Tarea-04

AUTHOR
Thomas M. Rudolf

Cargamos los paquetes que necesitaremos:

```
library(tidyverse)
```

```
── Attaching core tidyverse packages ──────────────────────── tidyverse 2.0.0 ──
✔ dplyr     1.1.2     ✔ readr     2.1.4
✔ forcats   1.0.0     ✔ stringr   1.5.0
✔ ggplot2   3.4.2     ✔ tibble    3.2.1
✔ lubridate 1.9.2     ✔ tidyr     1.3.0
✔ purrr     1.0.2
── Conflicts ────────────────────────────────────────── tidyverse_conflicts() ──
✖ dplyr::filter() masks stats::filter()
✖ dplyr::lag()    masks stats::lag()
ℹ Use the conflicted package (<http://conflicted.r-lib.org/>) to force all conflicts to
become errors
```

```
library(nullabor)
```

Pruebas visuales y Permutación

Pruebas de permutación

1. La tabla de datos *Phillies2009* contiene información de la temporada de baseball 2009 para el equipo de Philadelphia *Phillies*, en este ejercicio queremos comparar los strikes (`StrikeOuts`) entre los juegos en casa y de visitante:

```
# Lectura de datos
phillies <- read_csv("Phillies2009.csv")
```

```
Rows: 162 Columns: 7
── Column specification ────────────────────────────────────────────────────────
Delimiter: ","
chr (3): Date, Location, Outcome
dbl (4): Hits, Doubles, HomeRuns, StrikeOuts

ℹ Use `spec()` to retrieve the full column specification for this data.
ℹ Specify the column types or set `show_col_types = FALSE` to quiet this message.
```

```
glimpse(phillies)
```

```
Rows: 162
Columns: 7
$ Date       <chr> "5-Apr", "7-Apr", "8-Apr", "10-Apr", "11-Apr", "12-Apr", "1…
$ Location   <chr> "Home", "Home", "Home", "Away", "Away", "Away", "Away", "Aw…
$ Outcome    <chr> "Lose", "Lose", "Win", "Lose", "Win", "Win", "Win", "Lose",…
$ Hits       <dbl> 4, 6, 11, 7, 15, 13, 10, 5, 14, 8, 9, 13, 8, 2, 8, 9, 12, 1…
$ Doubles    <dbl> 2, 1, 3, 2, 3, 3, 3, 1, 3, 2, 1, 4, 0, 0, 2, 0, 2, 5, 0, 0,…
$ HomeRuns   <dbl> 0, 0, 1, 1, 1, 2, 3, 0, 1, 3, 3, 1, 1, 1, 2, 2, 0, 2, 4, 1,…
$ StrikeOuts <dbl> 6, 3, 6, 3, 6, 4, 7, 3, 5, 7, 5, 8, 4, 4, 12, 8, 7, 7, 5, 8…
```

a. Realiza un *lineup* donde cada panel muestre un diagrama de caja y brazos para la variable de interés separando los juegos jugados en casa (home) y los juegos jugados fuera (away). ¿Puedes localizar los datos verdaderos entre los nulos?

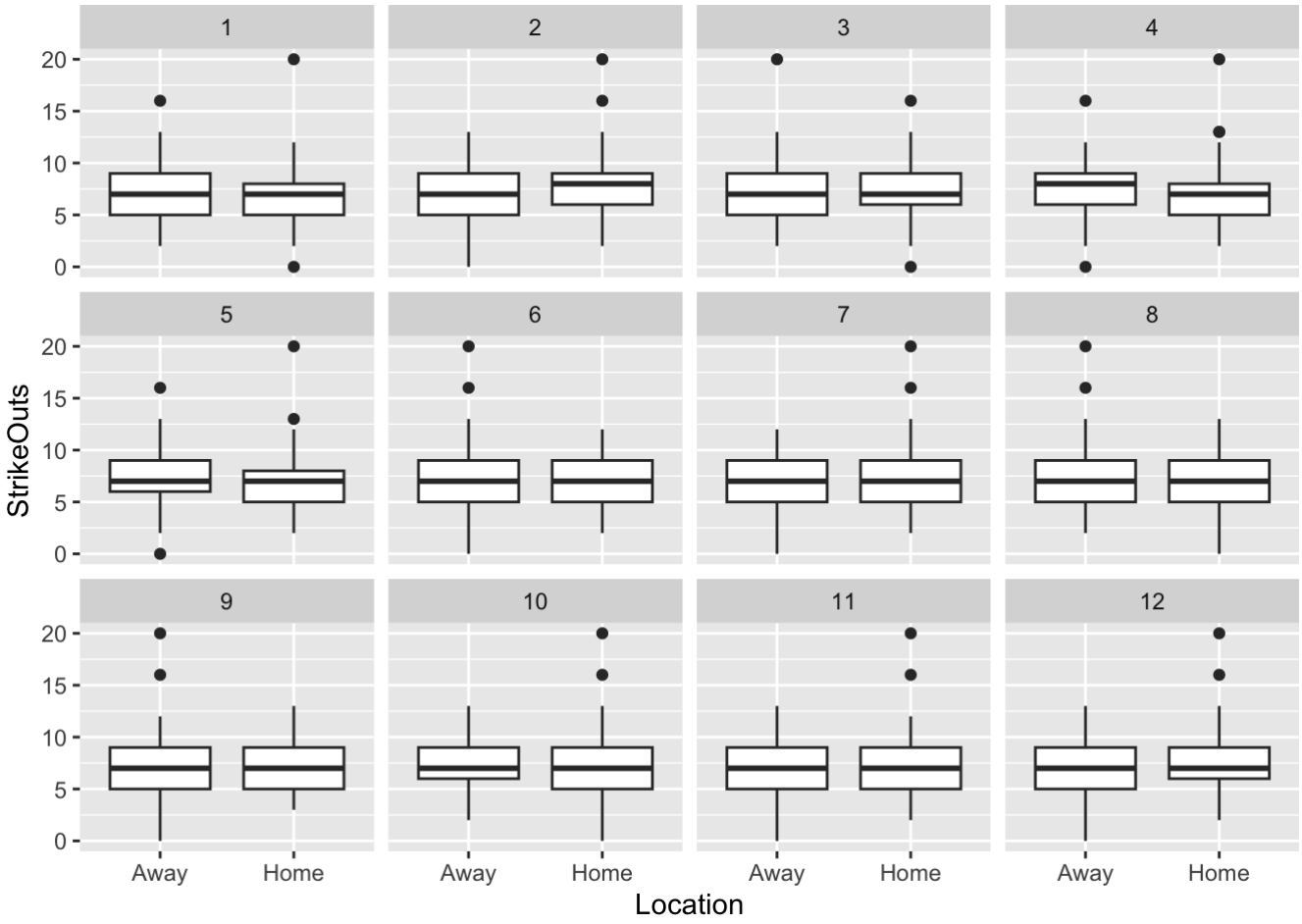
```
# Line up data
perms_Location <- lineup(null_permute("Location"), phillies, n = 12)
```

```
decrypt("nsW7 Ykjk l3 gCPljlC3 45")
```

```
glimpse(perms_Location)
```

```
Rows: 1,944
Columns: 8
$ Date       <chr> "5-Apr", "7-Apr", "8-Apr", "10-Apr", "11-Apr", "12-Apr", "1…
$ Location   <chr> "Away", "Away", "Away", "Home", "Home", "Away", "Away", "Ho…
$ Outcome    <chr> "Lose", "Lose", "Win", "Lose", "Win", "Win", "Win", "Lose",…
$ Hits       <dbl> 4, 6, 11, 7, 15, 13, 10, 5, 14, 8, 9, 13, 8, 2, 8, 9, 12, 1…
$ Doubles    <dbl> 2, 1, 3, 2, 3, 3, 3, 1, 3, 2, 1, 4, 0, 0, 2, 0, 2, 5, 0, 0,…
$ HomeRuns   <dbl> 0, 0, 1, 1, 1, 2, 3, 0, 1, 3, 3, 1, 1, 1, 2, 2, 0, 2, 4, 1,…
$ StrikeOuts <dbl> 6, 3, 6, 3, 6, 4, 7, 3, 5, 7, 5, 8, 4, 4, 12, 8, 7, 7, 5, 8…
$ .sample    <dbl> 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,…
```

```
ggplot(perms_Location, aes(x = Location, y = StrikeOuts)) +
  geom_boxplot() +
  facet_wrap(~.sample)
```



b. Calcula el promedio de strikes por juego en cada grupo (donde grupo se define por Location).

```
Location_StrikeOut_tbl <- phillies  |>  select(Location, StrikeOuts)
# cinco mil permutaciones
perms_StrikeOuts <- lineup(null_permute("StrikeOuts"),
                        Location_StrikeOut_tbl, n = 5000)
```

```
decrypt("nsW7 Ykjk l3 gCPljlC3 54FF")
```

```
glimpse(perms_StrikeOuts)
```

```
Rows: 810,000
Columns: 3
$ Location   <chr> "Home", "Home", "Home", "Away", "Away", "Away", "Away", "Aw…
$ StrikeOuts <dbl> 5, 8, 5, 8, 2, 7, 5, 9, 5, 4, 4, 4, 3, 12, 8, 10, 12, 9, 12…
$ .sample    <dbl> 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,…
```

```
resumen_Strikes <- perms_StrikeOuts  |>  group_by(Location, .sample) |>
  summarise(media_Strikes = mean(StrikeOuts)) |>
  pivot_wider(names_from = Location, values_from = media_Strikes)
```

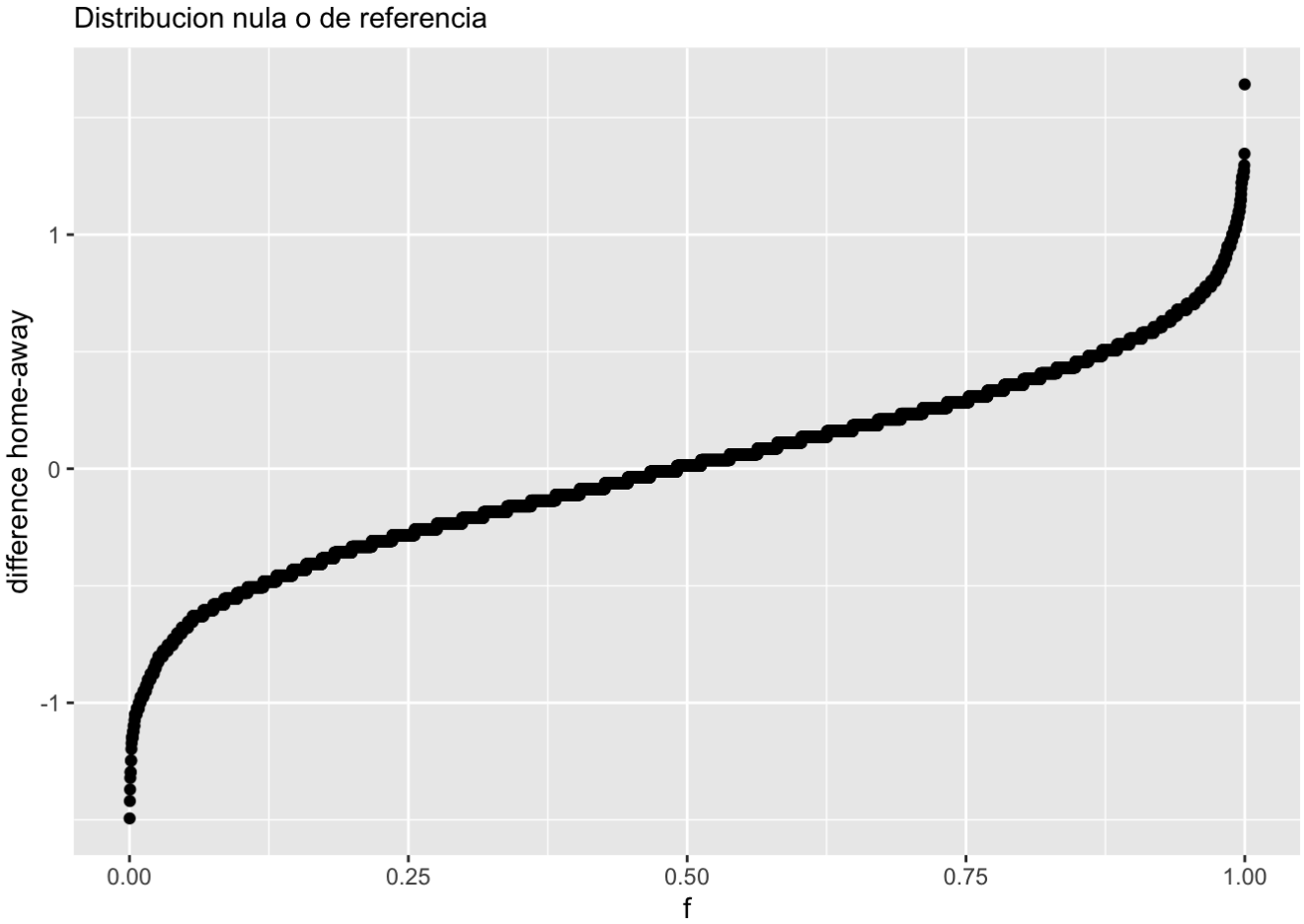
```
`summarise()` has grouped output by 'Location'. You can override using the
`.groups` argument.
```

```
glimpse(resumen_Strikes)
```

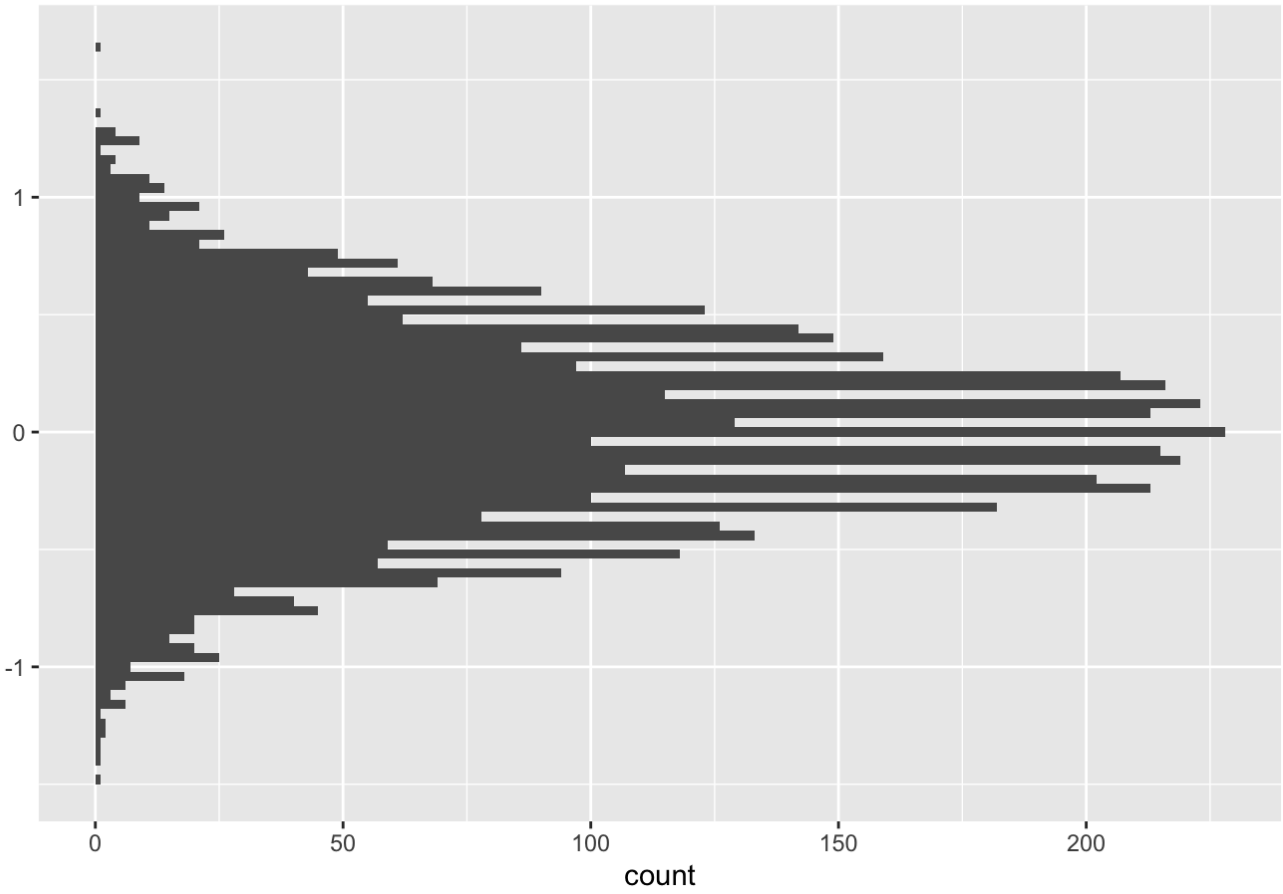
```
Rows: 5,000
Columns: 3
$ .sample <dbl> 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18,…
$ Away    <dbl> 7.518519, 7.222222, 6.580247, 7.320988, 7.160494, 6.938272, 6.…
$ Home    <dbl> 6.740741, 7.037037, 7.679012, 6.938272, 7.098765, 7.320988, 7.…
```

c. Realiza una prueba de permutación para la diferencia de las medias. Grafica la distribución de referencia y calcula el valor *p* de dos colas.

```
dif_Strikes = resumen_Strikes$Home - resumen_Strikes$Away
g1 <- ggplot(resumen_Strikes, aes(sample=dif_Strikes)) +
  geom_qq(distribution=stats::qunif) +
  xlab("f") + ylab("difference home-away") +labs(subtitle = "Distribucion nula o de r
g2 <- ggplot(resumen_Strikes, aes(x=dif_Strikes)) +
  geom_histogram(binwidth = 0.04) +
  coord_flip() +
  xlab("") +  labs(subtitle = "")
g1
```



```
g2
```




```
dist_ref <- ecdf(dif_Strikes)
valor_p <- 2 * min(dist_ref(dif_Strikes), (1 - dist_ref(dif_Strikes)))
valor_p
```

```
[1] 0
```

Pruebas pareadas

En este ejemplo buscamos comparar la diferencia entre dos medicinas para dormir.

- ID es el identificador de paciente, group el identificador de la medicina, y extra son las horas extras de sueño.

- Examina los datos.

```
sleep
```

```
   extra group ID
1    0.7     1  1
```

```
2   -1.6     1  2
3   -0.2     1  3
4   -1.2     1  4
5   -0.1     1  5
6    3.4     1  6
7    3.7     1  7
8    0.8     1  8
9    0.0     1  9
10   2.0     1 10
11   1.9     2  1
12   0.8     2  2
13   1.1     2  3
14   0.1     2  4
15  -0.1     2  5
16   4.4     2  6
17   5.5     2  7
18   1.6     2  8
19   4.6     2  9
20   3.4     2 10
```

La pregunta de interés es si una medicina es mejor que otra para prolongar el sueño. Nótese que en este caso, no tenemos grupos, sino mediciones repetidas.

- Escribe la hipótesis nula. La hipotésis nula es que ambas medicinas tienen el mismo efecto con respecto a la prolongación de sueño. prolongación medicina 1 (pm1) = prolongación medicina 2 (pm2)

- Nuestra estadística de interés es media de las diferencias entre las medicinas. Calcula la diferencia observada.

```
sleep_pivot <- sleep |> group_by(group)  |> pivot_wider(names_from = group, values_fr

pm1_median = median(sleep_pivot$"1")
pm2_median = median(sleep_pivot$"2")
diff_median = pm2_median - pm1_median
#pm1_mean = mean(sleep_pivot$"1")
#pm2_mean = mean(sleep_pivot$"2")
```

- Hay variación entre los pacientes. ¿Tenemos evidencia para rechazar que son iguales? ¿Cómo hacemos nuestra distribución de referencia?

```
diff_patient = sleep_pivot$"1" -sleep_pivot$"2"
diff_patient
```

```
 [1] -1.2 -2.4 -1.3 -1.3  0.0 -1.0 -1.8 -0.8 -4.6 -1.4
```

Parece que si hay una diferencia entre el tiempo de horas extras por paciente. Solo con el paciente Id 5 se queda igual, los demas tiene entre 0.8 horas y 2.4 horas mas.

- Haz una gráfica de la distribución de referencia y grafica encima el valor observado en los datos originales.

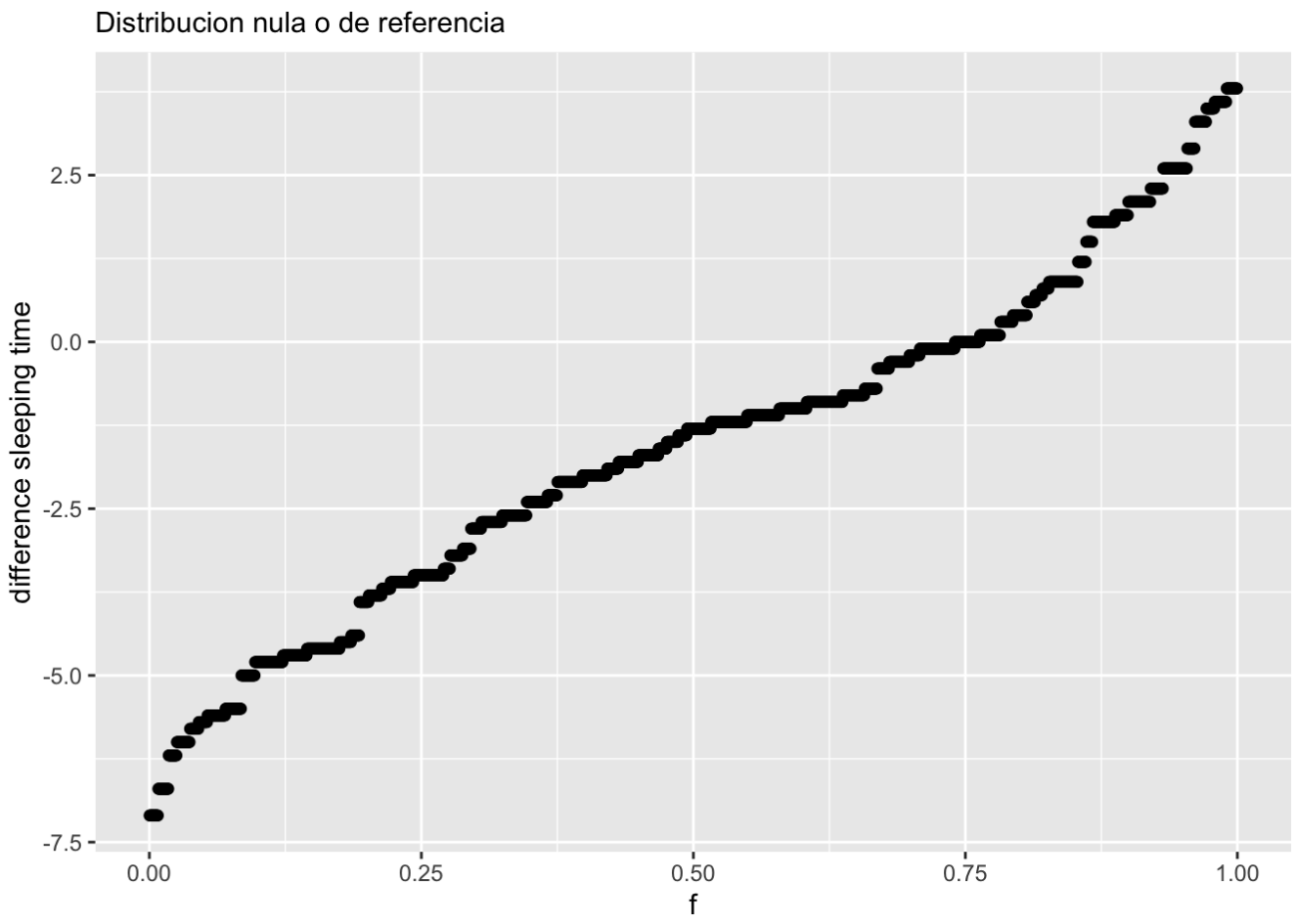
```
set.seed(2)
reps_group <- lineup(null_permute("1"), sleep_pivot, n = 200)
```

```
decrypt("nsW7 Ykjk l3 gCPljlC3 R4")
```

```
valores_ref <- reps_group |>
  group_by(.sample) |>
  mutate(difference =X1-X2)

g_3 <- ggplot(valores_ref, aes(sample=difference)) +
  geom_qq(distribution=stats::qunif) +
  xlab("f") + ylab("difference sleeping time") +labs(subtitle = "Distribucion nula o
g_3
```

```
Warning: Removed 10 rows containing non-finite values (`stat_qq()`).
```

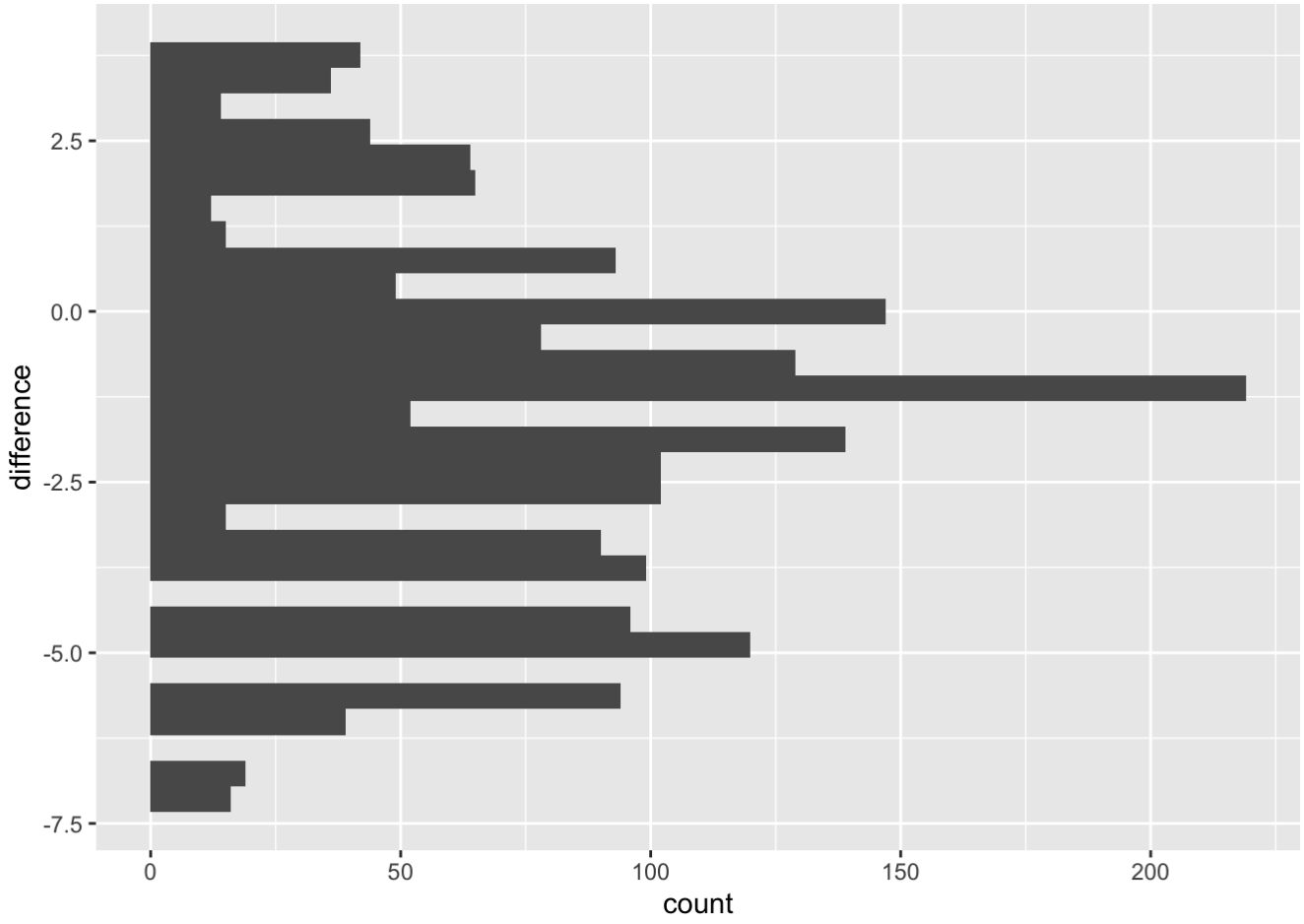



```
g_4 <- ggplot(valores_ref, aes(x = difference)) +
  geom_histogram() +
```

```
  coord_flip()
g_4
```

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

Warning: Removed 10 rows containing non-finite values (`stat_bin()`).
```



- Calcula el valor p (justifica porque a una o dos colas).
    - Se puede justifcar el uso del valor p de dos colas, porque nos interesa si hay una diferencia o no. Al final, la medicina "2" puede ser no "peor" que la medicina "1" o visa versa. Como se ve en los datos, la medicina "2" parece de dar mejores resultados y como es son los datos que permutea, la hipotesis alterna puede ser que pm1 < pm2. Por lo tanto, por estos datos uno una cola.

```
# Función de distribución acumulada (inverso de función de cuantiles)
dist_perm <- ecdf(valores_ref$difference)
# Calculamos el percentil del valor observado
percentil_obs <- dist_perm(is.na(valores_ref))
valor_p <- 1-mean(percentil_obs)
```

Valores-*p (opcional)*

Cuando usamos simulación para pruebas de permutación, el valor-*p* de una cola se puede calcular como

$$\hat{P} = (X + 1)/(N + 1)$$

donde X es el número de estadísticas de prueba remuestreadas que son al menos tan extremas como la observada. Supongamos que el verdadero valor *p* (si pudiéramos hacer todas las permutaciones de manera exhaustiva) es p

- ¿Cuál es la varianza de $\hat{P}$?

- ¿Cuál es la varianza de $\hat{P}_2$ para la prueba de dos lados? (suponiendo que p no es cercano a 0.5, donde p es el verdadero valor *p* para la prueba de una cola).

Pruebas de hipótesis *(opcional)*

Ve el video Is Most Published Research Wrong?