Kovariansanalyse

Statistisk Dataanalyse 2

Anders Tolver

Uge 3, torsdag d. 21/9-2017

Dagens program

Dagens undervisning dækkes af kompendiets kapitel 6.

Vi diskuterer nogle eksempler, hvor der inddrages en kontinuert forklarende variable i en statistisk model. Der kan være flere formål med dette.

- Forsøgets formål kan være at forstå sammenhængen mellem responsen og en forklarende kovariat
  - Hydrolyseforsøg i eksempel 4.2 (tirsdag)
  - Øvelsesopgave 4.4 (exercise 5.2 i kompendiet)
  - Afleveringsopgave 2 (til tirsdag d. 26/9-2017)
- Inddragelse af en forklarende kovariat kan mindske variationen og gøre det lettere at se en evt. behandlingseffekt
  - Hormonbehandling af stude (eksempel 6.1)
  - Vækst af træer (eksempel 6.3 - selvstudie)

Desuden diskuteres kompendiets eksempel 4.2.

Kovariansanalyse

Ved et faktorforsøg med to faktorer

$$\mathtt{A}, \mathtt{B}$$

tager man typisk udgangspunkt i modellen

$$Y_i = \mu(\mathtt{A} \times \mathtt{B_i}) + \mathtt{e_i}$$

Idé: for hver forsøgsenhed måles en kovariat, x_i, som (måske) kan forklare noget af variationen ud fra en modificeret model

$$Y_i = \mu(\mathtt{A} \times \mathtt{B_i}) + \gamma \cdot \mathtt{x_i} + \mathtt{e_i}.$$

Kovariaten adderes multipliceret med en koefficient (hældning).

Der inddrages kun 1 parameter mere i modellen.

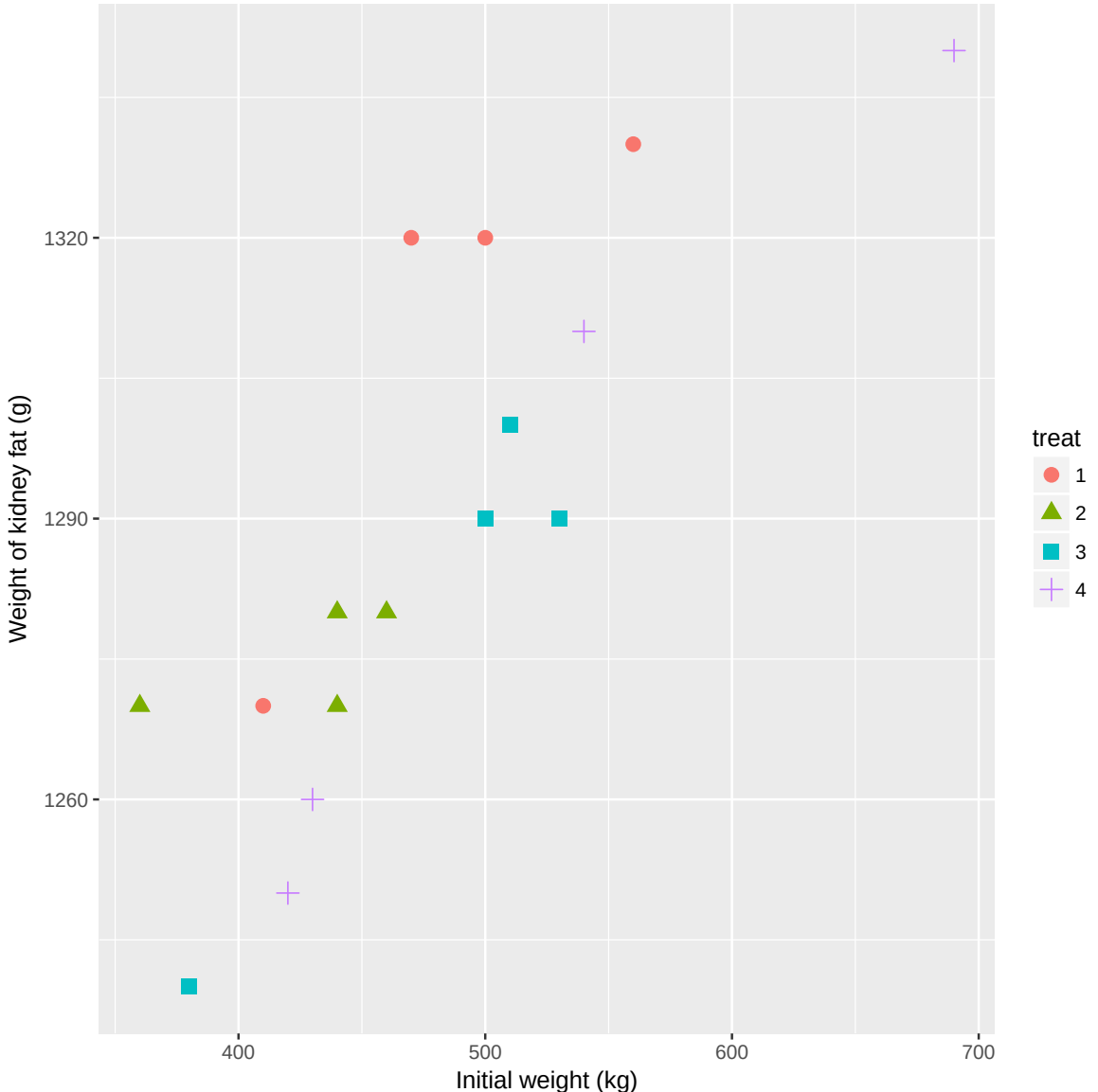
Eksempel 6.1: hormonbehandling af stude

16 forskellige stude indgår i flg. forsøg

- 4 forskellige hormonbehandlinger (`treat`)
- 4 stude tildeles hver behandling
- x = begyndelsesvægt (kg)
- Y = vægt af nyrefedt (g) efter forsøgsperiode

Hormonbehandling							
1		2		3		4	
x	Y	x	Y	x	Y	x	Y
560	1330	440	1280	530	1290	690	1340
470	1320	440	1270	510	1300	420	1250
410	1270	360	1270	380	1240	430	1260
500	1320	460	1280	500	1290	540	1310

Eksempel 6.1: hormonbehandling af stude



Eksempel 6.1: oversigt over modeller

Modeller for kovariansanalyse

$$
\begin{aligned}
\text{Model 1: } Y_i &= \alpha(\texttt{treat}_i) + \gamma \cdot x_i + e_i \\
\text{Model 2: } Y_i &= \mu + \gamma \cdot x_i + e_i \quad (\text{ingen effekt af } \texttt{treat}) \\
\text{Model 3: } Y_i &= \alpha(\texttt{treat}_i) + e_i \quad (\text{ingen effekt af } \texttt{x}) \\
\text{Model 4: } Y_i &= \mu + e_i
\end{aligned}
$$

Samme modeller, som hvis x havde være en faktor, der kunne gives en numerisk fortolking (jf. tirsdag d. 19/9-2017).

Forskellen er, at vi her ikke kan designe forsøget, så vi kun afprøver stude med bestemte værdier af variablen x. I stedet er x en variabel som inkluderes i analysen ud over faktoren `treat`, som vi selv kan kontrollere.

Ved at inkludere kovariater kan man af og til mindske variationen og gøre det lettere at se en effekt af behandlingen.

Eksempel 6.1: fit af modeller

Nogle R-kommandoer

```
model1=lm(steers$y~factor(steers$treat)+steers$x)
model2=lm(steers$y~steers$x)
model3=lm(steers$y~factor(steers$treat))
model4=lm(steers$y~1)
deviance(model1);deviance(model2);deviance(model3);deviance(model4)


## [1] 1387.183
## [1] 3800.668
## [1] 9900
## [1] 12775
```

Variansanalyseskema

Model	Fakt.	Mv.	SS_e	df_e
1	$\texttt{treat}+\texttt{x}$	$\alpha(\texttt{treat}_i)+\gamma\cdot\texttt{x}_i$	1387.183	11
2	$\texttt{x}$	$\mu+\gamma\cdot\texttt{x}_\texttt{i}$	3800.668	14
3	$\texttt{treat}$	$\alpha(\texttt{treat}_i)$	9900.00	12
4	0	μ	12775.00	15

Eksempel 6.1: reduktion af model

Testskema

Test	Faktor	F	df	p
2 vs 1	`treat` (just. for `x`)	6.379	3	0.009
3 vs 1	`x` (just. for `treat`)	67.50	1	< 0.0001
4 vs 3	`treat`	1.162	3	0.365
4 vs 2	`x`	33.06	1	< 0.0001

Hvordan konstrueres teststørrelsen for test af `model2` mod `model1` ud fra oplysningerne i variansanalyseskemaet på foregående side?

Hvad bliver slutmodellen?

Ville vi få samme konklusioner, hvis vi ikke inddrog begyndelsesvægten (`x`) som kovariat i analysen?

Eksempel 6.1: slutmodel

Slutmodel

$$\text{Model 1: } Y_i = \alpha(\texttt{treat}_i) + \gamma \cdot x_i + e_i, \quad e_i \text{ uafh. } \sim N(0, \sigma^2).$$

Parameterestimater i R (-fjern intercept)

```
model1a <-lm(steers$y~steers$x+factor(steers$treat)-1)
summary(model1a)
```

```
##                          Estimate Std. Error t value     Pr(>|t|)
## steers$x                   0.3287     0.0400  8.2161 5.065272e-06
## factor(steers$treat)1 1150.5901    20.1982 56.9649 6.024314e-15
## factor(steers$treat)2 1135.3109    17.9050 63.4074 1.859876e-15
## factor(steers$treat)3 1122.2335    20.0062 56.0943 7.132520e-15
## factor(steers$treat)4 1119.0863    21.5467 51.9377 1.658701e-14
```

```
Residual standard error: 11.23 on 11 degrees of freedom
```

Fortolkning af output? Hvad beskriver parameterestimater?

Eksempel 6.1: adjusted means

Estimater for en gennemsnits stud

$$\hat{\alpha}(\texttt{treat}_i) + \hat{\gamma} \cdot \bar{x}$$

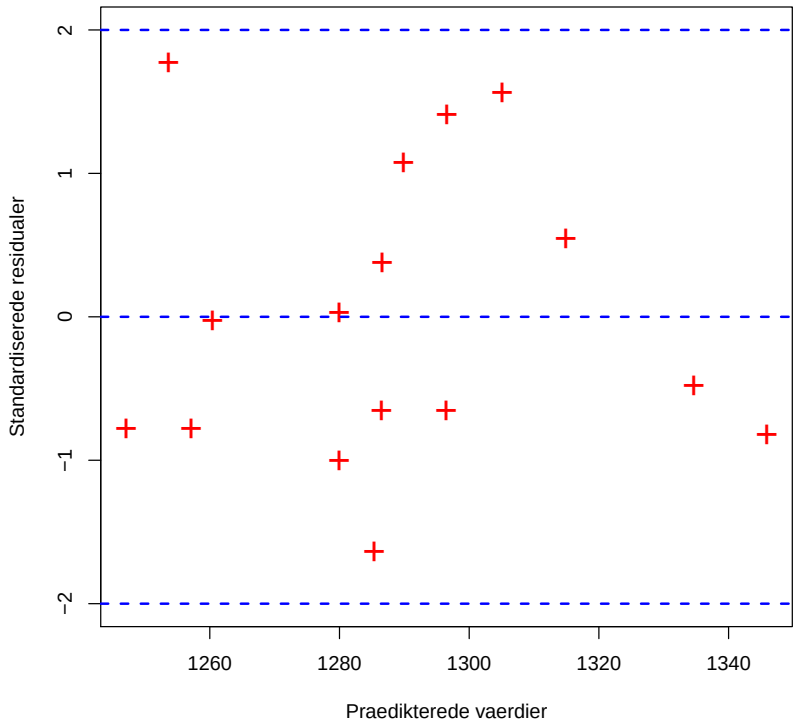
Brug `estimable` i `R`

```
library(gmodels)
xbar<-mean(steers$x) ### gnsn. af begyndelsesvaegt!
adj.m1 <- c(xbar,1,0,0,0)
adj.m2 <- c(xbar,0,1,0,0)
adj.m3 <- c(xbar,0,0,1,0)
adj.m4 <- c(xbar,0,0,0,1)
adj.means <- rbind(adj.m1, adj.m2, adj.m3, adj.m4)
```

```
estimable(model1a,adj.means,conf.int=0.95)
```

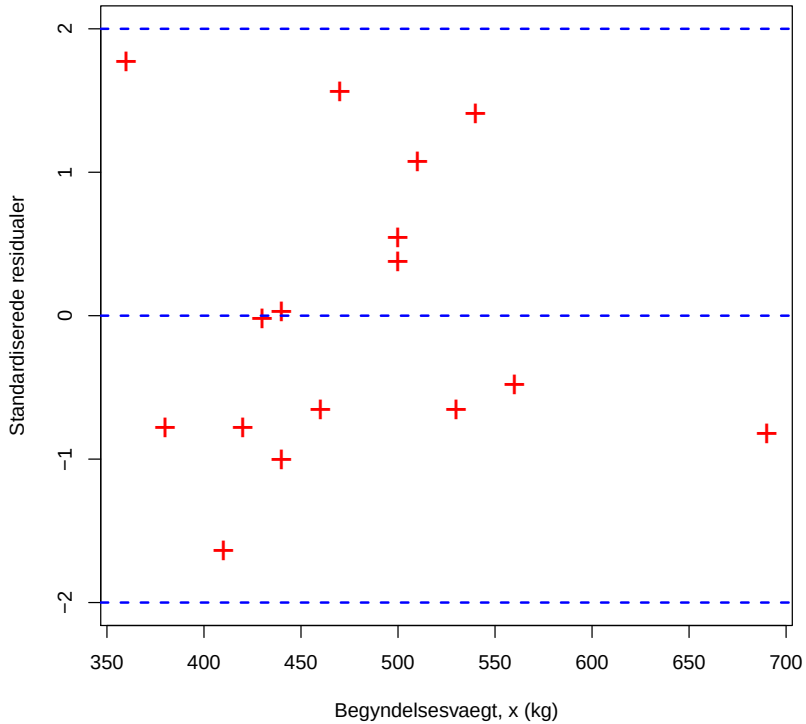
```
##        Estimate Std. Error  t value DF Pr(>|t|) Lower.CI Upper.CI
## adj.m1 1307.535   5.622891 232.5378 11        0 1295.159 1319.911
## adj.m2 1292.256   5.994818 215.5621 11        0 1279.061 1305.450
## adj.m3 1279.178   5.615771 227.7832 11        0 1266.818 1291.539
## adj.m4 1276.031   5.866644 217.5061 11        0 1263.119 1288.943
```

Eksempel 6.1: modelkontrol



Lav selv et qq-plot, for at checke normalfordelingsantagelsen.

Eksempel 6.1: modelkontrol



Alternativ: Kunne have testet, om kvadratisk model giver bedre fit

$$Y_i = \alpha(\texttt{treat}_i) + \gamma \cdot x_i + \delta \cdot x_i^2 + e_i$$

Kovariansanalyse: oversigt

- God forsøgsteknik til forbedring af præcisionen
- Næste "gratis" (-koster 1 frihedsgrad)
- Virker bedst med gode/relevante kovariater
- Ideelt med kovariater der måles inden forsøgets start og således er uafhængige af behandlingen
- Muligt at inddrage flere kovariater i analysen
- Godt alternativ til balancering af grupper, hvor man tilstræber at grupperne er ens mht. fx. størrelse
- Svær fortolkning hvis kovariaten kan være påvirket af behandlingen (kan føre til en dårlig analyse)

Eksempel 4.1: sphagnum

```
sphag<-read.table(file="../data/sphagnum.txt",header=T)
sphag
```

```
##   stype tray volume
## 1     1    1   37.0
## 2     1    3   44.6
## 3     1    5   42.5
## 4     1    6   47.1
## 5     2    3   49.0
## 6     2    4   50.5
```

[... more data lines here ...]

```
##    stype tray volume
## 47    12    5   36.2
## 48    12    6   25.5
```

```
sphag$stype<-factor(sphag$stype)
sphag$tray<-factor(sphag$tray)
```

Eksempel 4.1: sphagnum

Observationer: $Y_1, Y_2, \ldots, Y_{48}$

To forklarende variable (faktorer)

- Sphagnumtype: `stype` eller `S` [antal niveauer: 12]
- Bakke: `tray` eller `T` [antal niveauer: 6]

Ikke alle kombinationer af `S` og `T` er med i eksperimentet: ufuldstændigt blokdesign (mere om det i kap. 9).

Hvordan ville du analysere disse data?

Observation nummer 46 (obs. værdi 7.5) er mærkelig og fjernes.

```
sphag<-sphag[-46,]
```

Er det egentlig ok? Kunne evt. køre analysen både med og uden denne obs. og så sammenligne resultaterne fra de to analyser.

Sphagnum: test for effekt af `stype`

Statistisk model:

$$1: Y_i = \alpha(S_i) + \beta(T_i) + e_i$$

hvor e_i'erne er uafhængige $N(0, \sigma^2)$-fordelte.

Interesseret i hypotesen om ingen effekt af sphagnumtypen.

- Hvad er hypotesen (udtrykt ved α'er og/eller β'er)?
- Hvad er den tilsvarende model?
- Hvordan tester vi hypotesen i `R`?
- `Hvad er konklusionen?`

Vil slet ikke interessere os for om der en tray-effekt (men prøv selv!)

Sphagnum: sammenligning af typer

Har altså påvist en forskel på sphagnumtyperne. Mangler at gøre rede for forskellene!

I balanceret forsøg ville vi bruge forskelle mellem `stype`-gennemsnit og sammenligne vha. LSD-værdi.

Dur ikke i ubalanceret forsøg:

- $\hat{\alpha}(j) - \hat{\alpha}(k)$ er *ikke* blot forskellen mellem `stype`-gennemsnit. "Korrigeres" ift. hvilke trays behandlingerne er afprøvet i.
- Forskellene $\alpha(j) - \alpha(k)$ estimeres med forskellig præcision fordi de mødes flere eller færre gange i samme tray. Fx. mødes 1 og 2 tre gange mens 1 og 3 kun mødes to gange.
- Forskellige LSD-værdier til forskellige sammenligninger.
- 66 parvise forskelle — og med forskellige spredninger og forskellige LSD-værdier.

Sphagnum: sammenligning af typer

```
model1 <- lm(volume ~ stype + tray,data=sphag)
```

```
##             Estimate Std. Error   t value     Pr(>|t|)
## (Intercept) 44.17486   2.290726 19.284221 1.865834e-18
## stype2       6.01880   2.750850  2.187979 3.659589e-02
## stype3      -4.57442   2.805078 -1.630764 1.133958e-01
```

...

```
##            Estimate Std. Error     t value    Pr(>|t|)
## stype12 -9.65722440   2.951357 -3.27213060 0.002687227
## tray2   -0.33208762   2.113615 -0.15711829 0.876204303
## tray3    0.45346199   2.054075  0.22076214 0.826773243
## tray4    0.02479945   1.983899  0.01250036 0.990109177
## tray5   -1.64795268   2.050432 -0.80371004 0.427887160
## tray6   -4.30496861   2.013534 -2.13801650 0.040779349
```

Hvordan skal parametrene fortolkes?

Hvad angiver parameteren svarende til linjen stype3? Denne er ikke beregnet som i det balancerede tilfælde!

Sphagnum: adjusted means

Ikke nødvendigvis mere rimeligt at bruge `tray` 1 som reference end en af de øvrige.

En mulighed er at beregne de forventede værdier i en "gennemsnitsbakke" (som ikke findes), dvs. se på

$$\frac{1}{6}\sum_{j=1}^{6}\Big(\hat{\alpha}(\texttt{stype})+\hat{\beta}(j)\Big)$$

For eksempel, for sphagnumtype 1:

$$\begin{aligned} & \frac{1}{6}(44.17+[44.17+(-0.33)]+[44.17+0.45] \\ + \quad & [44.17+0.02]+[44.17+(-1.65)+[44.17+(-4.31)])=43.2 \end{aligned}$$

Sådanne størrelser kaldes "adjusted means" eller "justerede gennemsnit".

Kan med lidt arbejde beregnes med `estimable`.

Sphagnum: `estimable`

`estimable` skal kende linearkombinationen. For type 1:

$$\alpha(1) + \frac{1}{6}\left(\beta(1) + \ldots + \beta(6)\right)$$

Dette svarer til flg. linearkombination, se `summary(model1)`:

$$(1,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,1/6,1/6,1/6,1/6,1/6)$$

Tilsvarende for type 2 (og 3–12).

```
library(gmodels)
adj1 = c(1,rep(0,11),rep(1/6,5))
adj2 = c(1,1,rep(0,10),rep(1/6,5))
adj = rbind(adj1,adj2)
```

```
estimable(model1,adj,conf.int=0.95)
```

```
##      Estimate Std. Error  t value DF Pr(>|t|) Lower.CI Upper.CI
## adj1 43.20707   1.961597 22.02648 30        0 39.20096 47.21319
## adj2 49.22587   1.959502 25.12162 30        0 45.22404 53.22771
```

Eksempel 6.3: vækst af træer (selvstudie)

```
soil<-read.table("../data/bms_examp6_3.txt",header=T)
soil
```

```
##   block trt  ht growth
## 1     1   1 3.6    8.9
## 2     1   2 3.1   10.7
## 3     1   3 4.7   12.4
## 4     2   1 4.7   10.1
## 5     2   2 4.9   14.2
## 6     2   3 2.6    9.0
```

```
[  ... more data lines here ...]
```

```
##    block trt  ht growth
## 28    10   1 5.3   12.6
## 29    10   2 4.4   11.4
## 30    10   3 5.8   13.4
## 31    11   1 3.6    7.4
## 32    11   2 1.4    8.4
## 33    11   3 4.8   10.7
```

Eksempel 6.3: vækst af træer (selvstudie)

Balanceret tofaktorforsøg

- 11 blokke med 3 plots i hver
- 3 jordbehandlinger
- x = højde (feet) inden behandling (kovariat)
- Y = vækst (feet) efter 5 år

Udgangsmodel (kovariansanalyse)

$$Y_i = \alpha(\texttt{beh}_i) + \beta(\texttt{blok}_i) + \gamma \cdot x_i + e_i$$

Hypotese (ingen effekt af behandling)

$$Y_i = \beta(\texttt{blok}_i) + \gamma \cdot x_i + e_i$$

kovariansanalyse - modeller

Eksempel 6.3: vækst af træer (selvstudie)

Modelskema

Model	Fakt.	Mv.	SS_e	df_e
1	`beh+blok+x`	$\alpha(\texttt{beh}_i)+\beta(\texttt{blok}_i)+\gamma\cdot x_i$	30.65208	19
2	`blok+x`	$\beta(\texttt{blok}_i)+\gamma\cdot x_i$	49.2468	21
3	`beh+blok`	$\alpha(\texttt{beh}_i)+\beta(\texttt{blok}_i)$	68.88303	20
4	`beh+x`	$\alpha(\texttt{beh}_i)+\gamma\cdot x_i$	37.52238	29
5	`blok`	$\beta(\texttt{blok}_i)$	73.14	22
6	`beh`	$\alpha(\texttt{beh}_i)$	201.7127	30

Testskema

Test	Faktor	F	df	p
2 vs. 1	`beh` (just. for `blok` og `x`)	5.76	2	0.011
3 vs. 1	`x`	23.670	1	0.0001
4 vs. 1	`blok` (just. for `beh` og `x`)	0.43	10	0.916
5 vs. 3	`beh` (kun just. for `blok`)	0.62	2	0.549
6 vs. 3	`blok` (kun just. for `beh`)	3.86	10	0.005

Eksempel 6.3: vækst af træer (selvstudie)

Slutmodel (når vi inkluderer beg. højde i modellen)

$$Y_i = \alpha(\texttt{beh}_i) + \gamma \cdot x_i + e_i$$

[-kan vise at hverken `beh` ($p = 0.002$) eller `x` ($p < 0.0001$) kan fjernes!]

NB Blokken er unødvendig når kovariaten (beg. højde) er med i modellen.

Parameterestimater

```
model4new<-lm(soil$growth~soil$ht+factor(soil$trt)-1)
summary(model4new)
```

```
##                    Estimate Std. Error   t value     Pr(>|t|)
## soil$ht            1.530316  0.1358481 11.264907 4.141145e-12
## factor(soil$trt)1 3.829704  0.6218255  6.158808 1.031198e-06
## factor(soil$trt)2 5.597206  0.5421586 10.323927 3.186340e-11
## factor(soil$trt)3 3.926125  0.6013768  6.528561 3.777495e-07
```

```
Residual standard error: 1.137 on 29 degrees of freedom
```

Hvordan skal parameterestimaterne fortolkes?

Øvelser til hjemmebrug/repetition

Tag udgangspunkt i `model4new` fra foregående side

- Brug `estimable` til at finde alle parvise forskelle ml. behandlingsgrupperne (estimater+konf.int).

Tag udgangspunkt i `model1` (-selvom det strengt taget ikke er slutmodellen)

- Brug `estimable` til at finde alle parvise forskelle ml. behandlingsgrupperne (estimater+konf.int).
- Brug `estimable` til for hver af de tre behandlinggrupper at beregne adjusted means for et gennemsnitstræ ($\bar{x}$) i en (fiktiv) gennemsnitsblok.

Er der signifikante forskelle på behandling 1 og 3?