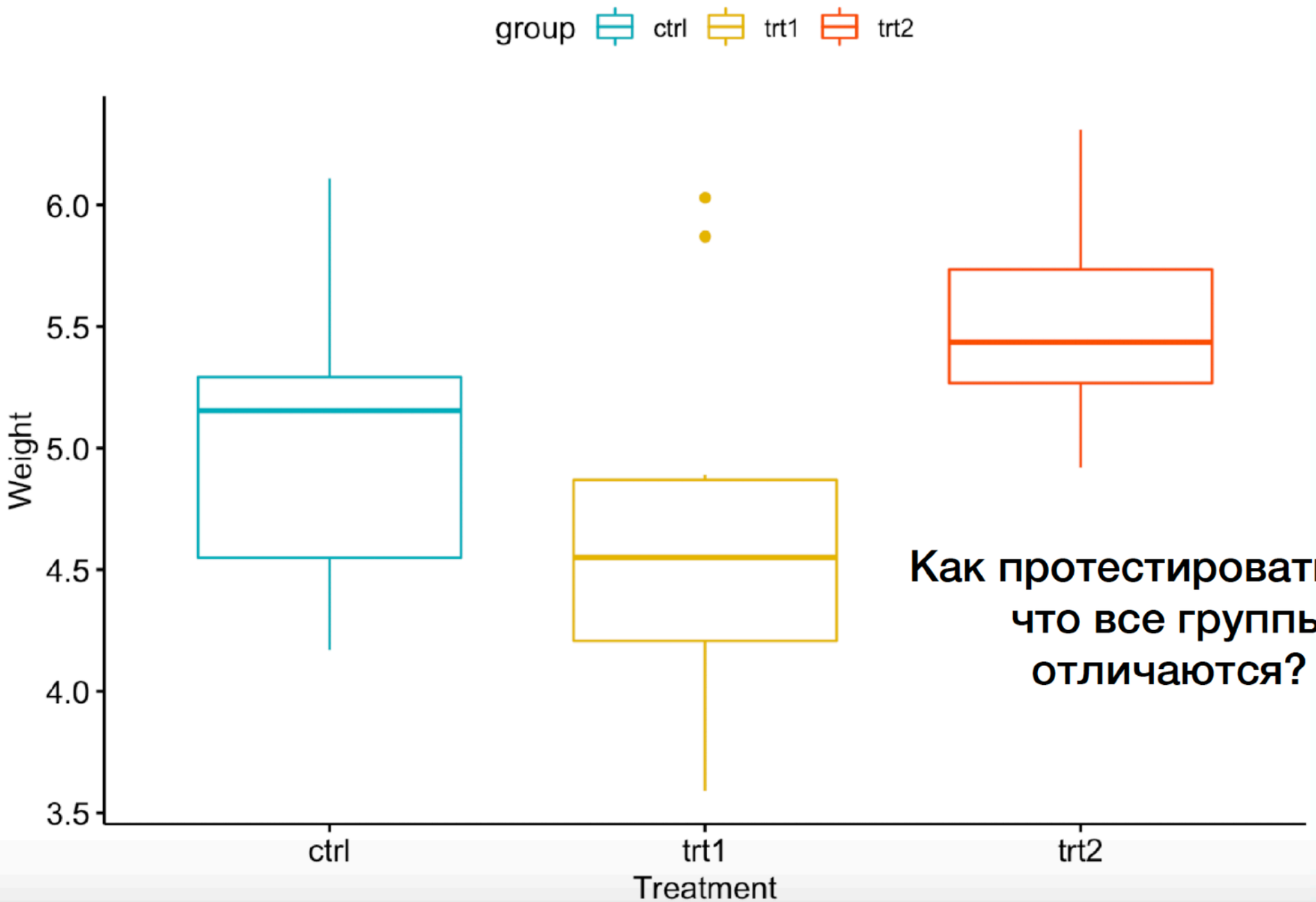
Anova.
Fixed effects model.
Random effects model

One-way ANOVA

```
library("ggpubr")
ggboxplot(PlantGrowth, x = "group", y = "weight",
          color = "group", palette = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),
          order = c("ctrl", "trt1", "trt2"),
          ylab = "Weight", xlab = "Treatment")
```



Как протестировать, что что все группы отличаются?

1-way ANOVA

FactorA	A1	A2	A3
	y_{11}	y_{12}	y_{13}
	y_{21}	...	...
	...	...	...
	y_{n1}		y_{nm}

1-way ANOVA

$$SST = SSX + SSE$$

$$SST = SSA + SSE$$

$$SST = SS_{among} + SS_{within}$$

$$SST = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y})^2$$

$$SSA = \sum_i \sum_j (\bar{y}_{\_j} - \bar{y})^2 = n \cdot \sum_j (\bar{y}_{\_j} - \bar{y})^2$$

$$SSE = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2$$

1-way ANOVA

$$SST = SSX + SSE$$

$$SST = SSA + SSE$$

$$SST = SS_{among} + SS_{within}$$

$$SST = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y})^2$$ **Сумма квадратов Y**

$$SSA = n \cdot \sum_j (\bar{y}_{\_j} - \bar{y})^2$$ **Сумма квадратов Y, объясняемая фактором A**

Фактически - сколько мы объясним, если будем предсказывать y только по j (значению фактора A)

$$SSE = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2$$ **Сумма квадратов Y, не объясняемая фактором A**

FactorA	A1	A2	A3
	$\bar{y}_{\_1}$	$\bar{y}_{\_2}$	$\bar{y}_{\_3}$
	$\bar{y}_{\_1}$	...	...
	...	...	...
	$\bar{y}_{\_1}$	$\bar{y}_{\_2}$	$\bar{y}_{\_3}$

1-way ANOVA

$$H_0 : \mu_{A_1} = \mu_{A_2} \ldots = \mu_{A_n} = \mu$$

$$H_1 : \textbf{Не все средние равны}$$

FactorA	A1	A2	A3
	y_{11}	y_{12}	y_{13}
	y_{21}	...	...
	...	...	...
	y_{n1}		y_{nm}

1-way ANOVA

$$H_0 : \mu_{A_1} = \mu_{A_2} \ldots = \mu_{A_n} = \mu$$

Если H0 верна, то фактически, у нас имеется n выборок (по 1 выборке на значение фактора A).
В каждой мы можем оценить дисперсию. Что мы можем потом сделать?

1-way ANOVA

$$H_0 : \mu_{A_1} = \mu_{A_2} \ldots = \mu_{A_n} = \mu$$

1) Если H0 верна, то фактически, у нас имеется n выборок (по 1 выборке на значение фактора A).
В каждой мы можем оценить дисперсию. Что мы можем потом сделать?

Подсчитать pooled variance

$$s^2_{pooled} = \frac{\sum_j (n_j - 1) s_j^2}{\sum_j (n_j - 1)} = \frac{SSE}{N - a} = MSE$$

$$s_j^2 = \frac{1}{n_j - 1} \sum_i (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2 \qquad SSE = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2$$

1-way ANOVA

$$H_0 : \mu_{A_1} = \mu_{A_2} \ldots = \mu_{A_n} = \mu$$

1) Если H0 верна, то фактически, у нас имеется n выборок (по 1 выборке на значение фактора A)
В каждой мы можем оценить дисперсию. Что мы можем потом сделать?

Подсчитать pooled variance

$$\sigma^2 \approx s^2_{pooled} = \frac{\sum_j (n_j - 1) s_j^2}{\sum_j (n_j - 1)} = \frac{SSE}{N - a} = MSE$$

$$s_j^2 = \frac{1}{n_j - 1} \sum_i (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2 \qquad SSE = \sum_i \sum_j (y_{ij} - \bar{y}_{\_j})^2$$

1-way ANOVA

$$H_0 : \mu_{A_1} = \mu_{A_2} \ldots = \mu_{A_n} = \mu$$

2) Если H0 верна, то средние для значений фактора распределены следующим образом

$$\bar{y}_{\_j} \sim N(\mu, \frac{\sigma^2}{n})$$

Мы опять можем оценить наши дисперсию, но уже через эти средние!

$$\frac{\sigma^2}{n} \approx \frac{1}{a-1} \sum_{i=1}^{a} (\bar{y}_{\_j} - \bar{y})^2$$

$$\sigma^2 \approx \frac{1}{a-1} \cdot n \cdot \sum_{i=1}^{a} (\bar{y}_{\_j} - \bar{y})^2$$

1-way ANOVA

3) Если H0 верна, то

$$\sigma^2 \approx \frac{1}{a-1} \cdot n \cdot \sum_{i=1}^{a} (\bar{y}_{\_j} - \bar{y}) = MSA$$

a наблюдений (наших средних), считали общее среднее - df = a - 1

$$\sigma^2 \approx s^2_{pooled} = \frac{\sum_j (n_j - 1)s_j^2}{\sum_j (n_j - 1)} = \frac{SSE}{N-a} = MSE$$

n наблюдений (наших средних), считали a средних - потому df= n - a

$$\frac{MSA}{MSE} \sim F(a-1,\ n-a)$$

One-way ANOVA

```
res.aov <- aov(weight ~ group, data = PlantGrowth)
# Summary of the analysis
summary(res.aov)
```

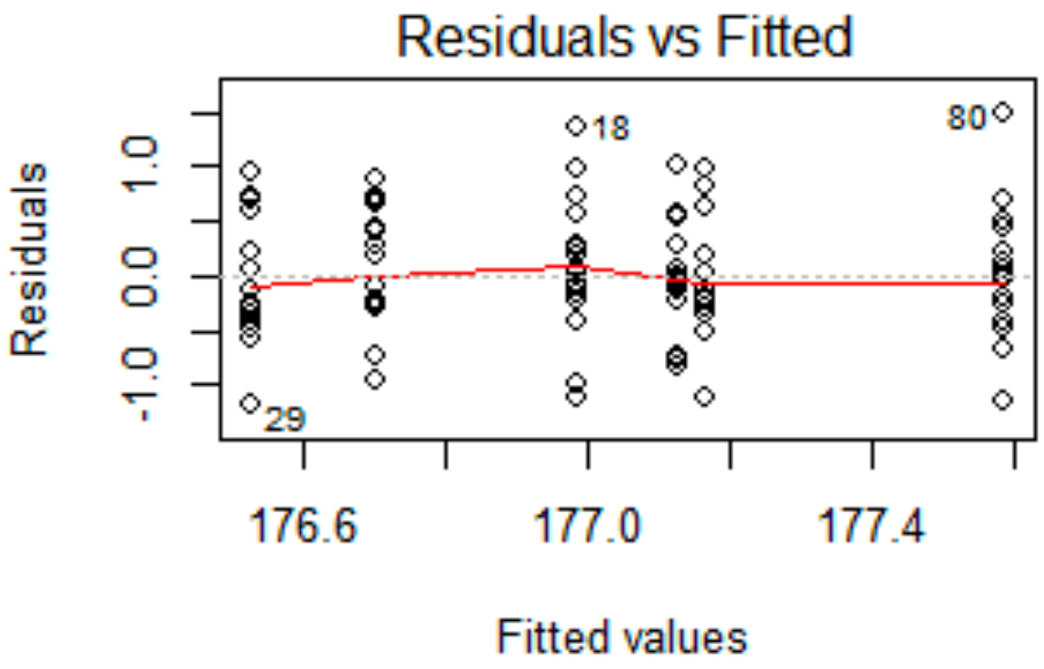
```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## group         2  3.766  1.8832   4.846 0.0159 *
## Residuals    27 10.492  0.3886
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

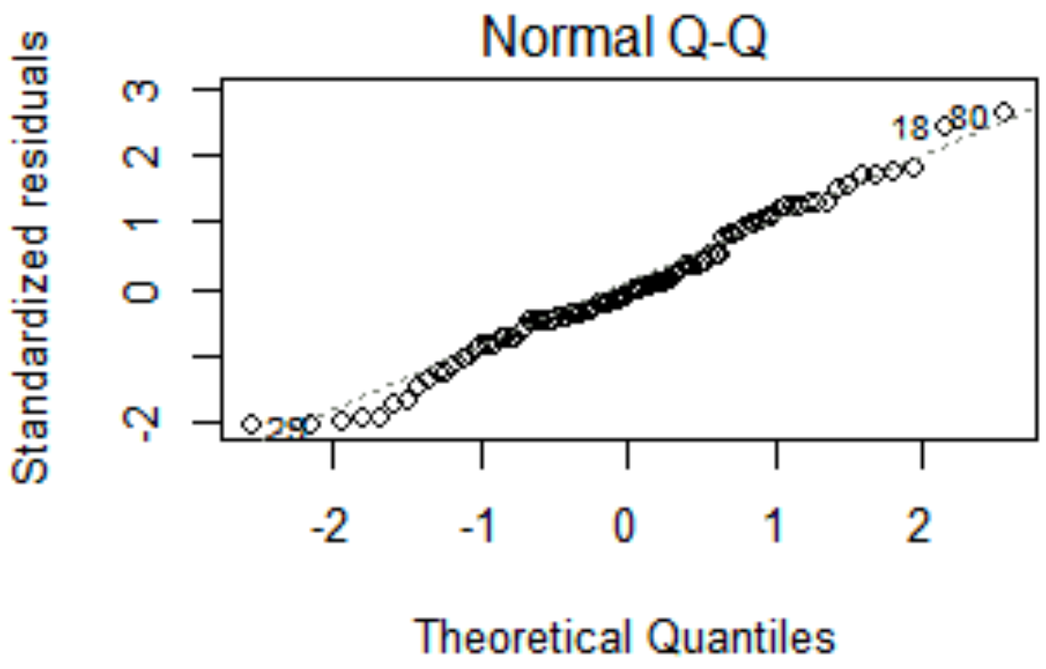
H0 - нет разницы между группами (u1 = u2 = ….= un)

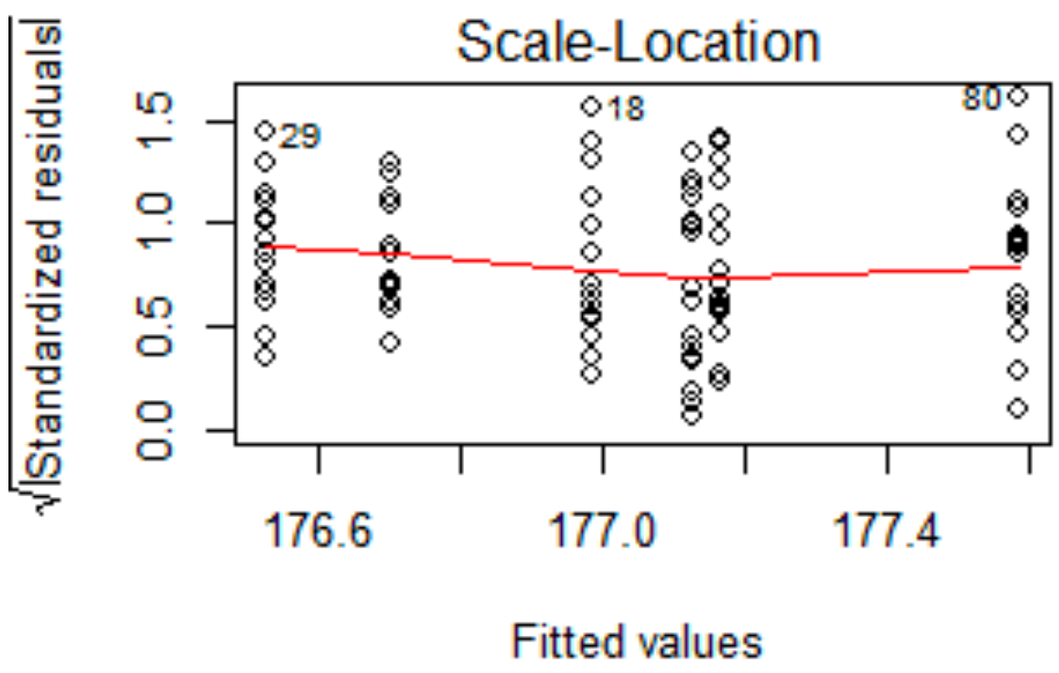
Предположения one-way ANOVA

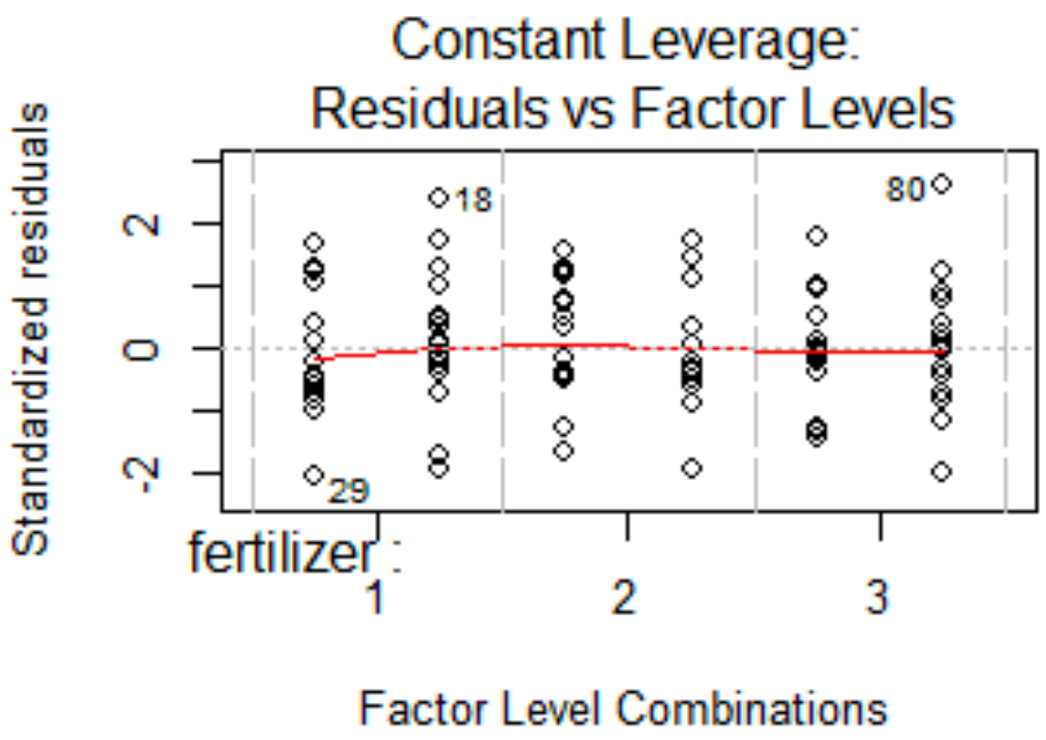
- Независимость наблюдений
- Нормальность остатков
- Гомоскедастичность (однородность дисперсий)

Проверять можно функцией plot - plot(model)







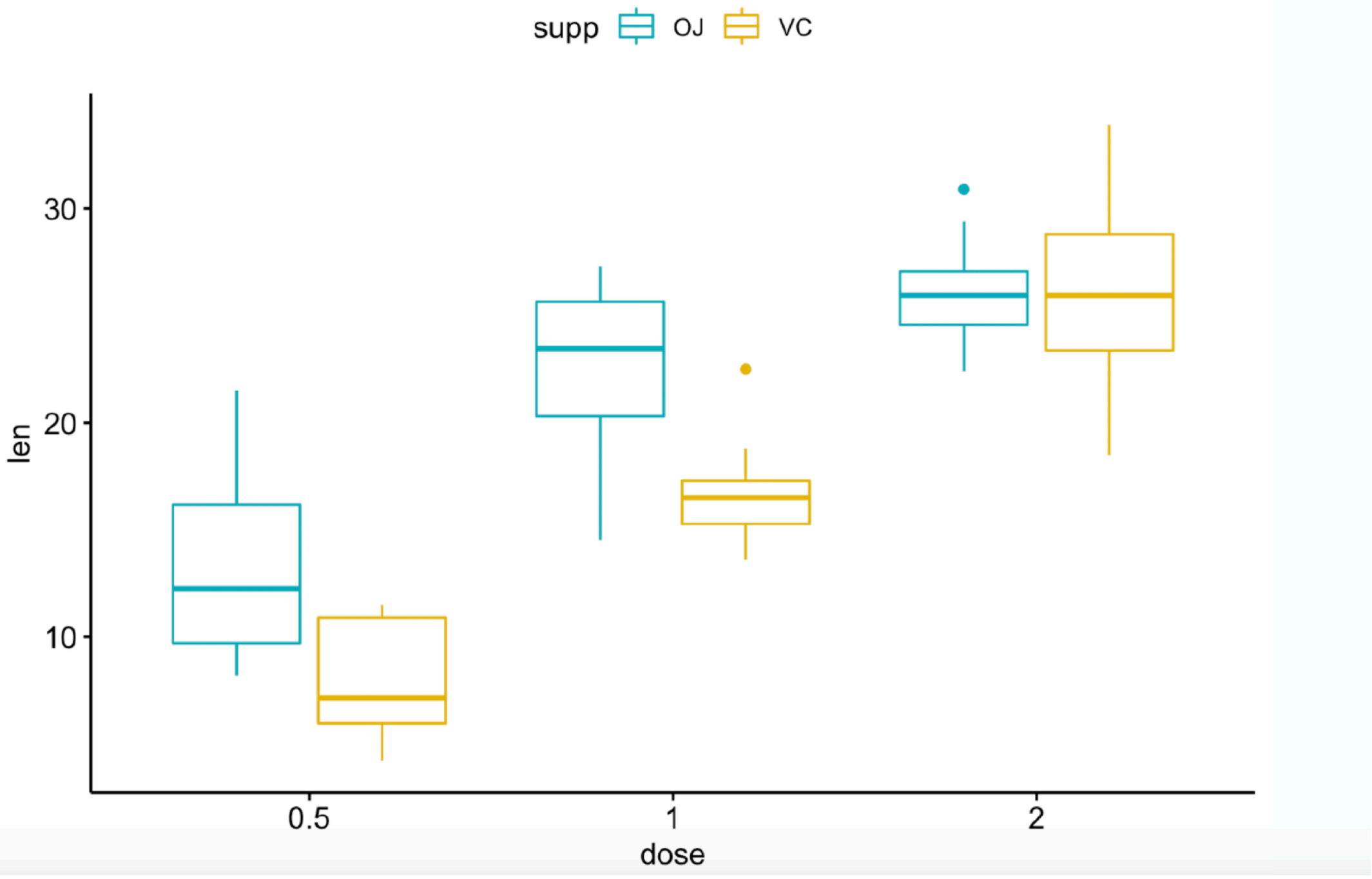


https://www.geeksforgeeks.org/anova-test-in-r-programming/

Если факторов несколько?

Two-way ANOVA

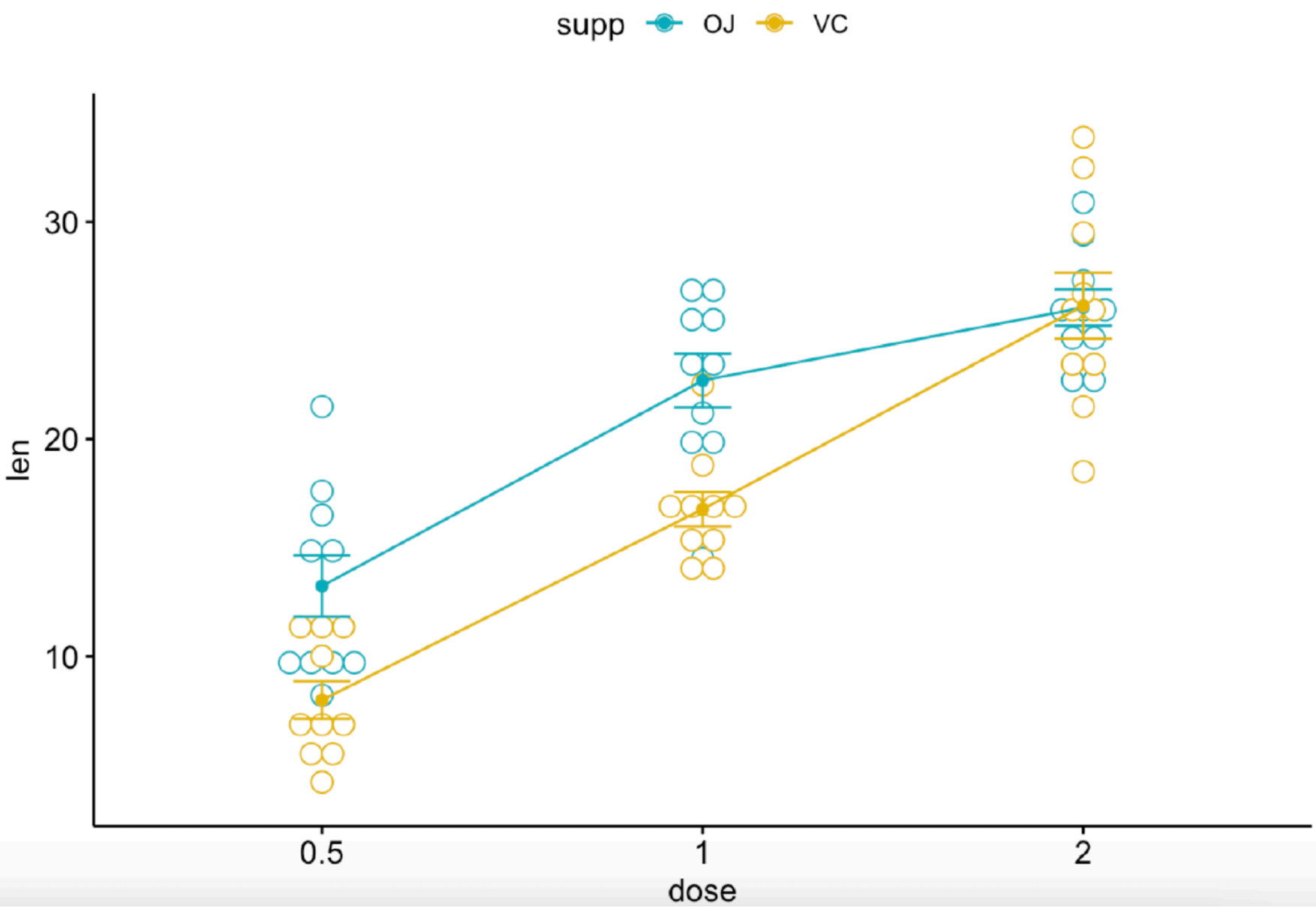
```
library("ggpubr")
ggboxplot(ToothGrowth, x = "dose", y = "len", color = "supp",
          palette = c("#00AFBB", "#E7B800"))
```



Two-way ANOVA

```
library("ggpubr")
ggline(ToothGrowth, x = "dose", y = "len", color = "supp",
       add = c("mean_se", "dotplot"),
       palette = c("#00AFBB", "#E7B800"))
```

```
## `stat_bindot()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



Two-way ANOVA

```
ToothGrowth$dose <- factor(ToothGrowth$dose,
                  levels = c(0.5, 1, 2),
                  labels = c("D0.5", "D1", "D2"))
res.aov2 <- aov(len ~ supp + dose, data = ToothGrowth)
summary(res.aov2)
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## supp          1  205.4   205.4   14.02 0.000429 ***
## dose          2 2426.4  1213.2   82.81  < 2e-16 ***
## Residuals    56  820.4    14.7
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

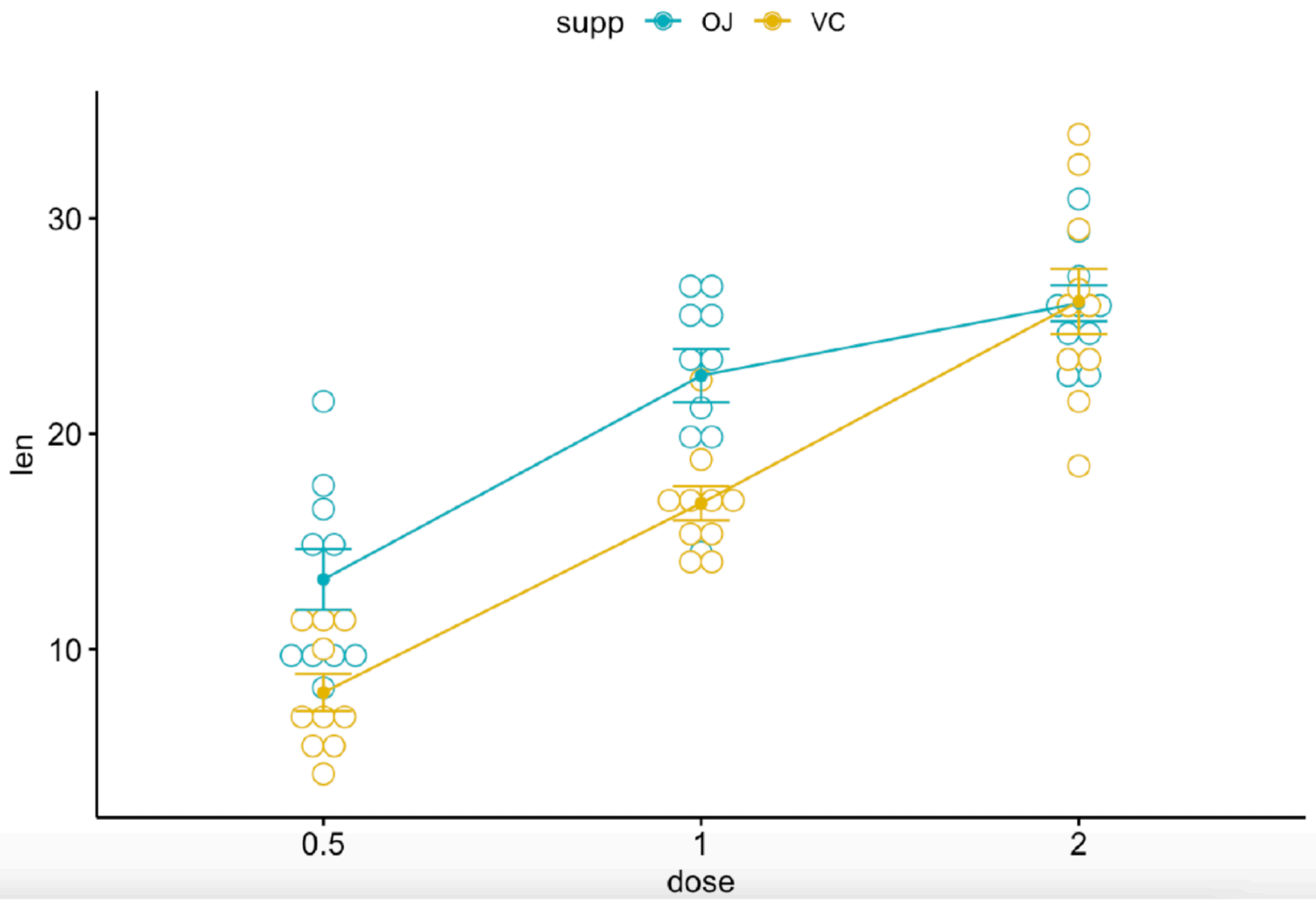
Первая H0 - нет разницы между группами по supp (u1 = u2 = ….= un)

Вторая H0 - нет разницы между группами по dose (u1 = u2 = ….= un)

Two-way ANOVA

```
library("ggpubr")
ggline(ToothGrowth, x = "dose", y = "len", color = "supp",
       add = c("mean_se", "dotplot"),
       palette = c("#00AFBB", "#E7B800"))
```

```
## `stat_bindot()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



Two-way ANOVA

```
res.aov3 <- aov(len ~ supp * dose, data = ToothGrowth)
summary(res.aov3)
```

```
##                Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## supp            1  205.4   205.4  15.572 0.000231 ***
## dose            2 2426.4  1213.2  92.000  < 2e-16 ***
## supp:dose       2  108.3    54.2   4.107 0.021860 *
## Residuals      54  712.1    13.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Первая H0 - нет разницы между группами по supp (u1 = u2 = ….= un)

Вторая H0 - нет разницы между группами по dose (u1 = u2 = ….= un)

Третья H0 - нет влияния supp на dose

Post-hoc анализ

ANOVA сказала, что есть значимые различия

Что дальше?

Post-hoc анализ

ANOVA сказала, что есть значимые различия

Что дальше?

Искать, какие конкретно группы отличаются

Post-hoc анализ

ANOVA сказала, что есть значимые различия

Что дальше?

Искать, какие конкретно группы отличаются

Делаем попарные t-тесты.

Можно делать чуть более умные тесты, проводящие все сравнения вместе, например, Tukey HSD test.

Неучтенные эффекты

Предположим, что наша целевая переменная в действительности не объясняется нашими переменными

$$y_i = \mu + \beta x_i + \gamma z_i + \alpha_i + \epsilon_i$$

Свободный коэффициент (intercept)

Объясняющая переменная 1

Объясняющая переменная 2

Совокупный вклад всех переменных, которые мы не включили в модель, а они влияют

Нормальный шум

Неучтенные эффекты

$$y_i = \mu + \beta x_i + \gamma z_i + \alpha_i + \epsilon_i$$

Свободный коэффициент (intercept)

Объясняющая переменная 1

Объясняющая переменная 2

Совокупный вклад всех переменных, которые мы не включили в модель, а они влияют

Нормальный шум

Что будет, если мы попробуем аппроксимировать это моделью?

$$y_i = \mu + \beta x_i + \gamma z_i + \epsilon_i$$

Неучтенные эффекты

$$y_i = \mu + \beta x_i + \gamma z_i + \alpha_i + \epsilon_i$$

Свободный коэффициент (intercept)

Объясняющая переменная 1

Объясняющая переменная 2

Совокупный вклад всех переменных, которые мы не включили в модель, а они влияют

Нормальный шум

Что будет, если мы попробуем аппроксимировать это моделью?

$$y_i = \mu + \beta x_i + \gamma z_i + \epsilon_i$$

Модель будет пытаться распихать alpha по вкладам включенных нами переменных

Output 2.1 Regressions of ANTI on POV and SELF in 1990 and 1994

Dependent Variable: anti90 child antisocial behavior in 1990

Variable	*DF*	*Parameter Estimate*	*Standard Error*	*t Value*	*Pr > |t|*
Intercept	1	2.37482	0.38447	6.18	<.0001
self90	1	-0.05014	0.01870	-2.68	0.0075
pov90	1	0.59473	0.12629	4.71	<.0001

Dependent Variable: anti94 child antisocial behavior in 1994

Variable	*DF*	*Parameter Estimate*	*Standard Error*	*t Value*	*Pr > |t|*
Intercept	1	2.88797	0.44688	6.46	<.0001
self94	1	-0.06388	0.02113	-3.02	0.0026
pov94	1	0.54712	0.14765	3.71	0.0002

Что делать?

У нас есть данные за два года. Предположим, что невключенные эффекты остались прежними

$$y_{i1} = \mu_1 + \beta x_{i1} + \gamma z_{i1} + \alpha_i + \epsilon_{i1}$$

$$y_{i2} = \mu_2 + \beta x_{i2} + \gamma z_{i2} + \alpha_i + \epsilon_{i2}$$

Что делать?

У нас есть данные за два года. Предположим, что невключенные эффекты остались прежними

$$y_{i1} = \mu_1 + \beta x_{i1} + \gamma z_{i1} + \alpha_i + \epsilon_{i1}$$

$$y_{i2} = \mu_2 + \beta x_{i2} + \gamma z_{i2} + \alpha_i + \epsilon_{i2}$$

$$\Delta y_i = \Delta\mu + \beta \Delta x_i + \gamma \Delta z_i + \Delta \epsilon_i$$

И будем учить эту модель

Работает!

Output 2.2 Regression with Difference Scores

Dependent Variable: antidiff

Variable	*DF*	*Parameter Estimate*	*Standard Error*	*t Value*	*Pr > |t|*
Intercept	1	0.20923	0.06305	3.32	0.0010
selfdiff	1	-0.05615	0.01531	-3.67	0.0003
povdiff	1	-0.03631	0.12827	-0.28	0.7772

Fixed effects model

$$y_{it} = \mu_t + \beta x_{it} + \gamma z_{it} + \alpha_i + \epsilon_{it}$$

- Если обобщать для случая, когда у нас есть несколько периодов наблюдения/зон наблюдения и тд, то придем к модели, которая далее (почти) сводится к fixed effects model.

- Идея простая - просто добавляем в модель категориальную переменную, отвечающую за период наблюдения

- По сути - все это мы уже делали, когда просто строили регрессию с категориальными переменными

Почему называется fixed effects model?

Fixed effects model

$$y_{it} = \mu_t + \beta x_{it} + \gamma z_{it} + \alpha_i + \epsilon_{it}$$

- Если обобщать для случая, когда у нас есть несколько периодов наблюдения/зон наблюдения и тд, то придем к модели, которая далее (почти) сводится к fixed effects model.

- Идея простая - просто добавляем в модель категориальную переменную, отвечающую за период наблюдения

- По сути - все это мы уже делали, когда просто строили регрессию с категориальными переменными

Fixed effect - alpha, не зависит от t

```r
data(Fatalities)
Fatalities$fatal_rate <- Fatalities$fatal / Fatalities$pop * 10000
fatal_fe_lm_mod <- lm(fatal_rate ~ beertax + state, data = Fatalities)
summary(fatal_fe_lm_mod)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = fatal_rate ~ beertax + state, data = Fatalities)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -0.58696 -0.08284 -0.00127  0.07955  0.89780
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  3.47763    0.31336  11.098  < 2e-16 ***
## beertax     -0.65587    0.18785  -3.491 0.000556 ***
## stateaz     -0.56773    0.26667  -2.129 0.034107 *
## statear     -0.65495    0.21902  -2.990 0.003028 **
## stateca     -1.50947    0.30435  -4.960 1.21e-06 ***
## stateco     -1.48428    0.28735  -5.165 4.50e-07 ***
## statect     -1.86226    0.28053  -6.638 1.58e-10 ***
## statede     -1.30760    0.29395  -4.448 1.24e-05 ***
## statefl     -0.26813    0.13933  -1.924 0.055284 .
```

Стандартные ошибки тут не совсем верные, оценивать можно, к примеру, через бутстрэп

Random effects model

$$y_{it} = \mu_t + \beta x_{it} + \gamma z_{it} + \alpha_i + \epsilon_{it}$$

$$\alpha_i \sim N(0, \sigma^2)$$

Дополнительно: Эффект alpha не зависит от признаков и шума

Датасет с драконами

- Драконы живут на разных горных массивах, в трех случайных локациях этих массивов
- Драконы имеют разную длину
- Драконы сдавали тест и получили за него баллы
- Хотим изучить зависимость результатов за тест от длины дракона

https://ourcodingclub.github.io/tutorials/mixed-models/#what

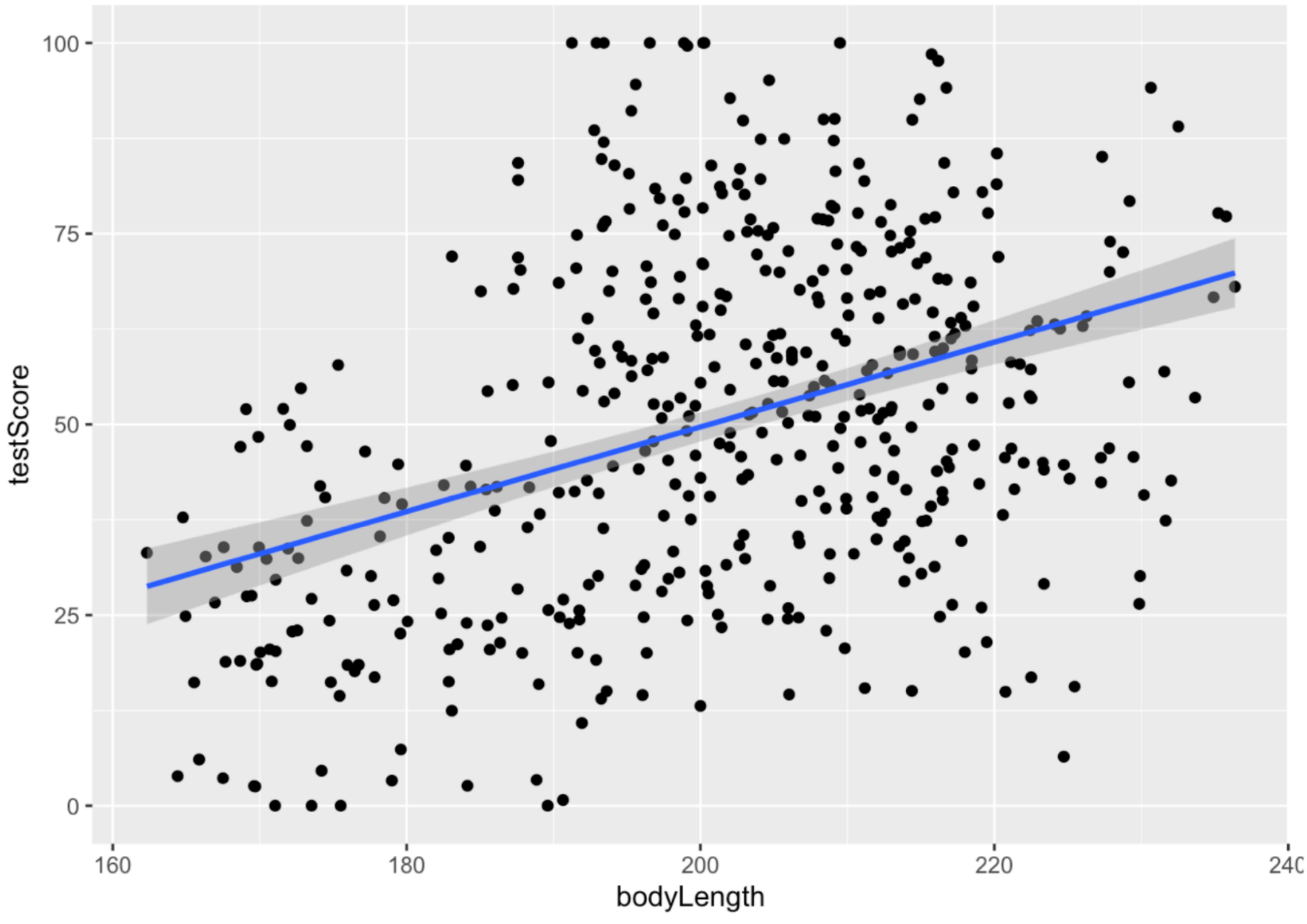
```
basic.lm <- lm(testScore ~ bodyLength, data = dragons)
summary(basic.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = testScore ~ bodyLength, data = dragons)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -56.962 -16.411  -0.783  15.193  55.200
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -61.31783   12.06694  -5.081 5.38e-07 ***
## bodyLength    0.55487    0.05975   9.287  < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 21.2 on 478 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.1529, Adjusted R-squared:  0.1511
## F-statistic: 86.25 on 1 and 478 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

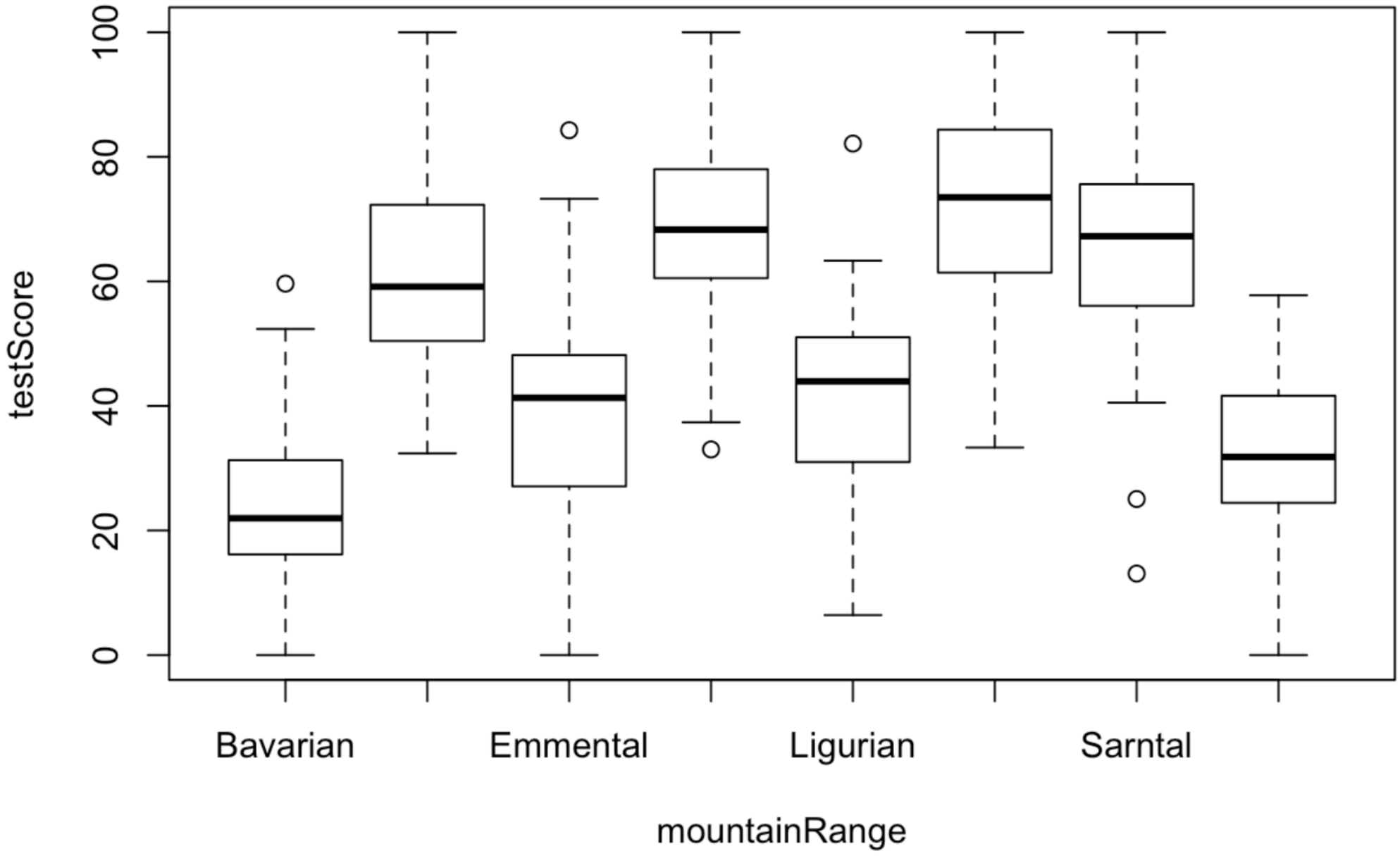
```r
library(ggplot2)  # load the package

(prelim_plot <- ggplot(dragons, aes(x = bodyLength, y = testScore)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm"))
```

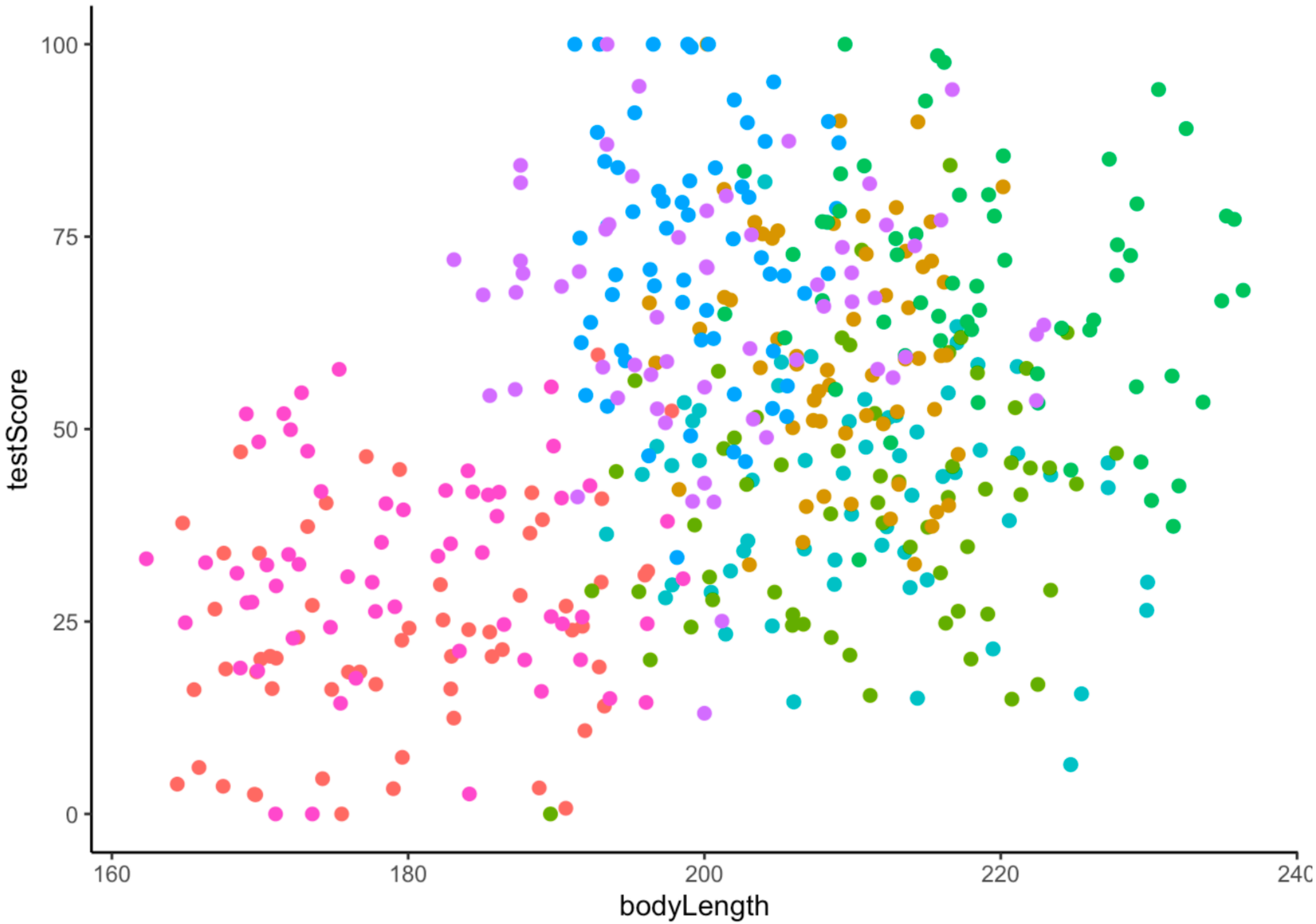
```
## `geom_smooth()` using formula 'y ~ x'
```



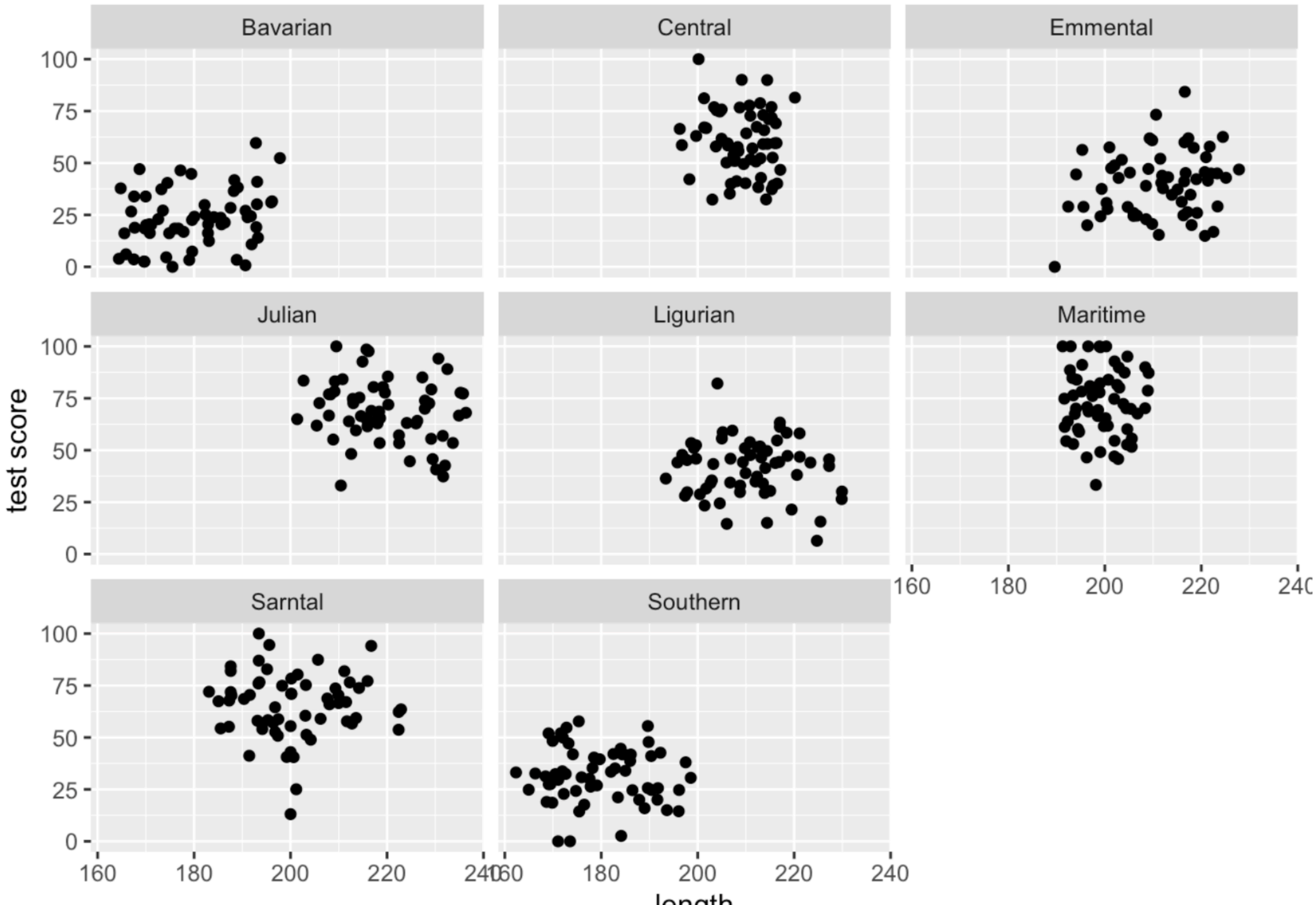
```
boxplot(testScore ~ mountainRange, data = dragons)
```



```
(colour_plot <- ggplot(dragons, aes(x = bodyLength, y = testScore, colour = mountainRange)) +
  geom_point(size = 2) +
  theme_classic() +
  theme(legend.position = "none"))
```



```
(split_plot <- ggplot(aes(bodyLength, testScore), data = dragons) +
  geom_point() +
  facet_wrap(~ mountainRange) + # create a facet for each mountain range
  xlab("length") +
  ylab("test score"))
```



```
mountain.lm <- lm(testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
summary(mountain.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
##
## Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -52.263  -9.926   0.361   9.994  44.488
##
## Coefficients:
##                          Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)              20.83051   14.47218   1.439  0.15072
## bodyLength                0.01267    0.07974   0.159  0.87379
## mountainRangeCentral     36.58277    3.59929  10.164  < 2e-16 ***
## mountainRangeEmmental    16.20923    3.69665   4.385 1.43e-05 ***
## mountainRangeJulian      45.11469    4.19012  10.767  < 2e-16 ***
## mountainRangeLigurian    17.74779    3.67363   4.831 1.84e-06 ***
## mountainRangeMaritime    49.88133    3.13924  15.890  < 2e-16 ***
## mountainRangeSarntal     41.97841    3.19717  13.130  < 2e-16 ***
## mountainRangeSouthern     8.51961    2.73128   3.119  0.00192 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 14.96 on 471 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5843, Adjusted R-squared:  0.5773
## F-statistic: 82.76 on 8 and 471 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
mountain.lm <- lm(testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
summary(mountain.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
##
## Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -52.263  -9.926   0.361   9.994  44.488
##
## Coefficients:
##                          Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)              20.83051   14.47218   1.439  0.15072
## bodyLength                0.01267    0.07974   0.159  0.87379
## mountainRangeCentral     36.58277    3.59929  10.164  < 2e-16 ***
## mountainRangeEmmental    16.20923    3.69665   4.385 1.43e-05 ***
## mountainRangeJulian      45.11469    4.19012  10.767  < 2e-16 ***
## mountainRangeLigurian    17.74779    3.67363   4.831 1.84e-06 ***
## mountainRangeMaritime    49.88133    3.13924  15.890  < 2e-16 ***
## mountainRangeSarntal     41.97841    3.19717  13.130  < 2e-16 ***
## mountainRangeSouthern     8.51961    2.73128   3.119  0.00192 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 14.96 on 471 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5843, Adjusted R-squared:  0.5773
## F-statistic: 82.76 on 8 and 471 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Можно ли считать mountainRange fixed effect?

```
mountain.lm <- lm(testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
summary(mountain.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
##
## Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -52.263  -9.926   0.361   9.994  44.488
##
## Coefficients:
##                          Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)              20.83051   14.47218   1.439  0.15072
## bodyLength                0.01267    0.07974   0.159  0.87379
## mountainRangeCentral     36.58277    3.59929  10.164  < 2e-16 ***
## mountainRangeEmmental    16.20923    3.69665   4.385 1.43e-05 ***
## mountainRangeJulian      45.11469    4.19012  10.767  < 2e-16 ***
## mountainRangeLigurian    17.74779    3.67363   4.831 1.84e-06 ***
## mountainRangeMaritime    49.88133    3.13924  15.890  < 2e-16 ***
## mountainRangeSarntal     41.97841    3.19717  13.130  < 2e-16 ***
## mountainRangeSouthern     8.51961    2.73128   3.119  0.00192 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 14.96 on 471 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5843, Adjusted R-squared:  0.5773
## F-statistic: 82.76 on 8 and 471 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Можно ли считать mountainRange fixed effect?

Можно

```
mountain.lm <- lm(testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
summary(mountain.lm)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = testScore ~ bodyLength + mountainRange, data = dragons)
##
## Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -52.263  -9.926   0.361   9.994  44.488
##
## Coefficients:
##                          Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)              20.83051   14.47218   1.439  0.15072
## bodyLength                0.01267    0.07974   0.159  0.87379
## mountainRangeCentral     36.58277    3.59929  10.164  < 2e-16 ***
## mountainRangeEmmental    16.20923    3.69665   4.385 1.43e-05 ***
## mountainRangeJulian      45.11469    4.19012  10.767  < 2e-16 ***
## mountainRangeLigurian    17.74779    3.67363   4.831 1.84e-06 ***
## mountainRangeMaritime    49.88133    3.13924  15.890  < 2e-16 ***
## mountainRangeSarntal     41.97841    3.19717  13.130  < 2e-16 ***
## mountainRangeSouthern     8.51961    2.73128   3.119  0.00192 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 14.96 on 471 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5843, Adjusted R-squared:  0.5773
## F-statistic: 82.76 on 8 and 471 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Можно ли считать mountainRange fixed effect?

Можно

Но на самом деле нам этот эффект абсолютно в исследовании не нужен.
И, мы с тем же успехом могли взять и другие горные массивы

Fixed effect vs random effect

1. Если уровней фактора мало (меньше 5), то лучше сделать его fixed effect, чтобы модель давала оценки коэффициентов, на которые можно положиться

2. Если фактор является важной частью исследования и мы хотим далее делать о нем выводы, то это **fixed effect**

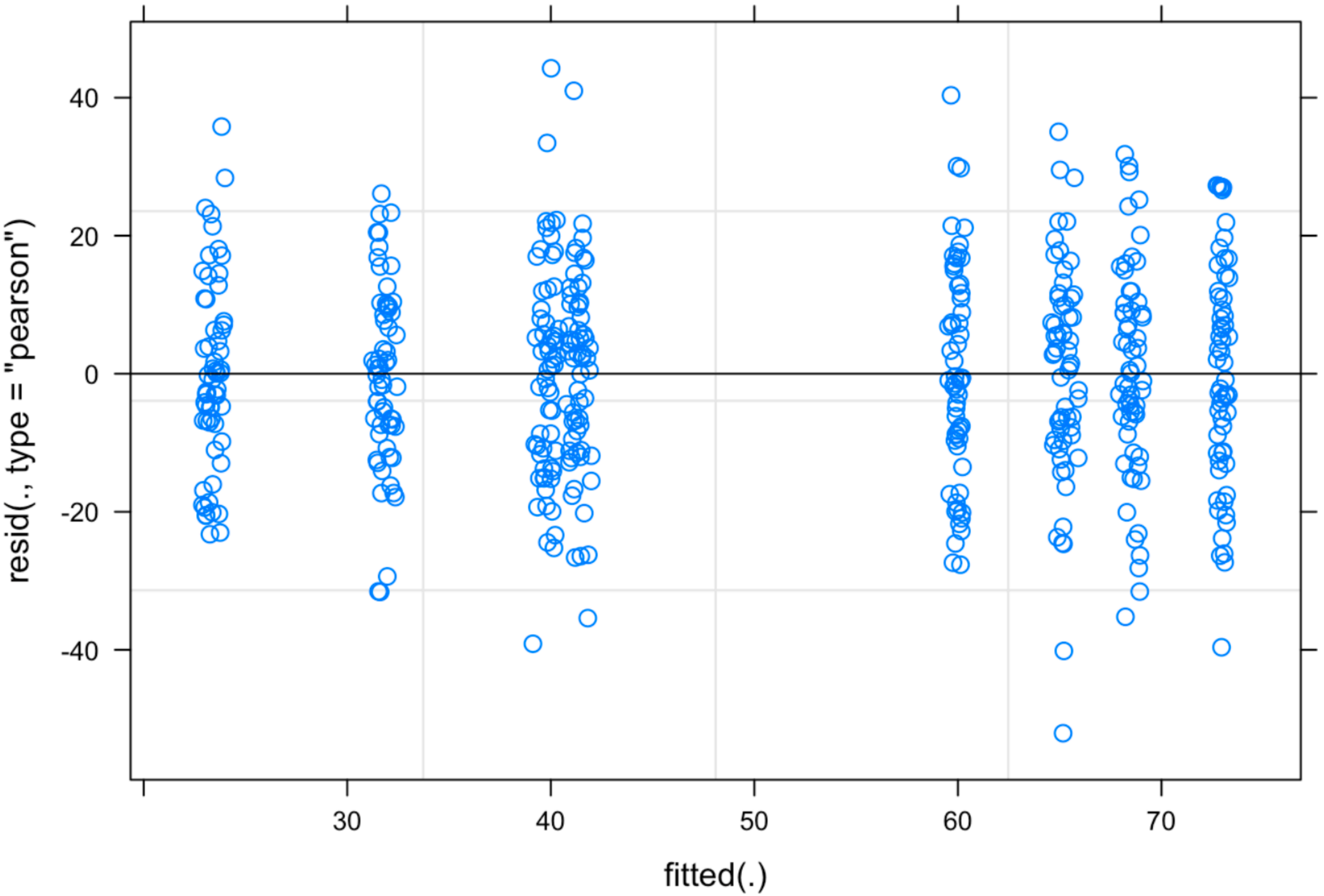
3. Если фактор просто группирует как-то наши данные (номер повторности, номер плашки и тд), но он нам не интересен, но он может оказывать эффект. В этом случае это **random effect**.

4. Еще один способ дать определение **random effect** - уровни фактора не имеют принципиального значения. Они просто выбраны из некой генеральной совокупности. Например - мы взяли для исследования больных из 10 больниц.

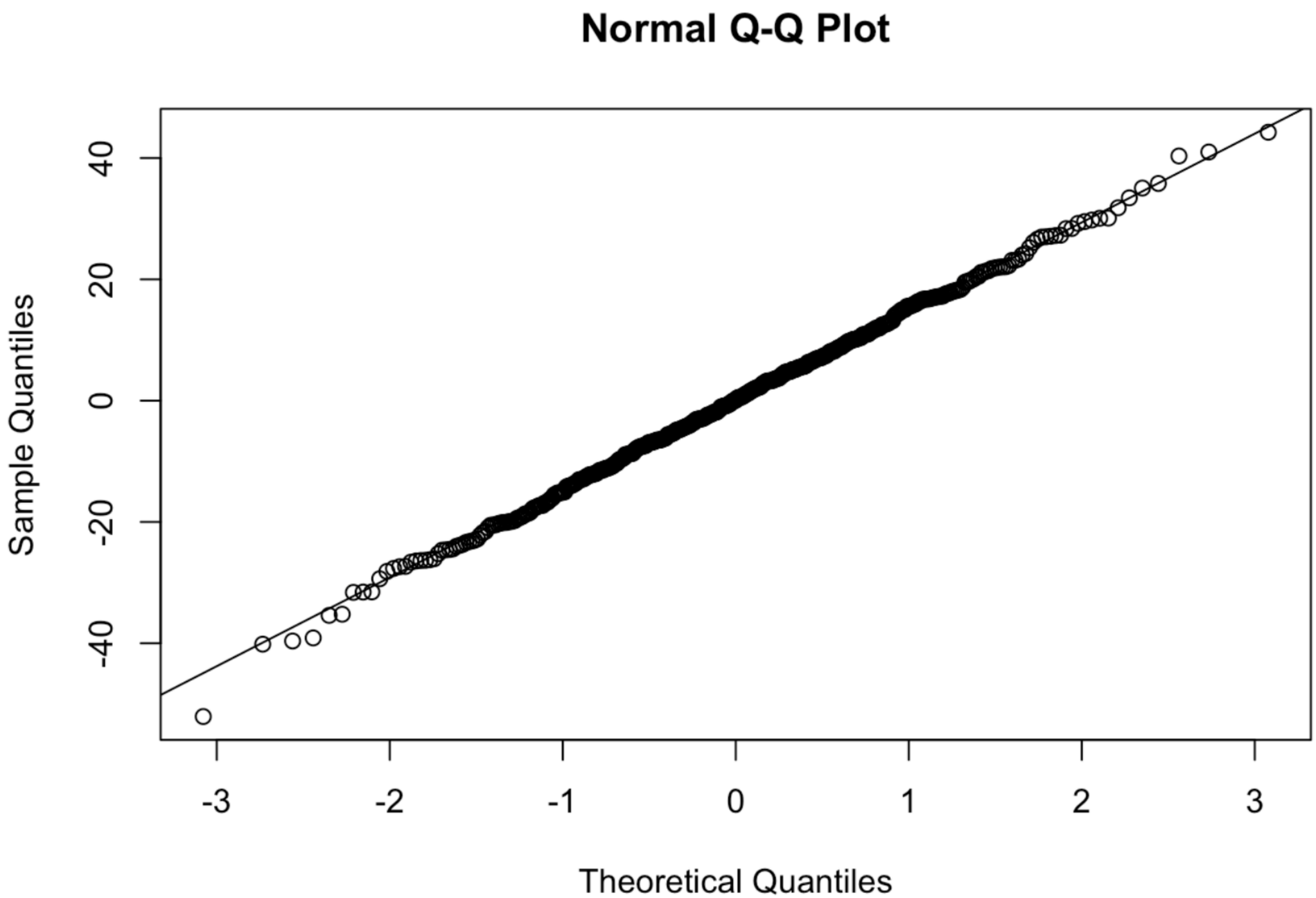
```
mixed.lmer <- lmer(testScore ~ bodyLength + (1|mountainRange), data = dragons)
summary(mixed.lmer)
```

```
## Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
## Formula: testScore ~ bodyLength + (1 | mountainRange)
##    Data: dragons
##
## REML criterion at convergence: 3991.2
##
## Scaled residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.4815 -0.6513  0.0066  0.6685  2.9583
##
## Random effects:
##  Groups        Name        Variance Std.Dev.
##  mountainRange (Intercept) 339.7    18.43
##  Residual                  223.8    14.96
## Number of obs: 480, groups:  mountainRange, 8
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error t value
## (Intercept) 43.70938   17.13489   2.551
## bodyLength   0.03316    0.07865   0.422
##
## Correlation of Fixed Effects:
##             (Intr)
## bodyLength -0.924
```

```
plot(mixed.lmer)
```



```
qqnorm(resid(mixed.lmer))
qqline(resid(mixed.lmer))
```



У нас остались еще регионы каждой горы

Crossed random effects

- Представим, что наши драконы умеют летать между регионами одной горы

- Тогда мы могли протестировать одного и того же дракона несколько раз

- То есть либо у нас есть для некоторых драконов наблюдения есть для разных регионов (**partially crossed**)

- А, может, вообще каждый дракон побывал в каждом из регионов (**fully crossed**)

Crossed random effects

Наблюдаем рост лесопосадок в течении трех лет. Понимаем, что наблюдения из одного года могут быть более похожи друг на друга, понимаем, что и наблюдения из одного сезона одного года могут быть похожи друг на друга

Nested random effects

- Пусть у нас 50 семян в каждой лунке, 10 контрольных и 10 экспериментальных. Это 1000 семян всего. Пусть мы собираем данные о них каждый сезон в течении трех лет. И на каждом растении мы измеряем 5 листков. Это 60000 измерений. Но эти измерения **зависимы**!

- Потому регрессия вида leafLength ~ treatment будет преувеличивать значимость результатов

- Такая регрессия учтет все эти зависимости leafLength ~ treatment + (1|Bed/Plant/Leaf)

- Остается учесть то, что сезоны (Зима1, … Осень3) могут оказывать влияние на листья.

- leafLength ~ treatment + (1|Bed/Plant/Leaf) + (1 | Season)

Возвращаясь к драконам

Хотим учесть локацию

```
mixed.WRONG <- lmer(testScore ~ bodyLength + (1|mountainRange) + (1|site), data = dragons)  # treats the two rand
om effects as if they are crossed
summary(mixed.WRONG)
```

```
## Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
## Formula: testScore ~ bodyLength + (1 | mountainRange) + (1 | site)
##    Data: dragons
##
## REML criterion at convergence: 3986.5
##
## Scaled residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.5079 -0.6489  0.0138  0.6976  3.0851
##
## Random effects:
##  Groups        Name        Variance Std.Dev.
##  mountainRange (Intercept) 409.90   20.246
##  site          (Intercept)  10.52    3.243
##  Residual                  219.19   14.805
## Number of obs: 480, groups:  mountainRange, 8; site, 3
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error t value
## (Intercept)  82.6667    21.6916   3.811
## bodyLength   -0.1603     0.1012  -1.584
##
## Correlation of Fixed Effects:
##             (Intr)
## bodyLength -0.940
```

Что не так?

Возвращаясь к драконам

Хотим учесть локацию

```
mixed.WRONG <- lmer(testScore ~ bodyLength + (1|mountainRange) + (1|site), data = dragons)  # treats the two rand
om effects as if they are crossed
summary(mixed.WRONG)
```

```
## Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
## Formula: testScore ~ bodyLength + (1 | mountainRange) + (1 | site)
##    Data: dragons
##
## REML criterion at convergence: 3986.5
##
## Scaled residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.5079 -0.6489  0.0138  0.6976  3.0851
##
## Random effects:
##  Groups        Name        Variance Std.Dev.
##  mountainRange (Intercept) 409.90   20.246
##  site          (Intercept)  10.52    3.243
##  Residual                  219.19   14.805
## Number of obs: 480, groups:  mountainRange, 8; site, 3
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error t value
## (Intercept)  82.6667    21.6916   3.811
## bodyLength   -0.1603     0.1012  -1.584
##
## Correlation of Fixed Effects:
##             (Intr)
## bodyLength -0.940
```

Эффекты не crossed

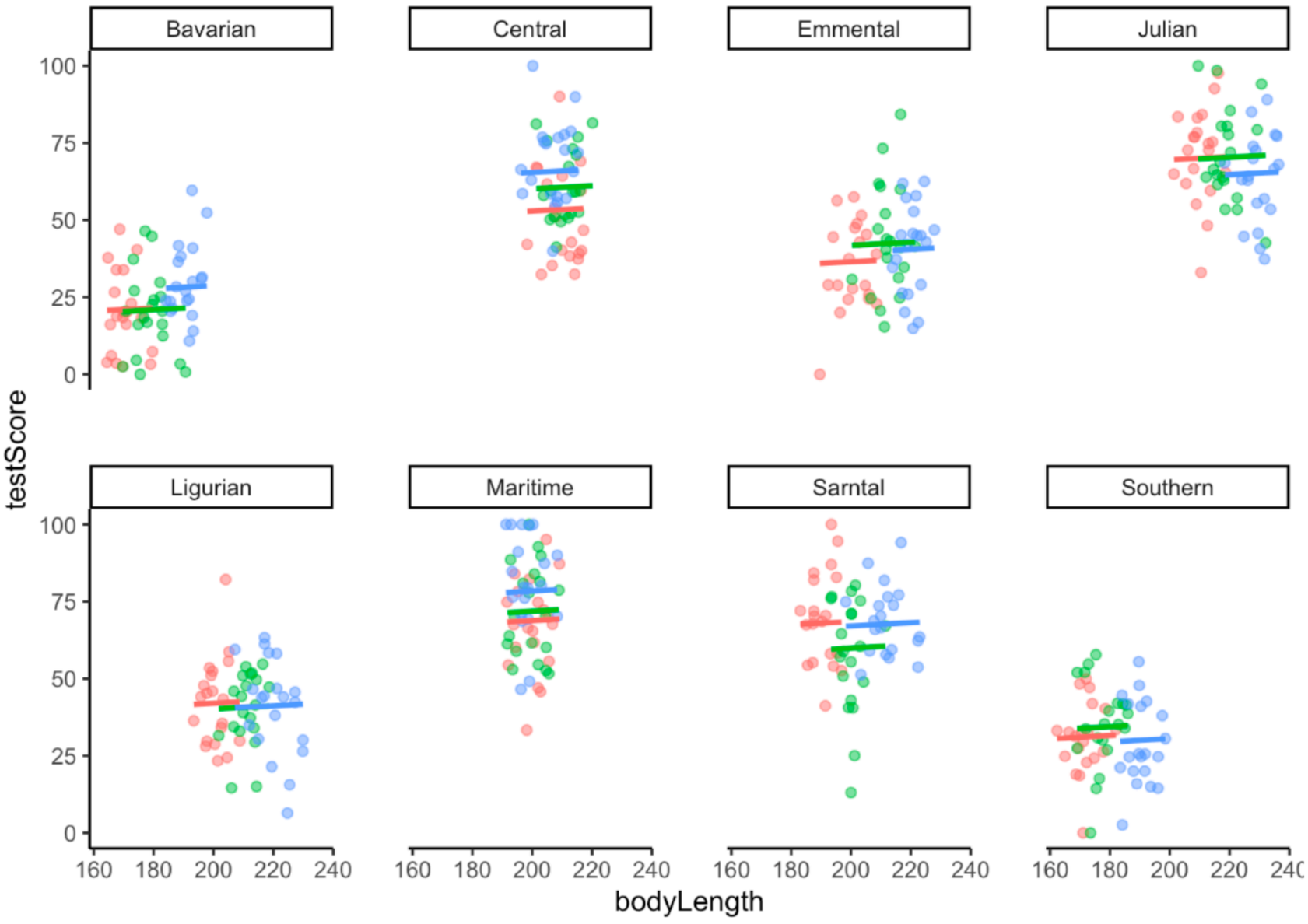
Возвращаясь к драконам

```
mixed.lmer2 <- lmer(testScore ~ bodyLength + (1|mountainRange/site) , data = dragons)  # the syntax stays the same, but now the nesting is taken into account
summary(mixed.lmer2)
```

```
## Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
## Formula: testScore ~ bodyLength + (1 | mountainRange/site)
##    Data: dragons
##
## REML criterion at convergence: 3976
##
## Scaled residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.2425 -0.6752 -0.0117  0.6974  2.8812
##
## Random effects:
##  Groups              Name        Variance Std.Dev.
##  site:mountainRange (Intercept)  23.09    4.805
##  mountainRange      (Intercept) 327.56   18.099
##  Residual                       208.58   14.442
## Number of obs: 480, groups:  site:mountainRange, 24; mountainRange, 8
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error t value
## (Intercept) 40.06668   21.86373   1.833
## bodyLength   0.05126    0.10368   0.494
##
## Correlation of Fixed Effects:
##             (Intr)
## bodyLength -0.955
```

Все наклоны кривых одинаковы

```
(mm_plot <- ggplot(dragons, aes(x = bodyLength, y = testScore, colour = site)) +
      facet_wrap(~mountainRange, nrow=2) +   # a panel for each mountain range
      geom_point(alpha = 0.5) +
      theme_classic() +
      geom_line(data = cbind(dragons, pred = predict(mixed.lmer2)), aes(y = pred), size = 1) +  # adding predicte
d line from mixed model
      theme(legend.position = "none",
            panel.spacing = unit(2, "lines"))  # adding space between panels
)
```



Напоминание

- В fixed model мы учитывали эффект категории на наклон следующим образом

$$Y = \beta_0 + \beta_1 \cdot X + \beta_2 \cdot Z + \beta_3 \cdot X \cdot Z + \epsilon$$

Вклад X **Вклад Z** **moderation effect Z**

Напоминание

В fixed model мы учитывали эффект категории на наклон следующим образом

```
model <- lm(Price_RUR ~ HDD_Gb * HDD_type, data=laptop)
summary(model)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Price_RUR ~ HDD_Gb * HDD_type, data = laptop)
##
## Residuals:
##    Min     1Q Median     3Q    Max
## -21886  -6049  -1461   2885  89344
##
## Coefficients:
##                      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)         12430.529   1525.776   8.147 9.97e-15 ***
## HDD_Gb                 17.270      2.488   6.941 2.38e-11 ***
## HDD_typeSSD         18232.081   4265.934   4.274 2.58e-05 ***
## HDD_Gb:HDD_typeSSD     80.870     12.874   6.281 1.17e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 10480 on 302 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.5457, Adjusted R-squared:  0.5412
## F-statistic: 120.9 on 3 and 302 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Учитываем наклон кривых

В случае random effects, по сути делаем почти то же самое

$$y_{it} = \mu_t + \beta x_{it} + \alpha_i + \gamma_i x_{it} + \epsilon_{it}$$

$$\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$$

$$\gamma_i \sim N(0, \sigma_\gamma^2)$$

Учитываем наклон кривых

```
dragons$bodyLength2 <- scale(dragons$bodyLength, center = TRUE, scale = TRUE)
mixed.ranslope <- lmer(testScore ~ bodyLength2 + (1 + bodyLength2|mountainRange/site), data = dragons)
```

```
## boundary (singular) fit: see ?isSingular
```

```
summary(mixed.ranslope)
```

```
## Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
## Formula: testScore ~ bodyLength2 + (1 + bodyLength2 | mountainRange/site)
##    Data: dragons
##
## REML criterion at convergence: 3968.4
##
## Scaled residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.2654 -0.6737 -0.0200  0.6931  2.8432
##
## Random effects:
##  Groups              Name        Variance Std.Dev. Corr
##  site:mountainRange (Intercept)  19.8156  4.4515
##                     bodyLength2   0.7178  0.8472  1.00
##  mountainRange      (Intercept) 310.9691 17.6343
##                     bodyLength2   6.1119  2.4722  -1.00
##  Residual                       208.5025 14.4396
## Number of obs: 480, groups:  site:mountainRange, 24; mountainRange, 8
##
## Fixed effects:
##             Estimate Std. Error t value
## (Intercept)  51.4263     6.3408   8.110
## bodyLength2   0.6691     1.8729   0.357
```

Учитываем наклон кривых

```
(mm_plot <- ggplot(dragons, aes(x = bodyLength, y = testScore, colour = site)) +
      facet_wrap(~mountainRange, nrow=2) +   # a panel for each mountain range
      geom_point(alpha = 0.5) +
      theme_classic() +
      geom_line(data = cbind(dragons, pred = predict(mixed.ranslope)), aes(y = pred), size = 1) +  # adding predi
cted line from mixed model
      theme(legend.position = "none",
            panel.spacing = unit(2, "lines"))  # adding space between panels
)
```