

Vejledende besvarelser til opgave 8.1-8.4

Opgave 8.1

(a) Lad Y_i betegne væksten for den i 'te kalkun og definér $x_i = \log A_i$ for $i = 1, \dots, 30$. De tre modeller fra R er:

$$\begin{aligned} A. \quad Y_i &= a + bx_i + cx_i^2 + dx_i^3 + e_i \\ B. \quad Y_i &= a + bx_i + cx_i^2 + e_i \\ C. \quad Y_i &= a + bx_i + e_i \end{aligned}$$

hvor e_1, \dots, e_{30} i alle modeller antages uafhængige og normalfordelte $(0, \sigma^2)$, mens a, b, c og d er parametre i modellerne.

(b) Vi tester først hypotesen $d = 0$ i model A. Fra R-udskriften ses at vi får

$$F = 0.70, \quad P = 0.41,$$

som viser at data passer pænt med model B svarende til hypotesen $d = 0$. Dernæst tester vi i model B hypotesen $c = 0$. Fra R-udskriften får vi

$$F = 7.07, \quad P = 0.013,$$

som klart viser at vi ikke kan reducere til den retlinede model C. Slutmodellen er altså andengradsmodellen (model B). Estimer med 95% konfidensintervaller i denne model er

$$\begin{aligned} a : \hat{a} \pm t_{27,0.975} s_{\hat{a}} &= 0.064 \pm 2.052 \cdot 0.047 = 0.064 \pm 0.097 \\ b : \hat{b} \pm t_{27,0.975} s_{\hat{b}} &= 0.108 \pm 2.052 \cdot 0.031 = 0.108 \pm 0.063 \\ c : \hat{c} \pm t_{27,0.975} s_{\hat{c}} &= -0.0115 \pm 2.052 \cdot 0.0043 = -0.0115 \pm 0.0088 \end{aligned}$$

Specielt bemærkes at koefficienten, c , til andengradsleddet med stor sikkerhed er negativ. (t -fraktilen var ved en fejltagelse ikke opgivet i opgaveteksten.)

(c) Toppunktet findes i $x_{\text{opt}} = -b/(2c)$ som har estimatet

$$\hat{x}_{\text{opt}} = -\hat{b}/(2\hat{c}) = 0.108/0.0115 = 4.7$$

For enhver x -værdi kan vi undersøge om konfidensintervallet for $b + 2cx$ indeholder 0, og dermed om x kan være toppunktet. Dette er i R-udskriften gjort for x -værdierne 4, 5, 6,

7, 8 og 9. De 6 konfidensintervaller er

$$\begin{aligned}
 b + 2c \cdot 4 &: (+0.0003, +0.032) \\
 b + 2c \cdot 5 &: (-0.036, +0.023) \\
 b + 2c \cdot 6 &: (-0.076, +0.016) \\
 b + 2c \cdot 7 &: (-0.116, +0.010) \\
 b + 2c \cdot 8 &: (-0.156, +0.005) \\
 b + 2c \cdot 9 &: (-0.197, -0.0004)
 \end{aligned}$$

Det ses således at konfidensintervallet for x_{opt} lige akkurat indeholder værdierne fra $x = 5$ til $x = 8$ men (lige akkurat) ikke 4 og 9. Intervallet ligger således inden for og er omtrent identisk med intervallet (4,9). (Dette er dog under forudsætning af modellens korrekthed som er svær at kontrollere i den øvre ende af intervallet.)

Bemærk: Der har tilsyneladende indsneget sig en trykfejl i opgaveformuleringen til opgave 8.2. I den linje fra R-udskriften, som starter med `x.eq.9` skal tallet 0.000480 erstattes af `-0.000480`.

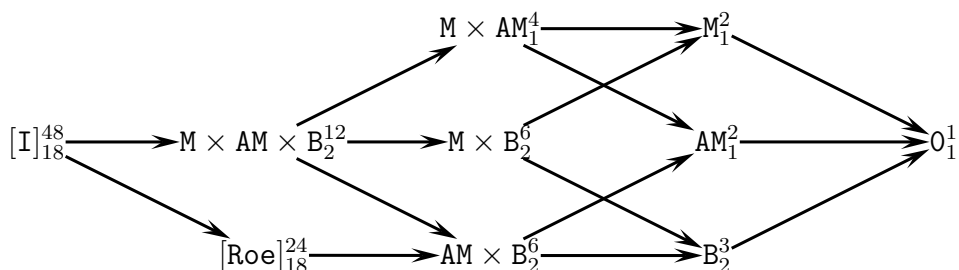
Opgave 8.2

(a) Forsøgsenheden er en side af en roe, som der er 48 af, og responsvariablen, Y_i , er hyfelængden for $i = 1, \dots, 48$. Der er tre faktorer i forsøget

Svamp (AM)	2 niveauer	(+, -)
Materiale (M)	2 niveauer	(sand, jord)
Bakteriekultur (B)	3 niveauer	(1, 2, 3)
Roe (R)	24 niveauer	(1, ..., 24)

Roe betragtes som en blok-variabel med tilfældig virkning, hvis eventuelle vekselvirkning med øvrige faktorer ikke er inkluderet i modellen. De tre førstnævnte faktorer betragtes alle som faktorer med systematisk effekt, og det vil være naturligt at undersøge alle to- og trefaktor vekselvirkninger mellem disse ved at lade dem indgå i startmodellen som det også fremgår af MS-størrelserne i den opgivne tabel.

(b) Faktordiagrammet svarende til ovennævnte model (og opgavetekstens tabel) er



Modellen svarende hertil (model 1) er

$$1. \quad Y_i = \mu(\mathbf{B}_i, \mathbf{AM}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$$

hvor e_1, \dots, e_{48} antages at være indbyrdes uafhængige og fordelt som $N(0, \sigma^2)$, og $\delta(1), \dots, \delta(24)$ antages uafhængige og $N(0, \sigma_R^2)$.

(c) Som udgangspunkt benyttes model 1 ovenfor, og vi tester først om 3-faktor vekselvirkningen $\mathbf{B} \times \mathbf{AM} \times \mathbf{M}$ kan udelades svarende til modellen

$$2. \quad Y_i = \alpha(\mathbf{B}_i, \mathbf{AM}_i) + \beta(\mathbf{B}_i, \mathbf{M}_i) + \gamma(\mathbf{AM}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$$

med notation som tidligere. Da forsøget er pænt balanceret kan testet udføres som et F-test baseret på forholdet mellem MS-størrelsen hørende til $\mathbf{B} \times \mathbf{AM} \times \mathbf{M}$ og MS-størrelsen hørende til den *nærmeste* tilfældige faktor (dvs. \mathbf{I}). Af tabellen i opgaveformuleringen fås

$$F_{2,18} = \frac{0.0512}{0.251} = 0.204, \quad P = 0.82,$$

som viser at 3-faktor vekselvirkningen udmærket kan udelades så modellen reduceres til model 2. For at fortsætte reduktionen af modellen får vi nu brug for MS_I hørende til modellen 2. Denne kan udregnes som

$$MS_e^{(2)} = \frac{18 \cdot 0.251 + 2 \cdot 0.0512}{18 + 2} = 0.231 \quad (\text{df} = 20)$$

men kunne også beregnes i R som

$$MS_e^{(2)} = \frac{\text{deviance(model2)}}{\text{df.residual(model2)}},$$

hvor `model2` svarer til at fitte model 2 med `lm()`. Ved videre testning beragter vi modellerne

3. $Y_i = \alpha(\mathbf{B}_i, \mathbf{AM}_i) + \beta(\mathbf{B}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$
4. $Y_i = \alpha(\mathbf{B}_i, \mathbf{AM}_i) + \beta(\mathbf{AM}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$
5. $Y_i = \alpha(\mathbf{B}_i) + \beta(\mathbf{AM}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$
6. $Y_i = \beta(\mathbf{AM}_i, \mathbf{M}_i) + \delta(\mathbf{Roe}_i) + e_i,$

og får testtabellen

Test af model	Test af effekt	Øvrige effekter i modellen	F	df	P
2 vs. 1	$\mathbf{B} \times \mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	$\mathbf{B} \times \mathbf{AM}, \mathbf{B} \times \mathbf{M}, \mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	0.204	2, 18	0.82
3 vs. 2	$\mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	$\mathbf{B} \times \mathbf{AM}, \mathbf{B} \times \mathbf{M}$	76.2	1, 20	<0.0001
4 vs. 2	$\mathbf{B} \times \mathbf{M}$	$\mathbf{B} \times \mathbf{AM}, \mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	2.01	2, 20	0.16
5 vs. 4	$\mathbf{B} \times \mathbf{AM}$	$\mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	4.50	2, 18	0.026
6 vs. 5	\mathbf{B}	$\mathbf{AM} \times \mathbf{M}$	1.23	2, 20	0.31

I første omgang konstateres, at model 2 kan reduceres til model 4. Herefter opdateres MS-størrelsen svarende til residualvariationen og man får

$$MS_e^{(4)} = \frac{20 \cdot 0.231 + 2 \cdot 0.464}{20 + 2} = 0.252 \quad (df = 20).$$

Bemærk at test af effekterne $B \times AM$, B og AM skal foretages mod roe-variationen, jvf. faktordiagrammet, altså for $B \times AM$ med nævneren 0.313 (df=18). Testet er kun svagt signifikant og vi forsøger at fortsætte reduktionen lidt. Dette kræver, at vi opdaterer roe-variationen

$$MS_R^{(5)} = \frac{18 \cdot 0.313 + 2 \cdot 1.408}{18 + 2} = 0.423 \quad (df = 20)$$

og det er denne størrelse som skal indgå i nævneren, når man senere vil forsøge at fjerne effekten af B (6 vs. 5).

Vi ser at der er en meget stærkt signifikant vekselvirkning mellem AM og M og dermed en meget sikker effekt af begge faktorer. Der er ingen påviselig vekselvirkning mellem B og M , men tilsyneladende ($P=0.026$) en vekselvirkning mellem bakteriekultur og AM . Dette er dog den eneste indikation af effekt af bakteriekulturen, idet udeladelse af denne vekselvirkning (model 5) giver en test for hovedvirkning af bakteriekultur som absolut ikke er signifikant ($P=0.31$). Sammenfattende kan vi sige at der med meget stor sikkerhed er effekt af materialet (M) og af svampen (AM), og at der er en vekselvirkning mellem de to. Det ser også ud til at svampen har en effekt der afhænger af bakteriekulturen, men dette resultat er mindre overbevisende.

(d) Vi ønsker at vise estimaterne for effekterne $AM \times M$ og $B \times AM$. Som repræsentanter for disse effekter benytter vi LSmeans som er identiske med simple gennemsnit og beregner derfor gennemsnittene

AM	Materiale		Bakteriekultur		
	Sand	Jord	1	2	3
–	0.93	2.18	1.66	1.59	1.43
+	1.82	5.49	3.35	3.42	4.20

[Resultaterne præsenteres bedst i to figurer (af praktiske grunde ikke vist her) med henholdsvis materiale (sand, jord) og bakteriekultur på x -aksen og med gennemsnittet på y -aksen med forskellig markering af $AM-$ og $AM+$.]

Det ses at dyrkning i jord og tilsætning af svampen AM begge resulterer i forøget hyfelængde, og at især kombinationen af de to giver en stor forøgelse. Denne synergistiske virkning er det dominerende resultat i forsøget. Desuden ses at den mulige effekt af bakteriekultur består i at svampen AM resulterer i større forlængelse af hyfelængde ved bakteriekultur 3 end ved de to andre.

(e) Baseret på et signifikansniveau på 5 % bliver slutmodellen når vi reducerer i den systematiske del af modellen

$$4. \quad Y_i = \alpha(B_i, AM_i) + \beta(AM_i, M_i) + \delta(Roe_i) + e_i.$$

Da vi har gøre med et pænt balanceret design kan vi teste hypotesen $H_0 : \sigma_R^2 = 0$ som et F-test baseret på

$$F_{roe} = \frac{MS_{roe}}{MS_e^{(4)}} = \frac{0.313}{0.252} = 1.24 \sim F(18, 22),$$

hvilket giver en p-værdi på ca. 31 %. Vi *kan* derfor udelade (den tilfældige) effekt af **roe**.

Opgave 8.3

(a) Lad $i = 1, \dots, 20$ betegne de 20 stykker kød, Y_i den målte mørhed og **tid**_{*i*} samt **temp**_{*i*} de to faktorer med værdier (niveauer) henholdsvis (0, 1, ..., 6) og (−5, 5). De 8 modeller er

1. $Y_i = \mu(\mathbf{temp}_i, \mathbf{tid}_i) + e_i$
2. $Y_i = \alpha(\mathbf{temp}_i) + \beta(\mathbf{tid}_i) + e_i$
3. $Y_i = \alpha(\mathbf{temp}_i) + e_i$
4. $Y_i = \beta(\mathbf{tid}_i) + e_i$
5. $Y_i = \alpha(\mathbf{temp}_i) + \gamma(\mathbf{temp}_i) \cdot \mathbf{tid}_i + e_i$
6. $Y_i = \alpha(\mathbf{temp}_i) + \gamma \cdot \mathbf{tid}_i + e_i$
7. $Y_i = \mu + \gamma \cdot \mathbf{tid}_i + e_i$

hvor e_1, \dots, e_{20} i alle modeller antages uafhængige og normalfordelte $(0, \sigma^2)$. Endvidere betegner $\mu(\cdot)$, $\alpha(\cdot)$, $\beta(\cdot)$ og $\gamma(\cdot)$ vilkårlige funktioner af argumentet, mens γ i model 6 og 7 er en konstant (parameter). Det kan bemærkes at **tid** indgår som faktor i de første fire modeller og som kovariat i de sidste tre.

(b) Model 1 giver ikke mening da den tillader to forskellige middelværdier for de to ens behandlinger med **tid** = 0. Af samme grund giver ingen model mening hvis den indeholder et led af formen $\alpha(\mathbf{temp}_i)$, idet et sådant led vil tillade en temperatureffekt som også skulle være der hvis kødet ikke har været lagret (**tid** = 0). Dermed er det kun modellerne 4 og 7 der giver mening.

(c) I nedenstående skema er sat et kryds når “søjle-modellen” er delmodel af “række-modellen”. Det er valgt ikke at afkrydse en model som delmodel af sig selv.

Model	Delmodel, hvis afkrydset						
	1	2	3	4	5	6	7
1		×	×	×	×	×	×
2			×	×		×	×
3							
4							×
5				×		×	×
6				×			×
7							

Opgave 8.4

- (a) Der er tale om et fuldstændigt balanceret blokforsøg, hvor rækkerne udgør blokkene. Sorterne randomiseres indenfor rækkerne. En ny randomisering for hver række. Det er naturligt at lade rækkerne indgå i modellen som en faktor med tilfældig virkning, men da det ikke gør nogen forskel i et fuldstændigt blokforsøg hvor blokvirkningen indgår additivt, lader vi dem for nemheds skyld indgå med systematisk virkning.

Lad Y_i betegne udbyttet for i 'te forsøgseenhed. Som model bruger vi den additive model for blokforsøg,

$$X_i = \mu + \alpha(\text{sort}_i) + \beta(\text{blok}_i) + e_i,$$

hvor μ , de 8 α 'er og de 4 β 'er er parametre, mens e_i 'erne antages uafhængige $N(0, \sigma^2)$.

Vi tester hypotesen om ingen sorts-forskelle, altså at $\alpha(G) = \dots = \alpha(P)$. Dette gøres i R ved flg. kørsel:

```
> jordbaer= read.table(file.choose(),header=T)
> ## find and read the file jordbaer.txt
> jordbaer  ## to see the data
  række sort udbytte      x
1      1   G    5.8 0.125
2      1   V    6.3 0.143
...
32     4   P    7.2 0.200
> række= factor(jordbaer$række)
> vty= factor(jordbaer$sort)
> y= jordbaer$udbytte
>
> modelA= lm(y ~ række + vty)
```

```
> modelB= lm(y ~ raekke)
>
> anova(modelB, modelA)
```

Analysis of Variance Table

```
Model 1: y ~ raekke
Model 2: y ~ raekke + vty
  Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F Pr(>F)
1      28 71.782
2      21 42.698   7    29.085 2.0436 0.09698
```

Heraf ses at F-testen for hypotesen giver $F = 2.04$ og $P = 0.10$ som muligvis kan siges at antyde nogle sortsforskelle, men som bestemt ikke kan overbevise om at de ikke er tilfældige. (Tilsvarende test for om der er forskel på rækkerne interesserer os ikke, men det kan tilføjes at der ikke derved ville blive fundet signifikante rækkeforskelle.)

- (b) Vi benytter den reciprokke afstand, x , som kovariat og betragter modellerne givet ved middelværdierne

$$C: E(Y_i) = \alpha(\text{sort}_i) + \beta(\text{blok}_i) + \gamma \cdot x_i$$

$$D: E(Y_i) = \beta(\text{blok}_i) + \gamma \cdot x_i$$

og tester på basis af model C hypotesen svarende til model D, altså at der ikke er sortsforskelle: $\alpha(G) = \dots = \alpha(P)$. Fra R får vi

```
> x= jordbaer$x
> modelC= lm(y ~ raekke + vty + x)
> modelD= lm(y ~ raekke + x)
>
> anova(modelD, modelC)
```

Analysis of Variance Table

```
Model 1: y ~ raekke + x
Model 2: y ~ raekke + vty + x
  Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F Pr(>F)
1      27 23.651
2      20 10.835   7    12.816 3.3796 0.01514
```

F-testen for hypotesen om ingen sortsforskelle giver $F = 3.38$ og $P = 0.015$ som med ret stor sikkerhed viser at der er sortsforskelle. (Inddragelsen af kovariaten har gjort analysen mere præcis). Estimerer for sortseffekterne finder vi af

```
> summary(modelC)
```

Call:

```
lm(formula = y ~ raekke + vty + x)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	7.2911	0.4539	16.064	6.76e-13	***
raekke2	0.4625	0.3680	1.257	0.22333	
raekke3	0.4375	0.3680	1.189	0.24844	
raekke4	0.4500	0.3680	1.223	0.23563	
vtyF	-0.8324	0.5206	-1.599	0.12552	
vtyG	-0.2570	0.5215	-0.493	0.62758	
vtyM	-0.3684	0.5259	-0.700	0.49177	
vtyP	0.4579	0.5246	0.873	0.39310	
vtyR1	-1.8040	0.5452	-3.309	0.00350	**
vtyRe	-0.9650	0.5205	-1.854	0.07851	.
vtyV	-0.2321	0.5205	-0.446	0.66046	
x	-3.9839	0.5195	-7.669	2.22e-07	

som viser estimerne for α 'erne i en repræsentation med $\alpha(E) = 0$ (reference). Således kan vi heraf fx se at $\hat{\alpha}(F) - \hat{\alpha}(E) = -0.83$. Det ses at sort P giver det største estimerede udbytte mens sort R1 giver det mindste.

Konfidensintervaller for sortsforskellene fås som følger:

```
> library(gmodels)
```

```
> P.minus.E= c(0,0,0,0, 0,0,0,1,0,0,0, 0)
```

```
> P.minus.V= c(0,0,0,0, 0,0,0,1,0,0,-1, 0)
```

```
> P.minus.G= c(0,0,0,0, 0,-1,0,1,0,0,0, 0) ## etc.
```

```
> difs= rbind(P.minus.E, P.minus.V, P.minus.G)
```

```
> estimable(modelC, difs, conf.int= 0.95)
```

	Estimate	Std. Error	t value	DF	Pr(> t)	Lower.CI	Upper.CI
P.minus.E	0.4579472	0.5246485	0.8728647	20	0.3930962	-0.6364504	1.552345
P.minus.V	0.6900196	0.5243585	1.3159310	20	0.2030820	-0.4037731	1.783812
P.minus.G	0.7149087	0.5299218	1.3490834	20	0.1923870	-0.3904887	1.820306

som fx giver konfidensintervallet $(-0.4, 1.8)$ for merudbyttet med sort P i forhold til sort V.

(Analysen kunne eventuelt udbygges ved at lade hældningen (γ) til kovariaten x afhænge af sorten, men det er ikke så naturligt her, og det fører i øvrigt til samme konklusion.)