Untitled

Mauricio Vancine

3/12/2021

Modelos lineares

Teste T (de Student) para duas amostras independentes

Backgorund da análise

Uma das perguntas mais comum em estatística é saber se há diferença entre as médias de dois grupos ou tratamentos. Para responder esta pergunta, William Sealy Gosset, químico da cervejaria Guinness, em 1908 desenvolveu o Teste T que é uma estátistica que segue uma distribuição t de Student para rejeitar ou não uma hipótese nula de médias iguais entre os grupos.

$$t = \frac{(\bar{X}_1 - \bar{X}_2)}{\sqrt{\frac{2S_p^2}{n}}}$$

Onde:

- $\bar{X}1$ - $\bar{X}2$ = diferença entre as médias das duas amostras,
- S2p = desvio padrão das amostras,
- n = tamanho das amostras.

Premissas do Teste t :

- As amostras devem ser independentes;
- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- Distribuição normal (gaussiana) dos resíduos. **Observação:** Zar (2010, p. 136) indica que o Test T é robusto mesmo com moderada violação da normalidade, principalmente se o tamanho amostral for alto.
- Homogeneidade da variância. **Observação.** Caso as variâncias não sejam homogêneas, isso deve ser informado na linha de comando, pois o denominador da fórmula acima será corrigido.

Avaliação das premissas: Uma das maneiras de avaliarmos as premissas de normalidade e homogeneidade da variância relacionadas as análises do teste T, Anova e regressões simples e múltiplas é o uso da inspeção gráfica da distribuição dos resíduos (Figura 1). A homegeneidade da variância utiliza um gráfico dos resíduos pelos valores preditos (Figura 1A). A distribuição dos resíduos será homogênea se não observarmos nenhum padrão na distribuição dos pontos (i.e. forma em V, U ou funil). A normalidade dos resíduos utiliza um gráfico de quantis-quantis (QQ-plots). A distribuição dos resíduos será normal se os pontos estiverem próximos a reta (Figure 1B).

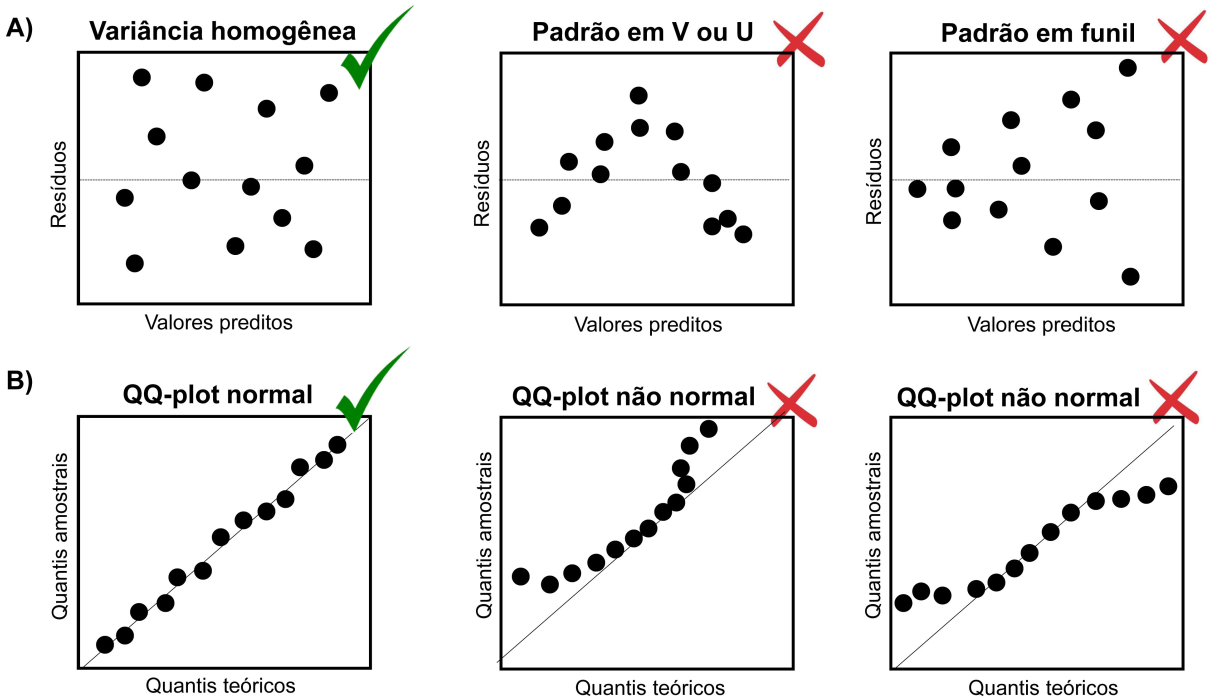


Figure 1: Figura 1. Inspeção gráfica da homegeneidade da variância (A) e normalidade (B) dos resíduos. Símbolo verde indica que os gráficos que os resíduos apresentam distribuição homegênea e normal enquanto símbolos vermelhos indicam que os gráficos que os resíduos violam as premissas do teste

Exemplo prático 1 - Teste T para duas amostras com variâncias iguais

Explicação dos dados Neste exemplo avaliaremos o comprimento rostro-cloacal (CRC em milímetros) de machos de *Physalaemus natteri* (Anura:Leptodactylidae) amostrados em diferentes estações do ano com armadilhas de interceptação e queda na região noroeste do estado de São Paulo (da Silva & Rossa-Feres 2010).

Pergunta:

O CRC dos machos de *P. nattereri* é maior na estação chuvosa do que na estação seca?

Predições

O CRC dos machos será maior na estação chuvosa porque há uma vantagem seletiva para os indivíduos maiores durante a atividade reprodutiva.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com os indivíduos (unidade amostral) nas linhas e CRC (mm - variável resposta contínua) e estação (variável preditora categórica) como colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

Análise

Calculo do Teste T para duas amostras independentes com variâncias iguais

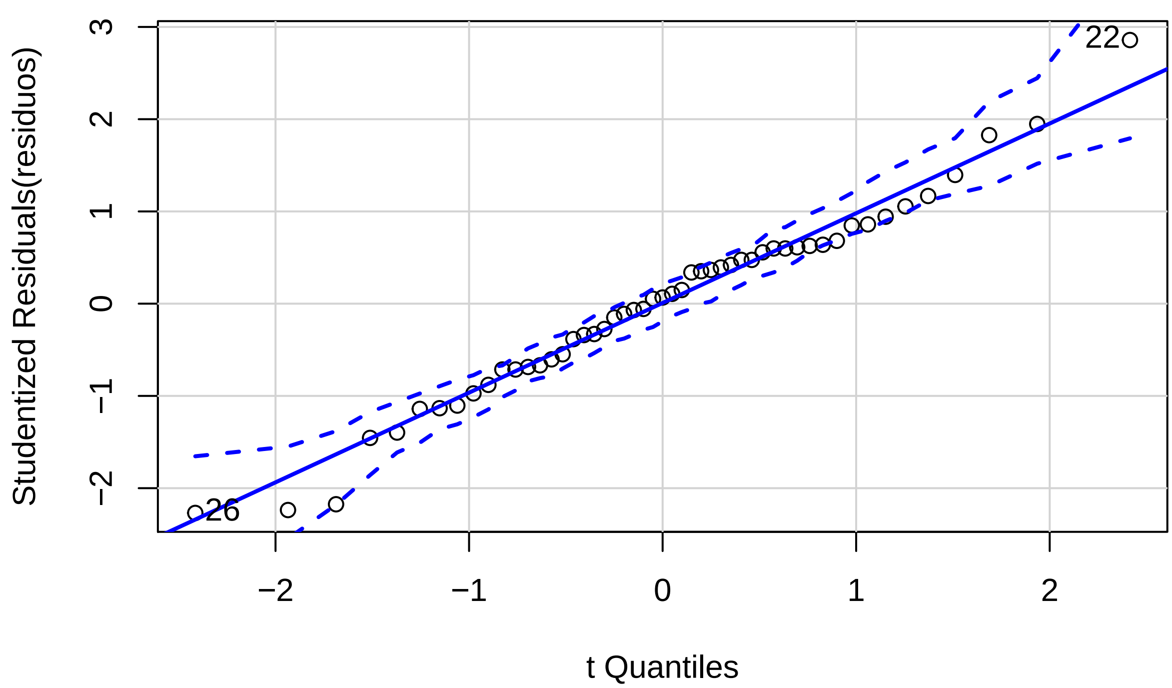
```
## IMPORTANDO OS DADOS
#************************
library(ecodados)
CRC_PN_macho <- teste_t_var_igual
# verificar se o dataframe foi lido corretamente e se não há erros
head(CRC_PN_macho) # mostra as seis primeiras linhas da planilha
```

```
##    CRC Estacao
## 1 3.82 Chuvosa
## 2 3.57 Chuvosa
## 3 3.67 Chuvosa
## 4 3.72 Chuvosa
## 5 3.75 Chuvosa
## 6 3.83 Chuvosa
```

```
# TESTE NORMALIDADE
#************************
## Verificando normalidade usando QQ-plot
residuos <- lm(CRC ~ Estacao, data = CRC_PN_macho)
library("car")
```

```
## Loading required package: carData
```

```
qqPlot(residuos)
```



```
## [1] 22 26
```

```r
## Outra possibilidade é usar o teste de Shapiro-Wilk para verificar normalidade
## Hipótese nula que a distribuição é normal
## valor de p < 0.05 significa que os dados não apresentam distribuição normal
## valor de p > 0.05 significa que os dados apresentam distribuição normal
shapiro.test (CRC_PN_macho$CRC)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  CRC_PN_macho$CRC
## W = 0.95559, p-value = 0.05417
```

```r
# TESTE DE HOMOGENEIDADE DA VARIÂNCIA
#***************************************
## Hipótese nula que a variância é homogênea
## valor de p < 0.05 significa que os dados não apresentam homogeneidade
## valor de p > 0.05 significa que os dados apresentam homogeneidade
library(car)
leveneTest(CRC ~ Estacao, data = CRC_PN_macho)
```

```
## Warning in leveneTest.default(y = y, group = group, ...): group coerced to
## factor.
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##       Df F value Pr(>F)
## group  1  1.1677 0.2852
##       49
```

Percebam que a distribuição dos resíduos foi normal e homogênea tanto na inspeção gráfica como nos testes de Shapiro e Levene respectivamente. Agora, podemos realizar a análise sabendo que os dados seguem as premissas requeridas pelo test T.

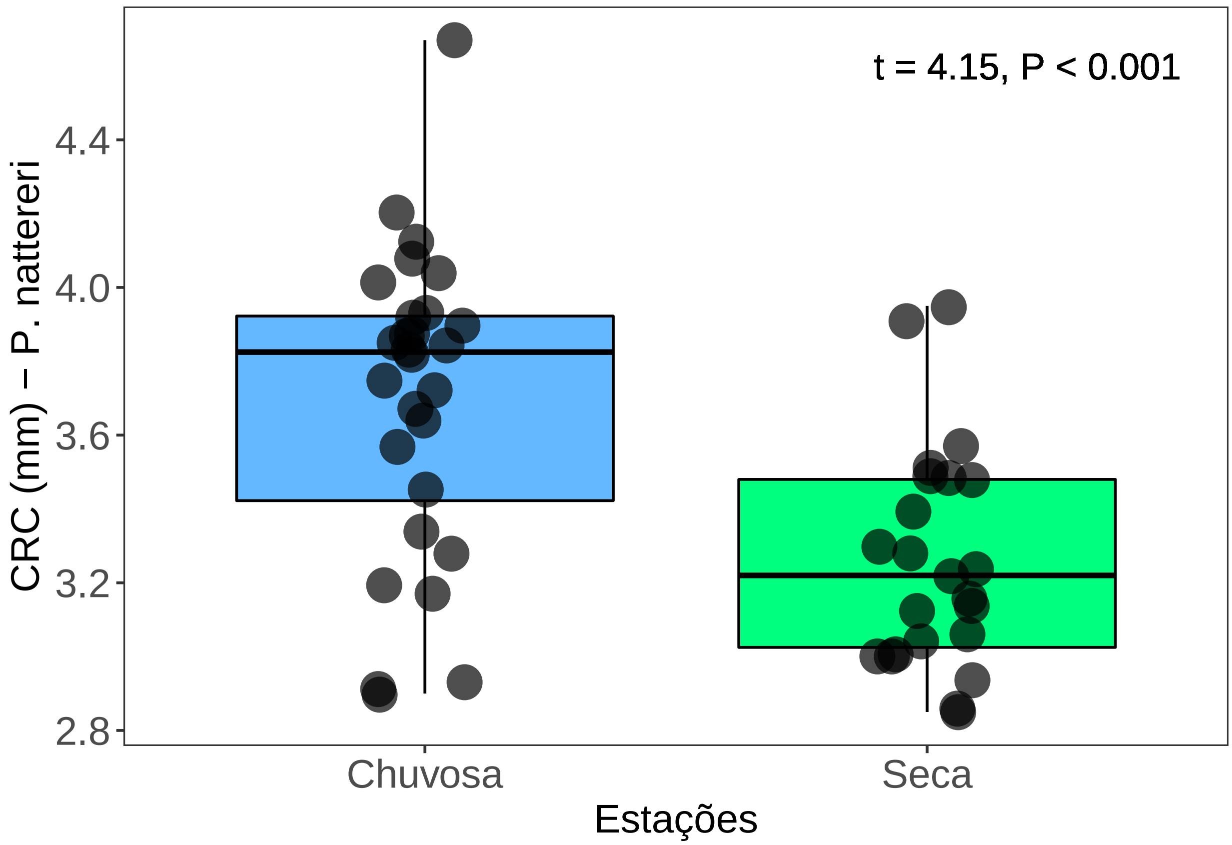
```r
# TESTE T AMOSTRAS INDEPENDENTES E VARIÂNCIAS IGUAIS
#*****************************************************888
t.test(CRC ~ Estacao, data = CRC_PN_macho, var.equal = TRUE)
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  CRC by Estacao
## t = 4.1524, df = 49, p-value = 0.000131
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.2242132 0.6447619
## sample estimates:
## mean in group Chuvosa    mean in group Seca
##              3.695357              3.260870
```

Visualizar os resultados em gráfico

```r
library(ggplot2)
ggplot(data = CRC_PN_macho, aes(x= Estacao, y= CRC, color = Estacao)) +
  labs(x = "Estações", y = "CRC (mm) - P. nattereri", size = 15) +
  geom_boxplot(fill=c("steelblue1", "springgreen1"), color="black", outlier.shape = NA) +
  geom_jitter(shape = 16, position=position_jitter(0.1), cex = 6, alpha = 0.7) +
  scale_color_manual(values = c("black", "black")) +
```

```
geom_text(x = 2.2, y = 4.6, label = "t = 4.15, P < 0.001", color = "black", size = 5) +
theme_bw() +
theme(axis.text.y = element_text(size = 15), axis.text.x = element_text(size = 15)) +
theme(axis.title.y = element_text(size = 15), axis.title.x = element_text(size = 15)) +
theme(panel.grid.major = element_blank(), panel.grid.minor = element_blank()) +
theme(legend.position = "none")
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, rejeitamos a hipótese nula que as médias do CRC dos machos entre as estações seca e chuvosa são iguais (t = 4,15, P < 0,001). Os resultados mostram que os machos de *P. nattereri* coletados na estação chuvosa foram em média 0,43mm maiores do que os coletados na estação seca.

Exemplo prático 2 - Teste T para duas amostras independentes com variâncias diferentes

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos o comprimento rostro-cloacal (CRC - milímetros) de fêmeas de *Leptodactylus podicipinus* amostradas em diferentes estações do ano com armadilhas de interceptação e queda na região noroeste do estado de São Paulo (da Silva & Rossa-Feres 2010). **Observação:** Os dados foram alterados em relação a publicação original para se enquadrarem no exemplo de amostras com variâncias diferentes.

Pergunta:

O CRC das fêmeas de *L. podicipinus* é maior na estação chuvosa do que na estação seca?

Predições

O CRC das fêmeas será maior na estação chuvosa porque há uma vantangem seletiva para os indivíduos maiores durante a atividade reprodutiva.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com os indivíduos (unidade amostral) nas linhas e CRC (mm - variável resposta contínua) e estação (variável preditora categórica) como colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

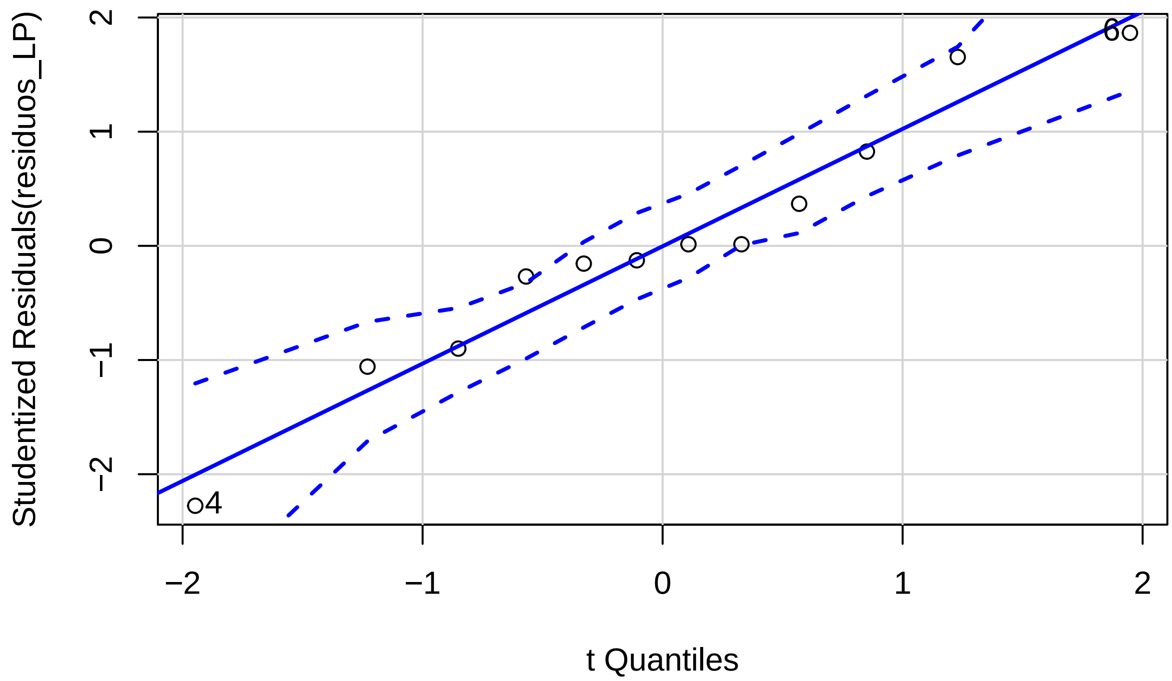
Análise

Calculo do Teste T para duas amostras com variâncias diferentes

```
## IMPORTANDO OS DADOS
#************************
CRC_LP_femea <- read.csv("teste_t_var_diferente.csv", header = T, sep = ";")
head(CRC_LP_femea) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
##    CRC Estacao
## 1 2.72 Chuvosa
## 2 2.10 Chuvosa
## 3 3.42 Chuvosa
## 4 1.50 Chuvosa
## 5 3.90 Chuvosa
## 6 4.00 Chuvosa
```

```
# TESTE NORMALIDADE
#***********************
## Verificando normalidade usando QQ-plot
## Os pontos não podem fugir da reta criando formas como U
residuos_LP <- lm(CRC ~ Estacao, data = CRC_LP_femea)
library("car")
qqPlot(residuos_LP)
```




```
## [1] 4 6
```

```
## Outra possibilidade é usar o teste de Shapiro-Wilk para verificar normalidade
## Hipótese nula que a distribuição é normal
## valor de p < 0.05 significa que os dados não apresentam distribuição normal
## valor de p > 0.05 significa que os dados apresentam distribuição normal
shapiro.test (CRC_LP_femea$CRC)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  CRC_LP_femea$CRC
## W = 0.88195, p-value = 0.09284
```

```
# TESTE DE HOMOGENEIDADE DA VARIÂNCIA
#****************************************
## Hipótese nula que a variância é homogênea
## valor de p < 0.05 significa que os dados não apresentam homogeneidade
## valor de p > 0.05 significa que os dados apresentam homogeneidade
library(car)
leveneTest(CRC ~ Estacao, data = CRC_LP_femea)
```

```
## Warning in leveneTest.default(y = y, group = group, ...): group coerced to
## factor.
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##       Df F value  Pr(>F)
## group  1  9.8527 0.01053 *
```

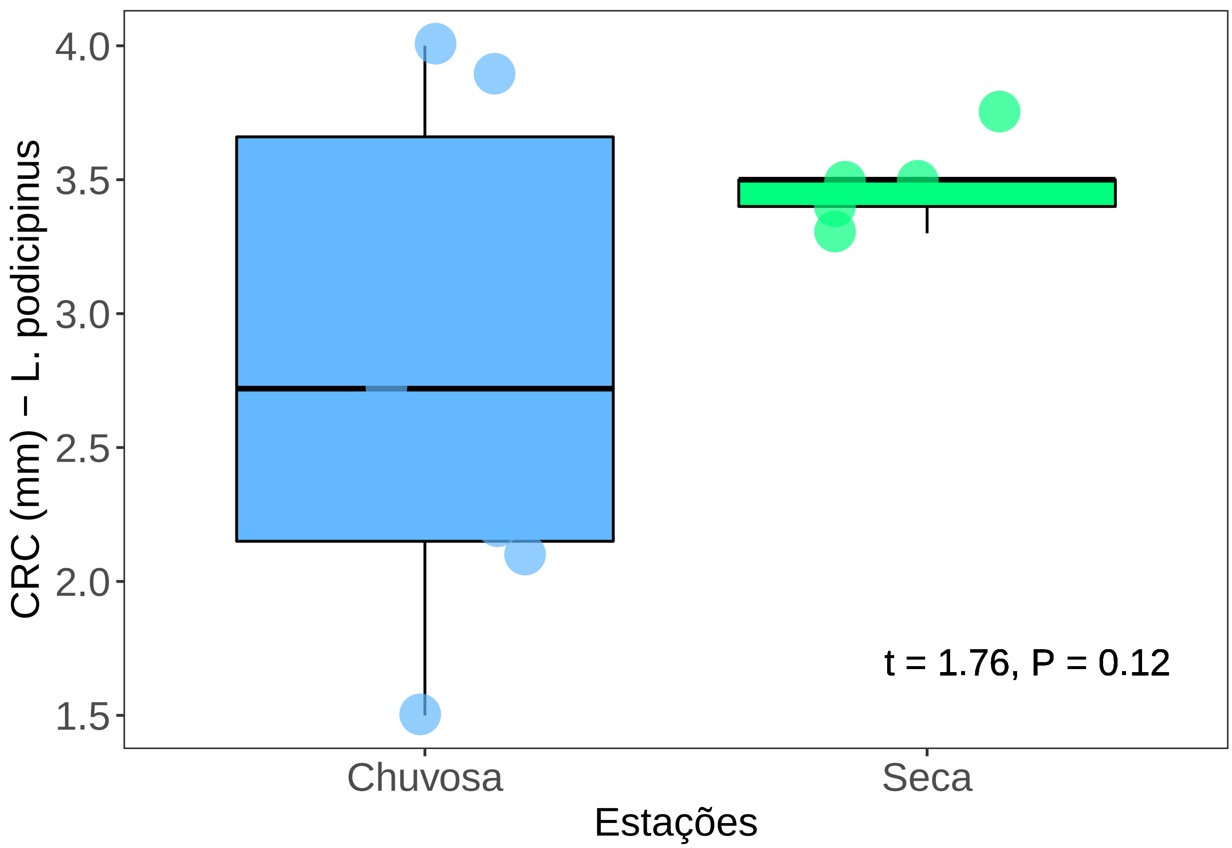
```
##        10
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# TESTE T COM AMOSTRAS INDEPENDENTES E VARIÂNCIS DIFERENTES
#************************************************************
## Com base no teste de Levene, avise na linha de comando que as variâncias
## não são iguais (var.equal = FALSE).
t.test(CRC ~ Estacao, data = CRC_LP_femea, var.equal = FALSE)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  CRC by Estacao
## t = -1.7633, df = 6.4998, p-value = 0.1245
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -1.5489301  0.2375016
## sample estimates:
## mean in group Chuvosa    mean in group Seca
##              2.834286              3.490000
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
library(ggplot2)
ggplot(data = CRC_LP_femea, aes(x= Estacao, y= CRC, color = Estacao)) +
  labs(x = "Estações", y = "CRC (mm) - L. podicipinus", size = 15) +
  geom_boxplot(fill=c("steelblue1", "springgreen1"), color="black", outlier.shape = NA) +
  geom_jitter(shape = 16, position=position_jitter(0.2), cex = 7, alpha = 0.7) +
  scale_color_manual(values = c("steelblue1", "springgreen1")) +
  geom_text(x = 2.2, y = 1.7, label = "t = 1.76, P = 0.12", color = "black", size = 5) +
  theme_bw() +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 15), axis.text.x = element_text(size = 15)) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 15), axis.title.x = element_text(size = 15)) +
  theme(panel.grid.major = element_blank(), panel.grid.minor = element_blank()) +
  theme(legend.position = "none")
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, não rejeitamos a hipótese nula e consideramos que as médias do CRC das fêmeas entre as estações seca e chuvosa são iguais (t = 1,76, P = 0,12). Os resultados mostram que as fêmeas de *L. podicipinus* coletadas na estação chuvosa não são maiores do que as fêmeas coletadas na estação seca.

Teste T para amostras pareadas

Backgorund da análise

O Teste T Pareado é uma estatística que usa dados medidos duas vezes na mesma unidade amostral, resultando em pares de observações para cada amostra (amostras pareadas). Ele determina se a diferença da média entre duas observações é zero.

$$t = \frac{\bar{d}}{S_{\bar{d}}}$$

Onde:

- $\bar{d}$ = média da diferença das medidas pareadas. Observe que o teste não usa as medidas originais, e sim, a diferença para cada par,
- S$\bar{d}$ = erro padrão da diferença das medidas pareadas.

Premissas do Teste t para amostras pareadas:

- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- Distribuição normal (gaussiana) dos valores da diferença para cada par;

Exemplo prático 1 - Teste T para amostras pareadas

Explicação dos dados Neste exemplo avaliaremos a diferença na riqueza de espécies de artrópodes registradas em 27 localidades. Todas as localidades foram amostradas duas vezes. A primeira amostragem foi realizada com na localidade antes da pertubação e a segunda amostragem foi realizada após a localidade ter sofrido uma queimada.

Pergunta:

A riqueza de espécies de artrópodes é prejudicada pelas queimadas?

Predições

A riqueza de espécies de artrópodes será maior antes da queimada devido a extinção local das espécies.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as localidades nas linhas e riqueza de espécies (variável preditora contínua) e estado (Pre-queimada ou Pós-queimada - variável categórica) da localidade nas colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

Análise

Calculo do Teste T com amostras pareadas

```
## IMPORTANDO OS DADOS
#*************************
Pareado <- read.csv("teste_t_pareado.csv", header = T, sep = ";")
head(Pareado) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
##   Areas Riqueza       Estado
## 1     1      92 Pre-Queimada
## 2     2      74 Pre-Queimada
## 3     3      96 Pre-Queimada
## 4     4      89 Pre-Queimada
## 5     5      76 Pre-Queimada
## 6     6      80 Pre-Queimada
```

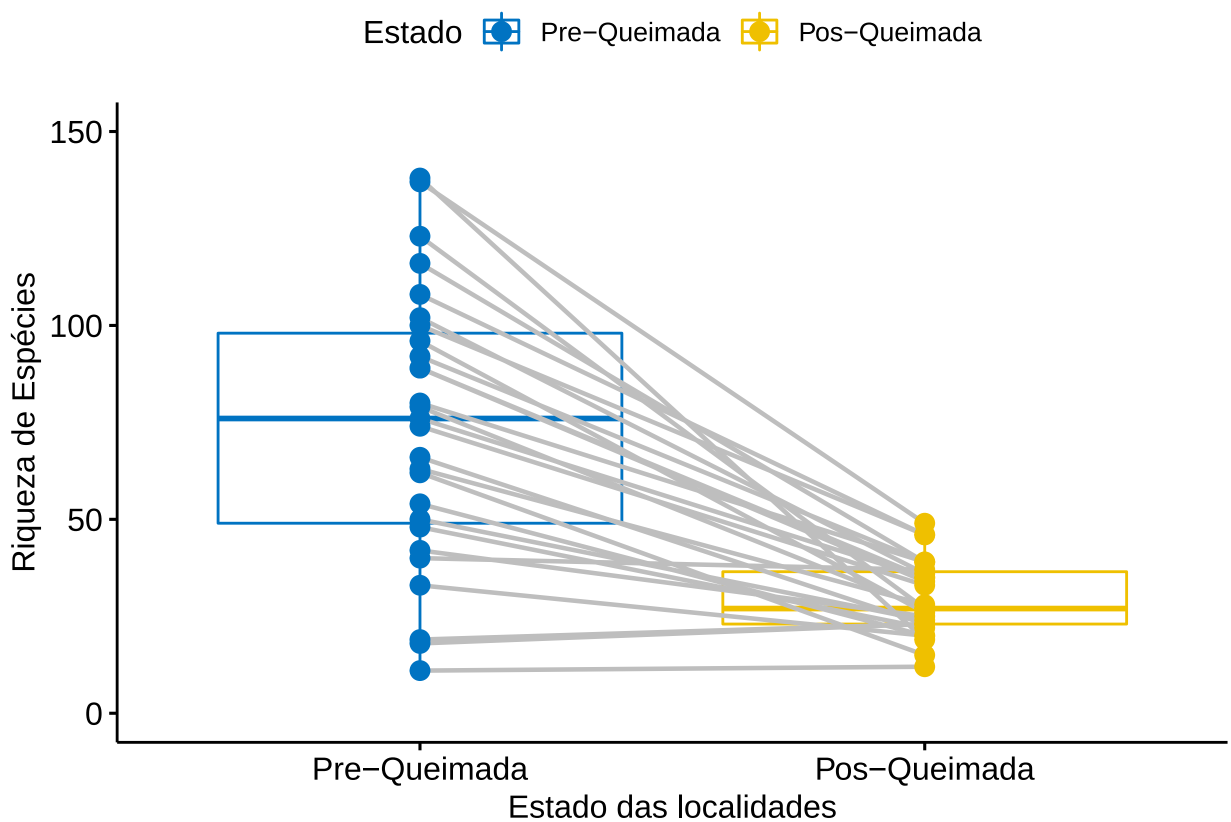
```
# TESTE T PAREADO
#*****************
# O uso do [] é para selecionar dentro do vetor/coluna *Riqueza* os 27 primeiros números [1:27] que rep
t.test(Pareado$Riqueza[1:27], Pareado$Riqueza[28:54], paired = TRUE)
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data:  Pareado$Riqueza[1:27] and Pareado$Riqueza[28:54]
## t = 7.5788, df = 26, p-value = 4.803e-08
```

```
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  32.47117 56.63994
## sample estimates:
## mean of the differences
##                44.55556
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
library("ggpubr")
ggpaired(Pareado, x = "Estado", y = "Riqueza",
         color = "Estado", line.color = "gray", line.size = 0.8, palette = "jco", width = 0.8,
         point.size = 3, xlab = "Estado das localidades", ylab = "Riqueza de Espécies") +
  expand_limits(y=c(0,150))
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, rejeitamos a hipótese nula que a riqueza de espécies de artrópodes é igual antes e depois da queimada (t = 7,57, P < 0,001). Os resultados mostram que as localidades após as queimadas apresentam em média 44,5 espécies de artrópodes a menos do que antes das queimadas.

Correlação de Pearson

Backgorund da análise

É um teste que mede a força relativa da relação linear entre duas variáveis contínuas (X e Y). Importante ressaltar que a análise de correlação não assume que a variável X influêncie a variável Y ou que exista uma relação de causa e efeito entre elas (Zar 2016). A análise é definida em termos da variância de X, a variância de Y, e a covariância de X e Y (i.e. como elas variam juntas).

$$r = \frac{\sum XY - \frac{\sum X \sum Y}{n}}{\sqrt{\left(\sum X^2 - \frac{\sum X^2}{n}\right)\left(\sum Y^2 - \frac{\sum Y^2}{n}\right)}}$$

Onde:

- r = coeficiente de correlação que indica a força da relação entre as duas variáveis. Seu range de valores está entre -1 $\leq$ r $\geq$ 1. A correlação positiva indica que o aumento no valor de uma das variáveis é acompanhado pelo aumento no valor da outra variável. A correlação negativa indica que um aumento no valor de uma das variáveis é acompanhado pela diminuição no valor da outra variável. Se r é igual a zero, não existe correlação entre as variáveis (Figura 2).

Premissas da Correlação de Person:

- As amostras devem ser independentes e pareadas (i.e. as duas variáveis devem ser medidas na mesma unidade amostral);
- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- A relação entre as variáveis tem que ser linear.

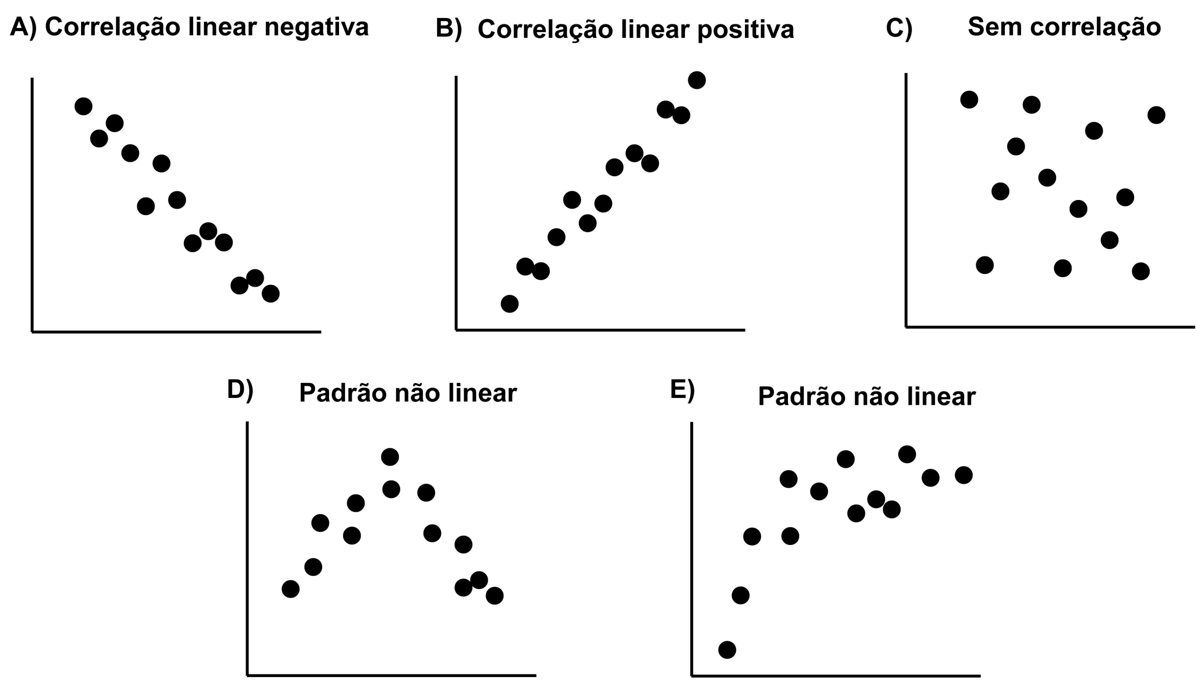


Figure 2: Figura 2. Exemplo de correlações negativa (A), positiva (B) e nula (C) e variáveis que não apresentam relações lineares entre elas (C-D)

Exemplo prático 1 - Correlação de Pearson

Explicação dos dados Neste exemplo avaliaremos a correlação entre a altura do tronco e o tamanho da raiz medidos em 35 indivíduos de uma espécie vegetal arbustiva.

Pergunta:

> Existe correlação entre a altura do tronco e o tamanho da raiz dos arbustos?

Predições

> A altura do tronco é positivamente correlacionado com o tamanho da raiz.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com os indivíduos (unidade amostral) nas linhas e altura do tronco e tamanho da raiz (duas variáveis tem que ser contínuas) como colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

Análise

Calculo do Teste de Correlação de Pearson

```
## IMPORTANDO OS DADOS
#************************
correlacao_arbustos <- read.csv("Correlacao.csv", header = T, sep = ";")
head(correlacao_arbustos) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
##   Tamanho_raiz Tamanho_tronco
## 1    10.177049       19.54383
## 2     6.622634       17.13558
## 3     7.773629       19.50681
## 4    11.055257       21.57085
## 5     4.487274       13.22763
## 6    11.190216       21.62902
```

```
# Teste de Correlação de Pearson
#********************************
# Para outros testes de correlação como Kendall ou Spearman é só alterar na linha de comando a opção *m
cor.test(correlacao_arbustos$Tamanho_raiz, correlacao_arbustos$Tamanho_tronco, method = "pearson")
```

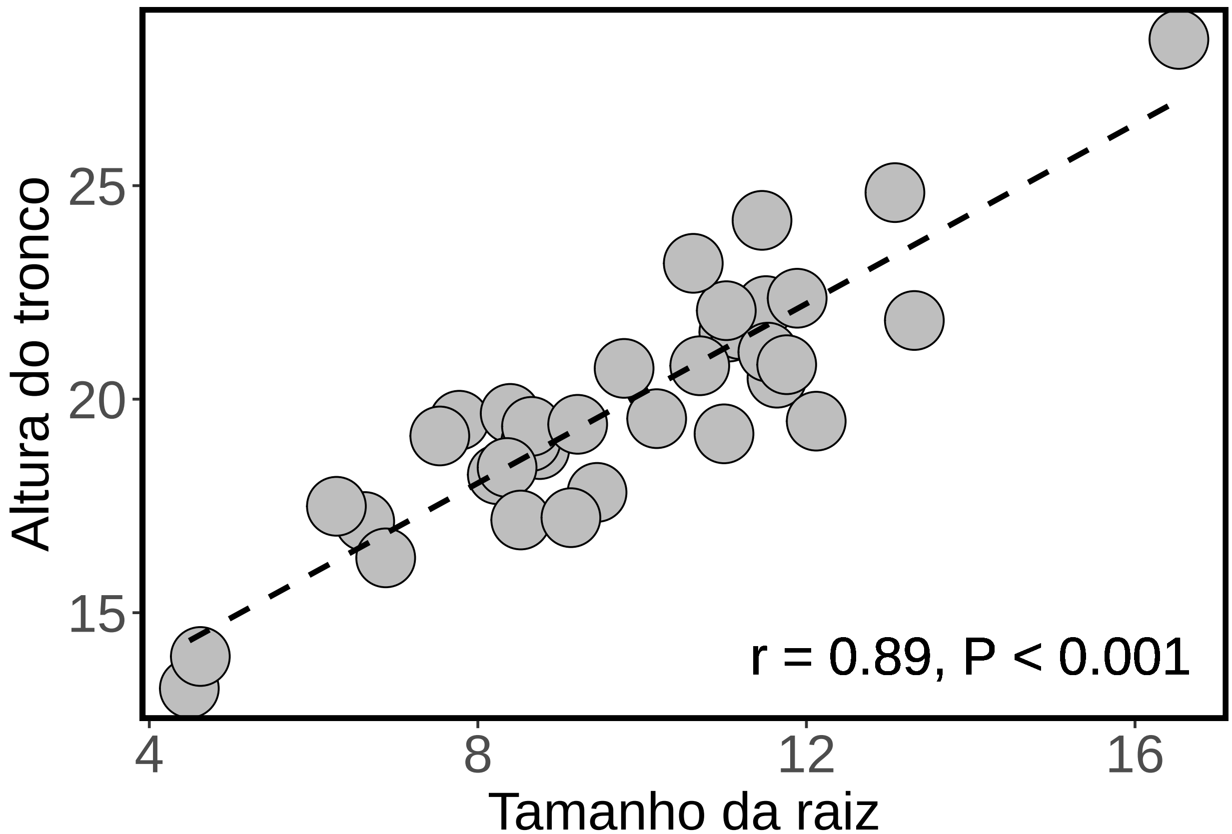
```
##
##  Pearson's product-moment correlation
##
## data:  correlacao_arbustos$Tamanho_raiz and correlacao_arbustos$Tamanho_tronco
## t = 11.49, df = 33, p-value = 4.474e-13
## alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.7995083 0.9457816
## sample estimates:
##       cor
## 0.8944449
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
library(ggplot2)
ggplot(data = correlacao_arbustos, aes(x= Tamanho_raiz, y= Tamanho_tronco)) +
  labs(x = "Tamanho da raiz", y = "Altura do tronco", size = 20) +
```

```r
  geom_point(size = 10, shape = 21, fill = "gray") +
  geom_text(x = 14, y = 14, label = "r = 0.89, P < 0.001", color = "black", size = 7) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 20), axis.title.x = element_text(size = 20)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 20), axis.text.x = element_text(size = 20)) +
  theme(panel.grid.major = element_blank(), panel.grid.minor = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2)) +
  geom_smooth(method = lm, se = FALSE, color = "black", linetype="dashed")
```

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



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, rejeitamos a hipótese nula que as variáveis não são correlacionadas (r = 0.89, P < 0,001). Os resultados mostram que o aumento na altura dos arbutos é acompanhado pelo aumento no tamanho da raiz.

Regressão Simples

Backgorund da análise

A regressão simples é usada para analisar a relação entre uma variável preditora (plotada no eixo-X) e uma variável resposta (plotada no eixo-Y). As duas variáveis devem ser contínuas. Diferente das correlações, a regressão assume uma relação de causa e efeito entre as variáveis. O valor da variável preditora (X) causa, direta ou indiretamente, o valor da variável resposta (Y). Assim, Y é uma função linear de X:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_i + \epsilon_i$$

Onde:

- β_0 = intercepto que representa o valor da função quando X = 0,
- β_1 = inclinação (*slope*) que mede a mudança na variável Y para cada mudança de unidade da variável X.
- ϵ_1 = erro aleatório referente a variável Y que não pode ser explicado pela variável X.

Premissas da Regressão Simples:

- As amostras devem ser independentes;
- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- Distribuição normal (gaussiana) dos resíduos;
- Homogeneidade da variância.

Exemplo prático 1 - Regressão simples

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos a relação entre o gradiente de temperatura média anual (°C) e o tamanho médio do comprimento rostro-cloacal (CRC em mm) de populações de *Dendropsophus minutus* (Anura:Hylidae) amostradas em 109 localidades no Brasil (Boaratti & da Silva 2015).

Pergunta:

Há relação entre o tamanho do CRC das populações e a temperatura das localidades onde os indivíduos ocorrem?

Predições

O CRC das populações serão menores em localidades mais quentes do que em localidades mais frias de acordo com a Hipótese do balanço de calor.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as populações (unidade amostral) nas linhas e CRC médio (mm) e temperatura média anual como colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

Análise

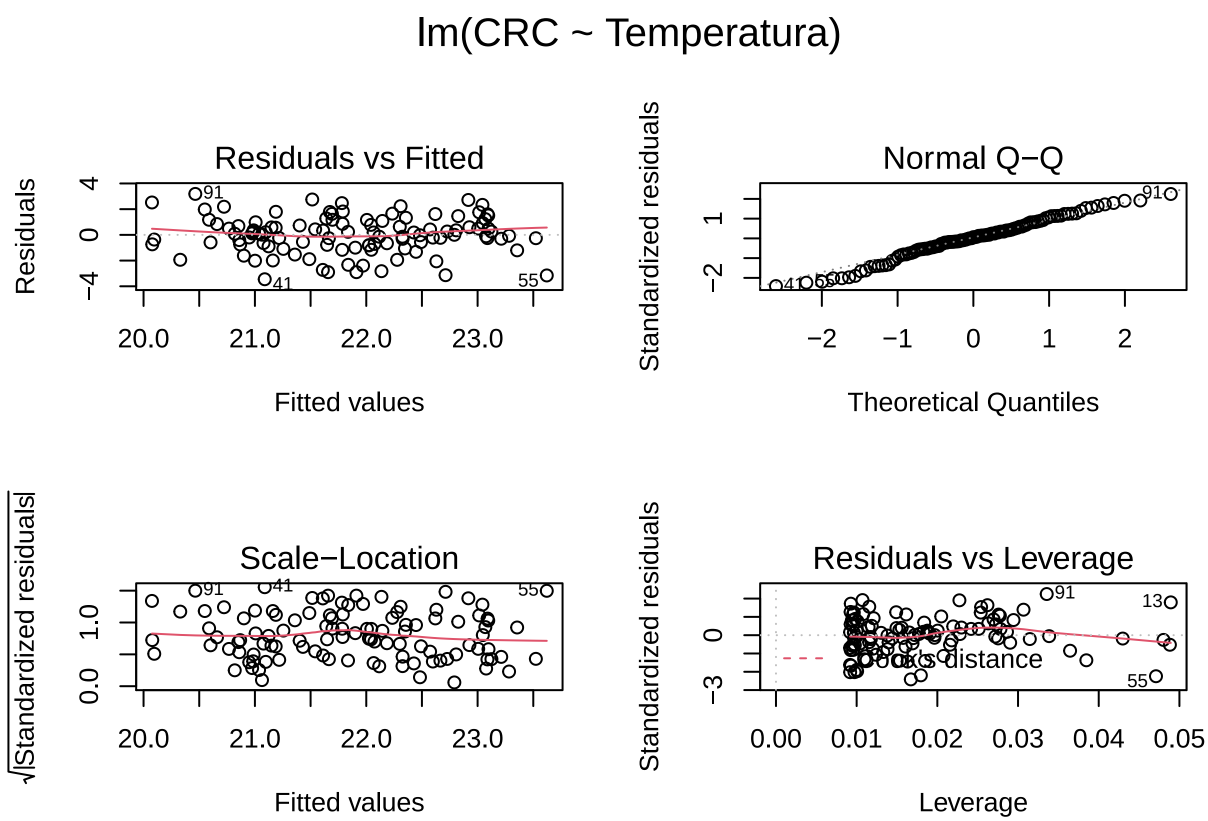
Calculo da regressão simples

```
## IMPORTANDO DADOS
#*******************
dados_regressao <- read.csv("regressoes.csv", header = T, sep = ";")
head(dados_regressao) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
##      Municipio      CRC Temperatura Precipitacao
## 1     Acorizal 22.98816    24.13000       1228.2
## 2  Alpinopolis 22.91788    20.09417       1487.6
```

```
## 3 Alto_Paraiso 21.97629    21.86167       1812.4
## 4     Americana 23.32453    20.28333       1266.2
## 5       Apiacas 22.83651    25.47333       2154.0
## 6  Arianopolis 20.86989    20.12167       1269.2
```

```
# ANALISE DA REGRESSÃO
#*************************
modelo_regressao <- lm(CRC ~ Temperatura, data = dados_regressao)

# PRIMEIRO VAMOS VERIFICAR A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#*******************************************************************
# Os gráficos *Residuals vs Fitted*, *Scale-Location*, e *Residual vs Leverage* estão relacionados com
# O gráfico *Normal Q-Q* está relacionado com a distribuição normal dos resíduos. Neste gráfico, espera
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(modelo_regressao)
```




```
dev.off()
```

```
## null device
##           1
```

```
# VERIFICANDO OS RESULTADOS DA REGRESSÃO
#*****************************************
anova(modelo_regressao)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: CRC
```

```
##              Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Temperatura   1  80.931  80.931   38.92 9.011e-09 ***
## Residuals   107 222.500   2.079
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

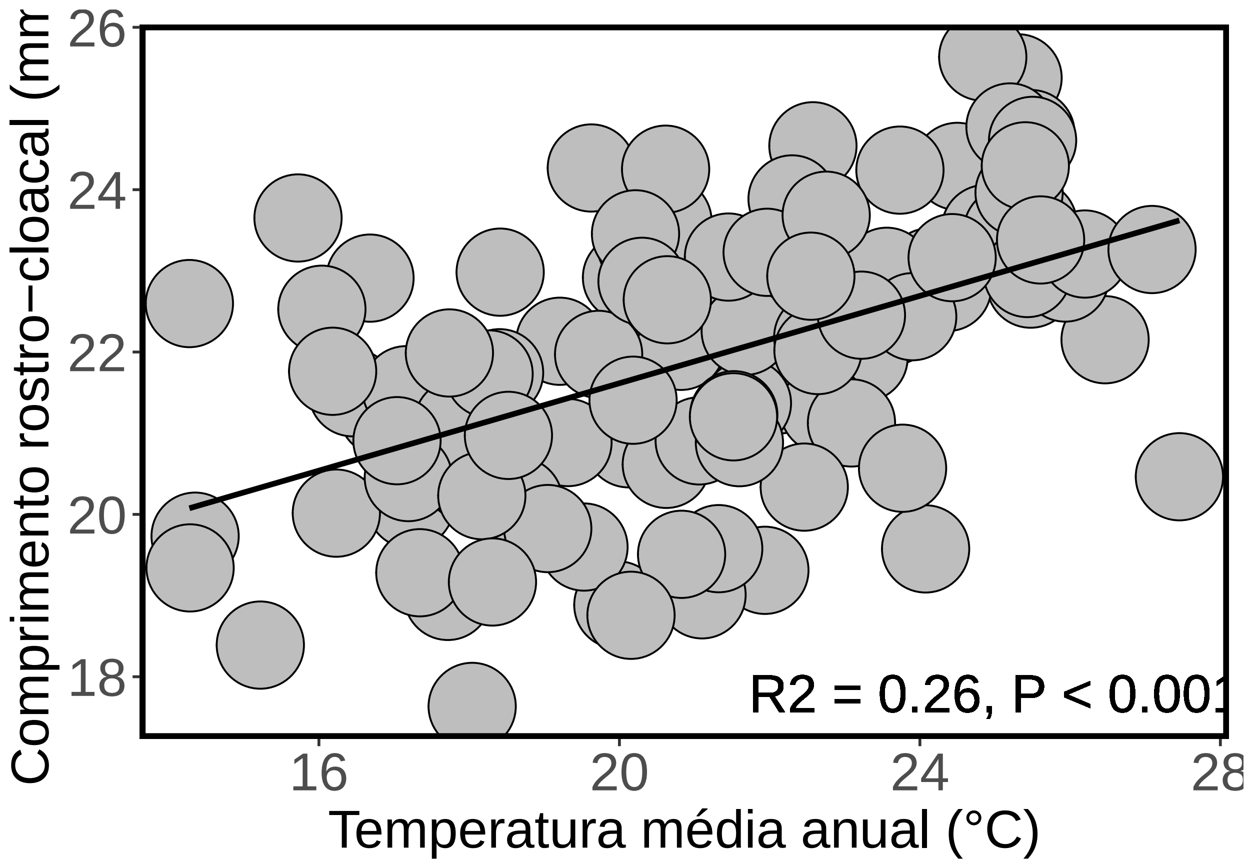
```
# ou
# esta função apresenta os resultados mais detalhados com a estimativa do intercepto, inclinação da ret
summary(modelo_regressao)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = CRC ~ Temperatura, data = dados_regressao)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.4535 -0.7784  0.0888  0.9168  3.1868
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 16.23467    0.91368  17.768  < 2e-16 ***
## Temperatura  0.26905    0.04313   6.239 9.01e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.442 on 107 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.2667, Adjusted R-squared:  0.2599
## F-statistic: 38.92 on 1 and 107 DF,  p-value: 9.011e-09
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
library(ggplot2)
ggplot(data = dados_regressao, aes(x= Temperatura, y= CRC)) +
  labs(x = "Temperatura média anual (°C)", y = "Comprimento rostro-cloacal (mm)", size = 20) +
  geom_point(size = 15, shape = 21, fill = "gray") +
  geom_text(x = 25, y = 17.8, label = "R2 = 0.26, P < 0.001", color = "black", size = 7) +
  theme_bw() +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 20), axis.title.x = element_text(size = 20)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 20), axis.text.x = element_text(size = 20)) +
  theme(panel.grid.major = element_blank(), panel.grid.minor = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2)) +
  geom_smooth(method = lm, se = FALSE, color = "black")
```

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



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, rejeitamos a hipótese nula que não existe relação entre o tamanho do CRC das populações de *D. minutus* e a temperatura da localidade onde elas ocorrem (F1,107 = 38,92, P < 0,001). Os resultados mostram que o tamanho do CRC das populações tem uma relação positiva com a temperatura das localidades. Assim, populações de *D. minutus* em localidades mais quentes apresentam maior CRC do que as populações em localidades mais frias.

Regressão Múltipla

Backgorund da análise

A regressão múltipla é uma extensão da regressão simples. Ela é usada quando queremos determinar o valor da variável resposta (Y) com base nos valores de duas ou mais variáveis preditoras (X1, X2, X*n*).

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_n X_n + \epsilon_i$$

Onde:

- β_0 = intercepto que representa o valor da função quando X = 0;
- β_n = inclinação (*slope*) que mede a mudança na variável Y para cada mudança de unidade das variáveis Xn;
- ϵ_1 = erro aleatório referente a variável Y que não pode ser explicado pelas variáveis preditoras.

Premissas da Regressão Múltipla:

- As amostras devem ser independentes;
- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- Distribuição normal (gaussiana) dos resíduos;
- Homogeneidade da variância.

Exemplo prático 1 - Regressão múltipla

Explicação dos dados Utilizaremos o mesmo exemplo da regressão simples. Contudo, além do gradiente de temperatura média anual (°C) incluiremos o gradiente de precipitação anual (mm) como outra variável preditora do tamanho médio do comprimento rostro-cloacal (CRC em mm) de populações de *Dendropsophus minutus* (Anura:Hylidae) amostradas em 109 localidades no Brasil (Boaratti & da Silva 2015).

Pergunta:

> O tamanho do CRC das populações de *D. minutus* é influênciado pela temperatura e precipitação das localidades onde os indivíduos ocorrem?

Predições

> O CRC das populações serão menores em localidades com clima quente e chuvoso do que em localidades com clima frio e seco.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as populações (unidade amostral) nas linhas e CRC médio (mm) e temperatura e precipitação como colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditores nas colunas

Análise

Cálculo da regressão múltipla

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_regressao_mul <- read.csv("regressoes.csv", header = T, sep = ";")
head(dados_regressao_mul) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

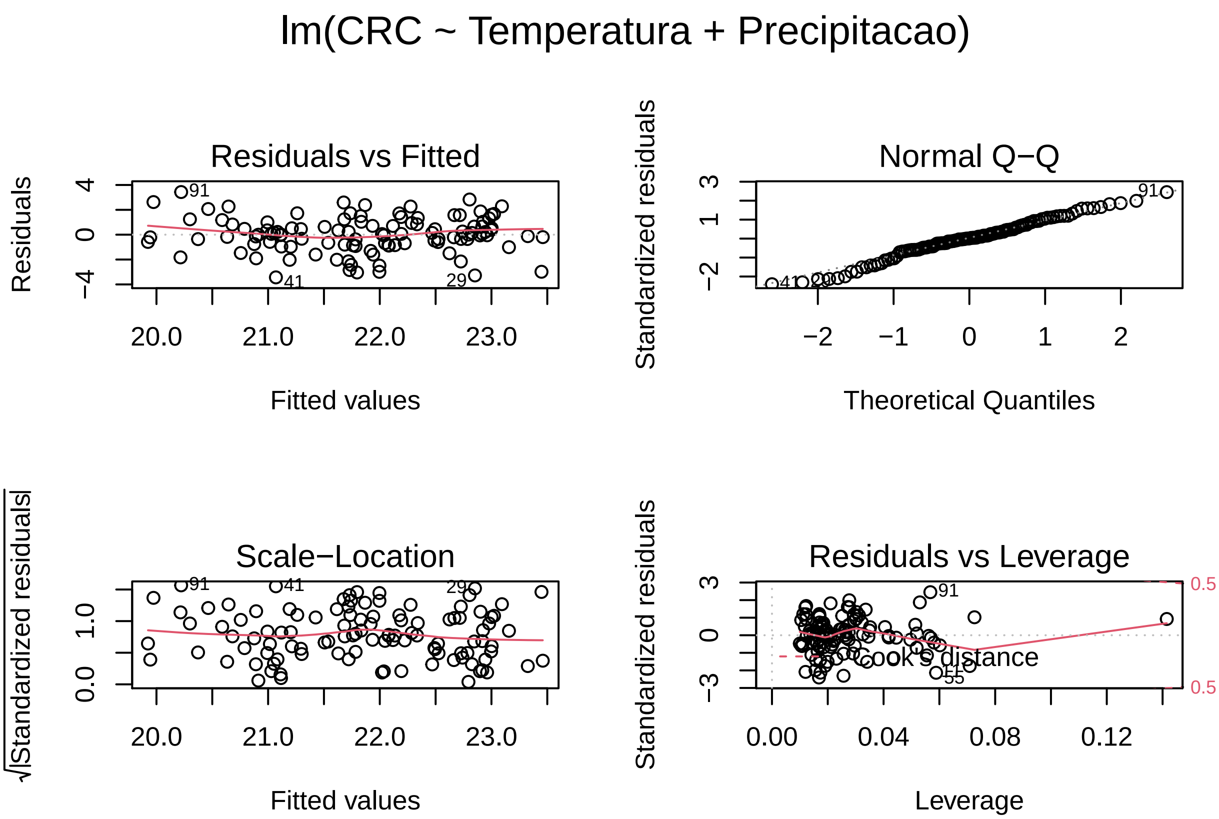
```
##      Municipio      CRC Temperatura Precipitacao
## 1     Acorizal 22.98816    24.13000       1228.2
## 2  Alpinopolis 22.91788    20.09417       1487.6
## 3 Alto_Paraiso 21.97629    21.86167       1812.4
## 4    Americana 23.32453    20.28333       1266.2
## 5      Apiacas 22.83651    25.47333       2154.0
## 6  Arianopolis 20.86989    20.12167       1269.2
```

```
# ANALISE DA REGRESSÃO
#************************
modelo_regressao_mul <- lm(CRC ~ Temperatura + Precipitacao, data = dados_regressao_mul)

# MULTICOLINEARIDADE
#********************
# Multicolinearidade ocorre quando as variáveis preditoras são correlacionadas. Essa correlação é um pr
```

```
library(car)
vif(modelo_regressao_mul)
```

```
##  Temperatura Precipitacao
##     1.041265     1.041265
```

```
# VERIFICANDO A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#*********************************************************************
# Os gráficos *Residuals vs Fitted*, *Scale-Location*, e *Residual vs Leverage* estão relacionados com
# O gráfico *Normal Q-Q* está relacionado com a distribuição normal dos resíduos. Neste gráfico, espera
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(modelo_regressao_mul)
```




```
dev.off()
```

```
## null device
##           1
```

```
# VERIFICANDO OS RESULTADOS DA REGRESSÃO
#****************************************
anova(modelo_regressao_mul)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: CRC
##              Df  Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
## Temperatura   1  80.931  80.931 39.0028 8.94e-09 ***
## Precipitacao  1   2.549   2.549  1.2283   0.2702
```

```
## Residuals    106 219.951   2.075
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# ou
summary(modelo_regressao_mul)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = CRC ~ Temperatura + Precipitacao, data = dados_regressao_mul)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.4351 -0.8026  0.0140  0.9420  3.4300
##
## Coefficients:
##                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  16.7162571  1.0108674  16.537  < 2e-16 ***
## Temperatura   0.2787445  0.0439601   6.341 5.71e-09 ***
## Precipitacao -0.0004270  0.0003852  -1.108     0.27
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.44 on 106 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.2751, Adjusted R-squared:  0.2614
## F-statistic: 20.12 on 2 and 106 DF,  p-value: 3.927e-08
```

Percebam que a temperatura tem uma relação significativa com o tamanho do CRC das populações ($P < 0.001$), enquanto que a precipitação não apresenta relação com o CRC ($P = 0.27$). Neste caso, é interessante saber se um modelo mais simples (e.g. contendo apenas temperatura) explicaria a distribuição tão bem ou melhor do que este modelo mais complexo considerando dois parâmetros (temperatura e precipitação).

Para isso, podemos utilizar a *LIKELIHOOD RATIO TEST (LRT)* para comparar modelos. A LRT compara dois modelos aninhados, testando se os parâmetros do modelo mais complexo diferem significativamente do modelo mais simples.Em outras palavras, ele testa se há necessidade de se incluir um parâmetro extra no modelo para explicar os dados.

```
## CRIANDO OS MODELOS ANINHADOS
#********************************
modelo_regressao_mul <- lm(CRC ~ Temperatura + Precipitacao, data = dados_regressao_mul)
modelo_regressao <- lm(CRC ~ Temperatura, data = dados_regressao_mul)

# LIKELIHHOD RATIO TEST (LRT)
#*******************************
# A hipótese nula é que o modelo mais simples é melhor
# Valores de p < 0.05 rejeita a hipótese nula e o modelo mais complexo é o melhor
# Valores de p > 0.05 não rejeita a hipótese nula e o modelo mais simples é o melhor
library(lmtest)
```

```
## Loading required package: zoo
```

```
##
## Attaching package: 'zoo'
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     as.Date, as.Date.numeric
```

```
lrtest(modelo_regressao_mul, modelo_regressao)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: CRC ~ Temperatura + Precipitacao
## Model 2: CRC ~ Temperatura
##   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   4 -192.93
## 2   3 -193.55 -1 1.2558     0.2624
```

```
# COMPARANDO COM O MODELO SOMENTE COM O INTERCEPTO
#************************************************
# criando um modelo sem parâmetros, só o intercepto
modelo_intercepto <- lm(CRC ~ 1, data = dados_regressao_mul)
lrtest(modelo_regressao, modelo_intercepto)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: CRC ~ Temperatura
## Model 2: CRC ~ 1
##   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   3 -193.55
## 2   2 -210.46 -1 33.815  6.061e-09 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Interpretação dos resultados

Neste exemplo, a precipitação não está associada com a variação no tamanho do CRC das populações de *D. minutus*. Por outro lado, temperatura explicou 26% da variação do tamanho do CRC das populações.

Análises de Variância (ANOVA)

Backgorund da análise

Anova refere-se a uma variedade de delineamentos experimentais nos quais a variável preditora é categórica e a variável resposta é contínua (Gotelli & Ellison 2013). Exemplos desses delineamentos experimentais são: Anova de um fator, Anova de dois fatores, Anova em blocos aleatorizados, Anova de medidas repetidas e Anova *split-splot*. De forma geral, a Anova é um teste estatístico usado para comparar a média entre grupos amostrados independentementes. Para isso, o teste leva em conta, além das médias dos grupos, a variação dos dados dentro e entre os grupos. Neste capítulo, iremos demonstrar as linhas de comandos para alguns dos principais delineamentos experimentais.

Premissas da Anova:

- As amostras devem ser independentes;
- As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente;
- Distribuição normal (gaussiana) dos resíduos;
- Homogeneidade da variância.

ANOVA de um fator

Este teste considera delineamentos experimentais com apenas um fator (ou tratamento) que pode ser composto por três ou mais grupos (ou níveis).

Exemplo prático 1 - Anova de um fator

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos se o adubo X-2020 disponibilizado recentemente no mercado melhora o crescimento dos indivíduos de *Coffea arabica* como divulgado pela empresa responsável pela venda do produto. Para isso, foi realizado um experimento com indivíduos de *C. arabica* cultivados em três grupos: i) grupo controle onde os indivíduos não receberam adubação, ii) grupo onde os indivíduos receberam a adição do adubo tradicional mais utilizado pelos produtores de *C. arabica*, e iii) grupo onde os indivíduos receberam a adição do adubo X-2020.

Pergunta:

O crescimento dos indivíduos de *C. arabica* é melhorado pela adição do adubo X-2020?

Predições

O crescimento dos indivíduos de *C. arabica* será maior no grupo que recebeu o adubo X-2020.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as plantas (unidade amostral) nas linhas e o tratamento na coluna.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variável preditora na coluna.

Análise

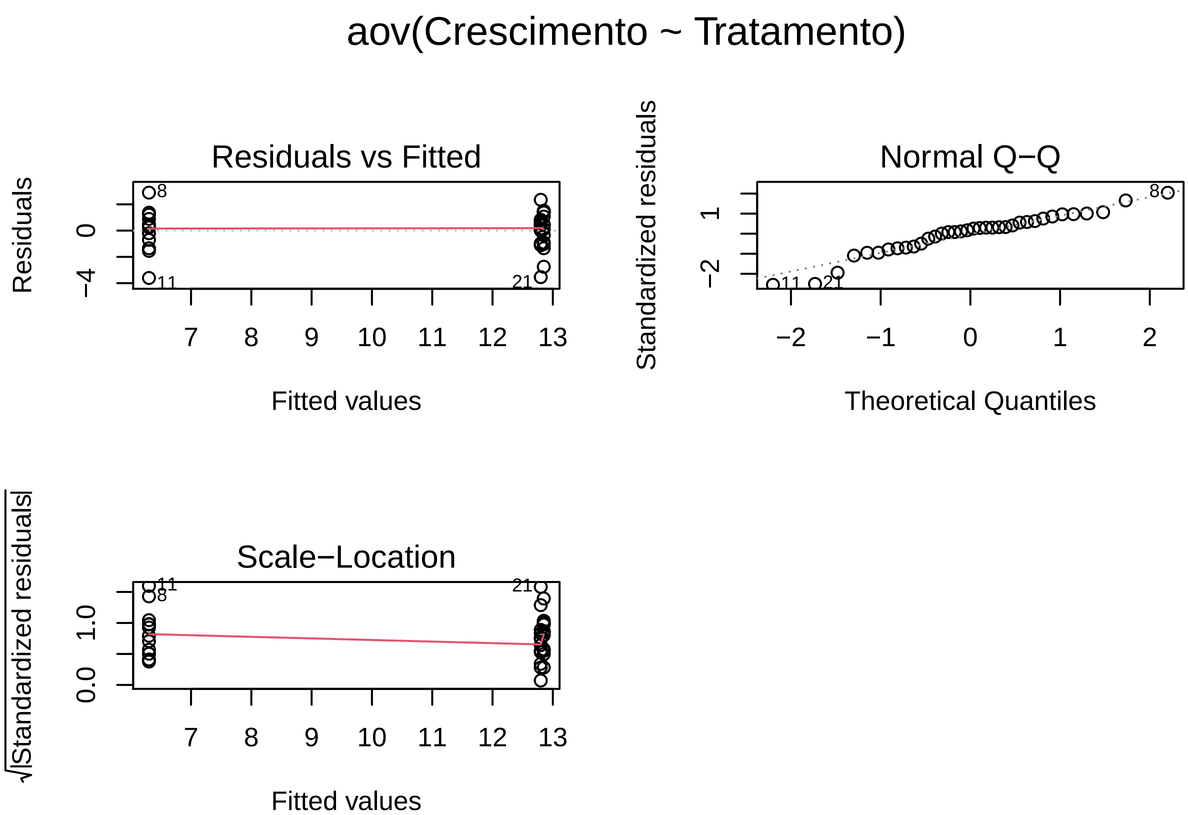
Cálculo da Anova de um fator

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_anova_simples <- read.csv("anova_simples.csv", header = T, sep = ";")
head(dados_anova_simples) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
##   Crescimento Tratamento
## 1       7.190   Controle
## 2       6.758   Controle
## 3       6.101   Controle
## 4       4.758   Controle
## 5       6.542   Controle
## 6       7.667   Controle
```

```
# ANALISE ANOVA de um fator
#************************
Modelo_anova <- aov(Crescimento ~ Tratamento, data = dados_anova_simples)

# VERIFICANDO A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#***********************************************************************
# Os gráficos *Residuals vs Fitted* e *Scale-Location* estão relacionados com a homogeneidade da variân
# O gráfico *Normal Q-Q* está relacionado com a distribuição normal dos resíduos. Neste gráfico, esperan
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(Modelo_anova)
```

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




```r
dev.off()
```

```
## null device
##           1
```

```r
# Se preferir, você pode utilizar testes estatísticos
# Teste de Shapiro-Wilk para normalidade separadamente para cada grupo
shapiro.test(dados_anova_simples$Crescimento[1:12])
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_anova_simples$Crescimento[1:12]
## W = 0.96731, p-value = 0.8806
```

```r
shapiro.test(dados_anova_simples$Crescimento[13:24])
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_anova_simples$Crescimento[13:24]
## W = 0.87324, p-value = 0.07184
```

```r
shapiro.test(dados_anova_simples$Crescimento[25:36])
```

```
##
```

```
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_anova_simples$Crescimento[25:36]
## W = 0.9294, p-value = 0.3738
```

```
# Teste de Bartlett para homogeneidade da variância
bartlett.test(Crescimento ~ Tratamento, data = dados_anova_simples)
```

```
##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  Crescimento by Tratamento
## Bartlett's K-squared = 0.61835, df = 2, p-value = 0.7341
```

```
# VERIFICANDO OS RESULTADOS DA ANOVA
#*****************************************
anova(Modelo_anova)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Crescimento
##            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Tratamento  2 340.32 170.160  77.989 3.124e-13 ***
## Residuals  33  72.00   2.182
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Percebam que o resultado da Anova (Pr(>F) < 0.001) indica que devemos rejeitar a hipótese nula que não há diferença entre as médias dos grupos. Contudo, os resultados não mostram quais são os grupos que apresentam diferenças. Para isso, temos que realizar testes de comparações múltiplas *post-hoc* para detectar os grupos que apresentam diferenças significativas entre as médias. **Observação** Os testes *post-hoc* só devem ser utilizados quando rejeitamos a hipótese nula (P < 0.05) no teste da Anova.

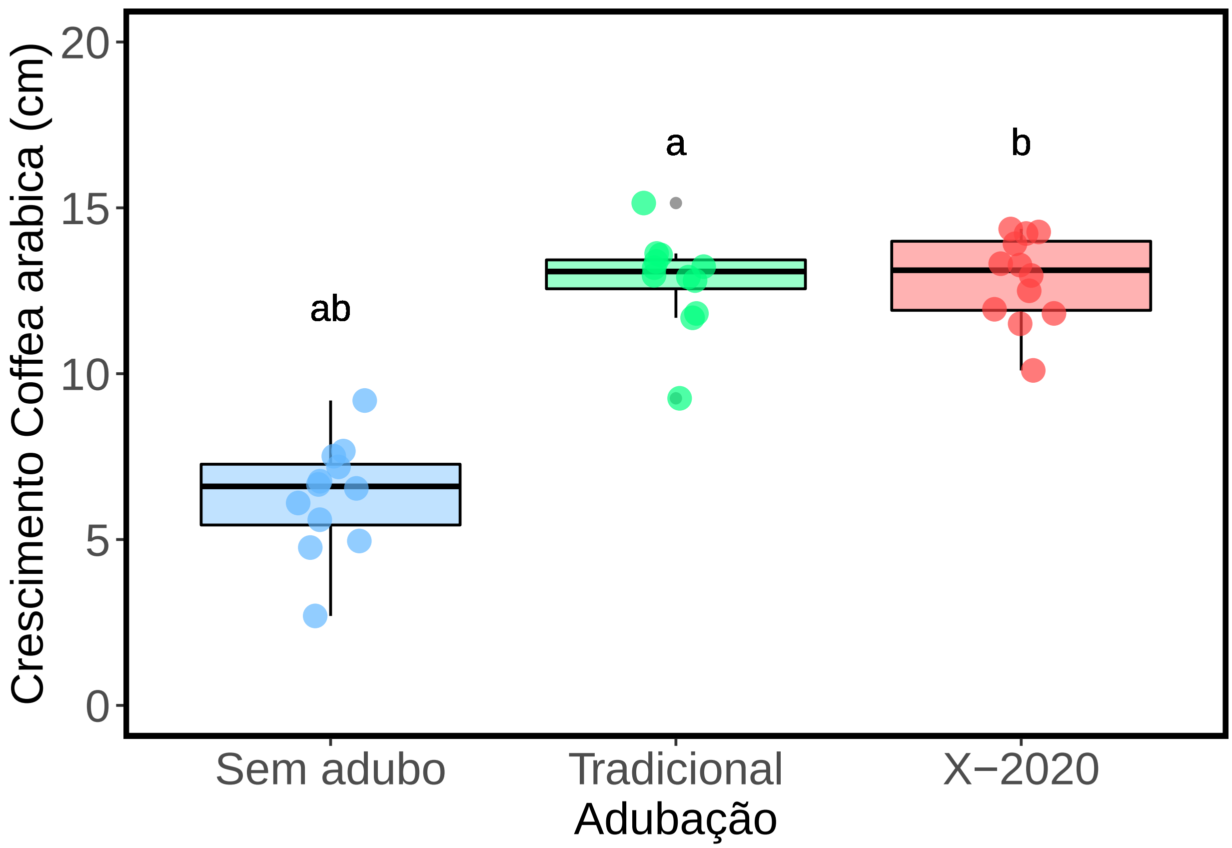
```
# Diferenças entre os tratamentos
#************************************
# Teste de Tuckey's honest significant difference
TukeyHSD(Modelo_anova)
```

```
##   Tukey multiple comparisons of means
##     95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = Crescimento ~ Tratamento, data = dados_anova_simples)
##
## $Tratamento
##                                     diff       lwr       upr     p adj
## Adubo_X-2020-Adubo_Tradicional  0.04991667 -1.429784  1.529617 0.9962299
## Controle-Adubo_Tradicional     -6.49716667 -7.976867 -5.017466 0.0000000
## Controle-Adubo_X-2020          -6.54708333 -8.026784 -5.067383 0.0000000
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
# Reordenando a ordem que os grupos irão aparecer no gráfico
dados_anova_simples$Tratamento <- factor(dados_anova_simples$Tratamento ,
                                     levels=c("Controle", "Adubo_Tradicional", "Adubo_X-2020"))

# Gráfico
library(ggplot2)
ggplot(data = dados_anova_simples, aes(x= Tratamento, y= Crescimento, color = Tratamento)) +
```

```
labs(x = "Adubação", y = "Crescimento Coffea arabica (cm)", size = 20) +
geom_boxplot(fill=c("steelblue1", "springgreen1", "brown1"), color="black", show.legend = FALSE,
             alpha = 0.4) +
geom_jitter(shape = 16, position=position_jitter(0.1), cex = 4, alpha = 0.7) +
scale_color_manual(values = c("steelblue1", "springgreen1", "brown1")) +
scale_y_continuous(limits = c(0, 20), breaks = c(0, 5, 10, 15, 20)) +
geom_text(x = 1, y = 12, label = "ab", color = "black", size = 5) +
geom_text(x = 2, y = 17, label = "a", color = "black", size = 5) +
geom_text(x = 3, y = 17, label = "b", color = "black", size = 5) +
scale_x_discrete(labels=c("Sem adubo","Tradicional","X-2020")) +
theme_bw() +
theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
theme(panel.grid.major = element_blank(), panel.grid.minor = element_blank(),
      panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2)) +
theme(legend.position = "none")
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, os indivíduos de *C. arabica* que receberam adubação (tradicional e X-2020) apresentaram maior crescimento do que os indivíduos que não receberam adubação. Contudo, diferente do que foi divulgado pela empresa, o adubo X-2020 não apresentou melhor desempenho que o adubo tradicional já utilizado pelos produtores.

ANOVA de dois fatores ou Anova fatorial

Este teste considera delineamentos amostrais com dois fatores (ou tratamento) que podem ser compostos por dois ou mais grupos (ou níveis). Esta análise tem uma vantagem, pois permite avaliar o efeito da interação entre os fatores na variável resposta. Quando a interação está presente, o impacto de um fator depende do nível (ou grupo) do outro fator.

Exemplo prático 1 - Anova de dois fatores

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos se o tempo que o corpo leva para elimiar uma droga utilizada em exames de ressonância magnética está relacionado com o sistema XY de determinação do sexo e/ou com a idade dos pacientes. Para isso, foi realizado um experimento com 40 pacientes distribuídos da seguinte maneira: i) 10 indivíduos XX - jovens, ii) 10 indivíduos XX - idosas, iii) 10 indivíduos XY - jovens, e iv) 10 indivíduos XY - idosos.

Pergunta:

> O tempo de eliminação da droga é dependente do sistema XY de determinação do sexo e idade dos pacientes?

Predições

> O tempo de eliminação da droga vai ser mais rápido nas pacientes XX e jovens.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com os pacientes (unidade amostral) nas linhas e os tratamentos nas colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e as variáveies preditoras nas colunas.

Análise

Cálculo da Anova de dois fator

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_dois_fatores <- read.csv("anova_dois_fatores.csv", header = T, sep = ";")
head(dados_dois_fatores)
```

```
##    Tempo Pessoas Idade
## 1 18.952      XX Jovem
## 2 16.513      XX Jovem
## 3 17.981      XX Jovem
## 4 21.371      XX Jovem
## 5 14.470      XX Jovem
## 6 19.130      XX Jovem
```

```
# Análise anova de dois fatores
#*******************************
# A interação entre os fatores é representada por *
Modelo1 <- aov(Tempo ~ Pessoas * Idade, data = dados_dois_fatores)

# Olhando os resultados
anova(Modelo1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Tempo
##               Df  Sum Sq Mean Sq  F value    Pr(>F)
## Pessoas        1  716.72  716.72 178.8538  1.56e-15 ***
## Idade          1 1663.73 1663.73 415.1724 < 2.2e-16 ***
## Pessoas:Idade  1    4.77    4.77   1.1903    0.2825
## Residuals     36  144.26    4.01
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Percebam que a interação não apresenta um efeito significativo (P > 0.05). Assim, iremos retirar a in
Modelo2 <- aov(Tempo ~ Pessoas + Idade, data = dados_dois_fatores)

# A hipótese nula é que o modelo mais simples é melhor
# Valores de p < 0.05 rejeita a hipótese nula e o modelo mais complexo é o melhor
# Valores de p > 0.05 não rejeita a hipótese nula e o modelo mais simples é o melhor
library(lmtest)
lrtest(Modelo1, Modelo2)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: Tempo ~ Pessoas * Idade
## Model 2: Tempo ~ Pessoas + Idade
##   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   5 -82.413
## 2   4 -83.063 -1 1.3012      0.254
```

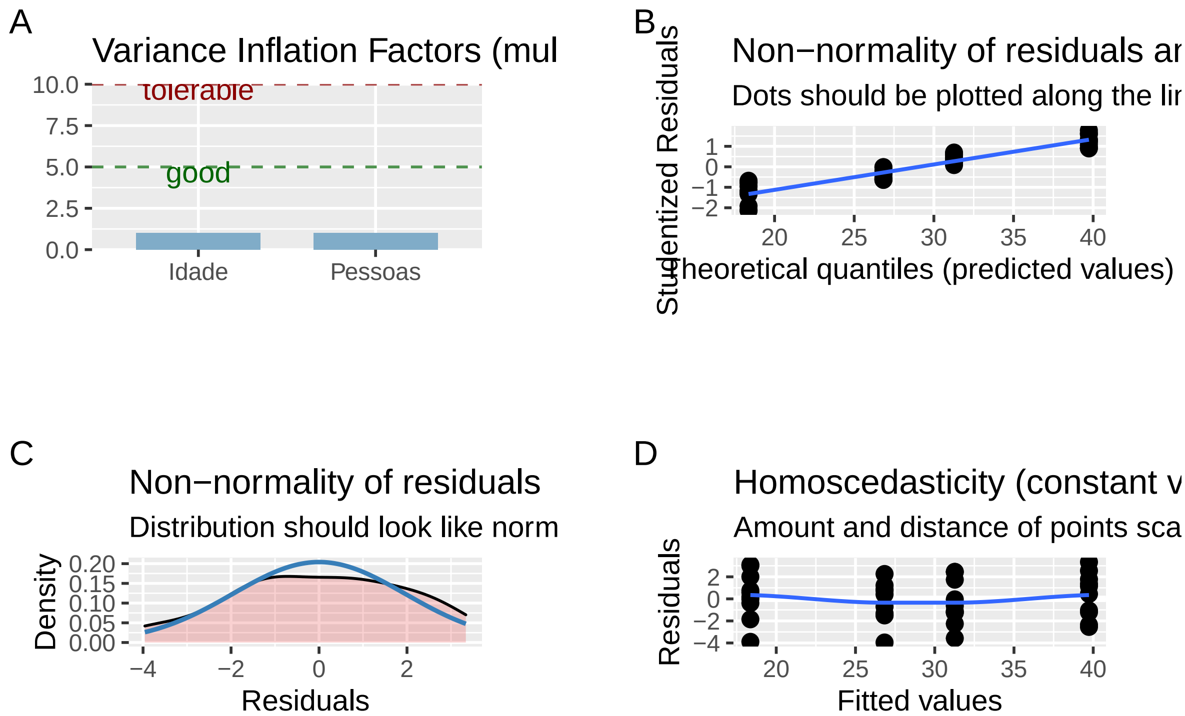
```
# VERIFICANDO A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#************************************************************************
# Esta função mostra os resultados para multicolinearidade (a), dois gráficos avaliando a normalidade d
library(sjPlot)
```

```
## Registered S3 methods overwritten by 'lme4':
##   method                          from
##   cooks.distance.influence.merMod car
##   influence.merMod                car
##   dfbeta.influence.merMod         car
##   dfbetas.influence.merMod        car
```

```
plot_grid(plot_model(Modelo2, type = "diag"))
```

```
## Warning in plot_grid(plot_model(Modelo2, type = "diag")): Not enough tags labels
## in list. Using letters instead.

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

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

## Warning in simpleLoess(y, x, w, span, degree = degree, parametric =
## parametric, : pseudoinverse used at 18.261

## Warning in simpleLoess(y, x, w, span, degree = degree, parametric =
## parametric, : neighborhood radius 13.005

## Warning in simpleLoess(y, x, w, span, degree = degree, parametric =
## parametric, : reciprocal condition number 8.7e-16

## Warning in simpleLoess(y, x, w, span, degree = degree, parametric =
```

```
## parametric, : There are other near singularities as well. 169.14
```




```
# VERIFICANDO OS RESULTADOS DA ANOVA
#*******************************************
anova(Modelo2)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Tempo
##           Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Pessoas    1  716.72  716.72  177.94 1.041e-15 ***
## Idade      1 1663.73 1663.73  413.05 < 2.2e-16 ***
## Residuals 37  149.03    4.03
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

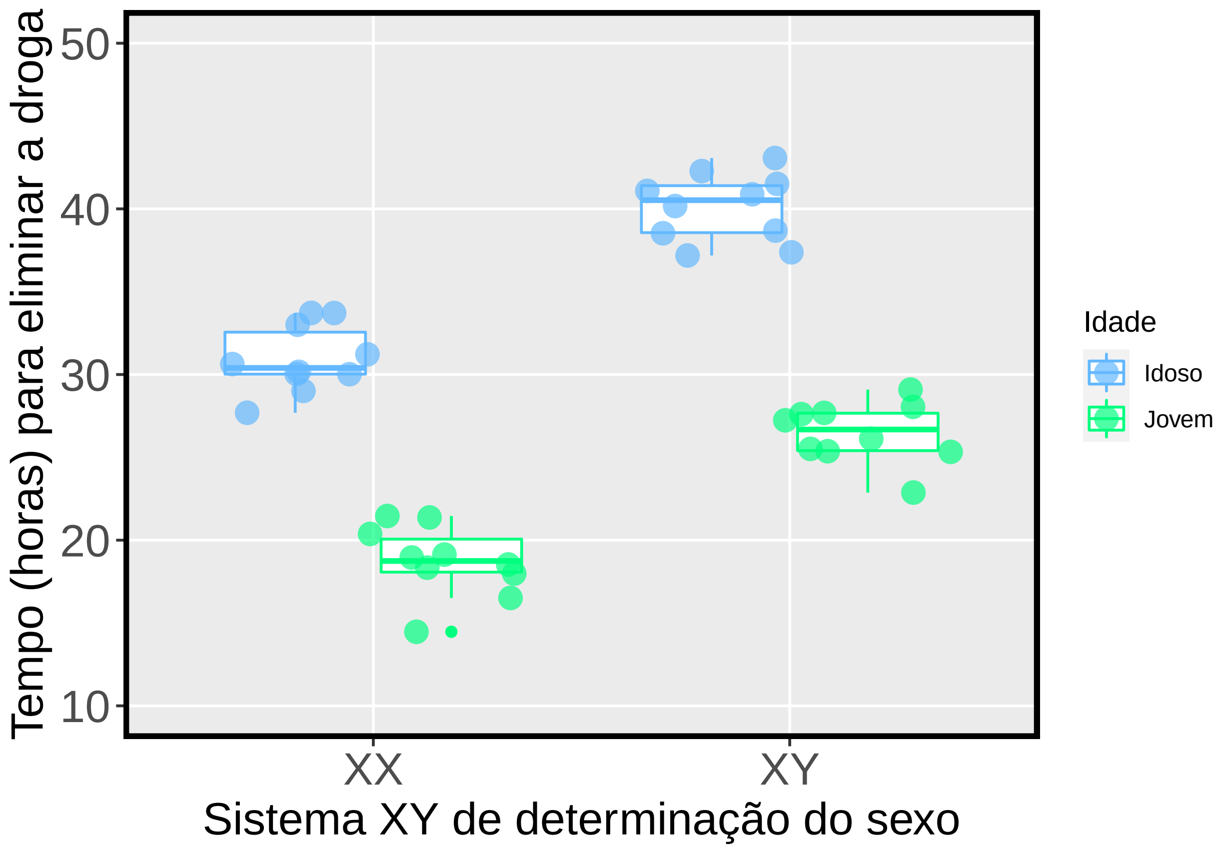
Percebam que o resultado da Anova (Pr(>F) < 0.001) indica que devemos rejeitar a hipótese nula que não há diferença entre as médias dos sistema XY e idade dos pacientes. Neste caso, não precisamos realizar testes de comparações múltiplas *post-hoc* porque os fatores apresentam apenas dois níveis. Contudo, se no seu delineamento experimental um dos fatores apresentar três ou mais níveis, você deverá utilizar os testes de comparações *post-hoc* para determinar as diferenças entre os grupos. **Observação** Os testes *post-hoc* só devem ser utilizados quando rejeitamos a hipótese nula ($P < 0.05$) no teste da Anova.

```
# Diferenças entre os tratamentos
#************************************
# Teste de Tuckey's honest significant difference
TukeyHSD(Modelo2)
```

```
##   Tukey multiple comparisons of means
##     95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = Tempo ~ Pessoas + Idade, data = dados_dois_fatores)
##
## $Pessoas
##          diff      lwr      upr p adj
## XY-XX 8.46595 7.180008 9.751892     0
##
## $Idade
##                 diff       lwr       upr p adj
## Jovem-Idoso -12.89855 -14.18449 -11.61261     0
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
# Gráfico
library(ggplot2)
ggplot(data = dados_dois_fatores, aes(y= Tempo, x= Pessoas, color = Idade)) +
  geom_boxplot() +
  labs(x = "Sistema XY de determinação do sexo", y = "Tempo (horas) para eliminar a droga",
      size = 20) +
  geom_jitter(shape = 16, position=position_jitterdodge(), cex = 4, alpha = 0.7) +
  scale_color_manual(values = c("steelblue1", "springgreen1")) +
  scale_y_continuous(limits = c(10, 50), breaks = c(10, 20, 30, 40, 50)) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
  theme(panel.grid.minor = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2))
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, O sitesma XY de determinação do sexo e a idade dos pacientes tem um efeito no tempo de eliminação da droga do organismo. Os pacientes XX e jovens apresentam eliminação mais rápida da droga do que pacientes XY e idosos.

Exemplo prático 2 - Anova de dois fatores com efeito da interação

Explicação dos dados Neste exemplo usaremos os mesmos dados do exemplo anterior. Neste caso, alteremos os dados para que a interação seja significativa.

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_dois_fatores_interacao <- read.csv("anova_dois_fatores_interacao1.csv",
                                          header = T, sep = ";")
head(dados_dois_fatores_interacao)
```

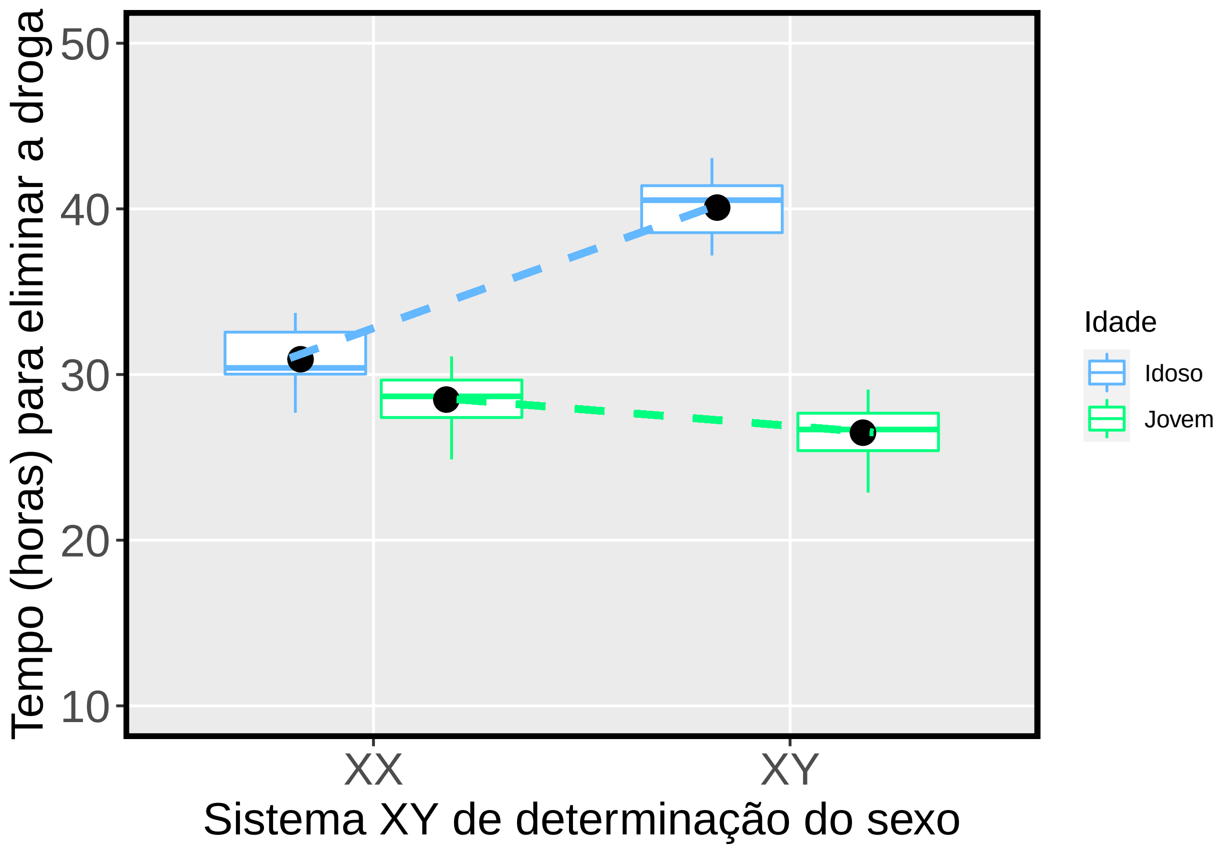
```
##    Tempo Pessoas Idade
## 1 31.092      XX Jovem
## 2 27.331      XX Jovem
## 3 24.874      XX Jovem
## 4 27.369      XX Jovem
## 5 28.125      XX Jovem
## 6 29.607      XX Jovem
```

```r
# Análise anova de dois fatores
#*********************************
# A interação entre os fatores é representada por *
Modelo_interacao1 <- aov(Tempo ~ Pessoas * Idade, data =dados_dois_fatores_interacao)

# Olhando os resultados
anova(Modelo_interacao1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Tempo
##               Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Pessoas        1 128.04  128.04  34.841 9.377e-07 ***
## Idade          1 641.75  641.75 174.623 2.236e-15 ***
## Pessoas:Idade  1 311.17  311.17  84.672 5.463e-11 ***
## Residuals     36 132.30    3.68
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Percebam que a interação é significativa ($P < 0.05$). Agora nossa interpretação precisa ser baseada na interação entre os fatores. Vamos visualizar os resultados em gráfico.

```r
# Gráfico
library(ggplot2)
library(ggforce)
ggplot(data = dados_dois_fatores_interacao, aes(y= Tempo, x= Pessoas, color = Idade)) +
  geom_boxplot() +
  stat_summary(fun = mean, geom="point", aes(group=Idade, x = Pessoas), color = "black",
               position = position_dodge(0.7), size  = 4) +
  geom_link(aes(x = 0.8, y = 31, xend = 1.8, yend = 40), color = "steelblue1",
            lwd  = 1.3, linetype = 2) +
  geom_link(aes(x = 1.2, y = 28.5, xend = 2.2, yend = 26.5), color = "springgreen1",
            lwd  = 1.3, linetype = 2) +
  labs(x = "Sistema XY de determinação do sexo", y = "Tempo (horas) para eliminar a droga",
       size = 20) +
  scale_color_manual(values = c("steelblue1", "springgreen1", "steelblue1",
                                "springgreen1")) +
  scale_y_continuous(limits = c(10, 50), breaks = c(10, 20, 30, 40, 50)) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
  theme(panel.grid.minor = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2))
```



Interpretação dos resultados

Percebam que para saber a resposta do fator idade (jovem ou idoso) na eliminação da droga, você precisa saber com qual pessoa (XX ou XY) ele está associado. Isso porque a resposta de um fator depende do outro fator. Jovens eliminam o droga do corpo mais rápido nas pessoa XY enquanto os idosos eliminam a droga mais rápido nas pessoas XX.

Exemplo prático 3 - Anova de dois fatores com efeito da interação

Explicação dos dados Neste exemplo usaremos os mesmos dados do exemplo anterior. Neste caso, alteremos os dados para que a interação seja significativa.

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_dois_fatores_interacao2 <- read.csv("anova_dois_fatores_interacao2.csv",
                                          header = T, sep = ";")
head(dados_dois_fatores_interacao2)
```

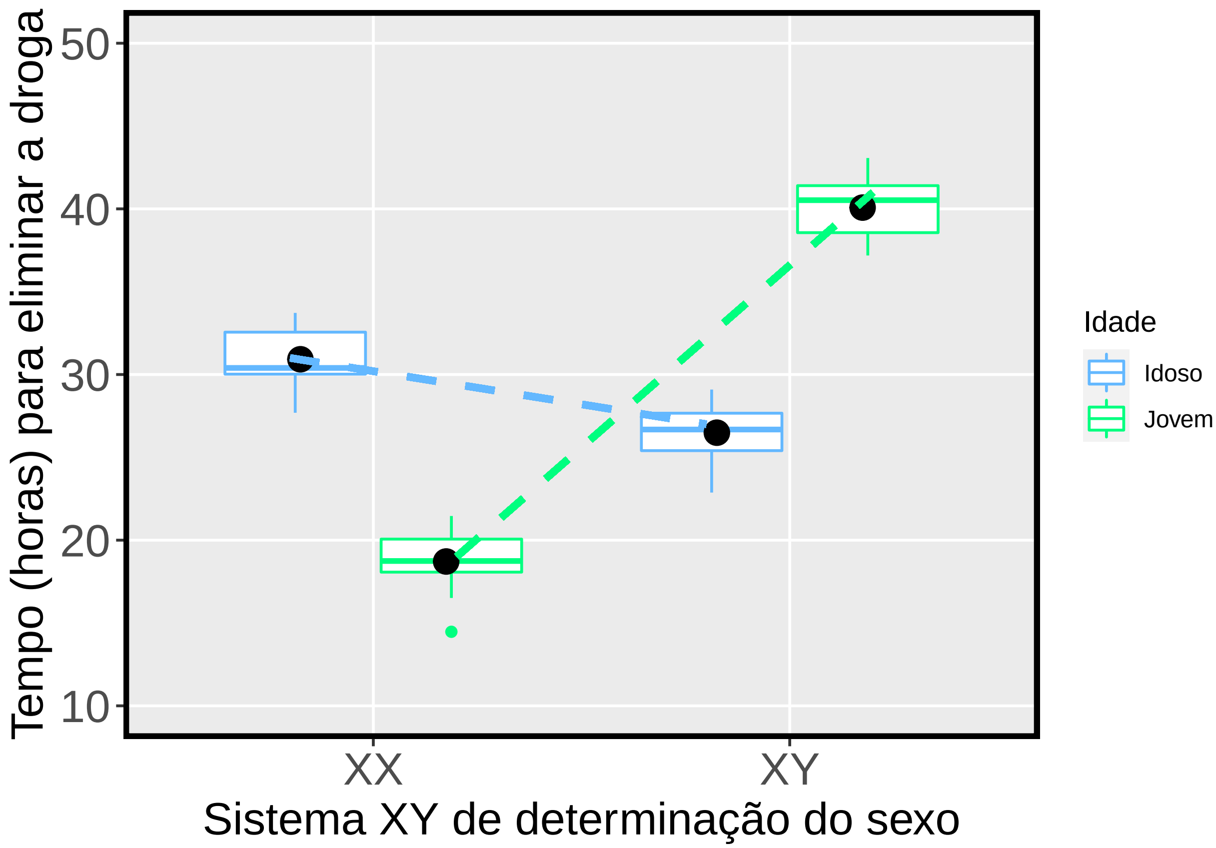
```
##    Tempo Pessoas Idade
## 1 18.952      XX Jovem
## 2 16.513      XX Jovem
## 3 17.981      XX Jovem
## 4 21.371      XX Jovem
## 5 14.470      XX Jovem
## 6 19.130      XX Jovem
```

```r
# Análise anova de dois fatores
#*********************************
# A interação entre os fatores é representada por *
Modelo_interacao2 <- aov(Tempo ~ Pessoas * Idade, data = dados_dois_fatores_interacao2)

# Olhando os resultados
anova(Modelo_interacao2)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Tempo
##               Df  Sum Sq Mean Sq  F value    Pr(>F)
## Pessoas        1  716.72  716.72 178.8538  1.56e-15 ***
## Idade          1    4.77    4.77   1.1903    0.2825
## Pessoas:Idade  1 1663.73 1663.73 415.1724 < 2.2e-16 ***
## Residuals     36  144.26    4.01
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Percebam que a interação é significativa ($P < 0.05$), mas a idade não é significativa. Nossa interpretação precisa ser baseada na interação entre os fatores. Vamos visualizar os resultados em gráfico.

```r
# Gráfico
library(ggplot2)
library(ggforce)
ggplot(data = dados_dois_fatores_interacao2, aes(y= Tempo, x= Pessoas, color = Idade)) +
  geom_boxplot() +
  stat_summary(fun = mean, geom="point", aes(group=Idade, x = Pessoas), color = "black",
               position = position_dodge(0.7), size  = 4) +
  geom_link(aes(x = 0.8, y = 31, xend = 1.8, yend = 27), color = "steelblue1",
            lwd  = 1.3, linetype = 2) +
  geom_link(aes(x = 1.2, y = 19, xend = 2.2, yend = 41), color = "springgreen1",
            lwd  = 1.3, linetype = 2) +
  labs(x = "Sistema XY de determinação do sexo", y = "Tempo (horas) para eliminar a droga",
       size = 20) +
  scale_color_manual(values = c("steelblue1", "springgreen1", "steelblue1", "springgreen1")) +
  scale_y_continuous(limits = c(10, 50), breaks = c(10, 20, 30, 40, 50)) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
  theme(panel.grid.minor = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2))
```



Interpretação dos resultados

Percebam que as linhas se cruzam. Esse é exemplo clássico de interação. Novamente, para saber a resposta do fator idade (jovem ou idoso), você precisa saber com qual pessoa (XX ou XY) ele está associado. Jovens são mais rápidos para eliminar a droga em pessoas XX enquanto os idosos são mais rápidos para eliminar a droga nas pessoas XY.

ANOVA em blocos aleatorizados

No delineamento experimental com blocos aleatorizados, cada fator é agrupado em blocos, com réplicas de cada nível do fator representado em cada bloco (Gotelli & Elisson 2013). O bloco é uma área ou período de tempo dentro do qual as condições ambientais são relativamente homogêneas. O objetivo do uso dos blocos é controlar fontes de variações indesejadas na variável dependente que não são de interesse do pesquisador. Desta maneira, podemos retirar dos resíduos, os efeitos das variações indesejadas que não do nosso interesse, e testar com maior poder estatístico os efeitos dos tratamentos de interesse. Importante, os blocos devem ser arranjados de forma que as condições ambientais sejam mais similares dentro dos blocos do que entre os blocos.

Exemplo prático 1 - Anova em blocos aleatorizados

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos a riqueza de espécies de anuros amostradas em poças artificiais instaladas a diferentes distâncias de seis fragmentos florestais no sudeste do Brasil (da Silva et al. 2020). Os fragmentos florestais apresentam diferenças entre si que não do interesse do pesquisador. Por isso, eles foram incluídos como blocos nas análises. As poças artificiais foram instaladas em todos os fragmentos florestais basedo no seguinte delineamento experimental (da Silva et al. 2012): i) 4 poças no interior do fragmento a 100m de distância da borda do fragmento; ii) 4 poças no interior no fragmento a 50m de distância da borda do fragmento; iii) 4 poças no na borda do fragmento; iv) 4 poças na matriz de pastagem a 50m de distância da borda do fragmento; e v) 4 poças na matriz de pastagem a 100m de distância da borda do fragmento. Percebam que todos os tratamentos foram instalados em todos os blocos.

Pergunta:

> A distância da poça artifical ao fragmento florestal influência a riqueza de espécies anuros?

Predições

> Poças na borda do fragmento florestal apresentarão maior riqueza de espécies do que poças distantes da borda.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as poças (unidade amostral) nas linhas e o tratamento e bloco nas colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditoras nas colunas.

Análise

Cálculo da Anova em blocos aleatorizados

```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_bloco <- read.csv("anova_bloco.csv", header = T, sep = ";")
str(dados_bloco) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
## 'data.frame':    30 obs. of  3 variables:
##  $ Riqueza: int  90 95 107 92 89 92 81 92 93 80 ...
##  $ Blocos : chr  "A" "A" "A" "A" ...
##  $ Pocas  : chr  "Int-50m" "Int-100m" "Borda" "Mat-50m" ...
```

```
# ANALISE ANOVA em blocos aleatorizados
#****************************************
# Há duas maneiras para incluir os efeitos dos blocos
model_bloco1 <- aov(Riqueza ~ Pocas + Blocos, data = dados_bloco)

model_bloco2 <- aov(Riqueza ~ Pocas + Error(Blocos), data = dados_bloco)

# Percebam que as duas formas apresentam os mesmo resultados para o efeito da distância das poças que é
anova(model_bloco1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Riqueza
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Pocas      4 1504.5  376.12  2.9071 0.0478 *
## Blocos     5 1089.0  217.79  1.6834 0.1846
## Residuals 20 2587.5  129.38
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
summary(model_bloco2)
```

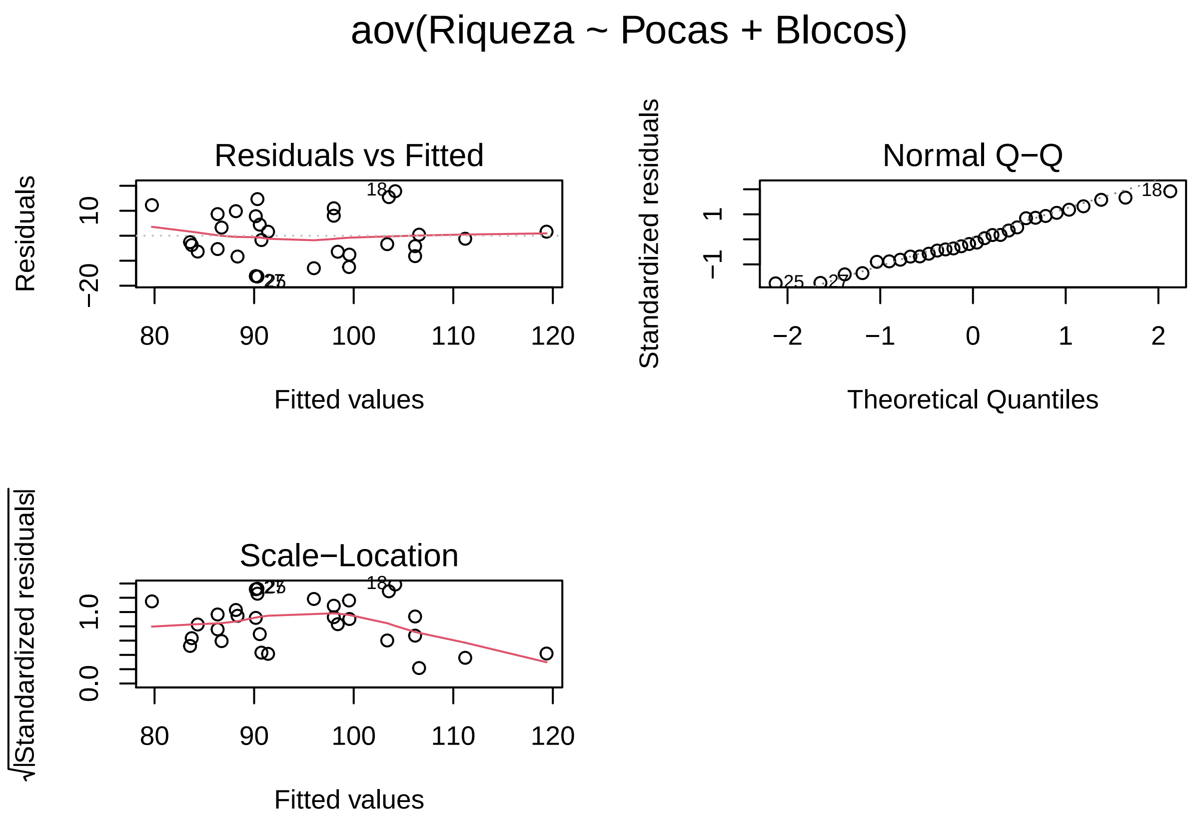
```
##
## Error: Blocos
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Residuals  5   1089   217.8
##
## Error: Within
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Pocas      4   1504   376.1   2.907 0.0478 *
## Residuals 20   2588   129.4
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# O que não pode acontecer é ignorar o efeito do bloco que é incorporado pelos resíduos quando não info

modelo_errado <- aov(Riqueza ~ Pocas, data = dados_bloco)
anova(modelo_errado)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Riqueza
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## Pocas      4 1504.5  376.12  2.5576 0.06359 .
## Residuals 25 3676.5  147.06
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# VERIFICANDO A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#************************************************************************
# Os gráficos *Residuals vs Fitted* e *Scale-Location* estão relacionados com a homogeneidade da variân
# O gráfico *Normal Q-Q* está relacionado com a distribuição normal dos resíduos. Neste gráfico, esperav
par(mfrow = c(2, 2), oma = c(0, 0, 2, 0))
plot(model_bloco1)
```

```
## hat values (leverages) are all = 0.3333333
##  and there are no factor predictors; no plot no. 5
```




```
dev.off()
```

```
## null device
##           1
```

Percebam que o resultado da Anova (Pr(>F) < 0.001) indica que devemos rejeitar a hipótese nula que não há diferença entre as médias dos grupos. Contudo, os resultados não mostram quais são os grupos que apresentam diferenças. Para isso, temos que realizar testes de comparações múltiplas *post-hoc* para detectar os grupos que apresentam diferenças significativas entre as médias. **Observação** Os testes *post-hoc* só devem ser utilizados quando rejeitamos a hipótese nula (P < 0.05) no teste da Anova.

```
# Diferenças entre os tratamentos
#************************************
# Teste de Tuckey's honest significant difference
library(lsmeans)
```

```
## Loading required package: emmeans
```

```
## The 'lsmeans' package is now basically a front end for 'emmeans'.
## Users are encouraged to switch the rest of the way.
## See help('transition') for more information, including how to
## convert old 'lsmeans' objects and scripts to work with 'emmeans'.
```

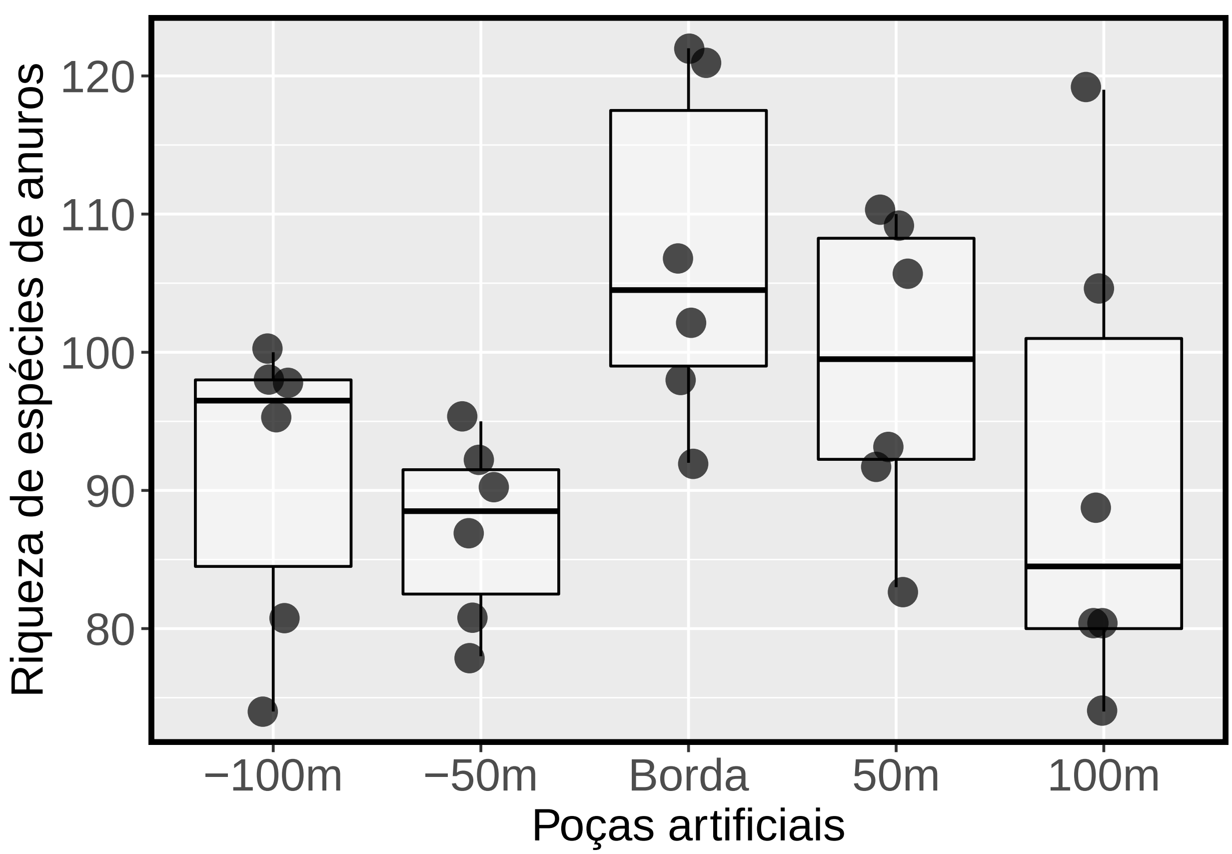
```
pairs(lsmeans(model_bloco1, "Pocas"), adjust = "tukey")
```

```
##  contrast                estimate   SE df t.ratio p.value
##  Borda - (Int-100m)        16.000 6.57 20   2.436  0.1463
##  Borda - (Int-50m)         19.833 6.57 20   3.020  0.0472
##  Borda - (Mat-100m)        15.833 6.57 20   2.411  0.1531
```

```
##  Borda - (Mat-50m)          8.167 6.57 20  1.244  0.7269
##  (Int-100m) - (Int-50m)     3.833 6.57 20  0.584  0.9760
##  (Int-100m) - (Mat-100m)   -0.167 6.57 20 -0.025  1.0000
##  (Int-100m) - (Mat-50m)    -7.833 6.57 20 -1.193  0.7553
##  (Int-50m) - (Mat-100m)    -4.000 6.57 20 -0.609  0.9720
##  (Int-50m) - (Mat-50m)    -11.667 6.57 20 -1.777  0.4135
##  (Mat-100m) - (Mat-50m)    -7.667 6.57 20 -1.167  0.7692
##
## Results are averaged over the levels of: Blocos
## P value adjustment: tukey method for comparing a family of 5 estimates
```

Visualizar os resultados em gráfico

```
# Reordenando a ordem que os grupos irão aparecer no gráfico
dados_bloco$Pocas <- factor(dados_bloco$Pocas,
                              levels=c("Int-100m", "Int-50m", "Borda", "Mat-50m", "Mat-100m"))

# Gráfico
library(ggplot2)
ggplot(data = dados_bloco, aes(x= Pocas, y= Riqueza)) +
  labs(x = "Poças artificiais", y = "Riqueza de espécies de anuros", size = 20) +
  geom_boxplot(color="black", show.legend = FALSE,
               alpha = 0.4) +
  geom_jitter(shape = 16, position=position_jitter(0.1), cex = 5, alpha = 0.7) +
  scale_x_discrete(labels=c("-100m","-50m","Borda", "50m", "100m")) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
  theme(panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2))
```



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, rejeitamos a hipótese nula que a distância da poças artificiais até as bordas dos fragmentos florestais não influência a riqueza de espécies de anuros. As poças artificiais instaladas nas bordas dos fragmentos florestais apresentaram maior riqueza de espécies do que as poças distantes.

Análise de covariância (ANCOVA)

A ANCOVA pode ser compreendida como uma extensão da Anova com a adição de variável contínua (covariável) medida em todas as unidades amostrais (Gotelli & Ellison 2013). A ideia é que a covariável também afete os valores da variável resposta. Não incluir a covariável irá fazer com que a variação não explicada pelo modelo concentre-se nos resíduos. Incluindo a covariável, o tamanho do resíduo é menor, e o teste para avaliar as diferenças nos tratamentos terá mais poder estatístico.

Exemplo prático 1 - ANCOVA

Explicação dos dados Neste exemplo, avaliaremos o efeito da herbivoria na biomassa dos frutos de uma espécie de árvore na Mata Atlântica. O delineamento experimental permitiu que alguns indivíduos sofressem herbivoria e outros não. Os pesquisadores também mediram o tamanho da raiz dos indíviduos para inseri-la como uma covariável no modelo.

Pergunta:

A herbivoria diminiu a biomssa dos frutos?

Predições

Os indivíduos que sofreram herbivoria irão produzir frutos com menor biomassa do que os indivíduos sem herbivoria.

Variáveis

- Variáveis preditoras
  - Dataframe com as indivíduos da espéci de planta (unidade amostral) nas linhas e o tratamento e a covariável nas colunas.

Checklist

- Verificar se o seu dataframe está com as unidades amostrais nas linhas e variáveis preditoras nas colunas.

Análise

Cálculo da ANCOVA

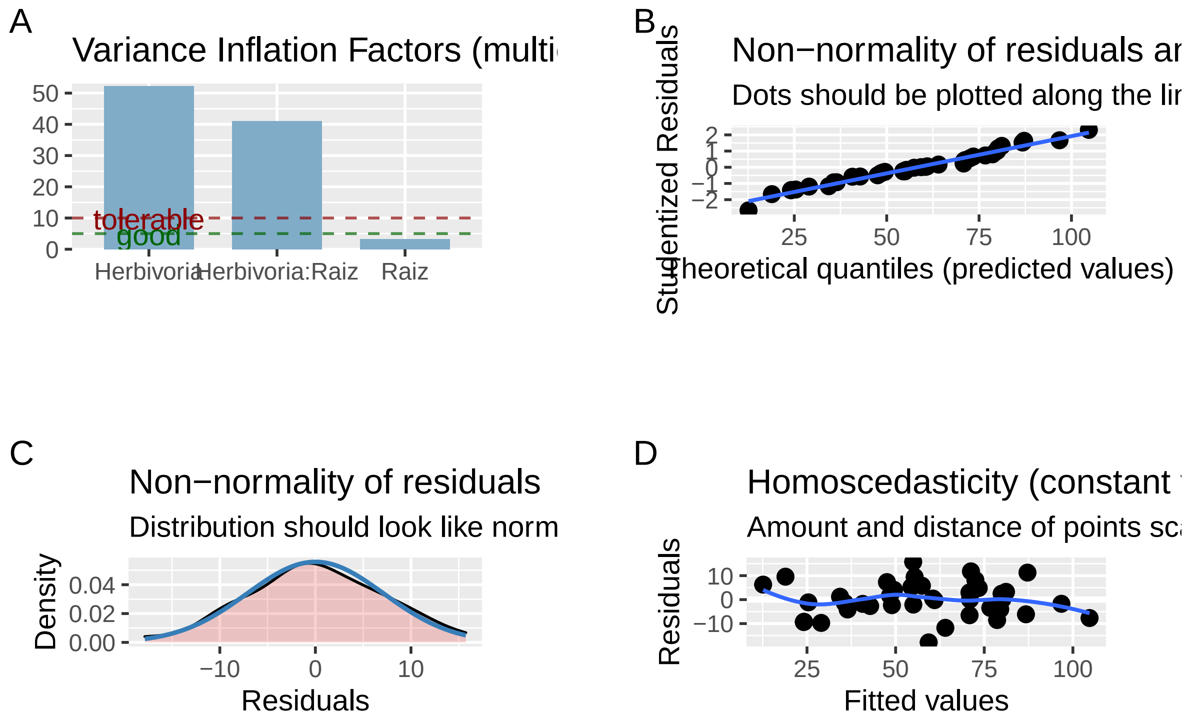
```
## IMPORTANDO DADOS
#********************
dados_ancova <- read.csv("ancova.csv", header = T, sep = ";")
str(dados_ancova) # verificar se o dataframe foi lido corretamente
```

```
## 'data.frame':    40 obs. of  3 variables:
##  $ Raiz      : num  6.22 6.49 4.92 5.13 5.42 ...
##  $ Biomassa  : num  59.8 61 14.7 19.3 34.2 ...
##  $ Herbivoria: chr  "Sem_herb" "Sem_herb" "Sem_herb" "Sem_herb" ...
```

```
# ANALISE ANCOVA
#****************************************
modelo_ancova <- lm(Biomassa ~ Herbivoria * Raiz, data = dados_ancova)

# VERIFICANDO A NORMALIDADE E HOMOGENEIDADE DAS VARIÂNCIAS
#**********************************************************************
# Esta função mostra os resultados para multicolinearidade (a), dois gráficos avaliando a normalidade d
library(sjPlot)
plot_grid(plot_model(modelo_ancova, type = "diag"))
```

```
## Warning in plot_grid(plot_model(modelo_ancova, type = "diag")): Not enough tags
## labels in list. Using letters instead.
```

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




```
# OLHANDO OS RESULTADOS
#*********************
anova(modelo_ancova)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Biomassa
##                  Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Herbivoria        1  1941.9  1941.9  35.101 8.764e-07 ***
## Raiz              1 17434.1 17434.1 315.124 < 2.2e-16 ***
## Herbivoria:Raiz   1   136.7   136.7   2.471    0.1247
## Residuals        36  1991.7    55.3
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Percebam que o resultado da ANCOVA (Pr(>F) < 0.001) indica que tanto a herbivoria como a o tamanho da raiz (covariável) tem efeitos significativos na biomassa dos frutos. Contudo, a interação entre as variáveis não foi signigicativa. Vamos usar o Likelihood ratio test (LRT) para ver se podemos seguir com um modelo mais simples (sem interação).

```
modelo_ancova <- lm(Biomassa ~ Herbivoria * Raiz, data = dados_ancova)
modelo_ancova2 <- lm(Biomassa ~ Herbivoria + Raiz, data = dados_ancova)

# LRT
library(lmtest)
# A hipótese nula é que o modelo mais simples é melhor
# Valores de p < 0.05 rejeita a hipótese nula e o modelo mais complexo é o melhor
```

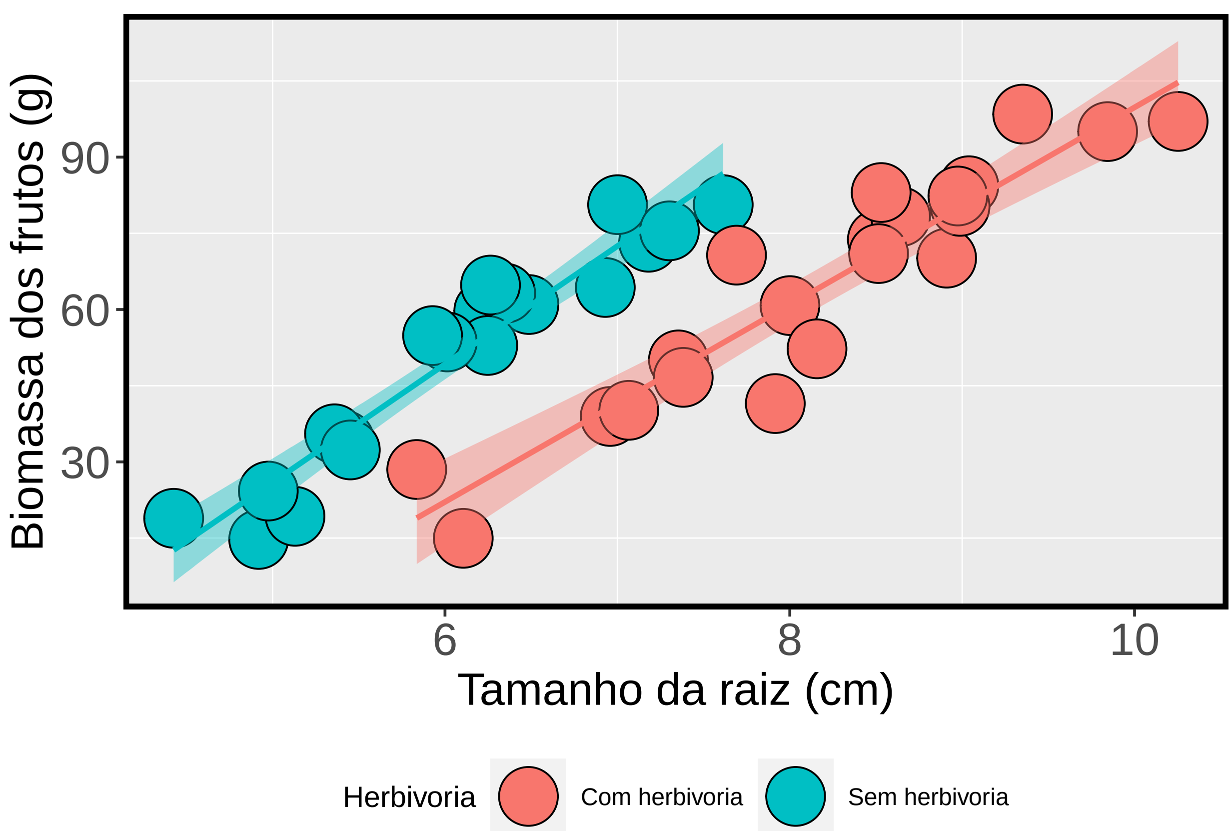
```r
# Valores de p > 0.05 não rejeita a hipótese nula e o modelo mais simples é o melhor
lrtest(modelo_ancova, modelo_ancova2)
```

```
## Likelihood ratio test
##
## Model 1: Biomassa ~ Herbivoria * Raiz
## Model 2: Biomassa ~ Herbivoria + Raiz
##   #Df  LogLik Df  Chisq Pr(>Chisq)
## 1   5 -134.91
## 2   4 -136.24 -1 2.6554     0.1032
```

Visualizar os resultados em gráfico

```r
# Gráfico
library(ggplot2)
ggplot(data = dados_ancova, aes(x= Raiz, y= Biomassa, fill = Herbivoria)) +
  labs(x = "Tamanho da raiz (cm)", y = "Biomassa dos frutos (g)", size = 20) +
  geom_point(size = 10, shape = 21) +
  theme(axis.title.y = element_text(size = 17), axis.title.x = element_text(size = 17)) +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 17), axis.text.x = element_text(size = 17)) +
  theme(panel.grid.major = element_blank(),
        panel.border = element_rect(colour = "black", fill=NA, size = 2)) +
  theme(legend.position="bottom") +
  scale_fill_discrete(name = "Herbivoria", labels = c("Com herbivoria", "Sem herbivoria")) +
  geom_smooth(aes(color=Herbivoria), method="lm", show.legend = FALSE)
```

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



Interpretação dos resultados

Neste exemplo, o tamanho da raiz (covariável) tem uma relação positiva com a biomassa dos frutos. Quanto maior o tamanho da raiz, maior a biomassa dos frutos. Usando a ANCOVA e controlando o efeito da covariável, percebemos que a herbivoria também afeta a biomassa dos frutos. Os indivíduos que não sofreram herbivoria produziram frutos com maior biomassa do que os indivíduos com herbivoria.

Para se aprofundar

- Recomendamos aos interessados os livros: i) Zar (2010) Biostatiscal analysis; ii) Gotelli & Ellison (2013) A primer of ecological statistics; e iii) Quinn & Keough (2002) Experimental design and data analysis for biologists.