SD2 - uge 4, tirsdag

Anne Petersen

Opgave 5.1 fra dokument på Absalon

Vi starter med at sætte working directory:

```
setwd("C:/Users/Anne/Dropbox/Arbejde/STATforLIFE2/uge4")
```

2.

Vi installerer nlme-pakken:

```
install.packages("nlme")
```

og åbner den:

```
library(nlme)
```

```
## Warning: package 'nlme' was built under R version 3.1.3
```

Vi indlæser data:

```
data <- read.table("jun00_2.txt", header=T)
data$dyr <- factor(data$dyr)
data$dosis <- factor(data$dosis)
data$uge <- factor(data$uge)</pre>
```

3.

Vi fitter nu modellen fra opg. 1 vha. lme-funktionen i nmle-pakken. Husk at bruge ML-estimation, når modeller skal testes mod hinanden, dvs. fx. når modelreduktion skal foretages.

```
model1 <- lme(vgt ~ uge+dosis+uge:dosis, random=~1|dyr, method="ML", data)</pre>
```

Vi gennemfører modelreduktion af de systematiske dele:

```
model2 <- lme(vgt ~ uge + dosis, random=~1|dyr, method="ML", data)
anova(model1,model2)</pre>
```

```
## Model df AIC BIC logLik Test L.Ratio p-value ## model1 1 8 302.8210 314.0306 -143.4105 ## model2 2 6 316.1403 324.5475 -152.0702 1 vs 2 17.31935 2e-04
```

Vi finder at $p = 2 \cdot 10^{-4}$ og altså må modellen ikke reduceres. Vi konkluderer dermed, at der er en signifikant effekt af vekselvirkningen mellem uge og dosis.

Vi vil nu betragte parameterestimaterne for model1. Vi starter med at gen-fitte modellen med brug af REML-estimation. Husk altid at gøre dette, når du vil finde parameterestimater.

Vi kan betragte de systematiske parametre/middelværdiparametrene:

```
fixef(model1_REML)
```

```
## (Intercept) uge7 dosis1 dosis2 uge7:dosis1 uge7:dosis2
## 561.6 10.4 5.4 10.2 66.6 41.0
```

og variansparametrene:

```
VarCorr(model1_REML)
```

```
## dyr = pdLogChol(1)
## Variance StdDev
## (Intercept) 2385.4060 48.84062
## Residual 216.4356 14.71175
```

Vi finder den estimerede varians for den tilfældige effekt under (Intercept) og ser altså at $\hat{\sigma}_B = 48.84$ mens den sædvanlige residualvarains estimeres til s = 14.71.

Bemærk, at disse tal også kan findes under "Random effects" i summary():

```
summary(model1_REML)
```

```
## Linear mixed-effects model fit by REML
##
   Data: data
##
          AIC
                  BIC
                         logLik
     260.4689 269.8933 -122.2344
##
##
## Random effects:
##
   Formula: ~1 | dyr
##
           (Intercept) Residual
## StdDev:
             48.84062 14.71175
##
## Fixed effects: vgt ~ uge + dosis + uge:dosis
##
              Value Std.Error DF
                                   t-value p-value
## (Intercept) 561.6 22.81158 12 24.619072 0.0000
## uge7
               10.4
                      9.30453 12
                                 1.117735 0.2856
                5.4 32.26045 12 0.167388 0.8699
## dosis1
## dosis2
               10.2 32.26045 12 0.316177 0.7573
## uge7:dosis1 66.6 13.15859 12 5.061333 0.0003
## uge7:dosis2 41.0 13.15859 12 3.115835 0.0089
## Correlation:
##
              (Intr) uge7
                            dosis1 dosis2 ug7:d1
              -0.204
## uge7
```

```
## dosis1
              -0.707 0.144
## dosis2
              -0.707 0.144 0.500
## uge7:dosis1 0.144 -0.707 -0.204 -0.102
## uge7:dosis2 0.144 -0.707 -0.102 -0.204 0.500
## Standardized Within-Group Residuals:
          Min
                        Q1
                                  Med
                                               Q3
                                                          Max
## -1.88624327 -0.27170343 -0.01321154 0.31941247 1.40364393
##
## Number of Observations: 30
## Number of Groups: 15
```

6.

(0 0 1 0 1 0)

72

Vi estimerer nu forskellen i vægt på to marsvin i uge 7, hvor det første har fået dosis 1 og det andet har fået dosis 0:

I begge tilfælde konkluderer vi, at den estimerede forskel er 72. Bemærk, at vi får noget ekstra information med, når vi bruger estimable(), som handler om hvor sikre vi er på dette estimat.

32.26045 2.231835 12 0.04546042 1.710517 142.2895