

Analýza dat pro Neurovědy



RNDr. Eva Koritáková, Ph.D.
doc. RNDr. Ladislav Dušek, Dr.

Blok 4

Jak a kdy použít parametrické a
neparametrické testy II.

Osnova

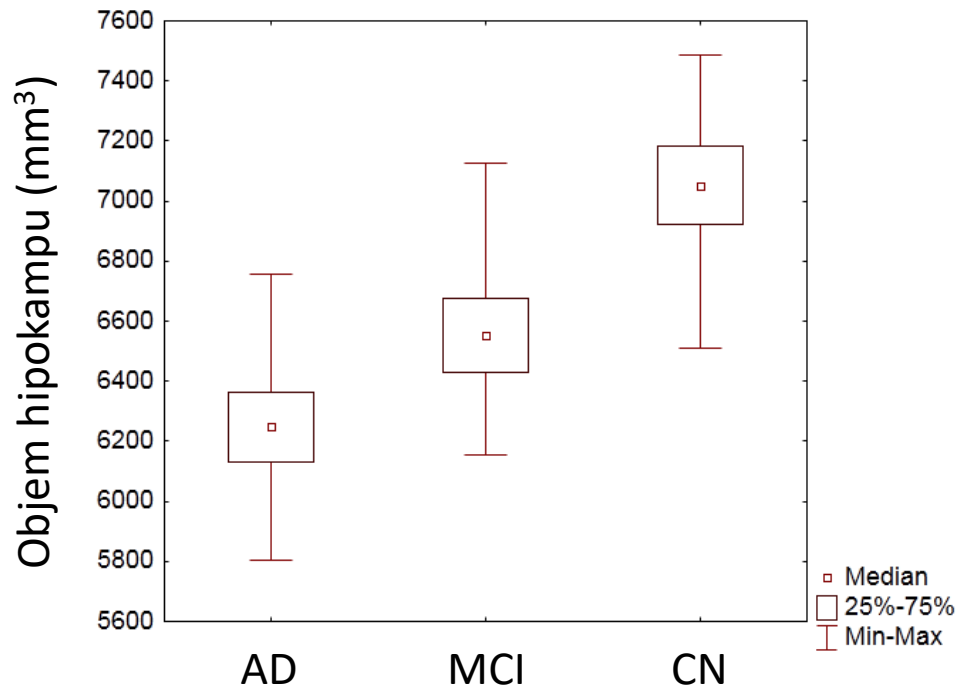
1. Analýza rozptylu (ANOVA)
2. Problém násobného testování hypotéz a použití korekčních procedur
3. Kruskalův-Wallisův test
4. Analýza rozptylu jako lineární model

Parametrické a neparametrické testy pro kvantitativní data – přehled

Typ srovnání	Parametrický test	Neparametrický test
1 skupina dat s referenční hodnotou – jednovýběrové testy:	Jednovýběrový t-test, jednovýběrový z-test	Wilcoxonův test
2 skupiny dat párově – párové testy:	Párový t-test	Wilcoxonův test, znaménkový test
2 skupiny dat nepárově – dvouvýběrové testy:	Dvouvýběrový t-test	Mannův-Whitneyův test, mediánový test
Více skupin nepárově:	ANOVA	Kruskalův- Wallisův test

1. Analýza rozptylu (ANOVA)

Motivace



Jak můžeme ověřit, zda se liší objem hipokampu u pacientů s AD, pacientů s MCI a u zdravých kontrol?

- A. Můžeme použít vhodný test pro dva výběry (např. dvouvýběrový t-test) a otestovat, jak se liší AD od MCI, AD od CN a MCI od CN – tedy provést 3 testy.
- B. Můžeme použít vhodný test pro více než dvě srovnávané skupiny.

V čem je zásadní rozdíl mezi A a B?

Motivace – pokračování

- **Problém s možností A je v násobném testování hypotéz:**

S narůstajícím počtem testovaných hypotéz nám roste také pravděpodobnost získání falešně pozitivního výsledku, tedy pravděpodobnost toho, že se při našem testování zmýlíme a ukážeme na statisticky významný rozdíl tam, kde ve skutečnosti žádný neexistuje (chyba I. druhu).

- Máme tři testy, v každém 95% pravděpodobnost, že neuděláme chybu I. druhu.
- Pro všechny tři testy to tedy znamená: $0,95 \times 0,95 \times 0,95 = 0,857$.
- Pravděpodobnost, že neuděláme chybu I. druhu nám celkově klesla na 0,857.
- **Pravděpodobnost, že uděláme chybu I. druhu nám celkově stoupla na 0,143.**

Motivace – pokračování

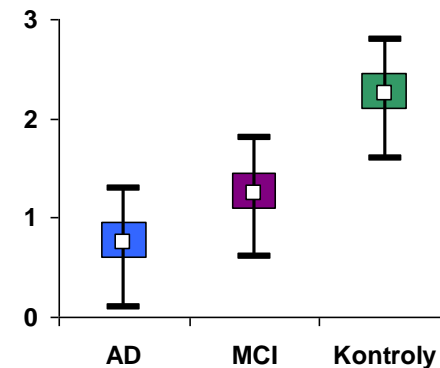
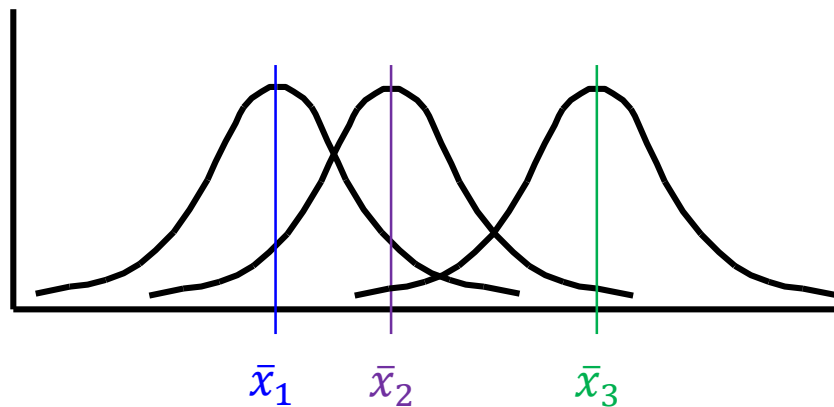
- Lepší volbou je:

B. Použít vhodný test pro více než dvě srovnávané skupiny.

- **Analýza rozptylu (ANOVA = „ANalysis Of VAriance“) je statistickou metodou, která umožňuje testovat rozdíl v průměrech více než dvou skupin. Přitom se jedná o jeden test.**

Analýza rozptylu (ANOVA) jednoduchého třídění

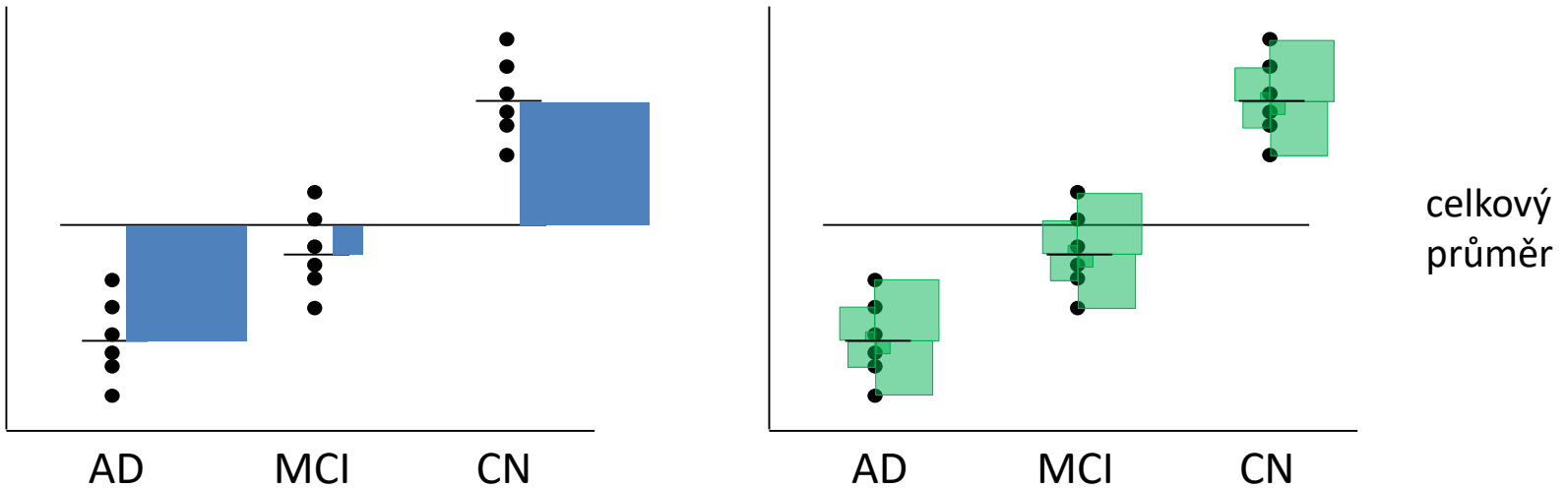
- Srovnáváme tři a více skupin dat, které jsou na sobě nezávislé (mezi objekty neexistuje vazba).
- Příklady: srovnání objemu hipokampu u pacientů s AD, pacientů s MCI a kontrol; srovnání kognitivního výkonu podle čtyř kategorií věku.



- Předpoklady: **normalita dat ve VŠECH skupinách, shodnost (homogenita) rozptylů VŠECH srovnávaných skupin**, nezávislost jednotlivých pozorování.
- Testová statistika: $F = \frac{S_A / df_A}{S_e / df_e}$ - vysvětlení na dalších slidech

Analýza rozptylu (ANOVA) – princip

- Srovnání variability (rozptylu) mezi výběry s variabilitou uvnitř výběrů.

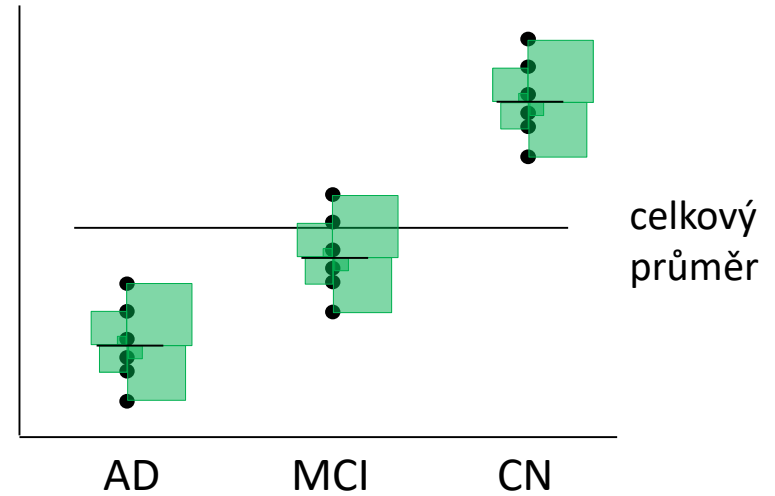
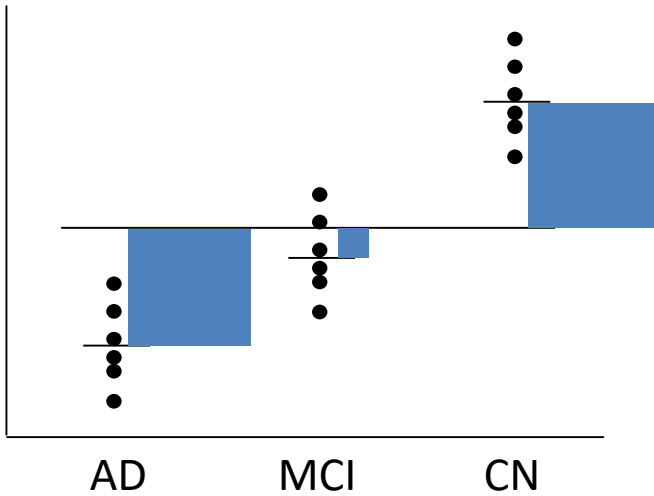


- Tabulka analýzy rozptylu jednoduchého třídění (One-Way ANOVA):

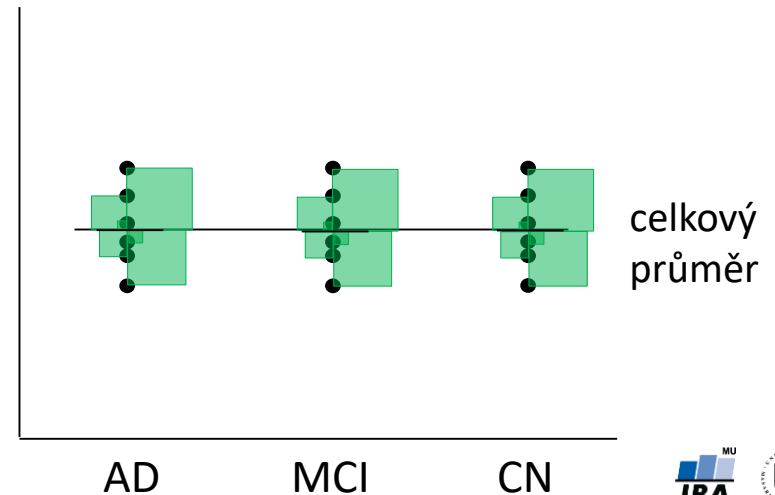
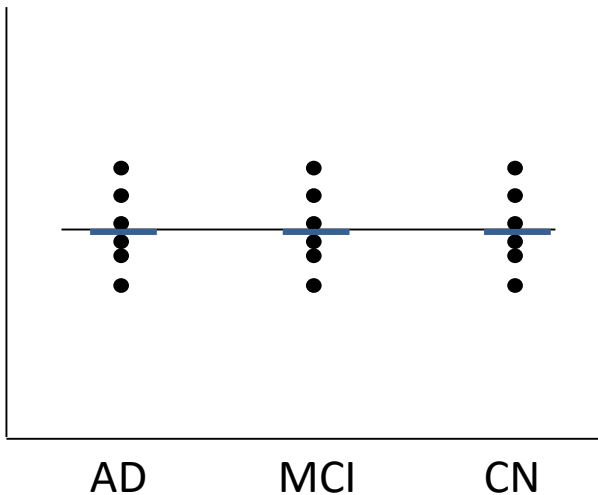
Variabilita	Součet čtverců	Počet stupňů volnosti	Průměrný čtverec	F statistika	p-hodnota
Mezi skupinami	S_A	$df_A = k - 1$	$MS_A = S_A / df_A$	$F = \frac{S_A / df_A}{S_e / df_e}$	p
Uvnitř skupin (reziduální var.)	S_e	$df_e = n - k$	$MS_e = S_e / df_e$		
Celkem	S_T	$df_T = n - 1$			

ANOVA – 2 ukázkové situace

- Rozdíl ve všech třech skupinách:



- Žádný rozdíl mezi skupinami:



Analýza rozptylu (ANOVA) jednoduchého třídění

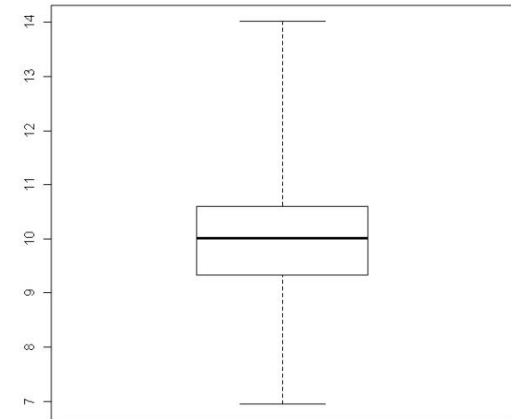
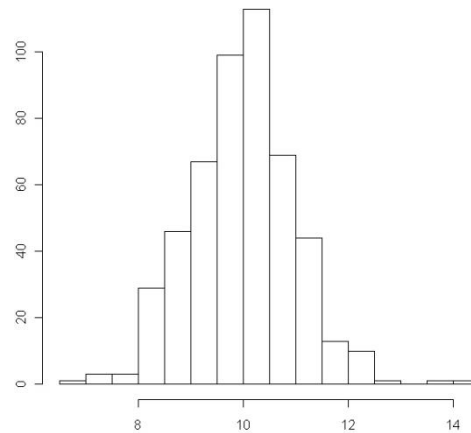
- **Příklad:** Chceme srovnat, zda se liší objem hipokampu podle typu onemocnění (tzn. u pacientů s AD, pacientů s MCI a zdravých kontrol).
- Tzn. hypotézy budou mít tvar: $H_0 : \mu_{AD} = \mu_{MCI} = \mu_{CN}$
 $H_1 : \text{nejméně jedno } \mu_i \text{ je odlišné od ostatních}$
- **Postup:**
 1. Popisná sumarizace objemu hipokampu podle typu onemocnění.
 2. Ověření normality hodnot ve VŠECH skupinách.
 3. Ověření shodnosti rozptylů VŠECH skupin.
 4. Aplikujeme statistický test.
 5. Nulovou hypotézu zamítneme nebo nezamítneme:
 $p < 0,001 < 0,05$ → zamítáme nulovou hypotézu → Rozdíl v objemu hipokampu podle typu onemocnění je statisticky významný (na hladině významnosti $\alpha=0,05$).

Ověření normality dat

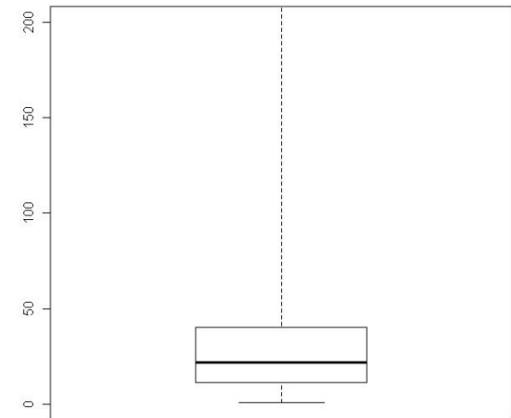
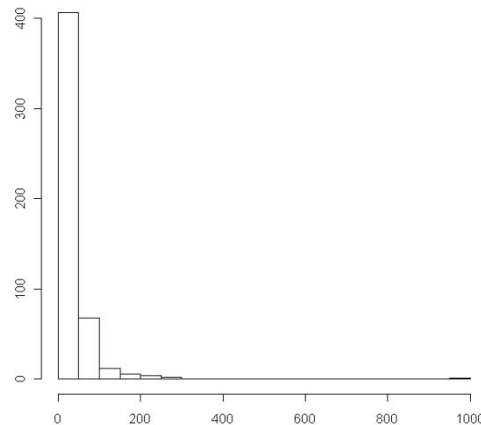
- **Graficky:**
 - histogram
 - krabicový graf (box-plot)
 - Q-Q graf
- **Testy normality:**
 - Shapirův-Wilkův test
 - Kolmogorovův-Smirnovův test
- **Testy nejsou vždy nejlepším nástrojem! Vždy je důležité se podívat i očima!**
- Pokud o sledované veličině prokazatelně víme, že v cílové populaci nabývá normální rozdělení (např. výška lidské postavy), ale v daném souboru normální rozdělení nepotvrdíme, **pak s naším náhodným výběrem není něco v pořádku** – např. není reprezentativní.

Ověření normality graficky – krabicový graf a histogram

- Normální rozdělení

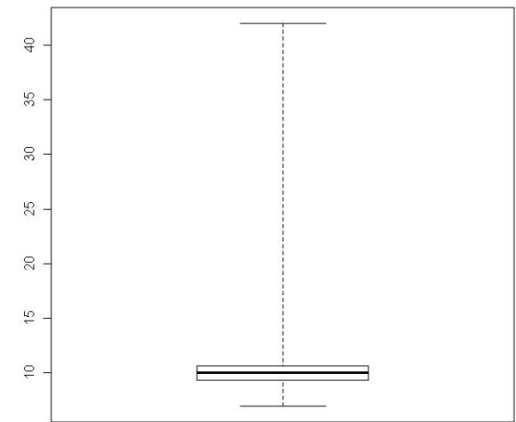
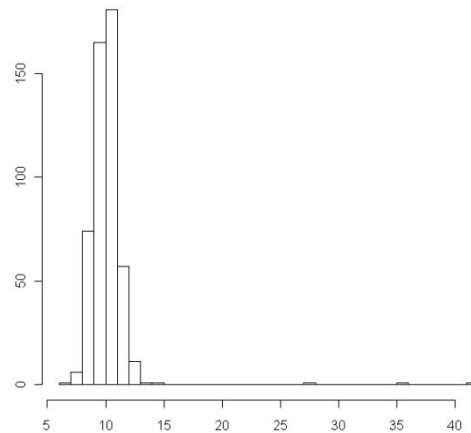


- Log-normální rozdělení

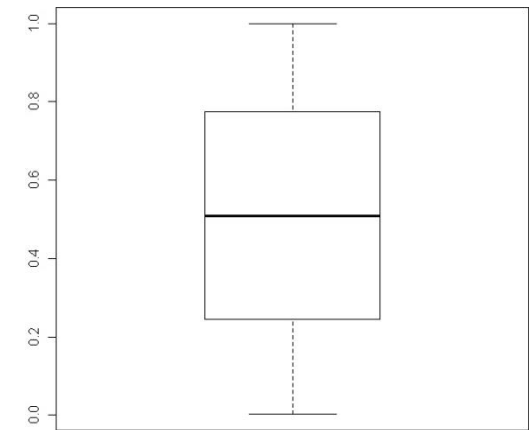
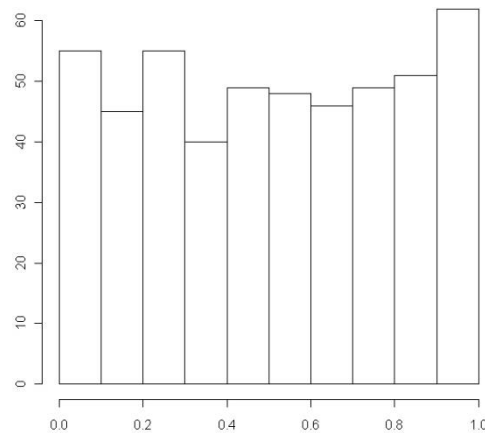


Ověření normality graficky – krabicový graf a histogram

- Normální rozdělení s odlehlými hodnotami

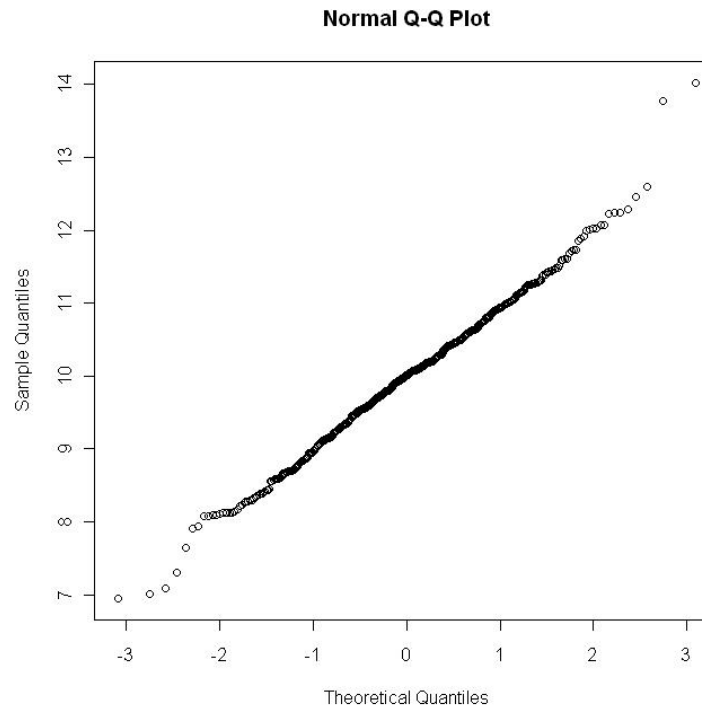


- Rovnoměrně spojité rozdělení



Ověření normality graficky – Q-Q graf

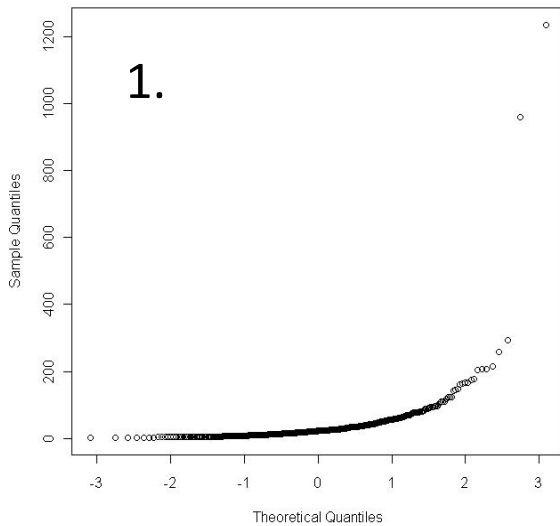
- Q-Q graf proti sobě zobrazuje kvantily pozorovaných hodnot a kvantily teoretického rozdělení pravděpodobnosti (zde normálního rozdělení).
- V případě shody leží všechny body na přímce.
- Normální rozdělení:



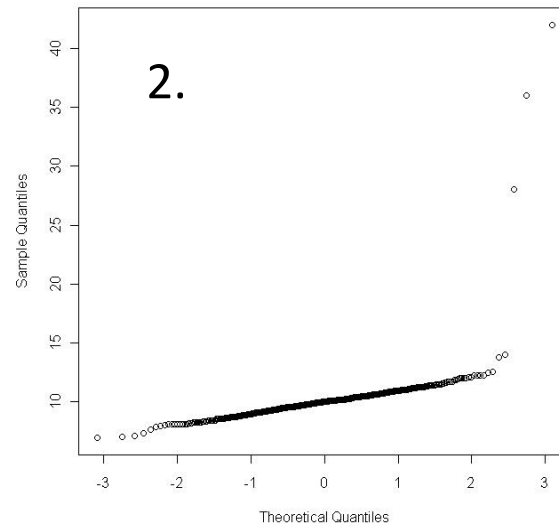
Ověření normality graficky – Q-Q graf

1. Log-normální rozdělení
2. Normální rozdělení s odlehlými hodnotami
3. Rovnoměrně spojité rozdělení

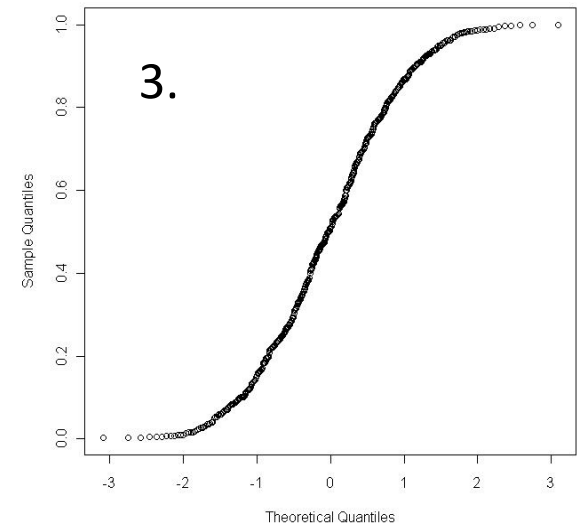
Normal Q-Q Plot



Normal Q-Q Plot



Normal Q-Q Plot

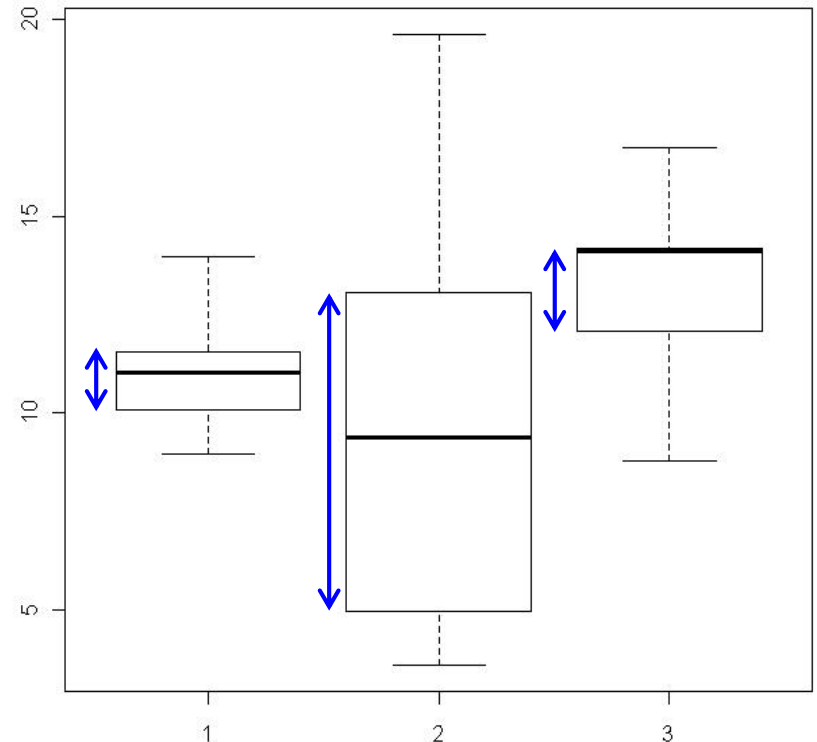


Ověření normality pomocí testů

- **Shapirův-Wilkův test** – v podstatě se jedná o proložení seřazených hodnot regresní přímkou vzhledem k očekávaným hodnotám normálního rozdělení. Má tedy přímý vztah k Q-Q plotu – vyhodnocuje, jak moc se Q-Q plot liší od ideální přímky. **Doporučován pro menší vzorky, může být „moc“ přísný pro velké vzorky.**
- **Kolmogorovův-Smirnovův test** – založen na srovnání výběrové distribuční funkce s teoretickou distribuční funkcí odpovídající normálnímu rozdělení. K-S test hodnotí maximální vzdálenost mezi těmito dvěma distribučními funkcemi. V praxi se používá korekce dle Lillieforse.

Ověření shody (homogeneity) rozptylů

- **Grafické ověření** – krabicový graf, histogram.
- **F-test** (testování shody rozptylů dvou vzorků)
- **Leveneův test** – často používaný (testování shody rozptylů dvou a více vzorků)
- **Bartlettův test**



Výsledky ANOVA testu

- Tabulka analýzy rozptylu jednoduchého třídění:

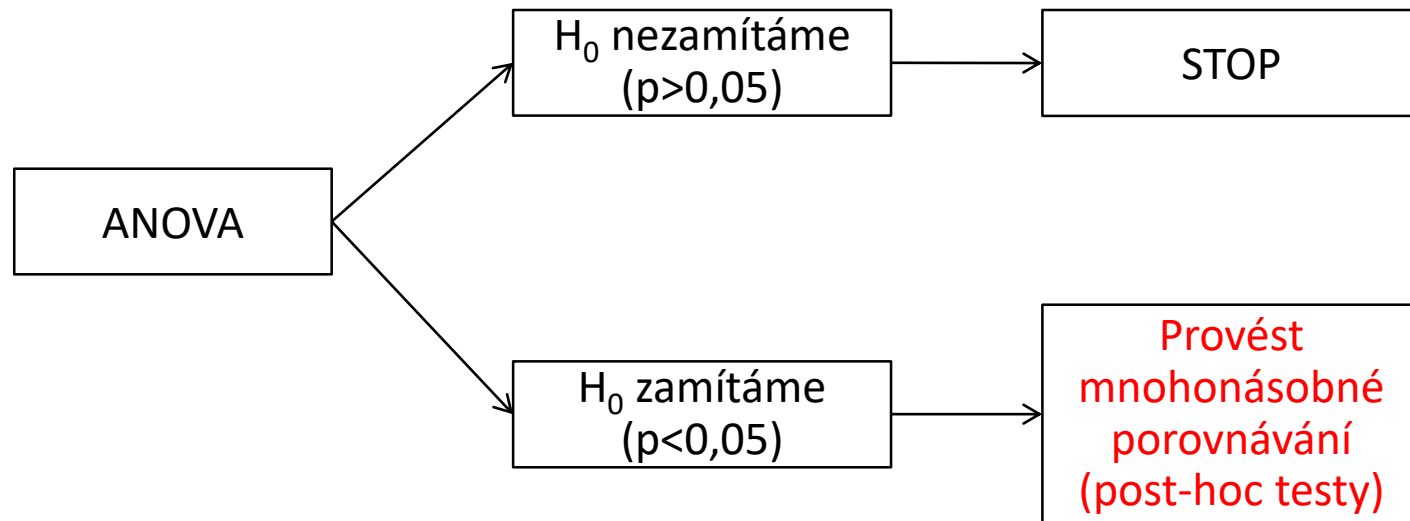
Variabilita	Součet čtverců	Počet stupňů volnosti	Průměrný čtverec	F statistika	p-hodnota
Mezi skupinami	$S_A =$ 71 422 222	$df_A = k - 1 =$ 2	$MS_A = S_A / df_A =$ 35 711 111	$F = \frac{S_A / df_A}{S_e / df_e} = 1103,6$	0,000
Uvnitř skupin (reziduální var.)	$S_e =$ 26 857 142	$df_e = n - k =$ 830	$MS_e = S_e / df_e =$ 32 358		
Celkem	$S_T =$ 98 279 364	$df_T = n - 1 =$ 832			

- Výsledek ze softwaru SPSS: **ANOVA**

Hippocampus_volume (mm3)

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	71422222,34	2	35711111,17	1103,625	,000
Within Groups	26857141,52	830	32358,002		
Total	98279363,86	832			

Další kroky analýzy



2. Problém násobného testování hypotéz a použití korekčních procedur

Korekce na násobné srovnání výběrů

- Zamítneme-li analýzou rozptylu nulovou hypotézu o celkové rovnosti středních hodnot, má smysl se ptát, jaké skupiny se od sebe nejvíce liší.
- Toto srovnání lze provést pomocí testů pro dva výběry, ale je nutné korigovat výslednou hladinu významnosti testu, abychom se vyhnuli chybě I. druhu.
- Nejjednodušší metoda: **Boferroniho korekce** - korekce hladiny významnosti: $\alpha^* = \alpha/m$, kde m je počet provedených testů. Ekvivalentně lze vynásobit p-hodnotu počtem provedených testů. Nevýhodou je, že je konzervativní („přísná“) pro velké m , tedy počet provedených testů.
- Pro analýzu rozptylu: **Tukeyho** a **Scheffého post hoc testy**.
- Může se stát, že při použití různých korekcí nám mohou vyjít výsledky různě (např. při použití Scheffého testu nám vyjde statisticky významný rozdíl mezi skupinou AD a MCI a při použití Tukeyho testu nám rozdíl statisticky významný nevyjde).

Výsledek testování podskupin

Post Hoc Tests

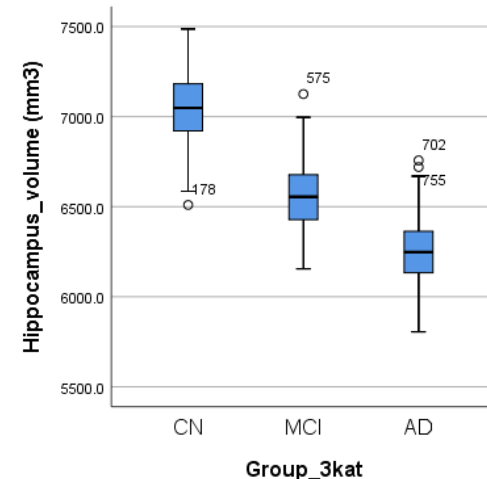
Multiple Comparisons

Dependent Variable: Hippocampus_volume (mm3)

Scheffe

(I) Group_3kat	(J) Group_3kat	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
CN	MCI	501.7211*	14.8454	.000	465.318	538.125
	AD	798.9532*	17.4626	.000	756.132	841.774
MCI	CN	-501.7211*	14.8454	.000	-538.125	-465.318
	AD	297.2321*	15.6190	.000	258.9	335.5
AD	CN	-798.9532*	17.4626	.000	-841.7	-756.1
	MCI	-297.2321*	15.6190	.000	-335.5	-258.9

*. The mean difference is significant at the 0.05 level.



Homogeneous Subsets

Hippocampus_volume (mm3)

Scheffe^{a,b}

Group_3kat	N	Subset for alpha = 0.05		
		1	2	3
AD	197	6255.382		
MCI	406		6552.614	
CN	230			7054.335
Sig.		1.000	1.000	1.000

Means for groups in homogeneous subsets are displayed.

a. Uses Harmonic Mean Sample Size = 252.376.

b. The group sizes are unequal. The harmonic mean of the group sizes is used. Type I error levels are not guaranteed.

Závěr: Statisticky významný rozdíl v objemu hipokampu je mezi všemi skupinami, přičemž kontrolní subjekty mají nejvyšší objem, zatímco pacienti s AD nejnižší.

Poznámka

- Může nastat situace, kdy zamítneme H_0 u ANOVY, ale metodami mnohonásobného porovnávání nenajdeme významný rozdíl u žádné dvojice středních hodnot. K tomu dochází zvláště tehdy, když p-hodnota pro ANOVU je jen o málo nižší než zvolená hladina významnosti.
- Důvod: post-hoc testy (tzn. metody mnohonásobného porovnávání) mají obecně menší sílu než ANOVA, proto nemusí odhalit žádný rozdíl.

Korekce na násobné srovnání – jiná situace

- Problém násobného testování („Multiple Testing Problem“) nastává, i když je provedeno **větší množství testů na různých proměnných** v rámci jednoho hodnocení dat.
- Příklad: zjišťování, zda se liší objem šedé hmoty u dvou skupin subjektů v každém voxelu obrazu.
- Korekce:
 - **Bonferroniho korekce** – kontroluje pravděpodobnost, s jakou dostaneme falešně pozitivní výsledek (kontroluje chybu I. druhu); konzervativní pro velký počet provedených testů.
 - **False discovery rate (FDR)** – kontroluje podíl falešně pozitivních výsledků mezi všemi statisticky významnými výsledky (např. pokud je FDR 0,05 a počet všech statisticky významných výsledků bude 1000, tak můžeme očekávat, že 50 výsledků bude falešně pozitivních).

Úkol 1.

Zadání: Zjistěte, zda se liší objem pallida podle typu onemocnění (nezapomeňte ověřit předpoklady).

Řešení:

ANOVA

Pallidum_volume (mm3)

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	229575,624	2	114787,812	2,745	,065
Within Groups	34702691,81	830	41810,472		
Total	34932267,43	832			

Závěr: Neproказali jsme na základě našich dat, že by se objem pallida lišil podle typu onemocnění.

Parametrické a neparametrické testy pro kvantitativní data – přehled

Typ srovnání	Parametrický test	Neparametrický test
1 skupina dat s referenční hodnotou – jednovýběrové testy:	Jednovýběrový t-test, jednovýběrový z-test	Wilcoxonův test
2 skupiny dat párově – párové testy:	Párový t-test	Wilcoxonův test, znaménkový test
2 skupiny dat nepárově – dvouvýběrové testy:	Dvouvýběrový t-test	Mannův-Whitneyův test, mediánový test
Více skupin nepárově:	ANOVA	Kruskalův- Wallisův test

3. Kruskalův-Wallisův test

Co dělat, když nejsou splněny předpoklady u ANOVY?

- 1. Zkusit data transformovat** – např. logaritmická transformace by měla pomoci s normalizací rozdělení a stabilizací rozptylu u log-normálních dat.
- 2. Použít neparametrické testy** – např. Kruskalův-Wallisův test nevyžaduje předpoklad normality, pracuje stejně jako neparametrický Mannův-Whitneyův test.

Kruskalův-Wallisův test

- Neparametrická alternativa analýzy rozptylu (ANOVy).
- Testuje se, zda jsou srovnatelné distribuční funkce (obdobně jako u Mannova-Whitneyova testu).
- Hypotézy mají tvar: $H_0 : F_1(x) = F_2(x) = \dots = F_k(x)$
 $H_1 : \text{nejméně jedna } F_i \text{ je odlišná od ostatních}$
- Princip Kruskalova-Wallisova testu (podobný jako u Mannova-Whitneyova testu):
 1. Všechny hodnoty ze všech výběrů dohromady uspořádáme vzestupně podle velikosti \rightarrow každé hodnotě přiřadíme pořadí.
 2. Spočítáme součet pořadí hodnot u každého výběru.
 3. Na základě těchto dvou součtů vypočteme testovou statistiku.
- Tzn. za platnosti nulové hypotézy jsou spojená data dobře promíchaná a průměrná pořadí v jednotlivých souborech jsou podobná.
- Odlehlé hodnoty nejsou problém, protože pracujeme s pořadími.

Kruskalův-Wallisův test

- **Příklad:** Chceme srovnat, zda se liší MMSE skóre podle typu onemocnění.

- Tzn. hypotézy budou mít tvar: $H_0 : F_{AD}(x) = F_{MCI}(x) = F_{CN}(x)$

H_1 : nejméně jedna F_i je odlišná od ostatních

- **Postup:**

1. Popisná sumarizace MMSE skóre podle typu onemocnění.
2. Vykreslení histogramů MMSE skóre pro jednotlivé skupiny subjektů, abychom viděli, že není splněn předpoklad normálního rozdělení → proto použijeme neparametrický test.
3. Aplikujeme statistický test.
4. Nulovou hypotézu zamítneme nebo nezamítneme:
 $p < 0,001 < 0,05 \rightarrow$ **zamítáme** nulovou hypotézu → **MMSE skóre je u pacientů s AD, MCI a u kontrol statisticky významně odlišné.**
5. Post hoc test:

Sample1-Sample2	Test Statistic	Std. Error	Std. Test Statistic	Sig.	Adj.Sig.
AD-MCI	281.401	20.717	13.583	.000	.000
AD-CN	514.034	23.162	22.193	.000	.000
MCI-CN	232.632	19.691	11.814	.000	.000

→ **rozdíl je mezi všemi skupinami**

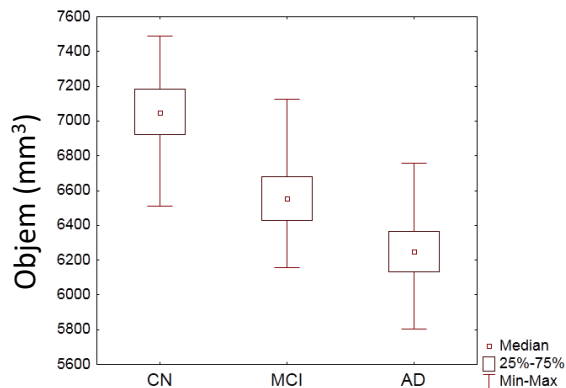
Úkol 2.

Zadání: Zjistěte, zda se liší objem šesti mozkových struktur podle typu onemocnění (rozmyslete si, jaký test (či testy) byste použili).

Výsledky srovnání objemů mozkových podle typu onemocnění

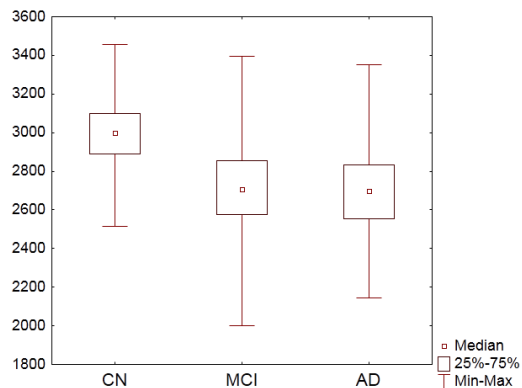
Hipokampus ($p < 0,001^*$)

* Statisticky významný rozdíl:
ADxMCI, ADxCN, MCIxCN

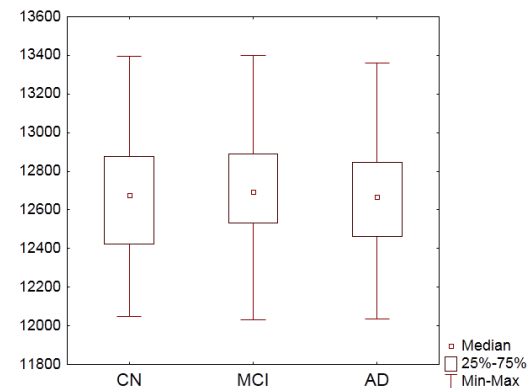


Amygdala ($p < 0,001^*$)

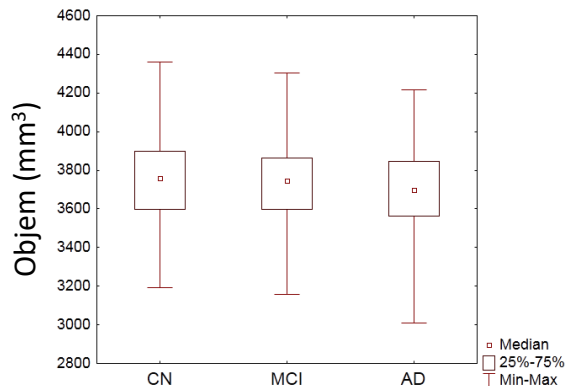
* Statisticky významný rozdíl:
ADxCN, MCIxCN



Thalamus ($p = 0,214$)

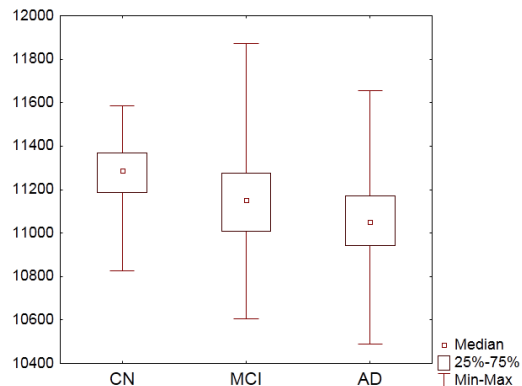


Pallidum ($p = 0,078$)

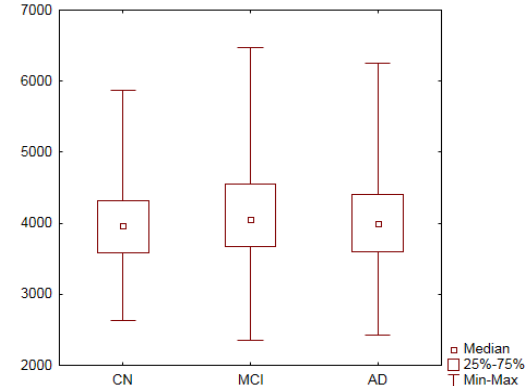


Putamen ($p < 0,001^*$)

* Statisticky významný rozdíl:
ADxMCI, ADxCN, MCIxCN

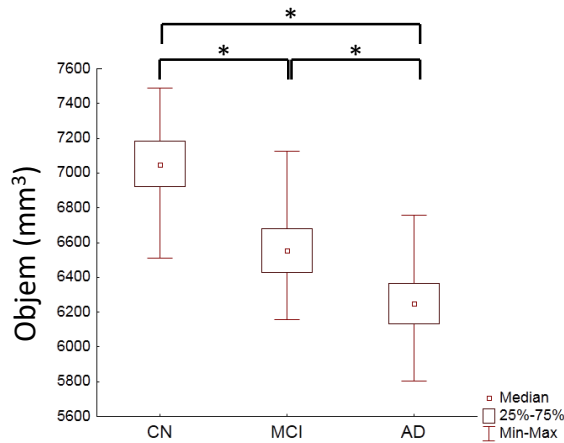


Nucl. caudatus ($p = 0,064$)

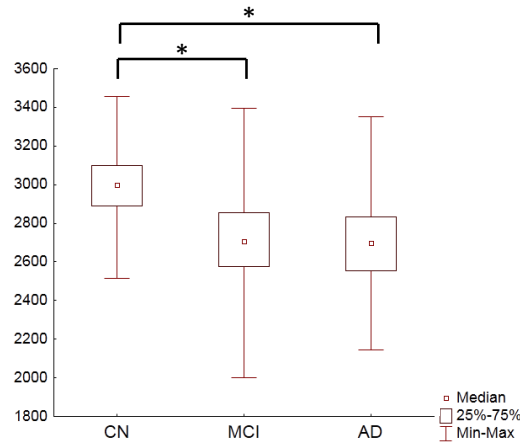


Výsledky srovnání objemů mozkových podle typu onemocnění – jiný způsob vyznačení lišících se skupin

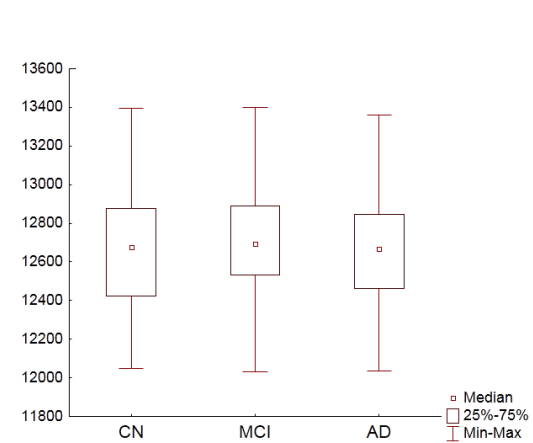
Hipokampus ($p < 0,001$)



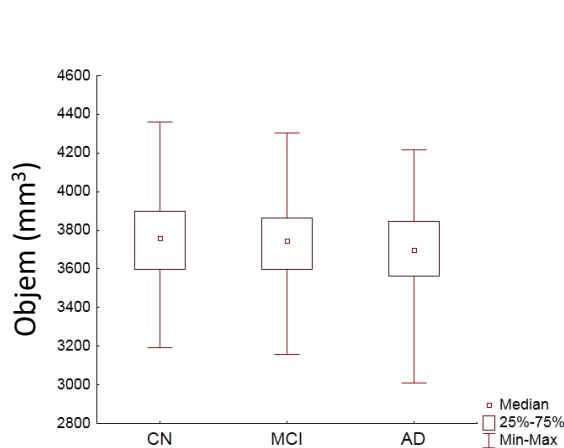
Amygdala ($p < 0,001$)



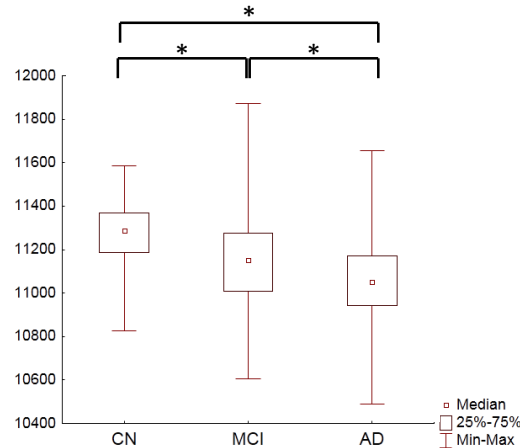
Thalamus ($p = 0,214$)



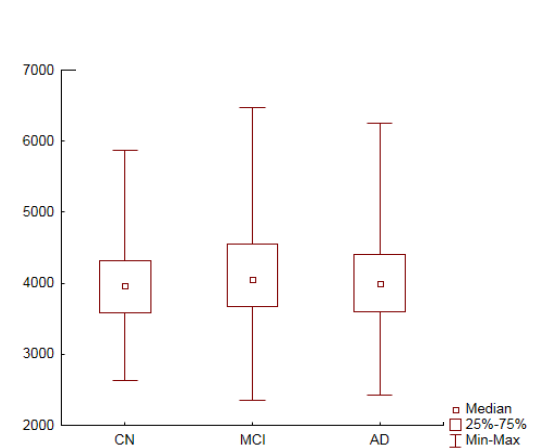
Pallidum ($p = 0,078$)



Putamen ($p < 0,001$)



Nucl. caudatus ($p = 0,064$)



Úkol 3.

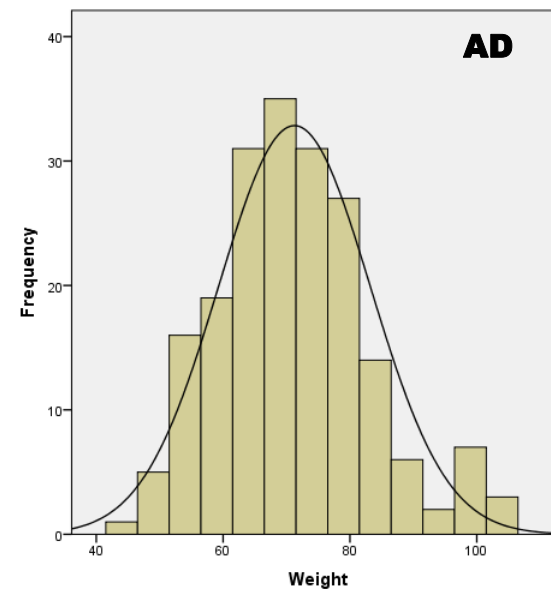
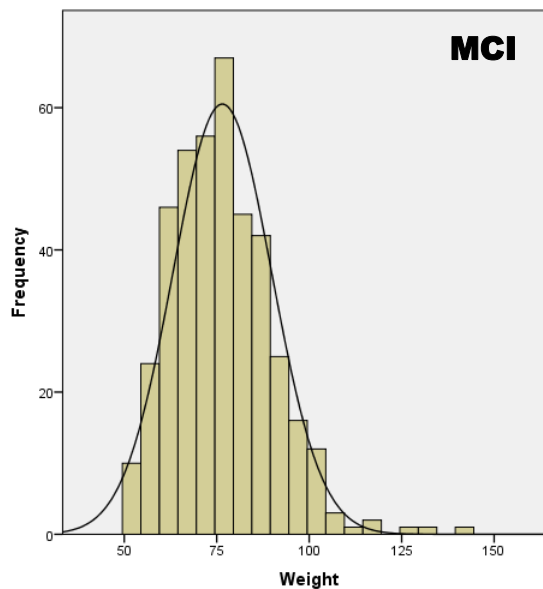
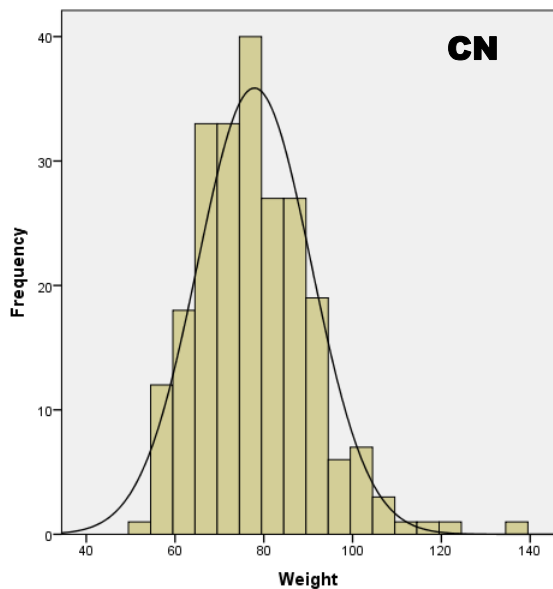
Zadání: Zjistěte, zda se liší váha podle typu onemocnění. Pokud nejsou splněny předpoklady, zkuste váhu logaritmovat. Provedte i popisnou sumarizaci váhy podle typu onemocnění včetně výpočtu intervalů spolehlivosti.

Úkol 3. – řešení

1. Provedeme popisnou sumarizaci:

Weight	Group_3kat	CN	Count	Mean	Median	Minimum	Maximum	Standard Deviation
		CN	230	77,9	76,0	52,0	135,0	12,8
		MCI	406	76,5	75,5	52,0	140,0	13,4
		AD	197	71,2	70,0	44,0	106,0	12,0

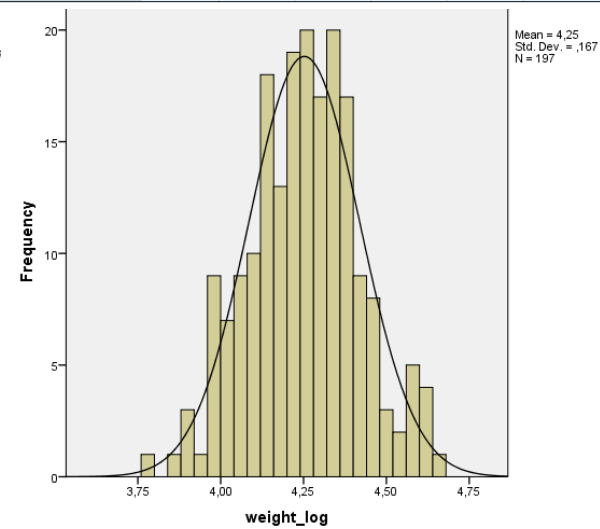
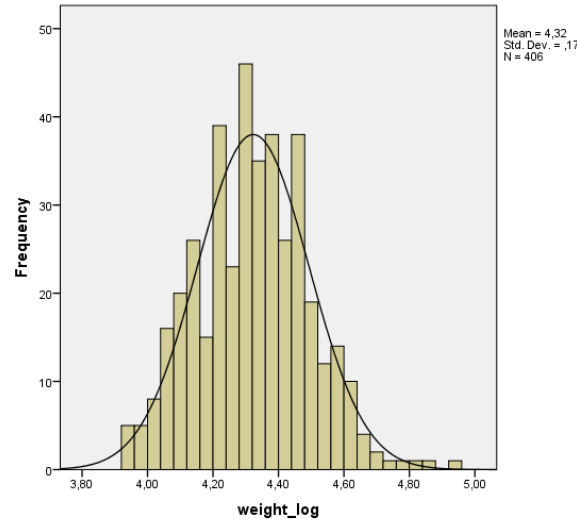
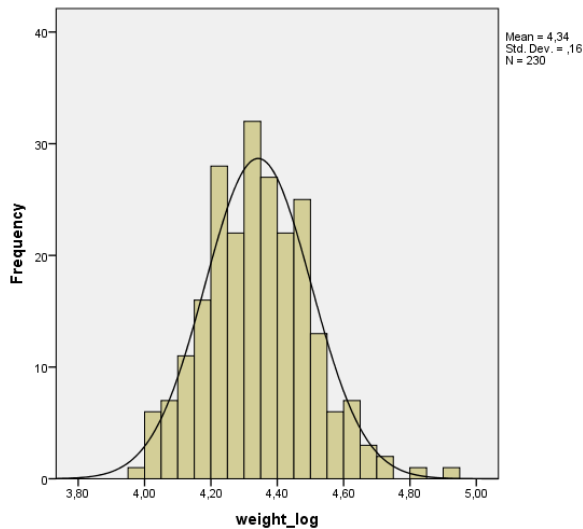
2. Ověření předpokladů (ověření normality je nutné i proto, abychom byli schopni říci, zda můžeme vypočítat intervaly spolehlivosti):



Úkol 3. – řešení

3. Protože data nemají normální rozdělení, zkusíme provést logaritmickou transformaci:
 Insert → Add Variables → Name: weight_log → Long name: =Log(Weight) nebo =Log10(Weight)

4. Ověření normality logaritmicky transformovaných dat:



	Tests of Normality						
	Group_3kat	Kolmogorov-Smirnov ^a			Shapiro-Wilk		
		Statistic	df	Sig.	Statistic	df	Sig.
weight_log	CN	,033	230	,200*	,994	230	,448
	MCI	,038	406	,164	,993	406	,049
	AD	,041	197	,200*	,994	197	,543

Podle SW-W testu sice u MCI není splněn předpoklad normality, víme ale, že pro velká N je tento test až příliš přísný; podle histogramu však mají data normální rozdělení.

5. Ověření homogenity rozptylu u logaritmicky transformovaných dat:

weight_log			
Levene Statistic	df1	df2	Sig.
,580	2	830	,560

→ ANOVA

Úkol 3. – řešení

6. Protože byly splněny předpoklady, použijeme ANOVu pro zjištění, zda jsou mezi skupinami statisticky významné rozdíly ve váze (musíme použít logarimovanou váhu!):

ANOVA

weight_log

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	,962	2	,481	17,282	,000
Within Groups	23,102	830	,028		
Total	24,064	832			

7. Mezi skupinami je statisticky významný rozdíl → musíme zjistit, mezi kterými skupinami ten rozdíl ve skutečnosti je:

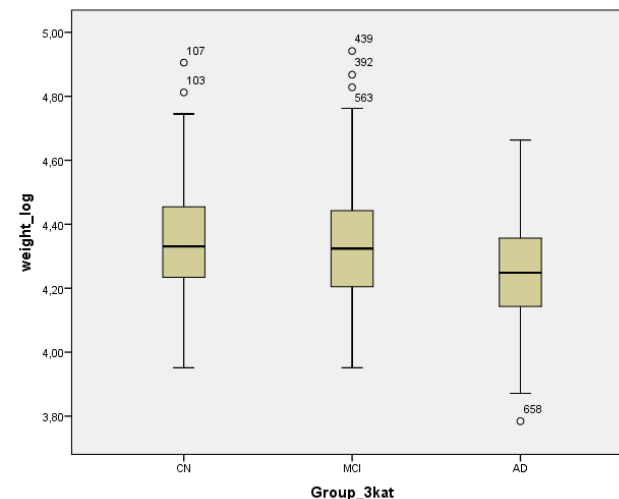
Multiple Comparisons

Dependent Variable: weight_log

Tukey HSD

(I) Group_3kat	(J) Group_3kat	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
CN	MCI	,01964	,01377	,328	-,0127	,0520
	AD	,09013*	,01620	,000	,0521	,1282
MCI	CN	-,01964	,01377	,328	-,0520	,0127
	AD	,07048*	,01449	,000	,0365	,1045
AD	CN	-,09013*	,01620	,000	-,1282	-,0521
	MCI	-,07048*	,01449	,000	-,1045	-,0365

*. The mean difference is significant at the 0.05 level.



Statisticky významné rozdíly u ADxMCI, ADxCN. Tzn. pacienti s AD mají statisticky významně nižší váhu než pacienti s MCI a zdravé kontroly.

Úkol 3. – řešení

8. Pokud chceme u popisné statistiky vypočítat intervaly spolehlivosti, nemůžeme je počítat na původních datech, protože neměla normální rozdělení, ale na datech po logaritmické transformaci:

		Count	Mean	95,0% Lower CL for Mean	95,0% Upper CL for Mean	Median	Minimum	Maximum
weight_log	Group_3kat							
	CN	230	4,34	4,32	4,36	4,33	3,95	4,91
	MCI	406	4,32	4,31	4,34	4,32	3,95	4,94
	AD	197	4,25	4,23	4,28	4,25	3,78	4,66

9. Nyní bychom ale potřebovali transformovat tyto vypočtené hodnoty do původního měřítka, aby se nám výsledky lépe interpretovaly:

Zkopírujeme tabulku do Excelu a provedeme exponenciální transformaci (pokud jsme v SPSS použili funkci **Log**, použijeme v Excelu **=EXP(buňka)**; pokud **Log10**, použijeme v Excelu **=10^buňka**)

	N	Geometrický průměr	Dolní mez IS	Horní mez IS	Medián	Minimum	Maximum
CN	230	76,9	75,3	78,5	76,0	52,0	135,0
MCI	406	75,4	74,1	76,7	75,5	52,0	140,0
AD	197	70,3	68,6	71,9	70,0	44,0	106,0

Poznámka: po exponenciální transformaci průměru vypočteného na logaritmované váze dostáváme geometrický průměr)

Úkol 3. – srovnání popisné sumarizace

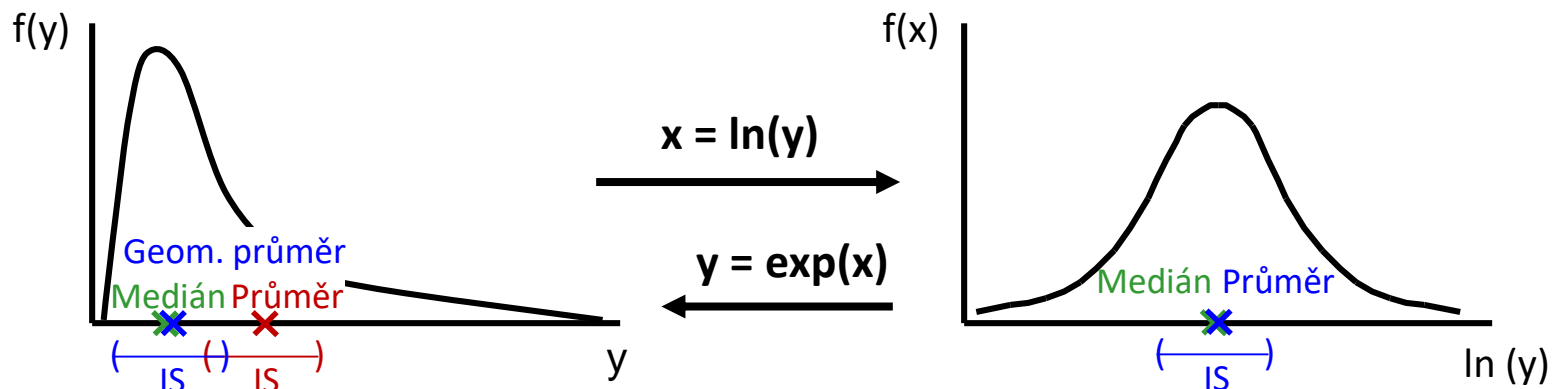
Popisná sumarizace původních hodnot váhy (sloupeček Weight):

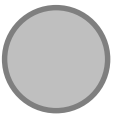
Weight	Group_3kat	CN	Count	Mean	95,0% Lower CL for Mean	95,0% Upper CL for Mean	Median	Minimum	Maximum
		CN	230	77,89	76,23	79,55	76,00	52,00	135,00
		MCI	406	76,51	75,20	77,81	75,50	52,00	140,00
		AD	197	71,24	69,56	72,92	70,00	44,00	106,00

Popisná sumarizace hodnot zlogaritmované váhy po exponenciální transformaci:

	N	Geometrický průměr	Dolní mez IS	Horní mez IS	Medián	Minimum	Maximum
CN	230	76,9	75,3	78,5	76,0	52,0	135,0
MCI	406	75,4	74,1	76,7	75,5	52,0	140,0
AD	197	70,3	68,6	71,9	70,0	44,0	106,0

Je patrné, že medián, minimum i maximum jsou stejné. Avšak průměr a intervaly spolehlivosti vypočtené na původních datech jsou vyšší (tzn. nerepresentují dobře střed dat a jeho spolehlivost)!





4. Analýza rozptylu jako lineární model

Analýza rozptylu jako lineární model

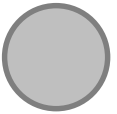
- Analýza rozptylu pro jednu vysvětlující proměnnou (jednoduché třídění) lze zapsat jako lineární model:

$$Y_{ij} = \mu_i + e_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}$$

Populační průměr α_i e_{ij} Reziduum
 i -tý efekt faktoru A

- Nulovou hypotézu pak lze vyjádřit jako: $H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k$
- Rozšířením tohoto zápisu můžeme definovat další modely ANOVA:** více faktorů, hodnocení interakcí, opakovaná měření na jednom subjektu.

Analýza rozptylu dvojného třídění



- Uvažujeme dvě vysvětlující proměnné zároveň.
- Zápis modelu:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$$

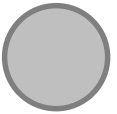
Diagrammatic annotations for the equation above:

- Blue arrow from μ to "Populační průměr"
- Blue arrow from α_i to "*i*-tý efekt faktoru A"
- Red arrow from β_j to "*j*-tý efekt faktoru B"
- Blue arrow from e_{ij} to "Reziduum"

- Nulové hypotézy pak máme dvě: $H_{01} : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k$, $H_{02} : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_r$

Variabilita	Součet čtverců	Počet stupňů volnosti	Průměrný čtverec	F statistika	p-hodnota
Faktor A	S_A	$df_A = a - 1$	$MS_A = S_A / df_A$	F_A	p
Faktor B	S_B	$df_B = b - 1$	$MS_B = S_B / df_B$	F_B	p
Rezidua	S_e	$df_e = n - a - b + 1$	$MS_e = S_e / df_e$		
Celkem	S_T	$df_T = n - 1$			

Analýza rozptylu dvojného třídění s interakcí



- Uvažujeme dvě vysvětlující proměnné a zároveň i jejich společné působení.

- Zápis modelu:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_{ij} + e_{ij}$$

Diagrammatic labels for the equation above:

- Blue arrow from μ to "Populační průměr"
- Blue arrow from α_i to "*i*-tý efekt faktoru A"
- Blue arrow from β_j to "*j*-tý efekt faktoru B"
- Red arrow from γ_{ij} to "Interakce"
- Blue arrow from e_{ij} to "Reziduum"

- Nulové hypotézy pak máme tři:

$$H_{01} : \gamma_{11} = \gamma_{12} = \dots = \gamma_{kr} \quad H_{02} : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k \quad H_{03} : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_r$$

Variabilita	Součet čtverců	Počet stupňů volnosti	Průměrný čtverec	F statistika	ρ -hodnota
Faktor A	S_A	$df_A = a - 1$	$MS_A = S_A / df_A$	F_A	ρ
Faktor B	S_B	$df_B = r - 1$	$MS_B = S_B / df_B$	F_B	ρ
Interakce A×B	S_{AB}	$df_{AB} = (a - 1)(b - 1)$	$MS_{AB} = S_{AB} / df_{AB}$	F_{AB}	ρ
Rezidua	S_e	$df_e = n - ab$	$MS_e = S_e / df_e$		
Celkem	S_T	$df_T = n - 1$			

Poděkování...

Příprava výukových materiálů předmětu „DSAN01 Analýza dat pro Neurovědy “ byla finančně podporována prostředky projektu FRVŠ č. 942/2013 „Inovace materiálů pro interaktivní výuku a samostudium předmětu Analýza dat pro Neurovědy“

