

Biostatistik, WS 2013/2014

**Exkurs: Faktorielle Varianzanalyse und
F-Test,
Diskriminanzanalyse**

Matthias Birkner

<http://www.mathematik.uni-mainz.de/~birkner/Biostatistik1314/>

31.1.2014



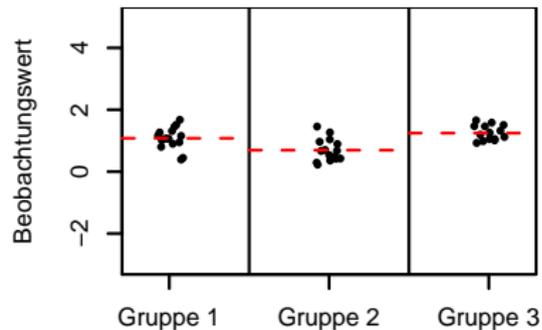
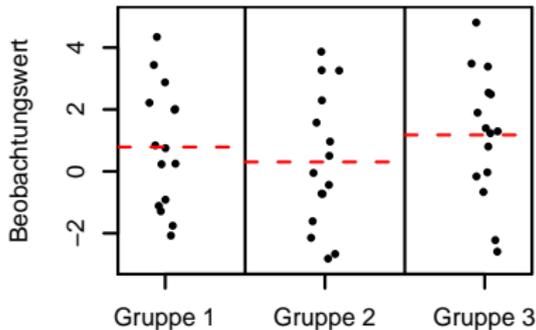
JOHANNES GUTENBERG
UNIVERSITÄT MAINZ

Inhalt

- 1 Einfaktorielle Varianzanalyse und F -Test
 - Über paarweise Vergleiche und multiples Testen
- 2 Ein Beispiel zur Diskriminanzanalyse: Ruf des Kleinspechts
 - Modell
 - Vorgehen der Diskriminanzanalyse
 - (Mehrdimensionale) Normalverteilung
 - Zurück zu den Rufen
 - eine Variable
 - zwei Variable
 - zehn Dimensionen

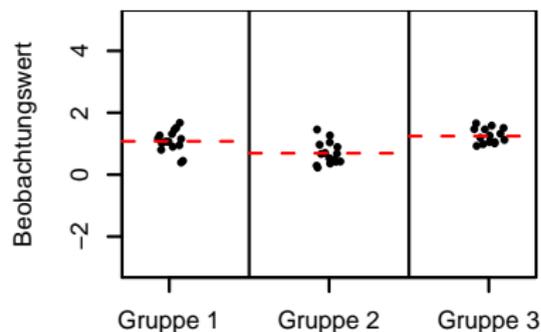
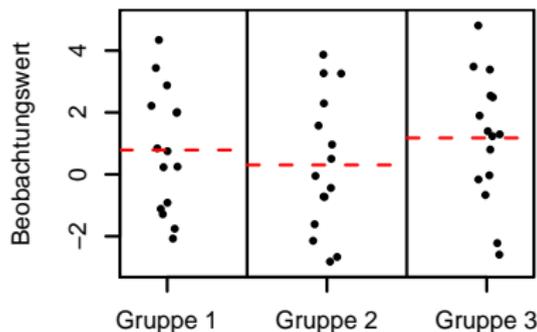
Grundidee der Varianzanalyse

Wir beobachten unterschiedliche Gruppenmittelwerte:



Grundidee der Varianzanalyse

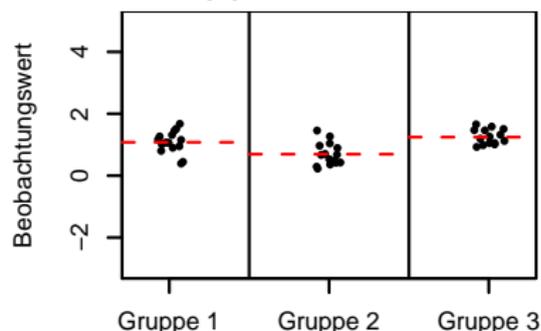
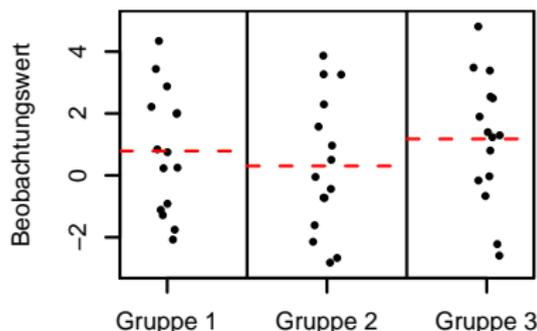
Wir beobachten unterschiedliche Gruppenmittelwerte:



Sind die beobachteten Unterschiede der Gruppenmittelwerte ernst zu nehmen — oder könnte das alles Zufall sein?

Grundidee der Varianzanalyse

Wir beobachten unterschiedliche Gruppenmittelwerte:

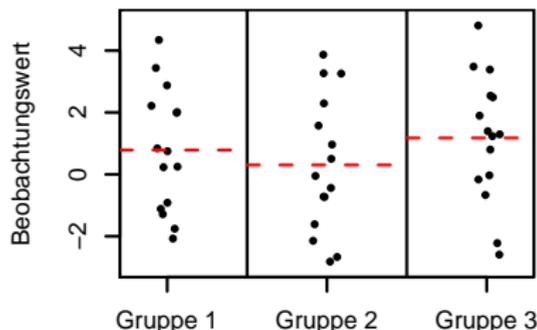


Sind die beobachteten Unterschiede der Gruppenmittelwerte ernst zu nehmen — oder könnte das alles Zufall sein?

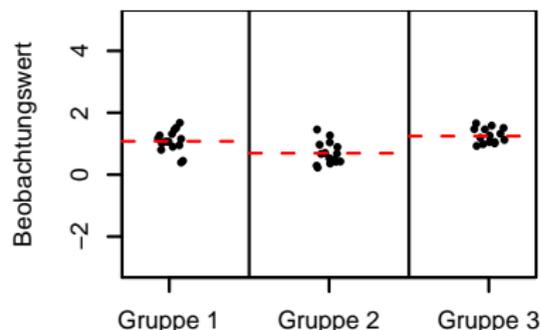
Das hängt vom Verhältnis der Variabilität der Gruppenmittelwerte und der Variabilität der Beobachtungen innerhalb der Gruppen ab:

Grundidee der Varianzanalyse

Wir beobachten unterschiedliche Gruppenmittelwerte:



Variabilität innerhalb
der Gruppen groß



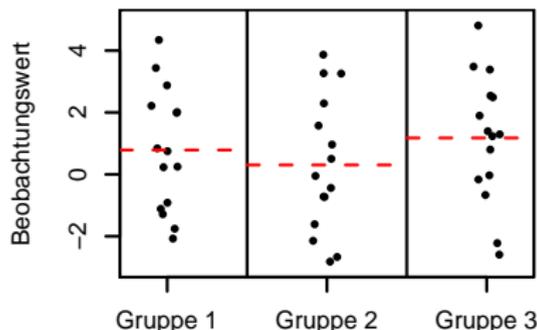
Variabilität innerhalb
der Gruppen klein

Sind die beobachteten Unterschiede der Gruppenmittelwerte ernst zu nehmen — oder könnte das alles Zufall sein?

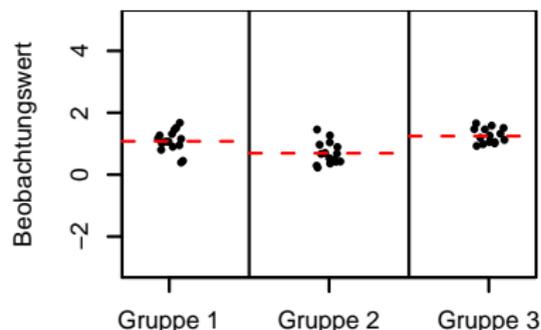
Das hängt vom Verhältnis der Variabilität der Gruppenmittelwerte und der Variabilität der Beobachtungen innerhalb der Gruppen ab:

Grundidee der Varianzanalyse

Wir beobachten unterschiedliche Gruppenmittelwerte:



Variabilität innerhalb
der Gruppen groß



Variabilität innerhalb
der Gruppen klein

Sind die beobachteten Unterschiede der Gruppenmittelwerte ernst zu nehmen — oder könnte das alles Zufall sein?

Das hängt vom Verhältnis der Variabilität der Gruppenmittelwerte und der Variabilität der Beobachtungen innerhalb der Gruppen ab: die Varianzanalyse gibt eine (quantitative) Antwort.

Beispiel: Blutgerinnungszeiten

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gruppe	Beobachtung							
1	62	60	63	59				
2	63	67	71	64	65	66		
3	68	66	71	67	68	68		
4	56	62	60	61	63	64	63	59

Beispiel: Blutgerinnungszeiten

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gruppe	Beobachtung								
1	62	60	63	59					
2	63	67	71	64	65	66			
3	68	66	71	67	68	68			
4	56	62	60	61	63	64	63	59	

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_{1.} = 61$, $\bar{x}_{2.} = 66$, $\bar{x}_{3.} = 68$, $\bar{x}_{4.} = 61$.

Beispiel: Blutgerinnungszeiten

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gruppe	Beobachtung							
1	62	60	63	59				
2	63	67	71	64	65	66		
3	68	66	71	67	68	68		
4	56	62	60	61	63	64	63	59

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_{1.} = 61$, $\bar{x}_{2.} = 66$, $\bar{x}_{3.} = 68$, $\bar{x}_{4.} = 61$.

Bemerkung: Der Globalmittelwert ist in diesem Beispiel auch der Mittelwert der Gruppenmittelwerte. Das muss aber nicht immer so sein!

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1 = 61$, $\bar{x}_2 = 66$, $\bar{x}_3 = 68$, $\bar{x}_4 = 61$.

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_{1.} = 61$, $\bar{x}_{2.} = 66$, $\bar{x}_{3.} = 68$, $\bar{x}_{4.} = 61$.

Die **roten** Werte (ohne die Quadrate) heißen **Residuen**: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1 = 61$, $\bar{x}_2 = 66$, $\bar{x}_3 = 68$, $\bar{x}_4 = 61$.

Die roten Werte (ohne die Quadrate) heißen Residuen: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Quadratsumme innerhalb der Gruppen:

$$SS_{\text{innerh}} = 112,$$

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}_{..} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1 = 61$, $\bar{x}_2 = 66$, $\bar{x}_3 = 68$, $\bar{x}_4 = 61$.

Die roten Werte (ohne die Quadrate) heißen Residuen: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Quadratsumme innerhalb der Gruppen:

$ss_{\text{innerh}} = 112$, 20 Freiheitsgrade

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}.. = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1. = 61$, $\bar{x}_2. = 66$, $\bar{x}_3. = 68$, $\bar{x}_4. = 61$.

Die roten Werte (ohne die Quadrate) heißen Residuen: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Quadratsumme innerhalb der Gruppen:

$$ss_{\text{innerh}} = 112, 20 \text{ Freiheitsgrade}$$

Quadratsumme zwischen den Gruppen:

$$ss_{\text{zw}} = 4 \cdot (61 - 64)^2 + 6 \cdot (66 - 64)^2 + 6 \cdot (68 - 64)^2 + 8 \cdot (61 - 64)^2 = 228,$$

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x}.. = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1. = 61$, $\bar{x}_2. = 66$, $\bar{x}_3. = 68$, $\bar{x}_4. = 61$.

Die roten Werte (ohne die Quadrate) heißen Residuen: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Quadratsumme innerhalb der Gruppen:

$$ss_{\text{innerh}} = 112, 20 \text{ Freiheitsgrade}$$

Quadratsumme zwischen den Gruppen:

$$ss_{\text{zw}} = 4 \cdot (61 - 64)^2 + 6 \cdot (66 - 64)^2 + 6 \cdot (68 - 64)^2 + 8 \cdot (61 - 64)^2 = 228,$$

3 Freiheitsgrade

Beispiel

Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

Gr.	\bar{x}_j	Beobachtung							
1	61	62	60	63	59				
		$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$				
2	66	63	67	71	64	65	66		
		$(63 - 66)^2$	$(67 - 66)^2$	$(71 - 66)^2$	$(64 - 66)^2$	$(65 - 66)^2$	$(66 - 66)^2$		
3	68	68	66	71	67	68	68		
		$(68 - 68)^2$	$(66 - 68)^2$	$(71 - 68)^2$	$(67 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$	$(68 - 68)^2$		
4	61	56	62	60	61	63	64	63	59
		$(56 - 61)^2$	$(62 - 61)^2$	$(60 - 61)^2$	$(61 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(64 - 61)^2$	$(63 - 61)^2$	$(59 - 61)^2$

Globalmittelwert $\bar{x} = 64$,

Gruppenmittelwerte $\bar{x}_1 = 61$, $\bar{x}_2 = 66$, $\bar{x}_3 = 68$, $\bar{x}_4 = 61$.

Die roten Werte (ohne die Quadrate) heißen Residuen: die „Restvariabilität“ der Beobachtungen, die das Modell nicht erklärt.

Quadratsumme innerhalb der Gruppen:

$$ss_{\text{innerh}} = 112, 20 \text{ Freiheitsgrade}$$

Quadratsumme zwischen den Gruppen:

$$ss_{\text{zw}} = 4 \cdot (61 - 64)^2 + 6 \cdot (66 - 64)^2 + 6 \cdot (68 - 64)^2 + 8 \cdot (61 - 64)^2 = 228,$$

3 Freiheitsgrade

$$F = \frac{ss_{\text{zw}}/3}{ss_{\text{innerh}}/20} = \frac{76}{5,6} = 13,57$$

Beispiel: Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

ANOVA-Tafel („ANalysis Of VAriance“)

	Freiheits- grade (DF)	Quadrat- summe (SS)	mittlere Quadrat- summe (SS/DF)	F-Wert
Gruppe	3	228	76	13,57
Residuen	20	112	5,6	

Beispiel: Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

ANOVA-Tafel („ANalysis Of VAriance“)

	Freiheits- grade (DF)	Quadrat- summe (SS)	mittlere Quadrat- summe (SS/DF)	F -Wert
Gruppe	3	228	76	13,57
Residuen	20	112	5,6	

Unter der Hypothese H_0 „die Gruppenmittelwerte sind gleich“ (und einer Normalverteilungsannahme an die Beobachtungen) ist F Fisher-verteilt mit 3 und 20 Freiheitsgraden,
 $p = \text{Fisher}_{3,20}([13,57, \infty)) \leq 5 \cdot 10^{-5}$.

Beispiel: Blutgerinnungszeit bei Ratten unter 4 versch. Behandlungen

ANOVA-Tafel („ANalysis Of VAriance“)

	Freiheits- grade (DF)	Quadrat- summe (SS)	mittlere Quadrat- summe (SS/DF)	F -Wert
Gruppe	3	228	76	13,57
Residuen	20	112	5,6	

Unter der Hypothese H_0 „die Gruppenmittelwerte sind gleich“ (und einer Normalverteilungsannahme an die Beobachtungen) ist F Fisher-verteilt mit 3 und 20 Freiheitsgraden,
 $p = \text{Fisher}_{3,20}([13,57, \infty)) \leq 5 \cdot 10^{-5}$.

Wir lehnen demnach H_0 ab.



Sir Ronald Aylmer Fisher,
1890–1962

F -Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,
 $X_{ij} = j$ -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

F -Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,

$X_{ij} = j$ -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$,

mit unabhängigen, normalverteilten ε_{ij} , $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

F -Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$,

mit unabhängigen, normalverteilten ε_{ij} , $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

(μ_i ist der „wahre“ Mittelwert innerhalb der i -ten Gruppe.)

F-Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$,

mit unabhängigen, normalverteilten ε_{ij} , $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

(μ_i ist der „wahre“ Mittelwert innerhalb der i -ten Gruppe.)

$\bar{X}_{..} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirisches) „Globalmittel“

$\bar{X}_{i.} = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirischer) Mittelwert der i -ten Gruppe

F-Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$,

mit unabhängigen, normalverteilten ε_{ij} , $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

(μ_i ist der „wahre“ Mittelwert innerhalb der i -ten Gruppe.)

$\bar{X}_{..} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirisches) „Globalmittel“

$\bar{X}_{i.} = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirischer) Mittelwert der i -ten Gruppe

$SS_{\text{innerh}} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} (X_{ij} - \bar{X}_{i.})^2$ Quadratsumme innerhalb d. Gruppen,
 $n - l$ Freiheitsgrade

$SS_{\text{zw}} = \sum_{i=1}^l n_i (\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})^2$ Quadratsumme zwischen d. Gruppen,
 $l - 1$ Freiheitsgrade

F-Test

$n = n_1 + n_2 + \dots + n_l$ Beobachtungen in l Gruppen,

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$.

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$,

mit unabhängigen, normalverteilten ε_{ij} , $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

(μ_i ist der „wahre“ Mittelwert innerhalb der i -ten Gruppe.)

$\bar{X}_{..} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirisches) „Globalmittel“

$\bar{X}_{i.} = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}$ (empirischer) Mittelwert der i -ten Gruppe

$SS_{\text{innerh}} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} (X_{ij} - \bar{X}_{i.})^2$ Quadratsumme innerhalb d. Gruppen,
 $n - l$ Freiheitsgrade

$SS_{\text{zw}} = \sum_{i=1}^l n_i (\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})^2$ Quadratsumme zwischen d. Gruppen,
 $l - 1$ Freiheitsgrade

$$F = \frac{SS_{\text{zw}} / (l - 1)}{SS_{\text{innerh}} / (n - l)}$$

F-Test

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$,

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$. $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

$SS_{\text{innerh}} = \sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^{n_i} (X_{ij} - \bar{X}_{i\cdot})^2$ Quadratsumme innerhalb d. Gruppen,
 $n - I$ Freiheitsgrade

$SS_{\text{zw}} = \sum_{i=1}^I n_i (\bar{X}_{i\cdot} - \bar{X}_{\cdot\cdot})^2$ Quadratsumme zwischen d. Gruppen,
 $I - 1$ Freiheitsgrade

$$F = \frac{SS_{\text{zw}} / (I - 1)}{SS_{\text{innerh}} / (n - I)}$$

F-Test

X_{ij} = j -te Beobachtung in der i -ten Gruppe, $j = 1, \dots, n_i$,

Modellannahme: $X_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij}$. $\mathbb{E}[\varepsilon_{ij}] = 0$, $\text{Var}[\varepsilon_{ij}] = \sigma^2$

$SS_{\text{innerh}} = \sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^{n_i} (X_{ij} - \bar{X}_{i\cdot})^2$ Quadratsumme innerhalb d. Gruppen,
 $n - I$ Freiheitsgrade

$SS_{\text{zw}} = \sum_{i=1}^I n_i (\bar{X}_{i\cdot} - \bar{X}_{\cdot\cdot})^2$ Quadratsumme zwischen d. Gruppen,
 $I - 1$ Freiheitsgrade

$$F = \frac{SS_{\text{zw}} / (I - 1)}{SS_{\text{innerh}} / (n - I)}$$

Unter der Hypothese $H_0 : \mu_1 = \dots = \mu_I$ („alle μ_i sind gleich“) ist F Fisher-verteilt mit $I - 1$ und $n - I$ Freiheitsgraden (unabhängig vom tatsächlichen gemeinsamen Wert der μ_i).

F-Test: Wir lehnen H_0 zum Signifikanzniveau α ab, wenn $F \geq q_\alpha$, wobei q_α das $(1 - \alpha)$ -Quantil der Fisher-Verteilung mit $I - 1$ und $n - I$ Freiheitsgraden ist.

Berechnung der Signifikanz mit R

Wie muss man q wählen, damit $\mathbb{P}(F \leq q) = 0.95$ für Fisher(6,63)-verteiltes F ?

```
> qf(0.95, df1=6, df2=63)  
[1] 2.246408
```

Berechnung der Signifikanz mit R

Wie muss man q wählen, damit $\mathbb{P}(F \leq q) = 0.95$ für Fisher(6,63)-verteiltes F ?

```
> qf(0.95, df1=6, df2=63)
[1] 2.246408
```

p-Wert-Berechnung: Wie wahrscheinlich ist es, dass eine Fisher(3,20)-verteilte Zufallsgröße einen Wert ≥ 13.57 annimmt?

```
> pf(13.57, df1=3, df2=20, lower.tail=FALSE)
[1] 4.66169e-05
```

Tabelle der 95%-Quantile der F-Verteilung

Die folgende Tabelle zeigt (auf 2 Nachkommastellen gerundet) das 95%-Quantil der Fisher-Verteilung mit k_1 und k_2 Freiheitsgraden (k_1 Zähler- und k_2 Nennerfreiheitsgrade)

$k_2 \backslash k_1$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	161.45	199.5	215.71	224.58	230.16	233.99	236.77	238.88	240.54	241.88	242.98
2	18.51	19	19.16	19.25	19.3	19.33	19.35	19.37	19.38	19.4	19.4
3	10.13	9.55	9.28	9.12	9.01	8.94	8.89	8.85	8.81	8.79	8.76
4	7.71	6.94	6.59	6.39	6.26	6.16	6.09	6.04	6	5.96	5.94
5	6.61	5.79	5.41	5.19	5.05	4.95	4.88	4.82	4.77	4.74	4.7
6	5.99	5.14	4.76	4.53	4.39	4.28	4.21	4.15	4.1	4.06	4.03
7	5.59	4.74	4.35	4.12	3.97	3.87	3.79	3.73	3.68	3.64	3.6
8	5.32	4.46	4.07	3.84	3.69	3.58	3.5	3.44	3.39	3.35	3.31
9	5.12	4.26	3.86	3.63	3.48	3.37	3.29	3.23	3.18	3.14	3.1
10	4.96	4.1	3.71	3.48	3.33	3.22	3.14	3.07	3.02	2.98	2.94
11	4.84	3.98	3.59	3.36	3.2	3.09	3.01	2.95	2.9	2.85	2.82
12	4.75	3.89	3.49	3.26	3.11	3	2.91	2.85	2.8	2.75	2.72
13	4.67	3.81	3.41	3.18	3.03	2.92	2.83	2.77	2.71	2.67	2.63
14	4.6	3.74	3.34	3.11	2.96	2.85	2.76	2.7	2.65	2.6	2.57
15	4.54	3.68	3.29	3.06	2.9	2.79	2.71	2.64	2.59	2.54	2.51
16	4.49	3.63	3.24	3.01	2.85	2.74	2.66	2.59	2.54	2.49	2.46
17	4.45	3.59	3.2	2.96	2.81	2.7	2.61	2.55	2.49	2.45	2.41
18	4.41	3.55	3.16	2.93	2.77	2.66	2.58	2.51	2.46	2.41	2.37
19	4.38	3.52	3.13	2.9	2.74	2.63	2.54	2.48	2.42	2.38	2.34
20	4.35	3.49	3.1	2.87	2.71	2.6	2.51	2.45	2.39	2.35	2.31

Varianzanalyse komplett in R

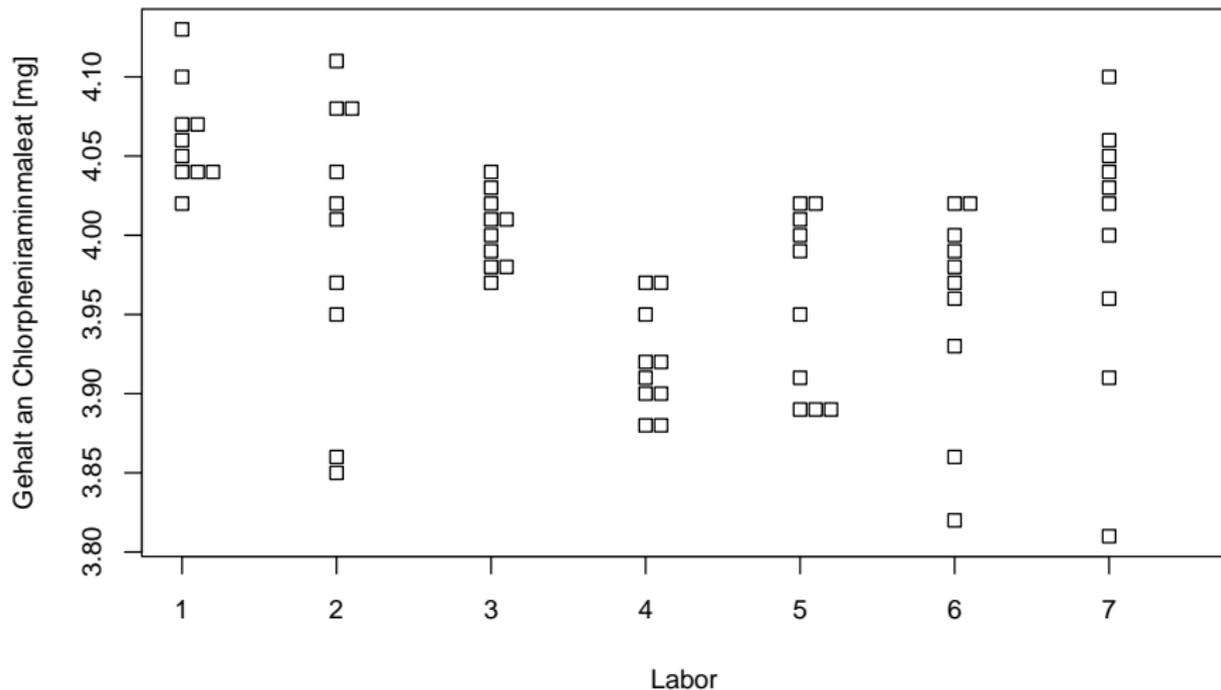
Die Text-Datei gerinnung.txt enthält eine Spalte "bgz" mit den Blutgerinnungszeiten und eine Spalte "beh" mit der Behandlung (A,B,C,D).

```
> rat<-read.table("gerinnung.txt",header=TRUE)
> rat.aov <- aov(bgz~beh,data=rat)
> summary(rat.aov)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
beh	3	228	76.0	13.571	4.658e-05 ***
Residuals	20	112	5.6		

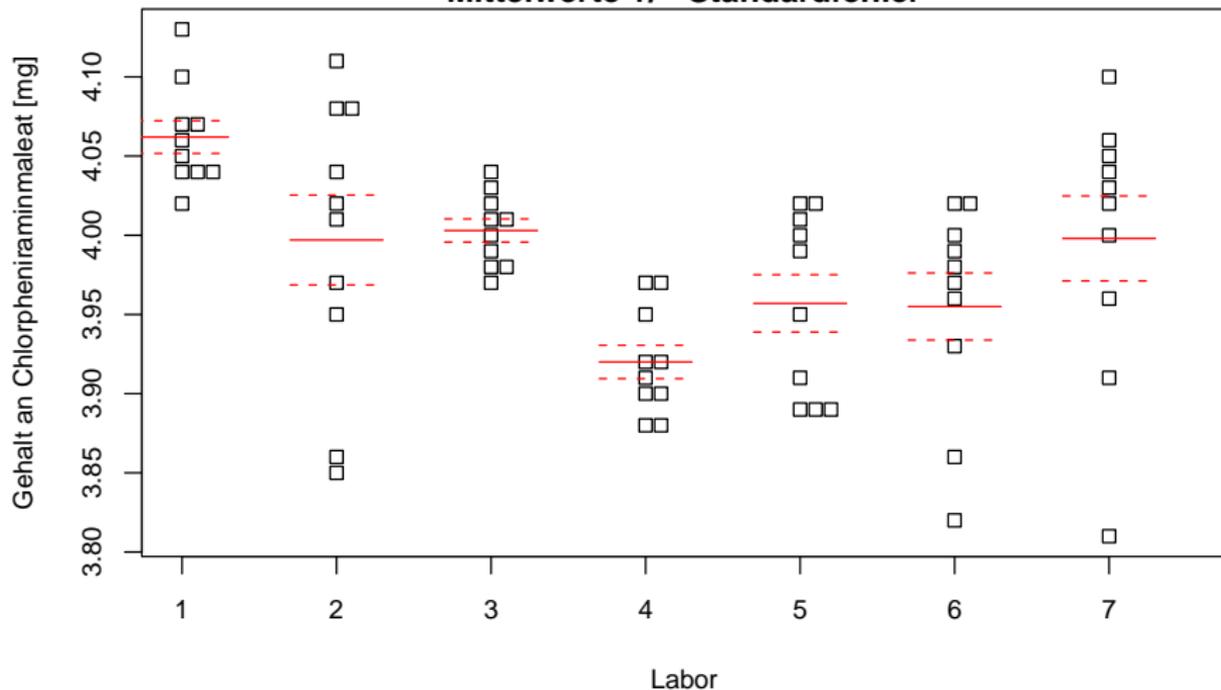
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1

7 verschiedene Labors haben jeweils 10 Messungen des Chlorpheniraminmaleat-Gehalts von Medikamentenproben vorgenommen:



Daten aus R.D. Kirchhoefer, Semiautomated method for the analysis of chlorpheniramine maleate tablets: collaborative study, *J. Assoc. Off. Anal. Chem.* 62(6):1197-1201 (1979),
 zitiert nach John A. Rice, *Mathematical statistics and data analysis*, 2nd ed., Wadsworth, 1995

7 verschiedene Labors haben jeweils 10 Messungen des Chlorpheniraminmaleat-Gehalts von Medikamentenproben vorgenommen: Mittelwerte \pm Standardfehler



Daten aus R.D. Kirchhoefer, Semiautomated method for the analysis of chlorpheniramine maleate tablets: collaborative study, *J. Assoc. Off. Anal. Chem.* 62(6):1197-1201 (1979),
zitiert nach John A. Rice, *Mathematical statistics and data analysis*, 2nd ed., Wadsworth, 1995

Beachte: Die Labore sind mit Zahlen nummeriert. Damit R das nicht als numerische Werte sondern als Nummern der Labore auffasst, müssen wir die Variable "Labor" in einen sog. Factor umwandeln:

```
> chlor <- read.table("chlorpheniraminmaleat.txt")
> str(chlor)
'data.frame': 70 obs. of 2 variables:
 $ Gehalt: num 4.13 4.07 4.04 4.07 4.05 4.04 4.02 4.06 4
 $ Labor : int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
> chlor$Labor <- as.factor(chlor$Labor)
> str(chlor)
'data.frame': 70 obs. of 2 variables:
 $ Gehalt: num 4.13 4.07 4.04 4.07 4.05 4.04 4.02 4.06 4
 $ Labor : Factor w/ 7 levels "1","2","3","4",...: 1 1 1 1
```

Nun können wir die Varianzanalyse durchführen:

```
> chlor.aov <- aov(Gehalt~Labor,data=chlor)
> summary(chlor.aov)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Labor	6	0.12474	0.020789	5.6601	9.453e-05 ***
Residuals	63	0.23140	0.003673		

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

Inhalt

- 1 Einfaktorielle Varianzanalyse und F -Test
 - Über paarweise Vergleiche und multiples Testen
- 2 Ein Beispiel zur Diskriminanzanalyse: Ruf des Kleinspechts
 - Modell
 - Vorgehen der Diskriminanzanalyse
 - (Mehrdimensionale) Normalverteilung
 - Zurück zu den Rufen
 - eine Variable
 - zwei Variable
 - zehn Dimensionen

Die Varianzanalyse zeigte, dass es signifikante Unterschiede zwischen den Laboren gibt.

Die Varianzanalyse zeigte, dass es signifikante Unterschiede zwischen den Laboren gibt.

Aber welche Labore unterscheiden sich signifikant?

Die Varianzanalyse zeigte, dass es signifikante Unterschiede zwischen den Laboren gibt.

Aber welche Labore unterscheiden sich signifikant?

p -Werte aus paarweisen Vergleichen mittels *t*-Tests:

	Lab2	Lab3	Lab4	Lab5	Lab6	Lab7
Lab1	0.05357	0.00025	0.00000	0.00017	0.00055	0.04657
Lab2		0.84173	0.02654	0.25251	0.25224	0.97985
Lab3			0.00001	0.03633	0.05532	0.86076
Lab4				0.09808	0.16280	0.01944
Lab5					0.94358	0.22336
Lab6						0.22543

Wir haben 21 paarweise Vergleiche; auf dem 5%-Niveau zeigen einige davon Signifikanz an.

Wir haben 21 paarweise Vergleiche; auf dem 5%-Niveau zeigen einige davon Signifikanz an.

Problem des Multiplen Testens: Wenn die Nullhypothese (“alles nur Zufallsschwankungen”) stimmt, verwirft man im Schnitt bei 5% der Tests die Nullhypothese zu Unrecht.

Wir haben 21 paarweise Vergleiche; auf dem 5%-Niveau zeigen einige davon Signifikanz an.

Problem des Multiplen Testens: Wenn die Nullhypothese (“alles nur Zufallsschwankungen”) stimmt, verwirft man im Schnitt bei 5% der Tests die Nullhypothese zu Unrecht. Testet man mehr als 20 mal und gelten jeweils die Nullhypothesen, wird man im Schnitt mehr als eine Nullhypothese zu Unrecht verwerfen.

Wir haben 21 paarweise Vergleiche; auf dem 5%-Niveau zeigen einige davon Signifikanz an.

Problem des Multiplen Testens: Wenn die Nullhypothese (“alles nur Zufallsschwankungen”) stimmt, verwirft man im Schnitt bei 5% der Tests die Nullhypothese zu Unrecht. Testet man mehr als 20 mal und gelten jeweils die Nullhypothesen, wird man im Schnitt mehr als eine Nullhypothese zu Unrecht verwerfen.

Daher sollte man bei multiplen Tests mit korrigierten p -Werten arbeiten.

Wir haben 21 paarweise Vergleiche; auf dem 5%-Niveau zeigen einige davon Signifikanz an.

Problem des Multiplen Testens: Wenn die Nullhypothese (“alles nur Zufallsschwankungen”) stimmt, verwirft man im Schnitt bei 5% der Tests die Nullhypothese zu Unrecht. Testet man mehr als 20 mal und gelten jeweils die Nullhypothesen, wird man im Schnitt mehr als eine Nullhypothese zu Unrecht verwerfen.

Daher sollte man bei multiplen Tests mit korrigierten p -Werten arbeiten.

Eine ganz allgemeine Korrektur für multiples Testen ist die **Bonferroni-Methode**: Multipliziere jeden p -Wert mit der Anzahl n der durchgeführten Tests.

Beispiel: Paarweise Vergleiche (mittels *t*-Test) für die Blutgerinnungszeiten bei vier verschiedenen Behandlungen, zunächst ohne Korrektur für multiples Testen:

	B	C	D
A	0.00941	0.00078	1.00000
B		0.17383	0.00663
C			0.00006

Beispiel: Paarweise Vergleiche (mittels *t*-Test) für die Blutgerinnungszeiten bei vier verschiedenen Behandlungen, zunächst ohne Korrektur für multiples Testen:

	B	C	D
A	0.00941	0.00078	1.00000
B		0.17383	0.00663
C			0.00006

Nun mit Bonferroni-Korrektur (alle Werte mit $\binom{4}{2} = 6$ multiplizieren):

	B	C	D
A	0.05646	0.00468	6.00000
B		1.04298	0.03978
C			0.00036

Beispiel: Paarweise Vergleiche (mittels *t*-Test) für die Blutgerinnungszeiten bei vier verschiedenen Behandlungen, zunächst ohne Korrektur für multiples Testen:

	B	C	D
A	0.00941	0.00078	1.00000
B		0.17383	0.00663
C			0.00006

Nun mit Bonferroni-Korrektur (alle Werte mit $\binom{4}{2} = 6$ multiplizieren):

	B	C	D
A	0.05646	0.00468	6.00000
B		1.04298	0.03978
C			0.00036

Nach Bonferroni-Korrektur führen folgende Paare von Behandlungen zu jeweils signifikant unterschiedlichen Ergebnissen: A/C, B/D sowie C/D.

Beispiel: Paarweise Vergleiche (mittels *t*-Test) für die Blutgerinnungszeiten bei vier verschiedenen Behandlungen, zunächst ohne Korrektur für multiples Testen:

	B	C	D
A	0.00941	0.00078	1.00000
B		0.17383	0.00663
C			0.00006

Nun mit Bonferroni-Korrektur (alle Werte mit $\binom{4}{2} = 6$ multiplizieren):

	B	C	D
A	0.05646	0.00468	6.00000
B		1.04298	0.03978
C			0.00036

Nach Bonferroni-Korrektur führen folgende Paare von Behandlungen zu jeweils signifikant unterschiedlichen Ergebnissen: A/C, B/D sowie C/D. (Der Bonferroni-korrigierte *p*-Wert von 6.0 für den Vergleich der Behandlungen A und D ist natürlich nicht als echter *p*-Wert zu interpretieren.)

Die Bonferroni-Methode ist sehr *konservativ*, d.h. um auf der sicheren Seite zu sein, lässt man sich lieber die eine oder andere Signifikanz entgehen.

Die Bonferroni-Methode ist sehr *konservativ*, d.h. um auf der sicheren Seite zu sein, lässt man sich lieber die eine oder andere Signifikanz entgehen.

Eine Verbesserung der Bonferroni-Methode ist die

Bonferroni-Holm-Methode: Ist k die Anzahl der Tests, so multipliziere den kleinsten p -Wert mit k , den zweitkleinsten mit $k - 1$, den drittkleinsten mit $k - 2$ usw.

Die Bonferroni-Methode ist sehr *konservativ*, d.h. um auf der sicheren Seite zu sein, lässt man sich lieber die eine oder andere Signifikanz entgehen.

Eine Verbesserung der Bonferroni-Methode ist die

Bonferroni-Holm-Methode: Ist k die Anzahl der Tests, so multipliziere den kleinsten p -Wert mit k , den zweitkleinsten mit $k - 1$, den drittkleinsten mit $k - 2$ usw.

In R gibt es den Befehl `p.adjust`, der p -Werte für multiples Testen korrigiert und dabei defaultmäßig Bonferroni-Holm verwendet:

```
> pv <- c(0.00941, 0.00078, 1.00000, 0.17383,
+         0.00663, 0.00006)
> p.adjust(pv)
[1] 0.02823 0.00390 1.00000 0.34766 0.02652 0.00036
> p.adjust(pv, method="bonferroni")
[1] 0.05646 0.00468 1.00000 1.00000 0.03978 0.00036
```

Für paarweise *t*-Tests gibt es ebenfalls eine R-Funktion, die per default die Bonferroni-Holm-Korrektur verwendet:

```
> pairwise.t.test(rat$bgz, rat$beh, pool.sd=FALSE)
```

```
Pairwise comparisons using t tests with non-pooled SD
```

```
data: rat$bgz and rat$beh
```

	A	B	C
B	0.02823	-	-
C	0.00391	0.34766	-
D	1.00000	0.02654	0.00035

```
P value adjustment method: holm
```

Inhalt

- 1 Einfaktorielle Varianzanalyse und F -Test
 - Über paarweise Vergleiche und multiples Testen
- 2 Ein Beispiel zur Diskriminanzanalyse: Ruf des Kleinspechts
 - Modell
 - Vorgehen der Diskriminanzanalyse
 - (Mehrdimensionale) Normalverteilung
 - Zurück zu den Rufen
 - eine Variable
 - zwei Variable
 - zehn Dimensionen



photo (c) Thermos

ein Kleinspecht (*Picoides minor*)

Man kann die Geschlechter optisch unterscheiden.

Man kann die Geschlechter optisch unterscheiden.
Frage: Geht es auch akustisch?

Ruf des Kleinspechts:

... ki — ki — ki — ki — ki — ki — ki

Ruf des Kleinspechts:

Längen der letzten fünf **Pausen**

... ki — ki **p1** — ki **p2** — ki **p3** — ki **p4** — ki **p5** — ki

Ruf des Kleinspechts:

Längen der letzten fünf **Pausen** und **Laute**

...	ki	—	ki	—	ki	—	ki	—	ki	—	ki	—	ki
			p1		p2		p3		p4		p5		
			l1		l2		l3		l4		l5		

Frage:

Frage:

Kann man aus den Längen der Pausen
und der Laute

Frage:

Kann man aus den Längen der Pausen
und der Laute

($p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5$)

Frage:

Kann man aus den Längen der Pausen
und der Laute

($p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5$)

das Geschlecht bestimmen?

Daten: 62 Rufe von Kleinspechten

Daten: 62 Rufe von Kleinspechten

18 Rufe von Männchen

44 Rufe von Weibchen

Daten: 62 Rufe von Kleinspechten

18 Rufe von Männchen

44 Rufe von Weibchen

Daten von Dr. Kerstin Höntsch, Frankfurt
(siehe <http://www.kleinspecht.de>)

aufbereitet von Dr. Brooks Ferebee, Frankfurt

Die Daten in computergerechter Form:

	G	p1	p2	p3	p4	p5	l1	l2	l3	l4	l5
1	1	0.1719	0.1581	0.1726	0.1785	0.1697	0.0740	0.0703	0.0674	0.0725	0.0660
2	1	0.1052	0.1175	0.0986	0.1008	0.1052	0.0957	0.1023	0.0950	0.0957	0.0943
3	1	0.1473	0.1407	0.1393	0.1407	0.1465	0.0754	0.0776	0.0769	0.0725	0.0653
4	1	0.1378	0.1400	0.1552	0.1828	0.1393	0.0718	0.0667	0.0645	0.0754	0.0747
5	1	0.1473	0.1371	0.1284	0.1509	0.1371	0.0740	0.0696	0.0725	0.0718	0.0718
6	1	0.1175	0.1451	0.1393	0.1407	0.1661	0.0740	0.0711	0.0754	0.0689	0.0565
7	1	0.1385	0.1262	0.1487	0.1407	0.1603	0.0653	0.0696	0.0747	0.0776	0.0725
8	1	0.1197	0.1146	0.1204	0.1182	0.1161	0.0783	0.0805	0.0783	0.0878	0.0696
9	1	0.1393	0.1269	0.1458	0.1429	0.1291	0.0761	0.0761	0.0769	0.0856	0.0725
10	1	0.1197	0.1204	0.1124	0.1146	0.1240	0.0754	0.0769	0.0848	0.0798	0.0645
11	1	0.1625	0.1589	0.1385	0.1502	0.1690	0.0638	0.0689	0.0696	0.0645	0.0529
12	1	0.1298	0.1465	0.1349	0.1400	0.1756	0.0812	0.0747	0.0747	0.0689	0.0602
13	1	0.1204	0.1226	0.1306	0.1465	0.1581	0.0761	0.0754	0.0674	0.0631	0.0689
14	1	0.1110	0.1081	0.1233	0.1248	0.1385	0.0732	0.0747	0.0732	0.0660	0.0587
15	1	0.1139	0.1313	0.1371	0.1589	0.1777	0.0689	0.0674	0.0682	0.0682	0.0711
16	1	0.1335	0.1168	0.1248	0.1313	0.1306	0.0718	0.0703	0.0689	0.0682	0.0667
17	1	0.1407	0.1407	0.1284	0.1400	0.1516	0.0725	0.0696	0.0740	0.0667	0.0696
18	1	0.1204	0.1182	0.1204	0.1269	0.1538	0.0805	0.0718	0.0769	0.0696	0.0645
19	2	0.1044	0.1204	0.1298	0.1393	0.1153	0.1110	0.1211	0.1342	0.0972	0.1037
20	2	0.1436	0.1342	0.1248	0.1581	0.1966	0.1451	0.1400	0.1335	0.1371	0.1240
21	2	0.0907	0.0943	0.0936	0.0936	0.1168	0.0921	0.0812	0.0798	0.0761	0.0674
22	2	0.0921	0.0979	0.1015	0.1015	0.1385	0.0827	0.0827	0.0754	0.0696	0.0653
23	2	0.1052	0.1168	0.1161	0.1306	0.1545	0.0776	0.0732	0.0725	0.0711	0.0609
24	2	0.0928	0.0936	0.0943	0.1066	0.1197	0.0819	0.0863	0.0812	0.0819	0.0805
25	2	0.1516	0.1494	0.1603	0.2140	0.1915	0.1414	0.1429	0.1306	0.1385	0.1044

...

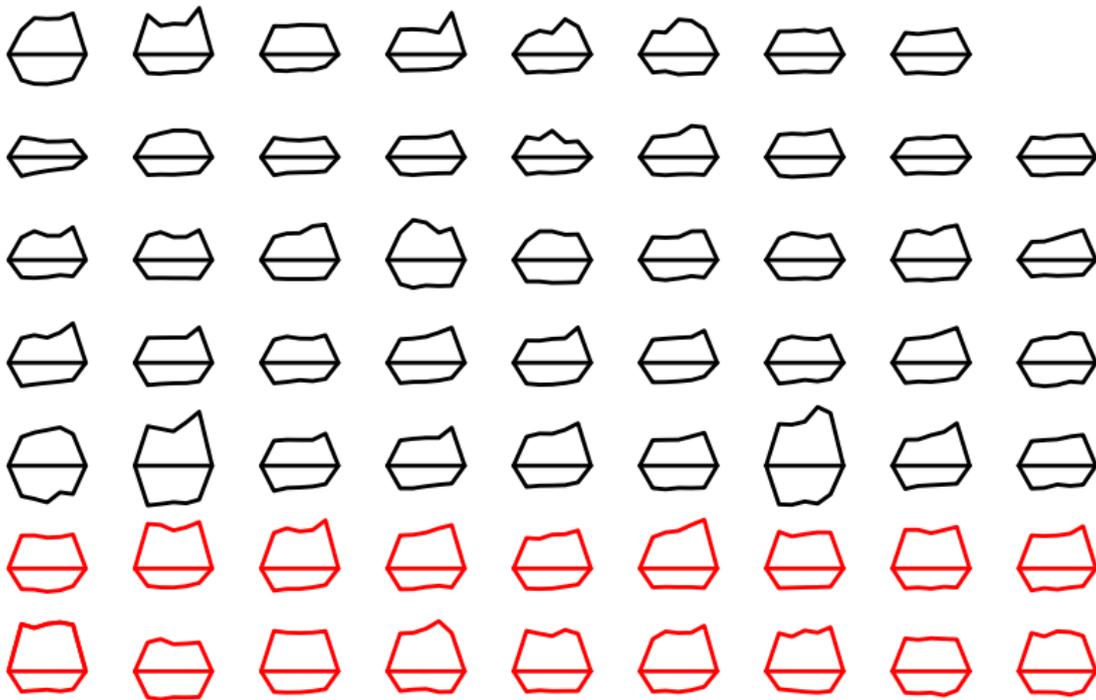
Gesucht:

Gesucht:

eine dem
menschlichen Gehirn gerechte
Darstellung des Vektors

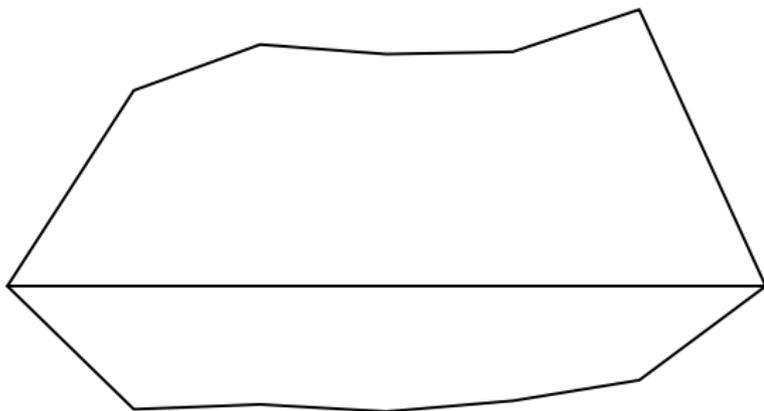
(p1, p2,p3, p4,p5, l1, l2, l3, l4, l5)

Alle 62 Rufe: rot=Männchen, schwarz=Weibchen



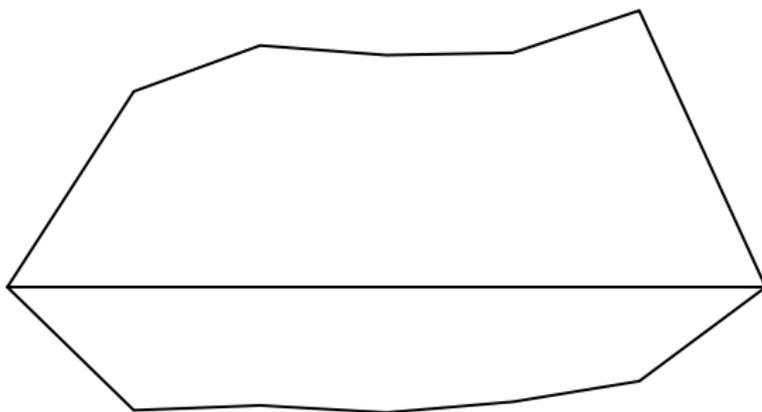
Mit dem Auge kann man Unterschiede erkennen:

Männchen oder Weibchen?

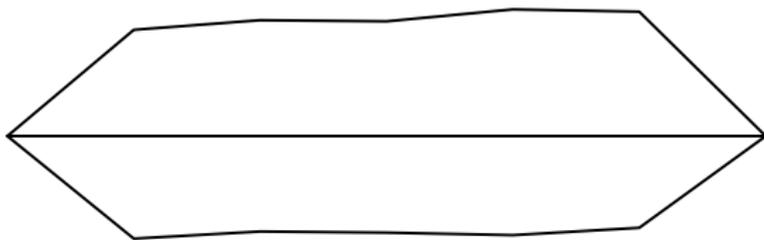


Männchen oder Weibchen?

Typisch Männchen

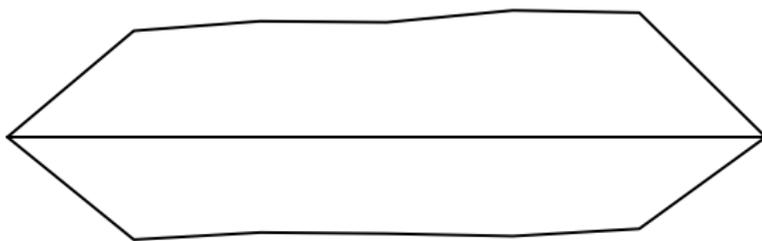


Männchen oder Weibchen?

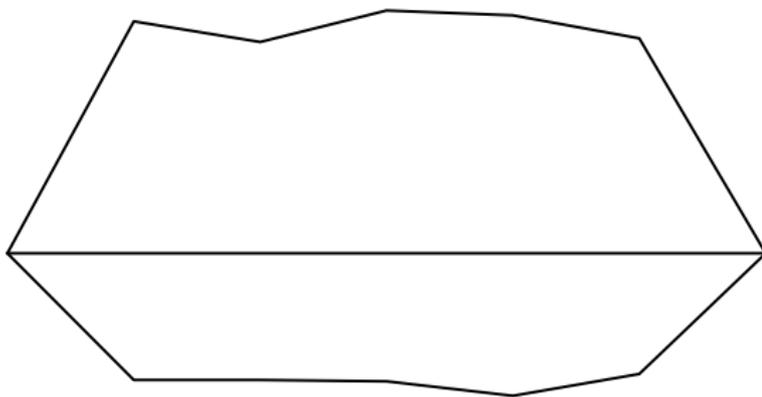


Männchen oder Weibchen?

Typisch Weibchen

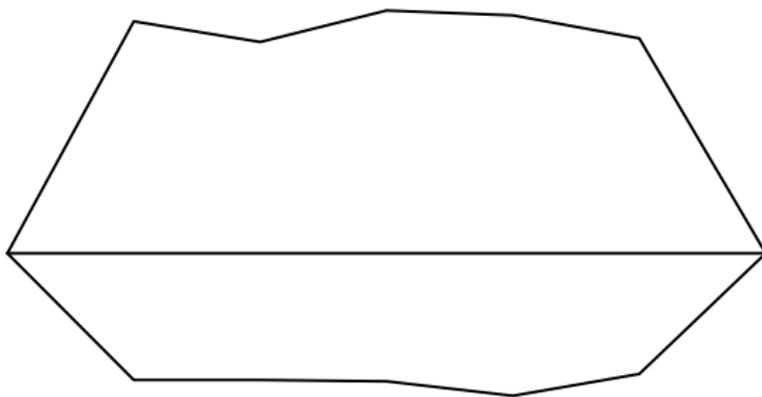


Männchen oder Weibchen?

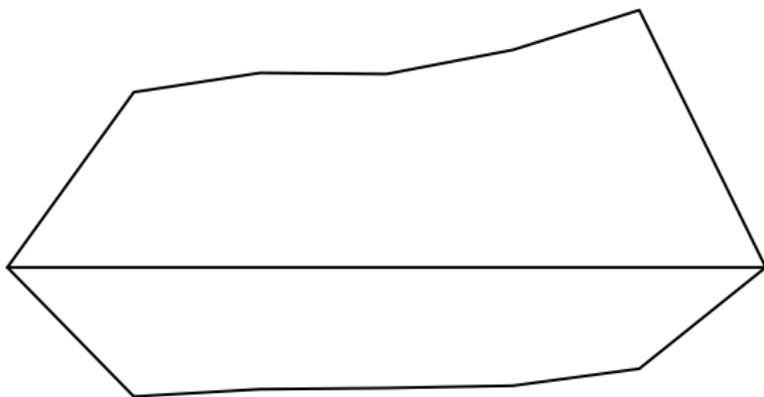


Männchen oder Weibchen?

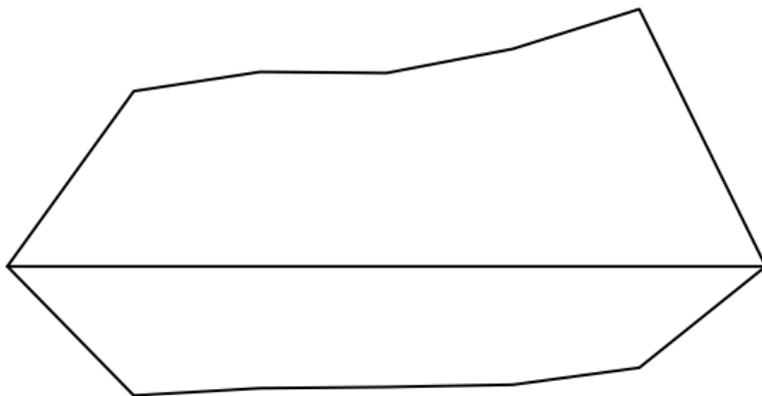
Männchen



Manchmal ist es schwierig:
Männchen oder Weibchen?



Manchmal ist es schwierig:
Männchen oder Weibchen?
Weibchen (untypisch)



Das Auge

Das Auge (das Gehirn)

Das Auge
(das Gehirn)
sieht Unterschiede.

Das Auge
(das Gehirn)
sieht Unterschiede.

Schafft es
der Computer

Das Auge
(das Gehirn)
sieht Unterschiede.

Schafft es
der Computer
(mit Hilfe der Mathematik)
auch?

Inhalt

- 1 Einfaktorielle Varianzanalyse und F -Test
 - Über paarweise Vergleiche und multiples Testen
- 2 Ein Beispiel zur Diskriminanzanalyse: Ruf des Kleinspechts
 - Modell
 - Vorgehen der Diskriminanzanalyse
 - (Mehrdimensionale) Normalverteilung
 - Zurück zu den Rufen
 - eine Variable
 - zwei Variable
 - zehn Dimensionen

Die 10 Zahlen

(p1, p2, p3, p4, p5, l1, l2, l3, l4, l5)

fassen wir als die Koordinaten eines Punktes im
10-dimensionalen Raum \mathbb{R}^{10} auf.

Die 10 Zahlen

(p1, p2, p3, p4, p5, l1, l2, l3, l4, l5)

fassen wir als die Koordinaten eines Punktes im
10-dimensionalen Raum \mathbb{R}^{10} auf.

Jeder Ruf entspricht einem Zufallspunkt im \mathbb{R}^{10} :

Die 10 Zahlen

($p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5$)

fassen wir als die Koordinaten eines Punktes im 10-dimensionalen Raum \mathbb{R}^{10} auf.

Jeder Ruf entspricht einem Zufallspunkt im \mathbb{R}^{10} :
Männchenrufe aus einer Population mit Dichte f_m

Die 10 Zahlen

($p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5$)

fassen wir als die Koordinaten eines Punktes im 10-dimensionalen Raum \mathbb{R}^{10} auf.

Jeder Ruf entspricht einem Zufallspunkt im \mathbb{R}^{10} :

Männchenrufe aus einer Population mit Dichte f_m

Weibchenrufe aus einer Population mit Dichte f_w

Die 10 Zahlen

$(p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5)$

fassen wir als die Koordinaten eines Punktes im 10-dimensionalen Raum \mathbb{R}^{10} auf.

Jeder Ruf entspricht einem Zufallspunkt im \mathbb{R}^{10} :

Männchenrufe aus einer Population mit Dichte f_m

Weibchenrufe aus einer Population mit Dichte f_w

Gesucht: Eine Regel, die jeden neuen Punkt

$x = (p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, l_1, l_2, l_3, l_4, l_5)$

einer der beiden Populationen zuweist.

Verfahren

- 1 Schätze f_m und f_w

Verfahren

- 1 Schätze f_m und f_w
- 2 Ordne x der Population mit dem **größeren f -Wert** zu.

Verfahren

- 1 Schätze f_m und f_w
- 2 Ordne x der Population mit dem **größeren f -Wert** zu.

Wir benutzen für f_m und f_w **mehrdimensionale Normalverteilungen.**

Verfahren

- 1 Schätze f_m und f_w
- 2 Ordne x der Population mit dem **größeren f -Wert** zu.

Wir benutzen für f_m und f_w **mehrdimensionale Normalverteilungen.**

Vorteil: Leicht anzupassen.

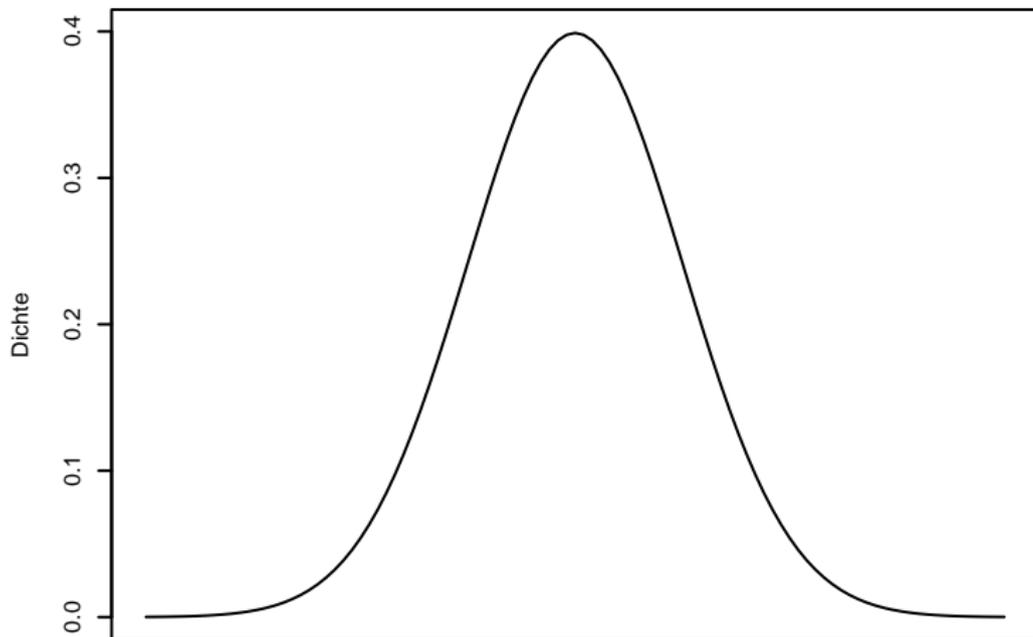
Verfahren

- 1 Schätze f_m und f_w
- 2 Ordne x der Population mit dem **größeren f -Wert** zu.

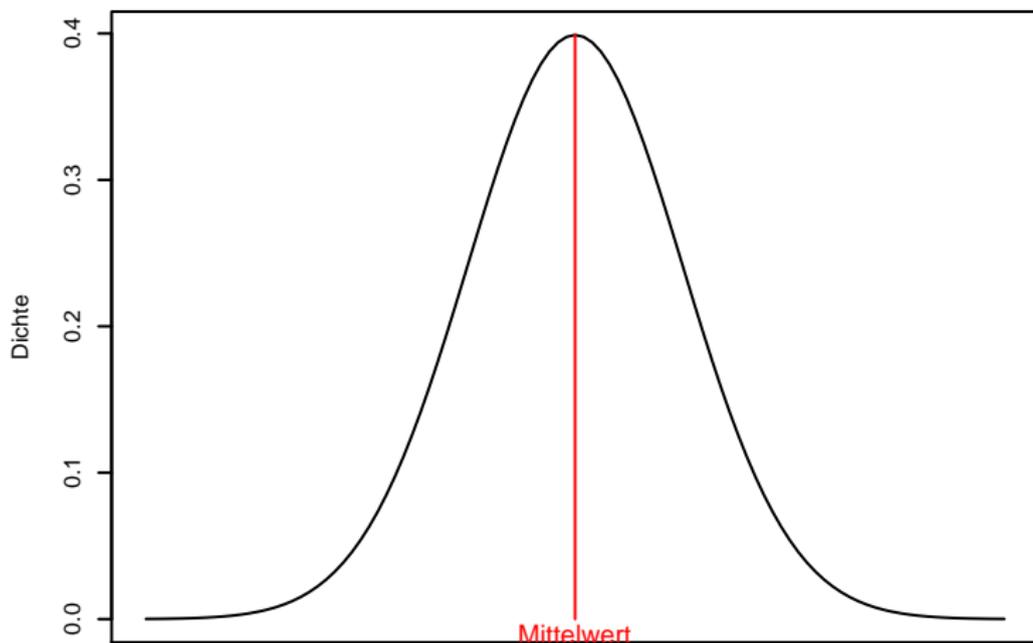
Wir benutzen für f_m und f_w **mehrdimensionale Normalverteilungen.**

Vorteil: Leicht anzupassen. Wir müssen nur Mittelwert(svektor) und Varianz (mehrdimensional: die Kovarianzmatrix) schätzen.

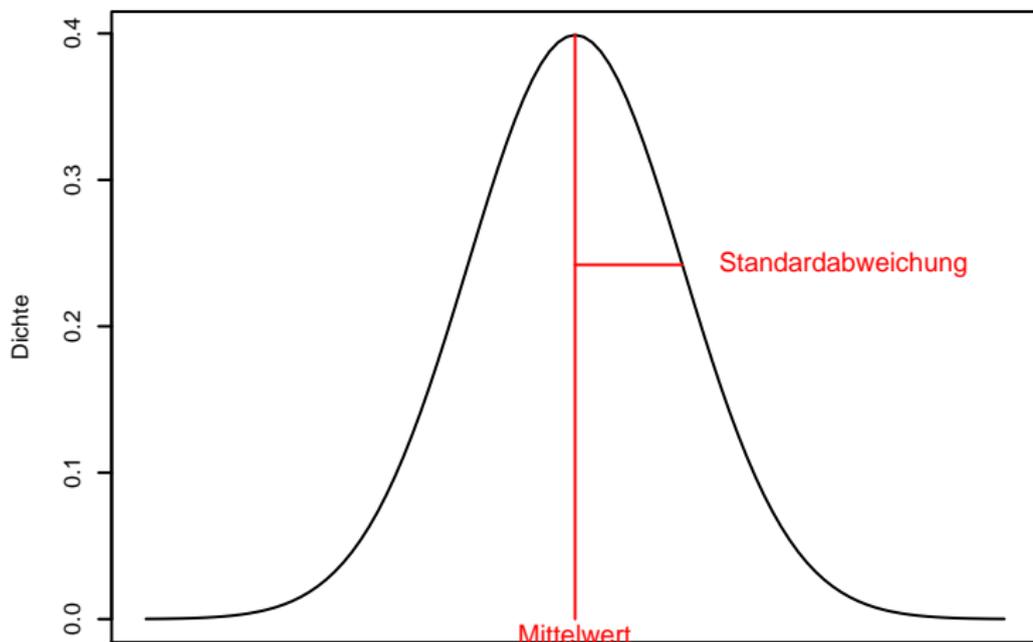
Erinnerung: Eindimensionale Normalverteilung



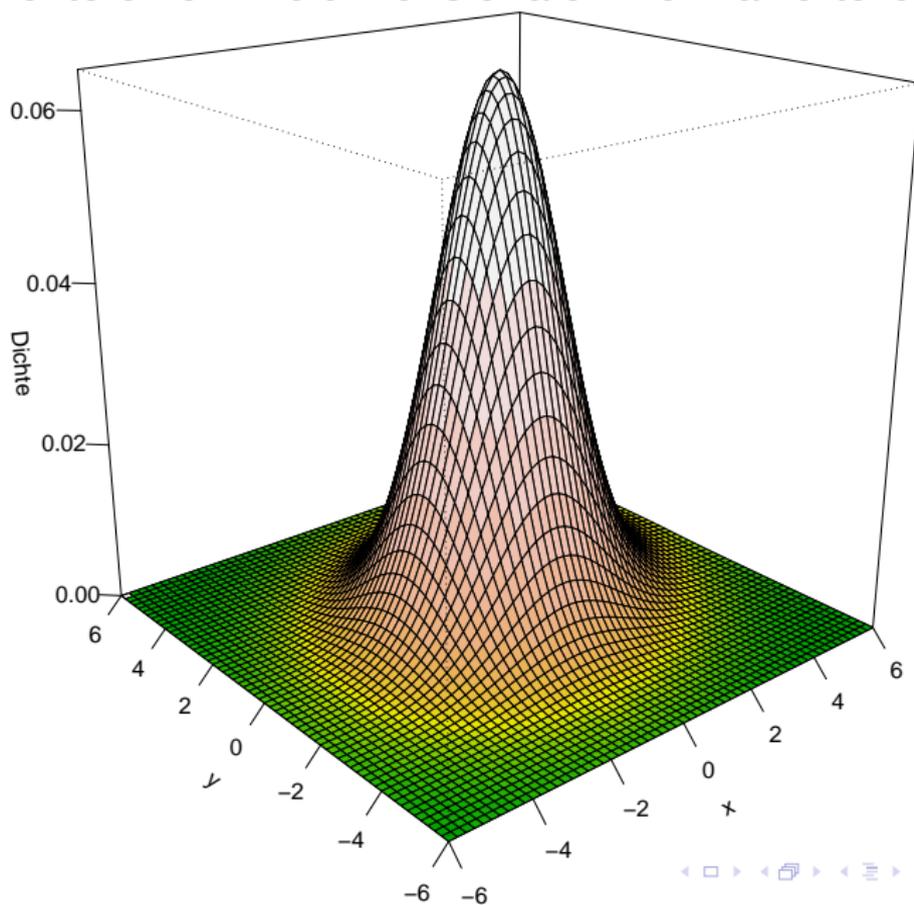
Erinnerung: Eindimensionale Normalverteilung



Erinnerung: Eindimensionale Normalverteilung

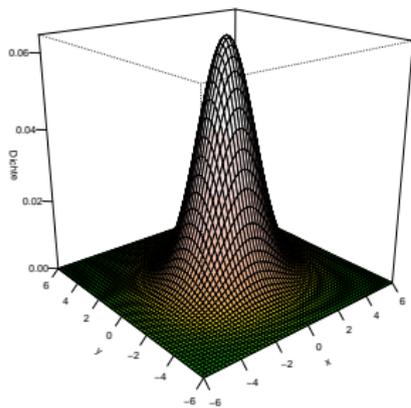


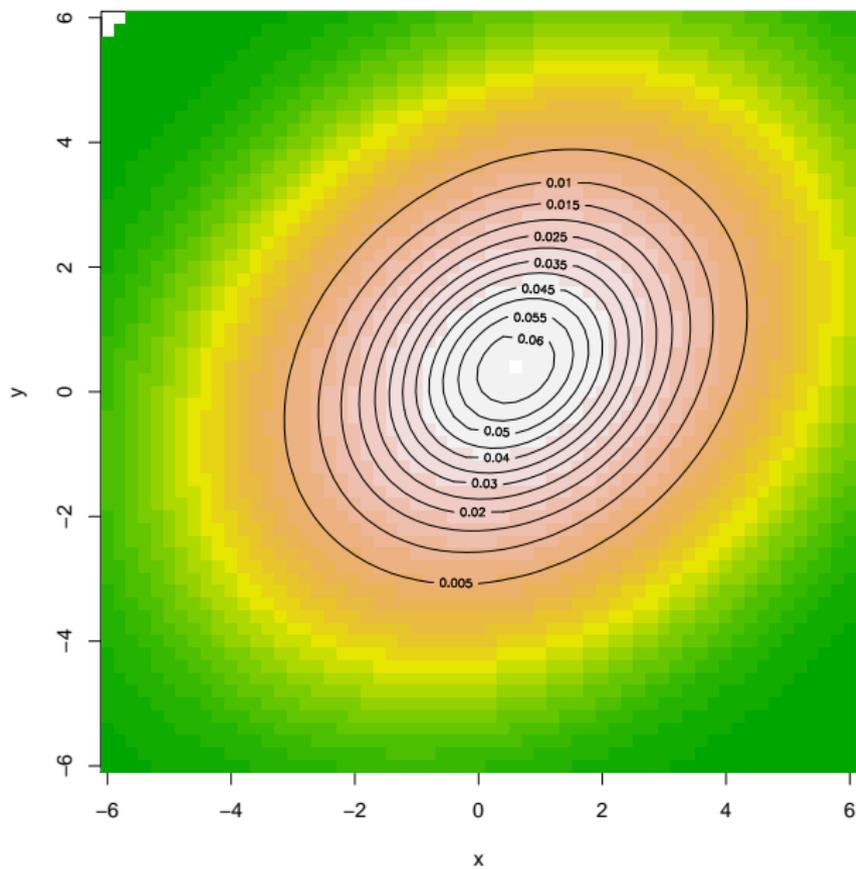
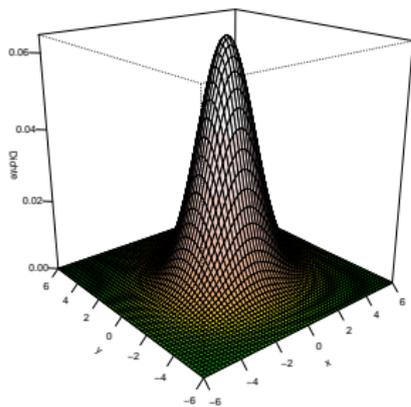
Dichte einer zweidimensionalen Normalverteilung

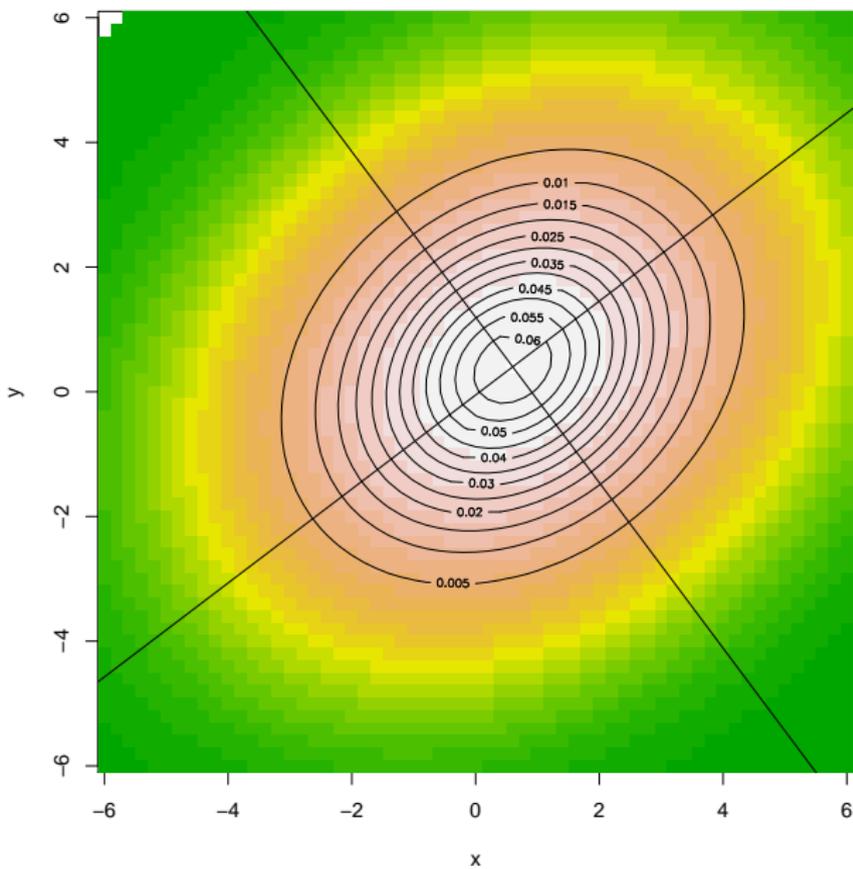
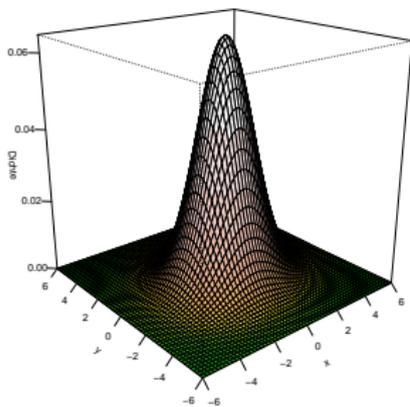


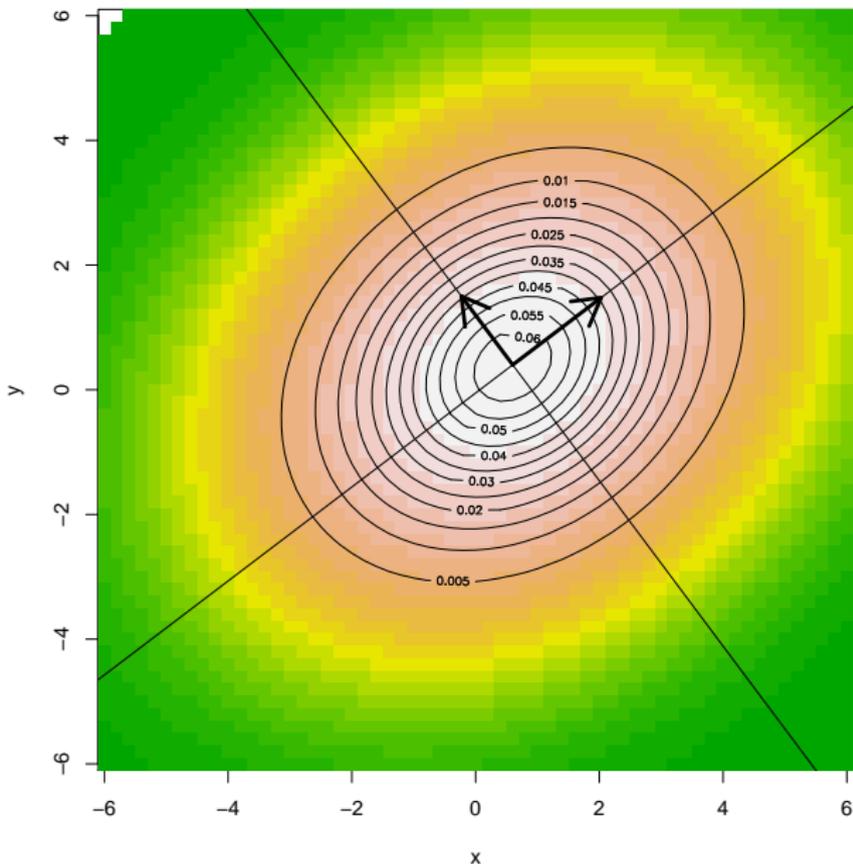
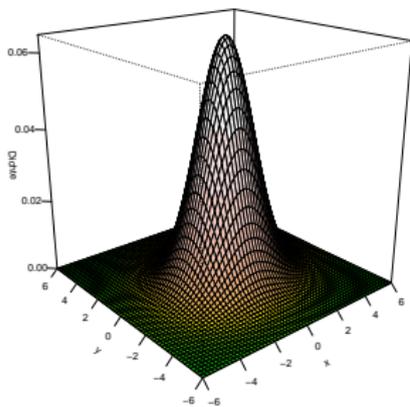
Zur Beschreibung einer mehrdimensionalen Normalverteilung benötigt man

- Einen Mittelwertvektor μ
- Ein Achsenkreuz (die „Hauptachsen“)
- Standardabweichungen in den Achsenrichtungen









Inhalt

- 1 Einfaktorielle Varianzanalyse und F -Test
 - Über paarweise Vergleiche und multiples Testen
- 2 Ein Beispiel zur Diskriminanzanalyse: Ruf des Kleinspechts
 - Modell
 - Vorgehen der Diskriminanzanalyse
 - (Mehrdimensionale) Normalverteilung
 - Zurück zu den Rufen
 - eine Variable
 - zwei Variable
 - zehn Dimensionen

In unserem Problem gibt es 10 Dimensionen.

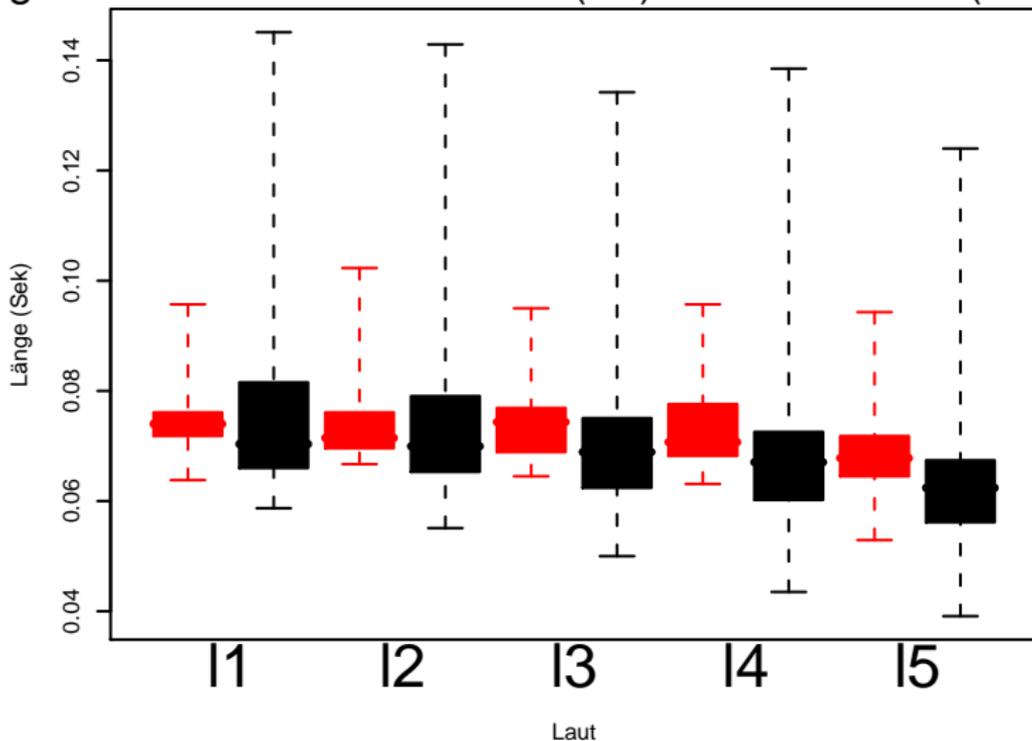
In unserem Problem gibt es 10 Dimensionen.
Wir beginnen eindimensional.

In unserem Problem gibt es 10 Dimensionen.

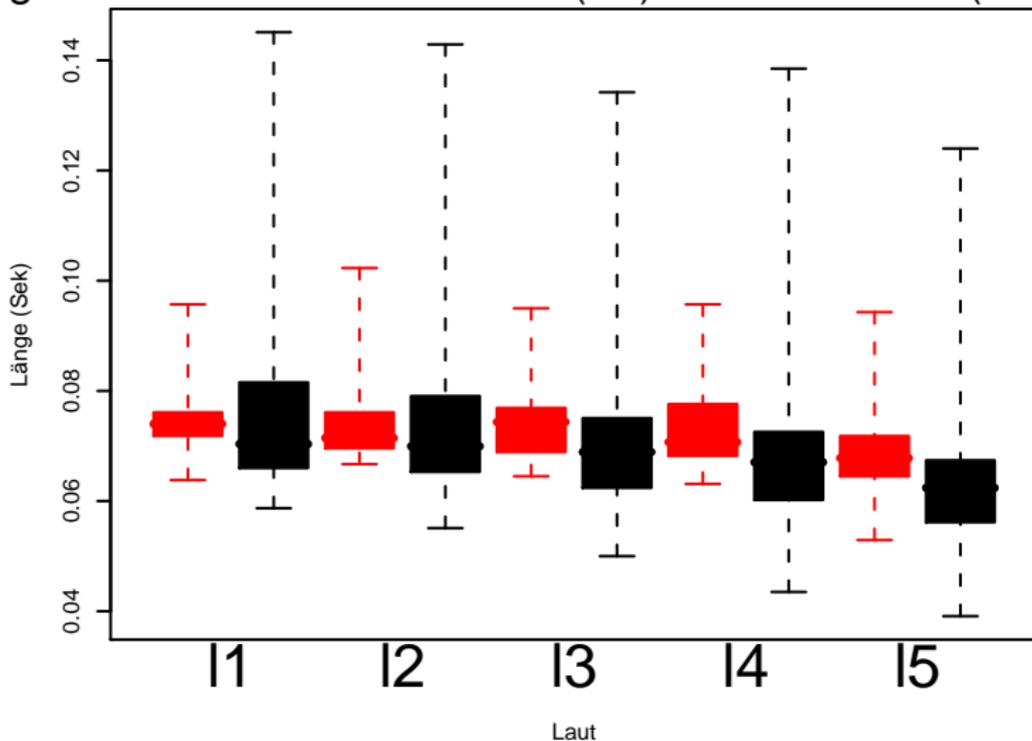
Wir beginnen eindimensional.

Frage: Welche **eine** der 10 Variablen sollen wir wählen?

Länge der Laute bei Männchen (rot) und Weibchen (schwarz)

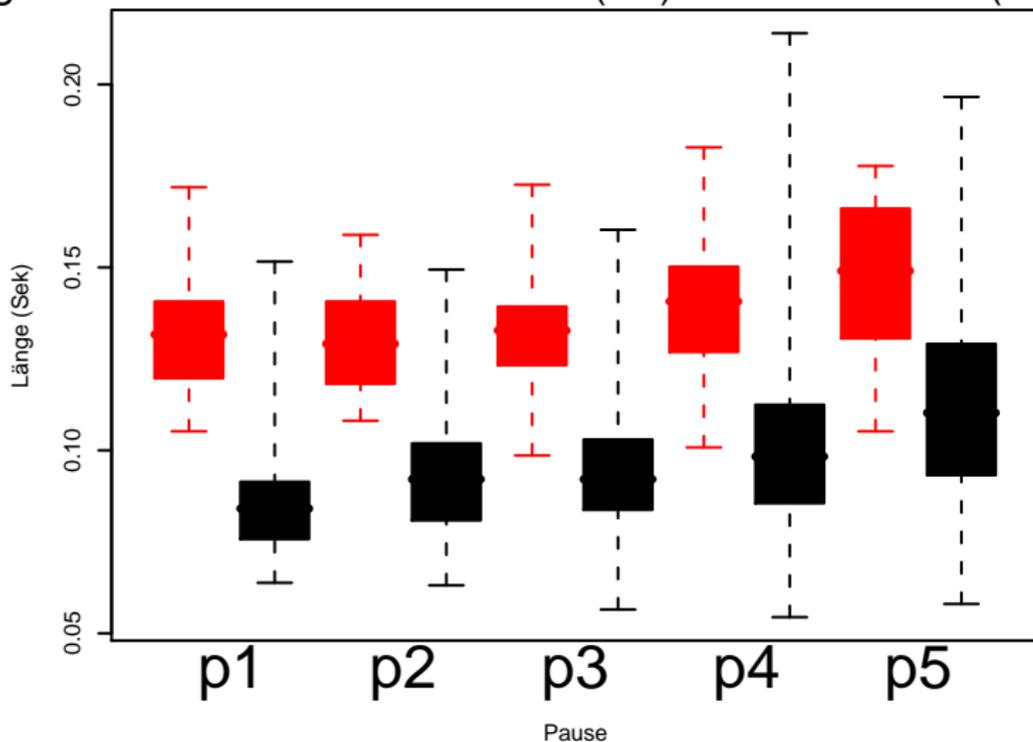


Länge der Laute bei Männchen (rot) und Weibchen (schwarz)

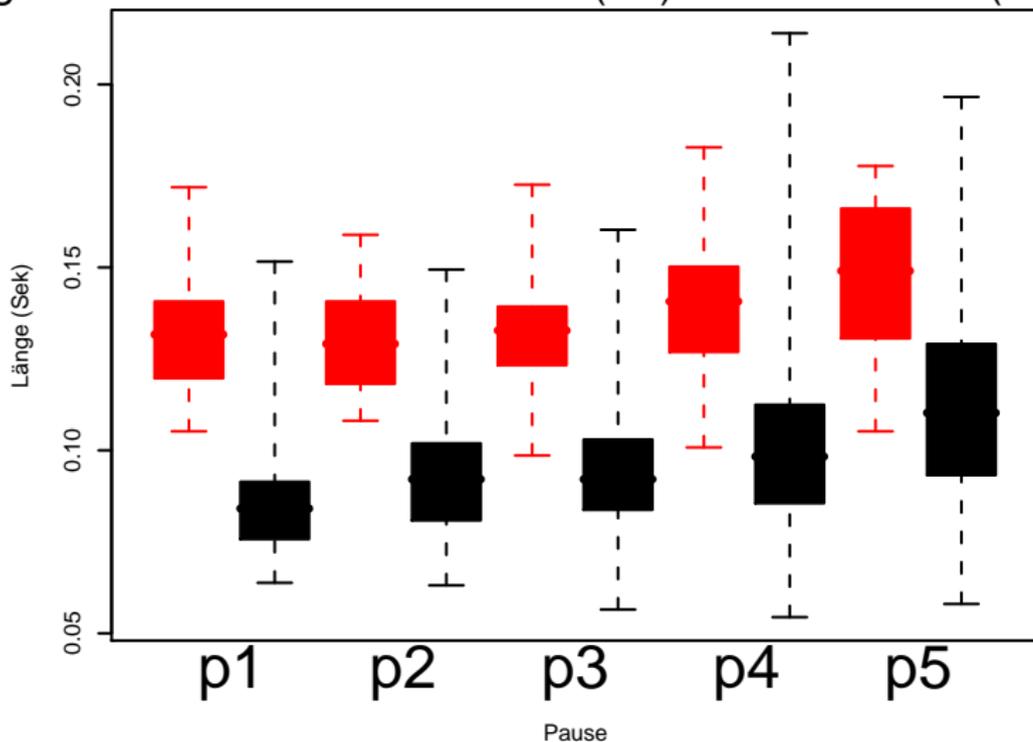


Keine gute Trennung der Geschlechter

Länge der Pausen bei Männchen (rot) und Weibchen (schwarz)



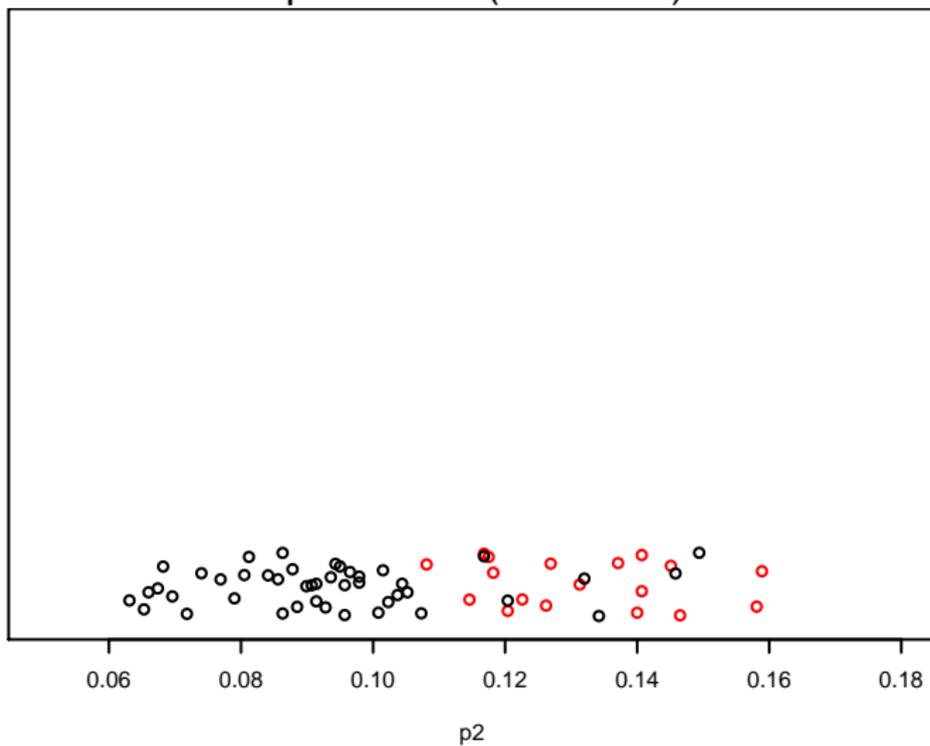
Länge der Pausen bei Männchen (rot) und Weibchen (schwarz)



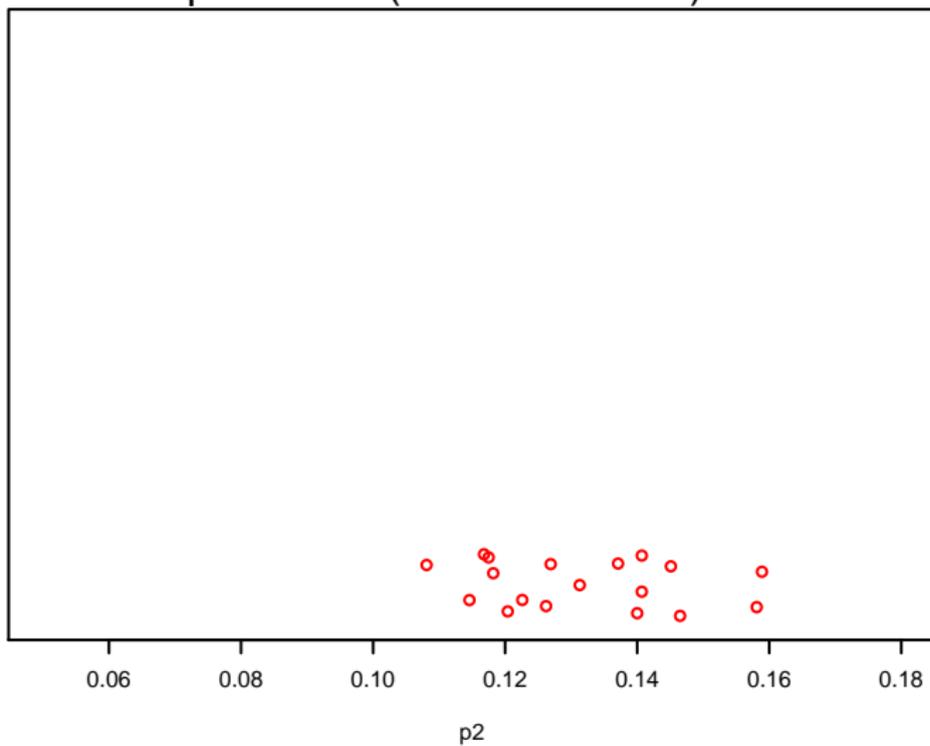
Bei den Männchen sind die Pausen typischerweise länger

Wie gut läßt sich das Geschlecht anhand von p_2 , der Länge der zweiten Pause, bestimmen?

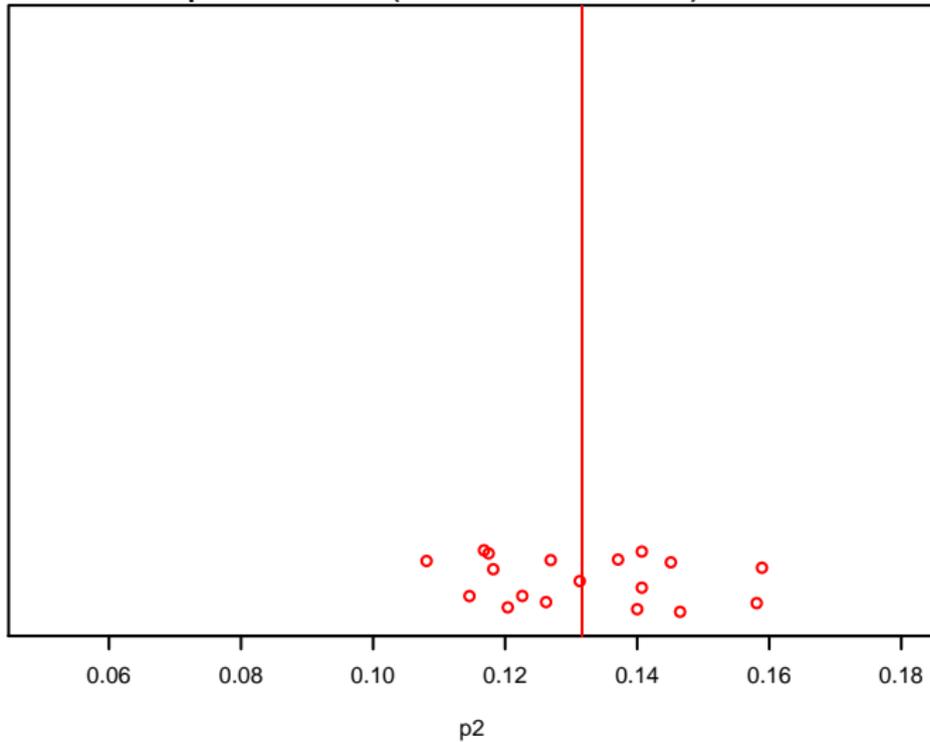
Die p2-Werte (mit Jitter)



p2-Werte (nur Männchen)

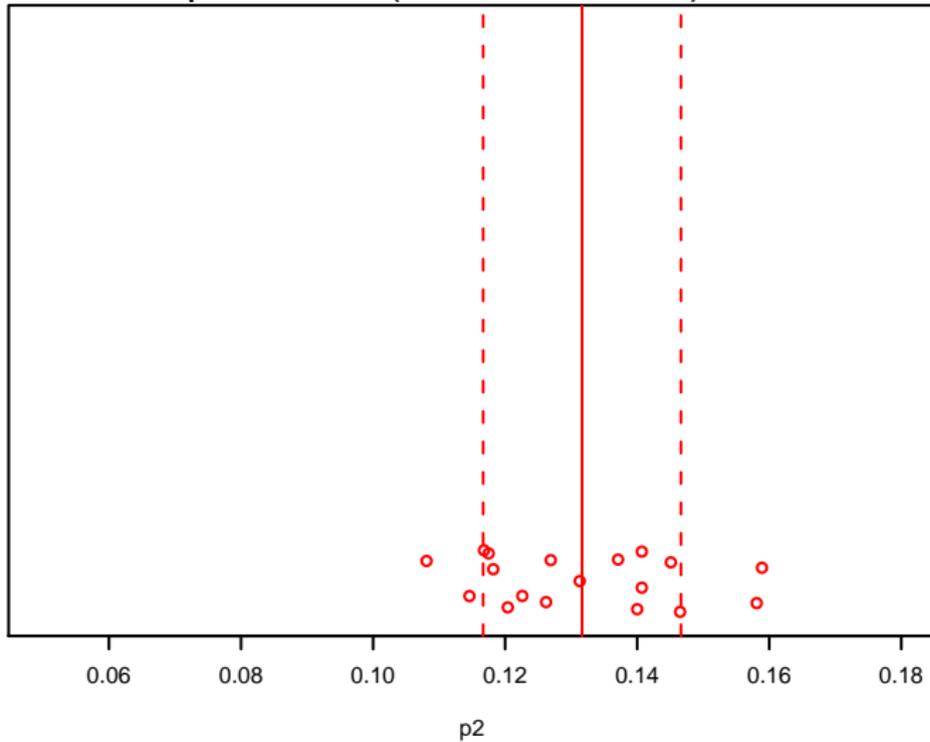


p2-Werte (nur Männchen)



Mittelwert $\mu_m = 0,1316$

p2-Werte (nur Männchen)

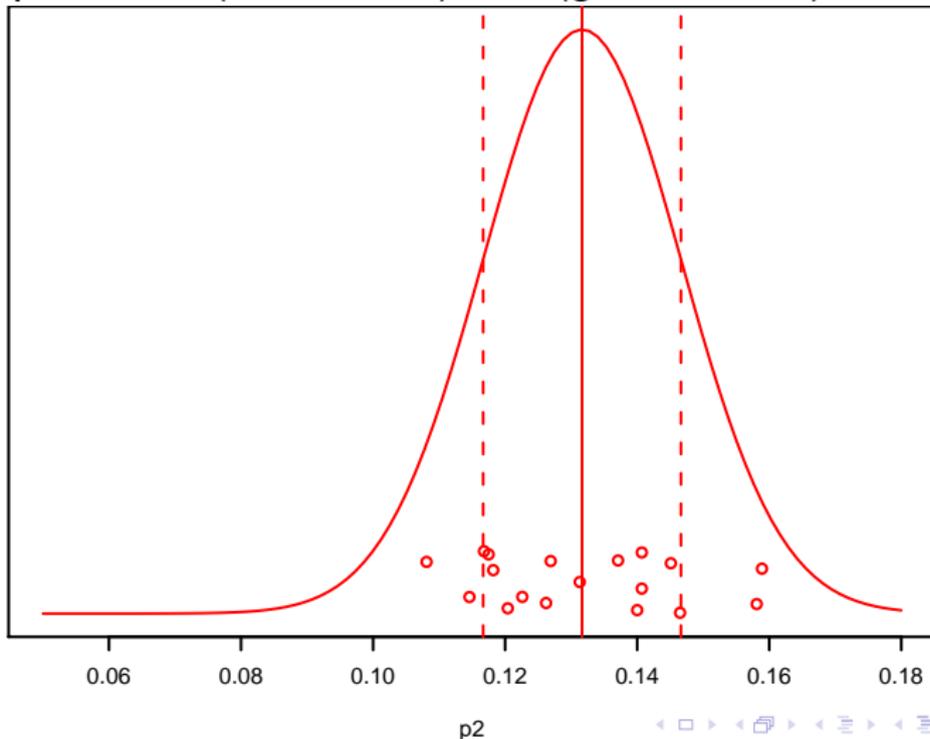


Mittelwert $\mu_m = 0,1316$, Standardabweichung $\sigma_m = 0,0150$

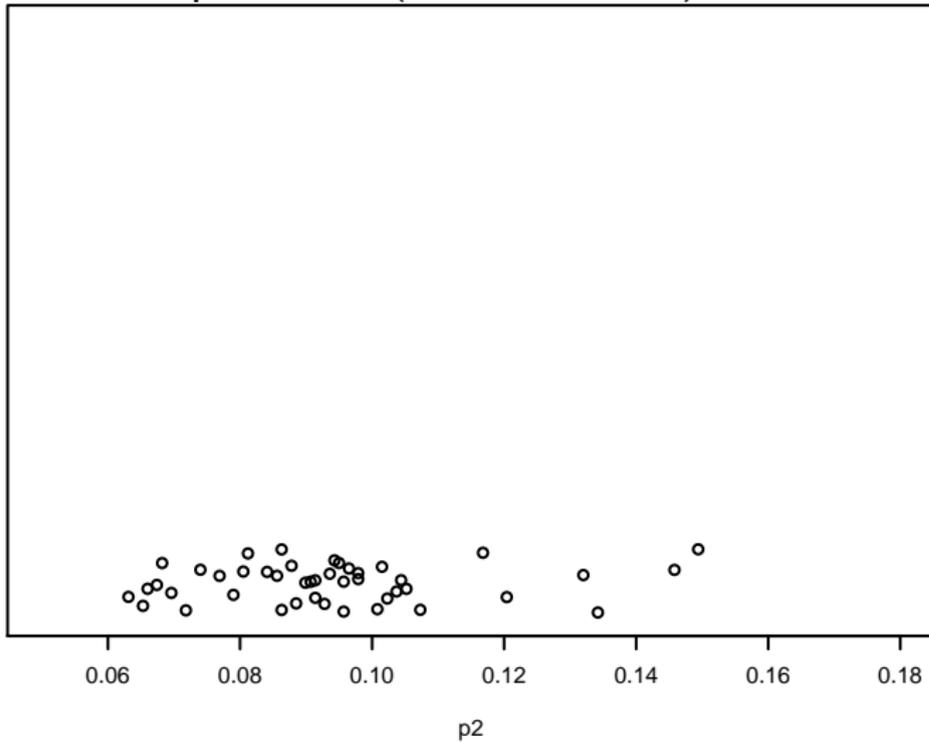
Wir approximieren f_m durch die **Normalverteilung** mit Mittelwert μ_m und Standardabweichung σ_m

Wir approximieren f_m durch die **Normalverteilung** mit Mittelwert μ_m und Standardabweichung σ_m

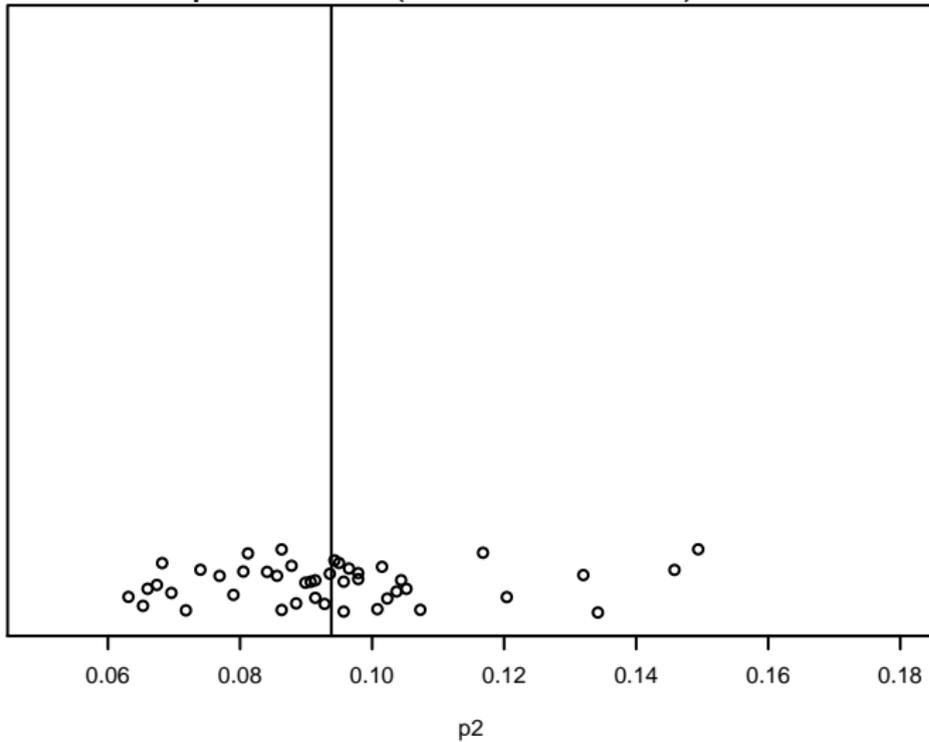
p2-Werte (Männchen) und (geschätztes) f_m



p2-Werte (nur Weibchen)

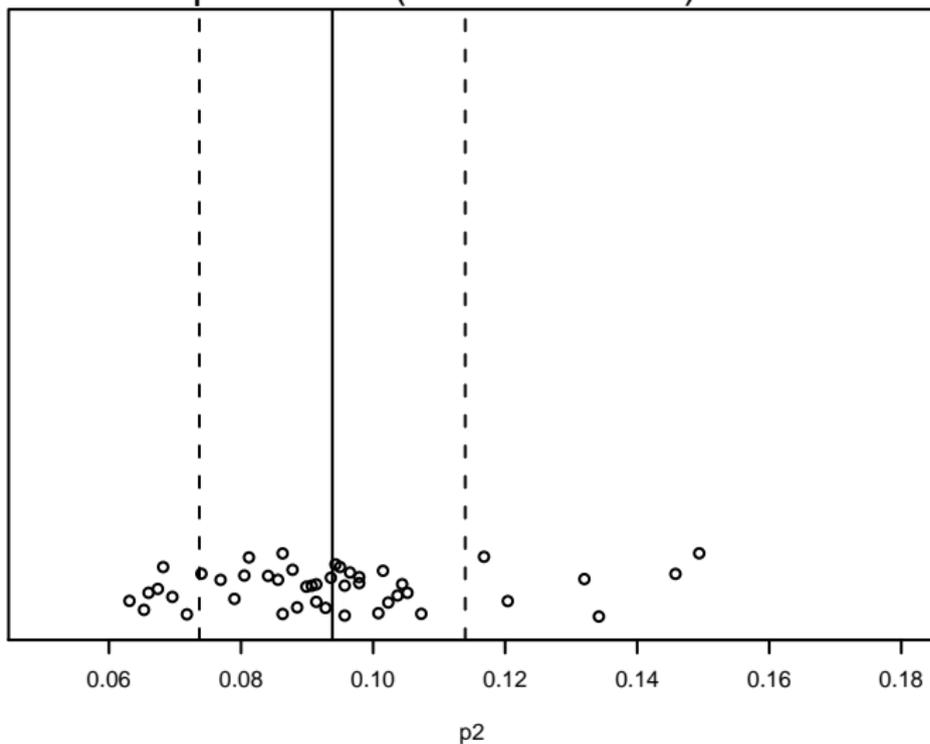


p2-Werte (nur Weibchen)



Mittelwert $\mu_w = 0,0938$

p2-Werte (nur Weibchen)

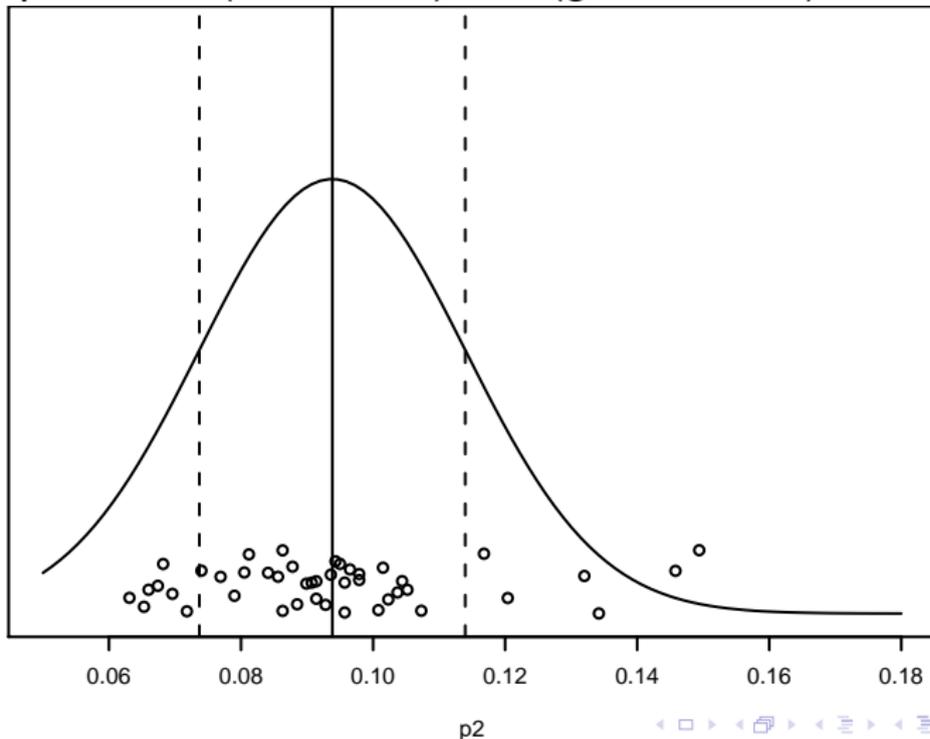


Mittelwert $\mu_w = 0,0938$, Standardabweichung $\sigma_m = 0,0201$

Wir approximieren f_w durch die **Normalverteilung** mit Mittelwert μ_w und Standardabweichung σ_w

Wir approximieren f_w durch die **Normalverteilung** mit Mittelwert μ_w und Standardabweichung σ_w

p2-Werte (Weibchen) und (geschätztes) f_w



Klassifikationsregel:

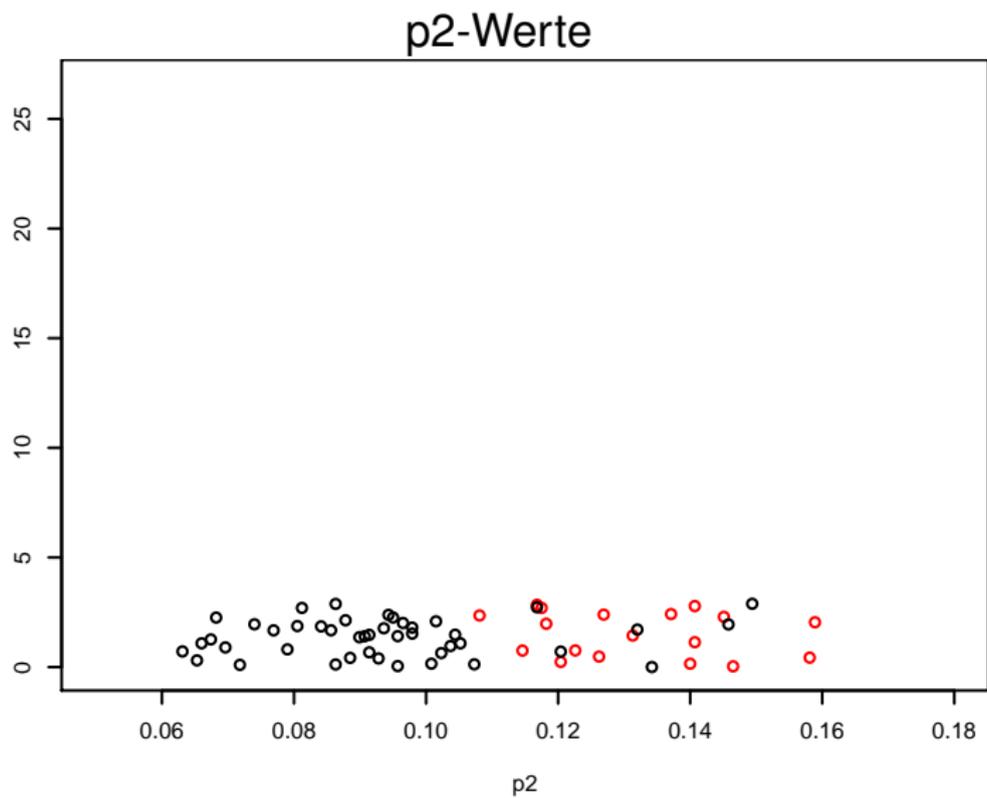
Klassifikationsregel:

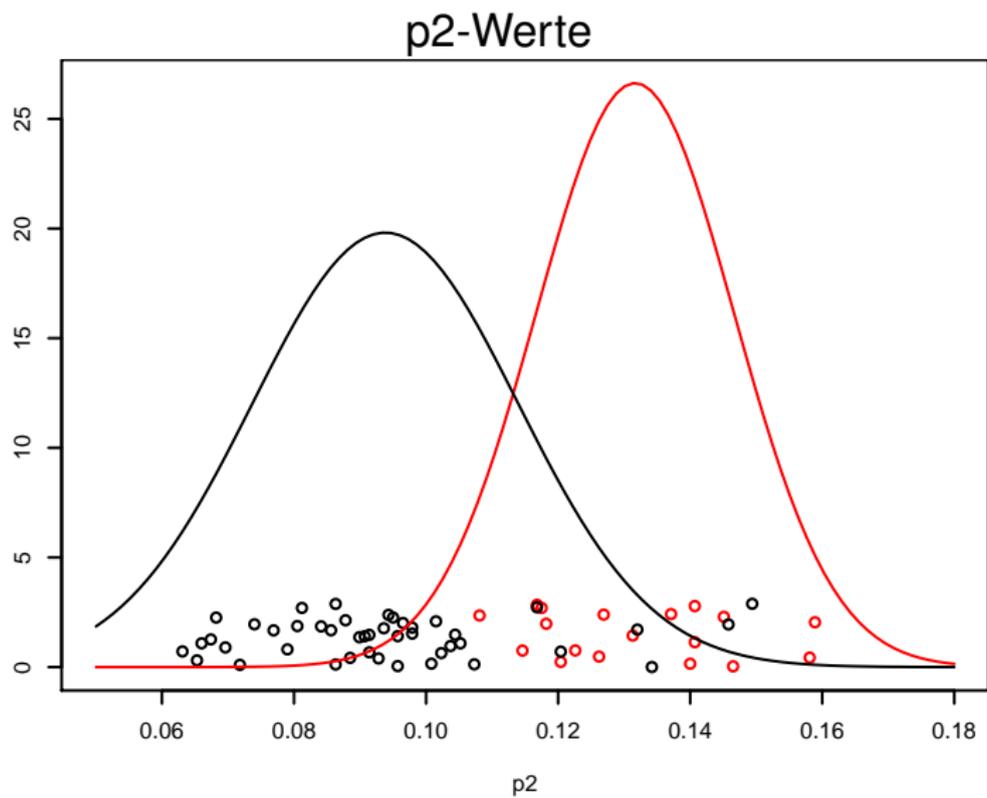
f_m größer \longrightarrow „Männchen“

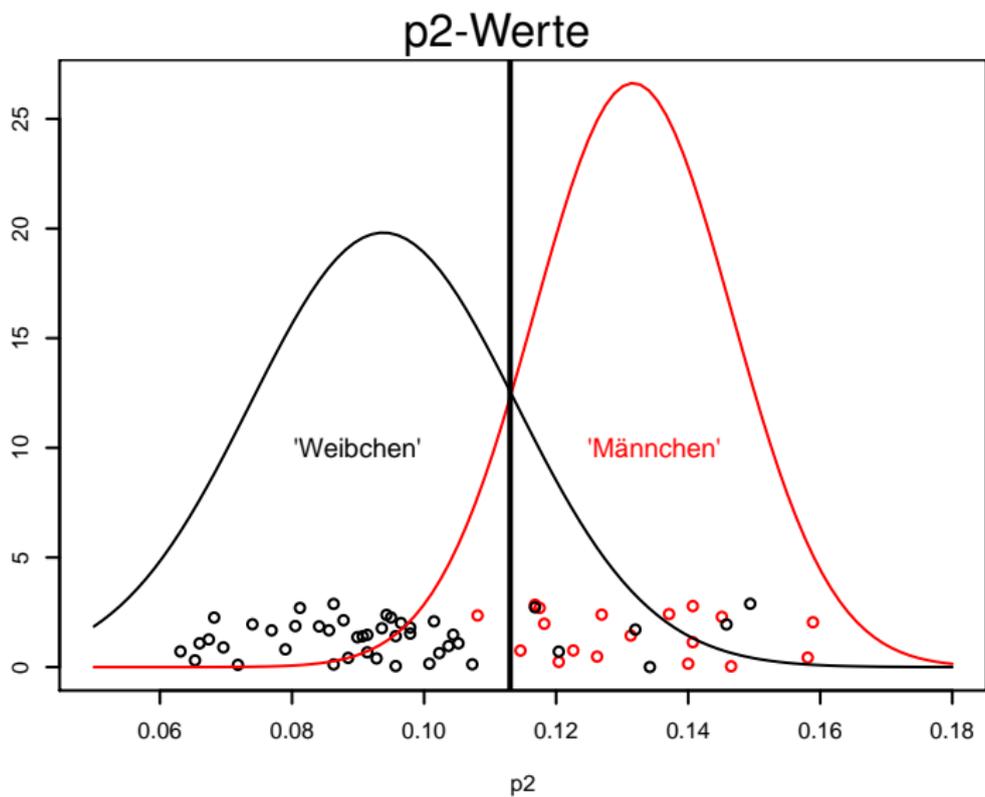
Klassifikationsregel:

f_m größer \longrightarrow „Männchen“

f_w größer \longrightarrow „Weibchen“

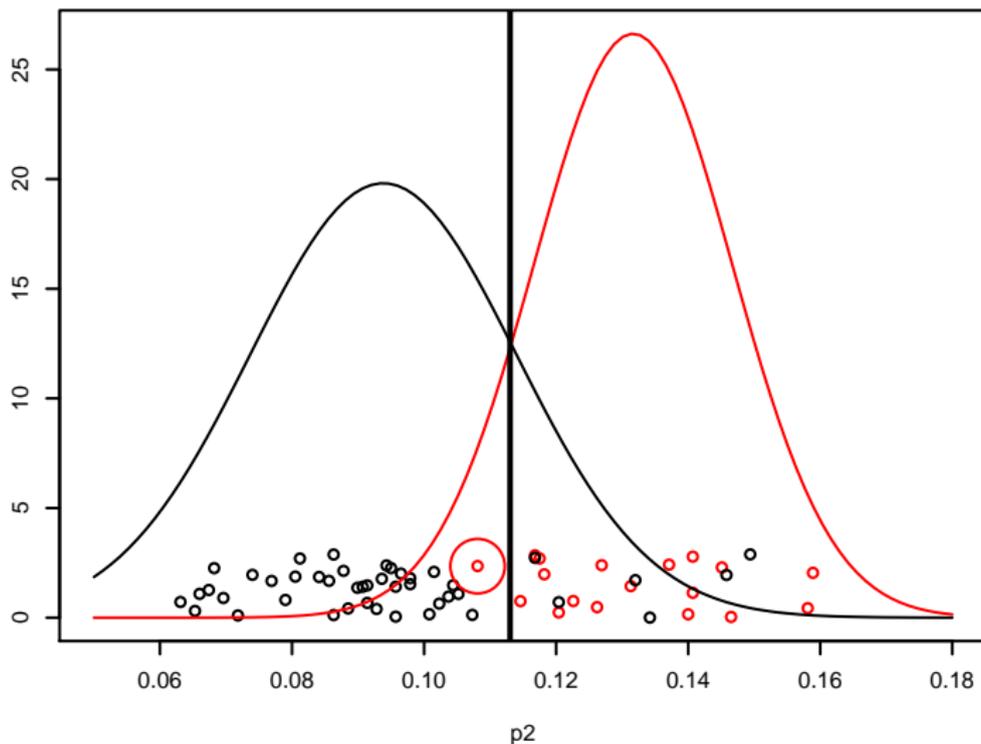






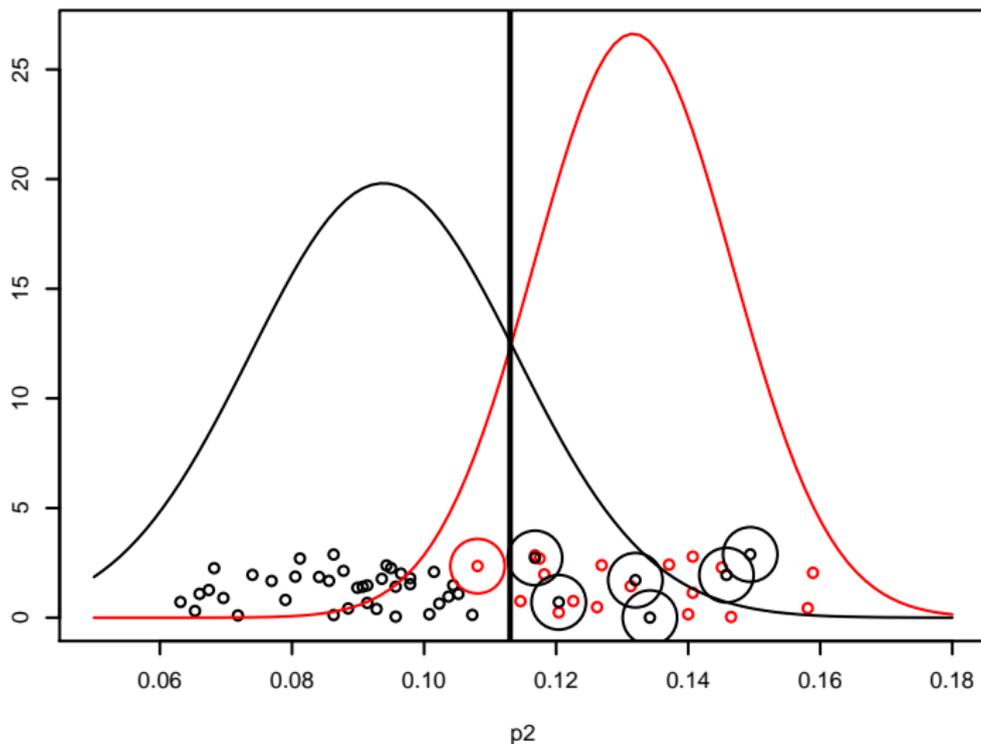
Falsch klassifiziert:

Falsch klassifiziert: 1 Männchen



Falsch klassifiziert:

1 Männchen 6 Weibchen



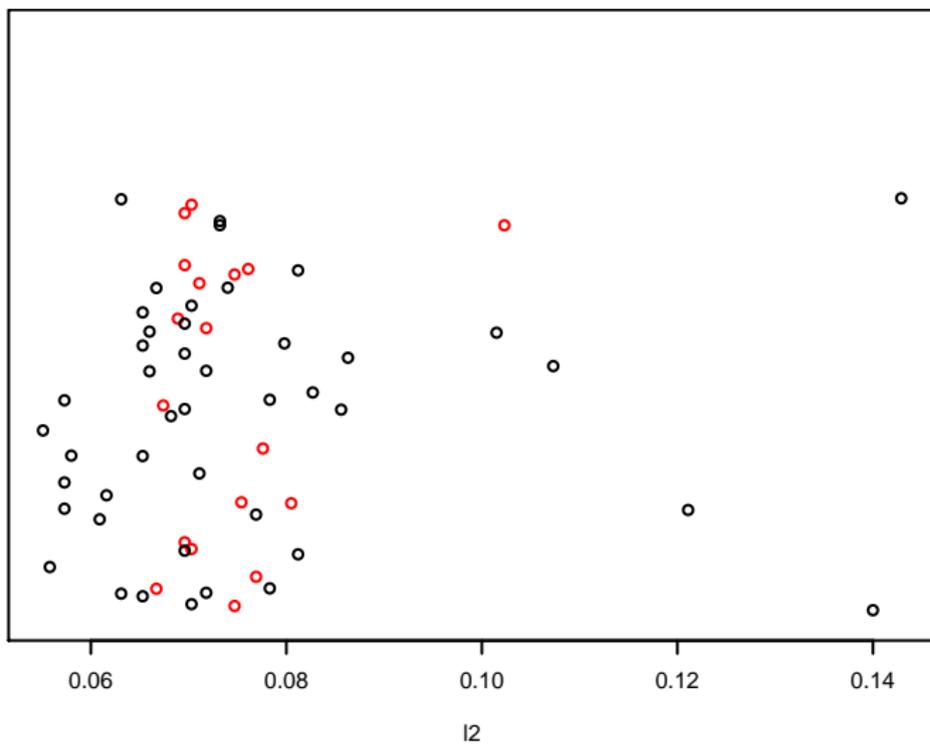
Zur Verbesserung der Klassifikation nehmen wir **mehr Information hinzu**, z.B. eine weitere Variable.

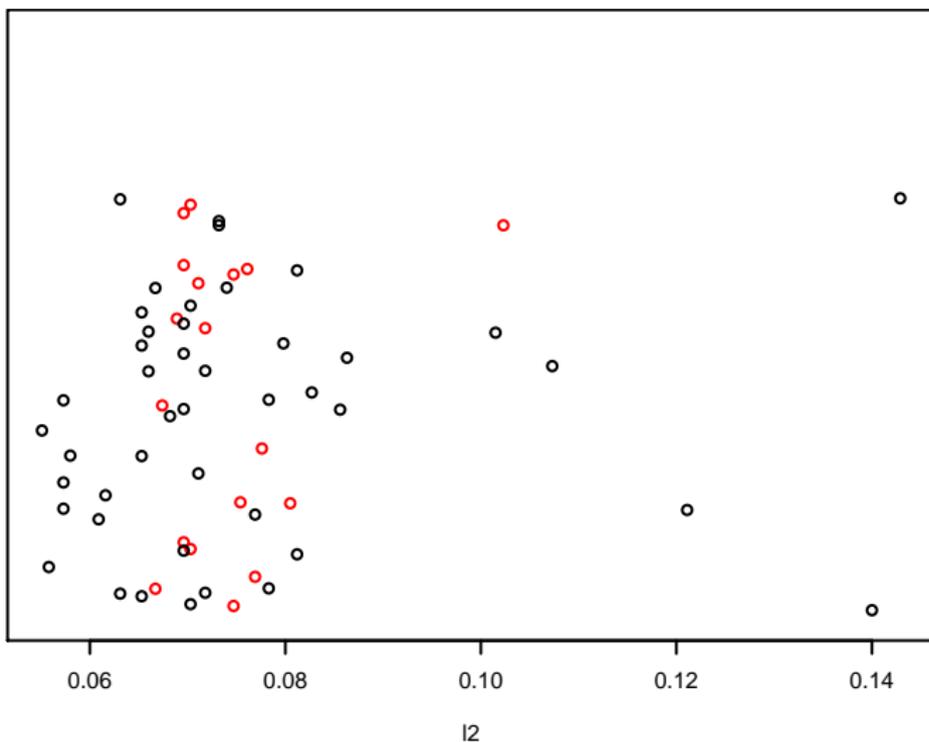
Zur Verbesserung der Klassifikation nehmen wir **mehr Information hinzu**, z.B. eine weitere Variable.

Wir betrachten:

Erste Variable = p_2

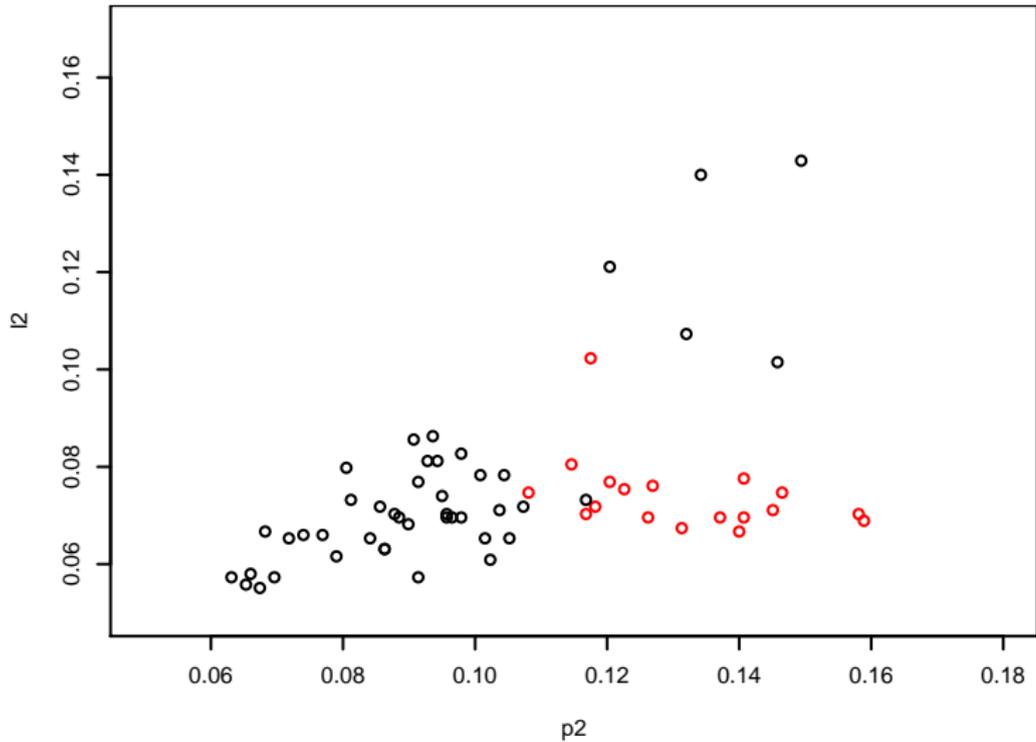
Zweite Variable = l_2



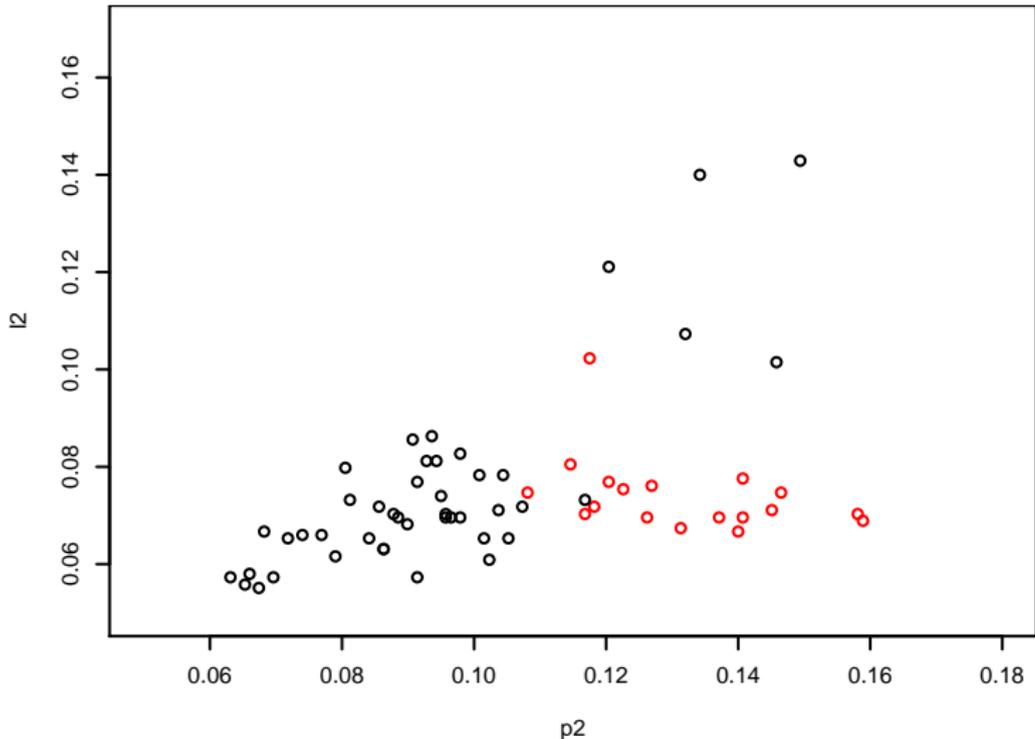


Beobachtung: I2 allein trennt die Geschlechter sehr schlecht.

Aber: I_2 **zusammen** mit p_2 gibt zusätzliche Information:

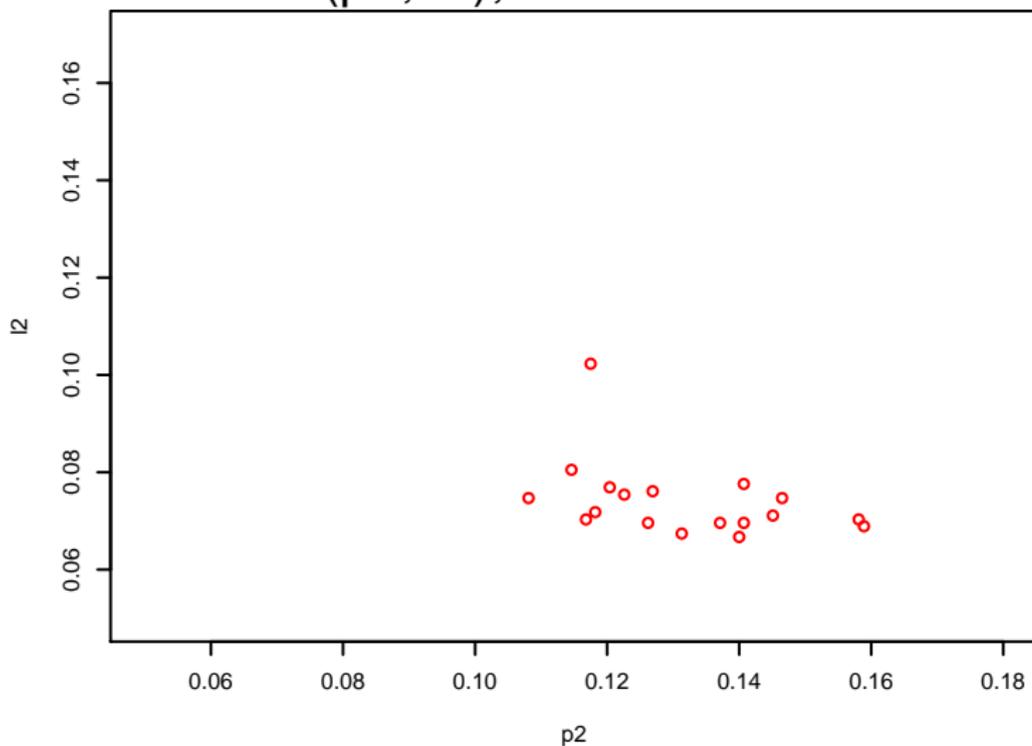


Aber: I_2 **zusammen** mit p_2 gibt zusätzliche Information:



Beispielsweise zeigt die Hinzunahme von I_2 , dass die 5 Punkte oben rechts besser zu den Weibchen passen.

Wir approximieren
die Verteilungen
von (p_2, l_2) bei Männchen und bei Weibchen
durch
zweidimensionale
Normalverteilungen.

(p_2, l_2) , Männchen

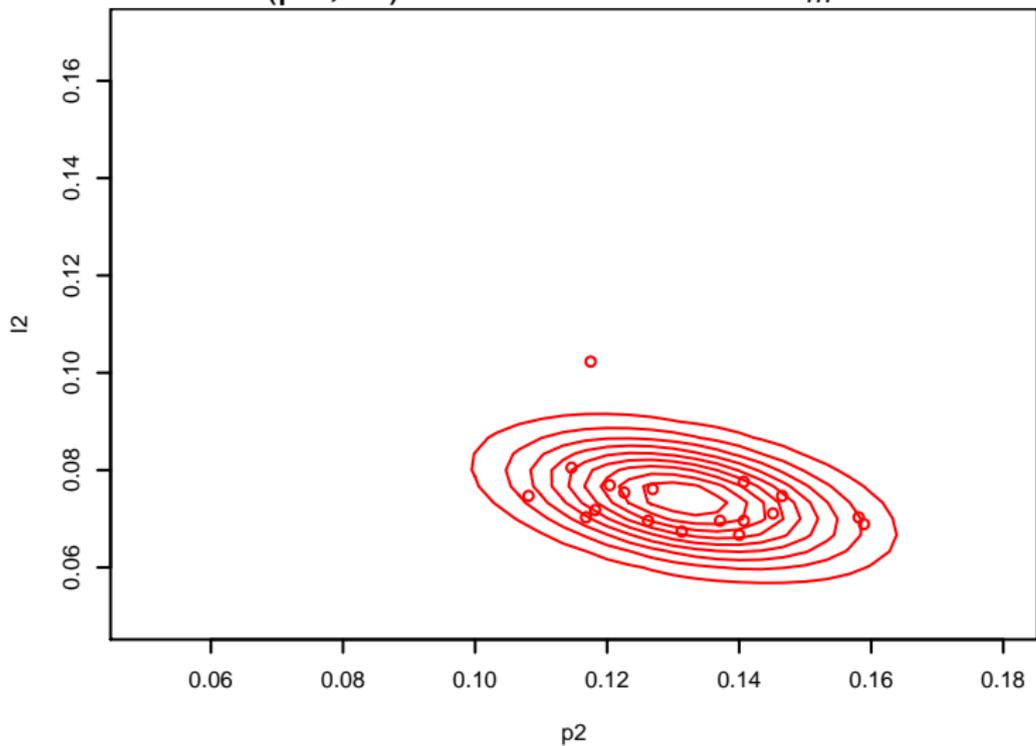
Wie im eindimensionalen Fall schätzen wir
den (zweidimensionalen) **Mittelwert**

Wie im eindimensionalen Fall schätzen wir
den (zweidimensionalen) **Mittelwert**
und die (zweidimensionale) **Varianz**
(d.h. die sog. **Kovarianzmatrix**)

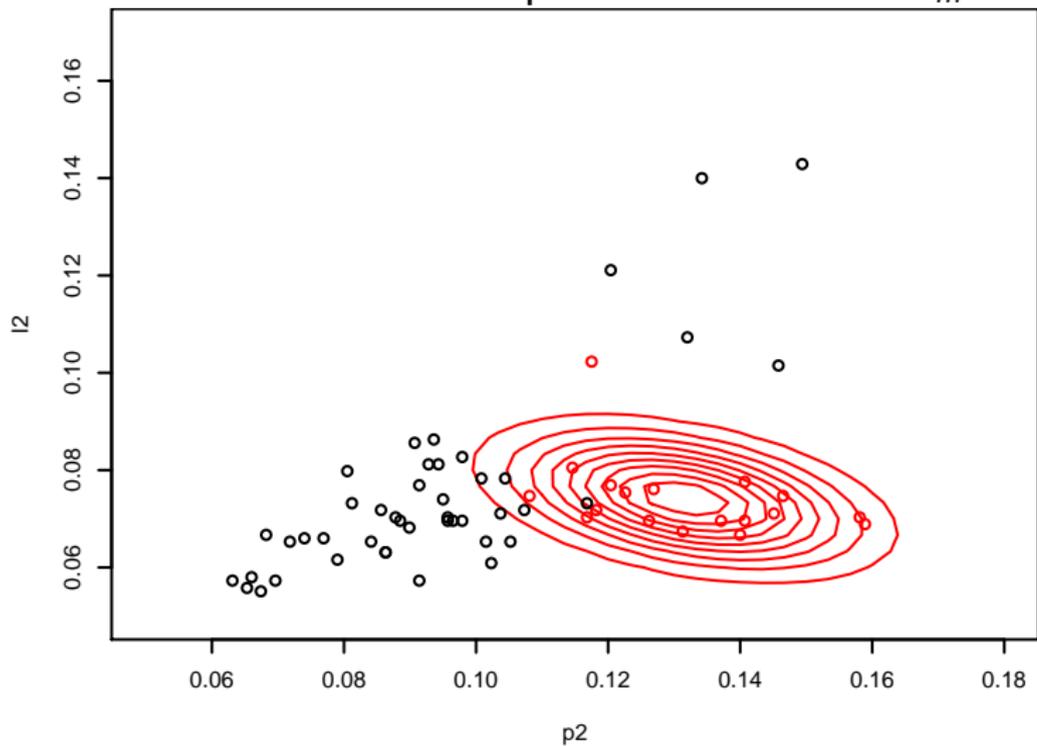
Wie im eindimensionalen Fall schätzen wir den (zweidimensionalen) **Mittelwert** und die (zweidimensionale) **Varianz** (d.h. die sog. **Kovarianzmatrix**)

und approximieren f_m durch eine **zweidimensionale Normalverteilung** mit dem geschätzten Mittelwert und der geschätzten Varianz.

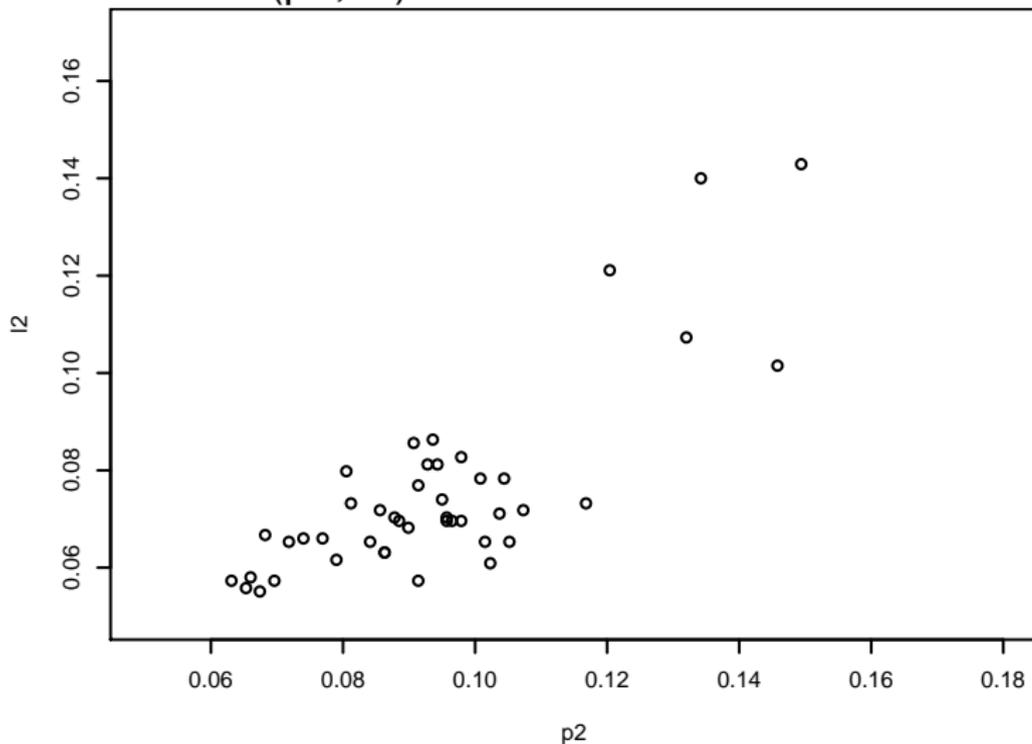
(p_2 , l_2) für Männchen und f_m



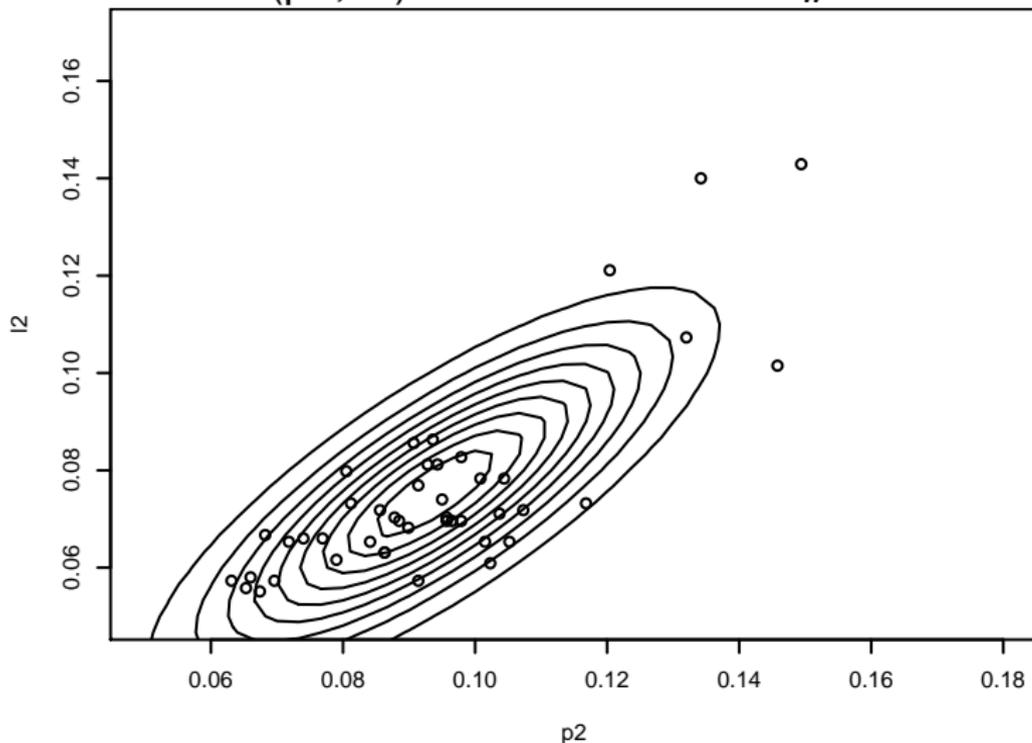
Viele der Weibchen passen schlecht zu f_m :



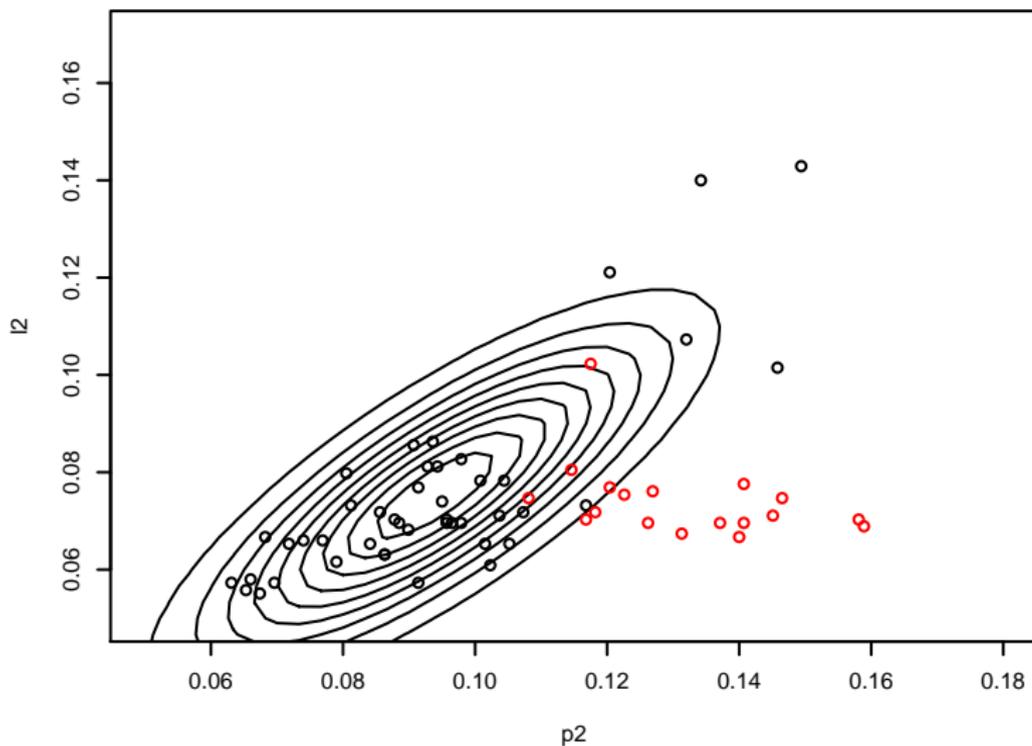
Analog für die Weibchen: (p2, l2) für Weibchen



Analog für die Weibchen: (p2, l2) für Weibchen und f_w



Viele der Männchen passen schlecht zu f_w :



Klassifikation:

Für jeden Punkt berechnen wir $f_m(x)$ und $f_w(x)$.

$f_m(x)$ größer \longrightarrow „Männchen“

$f_w(x)$ größer \longrightarrow „Weibchen“

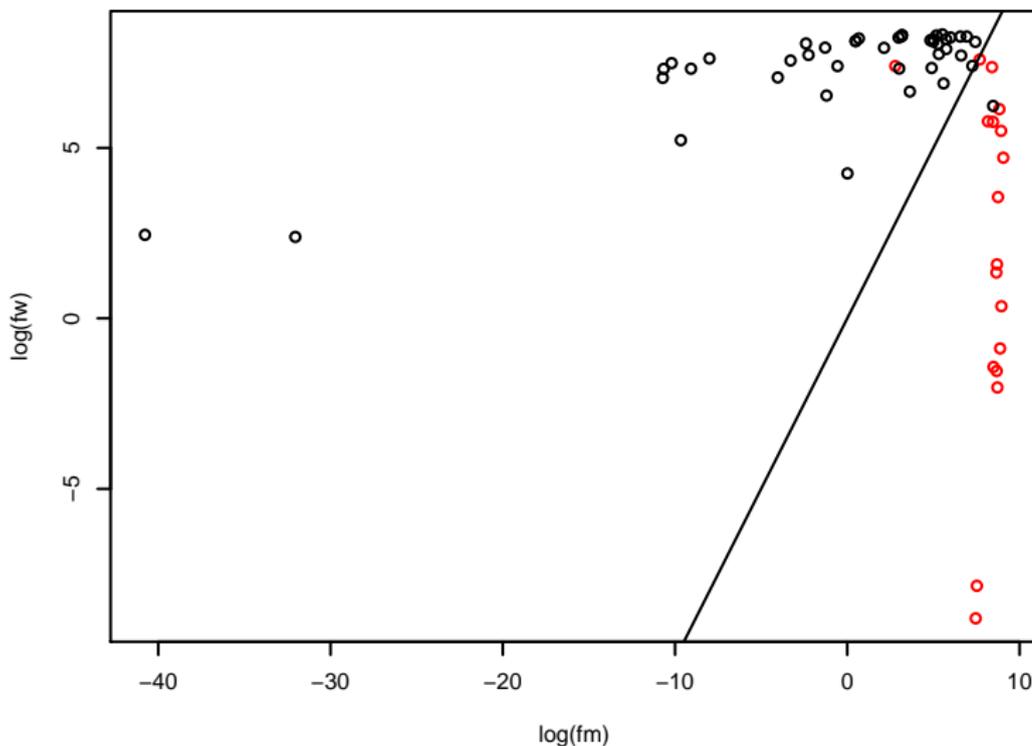
Klassifikation:

Für jeden Punkt berechnen wir $f_m(x)$ und $f_w(x)$.

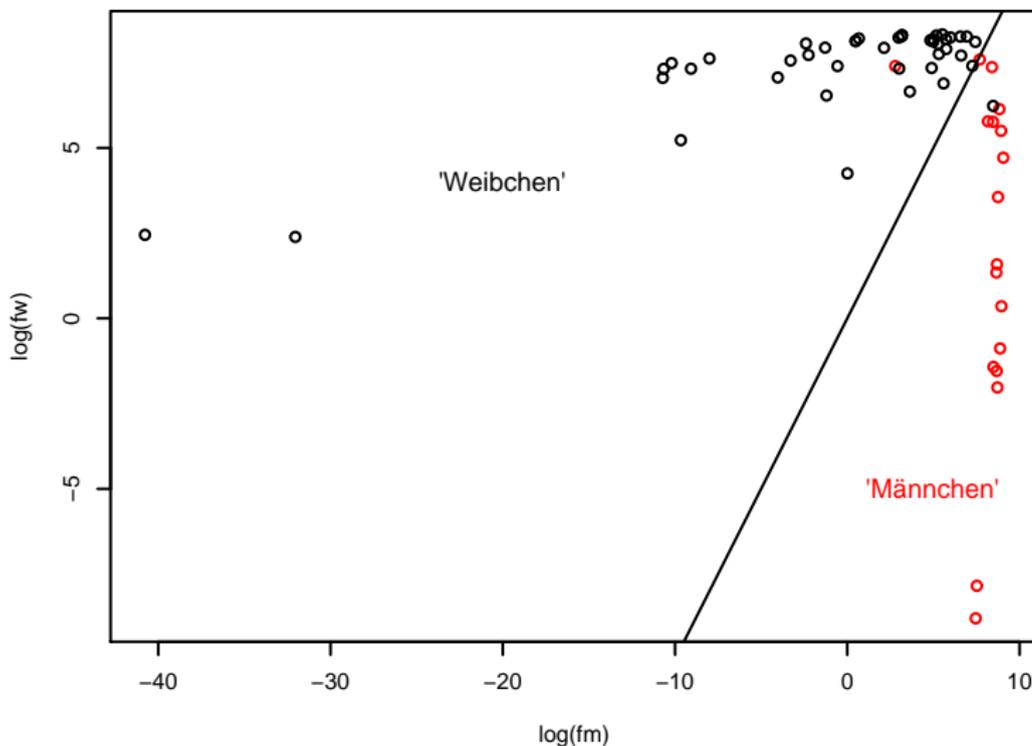
$f_m(x)$ größer \longrightarrow „Männchen“

$f_w(x)$ größer \longrightarrow „Weibchen“

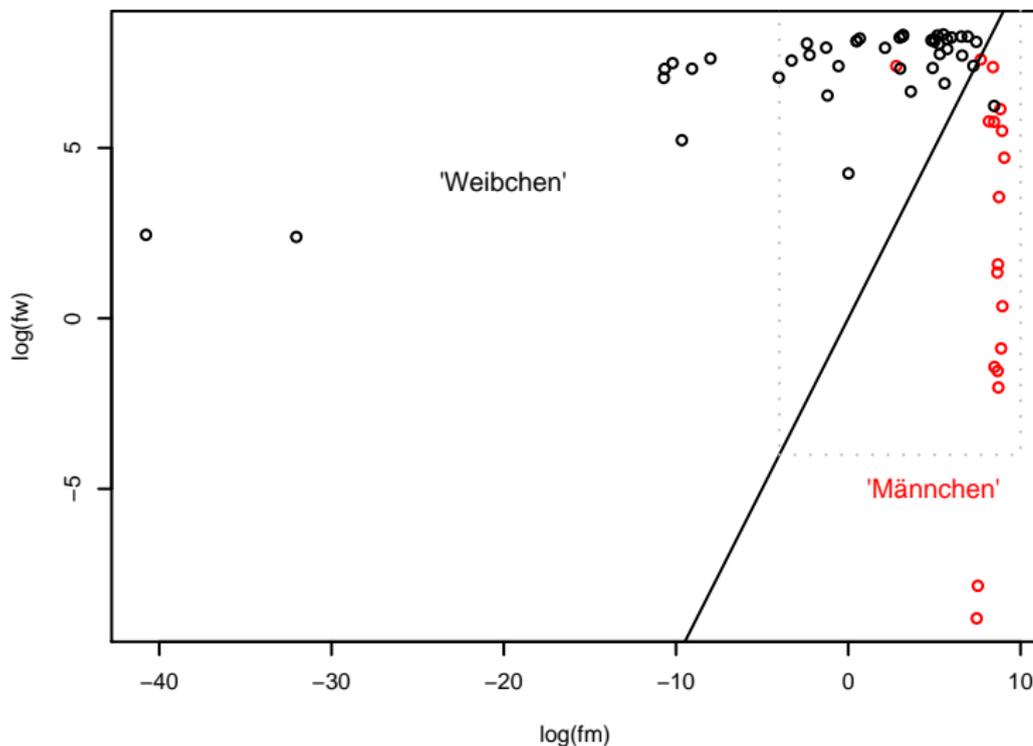
$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale:



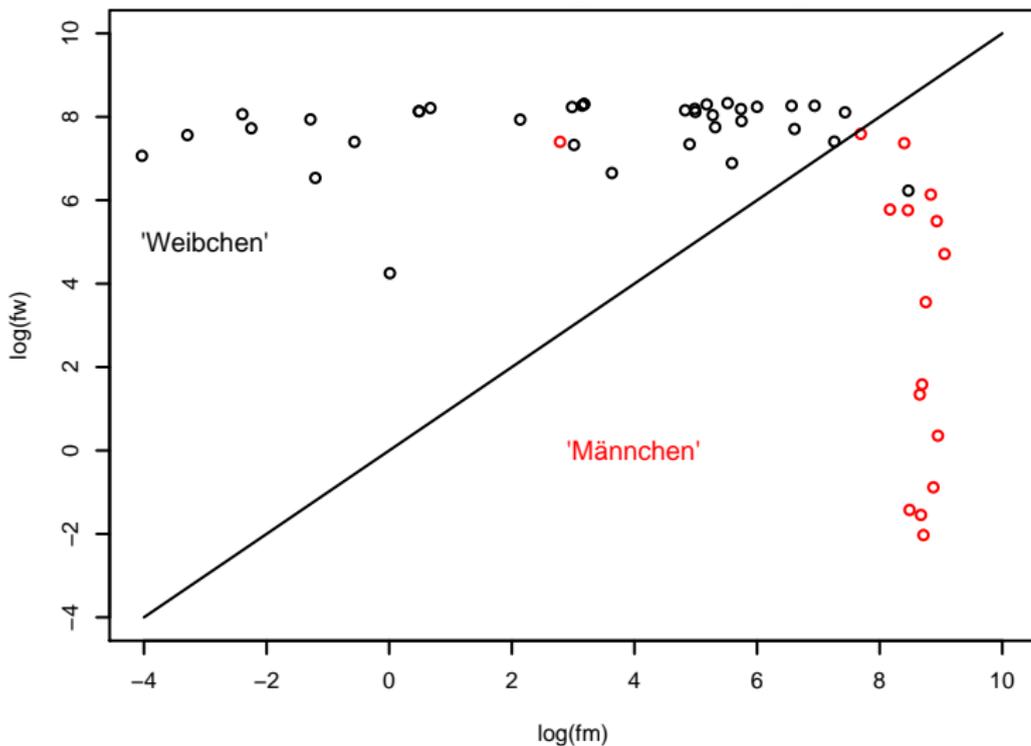
$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale:



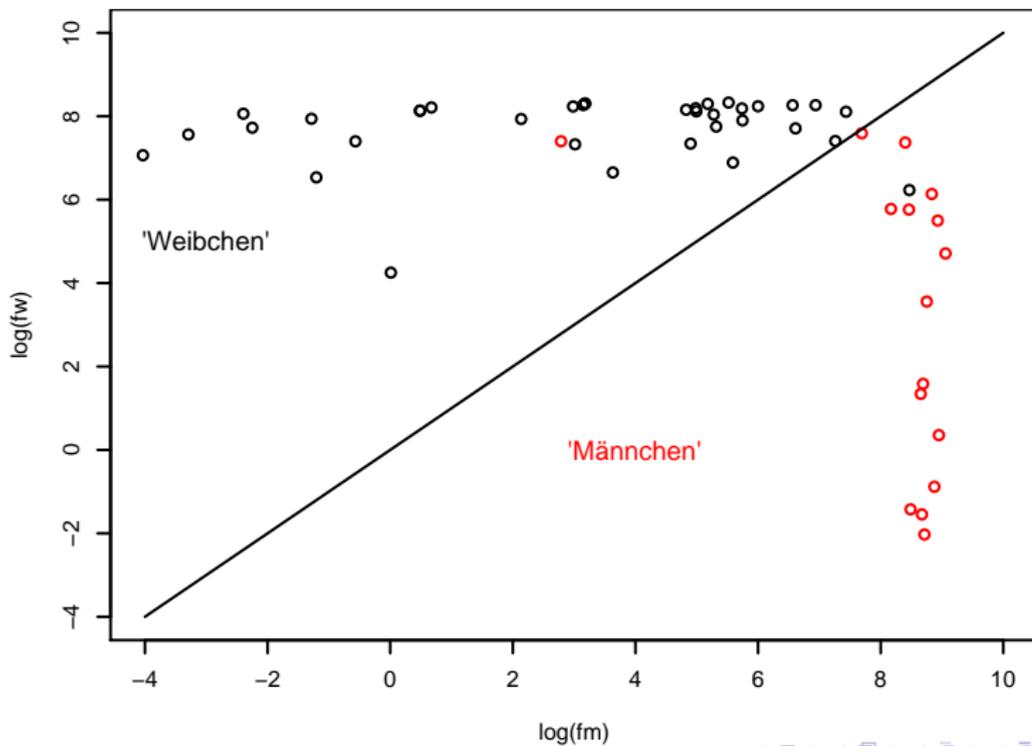
$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale:



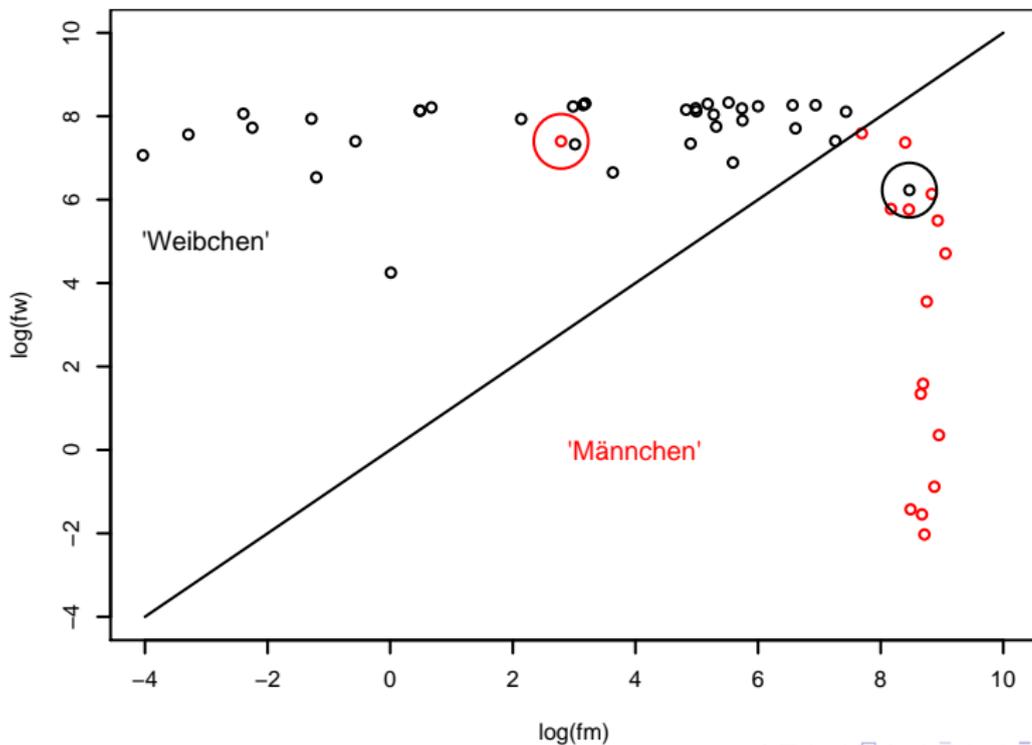
$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale, Ausschnittvergrößerung:



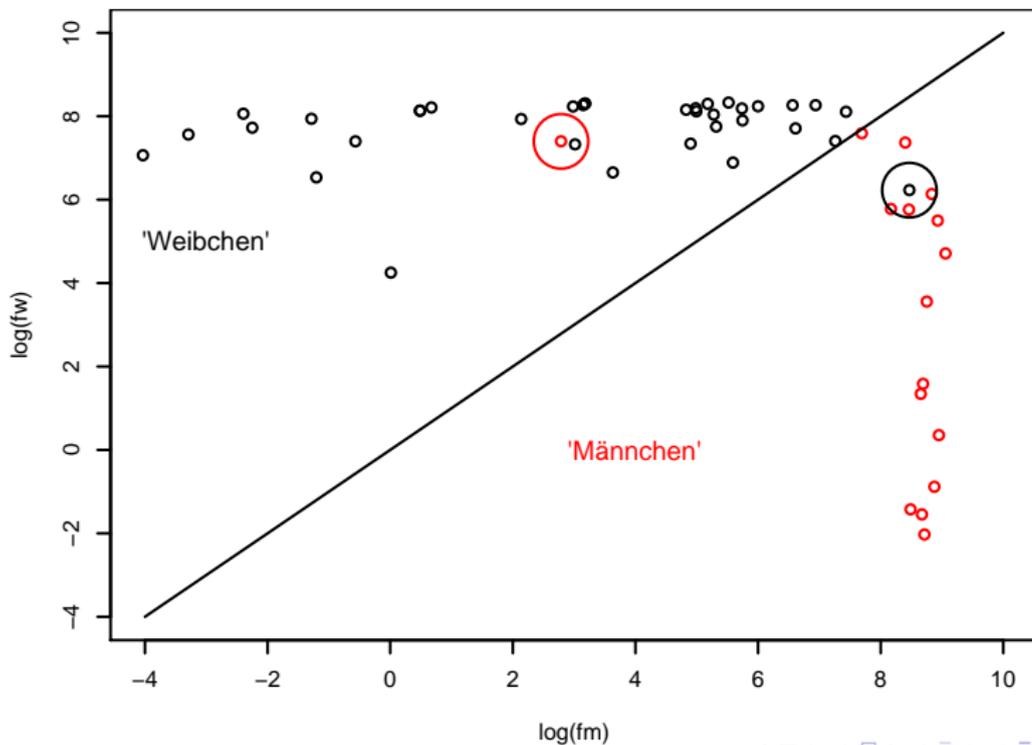
Falsch klassifiziert:



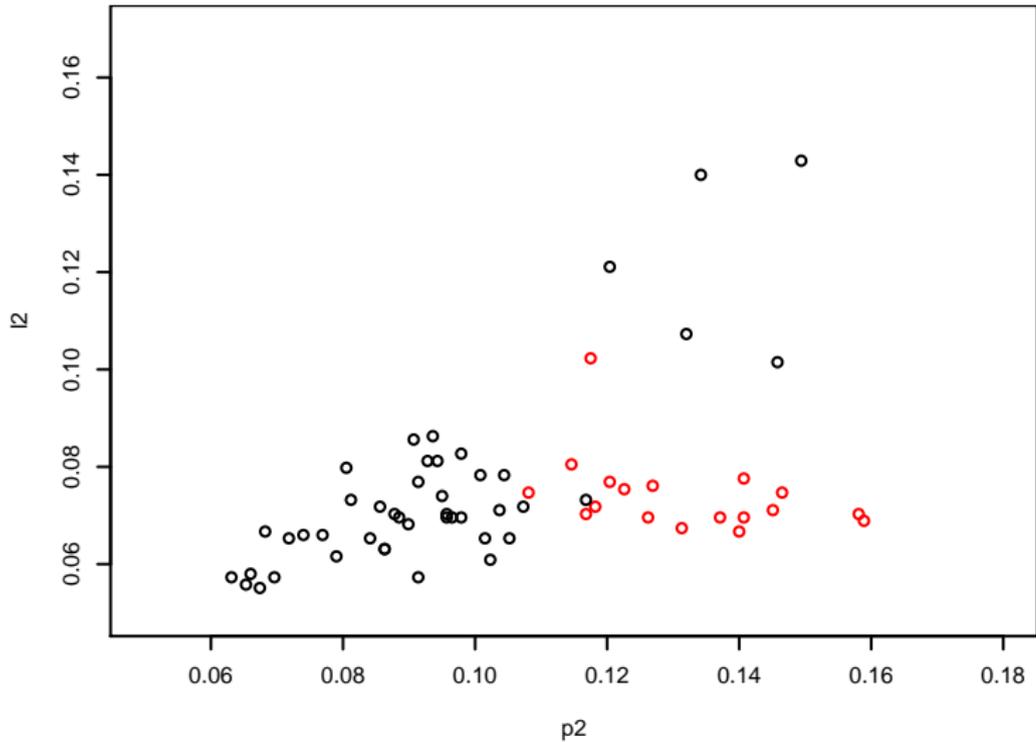
Falsch klassifiziert: 1 Männchen



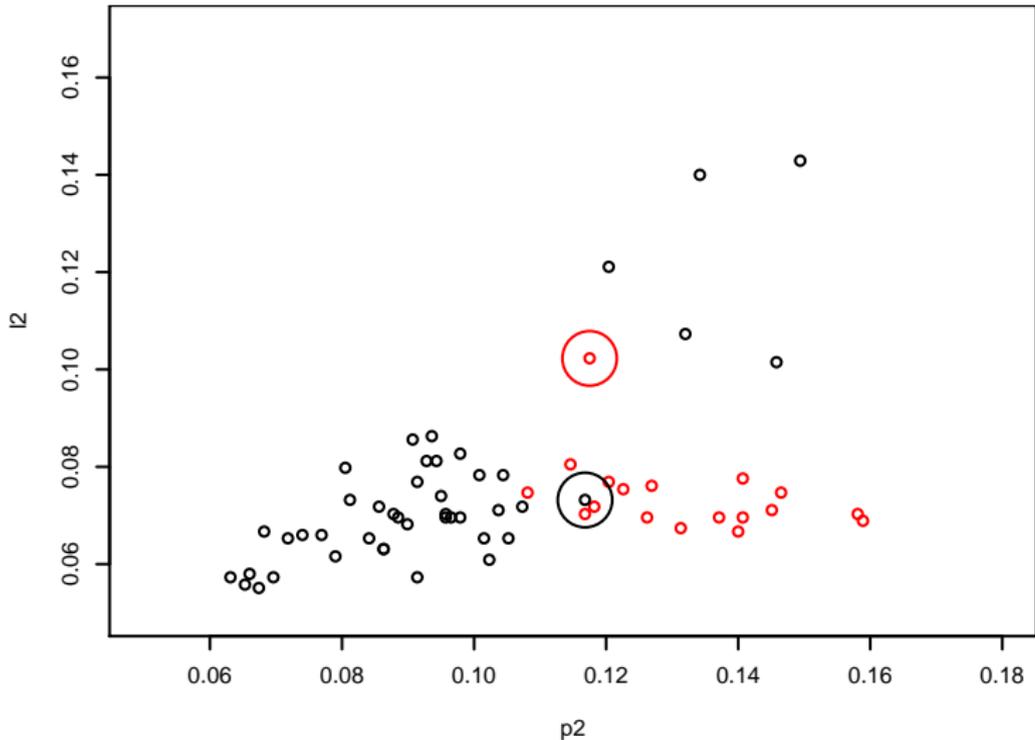
Falsch klassifiziert:
1 Männchen, 1 Weibchen
(und eigentlich 2 „unentschieden“)



Welche Fälle wurden falsch zugeordnet?



Welche Fälle wurden falsch zugeordnet?



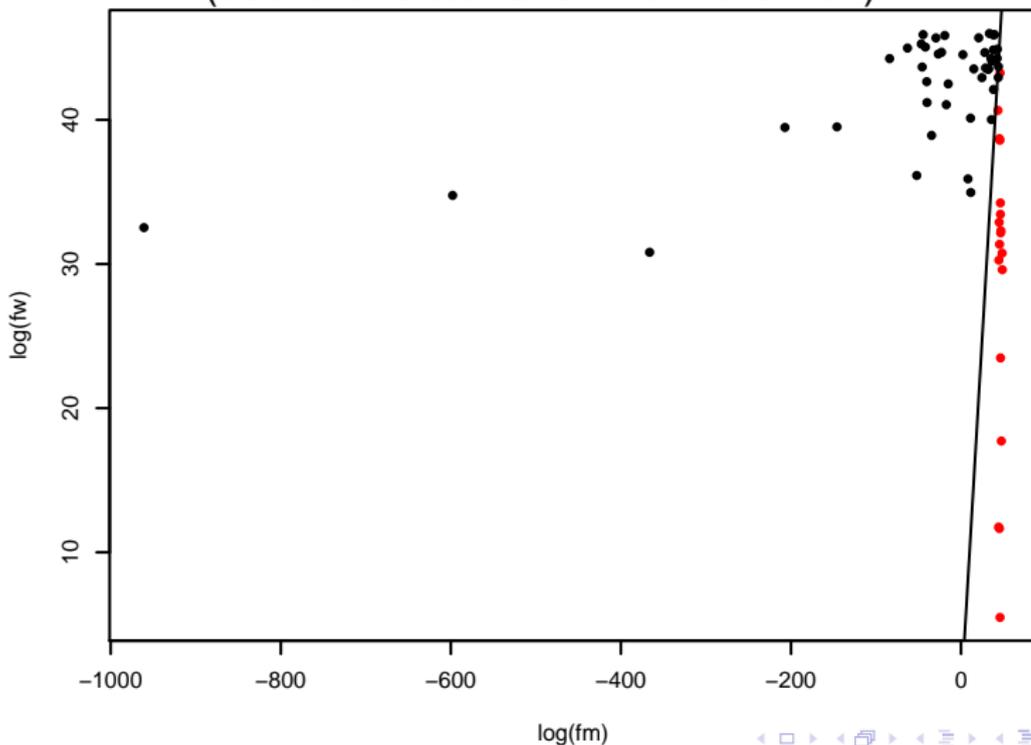
Wenn man nur p_2 und l_2 kennt, ist es sehr verständlich, dass diese Fälle falsch klassifiziert werden.

Wir verfahren genauso mit allen Variablen (p_1 , p_2 , p_3 , p_4 , p_5 , l_1 , l_2 , l_3 , l_4 , l_5) gemeinsam

Wir verfahren genauso mit allen Variablen (p_1 , p_2 , p_3 , p_4 , p_5 , l_1 , l_2 , l_3 , l_4 , l_5) gemeinsam — mathematisch analog, allerdings geometrisch sehr schwierig darzustellen.

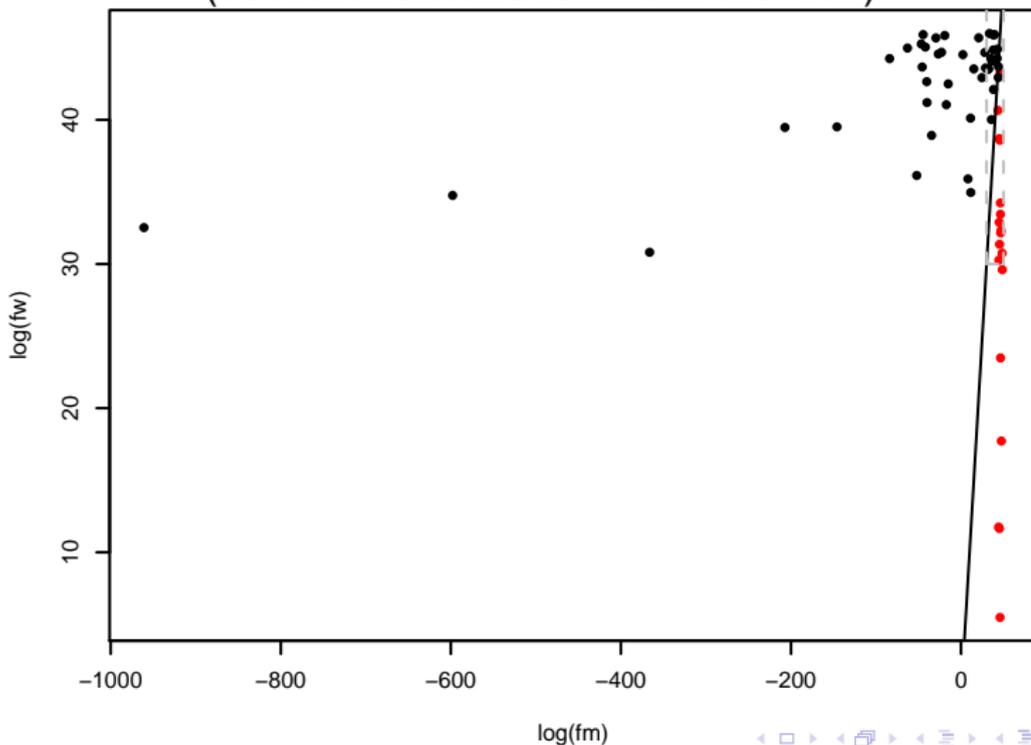
Ergebnis:

$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale
(basierend auf allen 10 Variablen):

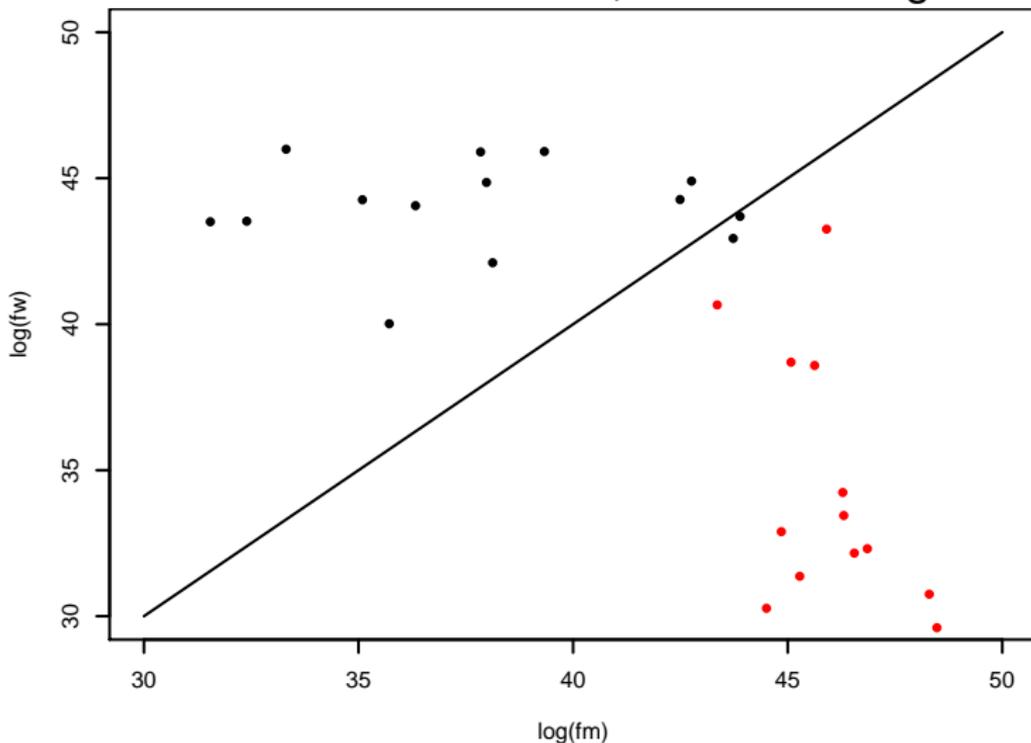


Ergebnis:

$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale
(basierend auf allen 10 Variablen):



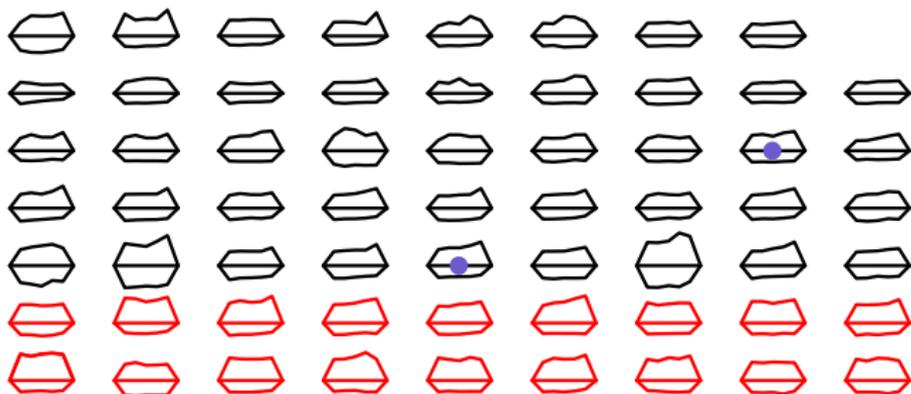
$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale
(basierend auf allen 10 Variablen, Ausschnittvergrößerung):



$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale
(basierend auf allen 10 Variablen, Ausschnittvergrößerung):
Die zwei mit (p2,l2) falsch klassifizierten Fälle wurden nun
richtig klassifiziert.

$\log(f_w)$ gegen $\log(f_m)$ und Diagonale
(basierend auf allen 10 Variablen, Ausschnittvergrößerung):
Die zwei mit (p2,l2) falsch klassifizierten Fälle wurden nun
richtig klassifiziert.
Allerdings wurden zwei Weibchen (knapp) falsch klassifiziert.

Falsch klassifiziert



Die beiden falsch klassifizierten Rufe: sie sehen ziemlich „männlich“ aus.