

Grundlagen der Versuchsplanung (Design of Experiments)

Vitaly Belik

Institut für Veterinär-Epidemiologie und Biometrie, FU Berlin

02/02/2021

Einführung in die Versuchsplanung

Versuchsplanung (Einführung)



istockphoto.com

Figure 1: Bestimmung der Gewichte mit der Waage [nach H. Hotelling]

Versuchsplanung (Einführung)(1)

$$\mathbf{X} = M\boldsymbol{\theta} + \boldsymbol{\xi}$$

$\mathbf{X} = (X_1, \dots, X_8)^T$, $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \dots, \theta_8)^T$, $\boldsymbol{\xi} = (\xi_1, \dots, \xi_8)^T$ is iid with $\mu = 0$
and σ .

Versuchsplanung (Einführung)(1)

$$\mathbf{X} = M\boldsymbol{\theta} + \boldsymbol{\xi}$$

$\mathbf{X} = (X_1, \dots, X_8)^T$, $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \dots, \theta_8)^T$, $\boldsymbol{\xi} = (\xi_1, \dots, \xi_8)^T$ is iid with $\mu = 0$ and σ .

$$M = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 1 \\ 1 & -1 & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 1 \\ 1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 & 1 \\ -1 & 1 & -1 & -1 & 1 & -1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & 1 & -1 & 1 & 1 & -1 & 1 \end{pmatrix}$$

M ist eine **Hadamard-Matrix** – bestehend aus -1 und 1 und alle Spalten sind orthogonal zueinander, ebenso alle Zeilen.

Versuchsplanung (Einführung)(2)

$$\hat{\boldsymbol{\theta}} = M^{-1}\mathbf{X}$$

$$M^{-1} = \frac{1}{8} \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & -1 & -1 & -1 & -1 \\ 1 & 1 & -1 & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 \\ 1 & 1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 1 & 1 \\ 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 & 1 & -1 \\ 1 & -1 & 1 & -1 & -1 & 1 & -1 & 1 \\ 1 & -1 & -1 & 1 & 1 & -1 & -1 & 1 \\ 1 & -1 & -1 & 1 & -1 & 1 & 1 & -1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$$

$$\hat{\theta}_1 = \mathbf{w}\mathbf{X}/8$$

$$\mathbf{w} = (1, 1, 1, 1, -1, -1, -1, -1, -1)$$

$$\text{Var}(\theta_1) = \text{Var}(\boldsymbol{\xi}/8) = \sigma^2/8$$

Treffgenauigkeit und Präzision

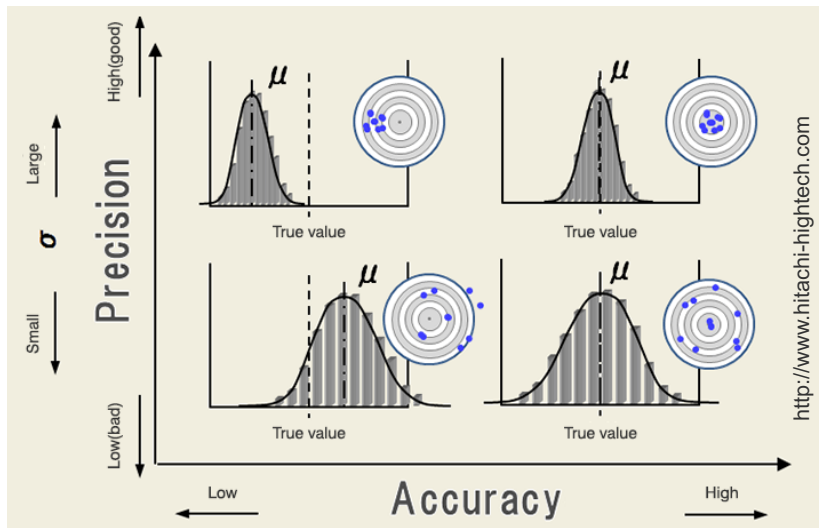


Figure 2: Accuracy vs. precision

Statistische Versuchsplanung: allgemeine Aspekte

Vor dem Versuch muss man sich Gedanken um die folgenden Aspekte machen und ggf. Inanspruchnahme der statistischen Beratung in Erwägung ziehen.

- ▶ Das vorher formulierte Modell muss mathematisch formalisiert und die entsprechenden Hypothesen gewählt werden
- ▶ Es muss geklärt werden welche Parameter mit welchen statistischen Verfahren und auf welchem Signifikanzniveau ermittelt werden sollen. Dabei soll man beachten ob die gewonnenen Daten die entsprechenden Voraussetzungen für die geplante statistische Auswertung erfüllen.
- ▶ Die Wahl der Faktorstufen (möglichst äquidistant) und die Anzahl der Wiederholungen (möglichst balanciert) soll bewusst erfolgen.
- ▶ Die Aufzeichnung der Daten muss geplant werden.

Treffgenauigkeit und Präzision

Treffgenauigkeit

Systematische Abweichung (Bias, Verzerrung) des gemessenen Mittelwertes von wahren Mittelwert der Grundgesamtheit (z.B. Körpergewicht gemessen durch eine alte Waage) ist auf mangelhafte Treffgenauigkeit zurückzuführen.

Präzision

Streuung um den experimentellen Mittelwert gibt Aufschluss über die Präzision der Messungen.

Grundsätze der Versuchsplanung

- ▶ Ceteris-paribus-Prinzip
- ▶ Wiederholungen
- ▶ Randomisieren
- ▶ Blockbildung
- ▶ Faktorielle Experimente
- ▶ Symmetrischer Aufbau
- ▶ Wirtschaftlichkeit

Ceteris-paribus-Prinzip

Man will den Einfluss ganz bestimmter bekannter Faktoren untersuchen. Daher versucht man alle unbekanntes oder nicht berücksichtigten Faktoren, die Einfluss auf die Messergebnisse haben könnten, möglichst konstant zu halten.

- ▶ Durch Wiederholungen lässt sich der Schätzwert für den Versuchsfehler bestimmen.
- ▶ Der Versuchsfehler verringert sich mit der Anzahl der Wiederholungen ($s = \sigma/\sqrt{n}$).
- ▶ Daher soll man im Experiment stets Wiederholungen einplanen, um die Präzision und ihre Größe bestimmen zu können.

Randomisieren

- ▶ Wenn die verschiedenen Versuchseinheiten zufällig den jeweiligen Behandlungen zugeordnet werde, spricht man von *Randomisieren*

Beispiel: Drei Präparate sollen an 12 Mäusen getestet werden. Man wird jedes Präparat jeweils 4 “Versuchseinheiten” (Mäusen) verabreichen. Die Zuordnung erfolgt zufällig.

- ▶ Die “störende” Wirkung von unbekanntem und im Versuch nicht berücksichtigten Faktoren soll durch Zufallszuteilung minimiert werden und somit Treffgenauigkeit des Experiments zu erhöhen.
- ▶ Das Randomisieren kann eine verbesserte Normalität der Daten bewirken und Unabhängigkeit erreichen — die wichtigen Voraussetzungen für die vorgestellten statistischen Verfahren.
- ▶ Das Randomisieren wird mit Hilfe von Zufallsgeneratoren (im einfachsten Fall – Tabellen) durchgeführt.

In vielen Experimenten gibt es bekannte “Störfaktoren”, die uns im vorgesehenen Versuch nicht interessieren.

Um die Einfüsse solcher Störfaktoren zu reduzieren, kann man die Versuchseinheiten in Gruppen (Blöcke) einteilen, wobei die Störfaktoren innerhalb dieser Blöcke möglichst homogen sind.

Dadurch werden die Störfaktoren “ausgeschaltet” und die Zufallsstreuung reduziert.

Beispiele

- ▶ Tiere aus einem Wurf

Blockbildung (1)

Die Sorten A, B, C und D werden auf Ertragsunterschiede untersucht. Falls es in West-Ost-Richtung große Bodenunterschiede gibt, würde der Sorteneffekt vom störenden Bodeneffekt überlagert. Randomisierte Anordnung kann wie folgt aussehen:

Sorte <i>D</i>	Sorte <i>D</i>	Sorte <i>B</i>	Sorte <i>A</i>	Sorte <i>C</i>	Sorte <i>B</i>	Sorte <i>C</i>	Sorte <i>B</i>	Sorte <i>A</i>	Sorte <i>D</i>	Sorte <i>A</i>	Sorte <i>C</i>
1. Wdh	2. Wdh	1. Wdh	1. Wdh	1. Wdh	2. Wdh	2. Wdh	3. Wdh	2. Wdh	3. Wdh	3. Wdh	3. Wdh

Westen ← → Osten

Figure 3: [Köhler et al.]

Diese Anordnung hilft den Bodeneffekt auszuschalten, allerdings kann die Reststreuung in der einfaktoriellen ANOVA sich vergrössern.

Blockbildung (2)

Der Einfluss vom störenden Bodenfaktor lässt sich reduzieren bei gleichzeitiger Verbesserung der Versuchsgenauigkeit, indem man das Versuchsfeld in 3 homogenere Blöcke einteilt wobei in jedem Block alle Sorten zufällig verteilt sind.

Block I				Block II				Block III			
Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte	Sorte
A	B	C	D	A	B	C	D	A	B	C	D
1. Wdh	1. Wdh	1. Wdh	1. Wdh	2. Wdh	2. Wdh	2. Wdh	2. Wdh	3. Wdh	3. Wdh	3. Wdh	3. Wdh

Westen ← → Osten

Figure 4: [Köhler et al.]

Bei der Auswertung der Ergebnisse muss man den Faktor "Blöcke" oder in dem Fall "Boden Unterschiede in Ost-West-Richtung" berücksichtigen.

Sind die *Unterschiede zwischen den Blöcken gering*, so ist unter Umständen durch die Blockbildung keine Erhöhung der Empfindlichkeit zu erreichen.

Es dürfen keine Wechselwirkungen zwischen Faktoren und Blöcken auftreten.

Faktorielle Experimente

Im Unterschied zum einfaktoriellen Versuch (z.B. Wirkung vom Sortenfaktor auf Ertrag) wird beim mehrfaktoriellen Versuch gleichzeitig die Wirkung von mehreren Faktoren untersucht. Die Vorteile dieser Vorgehensweise:

- ▶ Bei einfaktoriellen Versuchen hält man die nicht untersuchten auf wirklich konstantem Stufenniveau. Mehrfaktorielle Versuche variieren alle interessierenden Faktoren.
- ▶ Im Vergleich zu einfaktoriellen Experimenten wird im mehrfaktoriellen Experimenten beim gleichem Aufwand eine größere Präzision erreicht.
- ▶ Die mehrfaktoriellen Versuche ermöglichen die Bestimmung der Wechselwirkungen (z.B. Nebenwirkungen von Medikamenten beim Alkoholkonsum).

- ▶ Mehrfache ANOVA erfordert gleiche Anzahl an Wiederholungen (Balanciertheit). Auch einfache ANOVA führt zu fehlerhaften Entscheidungen im F - und t -Test falls die Daten nicht normalverteilt oder heteroskedastisch sind.
- ▶ Bei der Regression ist die gleiche Schrittweite (Äquidistanz) empfohlen was sowohl Vereinfachung als auch Informationsgewinn bringt.

Es wird die Stichprobe und nicht die Grundgesamtheit untersucht, unter anderem aus Kostengründen.

So muss die Frage nach einem geeigneten Stichprobenumfang geklärt werden.

Blöcke mit zufälliger Anordnung

Blockbildung und Randomisieren stellen zwei gegensätzliche Grundsätze der Versuchsplanung dar.

Deswegen bildet man Blöcke und randomisiert innerhalb der Blöcke.

C	D	B	E	A	E	A	D	C	B	E	C	A	B	D	A	D	E	B	C
Block I					Block II					Block III					Block IV				

Figure 5: Jede der fünf Sorten, A, B, C, D und E soll auf vier Parzellen ($n=4$ Wiederholungen) angebaut werden. Das Versuchsfeld wird in 4 Blöcke von jeweils 5 benachbarten Parzellen aufgeteilt. [Köhler et al.]

ANOVA:

- ▶ Unterschiede zwischen den Sorten mit 4 Freiheitsgraden
- ▶ Unterschiede zwischen den Blöcken mit 3 Freiheitsgraden
- ▶ Reststreuung mit 12 Freiheitsgraden

Lateinische Quadrate

Beispiel. (nach A.Linder) Zu prüfen sei die Leistung von drei Sägen A, B, und C, die verschiedene Zahnformen haben. Je zwei Sägen jeder Art sollen überprüft werden, also A₁; A₂; B₁; B₂ und C₁; C₂. Man bildet 6 Gruppen mit je zwei Arbeitern. An 6 verschiedenen Holzarten soll die Schnittzeit jeweils gemessen werden.

		Arbeitergruppen					
		1	2	3	4	5	6
Holzarten	1	C ₁	B ₂	A ₂	B ₁	A ₁	C ₂
	2	B ₁	C ₂	B ₂	A ₁	A ₂	C ₁
	3	B ₂	A ₁	B ₁	C ₂	C ₁	A ₂
	4	C ₂	A ₂	A ₁	C ₁	B ₂	B ₁
	5	A ₂	B ₁	C ₁	B ₂	C ₂	A ₁
	6	A ₁	C ₁	C ₂	A ₂	B ₁	B ₂

Figure 6: Störfaktoren Arbeitsgruppenunterschiede und Holzunterschiede werden reduziert. [Köhler et al.]

Eigenschaft des Lateinischen Quadrates: *jede Zeile und jede Spalte enthält alle 6 verschiedene Symbole genau einmal.*

Lateinische Quadrate (1)

Zu jedem $n > 1$ gibt es jeweils mehrere $n \times n$ Lateinische Quadrate, die man zufällig auswählen soll. Bzw. man kann ein neues Lateinisches Quadrat bilden, indem man in einem bestehenden LQ die Zeilen und Spalten vertauscht.

ANOVA:

- ▶ Zwischen den Sägen mit 5 FG
- ▶ Zwischen den Arbeitergruppen mit 5 FG
- ▶ Zwischen den Holzarten mit 5 FG
- ▶ Reststreuung mit 20 FG

Mehrfaktorielle Versuche

Beispiel In einem Düngungsversuch mit Gerste sollen die drei Faktoren K (Kaliumsulfat), N (Ammoniumsulfat), P (Superphosphat) in je zwei Stufen (Beigabe, keine Beigabe) untersucht werden. Wir bezeichnen keine Beigabe mit 0, Beigabe von K und N mit KN , nur Beigabe von K mit K , Beigabe von K , N und P mit KNP .

Um diese 8 Beigaben in einem Feldversuch mit einem Lateinischen Quadrat (Ausschaltung von zwei Störfaktoren) zu untersuchen, wären 64 Parzellen (8×8) notwendig. Wir wählen hier stattdessen eine weniger aufwändige Blockanlage (Ausschaltung von einem Störfaktor) und brauchen nur 32 Parzellen.

Block I								Block II							
N	KN	NP	0	KNP	K	KP	P	0	KNP	KP	K	NP	N	P	KN
KN	0	N	KNP	P	NP	KP	K	0	K	NP	KNP	KN	P	KP	N
Block III								Block IV							

Figure 7: . [Köhler et al.]

Mehrfaktorielle Versuche (1)

ANOVA:

- ▶ Zwischen den jeweils K, N, P -Beigaben mit 1 FG
- ▶ Zwischen den Blöcken mit 3 FG

Wechselwirkungen: - Zwischen den K - und N -Beigaben mit 1 FG -
Zwischen den K - und P -Beigaben mit 1 FG - Zwischen den N - und
 P -Beigaben mit 1 FG - Zwischen den K -, N - und P -Beigaben mit 1 FG -
Reststreuung mit 21 FG

Kontraste für Erhöhungen oder Verminderungen der verschiedenen
Beigabekombinationen:

$L_N = (N + KN + NP + KNP) - (0 + K + P + KP)$, analog $L_K, L_P, L_{KP},$
 L_{NP}, L_{KN} und L_{KNP} .

Bei mehr als zwei Stufen pro Faktor können multiple Vergleiche
durchgeführt werden z.B. auch unter der Anwendung der Kontraste.

Allgemein gibt es mit m Faktoren und n Stufen n^m mögliche
Kombinationen. Man kann durch Weglassen bestimmter Kombinationen
den Aufwand reduzieren.

(Weitere) Non-parametric Tests

Non-parametric Tests

- ▶ Wilcoxon rank-sum-Test der Mann-Whitney-Test
- ▶ Wilcoxon signed-rank-Test
- ▶ Friedman-Test
- ▶ Kruskal-Wallis-Test

Kruskal-Wallis-Test

Falls die Bedingungen der einfachen ANOVA nicht erfüllt sind, kann man den Kruskal-Wallis-Test benutzen um die Unterschiede zwischen unabhängigen Gruppen zu untersuchen.

Ähnlich zum Mann-Witney-Test (und Wilcoxon-Test) wird die folgende Rangstatistik betrachtet (wird mit χ^2 -Statistik verglichen)

$$H = \frac{12}{N(N+1)} \sum_i^k \frac{R_i^2}{n_i} - 3(N+1)$$

R_i ist die Rangsumme für jede Gruppe

N ist der Stichprobenumfang

n_i ist die Größe jeder der k Gruppen

$k - 1$ sind Freiheitsgrade

```
soyaData <- read.delim("~/Lehre/WS1920/Beuth/Data files/Soya.dat", header = TRUE)
soyaData$Soya <- factor(soyaData$Soya, levels = c("No Soya Meals", "1 Soya Meal Per Week",
"4 Soyal Meals Per Week", "7 Soya Meals Per Week"))
knitr::kable(soyaData[1:15, ], caption = "Auszug aus einem ausgedachten Datensatz über Auswirkungen von Soya auf Spermienanzahl")
```

Table 1: Auszug aus einem ausgedachten Datensatz über Auswirkungen von Soya auf Spermienanzahl [A. Field]

Soya	Sperm
No Soya Meals	0.35
No Soya Meals	0.58
No Soya Meals	0.88
No Soya Meals	0.92
No Soya Meals	1.22
No Soya Meals	1.51
No Soya Meals	1.52
No Soya Meals	1.57
No Soya Meals	2.43
No Soya Meals	2.79
No Soya Meals	3.40
No Soya Meals	4.52
No Soya Meals	4.72
No Soya Meals	6.90
No Soya Meals	7.58

```
# soyaData$Soya<-factor(soyaData$Soya, levels = levels(soyaData$Soya)[c(4, 1, 2,
# 3)])
```

Kruskal-Wallis-Test (1)

```
library(car)
library(pastecs)

by(soyaData$Sperm, soyaData$Soya, stat.desc, basic = FALSE)

## soyaData$Soya: No Soya Meals
##      median      mean      SE.mean CI.mean.0.95      var      std.dev
## 3.095000    4.987000    1.136926    2.379614    25.852022    5.084488
##      coef.var
## 1.019549
## -----
## soyaData$Soya: 1 Soya Meal Per Week
##      median      mean      SE.mean CI.mean.0.95      var      std.dev
## 2.595000    4.606000    1.044822    2.186837    21.833057    4.672586
##      coef.var
## 1.014456
## -----
## soyaData$Soya: 4 Soyal Meals Per Week
##      median      mean      SE.mean CI.mean.0.95      var      std.dev
## 2.9450000    4.1105000    0.9861233    2.0639798    19.4487839    4.4100775
##      coef.var
## 1.0728810
## -----
## soyaData$Soya: 7 Soya Meals Per Week
##      median      mean      SE.mean CI.mean.0.95      var      std.dev
## 1.3350000    1.6535000    0.2479774    0.5190226    1.2298555    1.1089885
##      coef.var
## 0.6706916
```

Kruskal-Wallis-Test (2)

```
by(soyaData$Sperm, soyaData$Soya, stat.desc, desc = FALSE, basic = FALSE, norm = TRUE)
```

```
## soyaData$Soya: No Soya Meals
##   skewness   skew.2SE   kurtosis   kurt.2SE  normtest.W  normtest.p
## 1.546140856 1.509598499 2.328051363 1.172959394 0.805255802 0.001035917
## -----
## soyaData$Soya: 1 Soya Meal Per Week
##   skewness   skew.2SE   kurtosis   kurt.2SE  normtest.W  normtest.p
## 1.350565932 1.318645901 1.422731699 0.716825470 0.825831600 0.002153894
## -----
## soyaData$Soya: 4 Soyal Meals Per Week
##   skewness   skew.2SE   kurtosis   kurt.2SE  normtest.W  normtest.p
## 1.8222369167 1.7791691502 2.7926151830 1.4070240317 0.7427432543 0.0001359072
## -----
## soyaData$Soya: 7 Soya Meals Per Week
##   skewness   skew.2SE   kurtosis   kurt.2SE  normtest.W  normtest.p
## 0.6086712 0.5942855 -0.9161653 -0.4615984 0.9122606 0.0703908
```

Kruskal-Wallis-Test (3)

```
leveneTest(soyaData$Sperm, soyaData$Soya)
```

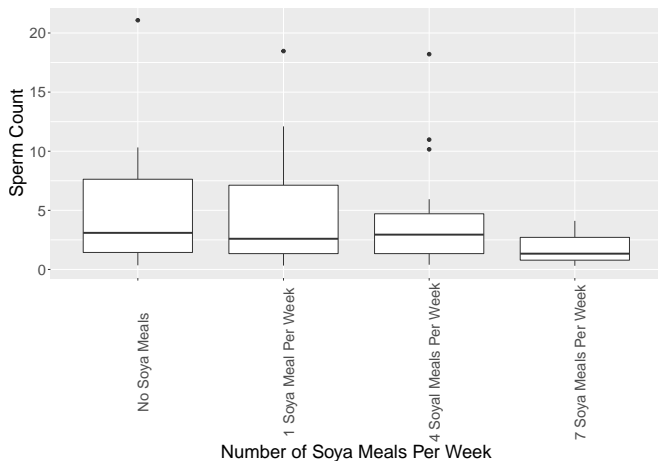
```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##      Df F value Pr(>F)
## group 3  2.8606 0.04237 *
##      76
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
kruskal.test(Sperm ~ Soya, data = soyaData)
```

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  Sperm by Soya
## Kruskal-Wallis chi-squared = 8.6589, df = 3, p-value = 0.03419
```


Kruskal-Wallis-Test (4)

```
library(ggplot2)
ggplot(soyaData, aes(Soya, Sperm)) + geom_boxplot() + labs(y = "Sperm Count", x = "Number of Soya Meals Per Week") +
  theme(text = element_text(size = 20)) + theme(axis.text.x = element_text(angle = 90))
```



Post hoc-Tests für den Kruskal-Wallis-Test I

Paarweise Vergleiche:

```
library(pgirmess)
kruskalmc(Sperm ~ Soya, data = soyaData)

## Multiple comparison test after Kruskal-Wallis
## p.value: 0.05
## Comparisons
##
##          obs.dif critical.dif difference
## No Soya Meals-1 Soya Meal Per Week      2.2   19.38715      FALSE
## No Soya Meals-4 Soyal Meals Per Week      2.2   19.38715      FALSE
## No Soya Meals-7 Soya Meals Per Week     19.0   19.38715      FALSE
## 1 Soya Meal Per Week-4 Soyal Meals Per Week  0.0   19.38715      FALSE
## 1 Soya Meal Per Week-7 Soya Meals Per Week 16.8   19.38715      FALSE
## 4 Soyal Meals Per Week-7 Soya Meals Per Week 16.8   19.38715      FALSE
```

Die post-hoc-Tests sind sehr konservativ wenn wir alle Gruppen untereinander vergleichen. Deswegen werden weniger Vergleiche angestrebt, z.B. mit dem niedrigsten Level (No Soya Meals)

Post hoc-Tests für den Kruskal-Wallis-Test (1) I

Vergleiche *treatment* vs *control* (erster Level)

```
soyaData$Soya <- factor(soyaData$Soya, levels = c("No Soya Meals", "1 Soya Meal Per Week",  
"4 Soyal Meals Per Week", "7 Soya Meals Per Week"))  
kruskalmc(Sperm ~ Soya, data = soyaData, cont = "two-tailed")
```

```
## Multiple comparison test after Kruskal-Wallis, treatments vs control (two-tailed)  
## p.value: 0.05  
## Comparisons  
##  
##          obs.dif critical.dif difference  
## No Soya Meals-1 Soya Meal Per Week      2.2  17.59209      FALSE  
## No Soya Meals-4 Soyal Meals Per Week     2.2  17.59209      FALSE  
## No Soya Meals-7 Soya Meals Per Week    19.0  17.59209       TRUE
```

Friedman-Test

Falls die Bedingungen der ANOVA mit Wiederholungen nicht erfüllt sind, kann man den Friedman-Test benutzen.

Test-Statistik (wird mit χ^2 -Statistik verglichen):

$$F_r = \frac{12}{Nk(k+1)} \sum_i^k \frac{R_i^2}{n_i} - 3N(k+1)$$

R_i ist die Rangsumme für jede Gruppe (aber zuerst werden die Werte für jede Person oder jedes Objekt rangiert)

N ist der Stichprobenumfang

n_i ist die Größe jeder der k Gruppen

$k - 1$ sind Freiheitsgrade

Friedman-Test (1)

```
dietData <- read.delim("~/Lehre/WS1920/Beuth/Data files/Diet.dat", header = TRUE)
stat.desc(dietData)
```

##	Start	Month1	Month2
## nbr.val	10.0000000	10.0000000	10.0000000
## nbr.null	0.0000000	0.0000000	0.0000000
## nbr.na	0.0000000	0.0000000	0.0000000
## min	62.0110884	65.3836941	55.431306
## max	120.4644487	119.9637568	114.258942
## range	58.4533603	54.5800626	58.827636
## sum	780.5434341	774.6350144	770.668400
## median	69.2288216	68.5727731	72.249343
## mean	78.0543434	77.4635014	77.066840
## SE.mean	6.3973145	5.8865852	5.093204
## CI.mean.0.95	14.4717308	13.3163808	11.521627
## var	409.2563282	346.5188507	259.407224
## std.dev	20.2300847	18.6150168	16.106124
## coef.var	0.2591795	0.2403069	0.208989

Friedman-Test (2)

verlangt *matrix* nicht *DataFrame*

```
dietData <- na.omit(dietData) # falls es fehlende Werte gibt
friedman.test(as.matrix(dietData))
```

```
##
## Friedman rank sum test
##
## data:  as.matrix(dietData)
## Friedman chi-squared = 0.2, df = 2, p-value = 0.9048
```

Das Ergebnis ist nicht signifikant ($p\text{-value} > 0.05$). Es gibt keinen Effekt.

Post hoc-Tests für Friedman-Test

```
friedmanmc(as.matrix(dietData))
```

```
## Multiple comparisons between groups after Friedman test
## p.value: 0.05
## Comparisons
##   obs.dif critical.dif difference
## 1-2     1     10.7062     FALSE
## 1-3     2     10.7062     FALSE
## 2-3     1     10.7062     FALSE
```