

#1.

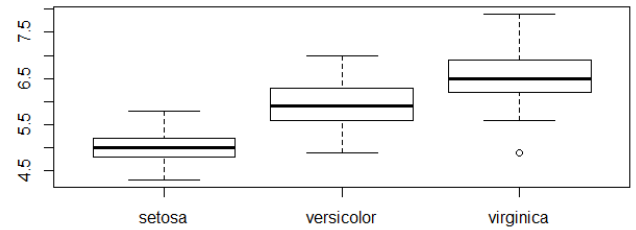
(1)

```
attach(iris)
```

```
data1 <- data.frame(Species,Sepal.Length)
```

```
boxplot(Sepal.Length ~ Species)
```

圖表顯示，三個品種的花瓣長度的全距、中位數均有明顯的差異



(2)

$H_0: u_1 = u_2 = u_3$, where u is three species

```
data1.aov <- aov(Sepal.Length~factor(Species), data = data1)
```

```
# show ANOVA table
```

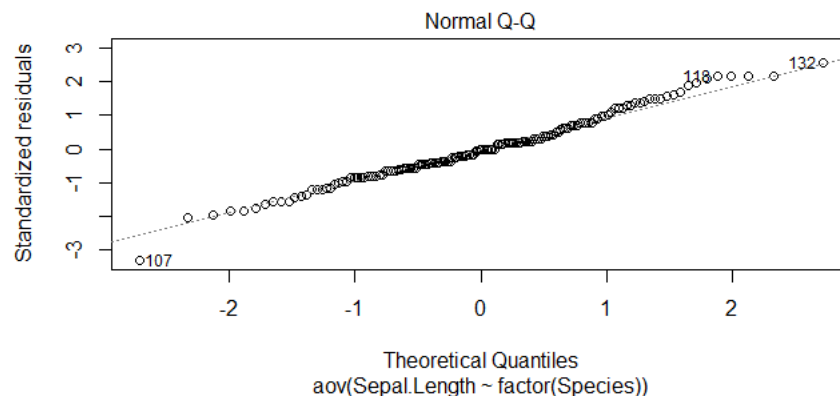
```
summary(data1.aov)
```

```
qf(0.95,2,147)
```

F value of data = 119.3 > $qf(0.95,2,147)=3.057621$ --> Reject H_0 --> 三種品種的花瓣有顯著差異

(3)

```
plot(data1.aov)
```



從 Q-Q plot 圖上可以得知，由於資料均分布在此直線附近，代表樣本資料來自常態分佈，因此適用於變異數分析。

(4)

```
pairwise.t.test(Sepal.Length ,Species ,p.adjust.method="bonferroni")
```

顯示結果如下：

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: Sepal.Length and Species

setosa versicolor

versicolor 2.6e-15 -

virginica < 2e-16 8.3e-09

P value adjustment method: bonferroni

由於三個數值都極小，顯示三種組合的 pairwise comparison 都有顯著差異，也就是說，每兩個品種之間的均數皆有顯著差異。

2

(1)

H0 : Type 不會影響 CO2 攝入率

H0 : Treatment 不會影響 CO2 攝入率

`head(CO2)`

`ut.aov <- aov(uptake~factor(Type)*factor(Treatment),data=CO2)`

`summary(ut.aov)`

顯示結果如下：

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
factor(Type)	1	3366	3366	52.509	2.38e-10 ***
factor(Treatment)	1	988	988	15.416	0.000182 ***
factor(Type):factor(Treatment)	1	226	226	3.522	0.064213 .
Residuals	80	5128	64		

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

$2.38e-10 < 0.05 \rightarrow$ Reject H0 \rightarrow Type 會影響 CO2 攝入率

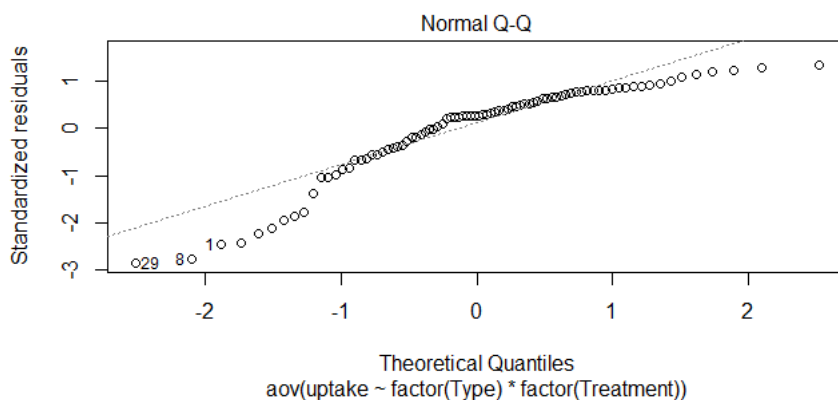
$0.000182 < 0.05 \rightarrow$ Reject H0 \rightarrow Treatment 會影響 CO2 攝入率

$0.064213 > 0.05 \rightarrow$ Do not reject H0 \rightarrow 雙因子沒交互作用

(2) 畫出 qqplot 判斷資料是否適用於變異數分析

`ut.aov <- aov(uptake~factor(Type)*factor(Treatment),data=CO2)`

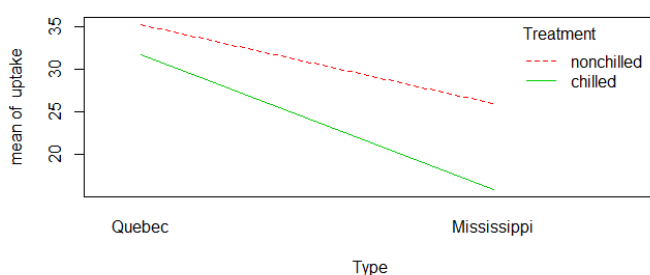
`summary(ut.aov)`



資料大多分布在 qq-line 附近，因此適用變異數分析。

(3) 畫出交互作用圖判斷是否存在交互作用效應，並與(1)的檢定結果做比較

`interaction.plot(Type, Treatment, uptake, col = 2:3)`



兩條直線不平行，所以交互作用存在，跟第一小題的結果不同。