# Einfache Varianzanalyse

Peter Büchel

HSLU I

Stat: Block 10

# Übersicht Versuchspläne

- Vollständig randomisierter Versuchsplan: Plan mit einer Faktor-Variablen (= primärer Faktor) mit mehreren Stufen. Pro Stufe wird eine oder mehrere Messungen gemacht, aber immer gleich viele
- Block-Design: Neben primärem Faktor wird auch ein sekundärer Stör-Faktor berücksichtigt. Falls jede Stufe des ersten Faktors (z.B. Behandlung)

Versuchsplan mit vollständigen Blöcken

# Übersicht Versuchspläne

- Vollständiger faktorieller Versuchsplan:
   Plan enthält k Faktoren mit zwei oder mehr Stufen; vollständiger faktorieller Versuchsplan: enthält alle Kombinationen der Versuchsbedingungen
- 2<sup>k</sup>-faktorieller Versuchsplan: jeweils nur zwei Stufen (z.B. "hoch" gegen "tief") pro Faktor

## Beispiel: Reissfestigkeit von Papier

- Papierhersteller, der Einkaufs-Papiertragtaschen herstellt, interessiert sich für die Verbesserung der Reissfestigkeit seines Produkts
- Vermutung: Reissfestigkeit hängt von Hartholz-Konzentration im Papierbrei ab
- Üblicherweise: Konzentrationen liegen in Bereich von 5 % bis 20 %
- Die Produktionsingenieure beschlossen, die Reissfestigkeit bei vier Hartholzkonzentrationsstufen mit einem vollständig randomisierten Versuchsplan zu untersuchen: bei 5 %, 10 %, 15 % und 20 %
- Für jede Konzentrationsstufe werden sechs Versuchsproben in einer Pilotanlage erstellt
- Die resultierenden 24 Papierproben werden in zufälliger Reihenfolge im Labor auf ihre Reissfestigkeit getestet

• Die gemessenen Reissfestigkeiten (in psi) sind in Tabelle festgehalten

	Versuchsprobe					
${\sf Hartholz\text{-}Konzentration}\ [\%]$						
5	7	8	15	11	9	10
10	12	17	13	18	19	15
15	14	18	19	17	16	18
20	19	25	22	11 18 17 23	18	20

- Bei Durchführung von Messungen darauf achten, dass Messumfeld so homogen wie möglich gehalten wird (möglichst gleiche Versuchsbedingungen)
- Falls wichtige Grössen ändern können, müssen sie miterfasst werden

- Weil man nie sicher ist, ob das gelingt, werden die Messungen üblicherweise in zufälliger Reihenfolge durchgeführt
- Laborproben werden zufällig aus den 24 Proben gewählt, ohne Rücksicht auf die Hartholzkonzentration oder Fertigstellung der Probe
- Frage nach den Einflüssen der unterschiedlichen Behandlungen kann man zunächst untersuchen, indem man jede Gruppe durch einen Zwei-Stichproben-Test (d.h. z. B. durch den Rangsummen-Test von Wilcoxon, den t-Test von Student oder den Vorzeichen-Test) mit jeder anderen vergleicht
- Die Resultate für einen bestimmten Test kann man in einer symmetrischen Matrix von *P*-Werten zusammenfassen.

- Beispiel: Reissfestigkeit
- Tabelle: *P*-Werte für den Zwei-Stichproben *t*-Test für die Reissfestigkeit von Papier

Hartholz-Konzentration [%]				20 %
5 %	_			
10 %	0.0010	_		
15 %	0.00076	0.38	_	
20 %	- 0.0010 0.00076 0.00	0.006	0.010	_

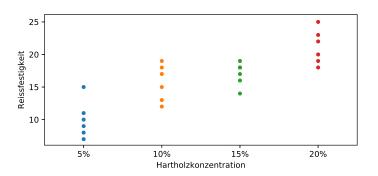
• Vergleichen wir z.B. die Werte für  $10\,\%$  und  $20\,\%$ , so erhalten wir einen P-Wert von 0.006

## Python

```
from pandas import DataFrame
import scipy.stats as st
import numpy as np
import seaborn as sns
rf = DataFrame({
"HC": np.repeat(["5%", "10%", "15%", "20%"], [6, 6, 6, 6]),
"Strength": [7, 8, 15, 11, 9, 10, 12, 17, 13, 18, 19, 15, 14,
18, 19, 17, 16, 18, 19, 25, 22, 23, 18, 20]
})
per5 = rf.loc[rf["HC"] == "5%", "Strength"]
per10 = rf.loc[rf["HC"] == "10%", "Strength"]
per15 = rf.loc[rf["HC"]=="15%", "Strength"]
per20 = rf.loc[rf["HC"] == "20%", "Strength"]
st.ttest ind(per10,per20)
## Ttest indResult(statistic=-3.4979930040209894, pvalue=0.0057
```

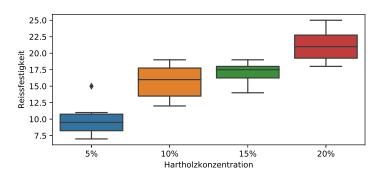
- Unterschied zwischen 5 % und 10 % Hartholz-Konzentration mit einem P-Wert von 0.0010 signifikant
- Unterschied zwischen 10 % und 15 % Hartholz-Konzentration mit einem *P*-Wert von 0.35 *nicht* signifikant

• Unterschiede können graphisch mit Hilfe von Stripcharts



```
sns.stripplot(x="HC", y="Strength", data=rf)
plt.xlabel("Hartholzkonzentration")
plt.ylabel("Reissfestigkeit")
plt.show()
```

#### Oder Boxplot:



```
sns.boxplot(x="HC", y="Strength", data=rf)

plt.xlabel("Hartholzkonzentration")
plt.ylabel("Reissfestigkeit")

plt.show()
```

# Vorsicht bei Paarvergleichen

- Vielzahl von Paar-Vergleichen problematisch von der Grundidee des statistischen Hypothesentests her
- Bsp: 7 Gruppen werden miteinander verglichen
- Anzahl Paarvergleich-Tests:

$$\frac{7\cdot 6}{2}=21$$

# Theoretische Überlegung, wie Resultate dieser Tests aussehen können

- Aufgrund der Irrtums-W'keit von 5 % ist es anschaulich klar, dass ab und zu unter 21 Tests eine "Fehlentscheidung 1. Art", nämlich dass die Nullhypothese fälschlicherweise verworfen wird, auftritt
- Bei 21 Tests ist die erwartete Anzahl Fehlentscheide 1. Art:

$$21 \cdot 0.05 \sim 1$$

- D.h.: Im Mittel 1 Hypothesentest wird fälschlicherweise verworfen
- Die Nullhypothese, "alle Gruppen gehorchen dem gleichen Modell", wird also viel zu oft verworfen, wenn die Regel lautet:
- "Die Nullhypothese wird verworfen, wenn der extremste Unterschied auf dem Niveau  $\alpha=5\,\%$  signifikant ist"

- Wie kann man das vermeiden?
- Eine konsequente Antwort heisst: Wir dürfen nur eine Frage stellen, die wir mit einem Test beantworten
- Die sinnvolle Frage lautet: "Gibt es überhaupt Unterschiede zwischen den Gruppen?"
- Oder anders gesagt: "Unterscheidet sich wenigstens eine der Gruppen von einer andern?"
- Nullhypothese: "Alle Gruppen folgen dem gleichen Modell."

## Gruppenmittel-Modell

- Beispiel zum Datensatz Reissfestigkeit von Papier, lässt sich durch ein lineares Modell (oder als Verallgemeinerung des Zwei-Stichproben-Modells) festhalten
- Wir wollen g Gruppen vergleichen, wobei in jeder Gruppe gerade m Beobachtungen gemacht werden
- Datensatz Reissfestigkeit:
  - ightharpoonup 4 unterschiedliche Hartholzkonzentrationen verwendet, also ist g=4
  - ightharpoonup für jede Hartholzkonzentration m=6 Messungen für Reissfestigkeit
- Ziel ist es, ein Modell zu entwickeln, dass die Reissfestigkeit in Abhängigkeit der Hartholzkonzentrationsstufen beschreibt

# Allgemeines Modell

• Einfachstes Modell: Einzelne Beobachtungen innerhalb einer Gruppe streuen um einen gemeinsamen Wert:

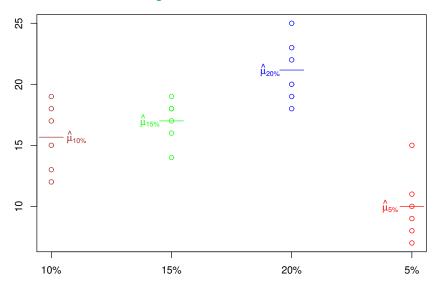
$$Y_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$$
  $i = 1, 2, \dots, g;$   $j = 1, 2, \dots, m$ 

wobei  $Y_{ij}$  die j-te Beobachtung in der i-ten Gruppe ist

- Grösse  $\mu_i$ : "Mittelwert" der *i*-ten Gruppe
- ullet Annahme: Fehlerterme  $arepsilon_{ij}$  unabhängig identisch normalverteilt sind
- Alle Gruppen dieselbe Standardabweichung des Fehlerterms in diesem Modell

# Beispiel

• Datensatz Reissfestigkeit:



- Lineare Regression:  $Y_{ij}$  ist die Zielgrösse (die wir vorhersaben möchten), die Behandlungsart  $\mu_i$  ist eine Faktorvariable (zu variierende Grösse)
- Äquivalente Modellformulierung:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$
  $i = 1, 2, \dots, g;$   $j = 1, 2, \dots, m$ 

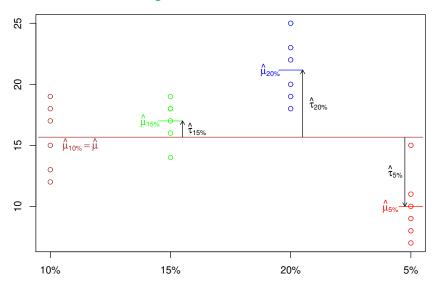
mit dem Fehler

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

- $\bullet$  Parameter  $\mu$  haben also alle Beobachtungen gemeinsam ("globaler Mittelwert")
- Parameter  $\tau_i$   $(i=1,\ldots,g)$  behandlungsspezifische Abweichungen von diesem globalen Mittelwert
- Beispiel: Spezifisch für jede Hartholz-Konzentration

# Beispiel

• Datensatz Reissfestigkeit:



- Diese Parameter heissen auch *Behandlungseffekte* (eng. *treatment effects*)
- Parameter in diesem Modell nicht mehr eindeutig identifizierbar, da g+1 Parameter  $\mu, \tau_1, \ldots, \tau_g$  für g unterschiedliche Gruppenmittelwerte vorhanden
- Benötigen Nebenbedingung, wobei es deren mehrere gibt
- Beispiel:

$$\mu = \mu_1$$

und folglich

$$\tau_1 = 0$$
,  $\tau_2 = \mu_2 - \mu$ ,  $\tau_3 = \mu_3 - \mu$ 

- Gruppe 1 bildet hier die Referenz, oder die sogenannte Baseline
- Nur g-1 der Behandlungseffekte  $\tau_i$  frei variierbar

## Parameterschätzung

Wie schätzen wir nun die Parameter

$$\mu$$
,  $\tau_1$ , ...,  $\tau_g$ 

so dass das Modell möglichst gut zu den Daten passt?

• Kriterium: Summe der quadrierten Residuen minimieren:

$$\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^m (Y_{ij} - \widehat{\mu} - \widehat{\tau}_i)^2$$

• Es kann gezeigt werden, dass

$$\widehat{\mu}_i = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m Y_{ij}$$

- $\bullet$   $\mu_i$  wird durch den empirischen Gruppenmittelwert der i-ten Gruppe geschätzt
- Schätzung globaler Mittelwert  $\mu$ :

$$\frac{1}{n}\sum_{i,j}Y_{ij}, \qquad n=g\cdot m$$

Schätzung Gruppenmittelwerte durch

$$\widehat{\mu}_i = \widehat{\mu} + \widehat{\tau}_i$$

• Schätzungen der Behandlungseffekte durch

$$\widehat{\tau}_i = \widehat{\mu}_i - \widehat{\mu}$$

- Gruppenmittelwerte  $\hat{\mu}_i$  für alle Parametrisierungen identisch
- Behandlungseffekte  $\hat{\tau}_i$  von der Parametrisierung abhängig
- Schätzung Streuung der Parameter  $\tau_i$ . Streuung  $\sigma$  der Fehlerterme  $\varepsilon_{ii}$ schätzen
- Streuung  $\sigma$  des Fehlerterms  $\varepsilon_{ii}$  geschätzt, so ist Standardfehler von  $\mu$ :

$$\frac{\sigma}{\sqrt{m \cdot g}} \equiv \frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

- $\frac{\sigma}{\sqrt{m\cdot g}}\equiv \frac{\sigma}{\sqrt{n}}$  Standardfehler von  $\mu_i$  ist gegeben durch  $\sigma/\sqrt{m}$
- Somit lautet der Standardfehler von  $\tau_i = \mu_i \mu$

$$\sigma\sqrt{\frac{1}{m}-\frac{1}{n}}$$

• 95 %-Vertrauensintervall für  $\tau_i$ :

$$\widehat{\tau}_i \pm t_{0.975;n-g} \cdot \widehat{\sigma} \sqrt{\frac{1}{m} - \frac{1}{n}}$$

wobei  $t_{0.975;n-g}$  das 97.5 % Quantil der t-Verteilung mit n-g

## Beispiel: Reissfestigkeit Papier

• Koeffizienten des Gruppenmittel-Modells für Reissfestigkeit

#### Code:

```
from pandas import DataFrame
import pandas as pd
import numpy as np
import scipy.stats as st
from statsmodels.formula.api import ols
from statsmodels.stats.anova import anova lm
rf = DataFrame({
"HC": np.repeat(["5%","10%","15%","20%"], [6, 6, 6, 6]),
"Strength": [7, 8, 15, 11, 9, 10, 12, 17, 13, 18, 19, 15, 14, 18, 19, 17,
16, 18, 19, 25, 22, 23, 18, 20]
7)
fit = ols("Strength~HC",data=rf).fit()
fit.summary()
```

ols: ordinary least square

### • Output:

Dep. Variable:	Strength		0.746
Model:		Adj. R-squared:	
Method:			
Date:	Fri, 03 May 2019	Prob (F-statistic):	3.59e-06
Time:	10:39:53	Log-Likelihood:	-54.34
No. Observations:	24	AIC:	116.
Df Residuals:	20	BIC:	121.4
Df Model:	3		
Covariance Type:	nonrobust		
	ef std err		
Intercept 15.666			
HC[T.15%] 1.333	33 1.473 0.	905 0.376	-1.739 4.406
HC[T.20%] 5.500	00 1.473 3.	734 0.001	2.428 8.572
HC[T.5%] -5.666	67 1.473 -3.	847 0.001	-8.739 -2.594
Omnibus:	0.929	Durbin-Watson:	2.18
Prob(Omnibus):	0.628	Jarque-Bera (JB):	0.86
Skew:	0.248		0.650
Kurtosis:	2.215	Cond. No.	4.79
Skew: Kurtosis:	0.248 2.215	Prob(JB): Cond. No.	0.65 4.7

#### Kürzer:

```
fit.params

## Intercept 15.666667

## HC[T.15%] 1.333333

## HC[T.20%] 5.500000

## HC[T.5%] -5.666667

## dtype: float64
```

- Beachte: Output der Parameter für HC10 % fehlt
- Der ist aber, da er zuerst auftritt, gleich 0 (Baseline)

- Python-Befehl ols: Globaler Mittelwert geschätzt durch  $\hat{\mu}=15.66$
- Parametrisierung  $\mu = \mu_1$
- Die geschätzten Gruppenmittelwerte lauten somit:

$$\widehat{\mu}_{5\%} = 15.7 - 5.7 = 10$$
 $\widehat{\mu}_{10\%} = 15.7 + 0 = 15.7$ 
 $\widehat{\mu}_{15\%} = 15.7 + 1.3 = 17$ 
 $\widehat{\mu}_{20\%} = 15.7 + 5.5 = 21.2$ 

#### 95 %-Vertrauensintervalle

```
fit_pred = fit.get_prediction()
fit pred.conf int()
## [ 7.8274691 12.1725309 ]
    [7.8274691 12.1725309]
##
    [ 7.8274691 12.1725309 ]
##
    [ 7.8274691 12.1725309 ]
##
    [ 7.8274691 12.1725309 ]
##
##
    [7.8274691 12.1725309 ]
##
    [13.49413576 17.83919757]
##
    [13.49413576 17.83919757]
##
    [13.49413576 17.83919757]
    [13.49413576 17.83919757]
##
##
    [13.49413576 17.83919757]
    [13.49413576 17.83919757]
##
    [14.8274691 19.1725309 ]
##
##
    [14.8274691 19.1725309 ]
    [14.8274691 19.1725309 ]
##
    [14.8274691 19.1725309]
##
##
    [14.8274691 19.1725309 ]
```

ullet Somit ist zum Beispiel das 95 %-Vertrauensintervall für  $\mu_{5\,\%}$ 

[7.8, 12.2]

# Beispiel: Fleischverpackung

- Studie: Effekt der Verpackungsart auf das Bakterienwachstum von gelagertem Fleisch untersuchen
- Es wurden vier Verpackungsarten ("Behandlungsarten") untersucht:
  - ► Kommerzielle Plastikverpackung (mit Umgebungsluft)
  - Vakuumverpackung
  - ▶ 1% CO, 40% O<sub>2</sub>, 59% N
  - ▶ 100 % CO<sub>2</sub>
- Versuchseinheiten besteht aus 12 Rindssteaks von rund 75 g
- Interessieren für die Wirksamkeit einer Verpackungsart, das Bakterienwachstum zu unterdrücken
- Gemessene Zielgrösse: (Logarithmus) Anzahl Bakterien pro Quadratzentimeter

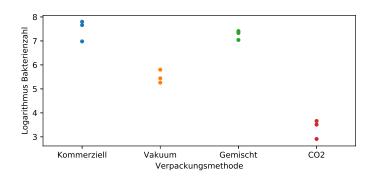
## Beispiel: Fleischverpackung

• Datensatz Meat graphisch darstellen

• Code:

```
meat = DataFrame({
"Treatment":
np.repeat(["Kommerziell", "Vakuum", "Gemischt", "CO2"], [3, 3,
3, 3]),
"meat_id": [7.66, 6.98, 7.80, 5.26, 5.44, 5.80, 7.41, 7.33,
7.04, 3.51, 2.91, 3.66]
})
sns.stripplot(x="Treatment", y="meat id", data=meat)
plt.xlabel("Verpackungsmethode")
plt.ylabel("Logarithmus Bakterienzahl")
plt.show()
```

#### Plot:



• Koeffizienten des Gruppenmittel-Modells für den Datensatz Meat

#### Code:

• Somit lauten die geschätzten Gruppenmittelwerte

$$\begin{split} \widehat{\mu}_{\text{CO}_2} &= 3.36 - 0 = 3.36 \\ \widehat{\mu}_{\text{Kommerziell}} &= 3.36 + 4.12 = 7.48 \\ \widehat{\mu}_{\text{Gemischt}} &= 3.36 + 3.90 = 7.26 \\ \widehat{\mu}_{\text{Vakuum}} &= 3.36 + 2.14 = 5.50 \end{split}$$

• 95 %-Vertrauensintervalle Python wie folgt:

```
fit pred = fit.get prediction()
fit_pred.conf_int()
## [[7.02684427 7.93315573]
##
  [7.02684427 7.93315573]
## [7.02684427 7.93315573]
## [5.04684427 5.95315573]
  [5.04684427 5.95315573]
##
## [5.04684427 5.95315573]
## [6.80684427 7.71315573]
##
    [6.80684427 7.71315573]
  [6.80684427 7.71315573]
##
## [2.90684427 3.81315573]
##
   [2.90684427 3.81315573]
##
    [2.90684427 3.81315573]]
```

ullet 95 %-Vertrauensintervall für  $\mu_{
m Kommerziell}$ 

[7.03, 7.93]

#### Anova-Test

- Frage: Gibt es ob überhaupt Unterschiede zwischen den Gruppen?
- Nullhypothese ist dann

$$H_0: \quad \mu_1 = \mu_2 = \ldots = \mu_g$$

- Alternativhypothe: mindestens zwei Gruppen unterscheiden sich, also  $\mu_i \neq \mu_j$  mit mit mindestens einem Paar  $i \neq j$
- Bsp: Nullhypothese verwerfen, falls:

$$\mu_3 \neq \mu_5$$

 Gesucht Teststatistik, die extreme Werte annimmt, wenn sich die Gruppen in ihrer Lage unterscheiden • Naheliegend: Gruppenmittelwerte betrachten

$$\overline{Y}_{i.} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^{m} Y_{ij}$$

wobei wir mit . die Summe über alle Werte vom entsprechenden Index bezeichnen

 Wenn sich die Gruppenmittelwerte stark unterscheiden, ist die Nullhypothese wohl falsch. Was "stark" heisst, hängt aber auch von der Streuung der Beobachtungen innerhalb der Gruppen ab, die durch

$$S^{2} = \frac{1}{n-g} \sum_{i=1}^{g} \sum_{j=1}^{m} (Y_{ij} - \overline{Y}_{i.})^{2}$$

gemessen wird

 Mit ihr wird nun die Streuung zwischen den Gruppenmittelwerten verglichen Man verwendet die Streuung zwischen Gruppen

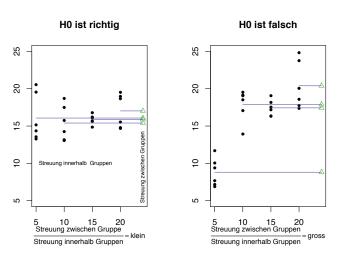
$$F = \frac{\mathsf{Streuung}\ \mathsf{zwischen}\ \mathsf{Gruppen}}{\mathsf{Streuung}\ \mathsf{innerhalb}\ \mathsf{Gruppe}} = \frac{\frac{1}{g-1}\sum_{i=1}^g m \cdot \left(\overline{Y}_{i.} - \overline{Y}_{..}\right)^2}{S^2}$$

als Teststatistik, wobei

$$\overline{Y}_{\cdot \cdot} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{g} \sum_{j=1}^{m} Y_{ij}$$

das Grand Mean, g die Anzahl der Gruppen und  $n = g \cdot m$  die Gesamtzahl Beobachtungen bezeichnen.

#### Abbildung:



 Es ist üblich, die Terme, die zur Teststatistik F führen, in einer Art Rechenschema zusammenzustellen, welches Varianzanalyse-Tabelle genannt wird (Tabelle

Quelle	Quadratsumme	Freiheitsgrade	Mittleres Quadrat
Behandlung (Gruppen)	$_{G}=m\cdot\sum_{i}^{g}(\widehat{Y}_{i.}-\widehat{Y}_{})^{2}$	$DF_{G} = g - 1$	$MS_{G} =_{G} / DF_{G}$
Fehler (Residuen)	$E = \sum_{i}^{g} \sum_{j}^{m} (Y_{ij} - \widehat{Y}_{i.})^2$	$DF_{E} = n - g$	$MS_E =_E /DF_E$
Total	$_{T}=\sum_{i}^{g}\sum_{j}^{m}(Y_{ij}-\widehat{Y}_{})^{2}$	$DF_{\mathcal{T}} = \mathit{n} - 1$	

- Auch wenn der Computer die Rechnungen übernimmt, bleibt dieses Schema wichtig, da die einzelnen Teile eine tiefere Bedeutung haben und da es sich auf kompliziertere Modelle verallgemeinern lässt
- Details: siehe Skript

- Wie früher Teststatistik-Werte mit Hilfe der aus der Theorie bekannten Verteilung der Teststatistik unter der Null-Hypothese in P-Werte umgerechnen
- Hier: F-Verteilung
- In der *P*-Wert-Skala sind die Verwerfungsbereiche (unplausible Werte) einfach zu merken:
- Bei P-Werten kleiner als das Niveau wird die Null-Hypothese verworfen, sonst beibehalten.

## Bespiel: Papier Reissfestigkeit

Varianzanalyse-Tabelle: Python

```
rf = DataFrame({
"HC": np.repeat(["5%","10%","15%","20%"], [6, 6, 6, 6]),
"Strength": [7, 8, 15, 11, 9, 10, 12, 17, 13, 18, 19, 15, 14, 18,
19, 17, 16, 18, 19, 25, 22, 23, 18, 20]
})
fit = ols("Strength~HC",data=rf).fit()
anova lm(fit)
##
             df
                                                   PR(>F)
                    sum_sq mean_sq
            3.0 382.791667 127.597222 19.605207 0.000004
## HC
## Residual 20.0 130.166667 6.508333
                                                      NaN
                                             NaN
```

- 1. Spalte: df sind die Freiheitsgrade (degrees of freedom)
- 2. Spalte: sum\_sq die Quadratsummen (Sum of Squares)
- 3. Spalte: mean\_sq die mittlere Quadratsumme (Mean Squared)
- 4. Spalte; gefolgt von der Teststatistik F und zuletzt der P-Wert (Pr(>F)).
- Wert der Teststatistik und der entsprechende P-Wert werden auf der Zeile der Behandlung (entspricht hier der Zeile HC) aufgeführt
- $\bullet$  *P*-Wert von  $4\cdot 10^{-6}$  besagt, dass ein Effekt von unterschiedlichen Hartholz-Konzentrationen signifikant auf dem 5 % Niveau nachgewiesen werden kann
- Die Gruppenmittelwerte unterscheiden sich also signifikant
- Schon aus Boxplots aus ersichtlich

# Beispiel: Fleischverpackung

• Varianzanalyse-Tabelle für den Datensatz Meat

- ullet P-Wert von  $1\cdot 10^{-6}$  besagt, dass ein Effekt von unterschiedlichen Verpackungsmethoden signifikant auf dem 5 % Niveau nachgewiesen werden kann
- Die Gruppenmittelwerte unterscheiden sich also signifikant
- Diese Feststellung deckt sich mit der Beobachtung in Abbildung