

Introducerende Statistik og Dataanalyse med R

Generelle Linære Model: F-test

Jens Ledet Jensen



- 1 Twoway anova
- 2 Model, F-test
- 3 Teste regressionsmodellen

Dagens spørsmål:

$$X_i \sim N(\xi_i, \sigma^2)$$

One way anova: $\text{respons} \sim \text{Gruppe}$ (Gruppe er en faktor)

$$\xi_i = \mu_{\text{Gruppe}_i}$$

Two way anova: $\text{respons} \sim K * A$ (K og A er faktorer)

$$\xi_i = \mu_{K_i, A_i}$$

additive model: $\text{respons} \sim K + A$, $\xi_i = \eta_{K_i} + \zeta_{A_i}$

Lineær regression: $\text{respons} \sim t$ (t er en regressionsvariabel)

$$\xi_i = \alpha + \beta t_i$$

To-sidet variansanalyse: Alanin i lymfevæske

| kqn | art | Ala |
|-----|-----|------|
| han | 1 | 21.5 |
| han | 1 | 19.6 |
| han | 1 | 20.9 |
| han | 1 | 22.8 |
| han | 2 | 14.5 |
| han | 2 | 17.4 |
| han | 2 | 15.0 |
| han | 2 | 17.8 |
| han | 3 | 16.0 |
| han | 3 | 20.3 |
| han | 3 | 18.5 |
| han | 3 | 19.3 |
| hun | 1 | 14.8 |
| hun | 1 | 15.6 |
| hun | 1 | 13.5 |
| hun | 1 | 16.4 |
| hun | 2 | 12.1 |
| hun | 2 | 11.4 |
| hun | 2 | 12.7 |
| hun | 2 | 14.5 |
| hun | 3 | 14.4 |
| hun | 3 | 14.7 |
| hun | 3 | 13.8 |
| hun | 3 | 12.0 |

kqn: køn: 2 niveauer

art: 3 niveauer

Ala: koncentration af Alanin

Model: $Ala_i \sim N(\mu_{kqn_i, art_i}, \sigma^2), i = 1, \dots, n$

Parametre: $\mu_{han,1}, \mu_{han,2}, \dots, \mu_{hun,3}, \sigma^2$

Seks grupper med hver sin middelværdi

Additive model: $\mu_{kqn, art} = \eta_{kqn} + \zeta_{art}$

Bidrag fra køn plus bidrag fra art: 2+3-1
parametre

To faktorer

kqn, art: begge faktorer: [Se webbog afsnit 4.1](#)

Modelformel: kqn*art giver ny faktor der deler op efter både kqn og art

Direkte i kommandovindue: kqn:art

R modelformel:

kqn*art samme som kqn+art+kqn*art samme som kqn+art+kqn:art

Parametrisering i R:

$$\begin{bmatrix} a & b & c \\ d & e & f \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a & a & a \\ a & a & a \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ d-a & d-a & d-a \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & b-a & c-a \\ 0 & b-a & c-a \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & e-b-d+a & f-c-d+a \end{bmatrix}$$

Intercept kqnhun art2 art3 kqnhun:art2 kqnhun:art3

R: kqn + art + kqn:art

```
summary(lm(Ala~kqn*art)
```

| | Estimate | Std. Error | t value | Pr(> t) | |
|-------------|----------|------------|---------|----------|-----|
| (Intercept) | 21.2000 | 0.7267 | 29.175 | < 2e-16 | *** |
| kqnhun | -6.1250 | 1.0276 | -5.960 | 1.22e-05 | *** |
| art2 | -5.0250 | 1.0276 | -4.890 | 0.000118 | *** |
| art3 | -2.6750 | 1.0276 | -2.603 | 0.017983 | * |
| kqnhun:art2 | 2.6250 | 1.4533 | 1.806 | 0.087631 | . |
| kqnhun:art3 | 1.3250 | 1.4533 | 0.912 | 0.373967 | |

Residual standard error: 1.453 on 18 degrees of freedom

Gennemsnit for (han,art1): 21.20, (hun,art2): $21.20 - 6.125 - 5.0250 + 2.625 = 12.675$

Skal vi acceptere additive model svarende til:
 $kqnhun:art2=0$ og $kqnhun:art3=0$?

```
anova(lm(Ala~kqn+art),lm(Ala~kqn*art))
```

```
Model 1: Ala ~ kqn + art
```

```
Model 2: Ala ~ kqn * art
```

| | Res.Df | RSS | Df | Sum of Sq | F | Pr(>F) |
|---|--------|---------|----|-----------|--------|---------|
| 1 | 20 | 44.9083 | | | | |
| 2 | 18 | 38.0175 | 2 | 6.8908 | 1.6313 | 0.22331 |

Model 2 (kalder jeg M_1): $Ala_i \sim N(\mu_{kqn_i, art_i}, \sigma^2)$

Model 1 (kalder jeg M_2): $Ala_i \sim N(\eta_{kqn} + \zeta_{art}, \sigma^2)$

Teste additive model: teste reduktion fra M_1 til M_2 :

$F = 1.6313$, p -værdi=0.22331, data strider ikke mod reduktionen

Sammenligne "variation indenfor gruppe" med "variation mellem grupper" ?

Konfidensintervaller i additive model

```
summary(lm(Ala~kqn+art))
```

| | Estimate | Std. Error | t value | Pr(> t) | |
|-------------|----------|------------|---------|----------|-----|
| (Intercept) | 20.5417 | 0.6117 | 33.579 | < 2e-16 | *** |
| kqnhun | -4.8083 | 0.6117 | -7.860 | 1.53e-07 | *** |
| art2 | -3.7125 | 0.7492 | -4.955 | 7.62e-05 | *** |
| art3 | -2.0125 | 0.7492 | -2.686 | 0.0142 | * |

Intercept: $\eta_{\text{han}} + \zeta_1$

kqnhun = $\eta_{\text{hun}} - \eta_{\text{han}}$, art2 = $\zeta_2 - \zeta_1$, art3 = $\zeta_3 - \zeta_1$

Uanset art så er middelværdien for han 4.8 større end middelværdi for hun

Uanset køn så er middelværdien for art1 2.0 større end middelværdi for art3

```
confint(lm(Ala~kqn+art))
```

| | 2.5 % | 97.5 % |
|-------------|-----------|------------|
| (Intercept) | 19.265582 | 21.8177515 |
| kqnhun | -6.084418 | -3.5322485 |
| art2 | -5.275378 | -2.1496217 |
| art3 | -3.575378 | -0.4496217 |

Gå til webbog afsnit 4.7 skjulte punkt "Beregninger i R"

Fjern `list(...)` og:

Inskriv kode til beregning af F -test fra additive model til model hvor alle kombinationer af *lys* og *stress* har samme middelværdi

Data, lm og Testtabel (anova) er vist

Næste: forstå testtabel og F-test generelt

Model: $X_i \sim N(\xi_i, \sigma^2)$, $i = 1, \dots, n$, uafhængige

alle har samme varians

Lave (lineære) modeller for middelværdierne ξ_1, \dots, ξ_n

Til hver model M knytter vi:

$$\text{skøn } \hat{\xi}(M) = (\hat{\xi}_1(M), \dots, \hat{\xi}_n(M))$$

$$SSD(M) = \sum_i (x_i - \hat{\xi}_i(M))^2 = \text{sum af kvadrerede afvigelser}$$

$df(M) = n$ minus antal **frie** parametre i middelværdi

$$s^2(M) = \frac{SSD(M)}{df(M)} \sim \sigma^2 \chi^2(df(M))/df(M), \text{ skøn over varians } \sigma^2$$

To modeller M_1 og M_2 : M_2 er en **reduktion** af M_1

f.eks. nogle parametre sættes lig med nul

eller nogle parametre antages ens

$x - \hat{\xi}(M_1)$: afvigelse mellem model M_1 og data

$x - \hat{\xi}(M_2)$: afvigelse mellem model M_2 og data

$$= (x - \hat{\xi}(M_1)) + (\hat{\xi}(M_1) - \hat{\xi}(M_2))$$

Testprincip: hvis den ekstra afvigelse $(\hat{\xi}(M_1) - \hat{\xi}(M_2))$ er for stor i forhold til $(x - \hat{\xi}(M_1))$, så strider data mod hypotesen

$$\begin{aligned} SSD(M_2) &= SSD(M_1) + \sum_i (\hat{\xi}_i(M_1) - \hat{\xi}_i(M_2))^2 \quad (\text{Pythagoras}) \\ &= SSD(M_1) + SSD(M_1, M_2) \end{aligned}$$

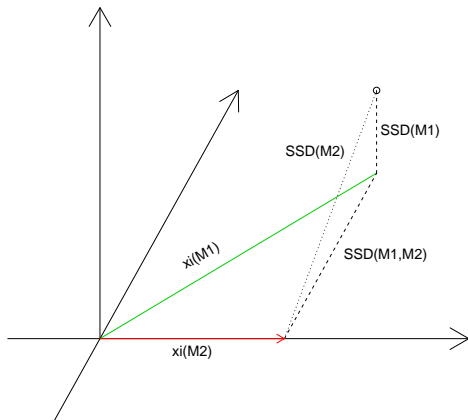
er $SSD(M_1, M_2)$ for stor i forhold til $SSD(M_1)$?

Sammenligner “variation mellem grupper” med “variation indenfor grupperne”

$$SSD(M_1, M_2) = SSD(M_2) - SSD(M_1) \sim \sigma^2 \chi^2(df)/df$$

Næste slide: grafisk illustration

Tegning med $SSD(M_1, M_2)$



Teststørrelse:

$$F = \frac{SSD(M_1, M_2) / (d(M_1) - d(M_2))}{SSD(M_1) / df(M_1)} = \frac{(SSD(M_2) - SSD(M_1)) / (df(M_2) - df(M_1))}{SSD(M_1) / df(M_1)}$$

$$F \sim F(df(M_2) - df(M_1), df(M_1))$$

store værdier er kritiske

$$F = \frac{V_1}{V_2}, \quad V_1 \sim \chi^2(f_1)/f_1, \quad V_2 \sim \chi^2(f_2)/f_2$$

$$p\text{-værdi} = 1 - F_{\text{cdf}}(F, df(M_2) - df(M_1), df(M_1))$$

Teori: $Q = \frac{\max_{M_2} \text{Likelihood}}{\max_{M_1} \text{Likelihood}} = \left(1 + \frac{d_1 - d_2}{n - d_1} F(x)\right)^{-n/2}$

små værdier af Q = store værdier af $F(x)$

Navn: F for Fisher

To-sidet variansanalyse: Alanin i lymfevæske

| Køn: | han | han | han | hun | hun | hun |
|------|------|------|------|------|------|------|
| Art: | 1 | 2 | 3 | 1 | 2 | 3 |
| | 21.5 | 14.5 | 16.0 | 14.8 | 12.1 | 14.4 |
| | 19.6 | 17.4 | 20.3 | 15.6 | 11.4 | 14.7 |
| | 20.9 | 15.0 | 18.5 | 13.5 | 12.7 | 13.8 |
| | 22.8 | 17.8 | 19.3 | 16.4 | 14.5 | 12.8 |

Model: $Ala_i \sim N(\mu_{kqn_i, art_i}, \sigma^2)$, $i = 1, \dots, n$

Teste additivitet: $\mu_{kqn, art} = \eta_{kqn} + \zeta_{art}$


```
anova(lm(Ala~kqn+art),lm(Ala~kqn*art))
```

```
Model 1: Ala ~ kqn + art
```

```
Model 2: Ala ~ kqn * art
```

| | Res.Df | RSS | Df | Sum of Sq | F | Pr(>F) |
|---|--------|---------|----|-----------|--------|-----------|
| 1 | 20 | 44.9083 | | | | |
| 2 | 18 | 38.0175 | 2 | 6.8908 | 1.6313 | 0.22331 * |

Teste reduktion fra $kqn*art$ til $kqn+art$:

$$F = \frac{\left(\frac{44.908 - 38.017}{20 - 18} \right)}{38.0175/18} = 1.6313$$

$$p\text{-værdi} = 1 - F_{\text{cdf}}(1.6313, 2, 18) = 0.22331$$

Teste reduktion fra $kqn+art$ til kqn . Hypotese: ingen effekt af art

```
anova(lm(Ala~kqn),lm(Ala~kqn+art))
```

Model 1: $Ala \sim kqn$

Model 2: $Ala \sim kqn + art$

| | Res.Df | RSS | Df | Sum of Sq | F | Pr(>F) |
|---|--------|----------|----|-----------|---------|-------------|
| 1 | 22 | 100.1692 | | | | |
| 2 | 20 | 44.9083 | 2 | 55.2609 | 12.3053 | 0.00033 *** |

$F = 12.305$, $p\text{-værdi} = 1 - F_{cdf}(12.305, 2, 20) = 0.00033$

Tilvækst i tænder på grise, vitamindosis, indtagelsesmetode

```
len=ToothGrowth[,1]
```

```
M=ToothGrowth[,2]
```

```
D=factor(ToothGrowth[,3])
```

Antag den additive model beskriver data. Lav test for ingen effekt af dosis

Finde Q ved brug af: $\text{SSD}(M_2) = \text{SSD}(M_1) + \text{SSD}(M_1, M_2)$

Likelihoodfunktion $L(\xi, \sigma^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}^n} e^{-\sum_i (x_i - \xi_i)^2 / (2\sigma^2)}$

Maksimum over ξ i model M : $\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}^n} e^{-\text{SSD}(M)/(2\sigma^2)}$

Maksimum over σ^2 : $\frac{1}{\sqrt{2\pi \cdot \text{SSD}(M)/n}^n} e^{-n/2}$

$$Q = \frac{\max_{\xi \in M_2, \sigma^2} L(\xi, \sigma)}{\max_{\xi \in M_1, \sigma^2} L(\xi, \sigma)} = \frac{\frac{1}{\sqrt{2\pi \cdot \text{SSD}(M_2)/n}^n} e^{-n/2}}{\frac{1}{\sqrt{2\pi \cdot \text{SSD}(M_1)/n}^n} e^{-n/2}} = \left(\frac{1}{1 + \text{SSD}(M_1, M_2)/\text{SSD}(M_1)} \right)^{n/2}$$

$$= \left(\frac{1}{1 + \frac{\text{df}(M_2) - \text{df}(M_1)}{\text{df}(M_1)} \cdot F} \right)^{n/2}$$

Store værdier af F -teststørrelse = små værdier af likelihood ratio

Starter med en "fuld" model

Reducerer model successivt ved at fjerne et led ad gangen

F -test bruges til at acceptere reduktion

Reduktioner: $M_1 \rightarrow M_2 \rightarrow M_3 \rightarrow \dots$

$\text{anova}(\text{lm}(M_{i+1}), \text{lm}(M_i))$

tester reduktion fra M_i til M_{i+1} (har accepteret M_i)

$\text{anova}(\text{lm}(M_{i+1}), \text{lm}(M_i))$

| | Res.Df | RSS | Df | Sum of Sq | F | Pr(>F) |
|---|---------------|----------------|-------------------------|---------------------------|--|-------------------------------|
| 1 | $df(M_{i+1})$ | $SSD(M_{i+1})$ | | | | |
| 2 | $df(M_i)$ | $SSD(M_i)$ | $df(M_{i+1}) - df(M_i)$ | $SSD(M_{i+1}) - SSD(M_i)$ | $\frac{\text{Sum of Sq/Df}}{SSD(M_i)/df(M_i)}$ | $1 - F_{cdf}(F, Df, df(M_i))$ |

Teststrategi er omtalt

Næste: teste for lineær sammenhæng

Engineering quantum dot calibration standards for quantitative fluorescent profiling

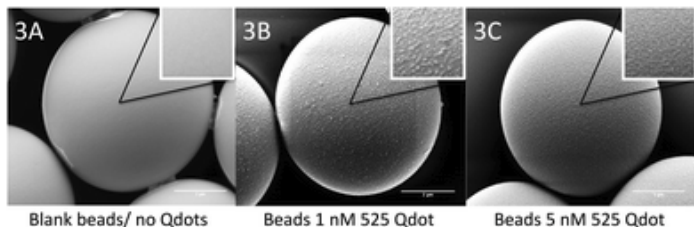
Journal of Materials Chemistry B

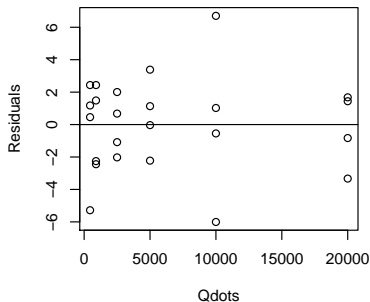
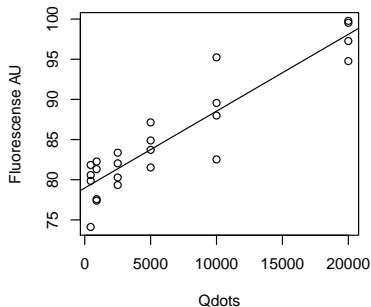
Fluorescence-based tools, in particular optimized fluorophores, offer useful approaches to map cellular heterogeneity. Applying quantum dot (Qdot) technology towards heterogeneity profiling would be a novel approach for characterizing cellular dispersion and requires sensitive calibration standards.

Fig. 4 shows a representative plot of Qdot 525 fluorescence levels observed at increasing concentrations of Qdots.

The x-axis shows the number of Qdots per bead, QDSites. This represents a theoretical value.

The y-axis shows the empirical measurements of the fluorescence of each mixture.





Model M_1 : hver QDOTgruppe (450, 900, ..., 20000) har sin egen middelværdi

Model M_2 : middelværdi afhænger lineært af Qdots

Hvad synes I: er model M_2 god?

Dobbeltindexnotation:

Model M_1 : $X_{ji} \sim N(\mu_j, \sigma^2)$, $j = 1, \dots, k$, $i = 1, \dots, n_j$

Model M_2 : $X_{ji} \sim N(\alpha + \beta t_j, \sigma^2)$, $j = 1, \dots, k$, $i = 1, \dots, n_j$

Model M_1 : $\hat{\xi}_{ji}(M_1) = \hat{\mu}_j = \bar{X}_j$, gennemsnit i gruppe j

Model M_2 : $\hat{\xi}_{ji}(M_2) = \hat{\alpha} + \hat{\beta} t_j$

$$SSD(M_1, M_2) = \sum_j \sum_i (\hat{\mu}_j - (\hat{\alpha} + \hat{\beta} t_j))^2 = SSD(M_2) - SSD(M_1)$$

$$s^2(M_1) = \sum_j \sum_i (X_{ji} - \bar{X}_j)^2 / (n - k) = SSD(M_1) / (n - k)$$

Beregnet fra data:

$$SSD(M_1) = 178.6701, \quad SSD(M_2) = 181.1265$$

$$df(M_1) = 24 - 6 = 18, \quad df(M_2) = 24 - 2 = 22$$

| Model | $SSD(M)$ | $df(M)$ |
|---------------|----------|---------|
| M_1 : FakQ | 178.6701 | 18 |
| M_2 : Qdots | 181.1265 | 22 |

$$F = \frac{\left(\frac{SSD(M_2) - SSD(M_1)}{df(M_2) - df(M_1)} \right)}{s^2(M_1)}$$

Lave F-test for reduktion fra model M_1 til model M_2 :

$$F = \frac{(181.1265 - 178.6701) / (22 - 18)}{178.6701 / 18} = 0.0619$$

$$pval = 1 - F_{cdf}(0.0619, 4, 18) = 0.992$$

Konklusion: ifølge dette test strider data ikke mod lineær sammenhæng mellem middelværdi af *Fluor* og *Qdots*

```
anova(lm(Fluor~Qdots),lm(Fluor~FakQ))
```

```
Model 1: Fluor ~ Qdots
```

```
Model 2: Fluor ~ FakQ
```

| | Res.Df | RSS | Df | Sum of Sq | F | Pr(>F) |
|---|--------|----------|----|-----------|--------|--------|
| 1 | 22 | 181.1265 | | | | |
| 2 | 18 | 178.6701 | 2 | 2.4564 | 0.0619 | 0.9923 |

```
confint(lm(Fluor~Qdots))
```

| | 2.5 % | 97.5 % |
|-------------|---------|---------|
| (Intercept) | 77.30 | 80.64 |
| Qdots | 0.00078 | 0.00113 |

Hvad er Qdots når Fluor måles til 95:

```
inversReg(lm(Fluor~Qdots),95): [10368, 23884]
```

Stor usikkerhed!

Plasma concentrations of indometacin

Lav test for lineær sammenhæng mellem $\log(\text{tid})$ og $\log(\text{plasma})$

```
x=log(Indometh[,3])
```

```
t=log(Indometh[,2])
```

```
fakT=factor(Indometh[,2])
```

Test for at en sammenhæng er lineær er vist

Næste: "regne opgave"

Plantgrowth

Results obtained from an experiment to compare yields (as measured by dried weight of plants) obtained under a control and two different treatment condition.

Undersøg hvordan plantevæksten afhænger af gruppen (ctrl, trt1, trt2)

```
w=PlantGrowth[,1]
```

```
Gruppe=PlantGrowth[,2]
```

(a) Undersøgelser for at se om data kan beskrives med en normalfordelingsmodel

```
boxplot(w~Gruppe)      qqnormFlere(w,Gruppe) (Indsæt figurer fra R)
```

QQplots snor sig om rette linjer så ok med model $W_i \sim N(\mu_{\text{Gruppe}_i}, \sigma_{\text{Gruppe}_i}^2)$ med de 6 parametre $\mu_{\text{ctrl}}, \mu_{\text{trt1}}, \mu_{\text{trt2}}, \sigma_{\text{ctrl}}, \sigma_{\text{trt1}}, \sigma_{\text{trt2}}$

Både boxplot og qqplots kan tyde på samme varians, boxplot peger måske på forskellige middelværdier

(a) Undersøgelser for at se om der kan antages samme varians

I den opstillede model vil vi teste hypotesen $\sigma_{\text{ctrl}} = \sigma_{\text{trt1}} = \sigma_{\text{trt2}}$. Vi laver Bartlett's test som beskrevet i afsnit 4.5. Fra udregningerne i R finder vi, at

$$B_a = 2.8786, \quad p\text{-værdi} = 1 - \chi_{\text{cdf}}(2.8786, 2) = 0.2371$$

Da p -værdien er langt over 0.05 siger vi at data ikke strider mod hypotesen om samme varians. Vi betragter derfor nu modellen

$$W_i \sim N(\mu_{\text{Gruppe}_i}, \sigma^2) \text{ med de 4 parametre } \mu_{\text{ctrl}}, \mu_{\text{trt1}}, \mu_{\text{trt2}}, \sigma$$

(a) Undersøgelser for at se om der kan antages samme middelværdi

I den opstillede model vil vi teste hypotesen $\mu_{\text{ctrl}} = \mu_{\text{trt1}} = \mu_{\text{trt2}}$. Vi laver det generelle F-test beskrevet i afsnit 6.7. Fra udregningerne i R finder vi, at

$$F = 4.846, p\text{-værdi} = 1 - F_{\text{cdf}}(4.846, 2, 27) = 0.0159$$

Da p -værdien er noget under 0.05 siger vi at data strider mod samme middelværdi

For modellen med hver sin middelværdi i de tre grupper er parametertabellen

| | Estimate | Std. Error | t value | Pr(> t) |
|-------------|----------|------------|---------|------------|
| (Intercept) | 5.0320 | 0.1971 | 25.527 | <2e-16 *** |
| Gruppetrt1 | -0.3710 | 0.2788 | -1.331 | 0.1944 |
| Gruppetrt2 | 0.4940 | 0.2788 | 1.772 | 0.0877 . |

Residual standard error: 0.6234 on 27 degrees of freedom

Vi ser her at ingen af treatment grupperne afviger markant fra control, men da de går i hver sin retning afviger de to treatments fra hinanden

Hvis vi laver t -test for at de to treatments har samme middelværdi fås

$$t = (0.4940 - (-0.3710)) / (0.6234 \sqrt{1/10 + 1/10}) = 3.103 \text{ med tilhørende } p\text{-værdi fra en } t(27)\text{-fordeling på } 0.0045$$

Konfidensintervaller for μ_{ctrl} , $\mu_{\text{trt1}} - \mu_{\text{ctrl}}$, $\mu_{\text{trt2}} - \mu_{\text{ctrl}}$

| | 2.5 % | 97.5 % |
|-------------|-------------|-----------|
| (Intercept) | 4.62752600 | 5.4364740 |
| Gruppetrt1 | -0.94301261 | 0.2010126 |
| Gruppetrt2 | -0.07801261 | 1.0660126 |

```
Gruppe=relevel(Gruppe,"trt1")
```

```
confint(lm(w~Gruppe))
```

| | 2.5 % | 97.5 % |
|-------------|------------|-----------|
| (Intercept) | 4.2565260 | 5.0654740 |
| Gruppectrl | -0.2010126 | 0.9430126 |
| Gruppetrt2 | 0.2929874 | 1.4370126 |

Slut på "opgave"

Næste forelæsning: gruppespecifik regression og matematikken bag den generelle lineære model

Slut for i dag, eller hvis tid: parret t-test

Parret t-test som two-way anova

| Mark | Høstudbytte | | Forskel d |
|------|--------------|-----------------|-------------|
| | Ny Såmaskine | Gængs Såmaskine | |
| 1 | 8.0 | 5.6 | 2.4 |
| 2 | 8.4 | 7.4 | 1.0 |
| 3 | 8.0 | 7.3 | 0.7 |
| ⋮ | | | |
| 9 | 5.6 | 5.5 | 0.1 |
| 10 | 6.2 | 5.5 | 0.7 |

$$E(X_i) = \xi_i = \eta_{\text{Mark}_i} + \zeta_{\text{Maskine}_i}, \quad \text{Hypotese: } \delta = \zeta_{\text{Ny}} - \zeta_{\text{Gængs}} = 0$$

$$\text{Parret } t\text{-test: } t = \frac{\bar{d}}{s_d/\sqrt{10}} = 3.2143, \quad p\text{-værdi} = 0.0106$$

Two-way anova: `summary(lm(Hoest~Mark+Maskine))`

```

              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   6.3850     0.4282   14.911 1.19e-07 ***
Mark2          1.1000     0.5774    1.905  0.0892 .
Mark3          0.8500     0.5774    1.472  0.1751
.
.
Mark10        -0.9500     0.5774   -1.645  0.1343
MaskineNy      0.8300     0.2582    3.214  0.0106 *
```


Slut for i dag