uebung8.r

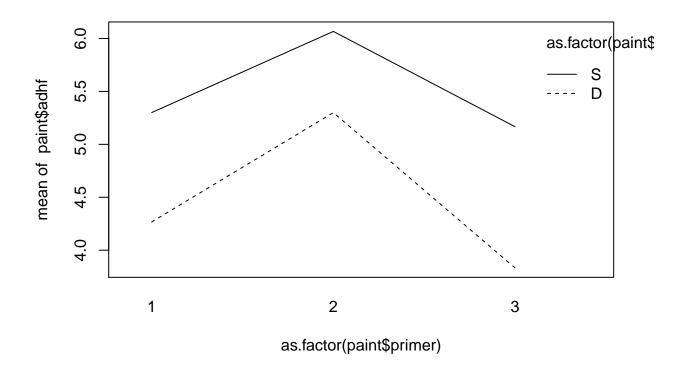
Janina

Sat Jun 24 23:45:16 2017

```
# Uebungsblatt 8
# Namen: Janina Schoenberger, Benjamin Weigner
# Tutorin: Gergana Stanilova
# Uebung: Mi 12-14 Uhr
# Aufgabe 19
# Einfaktorielle ANOVA fuer primer und applic
paint = data.frame(adhf = c(4.0,4.5,4.3,5.6,4.9,5.4,3.8,3.7,
                           4.0,5.4,4.9,5.6,5.8,6.1,6.3,5.5,5.0,5.0),
                  primer = factor(rep(rep(1:3,rep(3,3)),2)),
                  applic = factor(rep(c("D", "S"), c(9,9))))
head(paint)
    adhf primer applic
##
## 1 4.0
             1
## 2 4.5
             1
## 3 4.3
             1
                    D
## 4 5.6
                    D
## 5 4.9
              2
                     D
## 6 5.4
paint.primer <- aov(adhf ~ primer, data=paint)</pre>
paint.applic <- aov(adhf ~ applic, data=paint)</pre>
summary(paint.primer)
##
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
              2 4.581 2.2906
                                5.599 0.0153 *
## primer
## Residuals
             15 6.137 0.4091
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
summary(paint.applic)
##
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## applic
              1 4.909
                          4.909
                                 13.52 0.00204 **
## Residuals
              16 5.809
                          0.363
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
# Interpretation
# Die einfaktorielle Varianzanalyse (mit ANOVA) gibt an, ob es einen signifikanten
# Unterschied im Mittelwert von verschiedenen Gruppen gegenueber der abhaengigen Variable
```

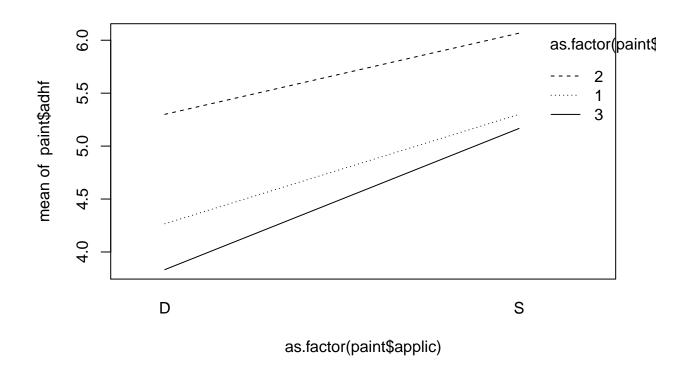
```
# gibt.
# Dieser Unterschied ist signifikant, falls der p-Wert des F-Tests unter 0.05 liegt.
# adhf ist die abhaengige Variable.
# Mit primer als unabhaengiger Variable erhaelt man einen p-Wert von 0.0153. Dieser ist signifikant.
# Mit applic als unabhaengiger Variable erhaelt man einen p-Wert von 0.00204. Dieser ist
# signifikant und zeigt einen deutlicheren Unterschied, als bei primer.

# B
# Grafisch: Interaktion zwischen primer und applic im Bezug auf den Endpunkt adhf
if (FALSE) {
# Die Funktionen ggline und ggboxplot haben nicht funktioniert
library(ggplot2)
library(gplots)
ggboxplot(paint,primer,adhf)
ggline(paint,primer,adhf)
}
interaction.plot(as.factor(paint$primer),as.factor(paint$applic),paint$adhf)
```



```
interaction.plot(as.factor(paint$applic),as.factor(paint$primer),paint$adhf)
# Sowohl der Faktor primer, als auch der Faktor applic scheinen einen Einfluss auf
# die Adhesion Force (paint$adhf) zu haben.
# 1. Plot: Sowohl bei D, als auch bei S Kurve (D/S von applic) ist Ausschlag bei Primer 2
# zu erkennen
# -> primer hat Einfluss auf adhf
```

```
\# 2. Plot: Kurven von allen 3 Primer sind bei S hoeher als bei D
# -> applic hat Einfluss auf adhf
# Deshalb fuehren wir eine zweifaktorielle Anova durch.
fita <- aov(adhf~primer*applic, data=paint)</pre>
summary(fita)
##
                Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## primer
                2 4.581 2.291 27.858 3.10e-05 ***
                1 4.909 4.909 59.703 5.36e-06 ***
## applic
## primer:applic 2 0.241 0.121
                                  1.466
                                            0.269
## Residuals 12 0.987 0.082
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
# Vergleich zu 19 A: Die zweifaktorielle Anova hat hoehere F-Werte und daher
# noch niedrigere P-Werte. Das Ergebnis ist also mit noch geringerem P-Wert
# signifikant, als die einfaktorielle Anova.
# C
\# Kontrasttest = paarweise t-Tests (Vorschalttest)
# install.packages("lsmeans") und ("multcomp")
library(lsmeans)
## Warning: package 'lsmeans' was built under R version 3.3.3
## Loading required package: estimability
## Warning: package 'estimability' was built under R version 3.3.2
```



library(multcomp)

```
## Warning: package 'multcomp' was built under R version 3.3.3
## Loading required package: mvtnorm
## Warning: package 'mvtnorm' was built under R version 3.3.2
## Loading required package: survival
## Warning: package 'survival' was built under R version 3.3.3
## Loading required package: TH.data
## Warning: package 'TH.data' was built under R version 3.3.3
## Loading required package: MASS
## Warning: package 'MASS' was built under R version 3.3.3
## Attaching package: 'TH.data'
```

```
## The following object is masked from 'package:MASS':
##
##
       geyser
if (FALSE) {
  # stackoverflow Bsp aus Hinweisen
  data(obk.long)
  head(obk.long)
  fit <- aov_car(value~treatment*gender + Error(id),data=obk.long, return = "aov")
  (ref1 <- lsmeans(fit, c("treatment", "gender")))</pre>
  c_list \leftarrow list(c1 = c(0, -1, 1, 0, 0, 0),
                 c2 = c(0, -0.5, 0.5, 0, -0.5, 0.5))
  summary(contrast(ref1, c list), adjust = "holm")
  pairs(lsmeans(fit, "treatment"), adjust = "none")
ref1 <- lsmeans(fita,c("applic","primer"))</pre>
##
  applic primer
                    lsmean
                                  SE df lower.CL upper.CL
                  4.266667 0.1655518 12 3.905960 4.627373
## D
           1
                  5.300000 0.1655518 12 4.939294 5.660706
## S
           1
## D
           2
                  5.300000 0.1655518 12 4.939294 5.660706
## S
           2
                  6.066667 0.1655518 12 5.705960 6.427373
## D
           3
                  3.833333 0.1655518 12 3.472627 4.194040
## S
                  5.166667 0.1655518 12 4.805960 5.527373
##
## Confidence level used: 0.95
# c1: primer 2 gegen 1,3 unter applic D
c1 \leftarrow c(-0.25,0,0.5,0,-0.25,0)
# c2: applic D gegen S fuer alle primer
c2 \leftarrow c(1/6,-1/6,1/6,-1/6,1/6,-1/6)
c_list <- list(c1,c2)</pre>
summary(contrast(ref1,c_list,adjust="none")) ######## welches mit tukey?
## contrast
## c(-0.25, 0, 0.5, 0, -0.25, 0)
## c(0.16666666666667, -0.16666666666667, 0.1666666666667, -0.16666666666666666666666667,
                       SE df t.ratio p.value
##
     0.6250000 0.10137938 12 6.165 <.0001
## -0.5222222 0.06758625 12 -7.727 <.0001
pairs(ref1, adjust="none")
## contrast
                   estimate
                                   SE df t.ratio p.value
## D,1 - S,1 -1.033333e+00 0.2341256 12 -4.414 0.0008
## D,1 - D,2 -1.033333e+00 0.2341256 12 -4.414 0.0008
## D,1 - S,2 -1.800000e+00 0.2341256 12 -7.688 <.0001
## D,1 - D,3 4.333333e-01 0.2341256 12
                                          1.851 0.0889
## D,1 - S,3 -9.000000e-01 0.2341256 12 -3.844 0.0023
## S,1 - D,2 -4.440892e-16 0.2341256 12 0.000 1.0000
```

```
## S,1 - S,2 -7.666667e-01 0.2341256 12 -3.275 0.0066
## S,1 - D,3 1.466667e+00 0.2341256 12
                                         6.264 <.0001
## S,1 - S,3 1.333333e-01 0.2341256 12
                                         0.569 0.5795
## D,2 - S,2 -7.666667e-01 0.2341256 12 -3.275 0.0066
## D,2 - D,3 1.466667e+00 0.2341256 12
                                         6.264 <.0001
## D,2 - S,3 1.333333e-01 0.2341256 12
                                         0.569 0.5795
## S,2 - D,3 2.233333e+00 0.2341256 12
                                         9.539 <.0001
## S,2 - S,3 9.000000e-01 0.2341256 12
                                         3.844 0.0023
## D,3 - S,3 -1.333333e+00 0.2341256 12 -5.695 0.0001
pairs(ref1, adjust="tukey")
                  estimate
## contrast
                                  SE df t.ratio p.value
## D,1 - S,1 -1.033333e+00 0.2341256 12 -4.414 0.0085
## D,1 - D,2 -1.033333e+00 0.2341256 12
                                        -4.414
                                                0.0085
## D,1 - S,2 -1.800000e+00 0.2341256 12
                                        -7.688 0.0001
## D,1 - D,3 4.333333e-01 0.2341256 12
                                         1.851 0.4724
## D,1 - S,3 -9.000000e-01 0.2341256 12 -3.844 0.0221
                                         0.000 1.0000
## S,1 - D,2 -4.440892e-16 0.2341256 12
## S,1 - S,2 -7.666667e-01 0.2341256 12 -3.275 0.0576
## S,1 - D,3 1.466667e+00 0.2341256 12
                                         6.264 0.0005
## S,1 - S,3 1.333333e-01 0.2341256 12
                                         0.569 0.9913
## D,2 - S,2 -7.666667e-01 0.2341256 12 -3.275 0.0576
## D,2 - D,3 1.466667e+00 0.2341256 12
                                         6.264 0.0005
## D,2 - S,3 1.333333e-01 0.2341256 12
                                         0.569 0.9913
## S,2 - D,3 2.233333e+00 0.2341256 12
                                         9.539 <.0001
## S,2 - S,3 9.000000e-01 0.2341256 12
                                         3.844 0.0221
## D,3 - S,3 -1.333333e+00 0.2341256 12 -5.695 0.0011
##
## P value adjustment: tukey method for comparing a family of 6 estimates
# Interpretation:
# Tukey kontrolliert alle h=k(k-1)/2 Nullhypothesen und beruecksichtigt die Korrelation
# zwischen den Gruppen. Bei abhaengigen Vergleichen besser als Bonferroni
# Die p-Werte mit Tukey Adjustierung sind deutlich hoeher. Da wir wissen, dass die
# Variablen korrelieren, macht das Sinn.
# D
# Vergleich Haupteffekt von primer ohne Adjustierung mit Bonferroni und Bonferroni Holm
pairs(lsmeans(fita, "primer"), adjust="none")
## NOTE: Results may be misleading due to involvement in interactions
## contrast
              estimate
                              SE df t.ratio p.value
  1 - 2
            -0.9000000 0.1655518 12 -5.436 0.0002
## 1 - 3
             0.2833333 0.1655518 12
                                      1.711 0.1127
## 2 - 3
             1.1833333 0.1655518 12
                                     7.148 < .0001
## Results are averaged over the levels of: applic
```

```
pairs(lsmeans(fita, "primer"), adjust="bonferroni")
## NOTE: Results may be misleading due to involvement in interactions
                              SE df t.ratio p.value
## contrast estimate
## 1 - 2 -0.9000000 0.1655518 12 -5.436 0.0005
## 1 - 3
             0.2833333 0.1655518 12
                                      1.711 0.3381
## 2 - 3
             1.1833333 0.1655518 12
                                      7.148 < .0001
##
## Results are averaged over the levels of: applic
## P value adjustment: bonferroni method for 3 tests
pairs(lsmeans(fita, "primer"), adjust="holm")
## NOTE: Results may be misleading due to involvement in interactions
## contrast estimate
                              SE df t.ratio p.value
## 1 - 2
           -0.9000000 0.1655518 12 -5.436 0.0003
                                      1.711 0.1127
## 1 - 3
             0.2833333 0.1655518 12
             1.1833333 0.1655518 12
                                     7.148 < .0001
##
## Results are averaged over the levels of: applic
## P value adjustment: holm method for 3 tests
# Es faellt auf, dass die t-Ratios alle gleich sind, waehrend sich die p-Werte
# durch die Adjustierungsmethoden unterscheiden.
# Die p-Werte von Holm und Ohne Adjustierung sind gleich,
# waehrend die Bonferroni Adjustierung hoehre p-Werte vergiebt,
# sodass die Ergebnisse schneller nicht signifikant werden.
```