

# Линейные модели с дискретными предикторами

## Линейные модели...

Марина Варфоломеева, Вадим Хайтов

Кафедра Зоологии беспозвоночных, Биологический факультет, СПбГУ



# Линейные модели с дискретными предикторами (дисперсионный анализ)

## Вы сможете

- ▶ Объяснить, в чем опасность множественных сравнений, и как с ними можно бороться
- ▶ Рассказать, как в дисперсионном анализе моделируются значения зависимой переменной
- ▶ Интерпретировать и описать результаты, записанные в таблице дисперсионного анализа
- ▶ Перечислить и проверить условия применимости дисперсионного анализа
- ▶ Провести множественные попарные сравнения при помощи post hoc теста Тьюки, представить и описать их результаты
- ▶ Построить график результатов дисперсионного анализа

# Дисперсионный анализ (Analysis Of Variance, ANOVA)

**Дисперсионный анализ в широком смысле** — анализ изменений непрерывной зависимой переменной в связи с разными источниками изменчивости (предикторами).

Мы использовали его для тестирования значимости предикторов в линейных моделях.

**Дисперсионный анализ в узком смысле** — это частный случай, когда в линейной модели используются только дискретные предикторы (факторы).

Он используется для сравнения средних значений зависимой переменной в дискретных группах, заданных факторами..

## Пример: яйца кукушек

Различаются ли размеры яиц кукушек в гнездах разных птиц-хозяев?

Датасет cuckoos из пакета DAAG:

- ▶ species — вид птиц-хозяев (фактор)
- ▶ length — длина яиц кукушек в гнездах хозяев (зависимая переменная)

# Открываем данные

```
library(DAAG)
data("cuckoos")
# Положим данные в переменную с коротким названием, чтобы меньше печатать
cu <- cuckoos
head(cu, 3)

#   length breadth      species id
# 1   21.7    16.1 meadow.pipit 21
# 2   22.6    17.0 meadow.pipit 22
# 3   20.9    16.2 meadow.pipit 23

# Сократим названия переменных
colnames(cu) <- c('len', 'br', 'sp', 'id')
```

## Изменим названия уровней фактора, чтобы было легче понять о каких птицах речь

```
levels(cu$sp)
```

```
# [1] "hedge.sparrow" "meadow.pipit"  "pied.wagtail"  "robin"  
# [5] "tree.pipit"    "wren"
```

```
levels(cu$sp) <- c("ЛесЗав", "ЛугКон", "БелТряс",  
                  "Малин", "ЛесКон", "Крапив")
```

# Исследуем данные

```
# Пропущенных значений нет  
colSums(is.na(cu))
```

```
# len br sp id  
# 0 0 0 0
```

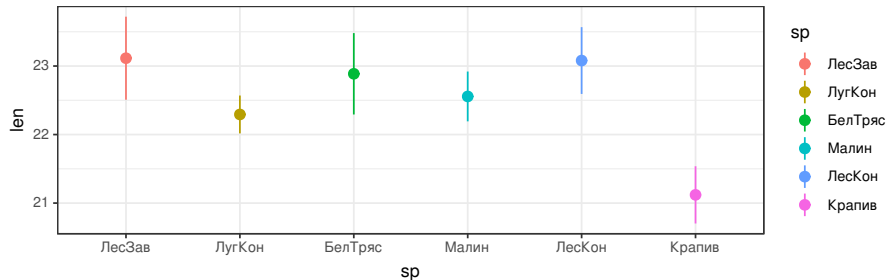
```
# Данные не сбалансированы (размеры групп разные)  
table(cu$sp)
```

```
#  
# ЛесЗав ЛугКон БелТряс Малин ЛесКон Крапив  
# 14 45 15 16 15 15
```

# Задание 1

Дополните код, чтобы построить график зависимости размера яиц кукушек (len) от вида птиц-хозяев (sp), в гнездах которых были обнаружены яйца. На графике должны быть изображены средние значения и их 95% доверительные интервалы, а цвет должен соответствовать виду птиц-хозяев.

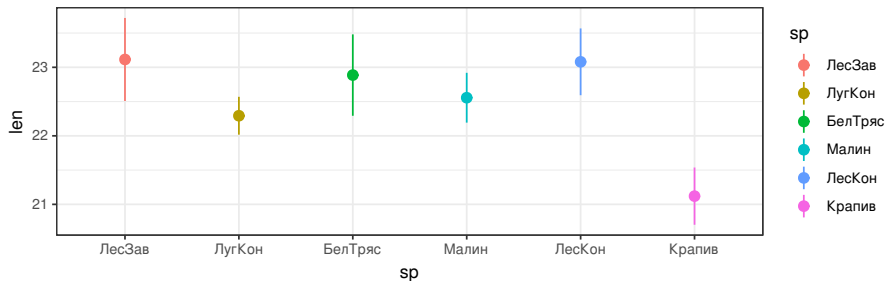
```
theme_set( )  
ggplot(data = , aes()) +  
  stat_summary(geom = "pointrange", fun.data = mean_cl_normal)
```





# Решение

```
library(ggplot2)
theme_set(theme_bw())
ggplot(data = cu, aes(x = sp, y = len, colour = sp)) +
  stat_summary(geom = "pointrange", fun.data = mean_cl_normal)
```



## “Некрасивый” порядок уровней на графике

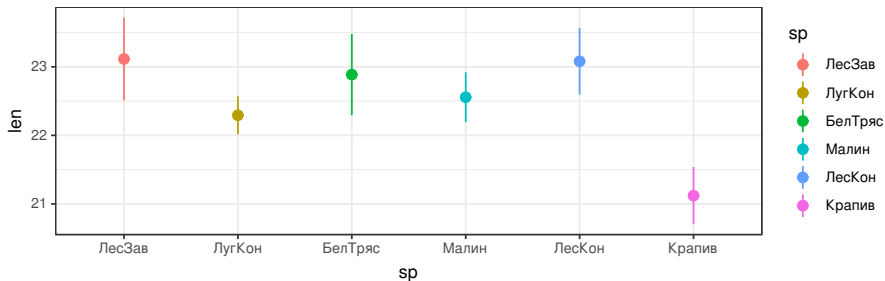
На этом графике некрасивый порядок уровней: средние для разных уровней фактора `cu$sp` расположены, как кажется, хаотично.

Порядок групп на графике определяется порядком уровней фактора.

# “старый” порядок уровней

`levels(cu$sp)`

```
# [1] "ЛесЗав" "ЛугКон" "БелТряс" "Малин" "ЛесКон" "Крапив"
```



## Меняем порядок уровней

Давайте изменим порядок уровней в факторе `cu$sp` так, чтобы он соответствовал возрастанию средних значений длины яиц `cu$len`.

```
# "старый" порядок уровней
```

```
levels(cu$sp)
```

```
# [1] "ЛесЗав" "ЛугКон" "БелТряс" "Малин" "ЛесКон" "Крапив"
```

```
# переставляем уровни в порядке следования средних значений
```

```
cu$sp <- reorder(cu$sp, cu$len, FUN = mean)
```

```
# "новый" порядок уровней стал таким
```

```
levels(cu$sp)
```

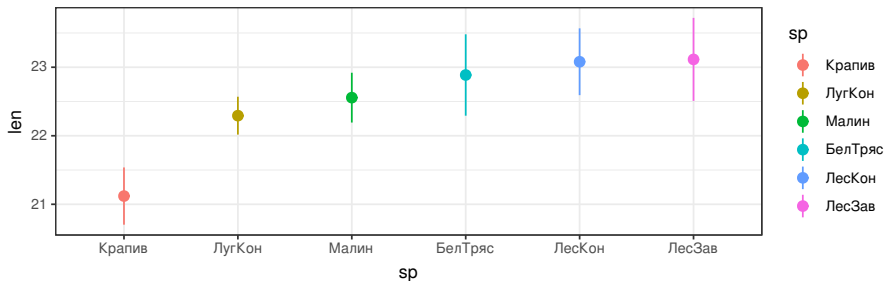
```
# [1] "Крапив" "ЛугКон" "Малин" "БелТряс" "ЛесКон" "ЛесЗав"
```

## График с новым порядком уровней

С новым порядком уровней нам легче визуально сравнивать друг с другом категории.

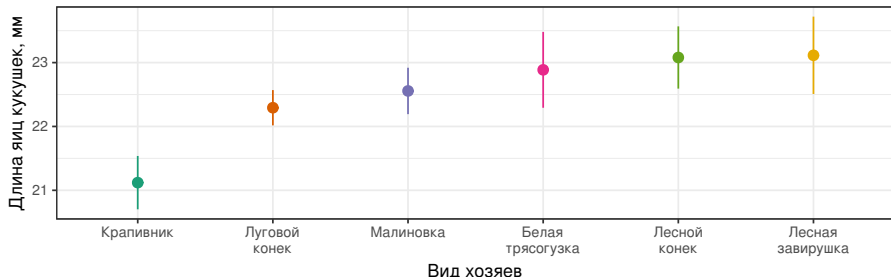
Поскольку, изменив порядок уровней, мы внесли изменения в исходные данные, придется полностью обновить график (т.к. `ggplot()` хранит данные внутри графика).

```
ggplot(data = cu, aes(x = sp, y = len, colour = sp)) +  
  stat_summary(geom = "pointrange", fun.data = mean_cl_normal)
```



Понравившийся график, если понадобится, можно в любой момент довести до ума, а остальные удалить

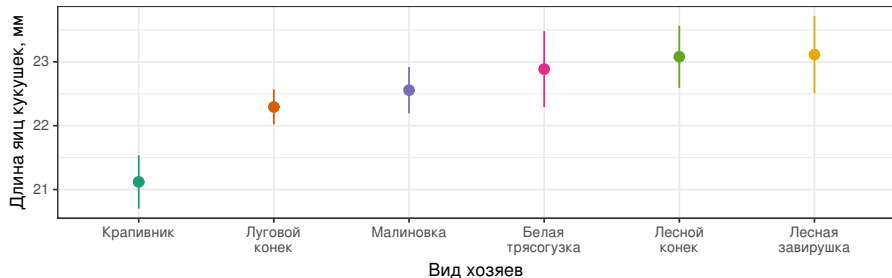
```
ggplot(data = cu, aes(x = sp, y = len, colour = sp)) +  
  stat_summary(geom = "pointrange", fun.data = mean_cl_normal) +  
  labs(x = "Вид хозяев", y = "Длина яиц кукушек, мм") +  
  scale_colour_brewer(name = "Вид \nхозяев", palette = "Dark2") +  
  scale_x_discrete(labels = c("Крапивник", "Луговой\nконек", "Малиновка",  
"Белая\nтрясогузка", "Лесной\nконек", "Лесная\nзавирушка")) +  
  theme(legend.position = "none")
```



# Множественные сравнения

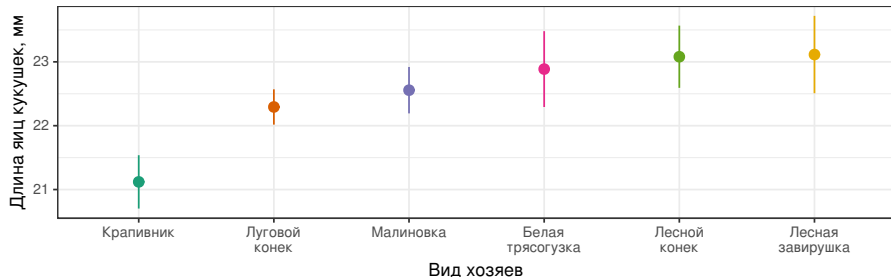
# Множественные сравнения

Мы могли бы сравнить длину яиц в гнездах разных хозяев при помощи t-критерия. У нас всего 6 групп. Сколько возможно между ними попарных сравнений?



# Множественные сравнения

Мы могли бы сравнить длину яиц в гнездах разных хозяев при помощи t-критерия. У нас всего 6 групп. Сколько возможно между ними попарных сравнений?



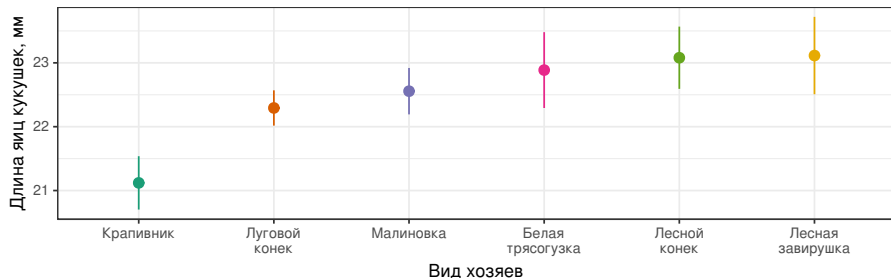
Всего возможно 15 сравнений.

Если для каждого сравнения вероятность ошибки первого рода будет  $\alpha_{per\ comparison} = 0.05$ , то для группы из 15 сравнений — ?



# Множественные сравнения

Мы могли бы сравнить длину яиц в гнездах разных хозяев при помощи t-критерия. У нас всего 6 групп. Сколько возможно между ними попарных сравнений?



Всего возможно 15 сравнений.

Если для каждого сравнения вероятность ошибки первого рода будет  $\alpha_{per\ comparison} = 0.05$ , то для группы из 15 сравнений — ?

Если предположить, что сравнения независимы (это не так), то  $\alpha_{family\ wise} = 1 - (1 - 0.05)^{15} = 0.54$ . Мы рискуем найти различия там где их нет с 54% вероятностью!

Для зависимых сравнений вероятность будет немного меньше, но все равно значительно больше 0.05

## Поправка Бонферрони — очень жесткий способ коррекции.

Если нужно много сравнений, можно снизить  $\alpha_{per\ comparison}$  до общепринятого уровня

$$\alpha_{per\ comparison} = \frac{\alpha_{family\ wise}}{n}$$

# Поправка Бонферрони — очень жесткий способ коррекции.

Если нужно много сравнений, можно снизить  $\alpha_{per\ comparison}$  до общепринятого уровня

$$\alpha_{per\ comparison} = \frac{\alpha_{family\ wise}}{n}$$

Например, если хотим зафиксировать  $\alpha_{family\ wise} = 0.05$

С поправкой Бонферрони  $\alpha_{per\ comparison} = 0.05/15 = 0.003$

Это очень жесткая поправка! Мы рискуем не найти достоверных различий, даже там, где они есть...

Но есть выход. Вместо множества попарных сравнений можно использовать один тест — дисперсионный анализ (analysis of variation, ANOVA).

# Линейные модели с дискретными предикторами

## Для кодирования дискретных факторов в R используются две параметризации

**Параметризация индикаторных переменных** (dummy coding, treatment parametrization, reference cell model) в R обозначается **contr.treatment**.

С ней вы уже знакомы. Используется по умолчанию в R.

**Параметризация эффектов** (effects coding, sum-to-zero parameterization) в R обозначается **contr.sum**.

“Классическая” параметризация для дисперсионного анализа. Нужна, если хочется использовать т.наз. III тип сумм квадратов в многофакторном дисперсионном анализе со взаимодействием факторов.

# Параметризация индикаторных переменных



## Переменные-индикаторы

Фактор	Переменные-индикаторы				
	spЛугКон $x_1$	spМалин $x_2$	spБелТряс $x_3$	spЛесКон $x_4$	spЛесЗав $x_5$
Крапив	0	0	0	0	0
ЛугКон	1	0	0	0	0
Малин	0	1	0	0	0
БелТряс	0	0	1	0	0
ЛесКон	0	0	0	1	0
ЛесЗав	0	0	0	0	1

Переменных-индикаторов всегда на одну меньше, чем число уровней фактора.

Уровень “Крапив” будет базовым: для его кодирования не нужна отдельная переменная.

# Уравнение модели в параметризации индикаторов

Фактор	Переменные-индикаторы				
	spЛугКон $x_1$	spМалин $x_2$	spБелТряс $x_3$	spЛесКон $x_4$	spЛесЗав $x_5$
Крапив	0	0	0	0	0
ЛугКон	1	0	0	0	0
Малин	0	1	0	0	0
БелТряс	0	0	1	0	0
ЛесКон	0	0	0	1	0
ЛесЗав	0	0	0	0	1

$$y_i = b_0 + b_1x_{1i} + \dots + b_5x_{5i} + e_i$$

- ▶  $b_0$  — это среднее значение отклика для базового уровня фактора.
- ▶  $b_1, \dots, b_5$  — это отклонения от базового уровня для средних с другими уровнями фактора.



## Подбираем коэффициенты модели в параметризации индикаторов

```
mod_treatment <- lm(len ~ sp, data = cu)
coef(mod_treatment)
```

# (Intercept)	spЛыгКон	spМалин	spБелТряс	spЛесКон	spЛесЗав
# 21.120000	1.173333	1.436250	1.766667	1.960000	1.994286

# Уравнение модели в параметризации индикаторов

```
coef(mod_treatment)
```

# (Intercept)	spЛугКон	spМалин	spБелТряс	spЛесКон	spЛесЗав
# 21.120000	1.173333	1.436250	1.766667	1.960000	1.994286

$$\widehat{len}_i = 21.12 + 1.17sp_{\text{ЛугКон } i} + 1.44sp_{\text{Малин } i} + 1.77sp_{\text{БелТряс } i} + 1.96sp_{\text{ЛесКон } i} + 1.99sp_{\text{ЛесЗав } i}$$

Первый коэффициент — средний размер яиц кукушек в гнездах крапивников (на базовом уровне):

►  $\widehat{len}_{\text{Крапив } i} = 21.12$

Другие коэффициенты — разница размеров яиц кукушек в гнездах других хозяев и в гнездах крапивников (отклонения от базового уровня):

►  $\widehat{len}_{\text{ЛугКон } i} = 21.12 + 1.17sp_{\text{ЛугКон } i} = 22.29$

►  $\widehat{len}_i = 21.12 + 1.44sp_{\text{Малин } i} = 22.56$

►  $\widehat{len}_i = 21.12 + 1.77sp_{\text{БелТряс } i} = 22.89$

►  $\widehat{len}_i = 21.12 + 1.96sp_{\text{ЛесКон } i} = 23.08$

►  $\widehat{len}_i = 21.12 + 1.99sp_{\text{ЛесЗав } i} = 23.11$

# Параметризация эффектов

# Переменные-эффекты

Фактор	Переменные-эффекты				
sp	sp1 $x_1$	sp2 $x_2$	sp3 $x_3$	sp4 $x_4$	sp5 $x_5$
Крапив	1	0	0	0	0
ЛугКон	0	1	0	0	0
Малин	0	0	1	0	0
БелТряс	0	0	0	1	0
ЛесКон	0	0	0	0	1
ЛесЗав	-1	-1	-1	-1	-1

Переменных-эффектов всегда на одну меньше, чем число уровней фактора.

Переменные закодированы при помощи -1, 0 и 1 (сумма кодов для возможных состояний одной переменной равна нулю).

Для последней группы все переменные-эффекты будут равны -1.

# Уравнение модели в параметризации эффектов

Фактор	Переменные-эффекты				
sp	sp1 $x_1$	sp2 $x_2$	sp3 $x_3$	sp4 $x_4$	sp5 $x_5$
Крапив	1	0	0	0	0
ЛугКон	0	1	0	0	0
Малин	0	0	1	0	0
БелТряс	0	0	0	1	0
ЛесКон	0	0	0	0	1
ЛесЗав	-1	-1	-1	-1	-1

$$y_i = b_0 + b_1x_{1i} + \dots + b_5x_{5i} + e_i$$

- ▶  $b_0$  — это общее среднее значение отклика.
- ▶  $b_1, \dots, b_5$  — это отклонения от общего среднего для средних с другими уровнями фактора, кроме последнего.
- ▶ для последнего уровня фактора отклонения от общего среднего — это коэффициенты  $b_1, \dots, b_5$ , взятые с противоположным знаком.

# Подбираем коэффициенты модели в параметризации эффектов

```
mod_sum <- lm(len ~ sp, data = cu, contrasts = list(sp = contr.sum))  
coef(mod_sum)
```

# (Intercept)	sp1	sp2	sp3	sp4	sp5
# 22.50842262	-1.38842262	-0.21508929	0.04782738	0.37824405	0.57157738

Коэффициенты моделей будут разными в разных параметризациях, но предсказания будут совершенно одинаковыми.

# Уравнение линейной модели в параметризации эффектов

```
coef(mod_sum)
```

# (Intercept)	sp1	sp2	sp3	sp4	sp5
# 22.50842262	-1.38842262	-0.21508929	0.04782738	0.37824405	0.57157738

$$\widehat{len}_i = 22.51 - 1.39sp_{1\ i} - 0.22sp_{2\ i} + 0.05sp_{3\ i} + 0.38sp_{4\ i} + 0.57sp_{5\ i}$$

Первый коэффициент — средний размер яиц кукушек по всем данным:

►  $\overline{len} = 22.51$

Другие коэффициенты — отличие размеров яиц в гнездах хозяев от общего среднего.

Для всех хозяев, кроме последнего, эти отличия будут взяты со знаком "+":

►  $\widehat{len}_{\text{Крапив } i} = 22.51 - 1.39sp_{1\ i} = 21.12$

►  $\widehat{len}_{\text{ЛугКон } i} = 22.51 - 0.22sp_{2\ i} = 22.29$

►  $\widehat{len}_{\text{Малин } i} = 22.51 + 0.05sp_{3\ i} = 22.56$

►  $\widehat{len}_{\text{БелТряс } i} = 22.51 + 0.38sp_{4\ i} = 22.89$

►  $\widehat{len}_{\text{ЛесКон } i} = 22.51 + 0.57sp_{5\ i} = 23.08$

Для последнего уровня фактора отличия будут взяты со знаком "-", т.к. все переменные-эффекты будут принимать значение -1:

►  $\widehat{len}_{\text{ЛесЗав } i} = 22.51 - 1.39sp_{1\ i} - 0.22sp_{2\ i} + 0.05sp_{3\ i} + 0.38sp_{4\ i} + 0.57sp_{5\ i} = 23.12$



# t-тесты значимости коэффициентов





## t-тесты значимости коэффициентов

- ▶ Для модели в параметризации индикаторов t-тесты угловых коэффициентов показывают значимость отличий средних значений в группах от среднего на базовом уровне.
- ▶ По значениям коэффициентов нельзя сказать влияет ли дискретный фактор целиком (исключение — фактор с двумя градациями).

```
coef(summary(mod_treatment))
```

#	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
# (Intercept)	21.120000	0.2337213	90.364038	6.199539e-108
# spЛугКон	1.173333	0.2698781	4.347642	3.006702e-05
# spМалин	1.436250	0.3253263	4.414799	2.309832e-05
# spБелТряс	1.766667	0.3305318	5.344922	4.699402e-07
# spЛесКон	1.960000	0.3305318	5.929837	3.309942e-08
# spЛесЗав	1.994286	0.3363824	5.928627	3.328637e-08

Для модели в параметризации эффектов t-тесты угловых коэффициентов показывают значимость отличий средних в группах от общего среднего — такое сравнение редко имеет смысл.

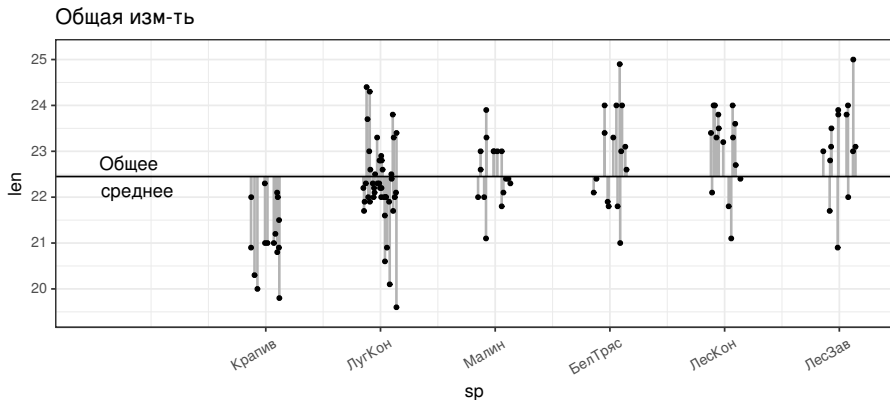
```
coef(summary(mod_sum))
```

#	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
# (Intercept)	22.50842262	0.09003464	249.9973693	5.090356e-158
# sp1	-1.38842262	0.21100553	-6.5800297	1.492281e-09
# sp2	-0.21508929	0.14228587	-1.5116701	1.333850e-01
# sp3	0.04782738	0.20554139	0.2326898	8.164196e-01
# sp4	0.37824405	0.21100553	1.7925789	7.569241e-02
# sp5	0.57157738	0.21100553	2.7088266	7.793598e-03

# Дисперсионный анализ

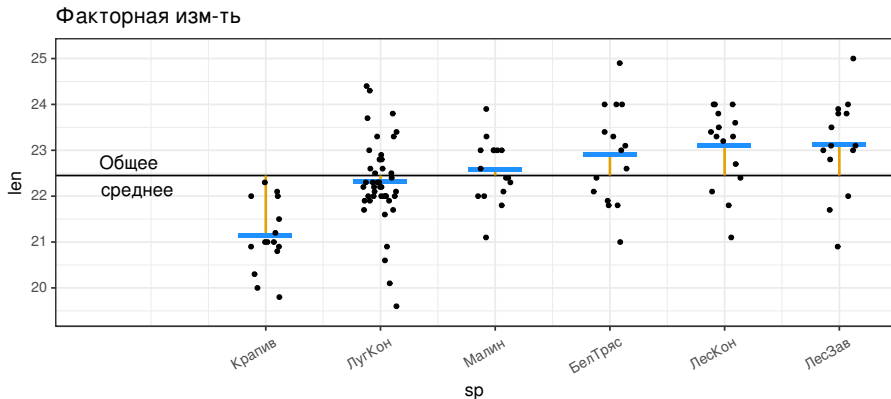


# Общая изменчивость



Общая изменчивость  $SS_t$  — это сумма квадратов отклонений наблюдаемых значений  $y_i$  от общего среднего  $\bar{y}$

# Факторная (межгрупповая) изменчивость

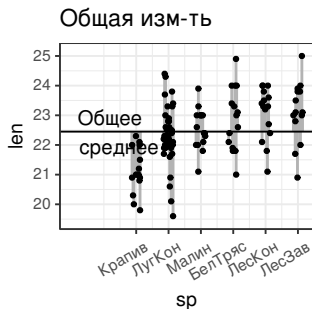


Отклонения внутригрупповых средних от общего среднего в генеральной совокупности — это эффект фактора  $\alpha_j = \mu_j - \mu$ , где  $j = 1, 2, \dots, p$  — это одна из  $p$  групп.

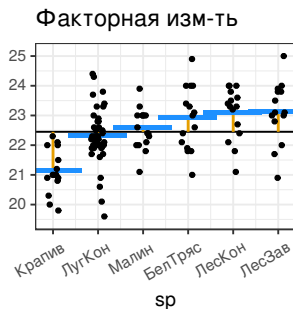
Мы оцениваем эффект фактора по реальным данным  $\bar{y}_j - \bar{y}$

# Структура общей изменчивости

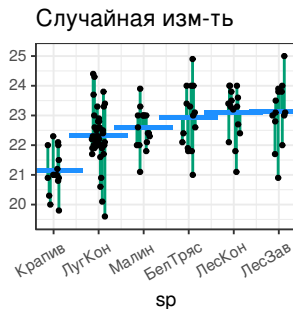
$$SS_t = SS_x + SS_e$$



$$SS_t = \sum_{df_t = n-1} \sum (\bar{y} - y_{ij})^2$$



$$SS_x = \sum_{df_x = p-1} n_j (\bar{y}_j - \bar{y})^2$$

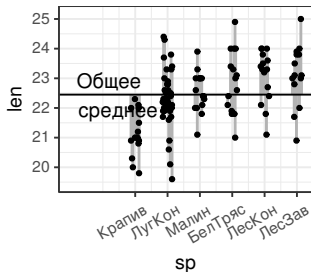


$$SS_e = \sum_{df_e = n-p} \sum (\bar{y}_j - y_{ij})^2$$

# От изменчивостей к дисперсиям

$$SS_t = SS_x + SS_e \quad MS_t \neq MS_x + MS_e$$

Общая изм-ть

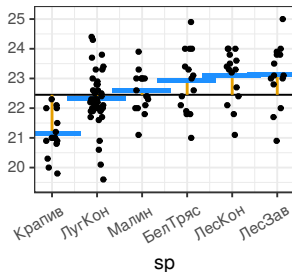


$$SS_t = \sum \sum (\bar{y} - y_{ij})^2$$

$$df_t = n - 1$$

$$MS_t = \frac{SS_t}{df_t}$$

Факторная изм-ть

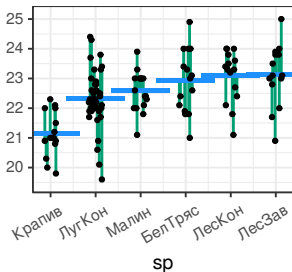


$$SS_x = \sum n_j (\bar{y}_j - \bar{y})^2$$

$$df_x = p - 1$$

$$MS_x = \frac{SS_x}{df_x}$$

Случайная изм-ть



$$SS_e = \sum \sum (\bar{y}_j - y_{ij})^2$$

$$df_e = n - p$$

$$MS_e = \frac{SS_e}{df_e}$$

## $MS_x$ и $MS_e$ помогают тестировать значимость фактора

Если дисперсии остатков в группах равны и фактор имеет фиксированное число градаций:

$$E(MS_x) = \sigma^2 + \sum n_i \frac{(\mu_i - \mu)^2}{p-1} = \sigma^2 + \sigma_x^2$$

$$E(MS_e) = \sigma^2$$

## $MS_x$ и $MS_e$ помогают тестировать значимость фактора

Если дисперсии остатков в группах равны и фактор имеет фиксированное число градаций:

$$E(MS_x) = \sigma^2 + \sum n_i \frac{(\mu_i - \mu)^2}{p-1} = \sigma^2 + \sigma_x^2$$

$$E(MS_e) = \sigma^2$$

Если зависимости нет, то  $\mu_1 = \dots = \mu_p$  — средние равны во всех  $p$  группах, и тогда  $MS_x \sim MS_e$ .



## $MS_x$ и $MS_e$ помогают тестировать значимость фактора

Если дисперсии остатков в группах равны и фактор имеет фиксированное число градаций:

$$E(MS_x) = \sigma^2 + \sum n_i \frac{(\mu_i - \mu)^2}{p-1} = \sigma^2 + \sigma_x^2$$

$$E(MS_e) = \sigma^2$$

Если зависимости нет, то  $\mu_1 = \dots = \mu_p$  — средние равны во всех  $p$  группах, и тогда  $MS_x \sim MS_e$ .

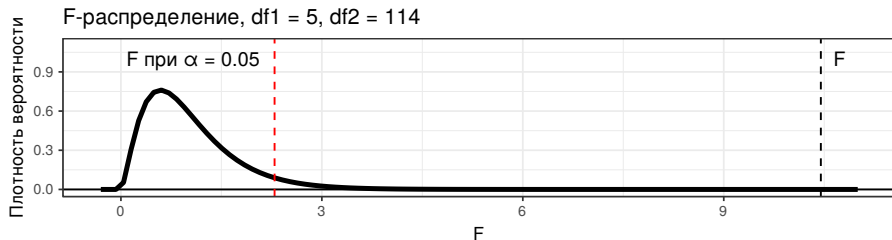
- ▶  $H_0 : \mu_1 = \dots = \mu_p$  — средние во всех  $p$  группах равны.
- ▶  $H_A : \exists i, j : \mu_i \neq \mu_j$  — **хотя бы одно** среднее отличается от общего среднего.

$$F_{df_x, df_e} = \frac{MS_x}{MS_e}$$

# Тестирование значимости фактора при помощи F-критерия

$$F_{df_x, df_e} = \frac{MS_x}{MS_e}$$

В однофакторном дисперсионном анализе  $df_x = p - 1$  и  $df_e = n - p$ .



## Результаты дисперсионного анализа часто представляют в виде таблицы

Источник изменчивости	SS	df	MS	F
Название фактора	$SS_x = \sum n_j (\bar{y}_j - \bar{y})^2$	$df_x = p - 1$	$MS_x = \frac{SS_x}{df_x}$	$F_{df_x, df_e} = \frac{MS_x}{MS_e}$
Случайная	$SS_e = \sum \sum (\bar{y}_j - y_{ij})^2$	$df_e = n - p$	$MS_e = \frac{SS_e}{df_e}$	
Общая	$SS_t = \sum \sum (\bar{y} - y_{ij})^2$	$df_t = n - 1$		

Минимальное описание результатов в тексте должно содержать  $F_{df_x, df_e}$  и  $p$ .

# Делаем дисперсионный анализ в R

В R есть много функций для дисперсионного анализа. Мы рекомендуем `Anova()` (**с большой буквы**) из пакета `car`. Зачем? Эта функция умеет тестировать влияние факторов в определенном порядке. Когда факторов будет больше одного, это станет важно для результатов.

```
library(car)
cu_anova <- Anova(mod_treatment)
cu_anova
```

```
# Anova Table (Type II tests)
#
# Response: len
#           Sum Sq Df F value    Pr(>F)
# sp           42.81  5  10.449 0.00000002852 ***
# Residuals   93.41 114
# ---
# Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

# Результаты дисперсионного анализа

Результаты дисперсионного анализа можно описать в тексте:

- ▶ Длина яиц кукушек в гнездах разных птиц-хозяев значительно различается ( $F_{5,114} = 10.45, p < 0.01$ ).

# Результаты дисперсионного анализа

Результаты дисперсионного анализа можно представить в виде таблицы

- ▶ Длина яиц кукушек значимо различалась в гнездах разных птиц-хозяев (Табл. 1).

Table 1: Результаты дисперсионного анализа длины яиц кукушек в гнездах разных птиц-хозяев. SS — суммы квадратов отклонений, df — число степеней свободы, F — значение F-критерия, P — доверительная вероятность.

	SS	df	F	P
Хозяин	42.8	5	10.4	< 0.01
Остаточная	93.4	114		

# Условия применимости дисперсионного анализа

# Результатам тестов можно верить, если выполняются условия применимости

Условия применимости дисперсионного анализа:

- ▶ Случайность и независимость наблюдений внутри групп
- ▶ Нормальное распределение остатков
- ▶ Гомогенность дисперсий остатков
- ▶ Отсутствие коллинеарности факторов (независимость групп)

Другие ограничения:

- ▶ Лучше работает, если размеры групп примерно одинаковы (т.наз. сбалансированный дисперсионный комплекс)
- ▶ Устойчив к отклонениям от нормального распределения (при равных объемах групп или при больших выборках)

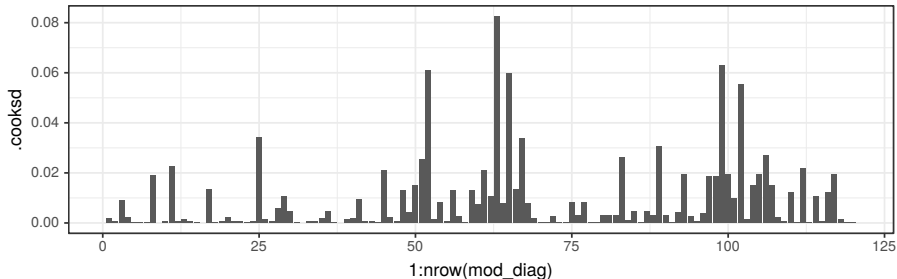


# Проверяем выполнение условий применимости

```
# Данные для графиков остатков  
mod_diag <- fortify(mod_treatment)
```

## 1) График расстояния Кука

```
ggplot(mod_diag, aes(x = 1:nrow(mod_diag), y = .cooks)) +  
  geom_bar(stat = "identity")
```



► Выбросов нет

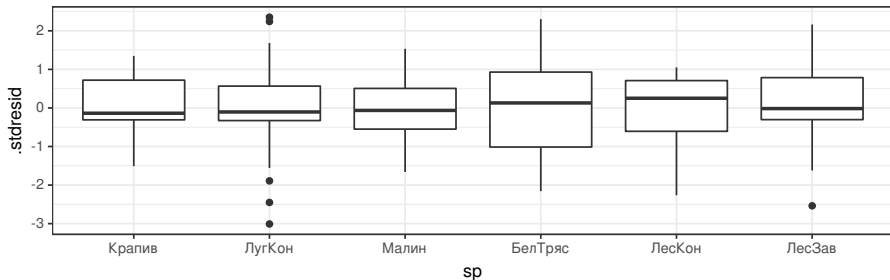
## 2) График остатков от предсказанных значений

```
ggplot(mod_diag, aes(x = .fitted, y = .stdresid)) + geom_jitter()
```

У нас один единственный дискретный предиктор, поэтому удобнее сразу боксплот

## 3) Графики остатков от предикторов в модели и не в модели

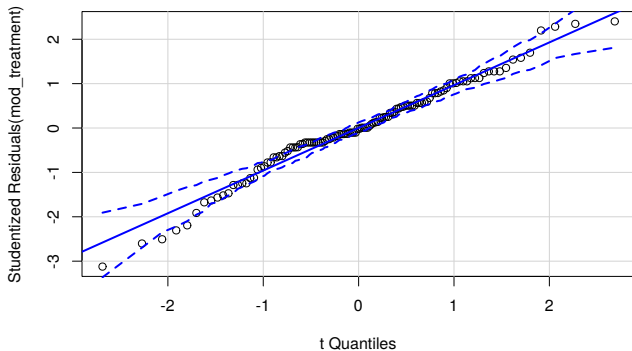
```
ggplot(mod_diag, aes(x = sp, y = .stdresid)) + geom_boxplot()
```



- Дисперсии почти одинаковые. Может быть, в одной из групп чуть больше

## 4) Квантильный график остатков

```
library(car)  
qqPlot(mod_treatment, id = FALSE)
```



► Распределение остатков немного отличается от нормального

## Пост хок тесты



## Как понять, какие именно группы различаются

Дисперсионный анализ говорит нам только, есть ли влияние фактора, но не говорит, какие именно группы различаются.

Коэффициенты линейной модели в `summary(mod_treatment)` содержат лишь часть ответа — сравнение средних значений всех групп со средним на базовом уровне.

Если нас интересуют другие возможные попарные сравнения, нужно сделать пост хок тест.

# Post hoc тесты

Пост хок тесты — попарные сравнения средних **после того, как дисперсионный анализ показал, что влияние фактора достоверно**

## Свойства post hoc тестов:

- ▶ **Применяются, только если влияние фактора значимо**
- ▶ Делают поправку для снижения вероятности ошибки I рода  $\alpha$ , (но не слишком большую, чтобы не снизилась мощность, и чтобы не возросла вероятность ошибки II рода  $\beta$ )
  - ▶ Учитывают величину различий между средними
  - ▶ Учитывают количество сравниваемых пар
- ▶ Различаются по степени консервативности (тест Тьюки — разумный компромисс)
- ▶ Работают лучше при равных объемах групп, при гомогенности дисперсий

## Пост хок тест Тьюки в R

- ▶ `glht()` — “general linear hypotheses testing”
- ▶ `linfct` — аргумент, задающий гипотезу для тестирования
- ▶ `mcp()` — функция, чтобы задавать множественные сравнения (обычные пост хоки)
- ▶ `sp = “Tukey”` — тест Тьюки по фактору `sp`

```
library(multcomp)  
cu_ph <- glht(mod_treatment, linfct = mcp(sp = "Tukey"))
```

# Результаты попарных сравнений (тест Тьюки)

Таблица результатов пост хок теста практически нечитабельна.

`summary(cu_ph)`

```
#
#   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
#
# Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
#
#
# Fit: lm(formula = len ~ sp, data = cu)
#
# Linear Hypotheses:
#
#               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# ЛугКон - Крапив == 0    1.17333    0.26988   4.348  <0.001 ***
# Малин - Крапив == 0     1.43625    0.32533   4.415  <0.001 ***
# БелТряс - Крапив == 0   1.76667    0.33053   5.345  <0.001 ***
# ЛесКон - Крапив == 0    1.96000    0.33053   5.930  <0.001 ***
# ЛесЗав - Крапив == 0    1.99429    0.33638   5.929  <0.001 ***
# Малин - ЛугКон == 0     0.26292    0.26348   0.998   0.9153
# БелТряс - ЛугКон == 0   0.59333    0.26988   2.199   0.2415
# ЛесКон - ЛугКон == 0    0.78667    0.26988   2.915   0.0466 *
# ЛесЗав - ЛугКон == 0    0.82095    0.27701   2.964   0.0409 *
# БелТряс - Малин == 0    0.33042    0.32533   1.016   0.9093
# ЛесКон - Малин == 0     0.52375    0.32533   1.610   0.5870
# ЛесЗав - Малин == 0     0.55804    0.33127   1.685   0.5378
# ЛесКон - БелТряс == 0   0.19333    0.33053   0.585   0.9916
# ЛесЗав - БелТряс == 0   0.22762    0.33638   0.677   0.9836
# ЛесЗав - ЛесКон == 0    0.03429    0.33638   0.102   1.0000
# ---
```



# Результаты пост хок теста

Результаты пост хок теста можно привести в виде текста...

- Размер яиц кукушек в гнездах крапивника значительно меньше, чем в гнездах лугового конька (тест Тьюки,  $p < 0.01$ ). Размер яиц кукушек в гнездах лесной завирушки, белой трясогузки, малиновки и лесного конька не различается, но яйца кукушек в гнездах этих хозяев крупнее, чем в гнездах у лугового конька или крапивника (тест Тьюки, от  $p < 0.01$  до  $0.05$ ).

...или построить график

## Данные для графика при помощи predict()

```
MyData <- data.frame(sp = factor(levels(cu$sp), levels = levels(cu$sp)))
```

```
MyData <- data.frame(  
  MyData,  
  predict(mod_treatment, newdata = MyData, interval = "confidence"))
```

MyData

#	sp	fit	lwr	upr
# 1	Крапив	21.12000	20.65700	21.58300
# 2	ЛугКон	22.29333	22.02602	22.56065
# 3	Малин	22.55625	22.10795	23.00455
# 4	БелТряс	22.88667	22.42367	23.34967
# 5	ЛесКон	23.08000	22.61700	23.54300
# 6	ЛесЗав	23.11429	22.63504	23.59354

# Задание

Создайте MyData вручную:

- ▶ предсказанные значения
- ▶ стандартные ошибки
- ▶ верхнюю и нижнюю границы доверительных интервалов

```
MyData <- data.frame(sp = factor(levels(cu$sp), levels = levels(cu$sp)))
```

```
X <- model.matrix()
```

```
betas <-
```

```
MyData$fit <- %*%
```

```
MyData$se <- sqrt(diag(X %*% vcov(mod_treatment) %*% t(X)))
```

```
t_crit <- qt(p = , df = nrow() - length(coef()))
```

```
MyData$lwr <- MyData$ - * MyData$
```

```
MyData$upr <- MyData$ + * MyData$
```

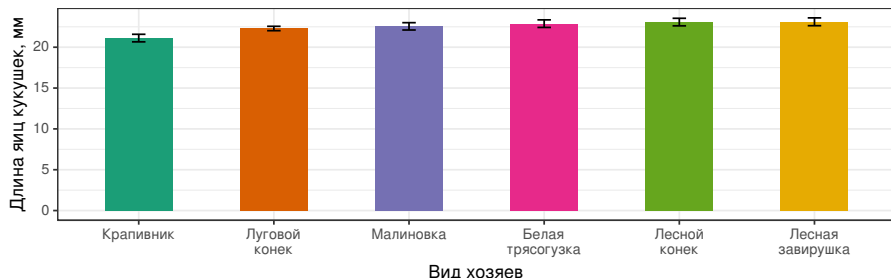
## Решение:

```
MyData <- data.frame(sp = factor(levels(cu$sp), levels = levels(cu$sp)))
X <- model.matrix(~sp, data = MyData)
betas <- coef(mod_treatment)
MyData$fit <- X %*% betas
MyData$se <- sqrt(diag(X %*% vcov(mod_treatment) %*% t(X)))
t_crit <- qt(p = 0.975, df = nrow(cu) - length(coef(mod_treatment)))
MyData$lwr <- MyData$fit - t_crit * MyData$se
MyData$upr <- MyData$fit + t_crit * MyData$se
MyData
```

#	sp	fit	se	lwr	upr
# 1	Крапив	21.12000	0.2337213	20.65700	21.58300
# 2	ЛугКон	22.29333	0.1349391	22.02602	22.56065
# 3	Малин	22.55625	0.2262997	22.10795	23.00455
# 4	БелТряс	22.88667	0.2337213	22.42367	23.34967
# 5	ЛесКон	23.08000	0.2337213	22.61700	23.54300
# 6	ЛесЗав	23.11429	0.2419245	22.63504	23.59354

# Столбчатый график

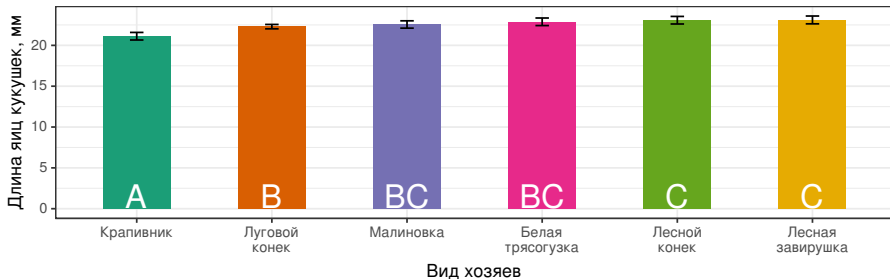
```
gg_bars <- ggplot(data = MyData, aes(x = sp, y = fit)) +  
  geom_bar(stat = "identity", aes(fill = sp), width = 0.5) +  
  geom_errorbar(aes(ymin = lwr, ymax = upr), width = 0.1) +  
  labs(x = "Вид хозяев", y = "Длина яиц кукушек, мм") +  
  scale_fill_brewer(name = "Вид \nхозяев", palette = "Dark2") +  
  scale_x_discrete(labels = c("Крапивник", "Луговой\nконек", "Малиновка",  
                             "Белая\nтрясогузка", "Лесной\nконек", "Лесная\nзавирушка"))  
  theme(legend.position = "none")  
gg_bars
```



# Можно привести результаты пост хок теста на столбчатом графике

Значимо различающиеся группы обозначим разными буквами

```
gg_bars_coded <- gg_bars +  
  geom_text(aes(y = 1.6, label = c("A", "B", "BC", "BC", "C", "C")),  
            colour = "white", size = 7)  
gg_bars_coded
```



# Take home messages

- ▶ Дисперсионный анализ — линейная модель с дискретными предикторами, существует в нескольких параметризациях, которые отличаются трактовками коэффициентов
- ▶ При помощи дисперсионного анализа можно проверить гипотезу о равенстве средних значений в группах
- ▶ Условия применимости дисперсионного анализа
  - ▶ Случайность и независимость групп и наблюдений внутри групп
  - ▶ Нормальное распределение в группах
  - ▶ Гомогенность дисперсий в группах
- ▶ При множественных попарных сравнениях увеличивается вероятность ошибки первого рода, поэтому нужно вносить поправку для уровня значимости
- ▶ Post hoc тесты — это попарные сравнения после дисперсионного анализа, которые позволяют сказать, какие именно средние различаются

## Дополнительные ресурсы

- ▶ Quinn, Keough, 2002, pp. 173–207
- ▶ Logan, 2010, pp. 254–282
- ▶ [Open Intro to Statistics](#), pp.236–246
- ▶ Sokal, Rohlf, 1995, pp. 179–260
- ▶ Zar, 2010, pp. 189–207