

Eksamen i Statistisk Dataanalyse 2, 15. april 2010

Vejledende besvarelse

Opgave 1

1. I første omgang inddrages `tid` som en systematisk faktor på fire niveauer. Desuden modelleres variationen mellem patienter ved en tilfældig effekt af faktoren `id`. Den statistiske model kan således opskrives som

$$\text{pain}_i = \alpha(\text{tid}_i) + b(\text{id}_i) + e_i,$$

hvor $b(1), \dots, b(78)$ er uafhængige $\sim N(0, \sigma_B^2)$ og e_1, \dots, e_{312} er uafhængige $\sim N(0, \sigma^2)$. For at undersøge, om smertepåvirkningen ændres over tid testes hypotesen, $H_0 : \alpha(3) = \alpha(24) = \alpha(48) = \alpha(72)$ svarende til modellen

$$\text{pain}_i = \mu + b(\text{id}_i) + e_i,$$

hvor $b(j)$ 'er og e_i 'er er givet som før.

Af R-udskriften (`anova(m1, m0)`) ses, at der er en signifikant effekt af `tid`: $LR = 84.07, p < 0.0001$. Slutmodellen indeholder således et parameterestimat for smertepåvirkningen for hvert af de 4 tidspunkter samt estimer for de to varianskomponenter. Vi finder fra R-udskriften for `summary(m0refit)` og `intervals(m0refit)` at:

$$\begin{array}{ll} \hat{\alpha}(3) = 23.7[16.71, 30.70] & \hat{\alpha}(24) = 16.97[9.98, 23.97] \\ \hat{\alpha}(48) = 10.65[3.66, 17.65] & \hat{\alpha}(72) = 2.56[-4.43, 9.56] \\ \hat{\sigma}_B = 28.15[23.81, 33.29] & \hat{\sigma} = 13.80[12.60, 15.12]. \end{array}$$

2. For at undersøge om smertepåvirkningen ændrer sig lineært over tid, testes startmodellen fra spørgsmål 1 mod modellen

$$\text{pain}_i = \gamma + \delta \cdot \text{tid}_i + b(\text{id}_i) + e_i,$$

hvor variablen `tid` inddrages som en kovariat og ikke som en faktor. I R-udskriften er testet udført ved at sammenligne modellerne `m0` og `m2`, og vi finder, at likelihoodratio teststørrelsen er $LR = 0.219$ med tilhørende p-værdi på $p = 0.897$. Vi godkender dermed hypotesen om, at smertepåvirkningen ændrer sig lineært hen over tid.

Det vil blive opfattet positivt, hvis man også forklarer lidt om, hvad man ellers kan trække ud fra R-udskriften, som det forsøgt i de følgende linjer. Parameterestimerne som indgår i middelværdistrukturen er givet ved

$$\hat{\gamma} = 24.57 \quad \hat{\delta} = -0.302$$

og vi kan f.eks. endvidere se af R-udskriften for `summary(m2refit)`, at hældningen ($=\delta$) er signifikant forskellig fra nul ($t = -10.02, p < 0.0001$), således at der faktisk sker en ændring (fald) over tid. Man kunne også angive konfidensintervaller for γ og δ samt estimater for varianskomponenterne.

Baseret på slutmodellen ovenfor bliver den forventede smertepåvirkning efter 24 timer

$$\hat{\gamma} + \hat{\delta} \cdot 24 = 24.57 - 0.302 \cdot 24 = 17.32 \quad [10.81, 23.83],$$

hvor 95 %-konfidensintervallet er aflæst ud for kaldet med `estimable` svarende til vektoren `est24`.

3. Først bør man bemærke at værdien `pain=0` svarer til smerteniveauet før operationen. Baseret på slutmodellen fra den statistiske analyse har vi følgende sammenhæng mellem den forventede smertepåvirkning og tiden efter operationen

$$\mathbb{E}_{\text{pain}} = \gamma + \delta \cdot \text{tid},$$

hvor estimaterne for γ og δ er anført tidligere i besvarelsen. Den forventede rekonvalescenstid findes ved at løse ligningen

$$\gamma + \delta \cdot \text{tid} = 0 \Rightarrow \text{tid} = \frac{-\gamma}{\delta}.$$

Indsættes parameterestimaterne fås en rekonvalescenstid på $\frac{-\hat{\gamma}}{\hat{\delta}} = 81.4$ timer.

Vil man forsøge at udtale sig om usikkerheden på estimatet for rekonvalescenstiden, kan man kigge lidt på R-udskriften ud for `estimable(m2refit, est, conf.int=0.95)`. Heraf ses f.eks. at allerede efter 60 timer er den estimerede smertepåvirkning ikke længere signifikant forskellig fra nul. Et konfidensinterval for rekonvalescenstiden vil således have en nedre grænse for et 95 %-konfidensinterval, der starter omkring 60 timer. Det ses også direkte af R-udskriften, at rekonvalescenstiden sagtens kunne være 72 timer.

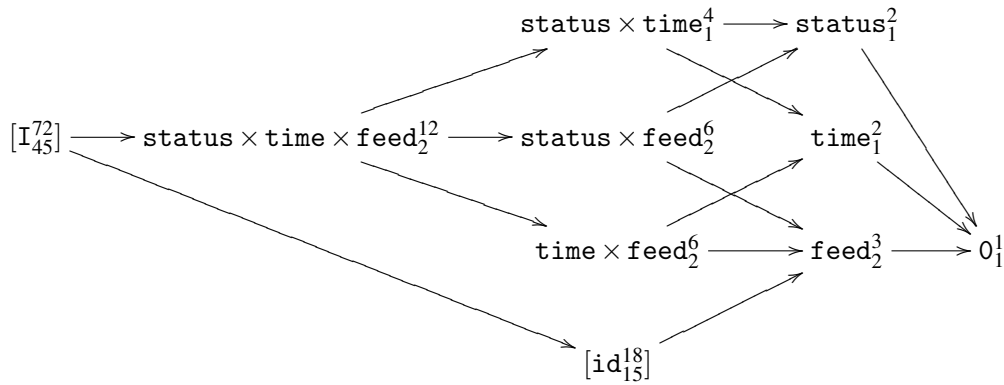
Opgave 2

1. Den statistiske model bør indholde en tilfældig effekt af dyr givet ved faktoren `id` samt en systematisk effekt svarende til trefaktorvekselvirkningen `time × status × feed`. Af residualplottene på figur 1 ses, at insulin-målingerne bør log-transformeres inden den statistiske analyse for at opnå varianshomogenitet. Startmodellen bliver således:

$$\log(\text{insulin}_i) = \delta(\text{time} \times \text{status} \times \text{feed}_i) + b(\text{id}_i) + e_i,$$

hvor $b(1), \dots, b(18)$ er uafhængige $\sim N(0, \sigma_B)$ og e_1, \dots, e_{72} er uafhængige $\sim N(0, \sigma^2)$.

Selvom der ikke direkte spørges efter det i opgaveformuleringen, kan det være en god ide at have et faktordiagram at støtte sig til i forbindelse med den statistiske analyse.



2. Der er forskellige muligheder for, i hvilken rækkefølge modelreduktionen kan foretages. Man kan med fordel støtte sig til faktordiagrammet ovenfor. Uanset fremgangsmåden, så når man frem til en slutmodel med en additiv effekt af **time** og **status**. Nedenfor skitseres en mulig testrækkefølge. Ved besvarelsen refereres til R-udskriften nedenfor, der angiver et forslag til, hvordan et R-program til løsning af opgaven kunne se ud.

Startmodel (mod0 i R-udskrift):

$$\log(\text{insulin}_i) = \delta(\text{time} \times \text{status} \times \text{feed}_i) + b(\text{id}_i) + e_i$$

Test for effekt af trefaktorvekselvirkningen svarende til modellen (mod1 i R-udskrift):

$$\log(\text{insulin}_i) = \alpha(\text{time} \times \text{status}_i) + \beta(\text{time} \times \text{feed}_i) + \gamma(\text{status} \times \text{feed}_i) + b(\text{id}_i) + e_i$$

Vi godkender hypotesen om, at trefaktorvekselvirkningen kan fjernes: $LR = 0.781, p = 0.677$.

Dernæst fjernes de parvise vekselvirkninger i følgende rækkefølge: **time** × **feed** ($LR = 1.162, p = 0.560$), **time** × **status** ($LR = 1.073, p = 0.300$), **status** × **feed** ($LR = 3.310, p = 0.191$). Undervejs benyttes følgende statistiske modeller:

$$\log(\text{insulin}_i) = \alpha(\text{time} \times \text{status}_i) + \gamma(\text{status} \times \text{feed}_i) + b(\text{id}_i) + e_i \quad (\text{mod2c})$$

$$\log(\text{insulin}_i) = \gamma(\text{status} \times \text{feed}_i) + v(\text{time}_i) + b(\text{id}_i) + e_i \quad (\text{mod3a})$$

$$\log(\text{insulin}_i) = \delta(\text{status}_i) + \mu(\text{feed}_i) + v(\text{time}_i) + b(\text{id}_i) + e_i \quad (\text{mod4d}).$$

Endelig konstateres, at hovedeffekten af **feed** kan fjernes således, at vi ender op med modellen:

$$\log(\text{insulin}_i) = \delta(\text{status}_i) + v(\text{time}_i) + b(\text{id}_i) + e_i \quad (\text{mod5b}).$$

Likelihoodratio teststørrelsen for test af hovedeffekten af **feed** er $LR = 1.690$ svarende til en p-værdi på 0.430 (-se evt. `anova(mod5b, mod4d)`). Der ses at være en signifikant effekt af både **time** ($LR = 46.69, p < 0.0001$) og **status** ($LR = 19.69, p < 0.0001$).

3. Den statistiske analyse fra spørgsmål 2 fører frem til følgende slutmodel:

$$\log(\text{insulin}_i) = \delta(\text{status}_i) + v(\text{time}_i) + b(\text{id}_i) + e_i \quad (\text{mod5b}),$$

hvor $b(1), \dots, b(18)$ er uafhængige $\sim N(0, \sigma_B^2)$ og e_1, \dots, e_{72} er uafhængige $\sim N(0, \sigma^2)$.

Parameterestimerne for varianskomponenterne er

$$\hat{\sigma}_B = 0.194, \quad \hat{\sigma} = 0.436.$$

Middelværdien er givet ved en additiv struktur med faktorerne `status` og `time`. De tilhørende parameterestimer kan f.eks. angives ved estimatet for en reference-gruppe

$$\hat{\delta}(\text{lac}) + \hat{\nu}(\text{1h}) = -1.165$$

samt forskellene mellem de to niveauer af hver af faktorerne

$$\hat{\delta}(\text{preg}) - \hat{\delta}(\text{lac}) = 0.492, \quad \hat{\nu}(\text{2.5h}) - \hat{\nu}(\text{1h}) = 0.861.$$

Det skal bemærkes, at analysen er foretaget på log-transformerede data. Derfor skal estimerne fortolkes således, at den forventede insulin-måling er $\exp(0.492) = 1.635$ gange højere for `status=preg` end for `status=lac`. Tilsvarende forøges den forventede insulin-måling med en faktor $\exp(0.861) = 2.366$ fra `time=1h` til `time=2.5h`.

4. Ved løsning af spm. 4 og 5 bemærkes først, at slutmodellen slet ikke indeholder faktoren `feed`. Da faktorerne `status` og `time` endvidere indgår additivt i slutmodellen, er effekten af `time` desuden uafhængig af, om vi betragter grupperne givet ved `status=preg` eller `status=lac`. Derfor fremgår estimatet for forskellen mellem de to efterspurgte grupper i spm. 4 direkte af R-udskriften, hvis modellen er fittet i R som anført for `mod5b.final` nedenfor. Et konfidensinterval for forskellen kan således opnås uden brug af kommandoen `estimable` blot ved at skrive `intervals(mod5b.final)`. Man finder at forskellen med tilhørende konfidensinterval mellem de efterspurgte grupper bliver 0.861 [0.655, 1.067]. Denne forskel er beregnet på en logaritmisk skala, således at fortolkningen bliver, at gruppen givet ved `time=2.5` har et $\exp(0.861) = 2.366$ gange højere forventet insulin niveau en gruppen `time=1h` med et 95 %-konfidensinterval givet ved [1.925, 2.907].
5. Et estimat for forskellen mellem grupperne givet ved `status=lac, time=1h` og `status=preg, time=2.5h` kan fås ved anvendelse af funktionen `estimable` på slutmodellen `mod5b.final` nedenfor. Med den konkrete parametrisering i R kunne man f.eks. benytte følgende R-kode:

```
> library(nlme)
> library(gmodels)
> data3 <- read.table(file = "mb.txt", header = T)

> mod5b.final <- lme(log(insulin) ~ status + time, random = ~1 |
+   id, method = "REML", data = data3)
> lac.1 <- c(1, 0, 0)
> preg.2.5 <- c(1, 1, 1)
> diff <- preg.2.5 - lac.1
> est <- rbind(diff)
> estimable(mod5b.final, est, conf.int = 0.95)
```

	Estimate	Std. Error	t value	DF	Pr(> t)	Lower.CI	Upper.CI
diff	1.352576	0.1453323	9.306777	52	1.169953e-12	1.060945	1.644206

Omregnet til normal skala (-husk at responsen er log-transformeret) fås, at gruppen givet ved `status=preg,time=2.5h` har et $\exp(1.353) = 3.867$ gange højere insulin-niveau end gruppen givet ved `status=lac,time=1h`. Et tilhørende 95 %-konfidensinterval bliver $[2.889, 5.177]$.

Eksempel på R-kode som kunne være benyttet ved løsning af opgave 2

Ved løsning af opgaven har jeg benyttet dele af følgende R-kørsel. Det er naturligvis ikke tanken, at dette skal skrives med ind i en besvarelse af eksamensopgaven. Det er derimod et forsøg på at vise, hvilke R-kommandoer man selv kunne have brugt under selve eksamen, for at generere det nødvendige output for at besvare eksamensspørgsmålene.

```
> ### Fjernelse af trefaktorvekselvirkning:
> library(nlme)
> mod0<-lme(log(insulin)~status*time*feed,random=~1|id,method="ML",data=data3)
> mod1<-lme(log(insulin)~status*time+status*feed+time*feed,random=~1|id
+           ,method="ML",data=data3)
> anova(mod0,mod1)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
mod0	1	14	112.1745	144.0478	-42.08726			
mod1	2	12	108.9556	136.2756	-42.47782	1 vs 2	0.7811273	0.6767

```
> ### Fjernelse af første parvise vekselvirkning
> mod2a<-lme(log(insulin)~status*feed+time*feed,random=~1|id
+           ,method="ML",data=data3)
> mod2b<-lme(log(insulin)~status*time+time*feed,random=~1|id
+           ,method="ML",data=data3)
> mod2c<-lme(log(insulin)~status*time+status*feed,random=~1|id
+           ,method="ML",data=data3)
> anova(mod2a,mod1)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
mod2a	1	11	108.0516	133.0949	-43.02578			
mod1	2	12	108.9556	136.2756	-42.47782	1 vs 2	1.095918	0.2952

```
> anova(mod2b,mod1)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
mod2b	1	10	108.4014	131.1681	-44.20071			
mod1	2	12	108.9556	136.2756	-42.47782	1 vs 2	3.445782	0.1785

```
> anova(mod2c,mod1)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
mod2c	1	10	106.1172	128.8838	-43.05858			
mod1	2	12	108.9556	136.2756	-42.47782	1 vs 2	1.161529	0.5595

```

> ### Fjernelse af anden parvise vekselvirkning:
> mod3a<-lme(log(insulin)~status*feed+time,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod3b<-lme(log(insulin)~status*time+feed,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod3c<-lme(log(insulin)~time*feed+status,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> anova(mod3a,mod2a)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3a      1  9 105.1900 125.6800 -43.59500
mod2a      2 11 108.0516 133.0949 -43.02578 1 vs 2 1.138438 0.566

> anova(mod3c,mod2a)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3c      1  9 107.4302 127.9202 -44.71512
mod2a      2 11 108.0516 133.0949 -43.02578 1 vs 2 3.378677 0.1846

> anova(mod3b,mod2b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3b      1  8 105.4919 123.7052 -44.74593
mod2b      2 10 108.4014 131.1681 -44.20071 1 vs 2 1.090446 0.5797

> anova(mod3c,mod2b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3c      1  9 107.4302 127.9202 -44.71512
mod2b      2 10 108.4014 131.1681 -44.20071 1 vs 2 1.028812 0.3104

> anova(mod3a,mod2c)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3a      1  9 105.1900 125.6800 -43.59500
mod2c      2 10 106.1172 128.8838 -43.05858 1 vs 2 1.072827 0.3003

> anova(mod3b,mod2c)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod3b      1  8 105.4919 123.7052 -44.74593
mod2c      2 10 106.1172 128.8838 -43.05858 1 vs 2 3.374699 0.185

> ### Fjernelse af tredje parvise vekselvirkning eller en hovedvirkning:
> mod4a<-lme(log(insulin)~status*feed,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod4b<-lme(log(insulin)~status*time,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod4c<-lme(log(insulin)~time*feed,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)

```

```

> mod4d<-lme(log(insulin)~status+feed+time,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> anova(mod4a,mod3a)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4a      1  8 152.0819 170.2952 -68.04093
mod3a      2  9 105.1900 125.6800 -43.59500 1 vs 2 48.89187 <.0001

> anova(mod4d,mod3a)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4d      1  7 104.5003 120.4370 -45.25015
mod3a      2  9 105.1900 125.6800 -43.59500 1 vs 2 3.310309 0.1911

> anova(mod4b,mod3b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4b      1  6 103.1818 116.8418 -45.59089
mod3b      2  8 105.4919 123.7052 -44.74593 1 vs 2 1.689904 0.4296

> anova(mod4d,mod3b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4d      1  7 104.5003 120.4370 -45.25015
mod3b      2  8 105.4919 123.7052 -44.74593 1 vs 2 1.008436 0.3153

> anova(mod4c,mod3c)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4c      1  8 125.4471 143.6605 -54.72356
mod3c      2  9 107.4302 127.9202 -44.71512 1 vs 2 20.01689 <.0001

> anova(mod4d,mod3c)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod4d      1  7 104.5003 120.4370 -45.25015
mod3c      2  9 107.4302 127.9202 -44.71512 1 vs 2 1.070070 0.5856

> ### Fjernelse af tredje parvise vekselvirkning eller hovedvirkning:
> mod5a<-lme(log(insulin)~status+feed,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod5b<-lme(log(insulin)~status+time,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> mod5c<-lme(log(insulin)~time+feed,random=~1/id
+             ,method="ML",data=data3)
> #anova(mod5a,mod4a)
> anova(mod5b,mod4b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod5b      1  5 102.1902 113.5735 -46.09510
mod4b      2  6 103.1818 116.8418 -45.59089 1 vs 2 1.008436 0.3153

```

```

> #anova(mod5c,mod4c)
> anova(mod5a,mod4d)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod5a      1  6 149.5826 163.2426 -68.79132
mod4d      2  7 104.5003 120.4370 -45.25015 1 vs 2 47.08233 <.0001

> anova(mod5b,mod4d)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod5b      1  5 102.1902 113.5735 -46.09510
mod4d      2  7 104.5003 120.4370 -45.25015 1 vs 2 1.689904 0.4296

> anova(mod5c,mod4d)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod5c      1  6 122.1880 135.8480 -55.09401
mod4d      2  7 104.5003 120.4370 -45.25015 1 vs 2 19.68771 <.0001

> ### Fjernelse af anden hovedvirkning:
> mod6a<-lme(log(insulin)~status,random=~1|id,method="ML",data=data3)
> mod6b<-lme(log(insulin)~time,random=~1|id,method="ML",data=data3)
> mod6c<-lme(log(insulin)~feed,random=~1|id,method="ML",data=data3)
> anova(mod6a,mod5b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod6a      1  4 146.8798 155.9865 -69.43991
mod5b      2  5 102.1902 113.5735 -46.09510 1 vs 2 46.68961 <.0001

> anova(mod6b,mod5b)

      Model df      AIC      BIC    logLik    Test  L.Ratio p-value
mod6b      1  4 119.8779 128.9846 -55.93896
mod5b      2  5 102.1902 113.5735 -46.09510 1 vs 2 19.68771 <.0001

> ### Genfit slutmodel med method='REML':
> mod5b.final<-lme(log(insulin)~status+time,random=~1|id
+                  ,method="REML",data=data3)
> summary(mod5b.final)

Linear mixed-effects model fit by REML
Data: data3
      AIC      BIC    logLik
111.2000 122.3706 -50.60001

Random effects:
Formula: ~1 | id
      (Intercept)  Residual
StdDev:   0.1936063 0.4359970

```



```
Fixed effects: log(insulin) ~ status + time
              Value Std.Error DF   t-value p-value
(Intercept) -1.1649195 0.1000148 52 -11.647468      0
statuspreg   0.4915136 0.1027655 52   4.782867      0
time2.5h     0.8610619 0.1027655 52   8.378903      0
Correlation:
      (Intr) sttspr
statuspreg -0.514
time2.5h   -0.514  0.000
```

```
Standardized Within-Group Residuals:
      Min      Q1      Med      Q3      Max
-2.0212759 -0.6436439  0.1079539  0.5118136  3.3653588
```

```
Number of Observations: 72
Number of Groups: 18
```

```
> intervals(mod5b.final)
```

Approximate 95% confidence intervals

```
Fixed effects:
      lower      est.      upper
(Intercept) -1.3656140 -1.1649195 -0.9642251
statuspreg   0.2852996  0.4915136  0.6977276
time2.5h     0.6548479  0.8610619  1.0672759
attr(,"label")
[1] "Fixed effects:"
```

```
Random Effects:
Level: id
      lower      est.      upper
sd((Intercept)) 0.0869672 0.1936063 0.4310061
```

```
Within-group standard error:
      lower      est.      upper
0.3597629 0.4359970 0.5283850
```

Opgave 3

1. Forsøget bør analyseres ved en tosidet variansanalysemodel. Man kan f.eks. lade analysen tage udgangspunkt i modellen:

$$y_i = \gamma(\text{behandling} \times \text{sort}_i) + e_i,$$

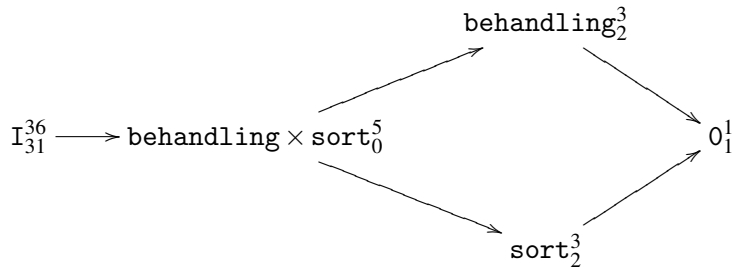
hvor e_1, \dots, e_{36} er uafhængige $\sim N(0, \sigma^2)$, men desuden bemærke, at det kun vil være muligt at estimere middelværdiparametrene hørende til de 5 kombinationer,

som er afprøvet i forsøget. I mere tekniske termer vil man sige, at modellen har dimension 5.

Da den additive model for tosidet variansanalyse

$$y_i = \alpha(\text{behandling}_i) + \beta(\text{sort}_i) + e_i,$$

også har dimension 5 ($=3+3-1$), er det ikke muligt at teste for vekselvirkningen **behandling** \times **sort** ved at sammenligne de to modeller. Hvis man forsøger at lave et faktordiagram



hvor man husker, at tallet i øverste højre hjørne for en faktor, skal angive antallet af niveauer faktoren optræder på i forsøgsdesignet, da ses at vekselvirkningen **behandling** \times **sort** har 0 frihedsgrader. Dette er en anden måde at indse, at designet ikke giver mulighed for at teste for vekselvirkning. Da den additive model for det konkrete forsøgsdesign rent faktisk er identisk med modellen med vekselvirkning, vil det ikke blive regnet som en fejl, hvis man foreslår den additive model som udgangspunkt for analysen.

Man kan også forsøge at argumentere på et mere intuitivt plan. I forsøgsdesignet kan man tænke på kombinationen **sort=normal, behandling=ingen** som en referencegruppe. Alle andre kombinationer i forsøgsdesignet består i *enten* at ændre plantesorten *eller* at ændre behandlingen til A eller B. Der afprøves ingen kombinationer, hvor der foretages ændringer af begge variable, og i sagens natur giver sådan et forsøg ikke mulighed for at se, hvordan indgrebene vekselvirker.

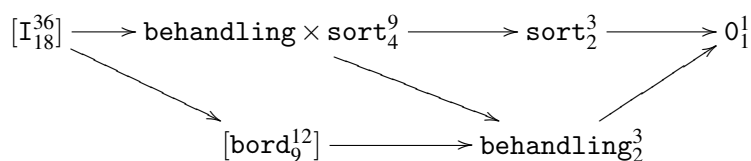
Som en ekstra krølle på halen, kunne man bemærke, at det med 36 ensartede forsøgsheder til rådighed ville være muligt at udføre et fuldstændigt randomiseret forsøg, hvor hver af de 9 kombinationer af **behandling** og **sort** blev afprøvet præcis 4 gange. I dette forsøg ville det være muligt at teste for vekselvirkning mellem **behandling** og **sort**.

2. Der er tale om et split-plot forsøg, hvor **bord** spiller rollen som helplot (eller blokke). Helplot-faktoren er **behandling**, idet planter på samme bord modtager den samme behandling. Delplot-faktoren er **sort**. Randomiseringen foretages i to trin. I første trin skrives de 3 behandlinger hver 4 gange på ialt 12 lapper papir. Ved lodtrækning afgøres hvordan behandlingerne på de 12 lapper skal tilordnes de 12 borde i forsøget. Ved andet trin i randomiseringen foretages for hvert bord en lodtrækning af, hvordan de 3 sorter skal placeres på de 3 pladser på bordet.

Den statistiske model til analyse af forsøget inddrager en systematisk effekt af **behandling** \times **sort** og en tilfældig effekt af **bord**:

$$y_i = \gamma(\text{behandling} \times \text{sort}_i) + b(\text{bord}_i) + e_i,$$

hvor $b(1), \dots, b(12)$ er uafhængige $\sim N(0, \sigma_B^2)$ og e_1, \dots, e_{36} er uafhængige $\sim N(0, \sigma^2)$.
 Det tilhørende faktordiagram bliver:



3. Der opstilles en koindens-matrix for behandlingerne på de første 10 borde, som anført i tabellen i opgaveformuleringen.

beh	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	4	1	1	1	1	1	1	1	1
2		4	1	1	1	1	1	1	1
3			4	1	1	1	1	1	1
4				3	1	0	1	0	1
5					3	1	0	1	0
6						3	1	0	1
7							3	1	0
8								3	1
9									3

Det ses, at forsøgsplanen kan fuldendes til et balanceret ufuldstændigt blokforsøg (BIBD), ved at afprøve grupperne 4, 6, 8 og 5, 7, 9 på bord 11 og 12.

Når forsøgsplanen på papir skal overføres til den konkrete forsøgsopstilling laves først en liste over, hvordan de 9 cifre skal svare til de 9 kombinationer af **behandling** og **sort**. Det er ikke nødvendigt - men heller ikke forkert - at foretage denne proces ved randomisering. Dernæst fordeles de 12 bordnumre på papiret ud på de 12 konkrete borde i forsøgsopstillingen ved lodtrækning. For hvert bord foretages derefter yderligere en randomisering som skal afgøre, hvordan de 3 kombinationer af **behandling** og **sort** for det pågældende bord skal fordeles ud på de 3 pladser på bordet.