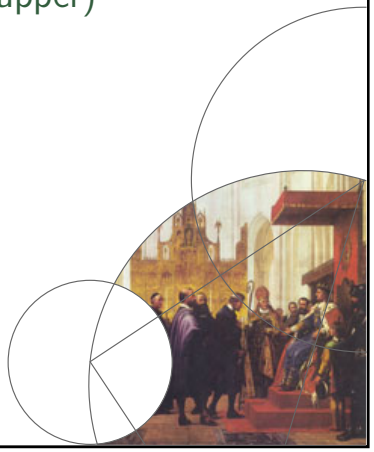
Ensidet variansanalyse (flere grupper) og lineær regression

Anders Tolver
Institut for Matematiske Fag



Opsummering og dagens program

Kursusuge 1 + 2:

- Datatyper og deskriptiv statistik
- Normalfordelingen
- Lineær regression og ensidet ANOVA: Figurer og estimater — men ikke mere
- Én stikprøve: Statistisk model, estimation og standard errors, konfidensintervaller

I dag:
Statistisk model, estimation og SE, konfidensintervaller for

- Ensidet ANOVA, dvs. flere stikprøver
- Lineær regression
- **Repeter selv**: en enkelt stikprøve (fra 15/9-2021)

Overblik

Vi skal have „udfyldt“ følgende skema over modeller (rækker) og statistiske begreber (søjler):

	Intro	Model	Est.+SE	KI	Test	Kontrol	Præd.
En stikprøve	✓	✓	✓	✓		✓	
Ensidet ANOVA	✓	nu	nu	nu			
Lineær regr.	✓	nu	nu	nu			
To stikprøver							
Multipel regr.							
Tosidet ANOVA							

Statistiske begreber

Statistiske grundbegreber indtil videre:

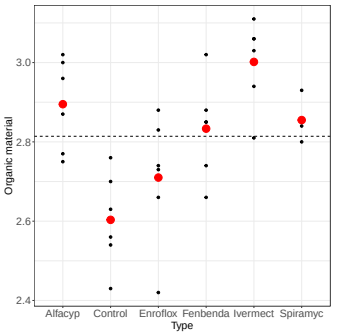
- Population og stikprøve
- Gennemsnit, stikprøvespredning, median, kvartiler
- Statistisk model og parametre
- Estimater og standard error (SE) for estimater
- Konfidensinterval

Ensidet ANOVA — flere stikprøver

antibio-datasættet

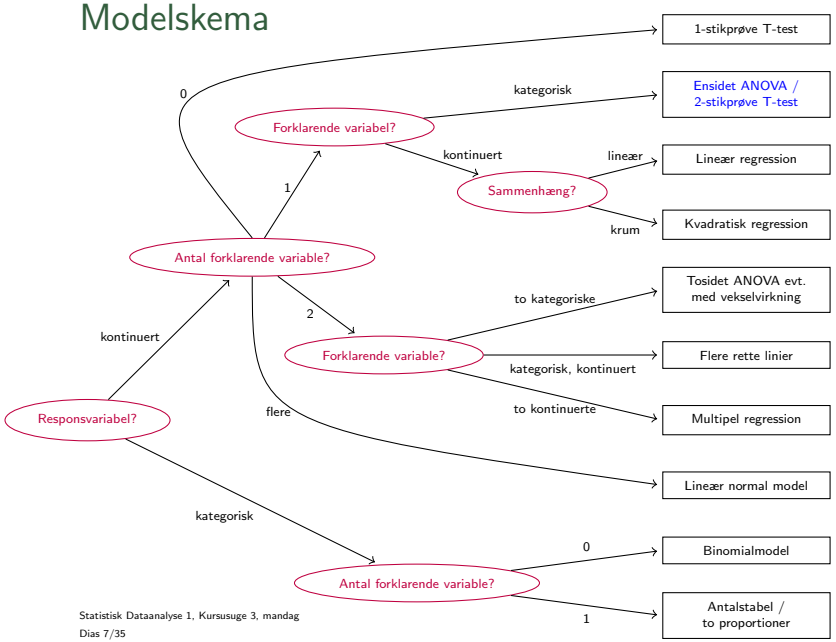
```
library(isdals)
data(antibio)
head(antibio, n = 7)
```

```
##       type  org
## 1 Ivermect 3.03
## 2 Ivermect 2.81
## 3 Ivermect 3.06
## 4 Ivermect 3.11
## 5 Ivermect 2.94
## 6 Ivermect 3.06
## 7  Alfacyp 3.00
```



- Respons: Mængden af organisk materiale efter otte uger
- Modelskema: Kont. respons, én kategor. forklarende var.
- Ensidet ANOVA, flere stikprøver

Modelskema



Statistisk model

Data: $y_1, \ldots, y_n$ fra k grupper med n_j observationer i gruppe j.

Hver gruppe antages at have sin egen middelværdi (forventede værdi): $\alpha_1, \ldots, \alpha_k$.

Statistisk model: Uafhængighed + alle obs. er normalfordelte med den relevante gruppemiddelværdi og samme spredning. **Tegn!**

Formelt:

- $y_1, \ldots, y_n$ uafhængige
- y_i normalfordelte med middelværdi $\alpha_{g(i)}$ og spredning σ, hvor $g(i)$ angiver gruppen for observation i.

Middelværdierne $\alpha_1, \ldots, \alpha_k$ og spredningen σ er **parametre** i modellen, som vi vil udtale os om udfra de givne data.

Estimation

Estimater:

- For middelværdier: $\hat{\alpha}_j = \bar{y}_j$ — gruppegennemsnit
- Den fælles spredning: $\hat{\sigma} = s$ — sammenvejet spredning. Hvordan beregnes denne fælles spredning?

Interesseparameter er ofte **forskelle mellem grupperne**, fx $\alpha_2 - \alpha_1$. Estimeres med $\hat{\alpha}_2 - \hat{\alpha}_2 = \bar{y}_2 - \bar{y}_1$.

Men hvor meget kan vi stole på estimaterne?

- Standard error for $\hat{\alpha}_j$? For $\hat{\alpha}_2 - \hat{\alpha}_1$?
- Konfidensinterval for α_j? For $\alpha_2 - \alpha_1$?

Fælles/sammenvejet spredning

Gruppe j: n_j observationer, gruppegennemsnit $\bar{y}_j$, stikprøvespredning s_j.

Fælles varians og spredning:

$$\begin{aligned} s^2 &= \frac{1}{n-k}\Big((n_1-1)\cdot s_1^2 + \cdots + (n_k-1)\cdot s_k^2\Big) \\ &= \frac{1}{n-k}\Big((y_1 - \bar{y}_{g(1)})^2 + \cdots + (y_n - \bar{y}_{g(n)})^2\Big) \\ s &= \sqrt{s^2} \end{aligned}$$

Bemærk: Division med $n - k$ = antal obs. – antal grupper. Dette er antallet af **frihedsgrader** for denne model.

Fælles/sammenvejet spredning

Behandling	n_j	$\bar{y}_j$	s_j
Control	6	2.603	0.119
α-cyperm.	6	2.895	0.117
Enrofloxacin	6	2.710	0.162
Fenbendaz.	6	2.833	0.124
Ivermectin	6	3.002	0.109
Spiramycin	4	2.855	0.054

Fælles spredning,

$$s = \sqrt{\frac{1}{34-6}\Big(5\cdot 0.119^2 + \cdots + 3\cdot 0.054^2\Big)} = 0.1217$$

Standard errors for estimater

Standard error for estimat = (estimeret) spredning for estimatet

Husk at $\hat{\alpha}_j = \bar{y}_j$ er gennemsnit af n_j observationer. Derfor:

$$\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_j) = \frac{s}{\sqrt{n_j}}$$

Desuden: $\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_2 - \hat{\alpha}_1)^2 = \mathrm{SE}(\hat{\alpha}_2)^2 + \mathrm{SE}(\hat{\alpha}_1)^2$, så

$$\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_2 - \hat{\alpha}_1) = s\sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}$$

Igen vigtigt at skelne mellem s og $\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_j)$:

- s: spredning på **enkeltobs.** Residual standard error.
- $\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_j)$ og $\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_2 - \hat{\alpha}_1)$: spredning på **estimater**

Konfidensintervaller

Vil gerne have **konfidensintervaller** for middelværdier og deres forskelle. Har ingredienserne!

$$95\%\ \text{KI}: \quad \text{estimat} \pm t_{0.975,\mathrm{df}} \cdot \mathrm{SE}(\text{estimat})$$

Hvor mange **frihedsgrader?**

- $\mathrm{df} = n - k =$ antal obs. minus antal middelværdiparametre
- Det samme som der stod i nævneren i beregningen af s

R

Modellen kan fittes på flere måder i R.

```
### Med gruppemiddelvaerdierne som parametre:
model1 <- lm(org ~ type - 1, data=antibio)

### Med en referencegruppe valgt af R
model2 <- lm(org ~ type, data=antibio)

### Med en selvvalgt referencegruppe
antibio$myType <- relevel(antibio$type, ref="Control")
model3 <- lm(org ~ myType, data=antibio)

### Selvvalgt ref-gruppe, hvis data er indlaest fra Excel
antibio$myType <- relevel(factor(antibio$type)
                          , ref="Control")
model3 <- lm(org ~ myType, data=antibio)
```

Version med gruppegennemsnit

```
> model1 <- lm(org ~ type - 1, data=antibio)
> summary(model1)

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
typeAlfacyp   2.89500    0.04970   58.25   <2e-16 ***
typeControl   2.60333    0.04970   52.38   <2e-16 ***
typeEnroflox  2.71000    0.04970   54.53   <2e-16 ***
typeFenbenda  2.83333    0.04970   57.01   <2e-16 ***
typeIvermect  3.00167    0.04970   60.39   <2e-16 ***
typeSpiramyc  2.85500    0.06087   46.90   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.1217 on 28 degrees of freedom
```

Version med gruppegennemsnit

```
> model1 <- lm(org ~ type - 1, data=antibio)
> confint(model1)
                2.5 %   97.5 %
typeAlfacyp  2.793191 2.996809
typeControl  2.501524 2.705142
typeEnroflox 2.608191 2.811809
typeFenbenda 2.731524 2.935142
typeIvermect 2.899858 3.103476
typeSpiramyc 2.730310 2.979690
```

Version med referencegruppe

```
> model2 <- lm(org ~ type, data=antibio)
> summary(model)

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   2.89500    0.04970  58.248  < 2e-16 ***
typeControl  -0.29167    0.07029  -4.150 0.000281 ***
typeEnroflox -0.18500    0.07029  -2.632 0.013653 *
typeFenbenda -0.06167    0.07029  -0.877 0.387770
typeIvermect  0.10667    0.07029   1.518 0.140338
typeSpiramyc -0.04000    0.07858  -0.509 0.614738
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.1217 on 28 degrees of freedom
```

Version med referencegruppe

```
> model2 <- lm(org ~ type, data=antibio)
> confint(model)
                   2.5 %      97.5 %
(Intercept)   2.79319111  2.99680889
typeControl  -0.43564618 -0.14768716
typeEnroflox -0.32897951 -0.04102049
typeFenbenda -0.20564618  0.08231284
typeIvermect -0.03731284  0.25064618
typeSpiramyc -0.20097398  0.12097398
```

Version med selvvalgt referencegruppe

```
> antibio$myType <- relevel(antibio$type, ref="Control")
> model3 <- lm(org ~ myType, data=antibio)
> summary(model3)

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    2.60333    0.04970  52.379  < 2e-16 ***
myTypeAlfacyp  0.29167    0.07029   4.150 0.000281 ***
myTypeEnroflox 0.10667    0.07029   1.518 0.140338
myTypeFenbenda 0.23000    0.07029   3.272 0.002834 **
myTypeIvermect 0.39833    0.07029   5.667  4.5e-06 ***
myTypeSpiramyc 0.25167    0.07858   3.202 0.003384 **
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.1217 on 28 degrees of freedom
```

Version med selvvalgt referencegruppe

```
> antibio$myType <- relevel(antibio$type, ref="Control")
> model3 <- lm(org ~ myType, data=antibio)

> confint(model3)
                    2.5 %    97.5 %
(Intercept)    2.50152445 2.7051422
myTypeAlfacyp  0.14768716 0.4356462
myTypeEnroflox -0.03731284 0.2506462
myTypeFenbenda  0.08602049 0.3739795
myTypeIvermect  0.25435382 0.5423128
myTypeSpiramyc  0.09069268 0.4126407
```

R: Diverse

Vigtigt:

- Tre versioner af **samme model**. Forskellige parametriseringer
- Nyttige til forskellige ting, skal kunne forstå alle tre output og benytte det mest hensigtsnæssige

Til den tekniske side:

- Kategoriske variable kaldes også **faktorer**.
- En variabel kan laves til en faktor med funktionen `factor`
- Hvis data er indlæst med Excel, så skal man bruge `factor` før man kan bruge `relevel`

Spørgsmål

- Estimat for forventet værdi for Alfacyp? For Fenbenda?
- Estimat for residualspredningen σ? Samme i alle versioner?
- Hvordan fremkommer tallet 0.04970 (SE for intercept)?
- $\mathrm{SE}(\hat{\alpha}_j)$ større for Spiramyc end for de andre grupper. Hvorfor?
- For `model2`: Hvorfor er SE for Intercept (svarede til Alfacyp) og Control helt forskellige selvom begge har $n_j = 6$?
- For `model2`: Hvorfor er det interessant om nul ligger i KI?
- Er det også interessant for Intercept? For `model1`?
- Konklusion vedr. effekt af antibiotikum på nedbrydning?

Ensidet ANOVA: Opsummering

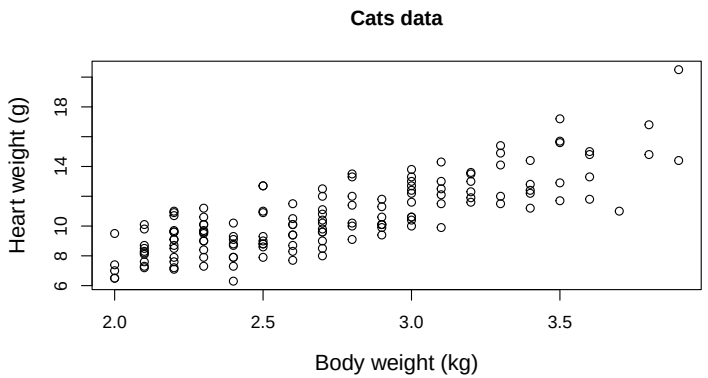
- Flere stikprøver
- Antagelser: Uafhængighed, normalfordeling, samme spredning, (potentielt) forskellige middelværdier
- Ofte mest interesseret i forskelle mellem middelværdier
- Estimater, standard errors, konfidensintervaller
- `lm(y ~ gruppe)`: R vælger referencegruppe og angiver estimat for gruppen og forskelle til denne gruppe

Output fra `summary`:

- **Hele linien hører til samme parameter**
- Fx: Hvis det er en forskel der estimeres, så hører `Std. Error` til denne forskel. Tilsvarende med konfidensintervaller.

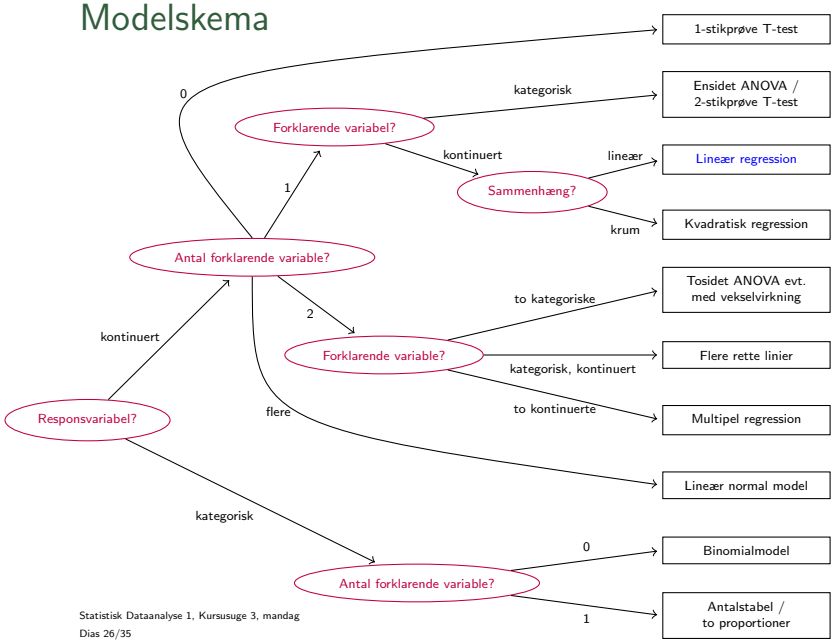
Lineær regression

Data: Kattes hjerte- og kropsvægt



Tilnærmelsesvis lineær sammenhæng, pånær tilfældig variation.

Modelskema



Statistisk model

Data: Par $(x_1, y_1), \ldots, (x_n, y_n)$

Statistisk model: Uafhængighed + alle obs. normalfordelt med middelværdi givet ved ret linie og samme spredning omkring linie

Formelt:

- Tænker på x_i'erne som givne
- $y_1, \ldots, y_n$ uafhængige
- y_i normalfordelt med middelværdi $\alpha + \beta x_i$ og spredning σ.

Skæring/intercept α, hældning β og spredningen σ er **parametre** i modellen, som vi vil udtale om os udfra de givne data.

Estimater

Estimater for α og β via mindste kvadraters metode: $\hat{\alpha}$, $\hat{\beta}$.

Estimeret regressionslinie:

$$\hat{y} = \hat{\alpha} + \hat{\beta}x$$

Estimat for σ:

$$\hat{\sigma} = \sqrt{\frac{1}{n-2}\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{\alpha} - \hat{\beta}x_i)^2}$$

Men hvor meget kan vi stole på estimaterne?

- Standard error for $\hat{\alpha}$, $\hat{\beta}$, $\hat{y}$
- Konfidensinterval for α, β, $\alpha + \beta x$

Standard errors

Formler:

$$\mathrm{SE}(\hat{\beta}) = \frac{s}{\sqrt{\mathrm{SS}_x}}, \quad \mathrm{SE}(\hat{\alpha}) = s\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{\bar{x}^2}{\mathrm{SS}_x}},$$

$$\mathrm{SE}(\hat{y}) = s\sqrt{\frac{1}{n} + \frac{(x-\bar{x})^2}{\mathrm{SS}_x}}$$

hvor $\mathrm{SS}_x = \sum(x_i - \bar{x})^2$.

Formlerne er stort set uinteressante, men:

- Husk at SE er udtryk for præcisionen af estimaterne
- Er det bedst at samle x'erne eller at sprede dem?
- For hvilken værdi er $\hat{y}$ mest præcist estimeret (mindst SE)?

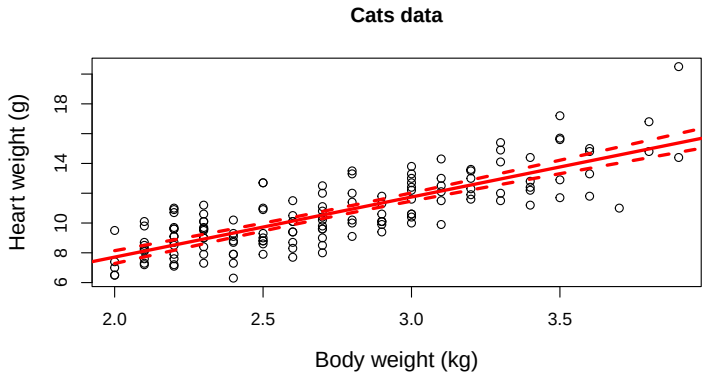
Konfidensintervaller

Vil gerne have **konfidensintervaller** for parametre og estimeret regressionslinie:

$$95\%\ \mathrm{KI}: \quad \text{estimat} \ \pm\ t_{0.975,\mathrm{df}} \cdot \mathrm{SE}(\text{estimat})$$

Hvor mange frihedsgrader?

- $\mathrm{df} = n - 2 =$ antal obs. minus antal middelværdiparametre
- Det samme som der stod i nævneren i beregningen af s



R

```
> linreg <- lm(Hwt ~ Bwt, data=cats)
> summary(linreg)

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  -0.3567     0.6923  -0.515    0.607
Bwt           4.0341     0.2503  16.119   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 1.452 on 142 degrees of freedom
```

R

```
> confint(linreg)
                2.5 %   97.5 %
(Intercept) -1.725163 1.011838
Bwt          3.539343 4.528782

> newData <- data.frame(Bwt=2.5)
> newData
  Bwt
1 2.5
> predict(linreg, newData)
       1
9.728494
> predict(linreg, newData, interval="c")
       fit      lwr      upr
1 9.728494 9.464902 9.992087
```

Resultater og opsummering

Resultater:

- $\hat{\beta} = 4.034$ (SE 0.250) med 95% KI (3.539 , 4.529) for β
- For $x = 2.5$ er $\hat{y} = 9.73$ med 95% KI (9.46 , 9.99).
- $\hat{\sigma} = 1.45$

Fortolkning?

Opsummering:

- Antagelser: Uafhængighed, normalfordeling, lineær middelværdi, samme spredning om linien.
- Ofte mest interessret i hældning, y-værdi for givet x
- Estimater, standard errors, konfidensintervaller

Opsummering — til eget brug

- Hvad er fortolkningen af standard error (SE)?
- Hvilke 'ingredienser' skal bruges for at lavet et konfidensinterval?
- Hvordan skal værdierne i et konfidensinterval fortolkes?
- Hvad mener vi med at R bruger en referencegruppe i ensidet ANOVA?