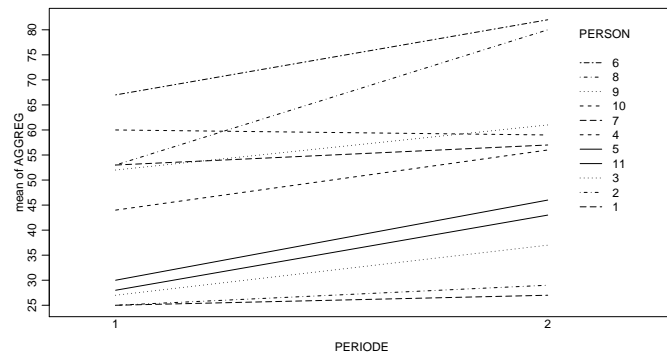


Varianzanalyse & Versuchsplanung — Musterlösungen zur Serie 3

1. a) Bei diesem Experiment handelt es sich um eine vollständige Blockanlage (ohne Randomisierung!) für den Prüffaktor PERIODE. Der Blockfaktor ist in diesem Fall PERSON. Zuerst schauen wir uns den Interaktionsplot an. Wir sehen nichts auffälliges (wie z.B. verschiedene Effekte je nach Ausgangswerten).

R-Code:

```
d.smoke$PERSON <- factor(d.smoke$PERSON)
d.smoke$PERIODE <- factor(d.smoke$PERIODE)
interaction.plot(x.factor = d.smoke$PERIODE, trace.factor = d.smoke$PERSON,
  d.smoke$AGGREG)
```



Wir führen also eine Zweifach-Varianzanalyse ohne Wechselwirkungen durch, da keine Wiederholungen vorhanden sind.

R-Code:

```
r.smoke <- aov(AGGREG ~ PERSON + PERIODE, data=d.smoke)
summary(r.smoke)
```

R-Output:

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
PERSON	10	5468.3	546.8	17.191	5.246e-05 ***
PERIODE	1	580.4	580.4	18.247	0.001633 **
Residuals	10	318.1	31.8		

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

Die Varianzanalyse-Tabelle zeigt, dass es offensichtlich Unterschiede zwischen den Testpersonen gibt. Dies war aber zu erwarten und ist nicht von primärem Interesse.

Der Faktor PERIODE ist signifikant, der P-Wert beträgt 0.0016. Das heisst, man kann hier einen signifikanten Unterschied in der Gerinnung von Blutplättchen zwischen der Vor- und der Nachuntersuchung nachweisen. Ob das mit dem Zigarettenrauchen zusammenhängt lässt sich damit aber nicht beantworten (Kontrollgruppe fehlt).

- b) Beim gepaarten t-Test werden die Differenzen für jede Versuchsperson gebildet. Damit wird ein unterschiedlicher Einfluss des Faktors Person ausgeschaltet.

R-Code:

```
t.AggrPer1 <- d.smoke$AGGREG[d.smoke$PERIODE==1]
t.AggrPer2 <- d.smoke$AGGREG[d.smoke$PERIODE==2]
t.test(t.AggrPer1, t.AggrPer2, paired=T)
```

R-Output:

Paired t-test

```
data: t.AggrPer1 and t.AggrPer2
t = -4.2716, df = 10, p-value = 0.001633
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -15.63114 -4.91431
sample estimates:
mean of the differences
-10.27273
```

Aus dem Output des t-Tests ist ersichtlich, dass es ebenfalls signifikante Unterschiede gibt. Der p-Wert beträgt wie oben 0.0016.

Bemerkungen: Die Daten sind nach PERSON schon sortiert, deshalb ist der obige R-Code oder die kürzere Version

R-Code:

```
t.test(AGGREG~PERIODE, data=d.smoke, paired=T)
```

möglich. Sonst müssen die Daten zuerst in die richtige Form gebracht werden.

- c) Die Varianzanalyse und der t-Test liefern die genau gleichen Ergebnisse. Dies ist nicht weiter erstaunlich, denn es besteht der folgende Zusammenhang:

Varianzanalyse:

$$SS_{PERIODE} = n \sum_{i=1}^2 (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..})^2 = \frac{n}{2} (\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.})^2$$

$$SS_{PERSON} = 2 \sum_{j=1}^n (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})^2$$

$$SS_{total} = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2$$

$$\begin{aligned} SS_{Fehler} &= SS_{total} - SS_{PERIODE} - SS_{PERSON} \\ &= \sum_{j=1}^n \left((y_{1j} - \bar{y}_{..})^2 + (y_{2j} - \bar{y}_{..})^2 - \frac{1}{2} (\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.})^2 - 2(\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})^2 \right) \\ &= \dots \\ &= \dots \\ &= \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n ((y_{1j} - y_{2j}) - (\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.}))^2 = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n (d_j - \bar{d})^2 \\ &= \frac{1}{2} (n-1) \text{Var}(d) \quad \text{wobei } d_j = y_{1j} - y_{2j} \end{aligned}$$

Die F-Teststatistik ist

$$F = \frac{MS_{PERIODE}}{MS_{Fehler}} = \frac{SS_{PERIODE}/1}{SS_{Fehler}/(n-1)} = \frac{\frac{n}{2} (\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.})^2}{\text{Var}(d)/2} = \frac{(\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.})^2}{\text{Var}(d)/n}.$$

t-Test:

Die T-Teststatistik ist gegeben durch

$$T = \frac{\bar{y}_{1.} - \bar{y}_{2.}}{\sqrt{\text{Var}(d)/n}}.$$

Es gilt also $T^2 = F$. Da T gemäß einer t-Verteilung mit $n-1$ Freiheitsgraden verteilt ist, hat T^2 eine F-Verteilung mit 1 und $n-1$ Freiheitsgraden. Deshalb liefern die beiden Tests exakt die gleichen Ergebnisse.

2. Einlesen der Daten

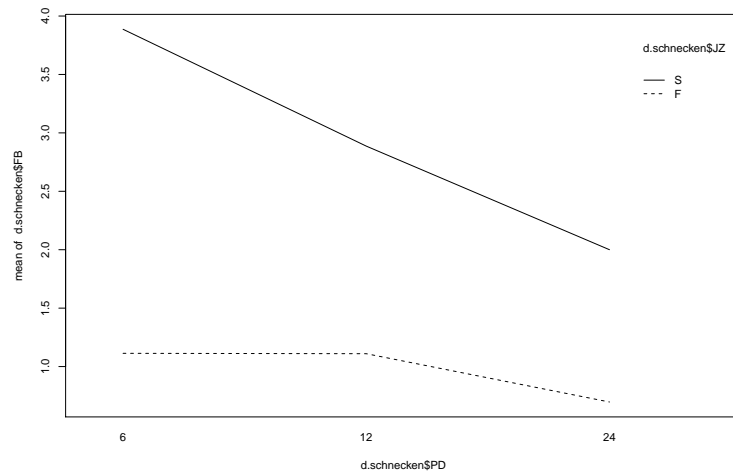
```
d.schnecken <- read.table("http://stat.ethz.ch/Teaching/Datasets/WBL/napfschnecken.dat")
d.schnecken
```

```
d.schnecken$JZ <- factor(d.schnecken$JZ)
d.schnecken$PD <- factor(d.schnecken$PD)
```

a) Der Interaktionsplot:

```
interaction.plot(x.factor=d.schnecken$PD, trace.factor=d.schnecken$JZ,
response=d.schnecken$FB)
```

R-Output:



Zwei-Weg Varianzanalyse für FB JZ:PD FB PD:JZ

```
r.modell1 <- aov(FB~JZ*PD, data=d.schnecken)
r.modell2 <- aov(FB~PD*JZ, data=d.schnecken)
summary(r.modell1)
summary(r.modell2)
```

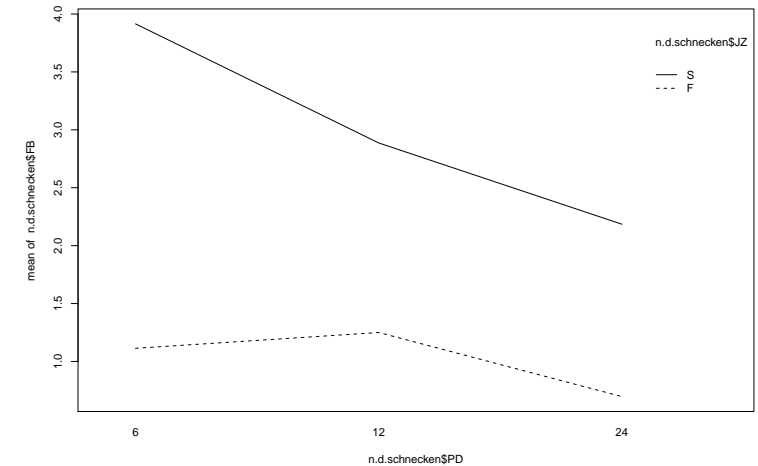
R-Output

```
>
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
JZ      1 17.1308  17.1308 119.3735 1.365e-07 ***
PD       2  4.0010   2.0005  13.9403 0.0007422 ***
JZ:PD    2  1.6891   0.8446   5.8853 0.0165519 *
Residuals 12  1.7221   0.1435
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
PD       2  4.0010   2.0005  13.9403 0.0007422 ***
JZ       1 17.1308  17.1308 119.3735 1.365e-07 ***
PD:JZ    2  1.6891   0.8446   5.8853 0.0165519 *
Residuals 12  1.7221   0.1435
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Die beiden Varianzanalysen sind gleich.
```

b) Löschen von Zeilen:

```
restrict <- c(-5,-12,-18)
n.d.schnecken <- d.schnecken[restrict,]
Interaktionsplot:
interaction.plot(x.factor=n.d.schnecken$JZ, trace.factor=n.d.schnecken$PD,
response=n.d.schnecken$FB)
```

R-Output:



Zwei-Weg Varianzanalyse für FB JZ:PD FB PD:JZ

```
r.modell1 <- aov(FB~JZ*PD, data=n.d.schnecken)
r.modell2 <- aov(FB~PD*JZ, data=n.d.schnecken)
summary(r.modell1)
summary(r.modell2)
```

R-Output

```
>
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
JZ      1 14.7658  14.7658 95.3111 4.368e-06 ***
PD       2  2.2360   1.1180   7.2164 0.01349 *
JZ:PD    2  1.2416   0.6208   4.0073 0.05694 .
Residuals 9  1.3943   0.1549
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
PD       2  2.9516   1.4758   9.5261 0.006001 **
JZ       1 14.0502  14.0502 90.6916 5.365e-06 ***
PD:JZ    2  1.2416   0.6208   4.0073 0.056938 .
Residuals 9  1.3943   0.1549
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Beide Varianzanalysen sind verschieden.
Wechsel auf Typ III in R:
drop1(r.modell1, scope=c("JZ", "PD", "JZ:PD"), test="F")
drop1(r.modell2, scope=c("JZ", "PD", "PD:JZ"), test="F")
R-Output:
```

```
> Single term deletions
```

```
Model:
```

```
FB ~ JZ * PD
```

```
      Df Sum of Sq      RSS      AIC F value    Pr(>F)
<none>                1.3943 -23.6349
JZ      1      9.4192  10.8135   5.0912  60.7996 2.715e-05 ***
PD      2      0.4390   1.8333 -23.5294   1.4167  0.29181
JZ:PD   2      1.2416   2.6359 -18.0822   4.0073  0.05694 .
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> Single term deletions
```

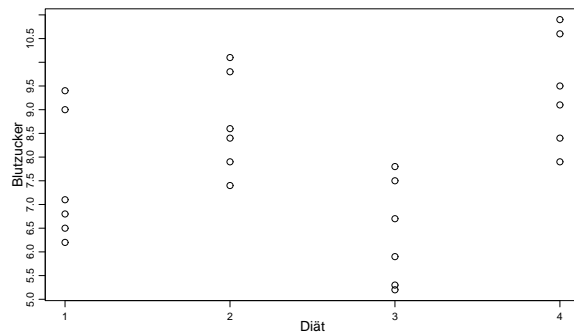
```
Model:
```

```
FB ~ PD * JZ
```

```
      Df Sum of Sq      RSS      AIC F value    Pr(>F)
<none>                1.3943 -23.6349
JZ      1      9.4192  10.8135   5.0912  60.7996 2.715e-05 ***
PD      2      0.4390   1.8333 -23.5294   1.4167  0.29181
PD:JZ   2      1.2416   2.6359 -18.0822   4.0073  0.05694 .
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Beide Varianzanalysen sind gleich.
```

3. a) Der Dotplot von Blutzucker zeigt, dass es Unterschiede zwischen den 4 verschiedenen Diäten gibt. Bei den Diäten 2 und 4 liegen die Blutzuckerwerte höher.



```
t.url <- "http://stat.ethz.ch/Teaching/Datasets/WBL/blutzucker.dat"
d.blz <- read.table(t.url,header=T)
d.blz$DIAET <- factor(d.blz$DIAET)
```

```
plot(as.numeric(d.blz$DIAET),d.blz$BLUTZUCK,ylab="Blutzucker",
     xlab="Diät",xaxt="n")
axis(1,1:4)
```

Der Unterschied zwischen den Diäten ist auch statistisch gesichert. Der P-Wert des Faktors DIAET ist 0.0015.

R-Output:

```
> r.blz <- aov(BLUTZUCK ~ DIAET, data = d.blz)
> summary(r.blz)
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
DIAET    3  31.56    10.52   7.5143 0.001476 **
Residuals 20   28.00     1.40
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>
```

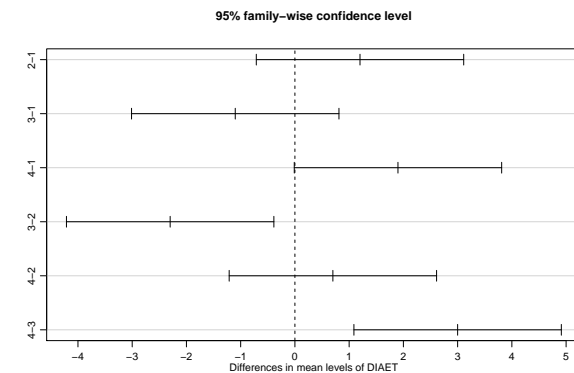
b) • Methode von Tukey:

```
> t.tukeyhsd <- TukeyHSD(r.blz,conf.level = 0.95)
> t.tukeyhsd
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = BLUTZUCK ~ DIAET, data = d.blz)
```

```
$DIAET
      diff      lwr      upr p adj
2-1  1.2 -0.7120  3.112 0.322
3-1 -1.1 -3.0120  0.812 0.396
4-1  1.9 -0.0120  3.812 0.052
3-2 -2.3 -4.2120 -0.388 0.015
4-2  0.7 -1.2120  2.612 0.737
4-3  3.0  1.0880  4.912 0.001
```

```
> plot(t.tukeyhsd)
```



• Fisher's LSD:

```
> pairwise.t.test(d.blz$BLUTZUCK,d.blz$DIAET,p.adjust.method= "none",pool.sd=T)
Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
data:  d.blz$BLUTZUCK and d.blz$DIAET
```

```
      1      2      3
2 0.09428 -      -
3 0.12302 0.00307 -
4 0.01152 0.31774 0.00028
P value adjustment method: none
```

• mit Korrektur von Bonferroni:

```
> pairwise.t.test(d.blz$BLUTZUCK,d.blz$DIAET,p.adjust.method= "bonf",pool.sd=T)
Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
data:  d.blz$BLUTZUCK and d.blz$DIAET
```

```
      1      2      3
2 0.5657 -      -
3 0.7381 0.0184 -
4 0.0691 1.0000 0.0017
P value adjustment method: bonferroni
```

In der folgenden Tabelle sind die Resultate der 3 Tests zusammengefasst. Diäten mit gleichen Buchstaben unterscheiden sich nicht signifikant. Die Diäten sind bezüglich den Mittelwerten ($\hat{\mu}_i$) der Grösse nach geordnet.

Methode	Diät 3	Diät 1	Diät 2	Diät 4
Fisher	a	ab	bc	c
Bonferroni	a	ab	b	b
Tukey	a	ab	b	b

Kommentar: Mit Fisher's Test unterscheiden sich die Diäten 1 und 4, 2 und 3 sowie 3 und 4. Mit den anderen Tests unterscheiden sich hingegen nur die Diäten 2 und 3 sowie 3 und 4. Die Diäten 1 und 4 sind auf dem 5%-Niveau nicht signifikant voneinander verschieden.

4. Die Kontraste sind:

Kontrast	Behandlung						
	c_1	c_2	c_3	c_4	c_5	c_6	c_7
L1	-6	+1	+1	+1	+1	+1	+1
L2	0	-1	-1	-1	+1	+1	+1
L3	0	+2	-1	-1	+2	-1	-1
L4	0	0	-1	+1	0	-1	+1
L5	0	-2	+1	+1	+2	-1	-1
L6	0	0	+1	-1	0	-1	+1