

# Examenvoorbeeld vraag 1

Lieven Clement, Alexandre Segers

statOmics, Ghent University (<https://statomics.github.io>)

## Contents

<b>1</b>	<b>Data exploratie</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Algemeen lineair model opstellen</b>	<b>4</b>
<b>3</b>	<b>Hypotheses testen</b>	<b>13</b>
<b>4</b>	<b>Conclusie</b>	<b>15</b>

Onderzoekers bestuderen of er een associatie tussen het de dikte van de speklaag van varkens is met het percentage vlees van varkens (permeat). Ze willen ook weten of deze associatie verschilt tussen mannelijke en vrouwelijke varkens. Uit voorgaand onderzoek weten de onderzoekers dat er een associatie is tussen het de lengte van het varken en het percentage vlees.

## 1 Data exploratie

```
library(tidyverse)
library(ggplot2)
```

We lezen de data in, en filteren de data aangezien we het gewicht niet als variabele zullen gebruiken.

```
pigs <- read.csv(file = "https://raw.githubusercontent.com/statOmics/biostatistics21/master/pigs.csv")
pigs <- pigs %>% subset(select = -weight)
```

```
head(pigs)
```

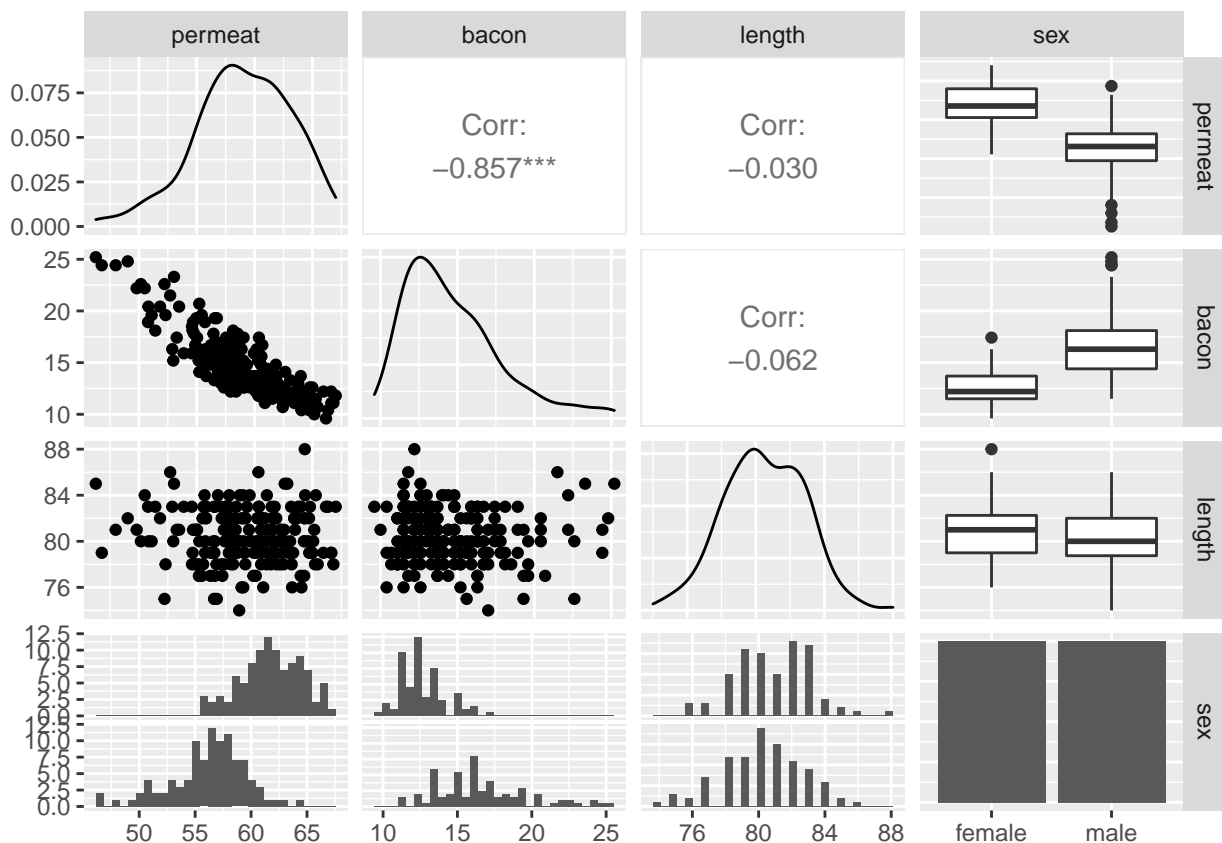
```
##   permeat bacon length    sex
## 1  67.015   11.8     83 female
## 2  66.813   11.1     78 female
## 3  66.637   11.1     79 female
## 4  66.613   12.2     79 female
## 5  66.352   10.4     83 female
## 6  66.170    9.6     83 female
```

```
dim(pigs)
```

```
## [1] 200 4
```

```
library(GGally)
pigs %>%
  ggpairs
```

```
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```

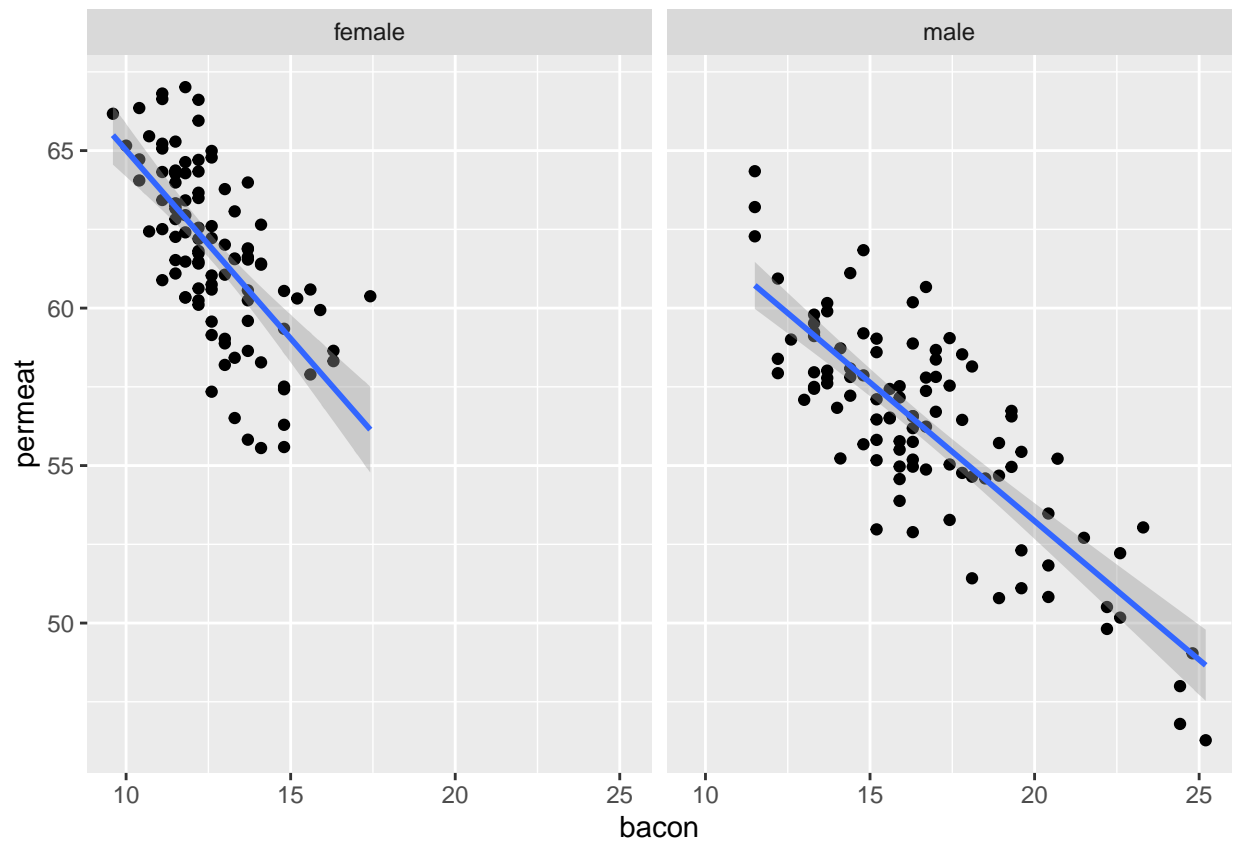


Hieruit zien we dat er een duidelijke lineaire associatie is tussen het percentage vlees en de dikte van de speklag. Er is geen duidelijke associatie tussen het percentage vlees en de lengte van het varken. Wel lijkt er een verschil van percentage vlees te zijn tussen de verschillende geslachten.

We bekijken verder de associaties tussen het percentage vlees en de dikte van de speklag per geslacht. Dit doen we ook voor de associatie met de lengte.

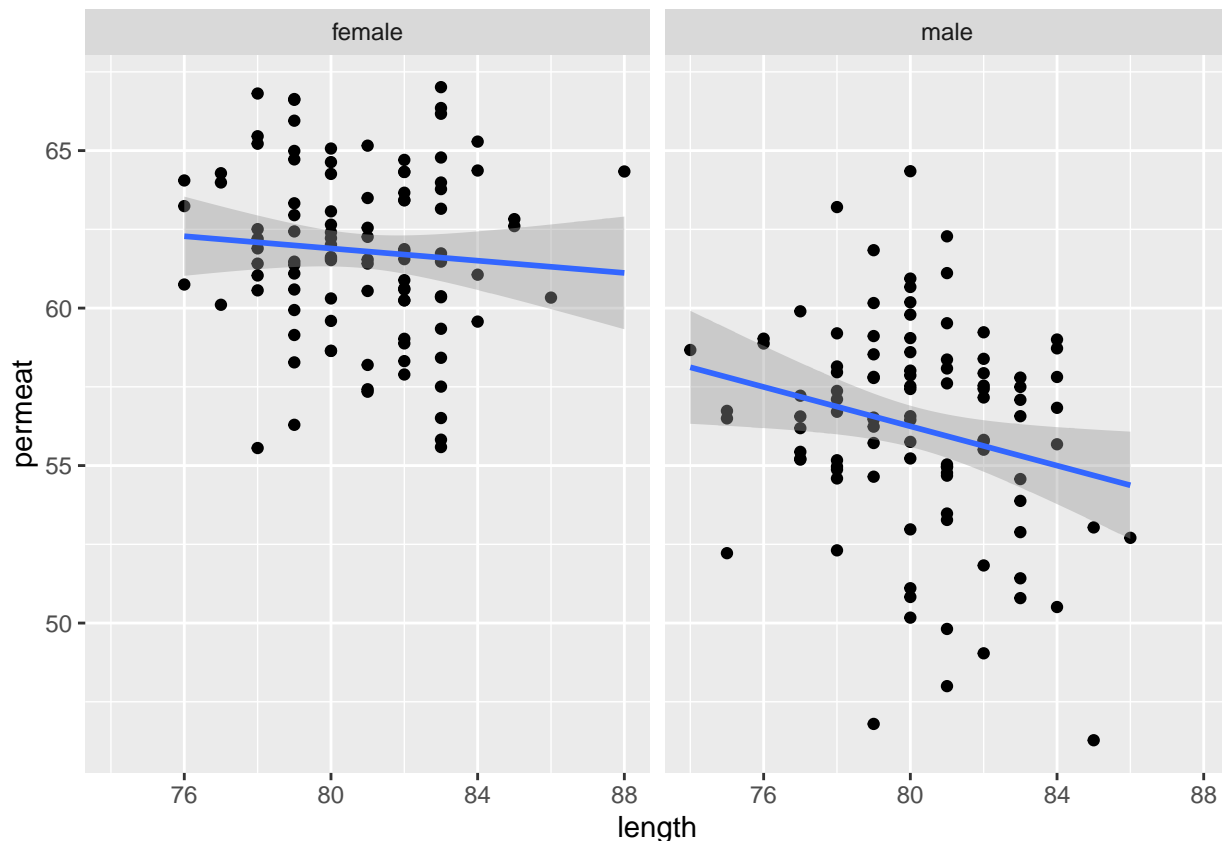
```
pigs %>% ggplot(aes(x=bacon,y=permeat)) +
  geom_point() +
  stat_smooth(method = "lm") +
  facet_wrap(~sex)
```

```
## `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



```
pigs %>% ggplot(aes(x=length,y=permeat)) +
  geom_point() +
  stat_smooth(method = "lm") +
  facet_wrap(~sex)
```

```
## `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



Het effect van zowel de dikte van de speklaag en de lengte lijkt licht te verschillen tussen mannelijke en vrouwelijke varkens. Er is dus mogelijks een interactie tussen dikte van de speklaag en gender en lengte en gender.

## 2 Algemeen lineair model opstellen

We modelleren eerst het percentage vlees in functie van alle variabelen, samen met alle tweeweg interactietermen. We modelleren dus eerst:  $E[\text{permeat}] = \beta_{\text{bacon}}x_{\text{bacon}} + \beta_{\text{length}}x_{\text{length}} + \beta_{\text{sex}}x_{\text{sex}} + \beta_{\text{bacon:length}}x_{\text{bacon}}x_{\text{length}} + \beta_{\text{bacon:sex}}x_{\text{bacon}}x_{\text{sex}} + \beta_{\text{length:sex}}x_{\text{length}}x_{\text{sex}}$

Merk op dat je hier geen  $\text{bacon} * \text{length} * \text{sex}$  kunt gebruiken, aangezien er dan ook de drieweg-interactie  $\text{sex}:\text{bacon}:\text{length}$  zou zijn, wat buiten de scope van de cursus valt.

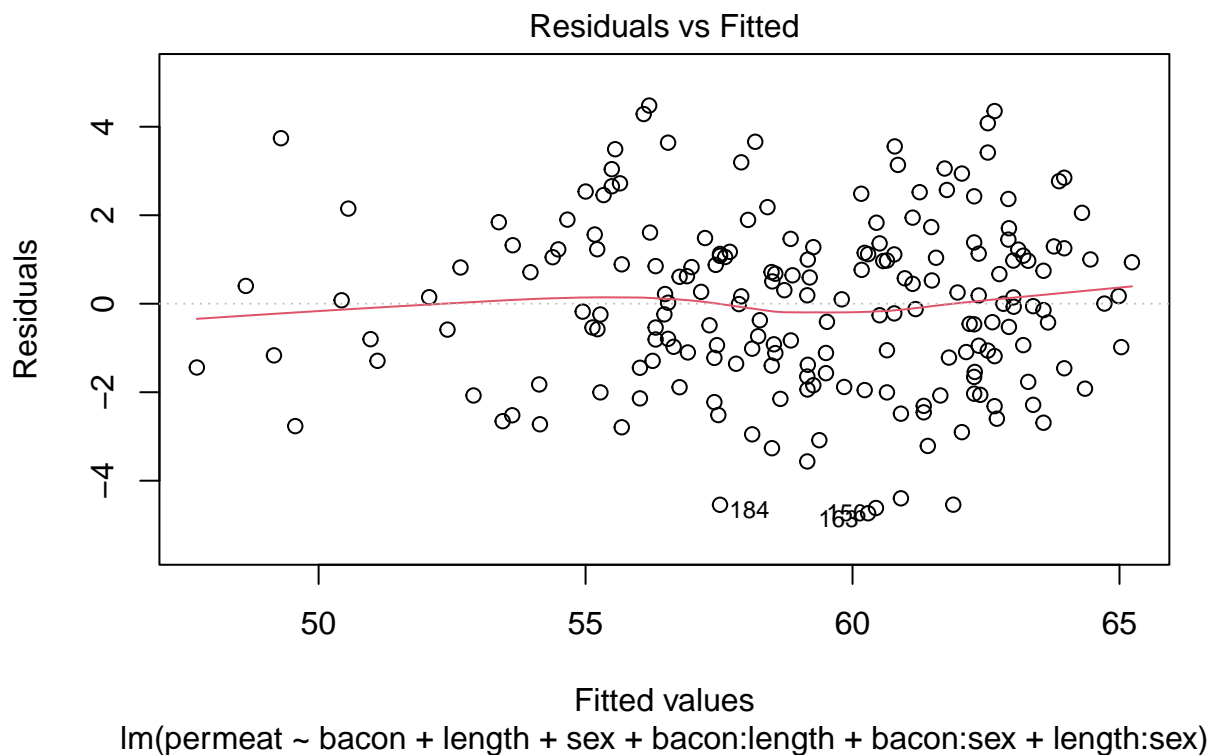
```
lm_1 <- lm(permeat ~ bacon + length + sex + bacon:length + bacon:sex + length:sex, data = pigs)
summary(lm_1)
```

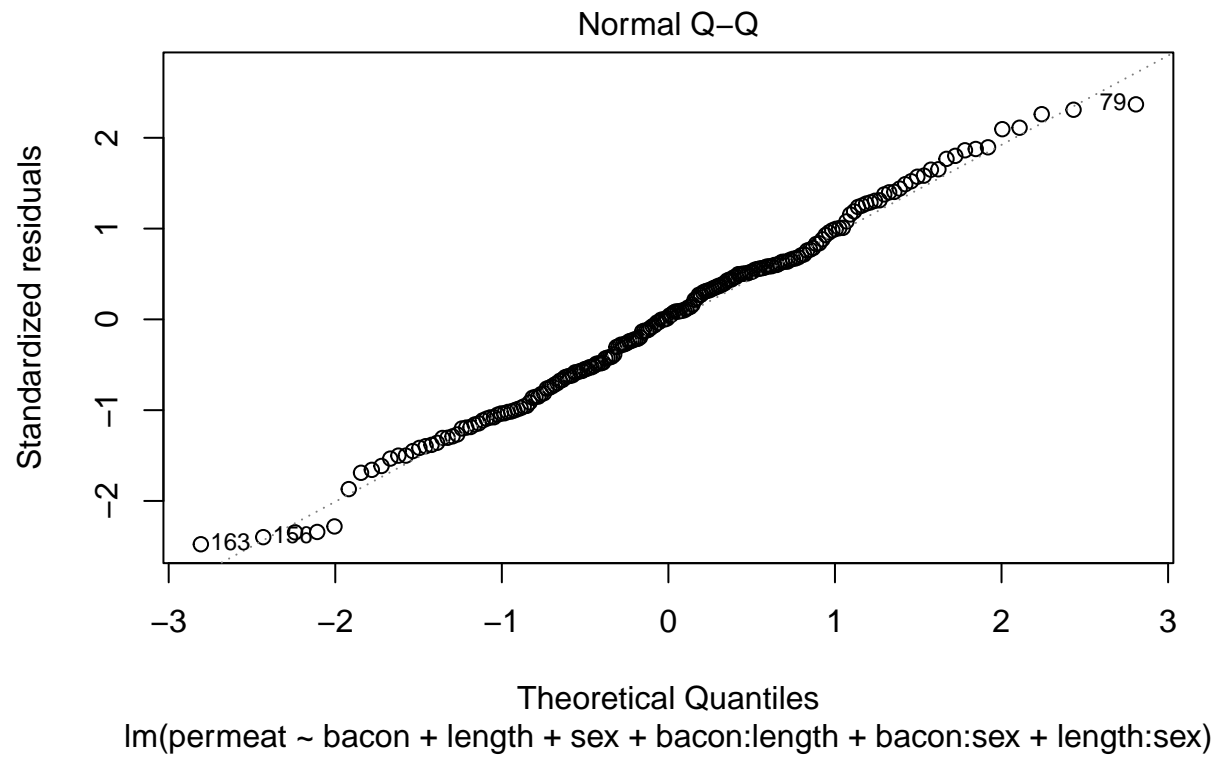
```
##
## Call:
## lm(formula = permeat ~ bacon + length + sex + bacon:length +
##     bacon:sex + length:sex, data = pigs)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -4.7348 -1.3624  0.0503  1.1857  4.4786
##
```

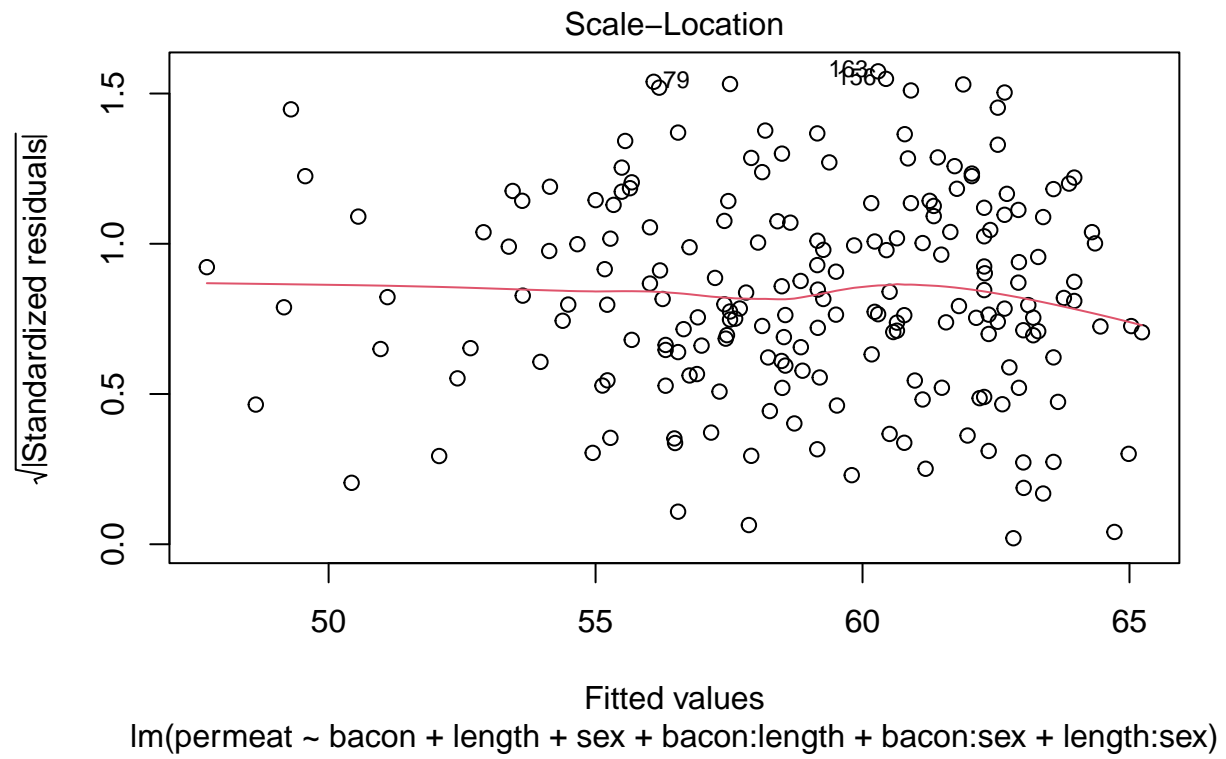
```
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   94.70945   23.94088   3.956 0.000107 ***
## bacon        -2.08616    1.85825  -1.123 0.262984
## length       -0.21988    0.29564  -0.744 0.457927
## sexmale      13.78461   13.65856   1.009 0.314129
## bacon:length    0.01105    0.02294   0.482 0.630650
## bacon:sexmale   0.31806    0.14579   2.182 0.030343 *
## length:sexmale -0.24927    0.16745  -1.489 0.138214
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.949 on 193 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.786, Adjusted R-squared:  0.7794
## F-statistic: 118.2 on 6 and 193 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

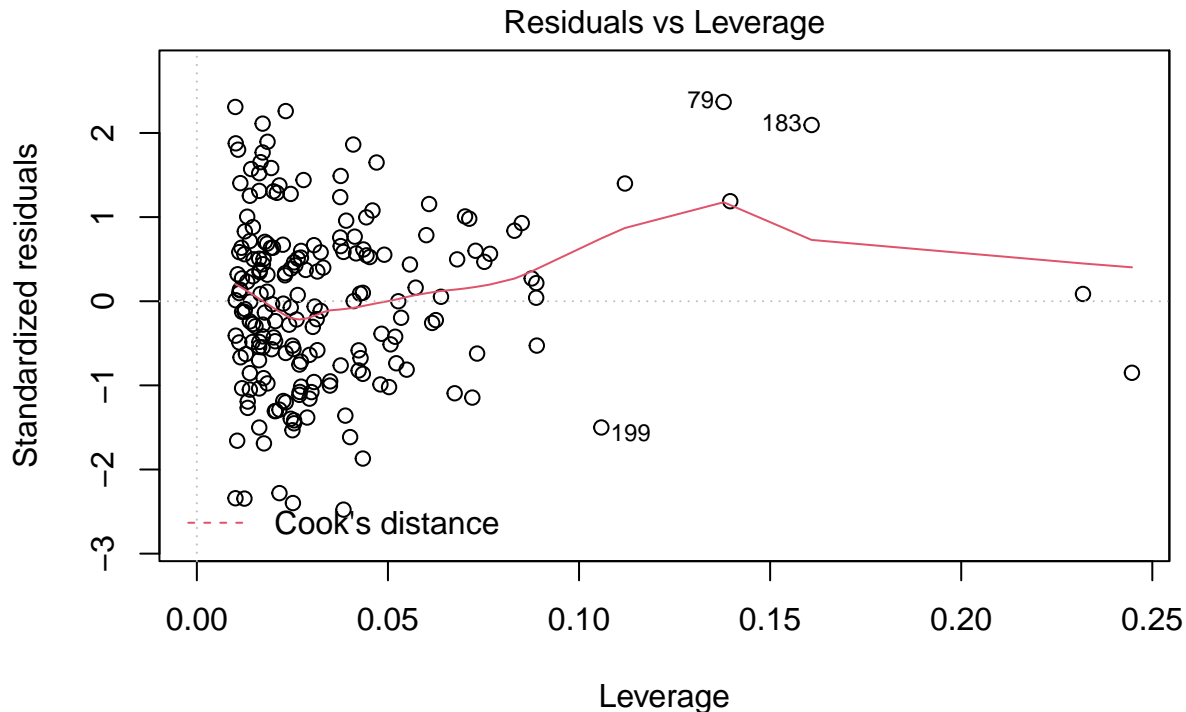
We gaan de assumpties van het lineaire model na:

```
plot(lm_1)
```









$\text{lm}(\text{permeat} \sim \text{bacon} + \text{length} + \text{sex} + \text{bacon:length} + \text{bacon:sex} + \text{length:sex})$

Alle assumpties lijken voldaan: De residuen zijn gemiddeld 0 voor elke respons waarde, de residuen zijn normaal verdeeld en de variantie is constant.

We gaan verder met het bekijken welke variabelen we in het model behouden. We gaan via een anova met type 3 kwadratensommen na of de variabelen significant zijn. We beginnen met enkel de interactietermen te bekijken.

```
library(car)
Anova(lm_1, type = "III")
```

```
## Anova Table (Type III tests)
##
## Response: permeat
##          Sum Sq Df F value    Pr(>F)
## (Intercept)  59.47  1 15.6497 0.000107 ***
## bacon         4.79  1  1.2603 0.262984
## length        2.10  1  0.5532 0.457927
## sex           3.87  1  1.0185 0.314129
## bacon:length   0.88  1  0.2319 0.630650
## bacon:sex     18.09  1  4.7596 0.030343 *
## length:sex     8.42  1  2.2161 0.138214
## Residuals    733.39 193
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Zowel de interactieterm `bacon:length` als de interactieterm `length:sex` zijn niet significant op het 5% significantieniveau. We verwijderen de minst significante, `bacon:length`, en voeren opnieuw een anova met type 3



kwadratensommen uit.

```
lm_2 <- lm(permeat ~ bacon + length + sex + bacon:sex + length:sex, data = pigs)
Anova(lm_2, type = "III")
```

```
## Anova Table (Type III tests)
##
## Response: permeat
##           Sum Sq Df F value    Pr(>F)
## (Intercept) 527.04  1 139.2467 < 2e-16 ***
## bacon       312.87  1  82.6620 < 2e-16 ***
## length        3.61  1   0.9535 0.33005
## sex          3.40  1   0.8991 0.34420
## bacon:sex    18.33  1   4.8430 0.02894 *
## length:sex   10.09  1   2.6667 0.10409
## Residuals   734.27 194
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

De interactie length:sex is weer niet significant. We verwijderen deze uit het model en voeren opnieuw een anova met type 3 kwadratensommen uit.

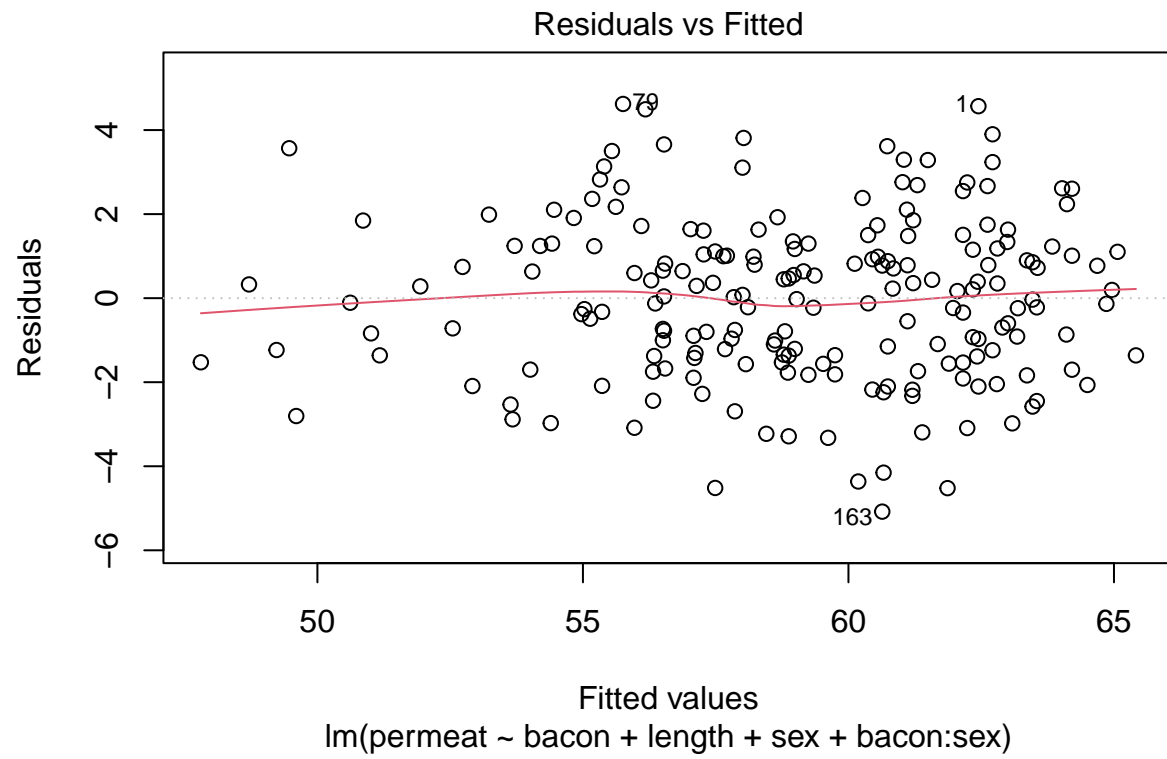
```
lm_3 <- lm(permeat ~ bacon + length + sex + bacon:sex , data = pigs)
Anova(lm_3, type = "III")
```

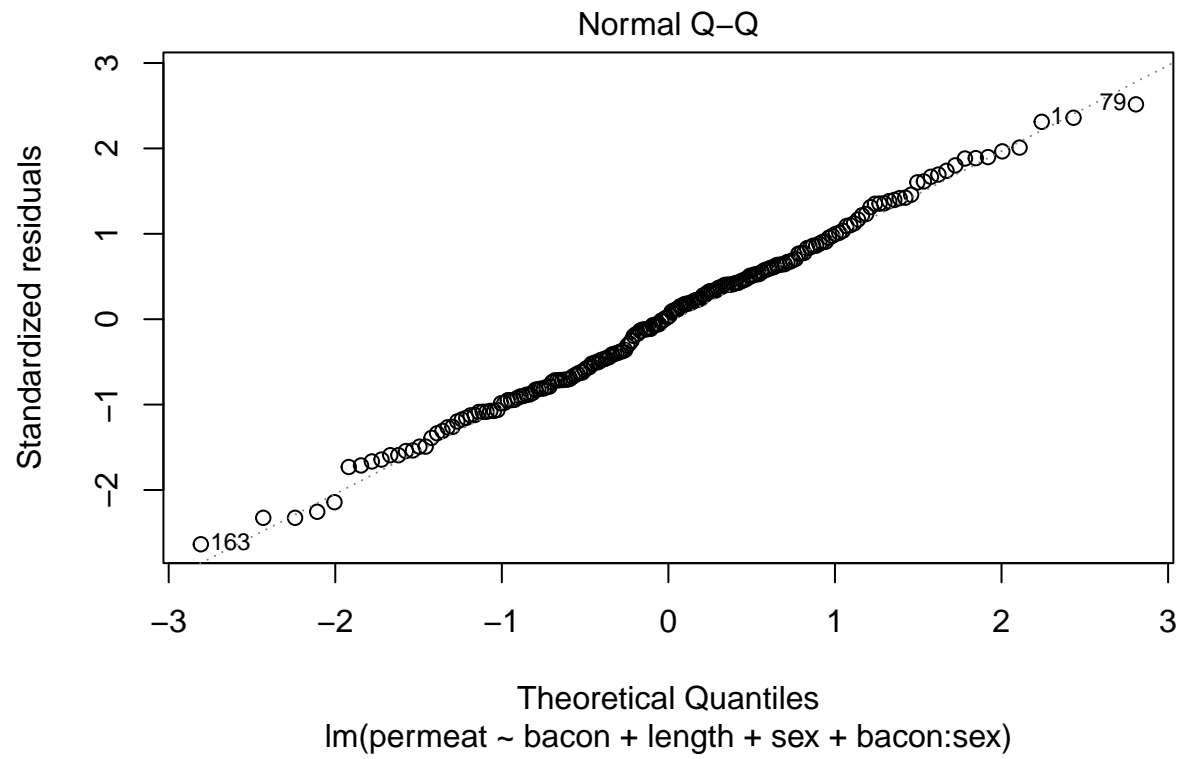
```
## Anova Table (Type III tests)
##
## Response: permeat
##           Sum Sq Df F value    Pr(>F)
## (Intercept) 1274.45  1 333.8649 < 2.2e-16 ***
## bacon       311.51  1  81.6049 < 2.2e-16 ***
## length       37.88  1   9.9238 0.001889 **
## sex         37.68  1   9.8717 0.001940 **
## bacon:sex    17.77  1   4.6559 0.032170 *
## Residuals   744.37 195
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

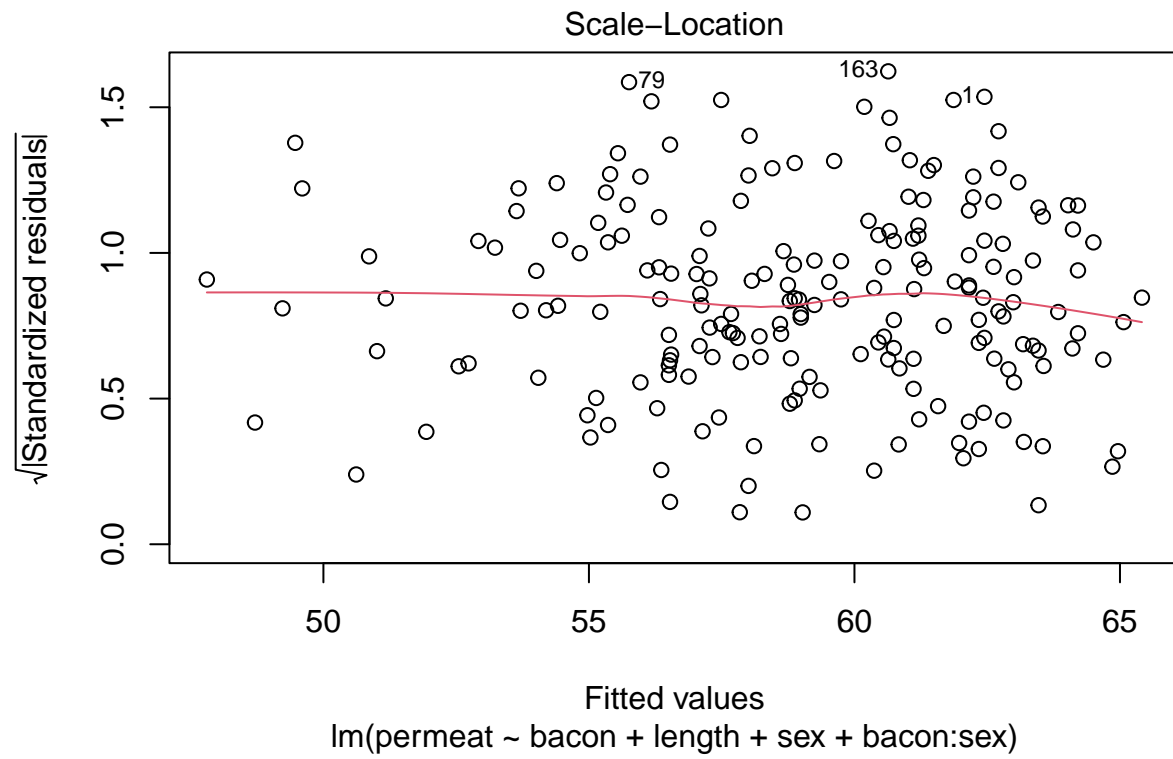
We zien dat de resterende variabelen en interactieterm allemaal significant zijn. We behouden het model met de drie hoofdvariabelen en een interactieterm tussen bacon en geslacht.

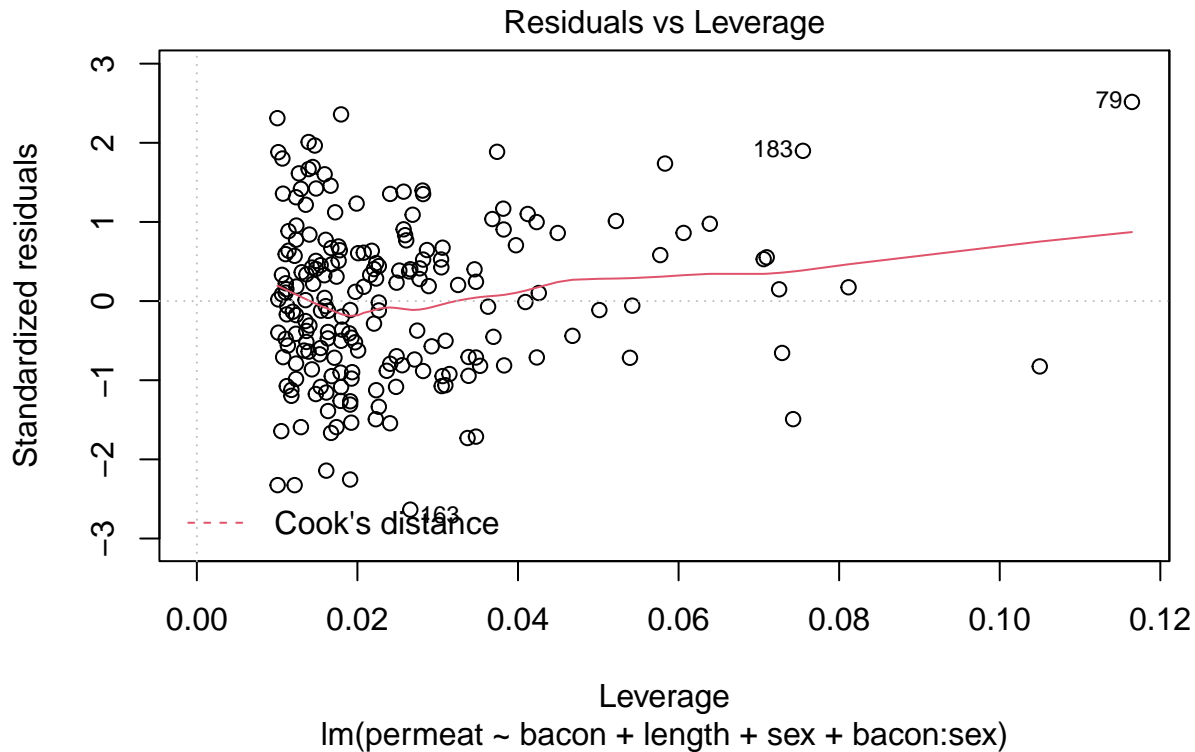
We bekijken of de modelassumpties voldaan zijn voor dit model.

```
plot(lm_3)
```









De assumpties lijken weer voldaan.

### 3 Hypotheses testen

De onderzoekers wilden volgende hypotheses testen:

- Is er een associatie tussen het percentage vlees en de dikte van de speklaag?
- Is er een verschil in de associatie tussen het percentage vlees en de dikte van de speklaag bij de verschillende geslachten?

Dit vertaalt zich naar de volgende hypotheses:

1.  $H_0 : \beta_{bacon} = 0$  : Er is geen lineaire associatie tussen het vleespercentage en de dikte speklaag bij zeugen.



$H_1 : \beta_{bacon} \neq 0$  : Er is een lineaire associatie tussen het vleespercentage en de dikte speklaag bij zeugen

2.  $H_0 : \beta_{bacon} + \beta_{bacon:sex} = 0$  : Er is geen lineaire associatie tussen het vleespercentage en de dikte speklaag bij beren (mannen)



$H_1 : \beta_{bacon} + \beta_{bacon:sex} \neq 0$  : Er is een lineaire associatie tussen het vleespercentage en de dikte speklaag bij beren (mannen)

3.  $H_0 : \beta_{bacon:sex} = 0$  : De associatie tussen de dikte van de speklaag en het vetpercentage is gelijk bij zeugen en beren.

$\updownarrow$

$H_1 : \beta_{bacon:sex} \neq 0$  : De associatie tussen de dikte van de speklaag en het vetpercentage is verschillend bij zeugen en beren.

We voeren eerst een omnibus test uit waarbij we alle nulhypothese's simultaan falsifiëren, we kunnen dit door simultaan te testen voor het hoofdeffect voor bacon en de  $bacon \times sex$  interactie:

$$H_0 : \beta_{bacon} = \beta_{bacon:sex} = 0.$$

$\updownarrow$

$$H_1 : \beta_{bacon} \neq 0 \text{ en, of } \beta_{bacon:sex} \neq 0.$$

De omnibushypothese kunnen we evalueren met een F-test tussen het volledig model en met het model dat enkel het hoofdeffect van lengte en geslacht bevat.

```
lm_4 <- lm(permeat ~ length + sex , data = pigs)
anova(lm_3,lm_4)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: permeat ~ bacon + length + sex + bacon:sex
## Model 2: permeat ~ length + sex
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
## 1     195  744.37
## 2     197 1796.36 -2     -1052 137.79 < 2.2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Gezien we de omnibus hypothese heel extreem significant kunnen verwerpen, evalueren we in een posthoc analyse of er een associatie is tussen de dikte van de speklaag en het vleespercentage bij zeugen, beren en of er een verschil is tussen de associatie bij zeugen en beren.

```
library(multcomp)
mcp <- glht(lm_3, linfct = c("bacon = 0",
                             "bacon + bacon:sexmale = 0",
                             "bacon:sexmale = 0"
                           ))
summary(mcp)
```

```
##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Fit: lm(formula = permeat ~ bacon + length + sex + bacon:sex, data = pigs)
##
## Linear Hypotheses:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## bacon == 0        -1.19081    0.13182  -9.034   <0.001 ***
## bacon + bacon:sexmale == 0 -0.87572    0.06286 -13.930   <0.001 ***
## bacon:sexmale == 0         0.31509    0.14603   2.158   0.0735 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

```
confintModel <- confint(mcp)
confintModel
```

```
##
## Simultaneous Confidence Intervals
##
## Fit: lm(formula = permeat ~ bacon + length + sex + bacon:sex, data = pigs)
##
## Quantile = 2.321
## 95% family-wise confidence level
##
##
## Linear Hypotheses:
##              Estimate lwr      upr
## bacon == 0      -1.19081 -1.49677 -0.88486
## bacon + bacon:sexmale == 0 -0.87572 -1.02163 -0.72981
## bacon:sexmale == 0      0.31509 -0.02384  0.65402
```

## 4 Conclusie

Er is een extreem significante lineaire associatie tussen de dikte van de speklaag en het vleespercentage bij varkens ( $p \ll 0.001$ ). De lineaire associatie tussen de dikte van de speklaag en het vleespercentage is heel sterk significant bij zowel vrouwelijke ( $p \ll 0.001$ ) als mannelijke varkens ( $p < 0.001$ ). Voor zeugen, die een verschillende dikte van speklaag hebben, is het vleespercentage gemiddeld 1.19 %/mm lager bij zeugen met de dikste speklaag (95% BI [0.88 %/mm, 1.5 %/mm]). Voor beren (mannelijke varkens), die een verschillende dikte van speklaag hebben, is het vleespercentage gemiddeld 0.88 %/mm lager bij beren met de dikste speklaag (95% BI [0.73 %/mm, 1.02 %/mm]). Er is op het 5% significantieniveau geen significant verschil in de associatie tussen de dikte van de speklaag en het vleespercentage tussen vrouwelijke en mannelijke varkens na correctie voor multiple testing ( $p = 0.0734$ ).