从以上任意一幅图都可以看出,魁北克省的植物比密西西比州的植物二氧化碳吸收率高,而且随着CO<sub>2</sub>浓度的升高,差异越来越明显。

注意 通常处理的数据集是宽格式 (wide format),即列是变量,行是观测值,而且一行一个受试对象。9.4节中的litter数据框就是一个很好的例子。不过在处理重复测量设计时,需要有长格式 (long format)数据才能拟合模型。在长格式中,因变量的每次测量都要放到它独有的行中,CO2数据集即该种形式。幸运的是,5.6.3节的reshape包可方便地将数据转换为相应的格式。

### 混合模型设计的各种方法

在分析本节关于 $CO_2$ 的例子时,我们使用了传统的重复测量方差分析。该方法假设任意组内因子的协方差矩阵为球形,并且任意组内因子两水平间的方差之差都相等。但在现实中这种假设不可能满足,于是衍生了一系列备选方法:

- □使用1me4包中的1mer()函数拟合线性混合模型(Bates, 2005);
- □使用car包中的Anova()函数调整传统检验统计量以弥补球形假设的不满足(例如Geisser-Greenhouse校正):
- □使用nlme包中的gls()函数拟合给定方差-协方差结构的广义最小二乘模型(UCLA, 2009);
- □用<mark>多元方差分析</mark>对重复测量数据进行建模 (Hand, 1987)。

以上方法已超出本书范畴,如果你对这些方法感兴趣,可以参考Pinheiro & Bates (2000)、Zuur et al. (2009)。

目前为止,本章都只是对单个因变量的情况进行分析,在下一节,我们将简略介绍多个结果变量的设计。

# 9.7 多元方差分析

当因变量(结果变量)不止一个时,可用多元方差分析(MANOVA)对它们同时进行分析。以MASS包中的UScereal数据集为例[Venables, Ripley(1999)],我们将研究美国谷物中的卡路里、脂肪和糖含量是否会因为储存架位置的不同而发生变化。其中1代表底层货架,2代表中层货架,3代表顶层货架。卡路里、脂肪和糖含量是因变量,货架是三水平(1、2、3)的自变量。分析过程见代码清单9-8。

### 代码清单9-8 单因素多元方差分析

- > library(MASS)
- > attach(UScereal)
- > y <- cbind(calories, fat, sugars)
- > aggregate(y, by=list(shelf), FUN=mean)

```
Group.1 calories fat sugars
  1 119 0.662 6.3
      2
            130 1.341 12.5
3
      3
            180 1.945 10.9
       calories fat sugars
calories 3895.2 60.67 180.38
fat.
          60.7 2.71 4.00
        180.4 4.00 34.05
sugars
> fit <- manova(y ~ shelf)</pre>
> summary(fit)
        Df Pillai approx F num Df den Df Pr(>F)
        1 0.1959 4.9550 3 61 0.00383 **
shelf
Residuals 63
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> summary.aov(fit)
Response calories :
                                                      输出单变量结果
          Df Sum Sq Mean Sq F value
                                            Pr(>F)
          1 45313 45313 13.995 0.0003983 ***
Residuals 63 203982
                    3238
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Response fat :
         Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
          1 18.421 18.421 7.476 0.008108 **
shelf
Residuals 63 155.236 2.464
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Response sugars :
         Df Sum Sq Mean Sq F value
                                          Pr(>F)
shelf
          1 183.34 183.34 5.787 0.01909 *
Residuals 63 1995.87 31.68
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

代码清单9-8中,cbind()函数将三个因变量(卡路里、脂肪和糖)合并成一个矩阵。aggregate()函数可获取货架的各个均值,cov()则输出各谷物间的方差和协方差。

manova()函数能对组间差异进行多元检验。上面F值显著,说明三个组的营养成分测量值不同。由于多元检验是显著的,因此可以使用summary.aov()函数对每一个变量做单因素方差分析。从上述结果可以看到,三组中每种营养成分的测量值都是不同的。另外,还可以用均值比较步骤(比如TukeyHSD)来判断对于每个因变量,哪种货架与其他货架都是不同的(此处已略去,以节省空间)。

## 9.7.1 评估假设检验

单因素多元方差分析有两个前提假设,一个是多元正态性,一个是方差-协方差矩阵同质性。

第一个假设即<mark>指因变量组合成的向量服从一个多元正态分布</mark>。可以<mark>用Q-Q图</mark>来检验该假设条件(参见补充内容"理论补充"对其工作原理的统计解释)。

### 理论补充

若有一个p\*1的多元正态随机向量x,均值为 $\mu$ ,协方差矩阵为 $\Sigma$ ,那么x与 $\mu$ 的马氏距离的平方服从自由度为p的卡方分布。Q-Q图展示卡方分布的分位数,横纵坐标分别是样本量与马氏距离平方值。如果点全部落在斜率为1、截距项为0的直线上,则表明数据服从多元正态分布。

分析代码见代码清单9-9、结果见图9-11。

#### 代码清单9-9 检验多元正态性

```
> center <- colMeans(y)
> n <- nrow(y)
> p <- ncol(y)
> cov <- cov(y)
> d <- mahalanobis(y,center,cov)
> coord <- qqplot(qchisq(ppoints(n),df=p),
        d, main="Q-Q Plot Assessing Multivariate Normality",
        ylab="Mahalanobis D2")
> abline(a=0,b=1)
```

> identify(coord\$x, coord\$y, labels=row.names(UScereal))

#### QQ Plot Assessing Multivariate Normality

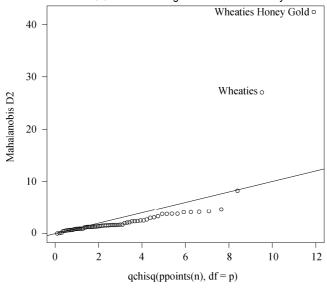


图9-11 检验多元正态性的Q-Q图

若数据服从多元正态分布,那么点将落在直线上。你能通过identify()函数(参见16.4节)

交互性地对图中的点进行鉴别。从图形上看,观测点"Wheaties Honey Gold"和"Wheaties"异常,数据集似乎违反了多元正态性。可以删除这两个点再重新分析。

方差-协方差矩阵同质性即指各组的协方差矩阵相同,通常可用Box's M检验来评估该假设。由于R中没有Box's M函数,可以通过网络搜索找到合适的代码。另外,该检验对正态性假设很敏感,会导致在大部分案例中直接拒绝同质性假设。也就是说,对于这个重要的假设的检验,我们目前还没有一个好方法[但是可以参考Anderson(2006)和Silva et al.(2008)提供的一些有趣的备选方法,虽然在R中还没有实现]。

最后,还可以使用mvoutlier包中的ap.plot()函数来检验多元离群点。代码如下:

```
library(mvoutlier)
outliers <- aq.plot(y)
outliers</pre>
```

自己尝试一下,看看会得到什么结果吧!

### 9.7.2 稳健多元方差分析

如果多元正态性或者方差-协方差均值假设都不满足,又或者你担心多元离群点,那么可以考虑用稳健或非参数版本的MANOVA检验。<mark>稳健单因素MANOVA可通过rrcov包中的Wilks.test()函数实现。vegan包中的adonis()函数则提供了非参数MANOVA的等同形式。代码清单9-10是Wilks.test()的应用。</mark>

### 代码清单9-10 稳健单因素MANOVA

从结果来看,稳健检验对离群点和违反MANOVA假设的情况不敏感,而且再一次验证了存储在货架顶部、中部和底部的谷物营养成分含量不同。

# 9.8 用回归来做 ANOVA

在9.2节中,我们提到ANOVA和回归都是广义线性模型的特例。因此,本章所有的设计都可以用lm()函数来分析。但是,为了更好地理解输出结果,需要弄明白在拟合模型时,R是如何处理类别型变量的。