

## Exercício de laboratorio 2

César A. Galvão - 19/0011572

2022-06-27

# Contents

<b>1</b>	<b>Questao 1</b>	<b>3</b>
1.1	Determine a forma do modelo e as hipóteses consideradas . . . . .	3
1.2	Qual a forma da estatística de teste e sua distribuição amostral? . . . . .	3
1.3	Construa a tabela de análise de variância e conclua o teste considerando $\alpha = 0,05$ . . . . .	4
1.4	Quais são as suposições adotadas para a ANOVA? Essas suposições foram satisfeitas para esse experimento? . . . . .	4
1.5	Faça comparações entre os pares de médias pelo teste de Tukey e apresente os resultados.	5
1.6	Construa um intervalo de confiança para média do circuito com menores tempos considerando $\gamma = 0,98$ . . . . .	5
<b>2</b>	<b>Exercício de simulação</b>	<b>6</b>
2.1	Erro Tipo I em comparações múltiplas . . . . .	6
2.2	Comparações como proteção contra Erro Tipo I . . . . .	6
<b>3</b>	<b>Anexo 1 - código</b>	<b>8</b>

## 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

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

em que  $\mu$  é a média geral,  $\tau_i$  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:

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

que equivale dizer

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

### 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,

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

### 1.3 Construa a tabela de análise de variância e conclua o teste considerando $\alpha = 0,05$

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:

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

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. Utiliza-se como variância QMRES, pois  $E(QMRES) = \sigma^2$ . Dessa forma, calcula-se o intervalo de confiança considerando  $\gamma = 0,98$ :

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

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

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

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

$$= 18,4 \pm 6,84 \quad (10)$$

$$= [11,55; 25,24] \quad (11)$$

## 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 anterior 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 aleatoriamente sem qualquer dependência, considera-se que são independentes. Por fim, cada amostra<sub>k</sub>;  $k \in \{1, 2, \dots, 1000\}$  de tamanho 16 é gerada com um seed<sub>k</sub> 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  $\alpha$ ;
- Teste de Fisher - `pairwise.t.test(..., p.adjust.method = "bonferroni")`, utilizando a correção de Bonferroni para  $\alpha$ .

Para o primeiro, foi observado 5.3% de ocorrência de erro tipo I. Para o segundo foi observado 19.4% e para o terceiro 3.9%.

### 2.2 Comparações como proteção contra Erro Tipo I

Observa-se da simulação da análise de variância 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 precisão, 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%. Isso significa

que, de 57 casos, reduzimos para 46 ou 38 casos em 1000. 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
```



```

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 + 1}

  # 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')),

```

```

    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_bonferroni2 + 1}
}

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)/n_erro_tipo_I)
)

```