Exercício de laboratorio 2

César A. Galvão - 19/0011572

2022-06-26

Contents

1 Questao 1

tipo	tempo
I	19
I	22
I	20
I	18
I	25
II	20
II	21
II	33
II	27
II	40
III	16
III	15
III	18
III	26
III	17

1.1 Determine a forma do modelo e as hipóteses consideradas

A comparação das médias dos grupos, neste caso os tipos de circuito, será realizada mediante análise de variância. O modelo escolhido para tal é o modelo de efeitos, expresso na equação a seguir

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + e_{ij}, \quad i = 1, 2, ..., a; \quad j = 1, 2, ..., n \tag{1}$$

em que μ é a média geral, τ_i é a média ou efeito dos grupos e e_{ij} é o desvio do elemento. Os grupos são indexados por i e os indivíduos de cada grupo indexados por j.

As hipóteses do teste são as seguintes:

$$\begin{cases} H_0 : \tau_1 = ... = \tau_a = 0, \quad \text{(O efeito de tratamento é nulo)} \\ H_1 : \exists \tau_i \neq 0 \end{cases} \tag{2}$$

que equivale dizer

$$\begin{cases} H_0 : \mu_1 = ... = \mu_a \\ H_1 : \exists \mu_i \neq \mu_j,\ i \neq j. \end{cases} \tag{3}$$

1.2 Qual a forma da estatística de teste e sua distribuição amostral?

A estatística de teste é calculada mediante a média ponderada entre a soma dos quadrados dos tratamentos e a soma dos quadrados dos resíduos (quadrados médios dos tratamentos e dos resíduos respectivamente). Sob H_0 a estatística de teste tem distribuição $F(a-1, an-a)$. Os graus de liberdade correspondem aos denominadores dos quadrados médios. Especificamente,

$$\frac{\frac{\text{SQTRAT}}{a-1}}{\frac{\text{SQRES}}{an-a}} = \frac{\text{QMTRAT}}{\text{QMRES}} \sim F(a-1, an-a) \tag{4}$$

1.3 Construa a tabela de análise de variância e conclua o teste considerando alfa = 0,05

O objeto `tabela <- aov(tempo ~ tipo, dados)` é gerado para criação da tabela a seguir.

term	df	sumsq	meansq	statistic	p.value
tipo	2	260.9333	130.46667	4.006141	0.0464845
Residuals	12	390.8000	32.56667	NA	NA

Com base apenas na ANOVA, cujo p-valor é $< 0,05$, há evidências para rejeitar H_0, ou seja, existe pelo menos uma média de grupo diferente das demais.

1.4 Quais são as suposições adotadas para a ANOVA? Essas suposições foram satisfeitas para esse experimento?

Para o teste de análise de variâncias, considerando o modelo de efeitos, supõe-se sobre os resíduos, elemento aleatório do lado direito da expressão do modelo:

- independência;
- normalidade;
- homogeneidade de variâncias (homocedasticidade).

Por hipótese, supõe-se que as amostras são independentes. Não há, a priori, como testar independência pois entende-se que isso é derivado do desenho do experimento.

A normalidade da distribuição dos resíduos pode ser testada mediante o teste de Shapiro-Wilk, realizada utilizando `shapiro.test(tabela$residuals)`, em que `tabela` é o modelo de análise de variâncias gerado anteriormente.

statistic	p.value	method
0.9423982	0.4134853	Shapiro-Wilk normality test

O teste assume como hipótese nula a normalidade dos dados amostrais. Com base no p-valor obtido, não há evidências para a rejeição de H_0. Isto é, supõe-se normalidade dos dados.

Quando à homocedasticidade, utiliza-se o teste de Levene. A hipótese nula supõe homogeneidade de variâncias entre as amostras.

teste	F statistic	p.value	df	df.residual
Teste Levene de Homogeneidade	2.24147	0.1488948	2	12

De fato, obtém-se p-valor superior a 0.05, sugerindo a não rejeição de H_0.

1.5 Faça comparações entre os pares de médias pelo teste de Tukey e apresente os resultados.

Opta-se pelo teste de Tukey para comparações múltiplas de médias. Trata-se de um teste unilateral para comparação de médias entre grupos de tratamento. Sob H_0, ou seja, a igualdade entre as médias comparadas, a estatística de teste segue uma distribuição Tukey, cujos parâmetros são os graus de liberdade do resíduo e o número de comparações:

$$\frac{|\bar{y}_i. - \bar{y}_j.|}{\sqrt{\frac{\text{QMRES}}{n}}} \overset{H_0}{\sim} \text{Tukey}\left(gl.res., n^o comp.\right) \tag{5}$$

term	contrast	estimate	conf.low	conf.high	adj.p.value
tipo	II-I	7.4	-2.22898	17.0289799	0.1425885
tipo	III-I	-2.4	-12.02898	7.2289799	0.7876393
tipo	III-II	-9.8	-19.42898	-0.1710201	0.0459970

Pelo teste de Tukey, há indícios para rejeição de H_0 apenas quando comparados os grupos II e III, corroborando o resultado da análise de variâncias.

1.6 Construa um intervalo de confiança para média do circuito com menores tempos considerando gama = 0,98

tipo	media
I	20.8
II	28.2
III	18.4

O grupo de menor média de tempo é o grupo III, cuja média é de 18,4. Considerando que a comparação da média do grupo à média global é uma análise de resíduos, utiliza-se como variância QMRES, pois $E\left(\text{QMRES}\right) = \sigma^2$. Dessa forma, calcula-se o intervalo de confiança considerando $\gamma = 0,98$:

$$IC\left(\bar{y}_i.;\gamma\right) = \bar{y}_i. \pm t_{(an-a;1-\alpha/2)} \cdot \sqrt{\frac{\text{QMRES}}{n}} \tag{6}$$

$$= \bar{y}_3. \pm t_{(15-3;1-0,01)} \cdot \sqrt{\frac{32,56667}{5}} \tag{7}$$

$$= \bar{y}_3. \pm t_{(12;0,99)} \cdot \sqrt{\frac{32,56667}{5}} \tag{8}$$

$$IC\left(\bar{y}_3.;0,98\right) = 18,4 \pm 2,68 \cdot \sqrt{\frac{32,56667}{5}} \tag{9}$$

$$= 18,4 \pm 6,84 \tag{10}$$

$$= [11,55; 25,24] \tag{11}$$

2 Exercício de simulação

Faça um experimento de simulação considerando $a = 4$ tratamentos com $n = 4$ repetições e um valor de $\sigma^2 = 25$. Faça $k = 1000$ iterações em que a hipótese nula da ANOVA seja verdadeira e verifique a proporção de casos com pelo menos um erro do tipo I para os testes de comparações múltiplas de médias usando as técnicas de Tukey e Fisher e verificando se existem diferenças entre as técnicas.

Caso os testes de comparação múltipla sejam feitos apenas após o teste da anova ser significativo os resultados do item anteiror são alterados?

São realizadas 1000 iterações considerando 4 tratamentos e 4 repetições independentes cada – portanto amostras de um tamanho total de 16 unidades – advindas de distribuições normais com variância igual a 25. Dessa forma, são satisfeitos os pressupostos da hipótese nula da ANOVA e dos testes de comparações múltiplas: (1) independência, (2) normalidade e (3) homocedasticidade.

Para as amostras dos tópicos abaixo, primeiramente é gerado um seed para controlar a geração das 1000 seed únicos seguintes (cuja parte inteira apenas é considerada), usadas na geração das amostras. Assim garante-se a replicabilidade do experimento. Como todas as amostras são geradas aleatoreamente sem qualquer dependência, considera-se que são independentes. Por fim, cada amostra$_k$; $k \in \{1, 2, ..., 1000\}$ de tamanho 16 é gerada com um seed$_k$ correspondente.

2.1 Erro Tipo I em comparações múltiplas

Para realizar os testes de comparações múltiplas de médias, foram utilizadas as seguintes funções e seus testes correspondentes:

- Teste de Tukey - `TukeyHSD()`;
- Teste de Fisher - `pairwise.t.test()`, sem correção para α;
- Teste de Fisher - `pairwise.t.test(..., p.adjust.method = "bonferroni")`, utilizando a correção de Bonferroni para α.

Para o primeiro, foi observado 5.3% de ocorrência de erro tipo I. Para o segundo foi observado 194% e para o terceiro 39%.

2.2 Comparações como proteção contra Erro Tipo I

Observa-se da simulação que em 57 casos houve erro do tipo 1 considerando $\alpha = 0,05$, o que representa 5.7% dos casos. Para testar se um teste seguinte de comparações múltiplas auxiliaria em reduzir a incidência de erro tipo I, realizou-se os mesmos testes do tópico anterior apenas sobre as amostras em que houve esse erro de acordo com a ANOVA. O ganho de precisao, ou redução do erro tipo I, é exposto na tabela a seguir:

Testes	ET1.dos.testes	Redução....
Tukey	46	1.1
Fisher	57	0.0
Fisher (Bonferroni)	38	1.9

Nota-se portanto que, realizando os pós-testes de Tukey ou Fisher com correção de Bonferroni, que controlam para esse tipo de erro, é possível aumentar a precisão da análise em pelo menos 1%. Contrariamente, o teste de Fisher sem ajuste no p-valor não fornece qualquer melhoria na análise, o que é esperado pois tipicamente há inflacionamento de erro tipo I.

3 Anexo 1 - código

```
library(kableExtra)
library(broom)
library(car)
library(dplyr)

# dados questao 1
tipo <- factor(c("I", "II", "III"))
tempo <- c(19,20,16,
           22,21,15,
           20,33,18,
           18,27,26,
           25,40,17)
dados <- data.frame(tipo, tempo)

# tabela anova
tabela <- aov(tempo ~ tipo, dados)
broom::tidy(tabela)

# teste normalidade shapiro
shapiro.test(tabela$residuals) %>%
    tidy()

# teste homocedasticidade levene
car::leveneTest(tempo ~ tipo, dados) %>%
    tidy()

# teste Tukey
TukeyHSD(tabela) %>%
    tidy()

# medias dos grupos
dados %>%
    group_by(tipo)%>%
    summarise(media = mean(tempo))

#IC
gl <- 3*5 - 3 #(an - a)
alfa <- (1-0.98)/2

qt(alfa, gl)

IC <- qt(alfa, gl, lower.tail = FALSE)*sqrt(32.56667/5)
18.4+IC
18.4-IC

# questao 2 a ---------------------------------------
#seed inicial para gerar as seeds das amostras
set.seed(12)

#seeds para a geracao de amostras nas iteracoes
```

```r
random <- unique(as.integer(runif(1000, 1, 500000)))

#um vetor que receberá todos os p-valor
resultados_tukey <- 0
resultados_fisher <- 0
resultados_fisher_bonferroni <- 0

#prepara os resultados de ANOVA para o bloco seguinte:
resultados_aov <- data.frame()

#geracao das amostras e registro das ocorrencias
for (k in 1:1000){ #mil iteracoes
  set.seed(random[k]) #seleciona a seed correspondente
  amostra <- data.frame(
    trat = factor(c('I', 'II', 'III', 'IV')),
    medidas = rnorm(16, sd = 5)) #gera amostras com o seed configurado

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas TUKEY
  pvalores <- TukeyHSD(aov(medidas ~ trat, amostra))$trat[,4]
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_tukey = resultados_tukey + 1}

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas FISHER sem ajuste
  pvalores <- pairwise.t.test(amostra$medidas, amostra$trat, p.adjust.method ="none")$p.value
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_fisher = resultados_fisher + 1}

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas FISHER BONFERRONI
  pvalores <- pairwise.t.test(amostra$medidas, amostra$trat, p.adjust.method = "bonferroni")$p.value
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_fisher_bonferroni = resultados_fisher_bonferroni

  # organizacao dos dados da anova
  temp_aov <- data.frame(
    amostra = k,
    pvalor = broom::tidy( #registra p-valor na tabela
    aov(medidas~trat, data = amostra))$p.value[1]
  )

  resultados_aov <- bind_rows(resultados_aov,temp_aov)
}

# questao 2 b ---------------------------------------------
erro_tipo1 <- which(resultados_aov$pvalor <= 0.05)
n_erro_tipo_I <- length(erro_tipo1)

#um vetor que receberá todos os p-valor
resultados_tukey2 <- 0
resultados_fisher2 <- 0
resultados_fisher_bonferroni2 <- 0

#geracao das amostras e registro das ocorrencias
for (k in erro_tipo1){ #iteracoes com erro tipo 1
  set.seed(random[k]) #seleciona a seed correspondente
  amostra <- data.frame(
    trat = factor(c('I', 'II', 'III', 'IV')),
```

```r
    medidas = rnorm(16, sd = 5)) #gera amostras com o seed configurado

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas TUKEY
  pvalores <- TukeyHSD(aov(medidas ~ trat, amostra))$trat[,4]
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_tukey2 = resultados_tukey2 + 1}

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas FISHER sem ajuste
  pvalores <- pairwise.t.test(amostra$medidas, amostra$trat, p.adjust.method ="none")$p.value
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_fisher2 = resultados_fisher2 + 1}

  #vetor de pvalores do teste de comparacoes multiplas FISHER BONFERRONI
  pvalores <- pairwise.t.test(amostra$medidas, amostra$trat, p.adjust.method = "bonferroni")$p.value
  if(sum(pvalores < 0.05, na.rm = TRUE) >0){resultados_fisher_bonferroni2 = resultados_fisher_bonferron
}

tabela_erros <- data.frame(
  Testes = c("Tukey", "Fisher", "Fisher (Bonferroni)"),
  `ET1 dos testes` = c(resultados_tukey2, resultados_fisher2, resultados_fisher_bonferroni2),
  `Redução (%)` = (n_erro_tipo_I-c(resultados_tukey2, resultados_fisher2, resultados_fisher_bonferroni2)
)
```