Критерии дисперсионного анализа в R (часть 2)

In [1]:
```
options(repr.plot.width=5, repr.plot.height=4)
```

boxplot

```
## S3 method for class 'formula'
boxplot(formula, data = NULL, ..., subset, na.action = NULL,
        drop = FALSE, sep = ".", lex.order = FALSE)

## Default S3 method:
boxplot(x, ..., range = 1.5, width = NULL, varwidth = FALSE,
        notch = FALSE, outline = TRUE, names, plot = TRUE,
        border = par("fg"), col = NULL, log = "",
        pars = list(boxwex = 0.8, staplewex = 0.5, outwex = 0.5),
        horizontal = FALSE, add = FALSE, at = NULL)
```

Параметры

- `formula` -- формула в виде `y ~ grp`, где `y` -- числовой признак, а `grp` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных.
- `x` -- данные, по которым строить ящики. Передаются в виде списка выборок, либо несколькими параметрами, на что указывает `...`;
- `width` -- вектор, задающий ширину каждого ящика;
- `boxwex` -- коэффициент масштаба ширины ящика;
- `at` -- положения ящиков по оси икс.

Возвращают:

- `stats` -- характеристики каждого ящика (нижний ус, нижняя граница ящика, медиана, верхняя граница ящика, верхний ус);
- `out` -- точки за пределами усов;
- `group` -- группы, соответствующие точкам из `out`.

Примеры:

Встроенные в R данные о росте зубов морских свинок. Признак `len` отвечает за длину зубов, `supp` -- тип питания, `dose` -- доза.

In [2]:
```
head(ToothGrowth)
```

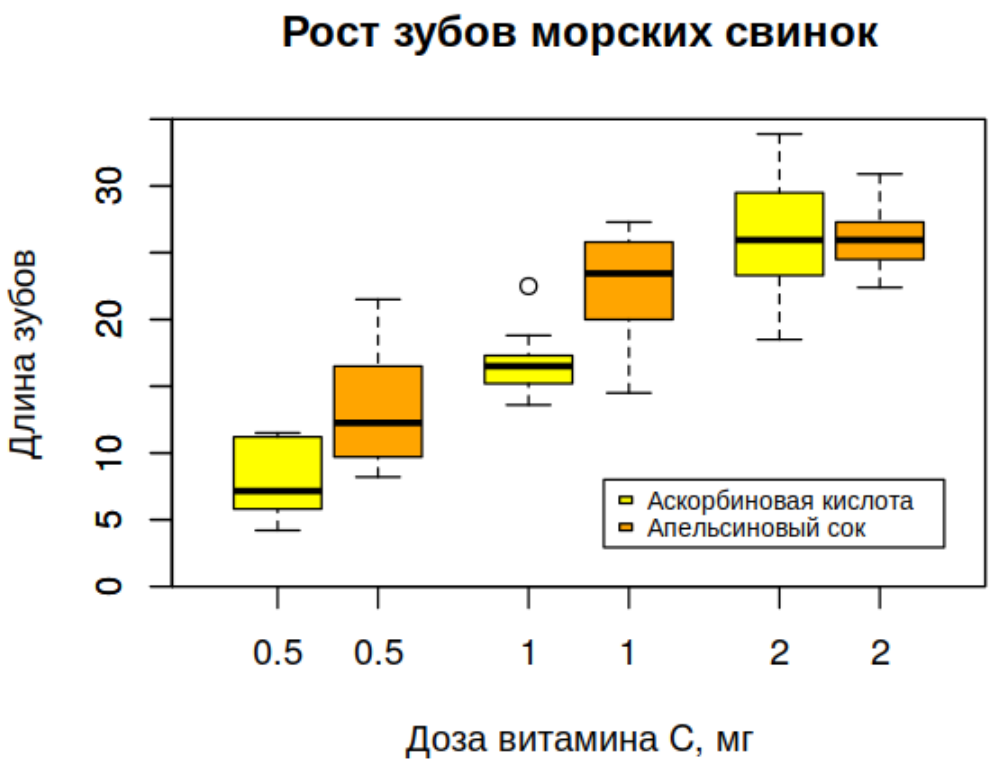
len	supp	dose
4.2	VC	0.5
11.5	VC	0.5
7.3	VC	0.5
5.8	VC	0.5
6.4	VC	0.5
10.0	VC	0.5

In [3]:

```r
# желтые ящики
boxplot(len ~ dose, data = ToothGrowth,
        boxwex = 0.35, at = 1:3 - 0.2,  # положение и размер
        subset = supp == "VC", col = "yellow",
        main = "Рост зубов морских свинок",
        xlab = "Доза витамина C, мг",
        ylab = "Длина зубов",
        xlim = c(0.5, 3.5), ylim = c(0, 35), yaxs = "i")

# оранжевые ящики
boxplot(len ~ dose, data = ToothGrowth,
        add = TRUE,  # добавить к предыдущей фигуре
        boxwex = 0.35, at = 1:3 + 0.2,
        subset = supp == "OJ", col = "orange")

# легенда
legend(2.1, 8, c("Аскорбиновая кислота", "Апельсиновый сок"),
       fill = c("yellow", "orange"),
       cex = 0.7,  # размер тексте
       y.intersp = 2,  # расстояние между строками
       text.width = 1.15)  # длина рамки
```



Нормальные данные

Критерий Бартлетта

$X_{ij} \sim \mathcal{N}(\mu_j, \sigma_j^2), \;\; i = 1, \ldots, n_j, \;\; j = 1, \ldots, k$

$H_0 : \sigma_1 = \ldots = \sigma_k$

```r
## Default S3 method:
bartlett.test(x, g, ...)

## S3 method for class 'formula'
bartlett.test(formula, data, subset, na.action, ...)
```

Параметры

- - `x` -- список выборок, то есть `list(x1, x2, ...)` ;

  или
- - `x` --- выборка;
- - `g` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `formula` -- формула в виде `lhs ~ rhs` , где `lhs` -- числовой признак, а `rhs` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных.

Возвращают:

- `statistic` -- статистика критерия;
- `parameter` -- число степеней свободы распределения хи-квадрат, которым аппроксимируется статистика;
- `p.value` -- p-value критерия.

Примеры:

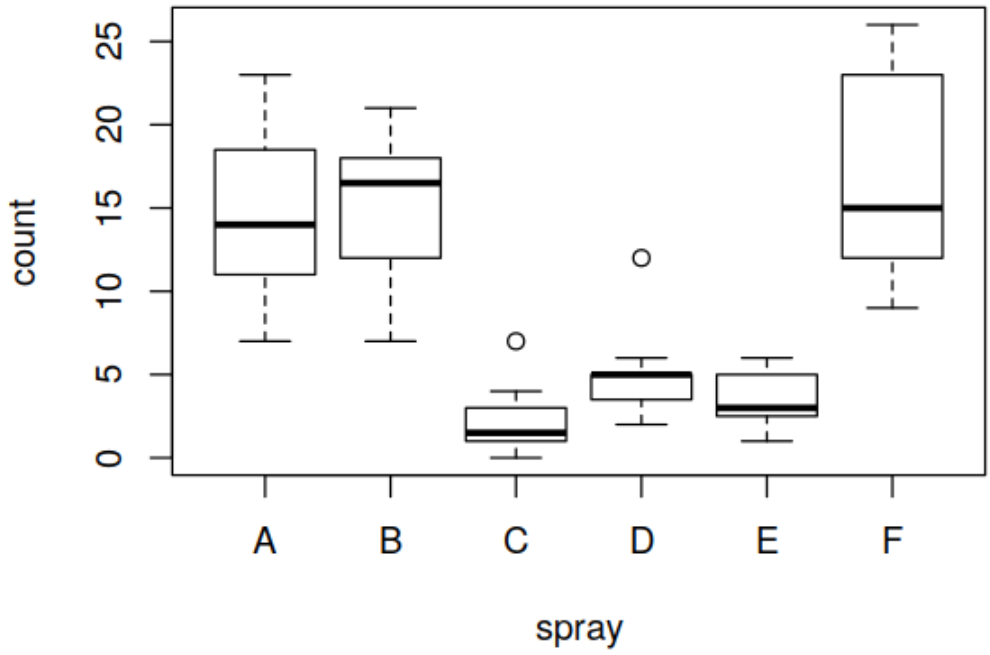
Встроенные в R данные о количестве насекомых после обработки спреем. Признак `count` отвечает за количество насекомых, `supp` -- тип спрея.

In [4]:
```
1 head(InsectSprays)
```

count	spray
10	A
7	A
20	A
14	A
14	A
12	A

Построим ящики с усами

In [5]:
```
1 plot(count ~ spray, data = InsectSprays)
```



Далее два эквивалентных способа применить критерий Бартлетта к данным

Напечатанные числа: статистика критерия, число степеней свободы предельного распределения хи-квадрат, p-value критерия.

In [6]:
```
1 bartlett.test(InsectSprays$count, InsectSprays$spray)
```

```
        Bartlett test of homogeneity of variances

data:  InsectSprays$count and InsectSprays$spray
Bartlett's K-squared = 25.96, df = 5, p-value = 9.085e-05
```

In [7]:
```
1 bartlett.test(count ~ spray, data = InsectSprays)
```

```
        Bartlett test of homogeneity of variances

data:  count by spray
Bartlett's K-squared = 25.96, df = 5, p-value = 9.085e-05
```

ANOVA (ANalysis Of VAriance, критерий Фишера)

Полный список моделей: https://www.rdocumentation.org/packages/car/versions/3.0-2/topics/Anova (https://www.rdocumentation.org/packages/car/versions/3.0-2/topics/Anova)

Базовый вариант:

```
1 aov(formula, data = NULL, projections = FALSE, qr = TRUE,
2     contrasts = NULL, ...)
```

Параметры

- `formula` -- формула;

- `data` -- данные (матрица или таблица).

Примеры:

Возьмем данные `npk` о выращивании гороха на 6 блоках, на который производится воздействие тремя факторами: `N` (азот), `P` (фосфат), `K` (калий). Величина `yield` отвечает за урожайность гороха в фунтах на участок.

In [8]:
```
1 head(npk)
```

block	N	P	K	yield
1	0	1	1	49.5
1	1	1	0	62.8
1	0	0	0	46.8
1	1	0	1	57.0
2	1	0	0	59.8
2	1	1	1	58.5

Изучим влияние факторов многофакторного дисперсионного анализа, включая совместное влияние факторов `N` и `P`.

In [9]:
```
1 aov(yield ~ block + N * P + K, npk)
```

```
Call:
   aov(formula = yield ~ block + N * P + K, data = npk)

Terms:
                    block        N        P        K      N:P Residuals
Sum of Squares  343.2950 189.2817   8.4017  95.2017  21.2817  218.9033
Deg. of Freedom        5        1        1        1        1        14

Residual standard error: 3.954232
Estimated effects may be unbalanced
```

Результат можно оформить в виде таблицы. Колонки соответствуют:

- число степеней свободы критерия Фишера;
- суммарная изменчивость данных между уровнями данного фактора;
- средняя изменчивость данных между уровнями данного фактора;
- значение статистики критерия Фишера для гипотезы о незначимости фактора;
- соответствующее p-value.

Последняя строка соответствует остаткам модели.

In [10]:
```
1 summary(aov(yield ~ block + N * P + K, npk))
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
block        5  343.3   68.66   4.391 0.01295 *
N            1  189.3  189.28  12.106 0.00368 **
P            1    8.4    8.40   0.537 0.47564
K            1   95.2   95.20   6.089 0.02711 *
N:P          1   21.3   21.28   1.361 0.26284
Residuals   14  218.9   15.64
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

Compute Tukey Honest Significant Differences

```
1 TukeyHSD(x, which, ordered = FALSE, conf.level = 0.95, ...)
```

Параметры

- `x` -- обученная anova-модель;
- `which` -- вектор параметров, которые надо проанализоровать;
- `ordered` -- упорядочены ли уровни фактора по предполагаемому увеличению среднего в выборке до принятия различий. Если ordered имеет значение true, то.

Набор данных `warpbreaks` о количестве разрывов на ткацкий станок, причем ткацкому станку соответствует фиксированная длина пряжи. Колонка `wool` отвечает за тип шерсти (`A` или `B`), а `tension` за степень натяжения (`L` , `M` , `H`). Проверено 9 ткацких станков на 6 типах деформации (`AL` , `AM` , `AH` , `BL` , `BM` , `BH`).

In [11]:
```
1 head(warpbreaks)
```

breaks	wool	tension
26	A	L
30	A	L
54	A	L
25	A	L
70	A	L
52	A	L

Уровни фактора `tension` .

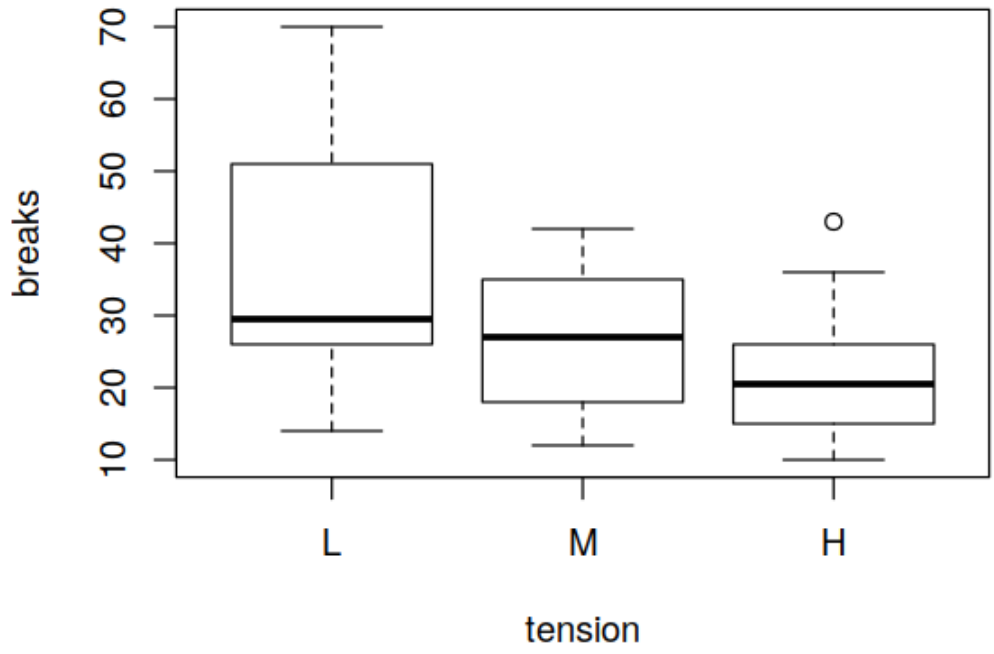
In [12]:
```
1 unique(warpbreaks$tension)
```

L M H

▶ **Levels**:

Посмотрим с помощью boxplot, как он влияет на количество разрывов

In [13]:
```
1 plot(breaks ~ tension, data = warpbreaks)
```



Построим anova-модель

In [14]:
```
1 summary(fm1 <- aov(breaks ~ wool + tension, data = warpbreaks))
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
wool         1    451   450.7   3.339 0.07361 .
tension      2   2034  1017.1   7.537 0.00138 **
Residuals   50   6748   135.0
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

Теперь по этой модели применим post hoc анализ методом Тьюки для анализа влияния фактора `tension`, который отвечает за степень натяжения. Предполагаем, что среднее число разрывов возрастает при увеличении степени натяжения, поэтому рассматриваем альтернативу с возрастающими средними, за что ответчает параметр `ordered`.

Таблица для каждой пары групп содержит следующие значения: оценка контраста `diff`, границы доверительного интервала (`lwr` и `upr`), подправленное (после МПГ) значение p-value `p adj`. Например, первая клетка таблицы означает, что в группе `M` в среднем происходит на 4.72 разрыва больше, чем в группе `H`. Соответствующий доверительный интервал равен (-4.63 14.08). Поскольку подправленное p-value больше 0.05, то такая разница незначима, что согласуется с тем, что доверительный интервал содержит ноль.

In [15]:
```
1 TukeyHSD(fm1, "tension", ordered = TRUE)
```

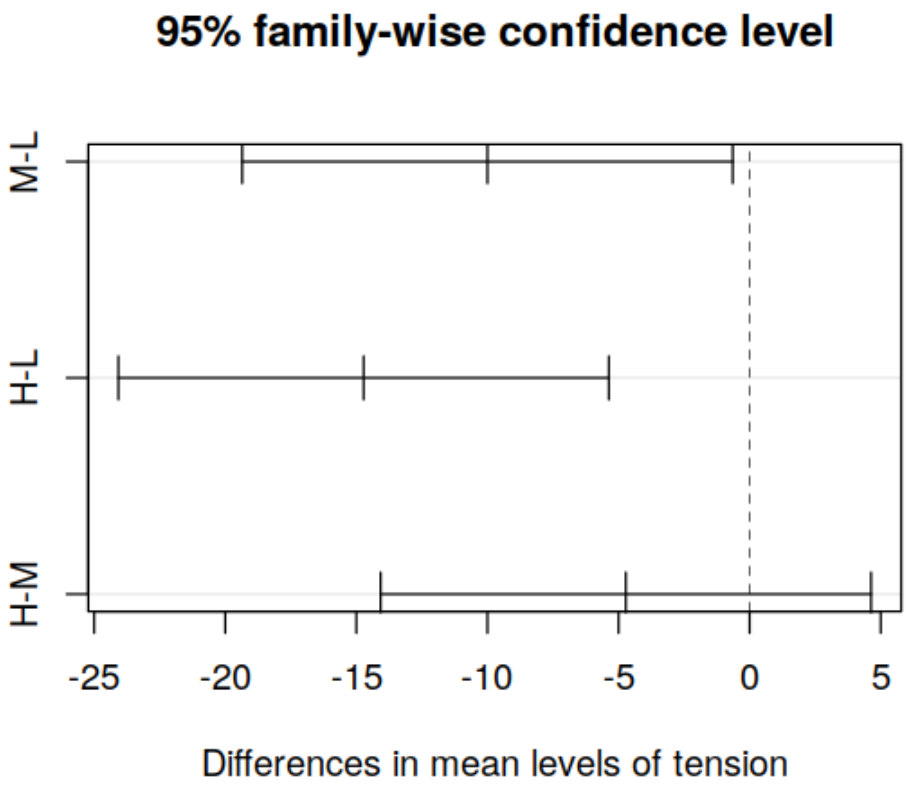
```
  Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level
    factor levels have been ordered

Fit: aov(formula = breaks ~ wool + tension, data = warpbreaks)

$tension
         diff        lwr      upr     p adj
M-H  4.722222 -4.6311985 14.07564 0.4474210
L-H 14.722222  5.3688015 24.07564 0.0011218
L-M 10.000000  0.6465793 19.35342 0.0336262
```

Визуализация результата. На графике для каждой группы указаны оценка контраста и доверительный интервал для него.

In [16]:
```
1 plot(TukeyHSD(fm1, "tension"))
```



LSD Фишера

См. документацию https://www.rdocumentation.org/packages/agricolae/versions/1.3-0/topics/LSD.test (https://www.rdocumentation.org/packages/agricolae/versions/1.3-0/topics/LSD.test)

Независимые выборки, непараметрический случай

Критерий Краскела Уоллиса

$X_{ij}, \quad i = 1, \ldots, n_j, \quad j = 1, \ldots, k$ --- однофакторная модель, случай независмых выборок

$H_0 : \mu_1 = \ldots = \mu_k$

$H_1 : \exists i, j$ т.ч. $\mu_i \neq \mu_j$

```
## Default S3 method:
kruskal.test(x, g, ...)

## S3 method for class 'formula'
kruskal.test(formula, data, subset, na.action, ...)
```

Параметры

- - `x` -- список выборок, то есть `list(x1, x2, ...)` ;

  или
- - `x` --- выборка;
- - `g` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `formula` -- формула в виде `response ~ group` , где `response` -- числовой признак, а `group` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных.

Возвращают:

- `statistic` -- статистика критерия;
- `parameter` -- число степеней свободы распределения хи-квадрат;
- `p.value` -- p-value критерия.

Примеры:

Напечатанные числа: статистика критерия, число степеней свободы предельного распределения хи-квадрат, p-value критерия.

In [17]:
```
x <- c(2.9, 3.0, 2.5, 2.6, 3.2) # normal subjects
y <- c(3.8, 2.7, 4.0, 2.4)      # with obstructive airway disease
z <- c(2.8, 3.4, 3.7, 2.2, 2.0) # with asbestosis
kruskal.test(list(x, y, z))
```

```
        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  list(x, y, z)
Kruskal-Wallis chi-squared = 0.77143, df = 2, p-value = 0.68
```

Встроенные в R данные о качестве воздуха

In [18]:
```
head(airquality)
```

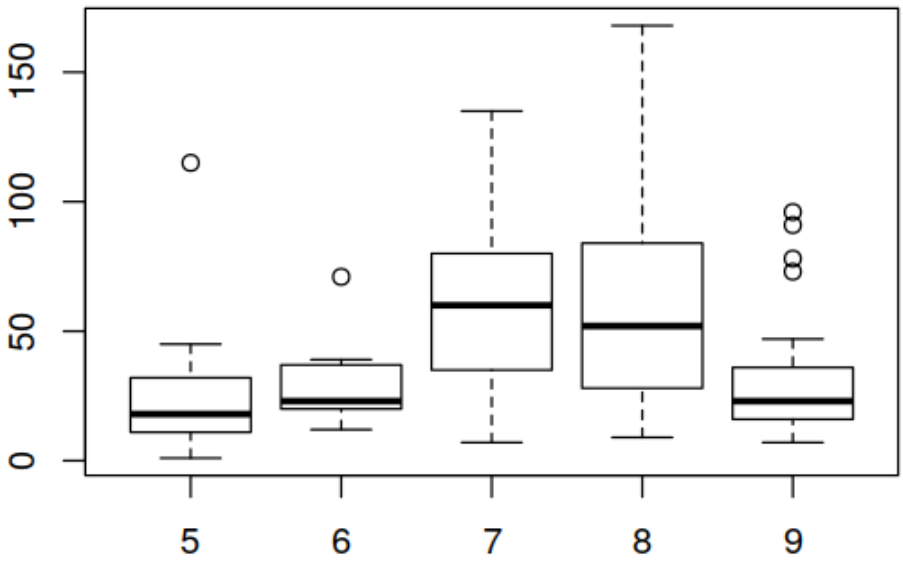
Ozone	Solar.R	Wind	Temp	Month	Day
41	190	7.4	67	5	1
36	118	8.0	72	5	2
12	149	12.6	74	5	3
18	313	11.5	62	5	4
NA	NA	14.3	56	5	5
28	NA	14.9	66	5	6

Зависимость уровня озона от месяца

In [19]:
```
boxplot(Ozone ~ Month, data = airquality)
kruskal.test(Ozone ~ Month, data = airquality)
```

```
	Kruskal-Wallis rank sum test

data:  Ozone by Month
Kruskal-Wallis chi-squared = 29.267, df = 4, p-value = 6.901e-06
```



Post-hoc анализ методом Данна

Сначала надо поставить пакет `dunn.test`

In [20]:
```
# install.packages('dunn.test')
library(dunn.test)
```

```
dunn.test  (x, g=NA, method=p.adjustment.methods, kw=TRUE, label=TRUE,
      wrap=FALSE, table=TRUE, list=FALSE, rmc=FALSE, alpha=0.05, altp=FALSE)

p.adjustment.methods
# c("none", "bonferroni", "sidak", "holm", "hs", "hochberg", "bh", "by")
```

Параметры

- ▪ `x` -- список выборок, то есть `list(x1, x2, ...)` ;

  или
- ▪ `x` --- выборка;
- ▪ `g` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `method` -- метод множественной проверки гипотез из списка выше;
- `kw` -- применять ли критерий Краскела-Уоллиса;
- `label` -- использовать ли метки факторов в таблице;
- `table и list` -- формат, в котором печатать результат;
- `rmc` -- если указано, то таблица содержит оценки для "строка минус столбец", иначе (по умолчанию) для "столбец минус строка";

- `alpha` -- уровень значимости.

Возвращают:

- `chi2` -- статистика критерия Красела-Уоллиса;
- `Z` -- вектор из $m = k(k-1)/2$ статистик Данна, где k -- количество групп;
- `P` -- соответсвующий вектор p-value;
- `P.adjust` -- соответсвующий подправленный (МПГ) вектор p-value;
- `comparisons` -- вектор строк о попарном сравнении.

Примеры:

В каждой ячейке печатается два числа: оценка контраста, p-value критерия. Например, значение -0.64 в первой клетке таблицы означает, что среднее в группе 1 минус среднее в группе 2 оценивается как -0.64. Число 0.52 есть p-value гипотезы о незначимости различий средних в этих двух группах.

In [21]:
```
x <- c(2.9, 3.0, 2.5, 2.6, 3.2) # normal subjects
y <- c(3.8, 2.7, 4.0, 2.4)      # with obstructive airway disease
z <- c(2.8, 3.4, 3.7, 2.2, 2.0) # with asbestosis
dunn.test(x = list(x,y,z), method = 'holm')
```

```
  Kruskal-Wallis rank sum test

data: x and group
Kruskal-Wallis chi-squared = 0.7714, df = 2, p-value = 0.68


                           Comparison of x by group
                                    (Holm)
Col Mean-|
Row Mean |          1          2
---------+----------------------
       2 |  -0.641426
         |     0.5212
         |
       3 |   0.226778   0.855235
         |     0.4103     0.5886

alpha = 0.05
Reject Ho if p <= alpha/2
```

Встроенные в R данные о качестве воздуха

In [22]:
```
head(airquality)
```

Ozone	Solar.R	Wind	Temp	Month	Day
41	190	7.4	67	5	1
36	118	8.0	72	5	2
12	149	12.6	74	5	3
18	313	11.5	62	5	4
NA	NA	14.3	56	5	5
28	NA	14.9	66	5	6

Посмотрим на зависимость уровня озона от месяца. На этот раз критерий Краскела-Уоллиса применять не будем -- он уже был применен ранее для этих данных.

In [23]:
```
dunn.test(airquality$Ozone, airquality$Month, kw=FALSE, method="bonferroni")
```

```
                          Comparison of x by group
                                (Bonferroni)
Col Mean-|
Row Mean |          5          6          7          8
---------+--------------------------------------------
       6 |  -0.925158
         |     1.0000
         |
       7 |  -4.419470  -2.244208
         |    0.0000*     0.1241
         |
       8 |  -4.132813  -2.038635   0.286657
         |    0.0002*     0.2074     1.0000
         |
       9 |  -1.321202   0.002538   3.217199   2.922827
         |     0.9322     1.0000    0.0065*    0.0173*

alpha = 0.05
Reject Ho if p <= alpha/2
```

Post-hoc анализ с помощью пакета PMCMR

Полная документация с формулами https://cran.r-project.org/web/packages/PMCMR/vignettes/PMCMR.pdf (https://cran.r-project.org/web/packages/PMCMR/vignettes/PMCMR.pdf)

Для post-hoc анализа после критерия Краскела-Уоллиса реализовано:

- `posthoc.kruskal.nemenyi.test`
- `posthoc.kruskal.dunn.test`
- `posthoc.kruskal.conover.test`

Разберем интерфейс первого. Остальные работают аналогично.

In [24]:
```
# install.packages('PMCMR')
library('PMCMR')
```

```
PMCMR is superseded by PMCMRplus and will be no longer maintained. You may wish to
install PMCMRplus instead.
```

```
posthoc.kruskal.nemenyi.test( x, g, dist =
c("Tukey", "Chisquare"), ...)

## S3 method for class 'formula'
posthoc.kruskal.nemenyi.test(formula, data, subset,
na.action, dist =
c("Tukey", "Chisquare"), ...)
```

Параметры

- `x` -- список выборок, то есть `list(x1, x2, ...)` ;

  или
- `x` --- выборка;
- `g` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `formula` -- формула в виде `response ~ group` , где `response` -- числовой признак, а `group` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных;
- `dist` -- метод вычисления p-value.

Возвращают:

- `statistic` -- статистика;
- `p.value` -- p-value.

Примеры:

Два эквивалентных способа применения критерия по датасету `airquality`, рассмотренному ранее.

In [25]:
```
1 posthoc.kruskal.nemenyi.test(airquality$Ozone, airquality$Month)
```

```
Warning message in posthoc.kruskal.nemenyi.test.default(airquality$Ozone, airqualit
y$Month):
“Ties are present, p-values are not corrected.”


        Pairwise comparisons using Tukey and Kramer (Nemenyi) test
                   with Tukey-Dist approximation for independent samples

data:  airquality$Ozone and airquality$Month

  5       6       7       8
6 0.88737 -       -       -
7 9.7e-05 0.16373 -       -
8 0.00035 0.24773 0.99853 -
9 0.67819 1.00000 0.01136 0.02867

P value adjustment method: none
```

In [26]:
```
1 posthoc.kruskal.nemenyi.test(Ozone ~ Month, data = airquality)
```

```
Warning message in posthoc.kruskal.nemenyi.test.default(c(41L, 36L, 12L, 18L, 28L,
:
“Ties are present, p-values are not corrected.”


        Pairwise comparisons using Tukey and Kramer (Nemenyi) test
                   with Tukey-Dist approximation for independent samples

data:  Ozone by Month

  5       6       7       8
6 0.88737 -       -       -
7 9.7e-05 0.16373 -       -
8 0.00035 0.24773 0.99853 -
9 0.67819 1.00000 0.01136 0.02867

P value adjustment method: none
```

В таблицах выше напечатаны p-value. Оценки контраста по модулю можно получить так:

In [27]:
```
1 posthoc.kruskal.nemenyi.test(Ozone ~ Month, data = airquality)$statistic
```

```
Warning message in posthoc.kruskal.nemenyi.test.default(c(41L, 36L, 12L, 18L, 28L,
:
“Ties are present, p-values are not corrected.”
```

	5	6	7	8
6	1.308037	NA	NA	NA
7	6.248477	3.172977980	NA	NA
8	5.843186	2.882328830	0.4052909	NA
9	1.867984	0.003589141	4.5486434	4.132446

Замечание. Так же в пакете `PMCMR` реализован критерий Ван-дер-Вардена `vanWaerden.test`, альтренативный критерию Краскела-Уоллиса, а так же соответствующий критерий post-hoc анализа `posthoc.vanWaerden.test`.

Критерий Джонкхиера

$X_{ij},\ \ i = 1, \ldots, n_j,\ \ j = 1, \ldots, k$ --- однофакторная модель, случай независмых выборок

$\mathsf{H}_0 : \mu_1 = \ldots = \mu_k$

$\mathsf{H}_1 : \mu_1 \leqslant \ldots \leqslant \mu_k$

In [28]:
```
# install.packages('clinfun')
library('clinfun')
```

```
Attaching package: ‘clinfun’

The following object is masked from ‘package:PMCMR’:

    jonckheere.test
```

```
jonckheere.test(x, g, alternative = c("two.sided", "increasing",
                 "decreasing"), nperm=NULL)
```

Параметры

- `x` --- выборка;
- `g` -- фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная). Выборки получаются разделением числового признака по значению фактора;
- `alternative` -- вид альтернативы:
  - `two.sided` -- монотонность $\mathsf{H}_1 : (\mu_1 \leqslant \ldots \leqslant \mu_k$ или $\mu_1 \geqslant \ldots \geqslant \mu_k)$;
  - `increasing` -- возрастание $\mathsf{H}_1 : \mu_1 \leqslant \ldots \leqslant \mu_k$;
  - `decreasing` -- убывание $\mathsf{H}_1 : \mu_1 \geqslant \ldots \geqslant \mu_k$;
- `nperm` -- количество перестановок.

Примеры:

Напечатанные числа: значение статистики, p-value.

In [29]:
```
g <- rep(1:5, rep(10,5))  # фактор
x <- rnorm(50)  # выборка
jonckheere.test(x+0.3*g, g)
```

```
        Jonckheere-Terpstra test

data:
JT = 710, p-value = 0.0002524
alternative hypothesis: two.sided
```

Связные выборки, непараметрический случай

Критерий Фридмана

$X_{ij},\ \ i = 1, \ldots, n,\ \ j = 1, \ldots, k$ --- однофакторная модель, случай связных выборок

$\mathsf{H}_0 : \beta_1 = \ldots = \beta_k$

$\mathsf{H}_1 : \exists i, j$ т.ч. $\beta_i \neq \beta_j$

```
## Default S3 method:
friedman.test(y, groups, blocks, ...)

## S3 method for class 'formula'
```

```
friedman.test(formula, data, subset, na.action, ...)
```

Параметры

- `y` -- выборки в виде матрицы;

  или
- `x` --- выборка;
- `groups` -- интересующий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает выборки;
- `blocks` -- мешающий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает строки;
- `formula` -- формула вида `a ~ b | c`, где `a`, `b` и `c` задают данные, интересующий фактор и мешающий фактор (блоки) соответственно;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных..

Возвращают:

- `statistic` -- статистика критерия;
- `parameter` -- число степеней свободы распределения хи-квадрат;
- `p.value` -- p-value критерия.

Примеры:

Напечатанные числа: значение статистики критерия, число степеней свободы распределения хи-квадрат, p-value критерия.

In [30]:
```
samples <-
matrix(c(5.40, 5.50, 5.55,
         5.85, 5.70, 5.75,
         5.20, 5.60, 5.50,
         5.55, 5.50, 5.40,
         5.45, 5.55, 5.50,
         5.55, 5.55, 5.35,
         5.45, 5.50, 5.55,
         5.50, 5.45, 5.25,
         5.65, 5.60, 5.40,
         5.70, 5.65, 5.55,
         6.30, 6.30, 6.25),
       nrow = 11,
       byrow = TRUE)
friedman.test(samples)
```

```
        Friedman rank sum test

data:  samples
Friedman chi-squared = 2.2857, df = 2, p-value = 0.3189
```

Набор данных `warpbreaks` о количестве разрывов на ткацкий станок, причем ткацкому станку соответствует фиксированная длина пряжи. Колонка `wool` отвечает за тип шерсти (`A` или `B`), а `tension` за степень натяжжения (`L`, `M`, `H`). Проверено 9 ткацких станков на 6 типах деформации (`AL`, `AM`, `AH`, `BL`, `BM`, `BH`).

In [31]:
```
head(warpbreaks)
```

breaks	wool	tension
26	A	L
30	A	L
54	A	L
25	A	L
70	A	L
52	A	L

Усредним данные по станкам для каждого типа деформации

In [32]:
```
wb <- aggregate(warpbreaks$breaks,
                by = list(w = warpbreaks$wool,
                          t = warpbreaks$tension),
                FUN = mean)

wb
```

w	t	x
A	L	44.55556
B	L	28.22222
A	M	24.00000
B	M	28.77778
A	H	24.55556
B	H	18.77778

Исследуем, влияет ли тип шерсти на количество разрывов. В данном случае тип шерсти -- интересующий фактор, а степень натяжения -- мешающий.

Первый способ:

In [33]:
```
friedman.test(wb$x, wb$w, wb$t)
```

```
        Friedman rank sum test

data:  wb$x, wb$w and wb$t
Friedman chi-squared = 0.33333, df = 1, p-value = 0.5637
```

Второй способ:

In [34]:
```
friedman.test(x ~ w | t, data = wb)
```

```
        Friedman rank sum test

data:  x and w and t
Friedman chi-squared = 0.33333, df = 1, p-value = 0.5637
```

Post-hoc анализ с помощью пакета `PMCMR`

Полная документация с формулами https://cran.r-project.org/web/packages/PMCMR/vignettes/PMCMR.pdf (https://cran.r-project.org/web/packages/PMCMR/vignettes/PMCMR.pdf)

Для post-hoc анализа после критерия Фридмана реализовано:

- `posthoc.friedman.nemenyi.test`

- `posthoc.friedman.conover.test`

Разберем интерфейс первого. Второй работает аналогично.

```
## Default S3 method:
 posthoc.friedman.nemenyi.test(y, groups, blocks,
...)

## S3 method for class 'formula'
 posthoc.friedman.nemenyi.test(formula, data, subset,
na.action, ...)
```

Параметры

- `y` -- выборки в виде матрицы;

  или
- `x` --- выборка;
- `groups` -- интересующий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает выборки;
- `blocks` -- мешающий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает строки;
- `formula` -- формула вида `a ~ b | c`, где `a`, `b` и `c` задают данные, интересующий фактор и мешающий фактор (блоки) соответственно;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных..

Возвращают:

- `statistic` -- статистика;
- `p.value` -- p-value.

Примеры:

Создадим данные

In [35]:
```
y <- matrix(c(
    3.88, 5.64, 5.76, 4.25, 5.91, 4.33, 30.58, 30.14, 16.92,
    23.19, 26.74, 10.91, 25.24, 33.52, 25.45, 18.85, 20.45,
    26.67, 4.44, 7.94, 4.04, 4.4, 4.23, 4.36, 29.41, 30.72,
    32.92, 28.23, 23.35, 12, 38.87, 33.12, 39.15, 28.06, 38.23,
    26.65),nrow=6, ncol=6,
dimnames=list(1:6,c("A","B","C","D","E","F")))
y
```

A	B	C	D	E	F
3.88	30.58	25.24	4.44	29.41	38.87
5.64	30.14	33.52	7.94	30.72	33.12
5.76	16.92	25.45	4.04	32.92	39.15
4.25	23.19	18.85	4.40	28.23	28.06
5.91	26.74	20.45	4.23	23.35	38.23
4.33	10.91	26.67	4.36	12.00	26.65

Применяем критерий Фридмана

In [36]:
```
friedman.test(y)
```

```
        Friedman rank sum test

data:  y
Friedman chi-squared = 23.333, df = 5, p-value = 0.0002915
```

Поскольку критерий Фридмана отвергает основную гипотезу, переходим к post-hoc анализу

In [37]:
```
posthoc.friedman.nemenyi.test(y)
```

```
        Pairwise comparisons using Nemenyi multiple comparison test
             with q approximation for unreplicated blocked data

data:  y

  A      B      C      D      E
B 0.1880 -      -      -      -
C 0.0917 0.9996 -      -      -
D 0.9996 0.3388 0.1880 -      -
E 0.0395 0.9898 0.9996 0.0917 -
F 0.0016 0.6363 0.8200 0.0052 0.9400

P value adjustment method: none
```

В таблицах выше напечатаны p-value. Оценки контраста по модулю можно получить так:

In [38]:
```
posthoc.friedman.nemenyi.test(y)$statistic
```

	A	B	C	D	E
B	3.2732684	NA	NA	NA	NA
C	3.7097041	0.4364358	NA	NA	NA
D	0.4364358	2.8368326	3.2732684	NA	NA
E	4.1461399	0.8728716	0.4364358	3.709704	NA
F	5.4554473	2.1821789	1.7457431	5.019011	1.309307

Замечание. Так же в пакете `PMCMR` реализован критерий `quade.test`, альтренативный критерию Фридмана, а так же соответствующий критерий post-hoc анализа `posthoc.quade.test`.

Критерий Пейджа

$X_{ij},\ \ i = 1, \ldots, n,\ \ j = 1, \ldots, k$ --- однофакторная модель, случай связных выборок

$\mathsf{H}_0 : \beta_1 = \ldots = \beta_k$

$\mathsf{H}_1 : \beta_1 \leqslant \ldots \leqslant \beta_k$

In [39]:
```
# install.packages('DescTools')
library('DescTools')
```

```
## Default S3 method:
PageTest(y, groups, blocks, ...)

## S3 method for class 'formula'
PageTest(formula, data, subset, na.action, ...)
```

Все аналогично критерию Фридмана, но предполагается, что значения факторы упорядочены по предполагаемому увеличению воздействия.

Параметры

- y -- выборки в виде матрицы;

  или
- x --- выборка;
- `groups` -- интересующий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает выборки;

- - `blocks` -- мешающий фактор с несколькими уровнями (категориальная переменная), задает строки;
- `formula` -- формула вида `a ~ b | c`, где `a`, `b` и `c` задают данные, интересующий фактор и мешающий фактор (блоки) соответственно;
- `data` -- данные (матрица или таблица);
- `na.action` -- функция, указывающая что делать с пропусками в данных..

Возвращают:

- `statistic` -- статистика критерия;
- `parameter` -- число степеней свободы распределения хи-квадрат;
- `p.value` -- p-value критерия.

Примеры:

Напечатанные числа: значение статистики критерия, p-value.

In [40]:
```
# Craig's data from Siegel & Castellan, p 186
soa.mat <- matrix(c(.797,.873,.888,.923,.942,.956,
 .794,.772,.908,.982,.946,.913,
 .838,.801,.853,.951,.883,.837,
 .815,.801,.747,.859,.887,.902), nrow=4, byrow=TRUE)
PageTest(soa.mat)
```

```
        Page test for ordered alternatives

data:  soa.mat
L = 342, p-value = 0.0005661
```

Создадим некоторую таблицу данных

In [41]:
```
pers <- matrix(c(
  3,2,1,4,
  4,2,3,1,
  4,1,2,3,
  4,2,3,1,
  3,2,1,4,
  4,1,2,3,
  4,3,2,1,
  3,1,2,4,
  3,1,4,2),
  nrow=9, byrow=TRUE, dimnames=list(1:9, LETTERS[1:4]))

plng <- data.frame(expand.grid(1:9, c("B","C","D","A")),
                   as.vector(pers[, c("B","C","D","A")]))
colnames(plng) <- c("block","group","x")

head(plng)
```

block	group	x
1	B	2
2	B	2
3	B	1
4	B	2
5	B	2
6	B	1

Первый способ применения критерия

In [42]:
```
PageTest(plng$x, plng$group, plng$block)
```

```
        Page test for ordered alternatives

data:  plng$x, plng$group and plng$block
L = 252, p-value = 0.0007053
```

Второй способ применения критерия

In [43]:
```
PageTest(x ~ group | block, data = plng)
```

```
        Page test for ordered alternatives

data:  x and group and block
L = 252, p-value = 0.0007053
```

Прикладная статистика и анализ данных, 2019

Никита Волков

https://mipt-stats.gitlab.io/ (https://mipt-stats.gitlab.io/)