

(الف)

$$\begin{cases} H_{01}: \alpha_1 = \dots = \alpha_4 \\ H_{11}: \text{last two } \alpha\text{'s are unequal} \end{cases}$$

$$\begin{cases} H_{02}: \beta_1 = \dots = \beta_3 \\ H_{12}: \text{last two } \beta\text{'s are unequal} \end{cases}$$

(ب)

ابتدا داده‌های خد که در فایلی از قبل ذخیره شده فراخوانی و تعریف می‌کنیم:

```
#DATA:SBD= Snap Bean Data  
SBD<-read.table("C:/Users/12345/Desktop/SBD.txt",header = T)
```

حال آزمون انجام می‌دهیم

```
> response<-cbind(SBD$y1,SBD$y2,SBD$y3,SBD$y4)  
> result<-manova(response~SBD$s+SBD$v+SBD$s:SBD$v)  
> summary(result,test = "Wilks")  
              Df    Wilks approx F num Df den Df Pr(>F)  
SBD$s          1 0.03384   378.32      4    53 <2e-16 ***  
SBD$v          1 0.90842     1.34      4    53 0.2689  
SBD$s:SBD$v    1 0.94029     0.84      4    53 0.5052  
Residuals     56  
---  
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

طبق p-مقدارهای بدست آمده نتیجه می‌گیریم که عامل دوره کاشت (s) تنها معنادار است. یعنی اینکه لوبیا سبز را در چه

دوره‌ای بکاریم بر متغیرهای ما (کل محصول و امتیاز زودرس بودن محصول و...) اثر دارد. (p-value<0.05)

همچنین می‌بینیم که نوع لوبیا سبز کاشته شده و اثر متقابل دوره کاشت و نوع لوبیا بر متغیرهای ما اثر ندارند (p-

value>0.05)

اکنون عامل های خود را به عنوان فاکتور کیفی در نظر میگیریم و آزمون فوق را انجام می دهیم:

```
> A<-as.factor(SBD$s)
> B<-as.factor(SBD$v)
> result2<-manova(response~A+B+A:B)
> summary(result2,test="Wilks")
```

	Df	Wilks	approx F	num Df	den Df	Pr(>F)
A	3	0.000645	149.831	12	119.35	< 2.2e-16 ***
B	2	0.065300	32.775	8	90.00	< 2.2e-16 ***
A:B	6	0.137947	5.039	24	158.20	1.611e-10 ***
Residuals	48					

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

بنابراین  $p$ -مقدار فرض صفر ما برای دو عامل و اثر متقابلشان رد می شود یعنی در اینجا عامل اول و دوم و همچنین اثر متقابل آنها تاثیر گذار و معنی دار است. ( $p\text{-value} < 0.05$ )

اگر دقت کرده باشید می بینید که درجه آزادی ها تغییر کرده اند که این به دلیل اصلاحات و تبدیلاتی است که برنامه استفاده میکند.

حال برای مثال اثر متقابل را از مدل حذف کنیم و نتایج را بررسی کنیم

```
> result3<-manova(response~A+B)
> summary(result3,test="Wilks")
```

	Df	Wilks	approx F	num Df	den Df	Pr(>F)
A	3	0.002541	96.551	12	135.22	< 2.2e-16 ***
B	2	0.195556	16.082	8	102.00	3.813e-15 ***
Residuals	54					

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

بنابراین  $p$ -مقدار همان نتایج قبلی را می گیریم چون تغییری در  $p$ -مقدار ایجاد نشده در اینجا اثر متقابل عامل ها حذف شده که اگر دقت کنیم می بینیم مقدار باقی مانده تغییر کرده است که این تغییر به خاطر حذف اثر متقابل است و میزان تغییر باقی مانده به اندازه درجه آزادی اثر متقابل (یا هر اثری که از مدل حذف شد) است.

در ادامه لیست خروجی‌هایی که ما در دسترس داریم آورده شده است

```
> names(result)
[1] "coefficients" "residuals"      "effects"         "rank"           "fitted.
values" "assign"        "qr"             "df.residual"
[9] "contrasts"    "xlevels"        "call"           "terms"          "model"
```

برای مثال برای **coefficients** داریم

```
> result2$coefficients
      [,1] [,2] [,3] [,4]
(Intercept) 60.30  5.02 38.22 317.0
A2           3.22  0.28  0.92 -37.6
A3           8.06 -1.82  3.80 -36.6
A4           9.50 -3.74  9.32 -65.4
B2          -0.88  0.42 -0.68 -19.8
B3          -0.12  1.32 -0.82 -11.4
A2:B2        -2.00  0.92  0.06  -1.6
A3:B2        -3.92  0.18 -0.06 -13.6
A4:B2        -2.60  0.08 -0.62  -6.0
A2:B3        -0.08 -0.80  1.76  22.2
A3:B3         0.24 -0.94  0.60  18.6
A4:B3         0.68 -1.28  0.56   2.2
```