

12 강

데이터분석방법론2

LMM

## 2-수준 군집자료분석

대전대학교 빅데이터인공지능학과 강우창 교수



# 학습목차

## 1 제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

- 1 2-수준 군집자료
- 2 2-수준 군집자료의 특성 탐색
- 3 LMM : 군집자료의 분석모형 구축
- 4 LMM : 군집자료 모형적합 결과 해석
- 5 LMM : 모형진단

# 학습개요 및 목표

이번 강의에서는 2-수준 군집자료를 분석하는 LMM을 예제자료 중심으로 소개합니다.

- 1 2-수준 군집자료의 통계적 특성을 이해하고 해당 자료에 적합한 LMM 분석모형을 제시할 수 있다.
- 2 2-수준 군집자료에 LMM을 올바르게 적합시키고 분석결과를 해석할 수 있다.



01

제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

# 2-수준 군집자료

# 1. 예제자료

## ▶ 생쥐 출생체중 자료(Pinheiro and Bates, 2000)

### ➤ 연구목적

- 생쥐의 출생 시 무게가 어미 쥐에게 폭로된 위험물질 용량군(세가지 군)에 따라 영향을 받는가?

### ➤ 자료의 생성과 특성

- 30마리 암컷 쥐를 세 가지 용량군(고용량군, 저용량군, 대조군)에 10마리 씩 랜덤 배정
- 각 암컷 쥐에서 태어난 생쥐의 무게를 측정
- 고용량군 배정된 세 마리 암컷 쥐는 새끼를 생산하기 전에 죽음
- 한 배에 생산된 생쥐들의 수 : 2~18

# 1. 예제자료

## ▶ 생쥐 출생체중 자료(Pinheiro and Bates, 2000)

### ➤ 자료 구조([https://websites.umich.edu/~bwest/rat\\_pup.dat](https://websites.umich.edu/~bwest/rat_pup.dat))

pup_id	weight	sex	litter	litsize	treatment
1	6.6	Male	1	12	Control
2	7.4	Male	1	12	Control
3	7.15	Male	1	12	Control
4	7.24	Male	1	12	Control
5	7.1	Male	1	12	Control
6	6.04	Male	1	12	Control
7	6.98	Male	1	12	Control
8	7.05	Male	1	12	Control
9	6.95	Female	1	12	Control
10	6.29	Female	1	12	Control
11	6.77	Female	1	12	Control
12	6.57	Female	1	12	Control
13	6.37	Male	2	14	Control
14	6.37	Male	2	14	Control
15	6.9	Male	2	14	Control
310	6.21	Female	26	9	High
311	6.42	Female	26	9	High
312	6.42	Female	26	9	High
313	6.3	Female	26	9	High
314	5.64	Male	27	9	High
315	6.06	Male	27	9	High
316	6.56	Male	27	9	High
317	6.29	Male	27	9	High
318	5.69	Male	27	9	High
319	6.36	Male	27	9	High
320	5.93	Female	27	9	High
321	5.74	Female	27	9	High
322	5.74	Female	27	9	High

### ➤ 2-수준 군집자료(two-level clustered data)

- Level 1 : 생쥐에서 관측되는 값
  - ✓ 생쥐번호, 체중, 성별
- Level 2 : 어미쥐에서 관측되는 값
  - ✓ 어미쥐 번호, 배의 크기, 처리의 종류

## 2. 자료 준비

---

- [https://websites.umich.edu/~bwest/rat\\_pup.dat](https://websites.umich.edu/~bwest/rat_pup.dat) 의 자료를 `rat_pup.txt` 파일로 저장.
- `rat_pup.txt` 파일이 아래 폴더  
[C:\강위창\방통대\데이터분석방법론2\강의노트\_2024\예제자료]에 있다고 가정

### 3. 분석 소프트웨어 준비

▶ 주요 R functions과 해당 packages

구분	R functions	기능	Packages
모형적합과 검정	lme()	선형혼합모형 적합	nlme
	varident()	소그룹별로 분산함수 지정	
	random.effects()	변량효과 예측치 출력	
	gls()	gls 추정법으로 선형모형적합	
	lmer()	선형혼합모형적합	lme4
	ranef()	변량효과 예측치 출력	
	ranova() 또는 rand()	변량요인에 대한 유의성 검정(단, lmer() 로 분석 할 때 적용가능)	lmerTest



02

제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

# 2-수준 군집자료의 특성 탐색

# 1. 요인(변수)의 구분 : 고정요인 vs. 변량요인

pup_id	weight	sex	litter	litsize	treatment
1	6.6	Male	1	12	Control
2	7.4	Male	1	12	Control
3	7.15	Male	1	12	Control
4	7.24	Male	1	12	Control
5	7.1	Male	1	12	Control
6	6.04	Male	1	12	Control
7	6.98	Male	1	12	Control
8	7.05	Male	1	12	Control
9	6.95	Female	1	12	Control
10	6.29	Female	1	12	Control
11	6.77	Female	1	12	Control
12	6.57	Female	1	12	Control
13	6.37	Male	2	14	Control
14	6.37	Male	2	14	Control
15	6.9	Male	2	14	Control
310	6.21	Female	26	9	High
311	6.42	Female	26	9	High
312	6.42	Female	26	9	High
313	6.3	Female	26	9	High
314	5.64	Male	27	9	High
315	6.06	Male	27	9	High
316	6.56	Male	27	9	High
317	6.29	Male	27	9	High
318	5.69	Male	27	9	High
319	6.36	Male	27	9	High
320	5.93	Female	27	9	High
321	5.74	Female	27	9	High
322	5.74	Female	27	9	High

## ➤ 고정요인 (fixed factors)

- Level 1 : 성별
- Level 2 : 배의 크기, 처리의 종류

## ➤ 변량요인 (random factors)

- Level 1 : 생쥐
- Level 2 : 어미쥐

## 2. 자료의 특성 파악 : 탐색적 자료분석

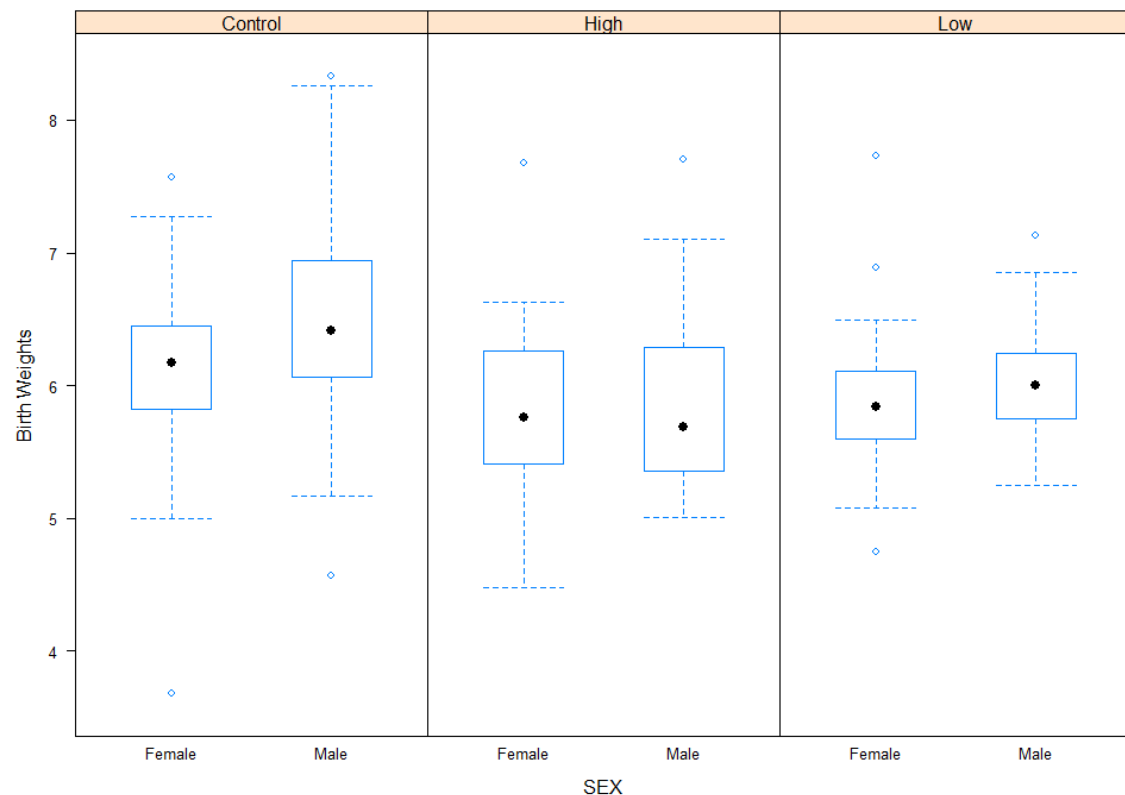
### ▶ treatment\*sex 별 기술통계량

treatment	sex	weight	MEAN	MEDIAN	MIN	Q.25.	Q.75.	MAX	SD
Control	Female	54	6.12	6.18	3.68	5.82	6.45	7.57	0.685
Control	Male	77	6.47	6.41	4.57	6.06	6.94	8.33	0.754
High	Female	32	5.85	5.76	4.48	5.41	6.24	7.68	0.600
High	Male	33	5.92	5.69	5.01	5.36	6.29	7.70	0.691
Low	Female	65	5.84	5.84	4.75	5.60	6.11	7.73	0.450
Low	Male	61	6.03	6.00	5.25	5.75	6.24	7.13	0.380

#### 검토결과

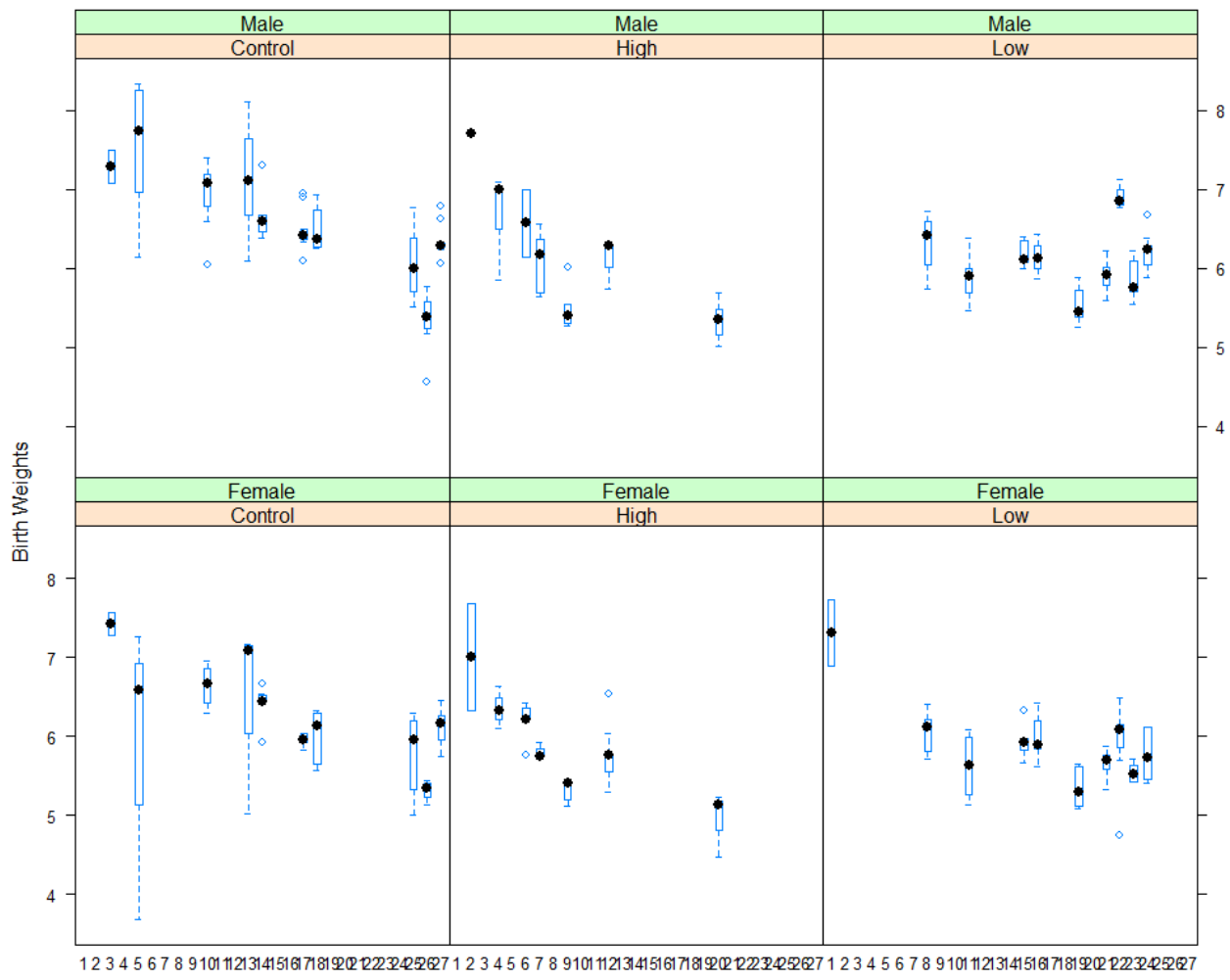
- 용량이 높을 수록 출생체중이 감소하는 경향이 있음.
- 같은 용량에서는 암컷의 체중이 수컷에 비하여 전반적으로 작다.
- 암컷들의 출생체중에서 이상치들이 발견된다.

Boxplots of birth weights for levels of treatment by sex



## 2. 자료의 특성 파악 : 탐색적 자료분석

### ▶ 배의 크기에 따라 어미쥐 정열 후 treatment\*sex 별 상자그림



#### 검토결과

- 배의 크기가 증가할 수록 출생체중이 감소하는 경향이 나타남.
- Control 군에서의 출생체중의 분산이 나머지 용량군의 분산 보다는 큰 경향이 보임.

## 2. 자료의 특성 파악 : 탐색적 자료분석

### ▶ R code: treatment\*sex 별 기술통계량 출력

#### R code

```
# 생쥐출생체중자료 기술통계분석

# 자료 읽기: tab으로 구분된 자료읽기
ratpup <- read.table("C:/강위창/방통대/데이터분석방법론2/강의노트_2024/예제자료/rat_pup.txt", h = T)

#처음 20개 자료를 화면에 출력
head(ratpup, 20)

# "ratpup" data set에 있는 변수들을 변수이름 그대로 R Console에서 사용: 손쉽게 "ratpup"
# 에 있는 변수를 불러올 수 있게 함
attach(ratpup)

# Hmisc package 의 summarize() 함수를 사용하여 출생체중의 처리*성 별 기술통계량 출력하기
install.packages("Hmisc")
library(Hmisc)

g <- function(x){c(N=length(x),
                    MEAN=mean(x, na.rm=TRUE),
                    MEDIAN=median(x, na.rm=TRUE),
                    MIN=min(x, na.rm=TRUE),
                    Q=quantile(x, probs=c(0.25, 0.75), na.rm=TRUE),
                    MAX=max(x, na.rm=TRUE),
                    SD=sd(x, na.rm=TRUE), options(digits=3))}

summarize(weight, by=llist(treatment, sex), g)
```



## 2. 자료의 특성 파악 : 탐색적 자료분석

### ▶ R code: 상자그림 출력

#### R code

```
# 출생체중의 처리*성 별 boxplots 그리기

bwplot(weight ~ sex|treatment, aspect = 2, data=ratpup, ylab="Birth Weights",
        xlab="SEX", main = "Boxplots of birth weights for levels of treatment by sex")

# 출생체중과 배의 크기에 관계 검토

# 배의 크기에 따라 어미쥐 정렬하기

ranklit <- litsize+0.01*litter
ranklit <- factor(ranklit)
levels(ranklit) <- c( "1","2", "3","4","5","6","7","8","9","10","11","12","13",
                    "14","15","16","17","18","19","20", "21","22", "23","24","25","26","27")
ranklit

# 배의 크기에 따라 어미쥐 정렬 후 처리*성 별 boxplots 그리기
bwplot(weight ~ranklit | treatment*sex, data=ratpup,ylab="Birth Weights", xlab="" )
```

03

제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

# LMM : 군집자료의 분석모형 구축

# 1. 모형구축 이란?

## ▶ 개요

### ➤ 모형구축의 목표

- 관측한 자료에 적합한 모형 선택
- 단순한 모형을 선택

### ➤ 모형구축의 내용

- 고정요인과 변량요인을 무엇으로 할 것인가?
- 어떤 공분산 구조( $D$ 와  $R_i$ )를 선택할 것인가?
  - 모수추정 및 검정 예측에 영향을 줌.

### ➤ 모형의 구축

- 통계적 측면과 연구주제의 특성을 균형있게 고려하면서 진행

## 2. 하향식(Top-Down) 모형구축 전략

### ▶ 생쥐 출생체중 자료에 대한 모형구축

#### ➤ 평균 ( $E(Y_{ij}) = X_{ij}\beta$ )에 대한 모형

- 범주형 변수의 교호작용(treatment\*sex)항 까지 포함

#### ➤ 변량효과의 선택과 분산구조( $D$ )에 대한 모형

- 어미쥐(litter)의 효과를 변량효과( $u_j$ )로 취급함. 여기서  $j$ 는  $j$ 번째 어미쥐(litter)를 나타냄
- 분포가정:  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$

### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료에 대한 모형구축

➤  $j$ 번째 어미쥐(litter)의  $i$ 번째 생쥐의 출생체중  $Y_{ij}$ 에 대한 변량절편모형.

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,  $\varepsilon_{ij} \sim$  서로 독립 정규분포,  
 $Cov(u_j, \varepsilon_{ij}) = 0$ .



### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료

#### ➤ 오차( $\varepsilon_{ij}$ )의 분산구조 검토

treatment	sex	weight	MEAN	MEDIAN	MIN	Q.25.	Q.75.	MAX	SD
Control	Female	54	6.12	6.18	3.68	5.82	6.45	7.57	0.685
Control	Male	77	6.47	6.41	4.57	6.06	6.94	8.33	0.754
High	Female	32	5.85	5.76	4.48	5.41	6.24	7.68	0.600
High	Male	33	5.92	5.69	5.01	5.36	6.29	7.70	0.691
Low	Female	65	5.84	5.84	4.75	5.60	6.11	7.73	0.450
Low	Male	61	6.03	6.00	5.25	5.75	6.24	7.13	0.380

#### 검토결과

- 용량군에 따라 분산이 다를 수 있다.
  - Control 군 > High 군 > Low 군

### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료

#### ➤ 오차( $\varepsilon_{ij}$ )의 분산구조 가정

- 등분산 오차모형(**Model1**): 동일한 오차분산 가정

$$\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma^2)$$

- 이분산 오차모형1 (**Model2**): treatment군에 따라 다른 오차분산 가정

$$\text{High: } \varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_h^2)$$

$$\text{Low: } \varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_l^2)$$

$$\text{Control: } \varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$$

- 이분산 오차모형2 (**Model3**): (High+Low)군과 Control군의 오차분산을 다르게 가정

$$\text{High/Low: } \varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$$

$$\text{Control: } \varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$$

- **Note:** Model2  $\supset$  Model3  $\supset$  Model1

### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료

#### ➤ 오차분산구조: 등분산 오차모형(Model1)

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2),$   
 $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma^2), Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0.$

### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료

#### ➤ 오차분산구조: 이분산 오차모형1(Model2)

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_h^2)$ ,

Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_l^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

### 3. 변량절편모형

#### ▶ 생쥐 출생체중 자료

#### ➤ 오차분산 구조: 이분산 오차모형2(Model3)

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,  
 High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,  
 Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .



## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편의 유의성 검정: 변량절편모형 vs. 선형회귀모형

#### ➤ 어미취(litter: $u_j$ )효과의 유의성 검정

- litter에 따라 변량효과  $u_j$ 가 유의하게 변하는가?  
 ✓ 변량효과  $u_j$ 가 0인지를 검정하는 것은 적절하지 않음.

#### ➤ 변량효과( $u_j$ )의 유의성 검정이란?

$$H_0 : \sigma_{litter}^2 = 0 \text{ vs. } H_1 : \sigma_{litter}^2 > 0$$

- $H_0$ 가 사실이면 모형1(Model1)은 선형회귀모형이 됨.
- 가능도비 검정통계량 LR과 분포

$$LR = -2\log\left(\frac{L_{H_0}}{L_{H_1}}\right) \approx^{H_0} 0.5 \times x^2(0) + 0.5 \times x^2(1)$$

여기서  $L_{H_0}$ 과  $L_{H_1}$ 은 각각 귀무가설과 대립가설에서 구한 REML값

## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편모형(Model1) vs. 선형회귀모형

#### ➤ Model1 적합하기: R code

```
ratpup <- read.table("C:/강위창/방통대/데이터분석방법론2/강의노트_2024/예제자료/rat_pup.txt", h = T)

ratpup$sex1[sex == "Female"] <- 1
ratpup$sex1[sex == "Male"] <- 0

install.packages("nlme")
library(nlme)

# Model 3.1.
model3.1.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize
                    + treatment*sex1,
                    random = ~1 | litter, data=ratpup,
                    method = "REML")

summary(model3.1.fit)
```

#### Code 설명

- `install.packages("nlme")`  
`library(nlme)` : lme() function이 있는 “nlme” 패키지를 설치하고 불러온다..
- `weight ~ treatment + sex1 + litsize + treatment*sex1` : 고정효과 모형 설정
- `random = ~1 | litter` : 변량효과 모형 설정(“~1” : 변량절편 모형을 의미함)

## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편모형(Model1) vs. 선형회귀모형

#### ➤ 선형회귀모형 적합하기

##### 선형회귀 모형

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + \epsilon_{ij}$$

여기서  $\epsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma^2)$

##### 선형회귀 모형 적합: R code

```
# 선형모형
model3.1a.fit <- gls(weight ~ treatment + sex1 + litsize + treatment*sex1,
                     data = ratpup, method = "REML")
```

## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편모형(Model1) vs. 선형회귀모형

#### ➤ 변량효과( $u_j$ )의 유의성 검정

$$H_0 : \sigma_{litter}^2 = 0 \text{ vs. } H_1 : \sigma_{litter}^2 > 0$$

- 가능도비 검정통계량  $LR$ 과 분포

$$LR = -2 \log \left( \frac{L_{H_0}}{L_{H_1}} \right) \approx^{H_0} 0.5 \times \chi^2(0) + 0.5 \times \chi^2(1)$$

여기서  $L_{H_0}$ 과  $L_{H_1}$ 은 각각 귀무가설과 대립가설에서 구한 제한최대가능도값

#### 변량효과 유의성 검정결과

```
> anova(model3.1.fit, model3.1a.fit)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio
model3.1.fit	1	9	419.10	452.88	<u>-200.55</u>		
model3.1a.fit	2	8	506.51	536.53	<u>-245.25</u>	1 vs 2	89.406

- 검정통계량의 관측값:  $LR = -2 \log \left( \frac{L_{H_0}}{L_{H_1}} \right) = -2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_0} + 2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_1} = \underline{490.5 - 401.1 = 89.4}$
- 유의확률(p-value) =  $\Pr(LR \geq 89.4) = 0.5 \times \Pr(\underline{X_1^2 \geq 89.4}) < 0.00001$   
여기서  $X_1^2 \sim \chi^2(1)$ .

## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편모형(Model1) vs. 선형회귀모형

#### ➤ 변량효과( $u_j$ )의 유의성 검정 : `ranova()`

##### 변량효과 유의성 검정결과

```
> library(lme4)
> model3.1.fit.lmer <- lmer(weight ~ treatment + sex1 + litsize +
+                           treatment:sex1 + (1 | litter),
+                           ratpup, REML = T)
> library(lmerTest)
> ranova(model3.1.fit.lmer)
ANOVA-like table for random-effects: Single term deletions

Model:
weight ~ treatment + sex1 + litsize + (1 | litter) + treatment:sex1
      npar logLik AIC   LRT Df Pr(>Chisq)
<none>      9   -201  419
(1 | litter)  8   -245  507 89.4  1    <2e-16 ***
---
```

Model	npar	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
<none>	9	-201	419			
(1   litter)	8	-245	507	89.4	1	<2e-16 ***

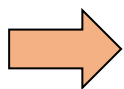
```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



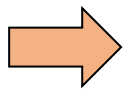
## 4. 모형선택

### ▶ 변량절편모형(Model1) vs. 선형회귀모형

#### ➤ 변량효과( $u_j$ )의 유의성 검정 결과



변량효과가 유의하여 변량  
절편모형을 분석 모형으로  
선택함



오차 분산구조 선택하기

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 등분산 오차모형(Model1)

#### ➤ 등분산 오차모형(Model1) 분석

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,  
 $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 등분산 오차모형(Model1)

#### ➤ 등분산 오차모형 적합과 공분산 모수 추정 결과

##### 등분산 오차모형 적합

```
# Model 3.1.
model3.1.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize
                    + treatment*sex1,
                    random = ~1 | litter, data=ratpup,
                    method = "REML")
summary(model3.1.fit)
```

##### 공분산 모수 추정 결과

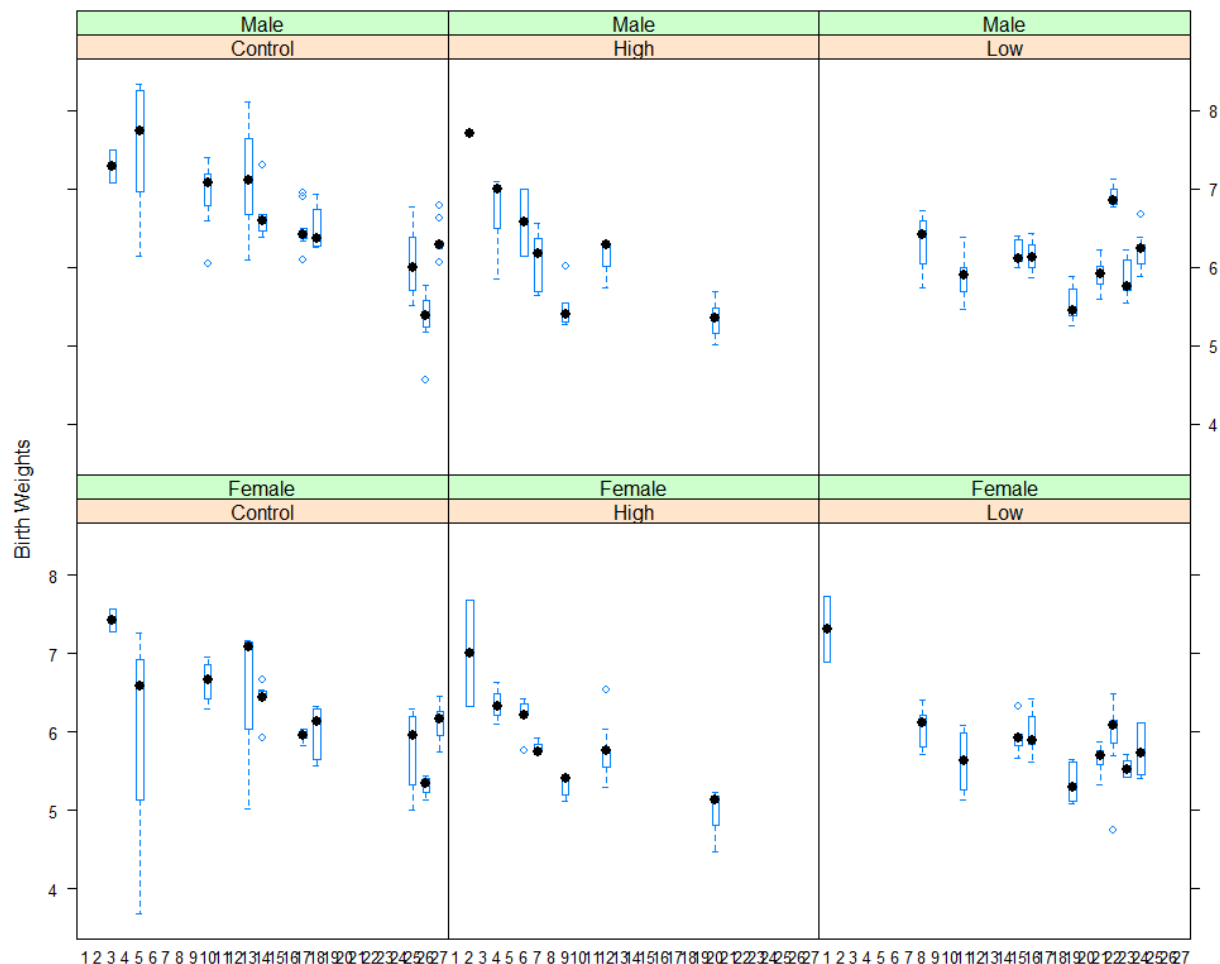
```
Random effects:
Formula: ~1 | litter
          (Intercept) Residual
StdDev:    0.3106722  0.404337
```



- $\hat{\sigma}_{litter}=0.311$
- $\hat{\sigma}=0.404$

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 배의 크기에 어미 정열 후 treatment\*sex 별 상자그림



#### 검토결과

- 용량군에 따라 출생체중의 분산이 다른 듯이 보임.
- 각 용량군의 오차분산을 다르게 가정해 봄직함.

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 이분산 오차모형1(Model2)

#### ➤ 이분산 오차모형1(Model2) 분석

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_h^2)$ ,

Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_l^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

#### 이분산 오차모형1 적합

# 모형2

```
model3.2.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize + treatment*sex1, random = ~1 | litter,
                    ratpup, method = "REML", weights = varIdent(form = ~1 | treatment))
```



- `weights = varIdent(form = ~1 | treatment)` : 용량군(treatment)에 따라 오차 분산이 다르고 각 용량군에서 상수 값을 가진다는 것을 지정함.

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 이분산 오차모형1(Model2)

#### ➤ 이분산 오차모형1의 공분산 모수 추정 결과

```
> summary(model3.2.fit)
Linear mixed-effects model fit by REML
Data: ratpup
      AIC      BIC   logLik
381.88 423.16 -179.94

Random effects:
Formula: ~1 | litter
              (Intercept) Residual
StdDev:      0.31348    0.51479

Variance function:
Structure: Different standard deviations per stratum
Formula: ~1 | treatment
Parameter estimates:
Control      Low      High
1.00000 0.56498 0.63944
```

#### 모수 추정치

- $\hat{\sigma}_{litter} = 0.313$
- $\hat{\sigma}_c = 0.515$
- $\hat{\sigma}_l = 0.515 * \underline{0.565} = 0.291$
- $\hat{\sigma}_h = 0.515 * \underline{0.639} = 0.329$

low 군과 high 군의 표준편차 추정치는 비슷한 값을 가지는 반면에 control 군은 두 군에 비하여 상대적으로 큰 추정치 값.



모형의 간결성(parsimony) 원칙에 따라 low 군과 high 군의 분산은 같고 이들 분산과 control 군의 분산은 다르다고 가정한 이분산 모형(Model3)의 검토를 시사

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 등분산 오차모형 *vs.* 이분산 오차모형1(Model2) 검정

#### ▶ 가설의 설정

- 가설

$$H_0 : \sigma_h^2 = \sigma_l^2 = \sigma_c^2 = \sigma^2 (> 0) \text{ (등분산 오차모형)}$$

*vs.*

$$H_1 : \text{not } H_0 \text{ (이분산 오차모형1)}$$

#### ▶ 검정통계량과 분포

- 가능도비검정통계량  $LR$ 의 분포

$$LR = -2 \log \left( \frac{L_{H_0}}{L_{H_1}} \right) \approx^{H_0} \chi^2(2)$$

여기서  $L_{H_0}$ 과  $L_{H_1}$ 은 각각 귀무가설과 대립가설에서 구한 REML값



# 5. 오차분산구조 선택

## ▶ 등분산 오차모형 vs. 이분산 오차모형1(Model2) 검정

### > 검정결과

```
> anova(model3.1.fit, model3.2.fit)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
model3.1.fit	1	9	419.10	452.88	<u>-200.55</u>			
model3.2.fit	2	11	381.88	423.16	<u>-179.94</u>	1 vs 2	41.22	<.0001

### 결과해석

- 검정통계량의 관측값:  

$$LR = -2\log\left(\frac{L_{H_0}}{L_{H_1}}\right) = -2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_0} + 2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_1} = 401.1 - 359.9 = 41.2$$
- 유의확률(p-value)= $\Pr(LR \geq 41.2) = \Pr(X^2_2 \geq 41.2) < 0.0001$   
 여기서  $X^2_2 \sim \chi^2(2)$ .



## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 이분산 오차모형2(Model3)

#### ➤ 이분산 오차모형2(Model3) 분석

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

#### 이분산 오차모형2 적합

```
#모형 3
ratpup$trtgrp[treatment == "Control"] <- 1
ratpup$trtgrp[treatment == "Low" | treatment == "High"] <- 2

model3.3.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize + treatment*sex1, random = ~1 | litter,
                    ratpup, method = "REML", weights = varIdent(form = ~1 | trtgrp))
```

```
ratpup$trtgrp[treatment == "Control"] <- 1
ratpup$trtgrp[treatment == "Low" | treatment == "High"] <- 2
```



세 용량군을 두 개의 군으로 분류

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 이분산 오차모형1 vs. 이분산 오차모형2 검정

#### ➤ 가설의 설정

- 가설 Model2 에서

$$H_0 : \sigma_h^2 = \sigma_l^2 (> 0) \text{ (이분산 오차모형2)}$$

VS.

$$H_1 : \sigma_h^2 \neq \sigma_l^2 \text{ (이분산 오차모형1)}$$

#### ➤ 검정통계량과 분포

- 가능도비검정통계량  $LR$ 의 분포

$$LR = -2\log\left(\frac{L_{H_0}}{L_{H_1}}\right) \approx^{H_0} \chi^2(1)$$

여기서  $L_{H_0}$ 과  $L_{H_1}$  은 각각 귀무가설과 대립가설에서 구한 REML값

## 5. 오차분산구조 선택

### ▶ 이분산 오차모형1 vs. 이분산 오차모형2(Mdel3) 검정

#### ➤ 검정결과

```
> anova(model3.2.fit, model3.3.fit)
```

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
model3.2.fit	1	11	381.8847	423.1630	-179.9423			
model3.3.fit	2	10	381.0807	418.6065	-180.5404	1 vs 2	1.196053	0.2741

#### 결과해석

1) 검정통계량의 관측값:

$$LR = -2 \log \left( \frac{L_{H_0}}{L_{H_1}} \right) = -2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_0} + 2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_1} = 360.1 - 359.9 = 1.2$$

2) 유의확률(p-value) =  $\Pr(LR \geq 1.2) = \Pr(X_1^2 \geq 1.2) = 0.2741$

여기서  $X_1^2 \sim \chi^2(1)$ .



- Model3을 기각하지 못함
- (high+low)군과 control 군의 오차 분산 차이는 유의함(유의성 검정은 실습 과제)
- Model3의 오차 분산구조를 최종모형의 분산구조로 선택함



고정효과의 모형 ( $E(Y_{ij}) = X_{ij}\beta$ )  
에 대한 모형 선택으로 나아감.

## 6. 고정효과 모형 선택

### ▶ 최종선택 오차분산 구조: Model3

#### ➤ Model3의 모형구조

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij} \\ + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

#### ➤ Model3에서 고정효과 모형: $E(Y_{ij})$

$$E(Y_{ij}) = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij}$$

## 6. 고정효과 모형 선택

### ▶ treatment\*sex 교호작용에 대한 Type III F-검정

#### ➤ 모형과 가설 설정

##### 고정효과 모형

$$E(Y_{ij}) = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + \beta_5 \times Tr1_j \times Sexf_{ij} + \beta_6 \times Tr2_j \times Sexf_{ij}$$

##### 가설 설정

$$H_0: \beta_5 = \beta_6 = 0 \text{ vs. } H_1: \beta_5 \neq 0 \text{ or } \beta_6 \neq 0$$

## 6. 고정효과 모형 선택

### ▶ treatment\*sex 교호작용에 대한 Type III F-검정

#### 고정효과에 대한 Type III F-검정 결과

```
> anova(model3.3.fit)
```

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	292	9027.742	<.0001
treatment	2	23	4.241	0.0271
sex1	1	292	61.568	<.0001
litsize	1	23	49.577	<.0001
treatment:sex1	2	292	0.317	0.7288

- 교호작용 treatment\*sex 항에 대한 Type III F-검정 결과 유의확률이 0.7288로 통계적으로 유의하지 않음.
- treatment, sex, litsize 가 모형에 포함되어 있을 때 treatment\* sex 교호작용 항을 추가하는 것은 통계적으로 유의하지 않음.



## 6. 고정효과 모형 선택

### ▶ 고정효과 모형 축소와 모형검정

#### ➤ 고정효과 모형의 축소: Model3.1

$$E(Y_{ij}) = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} + \beta_4 \times Litsize_j$$

#### 축소모형 적합

```
model3.3.1.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize, random = ~1 | litter,
  ratpup, method = "REML", weights = varIdent(form = ~1 | trtgrp))
```



## 6. 고정효과 모형 선택

### ▶ 고정효과 모형 축소와 모형검정

#### ➤ 검정결과

##### litsize에 대한 Type III F-검정 결과

```
> anova(model3.3.1.fit)
```

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	294	9029.091	<.0001
treatment	2	23	4.238	0.0271
sex1	1	294	61.934	<.0001
litsize	1	23	49.618	<.0001



- litsize 에 대한 Type III F-검정 결과: 나머지 두 변수(treatment, sex)가 포함된 상황에서 litsize를 추가하는 것은 통계적으로 유의함(p-value<0.0001).
- 생쥐 성별(sex)에 대한 Type III F-검정 결과 유의수준 5%에서 유의함(실습과제).
- 생쥐 출생체중 자료에 대한 최종 분석 모형으로 Model 3.1 을 선택함.

04

제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

# LMM : 군집자료 모형적합 결과 해석

# 1. 연구가설 검정 : 'treatment'의 유의성 검정

## ▶ 연구가설

### ➤ 연구의 목적

생쥐의 출생 시 체중이 어미 쥐에게  
폭로된 위험물질 용량에 따라 영향을 받는가?

### ➤ 가설의 설정

- 최종 모형(Model3.1)에서

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = 0 \text{ vs. } H_1 : \beta_1 \neq 0 \text{ or } \beta_2 \neq 0$$

# 1. 연구가설 검정 : 'treatment'의 유의성 검정

## ▶ 연구 가설에서 설정된 모형

### ➤ 귀무가설 모형

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_3 \times Sexf_{ij} + \beta_4 \times Litsize_j + u_j + \varepsilon_{ij}$$

### ➤ 대립가설 모형

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} + \beta_4 \times Litsize_j + u_j + \varepsilon_{ij}$$

# 1. 연구가설 검정 : 'treatment'의 유의성 검정

## ▶ 연구가설의 검정

❖ Type III F-검정 *vs.* 가능도비 검정

### ➤ 가능비 검정통계량과 분포

- 가능도비검정통계량  $LR$ 의 분포

$$LR = -2\log\left(\frac{L_{H_0}}{L_{H_1}}\right) \approx^{H_0} \chi^2(2)$$

여기서  $L_{H_0}$ 과  $L_{H_1}$ 은  
각각 귀무가설과 대립가설에서 구한 최대가능도값

# 1. 연구가설 검정 : 'treatment'의 유의성 검정

## ▶ 연구가설의 검정

### ➤ 가능도비 검정

#### 연구가설 모형 적합

```
# <귀무가설 모형>
model3.3.0ml.fit <- lme(weight ~ sex1 + litsize, random = ~1 | litter,
                        ratpup, method = "ML", weights = varIdent(form = ~1 | trtgrp))

# <대립가설 모형>
model3.3.1ml.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize, random = ~1 | litter,
                        ratpup, method = "ML", weights = varIdent(form = ~1 | trtgrp))

# 가능도비 검정 for "treatment" effect
anova(model3.3.0ml.fit, model3.3.1ml.fit)
```



- 고정효과 모형의 가능도비 검정은 REML 추정 대신에 ML 추정 결과를 사용한다.

# 1. 연구가설 검정 : 'treatment'의 유의성 검정

## ▶ 연구가설의 검정

### ➤ 가능도비 검정

#### 검정 결과

	Model	df	AIC	BIC	logLik	Test	L.Ratio	p-value
model3.3.0ml.fit	1	6	368.3706	391.0179	-178.1853			
model3.3.1ml.fit	2	8	353.7734	383.9698	-168.8867	<u>1 vs 2</u>	<u>18.59723</u>	<u>1e-04</u>

#### 결과해석

- ① 검정통계량의 관측값  

$$: LR = -2 \log \left( \frac{L_{H_0}}{L_{H_1}} \right) = -2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_0} + 2 \text{ Res Log Likelihood}_{H_1}$$

$$= -2(-178.2) + 2(-168.9) = 18.6$$
- ② 유의확률(p-value) =  $\Pr(LR \geq 18.6) = \Pr(X_2^2 \geq 18.6) = 0.0001$   
 여기서  $X_2^2 \sim \chi^2(2)$ .



• 용량은 출생체중에 통계적으로 유의한 영향을 준다(p-value=0.0001)

## 2. 최종 분석모형과 적합결과 해석

### ▶ 생쥐 출생체중 자료에 대한 최종분석 모형

#### ➤ 모형 기술

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} \\ + \beta_4 \times Litsize_j + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

#### ➤ 모형 적합

##### 최종모형 적합

```
model3.3.1.fit <- lme(weight ~ treatment + sex1 + litsize, random = ~1 | litter,
  ratpup, method = "REML", weights = varIdent(form = ~1 | trtgrp))
```



## 2. 최종 분석모형과 적합결과 해석

### ▶ 최종 모형 적합 결과

```
> summary(model3.3.1.fit)
```

#### 고정효과 모형 적합결과

Fixed effects: weight ~ treatment + sex1 + litsize						
	Value	Std.Error	DF	t-value	p-value	
(Intercept)	8.327633	0.27406957	294	30.385106	0.0000	
treatmentHigh	-0.862268	0.18293359	23	-4.713556	0.0001	
treatmentLow	-0.433663	0.15226167	23	-2.848140	0.0091	
sex1	-0.343431	0.04204323	294	-8.168531	0.0000	
litsize	-0.130681	0.01855194	23	-7.044036	0.0000	

#### ‘treatment’ 효과 추정치 해석

- 성별과 배의 크기를 보정하였을 때 “출생 체중의 평균은 Control 군과 비교하여 Low 군은 0.43 (SE=0.15)유의하게 감소하고 (p=0.009) High군은 0.86(SE=0.18)유의하게 감소 함(p=0.0001).”

### ➤ 고정효과 모형의 적합 결과 기술 : $E(\widehat{Y}_{ij})$

$$\begin{aligned}
 E(\widehat{Y}_{ij}) &= \widehat{\beta}_0 + \widehat{\beta}_1 \times Tr1_j + \widehat{\beta}_2 \times Tr2_j + \widehat{\beta}_3 \times Sexf_{ij} + \widehat{\beta}_4 \times Litsize_j \\
 &= 8.33 - 0.86 \times Tr1_j - 0.43 \times Tr2_j - 0.34 \times Sexf_{ij} - 0.13 \times Litsize_j
 \end{aligned}$$

## 2. 최종 분석모형과 적합결과 해석

### ▶ 최종 모형 적합 결과

#### ➤ 분산 모수 $[\sigma_{litter}^2, \sigma_{h/l}^2, \sigma_c^2]$ 의 추정결과와 해석

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} + \beta_4 \times Litsize_j + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,  
 High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,  
 Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

- $\hat{\sigma}_{litter} = 0.315$
- $\hat{\sigma}_c = 0.514$
- $\hat{\sigma}_{h/l} = 0.514 * 0.589 = 0.303$

#### 분석결과

```
Random effects:
Formula: ~1 | litter
              (Intercept)  Residual
StdDev:      0.3146374    0.5144324

Variance function:
Structure: Different standard deviations per stratum
Formula: ~1 | trtgrp
Parameter estimates:
              1              2
1.0000000    0.5889108
```

#### 급내상관계수: ICC

- Control 군
- $\widehat{ICC}_{litter} = \frac{\hat{\sigma}_{litter}^2}{\hat{\sigma}_{litter}^2 + \hat{\sigma}_c^2} = \frac{0.315^2}{0.315^2 + 0.514^2} = 0.273$
- High/Low 군
- $\widehat{ICC}_{litter} = \frac{\hat{\sigma}_{litter}^2}{\hat{\sigma}_{litter}^2 + \hat{\sigma}_{h/l}^2} = \frac{0.315^2}{0.315^2 + 0.303^2} = 0.519$

## 2. 최종 분석모형과 적합결과 해석

### ▶ 최종 모형 적합 결과

#### ➤ 변량효과( $u_j$ )예측결과와 해석

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 \times Tr1_j + \beta_2 \times Tr2_j + \beta_3 \times Sexf_{ij} + \beta_4 \times Litsize_j + u_j + \varepsilon_{ij}$$

여기서  $u_j \sim^{iid} N(0, \sigma_{litter}^2)$ ,

High/Low:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_{h/l}^2)$ ,

Control:  $\varepsilon_{ij} \sim^{iid} N(0, \sigma_c^2)$ ,  $Cov(u_j, \varepsilon_{il}) = 0$ .

#### 변량효과 $u_j$ 의 예측치(BLUP)

(Intercept)	9	-0.57079419	19	-0.19868586	
1	0.16357172	10	0.07527482	20	0.34862843
2	-0.06635322	11	0.04792751	21	-0.29955132
3	-0.16675299	12	0.01422697	22	-0.53064713
4	-0.05175308	13	-0.38569499	23	0.29968327
5	0.32239285	14	0.02223560	24	0.19373955
6	-0.05510731	15	0.03690503	25	0.24430338
7	0.37555713	16	0.07163768	26	0.24990680
8	-0.02603574	17	-0.41455988	27	-0.15743455

> random.effects(model3.3.1.fit)

#### $\hat{u}_j$ 의 해석

- 어미 쥐의 효과가 가장 크게 예측되는 어미 쥐는 ?
- 가장 작게 예측되는 어미 쥐는 ?

05

제 12강. LMM 2-수준 군집자료분석

# LMM : 모형진단

# 1. 잔차의 종류

## ▶ 주변부 잔차와 조건부 잔차

### ➤ 주변부 잔차(marginal residuals)

$$r_{ij}^m = Y_{ij} - X_{ij}\hat{\beta}$$

### ➤ 조건부 잔차(conditional residuals)

$$r_{ij}^c = Y_{ij} - X_{ij}\hat{\beta} - \hat{u}_j = r_{ij}^m - \hat{u}_j$$

### ➤ 조건부 잔차를 이용한 오차( $\varepsilon_{ij}$ ) 가정에 대한 진단 내용

- 정규성(normality)을 검토
- 등분산성(constant variance)을 검토
- 이상치(outlier)을 탐색

# 1. 잔차의 종류

## ▶ 조건부 잔차의 종류

### ➤ 생잔차(raw residuals)

$$r_{ij}^c = Y_{ij} - X_{ij}\hat{\beta} - \hat{u}_j$$

### ➤ 피어슨 잔차(Pearson-type residuals)

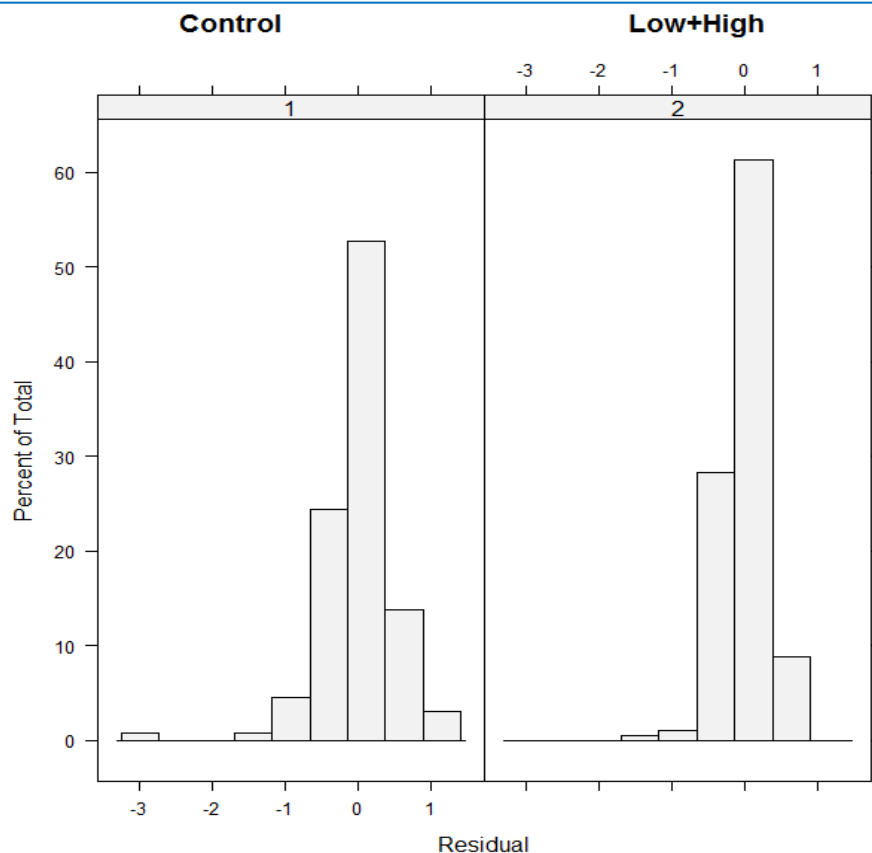
$$\frac{r_{ij}^c}{\sqrt{\widehat{Var}(Y_{ij}|u_j)}}$$

### ➤ 스튜던트화 잔차 (studentized residuals)

$$\frac{r_{ij}^c}{\sqrt{\widehat{Var}(r_{ij}^c)}}$$

## 2. 잔차 분석 : 조건부 생잔차 그림

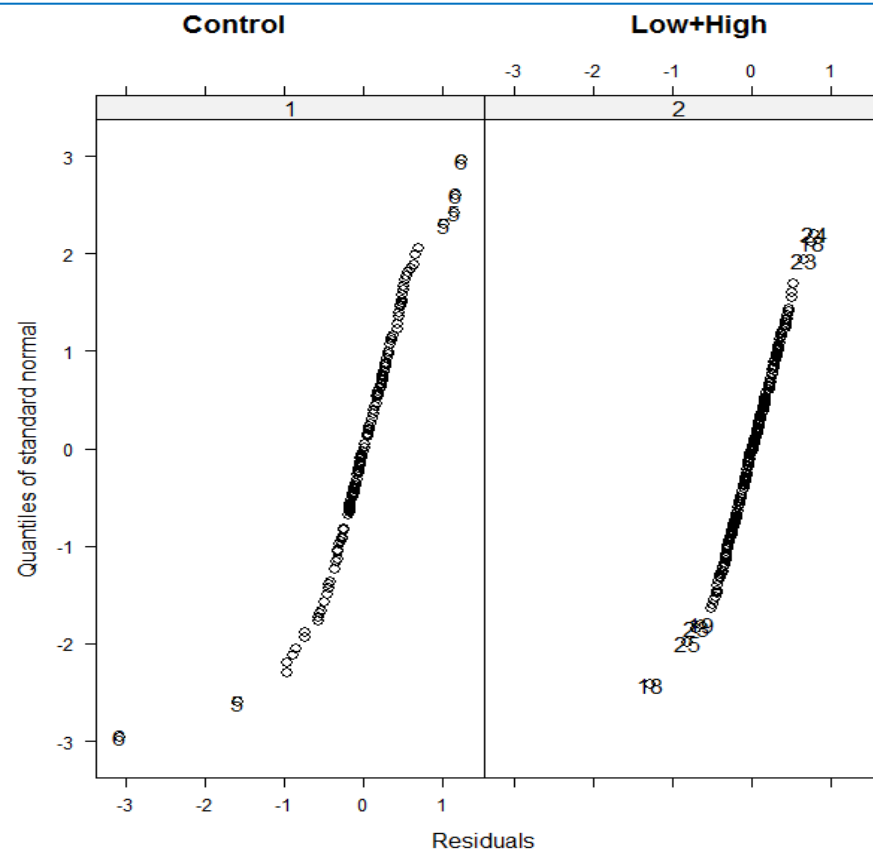
### ▶ Histogram: $\varepsilon_{ij}$ 의 정규성 검토 & 이상치 탐색



- 종모양 분포에서 약간 벗어난 비 대칭분포
- 특히 Control 군에서는 음의 방향으로 매우 큰 잔차 나타남

## 2. 잔차 분석 : 조건부 생잔차 그림

### ▶ Normal Q-Q plot: $\varepsilon_{ij}$ 의 정규성 검토



- 직선에서 벗어난 점들이 보임.
- Control 군에서는 벗어난 경향이 더 강하게 나타남.



## 2. 잔차 분석 : 조건부 생잔차 그림

### ▶ 잔차진단 결과와 분석 개선 방안

#### ➤ 잔차 진단 결과

- 정규성 가정이 적절한지에 대한 의문
- 이상치로 의심되는 값들이 보임.

#### ➤ 추가 또는 새로운 분석 시도

- $Y_{ij}$ 에 대한 분포 다른 가정 (예: Gamma 분포) 또는
- $Y_{ij}$ 에 대한 변수 변환(예: log 변환) 시도
- 이상치에 대한 영향력 진단 평가

## 2. 잔차 분석 : 조건부 생잔차 그림

### ▶ R code

```
library(lattice)
trellis.device(color=F)

# 주변부/조건부 생잔차 출력
res <- residuals(model3.3.1.fit,type="r", level=c(0,1))
head(res,3)
ratred <- data.frame(ratpup, res)
head(ratred,3)

# 조건부 생잔차 히스토그램 출력
histogram(~litter.1 | factor(trtgrp), data=ratred, layout=c(2,1), aspect=2,
          xlab="Residual", main=c("Control", "Low+High"))

# 정규 Q-Q plot
qqnorm(model3.3.1.fit, ~residuals(.,type="r") | factor(trtgrp), layout=c(2,1),
        aspect=2, id=0.05, main=c("Control", "Low+High"))

# 조건부 예측값 vs. 생잔차 그림
plot(model3.3.1.fit, residuals(.,type="r") ~ fitted(.) | factor(trtgrp),
      layout=c(2,1), aspect=2, abline=0, main=c("Control", "Low+High"))
```

13

강

다음시간안내

LMM

# 3-수준 군집자료분석

수고하셨습니다.