PRÁCTICA 4: Análisis de la varianza/estadística no paramétrica

4.1 Análisis de la varianza

DESARROLLO DE LA PRÁCTICA

El software R dispone de varios programas para realizar un análisis de la varianza a un conjunto de datos (aov, anova, lm,..), teniendo en cuenta los tres diseños que hemos estudiado, usaremos solo dos programas de análisis de la varianza. Se presupone que la variable a analizar tiene una distribución normal con dispersión común en todos los tratamientos.

Primer supuesto: Análisis de la varianza de un factor (diseño completamente aleatorizado).
Ejemplo: El conjunto de datos a analizar es "madera.RData", que describe el grado de desgaste de las muestras de enchapados de madera sintéticos a partir de cinco fabricantes.

Para realizar dicho análisis, debemos ejecutar una serie de comandos:

```
#load("madera.RData")
load(url("https://ddv.stic.ull.es/users/cpgonzal/public/Data/R/madera.RData"))
str(madera)
attach(madera)
mod1F<-lm(formula(desgaste~marca))
anova1F<-anova(object=mod1F)
print(anova1F)
```

que nos lee el fichero de datos, vemos la estructura del fichero e indicamos el modelo, mediante la orden print obtenemos la siguiente tabla ANOVA

```
Analysis of Variance Table

Response: desgaste
          Df Sum Sq  Mean Sq F value   Pr(>F)
marca      4 0.6170 0.154250   7.404 0.001683 **
Residuals 15 0.3125 0.020833
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

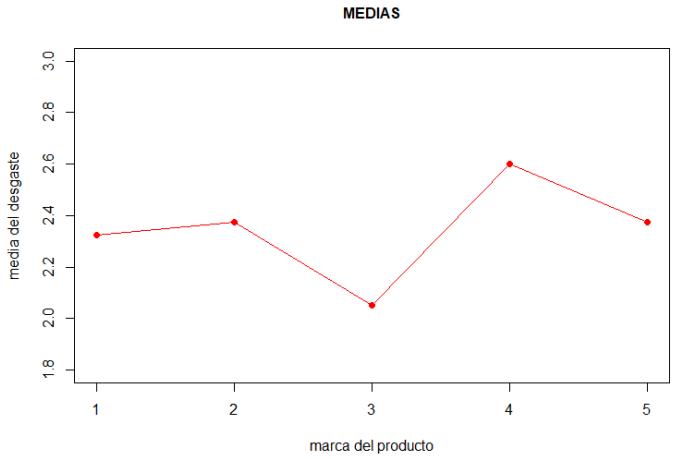
que nos indica un efecto significativo (estadísticamente) del desgaste según la marca de enchapado con los valores usuales (0.1, 0.05 o 0.01) de α. Para visualizar la situación que tenemos en los datos, podemos calcular las medias y desviaciones típicas de la variable respuesta en cada factor del nivel con

```
tapply(desgaste, marca, mean)
tapply(desgaste, marca, sd)
```

```
   acme champ  ajax turry xtra
 2.325 2.375 2.050 2.600 2.375

  acme champ  ajax   turry  xtra
0.1708 0.1708 0.1291 0.1414 0.0957
```

y la representación gráfica, de las medias de la variable respuesta, es

```
plot(med1F,type='o',pch=16, xlab="marca del producto",ylab="media del
desgaste",main="MEDIAS",cex.main=1.0)
```



Dado que tenemos un diseño balanceado en los tratamientos, podemos realizar todos los procedimientos de comparaciones múltiples estudiados. Para ello debemos utilizar un subprograma (ANOVA_CMP) realizado con dicho propósito. Para los datos de madera se proporciona los siguientes métodos (Sidack y Ryan)

```
INTERVALOS DE CONFIANZA PAREADOS SEGÚN SIDACK:

   i j med(i) med(j) dif_med    Ampl  LI_Sidack  LS_Sidack    RES
1  1 2  2.325  2.375  -0.050 0.33424 -0.3842361  0.2842361 NO Sig
2  1 3  2.325  2.050   0.275 0.33424 -0.0592361  0.6092361 NO Sig
3  1 4  2.325  2.600  -0.275 0.33424 -0.6092361  0.0592361 NO Sig
4  1 5  2.325  2.375  -0.050 0.33424 -0.3842361  0.2842361 NO Sig
5  2 3  2.375  2.050   0.325 0.33424 -0.0092361  0.6592361 NO Sig
6  2 4  2.375  2.600  -0.225 0.33424 -0.5592361  0.1092361 NO Sig
7  2 5  2.375  2.375   0.000 0.33424 -0.3342361  0.3342361 NO Sig
8  3 4  2.050  2.600  -0.550 0.33424 -0.8842361 -0.2157639    SIG
9  3 5  2.050  2.375  -0.325 0.33424 -0.6592361  0.0092361 NO Sig
10 4 5  2.600  2.375   0.225 0.33424 -0.1092361  0.5592361 NO Sig
```

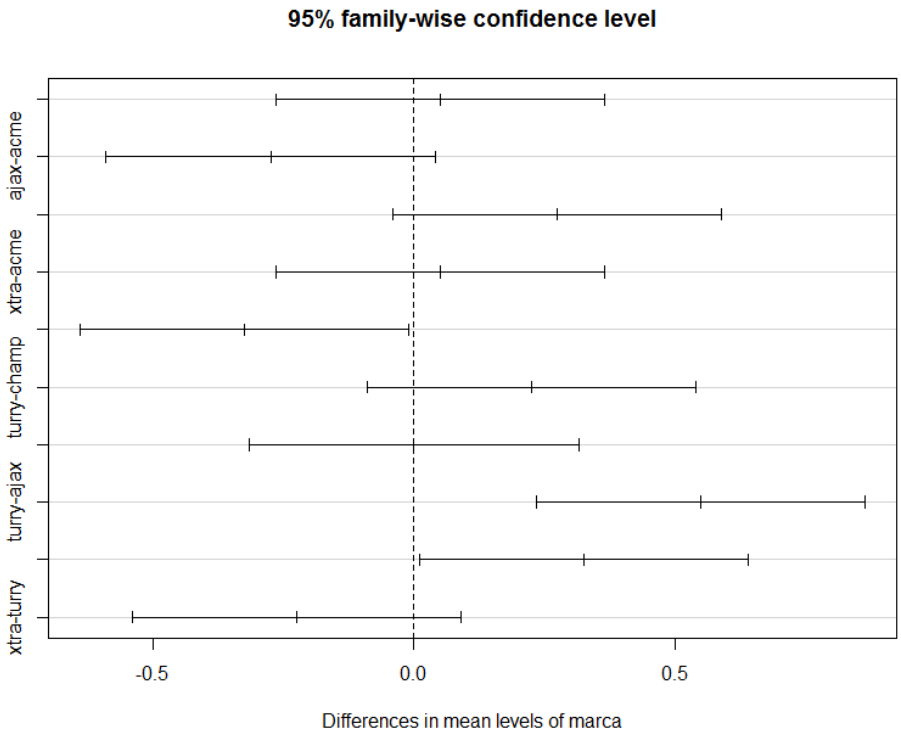
```
INTERVALOS DE CONFIANZA PAREADOS SEGÚN RYAN:

   i j med(i) med(j) dif_med    Ampl    RES
1  1 5  2.050  2.600   0.550 0.31516    SIG
2  1 4  2.050  2.375   0.325 0.30594    SIG
3  2 5  2.325  2.600   0.275 0.30594 NO Sig
4  1 3  2.050  2.375   0.325 0.29175    SIG
5  2 4  2.325  2.375   0.050 0.29175 NO Sig
6  3 5  2.375  2.600   0.225 0.29175 NO Sig
7  1 2  2.050  2.325   0.275 0.26483    SIG
8  2 3  2.325  2.375   0.050 0.26483 NO Sig
9  3 4  2.375  2.375   0.000 0.26483 NO Sig
10 4 5  2.375  2.600   0.225 0.26483 NO Sig
```

También la línea de comando

lybrary(stats)
TukeyHSD(aov1F)

produce el siguiente cuadro (cuando se utiliza aov)

```
  Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = desgaste ~ marca, data = madera)

$marca
                diff          lwr          upr     p adj
champ-acme     0.050 -0.265159973  0.365159973 0.9871310
ajax-acme     -0.275 -0.590159973  0.040159973 0.1021412
turry-acme     0.275 -0.040159973  0.590159973 0.1021412
xtra-acme      0.050 -0.265159973  0.365159973 0.9871310
ajax-champ    -0.325 -0.640159973 -0.009840027 0.0417456
turry-champ    0.225 -0.090159973  0.540159973 0.2304525
xtra-champ     0.000 -0.315159973  0.315159973 1.0000000
turry-ajax     0.550  0.234840027  0.865159973 0.0006152
xtra-ajax      0.325  0.009840027  0.640159973 0.0417456
xtra-turry    -0.225 -0.540159973  0.090159973 0.2304525
```



Segundo supuesto: Diseño de bloques completos aleatorizados.

Ejemplo: Cinco métodos de riego (cuenca, inundación, aspersión-a, aspersión-b, goteo) (basin, flood, spray, sprinkler, trickle) se implementan en cada uno de los ocho lugares (por ejemplo, partes de un campo que pueden tener las condiciones del suelo y luz similares), y se registra el peso de los frutos de cada uno de las cuarenta observaciones. Los datos están en "*frutas*.RData".

Los comandos necesarios para analizar estos datos son:

```
#load("frutas.RData")
load(url("https://ddv.stic.ull.es/users/cpgonzal/public/Data/R/frutas.RData"))
str(frutas)
attach(frutas)
mod1F1B<-lm(formula(pesofruta~riego+bloque),data= frutas)
anova1F1B<-anova(object=mod1F1B)
print(anova1F1B)  # Para obtener la tabla ANOVA completa
```

Los datos básicos de la tabla anova de este diseño es:

```
Analysis of Variance Table

Response: pesofruta
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
riego      4  44026   11006  3.2734   0.02539 *
bloque     7 401308   57330 17.0503 1.452e-08 ***
Residuals 28  94147    3362
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

Debemos proceder a analizar, mediante comparaciones múltiples los efectos del riego (factor) y de los lugares (bloques) que dejamos para analizar en el aula.

Tercer supuesto: Diseño factorial balanceado

Ejemplo: Se proporciona un ejemplo en el que hay dos variables de tratamiento (factores) –F1 cinco variedades de semilla (variedad) y F2 tres métodos de crecimiento (método), por lo que hay 15 condiciones experimentales (tratamientos). En este ejemplo, seis repeticiones (macetas) se realizan en cada condición, y el rendimiento (variable dependiente) se registró para cada uno de las 90 (5x3x6) observaciones. El conjunto de datos recogidos están en el data frame *semillas*.RData. Las instrucciones para realizar el análisis pueden ser

```
#load("semillas.RData")
load(url("https://ddv.stic.ull.es/users/cpgonzal/public/Data/R/semillas.RData"))
attach(semillas)
mod2F<-lm(formula(rendimiento~metodo*variedad),data= semillas)
anova2F<-anova(object=mod2F)
print(anova2F)
```

La tabla anova para este diseño es

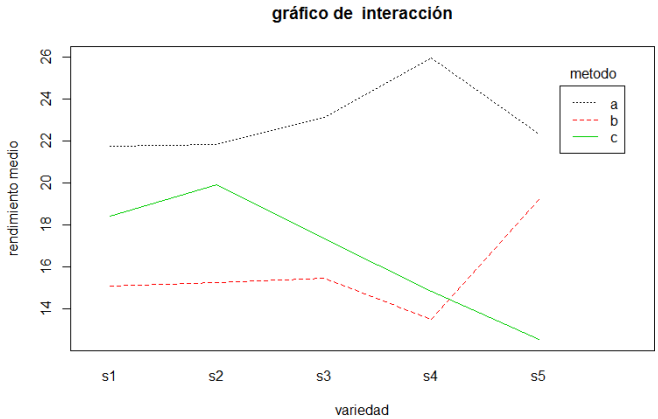
```
Analysis of Variance Table

Response: rendimiento
               Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
metodo          2  953.16  476.58 24.2531 7.525e-09 ***
variedad        4   11.38    2.85  0.1448   0.96476
metodo:variedad 8  374.49   46.81  2.3822   0.02409 *
Residuals      75 1473.77   19.65
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

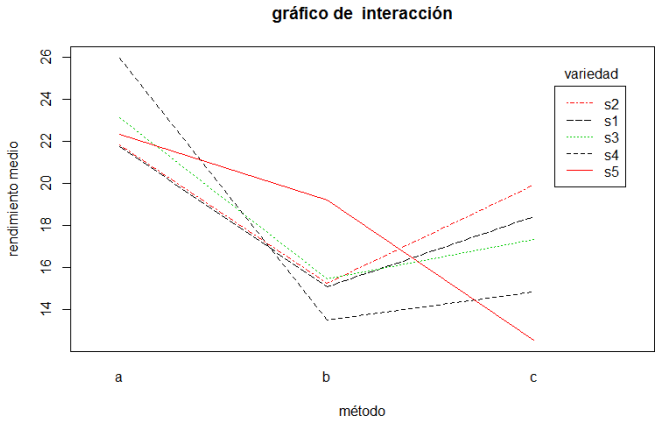
Tenemos al 5% de nivel de error que el efecto de interacción es significativo, no procede analizar cada efecto (Factor) por separado. Una idea de lo que esta ocurriendo la podemos tener observando las medias para cada tratamiento ensayado:

```
tapply(rendimiento, INDEX=list(metodo,variedad), FUN=mean)
```

```
        s1       s2       s3       s4       s5
a 21.76667 21.85000 23.13333 25.96667 22.33333
b 15.08333 15.23333 15.45000 13.50000 19.21667
c 18.41667 19.91667 17.31667 14.83333 12.55000
```

Aunque, mejor será una representación gráfica de las mismas, en los dos gráficos siguientes:





Podemos realizar todas las comparaciones pareadas, con un ajuste global según Bonferroni, con el siguiente comando:

pairwise.t.test(rendimiento, metodo:variedad,p.adjust.method="bonferroni")

cuya salida es

```
Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data:  rendimiento and metodo:variedad

     a:s1    a:s2    a:s3    a:s4    a:s5    b:s1    b:s2    b:s3    b:s4    b:s5    c:s1    c:s2    c:s3    c:s4
a:s2 1.00000 -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -
a:s3 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -
a:s4 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -       -       -       -       -       -       -
a:s5 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -       -       -       -       -       -
b:s1 1.00000 1.00000 0.24971 0.00633 0.62193 -       -       -       -       -       -       -       -       -
b:s2 1.00000 1.00000 0.29768 0.00780 0.73293 1.00000 -       -       -       -       -       -       -       -
b:s3 1.00000 1.00000 0.38226 0.01054 0.92548 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -       -       -
b:s4 0.19304 0.17464 0.03464 0.00063 0.09652 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -       -
b:s5 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -       -       -
c:s1 1.00000 1.00000 1.00000 0.44487 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -       -
c:s2 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -       -       -
c:s3 1.00000 1.00000 1.00000 0.12116 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -       -
c:s4 0.87734 0.80217 0.18547 0.00444 0.47070 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 -
c:s5 0.05946 0.05343 0.00961 0.00015 0.02842 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 1.00000 0.54652 1.00000 1.00000

P value adjustment method: bonferroni
```

EJERCICIOS:

1.- Para el fichero de datos “HIPER200.RData”, se solicita:
a) ¿La tensión arterial sistólica final es la misma según la toma de sal?
b) ¿La tensión arterial sistólica final es la misma según la actividad física?
c) ¿La tensión arterial sistólica inicial es la misma según su clasificación del peso?
d) ¿La tensión arterial sistólica inicial es la misma según su tiempo sin beber?
Si fuese el caso, indicar que grupos tienen medias diferentes.

2.- Para las variables incluidas en el data.frame iris (cargar en R como data(“iris”)) analizados por Pearson (1936). “The data set consists of 50 samples from each of three species of *Iris* (*Iris setosa*, *Iris virginica* and *Iris versicolor*). Four features were measured from each sample: the length and the width of the sepals and petals, in centimetres”.


Iris Setosa


Iris Versicolor


Iris virginica

Se pide realizar un análisis de la varianza para cada una de las variables incluidas en dichos datos. (Fuente de fotografías wikipedia)

4.2 Estadística No Paramétrica

DESARROLLO DE LA PRÁCTICA

El software R dispone de varios procedimientos para realizar un test de adherencia de unos datos a una determinada distribución, en particular la normalidad de los datos. También realiza el contraste de independencia o de homogeneidad asociado a una tabla de contingencia. De otro lado se tiene otros programas para realizar un análisis estadístico de carácter no paramétrico a un conjunto de datos. Se presupone en este caso que la(s) variable(s) a analizar tiene una distribución desconocida pero de carácter continuo, al menos. Tomaremos de nuevo el conjunto de datos HIPER200.RData, por ser un conjunto no numeroso de datos y poder aplicarse todos los procedimientos.

Primer supuesto: Contraste de adherencia a una distribución determinada.

Cargamos el fichero de datos HIPER200.RData, para ejecutar dicho análisis, debemos ejecutar una serie de comandos:

```
#load("HIPER200.RData")
load(url("https://ddv.stic.ull.es/users/cpgonzal/public/Data/R/ HIPER200.RData "))
attach(HIPER200)
ks.test(TAsist0,"pnorm", 145,24)  #test de Kolmogorov-Smirnov de 1 o 2 muestras
library(nortest)
lillie.test(TAsist0)  # test de Lilliefors
pearson.test(TAsist0, n.classes=8)  # test de bondad de ajuste segun Chi cuadrado
shapiro.test(TAsist0)  # test de normalidad de Shapiro-Wilk
```

para realizar el contraste de Kolmogorov-Smirnov a la variable tensión arterial sistólica inicial (sist_ini) para una distribución normal indicando sus parámetros. Cargamos en memoria otro paquete (nortest) para realizar el test de Lilliefors sobre la misma variable anterior para el caso de la normalidad de los datos. El test de bondad de ajuste de Pearson y el de Shapiro y Wilk.

```
        One-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  TAsist0
D = 0.10252, p-value = 0.02988
alternative hypothesis: two-sided

        One-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  TAsist0
D = 1, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: two-sided

        Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

data:  TAsist0
D = 0.099678, p-value = 5.113e-05

        Pearson chi-square normality test

data:  TAsist0
P = 11.84, p-value = 0.03705
```

```
        Shapiro-Wilk normality test

data:  TAsist0
W = 0.96312, p-value = 4.367e-05
```

Segundo supuesto: Contraste de independencia y homogeneidad

Debemos seleccionar dos variables cualitativas y obtener una tabla de contingencia de 2xk o kx2

tab1<-table(genero,sal) #variables Genero y Sal
tab1

```
                Sal
Genero      poca normal mucha
  masculino   24     64    18
  femenino    41     53     0
```

Aplicamos el test de independencia de la chi-cuadrado (test asintótico)

chisq.test(genero,sal,correct=FALSE)

```
      Pearson's Chi-squared test

data:  tab3
X-squared = 22.843, df = 2, p-value = 1.096e-05

                     X^2 df   P(> X^2)
Likelihood Ratio 29.767  2 3.4372e-07
Pearson          22.843  2 1.0960e-05
```

library(vcd)
assocstats(tab1)

```
                     X^2 df   P(> X^2)
Likelihood Ratio 29.767  2 3.4372e-07
Pearson          22.843  2 1.0960e-05
```

Supongamos ahora que queremos dividir los individuos en 2 grupos (los de 40 años o menos, y los de más de 40 años). Creamos una variable dicotómica

grupo_edad<-ifelse(edad<=40,1,2) #recodificación de la edad en dos clases
grupo_edad <-factor(grupo_edad, labels=c("<=40",">40"))

Queremos comparar si hay relación entre esta variable ed y la variable concentración HTA (conc_hta). Por tanto, obtenemos la tabla de contigencia y vemos el resultado del contraste

table(grupo_edad,conc_hta) #variables ed y conc_hta
chisq.test(grupo_edad,conc_hta, correct=FALSE)

```
       conc_hta
ed      normotenso bordeline hipertenso
  <=40          64        12          3
  >40           68         8         45

                     X^2 df   P(> X^2)
Likelihood Ratio 36.139  2 1.4209e-08
Pearson          30.182  2 2.7926e-07
```

Del mismo modo, también podemos hacer un contraste de homogeneidad para la igualdad de varias proporciones independientes desde una perspectiva asintótica. Por ejemplo, para comparar la proporción de mujeres de acuerdo a la cantidad de sal que consumen:

```
# test de homogeneidad
x<-c(41,53,0)   # datos de genero="femenino" y Sal
n<-c(65,117,18)
prop.test(x,n, conf.level=0.95,correct=FALSE)
```

Tercer supuesto: Contrastar que la mediana de la distribución toma un valor determinado.

Para realizar el test ordinario de los signos, debemos indicar la variable y el valor de la mediana a contrastar

```
library(BSDA)
SIGN.test(TAsist0, md=150)
```

que nos proporciona

```
      One-sample Sign-Test

data:  TAsist0
s = 66, p-value = 0.0002592
alternative hypothesis: true median is not equal to 150
95 percent confidence interval:
 140 148
sample estimates:
median of x
        140
```

Si utilizamos las instrucciones del cálculo de la función de distribución aplicado a la binomial, podemos determinar que la región crítica con $\alpha = 0.05$ es

$$H_1 : M_E(x) \neq 150 \text{ y } C = \{S \leq 77 \text{ o } S \geq 105\} \text{ pues } \sum_{k=0}^{77} \binom{182}{k} 0.5^{182} \leq 0.022527 \text{ y } \sum_{k=105}^{182} \binom{182}{k} 0.5^{182} \leq 0.022527$$

Mediante Wilcoxon de rangos con signo

```
wilcox.test(TAsist0, md=150, paired=FALSE, correct=FALSE, conf.int=TRUE)
```

```
      Wilcoxon signed rank test

data:  TAsist0
V = 20100, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true location is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 139.9999 146.9999
sample estimates:
(pseudo)median
         143.5
```

Cuarto supuesto: Contrastar que la mediana de las diferencias pareadas es nula (muestras dependientes)

Utilizaremos las variables TA*sist0* y TA*sist1*, que representa la medida de HTA Sistólica a los individuos al comienzo del cuestionario y al finalizar este, un tiempo nunca superior a una hora.

SIGN.test(TAsist1,TAsist0, md=0)

```
       Dependent-samples Sign-Test

data:  TAsist1 and TAsist0
S = 11, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true median difference is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -12 -10
sample estimates:
median of x-y
          -10
```

Si usamos de nuevo el cálculo de probabilidades de la Binomial con RSudio, podemos calcular

$$H_1 : M_D(x) \neq 0 \text{ y } C = \{S \leq 74 \text{ o } S \geq 103\} \quad \text{pues } \sum_{k=0}^{74} \binom{177}{k} 0.5^{177} \leq 0.017514 \text{ y } \sum_{k=103}^{177} \binom{177}{k} 0.5^{177} \leq 0.017514$$

Si tomamos las diferencias medida final menos medida inicial nuestro estadístico vale 11.

Utilizando el estadístico de rangos con signo de Wilcoxon

wilcox.test(TAsist1,TAsist0i, paired=TRUE, correct=FALSE)

tenemos

```
        Wilcoxon signed rank test

data:  TAsist1 and TAsist0
V = 650.5, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

Quinto supuesto: Contrastar que las medianas de las distribuciones son iguales en muestras independientes

Para este caso tomamos la variable TAsist0. Deseamos comparar la igual de medianas por genero, supuesto que ambas distribuciones son iguales salvo un desplazamiento. Para el test de Mann-Whitnwy-Wilcoxon

wilcox.test(TAsist0~genero, paired=FALSE, correct=FALSE, conf.int=TRUE)

```
        Wilcoxon rank sum test

data:  TAsist0 by genero
W = 4473, p-value = 0.2117
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -10.000001   1.999992
```

resultando un test no significativo.

Sexto supuesto: Contrastar que las medianas de las distribuciones son iguales en tres o más muestras independientes.

Tomamos la variable TAsist1 estando los grupos formados por la cantidad de Sal que se toma en las comidas. Para el test de Kruskall-Wallis los resultados son

kruskal.test(TAsist1~sal)

```
        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  TAsist1 by sal
Kruskal-Wallis chi-squared = 11.831, df = 2, p-value = 0.002698
```

EJERCICIOS:

Sin asumir una distribución específica de las variables implicadas se pide resolver:

1.- Para el fichero de datos "HIPER200.SAV", se solicita:

a) ¿La tensión arterial sistólica final es la misma según la clasificación de peso?
b) ¿La tensión arterial sistólica final es la misma según la actividad física?
c) ¿La tensión arterial sistólica inicial es la misma según su clasificación del peso?
d) ¿La tensión arterial sistólica inicial es la misma según su tiempo sin beber?
e) ¿La tensión arterial sistólica inicial y la tensión arterial sistólica final es la misma para las personas de menos de 30 años? ¿Y para los de más de 60 años?

2.En EEUU, en el curso de 2 años, se ha producido un notable incremento de incidentes en los que la policía ha disparado y abatido a personas. Los datos siguientes (obtenidos del Washington Post) corresponden a la distribución de un total de 1,642 personas de los diversos grupos de población y atendiendo a si fueron abatidos (es decir, recibieron un disparo fatal) portando armas o se encontraban desarmados.

		Situación de la persona abatida		
		Armados	Desarmados	Total
Raza	Blanca	403	54	457
	Hispana	282	25	307
	Negra	825	53	878
	Total	**1510**	**132**	**1642**

a) Analizar si existe relación entre la raza y la posibilidad de recibir un disparo estando desarmado. Interpretar el estadístico del test de independencia (qué grupo es el que destaca sobre el resto) para $\alpha=0.05$. Acotar el p-valor e interpretarlo.
b) Calcular un intervalo de confianza del 95% en la proporción de personas desarmadas.