > abline(h=0,col='red')
                                        # zie Figuur 6.2 (c)
  > qqnorm(income.aov$residuals)
> model.tables(income.aov,type='means')
182 Tables of means
  Grand mean
         33246.66
  regio
          N
   C
              NO
186
  36893 31627 32431 38210 29504
       9
            15
                  24 6
188 rep
  > model.tables(income.aov,type='effects')
190 Tables of effects
  regio
  C
         N
            NO
                   W
  3647 -1620 -816 4963 -3743
                 24
        9
            15
                       6
                            5
```

Het gemiddelde inkomen in de verschillende regio's loopt van 29503 dollar in het Zuidoosten tot 38209 dollar in het Westen, met 33247 dollar als globaal gemiddelde. Om na te gaan of deze verschillen significant zijn, wordt een one-way ANOVA model opgesteld dat zeer significant is ($p \approx 0.0001$), de gegevens wijzen dus op verschillende regionale gemiddelden. Het commando model.tables() geeft een overzicht van gemiddelden en/of effecten.

De uitspraken in dit voorbeeld zijn betrouwbaar omdat de residuen behoorlijk goed aan de Gauss-Markov voorwaarden voldoen (zie Figuur 6.2). De varianties in elke groep hebben dezelfde grootte-orde en de residuen wijken niet al te sterk af van de normale verdeling: de verdeling van de teststatistiek is robuust voor dit soort afwijkingen.



(a) Gecategoriseerde boxplots van income ten opzichte van regio met globaal gemiddelde (horizontale lijn) en groepsgemiddelden (asterisken)



Figuur 6.2: Voorstelling van en modelveronderstellingen bij het one-way ANOVA model

6.2 Paarsgewijze vergelijking tussen groepen

Als kan worden besloten dat de groepsgemiddelden onderling verschillen, is een volgende evidente vraag tussen welke groepen het verschil significant is. Een eerste naïeve manier om dit te beantwoorden, zou kunnen zijn om paarsgewijze t-testen te doen. Bij p groepen zijn er echter $p \cdot (p-1)/2$ vergelijkingen: deze simultaan uitvoeren verlaagt drastisch de betrouwbaarheid.

De aangewezen manier om dit soort post-hoc testen te doen, is om het significantieniveau bij de individuele testen te verlagen om de globale betrouwbaarheid op peil te houden. Een zeer conservatieve methode die algemeen toepasbaar is, is de Bonferroni-correctie. Deze schrijft voor om bij m afzonderlijke hypothesetesten het significantieniveau α/m te gebruiken opdat de globale betrouwbaarheid minstens α zou blijven. In het specifieke geval van one-way ANOVA is de Tukey-test een krachtiger alternatief.

Met het commando pairwise.t.test() kan het verschil tussen gemiddelden van verschillende groepen twee aan twee systematisch worden vergeleken. De optie p.adjust.method bepaalt of en hoe de p-waarden worden aangepast om de globale betrouwbaarheid te garanderen. Om te vergelijken met afzonderlijke t-tests mag niet met een gepoolde variantieschatting (pool.sd=FALSE) worden gewerkt. Voor one-way ANOVA modellen is er de afzonderlijke methode TukeyHSD(). Aangezien ANOVA-modellen homogeniteit van varianties als assumptie hebben, gebruikt de Tukey-test een gepoolde variantieschatting. Om een faire vergelijking met de Bonferroni-correctie te maken is een gepoolde variantieschatting dus nodig (pool.sd=FALSE). Met het commando p.adjust() kan de globale significantie bij het uitvoeren van herhaalde individuele testen worden nagerekend.

Voorbeeld 12. Tussen welke regio's verschilt het gemiddelde inkomen?

```
> t.test(income[regio=="N"],income[regio=="C"])
196 Welch Two Sample t-test
  t = -2.7666, df = 10.001, p-value = 0.0199
  [...]
198
  > pairwise.t.test(income, regio,
        p.adjust.method='none',pool.sd=FALSE)
200
  Pairwise comparisons using t tests with non-pooled SD
     C N
                       NO
  N 0.0199
  NO 0.0414 0.3855
204
  W 0.6692 0.0394 0.0604
206 ZO 0.0066 0.2078 0.1007 0.0139
  > pairwise.t.test(income, regio,
       p.adjust.method='bonferroni',pool.sd=FALSE)
208
  Pairwise comparisons using t tests with non-pooled SD
        C
              N
                    NO
210
  N 0.199
212 NO 0.414 1.000
  W 1.000 0.394 0.604
214 ZO 0.066 1.000 1.000 0.139
  > p.adjust(c(.0199, .0414, .3855, .6692, .0394,
               .0604, .0066, .2078, .1007, .0139),
216 +
             method='bonferroni')
218 [1] 0.199 0.414 1.000 1.000 0.394 0.604 0.066
```

```
[8] 1.000 1.000 0.139
  > pairwise.t.test(income, regio,
220
         p.adjust.method='bonferroni',pool.sd=TRUE)
  Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
222
                          NO
     0.0165
224
  NO 0.0377 1.0000 -
     1.0000 0.0066 0.0144 -
  ZO 0.0090 1.0000 1.0000 0.0035
  > TukeyHSD(income.aov)
  Tukey multiple comparisons of means
                           lwr
              diff
230
                                       upr
                                                p adj
         -5266.422
                    -9752.7062
                                 -780.1382 0.0137153
  N-C
  NO - C
         -4462.597
                    -8621.4938
                                 -303.7006 0.0296530
232
          1316.611
                    -4291.2439
                                 6924.4661
                                           0.9634925
         -7389.622
                   -13324.4181
  ZO - C
                                -1454.8263
                                           0.0077131
  NO-N
          803.825
                    -2698.2793
                                 4305.9293
                                           0.9663394
  W - N
          6583.033
                     1443.3493 11722.7173 0.0057303
                    -7617.7533
  7.0 - N
         -2123.200
                                3371.3533 0.8106343
         5779.208
                     922.6634 10635.7532 0.0120691
  M - M O
  ZO-NO -2927.025
                    -8157.6839
                                2303.6339 0.5169225
  7.0 - W
         -8706.233 -15149.1682 -2263.2985 0.0031370
240
```

Zonder correctie van de p-waarden zijn vijf verschillen significant en een zesde randsignificant. Bij het simultaan uitvoeren van tien paarsgewijze vergelijkingen, is een aanpassing van het verwerpingsniveau (of dus van de p-waarden) echter noodzakelijk. Bonferroni-correctie garandeert in alle omstandigheden dat de globale betrouwbaarheid bewaard blijft en toont hier (zonder gepoolde variantieschatting!) geen enkel significant verschil meer. Het gebruik van de gepoolde variantieschatting compenseert in dit voorbeeld blijkbaar ruimschoots correctie voor simultaan testen: zowel met Bonferroni-correctie als via de Tukeymethode zijn er zes significant verschillende paren. Verifieer dat de p-waarde bij de Tukey-methode steeds lager ligt dan door Bonferroni-correctie.

Conclusie is dat er twee duidelijk afgeleiden groepen regio's zijn, C-W en N-NO-ZO. Verschillen binnen deze groepen zijn niet significant, verschillen tussen de groepen zijn dat wel. Vaak zullen resultaten niet zo scherp afgelijnd zijn als hier en is een conclusie minder eenduidig.

6.3 Geneste modellen

Neem aan dat er twee geneste modellen overwogen worden: elke groep uit het eerste model is verdeeld in één of meerdere groepen in het tweede model. De ANOVA-modellen hebben dezelfde totale som van kwadraten SST, samengesteld als volgt,

$$\frac{\mathrm{SST} = \mathrm{SSM}_1 + \mathrm{SSE}_1}{\mathrm{SST} = \mathrm{SSM}_2 + \mathrm{SSE}_2} \right\} \Rightarrow \mathrm{SST} = \underbrace{\mathrm{SSM}_1}_{\mathrm{model}\ 1} + \underbrace{\left(\mathrm{SSE}_1 - \mathrm{SSE}_2\right)}_{\mathrm{verdere\ opsplitsing}} + \mathrm{SSE}_2.$$

Is dan model 1 te verkiezen, dat minder parameters bevat $(p_1 \leq p_2)$ en dus eenvoudiger is? Of is model 2 beter, dat kleinere residuen heeft $(SSE_2 \leq SSE_1)$ en dus meer verklaart? Een formele test bepaalt of de extra som van kwadraten

 $SSE_1 - SSE_2$ significant groter is dan nul gegeven het aantal extra parameters $p_2 - p_1$,

 $\frac{(SSE_1 - SSE_2)/(p_2 - p_1)}{SSE_2/(n - p_2)} \sim F_{p_1 - p_2, n - p_2}.$ (6.1)

Voorbeeld 13. Is het zinvol om vijf afzonderlijke regionale gemiddelden te werken, of volstaat het om de ruwere geografische indeling in twee groepen te gebruiken: centrum en westelijke deel C-W enerzijds, oostelijke en noordelijke deel N-NO-ZO anderzijds?

```
> regioCW = regio=="C"|regio=="W"
242 > tapply(income, regioCW, mean, na.rm=TRUE)
  FALSE TRUE
  31823 37419
  > income.bis = aov(income~regioCW)
246 > summary(income.bis)
                   Sum Sq
                            Mean Sq F value
              Df
               1 350291959 350291959
                                       24.64 6.59e-06 ***
248 regioCW
  Residuals 57 810205623 14214134
250 > anova(income.bis,income.aov)
  Analysis of Variance Table
252 Model 1: income ~ regioCW
  Model 2: income ~ regio
   Res.Df
                 RSS Df Sum of Sq
                                       F Pr(>F)
       57 810205623
       54 767628698 3 42576925 0.9984 0.4007
256 2
  > income.null = aov(income~1)
_{258}| > summary(income.null)
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
260 Residuals
              58 1.16e+09 20008579
  > anova(income.null,income.bis)
  Analysis of Variance Table
  Model 1: income ~ 1
  Model 2: income ~ regioCW
   Res.Df
            RSS Df Sum of Sq
                                               Pr(>F)
       58 1160497581
266 1
                       1 350291959 24.644 6.594e-06 ***
  2
        57
           810205623
```

Model 1 is het model met twee groepen, model 2 is het fijnere model met vijf groepen uit voorbeeld 11. Net zoals model 2 $(p \approx 10^{-4})$ toont model 1 $(p \approx 10^{-6})$ dat een opdeling in groepen leidt tot significant verschillende gemiddelden. De afgeronde groepsgemiddelden (in duizenden dollars) en kwadratensommen van beide modellen en het null model (zie verder) zijn samengevat in de tabel hieronder.

	p	C	W	N	NO	ZO	SSE	n-p
Model 0	1			33			$116 \cdot 10^7$	58
Model 1	2	3	7		32		$81 \cdot 10^{7}$	57
Model 2	5	37	38	32	32	30	$77 \cdot 10^7$	54

Het fijnere model verklaart niet significant meer ($p \approx 40\%$). Een model met slechts twee groepen is dus eenvoudiger, verklaart essentieel evenveel en is dus te verklezen.

De laatste drie commando's tonen dat de globale F-test voor one-way ANOVA hetzelfde is als het vergelijken van dat model het zogenaamde $null\ model$, het

model dat slechts één groep bevat en dus als enige schatter het globale gemiddelde heeft. De residuele som van kwadraten van het null model is gelijk aan de totale som van kwadraten (RSS in R komt overeen met SSE in de cursus).

6.4 Partiële F-test

Formule (6.1) uit de vorige sectie, is algemener toepasbaar. Dezelfde techniek kan gebruikt worden om simultaan te testen of een aantal q veranderlijken in een model significant zijn.

Voorbeeld 14. Verklaren de metereologische parameters vochtigheid, regenval, Januari- en Juli-temperatuur simultaan een deel van het inkomen in een stad?

```
> model1 = lm(income~log10(pop)+Education)
    model2 = lm(income~log10(pop)+Education
                       +JanTemp+JulyTemp+Rain+RelHum)
270
  > summary(model2)
272 Coefficients:
  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
  (Intercept) -2128.344 15842.674 -0.134 0.89365
  log10(pop) 3320.473
                         1578.750
                                   2.103 0.04030 *
                          683.250
276 Education
              1893.587
                                   2.771 0.00772
                89.667
                          103.006
                                   0.871 0.38803
  JanTemp
               -185.572
                          271.282 -0.684 0.49698
278 JulyTemp
  Rain
                -11.310
                           21.948 -0.515 0.60850
280 RelHum
                 1.238
                          108.468
                                   0.011 0.99094
  [...]
282 > anova(model1, model2)
  Analysis of Variance Table
  Model 1: income ~ log10(pop) + Education
  Model 2: income ~ log10(pop) + Education + JanTemp +
                                JulyTemp + Rain + RelHum
286
               RSS Df Sum of Sq
  Res.Df
       56 766166243
288
  1
        52 741111963 4 25054280 0.4395 0.7795
```

De partiële F-test vergelijkt twee modellen met elk een verschillende som van kwadraten van de residuen SSE (genoteerd als RSS in het programma R):

	SSE	p
Model 1	$0.77 \cdot 10^9$	3
Model 2	$0.74 \cdot 10^9$	7

De partiële F-test bepaalt opnieuw of de extra som van kwadraten $SSE_1 - SSE_2$ significant groter is dan nul gegeven het aantal extra parameters $p_2 - p_1$. Dit resulteert in de statistiek F = 0.44 met p-waarde 78%.

Elk afzonderlijk zijn de veranderlijken Jan
Temp, JulyTemp, RelHum en Rain niet significant in het regressie
model (dit volgt uit de t-testen), maar ook simultaan verklaren ze geen significant deel van de variatie in het inkomen in de verschillende steden.

In het algemeen is het niet onmogelijk dat coëfficiënten die afzonderlijk niet significant zijn, simultaan toch een niet verwaarloosbaar deel van de variatie in de respons verklaren, en wel om twee redenen:

- Simultane uitspraken op basis van meerdere *p*-waarden vereist correctie van het significantieniveau, om de betrouwbaarheid van de globale uitspraak te garanderen (zie ook eerder).
- Waar een t-test enkel rekening houdt met de standaarddeviatie van de individuele coëfficiënt, gebruikt de partiële F-test ook informatie over de correlatie tussen de verschillende coëfficiënten.

6.5 ANCOVA

Worden categorische en continue voorspellers door elkaar in een regressiemodel gebruikt, dan spreekt men van ANCOVA. Net zoals bij one-way ANOVA wordt een categorische veranderlijke met p uitkomsten in zo een model voorgesteld door p-1 indicator- of dummyveranderlijken. De vraag die hier kan worden gesteld is of de regressieformule gelijk is over alle verschillende groepen, dan wel of er verschillen zijn tussen de groepen onderling. Omdat het vaak relevant is te weten of de coëfficiënt bij een continue regressor verschilt tussen twee groepen, worden vaak ook interactietermen tussen de continue veranderlijken en de indicatorvariabelen in het model opgenomen (zie ook sectie 5.7).

Voorbeeld 15. Uit voorgaande is geweten dat het gemiddelde inkomen in een stad afhangt van de scholingsduur. Verschilt deze afhankelijkheid naargelang de regio, of kan er één formule worden gehanteerd voor alle steden in de U.S.?

```
290 > income.lm = lm(income~Education)
  > income.regio = lm(income~Education*regio)
292 > anova(income.regio)
      Sum Sq Mean Sq F value
                                Pr(>F)
  Df
294 Education
                1 298869383 298869383 28.1335 2.705e-06 ***
                 4 192937739 48234435 4.5405 0.003369 **
  regio
296 Education:regio 4 148151095
                            37037774
                                      3.4865
                                            0.013905 *
             49 520539364 10623252
  Residuals
298 > summary(income.regio)
  Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
  (Intercept)
                                      1.178 0.24445
                    18326.9 15556.3
                                     1.196
  Education
                    1654.4
                              1382.8
                                             0.23729
                             22340.3 1.200 0.23577
                   26816.7
302 regioN
                           17705.1 -0.634 0.52878
  regioNO
                  -11231.8
                  -620368.8 217167.5 -2.857 0.00627 **
304 regioW
                           26983.2 -1.076 0.28713
  regioZ0
                  -29037.9
306 Education:regioN
                    -2886.2
                              2010.3 -1.436 0.15744
  Education:regioNO 719.9
                              1592.5 0.452 0.65324
308 Education:regioW 51113.6
                           17905.6 2.855 0.00630 **
  Education:regioZO 2175.5
                             2510.4 0.867 0.39038
310 > betas = income.regio$coefficients; betas
  (Intercept) Education regioNO regioNO
              1654 26816 -11231 -620368
312 18326
  regioZO Edu:regioN Edu:regioNO Edu:regioZO
314 -29037 -2886
                         719 51113
  > intercept = c(betas[1], betas[1] + betas[3:6]); intercept
316 (Intercept) regioN regioNO regioW regioZO
  18326.886 45143.574 7095.055 -602041.900 -10710.966
|s_{18}| > slope = c(betas[2], betas[2] + betas[7:10]); slope
```

```
Education Edu:regioN Edu:regioN0 Edu:regioW Edu:regioZ0

1654 -1231 2374 52768 3829

> plot(income~Education,col=regio)

> for (k in 1:5) { abline(intercept[k],slope[k],col=k) }

> legend(9,48000,levels(regio),col=1:5,lty=1) # zie Figuur 6.3
```

De interactie tussen Education en regio is significant p=0.01 en wijst er op dat het effect van scholing op het loon in de verschillende regio's anders is. Dit resulteert in een vergelijking per regio als volgt

```
 \begin{cases} \text{income}_{\text{C}} &= 18327 \ + 1654 \cdot \text{Education} \\ \text{income}_{\text{N}} &= 45144 \ - 1232 \cdot \text{Education} \\ \text{income}_{\text{NO}} &= 7095 \ + 2374 \cdot \text{Education} \\ \text{income}_{\text{W}} &= -602042 \ + 52768 \cdot \text{Education} \\ \text{income}_{\text{Z}} &= -10711 \ + 3830 \cdot \text{Education} \end{cases}
```

De vergelijkingen op zich zijn in dit model niet zo betrouwbaar omdat er veel te weinig gegevens in elke groep zijn om een model op te bouwen (amper 5 steden in het Zuidoosten en 6 in het Westen), maar de gegevens volstaan om te beslissen dat er verschillen zijn tussen de regio's.

Testen welke coëfficiënten precies verschillend zijn, kan met de t-testen (suboptimaal omdat dit hercodering en p-waarde-correctie vereist), meer specifieke methoden vallen buiten bestek van deze cursus.

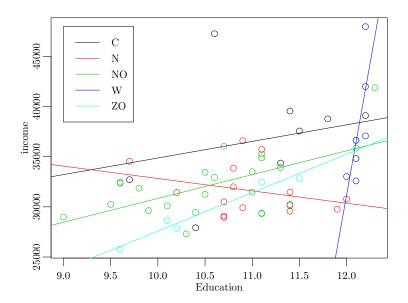
6.6 Two-way ANOVA

In het geval van twee discrete verklarende veranderlijken zijn vijf verschillende modellen mogelijk en spreekt men van two-way ANOVA:

- Het null model dat één globaal gemiddelde berekent;
- Twee one-way ANOVA modellen die telkens groepsgemiddelden schatten volgens één van beide factoren;
- Het additieve model, dat voor beide veranderlijken groepseffecten berekent, die onafhankelijk van elkaar worden toegepast;
- Het multiplicatieve model of full model, dat een interactieterm toevoegt, wat er op neer komt dat er voor elke cel een afzonderlijk gemiddelde wordt berekend.

Deze modellen zijn genest zoals te zien in figuur 6.4. De residuen moeten zich gedragen als een zuiver lukrake steekproef uit een normaalverdeling met constant gemiddelde en variantie. In een multiplicatief model wordt per cel het gemiddelde geschat en is dus net als bij one-way ANOVA automatisch voldaan aan de voorwaarde dat de residuen gemiddelde nul moeten hebben. In een additief model is dat niet zo en moet dit bijkomend worden nagegaan.

Voorbeeld 16. Verschilt het gemiddelde inkomen in een stad naargelang regio en grootte van die stad? Ten behoeve van dit voorbeeld wordt eerst de continue veranderlijke pop gediscretiseerd. Dit is een onlogische stap die enkel wordt gezet wegens gebrek aan geschikte categorische veranderlijken in de dataset pollutie. In de praktijk zou een ANCOVA-model (zie sectie 6.5) worden gemaakt met regio en pop. De veranderlijke size wordt bepaald als volgt:



Figuur 6.3: Voorstelling van het ANCOVA-model

```
small - minder dan 500000 inwoners;
average - tussen 500000 en 1000000 inwoners;
large - tussen 1000000 en 2000000 inwoners;
huge - meer dan 2000000 inwoners.
```

```
|s_{324}| > size = cut(pop,c(0,500000,1000000,2000000,Inf),
  c('small','average','large','huge'))
> income.1 = aov(income~1); summary(income.1)
        Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
  Residuals
              58 1.16e+09 20008579
  > income.R = aov(income~regio); summary(income.R)
         Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
330 Df
                4 0.39e+09 98217221
                                       6.909 0.000144 ***
  regio
               54 0.77e+09 14215346
332 Residuals
  > income.S = aov(income~size); summary(income.S)
         Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
334 Df
                3 0.27e+09 91157170
                                        5.652 0.00189 **
  size
               55 0.89e+09 16127747
336 Residuals
  > income.RS = aov(income~regio+size); summary(income.RS)
338 Df
         Sum Sq Mean Sq F value
                                   Pr(>F)
                                       8.116 3.83e-05 ***
  regio
                4 0.39e+09 98217221
                3 0.15e+09 50144183
                                       4.144
                                              0.0105 *
340 Size
               51 0.62e+09 12101885
  Residuals
342 > income.SR = aov(income~size+regio); summary(income.SR)
         Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
  Df
344 Size
                3 0.27e+09 91157170
                                       7.532 0.000289 ***
                                       5.574 0.000843 ***
  regio
                4 0.27e+09 67457481
               51 0.62e+09 12101885
346 Residuals
```

```
> income.full = aov(income~size*regio); summary(income.full)
         Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
348
  Df
                3 0.27e+09 91157170
                                        7.435 0.000436 ***
  size
                4 0.27e+09 67457481
                                       5.502 0.001220 **
350
  regio
                                       0.934 0.513230
  size:regio
              10 0.11e+09 11448105
               41 0.50e+09 12261344
    interaction.plot(regio2, size, income)
                                                   # zie Figuur 6.5
```

Uit bovenstaande (zeer redundante) code valt het volgende af te leiden

- Beide one-way modellen verklaren een significant deel van de respons, zowel de grootte als de ligging van een stad zijn bepalend voor het inkomen.
- Vergelijking van deze modellen met het additieve model model leert dat beide effecten significant zijn, ook al wordt er al rekening gehouden met het andere.
- Het multiplicatieve model is niet significant, het effect van size is niet regio-afhankelijk. Grafisch blijkt dit uit figuur 6.5 waar de curves voor verschillende waarden van size min of meer parallel lopen (de afwijkingen doen zich voor in kleine groepen en wegen blijkbaar niet door op het resultaat).

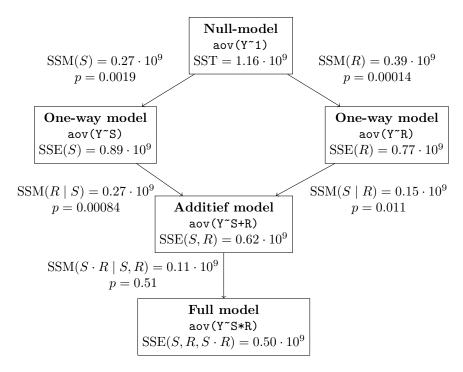
Er lijkt wat heteroscedasticiteit in de residuplot van het additieve model aanwezig, dit two-way ANOVA is niet geschikt voor het maken van betrouwbare intervalschattingen.

Merk op dat in de praktijk doorgaans niet al deze bevindingen relevant zijn, maar dat er naargelang de onderzoeksvraag specifiek naar één of enkele waarden wordt gekeken.

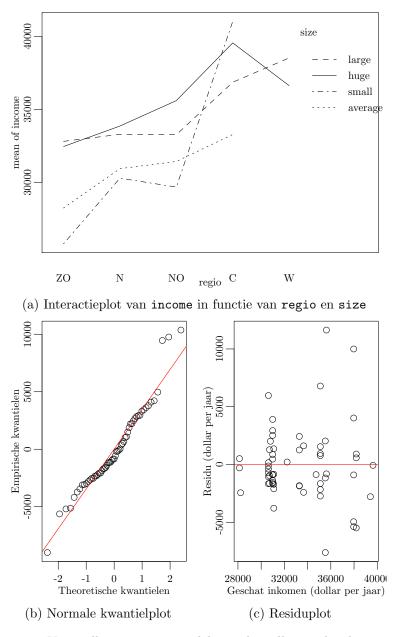
- Is het de bedoeling de respons zo goed mogelijk te verklaren, dan gaat men op zoek naar het eenvoudigste model waaraan geen significante termen meer kunnen worden toegevoegd. In dit geval is het additief model aangewezen want alle termen geven daarin een significante bijdrage, terwijl de interactietermen dat niet doen.
- Is de vraag of de ligging van een stad, los van de grootte-orde, invloed heeft op het inkomen, dan zijn vooral $SSM(R \mid S)$ en $SSM(S \cdot R \mid S, R)$ relevant. Hier blijkt dan dat er inderdaad nog een significant regionaal effect is bovenop een schaaleffect, maar dat er geen aanwijzingen zijn dat het schaaleffect regio-afhankelijk is.

6.7 Goodness-of-fit

Veel datasets bevatten metingen bij gecontroleerde omstandigheden, waardoor de gemeten veranderlijken in wezen wel continu zijn (bijvoorbeeld temperatuur) maar de verschillende waarden in de dataset eerder discreet (bijvoorbeeld enkel metingen bij $-10^{\circ}C$, $0^{\circ}C$, $20^{\circ}C$ of $100^{\circ}C$). De vraag is dan of deze veranderlijke als continu kan worden beschouwd en gebruikt in een regressiemodel, dan wel of ze beter als categorisch geldt om er een one-way ANOVA mee uit te voeren. Beide benaderingen zijn mogelijk en leiden telkens tot andere residuen zoals voorgesteld in figuur 6.6. Zodoende is een partiële F-test volgens formule 6.1



Figuur 6.4: Mogelijke ANOVA modellen bij twee discrete regressoren R en S met continue respons Y, telkens met som van kwadraten van de residuen, extra som van kwadraten en p-waarde van de bijhorende partiële F-test.



Figuur 6.5: Voorstelling van en modelveronderstellingen bij het two-way ANOVA model

mogelijk. Is het verschil $SSE_1 - SSE_2$ niet significant, dan beschrijft de lineaire vergelijking de groepsgemiddelden niet significant minder goed dan afzonderlijke schattingen in elke groep. Het regressiemodel levert dan een eenvoudiger model dat in essentie even veel verklaart. In het andere geval levert het gebruik van afzonderlijke schattingen wél extra informatie en is het gebruik van een lineair regressiemodel te zeer vereenvoudigend.

Voorbeeld 17. Is het verband tussen het aantal jaar opleiding in een stad en het inkomen lineair, of vereenvoudigt dat het one-way ANOVA model te zeer? Ten behoeve van dit voorbeeld wordt eerst de continue veranderlijke Education gediscretiseerd. Dit is een onlogische stap die enkel wordt gezet wegens gebrek aan geschikte veranderlijken in de dataset pollutie. In de praktijk is er bij Education geen discussie: een regressiemodel is de aangewezen methode, one-way ANOVA zou leiden tot haast even veel categorieën als meetwaarden. De numerieke veranderlijke Enum en categorische equivalent Ecat worden berekend als volgt, in dit voorbeeld wordt verder gedaan alsof de bekomen waarden 10, 11 en 12 exacte meetwaarden zijn.

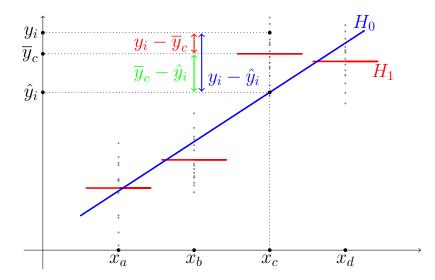
10 - minder dan 10.5 jaar scholing;

11 – tussen 10.5 en 11.5 jaar scholing;

12 – meer dan 11.5 jaar scholing.

```
||S_{354}|| > \text{Ecat} = \text{cut}(\text{Education}, c(0, 10.5, 11.5, Inf), 10:12)
    income.Ecat = aov(income~Ecat)
  > summary(income.Ecat)
  Df Sum Sq Mean Sq F value
                                     Pr(>F)
                2 342248655 171124327
                                         11.71 5.63e-05 ***
  Ecat
             56 818248927
                             14611588
  Residuals
  > model.tables(income.Ecat,type='means')
  Tables of means
362 10
        11
              12
  30329 33287 36920
364 > Enum = as.numeric(as.character(Ecat))
  > income.Enum = lm(income~Enum)
366 > summary(income.Enum)
  Coefficients:
368 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
   (Intercept) -2571.0 7377.3
                                     -0.349
                                                0.729
                 3276.3
                                      4.866 9.38e-06 ***
370 Enum
                             673.3
  > predict(income.Enum, data.frame(Enum=c(10,11,12)))
       2
372 1
                     3
  30192 33469 36745
374 > anova(income.Enum,income.Ecat)
  Analysis of Variance Table
  Model 1: income ~ Enum
  Model 2: income ~ Ecat
  Res.Df
                RSS Df Sum of Sq
                                        F Pr(>F)
        57 819905961
  1
380 2
         56 818248927
                      1
                            1657034 0.1134 0.7376
```

Het one-way ANOVA model vertelt dat er significante $(p = 6 \cdot 10^{-5})$ verschillen zijn tussen de gemiddelde inkomens binnen de groepen bepaald door Ecat. De voorspellingen zijn terug te vinden in onderstaande tabel.



Figuur 6.6: Vergelijking van regressie- en one-way ANOVA-model.

Wordt de veranderlijke beschouwd als continu en gebruikt om een regressiemodel te schatten, dan levert dat een significant model ($p=9\cdot 10^{-6}$) met vergelijking

$$income = -2571 + 3276 \cdot Enum.$$

Voor de waarden 10, 11 en 12 uit de dataset leidt dit tot voorspellingen die licht verschilen van deze uit het one-way ANOVA-model:

	10	11	12	SSE	p
income.Ecat					
income.Enum	30192	33469	36745	$0.818 \cdot 10^9$	2

Dit laatste model is eenvoudiger omdat het bepaald wordt door slechts twee parameters (intercept en slope), maar het verklaart dus ook minder. Uit de partiële F-test (F=0.11 volgens formule 6.1) blijkt dat dit verschil niet significant (p=74%) is. Dit levert allerminst een bewijs dat het verband tussen beide grootheden lineair is, maar het eenvoudigere lineaire model verklaart virtueel even veel als en is dus te verkiezen boven het one-way ANOVA-model.

6.8 ANOVA versus regressie

Uit het voorgaande blijkt dat ANOVA en regressie, voor zo ver niet identiek, sterk verweven zijn. Terwijl het eigenlijk weinig zin heeft dit als afzonderlijke concepten te gebruiken, gebeurt dat in de praktijk toch.

Het doel van regressie is vaak, maar niet uitsluitend, om de respons zo goed mogelijk te verklaren en om voorspellingen te maken, idealiter resulteert een regressiemodel in een kwantitatief model voor de respons. De term ANOVA wordt gebruikt voor alle situaties waarin naar kwadratensommen wordt gekeken, dus ook in regressiemodellen zonder categorische veranderlijken. De specifieke modelnamen ANCOVA, one- en two-way ANOVA worden gebruikt in specifieke

situaties (meestal labo-experimenten) waar het aantal veranderlijken strikt onder controle wordt gehouden en waar het niet per se de bedoeling is de respons te voorspellen, maar enkel om aan te tonen dat de respons afhangt van (de interactie van) de voorspellers: ANOVA-modellen beperken zich vaak tot kwalitatieve uitspraken.

Aangezien de rekentechnieken, hypothesetesten en modelveronderstellingen bij al deze modellen identiek zijn, kunnen regressie- en ANOVA-modellen beide voor zowel kwantitatieve als kwalitatieve uitspraken gebruikt worden: de eerste vraag die moet worden gesteld voor men op zoek gaat naar een geschikt model, is welke onderzoeksvraag men beantwoord wil zien.

Tabel 6.1: Stappenplan bij two-way ANOVA

- 1. Bekijk eerst de interactie-term. Indien significant:
 - Factoren beïnvloeden elkaar: gemiddelde per cel
 - Tracht het effect af te lezen van een interactieplot
 - (Significantie van) individuele effecten niet meer relevant
- 2. Interactie niet significant, bekijk het additief model:
 - Is tweede term significant: significante bijdrage bovenop de eerste
 - Groepswaarde bepalen uit effect per cel en kolom
 - Volgorde termen belangrijk voor individuele testen
 - Globale significantie wel symmetrisch (vaak niet relevant)
 - Eenvoudige interpretatie van coëfficiënten: twee effecten afzonderlijk te berekenen
- 3. Tweede term in additief model niet significant:
 - Bekijk de afzonderlijke one-way modellen
 - Indien beide significant: confounding factor

Tabel 6.2: Variantie-analyse in R

```
FIT = aov(CTU~CAT1*CAT2)
                            # ANOVA-model opstellen
model.tables(FIT,
                            # groepsgemiddelden/-effecten
 type="means")
                            # "effects"
                            # "aov" "lm"
4 class(FIT)
 pairwise.t.test(X,CAT1)
                           # post-hoc testen
6 p.adjust(PVALS,
                            # p-waarden corrigeren
                         # "none", ...
    method="bonferroni")
8 TukeyHSD(FIT)
                           # Tukey post-hoc testen
                          # interactieplot bij two-way ANOVA
 interaction.plot()
```

Bibliografie

- [1] J. Beirlant, M. Dierckx, and M. Hubert. Statistiek en Wetenschap. Acco, Leuven, 2009.
- [2] J.J. Faraway. Practical regression and Anova using R. 2002.
- [3] The R Development Core Team. The R Reference Index. 2010.
- [4] W.N. Venables and D.M. Smith. An Introduction to $R.\ 2010.$

KU Leuven Kulak Wetenschap & Technologie Etienne Sabbelaan 53, 8500 Kortrijk Tel. +32 56 24 60 20 Fax +32 56 24 69 99

