Praktiskā biometrija

Didzis Elferts

2016-04-06

Saturs

1 Ievads **5**

2 Biometrija un datu analīze **7**

2.1 Kas ir biometrija? 7

2.2 Paraugkopa un ģenerālkopa 7

2.3 Hipotēžu pārbaude 7

3 Ievads darbā ar programmu R **9**

3.1 Kas ir programma R un kā uzsākt darbu? 9

3.2 Darbs ar R 10

4 Grafiskās iespējas programmā R **19**

4.1 Pamatgrafiki 19

4.2 Dati grafiku veidošanai 22

4.3 Grafiku parametru noteikšana 22

4.4 Grafiku saglabāšana 37

5 Datu izzināšana un normalitātes testi **39**

5.1 Datu izzināšana 39

5.2 Normalitātes testi 43

6 Statistiskie rādītāji un ticamības intervāli **47**

6.1 Statistiskie rādītāji 47

6.2 Ticamības intervāli 51

7 Paraugkopu salīdzināšana **57**

7.1 Teorētiskais pamatojums 57

7.2 Paraugkopu salīdzināšana programmā R 60

8 Dispersijas analīze **71**

8.1 Teorētiskais pamatojums . . . 71
8.2 Dati . . . 71
8.3 Dispersiju homogenitāte . . . 72
8.4 Modeļu definēšana . . . 72
8.5 Gradācijas klašu salīdzināšana . . . 73
8.6 Rezultātu grafiskā attēlošana . . . 74

9 Korelācijas analīze **77**

9.1 Teorētiskais pamatojums . . . 77
9.2 Korelācijas analīze programmā R . . . 77

10 Regresijas analīze **83**

10.1 Teorētiskais pamatojums . . . 83
10.2 Dati . . . 83
10.3 Pāru regresija . . . 84
10.4 Regresijas analīzes pieņēmumu pārbaude . . . 85
10.5 Vērtību prognozēšana . . . 86
10.6 Daudzfaktoru regresija . . . 87

11 Kovariācijas analīze **93**

11.1 Teorētiskais pamatojums . . . 93
11.2 Dati . . . 93
11.3 Dispersijas analīze . . . 93
11.4 Kvantitatīva mainīgā iekļaušana modelī . . . 94

12 Vispārinātie lineārie modeļi **99**

12.1 Teorētiskais pamatojums . . . 99
12.2 Dati . . . 99
12.3 Puasona regresija . . . 101
12.4 Binārā loģistiskā regresija . . . 103

13 Literatūra **107**

Nodaļa 1

Ievads

Šī grāmata ir mans mēģinājums samērā vieglā formā ar minimālu teorijas materiālu sniegt praktiskus padomus statistisko analīžu veikšanā biologiem. Tā kā uzsvars ir likts uz vārdu ''praktiski", tad lielāko grāmatas daļu sastāda piemēri tam, kā veikt katru no apskatītajiem statistiskajiem testiem.

Plašāka teorētiskā pamatojuma iegūšanai noderēs citu autoru darbi. Nenoliedzami nopietnākais darbs latviešu valodā biometrijas jomā ir jāmin Liepa (1974) grāmata, angļu valodā tas būtu kāds no Sokala un Rohlfa izdevumiem, piemēram, Sokal and Rohlf (1995). Vieglākā formā nelielu teorētisko pamatojumu statistiskas pamatmetodēm latviešu valodā var meklēt Arhipova and Bāliņa (2006), tikai tajā piemēri būs no ekonomikas jomas. Par modernākām metodēm informāciju var meklēt, piemēram, Zuur et al. (2007).

Programma R ir izvēlēta kā rīks, ar kuru veikt prakstisko datu analīzi. Kāpēc tieši programma R? Pirmais arguments ir tas, ka šī programma ir bezmaksas, attiecīgi ir pieejama jebkuram lietotājam, kas izvēlēties izmantot šo grāmatu. Otrkārt, pamatdarbības programmā R notiek ar komandu rindām, kas lietotājam liek aizdomātas par darbībām, kuras viņš taisās veikt, nevis vienkārši kaut ko ņemts un klikšķināt. Trešais iemesls būtu tas, ka R šobrīd ir straujāk attīstošās statistikas programma, kas ļauj tajā veikt arī pašas jaunākās analīzes.

Dotais materiāls ir mans pirmais mēģinājums uzrakstīt grāmatu par R, tāpēc tajā var ļoti daudz vēl pilnveidojamu lietu. Kā alternatīvus materiālus statistisko analīžu veikšanai programmā R var izmantot, piemēram, Verzani (2005), Everitt and Hothorn (2006) vai Maindonald and Braun (2010).

Nodaļa 2

Biometrija un datu analīze

2.1 Kas ir biometrija?

Biometrijas jēdzienam ir vairāki skaidrojumi, bet šīs grāmatas ietvaros ar to sapratīs statistisko un matemātisko metožu pielietošanu bioloģisko datu analīzei. Vienkāršoti varētu teikt, ka biometrija ir statistika biologiem. Kā statistikas virzienu arī biometrijai var izškirt divus virzienus: aprakstošā statistika un secinošā statistika. Aprakstošā statistika iekļauj metodes, kas paredzētas informācijas par paraugkopu vai ģenerālkopu organizēšanai, grafiskai attēlošanai un apkopošanai. Secinošā statistika iekļauj metodes, kas izmanto paraugkopas informāciju, lai izdarītu secinājumus par visu ģenerālkopu.

2.2 Paraugkopa un ģenerālkopa

Jebkurā eksperimentā vai pētījumā tiek izraudzīti objekti, kurus pētīt, piemēram, putnus, augus, konkrētas šūnas vai tikai to sastāvdaļas, vai arī kompleksi kā biotops. Katram no šiem objektiem pēta konkrētas pazīmes, piemēram, lidspalvu garums, hlorofila koncentrācija vai sugu skaits konkrētā biotopā. Pētījumam vienmēr iegūst nevis vienu konkrētu pazīmes vērtību (objektu), bet gan vairākas, lai būtu iespējams novērtēt variāciju šajās vērtības. Šīs daudzās vērtības var veidot ģenerālkopu vai paraugkopu. Ģenerālkopa jeb populācija sastāv no visām konkrētās pazīmes vērtībām, un tās lielums ir atkarīgs no pētījuma jautājuma. Piemēram, ja pētījuma mērķis ir noskaidrot kāds ir vidējais priežu garums Latvijā, tad ģenerālkopa būs visas priedes Latvijā. Ja jautājumu sašaurina līdz vidējam priežu garumam Dundagas novadā, tad arī ģenerālkopa būs šaurāka. Vairumā pētījumu nav iespējams aptvert visas iespējamās ģenerālkopas vērtības, tāpēc tiek izraudzīta tikai daļa no tās. Šo daļu no ģenerālkopas, kuru pēta, sauc par paraugkopu.

2.3 Hipotēžu pārbaude

Veicot pētījumus, viens no uzdevumiem ir izdarīt secinājumus par to vai vērojamas atšķirības, saistības vai ietekme, piemēram, vai pastāv atšķirība starp augu vidējo garumu dažādos mēslošanas apstākļos, vai temperatūru pieaugums maina dzīvnieku uzvedību, utt.

Viena no pieejām secinājumu izdarīšanai ir tā saucamā hipotēžu pārbaude. Pirms pētījuma veikšanas izvirza tā saucamo Nulles hipotēzi (H_0), kas tālāk tiek pārbaudīta jau pētījuma laikā. Nulles hipotēze parasti apgalvo, ka starp diviem lielumiem nav atšķirības vai, ka nav vērojama ietekme. Apzīmējums $H_0 : X = Y$ nozīmē, ka Nulles hipotēze apgalvo, ka rādītāji X un Y savā starpā neatšķiras jeb tie ir vienādi. Vienlaicīgi ar Nulles hipotēzi izvirza arī alternatīvo hipotēzi, kas tiek pieņemta, ja Nulles hipotēze nav spēkā. Gadījumā ar X un Y alternatīvā hipotēze būs $H_1 : X \neq Y$.

Ir skaidrs, ka ļoti reti X un Y tiešām būs identiski un gandrīz vienmēr būs kaut kāda atšķirība. Tāpēc statistiskajos testos, kurus balsta uz hipotēžu pārbaudi, ir pieņemts aprēķināt p-vērtības, kuru interpretācija ir dažāda. Viena no interpretācijām ir, ka p-vērtība norāda kāda ir iespējamība iegūt tik pat ekstrēmus datus (vai atšķirību rādītājos) kā novērotie, ja pieņem, ka Nulles hipotēze ir patiesa. Bioloģijā visbiežāk Nulles hipotēzi noraida un akceptē alternatīvo hipotēzi, ja p-vērtība ir mazāka par 0,05. Šo līmeni sauc par būtiskuma līmeni un apzīmē ar α. Vēl pieņemtie būtiskuma līmeņi ir 0,01 un 0,001. Attiecīgi no būtiskuma līmeņa atvasina citu rādītāju, kas ir ticamības līmenis (P) un to aprēķina kā $P = 1 - \alpha$. Parādot rezultātus publikācijās vai kādos citos darbus vēlams būtu norādīt tieši kādair bijusi p-vērtība, nevis vienkārši rakstīt, piemēram, p<0,05. Noraidot Nulles hipotēzi, mēs varam apgalvot, ka pastāv, piemēram, statistiski būtiska atšķirība starp lielumiem X un Y, bet tas automātiski nenozīmē, ka šī atšķirība ir arī bioloģiski būtiska, piemēram, pie liela paraugkopas apjoma izmaiņas garumā par 1% arī var būt statistiski būtiskas, bet vai varam apgalvot ka tās ir bioloģiski būtiskas.

Nulles hipotēzes nenoraidīšana vēl nenozīmē, ka tā ir patiesa, jo, iespējams, paraugkopas apjoms bija pārāk mazs, sevišķi, ja p-vērtības ir tuvu būtiskuma līmeņa vērtībām. Vēl attiecībā uz hipotēžu noraidīšanu un akceptēšanu ir jāpiemin 1. un 2. tipa kļūdas. 1. tipa kļūda rodas tad, ja Nulles hipotēze tiek noraidīta, kaut arī tā ir patiesa. Šāda iespējamība ir vienāda ar izvēlēto būtiskuma līmeni. 2. tipa kļūda rodas tad, ja Nulles hipotēze tiek akceptēta, ka arī tā nav patiesa. Veicot eksperimentus un pētījumus ir jāņem vērā šādas iespējamības un jācenšās tās kaut daļēji kontrolēt.

Jāpiemin gan, ka hipotēžu pārbaudes teorija un balstīšanās uz p-vērtībām pēdējo desmit līdz divdesmit gadu laikā ir ievērojami apšaubīta un ir ieteikumi izmantot citas pieejas, piemēram, secinājumus balstīt uz ticamības intervāliem, vai arī izmantot modeļu izvēles kritērijus, Beijesa (Bayesian) metodes. Ieskatu problēmās un alternatīvās ar hipotēžu pārbaudi var gūt Johnson (1999) un Stephens et al. (2005) rakstos. Šajā grāmatā izmantoti gan klasiskā hipotēžu pārbaudes metode, gan arī citas alternatīvas.

Nodaļa 3

Ievads darbā ar programmu R

3.1 Kas ir programma R un kā uzsākt darbu?

3.1.1 R vide

R ir vienlaicīgi datorprogramma un valoda (veidojusies no programmēšanas valodas 'S'), kas paredzēta datu apstrādei, aprēķiniem un grafiku veidošanai. Visi piemēri šajā grāmatā ir veidoti programmas R versijā 3.2.2. (R Core Team, 2012).

R priekšrocības ir:

- tā ir atvērtā koda programma, kas nepārtraukti tiek papildināta un uzlabota, un šajā darbā ir iesaistīti tūkstošiem cilvēku visā pasaulē}
- R ir izmantojams uz dažādām datoru platformām: Unix, Linux, Windows, MacOS;
- lietotājam ir dota iespēja kontrolēt visus parametrus veicot dažādus aprēķinus;
- R ir ļoti labas grafiskās iespējas, kas ļauj veidot augstas kvalitātes grafikus.

3.1.2 R instalācija un papildus paketes

Lai instalētu programmu R, ir nepieciešams lejupielādēt Jūsu izmantotajai platformai atbilstošo R instalācijas failu no CRAN servera. Serveru adreses, kā arī citu informāciju var atrast mājas lapā http://www.R-project.org

Pirmkārt, ir jāuzinstalē pamatfails R-base. Programma R ir veidota tā, ka R-base satur tikai daļu no nepieciešamajām funkcijām, pārējās ir pieejamas papildus paketēs. Tās var uzinstalēt trīs veidos:

- izmantojot funkciju `install.packages()` un norādot instalējamās paketes nosaukumu.
- programmā R komandu rindā izvēlas `Packages/Install package(s)...` Tad izvēlas tuvāko serveri un paketes, kuras nepieciešams instalēt.
- ja paketes pirms tam tika lejupielādētas datorā, tad izvēlas opciju `Packages/Install package(s) from local zip files...`

Ja kāda no paketēm ir nepieciešama konkrētajā darba sesijā, tad pirms lietošanas tā ir „jāpievieno" ar funkciju `library()`, kur iekavās norādīts nepieciešamās paketes nosaukums, piemēram:

```
library(grid)
```

3.1.3 Palīdzības iegūšana

Papildus informāciju un palīdzību darbam ar R var iegūt no dažādām pamācībām, kas brīvi pieejamas internetā. Par programmu R ir arī ļoti daudz grāmatu, no kurām nopietnākais darbs ir Crawley (2007). Ir pieejama arī R iekšējā palīdzībā. Ja nepieciešams iegūt palīdzību par kādu konkrētu funkciju, vieglākais veids ir izmantot `help()` funkciju, kurai iekavās norādīts otras funkcijas nosaukums, piemēram:

```
help(plot)
```

Otrs variants ir rakstīt `?` zīmi pirms funkcijas nosaukuma. Jāņem vērā, ka šādā veidā ir iespējams meklēt palīdzību tikai par tām funkcijām, kuras atrodas konkrētajai darba sesijai pievienotajās paketēs. Ja nepieciešams meklēt funkciju visās instalētajās paketēs, tad jāizmanto divas `?` zīmes.

```
??plot
```

3.2 Darbs ar R

3.2.1 Komandu veidošana

R vidē visas komandas tiek rakstītas pēc `>` zīmes (tā nav pašam jāraksta). Ja komandu rinda ir pārāk gara, tad pēc jebkura argumeta, vai arī pēc iekavām, komata, utt var spiest Enter taustiņu un turpināt pierakstu jaunā rindā. Šajā gadījumā automātiski parādīsies `+` zīme. Ja komanda tiek uzrakstīta pilnībā un nospiests Enter, šī komanda tiek izpildīta. Ja komanda neizpildās, bet parādās `+` zīme, tas nozīmē, ka komandas pierakstā ir kļūda un trūkst, piemēram, kādas iekavas.

Komandu rindas galā var pievienot arī komentāru, pirms komentāra ir jāraksta `#` zīme.

R vidē atstarpes starp dažādiem objektiem, iekavām tiek ignorētas, izņēmums ir kombinācija `<-`, ar kuru objektiem piešķir noteiktu vērtību.

Rakstot komandas ir būtiski ievērot lielo un mazo burtu izvietojumu, jo šajā gadījumā apzīmējums `AA` nebūs tas pats, kas `aa`.

3.2.2 Kalkulators

Programmu R savā veidā var izmantot kā kalkulatoru, ar kura palīdzību ir iespējams veikt dažādus aprēķinus.

```
4+7
```

```
## [1] 11
```

```
log(8,2)
```

```
## [1] 3
```

```
exp(2)
```

```
## [1] 7.389056
```

3.2.3 Datu veidi

R vidē pārsvarā lieto trīs veidu datus: skaitliskos (numeric), rakstu zīmes (character) un loģiskos (logical).

Skaitliskie dati ir skaitļi, un tikai šāda veida objektus var izmantot, lai veiktu aprēķinus.

Rakstu zīmju datus parasti izmanto, lai norādītu mainīgajiem nosaukumus, kā arī, lai veiktu datu grupēšanu.

Loģiskajiem datiem var būt divas vērtības TRUE vai FALSE (jeb T un F).

3.2.4 Datu struktūras

Četras galvenās datu struktūras R vidē: vektors (vector), matrice (matrix), saraksts (list) un datu tabula (data frame).

3.2.4.1 Vektors

Vektors ir viendimensionāla datu struktūra, kas var sastāvēt tikai no viena tipa datiem — skaitļiem vai rakstu zīmēm. Vektora garums nav ierobežots – tas var būt tikai vienu zīmi liels, vai arī sastāv no ļoti daudz zīmēm vai skaitļiem.

Lai nodefinētu vektoru, kas sastāv tikai no vairāk kā viena mainīgā, jāraksta vēlamais objekta (vektora) nosaukums un aiz apzīmējuma `<-` jāraksta funkcija `c()`, kurai iekavās norāda mainīgos:

Rezultātā izveidotais objekts tiek saglabāts R atmiņā. Lai apskatītu izveidoto objektu, ir jāuzraksta tā nosaukums un jānospiež Enter.

```
pirmais<-c(1,5,7,4,8,10)
pirmais
```

```
## [1]  1  5  7  4  8 10
```

```
otrais<-c("A","B","C","D","E","F")
otrais
```

```
## [1] "A" "B" "C" "D" "E" "F"
```

3.2.4.2 Matrice

Matrice ir divdimensionāla datu struktūra, kas līdzīgi vektoram var saturēt tikai viena tipa datus. Matrici var izveidot izmantojot trīs funkcijas: `cbind()`, `rbind()` vai `matrix()`.

Funkcijā `matrix()` norāda visus matricē iekļaujamos elementus, kā arī norāda rindu skaitu (`nrow`) vai arī kolonnu skaitu (`ncol`); abus nevajag norādīt, jo, ja ir norādīts, piemēram, kolonnu skaits, tad rindu skaits tiks aprēķināts automātiski, ņemot vērā elementu skaitu matricē:

```
tresais<-matrix(1:15,ncol=3)
tresais
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    6   11
## [2,]    2    7   12
## [3,]    3    8   13
## [4,]    4    9   14
## [5,]    5   10   15
```

Funkciju `cbind()` izmanto, lai izveidotu matrici, tās elementus secīgi rakstot kolonnās (iekavās aiz funkcijas jānorāda elementi, kas atradīsies katrā no kolonnām), attiecīgi funkciju `rbind()` izmanto matrices veidošanai pa rindiņām.

```
ceturtais<-cbind(pirmais,otrais)
ceturtais
```

```
##      pirmais otrais
## [1,] "1"     "A"
## [2,] "5"     "B"
## [3,] "7"     "C"
## [4,] "4"     "D"
## [5,] "8"     "E"
## [6,] "10"    "F"
```

3.2.4.3 Saraksts

Saraksts ir datu struktūras, kas var saturēt jebkuru citu datu struktūru, tai skaitā arī apakšsarakstus. Saraksts ir ļoti ērts, lai vienā objektā apvienu dimensionāli atšķirīgus elementus, piemēram, no vienas analīzes rezultātiem. Sarakstu veido ar funkciju `list()`.

```
piektais<-list(vekt1=pirmais,matr1=tresais,matr2=ceturtais)
piektais
```

```
## $vekt1
## [1]  1  5  7  4  8 10
##
## $matr1
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    6   11
## [2,]    2    7   12
## [3,]    3    8   13
## [4,]    4    9   14
## [5,]    5   10   15
##
## $matr2
##      pirmais otrais
## [1,] "1"     "A"
## [2,] "5"     "B"
## [3,] "7"     "C"
## [4,] "4"     "D"
## [5,] "8"     "E"
## [6,] "10"    "F"
```

3.2.4.4 Datu tabula

Datu tabula ir divdimensionāla datu struktūra, kas var saturēt dažāda tipa datus atsevišķās kolonnās (visām kolonnām vienā datu tabulā ir jābūt ar vienādu garumu). Datu tabulu izveido ar funkciju `data.frame()`. Funkcijas iekavās norāda kolonnu nosaukumus, kā arī datus, kas būs katrā no kolonnām. Dati var būt kā atsevišķi vektori, kas izveidoti jau iepriekš, vai arī datus var ierakstīt pašā funkcijā:

```
sestais<-data.frame(pirmais,otrais)
sestais
```

```
##   pirmais otrais
## 1       1      A
## 2       5      B
## 3       7      C
## 4       4      D
## 5       8      E
## 6      10      F
```

```
septitais<-data.frame(kol1=c(1,2,3,4),kol2=c(5,6,7,8))
septitais
```

```
##   kol1 kol2
## 1    1    5
## 2    2    6
## 3    3    7
## 4    4    8
```

Vēl datu tabulu var izveidot izmantojot datu tabulu veidotāju pašā programmā R. Šajā gadījumā no sākuma ar kādu Jums vēlamu nosaukumu ir jāizveido datu tabula ar funkciju `data.frame()`, kurai netiek norādīti nekādi papildus argumenti. Pēc tam jāizmanto funkcija `fix()`, kurai kā arguments jānorāda jaunās datu tabulas nosaukums. Rezultātā parādīsies datu tabulu veidošanas logs, kurā var ievadīt datus. Lai mainītu kolonnu nosaukumus, ir jāuzklikšķina uz tā - šajā brīdī ir iespējams arī norādīt vai dati būs skaitliski vai rakstu zīmes. Ir jāatceras, ka vienā kolonnā var atrasties tikai viena veida dati, kā arī, ka visu kolonnu garumiem ir jābūt vienādiem.

```
jauna.tabula<-data.frame()
fix(jauna.tabula)
```

Ar funkcijas `fix()` palīdzību ir iespējams labot arī citas jau esošās tabulas.

3.2.5 Datu importēšana

R vidē ir iespējams importēt dažāda formāta datu failus (datu tabulas), piemēram, no programmām Excell, SPSS, SAS. Vienkāršākais veids ir izmantot .txt vai .csv failus. Lai importētu .txt failus, tiek izmantota funkcija `read.table()`, attiecīgi .csv failus var importēt ar funkcijām `read.csv()` un `read.csv2()`. Funkcijā norāda faila nosaukumu un ceļu uz to (`file=`). Ja pirmā tabulas rinda satur kolonnu nosaukumus, tad kā papildus arguments jānorāda `header=TRUE`. Vēl jānorāda skaitļu decimāldaļu atdalītājs (komats vai punkts), izmantojot papildus argumentu `dec="."`. Tā kā .txt failiem mēdz būt dažādi kolonnu atdalīšanas veidi, tad jānorāda atbilstošais, izmantojot papildus argumentu `sep=`, iespējamās vērtības ir `"\t"` - tab delimited; `","`- kolonnu atdalītājs ir komats; `";"` - kolonnu atdalītājs ir semikols. Pilno ceļu uz importējamo failu var nenorādīt, ja fails atrodas darba direktorijā (Working directory) (var nomainīt ar funkciju `setwd()`.

```
dati<-read.table(file="niedres.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
dati2<-read.csv(file="niedres.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
dati3<-read.csv2(file="niedres.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
dati[1:10,]
```

```
##    garums platums
## 1    31.6     2.5
## 2    23.2     2.3
## 3    39.2     2.1
## 4    37.4     5.8
## 5    21.1     2.2
## 6    37.0     4.1
## 7    24.7     3.5
## 8    31.3     4.2
## 9    37.4     2.5
## 10   39.7     2.8
```

Pašā programmā R ir iekļautas daudzas datu tabulas, kas ir ļoti noderīgas, piemēram, lai izmēģinātu kādas funkcijas, vai arī sekotu līdzi piemēriem mācību materiāliem.

Lai redzētu, kuras datu tabulas ir pieejamas konkrētajā darba sesijā (atkarīgs no pievienoto pakešu daudzuma), jāizmanto funkcija `data()`, pēc kā parādīsies jauns logs, kurā uzskaitītas pieejamās datu tabulas un to apraksts. Lai redzētu visas pieejamās datu tabulas, jāraksta `data(package = .packages(all.available = TRUE))`.

```
data()
data(package = .packages(all.available = TRUE))
```

Lai pievienotu darba sesijai kādu no šīm datu tabulām, jāizmanto funkcija `data()`, kurai iekavās norādīts datu tabulas nosaukums. Ja pakete, kurā atrodas šī datu tabula jau ir pievienota darba sesijai, tad papildus argumenti nav vajadzīgi, bet ja pakete nav pievienota, tad funkcijai ir jāliek klāt papildus arguments `package=`}. Pēc tam datu tabula ir pievienota darba sesijai ar tādu nosaukumu, kāds ir pašai datu tabulai.

```
data(cars)
data(cars, package = "datasets")
cars[1:10,]
```

```
##    speed dist
## 1      4    2
## 2      4   10
## 3      7    4
## 4      7   22
## 5      8   16
## 6      9   10
## 7     10   18
## 8     10   26
## 9     10   34
## 10    11   17
```

3.2.6 Datu eksportēšana

Datu eksportēšanu veic ar funkciju `write.table()`, kurā jānorāda objekts, kuru vēlas eksportēt (`x=`), izveidojamā faila nosaukums un saite uzto (`file=`), kolonnu atdalītājs (`sep=`), decimālatdalītājs (`dec=`) un vai rindu nosaukumus iekļaut (`row.names=TRUE` vai `FALSE`).

```
write.table(x=dati,file="eksports.txt",row.names=FALSE,sep="\t",dec=".")
```

3.2.7 Darbs ar datiem

Ar funkcijas `str()` palīdzību ir iespējams apskatīt jebkura datu objekta struktūru, tajā ejošos datus un to veidu. Rezultāts ir atkarīgs no tā, kāda veida datu objekts tiek apskatīts.

```
str(dati)
```

```
## 'data.frame':    50 obs. of  2 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
```

```
str(sestais)
```

```
## 'data.frame':    6 obs. of  2 variables:
##  $ pirmais: num  1 5 7 4 8 10
##  $ otrais : Factor w/ 6 levels "A","B","C","D",..: 1 2 3 4 5 6
```

```
str(piektais)
```

```
## List of 3
##  $ vekt1: num [1:6] 1 5 7 4 8 10
##  $ matr1: int [1:5, 1:3] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##  $ matr2: chr [1:6, 1:2] "1" "5" "7" "4" ...
##   ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : NULL
##   .. ..$ : chr [1:2] "pirmais" "otrais"
```

```
str(tresais)
```

```
##  int [1:5, 1:3] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
```

```
str(otrais)
```

```
##  chr [1:6] "A" "B" "C" "D" "E" "F"
```

Datu tabulu un matricu apskatīšanai noderīgas ir funkcijas `head()` un `tail()`, kas attiecīgi parāda datu objekta pirmās sešas un pēdējās sešas rindiņas. Rindiņu skaitu ir iespējams mainīt, norādot papildus argumentu `n=`.

```
head(dati)
```

```
##   garums platums
## 1   31.6     2.5
## 2   23.2     2.3
## 3   39.2     2.1
## 4   37.4     5.8
## 5   21.1     2.2
## 6   37.0     4.1
```

```
tail(dati)
```

```
##    garums platums
## 45   46.1     5.3
## 46   29.1     3.5
## 47   33.7     4.6
## 48   43.1     3.7
## 49   38.8     3.9
## 50   46.9     5.4
```

3.2.7.1 Daļas no objekta atlasīšana

Ja ir nepieciešams atlasīt tikai daļu no objekta, veids kā to darīt ir atkarīgs no objekta veida. Tā kā vektors ir viendimensionāla datu struktūra, tad vien elementa atlsīšanai aiz objekta nosaukuma ir jāliek kvadrtātiskās iekavas, kurās jānorāda atlasāma elementa kārta numurs.

```
otrais[1]
```

```
## [1] "A"
```

Vairāku vektora elementu alasīšanai kvadrātiskajās iekavās jāizmanto funkcija `c()`, kurā norāda atlasāmo elemntu kārtas numurus.

```
otrais[c(1,4)]
```

```
## [1] "A" "D"
```

Ja ir nepieciešams atlasīt visus elementu, izņemot kādu konkrētu elementu, tad ‘’nevēlamā” elementa kārtas numuru kvadrātiskajās iekavās norāda ar mīnus zīmi.

```
otrais[-3]
```

```
## [1] "A" "B" "D" "E" "F"
```

No matrices, kas ir divdimensionāla datu struktūra, konkrētu elementu var atlasīt kvadrātiskajās iekavās norādot divus skaitļus, kur pirmais nozīmē rindiņas numuru, bet otrais nozīmē kolonnas numuru.

```
tresais[2,2]
```

```
## [1] 7
```

Ja kvadrātiskajās iekavās norāda tikai vienu skaitli, bet otra vietu atstāj tukšu, tad attiecīgi tiek atlasīta visa rindiņa, vai arī visa kolonna.

```
tresais[1,]
```

```
## [1]  1  6 11
```

```
tresais[,2]
```

```
## [1]  6  7  8  9 10
```

Elementus no saraksta var atlasīt vairākos veidos, piemēram, rakstot objekta nosaukumu, tad $ zīmi un saraksta elementa nosaukumu. Otrs variants ir izmantot dubultās kvadrātiskās iekavas un norādīt saraksta elementa kārtas numuru.

```
piektais$vekt1
```

```
## [1]  1  5  7  4  8 10
```

```
piektais[[2]]
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    6   11
## [2,]    2    7   12
## [3,]    3    8   13
## [4,]    4    9   14
## [5,]    5   10   15
```

Ar iepriekšējām divām metodēm no saraksta ir iespējams atlasīt tikai visu elementu. Ja ir nepieciešams atlasīt kaut ko no paša saraksta elementa, tad jāizmanto otras kvadrātiskās iekavas.

```
piektais[[2]][1,]
```

```
## [1]  1  6 11
```

No datu tabulas visu kolonnu var atlasīt tās nosaukumu norādot ar $ zīmes vai arī pēdiņās ierakstot kvadrātiskajās iekavās.

```
sestais$pirmais
```

```
## [1]  1  5  7  4  8 10
```

```
sestais["pirmais"]
```

```
##   pirmais
## 1       1
## 2       5
## 3       7
## 4       4
## 5       8
## 6      10
```

Viena elementa atlasīšanai ir jāizmanto tāds pats pieraksts kā matricai - kvadrātiskajās iekavās jānorāda divi skaitļis, kas apzīmē rindiņas un kolonnas numuru.

```
sestais[5,1]
```

```
## [1] 8
```

Viena no programmas R specifikām ir tā, ka datu tabulām esošos kolonnu nosaukumus nav iespējams uzreiz izmantot kā mainīgos. Piemēram, ja uzrakstīsim mainīgo `garums`, kas atrodas pievienotājā datu tabulā `dati`, parādīsies paziņojums, ka tāda mainīgā nav. R ,veidojot datus tabulas un importējot failus ,katru no kolonnām neuztver kā atsevišķu objektu.

```
garums
```

3.2.8 Darba vides sakārtošana

Ja darba sesijā rada dažādus objektus, pievieno daudz paketes, ar laiku var rasties apjukums par to, kādi objekti šobrīd ir aktīvi. Ar funkcijas `ls()` palīdzību, ir iespējams iegūt sarakstu ar visiem objektiem, kas šobrīd ir aktīvi:

```
ls()
```

```
##  [1] "akor"       "apaksa"     "atlikums"   "augi"       "augi2"
##  [6] "augsa"      "cars"       "ceturtais"  "dat"        "dati"
## [11] "dati2"      "dati3"      "dieta"      "i"          "jauns"
## [16] "koki"       "kopa"       "mod"        "mod1"       "mod2"
## [21] "mod3"       "mod4"       "nezales"    "niedr"      "niedr2"
## [26] "niedres"    "otrais"     "par1"       "par2"       "paraug"
## [31] "piektais"   "pirmais"    "pred.esana" "pred.kopa"  "priede"
## [36] "progn"      "robeza"     "rokas"      "septitais"  "sestais"
## [41] "smiltaji"   "starpibas"  "teor.zirni" "tests"      "tresais"
## [46] "veids1"     "veids2"     "veids3"     "vid.rob"    "vid.st"
## [51] "vid1"       "vid2"       "videjie"    "x"          "zirni"
```

Lai kādu no šiem objektiem noņemtu no darba sesijas, jāizmanto funkcija `rm()`, kurai kā arguments jānorāda objekts, kuru vēlaties noņemt no darba sesijas. Šī metode gan attiecas tikai uz tiem objektiem, kurus esat radījuši paši, nevis uz datu tabulām, kas atrodas paketēs.

```
rm(pirmais)
```

Nodaļa 4

Grafiskās iespējas programmā R

Programmā R ir iespējams veidot ļoti augstas kvalitātes grafikus, kuriem ir iespējams definēt jebkuru no interesējošiem parametriem. Grafiku veidošanai ir pieejamas vairākas grafiskās sistēmas, no kurām populārās trīs ir:

- Tradicionālie grafiki (Murrell, 2006)
- Trellis jeb Lattice grafiki (Sarkar, 2008)
- ggplot2 grafiki (Wicham, 2009)

Šajā grāmatā apskatīti tikai tradicionālo grafiku veidošana.

4.1 Pamatgrafiki

Grafikus līdzīgi kā jebkuras citas darbības programmā R veic ar komandu rindām. Ir pieejamas funkcijas, kas izveido jau nodefinētu grafika veidu, vai arī var izveidot grafiku izmantojot atsevišķas funkcijas dažādu parametru definēšanai.

R specifika ir tā, ka, izveidojot grafiku, parādās grafiskais logs, kurā ir attēlots konkrētais grafiks. Ja tiek izsaukta jauna funkcija, kas arī veido grafiku, iepriekšējais grafiks tiek aizstāts. Ja ir nepieciešams, ka uz ekrāna vienlaicīgi ir redzami vairāki grafiki, tad pirms katra jauan grafika ir jāraksta funkcija `windows()` (Windows vidē) vai `quartz()` (MacOS vidē).

Lai veidotu grafiku, ir nepieciešami dati. Šajā nodaļā kā piemērs izmantots datu fails `niedres.txt`, kas satur informāciju par 50 niedru lapu garumu un platumu. Ar funkciju `read.table()` fails tiek importēts, pēc tam funkciju `str()` apskatīta tā struktūra.

```
niedres<-read.table(file="niedres.txt",header=T,sep="\t",dec=".")
str(niedres)
```

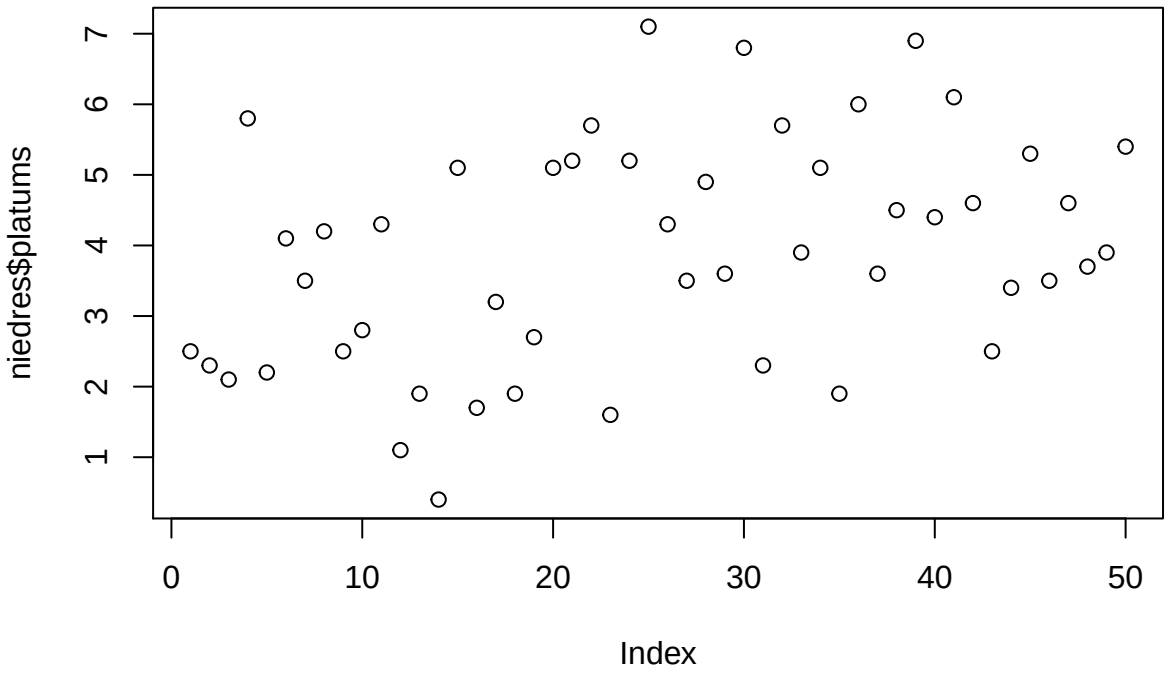
```
## 'data.frame':    50 obs. of  2 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
```

4.1.1 plot()

Visbiežāk pielietotā funkcija grafiku veidošanai ir `plot()`. Ja šajā funkcijā norāda vienu vai divas skaitļu rindas, tad tā veido izkliedes grafiku (scatterplot) (4.1 attēls). Šai funkcijai ir iespējams norādīt ļoti daudz

papildus argumentus, kas maina izveidoto grafiku. Turklāt liekot šajā funkcijā atšķirīgus datus objektu, var iegūt ļoti atšķirīgu rezultātu.

```
plot(niedres$platums)
```



Att. 4.1: Izkliedes grafika piemērs

4.1.2 boxplot()

Funkcija `boxplot()` izveido Box-plot grafiku (4.2 attēls). Šai funkcijai var norādīt vienu datu rindu, kas satur skaitļus, vai arī divas datu rindas, kur vienā ir skaiļi, bet otrā ir apzīmējumi dalījuma līmeņiem. Otrajā gadījumā attsevišķš Box-plot grafiks tiks izveidots katram no dalījuma līmeņiem.

```
boxplot(niedres$platums)
```

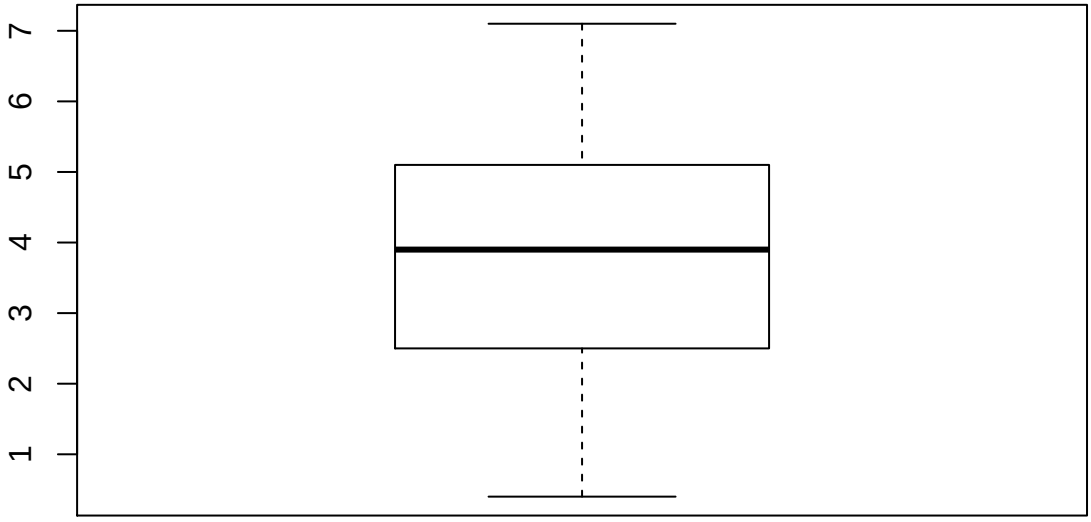
4.1.3 hist()

Ar funkcijas `hist()` palīdzību ir iespējams izveidot histogrammu datiem, kas vēl nav sagarupēti klasēs (izejas datiem) (4.3 attēls). Šajā funkcijā ir jānorāda tikai viena datu rinda, kuru ir nepieciešams attēlot. Ar papildus argumentiem ir iespējams mainīt to, cik daļās dati tiek dalīti.

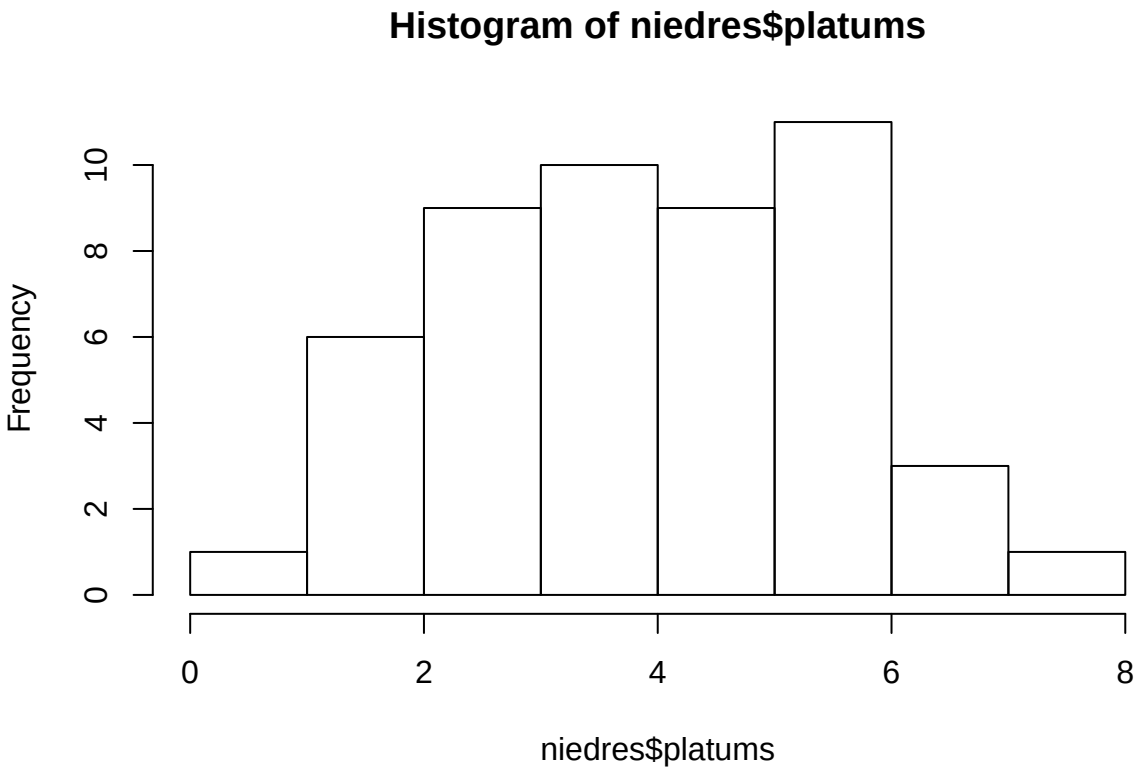
```
hist(niedres$platums)
```

4.1.4 barplot()

Funkcija `barplot()` veido slokšņu jeb stabiņu grafiku (4.4 attēls). Šī funkcija ir īpaši noderīga gadījumā, ja dati jau ir apkopoti pa klasēm, jo funkcija attēlo datus tādā veidā kā tie norādīti mainīgajā.

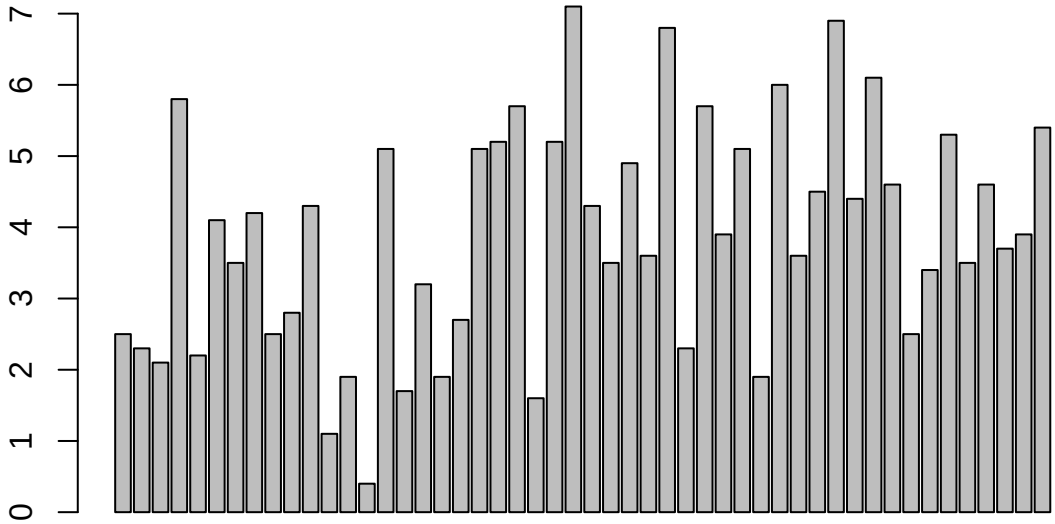


Att. 4.2: Box-plot grafika piemērs



Att. 4.3: Histogrammas piemērs

```
barplot(niedres$platums)
```



Att. 4.4: Slokšņu/stabiņu grafika piemērs

4.2 Dati grafiku veidošanai

Lai veidotu grafikus, esošos datus no gatavām datu tabulām nav jāsaglabā kā atsevišķus mainīgos -tos uzreiz var izmantot grafiku veidošanai. Ir vismaz trīs dažādi veidi kā norādīt attēlojamos mainīgos: (a) norādot pilnu datu objektu nosaukumu un tad kolonnas nosaukumu, kuru vēlas attēlot; (b) grafika veidošanas funkciju likt kā argumentu funkcijai `with()`. Visos šajos gadījumos izveidosies līdzīgs attēls (4.1 attēls), var atšķirties tikai paraksti zem asīm.

```
plot(niedres$platums)
with(niedres,plot(platums))
```

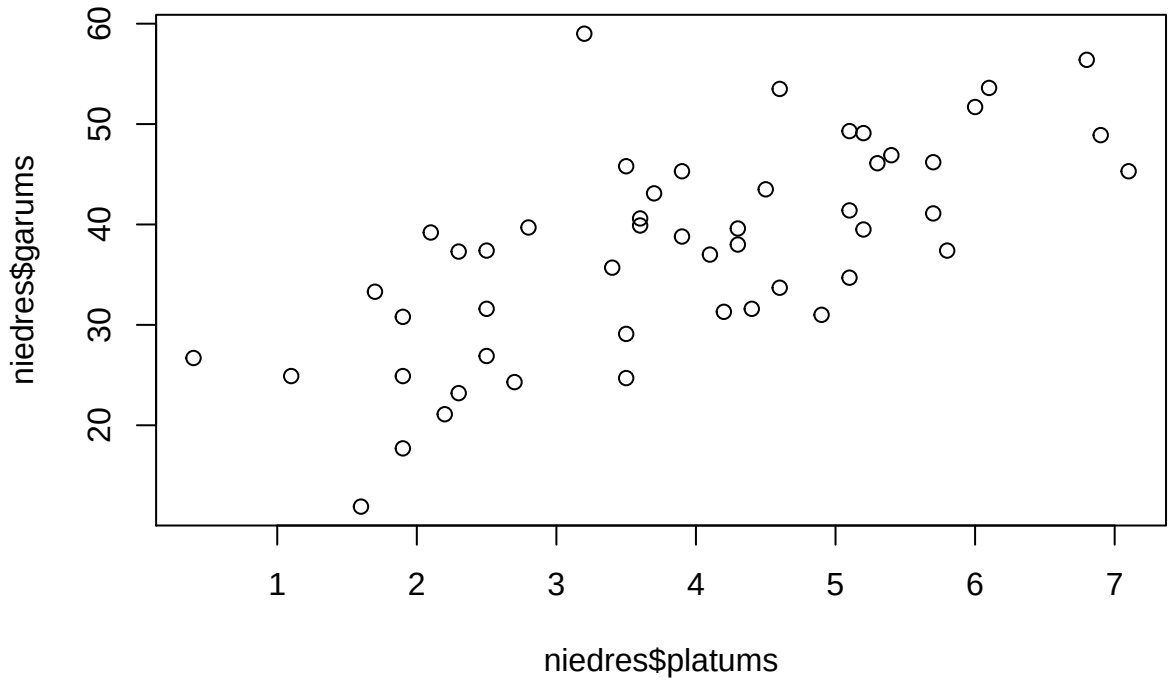
Ja ir nepieciešams uz x un y ass attēlot divu mainīgo datus, tad ir divi iespējamie risinājumi: (a) kā pirmo argumentu raksta uz x ass attēlojamo mainīgo, tad komats un uz y ass attēlojamais mainīgais; (b) kā pirmo raksta uz y ass attēlojamo mainīgo, tad tildes zīme ~ un uz x ass attēlojamais mainīgais. Abi varianti izveido identisku grafiku (4.6 attēls).

```
plot(niedres$platums,niedres$garums)
```

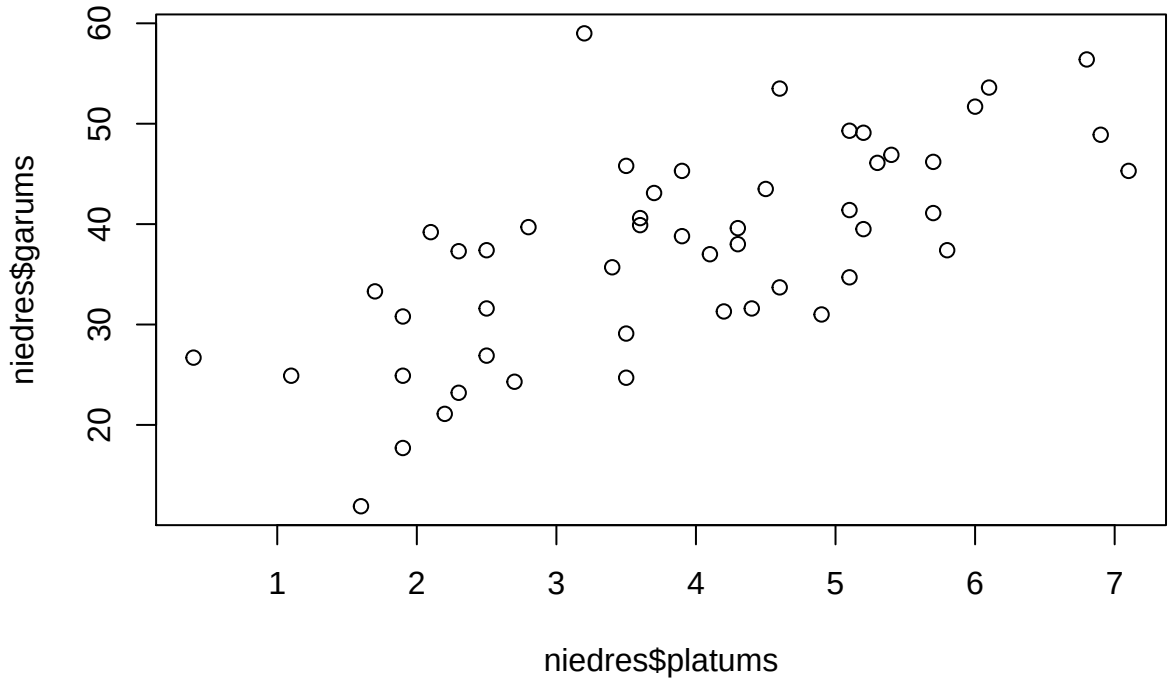
```
plot(niedres$garums~niedres$platums)
```

4.3 Grafiku parametru noteikšana

Programmā R grafikiem mainīt paramtrus var divos veidos – izmantojot speciālu funkciju `par()` vai arī rakstot argumentus iekavās pie citām grafiku veidošanas funkcijām. Funkciju `par()` lieto, lai noteiktu parametrus, kas ietekmē visus turpmākos grafikus, kāmēr konkrētais grafiskais ekrāns vai vide ir atvērta. Šī funkcija ir jāizsauc kā pirmā pirms grafika veidošanas funkcijas izsaukšanas. Daļu no parametriem var noteikt tikai kopā ar funkciju `par()`.



Att. 4.5: Grafiks ar diviem mainīgajiem



Att. 4.6: Grafiks ar diviem mainīgajiem

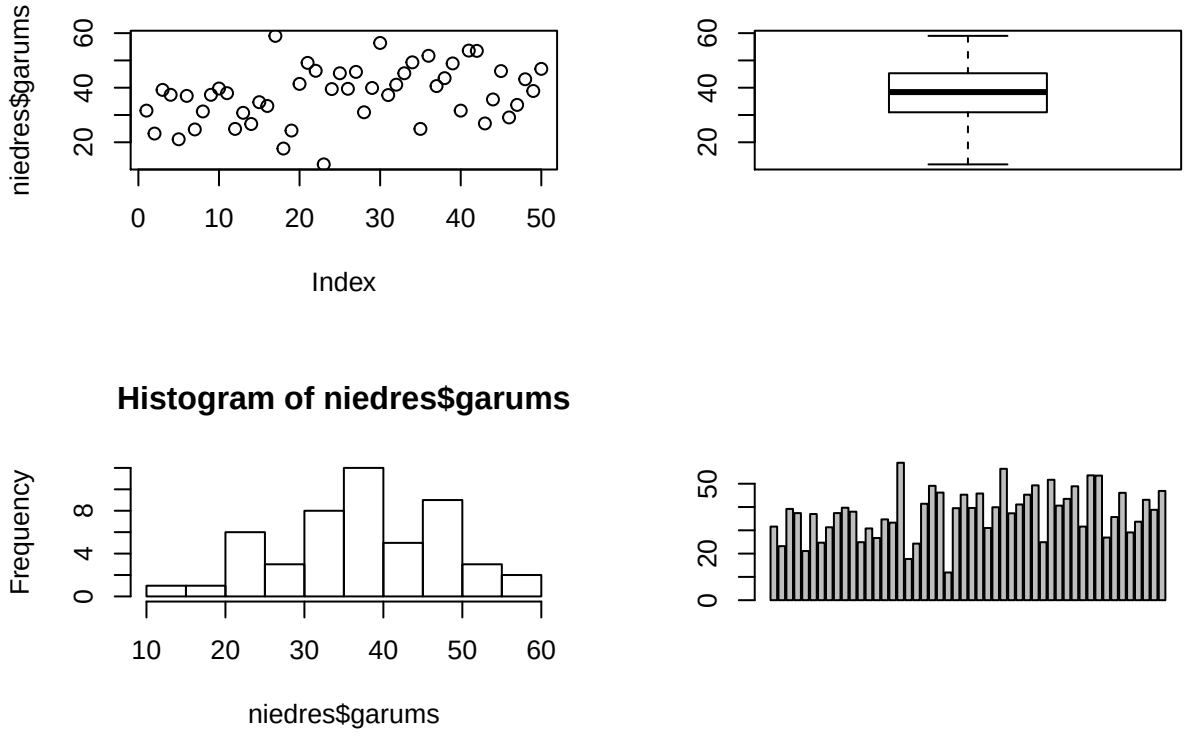
4.3.1 Grafiku izvietojums lapā

R piedāvā iespēju izvietot vienā lapā vairākus attēlus, kas tiek panākts izmantojot argumentus `mfrow=`, `mfcol` kopā ar funkciju `par()`, vai arī izmantojot unkciju `layout()`. Visi šie argumenti vai funkcija ir jānodefinē pirms grafiku funkcijām, kā arī jāņem vērā tas, ka šīs funkcijas zaudē spēku, ja tiek izmantota funkcija `dev.off()` vai arī grafiku logs tiek aizvērts.

Argumenti `mfrow=` un `mfcol=` tiek izmantoti kopā ar funkciju `par()`, pēc sekojoša principa `par(mfrow=c(rinduskaits,kolonn`
`mfrow=` un `mfcol=` atšķirība ir tā, ka pirmajā gadījumā grafiki tiek aizpildīta pēc rindu principa (pirmā rinda, tad otrā rinda), bet otrajā gadījumā aizpilda pēc kolonnu principa (pirmā kolonna, tad otrā kolonna).

Funkcija `layout()` strādā pēc līdzīga principa (4.7 attēls), tikai šajā gadījumā ir iespējams nodefinēt kādā secībā grafiki izvietosies – secīgi vai jauktā veidā, kā arī ar šo funkciju iespējams nodefinēt arī izmērus katram no atsevišķajiem grafikiem. Zemāk minētajā piemērā visas trīs pirmās rindas dod vienādu rezultātu (reāli jāizmanto tikai viena).

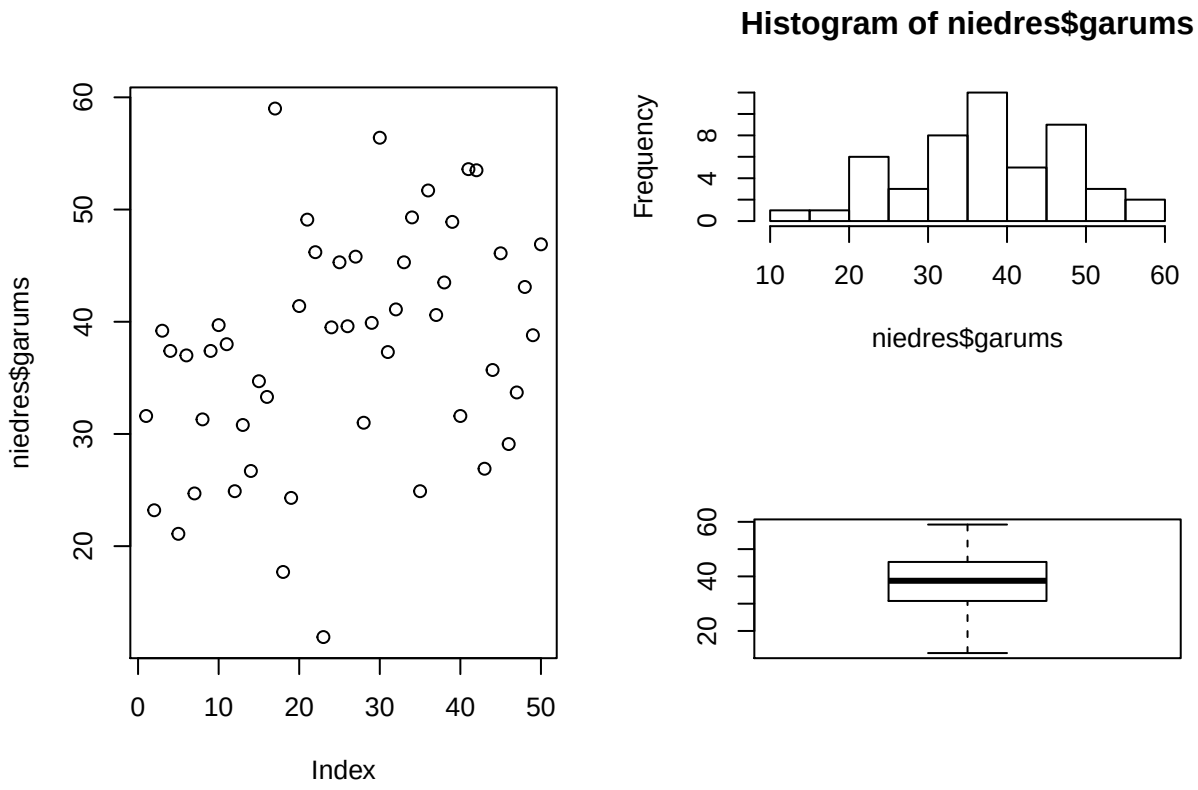
```
par(mfrow=c(2,2))
par(mfcol=c(2,2))
layout(matrix(c(1,2,3,4),ncol=2))
plot(niedres$garums)
hist(niedres$garums)
boxplot(niedres$garums)
barplot(niedres$garums)
```



Att. 4.7: Vairāku grafiku izvietojums vienā lapā

Ja funkcijā `layout()` kāds no skaitļiem tiek atkārtots, tad grafiks tiks izvietot nevis vienā "rūtiņā", bet gan divās, kāmēr pārējie grafiki izvietosies vienā rūtiņā (4.8 attēls).

```
layout(matrix(c(1,1,2,3),ncol=2))
plot(niedres$garums)
hist(niedres$garums)
boxplot(niedres$garums)
```



Att. 4.8: Vairāku grafiku izvietojums vienā lapā

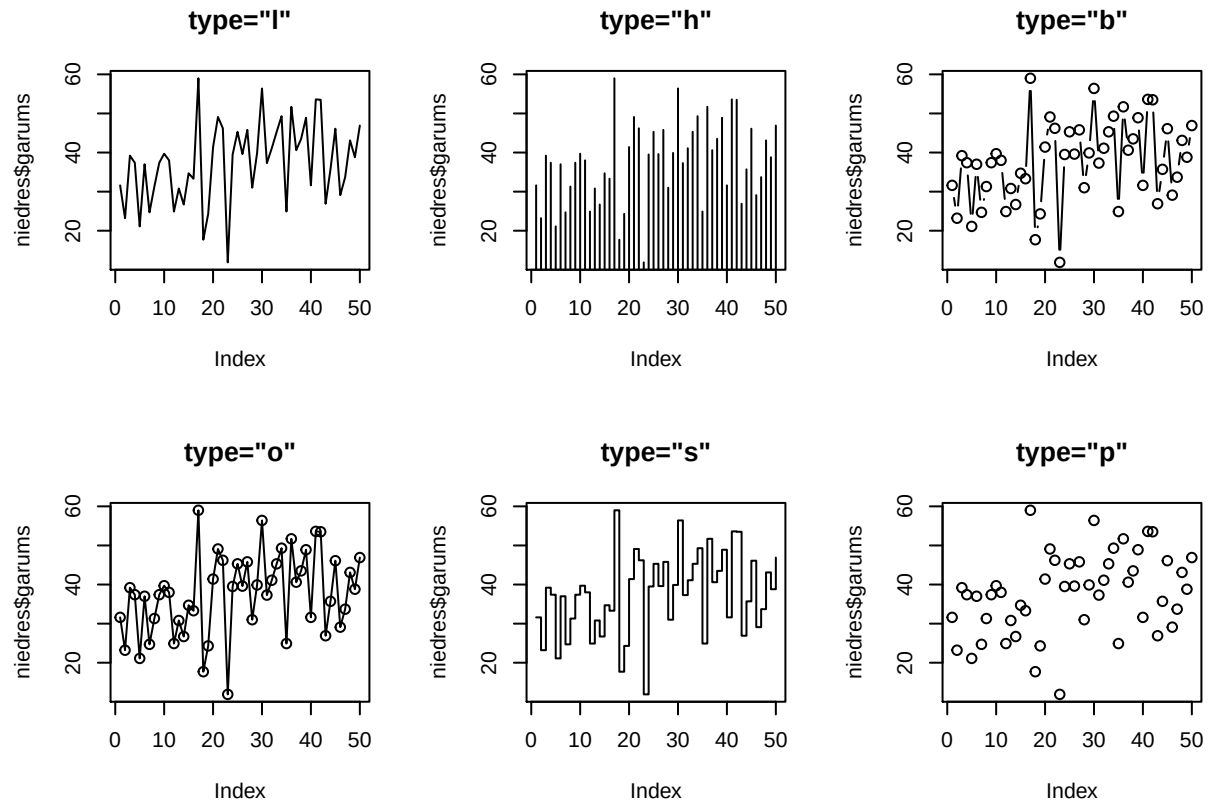
4.3.2 plot() grafiku tipi

Pēc noklusējuma funkcija `plot()` veido izkliedes grafiku, bet to ir iespējams mainīt norādot papildus argumentu `type=` iekavās pie šīs funkcijas. Rezultātā var iegūt sešus dažādus grafiku veidus (4.9 attēls).

```
par(mfrow=c(2,3))
plot(niedres$garums,type="l",main="type=\"l\"")
plot(niedres$garums,type="h",main="type=\"h\"")
plot(niedres$garums,type="b",main="type=\"b\"")
plot(niedres$garums,type="o",main="type=\"o\"")
plot(niedres$garums,type="s",main="type=\"s\"")
plot(niedres$garums,type="p",main="type=\"p\"")
```

4.3.3 Līniju parametri

Līnijām, kas tiek attēlotas grafikos, ir iespējams nodefinēt vairākus parametrus. Tas tiek panākts ar atsevišķiem argumentiem, kurus lieto kopā ar funkcijām grafika izveidošanai. Pirmais no parametriem, kuru var



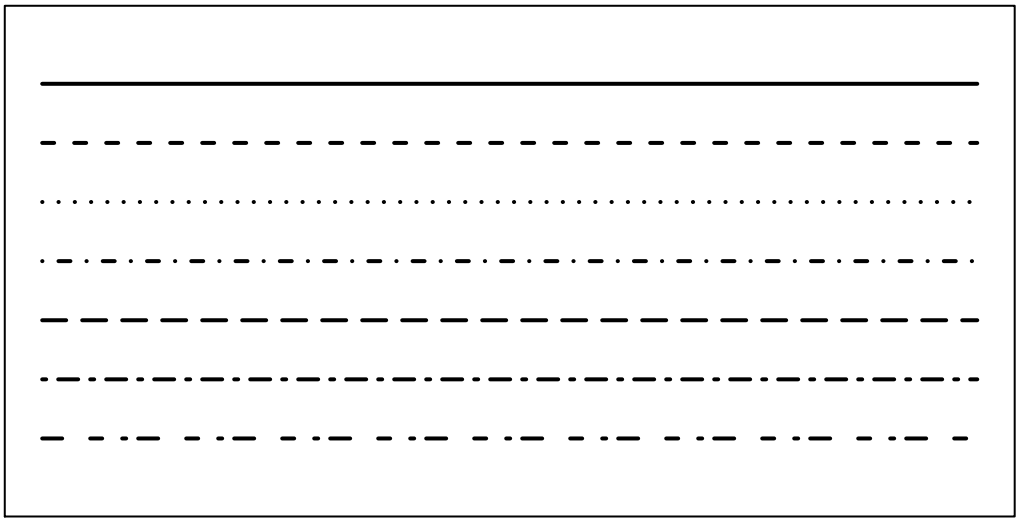
Att. 4.9: Funkcijas plot() grafiku veidi

mainīt, ir līnijas veids. To dara ar argumentu `lty=`, norādot skaitli no 0 līdz 6 (bez pēdiņām), vai arī lietojot līnijas veida anglisko nosaukumu (attiecīgi "blank","solid", "dashed", "dotted", "dotdash", "longdash", "twodash"). Ir iespējams nodefinēt arī savu līnijas veidu - pēdiņās aiz `lty=` jāraksta skaitļi, kur attiecīgi pirmais skaitlis apzīmē līnijas garumu un otrais skaitlis atstarpes garumu (4.10 attēls). Šaja piemērā funkcija `lines()` tiek izmantota, lai grafikam pievienotu papildus līnijas. Funkcija ir lietojama tikai tad, ja pamatgrafiks jau ir izveidots.

```
x<-rep(10,10)
plot(x,type="l",lty=1,ylim=c(3,11),axes=F,ann=F,lwd=2)
lines(x-1,lty=2,lwd=2)
lines(x-2,lty=3,lwd=2)
lines(x-3,lty=4,lwd=2)
lines(x-4,lty=5,lwd=2)
lines(x-5,lty=6,lwd=2)
lines(x-6,lty="664422",lwd=2)
box()
```

Lai noteiktu līniju platumu, lieto argumentu `lwd=`, norādot līnijas biezumu kā skaitli. Līnijas platums būs atkarīgs no tā, kur grafiks tiks attēlots, tas ir, ja grafiku apskatīsies uz ekrāna vai eksportēsiet kā failu, līniju platums var atšķirties.

Ar argumentu `lend=` nosaka kāds būs līnijas nobeigums: apaļš (`"round"`) vai taisns (`"square"`" vai `"butt"`). Arguments `ljoin=` nosaka kādā veidā līnijas savienojas savā starpā (ja ir lauzta līnija). Savienojums var būt punktveida (`"mitre"`), apaļš (`"round"`) un ass leņķis (`"bevel"`). Attēlā 4.11 var sekot tam, kā mainās līnijas izskats, mainot dažādus tās parametrus (platumu, veidu, savienojumu vietas).



Att. 4.10: Iespējamie līniju tipi grafikos

```
layout(matrix(c(1,3,5,2,4,5),ncol=2))
plot(niedres$garums,type="l")
plot(niedres$garums,type="l",lty=4)
plot(niedres$garums,type="l",lty=4,lwd=12)
plot(niedres$garums,type="l",lty=4,lwd=12,lend="butt")
plot(niedres$garums,type="l",lty=4,lwd=12,lend="butt",ljoin="bevel")
```

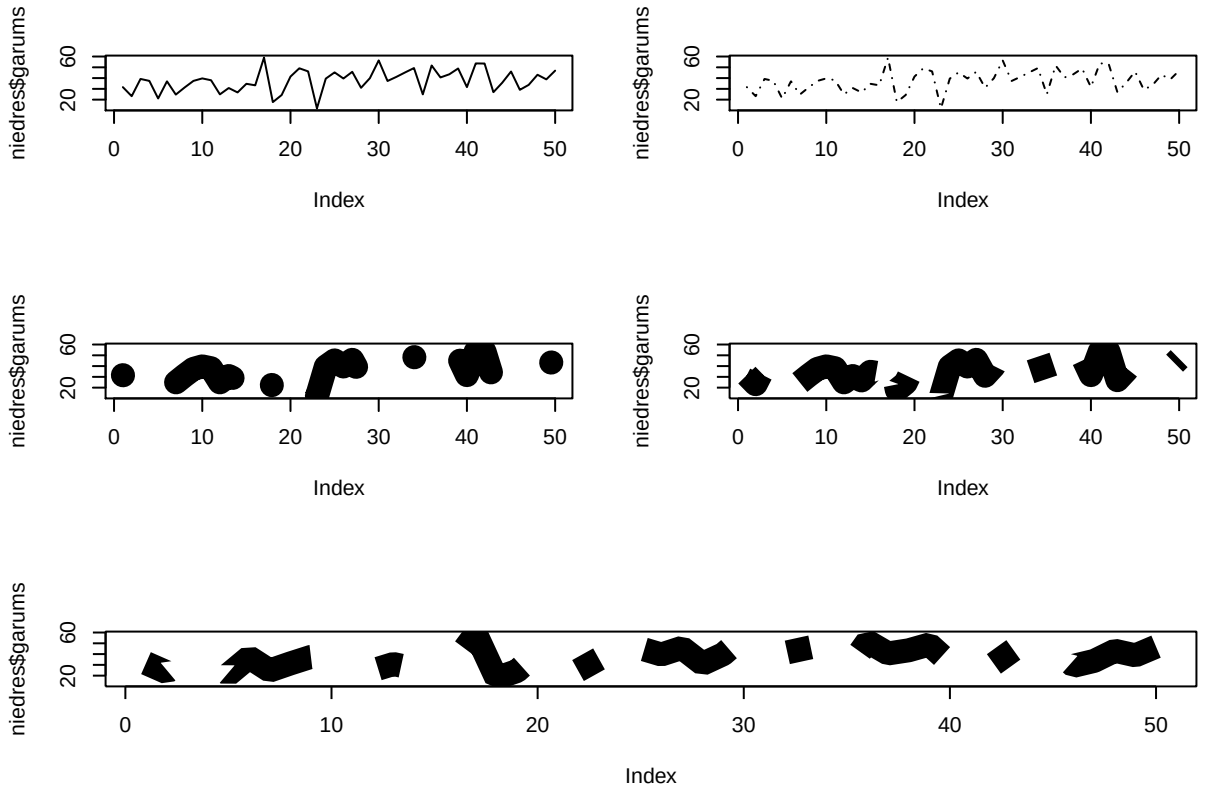
4.3.4 Simbolu veidi

Tradicionālajiem grafikiem ir pieejami 26 iepriekš nodefinēti simbolu veidi datu attēlošanai, kurus var mainīt izmantojot argumentu `pch=` un norādot skaitli no 0 līdz 25 (4.12 attēls). Papildus ir iespējams norādīt arī burtus vai citus simbolus, tos liekot pēdiņās aiz argumenta `pch=`.

```
par(mar=c(2,2,1,1))
layout(matrix(1:9,ncol=3))
x<-rnorm(10)
plot(x,ann=F)
plot(x,pch=0,ann=F)
plot(x,pch=5,ann=F)
plot(x,pch=8,ann=F)
plot(x,pch=12,ann=F)
plot(x,pch=17,ann=F)
plot(x,pch=23,ann=F)
plot(x,pch=".",ann=F)
plot(x,pch="A",ann=F)
```

4.3.5 Virsraksti un teksti pie asīm

Virsrakstus un tekstus pie asīm var noteikt gan ar argumentiem, gan ar atsevišķām funkcijām. Kā argumenti (piemēram, funkcijai `plot()`) nāk `xlab=` (izveido parakstu zem x ass), `ylab=` (izveido parakstu zem y ass) un `main=` (izveido virsrakstu), aiz vienādības zīmes pēdiņās rakstot atbilstošo tekstu (4.13 attēls).



Att. 4.11: Līnijas izmaiņas, mainot dažādus parametrus

```
plot(niedres$garums,main="Parasta niedre",xlab="Kartas skaitlis",
     ylab="Lapas garums (cm)")
```

Lai varētu ietekmēt vairāk parametrus, tekstus var norādīt arī ar atsevišķām funkcijām, bet šajā gadījumā, piemēram, pie `plot()` funkcijas jānorāda arguments `ann=FALSE`, lai programma pati neveidotu parakstus zem asīm.

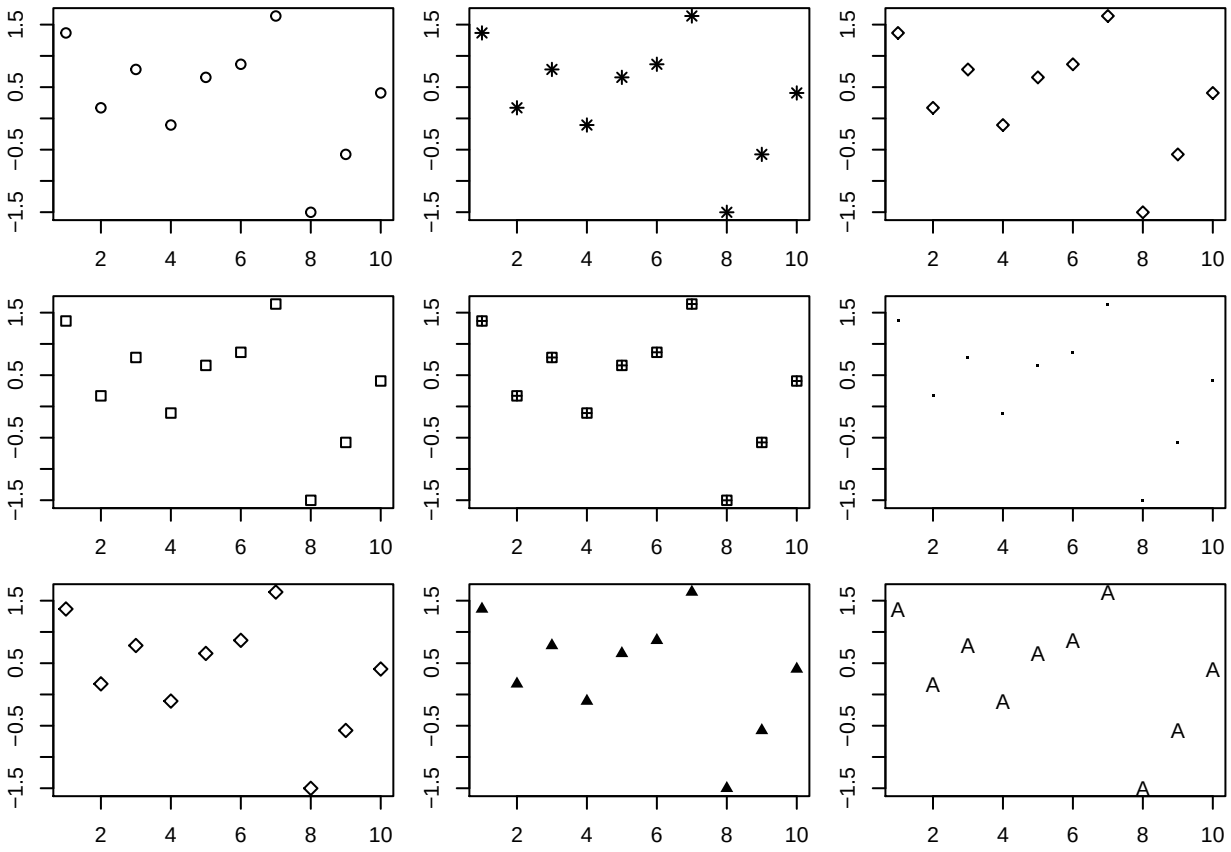
Virsrakstu definē ar funkciju `title()`, kur pēdiņās raksta nepieciešamo tekstu.

Vispārīgā gadījumā tekstus pie asīm nosaka ar funkciju `mtext("ko gribam redzēt", side=kurā.pusē, line=kurā.līnijā)`. Izvietojums (puse) atbilst asu izvietojumam (1 - x ass, 2 - y ass, 3 - augšējā ass, 4 - otrā y ass), teksta līnijas rēķina attiecībā pret asīm, tas ir, ja norādīs `line=1`, tad teksts būs pie pašas ass un, jo lielāks skaitlis, jo tālāk no ass atradīsies teksts (4.14 attēls).

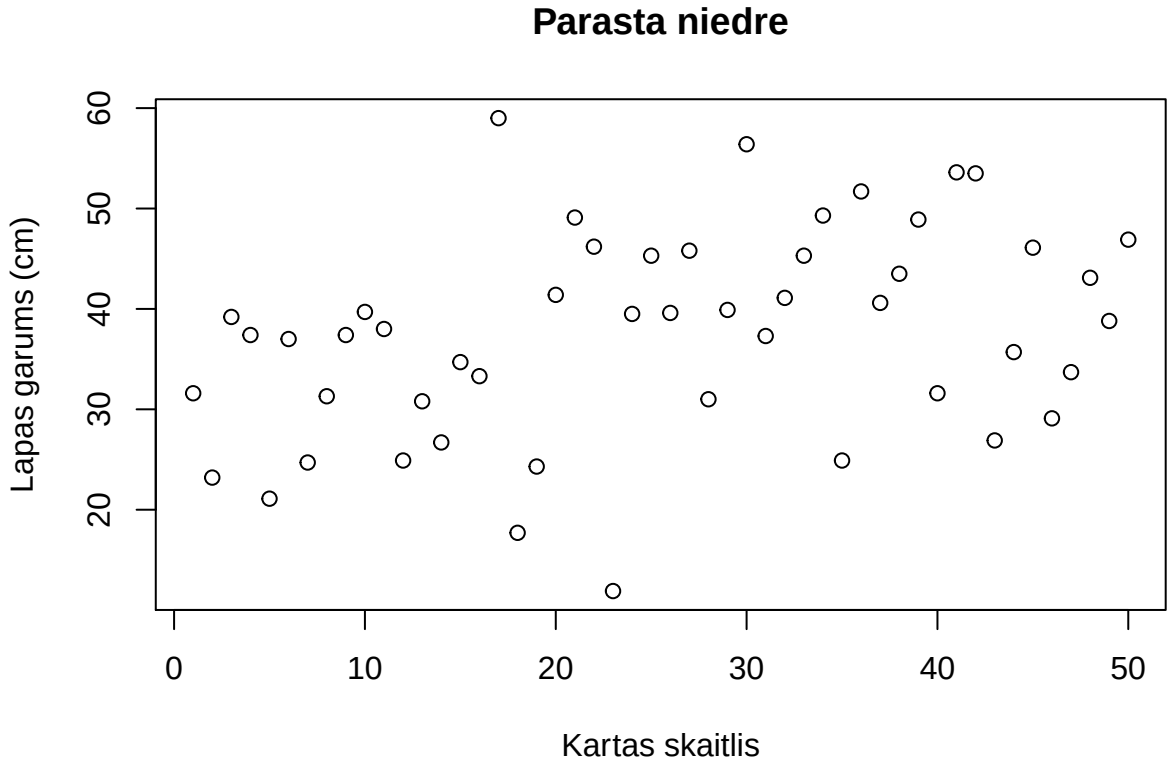
```
plot(niedres$garums,ann=FALSE)
title("Parasta niedre")
mtext("Kartas skaitlis",side=1,line=1)
mtext("Lapas garums (cm)",side=2,line=3)
```

4.3.6 Teksts grafika iekšienē

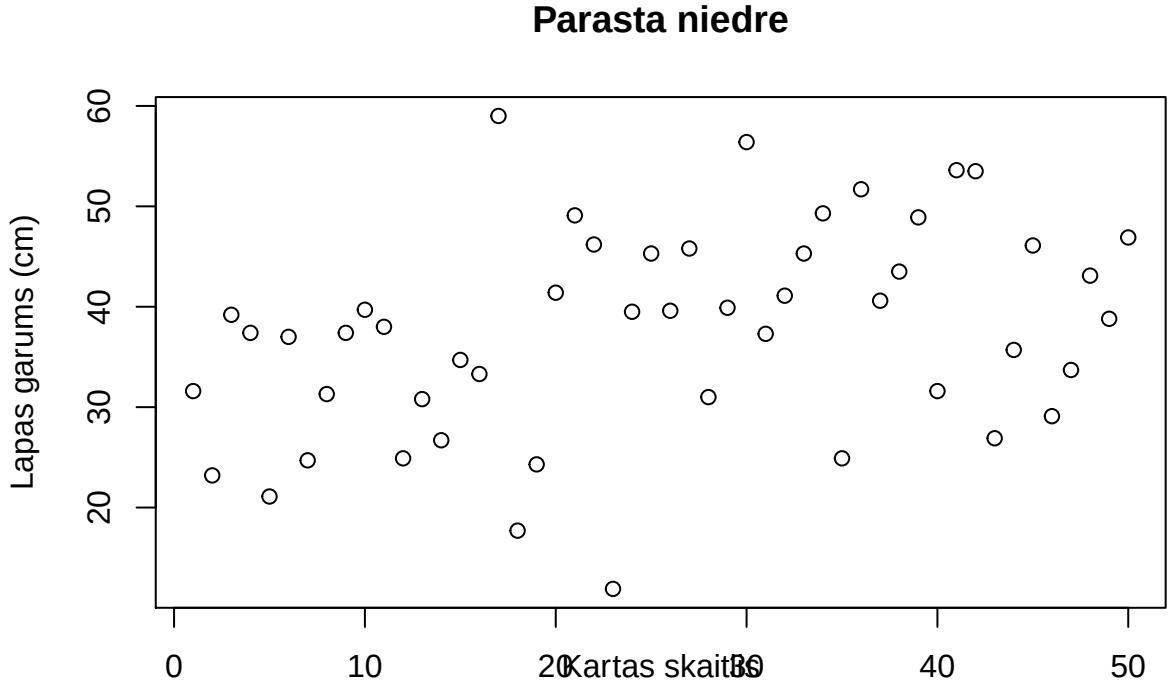
a nepieciešams izvietot tekstu grafika iekšienē, ir jāizmanto funkcija `text()`. Šai funkcijai kā argumentus jānorāda x un y koordinātes (atbilstoši asu skalām), kur jānovieto teksts un jānorāda pats teksts, kuru vēlas ievietot. Ir jāņem vērā, ka pēc noklusējuma teksts tiks izveitots tā, ka norādītās koordinātes ir teksts



Att. 4.12: Simbolu veidi



Att. 4.13: Grafiks, kuram teksti definēti kā argumenti

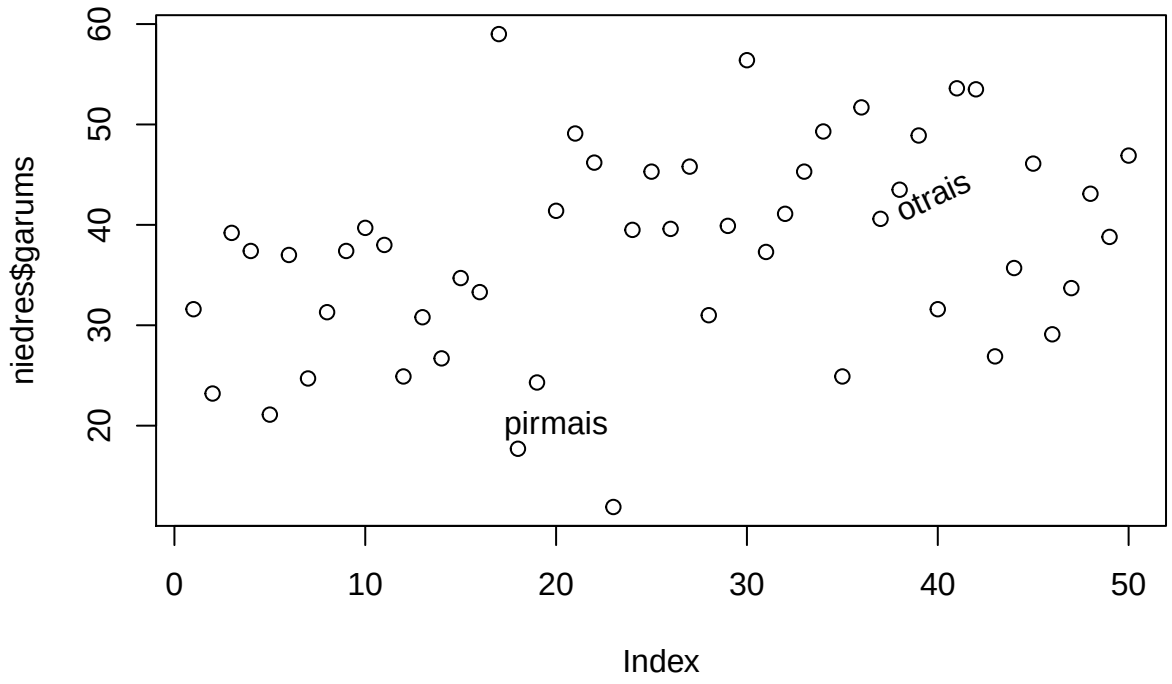


Att. 4.14: Grafiks, kuram teksti definēti kā atsevišķas funkcijas

viduspunkts. Lai to mainītu, ir jānorāda papildus arguments `pos=` ar iespējamām vērtībām: 1 - teksts atrodas zem šī punkta; 2 - teksts atrodas pa kreisi no šī punkta; 3 - teksts atrodas virs šī punkta; 4 - teksts atrodas pa labi no šī punkta. Ja tekstam vajag mainīt orientāciju (lai tas nebūtu novietots horizontāli), jāizmanto papildus arguments `srt=`, kuram jānorāda teksta novietojums grādos.

Piemērā grafikā (4.15 attēls) ir izvietoti divi uzraksti: `"pirmais"` - bez papildus argumentiem; `"otrais"` - novietots virs koordinašu punkta un 25 grādu slīpumā.

```
plot(niedres$garums)
text(20,20,"pirmais")
text(40,40,"otrais",pos=3,srt=25)
```



Att. 4.15: Tekstu novietojuma piemērs

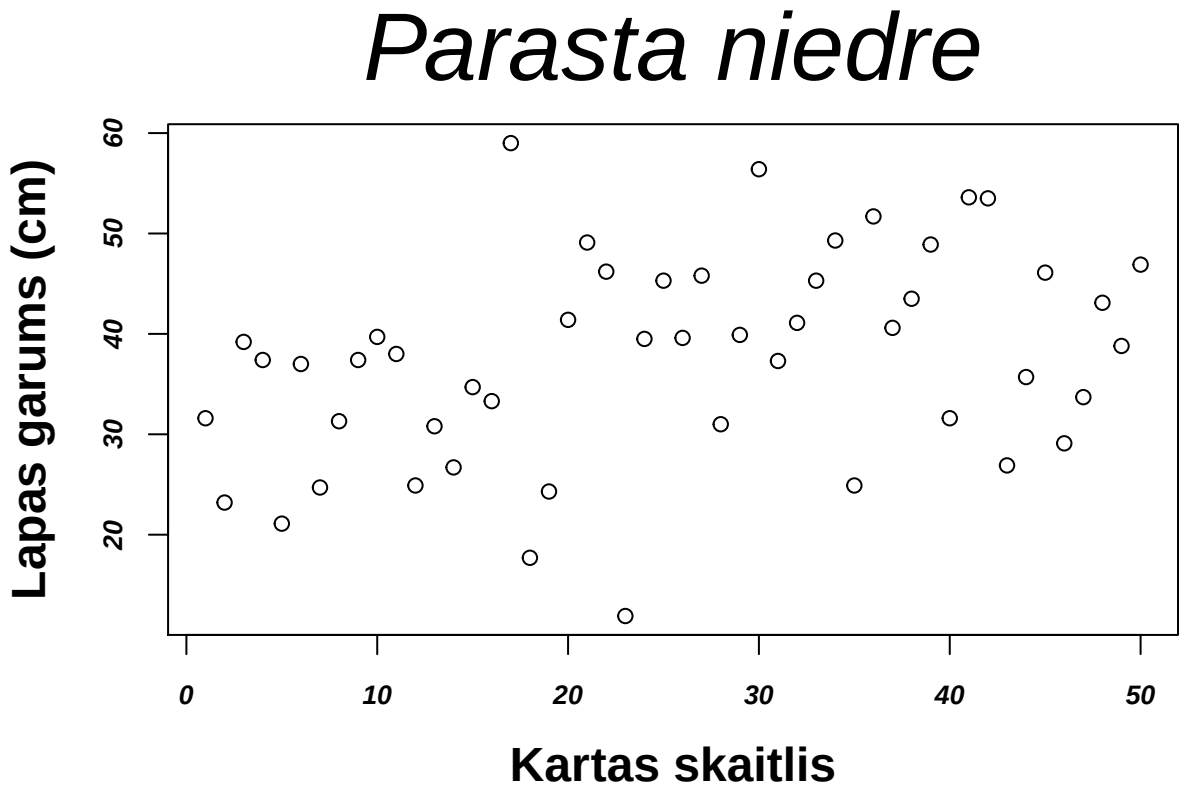
4.3.7 Tekstu parametri

Tekstam var definēt dažādus parametrus, no kuriem svarīgākie būtu fonts, fontu grupa un burtu izmērs. Nosakot fontu, jānosaka kādai fontu grupai tas piederēs ar argumentu `family=`. Fontu grupas ir, piemēram, `"mono"`, `"serif"`, `"sans"`. Fontu tipu nosaka ar argumentu `font=` ar iespējamo vērību no 1 līdz 5, kur 1 apzīmē parastus burtus, 2 - bold, 3 - italic, 4 – bold italic un 5 - simboli. Argumentu `family=` var lietot tikai kopā ar funkciju `par()`, bet `font=` var izmantot kopā arī ar citām funkcijām. Lai definētu fonta tipu asīm, asu parakstiem un virsrakstiem, attiecīgi var lietot argumentus `font.axis=`, `font.lab=` un `font.main=`.

Burtu izmēru var noteikt ar diviem argmentiem `ps=` un `cex=`. Arguments `ps=` nosaka absolūto burtu izmēru punktos. `cex=` nosaka relatīvo burtu izmēru, piemēram, `cex=1.5` nozīmēs, ka burtiem ir jābūt 1.5 reizes lielākiem nekā ir standarta izmēra burti. `ps=` lieto tikai kopā ar `par()`, bet `cex=` var izmantot kopā arī ar citām funkcijām. `cex.axis=`, `cex.lab=` un `cex.main=` attiecīgi izmanto, lai apzīmētu asu simbolu, asu parakstu un virsrakstu relatīvo izmēru.

Piemērā (4.16 attēls) ir izmainīti izmēri virsrakstiem, parakstiem un skaitļiem pie asīm, kā arī katram no šiem parametriem ir izmantots cits fonta tips.

```
plot(niedres$garums,main="Parasta niedre",xlab="Kartas skaitlis",
     ylab="Lapas garums (cm)",cex.main=3,cex.lab=1.5,cex.axis=0.8,
     font.main=3,font.axis=4,font.lab=2)
```



Att. 4.16: Teksta parametru izmaiņas

4.3.8 Asis

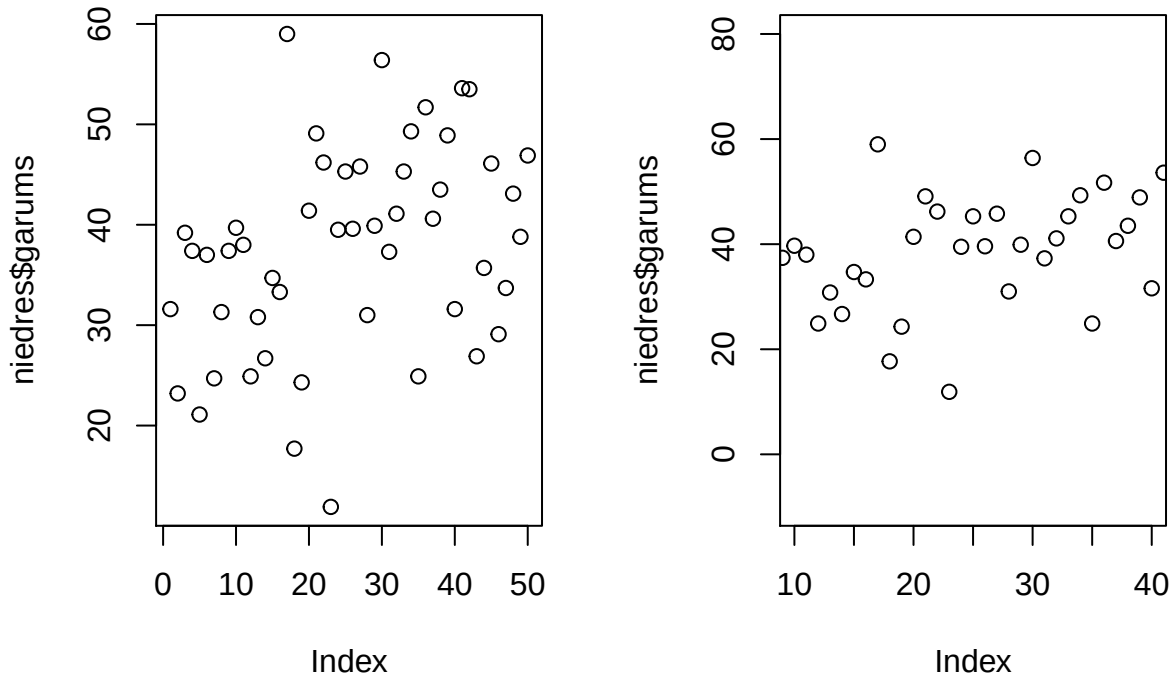
Ja ir nepieciešams noteikt asu garumu (to ierobežojot kādā intervālā, vai arī tieši otrādi - padarot asi garāku, nekā tā tiek automātiski veidota) (4.17 attēls), var izmantot argumentus `xlim=` un `ylim=`, ko lieto, piemēram, ar funkciju `plot()`. Abiem argumentiem pieraksts ir vienāds `xlim=c(sākuma.vērtība,beigu.vērtība)`.

```
par(mfcol=c(1,2))
plot(niedres$garums)
plot(niedres$garums,xlim=c(10,40),ylim=c(-10,80))
```

Ja grib ietekmēt vairākus ass parametrus, tad jāizmanto funkcija `axis()`, bet pirms tam, piemēram, kā arguments pie `plot()`, jāraksta `axes=FALSE`, lai programma automātiski pati neveidotu asis. Funkcijas pieraksts ir `axis(kura.ass, at=seq(sākuma.vērtība,beigu.vērtība,intervāls), labels=c(ko.attēlot))`.

Asu numerācija ir sekojošā: apakšējā ir 1, kreisā ir 2, augšējā 3 un labā ir 4. Ja argumentu `labels=` nenorāda, tad tiek attēloti tie paši skaitļi, kas ir pie argumenta `at=`. Ar argumentu `las=` var mainīt skaitļu/tekstu novietojumu pie ass, kur 0 nozīmē parallēls asij, 1 - horizontāls, 2 - perpendikulārs asij, 3 - vertikāls.

Piemērā (4.18 attēls) x asij nodefinēts, ka skaitļiem pie ass jābūt no 0 ik pēc 15, toties y asij pie skaitļiem 20, 40 un 60 ir jāparādas tekstam, nevis skaitļiem.



Att. 4.17: Asu garuma izmaiņu piemērs

```
par(mfcol=c(1,2))
plot(niedres$garums)
plot(niedres$garums,axes=FALSE)
axis(1,at=seq(0,50,15),las=2)
axis(2,at=c(20,40,60),labels=c("aa","bb","cc"),las=1)
box()
```

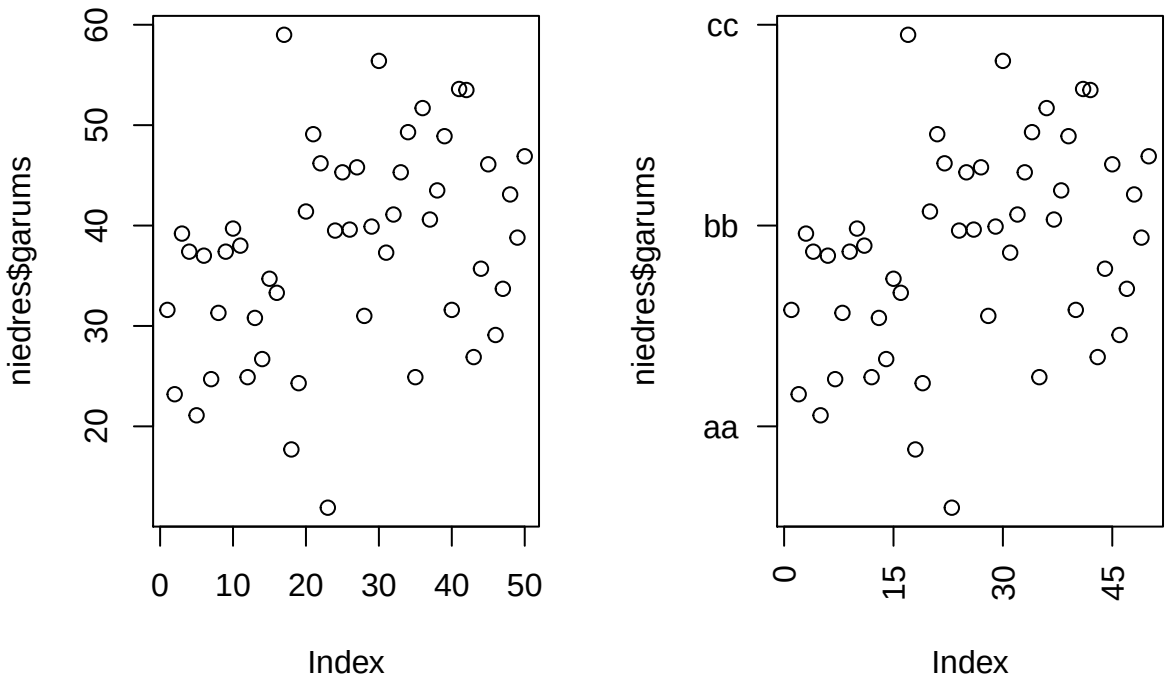
4.3.9 Divas y asis

Lai arī daļa speciālistu atzīst, ka grafiki ar y asīm nav labi, reizēm tādus ir nepieciešamas izveidot. Pirmkārt, ar funkciju `par()` un argumentu `mar=` jāizmaina malu izmēri, lai otrai y asij būtu vietas. Pēc tam jāuzzīmē pamatgrafiks, aiz kura nāk funkcija `par(new=TRUE)`, kas ļauj pa "virsu" zīmēt otru grafiku. Otrajam grafikam jālieto argumenti `axes=FALSE` un `ann=FALSE`, lai apzīmējumi nepārklātos. Tālāk jau ar funkcijām `axis()` un `mtext()` iegūst vēlamos apzīmējumus pie atbilstošās ass (4.19 attēls).

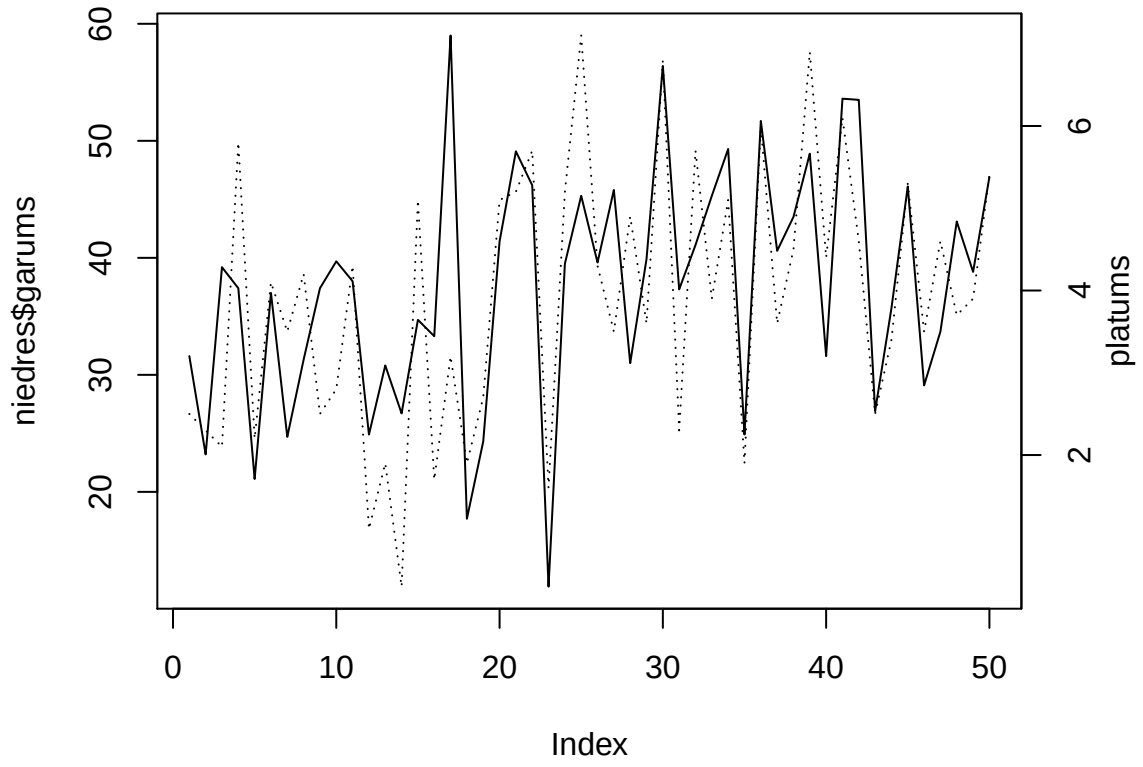
```
par(mar=c(5,5,2,5))
plot(niedres$garums,type="l")
par(new=TRUE)
plot(niedres$platums,type="l",lty=3,axes=FALSE,ann=FALSE)
axis(4,at=seq(0,8,2))
mtext(side=4,line=2,"platums")
```

4.3.10 Krāsas

Ir iespējams mainīt krāsas visām grafika sastāvdaļām, izmantojot dažādus argumentus (4.20 attēls). Šos argumentus var rakstīt kā daļu no funkcijas `par()` un šajā gadījumā krāsas būs noteiktas visiem grafikiem, vai



Att. 4.18: Asu definēšanas piemērs

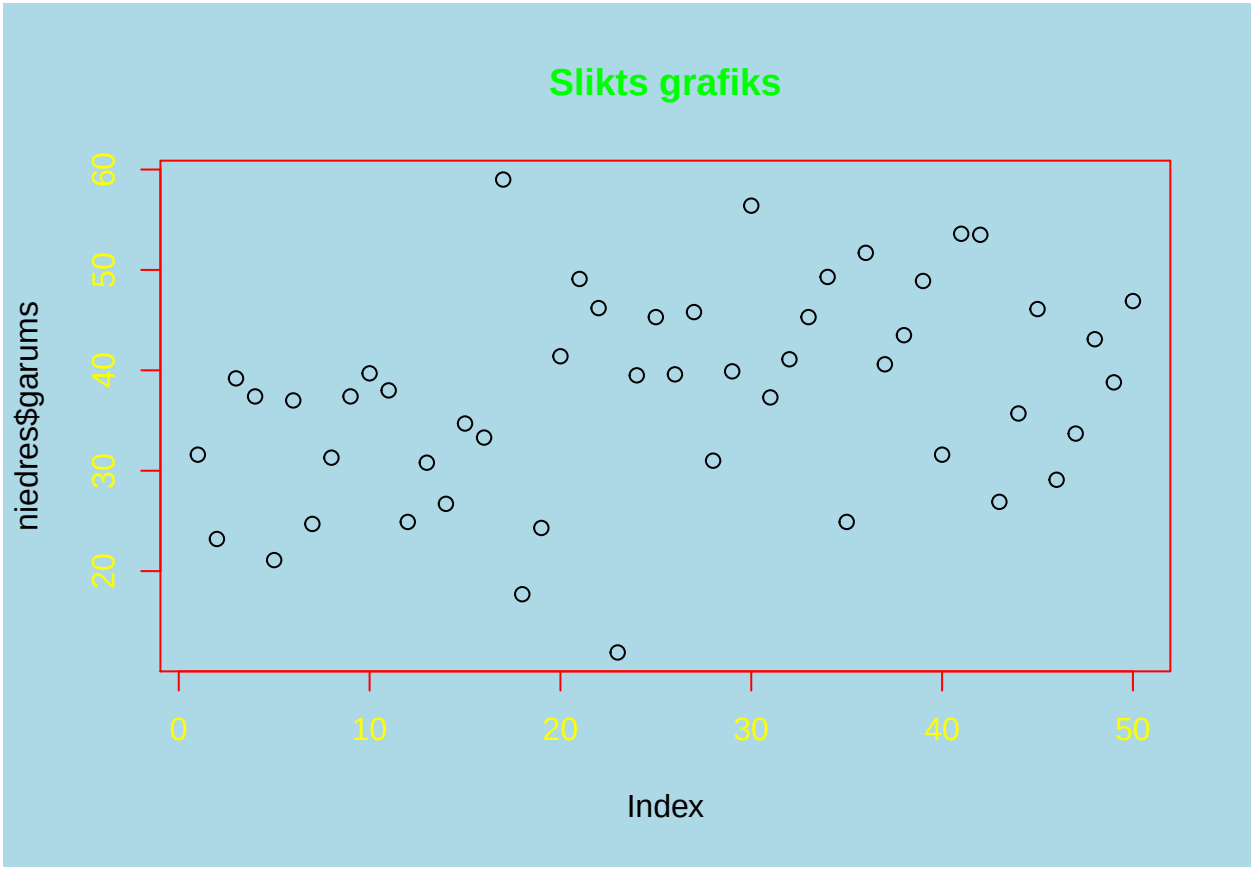


Att. 4.19: Grafiks ar divām y asīm

arī lietot kā daļu, piemēram, no funkcijas `plot()` un šajā gadījumā krāsas mainīsies tikai konkrētajam grafikam. Vieglākais veids kā apzīmēt krāsu, ir lietot tās anglisko nosaukumu, piemēram, `"red"` vai `"darkgreen"`. Lai redzētu visu pieejamo krāsu nosaukumus, jāraksta komanda `colors()`.

Pamatā ir trīs argumenti krāsu maiņai: `col=`, `bg=` un `fg=`. `col="krāsas.nosaukums"` ir visbiežāk lietotais krāsas parametrs, ar kuru pārsvarā tiek noteikta datu simbolu, līniju, tekstu un citu sastāvdaļu, kas atrodas grafikā krāsa. Lai noteiktu asu, asu parakstu, virsrakstu un apakšvirsrakstu krāsas, jālieto attiecīgi argumenti `col.axis=`, `col.lab=`, `col.main=` un `col.sub=`. `fg="krāsas.nosaukums"` izmanto, lai mainītu asu un grafika malu krāsu, un daļēji tas sakrīt ar `col.axis=` un `col.main=` argumentiem. `bg="krāsas.nosaukums"` nosaka fona krāsu, šo argumentu var lietot kopā tikai ar funkciju `par()`.

```
par(bg="lightblue")
plot(niedres$garums,fg="red",main="Slikts grafiks",
     col.main="green",col.axis="yellow")
```

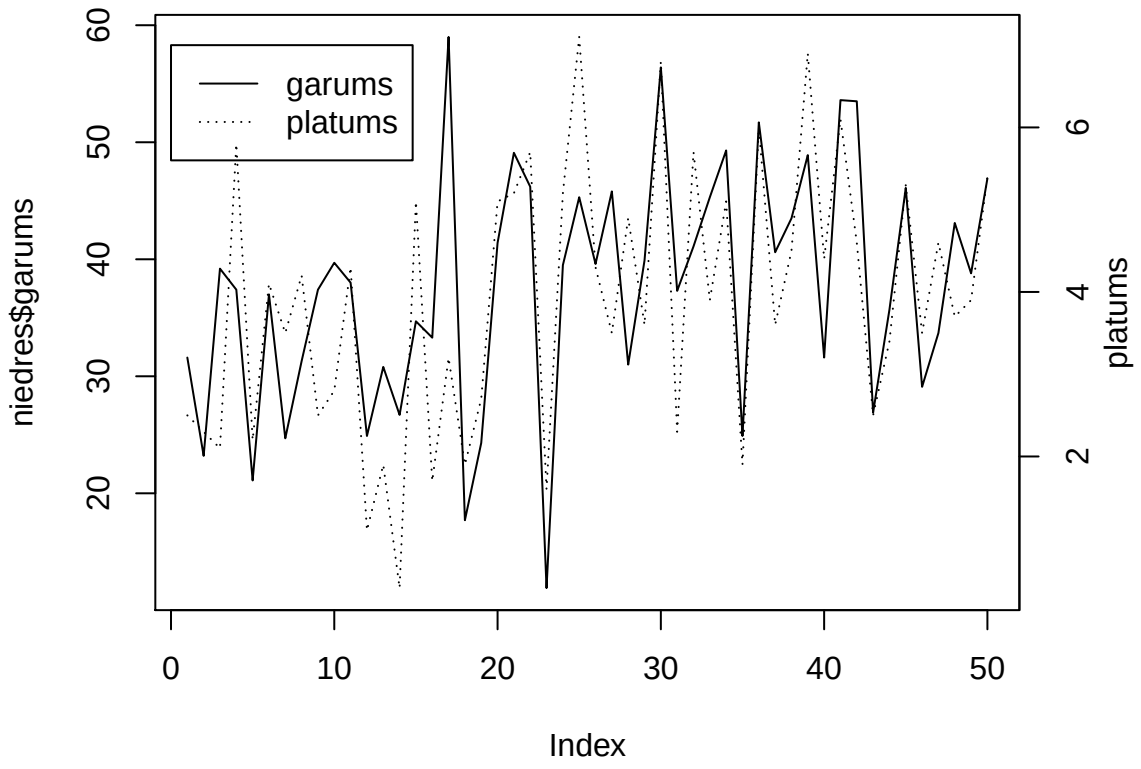


Att. 4.20: Krāsu izmantošanas piemērs

4.3.11 Leģenda

Tradicionālajiem grafikiem leģendas programmā R veido ar atsevišķu funkciju `legend()`. Leģenda parasti ir novietota grafika iekšējā daļā (4.21 attēls). Dotajai funkcijai kā argumentus jānorāda: (a) leģendas novietojums - to nosaka ar x un y koordināti leģendas rāmīša augšējam kreisajam stūrim (koordinātes nosaka atbilstoši asu vērtībām, piemēram, ja uz x ass vērtības ir robežās no 5 līdz 10, bet uz y ass no 100 līdz 200, tad leģenas koordināte varētu būt 6 un 125); (b) nosaukumi, kuriem jāparādās leģendā; (c) datu simbolu/līniju veidu apzīmējumi (tiem ir jāsakrīt ar apzīmējumiem, kas izmantoti, lai definētu grafiku).

```
par(mar=c(5,5,2,5))
plot(niedres$garums,type="l")
par(new=TRUE)
plot(niedres$platums,type="l",lty=3,axes=FALSE,ann=FALSE)
axis(4,at=seq(0,8,2))
mtext(side=4,line=2,"platums")
legend(0,7,lty=c(1,3),c("garums","platums"))
```

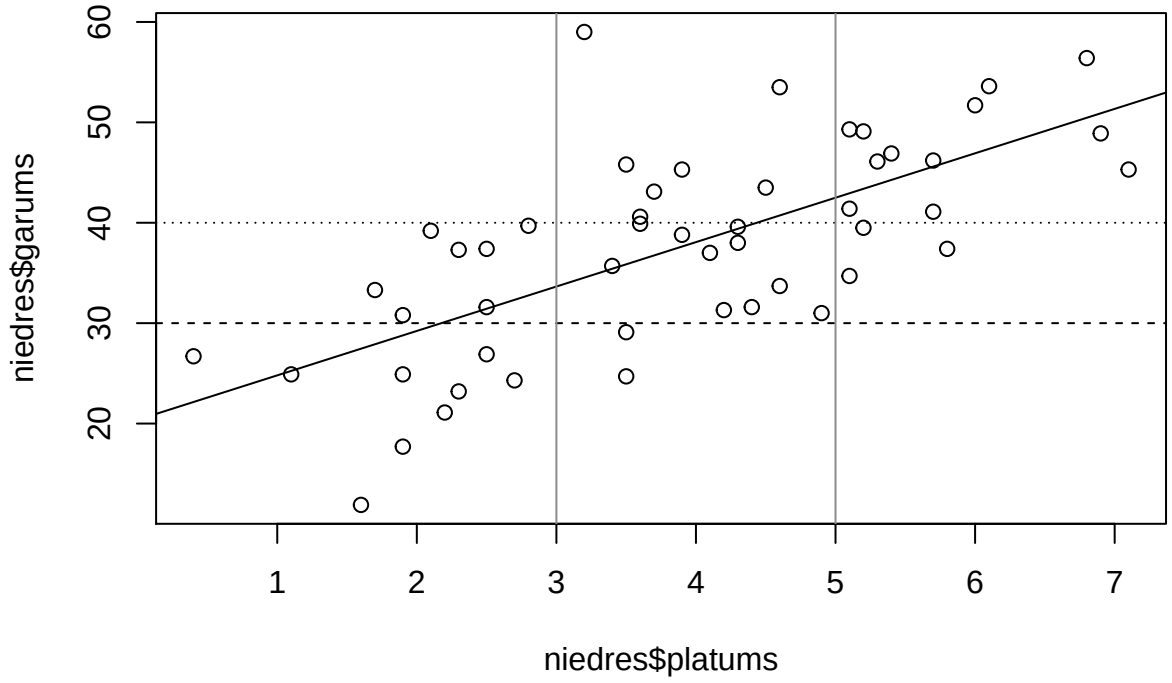


Att. 4.21: Grafiks ar leģendu

4.3.12 Līnijas grafikos

Ja grafikā ir nepieciešams izvietot taisnu līniju, var izmantot funkciju `abline()`. Ja ir nepieciešams uzzīmēt slīpu līniju, tad ir jānorāda divi skaitļi, kas attiecīgi norāda puktu, kurā līnija krusto x asi un līnijas slīpumu (intercept), vai arī jāizmanto papildus funkcija `lm()`, kas izveidos regresijas līkni grafikā attēlotajiem mainīgajiem (4.22 attēls). Ja nepieciešams izveidot horizontālas līnijas, tad jānorāda arguments `h=` un vērtības (viena vai vairākas), kurās vietās horizontālās līnijas krustos y asi. Attiecīgi vertikālām līnijām ir jānorāda arguments `v=`.

```
plot(niedres$garums~niedres$platums)
abline(lm(niedres$garums~niedres$platums))
abline(h=c(30,40),lty=c(2,3))
abline(v=c(3,5),col="grey55")
```



Att. 4.22: Grafiks ar papildus līnijām

4.4 Grafiku saglabāšana

Programmā R iegūtos grafikus ir iespējams saglabāt dažādos formātos, izmantošanai citās programmās. Jau izveidotu grafiku, kas redzams uz ekrāna, ir iespējams saglabāt izmantojot opciju `File/Save as...` un izvēloties nepieciešamo faila veidu (Metafile, Postcript, PDF, Png, Bmp, Jpeg (kvalitāte 50%, 75% vai 100%), kā arī grafiku ir iespējams ielikt atmiņa `File/Copy to clipboard...` Saglabājot jau izveidotu grafiku, ir jāņem vērā, ka uz ekrāna grafiks ne vienmēr tiek attēlots pareizākajās proporcijās, sevišķi, ja ekrāna izmērus esat pielāgojuši paši.

Grafikus ir iespējams uzreiz saglabāt nepieciešamajā formātā ar atbilstošu komandu rindu, tikai šajā gadījumā grafiks netiks parādīts uz ekrāna. Lai grafikus uzreiz saglabātu, pirms visām komandu rindām, ar kurām nosaka grafika parametrus, ir jāraksta atbilstoša komanda, kas nosaka saglabājamā faila formātu un faila nosaukumu:

```
postscript(file="nosaukums.ps")
```

```
png(file="nosaukums.png")
```

```
pdf(file="nosaukums.pdf")
```

```
jpeg(file="nosaukums.jpg")
```

```
bmp(file="nosaukums.bmp")
```

Pēc tam, kad ir uzrakstītas visas vajadzīgās grafika komandu rindas, ir "jāatslēdz" komanda, ar kuru noteica faila formātu un faila nosaukumu. Pretējā gadījumā visi nākamie grafiki arī tiks saglabāti konkrētajā failā, aizstājot iepriekšējo. Lai to izdarītu, raksta komandu `dev.off()`.

Nodaļa 5

Datu izzināšana un normalitātes testi

5.1 Datu izzināšana

Pirms uzsākt reālu datu analīzi, veicot dažādus statistiskos testus, vienmēr vajag sākotnējo datu izzināšanu, izmantojot dažādus datu grafiskos attēlojumus. Tādējādi ir iespēja jau pirms statistisko analīžu veikšanas novērtēt vai datos redzamas kādas tendences, savstarpējās saistības, grupēšanās, kā arī secināt vai datos nav kādas dīvainas, neiederīgas vērtības.

Kā piemērs izmantots datu fails `niedres2.txt`, kas satur informāciju par niedru lapu garumu un platumu trīs parauglaukumos.

```
niedr<-read.table(file="niedres2.txt",header=T,sep="\t",dec=".")
str(niedr)
```

```
## 'data.frame':    50 obs. of  3 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
##  $ paraug : Factor w/ 3 levels "Austr","Riet",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

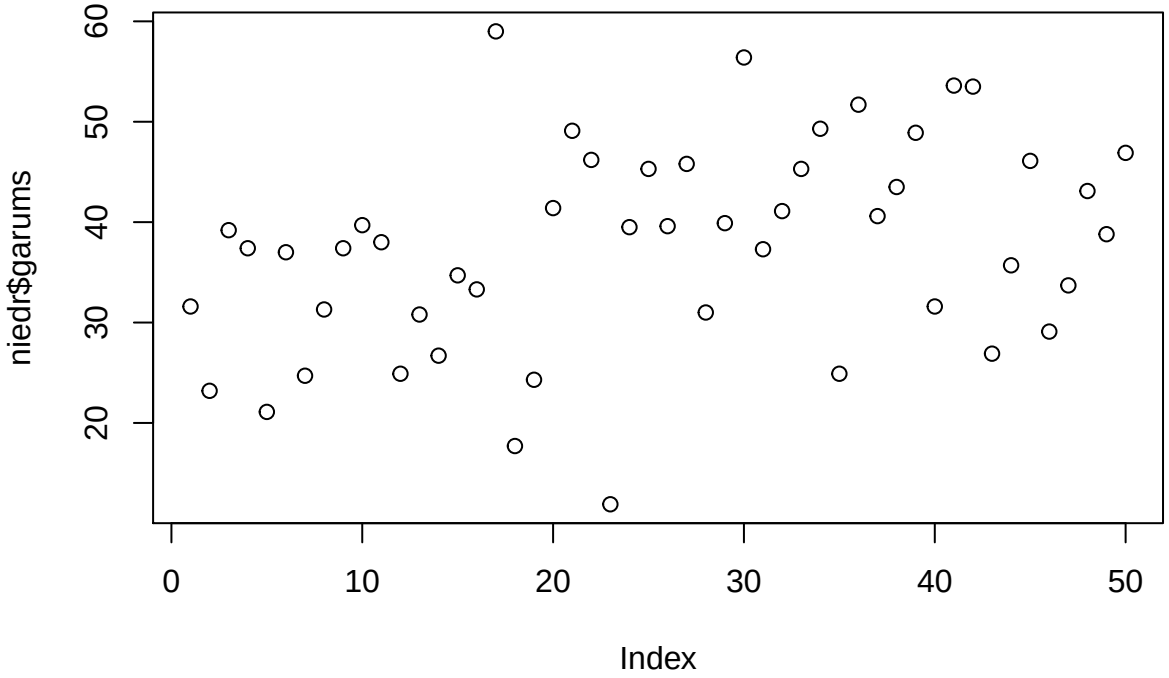
Vienkāršākais grafiks datu apskatīšanai ir izkliedes grafiks, ko programmā R var iegūt ar funkciju `plot()`. Šajā grafikā (5.1 attēls) uz x ass atlikts novērojuma kārtas numurs, uz y ass novērojumu vērtības. Pēc izkliedes grafika var gūt priekštatu par vērtību izkliedi, gan arī novērtēt vai nav kādas ekstremāli mazas vai lielas vērtības.

```
plot(niedr$garums)
```

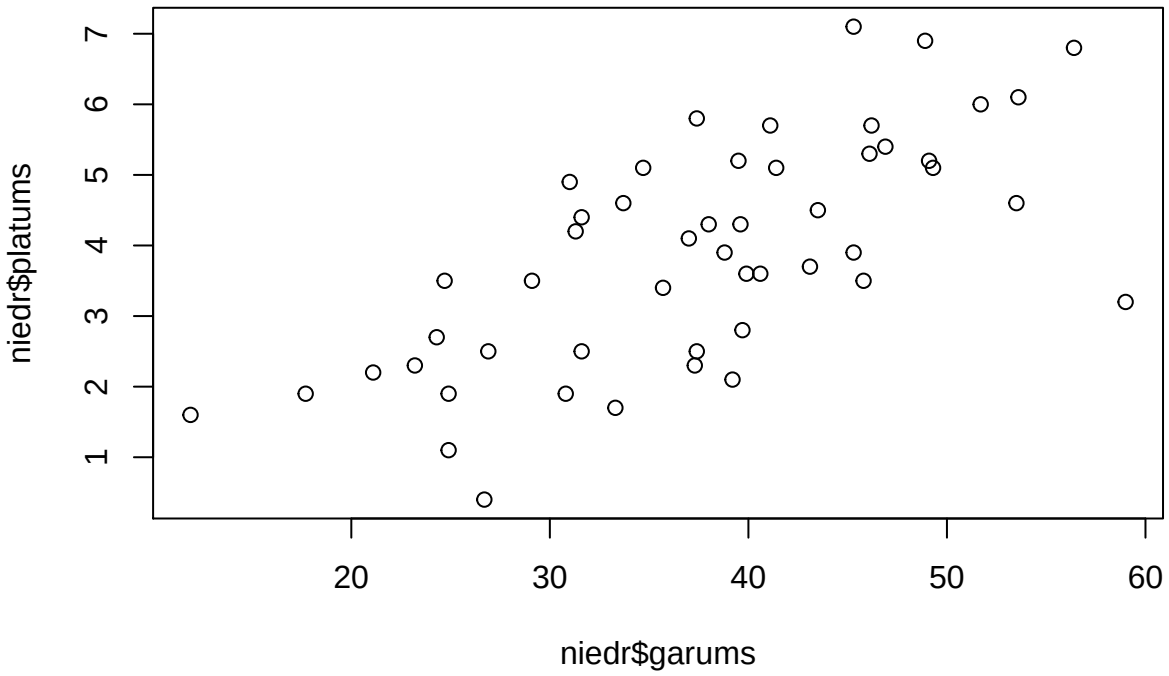
Ja funkcijā `plot()` norāda divus mainīgos, tad vienlaicīgi var novērtēt gan šo mainīgo vērtību saistību (5.2 attēls), gan arī pamanīt kādus ekstrēmus, ko nav iespējams novērtēt skatot katru mainīgo atsevišķi.

```
plot(niedr$garums,niedr$platums)
```

Box-plot grafiki, ko iegūst ar funkciju `boxplot()`, ir piemēroti, lai novērtētu vērtību izkliedi datos (5.3 attēls). Box-plot grafikā līnija, kas atrodas taisntūra vidū, atbilst mediānai, taisnstūra apakšējā un augšējā mala attiecīgi ir 1. un 3. kvartile. Apakšējā un augšējā līnija attiecīgi ir minimālā un maksimālā vērtība datos, ar piebildi, ka šīs līnijas neatrodas tālāk kā 1,5 reiz taisntūra platums (attālums starp 1. un 3. kvartili). Ja minimālā vai maksimālā vērtība ir tālāk nekā šīs 1,5 reizes, tad šos novērojumus apzīmē ar punktu.

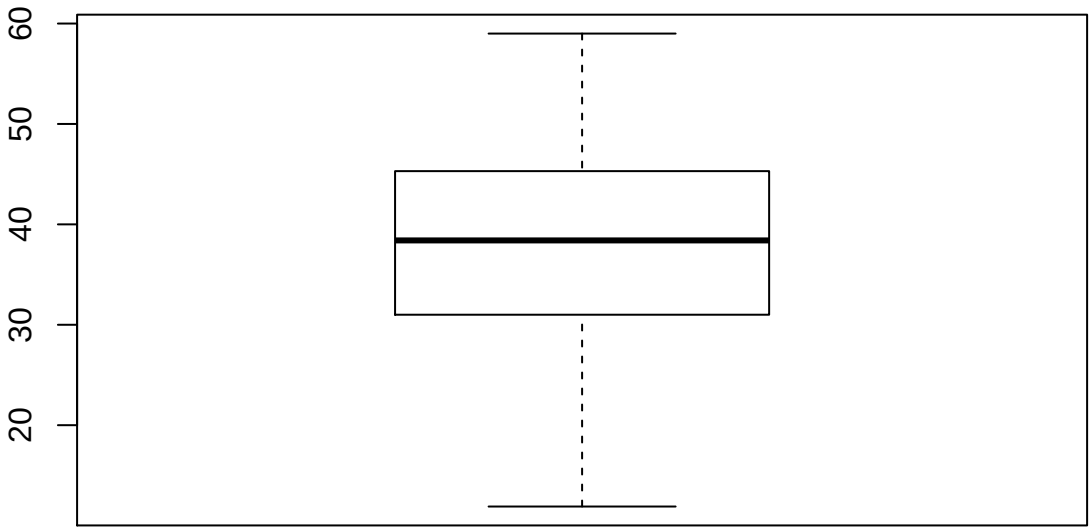


Att. 5.1: Viena mainīgā izkliedes grafiks



Att. 5.2: Divu mainīgo izkliedes grafiks

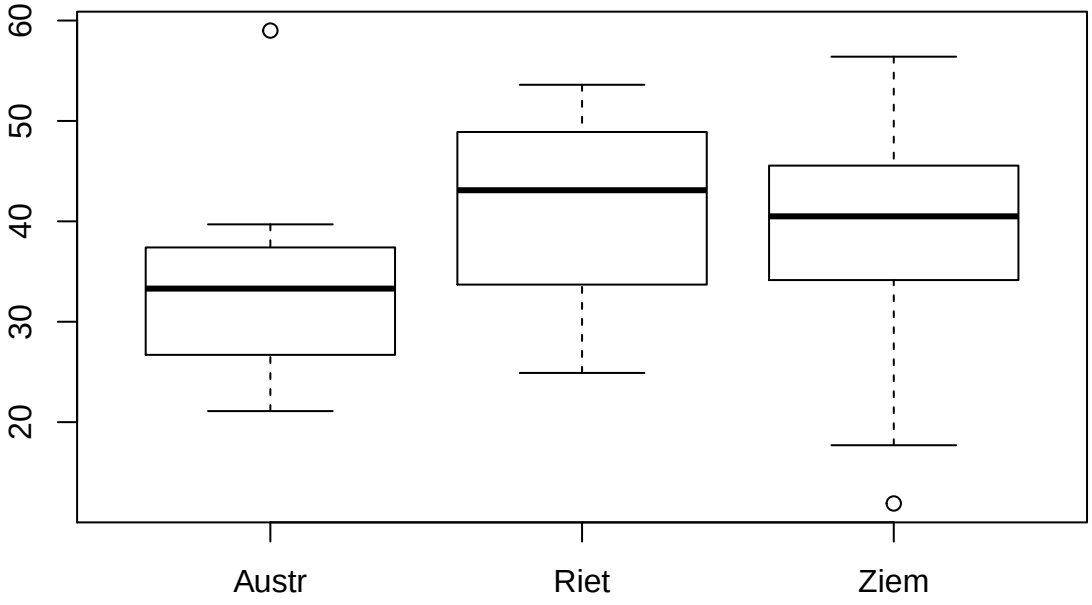
```
boxplot(niedr$garums)
```



Att. 5.3: Box-plot grafiks vienam mainīgajam

Ja funkcijā `{boxplot()` norāda mainīgo, kas satur dalījumu līmeņos, tad atsevišķš grafiks tiek izveidots katram no dalījuma līmeņiem (5.4 attēls). Pēc šī grafika var salīdzināt datu izkliedi uzreiz vairākiem līmeņiem.

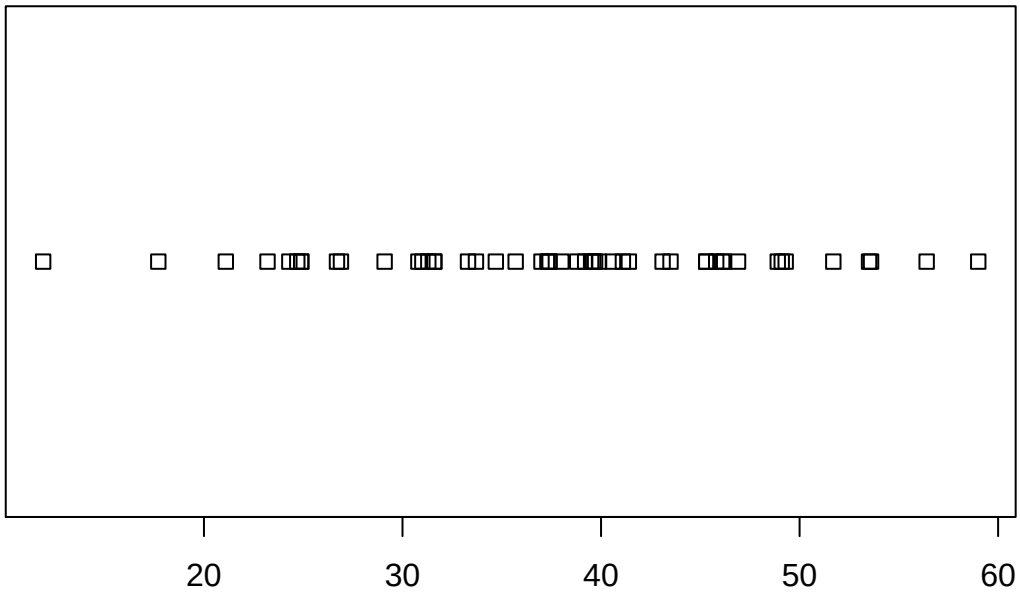
```
boxplot(niedr$garums~niedr$paraug)
```



Att. 5.4: Box-plot grafiks trīs paraugkopām

Gadījumos, kad novērojumu skaits ir salīdzinoši mazs, tad labāk datu izkliedi raksturo punktu grafiks (5.5 attēls), ko var iegūt ar funkciju `stripchart()`. Šajā grafikā katrs novērojums ir attēlots ar kvadrātiņi un visi novērojumi izkārtoti vienā strīpā.

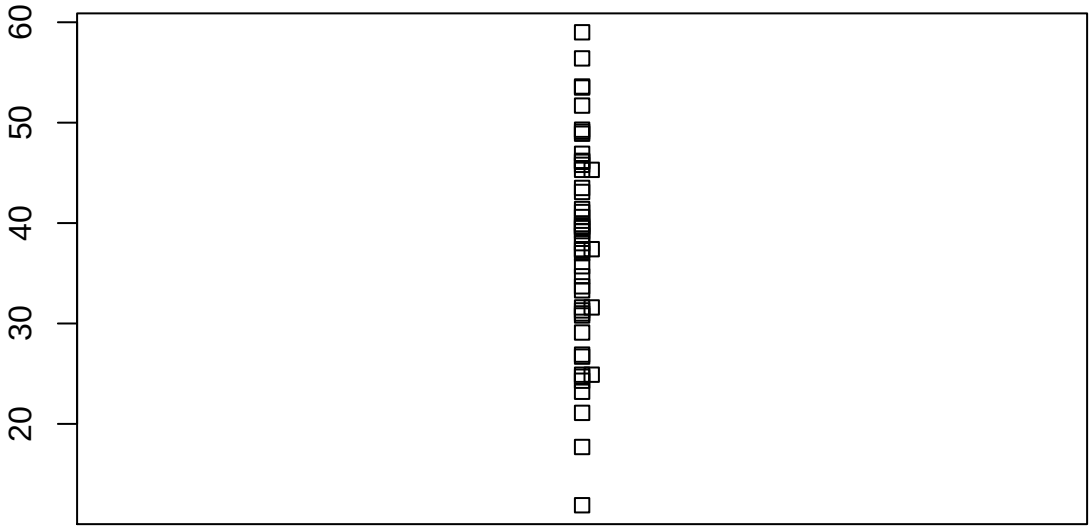
```
stripchart(niedr$garums)
```



Att. 5.5: Punktu grafiks

Ja novērojumi pārklājas un nav iespējams precīzi attēlā novērtēt, cik daudz novērojumu atbilst katrai vērtībai, funkciju `stripchart()` var papildināt ar argumentu `method="stack"`, kas novietot kvadrātiņus blakus, ja tie pilnībā pārklājas (5.6 attēls). Arguments `vert=T` nodrošina, ka grafiks novietojas vertikāli, nevis horizontāli.

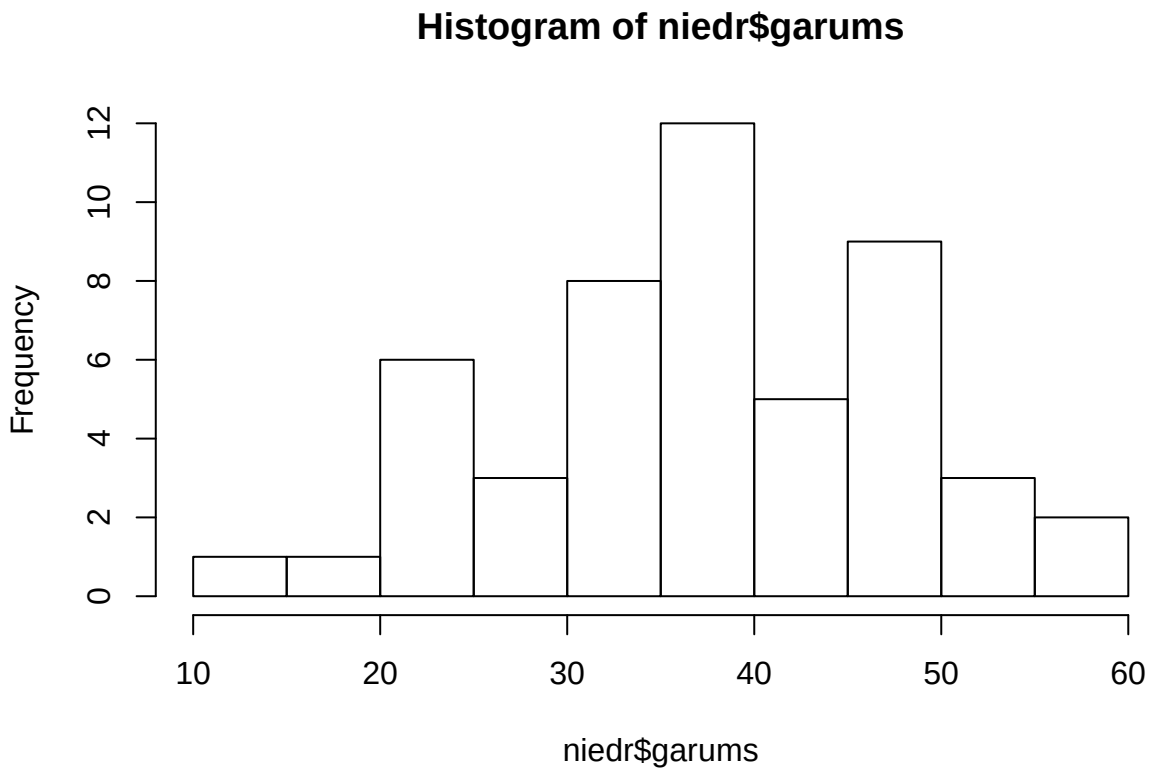
```
stripchart(niedr$garums,method="stack",vert=T)
```



Att. 5.6: Modificēts punktu grafiks

Vēl viens plaši izmantots datu attēlošanas veids ir histogramma, ko programmā R var izveidot ar funkciju `hist()`. Histogrammā dati tiek sadalīti klasēs un tādējādi var novērtēt vērtību sadalījuma veidu - vienmērīgi, zvanveidīgi, ar izteiktām minimālām vai maksimālām vērtībām (5.7 attēls). Funkcijai var mainīt argumentus gan nosakat cik klasēs dalīt datus, gan arī nosakot tieši dalījuma robežas.

```
hist(niedr$garums)
```



Att. 5.7: Pazīmes niedru lapu garums histogramma

5.2 Normalitātes testi

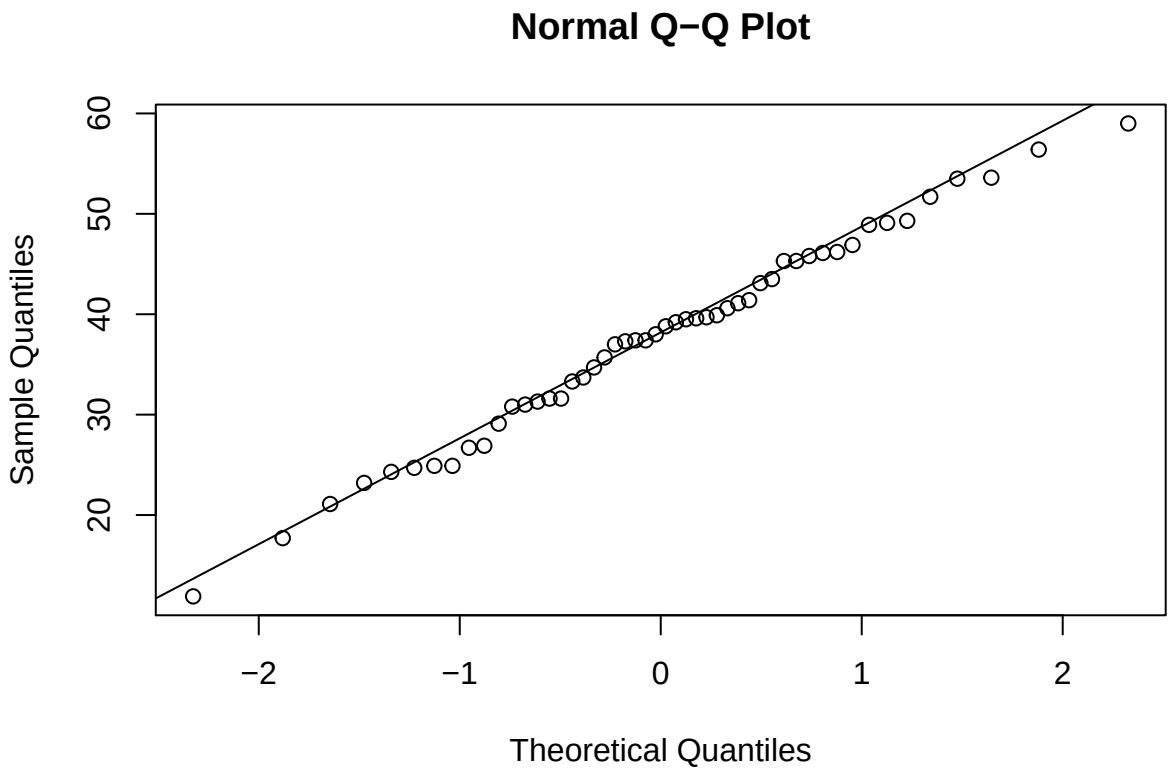
5.2.1 Grafiskā analīze

Daudzu statistisko metožu pieņēmums ir, ka analizējamie dati nāk no ģenerālkopas, kura atbilst normālajam sadalījumam. Lai par to pārliecinātos, ir jāveic noteikti statistiskie testi. Jaunākajā statistiskajā literatūrā arvien biežāk kā pamatmetode normalitātes novērtēšanai tiek izmantota grafiskā analīzē, nevis analītiskie testi.

Viens no grafiku veidiem, ko izmantot normalitātes novērtēšanai, var būt histogramma (5.7 attēls). Histrogrammai ir jāveido apmēram zvanveidīgs izskats, lai pieņemtu, ka dati atbilst normālajam sadalījumam. Ar šo grafiku veidu problēma ir tā, ka histogrammas izskats lielā mērā būs atkarīgs no tā, cik klasēs dati ir sadalīti.

Uzticamāks grafika veids ir tā saukti QQ grafiki, kas attēlo attiecību starp reālo datu kvantilēm un teorētisko datu kvantilēm (teorētiskie dati veidoti balstoties uz reālo datu statistiskajiem rādītājiem tā, lai tie atbilstu normālajam sadalījumam). Ja reālie dati atbilst normālajam sadalījumam, tad grafikā visi punkti novietojas uz diagonāles. Programmā R QQ grafiku veido ar funkciju `qqnorm()`, kurai kā argumentu norāda reālos datus. Papildus var izmantot arī funkciju `qqline()`, kas novelk līniju, lai būtu vieglāk interpretēt rezultātus. Iegūtajā grafikā (5.8 attēls) ideālā gadījumā visiem punktiem būtu jāatrodas uz taisnes, bet nelielas novirzes arī ir akceptējamas. Lai iemācītos strādāt ar šādiem grafikiem, var ģēnerēt mākslīgus datus no normālā sadalījuma un skatīties kā kātreiz izskatās QQ grafiks.

```
qqnorm(niedr$garums)
qqline(niedr$garums)
```



Att. 5.8: QQ grafiks niedru lapu garumam

Paketē `car` ir funkcija `qqPlot()`, kas arī veido QQ grafiku, tikai tas ir papildināts ar līnijām, kas parāda 95% ticamības intervālu (5.9 attēls), tādējādi atvieglojot interpretāciju. Ja visi punkti atrodas starp raustītajām līnijām, tad ar 95% pārliecību var apgalvot, ka dati nāk no ģenerālkopas, kas atbilst normālajm sadalījumam.

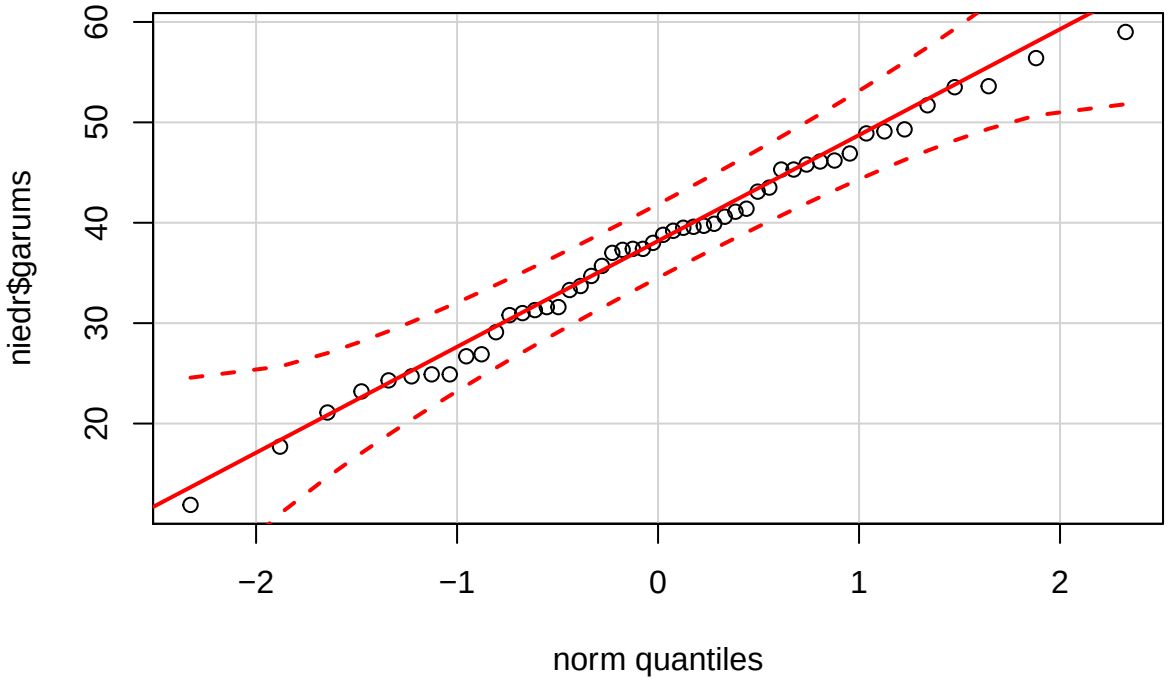
```
library(car)
qqPlot(niedr$garums)
```

5.2.2 Analītiskā analīze

Ja ir nepieciešams daudz formālāks veids kā novērtēt datu atbilstību normālajam sadalījumam, var izmantot kādu no analītiskajām metodēm. R bāzes versijā ir pieejams Šapiro-Vilka normalitātes tests, ko var iegūt ar funkciju `shapiro.test()`. Funkcijai kā arguments jānorāda tikai mainīgais, kuram veikt normalitātes testu. Nulles hipotēze par to, ka dati atbilst normālajam sadalījumam nebūs noraidīta, ja iegūtā p-vērtība būs lielāka par izvēlēto būtiskuma līmeni.

```
shapiro.test(niedr$garums)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  niedr$garums
## W = 0.99101, p-value = 0.9668
```



Att. 5.9: Modificēts QQ grafiks niedru lapu garuma

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ pazīmes niedru lapu garums vērtības atbilst normālajam sadalījumam, jo p-vērtība ir lielāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,97>0,05).

Funkciju `shapiro.test()` var izmantot arī kopā ar funkciju `tapply()`, tādējādi veicot šo testu vairākiem dalījuma līmeņiem uzreiz.

```
tapply(niedr$garums,niedr$paraug,shapiro.test)
```

```
## $Austr
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  X[[i]]
## W = 0.8863, p-value = 0.04028
##
##
## $Riet
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  X[[i]]
## W = 0.94264, p-value = 0.3508
##
##
## $Ziem
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  X[[i]]
## W = 0.90337, p-value = 0.09103
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ pazīmes niedru lapu garums vērtības atbilst normālajam sadalījumam Rietumu un Ziemeļu parauglaukumos, jo p-vērtības ir lielākas par noteikto būtiskuma līmeni (0,35>0,05 un 0,09>0,05), toties Austrumu parauglaukuma dati neatbilst normālajam sadalījumam, jo p-vertība ir mazāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,04<0,05).

Programmā R ir pieejama pakete `nortest`, kurā ir apvienoti pieci dažādi normalitātes testi, piemēram, Andersona-Darlinga tests un Lilliefora (Kolmogorova-Smirnova) tests. Testi savā starpā atšķiras ar algoritmiem kādā veidā salīdzina reālos datus ar teorētiski sagaidāmajiem, attiecīgi arī iegūtās p-vērtības starp testiem mēdz atšķirties. Daļa no testiem ir striktāki, daļa mazāk strikti.

```
library(nortest)
ad.test(niedr$garums)
```

```
##
##  Anderson-Darling normality test
##
## data:  niedr$garums
## A = 0.17373, p-value = 0.9223
```

Nodaļa 6

Statistiskie rādītāji un ticamības intervāli

6.1 Statistiskie rādītāji

6.1.1 Teorētiskais pamatojums

Paraugkopas un ģenerālkopas raksturošanai un informācijas apkopošanai izmanto statistiskos rādītājus. Tos iedala vairākās grupās, no kurām svarīgākās ir vidējie rādītāji un izkliedes radītāji.

6.1.1.1 Vidējie rādītāji

Vidējie rādītāji parāda kāda ir vidējā vērtība paraugkopas datiem katrai konkrētajai pazīmei.

6.1.1.2 Vidējais aritmētiskais ($\overline{x}$)

Visbiežāk lietotais vidējais rādītājs ir vidējais aritmētiskais, kas, atbilstoši tā nosaukumam, parāda kāda ir vidēja vērtība. Tā aprēķināšanu veic pēc formulas (6.1):

$$\overline{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n} \tag{6.1}$$

kur x_i - i-tā paraugkopas vērtībā, i=1, 2, ..., n, n - paraugkopas apjoms.

Attiecībā uz vidējo aritmētisko ir jāņem vērā, ka tā vērtība ir atkarīga no katras variantes datos, tāpēc vidējais aritmētiskais ir jutīgs pret ekstremāli mazām vai lielām vērtībām. Piemēram, ja datos ir viena ļoti liela vērtība, tad ir iespējama situācija, ka vidējais aritmētiskais ir mazāks tikai par šo ekstremāli lielo vērtību, bet lielāks par visām pārējām vērtībām.

6.1.1.3 Mediāna (M_e)

Mediāna ir tā konkrētās paraugkopas vērtība līdz kurai atrodas 50% no visām vērtībām (ja tās sakārtotas augošā vai dilstošā secībā). Piemēram, ja paraugkopā ir nepāra skaits novērojumu, pieņemsim, pieci, tad mediāna būs trešā vērtība. Ja paraugkopā ir pāra skaits novērojumu, pieņemsim seši, tad mediāna būs vidējais aritmētiskais starp trešo un ceturto vērtību. Atšķirībā no vidējā aritmētiskā, mediāna nav jutīga pret ekstremālām vērtībām, jo tās aprēķins balstās uz vērtību izkārtojumu, nevis uz to absolūtajām vērtībām.

6.1.1.4 Kvartiles (Q_i)

Kvartiles augošā/dilstošā secibā sakārtotas paraugkopas vērtības sadala četrās vienādās daļās. 0. kvartile atbilst minimālajai vērtībai, līdz 1. kvartilei atrodas 25% no visiem novērojumiem,līdz 2. kvartilei atrodas 50% novērojumu un tā ir vienāda ar mediānu. Līdz 3. kvartilei atrodas 75% no visiem novērojumiem, un 4. kvartile ir vienāda ar maksimālo vērtību.

6.1.1.5 Procentile (P_i)

Procentiles augošā/dilstošā secībā sakārtotas paraugkopas vērtības sadala 100 vienādās daļās.

6.1.1.6 Izkliedes rādītāji

Vidējie rādītāji sniedz informāciju par vidējo tendenci datos, bet, lai iegūtu pilnu ainu par datiem, ir jāizmanto arī izkliedes rādītāji, kas parāda kādā veidā paraugkopas vērtības ir izkliedētas ap vidējo vērtību.

6.1.1.7 Standartnovirze (s) un dispersija (s^2)

Svarīgākie izkliedes rādītāji ir dispersija un standartnovirze. Dispersiju paraugkopai aprēķina pēc formulas (6.2) un tā parāda, kāda ir vidējā kvadrātiskā novirze no vidējā aritmētiskā. Standartnovirze (6.3) attiecīgi ir kvadrātsakne no dispersijas. Standartnovirzei ir tāda paša mērvienība kā paraugkopas datiem. Jo lielākas ir dispersijas un standartnovirzes vērtības, jo lielāka ir datu izkliede ap vidējo aritmētisko.

$$s^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \overline{x})^2}{n-1} \tag{6.2}$$

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \overline{x})^2}{n-1}} \tag{6.3}$$

kur x_i - i-tā paraugkopas vērtībā, i=1, 2, ..., n, n - paraugkopas apjoms, $\overline{x}$ - paraugkopas vidējais aritmētiskais.

6.1.1.8 Variācijas koeficients (v)

Standartnovirze ne vienmēr ir labākais rādītājs, lai salīdzinātu vērtību izkliedi starp dažādiem rādītājiem, sevišķi, ja tiem atšķiras mērvienības. Šajā gadījumā labāks rādītājs ir variācijas koeficients (6.4). Variācijas koeficients ir rādītājs bez mērvienības, jo to iegūst dalot standartnovirzi ar vidējo aritmētisko. Variācijas koeficientu var izteikt arī procentos, attiecīgi sareizinot tā vērtību ar 100%.

$$v = \frac{s}{\overline{x}} \tag{6.4}$$

kur s - paraugkopas standartnovirze, $\overline{x}$ - paraugkopas vidējais aritmētiskais.

6.1.2 Statistisko rādītāju aprēķināšana programmā R

Piemēram par statistisko rādītāju aprēķināšanu izmantot datu fails `niedres2.txt`, kas satur informāciju par niedru lapu garumu un platumu trīs parauglaukumos.

```
niedr<-read.table(file="niedres2.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(niedr)
```

```
## 'data.frame':    50 obs. of  3 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
##  $ paraug : Factor w/ 3 levels "Austr","Riet",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Pamatstatistisko rādītāju aprēķināšanai ir jau definētas funkcijas: `mean()` - vidējais aritmētiskais, `sd()` - standartnovirze, `var()` - dispersija, `median()` - mediāna. Visām šīm funkcijām kā mainīgais jānorada viena kolonna/vektors un tiks aprēķināts vēlamais rādītājs.

```
mean(niedr$garums)
```

```
## [1] 37.594
```

```
sd(niedr$garums)
```

```
## [1] 10.31332
```

```
var(niedr$garums)
```

```
## [1] 106.3647
```

```
median(niedr$garums)
```

```
## [1] 38.4
```

Veicot aprēķinus rezultātam ciparu skaits aiz komata ir atkarīgs no tā, kādi ir sesijas uzstādījumi. Ja ir nepieciešams noapaļot skaitļus, var izmantot papildus funkciju `round()`, kurā norāda apaļojamo mainīgo vai visu funkciju, kā arī jānorāda vēlamais ciparu skaits aiz komata. Ir jāatceras, ka noapaļot drīkst tikai gala rezultātus - ja noapaļo skaitļus, kurus vēlāk izmanto citos aprēķinos, tas samazina iegūtā rezultāta precizitāti.

```
round(mean(niedr$garums),2)
```

```
## [1] 37.59
```

Viena no daudzu programmas R funkciju īpatnībām ir tā, ka nav iespējams iegūt rezultātu, ja dati satur kādu iztrūkstošu vērtību. Piemēram, radam vektoru `x`, kas satur 20 skaitļus no normālā sadalījuma un vienu iztrūkstošu vērtību, ko R apzīmē ar NA. Ja šādam vektoram cenšas aprēķināt vidējo aritmētisko ar funkciju `mean()`, iegūst rezultātu NA, jo nezināmā vērtība var būt jebkas, attiecīgi arī vidējais var būt jebkas.

```
set.seed(1234)
x<-c(rnorm(20),NA)
mean(x)
```

```
## [1] NA
```

Šādā situācijā var norādīt, ka NA vērtības ir jāignorē. To panāk funkcijai kā papildus argumentu norādot `na.rm=TRUE`. Daļai funkciju šī argumenta pieraksts var būt atšķirīgs, to var precizēt funkcijas aprakstā.

```
mean(x,na.rm=TRUE)
```

```
## [1] -0.2506641
```

Minimālās un maksimālās vērtības aprēķināšanai var izmantot attiecīgi funkcijas `min()` un `max()`, vai arī funkciju `range()`, kas aprēķina uzreiz abus šos rādītājus.

```
min(niedr$garums)
```

```
## [1] 11.9
```

```
max(niedr$garums)
```

```
## [1] 59
```

```
range(niedr$garums)
```

```
## [1] 11.9 59.0
```

Kvartiļu aprēķināšanai izmanto funkciju `quantile()`, kas pārādīs uzreiz visas kvartiles tās izsakot kā procentiles.

```
quantile(niedr$garums)
```

```
##     0%    25%    50%    75%   100%
## 11.900 31.075 38.400 45.300 59.000
```

Ja ir nepieciešams aprēķināt procentiles, vai arī tikai kādu noteiktu kvartili, funkcijai `quantile()` kā papildus arguments jānorāda `probs=` un nepieciešamā procentile izteikta decimāldaļās.

```
quantile(niedr$garums,probs=c(0.025,0.975))
```

```
##   2.5%  97.5%
## 18.465 55.770
```

Ar funkciju `summary()` ir iespējams aprēķināt uzreiz vairākus statistiskos radītājus, kas raksturo mainīgo. Šie rādītāji ir minimālā vērtība, 1. kvartile, mediāna, vidējais aritmētiskais, 3. kvartile un maksimālā vērtība. Šai funkcijai kā mainīgo var norādīt vienu kolonnu vai vektoru.

```
summary(niedr$garums)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   11.90   31.08   38.40   37.59   45.30   59.00
```

Ja funkcijā `summary()` kā mainīgo norāda veselu datu tabulu, tad iepriekš minētie rādītāji tiek aprēķināti katrai kolonnai, kas satur skaitlisku informāciju. Kolonnai, kas satur faktoru jeb tekstuālu informāciju, aprēķina cik bieži atkārtojas katra unikālā vērtība.

```
summary(niedr)
```

```
##      garums          platums        paraug
##  Min.   :11.90   Min.   :0.400   Austr:17
##  1st Qu.:31.07   1st Qu.:2.500   Riet :17
##  Median :38.40   Median :3.900   Ziem :16
##  Mean   :37.59   Mean   :3.892
##  3rd Qu.:45.30   3rd Qu.:5.100
##  Max.   :59.00   Max.   :7.100
```

Funkcija `tapply()` ir ļoti noderīga gadījumos, ja nepieciešams aprēķināt kādu rādītāju viena vektora/kolonnas vērtībām tās sadalot pa līmeņiem, kurus nosaka otrs vektors/kolonna. Funkcijā jānorāda mainīgais, kas satur vērtības, mainīgais, kas satur dalījuma līmeņus, un funkcija, kuru izmantot aprēķinos. Ir iespējams izmantot ne tikai jau definētas funckijas, bet arī definēt jaunas funkcijas, izmantojot `function()` funkciju. Piemērā aprēķināta standartnovirze kolonnai garums, ka sadalīta pa parauglaukumiem.

```
tapply(niedr$garums,niedr$paraug,sd)
```

```
##     Austr      Riet      Ziem
##  8.869876  9.376174 11.706401
```

6.2 Ticamības intervāli

6.2.1 Teorētiskais pamatojums

Veicot pētījumus vairumā gadījumu tiek strādāts ar paraugkopu, nevis ar visu ģenerālkopu. Attiecīgi no paraugkopas datiem iegūtais, piemēram, vidējais aritmētiskais nebūs vienāds ar ģenerālkopas vidējo aritmētisko, kaut arī daudzos gadījumos tas tā tiek pieņemts. Precīzākai ģenerālkopas vērtējamā rādītāja raksturošanai var izmantot ticamības intervālu. Ticmības intervāla interpretē tā, ka izveiddojot daudzas jaunas paraugkopas un aprēķinot tām ticamības intervālu, tiacamības līmenim atbilstošo reižu gadījumā šajā intervālā atradīsies konkrētais ģenerālkopas rādītājs, kas tiek novērtēts. Ticamības intervālu var aprēķināt ne tikai ģenerālkopu raksturojošiem rādītājiem kā vidējais aritmētiskais un standartnovirze, bet arī jebkuram citam rādītājām, piemēram, korelācijas koeficientam starp divām paraugkopām.

6.2.1.1 Vidējā aritmētiskā ticamības intervāls

Vidējā aritmētiskā ticamības intervāla aprēķināšanai ir vairākas formulas, kuras atšķiras pēc tā, vai ir zināma vai nav zināma ģenerālkopas standartnovirze. Tā kā vairumā gadījumu tā nav zināma, tad izmantota formula intervāla aprēķināšanai izmantojot tikai paraugkopas datus. Šai formulai pieņēmums ir, ka paraugkopas dati ir nākuši no ģenerālkopas, kas seko normālajam sadalījumam. Ticamības intervālam aprēķina augšējo un apakšējo robežu pēc formulas (6.5). Stjūdenta kritērija teorētisko vērtību pie atbilstošā būtiskuma līmeņa var atrast speciālās statistiskas tabulās, vai arī aprēķināt.

$$\overline{x} - t_{\alpha/2,\nu} \cdot s_{\overline{x}} < \mu < \overline{x} + t_{\alpha/2,\nu} \cdot s_{\overline{x}} \tag{6.5}$$

kur $\overline{x}$ - vidējais aritmētiskais

$t_{\alpha/2,\nu}$ – Stjūdenta kritērija teorētiskā vērtība

$\nu = n - 1$ – brīvības pakāpju skaits

$s_{\overline{x}}$ – vidējā aritmētiskā reprezentācijas rādītājs $s_{\overline{x}} = \frac{s}{\sqrt{n}}$

μ - ģenerālkopas vidējais aritmētiskais.

Vidējā aritmētiskā reprezentācijas rādītāju sauc arī par vidējā aritmētiskā standartkļūdu, un tas parāda, cik precīzi paraugkopas dati raksturo ģenerālkopas datus.

6.2.2 Ticamības intervālu aprēķināšana

Vidējā aritmētiskā ticamības intervālu var aprēķināt gan izmantojot gatavas funkcijas, gan arī izmantojot aprēķina formulas. Stjūdenta kritērija teorētisko vērtību aprēķina ar funkciju `qt()`, kurai kā pirmais arguments jānorāda $(1-\alpha/2)$ (šoreiz izvēlamies strādāt pie ticamības līmeņa 99%) un otrais arguments ir brīvības pakāpju skaits (49). Vidējā aritmētiskā reprezentācijas rādītāju aprēķina kā standartnovirze dalīts ar kvadrātsakni no novērojumu skaita. Pēc tam ticamības intervāla augšējo un apakšējo robežu iegūst pieskaitot vai atņemot robežas vērtību no vidējā aritmētiskā. Piemēram izmantots niedru lapu garums.

```
robeza<-qt((1-0.01/2),49)*(sd(niedr$garums))/sqrt(50)
augsa<-mean(niedr$garums)+robeza
apaksa<-mean(niedr$garums)-robeza
round(apaksa,2)
```

```
## [1] 33.69
```

```
round(augsa,2)
```

```
## [1] 41.5
```

Secinājums: 99% ticamības intervāls niedru lapu garuma vidējam aritmētiskajam ir ni 33,69 līdz 41,50 cm.

Ticamības intervālu vidējām aritmētiskajam var aprēķināt arī ar funkciju `t.test()`, kurai kā argumentus norāda kolonnu/vektoru, kuram jāaprēķina ticamības intervāls, kā arī vēlamais ticamības līmenis (`conf.level=`). Funkcijas rezultātu ir vēlams saglabāt kā atsevišķu objektu. Ar funkciju `names()` apskatot objekta struktūru nosaukumus, var redzēt, ka ir atsevišķs objekts ar nosaukumu `conf.int`. To var atlasīt izmantojot `$` zīmi. Iegūtais rezultāts ir identisks tam, kuru ieguva izmantojot formulas.

```
tests<-t.test(niedr$garums,conf.level=0.99)
names(tests)
```

```
## [1] "statistic"   "parameter"   "p.value"     "conf.int"    "estimate"
## [6] "null.value"  "alternative" "method"      "data.name"
```

```
round(tests$conf.int,2)
```

```
## [1] 33.69 41.50
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.99
```

6.2.3 Bootstrap ticamības intervāli

Atsevišķos gadījumos ticamības intervālus nepieciešams aprēķināt rādītājiem, kuriem nav izstrādātā formula, vai arī zināmiem rādītājiem nevar izmantot parastos aprēķina veidus, jo tiek pārkāpti kādi pieņēmumi par datiem, piemēram, to homogenitāti. Šādos gadījumos var izmantot tā saukto bootstrap metodi. Metodes pamātā ir tas, ka no esošajiem datiem veido daudzas jaunas paraugkopas, kuru apjoms ir vienāds ar oriģinālajiem datiem. Jaunu paraugkopu veidošana notiek pēc paraugošanas ar aizvietošanu principa, tas ir, katra no oriģinālajām vērtībām var tik izraudzīta vairāk kā vienu reizi. Pēc tam katrai no jaunajām paraugkopām aprēķina interesējošo rādītāju un tad aprēķina ticamības intervālu, piemēram, balstoties uz procentilēm.

Lai izmantotu bootstrap metodi programmā R, ir izveidota tam īpaši paredzēta pakete `boot` (Canty and Ripley, 2012). Piemērā aprēķināts ticamības intervāls tiem pašiem niedru lapu garumiem. Sākumā ar funkcijuset.seed() tiek panākts, lai rezultāts būtu identisks piemēram. Tālāk ir jānodefinē funkcija, kas aprēķina vēlamo rādītāju. Šo funkciju nosaucam par `videjie` un tai būs divi mainīgie - `data` un `indices`, kuru radīs funkcija `boot()`. `indices` norādīs indeksus, lai atlasītu skaitļus no mainīgā `data`. Jaunie skaitļi tiks saglabāti mainīgajā d un šim mainīgajam aprēķinās vidējo aritmētisko. Tālāk izmanto funkciju `boot()`, kurai kā argumentus norādā oriģinālo skaitļu rindu/kolonnu, aprēķināmo rādītāju (funkcija `videjie`), kā arī veidojamo paraugu skaitu (šoreiz 1000).

```
set.seed(1234)
library(boot)
videjie<-function(data,indices){
   d<-data[indices]
   mean(d)
 }
dat<-boot(data=niedr$garums,statistic=videjie,R=1000)
```

Ar funkciju `boot()` izveidoto objektu var apskatīt arī grafiski (6.1 attēls) - redzams, ka iegūtie vidējie aritmētiskie apmēram veido normālo sadalījumu

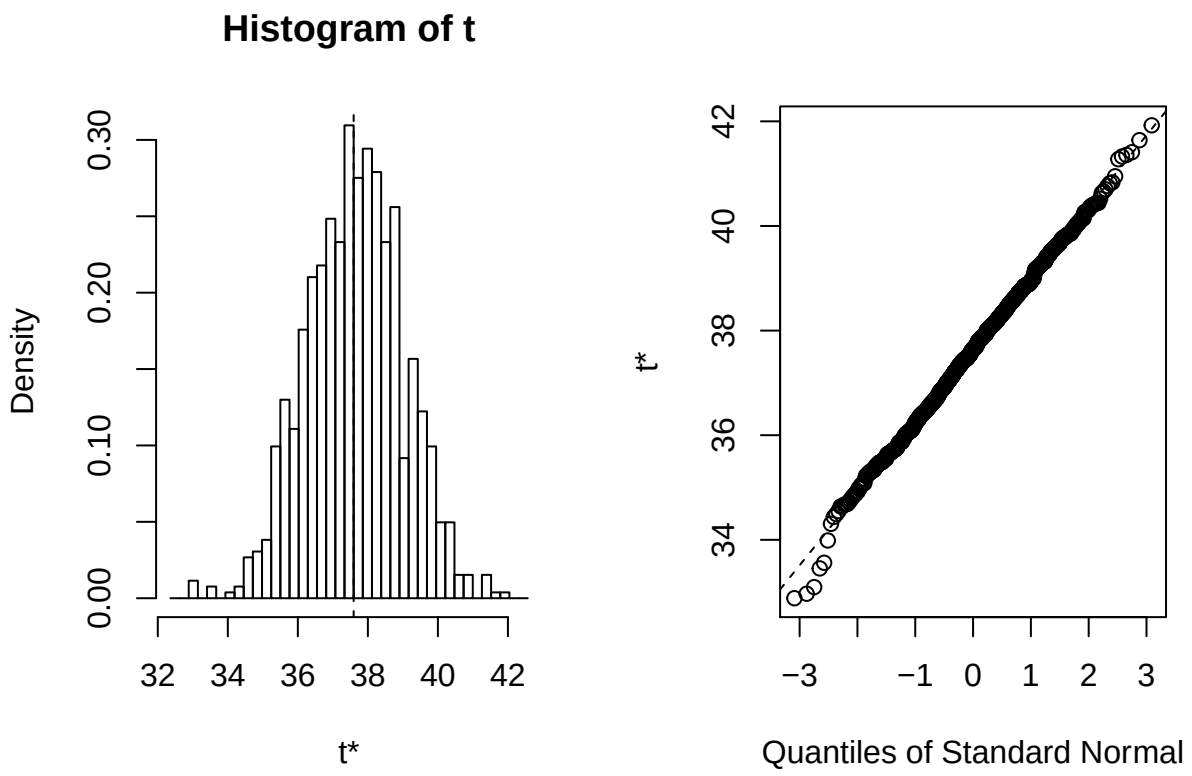
```
plot(dat)
```

Bootstrap ticamības intervālu aprēķināšanai izmanto funkciju `boot.ci()`, kurai kā argumentus norāda `boot()` izveidoto objektu, kā arī vēlamo ticamības līmeni (`conf=`). Funkcija aprēķina vairākus ticamības intervāla veidus (Manly, 2007), kas dod samērā līdzīgus rezultātus.

```
boot.ci(dat,conf=0.99)
```

```
## Warning in boot.ci(dat, conf = 0.99): bootstrap variances needed for
## studentized intervals

## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = dat, conf = 0.99)
##
## Intervals :
## Level      Normal              Basic
## 99%   (34.04, 41.09 )   (33.86, 41.62 )
##
## Level     Percentile            BCa
## 99%   (33.56, 41.33 )   (33.39, 41.11 )
```



Att. 6.1: Bootstrap vidējo aritmētisko histogramma un QQ grafik

```
## Calculations and Intervals on Original Scale
## Some basic intervals may be unstable
## Some percentile intervals may be unstable
## Some BCa intervals may be unstable
```

6.2.4 Ticamības intervālu grafiskais attēlojums

Izmantojot funkcijas, kas pieejamas paketē `plotrix` (Lemon, 2006), ir iespējams izveidot grafiku ar ticamības intervāliem. Pirmkārt, ir nepieciešams objekts, kas satur vidējos aritmētiskos. Piemēram izmantots niedru lapu garums, kas aprēķināts katram no parauglaukumiem.

```
videjie<-tapply(niedr$garums,niedr$paraug,mean)
videjie
```

```
##    Austr     Riet     Ziem
## 33.52941 41.05294 38.23750
```

Pēc tam jāizveido objekts, kas satur skaitļus Stjūdenta kritērija un videjā aritmētiskā reprezentācijas rādītāja reizinājumus. Tam izmanto atkal funkciju `tapply()`, tikai beigās norāda paša definētu funkciju.

```
vid.rob<-tapply(niedr$garums,niedr$paraug,
  function(x) (qt((1-0.01/2),length(x))*sd(x)/sqrt(length(x))))
vid.rob
```

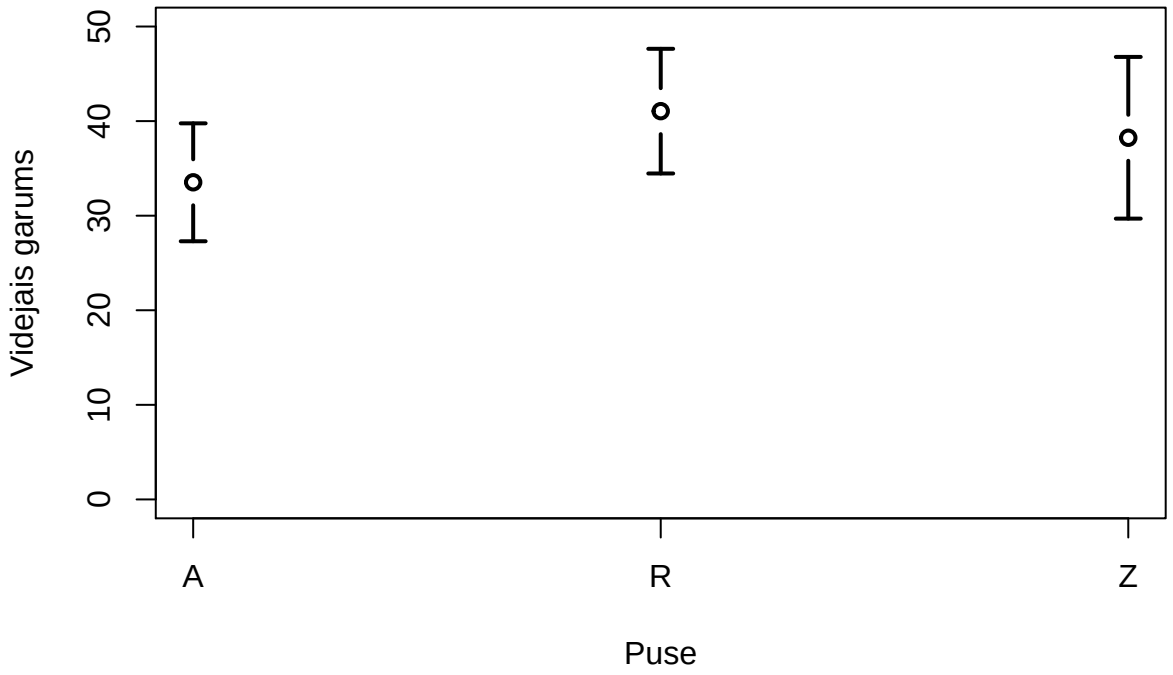
```
##    Austr     Riet     Ziem
## 6.234850 6.590739 8.547961
```

Grafika ar ticāmības intervāliem izveidošanai (6.2 attēls) jāizmanto funkcija `plotCI()`, kurai kā argumentus jānorāda x mainīgais (šoreiz skaitļi no 1 līdz 3, jo ir trīs parauglaukumi), pēc tam jānorāda vektors ar vidējiem aritmētiskajiem, vektors ar Stjūdenta kritērija un videjā aritmētiskā reprezentācijas rādītāja reizinājumiem, kā arī var norādīt papildus argumentus grafika izskata uzlabošanai.

```
library(plotrix)
plotCI(1:3,as.vector(videjie),as.vector(vid.rob),axes=FALSE,
       xlab="Puse",ylab="Videjais garums",ylim=c(0,50),lwd=2)
```

```
## Warning in plot.xy(xy.coords(x, y), type = type, ...): "axes" is not a
## graphical parameter
```

```
axis(1,at=1:3,labels=c("A","R","Z"))
axis(2,at=seq(0,50,10))
box()
```



Att. 6.2: Vidējais niedru lapu garums trīs parauglaukumos ar 99% ticamības intervāliem

Nodaļa 7

Paraugkopu salīdzināšana

7.1 Teorētiskais pamatojums

Viens no biežākajiem uzdevumiem eksperimentos vai pētījumos, ir salīdzināt divu vai vairāku paraugkopu datus savā starpā, lai varētu izdarīt secinājumus par to līdzību vai atšķirību. Piemēri varētu būt augu biomasas salīdzināšana starp divām augšanas vietām, mātīšu un tēviņu proporcijas salīdzināšana starp divām populācijām, utt. Paraugkopu salīdzināšanai ir jāizvēlas pareizās metodes, jo katram datu veidam atbilstošāks kāds konkrēts tests. Pirmais dalījums statistiskajiem testiem ir parametriskajās un neparametriskajās metodēs. Parametriskās metodes pieņem, ka dati nāk no ģenerālkopas, kas normālajam sadalījumam, toties neparemetriskajiem testiem normalitāte nav būtiska. Parametriskās metodes strādā ar novērojumu vērtībām, bet neparemetriskās metodes ar šo vērtību rangiem, tāpēc parametriskās vērtības parasti ir jutīgas pret ekstrēmām vērtībām. Kā svarīgākās paramtriskās metodes paraugkopu salīdzināšanai jāizceļ T-tests, F-tests un Levena tests. No neparametriskajiem testiem jāmin Mann-Whitney-Wilcoxon tests un Wilcoxon tests atkarīgiem novērojumiem. Kvalitatīvu (kategorijas) datu analīzei būtiskākais tests ir χ^2 tests.

7.1.1 T-tests

Visbiežāk lietotais tests divu paraugkopu salīdzināšanai ir T-tests jeb Stjūdenta t-tests. Tomēr pirms šī tests pielietošanas ir jāņem vērā vairāki tā pieņēmumi:

- Paraugkopas dati nāk no ģenerālkopas, kas atbilst normālajam sadalījumam. Nelielas nobīdes no normālā sadalījuma varētu neietekmēt rezultātu interpetāciju, bet jāņem vērā, ka tests ir ļoti jutīgs pret ekstrēmām vērtībām.
- Paraugkopu dispersijas ir homogēnas (līdzīgas). Ja dispersijas ir atšķirīgas, tad var izmantot T-testu ar Welch modifikāciju.
- Paraugkopu novērojumi ir neatkarīgi. Ja paraugkopu novērojumi ir atkarīgi, tad jāizmanto speciāla T-testa modifikācija atkarīgiem novērojumiem.

T-testa gadījumā Nulles hipotēze apgalvo, ka starp divu paraugkopu vidējie aritmētiskie ir vienādi (to starpība ir 0). Testa veikšanai aprēķina lielumu t (7.1), ko pēc tam salīdzina ar teorētiski sagaidāmo t vērtību no Stjūdenta sadalījuma pie noteiktā brīvības pakāpju skaita.

$$t = \frac{\overline{X_1} - \overline{X_2}}{\sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}} \tag{7.1}$$

, kur $\overline{X_1}$ un $\overline{X_2}$ - pirmās un otrās paraugkopas vidējie aritmētiskie, s_1^2 un s_2^2 - pirmās un otrās paraugkopas dispersijas, n_1 un n_2 - pirmās un otrās paraugkopas paraugkopas apjoms.

Nulles hipotēze ir spēkā, ja $t_{n_1+n_2-2,\alpha/2} < t < t_{n_1+n_2-2,1-\alpha/2}$, vai arī, ja testā iegūtā p-vērtība ir lielāka par noteikto α vērtību. Pretējā gadījumā ir jāakceptē alternatīvā hipotēze par to, ka pastāv statistiski būtiska atšķirība starp abu paraugkopu vidējiem aritmētiskajiem.

7.1.1.1 T-tests atkarīgām paraugkopām

Gadījumos, ja paraugkopas savā starpā ir atkarīgas vai saistītas, tad ir jāizmanto tam pielāgots t-tests (7.2). Piemēri atkarīgām vai saistītām paraugkopām būtu, vienu un to pašu cilvēku asinsspiediens pirms un pēc fiziskās slodzes, vai arī asinsspiedens labajā un kreisajā rokā tiem pašiem cilvēkiem. Saistītu pāru dati būtu bērna un vecāka asinsspiedieni vairākiem šādiem pāriem. Atkarīgu paraugkopu gadījumā ir jāaprēķina starpības starp katriem diviem atkarīgajiem/saistītajiem novērojumiem - d. Nulles hipotēze apgalvo, ka vidējā starpība starp pāriem ir vienāda ar 0.

$$t = \frac{\overline{d}}{s_d/\sqrt{n}} \tag{7.2}$$

,kur $\overline{d}$ - vidējā vērtība pāru starpībām, n - pāru skaits, s_d - pāru starpības standartnovirze, kuru aprēķina pēc formulas $s_d = \sqrt{\sum(d_i - \overline{d})^2/(n-1)}$.

Nulles hipotēze ir spēkā, ja $t_{n-1,\alpha/2} < t < t_{n-1,1-\alpha/2}$, vai arī, ja testā iegūtā p-vērtība ir lielāka par noteikto α vērtību. Pretējā gadījumā ir jāakceptē alternatīvā hipotēze par to, ka atkarīgo/saistīto pāru vidējā starpība būtiski atšķiras no 0.

7.1.1.2 T-tests vienai paraugkopai

T-testu ir iespējams ir iespējams veikt arī vienai paraugkopai, ja merķis ir noskaidrot vai paraugkopas vidējais aritmētiskais ir vienāds ar iepriekš zināmi vidējā aritmētiskā vērtību (ģenerālkopas) vidējais aritmētiskais). Šajā gadījumā izmanto modificētu T-testa formulu (7.3).

$$t = \frac{\overline{x} - \mu}{\frac{s}{\sqrt{(n)}}} \tag{7.3}$$

,kur $\overline{x}$ – paraugkopas vidējais aritmētiskais, μ – ģenerālkopas vidējais aritmētiskais, s – paraugkopas standartonivrze, n – paraugkopas novērojumu skaits.

Nulles hipotēze ir spēkā, ja $t_{n-1,\alpha/2} < t < t_{n-1,1-\alpha/2}$, vai arī, ja testā iegūtā p-vērtība ir lielāka par noteikto α vērtību. Pretējā gadījumā ir jāakceptē alternatīvā hipotēze par to, ka pastāv statistiski būtiska atšķirība starp paraugkopas un ģenerālkopas vidējiem aritmētiskajiem.

7.1.2 Dispersiju salīdzināšana

Lai salīdzinātu variēšanu (dispersiju) starp divām paraugkopām, biežāk izmantotais tests ir F-tests (7.4). Nulles hipotēze šajā gadījumā apgalvo, ka divām paraugkopām variēšana (dispersija) ir vienāda. Nulles hipotēzes pārbaudīšanai, iegūta F vērtība tiek salīdzināta ar teorētisko F vērtību no atbilstošā sadalījuma. F testa pieņēmums ir, ka paraugkopu dati atbilst normālajam sadalījumam. Attiecīgi uz testa rezultātiem ir jāskatās uzmanīgi, ja atbilstība normālajam sadalījumam ir aptuvena.

$$F = \frac{s_1^2}{s_2^2} \tag{7.4}$$

,kur s_1^2 un s_2^2 attiecīgi pirmās un otrās paraugkopas dispersijas.

Nulles hipotēze ir spēkā, ja $F_{n_1-1,n_2-1,\alpha/2} < F < F_{n_1-1,n_2-1,1-\alpha/2}$, vai arī, ja testā iegūtā p-vērtība ir lielāka par noteikto α vērtību. Pretējā gadījumā ir jāakceptē alternatīvā hipotēze par to, ka pastāv statistiski būtiska atšķirība starp paraugkopu dispersijām.

Gadījumā, ja ir jāsalīdzina vairāk kā divu paraugkopu dispersijas, tad var izmantot, piemēram, Levene testu. Šī testa priekšrocība ir tā, ka datiem nav jāseko normālajam sadalījumam.

7.1.3 Wilcoxon tests neatkarīgiem novērojumiem

Gadījumos, ja dati neatbilst normālajam sadalījumam, bet nepieciešams salīdzināt vērtības starp divām paraugkopām, var izmantot neparmetrisko Mann-Whitney-Wilcox testu, sauktu arī par Mann-Whitney U testu, vai arī Wilcoxon testu neatkarīgiem novērojumiem. Testam ir divi galvenie pieņēmumi: (a) novērojumi abās paraugkopas ir neatkarīgi; (b) novērojumu datus ir iespējams saranžēt (sakārtot no augošā/dilstošā secībā).

Testu pamatā ir vērtību sarenžēšana starp abām paraugkopām un šo rangu salīdzināšana. Nulles hipotēze apgalvo, ka starp abām paraugkopām rangu izvietojums ir nejauš un šīs paraugkopas ir līdzīgas (to mediānas ir vienādas).

Lai pārbaudīti Nulles hipotēzi, tiek saskaitīti rangi mazākajā paraugkopā –T. Ja nulles hipotēze ir spēkā, tad T piederēs pie normālā sadalījuma ar vidējo vērtību $n_1\overline{R}$ un standartnovirzi s_R, kur $\overline{R}$ ir vidējā rangu vērtība, n_1 un n_2 - pirmās un otrās paraugkopas apjoms.

7.1.4 Wilcoxon tests atkarīgiem novērojumiem

Īpaša Wilcoxon testa formula ir jāizmanto gadījumos, ja dati starp abām paraugkopām ir atkarīgas. Šajā gadījumā ranžētas tiek novērojumu starpības (to absolūtās vērtības), nevis paši novērojumi.

7.1.5 χ^2 tests

χ^2 testu izmanto gadījumos, ja jāparbauda kvalitatīvu (kategorijas) datu atbilstību iepriekš zināmam sadalījumam, vai arī jāsalīdzina savā starpā kvalitātīvu datu paraugkopas. Piemēri kvalitatīviem datiem būtu mātīšu un tēviņu skaits populācijā, zirņu pazīmju attiecībā ģenētiskos pētījumos. Visos gadījumos no sākuma dati ir jāapkopo pa kategorijām, jāiegūst empīriskais sadalījums.

Testam ir vairāki pieņēmumi: (a) paraugkopas apjoms ir pietiekami liels (diemžēl nav vienota viedokļa, bet vēlams būtu tuvu vismaz 100); (b) pietiekami liels novērojumu skaits katrā "šūnā" - ja ir 2*2 tabula, tad vismaz 5 novērojumi katrā šūnā, ja lielāka tabula, tad vismaz 80% šūnu jābūt vismaz 5 novērojumiem. Ja šos pieņēmumus nav iespējams izpildīt, tad jāizmanto precīzāki testi.

7.1.5.1 Atbilstība sadalījumam

Ja ir nepieciešams pārbaudīt empīriskā sadalījuma atbilstību sagaidāmajam sadalījumam, tad Nulles hipotēze apgalvos, ka empīriskias sadalījums atbilst sagaidāmajam sadalījumam (starp tiem nav atšķirības). Nulles hipotēzes pārbaudīšanai ir jāaprēķina χ^2 vērtība (7.5) un jāsalīdzina to ar teorētisko vērtību.

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{n} \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} \tag{7.5}$$

, kur O_i - empīriskā (novērotā) frekvence konkrētajā klasē, E_i - sagaidāmā (teorētiskā) frekvence konkrētajā klasē, n - klašu skaits.

Nulles hipotēze ir spēkā, ja $\chi^2 < \chi^2_{(R-1)(C-1),1-\alpha}$ (R - rindiņu skaits, C - kolonnu skaits), vai arī, ja testā iegūtā p-vērtība ir lielāka par noteikto α vērtību. Pretējā gadījumā ir jāakceptē alternatīvā hipotēze par to, ka pastāv statistiski būtiska atšķirība starp empīrisko un teorētisko sadalījumu.

7.1.5.2 Paraugkopu salīdzinājums

Divi vai vairāku paraugkopu sadalīdzināšanai, izmanto to pašu formulu (7.5), tikai šajā gadījumā sagaidāmās frekvences E aprēķina, kā $(n_R \cdot n_C)/n$, kur n_R un n_C attiecīgi ir atbilstošās rindiņas un kolonnas frekvenču summa, bet n ir kopējā frekvenču summa. Nulles hipotēze nosaka, ka novērojumi ir neatkarīgi un starp tiem nav saistības.

7.2 Paraugkopu salīdzināšana programmā R

7.2.1 Datu sagatavošana

Kā pirmais fails piemēriem izmantots `niedres2.txt`, kas satur informāciju par niedru lapu garumu un platumu trīs parauglaukumos - divos parauglaukumos ir pa 17 novērojumiem, bet vienā parauglaukumā ir 16 novērojumi.

```
niedr<-read.table(file="niedres2.txt",header=T,sep="\t",dec=".")
str(niedr)
```

```
## 'data.frame':    50 obs. of  3 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
##  $ paraug : Factor w/ 3 levels "Austr","Riet",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

```
summary(niedr)
```

```
##      garums         platums        paraug
##  Min.   :11.90   Min.   :0.400   Austr:17
##  1st Qu.:31.07   1st Qu.:2.500   Riet :17
##  Median :38.40   Median :3.900   Ziem :16
##  Mean   :37.59   Mean   :3.892
##  3rd Qu.:45.30   3rd Qu.:5.100
##  Max.   :59.00   Max.   :7.100
```

No datu objekta `niedr` izveidots otrs objekts `niedr2`, kas satur novērojumus tikai no Austrumu un Rietumu parauglaukumiem. Tomēr apskatot ar funkciju `str()` jaunizveidotās datu tabulas struktūru redzams, ka joprojām tiek uzskatīts, ka kolonnā `paraug` ir trīs iespējamie līmeņi. Lai "nomestu" nevajadzīgo faktora līmeni, jāizmanto funkcija `droplevels()`. Pēc šīs darbības kolonnai `paraug` paliek tikai divi līmeņi.

```
niedr2<-niedr[niedr$paraug=="Austr" | niedr$paraug=="Riet",]
str(niedr2)
```

```
## 'data.frame':    34 obs. of  3 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
##  $ paraug : Factor w/ 3 levels "Austr","Riet",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

```
niedr2<-droplevels(niedr2)
str(niedr2)
```

```
## 'data.frame':    34 obs. of  3 variables:
##  $ garums : num  31.6 23.2 39.2 37.4 21.1 37 24.7 31.3 37.4 39.7 ...
##  $ platums: num  2.5 2.3 2.1 5.8 2.2 4.1 3.5 4.2 2.5 2.8 ...
##  $ paraug : Factor w/ 2 levels "Austr","Riet": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

7.2.2 Divu neatkarīgu paraugkopu salīdzināšana ar parametriskajām metodēm

Paraugkopu salīdzināšanas piemēram izmantota informācija par niedru lapu garumu divos parauglaukumos. Pirmais solis paraugkoku salīdzināšanai ir to dispersiju salīdzināšana. Tam var izmantot funkciju `var.test()`, kas veic F testu divu paraugkopu dispersiju salīdzināšanai. Funkcijai kā argumenti jānorāda kolonna, kurā ir visi dati, un kolonna, kurā ir dalījuma līmeņi. Analīzes rezultātos parādās gan F vērtība (dispersiju dalījums), gan arī ticamības intervāls šim dalījumum, brīvības pakāpju skaits un atbilstošā p-vērtība.

```
var.test(niedr2$garums~niedr2$paraug)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  niedr2$garums by niedr2$paraug
## F = 0.89492, num df = 16, denom df = 16, p-value = 0.827
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##  0.3240865 2.4711930
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.8949191
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ nav statistiski būtiskas atšķirības starp abu paraugkopu dispersijām, jo p-vērtība ir lielāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,826>0,05).

Vidējo aritmētisko salīdzināšanai izmanto funkciju `t.test()`, kurai arī kā argumenti jānorāda kolonna, kurā ir visi dati, un kolonna, kurā ir dalījuma līmeņi. Papildus jānorāda arī arguments `var.equal=TRUE`, lai norādītu, ka dispersijas ir homogēnas (par to pārliecinājās iepriekšējā testā.). Rezultātos norāda t-vērtību, brīvības pakāpju skaitu, atbilstošo p-vērtību. Tā pat tiek norādīts abu paraugkopu vidējais aritmētiskais, kā arī šo vidējo aritmētisko starpības ticamības intervāls.

```
t.test(niedr2$garums~niedr2$paraug,var.equal=TRUE)
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  niedr2$garums by niedr2$paraug
## t = -2.4034, df = 32, p-value = 0.02221
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -13.899897  -1.147161
## sample estimates:
## mean in group Austr  mean in group Riet
##            33.52941            41.05294
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ pastāv statistiski būtiska atšķirība starp abu paraugkopu vidējiem aritmētiskajiem, jo iegūtā p-vērtība ir zemāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,022<0,050).

T-testu programmā R var arī veikt nepieņemot dispersiju vienādību (tas pat ir noklusētais uzstādījums). Šajā gadījumā t-tests tiek veikts ar Velča korekciju (mainās brīvības pakāpju skaits).

```
t.test(niedr2$garums~niedr2$paraug)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  niedr2$garums by niedr2$paraug
## t = -2.4034, df = 31.902, p-value = 0.02223
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -13.900666  -1.146392
## sample estimates:
## mean in group Austr  mean in group Riet
##            33.52941            41.05294
```

7.2.3 Vairāku neatkarīgu paraugkopu salīdzināšana ar parametriskajām metodēm

Vairāk kā divu paraugkopu salīdzināšanas piemēram izmantota oriģinālā `niedr` datu tabula, kurā bija visi trīs parauglaukumi. Vairāku dispersiju salīdzināšanai var izmantot funkciju `leveneTest()` no paketes `car`. Arī šai funkcijai kā mainīgie jānorāda kolonna ar datiem un kolonna ar dalījuma līmeņiem. Analīzes rezultāts atšķiras no tā, ko dot `var.test()`. Rezultātā ir norādīts brīvības pakāpju skaits, iegūtā F vērtīva un atbilstošā p-vērtība (norādīta kolonnā Pr(>F)).

```
library(car)
leveneTest(niedr$platums~niedr$paraug)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##       Df F value Pr(>F)
## group  2  0.7235 0.4904
##       47
```

Secinājums: visi trīs paraugkopu dispersijas ir homogēnas (atšķirības nav būtiskas) pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$, jo p-vērtības ir lielāka par noradīto būtiskuma līmeņa (0,49>0,05).

Vidējo aritmētisko salīdzināšanai atkal jāizmanto t-tests, tikai šajā gadījumā jāizmanto funkcija `pairwise.t.test()`, kas veiks t-testus starp jebkuriem diviem līmeņiem (parauglaukumiem), kā arī vienlaicīgi pielāgos p-vērtības, lai samazinātu 1. tipa kļūdas rašānās iespēju veicot atkārtotos testus. Vēl viena šīs funkcijas īpatnība ir tā, ka mainīgo atdalīšanai izmanto komatu nevis tildes zīmi. Analīzes rezultātos norādītas p-vērtības katram no salīdzinājumiem, kā arī norādīta kāda p-vērtību pielāgošanas metode izmantota (to var mainīt).

```
pairwise.t.test(niedr$platums,niedr$paraug)
```

```
##
##  Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
##
```

```
## data:  niedr$platums and niedr$paraug
##
##      Austr Riet
## Riet 0.013 -
## Ziem 0.016 0.859
##
## P value adjustment method: holm
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ pastāv statistiski būtiska atšķirība starp Austrumu un Rietumu, kā arī Austrumu un Ziemeļu parauglaukumu lapu platumu vidējām vērtībām, jo atbilstošās p-vērtības ir mazākas par noteikto būtiskuma līmeni (0,013<0,050 un 0,016<0,050), toties nav statistiski būtiskas atšķirības starp Rietumu un Ziemeļu parauglaukumu lapu platumiem (0,859>0,050).

7.2.4 Atkarīgu paraugkopu salīdzināšana ar parametriskām metodēm

Kā piemērs atkarīgu paraugkopu salīdzināšanai izmantots datu fails `rokas.txt`, kas satur informāciju par labās un kreisās rokas spēku 25 cilvēkiem. Tā kā ir pieejama informācija par viena un tā paša cilvēkā labās un kreisās rokas spēku, tas šādus datus attiecīgi pieņemam par atkarīgiem.

Ja dati atbilst visiem pieņēmumiem, tad var izmantot T-testu modifikāciju atkarīgiem datiem. Programmā R tam izmanto atkal funkciju `t.test()`, kurai kā arguments jānorāda divas datu kolonnas, kā arī `paired=TRUE`. Galvenais nosacījums, lai datu objekts būtu sagatavots pareizi - abās kolonnās objektu secībai jābūt vienādai.

```
rokas<-read.table(file="rokas.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(rokas)
```

```
## 'data.frame':    25 obs. of  2 variables:
##  $ laba  : num  32.9 39.7 26.9 38.8 58 50.6 31.4 68.7 65.2 31.8 ...
##  $ kreisa: num  21.9 39.2 29.9 34.8 48.7 51.4 34.5 56.4 57.5 27.8 ...
```

```
t.test(rokas$laba,rokas$kreisa,paired=TRUE)
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data:  rokas$laba and rokas$kreisa
## t = 4.4743, df = 24, p-value = 0.0001581
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  2.413454 6.546546
## sample estimates:
## mean of the differences
##                    4.48
```

Secinājums: starpība starp labās un kreisās rokas vidējo spēku ir 4.48 un šī starpība ir statistiski būtiska pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$, jo p-vērtība ir mazāka par šo būtiskuma līmeni (0,0002<0,05).

Ja šos pašus datus analīzē nepieņemot to atkarību, iegūst pavisam citu rezultātu - šādā gadījumā secinājums ir, ka starpība starp vidējiem aritmētiskajiem nav statistiski būtiska.

```
t.test(rokas$laba,rokas$kreisa)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  rokas$laba and rokas$kreisa
## t = 1.1261, df = 47.021, p-value = 0.2658
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -3.523473 12.483473
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##    44.812    40.332
```

7.2.5 Vienas paraugkopas t-tests

Funkciju `t.test()` var izmantot arī vienas paraugkopas t-testam, piemēram, ja jānoskaidro vai paraugkopa var piederēt pie ģenerālkopas, kurai ir zināms tās vidējais aritmētiskais. Šādā gadījumā kā argumenti funkcijai jānorāda vektors/kolonna, kas satur paraugkopas datus, kā arī arguments 'mu= ar ģenerālkopas vidējo aritmētisko. Piemērā pārbaudīts vai niedru lapu platums varētu piederēt pie ģenerālkopas, kuras vidējā vērtība ir trīs.

```
t.test(niedr$platums,mu=3.0)
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  niedr$platums
## t = 3.9431, df = 49, p-value = 0.0002557
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 3
## 95 percent confidence interval:
##  3.4374 4.3466
## sample estimates:
## mean of x
##     3.892
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ niedru lapu platums konkrētajā paraugkopā nepieder pie ģenerālkopas, kuras vidējais aritmētiskais ir 3,0 cm, jo p-vērtības ir mazāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,0026<0,05).

7.2.6 Divu neatkarīgu paraugkopu salīdzināšana ar neparametriskajām metodēm

Lai veiktu divu paraukopu salīdzināšanu ar neparametriskām metodēm programmā R, ir jāizmanto funkciju `wilcox.test()`, kurai kā argumenti jānorāda kolonna ar datiem un kolonna ar dalījuma līmeņiem (tie drīkst būt divi). Piemēram izmantoti dati no datu objekta `niedr2` par niedru lapu garumu divos parauglaukumos. Atšķirībā no funkcijas `t.test()` rezultātiem, šajā gadījumā norāda tikai iegūtu p-vērtību un W rādītāju, ko izmanto atšķirības būtiskuma novērtēšanai.

```
wilcox.test(niedr2$garums~niedr2$paraug)
```

```
## Warning in wilcox.test.default(x = c(31.6, 23.2, 39.2, 37.4, 21.1, 37,
## 24.7, : cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data:  niedr2$garums by niedr2$paraug
## W = 75, p-value = 0.01745
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ pastāv statistiski būtiska atšķirība starp abu paraugkopu niedru lapu garumiem, jo iegūtā p-vērtība ir zemāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,017<0,050).

7.2.7 Divu atkarīgu paraugkopu salīdzināšana ar neparametriskajām metodēm

Atkarīgu paraugkopu salīdzināšanai ar neparametriskajām metodēm R arī izmanto funkciju `wilcox.test()`, kurai kā arguments jānorāda divas datu kolonnas, kā arī 'paired=TRUE. Galvenais nosacījums, lai datu objekts būtu sagatavots pareizi - abās kolonnās objektu secībai jābūt vienādai. Piemēram izmantoti dati par labās un kreisās rokas spēku.

```
wilcox.test(rokas$laba,rokas$kreisa,paired=TRUE)
```

```
## Warning in wilcox.test.default(rokas$laba, rokas$kreisa, paired = TRUE):
## cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Wilcoxon signed rank test with continuity correction
##
## data:  rokas$laba and rokas$kreisa
## V = 291.5, p-value = 0.0005445
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Secinājums: starpība starp labās un kreisās rokas spēku ir statistiski būtiska pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$, jo p-vērtība ir mazāka par šo būtiskuma līmeni (0,0006<0,05).

7.2.8 χ^2 tests

χ^2 testa veikšanai programmā R izmanto funkciju `chisq.test()`, kurai norādāmie argumenti ir atkarīgi no tā, ko vēlas salīdzināt. Ja ir nepieciešams pārbaudīt vai empīriskais sadalījums atbilst iepriekšs zināmam teorētiskajam sadalījumam, tad jānorāda argumenti `x=`, kas satur empīrisko frekvenču vektoru, un arguments 'p=, kas satur teorētiskā sadalījuma relatīvās frekvences (iespējamības). Teorētiskā sadalījuma frekvenču vektora summai jābūt vienādai ar 1.

Kā piemērs pārbaudīta eksperimentā iegūto dažādu formu un krāsu ziņu skaita sadalījuma atbilstība sagaidāmajam sadalījumam atbilstoši Mendeļa likumiem. Sagaidāmās frekvences ir 9:3:3:1, un, lai panāktu, ka to summa būtu vienāda ar 1, tās tiek dalītas ar 16 (sagaidāmo frekvenču summa). Analīzes rezultātos parādās aprēķinātā χ^2 vērtība, brīvības pakāpju skaits un atbilstošā p-vērtība.

```
zirni <- c(315, 108, 101, 32)
teor.zirni <- c(9, 3, 3, 1)/16
chisq.test(x = zirni, p = teor.zirni)
```

```
##
##  Chi-squared test for given probabilities
##
## data:  zirni
## X-squared = 0.47002, df = 3, p-value = 0.9254
```

Secinājums: eksperimentāli iegūto zirņu attiecība atbilst teorētiski sagaidāmajam sadalījumam (nav statistiski būtiskas atšķirības), jo iegūtā p-vērtība ir lielāka par būtiskuma līmeni (0,925>0,05).

Ja ir nepieciešams salīdzināt frekvenču sadalījumu starp divām paraugkopām, tad funkcijā `chisq.test()` kā arguments jānorāda matrice, kurā atbilstoši pa kolonnām izvietoti pirmās un otrās paraugkopas dati. Analīzes piemēram izmantoti dati par koku sadalījumu pa sugām divos parauglaukumos.

```
koki<-matrix(c(12,34,56,23,8,27,33,47,14,11),ncol=2)
rownames(koki) <- c("Priede","Egle","Bērzs","Ozols","Kļava")
colnames(koki) <- c("Paraug A","Paraug B")
koki
```

```
##        Paraug A Paraug B
## Priede       12       27
## Egle         34       33
## Bērzs        56       47
## Ozols        23       14
## Kļava         8       11
```

```
chisq.test(koki)
```

```
##
##  Pearson's Chi-squared test
##
## data:  koki
## X-squared = 9.2298, df = 4, p-value = 0.05561
```

Secinājums: pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ nav statistiski būtiskas atšķirības koku skaita sadalījumā pa sugām divos parauglaukumos, jo p-vērtība ir lielāka par noteikto būtiskuma līmeni (0,056>0,05).

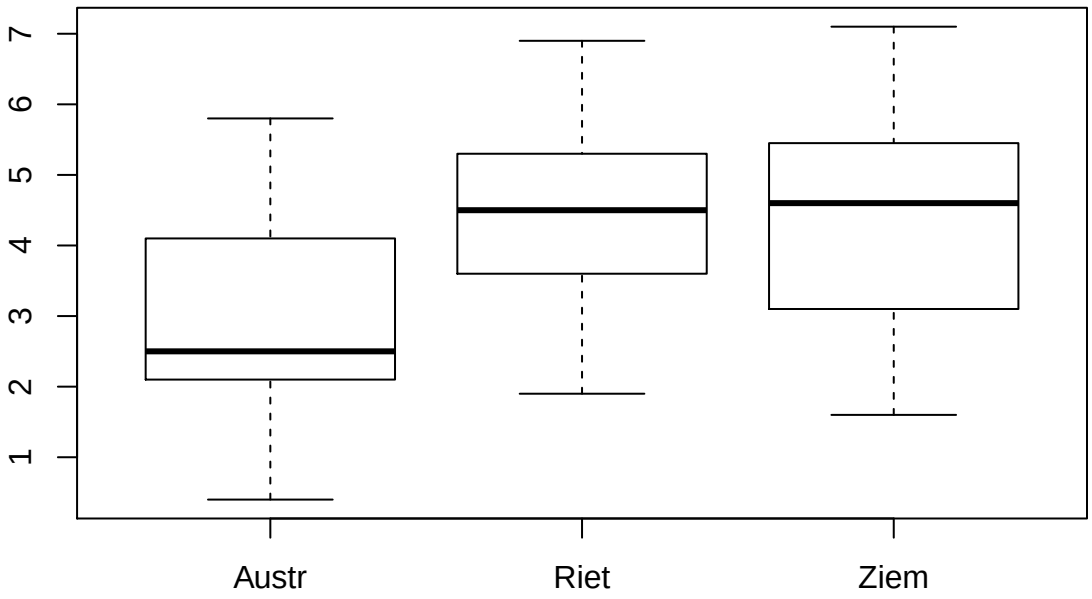
7.2.9 Paraugkopu grafiskā salīdzināšana

Viens no informatīvākajiem grafikiem vairāku paraugkopu grafiskai salīdzināšanai ir Box-plot, kuru iegūst ar funkciju `boxplot()`. Kā argumenti šai funkcijai jānorāda kolonna ar datiem un kolonna ar dalījuma līmeņiem. Pēc šada grafika var spriest gan par datu izkliedi atsevišķiem dalījuma līmeņiem, gan arī par vērtību līdzību vai atšķirību (7.1 attēls). Tomēr jāatceras, ka pilnīgi drošu secinājumu var izdarīt tikai veicot kādu statistisko testu.

```
boxplot(niedr$platums~niedr$paraug)
```

7.2.10 Permutāciju un randomizēšanas tests paraugkopu salīdzināšanai

Gadījumos, kad nav iespējams veikt tradicionālos testus paraugkopu salīdzināšanai, vai arī ir nepieciešams salīdzināt rādītājus, kuru salīdzināšanai nav pieejams gatavs tests, ir iespējams izmantot tā sauktos permutāciju un randomizēšanas testus. Šo testu pamatdoma ir, ka divu esošo paraugkopu datus apvienu, un tad



Att. 7.1: Niedru lapu platuma box-plot grafiks trīs parauglaukumiem

no šiem apvienotajiem datiem veido jaunas paraugkopas pēc nejaušības principa. Pēc tam tiek aprēķināts interesējošais rādītājs. Šis process tiek atkārtots daudz reizes (vismaz 200, labāk 1000 vai vēl vairāk reizes), un tad novērtē cik gadījumos iegūst tik pat ekstrēmu vai pat ekstrēmāku rādītāju kā oriģinālajos datos. Ja gadījumu skaita proporcija zemāka nekā izvēlētais būtiskuma līmenis, tad varam pieņemt, ka pastāv statistiski būtsika atšķirība. Permutāciju testu gadījumā veido visas iespējamās jaunās paraugkopas (kombinācijas).

Kā piemērs izmantots vienkāršākais gadījums - vidējo aritmētisko salīdzināšana, skatoties uz to starpību. Sākotnēji izveidotas divas paraugkopas `par1` un `par2`, kas satur informāciju par niedru lapu platumu Autrumu un Rietumu parauglaukumos. Katrā no paraugkopām ir 17 novērojumi. Veicot tradicionālo t-testu, noskaidrots, ka vidējie aritmētiskie būtiski atšķiras un vidējo aritmētisko starpība ir -7,52.

```
par1<-niedr$garums[niedr$paraug=="Austr"]
par2<-niedr$garums[niedr$paraug=="Riet"]
t.test(par1,par2)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  par1 and par2
## t = -2.4034, df = 31.902, p-value = 0.02223
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -13.900666  -1.146392
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  33.52941  41.05294
```

```
vid.st<-mean(par1)-mean(par2)
vid.st
```

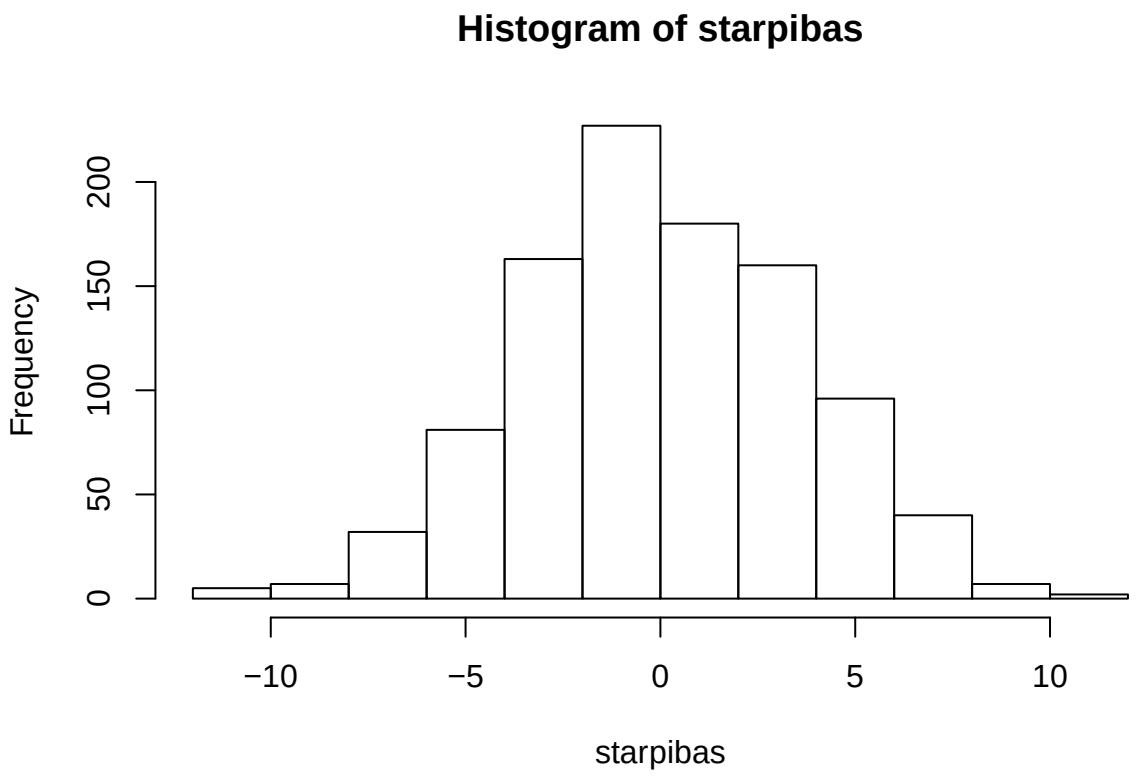
```
## [1] -7.523529
```

Permutāciju testa veikšanai, pirmkārt, izveido vektoru `kop`, kas satur abu paraugkopu datus. Otrkārt, izveido vektoru *starpibas*, kurā apvienos iegūtās vidējo aritmētisko starpības. Nākamais solis ir izmantot funkciju `for()`, lai veikti 999 permutācijas (jo viens atrkārtojums jau oriģinālā starpība) - ar funkciju `sample()` izvēlas 17 nejaušus skaitļus no 1 līdz 34, kas apzīmēs indeksus. Pēc tam aprēķina vidējos aritmētiskos divām jaunām paraugkopām `vid1` un `vid2` no apvienotā skaitļu vektora `paraug`, kas attiecīgi satur izvēlētos 17 skaitļus un pārējos 17 skaitļus. Pēc tam aprēķina vidējo aritmētisko starpību un saglabā vektorā `starpibas`. Beigās kā 1000. novērojumu pievieno oriģinālo vidējo aritmētisko starpību.

```
set.seed(76757)
kopa<-c(par1,par2)
starpibas<-NULL
for(i in 1:999){
   paraug<-sample(1:34,17)
   vid1<-mean(kopa[paraug])
   vid2<-mean(kopa[-paraug])
   starpibas[i]<-vid1-vid2
}
starpibas[1000]<-vid.st
```

Apskatot iegūto vidējo aritmētisko starpību histogrammu (7.2 attēls), varam redzēt, ka tā veido apmēram normālo sadalījumu, turklāt iespējamās vērtības mēdz būt lielākas nekā oriģinālojos datos.

```
hist(starpibas)
```



Att. 7.2: Randomizācijas testa rezultātā iegūto vidējo aritmētisko starpības histogramma

Pēdējais solis ir novērtēt cik bieži ir iegūta tik pat ekstrēma vai ekstrēmāka starpība. Tam izmanto funkciju `mean()`, kurai kā arguments likts loģiskais vaicājums - vai vektora `starpibas` vērtības ir lielākas vai vienādas

ar oriģinālo vidējo aritmētisko starpību. Loģiskā vaicājuma gadījumā iegūst vektoru, kas satur TRUE vai FALSE vērtības, un funkcija `mean()` aprēķina proporciju TRUE vērtībām. Papildus izmantota funkcija `abs()`, lai skatītu absolūtās starpības un veiktu divpusējo testu. Tā kā iegūtā proporcija ir 0.03, tad pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$ varam secināt, ka pastāv statistiki būtiska atšķirība vidējos aritmētiskajos.

```
mean(abs(starpibas) >= abs(vid.st))
```

```
## [1] 0.03
```

Iegūtais rezultāts katrā gadījumā var atšķirties, jo paraugkopu veidošanā iesaistīts nejaušības princips.

Nodaļa 8

Dispersijas analīze

8.1 Teorētiskais pamatojums

Vēl jāuzraksta!

8.2 Dati

Dispersijas analīzes piemēram izmantosim datu failu `augi.txt`, kas satur informāciju par augu biomasu parauglaukumā eksperimentā, kurā pētīta barības vielu daudzuma (`barv`) un ūdens daudzuma (`udens`) ietekme. Barības vielu daudzumam ir četras iespējamās grupas: kontrole (`kontr`), papildus fosfors(`fosf`), papildus slāpeklis (`slap`) un šo abu elementu kombinācija (`slfo`). Faktoram ūdens ir divi līmeņi: kontrole (`norm`) un papildus ūdens (`papild`).

```
augi<-read.table(file="augi.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(augi)
```

```
## 'data.frame':    40 obs. of  3 variables:
##  $ biomasa: num  60.8 61.3 49.6 53.8 54.1 47.6 63.7 50.3 50.9 55.7 ...
##  $ barv   : Factor w/ 4 levels "fosf","kontr",..: 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
##  $ udens  : Factor w/ 2 levels "norm","papild": 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...
```

```
summary(augi)
```

```
##     biomasa         barv       udens
##  Min.   :47.60   fosf :10   norm  :20
##  1st Qu.:55.67   kontr:10   papild:20
##  Median :59.20   slap :10
##  Mean   :59.66   slfo :10
##  3rd Qu.:63.70
##  Max.   :74.90
```

Lai gūtu sākotnējo priekštatu par augu biomasas atšķirībām starp katra no faktoriem gradācijas klasēm, var izmantot funkciju `tapply()`, kurai kā argumentus norādam kolonnu, kas satur datus, kolonnu, kas satur dalījuma līmeņus, kā arī rādītāju, kuru vēlamies aprēķināt. Šo funkciju pielietojam, lai apskatītu kāda ir vidējā aritmētiskā augu biomasa katrā no barības vielu un katrā no ūdens režīmiem.

```
tapply(augi$biomasa,augi$barv,mean)
```

```
##  fosf kontr  slap  slfo
## 61.04 54.78 57.44 65.37
```

```
tapply(augi$biomasa,augi$udens,mean)
```

```
##   norm papild
## 59.755 59.560
```

8.3 Dispersiju homogenitāte

Tā kā viens no dispersijas analīzes pieņēmumiem ir, ka dispersijas starp gradācijas līmeņiem ir homogēnas, tas ir, to atšķirība nav statistiski būtiska,ir jāveic dispersiju salīdzināšana. Viens no testiem, ko var izmantot, ir Bartletta tests, ko veic ar funkciju `bartlett.test()`. Šai funkcijai kā argumenti jānorāda kolonna, kas satur datus, kā arī kolonna, kas satur dalījuma līmeņus. Analīzes rezultātos parādās aprēķinātā K^2 vērtība, brīvības pakāpju skaits un p-vērtība.

```
with(augi,bartlett.test(biomasa,barv))
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  biomasa and barv
## Bartlett's K-squared = 4.4872, df = 3, p-value = 0.2134
```

Secinājums: tā kā iegūtā p-vērtība (0.2134) ir lielāka par būtiskuma līmeni ($\alpha = 0.05$), tad atšķirība starp dispersijām nav statistiski būtiska jeb dispersijas ir homogēnas.

```
with(augi,bartlett.test(biomasa,udens))
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  biomasa and udens
## Bartlett's K-squared = 1.4017, df = 1, p-value = 0.2364
```

Secinājums: tā kā iegūtā p-vērtība (0.2364) ir lielāka par būtiskuma līmeni ($\alpha = 0.05$), tad atšķirība starp dispersijām nav statistiski būtiska jeb dispersijas ir homogēnas.

8.4 Modeļu definēšana

Pašas dispersijas analīzes veikšanai var izmantot vairākas funkcijas, no kurām viena ir funkcija `aov()`. Šai funkcijai kā argumenti jānorāda analīzējamais mainīgais (šajā gadījumā `biomasa`), tad ir tildes zīme un viens vai vairāki ietekmējošie faktori. Ja jāpārbauda tikai faktoru atsevišķa ietekme, tad tos jāatdala ar plus zīmi, bet ja ir nepieciešams pārbaudīt arī faktoru kombinācijas ietekmi, tad faktorus var atdalīt ar zvaigznītes zīmi. Beigās jānorāda arī no kuras tabulas šos datus ņemt.

Dispersijas analīzē ir svarīgi, lai programma faktoru uztvertu tiešām kā faktoru. Ja gradācijas līmeņi ir nosaukti ar rakstu zīmēm, tad problēmu nav. Ja gradācijas līmeņi ir apzīmēti ar skaitļiem, tad pirms analīzes veikšanas šo mainīgo vajag pārvērst par faktoru ar funkcijas `as.factor()` palīdzību.

Analīzes rezultātā parādās katra faktora un atlikuma vērtību brīvības pakāpju skaits, noviržu kvadrātu summa un vidējā noviržu kvadrātu summa, atbilstošā F vērtība un p-vērtība (`Pr(>F)`).

```
mod1<-aov(biomasa~barv*udens,data=augi)
summary(mod1)
```

```
##             Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## barv         3  632.5  210.84   9.834 9.52e-05 ***
## udens        1    0.4    0.38   0.018    0.895
## barv:udens   3   43.7   14.56   0.679    0.571
## Residuals   32  686.1   21.44
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Secinājums: faktora barības vielu daudzums ietekme uz augu biomasu ir statistiski būtiska, jo iegūtā p-vērtība ir mazāka par noteikto būtiskuma līmeni ($\alpha = 0.05$), bet faktora ūdens un abu faktoru kombinācijas ietekme nav statistiski būtiska, jo iegūtās p-vērtības ir lielākas par būtiskuma līmeni.

Tā kā faktora ūdens un faktoru kombinācijas ietekme nav būtiska, tad varam izveidot arī vienkāršāku modeli, kurā ir atstāts tikai faktors barības vielu daudzums. Arī šajā modelī barības vielu daudzuma ietekme ir būtiska.

```
mod2<-aov(biomasa~barv,data=augi)
summary(mod2)
```

```
##             Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## barv         3  632.5  210.84   10.39 4.54e-05 ***
## Residuals   36  730.1   20.28
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

8.5 Gradācijas klašu salīdzināšana

Konstatējot kāda faktora būtisku ietekmi, var veikt tā saucamo post-hoc testu, tas ir, salīdzināt gradācijas klases savā starpā. Viena no funkcijām šādam testam ir `TukeyHSD`. Šai funkcijai kā argumenti jānorāda piemērotās dispersijas analīzes modelis, kā arī pēdiņās jānorāda faktora nosaukums, kura gradācijas klases savā starpā vēlas salīdzināt. Analīzes rezultātos iegūst vidējo aritmētisko starpību starp katrām divām gradācijas klasēm, šo vidējo aritmētisko starpības ticamības intervālu un atbilstošo p-vērtību.

```
TukeyHSD(mod2,"barv")
```

```
##   Tukey multiple comparisons of means
##     95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = biomasa ~ barv, data = augi)
##
## $barv
```

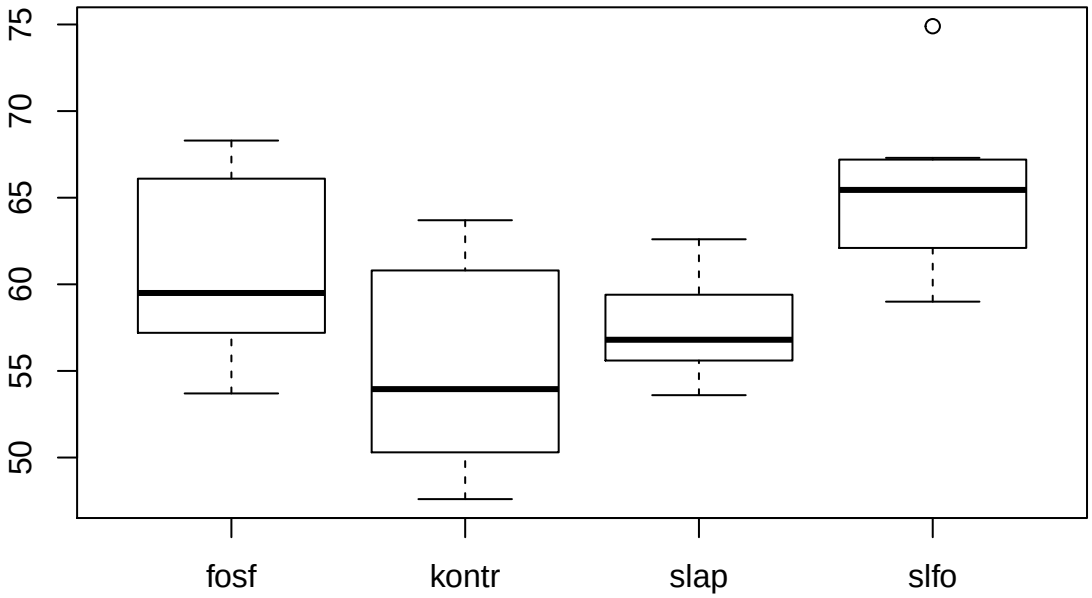
```
##              diff       lwr        upr     p adj
## kontr-fosf -6.26 -11.68427 -0.8357301 0.0183777
## slap-fosf  -3.60  -9.02427  1.8242699 0.2958204
## slfo-fosf   4.33  -1.09427  9.7542699 0.1570183
## slap-kontr  2.66  -2.76427  8.0842699 0.5561038
## slfo-kontr 10.59   5.16573 16.0142699 0.0000391
## slfo-slap   7.93   2.50573 13.3542699 0.0019671
```

Secinājums: statistiski būtiska atšķirība pastāv starp gradācijas klasēm kontrole-fosfors, kontrole-fosfors/slapeklis, kā arī slāpeklis-fosfors/slapeklis, jo atbilstošās p-vērtības ir mazākas par būtiskuma līmeni. Pārējos gadījumos atšķirības starp gradācijas klašu vidējiem aritmētiskajiem nav statistiski būtiska, jo iegūtās p-vērtības ir lielākas par noteikto būtiskuma līmeni.

8.6 Rezultātu grafiskā attēlošana

Dispersijas analīzes rezultātu grafiskai attēlošanai var izmantot vairākus grafiku veidus, piemēram, box-plot grafiku apvienojumu, kur katrai gradācijas klasei ir savs mazais box-plot attēls (8.1 attēls).

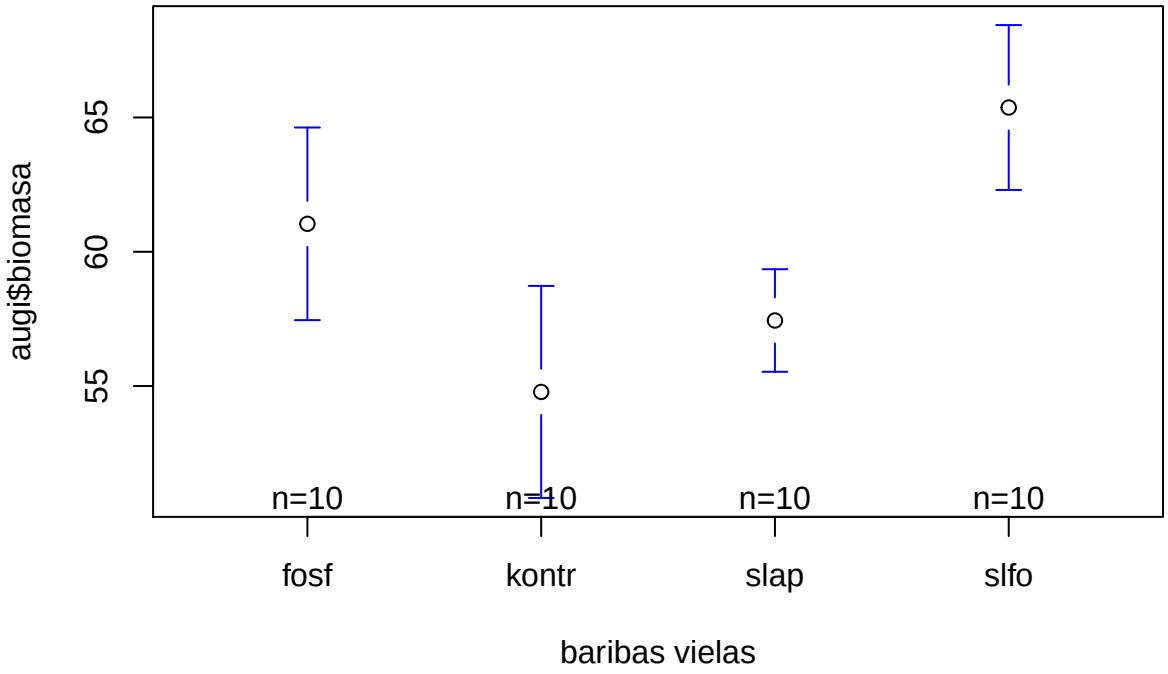
```
boxplot(augi$biomasa~augi$barv)
```



Att. 8.1: Gradācijas klašu box-plot attēls

Vēl viens variants ir izmantot funkciju `plotmeans()` no paketes `gplots`. Šī funkcija izveido grafiku, kurā attēlots katras gradācijas klases vidējais aritmētiskais un tā ticamības intervāls (8.2 attēls). Kā papildus arguments izmantots `connect=FALSE`, lai vidējie aritmētiskie netiktu savā starpā automātiski savienoti.

```
library(gplots)
plotmeans(augi$biomasa~augi$barv,connect=FALSE,xlab="baribas vielas")
```



Att. 8.2: Gradācijas klašu vidējo aritmētisko attēls

Nodaļa 9

Korelācijas analīze

9.1 Teorētiskais pamatojums

Vēl jāuzraksta

9.2 Korelācijas analīze programmā R

9.2.1 Grafiskā pārbaude

Pirms veikt analītiski korelācijas analīzi vienmēr ir ieteicams savus datus apskatīties grafiski, tādējādi ir iespējams pārliecināties vai datos nav kādas ekstrēmas vērtības, kā arī var gūt sākotnējo priekštatu par to, kuras pazīmes ir savā starpā saistītas.

Piemēram izmantosim datu failu `smiltaji.txt`, kas satur informāciju par augsnes pH, atsegtas smilts un sūnu segumu parauglaukumos, kā arī šajos parauglaukumos konstatēto vaskulāro augu sugu skaitu.

```
smiltaji<-read.table(file="smiltaji.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
```

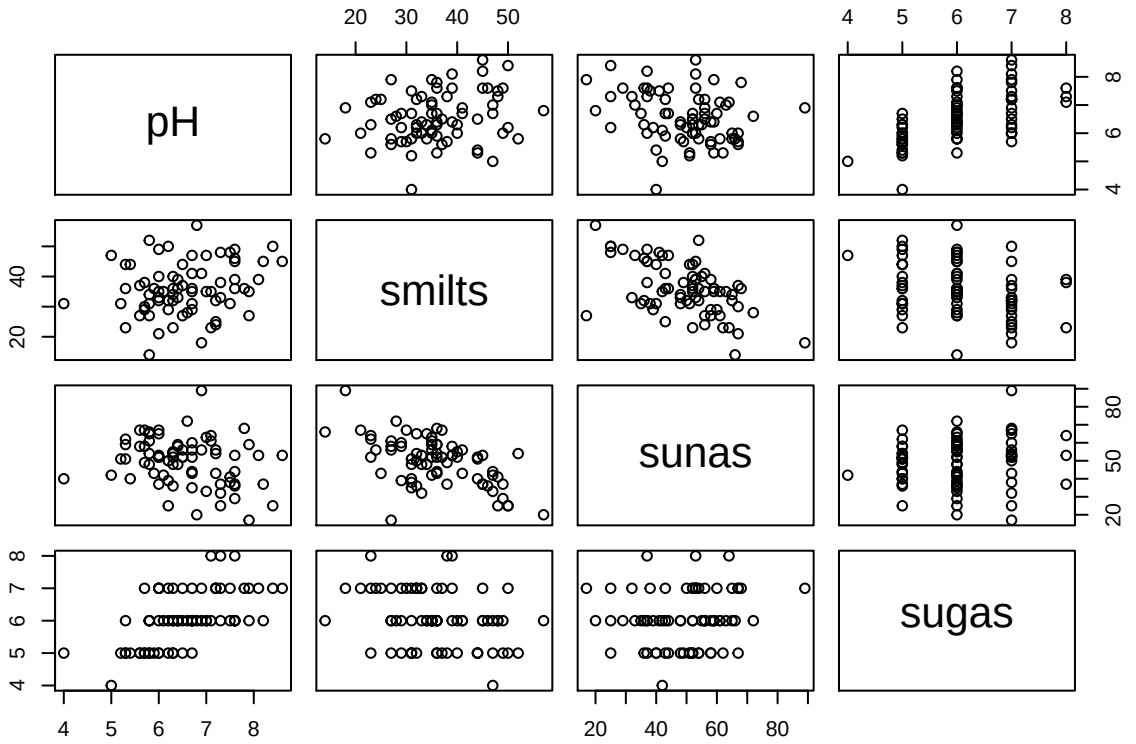
Tā kā šajā datu tabulā visās kolonnās ir skaitļi, tad ir iespējams veidot visām kolonnām uzreiz. Tam noder funkcija `pairs()`, kas izveido izkliedes grafiku jebkurām divām no datu tabulas.

```
pairs(smiltaji)
```

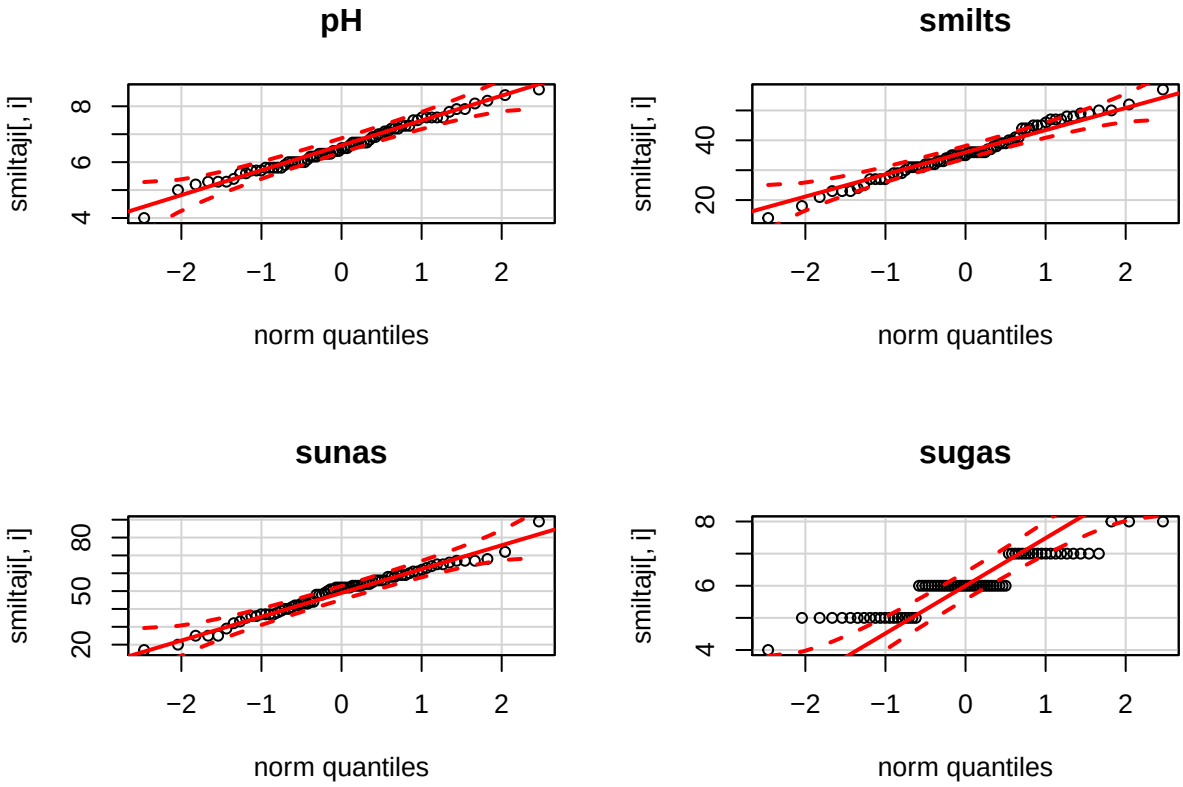
No attēla (9.1 attēls) redzams, ka ir saistība starp smilts un sūnu segumiem (negatīva), kā arī iespējams starp smilts segumu un augsnes pH. Attiecībā uz sugus skaitu veidojas dīvainas formas attēls, jo šim mainīgajam ir tikai piecas iespējamās vērtības.

Nākamais solis, ja tas jau nav izdarīts iepriekš, ir pārbaudīt vai dati atbilst normālajam sadalījumam. Šoreiz to pārbaudīsim grafiski katrai no kolonnām izveidojot QQ grafiku. Izmantojot funkciju `for()`, panākts, ka četras reizes nav jāraksta funkcija grafika zīmēšanai.

```
par(mfrow=c(2,2))
library(car)
for(i in 1:4){
 qqPlot(smiltaji[,i],main=names(smiltaji)[i])
}
```



Att. 9.1: Izkliedes grafiki starp visām smiltāju datu tabulas kolonnām



Att. 9.2: QQ grafiki smiltāju tabulas mainīgajiem

9.2 attēls skaidri parāda, ka mainīgais sugu skaits neatbilst normālajam sadalījumam, bet pārējiem trim mainīgajiem varam pieņemt atbilstību normālajam sadalījumam.

9.2.2 Pīrsona korelācijas analīze

Pamatfunkcijas korelācijas analīzes veikšanai programmā R ir `cor()` un `cor.test()`. Funkcijā `cor()` kā mainīgo var likt gan datu tabulu ar vairākām kolonnām, gan divas datu tabulas, ja nepieciešams noskaidrot korelāciju starp abu tabulu kolonnām. Rezultātā parādās matrice, kas satur korelācijas koeficientus starp jebkurām divām analizētajām kolonnām. Pēc noklusējuma funkcija aprēķina Pīrsona korelācijas koeficientu.

Piemērā ar tabulu `smiltaji` aprēķināti korelācijas koeficienti starp pirmajām trim kolonnām, jo ceturtās kolonnas dati neatbilda normālajam sadalījumam. Iegūtie korelācijas koeficienti ir robežās no -0.558 līdz 0.221 (korelācijas koeficients 1 mainīgajam pašam ar sevi). Diemžēl pēc funkcijas `cor()` rezultātiem nav iespējams secināt, kuri korelācijas koeficienti ir statistiski būtiski. Lai to izdarītu, ir jāizmanto specializētās tabulas vai arī papildus aprēķinus.

```
cor(smiltaji[,1:3])
```

```
##                pH     smilts      sunas
## pH      1.0000000  0.2213315 -0.2517885
## smilts  0.2213315  1.0000000 -0.5576408
## sunas  -0.2517885 -0.5576408  1.0000000
```

Ja ir nepieciešams uzreiz aprēķināt gan korelācijas koeficientus, gan novērtēt to būtiskumu vairākam datu kolonnām, var izmantot funkciju `rcor.test()` no paketes `ltm`. Rezultātā parādās matrica, kurā augšējā daļā ir korelācijas koeficienti, bet apakšējā daļā ir atbilstošās p-vērtības. Varam **secināt**, ka statistiski būtiska (pie $\alpha = 0.05$) korelācija pastāv starp pazīmēm pH un sūnu segums, kā arī smilts un sūnu segums, jo attiecīgi p vērtības ir 0,032 un <0,001. Korelācija starp pH un smilts segumu nav statistiski būtiska, kaut arī p-vērtība ir ļoti tuvu kritiskajai robežai (0,06).

```
library(ltm)
rcor.test(smiltaji[,1:3])
```

```
##
##        pH     smilts sunas
## pH      *****  0.221 -0.252
## smilts  0.060  ***** -0.558
## sunas   0.032 <0.001  *****
##
## upper diagonal part contains correlation coefficient estimates
## lower diagonal part contains corresponding p-values
```

Ar otru pamatfunkciju `cor.test()` var aprēķināt korelācijas koeficientu tikai starp divām kolonnām vai vektoriem (šajā gadījumā pH un sūnu segumu), toties analīzes rezultātos parādās gan pats korelācijas koeficients, gan arī tā ticamības intervāls, kā arī t-vērtības būtiskuma novērtēšanai un p-vērtība.

```
cor.test(smiltaji$pH,smiltaji$sunas)
```

```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
```

```
## data:  smiltaji$pH and smiltaji$sunas
## t = -2.1922, df = 71, p-value = 0.03164
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.45547107 -0.02305682
## sample estimates:
##       cor
## -0.2517885
```

Secinājums: starp pazīmēm pH un sūnu segums ir statistiski būtiska korelācija pie būtiskuma līmeņa $\alpha = 0,05$.

9.2.3 Rangu korelācijas analīze

Spirmena un Kendela korelācijas analīzes veikšanai izmanto tās pašas funkcijas, kuras izmanto Pīrsona korelācijas analīzes: `cor()` un `cor.test()`. Vienīgās izmaiņas ir papildus arguments `method=` ar iespējamām vērtībām `"spearman"` un `"kendall"`. Ja izmanto funkciju `cor.test()`, tad analīzes rezultātos parādās korelācijas koeficients, rādītājs korelācijas koeficients būtiskuma novērtēšanai un iegūtā p-vērtība.

Piemēram izmantoti dati par sugu skaitu (dati neatbilda normālajam sadalījumam) un smilts segumu paraugulaukumos.

```
cor.test(smiltaji$sugas,smiltaji$smilts,method="spearman")
```

```
## Warning in cor.test.default(smiltaji$sugas, smiltaji$smilts, method =
## "spearman"): Cannot compute exact p-value with ties
```

```
##
##  Spearman's rank correlation rho
##
## data:  smiltaji$sugas and smiltaji$smilts
## S = 83657, p-value = 0.01265
## alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
## sample estimates:
##       rho
## -0.2905304
```

```
cor.test(smiltaji$sugas,smiltaji$smilts,method="kendall")
```

```
##
##  Kendall's rank correlation tau
##
## data:  smiltaji$sugas and smiltaji$smilts
## z = -2.5457, p-value = 0.0109
## alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
## sample estimates:
##       tau
## -0.2335632
```

Secinājums: gan ar Spirmena, gan ar Kendela korelācijas metodi starp pazīmēm sugu skaits un smilts segu pastāv statistiski būtiska negatīva korelācija (attiecīgi -0,29 un -0,23), jo iegūtās p-vērtības ir mazākas par noteikto būtiskuma līmeni (attiecīgi 0,013 un 0,011 <0,05).

9.2.4 Autokorelācija

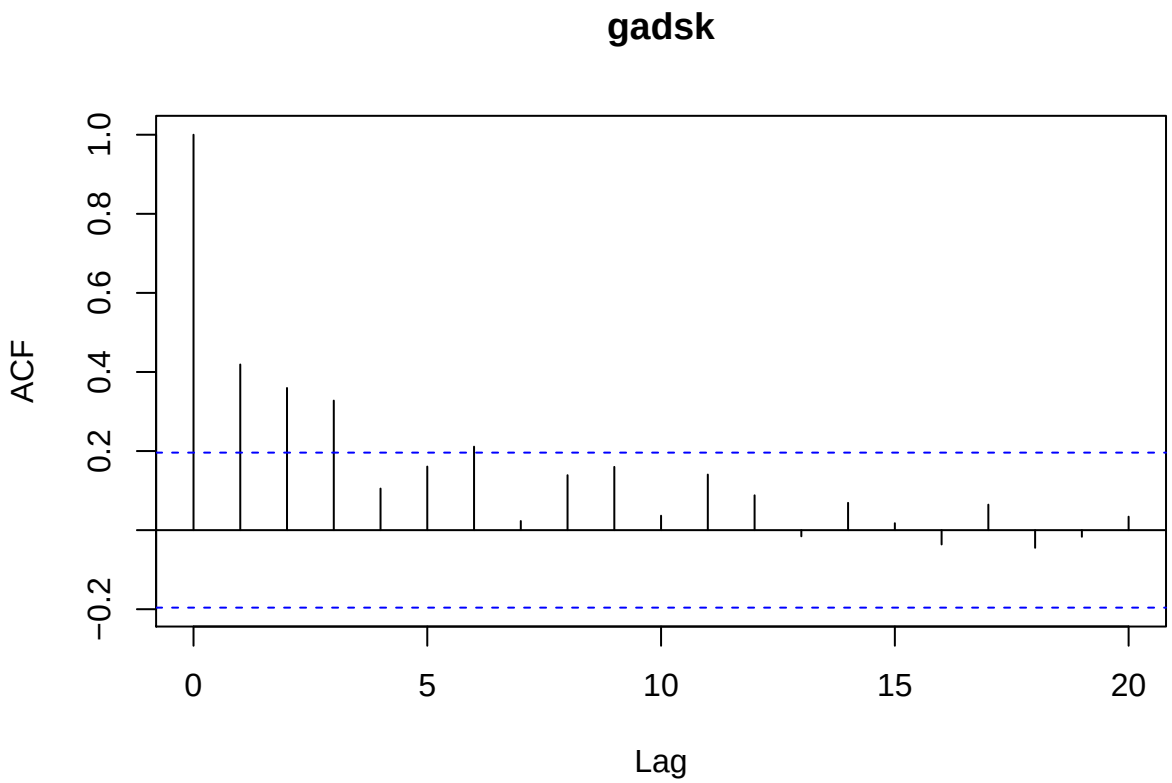
Šai analīzei ir nepieciešama datu rinda, kas satur informāciju par laikā veiktiem novērojumiem (var izmantot arī telpā veiktos novērojumus, ja ievērots to izvietojums). Piemēram derēs fails `priedes.txt`, kas satur informāciju par priedes gadskārtu platumu simts gadu periodā.

```
priede<-read.table(file="priede.txt",header=T,sep="\t",dec=".")
str(priede)
```

```
## 'data.frame':    100 obs. of  1 variable:
##  $ gadsk: num  0.89 0.92 0.87 1.39 1.11 0.92 1.16 1.08 1.13 1.71 ...
```

Autokorelācijas aprēķināšanai izmanto funkciju `acf()`, kurai kā arguments jānorāda kolonna/vektors, kas satur laika rindas datus. Rezultātā automātiski parādās attēls (9.3 attēls), kurā attēlotas autokorelācijas vērtības ar nobīdi līdz 20 vienībām (nobīdi var mainīt ar argumentu `lag.max=`). Korelācijas koeficients uzskatāms par būtiski, ja tā stabiņš pārsniedz raustīto līniju (uz augšu pozitīvajām vērtībām un uz leju negatīvajām vērtībām). Jāņem vērā, ka pirmais stabiņš attiecas uz nobīdi 0 un šis koeficients vienmēr būs 1.

```
acf(priede)
```



Att. 9.3: Priežu gadskārtu platumu aukorelācijas attēls

Ja nepieciešams iegūt autokorelācijas skaitliskās vērtības, tad funkcijas `acf()` rezultāts jāsaglabā kā objekts, kuru pēc tam apskatot var iegūt konkrētās vērtības.

```
akor<-acf(priede,plot=FALSE)
akor
```

```
##
## Autocorrelations of series 'priede', by lag
##
##      0      1      2      3      4      5      6      7      8      9
##  1.000  0.419  0.360  0.328  0.105  0.161  0.211  0.023  0.139  0.160
##     10     11     12     13     14     15     16     17     18     19
##  0.036  0.141  0.088 -0.016  0.069  0.017 -0.036  0.064 -0.045 -0.017
##     20
##  0.034
```

Nodaļa 10

Regresijas analīze

10.1 Teorētiskais pamatojums

Vēl jāuzraksta!

Plašāku pamatojumu, kā arī piemērus par regrijas analīzi var atrast Faraway (2005), Vittinghoff et al. (2005).

10.2 Dati

Regresijas analīzes piemēram izmantosim datu no datus faila `augi2.txt`. Šajā failā ir informācija no augu audzēšanas eksperimenta 45 parauglaukumos. No katra parauglaukuma ir informācija par nokrišņu daudzumu jūnijā, jūlija un augustā, kā arī visā augšanas sezonā kopā, vidējais gaismas daudzums sezonā, augsnes pH un kopējā augu biomasa katrā no parauglaukumiem. Izmantojot funkciju `summary()` var apskatīt visu parametru vērtību izkliedi un raksturojumu.

```
augi2<-read.table(file="augi2.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(augi2)
```

```
## 'data.frame':    45 obs. of  7 variables:
##  $ jun.nokr: num  78.2 79.7 76 65.7 82.4 92 64.2 40.1 87.5 66.2 ...
##  $ jul.nokr: num  48.4 80.2 58.8 103.5 37 ...
##  $ aug.nokr: num  100.3 34.8 79.6 64.4 70.1 ...
##  $ sezona  : num  276 252 267 279 239 ...
##  $ gaisma  : int  57 42 77 89 79 89 86 85 93 72 ...
##  $ pH      : num  7.19 6.69 6.99 6.7 6.56 6.33 7.01 6.38 6.65 6.95 ...
##  $ biomasa : num  37.2 30.6 36.3 59.9 32.9 44.7 43.7 51.6 53.8 44.3 ...
```

```
summary(augi2)
```

```
##     jun.nokr         jul.nokr        aug.nokr          sezona
##  Min.   : 40.10   Min.   : 26.5   Min.   : 34.80   Min.   :170.6
##  1st Qu.: 60.10   1st Qu.: 45.5   1st Qu.: 58.90   1st Qu.:221.4
##  Median : 73.40   Median : 51.6   Median : 66.90   Median :248.0
##  Mean   : 71.66   Mean   : 55.9   Mean   : 67.59   Mean   :244.4
##  3rd Qu.: 82.40   3rd Qu.: 66.9   3rd Qu.: 76.40   3rd Qu.:268.0
##  Max.   :106.20   Max.   :103.5   Max.   :100.30   Max.   :303.7
```

```
##      gaisma            pH           biomasa
##  Min.   :35.00   Min.   :6.330   Min.   :14.20
##  1st Qu.:55.00   1st Qu.:6.630   1st Qu.:32.90
##  Median :72.00   Median :6.820   Median :39.50
##  Mean   :68.96   Mean   :6.796   Mean   :38.74
##  3rd Qu.:85.00   3rd Qu.:7.010   3rd Qu.:44.30
##  Max.   :96.00   Max.   :7.190   Max.   :59.90
```

10.3 Pāru regresija

Lineārās pāru regresijas veikšanai izmanto funkciju `lm()`, kurai kā pirmo argumentu norāda regresentu jeb atkarīgo mainīgo, tad nāk tildes zīme un viens vai vairāki regresori jeb atkarīgie mainīgie. Ja ir vairāk kā viens regresors, tad tos atdala ar plus zīmi. Kā pēdējais arguments jānorāda datu tabulu, no kuras jāņem dati. Regresijas analīzes rezultātu apskatīšanai jāizmanto funkcija `summary()`, kurai kā argumentu norāda objektu, kas satur regresijas analīzes modeli. Analīzes rezultātos ir vairākas sadaļas: (a) Residuals: atlikuma vērtību raksturojums; (b) Coefficients: regresijas vienādojuma koeficientu raksturojums - Estimate ir aprēķinātie regresijas vienādojuma koeficienti - (Intercept) - koeficients b0, vērtība pie regresora nosaukuma ir koeficients b1 jeb slīpuma vērtība (slope); Std.Error - koeficientu standartkļūdas, t value - atbilstošā T vērtība katram koeficientam un Pr(>|t|) ir atbilstošā p-vērtība novērtējot katram koeficienta būtiskumu atsevišķi; (c) apakšējā daļā ir visa modeļa kopējais novērtējums - atlikuma standartkļūda un brīvības pakāpju skaits, determinācijas koeficients un pielāgotais determinācijas koeficients, F vērtība un p-vērtība visam modelim kopumā.

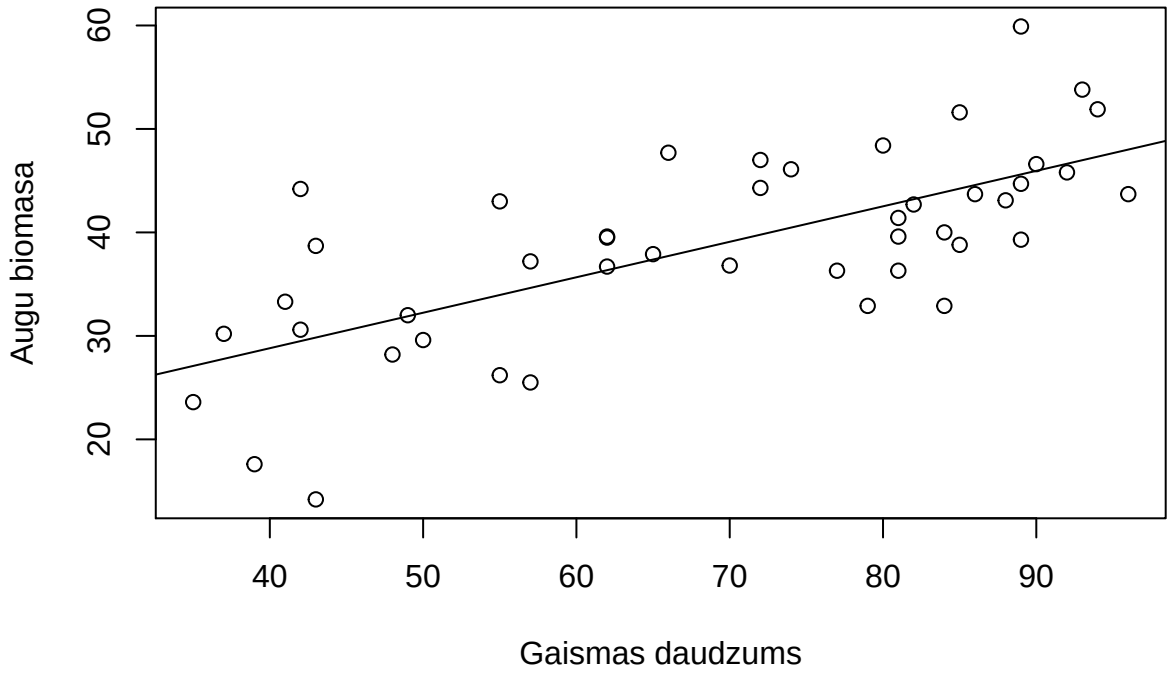
```
mod1<-lm(biomasa~gaisma,data=augi2)
summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = biomasa ~ gaisma, data = augi2)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -15.6391  -3.8922  -0.5067   4.5209  14.7037
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 15.10044    3.86300   3.909 0.000324 ***
## gaisma       0.34276    0.05411   6.334 1.19e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 6.709 on 43 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4827, Adjusted R-squared:  0.4707
## F-statistic: 40.12 on 1 and 43 DF,  p-value: 1.193e-07
```

Secinājumi: iegūtais regresijas modelis ir `biomasa=15,10044 + 0.34276*gaisma`, tas ir, gaismas daudzumam ir pozitīva ietekme uz biomasas pieaugumu. Gan viss regresijas modelis, gan arī atsevišķi katrs no regresijas koeficientiem šajā gadījumā ir statistiski būtiski, jo atbilstošās p-vērtības ir mazākas par būtiskuma līmeni. Dotais regresijas modelis izskaidro 47,07% no regresenta jeb biomasas vērtību variēšanas.

Regresijas analīzes rezultātu attēlošanai vai izveidot grafiku, kur reālie novērojumi ir attēloti kā punkti, bet papildus pievienota regresijas taisne (10.1 attēls). Šīs taisnes pievienošanai jāizmanto funkcija `abline()` kopā ar funkciju `lm()`.

```
plot(augi2$biomasa~augi2$gaisma,xlab="Gaismas daudzums",ylab="Augu biomasa")
abline(lm(augi2$biomasa~augi2$gaisma))
```



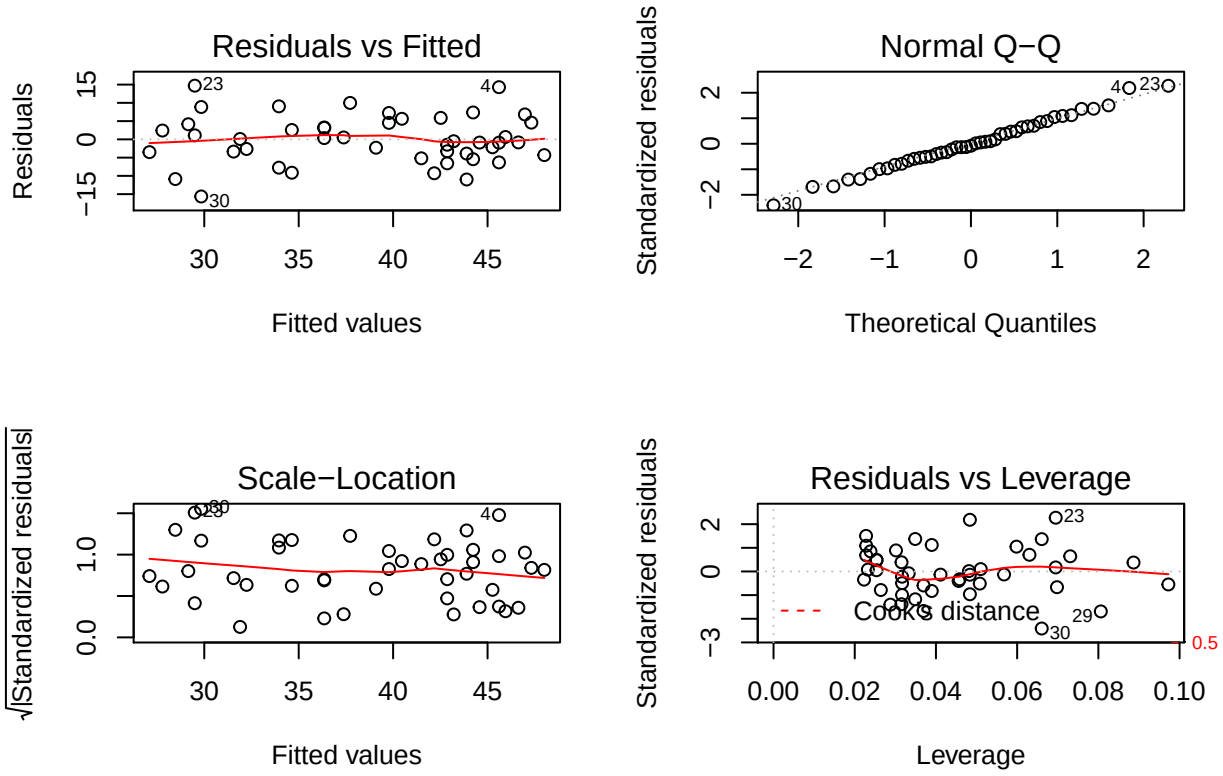
Att. 10.1: Izkliedes grafiks starp pazīmēm gaisma un biomasa ar pievienotu regresijas līkni

10.4 Regresijas analīzes pieņēmumu pārbaude

Lai arī regresijas analīzē tiek konstatēts, ka modelis ir statistiski būtisks, tas nav analīzes noslēdzošais posms. Papildus ir jāpārbauda vai tiek ievēroti visi regresijas analīzes pieņēmumi. Viens no veidiem tā paveikšanai ir izmantot grafiskās iespējas. Ja funkcijā `plot()` kā argumentu norāda regresijas analīzes modeli, tad iegūst četrus diagnosticējošos grafikus. Visu četru grafiku vienlaicīgai apskatīšanai papildus jāizmanto funkcija `par()` ar argumentu 'mfrow='. Iegūtajos attēlos (10.2 attēls) pirmajā kolonnā ir redzamas atlikuma vērtības attiecībā pret prognozētajām vērtībām un standartizētās atlikuma vērtības attiecībā pret prognozētajām vērtībām. Šajos divos grafikos nedrīkst parādīties nekādas iezīmes, piemēram, trendi, kā arī punktiem ir jābūt nejauši izkārtotiem. Ja ir redzams trends, tas nozīmē, ka ir vēl kāds būtisks faktors, kas nav ņemts vērā. Ja ir vērojama vērtību izkliedes izmaiņas, vai punktu grupēšanās, tad ir problēmas ar dispersiju homogenitāti. Augšējā labējā stūrī ir grafiks, kas parāda standartizēto atlikuma vērtību QQ grafiku. Tas norāda vai atlikuma vērtības atbilst normālajam sadalījumam. Apakšējā labējā stūrī ir grafiks, pēc kura var spriest par katra novērojuma ietekmi uz kopējo modeli. Ja ir kāds punkts, kurš atrodas ārpus raustītajām Cook's distance līnijām (vērtības virs 0.5 vai virs 1), tad šim novērojumam ir liela ietekme uz kopējo regresijas modeli un tāpēc ir vērts pievērst uzmanību šim novērojumam.

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(mod1)
```

Vēl viens no variantiem, ko var pārbaudīt pēc regresijas analīzes, ir atlikuma vērtību izkliede atkarībā no citiem mainīgajiem, kas netika iekļauti modelī (protams, ja ir dati par šiem citiem mainīgajiem). Arī šajos attēlos nevajadzētu redzēt nekādus trendus, vai punktu grupēšanos. 10.3 attēlā ir samērā skaidri redzama



Att. 10.2: Regresijas analīzes diagnosticējošie grafiki

saistība starp jūnija, jūlija un augusta nokrišņu daudzumu un atlikuma vērtībām, kas nozīmē, ka šo faktoru iekļaušana modelī to varētu uzlabot.

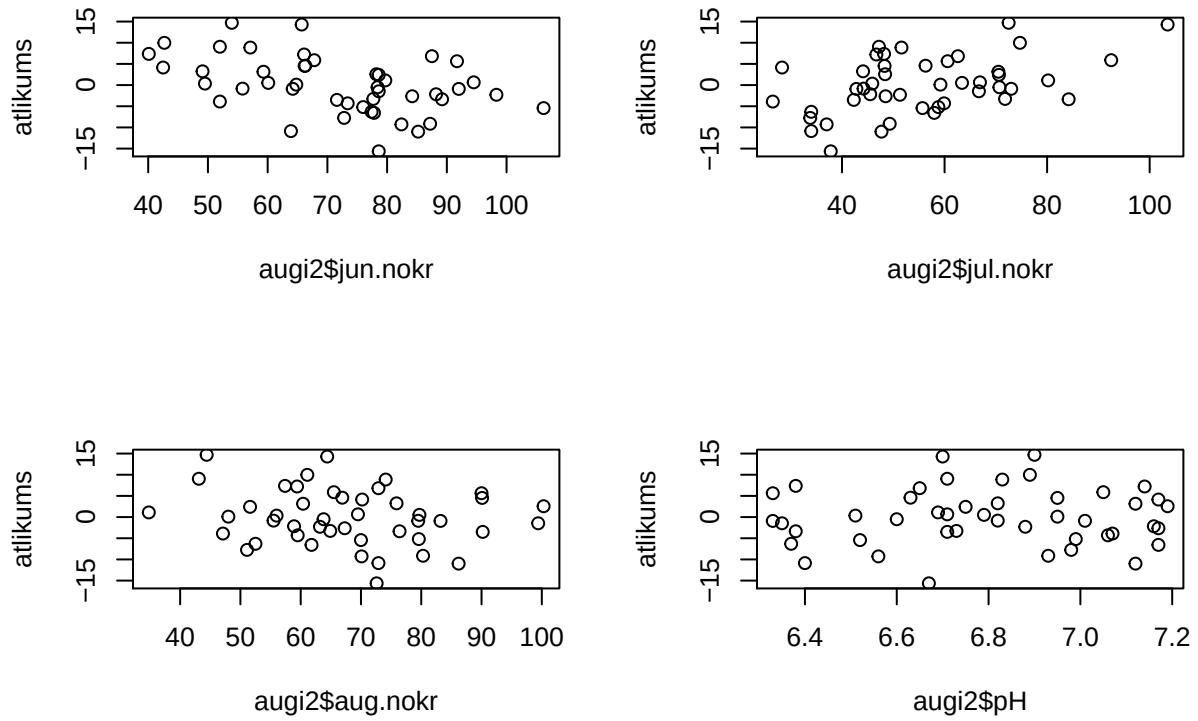
```
atlikums<-resid(mod1)
par(mfrow=c(2,2))
plot(atlikums~augi2$jun.nokr)
plot(atlikums~augi2$jul.nokr)
plot(atlikums~augi2$aug.nokr)
plot(atlikums~augi2$pH)
```

10.5 Vērtību prognozēšana

Viens no regresijas modeļu pielietojumiem ir jaunu vērtību prognozēšana. Lai to izdarītu, ir jāizmanto funkcija `predict()`, kurai kā argumentus jānorāda saglabātais regresijas modelis, kā arī datu tabula, kas satur jaunās vērtības. Papildus var iegūt arī ticamības intervālu šīm prognozētajām vērtībām ar argumentu `interval="prediction"`. Veidojot jauno datu tabulu ir jāatceras, ka tajā obligāti ir jābūt tādiem pašiem kolonnu nosaukumiem, kādi bija regresijas modelī izmantotie regresoru nosaukumi (tabulā drīkst būt arī citas kolonnas).

```
progn<-data.frame(gaisma=c(10,50,100))
predict(mod1,progn,interval="prediction")
```

```
##        fit       lwr      upr
```



Att. 10.3: Izkliedes grafiki starp regresijas modeļa atlikuma vērtībām un modelī neiekļautajiem mainīgajiem

```
## 1 18.52802  3.411995 33.64405
## 2 32.23837 18.404298 46.07245
## 3 49.37631 35.284476 63.46814
```

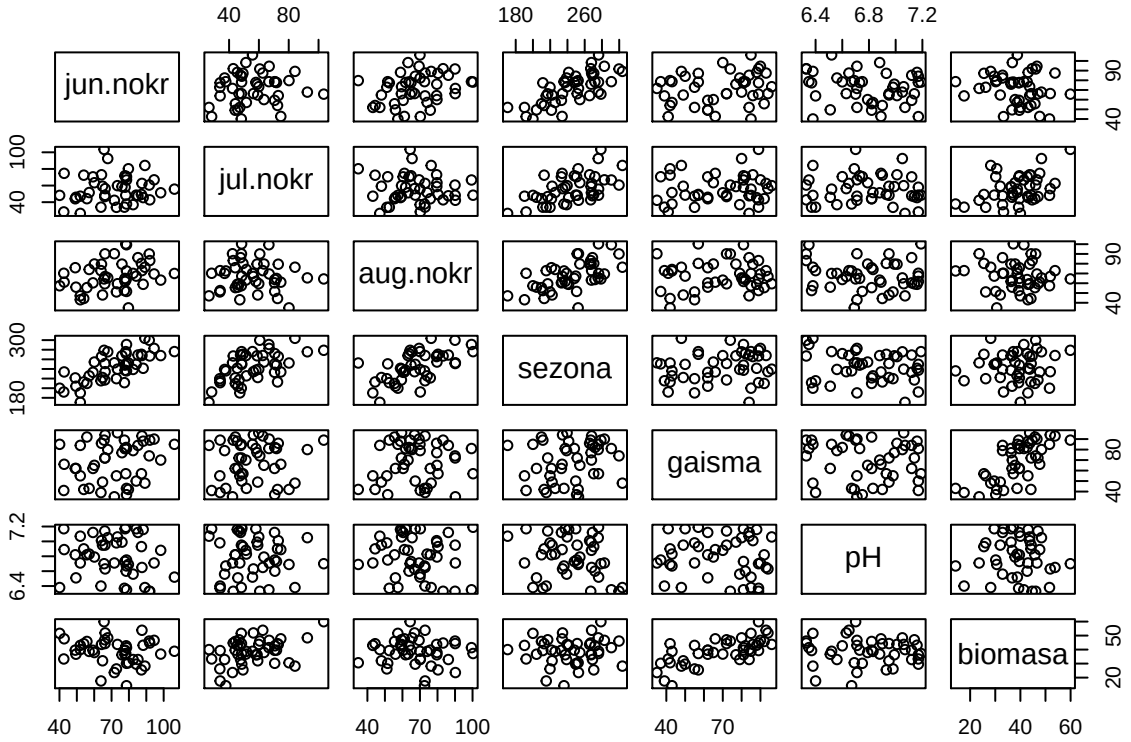
10.6 Daudzfaktoru regresija

Pirmais solis daudzfaktoru regresijas analīzes veikšanai ir pārliecināšanās vai starp regresoriem nepastāv izteikta kolinearitāte (savstarpējā korelācija), jo tas būtu pārkāpums vienam no daudzfaktoru regresijas pieņēmumiem. Šim uzdevumam var izmantot gan grafisko analīzi, piemēram, ar funkciju `pairs()`, gan arī aprēķināt korelācijas koeficientus analītiski ar funkciju `cor()`. Gan no 10.4 attēla, gan arī no korelācijas analīzes rezultātiem ir redzams, ka ir būtiska saistība starp veģetācijas sezonas kopējo nokrišņu daudzumu un atsevišķu mēnešu nokrišņu daudzumu, tāpēc nebūtu ieteicams vienlaicīgi visus šos mainīgos iekļaut regresijas modelī.

```
pairs(augi2)
```

```
round(cor(augi2),2)
```

```
##          jun.nokr jul.nokr aug.nokr sezona gaisma    pH biomasa
## jun.nokr     1.00     0.11     0.30   0.73   0.22 -0.18   -0.18
## jul.nokr     0.11     1.00    -0.05   0.57   0.11 -0.05    0.41
## aug.nokr     0.30    -0.05     1.00   0.60   0.08 -0.11   -0.08
## sezona       0.73     0.57     0.60   1.00   0.19 -0.19    0.07
## gaisma       0.22     0.11     0.08   0.19   1.00 -0.08    0.69
## pH          -0.18    -0.05    -0.11  -0.19  -0.08  1.00   -0.03
## biomasa     -0.18     0.41    -0.08   0.07   0.69 -0.03    1.00
```



Att. 10.4: Izkliedes grafiki starp visiem datu objekta augi2 mainīgajiem

Daudzfaktoru regresijas analīzes veikšanai izmanto to pašu funkciju `lm()`, tikai papildus norāda nevis vienu, bet vairākus regresorus, kas savā starpā ir atdalīti ar plus zīmi. Piemērā apskatīts kā augu biomasu ietekmē pieci regresori.

```
mod2<-lm(biomasa~gaisma+jun.nokr+jul.nokr+aug.nokr+pH,data=augi2)
summary(mod2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = biomasa ~ gaisma + jun.nokr + jul.nokr + aug.nokr +
##     pH, data = augi2)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -10.054  -3.449  -1.333   3.439   8.766
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 22.955554  21.640357   1.061 0.295317
## gaisma       0.361933   0.042487   8.519 1.95e-10 ***
## jun.nokr    -0.221332   0.052954  -4.180 0.000159 ***
## jul.nokr     0.200221   0.046717   4.286 0.000115 ***
## aug.nokr    -0.001512   0.055002  -0.027 0.978213
## pH          -0.648601   2.942489  -0.220 0.826689
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

```
## Residual standard error: 5.115 on 39 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7273, Adjusted R-squared:  0.6923
## F-statistic:  20.8 on 5 and 39 DF,  p-value: 4.495e-10
```

Secinājumi: kopējais regresijas modelis ir būtisks, jo p-vērtība ir mazāka par būtiskuma līmeni. Šis modelis spēj izskaidrot 69,23% no biomasas vērtību variēšanas. Tomēr apskatot katru no regresoriem atsevišķi, redzams, ka augsta nokrišņu daudzuma un augsnes pH koeficienti nav būtiski.

Šajā gadījumā ir iespējami vairāki risinājumi, piemēram, apstāties pie šiem rezultātiem, vai arī veidot jaunu modeli, kurā ir izņemti nebūtiskie faktori. Katrai no pieejām ir savi piekritēji un savi kritiķi. Jāatceras, ka katra koeficienta vērtība modelī ir atkarīga no pārējiem regresoriem, kas ir iekļauti šajā modelī. Šoreiz izmantosim pieeju, ka nepieciešams izveidot modeli, kurā visi koeficienti ir būtiski, tāpēc pakāpeniski ņemsim ārā nebūtiskos regresorus. Kā pirmo izslēgsim augusta nokrišņu summu, jo šim regresoram ir vislielākā p-vērtība (0,978).

```
mod3<-lm(biomasa~gaisma+jun.nokr+jul.nokr+pH,data=augi2)
summary(mod3)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = biomasa ~ gaisma + jun.nokr + jul.nokr + pH, data = augi2)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -10.057  -3.453  -1.302   3.459   8.742
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 22.84355   20.98606   1.089    0.283
## gaisma       0.36191    0.04194   8.629 1.13e-10 ***
## jun.nokr    -0.22175    0.05010  -4.426 7.22e-05 ***
## jul.nokr     0.20034    0.04592   4.362 8.79e-05 ***
## pH          -0.64350    2.89971  -0.222    0.826
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 5.05 on 40 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7273, Adjusted R-squared:    0.7
## F-statistic: 26.67 on 4 and 40 DF,  p-value: 8.057e-11
```

Secinājumi: Arī šis modelis kopumā ir statistiski būtisks, turklāt tam ir nedaudz lielāka izskaidrotā variācija (70,0%). Tomēr pH ietekme joprojām nav būtiska, tāpēc veidojam jaunu modeli.

```
mod4<-lm(biomasa~gaisma+jun.nokr+jul.nokr,data=augi2)
summary(mod4)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = biomasa ~ gaisma + jun.nokr + jul.nokr, data = augi2)
##
## Residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -9.972 -3.318 -1.039  3.191  9.003
```

```
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 18.29813    4.51651   4.051 0.000221 ***
## gaisma       0.36229    0.04142   8.747 6.40e-11 ***
## jun.nokr    -0.21996    0.04888  -4.500 5.50e-05 ***
## jul.nokr     0.20066    0.04537   4.423 7.01e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 4.991 on 41 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7269, Adjusted R-squared:  0.707
## F-statistic: 36.38 on 3 and 41 DF,  p-value: 1.242e-11
```

Secinājumi: pēdējā modelī visi atsevišķie koeficienti ir statistiski būtiski, kā arī būtisks ir viss modelis kopā. Izskaidrotā variācija ir 70,7%. Apskatot koeficientu vērtības, var secināt, ka gaismas daudzuma un jūlija nokrišņu daudzuma ietekme ir pozitīva, bet jūnija nokrišņu ietekme ir negatīva.

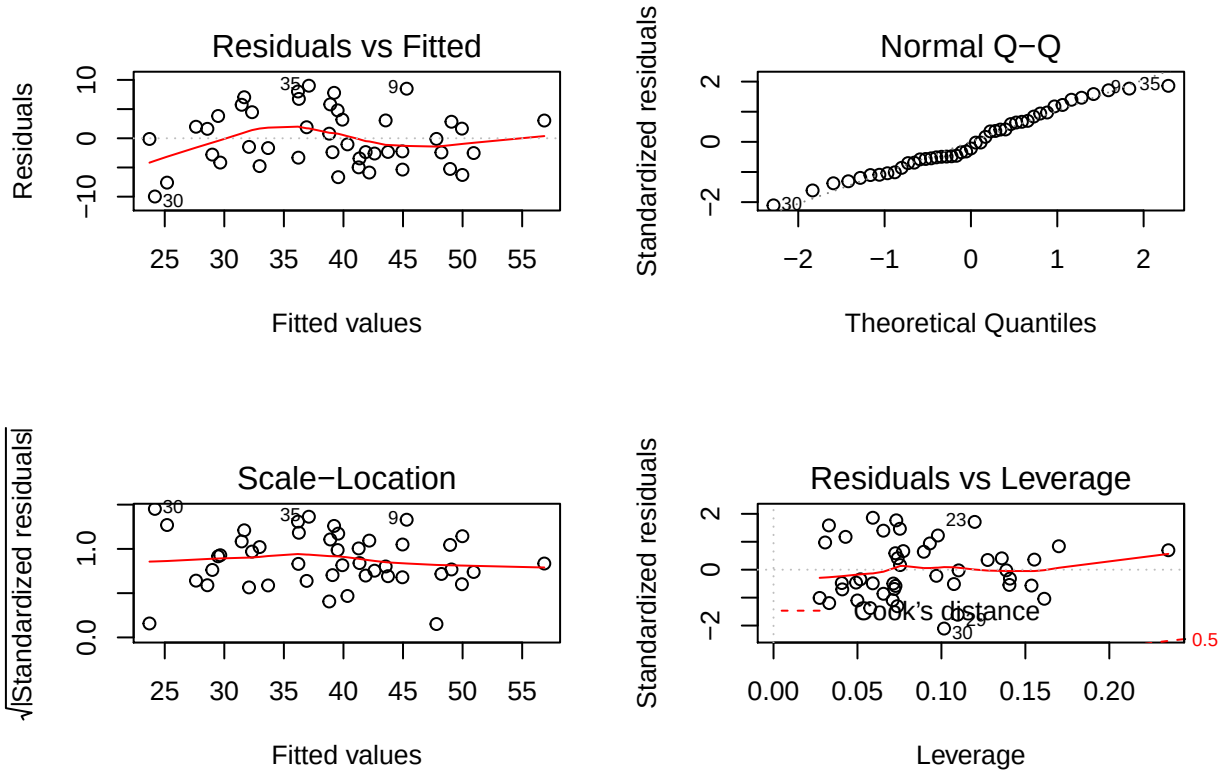
Lai salīdzinātu divus vai vairākus modeļus (ar kopīgu regresentu) savā starpā, var izmantot AIC rādītāju, ko aprēķina ar funkciju `AIC()`. Salīdzinot modeļus, labāks modelis ir tas, kura AIC vērtība ir mazāka. Šajā gadījumā mazākā AIC vērtība ir mod4, kurā bija iekļauti tikai trīs būtiskie regresori.

```
AIC(mod2,mod4)
```

```
##      df      AIC
## mod2  7 282.1547
## mod4  5 278.2109
```

Pārbaudot labāko modeli ar diagnosticējošiem grafikiem (10.5 attēls), varam izdarīt secinājumu, ka atlikuma vērtības atbilst normālajam sadalījumam, kā arī modelī nav ietekmīgu novērojumu.

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(mod4)
```



Att. 10.5: Regresijas analīzes diagnosticējošie grafiki

Nodaļa 11

Kovariācijas analīze

11.1 Teorētiskais pamatojums

Vēl jāuraksta!

11.2 Dati

Kovariācijas analīzes piemēram izmantosim datus no faila `dieta.txt` no pētījuma par to, vai svara samazinājums ir lielāks tad, ja ievēro diētu vai arī diētu kopā ar sportošanu (mainīgais `metode`). Par katru pētījumā iesaistīto cilvēku ir zināms tā sākotnējais svars un pētījumā laikā uzrādītais svara samazinājums.

```
dieta<-read.table(file="dieta.txt",header=T,sep="\t",dec=".")
str(dieta)
```

```
## 'data.frame':    42 obs. of  3 variables:
##  $ svars       : num  60 62.5 65 67.5 70 72.5 75 77.5 80 82.5 ...
##  $ metode      : Factor w/ 2 levels "esana","kopa": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
##  $ samazinajums: num  4.2 5.4 2.8 8.2 5 8.4 9.6 8.5 6.7 7.1 ...
```

```
summary(dieta)
```

```
##      svars          metode    samazinajums
##  Min.   : 60.00   esana:21   Min.   : 2.800
##  1st Qu.: 85.62   kopa :21   1st Qu.: 5.425
##  Median :100.00              Median : 7.900
##  Mean   :100.00              Mean   : 7.502
##  3rd Qu.:114.38              3rd Qu.: 9.600
##  Max.   :140.00              Max.   :14.400
```

11.3 Dispersijas analīze

Pirmais variants kādā veidā varētu analizēt šos datus, ir izmantot dispersijas analīzi, kur kā atkarīgais mainīgais ir `samazinajums`, bet neatkarīgais mainīgais ir `metode`. Šoreiz dispersijas analīzes veikšanai izmantota cita pieeja - ar funkcijām `lm()` un `anova()`, kas dod vienādu rezultātu kā funkcija `aov()`.

```
mod<-lm(samazinajums~metode,data=dieta)
anova(mod)
```

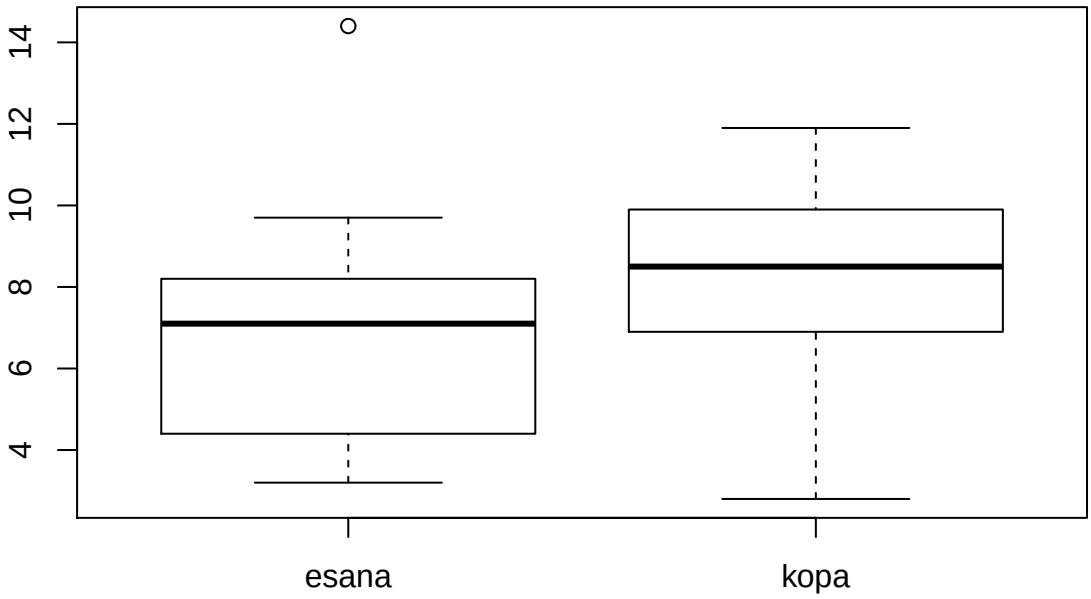
```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: samazinajums
##           Df  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## metode     1  19.339 19.3393  2.9155 0.09548 .
## Residuals 40 265.330  6.6333
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Secinājums: dispersijas analīzes rezultāti parāda, ka faktora `metode` ietekme nav statistiski būtiska (p-vērtība ir lielāka par 0,05). Ja aspkatām abu metožu vidējās vērtības, kā arī vērtību grafisko attēlojumu (11.1 attēls), var redzēt, ka starp abām grupām ir neliela starpība, bet vienlaicīgi arī vērojama izteikta vērtību pārklāšanās.

```
with(dieta,tapply(samazinajums,metode,mean))
```

```
##    esana     kopa
## 6.823810 8.180952
```

```
with(dieta,boxplot(samazinajums~metode))
```



Att. 11.1: Box-plot grafiks svara samazinājumam atkarībā no diētas veida

11.4 Kvantitatīva mainīgā iekļaušana modelī

Ja vienīgais statistiskais tests, kuru izvēlētos veikt šajā pētījumā būtu dispersijas analīze, tad paliktu pie secinājuma, ka diētas metodes savā starpā neatšķiras. Bet būtiski ir ņemt vērā arī to, ka ir pieejami dati arī

par katra cilvēka sākotnējo svaru, turklāt šis sākotnējais svars katrā grupā ir atšķirīgs. Lai pārbaudītu vai šai papildus informācijai (cilvēka sākotnējais svars) ir būtiska ietekme uz to, kādu efektu dod diētas metode, var veikt kovariācijas analīzi. Šajā analīzē mēs pārbaudam viena vai vairāku faktoru ietekmi, vienlaicīgi ņemot vērā vēl cita kvantitatīvā mainīgā vērtības. Kovariācijas analīzi veic ar funkciju `lm()`, vienlaicīgi norādot abus mainīgo veidus. Rezultātu apskatīšanai izmanto funkcijas `anova()` un `summary()`.

```
mod1<-lm(samazinajums~metode+svars,data=dieta)
anova(mod1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: samazinajums
##           Df  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## metode     1  19.339  19.339  5.3628 0.02592 *
## svars      1 124.688 124.688 34.5757 7.6e-07 ***
## Residuals 39 140.643   3.606
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Secinājums: Iekļaujot modelī arī sākotnējo svaru, redzams, ka tagad pastāv statistiski būtiska atšķirība starp diētas veidiem (p-vērtība 0,026), kā arī sākotnējam svaram ir būtiska ietekme uz to, kāds ir svara samazinājums.

Analīzes rezultātu apskatot ar funkciju `summary()`, var iegūt atbilstošos lineāra modeļa koeficientus. Šeit svarīgi ņemt vērā to, ka kvalitatīvais mainīgais tiek pārkodēts pēc principa, ka alfabētiski pirmais mainīgā līmenis (šajā gadījumā esana) tiek izmantots kā references līmenis, bet visi pārējie līmeņi tiek salīdzināti ar šo līmeni.

```
summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = samazinajums ~ metode + svars, data = dieta)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.8419 -1.4185 -0.2487  1.2422  5.0153
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -6.26528    2.26424  -2.767   0.0086 **
## metodekopa   4.77169    0.82502   5.784 1.03e-06 ***
## svars        0.11382    0.01936   5.880 7.60e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.899 on 39 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5059, Adjusted R-squared:  0.4806
## F-statistic: 19.97 on 2 and 39 DF,  p-value: 1.068e-06
```

Secinājums: sākotnējam svaram ir pozitīvs efekts uz svara samazinājumu, tas ir, jo lielāks ir sākotnējais svars, jo lielāks ir absolūtais svara samazinājums. Koeficients pie (Intercept) (b0) atbilst situācijai, kad diētas metode bija `esana`, bet metodei `kopa` b0 vērtība veidojas saskaitot koeficientus pie (Intercept) un pie

metodekopa. Koeficients pie metodekopa ir būtisks, tas ir, pastāv statistiski būtiska atšķirība starp svara samazinājumu starp abām šīm diētas metodēm pie vienāda sākotnējā svara un šī starpība ir 4,77 kg.

Kovariācijas analīzē var pārbaudīt arī situāciju, kad ir ne tikai atšķirīga b0 koeficienta vērtība starp gradācijas klasēm, bet arī to vai ir būtiska atšķirība starp b1 koeficientiem (regresijas taišņu slīpumiem) starp gradācijas klasēm. Šī pētījuma kontekstā mēs varētu pārbaudīt vai pie dažādiem diētas veidiem ir vērojama atšķirīga saistība starp sākotnējo svaru un svara samazinājumu. Šādas analīzes veikšanai sākotnējā modelī ir jaiekļauj iedarbība (interaction) starp abiem mainīgajiem, ko panāk starp tiem norādot * zīmi.

```
mod2<-lm(samazinajums~metode*svars,data=dieta)
anova(mod2)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: samazinajums
##              Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## metode        1  19.339  19.339  5.3279   0.02652 *
## svars         1 124.688 124.688 34.3511 8.832e-07 ***
## metode:svars  1   2.710   2.710  0.7466   0.39299
## Residuals    38 137.933   3.630
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Secinājums: mainīgajam metode:svars nav statistiski būtiska ietekme uz svara samazinājumu, tas ir, nav atšķirības tajā kāda ir saistība starp sākontējo svaru un svara samazinājumu atkarībā no diētas veida.

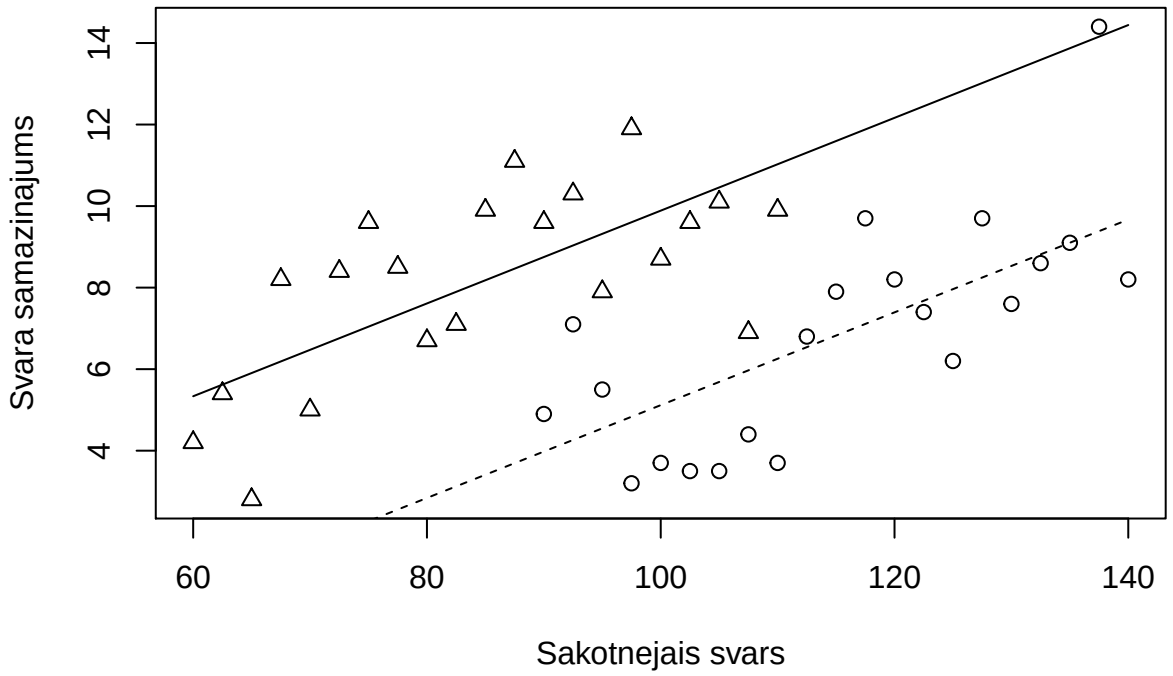
Ar funkcijas `AIC()` palīdzību var salīdzināt visus trīs modeļus kopā. Viszemākā AIC vērtība (attiecīgi labākais modelis) ir mod1, kurā bija iekļauti abi faktori bez savstarpējās iedarbības.

```
AIC(mod,mod1,mod2)
```

```
##      df      AIC
## mod   3 202.6097
## mod1  4 177.9501
## mod2  5 179.1329
```

Kovariācijas analīzes rezultātus vislabāk apskatīt grafiski (11.2 attēls). Kā pirmo soli radām mainīgo `jauns`, kas satur svara vērtības no 60 līdz 140 ik pa pieci - kopā 17 vērtības. Pēc tam ar funkciju `predict()` aprēķina prognozētās svara samazinājuma vērtības atsevišķi katrai no diētas metodēm. Ar funkciju `plot()` uzzīmē izkliedes grafiku starp oriģinālajām svara samazinājuma un sākotnējā svara vērtībām, turklāt simbola veids ir atkarīgs no diētas metodes. Pēc tam attēlam pa virsu uzliek trenda līnijas katrai no metodēm izmantojot funkciju `lines()`. Nepārtraukta līnija ir metodei kopa, bet raustīta līnija ir metodei esana.

```
jauns<-seq(60,140,5)
pred.esana<-predict(mod1,data.frame(svars=jauns,metode=rep("esana",17)))
pred.kopa<-predict(mod1,data.frame(svars=jauns,metode=rep("kopa",17)))
plot(dieta$samazinajums~dieta$svars,pch=as.numeric(dieta$metode),xlab="Sakotnejais svars",ylab="Svara sa
lines(pred.kopa~jauns,lty=1)
lines(pred.esana~jauns,lty=2)
```



Att. 11.2: Izkliedes grafiks ar trenda līnijām starp sākotnējo svaru un svara samazinājumu atkarībā no diētas veida

Nodaļa 12

Vispārinātie lineārie modeļi

12.1 Teorētiskais pamatojums

Vēl jāuzraksta!

Plašāku materiālu par vispārinātajiem lineārajiem modeļiem var skatīt Dobson and Barnett (2008) un McCulloch et al. (2008).

12.2 Dati

Divu GLM analīzes veidu (binārā loģistiskā regresija un puasona regresija) piemēram izmantoti četri datu faili. Pirmais fails `nezales.txt` satur informāciju par pētījumu, kurā analizēts nezāļu skaits parauglaukumos atkarībā no pielietotā augu aizsardzības līdzekļa - kontrole, līdzeklis 1 un līdzeklis 2 (kolonna `grupa`), kā arī augsnes pH šajos parauglaukumos.

```
nezales<-read.table(file="nezales.txt",header=T)
str(nezales)
```

```
## 'data.frame':    300 obs. of  3 variables:
##  $ grupa : Factor w/ 3 levels "kontrole","lidzeklis1",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
##  $ pH    : num  6.26 6.8 6.79 6.52 6.08 6.21 6.47 6.74 6.71 6.11 ...
##  $ skaits: int  2 10 5 6 5 4 2 2 5 3 ...
```

```
head(nezales)
```

```
##      grupa   pH skaits
## 1 kontrole 6.26      2
## 2 kontrole 6.80     10
## 3 kontrole 6.79      5
## 4 kontrole 6.52      6
## 5 kontrole 6.08      5
## 6 kontrole 6.21      4
```

```
summary(nezales)
```

```
##         grupa           pH            skaits
##  kontrole  :100   Min.   :5.310   Min.   : 0.00
##  lidzeklis1:100   1st Qu.:6.388   1st Qu.: 0.00
##  lidzeklis2:100   Median :6.700   Median : 1.00
##                   Mean   :6.699   Mean   : 2.14
##                   3rd Qu.:7.040   3rd Qu.: 3.25
##                   Max.   :7.920   Max.   :10.00
```

Failos `veids1.txt`, `veids2.txt` un `veids3.txt` ir viena un tā paša pētījuma dati, kas parādīti trīs dažādos veidos. Šajā pētījumā ir novērtēts vai augs ir bijis bojāts vai nē (slimības ietekmēts) atkarībā no tā šķirnes un audzēšānas veida (tunelis vai lauks). Failā `veids1` ir izejas dati, kur katram augam ir sava rindiņa un kolonnā `bojajums` ir atzīmē 0 vai 1 atkarībā no tā, vai augs nav bojāts, vai ir bojāts. Failā `veids2` dati jau ir apkopoti tādā veidā, ka katrai sķirnes un audzēšanas veida kombinācijai ir norādīts bojāto un nebojāto augu skaits. Failā `veids3` dati arī jau ir apkopoti, tikai šajā gadījumā ir kolonna ar procentuālo bojāto augu daudzumu (izteikts decimāldaļās) un kopējo augu skaitu katrā faktoru kombinācijā

```
veids1<-read.table(file="veids1.txt", header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(veids1)
```

```
## 'data.frame':    175 obs. of  3 variables:
##  $ skirne  : Factor w/ 3 levels "A","B","C": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
##  $ veids   : Factor w/ 2 levels "lauks","tunelis": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
##  $ bojajums: int  1 1 1 1 0 1 0 1 0 1 ...
```

```
head(veids1)
```

```
##   skirne veids bojajums
## 1      A lauks        1
## 2      A lauks        1
## 3      A lauks        1
## 4      A lauks        1
## 5      A lauks        0
## 6      A lauks        1
```

```
veids2<-read.table(file="veids2.txt", header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(veids2)
```

```
## 'data.frame':    6 obs. of  4 variables:
##  $ skirne  : Factor w/ 3 levels "A","B","C": 1 1 2 2 3 3
##  $ veids   : Factor w/ 2 levels "lauks","tunelis": 1 2 1 2 1 2
##  $ bojats  : int  17 10 14 16 21 2
##  $ nebojats: int  3 17 11 24 13 27
```

```
head(veids2)
```

```
##   skirne   veids bojats nebojats
## 1      A   lauks     17        3
## 2      A tunelis     10       17
## 3      B   lauks     14       11
## 4      B tunelis     16       24
## 5      C   lauks     21       13
## 6      C tunelis      2       27
```

```
veids3<-read.table(file="veids3.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=".")
str(veids3)
```

```
## 'data.frame':    6 obs. of  4 variables:
##  $ skirne  : Factor w/ 3 levels "A","B","C": 1 1 2 2 3 3
##  $ veids   : Factor w/ 2 levels "lauks","tunelis": 1 2 1 2 1 2
##  $ procents: num  0.85 0.37 0.56 0.4 0.618 ...
##  $ skaits  : int  20 27 25 40 34 29
```

```
head(veids3)
```

```
##   skirne   veids   procents skaits
## 1      A   lauks 0.85000000     20
## 2      A tunelis 0.37037037     27
## 3      B   lauks 0.56000000     25
## 4      B tunelis 0.40000000     40
## 5      C   lauks 0.61764706     34
## 6      C tunelis 0.06896552     29
```

12.3 Puasona regresija

Gadījumos, kad regresors (atkarīgais mainīgais) ir skaita dati, turklāt to vērtības ir mazas un sadalījums ir izteikti asimetrisks (daudz mazo vērtību, veidojas Puasona sadalījums), izmantot lineāro regresiju nebūtu pareizi, jo tiktu pārkāpti vairāki nosacījumi, kas izvirzīti šai analīzei. Analizējot skaita datus kā alternatīvu var izmantot vispārinātos lineāros modeļus (GLM) norādot, ka datiem ir Puasona atlikuma struktūra. Šo GLM veidu sauc arī par Puasona regresiju. GLM analīzi programmā R veic ar funkciju `glm()`. Funkcijā jānorāda trīs komponentes: formula, kas jāpārbauda (regresents atkarībā no viena vai vairākiem regresoriem un to kombinācijas), atlikumu struktūras veids, kas šajā gadījumā ir `family=poisson("log")`, kā arī datu objekts, kurā atrodas analizējamie mainīgie. Arguments `"log"` iekavās pie `poisson()` parāda kāda saistības funkcija ir izmantota, lai pārietu no oriģinālās saistības starp mainīgajiem uz lineāro saistību. Analīzes rezultātus var apskatīt ar funckijām `summary()` un `anova()`. GLM modeļos var izmantot gan nepātraukti variējošus regresorus, gan arī kategorijas regresorus.

Piemērā apskatīts kā nezāļu skaitu ietekmē piederība pie kādas no pētījumu grupas un augsnes pH, kā arī šo divu faktoru kombinācija.

```
mod<-glm(skaits~grupa*pH,family=poisson("log"), data=nezales)
summary(mod)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = skaits ~ grupa * pH, family = poisson("log"), data = nezales)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -3.1527  -0.8192  -0.2107   0.6433   3.2340
##
## Coefficients:
##                    Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)         1.51970    0.62685   2.424   0.0153 *
## grupalidzeklis1    -2.21275    1.48261  -1.492   0.1356
```

```
## grupalidzeklis2    -3.70175    2.41941  -1.530   0.1260
## pH                  0.01156    0.09301   0.124   0.9011
## grupalidzeklis1:pH  0.11340    0.21933   0.517   0.6051
## grupalidzeklis2:pH  0.14455    0.36004   0.401   0.6881
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 873.24  on 299  degrees of freedom
## Residual deviance: 309.79  on 294  degrees of freedom
## AIC: 879.63
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

```
anova(mod,test="Chisq")
```

```
## Analysis of Deviance Table
##
## Model: poisson, link: log
##
## Response: skaits
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##
##          Df Deviance Resid. Df Resid. Dev Pr(>Chi)
## NULL                       299     873.24
## grupa     2   562.83       297     310.41   <2e-16 ***
## pH        1     0.23       296     310.18   0.6350
## grupa:pH  2     0.39       294     309.79   0.8237
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Secinājumi: pēc analīzes kopsavilkuma tabulas var spriest, ka statistiski būtiska ir tikai Intercept vērtība (nezāļu skaits būtiski atšķiras no 0), tomēr pārējo koeficientu vērtības nav būtiskas. GLM analīzē, līdzīgi kā tas ir ANCOVA, ja ir iekļauts kvalitatīvs/kategorijas mainīgais (grupa), tad tas tiek pārkodēts un salīdzināšana tiek veikta references līmeni (grupu), kas šajā gadījumā ir kontrole. Koeficienti, kas parādās kopsavilkuma tabulā, ir koeficienti lineārājai vienādojumam. Lai atgrieztos pie sākotnējām skaita vērtībām, šis lineārais vienādojums ir jāizmanto kā pākāpe eksponentam - pretējā darbība naturālajam logaritmam. Ar funkciju ‘`anova()` var apskatīt kā katrs faktors un kombinācija kopumā ietekmē analizējamo pazīmi. Pēc šīs tabulas varam secināt, ka būtiska ietekme ir grupai, bet nav pH un grupas:pH kombinācijai.

Tā kā pH ietekme nebija būtiska, šajā gadījumā varam izveidot otru modeli, kurā kā faktors ir tikai piederība pie grupas.

```
mod2<-glm(skaits~grupa,family=poisson("log"),data=nezales)
summary(mod2)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = skaits ~ grupa, family = poisson("log"), data = nezales)
##
```

```
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -3.1432  -0.8000  -0.1522   0.7063   3.1686
##
## Coefficients:
##                 Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)      1.59737    0.04499   35.50   <2e-16 ***
## grupalidzeklis1 -1.44895    0.10317  -14.04   <2e-16 ***
## grupalidzeklis2 -2.73680    0.18240  -15.01   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 873.24  on 299  degrees of freedom
## Residual deviance: 310.41  on 297  degrees of freedom
## AIC: 874.24
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Secinājumi: Tā kā visi koeficienti ir būtiski, var secināt, ka gan grupā līdzeklis 1, gan līdzeklis 2 nezāļu skaits ir mazākas nekā kontroles grupā. Jāatceras, ka šie koeficienti nav interpretējami tiešā veidā kā atšķirības starp vidējiem nezāļu skaitiem, jo ir izmantota log saistības funckija. Sagaidāmais nezāļu skaits kontroles grupā attiecīgi ir $e^1.597$, līdzeklis 1 grupā $e^{1.597-1.449}$ un līdzeklis 2 grupā $e^{1.597-2.737}$.

Tā kā tika ieveidots modelis, kurā bija divi mainīgie un to kombinācija, un modelis ar vienu mainīgo, tad šos modeļus var salīdzināt savā starpā, lai secinātu, vai modeļa vienkāršošana ir bijusi pamatota. Divu pakārtotu/saistītu modeļu salīdzināšanu var veikt ar funckijā `AIC()`, vai `anova()`, kurai kā arguments norādīts `Chisq` tests.

```
anova(mod,mod2,test="Chisq")
```

```
## Analysis of Deviance Table
##
## Model 1: skaits ~ grupa * pH
## Model 2: skaits ~ grupa
##   Resid. Df Resid. Dev Df Deviance Pr(>Chi)
## 1       294     309.80
## 2       297     310.41 -3 -0.61319   0.8934
```

```
AIC(mod,mod2)
```

```
##      df      AIC
## mod   6 879.6302
## mod2  3 874.2434
```

Secinājumi: izmantojot hī kvadrāta testu, konstatēts, ka atšķirība starp modeļiem nav būtiska (p vērtība ir 0,89), attiecīgi mēs varam izvēlēties vienkāršāko modeli, kurā ir tikai viens regresors. Arī salīdzinot pēc AIC vērtībām, otraijam modelism ir mazāka AIC vērtība un tas uzskatāms par piemērotāku.

12.4 Binārā loģistiskā regresija

Binārās loģistiskās regresijas veikšanai izmanto to pašu funkciju `glm()`, tikai šajā gadījumā kā `family=` jānorāda `binomial` un saistības funkcija ir `logit` (ko var arī mainīt pret `probit`). Formāts, kādā veidā norāda

regresentu (atkarīgo mainīgo) ir atkarīgs no tā, kādā veidā ir pieejami dati. Binārajā loģistiskajā regresijā pārbauda vai iespējamības (ka iestāsies konkrētais notikums (būs bojājums)) būtiski atšķiras, atkarībā no ietekmējošiem faktoriem (gan kvantitatīviem, gan kvalitatīviem).

Ja ir izejas dati, kuros atkarīgais mainīgais sastāv no 0 un 1, tad funkcijā `glm()` šī kolonna ir jānorāda, kā atkarīgais mainīgais (šadā veidā dati ir pieejami failā `veids1`).

```
mod1<-glm(bojajums~skirne+veids, family=binomial("logit"),data=veids1)
summary(mod1)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = bojajums ~ skirne + veids, family = binomial("logit"),
##     data = veids1)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.7901  -0.9376  -0.6037   1.1195   1.8932
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    1.3773     0.3978   3.462 0.000536 ***
## skirneB       -0.4604     0.4203  -1.095 0.273354
## skirneC       -1.2396     0.4446  -2.788 0.005304 **
## veidstunelis  -1.7476     0.3521  -4.963 6.95e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 241.31  on 174  degrees of freedom
## Residual deviance: 208.73  on 171  degrees of freedom
## AIC: 216.73
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Ja dati ir jau apkopoti un tajos ir kolonnas, kas parāda pozitīvo un negatīvo notikumu skaitu, kā failā `veids2` kolonnas `bojats` un `nebojats`, tad kā atkarīgais mainīgais formulā ir jānorāda abas kolonnas, kas apvienotas ar funkciju `cbind()`.

```
mod2<-glm(cbind(bojats,nebojats)~skirne+veids,family=binomial("logit"),data=veids2)
summary(mod2)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = cbind(bojats, nebojats) ~ skirne + veids, family = binomial("logit"),
##     data = veids2)
##
## Deviance Residuals:
##       1        2        3        4        5        6
##  0.5944  -0.4049  -1.6402   1.2947   0.9796  -1.5666
##
## Coefficients:
```

```
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    1.3773     0.3978   3.462 0.000536 ***
## skirneB       -0.4604     0.4203  -1.095 0.273354
## skirneC       -1.2396     0.4446  -2.788 0.005304 **
## veidstunelis  -1.7476     0.3521  -4.963 6.95e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 40.8849  on 5  degrees of freedom
## Residual deviance:  8.2977  on 2  degrees of freedom
## AIC: 37.095
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Trešā iespēja ir, ka dati apkopoti un tajos ir kolonna ar procentiem (decimāldaļās), kas parāda notiku iestāšanās biežumu (šajā gadījumā procentuālais bojāto augu daudzums). Lai analizētu šādus datus, kolonna ar procentiem jānorāda kā atkarīgais mainīgais, plus papildus jānorāda arguments `weights=` un kolonna, kurā ir oriģinālie kopējie skaita dati. To var nenorādīt gadījumos, ja skaita dati, no kuriem aprēķināti procenti ir vienādi starp visām faktoru kombinācijām (visās rindiņās).

```
mod3<-glm(procents~skirne+veids,weights=skaits,family=binomial("logit"),data=veids3)
summary(mod3)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = procents ~ skirne + veids, family = binomial("logit"),
##     data = veids3, weights = skaits)
##
## Deviance Residuals:
##       1        2        3        4        5        6
##  0.5944  -0.4049  -1.6402   1.2947   0.9796  -1.5666
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    1.3773     0.3978   3.462 0.000536 ***
## skirneB       -0.4604     0.4203  -1.095 0.273354
## skirneC       -1.2396     0.4446  -2.788 0.005304 **
## veidstunelis  -1.7476     0.3521  -4.963 6.95e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 40.8849  on 5  degrees of freedom
## Residual deviance:  8.2977  on 2  degrees of freedom
## AIC: 37.095
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

Secinājumi: neatkarīgi no datu sagatavošanas veida, visi iegūtie koeficienti un tie būtiskumi ir vienādi. Pastāv būtiska atšķirība starp skirnes A (izmantota kā bāzes līmenis) un skirnes Cbojājumu iespējamību

(šķirnei C tā ir mazāka nekā šķirnei A, ko parāda negatīvs koeficients pie šķirnes C), kā arī it būtiska atšķirība starp audzēšanas veidu - lauks un tunelis, turklāt tuneļa audzēšanas veidam bojājumu daudzums ir mazāks nekā laukam veidam. Jāatceras, ka arī šajā gadījumā šie ir lineārā vienādojuma koeficienti, kur y vērtības iegūtas izmantojot logit saistības funkciju no sākotnējiem bojājumu datiem.

Lai aprēķinātu prognozēto bojājumu iespējamību, var izmantot funkciju `predict()`, kurai kā arguments jānorāda modeļa objekts. Ja nenorāda papildus argumentus, tad aprēķinātās vērtības būs lineārajam vienādojumam. Prognozēto iespējamības vērtību iegūšanai jānorāda papildus arguments `type="respone"`.

```
predict(mod3)
```

```
##          1          2          3          4          5          6
##  1.3773246 -0.3702801  0.9168930 -0.8307117  0.1376954 -1.6099093
```

```
predict(mod3,type="response")
```

```
##         1         2         3         4         5         6
## 0.7985610 0.4084733 0.7144086 0.3034946 0.5343696 0.1666012
```

Secinājumi: Izmantojot trešo modeli, iegūtas prognozētās bojājumu iespējamības vērtības katrai no sešām pārbaudītajām abu faktoru kombinācijām, piemēram, ja audzēšanas veids ir lauks un šķirne ir A (pirmā rindiņa failā veids3), tad prognozētais bojājumu iespējamība ir 0,798 jeb 79,8%.

Nodaļa 13

Literatūra

Literatūra

Arhipova, I. and Bāliņa, S. (2006). *Statistika ekonomikā. Risinājumi ar SPSS un Microsoft Excel*. Datorzinību Centrs.

Canty, A. and Ripley, B. (2012). *boot: Bootstrap R (S-Plus) Functions. R package version 1.3-5*.

Crawley, M. (2007). *The R book*. Wiley.

Dobson, A. and Barnett, A. (2008). *An introduction to generalized linear models*. Chapman and Hall/CRC.

Everitt, B. and Hothorn, T. (2006). *A handbook of statistical analyses using R*. CRC Press.

Faraway, J. (2005). *Linear models with R*. Chapman and Hall/CRC.

Johnson, D. (1999). The insignificance of statistical significance testing. *Journal of Wildlife Management*, 63(3):763–772.

Lemon, J. (2006). Plotrix: a package in the red light district of r. *R-News*, 6(4):8–12.

Liepa, I. (1974). *Biometrija*. Zvaigzne.

Maindonald, J. and Braun, W. (2010). *Data analysis and graphics using R. An example-based approach*. Cambridge.

Manly, B. (2007). *Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in biology*. Chapman, Hall/CRC.

McCulloch, C., Searle, S., and Neuhaus, J. (2008). *Generalized, linear, and mixed models*. Wiley.

Murrell, P. (2006). *R graphics*. CRC Press.

R Core Team (2012). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Sarkar, D. (2008). *Lattice. Multivariate data visualization with R*. Springer.

Sokal, R. and Rohlf, F. (1995). *Biometry*. W.H. Freeman and company.

Stephens, P., Buskirk, S., Hayward, G., and Del Rio, C. (2005). Information theory and hypothesis testing: a call for pluralism. *Journal of Applied Ecology*, 42:4–12.

Verzani, J. (2005). *Using R for introductory statistics*. Chapman and Hall/CRC.

Vittinghoff, E., Shiboski, S., Glidden, D., and McCulloch, C. (2005). *Regression methods in biostatistics. Linear, logistic, survival, and repeated measures models*. Springer.

Wicham, H. (2009). *ggplot2. Elegant graphics for data analysis*. Springer.

Zuur, A., Ieno, E., and Smith, G. (2007). *Analysing ecological data*. Springer.