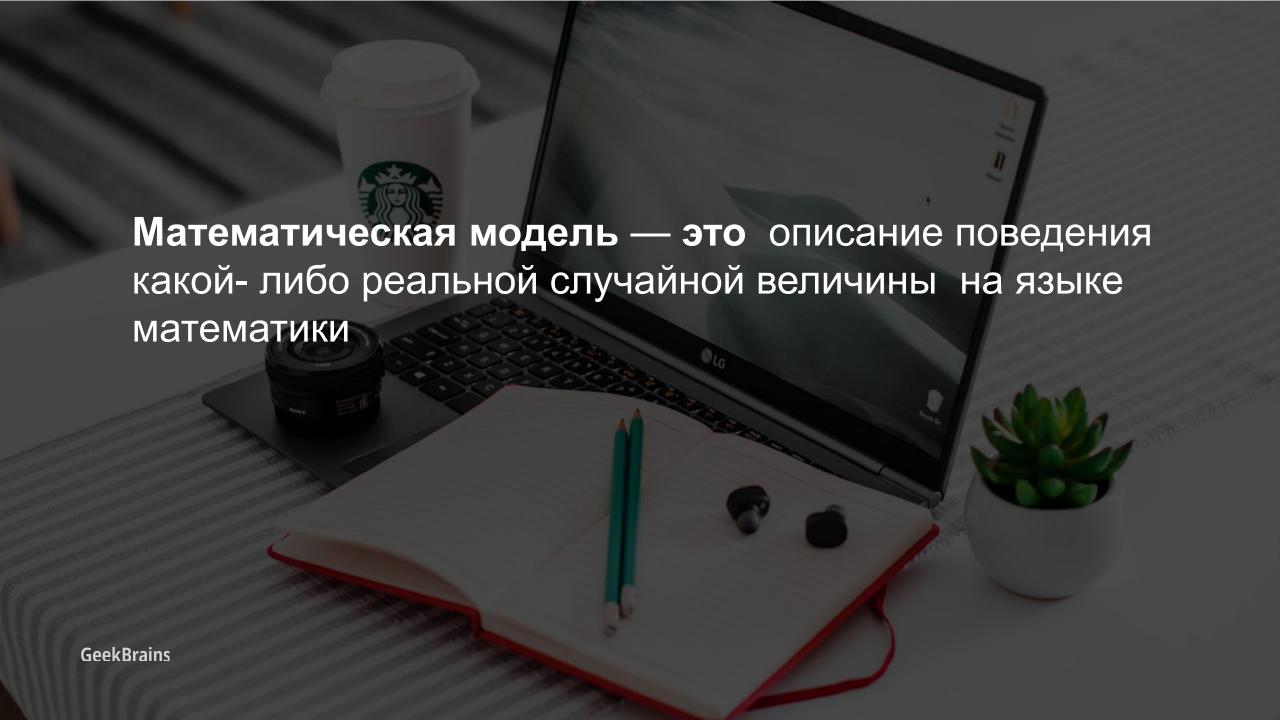


На этом уроке мы изучим:

- 1. Линейная регрессия
- 2. Дисперсионный анализ



Линейная регрессия

В основе лежит предположение некой ЛИНЕЙНОЙ зависимости Y~X, где Y –это зависимая переменная, а X- независимая(-ые)

$$Y = f(X)$$

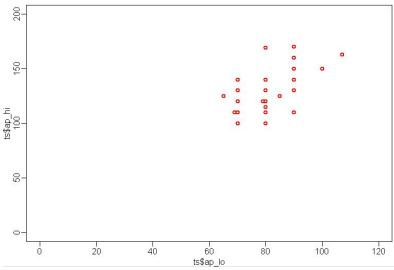
Для парной линейной регрессии ,т.е. где только одна независимая переменная (признак) X, линейная зависимость будет иметь вид:

$$y = \beta_0 + \beta_1 * X$$

С помощью линейной регрессии попробуем описать зависимость переменной \mathbf{y} (верхнее давление) от переменной \mathbf{X} , в качестве которой мы будем рассматривать различные колонки и их комбинации из подготовленного набора данных .tidy set

```
> .tidy_set<-tidy_set[tidy_set$ap_hi>tidy_set$ap_lo,]
> head(.tidy_set)
      age gender height weight ap_hi ap_lo cholesterol gluc smoke alco active cardio age_years
  id
   0 18393
                     168
                             62
                                  110
                                          80
                                                                                               50
2 1 20228
                     156
                                  140
                                          90
                                                                                               55
                                  130
                                                                                              51
   2 18857
                     165
                                         70
                                  150
   3 17623
                                                                                              48
                     169
                                        100
5 4 17474
                                  100
                                                                                              47
                     156
                                         60
6 8 21914
                                  120
                                                                                               60
                     151
                                          80
> dim(.tidy_set)
[1] 68678
> set.seed(1)
> ind<-sample(seq(1,nrow(.tidy_set)),100)</pre>
> ind
  [1] 18235 25557 39342 62372 13851 61696 64873 45378 43202 4243 14144 12124 47176 26375 52861 34174 49274 68106 26094 53379 64175
 [22] 14566 44742 8620 18346 26508
                                       920 26252 59705 23365 33094 41159 33880 12783 56795 45886 54519 7410 49676 28230 56349 44413
 [43] 53738 37958 36357 54176 1602 32753 50259 47542 32779 59103 30065 16800 4851 6826 21704 35590 45427 27917 62640 20147 31500
                                     5781 60055 23264 57592 23785 22899 32680 61208 59296 26754 53325 65898 29817 48877 27439 22318
 [64] 22808 44659 17704 32834 52578
 [85] 51932 13904 48778 8347 16839 9830 16436 4043 44052 60099 53422 54682 31224 28124 55610 41486
> ts<-.tidy_set[ind,]
> head(ts)
              age gender height weight ap_hi ap_lo cholesterol gluc smoke alco active cardio age_years
         id
18265 26543 19799
                            163
                                    52
                                         110
                                                 70
                                                                                                      54
                                                                                                      48
25601 37212 17541
                            165
                                         115
                                                 80
                                         120
39400 57321 23678
                            165
                                     74
                                                                                                      64
                                                                                                      52
62466 90766 18998
                            155
                                         100
                                                 70
                                         169
                                                                                                      55
                                                 80
13875 20151 20278
                            169
                                     68
61790 89789 21684
                                         120
                                                                                                      59
                            160
                                                 80
> dim(ts)
                                                                                                           200
[1] 100 14
> plot(ts$ap_lo,ts$ap_hi, xlim = c(0,120), ylim=c(0,200),col="red", lwd=2)
```

Из графика видно, что прослеживается линейная зависимость между нижним и верхним давлением пациента



Функции lm() и predict ()

```
> fitm<-lm(ts$ap_hi~ts$ap_lo) #построим парную линейную регрессию, в качестве независимой переменной возьмем нижнее давление пациента
> fitm
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Coefficients:
(Intercept)
                ts$ap_lo
     16.513
                   1.347
> hi_hat<- 16.513 + 1.347*ts$ap_lo
> hi_hat
  [1] 110.803 124.273 124.273 110.803 124.273 124.273 110.803 137.743 124.273 151.213 124.273 122.926 110.803 124.273 104.068 124.273
 [17] 124.273 137.743 124.273 110.803 124.273 137.743 137.743 110.803 124.273 124.273 124.273 124.273 137.743 109.456 124.273 151.213
 [33] 124.273 110.803 124.273 124.273 110.803 124.273 124.273 124.273 124.273 160.642 124.273 124.273 124.273 124.273 137.743 124.273
 [49] 124.273 137.743 124.273 137.743 137.743 137.743 124.273 110.803 124.273 131.008 124.273 137.743 124.273 124.273 137.743 124.273
 [65] 110.803 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 137.743 124.273 137.743 124.273 110.803 137.743 137.743 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273
 [81] 124.273 124.273 110.803 124.273 124.273 124.273 110.803 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273 124.273
 [97] 110.803 110.803 137.743 110.803
```

Функция predict () упрощает вычисления оценочного параметра, особенно удобно использовать ,когда имеем дело не с одним X

```
> as.numeric(predict(fitm,ts))
[1] 110.8216 124.2943 124.2943 110.8216 124.2943 124.2943 110.8216 137.7670 124.2943 151.2397 124.2943 122.9470 110.8216 124.2943
[15] 104.0852 124.2943 124.2943 137.7670 124.2943 110.8216 124.2943 137.7670 137.7670 110.8216 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 137.7670 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943
```

> ? predict

Причина различий оценочных значений у кроется в округлении вычислений

```
R: Model Predictions Find in Topic

Model Predictions

Description

predict is a generic function for predictions from the results of various model fitting functions. The function invokes particular methods which depend on the class of the first argument.

Usage

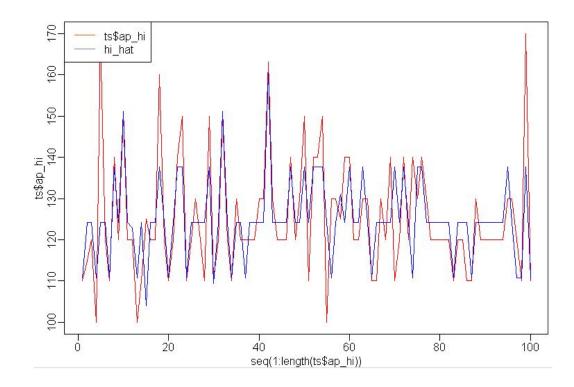
predict (object, ...)

Arguments

object a model object for which prediction is desired.
... additional arguments affecting the predictions produced.
```

```
> signif(fitm$coefficients,10)
(Intercept)    ts$ap_lo
    16.512768    1.347269
> 16.512768+1.347269*ts$ap_lo
    [1] 110.8216 124.2943 124.2943 110.8216 124.2943 124.2943 110.8216 137.7670 124.2943 151.2397 124.2943 122.9470 110.8216 124.2943
[15] 104.0853 124.2943 124.2943 137.7670 124.2943 110.8216 124.2943 137.7670 110.8216 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943
[29] 137.7670 109.4743 124.2943 151.2397 124.2943 110.8216 124.2943 124.2943 110.8216 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.2943 124.
```

```
> plot(seq(1:length(ts$ap_hi)),ts$ap_hi,col="red",type = "l")
> lines(seq(1,length(hi_hat)), hi_hat, col="blue",type="l")
> legend("topleft",c("ts$ap_hi","hi_hat"),col=c(2,3), lty = c(1,1))
> summary(fitm)
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Residuals:
            10 Median
    Min
                            3Q
                                   Max
-27.767 -4.294 -4.294
                         5.706 44.706
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 16.5128
                       11.5620
                                 1.428
ts$ap_lo
             1.3473
                                 9.436 2.03e-15 ***
                        0.1428
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 10.35 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.476,
                             Adjusted R-squared: 0.4707
F-statistic: 89.03 on 1 and 98 DF, p-value: 2.032e-15
```

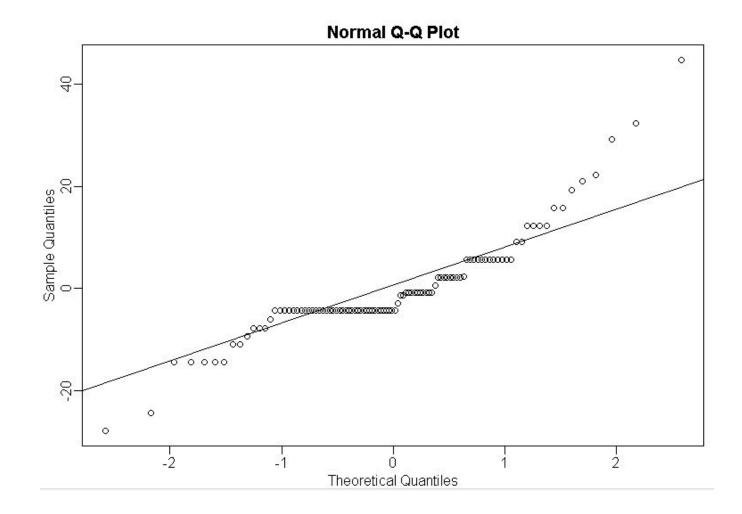


- 1.Формула
- 2. Residuals: Распределение остатков
- 3 Coefficients: Значение коэффициентов для подобранной модели, значимость коэффициентов модели (t критерий)
- 4. Residual standard error
- 5 Multiple R-squared коэффициент детерминации
- 6 F-statisctic: Значимость модели в целом (F- критерий)

Residuals:

Одно из важных условий для построения модели линейной регрессии является предположение, что ошибки следуют нормальному распределению

> qqnorm(fitm\$residuals)
> qqline(fitm\$residuals)



Coefficients:

с помощью t-статистики Стьюдента можно проверить значимость коэффициентов построенной модели

```
> summary(fitm)
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Residuals:
    Min
            1Q Median 3Q
-27.767 -4.294 -4.294 5.706 44.706
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 16.5128
                    11.5620 1.428
                       0.1428 9.436 2.03e-15 ***
ts$ap_lo
          1.3473
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 10.35 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.476, Adjusted R-squared: 0.4707
F-statistic: 89.03 on 1 and 98 DF, p-value: 2.032e-15
```

R дает значения t-статистики, p-value и с помощью «*» отмечает наиболее значимые коэффициенты

В строке Signif.codes приведена расшифровка обозначений: например, «***» соответствуют p-value, лежащей между нулем и 0.001

Residual Standard Error:

```
> summary(fitm)
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Residuals:
   Min
           10 Median
-27.767 -4.294 -4.294 5.706 44.706
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 16.5128
                    11.5620 1.428
ts$ap_lo
            1.3473
                      0.1428 9.436 2.03e-15 ***
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' '1
Residual standard error: <u>10.35</u> on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.476, Adjusted R-squared: 0.4707
F-statistic: 89.03 on 1 and 98 DF, p-value: 2.032e-15
  RSE вычисляется следующим образом:
> rse <- sqrt( sum(residuals(fitm)^2) / fitm$df.residual )
> rse
[1] 10.35432
```

98 степеней свободы = k –n -1, где k –объем выборки, n – число предикторов (в нашем случае 1 предиктор - это нижнее давление

Multiple R-squared:

```
> summary(fitm)
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Residuals:
    Min
            10 Median
                                  Max
-27.767 -4.294 -4.294
                        5.706 44.706
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 16.5128
                      11.5620 1.428
            1.3473
                     0.1428
                               9.436 2.03e-15 ***
ts$ap_lo
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' '1
Residual standard error: 10.35 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.476, Adjusted R-squared: 0.4707
F-statistic: 89.03 on 1 and 98 DF, p-value: 2.032e-15
```

$$R_{\text{adj}}^2 = 1 - (1 - R^2) \frac{k - 1}{k - n - 1}$$

к- число наблюдений

GeekBrains n – число педикторов

R- squared – коэффициент детерминации

Показывает, какую часть изменчивости величины **у** описала построенная модель

Посчитать эту величину можно следующим образом:

```
> Rs<-cor(ts$ap_hi,ts$ap_lo)^2
> Rs
[1] 0.4760263
```

С увеличением числа предикторов коэффициент детерминации растет,

Adjusted R-squared решает эту проблему

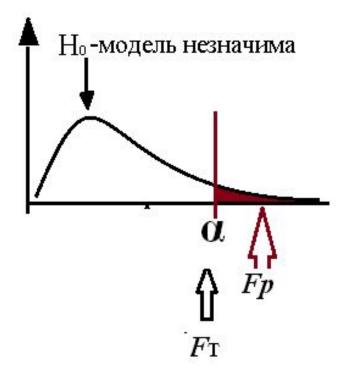
Если добавленные новые предикторы не вносят весомого вклада в модель, то этот параметр будет падать, в противном случае расти

```
> R.adj<- 1-((1-Rs)*((100-1)/(100-1-1)))
> R.adj
[1] 0.4706797
```

F-statistic:

позволяет оценить значимость построенной модели в целом

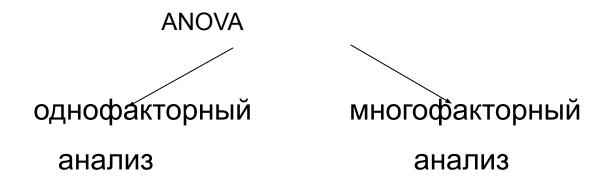
```
> summary(fitm)
call:
lm(formula = ts$ap_hi ~ ts$ap_lo)
Residuals:
    Min
            1Q Median
                           3Q
                                  Max
-27.767 -4.294 -4.294 5.706 44.706
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 16.5128 11.5620 1.428
                                        0.156
ts$ap_lo
           1.3473
                    0.1428 9.436 2.03e-15 ***
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' '1
Residual standard error: 10.35 on 98 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.476, Adjusted R-squared: 0.4707
F-statistic: 89.03 on 1 and 98 DF, p-value: 2.032e-15
```



```
> tsn<-ts[,-c(1,2)]
> head(tsn)
     gender height weight ap_hi ap_lo cholesterol gluc smoke alco active cardio age_years
18265
              163
                       52
                          110
                                  70
                                                    1
                                                                                     54
                                                                                     48
25601
          1
               165
                       65
                           115
                                  80
                                                    1
                                                          0
                                                                     1
                                                                            1
                                                    1
                                                                                     64
39400
               165
                       74
                           120
                                  80
                                                          0
                                                                                     52
62466
          1
               155
                       48
                           100
                                  70
13875
                           169
                                  80
                                                          0
                                                                            1
                                                                                     55
          1
               169
                       68
                                                                                     59
61790
          1
               160
                       64
                          120
                                   80
> fit<-lm(tsn$ap_hi~.,data = tsn)</pre>
> summary(fit)
call:
lm(formula = tsn$ap_hi ~ ., data = tsn)
Residuals:
   Min
            1Q Median
                            3Q
                                  Max
-23.166 -4.467 -1.165 3.061 41.033
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 33.89768 29.04593
                               1.167
                                       0.2463
aender
           -0.94719
                      2.63943 -0.359
                                       0.7206
           -0.15278
height
                       0.16360 -0.934
                                       0.3529
           0.14070
weight
                       0.07647 1.840
                                       0.0691 .
ap_lo
            1.25183
                       0.16371
                               7.647 2.43e-11 ***
cholesterol -0.59561
                       2.30262 -0.259
                                       0.7965
aluc
            0.55254
                       2.48630
                               0.222
                                       0.8246
smoke
           -6.31950
                       4.56285 -1.385
                                       0.1696
alco
           -6.05406
                       7.56574 -0.800
                                       0.4258
active
           -1.70883
                       2.50435 -0.682
                                       0.4968
cardio
           4.23484
                       2.30739
                               1.835
                                        0.0698 .
age_years
            0.12601
                       0.16535
                               0.762
                                       0.4481
signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' '1
Residual standard error: 10.12 on 88 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.5507, Adjusted R-squared: 0.4945
F-statistic: 9.805 on 11 and 88 DF, p-value: 2.379e-11
```

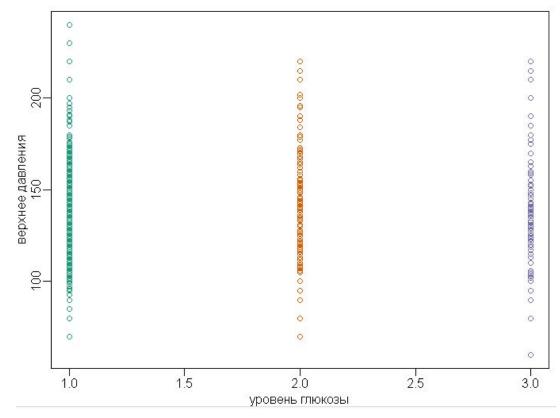
ANOVA

Дисперсионный анализ (ANOVA- analysis of variance) используется, когда мы хотим выяснить влияние одного или нескольких факторов (качественных переменных) на количественную переменную (**отклик**)



Используем, чтобы избежать множественных сравнений, которые приводят к росту вероятности ошибки первого рода

При использовании поправок на множественные сравнения, растет вероятность ошибки второго рода с ужесточением уровня значимости



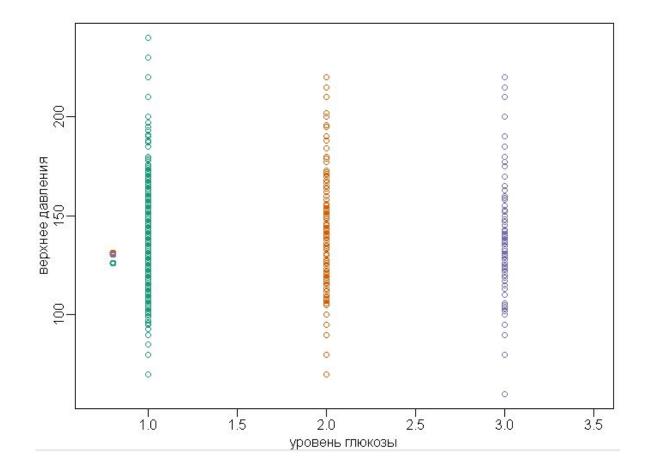
Задача сводится к сравнению средних арифметических по подгруппам

В ANOVA мы имеем дело с

- -объясненной (факторной дисперсией, межгрупповой)
- необъясненной (внутригрупповой)

На данном рисунке видно ,что межгрупповая дисперсия очень мала, что предполагает, что данный фактор не оказывает влияния на числовую переменную

С помощью ANOVA мы можем проверить наше предположение



```
> plot(.tidy_set$gluc,.tidy_set$ap_hi,cex=1, col=.tidy_set$gluc,
+ xlab="ypoвень глюкозы", ylab = "верхнее давления", xlim = c(0.7,3.5))
> points(rep(0.8,3),c(m1,m2,m3), col=c(1,2,3), lwd=2)
```

Три важных условия при проведении дисперсионного анализа:

- 1. Случайность и независимость измерений ОБЯЗАТЕЛЬНОЕ
- 2. Переменная-отклик следует нормальному распределению в группах
- 3. Гомоскедастичность дисперсий

При невыполнении 2 или 3 условия дисперсионного анализа растет вероятность принять значимые факторы за незначимые

Но ко 2 условию anova менее чувствителен

Если одно из этих условий не выполняется, следует это отметить в конечном результате исследования

Сбалансированные и несбалансированные данные

Если данные имеют разное количество наблюдений в группе, то мы имеем дело с несбалансированными данными

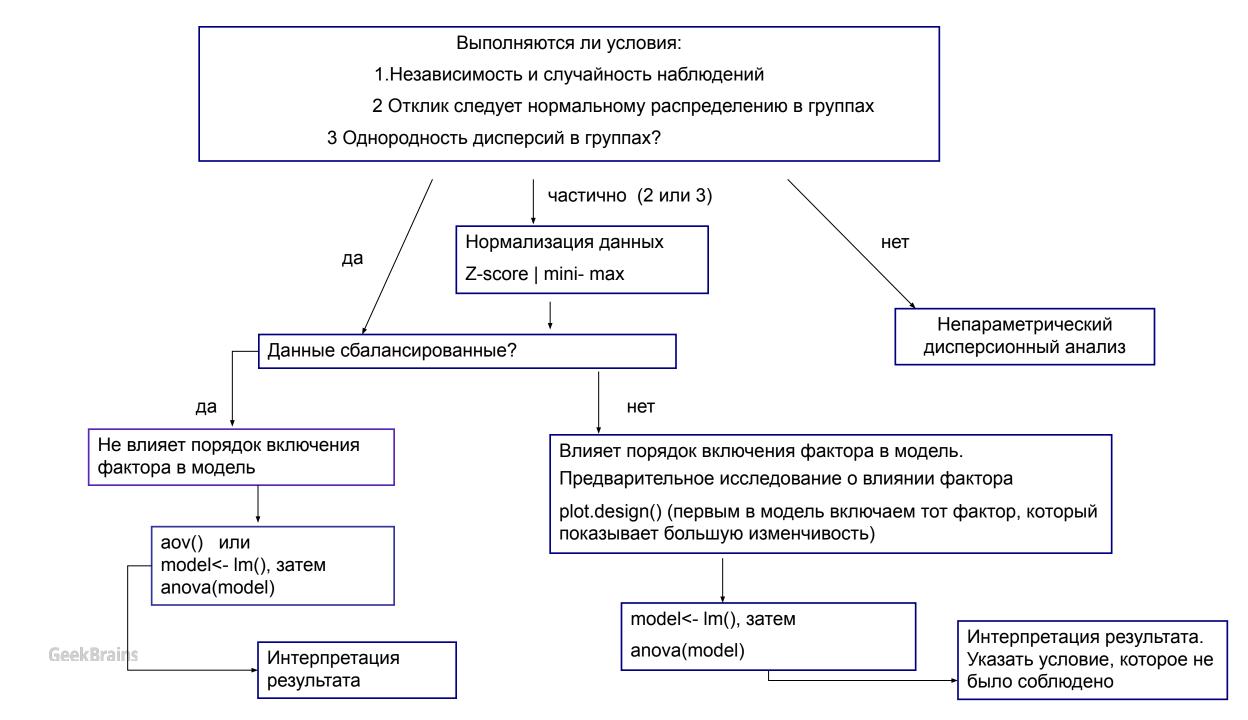
```
> #работаем с выборкой
> set.seed(1)
> ind<-sample(seq(1,nrow(.tidy_set)),100)</pre>
> ind
     18235 25557 39342 62372 13851 61696 64873 45378 43202 4243 14144 12124 47176 26375 52861 34174 49274 68106 26094 53379 64175 14566
                                          59705 23365 33094 41159 33880 12783 56795 45886 54519
                                                                                                  7410 49676 28230 56349 44413 53738
                       32753 50259 47542 32779 59103 30065 16800
                                                                         6826 21704 35590 45427 27917 62640
                                                                   4851
[67] 32834 52578 5781 60055 23264 57592 23785 22899 32680 61208 59296 26754 53325 65898 29817 48877 27439 22318 51932 13904 48778
[89] 16839 9830 16436
                        4043 44052 60099 53422 54682 31224 28124 55610 41486
> ts<-.tidy_set[ind,]
> head(ts)
              age gender height weight ap_hi ap_lo cholesterol gluc smoke alco active cardio age_years
18265 26543 19799
                            163
                                         110
                                                                                                     54
                                                70
                                                                                                     48
25601 37212 17541
                            165
                                         115
39400 57321 23678
                           165
                                         120
                                                80
                                                                                                     64
                                                                                                     52
62466 90766 18998
                           155
                                         100
                                                70
13875 20151 20278
                           169
                                         169
                                                80
                                                                                                     55
61790 89789 21684
                            160
                                                                                                     59
                                         120
                                                80
> table(ts$qluc)
90 5
> table(ts$gender,ts$gluc)
```

GeekBrains

1 59 4 2 31 1

- Если размеры выборок одинаковые, то неоднородность дисперсий слабо влияет на результат. Несбалансированные данные особенно важны при неоднородности дисперсий
- Слабые отклонения от нормальности не сильно влияют на результат. В однофакторном дисперсионном анализе при больших объемах выборок можно пренебречь этим условием

Если данный имеют дисбаланс, то ANOVA становится более чувствительным к нарушениям условий его применения. Нарушение условий ведет к росту вероятности ошибки первого рода



ВЫВОД: стараемся делать одинаковые выборки

Задача: проведем исследование влияния 2-х факторов: пол и уровень глюкозы на верхнее давление

1.Берем выборки. Соблюдаем условие случайности и независимости

```
tidy_set <-dat %>% filter((ap_lo<200&ap_lo>20)&(ap_hi<300&ap_hi>40))
.tidy_set<-tidy_set[tidy_set$ap_hi>tidy_set$ap_lo,]
head(.tidy_set)
set.seed(1)
s1.g1<-sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==1&.tidy_set$gender==1],20)
s2.g1<-sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==1&.tidy_set$gender==2],20)
s2.g1
s1.g2<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==2&.tidy_set$gender==1],20)
s2.g2<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==2&.tidy_set$gender==2],20)
s1.g3<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==2&.tidy_set$gender==2],20)
s1.g3<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==3&.tidy_set$gender==1],20)
s2.g3<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==3&.tidy_set$gender==2],20)</pre>
```

На этом этапе цель : построить дата фрэйм, как показано справа

```
head(anovaframe, 25)
                                                                                              sam_s gender.new gluc.new
> set.seed(1)
                                                                                                110
> s1.q1<-sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==1&.tidy_set$gender==1],20)
                                                                                                120
> s2.q1<-sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$qluc==1&.tidy_set$gender==2],20)
                                                                                                100
> s2.q1
                                                                                                120
 [1] 130 120 120 125 110 120 100 170 110 120 130 140 120 130 120 120 140 140 110 120
                                                                                                120
> s1.g2<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$gluc==2&.tidy_set$gender==1],20)
                                                                                                120
                                                                                                120
> s2.q2<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$qluc==2&.tidy_set$gender==2],20)
                                                                                                130
> s1.q3<- sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$qluc==3&.tidy_set$qender==1],20)
                                                                                                120
> s2.q3<-sample(.tidy_set$ap_hi[.tidy_set$qluc==3&.tidy_set$gender==2],20)
                                                                                            10
                                                                                                110
> # новый вектор "gender.new" и "gluc.new"
                                                                                            11
                                                                                                140
> gender.new<-c(rep(1,20),rep(2,20),rep(1,20),rep(2,20),rep(1,20),rep(2,20))
                                                                                            12
                                                                                                120
                                                                                            13
                                                                                                120
> gender.new
                                                                                                120
  15
                                                                                                140
                                                                                                120
 17
                                                                                                160
 2 2
                                                                                            18
                                                                                                120
                                                                                                100
> gluc.new<-c(rep(1,40),rep(2,40),rep(3,40))
                                                                                            19
                                                                                            20
                                                                                                110
> sam_s<-c(s1.q1,s2.q1,s1.q2,s2.q2,s1.q3,s2.q3)
                                                                                            21
                                                                                                120
> anovaframe<- data.frame(sam_s,gender.new,gluc.new) # соблюдаются случайность и независимость
                                                                                            22
                                                                                                120
> head(anovaframe, 25)
                                                                                            23
                                                                                                130
                                                                                            24
                                                                                                120
                                                                                            25
                                                                                                120
```

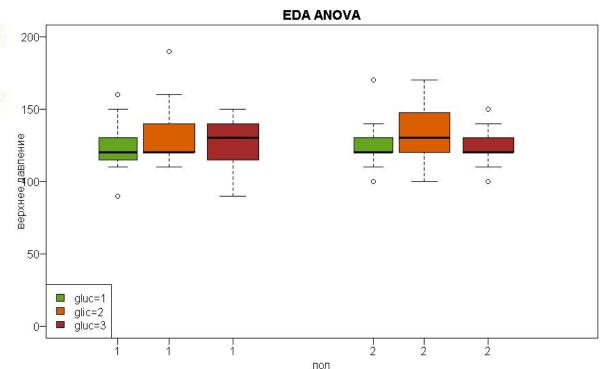
> table(anovaframe\$gender.new,anovaframe\$gluc.new)

1 2 3 1 20 20 20 2 20 20 20

2. Разведочный анализ

2.1 Для наглядности представим данные графически

Видим небольшую неоднородность дисперсий



2.2 Помимо визуальной оценки однородности дисперсий (п.2.1) проверим гомоскедастичность с помощью специальных критериев

Распространенные критерии:

Критерий	Функция	Условия применения
F- критерий	var.test()	1)Для сравнения 2-х дисперсий 2)Возможен разный объем выборок
Критерий Бартлетта	bartlett.test()	 Для множественных сравнений Объемы выборки могут быть различны, но не менее 3 Должно соблюдаться условие нормальности. Тест очень чувствительный к нарушению этого условия
Критерий Кохрена	cochran.test() package "outliers"	 Для множественных сравнений Одинаковый объем выборок
Критерий Левенэ	leveneTest () package "car"	Аналог критерий Балетта, но считается менее чувствительным к нарушению условия нормальности

Воспользуемся критерием Бартлетта.

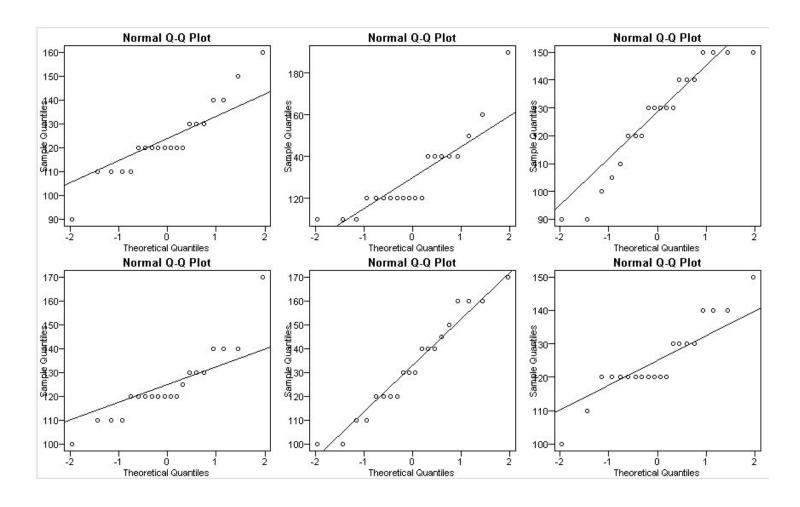
Условие нормальности соблюдается хорошо

Принимаем нулевую гипотезу на уровне значимости 0.05. Статистически значимых различий между дисперсиями выборок нет

Все условия соблюдены. Теперь можно приступать непосредственно к самому дисперсионному анализу

2.3. Проверим предположение о нормальности распределений с помощью qq-графика

```
mypar(2,3)
qqnorm(s1.g1)
qqline(s1.g1)
qqnorm(s1.g2)
qqline(s1.g2)
qqnorm(s1.g3)
qqline(s1.g3)
qqline(s2.g1)
qqline(s2.g1)
qqnorm(s2.g2)
qqnorm(s2.g2)
qqline(s2.g3)
qqline(s2.g3)
```



Есть совсем небольшие отклонения. Нас это устаивает. Тем более ,что мы имеем одинаковые объемы выборок

Сбалансированные данные НЕ влияют на порядок включения факторов в модель

```
> summary(aov(sam_s~gender.new+gluc.new+gender.new:gluc.new, data= anovaframe))
                   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
gender.new
                             16.87
                                      0.055 0.814
aluc.new
                          45 45.00
                                     0.148 0.701
gender.new:gluc.new 1
                          31
                             31.25
                                     0.103 0.749
Residuals
                  116 35290 304.22
> summary(aov(sam_s~gluc.new+gender.new+gluc.new:gender.new, data= anovaframe))
                   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
gluc.new
                          45 45.00
                                      0.148 0.701
gender.new
                          17
                              16.87
                                      0.055 0.814
gluc.new:gender.new 1 31 31.25
                                      0.103 0.749
Residuals
                  116 35290 304.22
```

Чтобы не прописывать эффект взаимодействия, факторы в модели указывать с помощью знака «*»

Интерпретация результата

Взаимодействие факторов «уровень глюкозы» и «пол», а также сами факторы не оказывают значимого эффекта на давление пациента на уровне значимости 0.05

Итоги:

- 1. Научились подбирать линейную модель с помощью функции lm()
- 2. Интерпретировать результат: оценивать значимость коэффициентов (критерий t) и самой модели в целом (критерий F)
- 3 Рассмотрели чем отличаются параметры R и Radj
- 4 Рассмотрели условия для проведения ANOVA
- 5 Составили общую схему действий для ANOVA при сбалансированных и несбалансированных данных
- 6 Изучили различные методы в R проверки выборок на однородность дисперсий
- 7 Интерпретировали конечный результат статистического анализа