

MAE0327 - Planejamento e Pesquisa II - Lista 1

Bruno de Castro Paul Schultze ¹

Guilherme Tamborra²

Gustavo de Oliveira Kanno³

Rodrigo Marcel Araujo Oliveira⁴

Rubens Santos Andrade Filho⁵

Setembro de 2020

Sumário

Questão 1	2
a) T6	3
d)	5
Questão 2	8

¹Número USP: 10736862

²Número USP: 10736816

³Número USP: 9795810

⁴Número USP: 9299208

⁵Número USP: 10370336

Questão 1

Consideramos os dados de consumo de oxigênio (O2cons) avaliado em três tipos de células (T6, T12 e T18) submetidas a um Tratamento (Placebo \times Virum), na presença (=1) ou ausência (=0) de um Vírus.

```
# Carrega os dados
dados <- read.csv('O2cons.csv', stringsAsFactors = T)
dados <- dados %>%
  mutate(Virus = factor(Virus, 0:1, c("Ausente", "Presente")))
attach(dados)

# Tamanho dos grupos
table(Grup) %>% kable(caption='caption')
```

Tabela 1: caption

Grup	Freq
1	12
2	12
3	12
4	12

```
# Médias por grupo
dados %>% group_by(Grup) %>%
  summarise(across(T6:T18, mean, .names = 'Média {col}')) %>%
  kable(caption='caption')
```

```
## `summarise()` ungrouping output (override with `.groups` argument)
```

Tabela 2: caption

Grup	Média T6	Média T12	Média T18
1	1,618	2,434	3,527
2	1,322	2,430	3,425
3	1,656	2,799	4,029
4	1,394	2,570	3,677

Os dados estão estruturados da seguinte forma:

- Dois fatores de efeito considerados de efeito fixo:
 - fator Tratamento com 2 níveis - Placebo, Virum;
 - fator Virus com 2 níveis - Ausente, Presente;
- 12 réplicas em cada grupo formado pela combinação dos fatores Tratamento e Virus.
- A resposta é multivariada contínua ($p=3$) - consumo de oxigênio (O2cons) cada uma dos três tipos de células T6, T12 e T18. Entretanto faremos uma análise para cada resposta de forma separada.

Com o objetivo de avaliar se o consumo de oxigênio é afetado pelo Tratamento e pela exposição ao Virus, propomos uma Análise de Variância para os dados de cada tipo celular. Na análise consideramos o modelo estrutural e distribucional adotado, análise de diagnóstico das suposições do modelo, tabela da ANOVA com as correspondentes fontes de variação, possíveis comparações múltiplas entre médias e conclusão da análise.

Consideramos que foi feito um Delineamento Completamente Aleatorizado (DAC) com tratamentos compostos pela combinação dos níveis dos dois fatores de efeitos fixos com dois níveis cada. Dessa forma, supomos que os tratamentos foram aplicados às unidades experimentais de modo aleatório e independente. E assim, o modelo estrutural é (utilizando a parametrização Casela de Referência):

$$y_{ijk} = \begin{cases} \mu_{11} + \epsilon_{ijk}, & i = 1, \dots, 12, j = k = 1 \\ \mu_{11} + \tau_j + \beta_k + \gamma_{jk} + \epsilon_{ijk}, & i = 1, \dots, 12, j = k = 2 \end{cases}$$

Onde:

- y_{ij} : é o consumo de oxigênio da unidade i submetida aos níveis j de Tratamento e k de Exposição ao vírus;
- μ_{11} : é o valor esperado da resposta para o nível Placebo do fator Tratamento e o nível Ausente do fator Vírus (casela de referência);
- τ_j : é o desvio em relação a μ_{11} devido ao efeito principal do nível j do fator Tratamento;
- β_k : é o desvio em relação a μ_{11} devido ao efeito principal do nível k do fator Vírus;
- γ_{jk} : é o efeito de interação entre os fatores. É o desvio do efeito aditivo dos fatores;
- ϵ_{ijk} : é um erro aleatório não controlado.

O erro não controlado é suposto suposto normal, independente e homocedástico. Dessa forma modelo distribucional é

$$\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2) \Rightarrow y_{ij} \sim N(\mu_{ij}, \sigma^2)$$

E sob as suposições de normalidade, independência e homocedasticidade, queremos testar:

$$H_0 : \mu_{ij} = \mu_{kl}, \forall (i, j) \neq (k, l) \text{ vs } H_1 : \text{ existe pelo menos uma diferença entre as médias.}$$

dsfjadsjfldsjfldsfdfjlsadkfjlsdafj

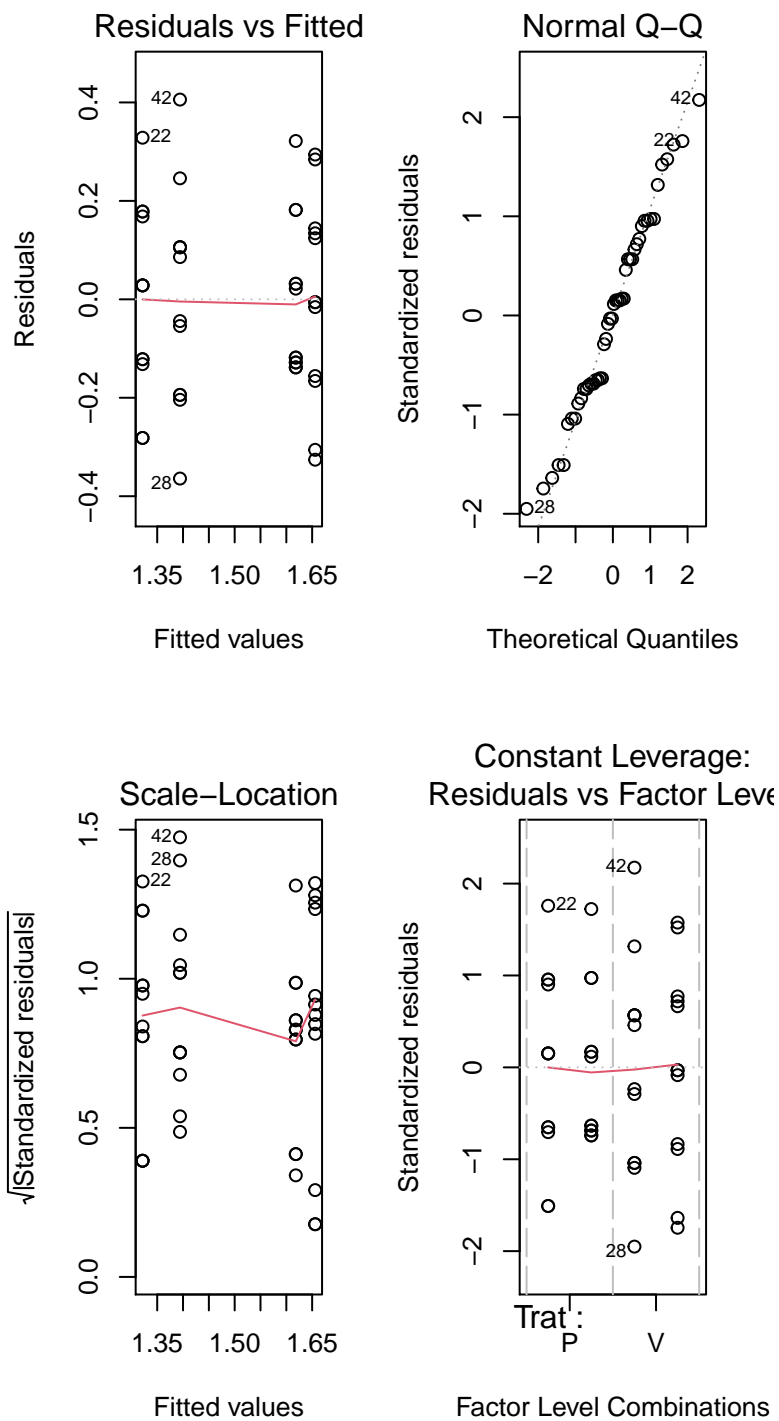
a) T6

Ajuste do modelo dfdsfgfgfdgfd

```
fit <- aov(T6 ~ Trat*Virus,dados)
```

análise de diagnóstico das suposições do modelo,

```
#Gráfico de Perfis de Médias dos fatores
gp <- par()
par(mfrow=c(2,2))
plot(fit)
```



```
par(gp)
```

```
#Gráfico de Perfis de Médias dos fatores
interaction.plot(Trat, Virus, T6)
```

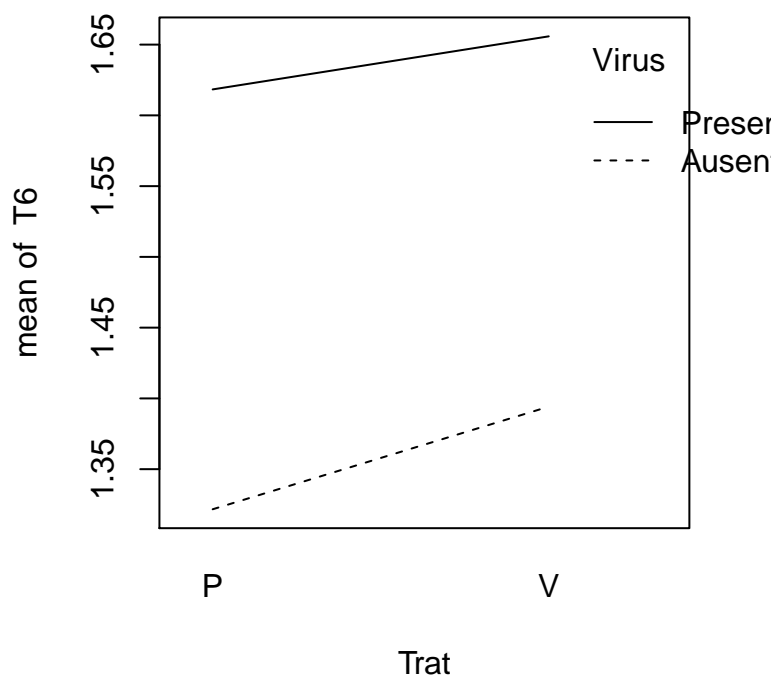


Figura 1: legenda

tabela da ANOVA com as correspondentes fontes de variação, possíveis comparações múltiplas entre médias e conclusão da análise.

b) T12

c) T18

d)

Simulamos os dados de um novo tipo celular (digamos TSim) em que há efeito de interação entre Tratamento e exposição ao Virus. Propomos uma análise dos dados gerados.

```
#Simulando dados
#Experimento DCA Fatorial 2x2 com efeito de interação
#Modelo estrutural:  $y = \mu_i + \tau_{u1} + \tau_{u2} + \tau_{12} + e$ 
set.seed(1)
mu<- 4
tau1.1<- (-1.8)
tau2.1<- (-2)
tau12.11<- 6
sigma<-1
```

```

mi00<-mi
mi01<-mi+tau2.1
mi10<-mi+tau1.1
mi11<-mi+tau1.1+tau2.1+tau12.11
r<-12
TSim<-round( c(mi00,mi01,mi10,mi11) + rnorm(4*r, 0, sigma) ,2)
f1<-rep(0:1,each=2*r)
f2<-rep(rep(0:1,each=r),2)
f12<-rep(1:4,each=r)
datSim<-data.frame(cbind(factor(f1),factor(f2),f12,TSim))
# datSim %>% kable(caption='caption')
str(datSim)

```

```

## 'data.frame': 48 obs. of 4 variables:
## $ V1 : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ V2 : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ f12 : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ TSim: num 3.37 2.18 1.36 7.8 4.33 1.18 2.69 6.94 4.58 1.69 ...

```

```

interaction.plot(f1, f2, TSim)

```

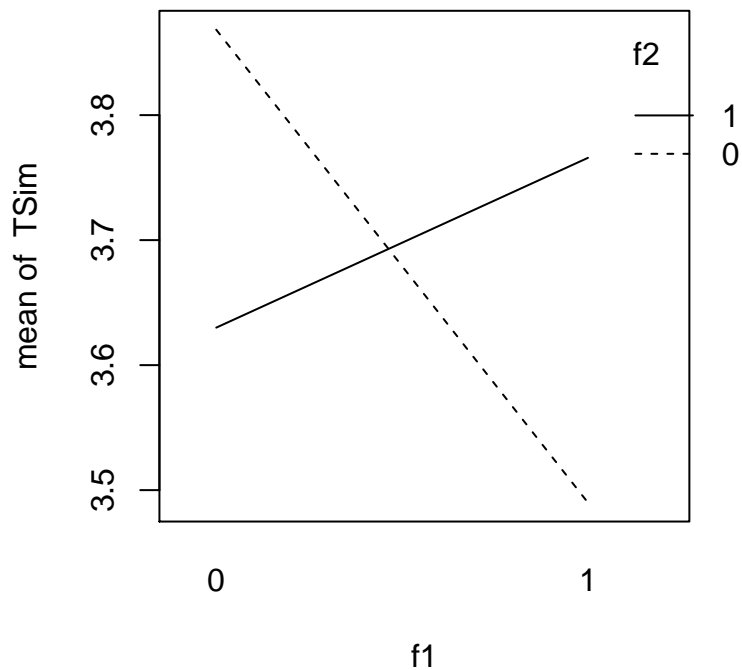


Figura 2: legenda

```
tapply(TSim,f12,mean) %>% t() %>% kable(caption="alguma legenda")
```

Tabela 3: alguma legenda

1	2	3	4
3,868	3,63	3,49	3,766

```
fitSim <- aov(TSim ~ f1*f2, datSim)
#Para fatorial 2x2 é equivalente usar "aov(TSim~factor(f1)*factor(f2))"
anova(fitSim) %>% kable(caption="fasdf")
```

Tabela 4: fasdf

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
f1	1	0,176	0,176	0,046	0,831
f2	1	0,004	0,004	0,001	0,974
f1:f2	1	0,793	0,793	0,206	0,652
Residuals	44	169,133	3,844	NA	NA

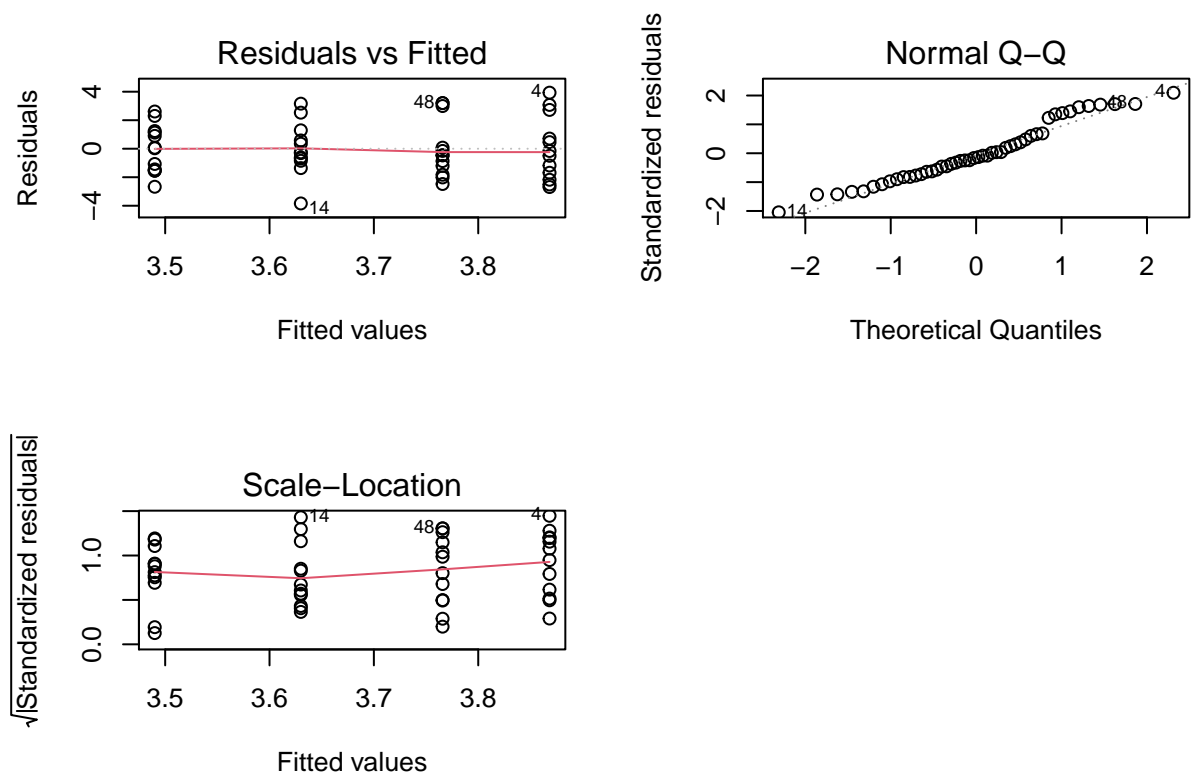
```
fitSim$coefficients %>% t() %>% kable(caption="Coeficientes")
```

Tabela 5: Coeficientes

(Intercept)	f1	f2	f1:f2
3,868	-0,378	-0,238	0,514

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(fitSim)
```

```
## hat values (leverages) are all = 0.08333333
## and there are no factor predictors; no plot no. 5
```



Na simulação consideramos o seguinte padrão de variação das médias de O2cons:

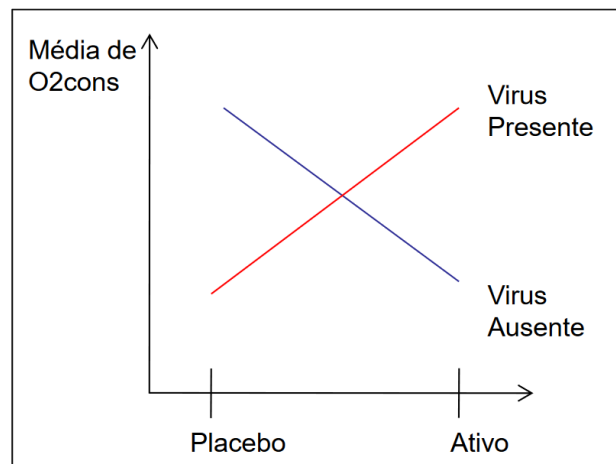


Figura 3: Padrão de variação das médias de O2cons.

Questão 2


```
##Q2
resp<-c(0.02,-0.01,-0.03,0.04,0.15,0.27,0.14,0.22,0.18,0.24,0.11,0.18,0.45,0.58,0.35,0.48)
resp
```

```
## [1] 0.02 -0.01 -0.03 0.04 0.15 0.27 0.14 0.22 0.18 0.24 0.11 0.18
## [13] 0.45 0.58 0.35 0.48
```

```
x<-rep(rep(c(0,1),each=4),2)
y<-rep(c(0,1),each=8)
fx<-rep(c(1,2,3,4),4)
trat<-rep(c(1,2,3,4),each=4)
dados<-data.frame(x,y,fx,trat,resp)
str(dados)
```

```
## 'data.frame': 16 obs. of 5 variables:
## $ x : num 0 0 0 0 1 1 1 1 0 0 ...
## $ y : num 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 ...
## $ fx : num 1 2 3 4 1 2 3 4 1 2 ...
## $ trat: num 1 1 1 1 2 2 2 2 3 3 ...
## $ resp: num 0.02 -0.01 -0.03 0.04 0.15 0.27 0.14 0.22 0.18 0.24 ...
```

```
fitxy<-aov(resp~factor(fx)+x*y, dados)
summary(fitxy)
```

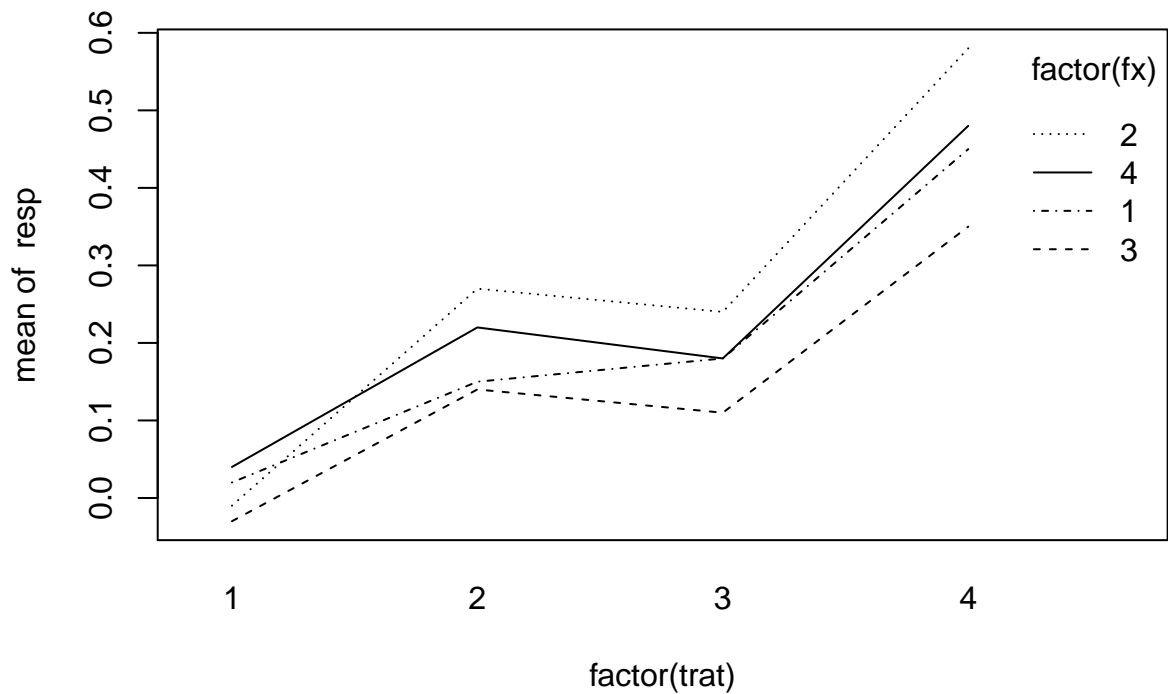
```
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## factor(fx) 3 0.03462 0.01154   6.944 0.0102 *
## x          1 0.22801 0.22801 137.204 9.46e-07 ***
## y          1 0.19581 0.19581 117.827 1.80e-06 ***
## x:y        1 0.00951 0.00951   5.720 0.0404 *
## Residuals  9 0.01496 0.00166
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
#Efeito de interação entre Tratamento e Fx (Bloco)
fitxy$coefficients
```

```
## (Intercept) factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          x          y
## -0.005625    0.070000   -0.057500    0.030000    0.190000    0.172500
##          x:y
##    0.097500
```

```
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(trat),factor(fx),resp,main="Gráfico de interação"))
```

Gráfico de interação



```
fxi<-rep(c(0,fitxy$coefficients[2:4]),4)
fxi
```

```
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2
##      0.0000      0.0700      -0.0575      0.0300      0.0000      0.0700
## factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##     -0.0575      0.0300      0.0000      0.0700     -0.0575      0.0300
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##      0.0000      0.0700      -0.0575      0.0300
```

```
xyi<-rep(c(0,fitxy$coefficients[5:7]),each=4)
xyi
```

```
##          x      x      x      x      y      y      y
## 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.1900 0.1900 0.1900 0.1900 0.1725 0.1725 0.1725
##      y      x:y      x:y      x:y      x:y
## 0.1725 0.0975 0.0975 0.0975 0.0975
```

```
fxyi<-fxi*xyi
fxyi
```

```
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2
## 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.01330000
```

```
## factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
## -0.01092500  0.00570000  0.00000000  0.01207500 -0.00991875  0.00517500
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##  0.00000000  0.00682500 -0.00560625  0.00292500
```

```
fititb<-aov(resp~factor(fx)+x*y+fxyi)
summary(fititb)
```

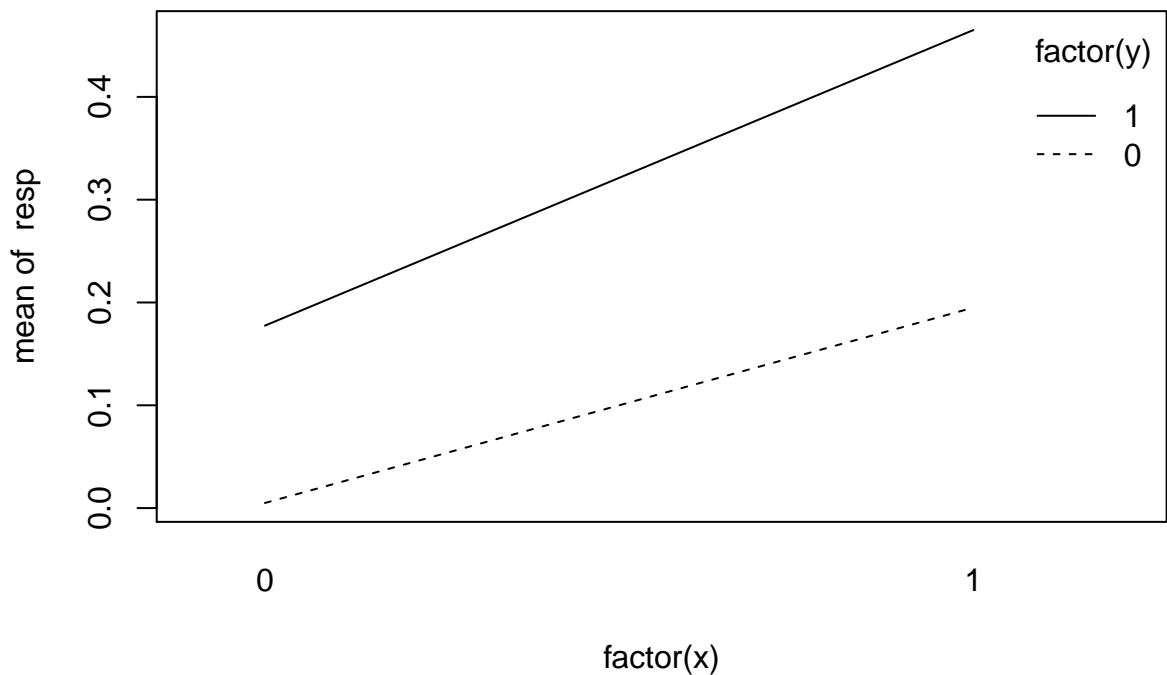
```
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## factor(fx)  3 0.03462  0.01154    7.301  0.0112 *
## x           1 0.22801  0.22801  144.252 2.13e-06 ***
## y           1 0.19581  0.19581  123.880 3.80e-06 ***
## fxyi        1 0.00077  0.00077    0.490  0.5038
## x:y         1 0.01104  0.01104    6.987  0.0296 *
## Residuals   8 0.01264  0.00158
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
#Não há efeito significativo de interação entre Tratamentos e Fx (Bloco)
```

```
#Gráfico de Perfis de Médias de Tratamentos (X e Y)
```

```
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(x),factor(y),resp,main="Gráfico de interação"))
```

Gráfico de interação



*#Como o modelo é aditivo (entre Trat e Fx) o gráfico de interação é o mesmo com
#ou sem o ajuste por FX
#Contudo, somente no modelo ajustado por Fx é que o efeito de interação é significativo*
fitxy\$coefficients

```
## (Intercept) factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          x          y
## -0.005625    0.070000   -0.057500    0.030000    0.190000    0.172500
##           x:y
##      0.097500
```

```
respi<-model.matrix(fitxy)%*%fitxy$coefficients[1:7]
respi
```

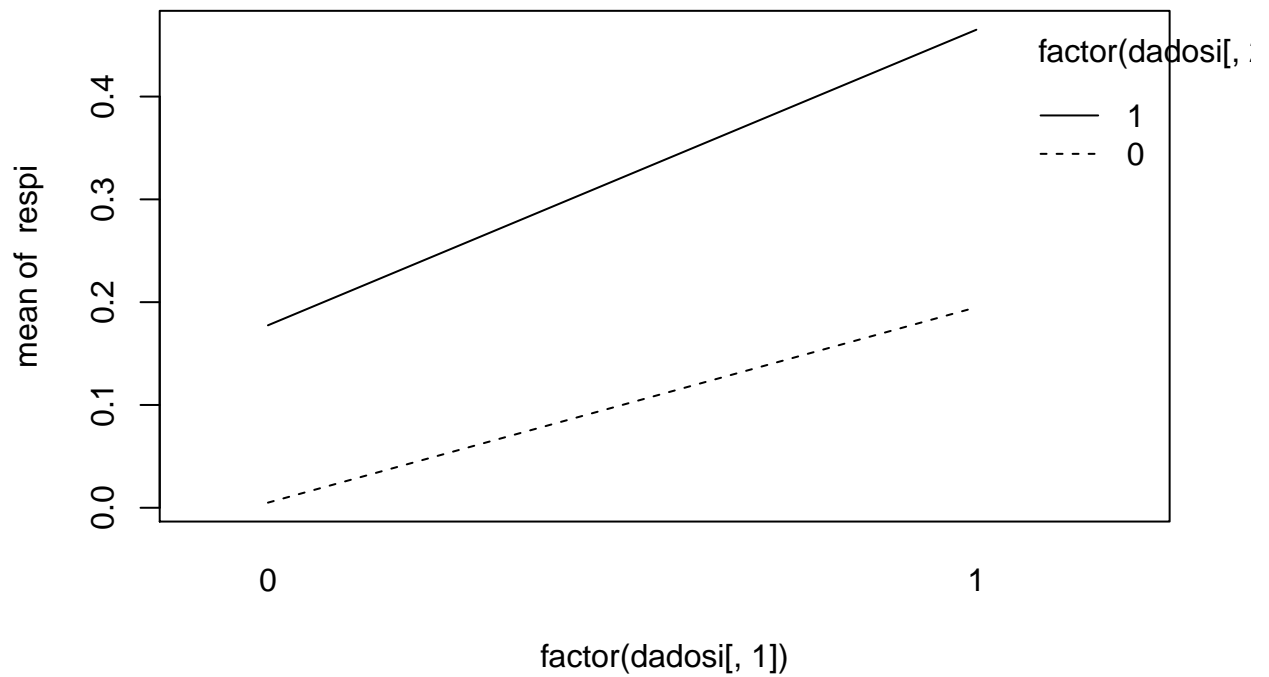
```
##           [,1]
## 1 -0.005625
## 2  0.064375
## 3 -0.063125
## 4  0.024375
## 5  0.184375
## 6  0.254375
## 7  0.126875
## 8  0.214375
## 9  0.166875
## 10 0.236875
## 11 0.109375
## 12 0.196875
## 13 0.454375
## 14 0.524375
## 15 0.396875
## 16 0.484375
```

```
dadosi<-cbind(dados[,1],dados[,2],respi)
dadosi
```

```
##           [,1] [,2]           [,3]
## 1      0      0 -0.005625
## 2      0      0  0.064375
## 3      0      0 -0.063125
## 4      0      0  0.024375
## 5      1      0  0.184375
## 6      1      0  0.254375
## 7      1      0  0.126875
## 8      1      0  0.214375
## 9      0      1  0.166875
## 10     0      1  0.236875
## 11     0      1  0.109375
## 12     0      1  0.196875
## 13     1      1  0.454375
## 14     1      1  0.524375
## 15     1      1  0.396875
## 16     1      1  0.484375
```

```
with(data.frame(dadosi), interaction.plot(factor(dadosi[,1]),factor(dadosi[,2]),respi,main="Gráfico de .
```

Gráfico de interação ajustado



```
par(mfrow=c(1,2))
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(x),factor(y),resp,main="Gráfico de interação"))
with(data.frame(dadosi), interaction.plot(factor(dadosi[,1]),factor(dadosi[,2]),respi,main="Gráfico de .
```

Gráfico de interação

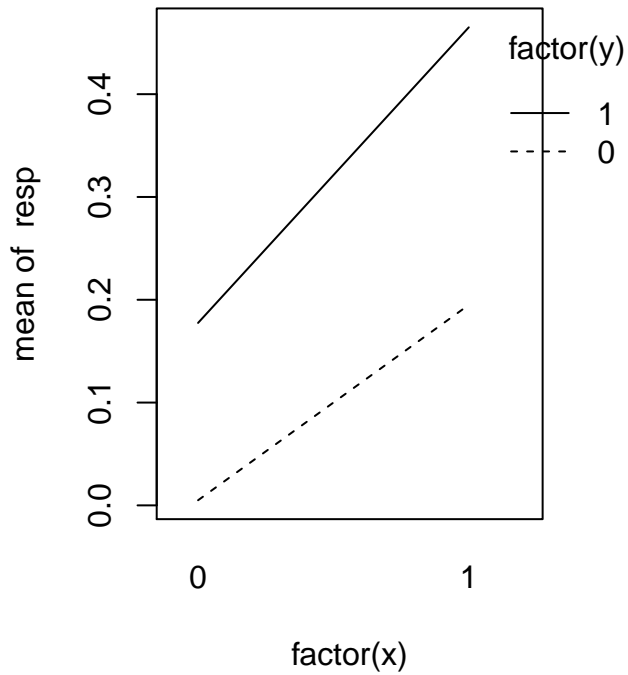
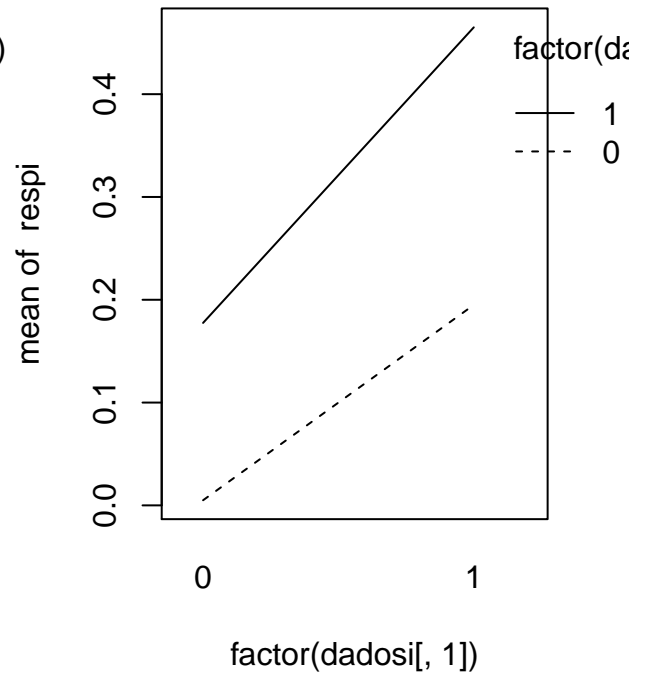


Gráfico de interação ajustado



```
plot(resp,respi)
cbind(resp,respi)
```

```
##      resp
## 1  0.02 -0.005625
## 2 -0.01  0.064375
## 3 -0.03 -0.063125
## 4  0.04  0.024375
## 5  0.15  0.184375
## 6  0.27  0.254375
## 7  0.14  0.126875
## 8  0.22  0.214375
## 9  0.18  0.166875
## 10 0.24  0.236875
## 11 0.11  0.109375
## 12 0.18  0.196875
## 13 0.45  0.454375
## 14 0.58  0.524375
## 15 0.35  0.396875
## 16 0.48  0.484375
```

```
tapply(resp,trat,mean)
```

```
##      1      2      3      4
## 0.0050 0.1950 0.1775 0.4650
```

```
tapply(respi, trat, mean)
```

```
##      1      2      3      4  
## 0.0050 0.1950 0.1775 0.4650
```

