9 Jednofaktorová MANOVA

Příklad 1. V souboru Howell.csv máme k dispozici kraniometrické údaje z různých populací. Nás zajímají muži (kategorie M proměnné Sex) ze 3 populací (proměnná Population) - AINU, N JAPAN a PERU. Konkrétně máme tyto kraniometrické (vše v milimetrech):

- XFB - maximální transversální šířka čela,
- ZYB - bizygomatická šířka,
- ZMB - zygomatikomaxilární šířka.

Načteme datový soubor. Protože v databázi jsou chybějící pozorování kódovány jako 0, je potřeba při načítání zadat, aby se 0 braly jako NA. Vybereme pozorování a proměnné, které nás zajímají, a zbavíme se nyní prázdných kategorií proměnné Population.

```
cranio <- read.csv('DATA/Howell.csv',header=T, na.strings='0')
data <- cranio[cranio$Sex == 'M' & cranio$Population %in% c('AINU', 'N JAPAN', 'PERU'),
               c('Population', 'XFB', 'ZYB', 'ZMB')]
data$Population <- factor(data$Population)
```

Vypočítáme počet pozorování, vektor výběrových průměrů a výběrovou varianční matici pro každou populaci.

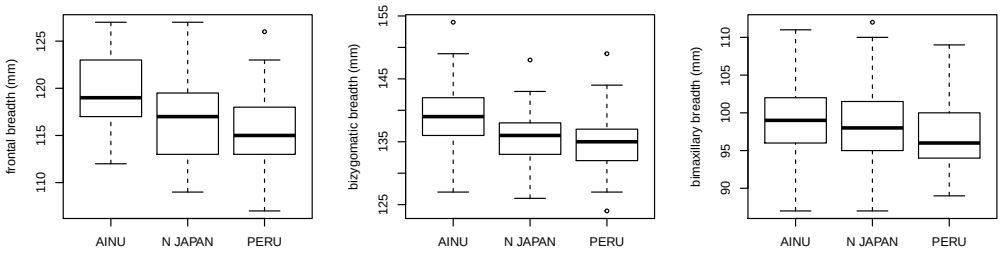
```
table(data$Population)

##
##    AINU N JAPAN    PERU
##      48      55      55

colMeans(data[data$Population=='AINU',-1])

##       XFB       ZYB       ZMB
## 119.64583 138.93750  99.16667

colMeans(data[data$Population=='N JAPAN',-1])

##       XFB       ZYB       ZMB
## 116.63636 135.72727  98.16364

colMeans(data[data$Population=='PERU',-1])

##       XFB       ZYB       ZMB
## 115.23636 134.92727  96.90909

var(data[data$Population=='AINU',-1])

##            XFB       ZYB        ZMB
## XFB 18.0208333  4.019947 -0.5141844
## ZYB  4.0199468 26.655585 12.0106383
## ZMB -0.5141844 12.010638 23.0354610

var(data[data$Population=='N JAPAN',-1])

##            XFB       ZYB        ZMB
## XFB 20.3838384  3.010101  0.8013468
## ZYB  3.0101010 19.609428 14.7491582
## ZMB  0.8013468 14.749158 26.9171717
```

```r
var(data[data$Population=='PERU',-1])
```

```
##            XFB       ZYB       ZMB
## XFB 19.109764  4.536027  3.836700
## ZYB  4.536027 18.327946  8.734007
## ZMB  3.836700  8.734007 17.454545
```

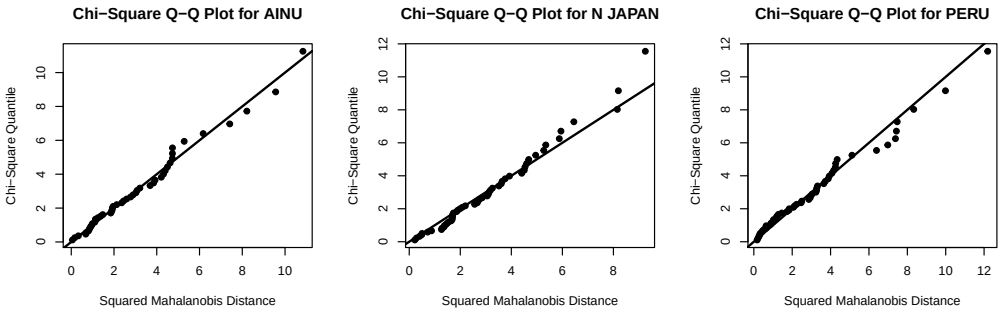
Vykreslíme si krabicové diagramy jednotlivých proměnných rozdělených podle populací.

```r
par(mfrow=c(1,3))
boxplot(data$XFB ~ data$Population, ylab='frontal breadth (mm)')
boxplot(data$ZYB ~ data$Population, ylab='bizygomatic breadth (mm)')
boxplot(data$ZMB ~ data$Population, ylab='bimaxillary breadth (mm)')
```



Je potřeba ověřit předpoklad, že data pro jednotlivé populace pocházejí z třírozměrného normálního rozdělení.

```r
library(MVN)
par(mfrow=c(1,3))
mvn(data, subset='Population', mvnTest = 'mardia', multivariatePlot = 'qq')$multivariateNormality
```




```
## $AINU
##              Test          Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness    3.1150193672714 0.978586110255638    YES
## 2 Mardia Kurtosis -0.170360771983077 0.864726420549113    YES
## 3             MVN               <NA>              <NA>    YES
##
## $`N JAPAN`
##              Test         Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness 6.82574420606157 0.741786998088034    YES
## 2 Mardia Kurtosis -1.2260185014743 0.220191712732232    YES
```

```
## 3             MVN             <NA>              <NA>    YES
##
## $PERU
##              Test         Statistic           p value Result
## 1 Mardia Skewness  10.7454781697583 0.377688433405176    YES
## 2 Mardia Kurtosis 0.609308387020002  0.54232004892899    YES
## 3             MVN              <NA>              <NA>    YES
```

```
mvn(data, subset='Population', mvnTest = 'hz')$multivariateNormality
```

```
## $AINU
##            Test        HZ   p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.6376286 0.5145807 YES
##
## $`N JAPAN`
##            Test        HZ   p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.5761641 0.7244284 YES
##
## $PERU
##            Test        HZ    p value MVN
## 1 Henze-Zirkler 0.8932563 0.07586977 YES
```

Populace Ainu:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Populace severojaponská:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Populace peruánská:
Mardiův test pro šikmost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....

Mardiův test pro špičatost:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Henzeův-Zirklerův test:
Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Dalším předpokladem, který je nutné ověřit, je rovnost variančních matic. K tomu použijeme Boxův M test.

```
library(biotools)
boxM(data[,-1], grouping=data$Population)

##
##  Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
##
## data:  data[, -1]
## Chi-Sq (approx.) = 8.883, df = 12, p-value = 0.7129
```

Hodnota testovací statistiky .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Sestavíme model mnohorozměrné analýzy rozptylu a podíváme se na hodnoty testovacích statistik.

```
model <- manova(as.matrix(data[,-1]) ~ data$Population)
summary(model,test='Wilks')

##                   Df   Wilks approx F num Df den Df    Pr(>F)
## data$Population    2 0.78552   6.5429      6    306 1.629e-06 ***
## Residuals        155
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

summary(model,test='Pillai')

##                   Df  Pillai approx F num Df den Df    Pr(>F)
## data$Population    2 0.21667   6.2368      6    308 3.381e-06 ***
## Residuals        155
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

summary(model,test='Hotelling-Lawley')

##                   Df Hotelling-Lawley approx F num Df den Df    Pr(>F)
## data$Population    2          0.27025   6.8464      6    304 7.902e-07 ***
## Residuals        155
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

summary(model,test='Roy')
```

```
##                   Df     Roy approx F num Df den Df    Pr(>F)
## data$Population    2 0.25951   13.322      3    154 8.902e-08 ***
## Residuals        155
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Wilksova testovací statistika .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Pillaiova testovací statistika .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Hotellingova-Lawleyho testovací statistika .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Royova testovací statistika .....
p-hodnota .....
Závěr .....

Protože jsme ..... hypotézu, že vektory středních hodnot jsou u všech populací stejné, pokusíme se zjitit, které proměnné způsobují rozdíly. K tomu využijeme simultánní test založený na Wilksově statistice.

```
SSB <- summary(model,test='Wilks')$SS[[1]]
SSE <- summary(model,test='Wilks')$SS[[2]]
SST <- SSB + SSE

n <- nrow(data)
k <- 3 # pocet promennych
r <- 3 # pocet skupin
const <- (n- (k+r)/2 -1)
K <- -const * log(diag(SSE)/diag(SST))
K

##       XFB       ZYB       ZMB
## 24.496114 19.807912  5.739724

kvantil <- qchisq(0.95, df=k*(r-1))
kvantil

## [1] 12.59159
```

Rozdíly mezi skupinami způsobují proměnné .....

Dále provedeme mnohorozměrnou obdobu mnohonásobného porovnávání. Provedeme dvouvýběrové Hotellingovy testy pro dvojice populací, ale je potřeba upravit hladinu významnosti $\frac{\alpha}{\binom{\text{počet populací}}{2}}$.

```r
alpha.korig <- 0.05/ choose(r,2)
alpha.korig

## [1] 0.01666667

library(ICSNP)
HotellingsT2(data[data$Population=='AINU',-1], data[data$Population=='N JAPAN',-1])

##
##  Hotelling's two sample T2-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", -1] and data[data$Population == "N JAPAN", -1]
## T.2 = 6.8092, df1 = 3, df2 = 99, p-value = 0.0003209
## alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0,0)

HotellingsT2(data[data$Population=='AINU',-1], data[data$Population=='PERU',-1])

##
##  Hotelling's two sample T2-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", -1] and data[data$Population == "PERU", -1]
## T.2 = 12.393, df1 = 3, df2 = 99, p-value = 5.992e-07
## alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0,0)

HotellingsT2(data[data$Population=='N JAPAN',-1], data[data$Population=='PERU',-1])

##
##  Hotelling's two sample T2-test
##
## data:  data[data$Population == "N JAPAN", -1] and data[data$Population == "PERU", -1]
## T.2 = 1.3815, df1 = 3, df2 = 106, p-value = 0.2525
## alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0,0)
```

Korigovaná hladina významnosti: .....

Srovnání Ainu a severojaponské populace
p-hodnota .....
Závěr .....

Srovnání Ainu a peruánské populace
p-hodnota .....
Závěr .....

Srovnání severojaponské a peruánské populace
p-hodnota .....
Závěr .....

Chceme zjistit, které proměnné způsobují rozdíly mezi jednotlivými dvojicemi populací. K tomu využijeme dvouvýběrový Studentův t-test, ale opět je třeba korigovat hladinu významnosti počtem prováděných testů!

```r
alpha.korig2 <- 0.05 / (k*r*(r-1)/2)
alpha.korig2
```

```
## [1] 0.005555556
```

```r
# AINU vs N JAPAN
t.test(data[data$Population=='AINU',2], data[data$Population=='N JAPAN',2])
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 2] and data[data$Population == "N JAPAN", 2]
## t = 3.4842, df = 100.42, p-value = 0.0007329
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  1.295919 4.723020
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  119.6458  116.6364
```

```r
t.test(data[data$Population=='AINU',3], data[data$Population=='N JAPAN',3])
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 3] and data[data$Population == "N JAPAN", 3]
## t = 3.3618, df = 93.264, p-value = 0.001124
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  1.314029 5.106425
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  138.9375  135.7273
```

```r
t.test(data[data$Population=='AINU',4], data[data$Population=='N JAPAN',4])
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 4] and data[data$Population == "N JAPAN", 4]
## t = 1.0188, df = 100.64, p-value = 0.3107
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.9501059  2.9561665
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  99.16667  98.16364
```

```r
# AINU vs PERU
t.test(data[data$Population=='AINU',2], data[data$Population=='PERU',2])
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 2] and data[data$Population == "PERU", 2]
```

```
## t = 5.1862, df = 99.83, p-value = 1.126e-06
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  2.722610 6.096329
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  119.6458  115.2364

t.test(data[data$Population=='AINU',3], data[data$Population=='PERU',3])

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 3] and data[data$Population == "PERU", 3]
## t = 4.2543, df = 91.617, p-value = 5.054e-05
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  2.137969 5.882485
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  138.9375  134.9273

t.test(data[data$Population=='AINU',4], data[data$Population=='PERU',4])

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "AINU", 4] and data[data$Population == "PERU", 4]
## t = 2.5284, df = 93.954, p-value = 0.01313
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.4847012 4.0304503
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  99.16667  96.90909

# N JAPAN vs PERU
t.test(data[data$Population=='N JAPAN',2], data[data$Population=='PERU',2])

##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "N JAPAN", 2] and data[data$Population == "PERU", 2]
## t = 1.6521, df = 107.89, p-value = 0.1014
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.2796888  3.0796888
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  116.6364  115.2364

t.test(data[data$Population=='N JAPAN',3], data[data$Population=='PERU',3])

##
##  Welch Two Sample t-test
```

```
##
## data:  data[data$Population == "N JAPAN", 3] and data[data$Population == "PERU", 3]
## t = 0.96325, df = 107.88, p-value = 0.3376
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.8462643  2.4462643
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  135.7273  134.9273
```

```
t.test(data[data$Population=='N JAPAN',4], data[data$Population=='PERU',4])
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data[data$Population == "N JAPAN", 4] and data[data$Population == "PERU", 4]
## t = 1.3967, df = 103.3, p-value = 0.1655
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.5267553  3.0358462
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  98.16364  96.90909
```

Korigovaná hladina významnosti: .....

Srovnání Ainu a severojaponské populace
Proměnná XFB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZYB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZMB: p-hodnota .....
Závěr .....

Srovnání Ainu a peruánské populace
Proměnná XFB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZYB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZMB: p-hodnota .....
Závěr .....

Srovnání severojaponské a peruánské populace
Proměnná XFB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZYB: p-hodnota .....
Závěr .....
Proměnná ZMB: p-hodnota .....
Závěr .....