Introdução ao uso do software R

Fernando de Pol Mayer[1] Rodrigo Sant'Ana[2]

[1]Laboratório de Estatística Ambiental (LEA)
Instituto de Matemática, Estatística e Física (IMEF)
Universidade Federal do Rio Grande (FURG)
fernando.mayer@furg.br

[2]Instituto Albatroz
oc.rodrigosantana@gmail.com

Sumário

Sumário

Distribuições de probabilidade

A maioria das distribuições de probabilidade tradicionais estão implementadas no R, e podem ser utilizadas para substituir as tabelas estatísticas tradicionais. Existem 4 itens fundamentais que podem ser calculados para cada distribuição:

- d* Calcula a densidade de probabilidade ou probabilidade pontual
- p* Calcula a função de probabilidade acumulada
- q* Calcula o quantil correspondente a uma dada probabilidade
- r* Gera números aleatórios (ou "pseudo-aleatórios")

Distribuições de probabilidade

As distribuições de probabilidade mais comuns são:

Distribuição	Nome no R	Parâmetros
Binomial	`*binom`	`size, prob`
χ^2	`*chisq`	`df`
Normal	`*norm`	`mean, sd`
Poisson	`*pois`	`lambda`
t	`*t`	`df`
Uniforme	`*unif`	`min, max`

Distribuições de probabilidade

Alguns exemplos:

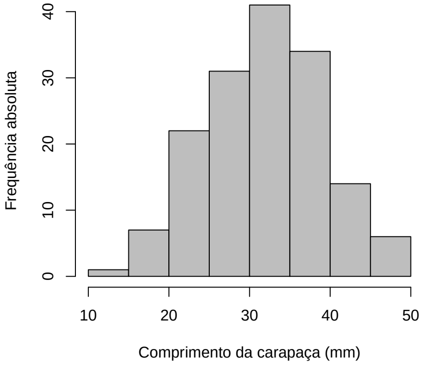
```
> # valores críticos de z com alfa = 0,05 (bilateral)
> qnorm(0.025)

[1] -1.96

> qnorm(0.975)

[1] 1.96

> # valores críticos de t com diferentes G.L.
> qt(0.025, df = 9)

[1] -2.2622

> qt(0.025,df = 900)

[1] -1.9626
```

Sumário

Base de dados

```
> dados <- read.table("../dados/crabs.csv", header = T,
                       sep = ";", dec = ",")
> str(dados)

'data.frame': 156 obs. of  7 variables:
 $ especie: Factor w/ 2 levels "azul","laranja": 1 1 1 1 1 1 1
 $ sexo   : Factor w/ 2 levels "F","M": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ FL     : num  8.1 8.8 9.2 9.6 10.8 11.6 11.8 12.3 12.6 12.8
 $ RW     : num  6.7 7.7 7.8 7.9 9 9.1 10.5 11 10 10.9 ...
 $ CL     : num  16.1 18.1 19 20.1 23 24.5 25.2 26.8 27.7 27.4
 $ CW     : num  19 20.8 22.4 23.1 26.5 28.4 29.3 31.5 31.7 31.
 $ BD     : num  7 7.4 7.7 8.2 9.8 10.4 10.3 11.4 11.4 11 ...
```

```r
> hist(dados$CL, main = "", ylab = "Frequência absoluta",
       xlab = "Comprimento da carapaça (mm)", col = "grey")
```



Procedimentos gerais para um teste de hipótese

1. Definir a hipótese nula (H_0) e a alternativa (H_1)
2. Definir um nível de **significância** α (ex.: $\alpha = 0,05$), que irá determinar o nível de **confiança** $100(1-\alpha)\%$ do teste
3. Determinar a **região de rejeição** com base no nível de significância $\rightarrow t_{crit}$
4. Calcula a **estatística de teste**, sob a hipótese nula

$$t_{calc} = \frac{\bar{y} - \mu_0}{s/\sqrt{n}}$$

5. Rejeitar a hipótese nula se a estatística de teste calculada estiver dentro da região de rejeição ($t_{calc} > t_{crit}$)
    - Alternativamente, calcula-se o p-valor, que é a probabilidade de se obter um valor de t igual ou maior do que t_{calc}

Testes de hipótese

Teste-t para uma amostra

- Testar a hipótese de que a média (μ) de CL é igual a 30 mm (com 95% de confiança)
- As hipóteses são

$$H_0 : \mu = 30$$
$$H_1 : \mu \neq 30$$

```
> t.test(dados$CL, mu = 30, alternative = "two.sided",
         conf.level = 0.95)


One Sample t-test

data:  dados$CL
t = 3.4627, df = 155, p-value = 0.0006913
alternative hypothesis: true mean is not equal to 30
95 percent confidence interval:
 30.861 33.147
sample estimates:
mean of x
   32.004
```

Detalhe: O teste pode ser armazenado em um objeto para futuras referências

```
> teste <- t.test(dados$CL, mu = 30, alternative = "two.sided",
                  conf.level = 0.95)
> names(teste)

[1] "statistic"   "parameter"   "p.value"     "conf.int"
[5] "estimate"    "null.value"  "alternative" "method"
[9] "data.name"

> teste$statistic

     t
3.4627

> teste$p.value

[1] 0.00069135
```

- Testar a hipótese de que a média (μ) de CL é menor do que 30 mm (com 95% de confiança)
- As hipóteses são

$$H_0 : \mu \leq 30$$
$$H_1 : \mu > 30$$

Testes de hipótese

Teste-t para uma amostra

```
> t.test(dados$CL, mu = 30, alternative = "greater",
         conf.level = 0.95)


One Sample t-test

data:  dados$CL
t = 3.4627, df = 155, p-value = 0.0003457
alternative hypothesis: true mean is greater than 30
95 percent confidence interval:
 31.046    Inf
sample estimates:
mean of x
   32.004
```

Testes de hipótese

Teste-t para uma amostra

- Testar a hipótese de que a média (μ) de CL é maior do que 30 mm (com 95% de confiança)
- As hipóteses são

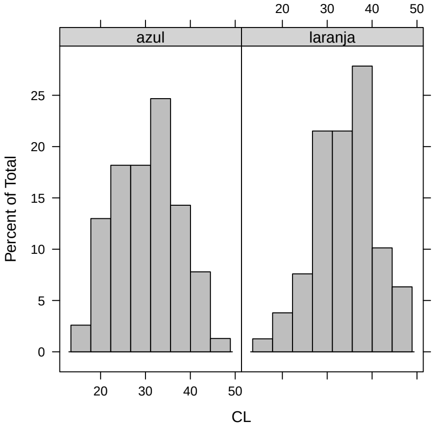
$$H_0 : \mu \geq 30$$
$$H_1 : \mu < 30$$

Testes de hipótese

Teste-t para uma amostra

```
> t.test(dados$CL, mu = 30, alternative = "less",
         conf.level = 0.95)


One Sample t-test

data:  dados$CL
t = 3.4627, df = 155, p-value = 0.9997
alternative hypothesis: true mean is less than 30
95 percent confidence interval:
   -Inf 32.961
sample estimates:
mean of x
   32.004
```

```
> require(lattice) # pacote para gráficos avançados
> histogram(~CL | especie, data = dados)
```



```
> with(dados, tapply(CL, especie, summary))

$azul
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   14.7    24.6    30.1    29.9    34.5    47.1

$laranja
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   16.7    29.4    34.5    34.1    39.2    47.6
```

Existem evidências de que uma espécie é maior do que a outra?

- Testar a hipótese de que a **diferença** entre a média de CL da espécie azul (μ_A) e a média de CL da espécie laranja (μ_L) é igual a 0 (zero) (com 95% de confiança)
- As hipóteses são

$$
\begin{aligned}
H_0 : \mu_A - \mu_L = 0 \quad &\Rightarrow \quad \mu_A = \mu_L \\
H_1 : \mu_A - \mu_L \neq 0 \quad &\Rightarrow \quad \mu_A \neq \mu_L
\end{aligned}
$$

```
> t.test(CL ~ especie, data = dados, mu = 0,
         alternative = "two.sided", conf.level = 0.95)


Welch Two Sample t-test

data:  CL by especie
t = -3.7935, df = 152.73, p-value = 0.0002135
alternative hypothesis: true difference in means is not equal t
95 percent confidence interval:
 -6.4116 -2.0204
sample estimates:
   mean in group azul mean in group laranja
               29.869                34.085
```

Testes de hipótese

Teste-t para duas amostras

- Testar a hipótese de que a **diferença** entre a média de CL da espécie azul (μ_A) e a média de CL da espécie laranja (μ_L) é **menor** do que 0 (zero) (com 95% de confiança)
- Em outras palavras: "O CL médio é menor para a espécie azul?"
- As hipóteses são

$$H_0 : \mu_A - \mu_L \leq 0 \quad \Rightarrow \quad \mu_A \leq \mu_L$$
$$H_1 : \mu_A - \mu_L > 0 \quad \Rightarrow \quad \mu_A > \mu_L$$

Testes de hipótese

Teste-t para duas amostras

```
> t.test(CL ~ especie, data = dados, mu = 0,
         alternative = "greater", conf.level = 0.95)


Welch Two Sample t-test

data:  CL by especie
t = -3.7935, df = 152.73, p-value = 0.9999
alternative hypothesis: true difference in means is greater tha
95 percent confidence interval:
 -6.0552     Inf
sample estimates:
   mean in group azul mean in group laranja
               29.869                34.085
```

Como você faria para calcular a diferença observada das médias de CL entre as duas espécies?

Exercícios

Com base no objeto `dados`:

1. Faça um histograma de CW
2. Com base no histograma, construa uma hipótese para a média de CW
    1. Teste a igualdade dessa hipótese
    2. Teste uma desigualdade dessa hipótese

    Em ambos os casos use um nível de confiança de 90%, e escreva uma frase com a sua conclusão.
3. Faça um histograma de CW para cada sexo
4. Com base nesses histogramas, construa uma hipótese para a diferença média de CW entre os sexos
    1. Teste a igualdade dessa hipótese
    2. Teste uma desigualdade dessa hipótese

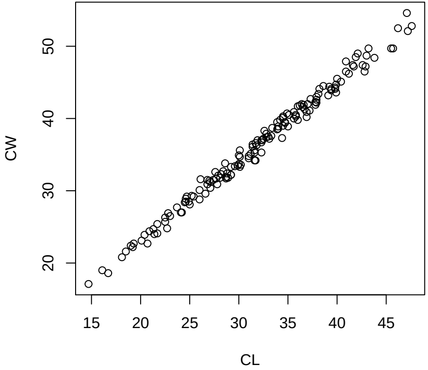
    Em ambos os casos use um nível de confiança de 90%, e escreva uma frase com a sua conclusão.

Sumário

Correlação e regressão

Vamos analisar a correlação que existe entre CL e CW

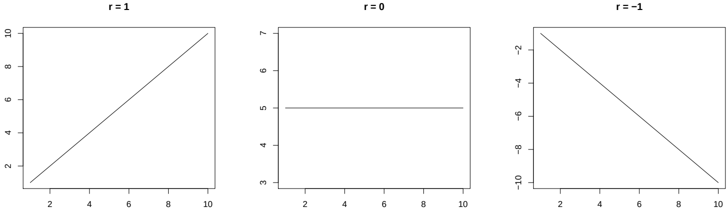
```
> plot(CW ~ CL, data = dados)
```



Correlação

A correlação entre duas variáveis é simbolizada por ρ (para a população) e r (para a amostra), e varia no intervalo $[-1, 1]$

$$r = \frac{\sum(x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum(x_i - \bar{x})^2 \sum(y_i - \bar{y})^2}}$$



Portanto, um **teste de correlação** tem as seguintes hipóteses

$$H_0 : \rho = 0$$
$$H_1 : \rho \neq 0$$

Correlação

Teste de correlação entre CL e CW

```
> cor(dados$CL, dados$CW)

[1] 0.9952

> cor.test(dados$CL, dados$CW)


Pearson's product-moment correlation

data:  dados$CL and dados$CW
t = 126.17, df = 154, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.99341 0.99650
sample estimates:
   cor
0.9952
```

Regressão

O modelo linear é definido por:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \epsilon_i$$

onde

- y é a variável resposta
- x é a variável explicativa
- β_0 é o intercepto da reta (valor de y quando $x = 0$)
- β_1 é a inclinação da reta (**efeito** de x sobre y)
- $i = 1, 2, \ldots, n$ observações
- $\epsilon \sim N(0, \sigma^2)$

Regressão

Os parâmetros β_0 e β_1 são estimados pelo **método dos mínimos quadrados**. Os resíduos são

$$\epsilon_i = y_i - (\beta_0 - \beta_1 x_i)$$

Portanto, a **soma dos quadrados dos resíduos** (SQR) é

$$SQR = \sum_{i=1}^{n} (y_i - (\beta_0 - \beta_1 x_i))^2$$

Através das derivadas da SQR em relação à β_0 e β_1 chega-se aos resultados

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum (y_i - \bar{y})(x_i - \bar{x})}{\sum (x_i - \bar{x})^2}$$

$$\hat{\beta}_0 = \bar{y} - \hat{\beta}_1 \bar{x}$$

Ajustando um modelo linear no R

```
> mod <- lm(CW ~ CL, data = dados)
> mod


Call:
lm(formula = CW ~ CL, data = dados)

Coefficients:
(Intercept)           CL
       1.19         1.10
```

Módulo III
Inferência e Modelagem

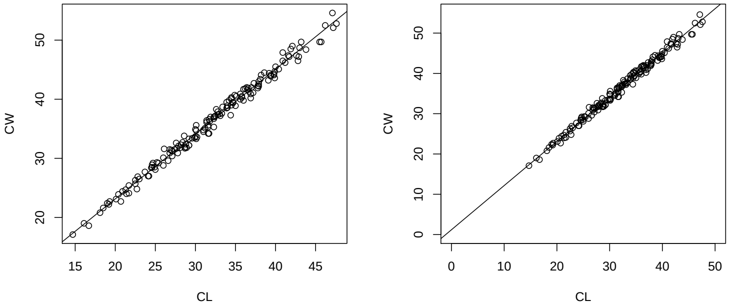
Distribuições de probabilidade
Inferência
Correlação e regressão
ANOVA
MLGs

```
> summary(mod)


Call:
lm(formula = CW ~ CL, data = dados)

Residuals:
   Min     1Q Median     3Q    Max
-1.776 -0.570  0.110  0.463  1.827

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   1.1869     0.2853    4.16  5.3e-05 ***
CL            1.0975     0.0087  126.17  < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.783 on 154 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.99,Adjusted R-squared:  0.99
F-statistic: 1.59e+04 on 1 and 154 DF,  p-value: <2e-16
```

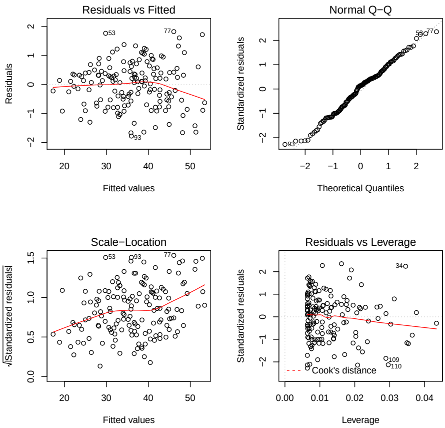
Módulo III Inferência e Modelagem

Distribuições de probabilidade
Inferência
Correlação e regressão
ANOVA
MLGs

```
> plot(CW ~ CL, data = dados)
> abline(mod)
> plot(CW ~ CL, data = dados, xlim = c(0,50), ylim = c(0,55))
> abline(mod)
```



```
> par(mfrow = c(2,2))
> plot(mod)
> par(mfrow = c(1,1))
```



Acessando os componentes do objeto mod:

```
> names(mod)

 [1] "coefficients"  "residuals"     "effects"
 [4] "rank"          "fitted.values" "assign"
 [7] "qr"            "df.residual"   "xlevels"
[10] "call"          "terms"         "model"

> names(summary(mod))

 [1] "call"          "terms"         "residuals"
 [4] "coefficients"  "aliased"       "sigma"
 [7] "df"            "r.squared"     "adj.r.squared"
[10] "fstatistic"    "cov.unscaled"
```

Exercícios

Com as colunas BD e CL do objeto `dados`

1. Faça um gráfico da relação entre estas variáveis
2. Faça um teste de correlação
3. Ajuste um modelo linear
    1. Veja o sumário
    2. Ajuste a linha do modelo no gráfico
    3. Verifique os resíduos

Qual sua conclusão?

- Existe correlação significativa? De que tipo (positiva, negativa)?
- O modelo linear descreve bem a relação entre estas duas variáveis (verifique com o valor de `Pr(>|t|)` e do R^2)
- O modelos foi bem ajustado aos dados (observe os resíduos)

Sumário

Análise de Variância

Definição: y_{ij} representa a observação j do grupo i; $\bar{y}_i$ é a média do grupo i; $\bar{y}$ é a média geral de todas as observações. As observações podem ser decompostas em

$$y_{ij} = \quad \bar{y} \quad + \quad (\bar{y}_i - \bar{y}) \quad + \quad (y_{ij} - \bar{y}_i)$$

que corresponde ao modelo

$$y_{ij} = \quad \theta \quad + \quad \mu_i \quad + \quad \epsilon_{ij}, \qquad \epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$$

A hipótese a ser testada de que todos os grupos são iguais (*i.e* médias iguais) implica que todos os μ_i são iguais:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \cdots = \mu_n$$

$$H_1 : \text{pelo menos um } \mu_i \text{ é diferente dos demais}$$

Análise de Variância

Voltando ao exemplo da diferença de CL entre as duas espécies:
$\bar{y}_A = 29.9$ e $\bar{y}_L = 34.1$

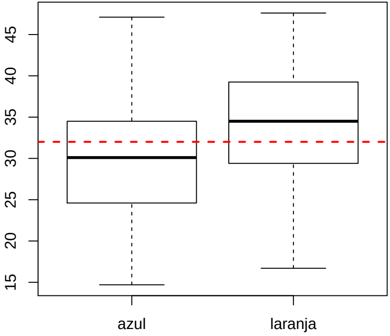
```
> with(dados, tapply(CL, especie, summary))

$azul
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   14.7    24.6    30.1    29.9    34.5    47.1

$laranja
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   16.7    29.4    34.5    34.1    39.2    47.6
```

Média geral $\bar{y} = 32$

```
> mean(dados$CL)

[1] 32.004
```

Análise de Variância

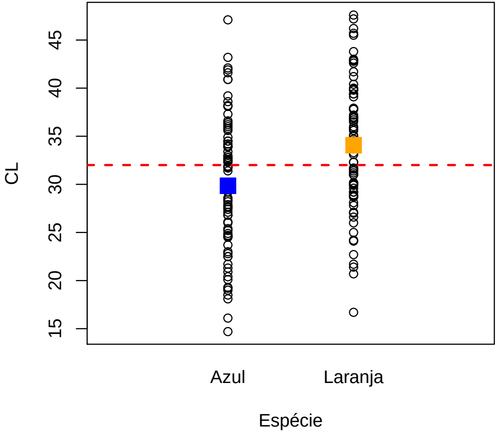
```
> boxplot(CL ~ especie, data = dados)
> abline(h = mean(dados$CL), lty = 2, col = "red", lwd = 2)
```



Módulo III
Inferência e
Modelagem

Distribuições de probabilidade
Inferência
Correlação e regressão
ANOVA
MLGs

Geometricamente

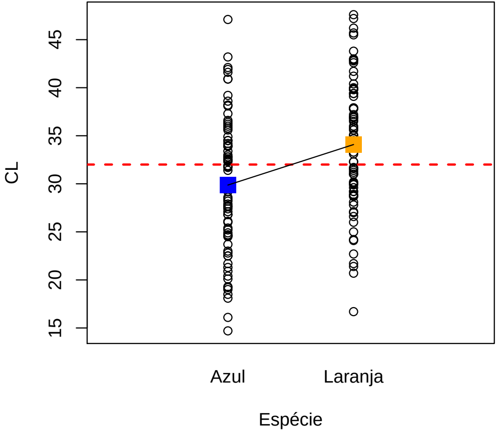


Análise de Variância

Podemos ajustar um modelo linear entre CL e espécie

```
> mod <- lm(CL ~ especie, data = dados)
> summary(mod)


Call:
lm(formula = CL ~ especie, data = dados)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-17.385  -5.019   0.273   5.019  17.231

Coefficients:
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)       29.87       0.79    37.8  < 2e-16 ***
especielaranja     4.22       1.11     3.8  0.00021 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 6.93 on 154 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.0856,Adjusted R-squared:  0.0797
F-statistic: 14.4 on 1 and 154 DF,  p-value: 0.00021
```

Ajustando o modelo



Você lembra do teste-t feito anteriormente?

```
> teste <- t.test(CL ~ especie, data = dados, mu = 0,
                  alternative = "two.sided", conf.level = 0.95)
> teste


Welch Two Sample t-test

data:  CL by especie
t = -3.7935, df = 152.73, p-value = 0.0002135
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -6.4116 -2.0204
sample estimates:
   mean in group azul mean in group laranja
               29.869                34.085
```

Análise de Variância

Notou a relação?

```
> summary(mod)$coefficients

                Estimate Std. Error t value   Pr(>|t|)
(Intercept)       29.869     0.7902 37.7990 8.1924e-80
especielaranja     4.216     1.1104  3.7968 2.1042e-04

> teste$p.value

[1] 2.1352e-04

> teste$estimate

   mean in group azul mean in group laranja
               29.869                34.085

> diff(teste$estimate)

mean in group laranja
                4.216
```

Análise de Variância

A ANOVA vai testar apenas a hipótese inicial

$$H_0 : \mu_A = \mu_L$$
$$H_1 : \mu_A \neq \mu_L$$

```
> anova(mod)

Analysis of Variance Table

Response: CL
           Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
especie     1    693     693    14.4 0.00021 ***
Residuals 154   7404      48
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Aqui a única conclusão é de que os μ_i não são iguais (mas você não sabe quanto e nem quais!)

Análise de Variância

Se olharmos apenas o resultado da ANOVA, podemos prosseguir com a análise fazendo um teste *a posteriori* para verificarmos quais são os grupos que diferem entre si. Um deles é o teste de Tukey

```
> mod.anova <- aov(CL ~ especie, data = dados)
> TukeyHSD(mod.anova)

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

Fit: aov(formula = CL ~ especie, data = dados)

$especie
              diff    lwr    upr   p adj
laranja-azul 4.216 2.0224 6.4096 0.00021
```

Análise de Variância

Porque então fazer uma ANOVA???

- Quando formos comparar a média de mais de 2 grupos
- Não é possível fazer um teste-t para mais de 2 grupos
- Por exemplo, com 3 grupos (A, B, C) teríamos que fazer 3 comparações (A:B, A:C, B:C)
  - Com um nível de confiança de 95% ($\alpha = 0.05$) para cada teste, os 3 testes teriam um nível de confiança $(1 - \alpha)^3$
  - Portanto $(1 - 0.05)^3 = (0.95)^3 = 0.85$
  - Isso implica que quanto mais comparações forem feitas, menor será seu nível de confiança no resultado dos testes.

Sumário

Modelos Lineares Generalizados

Nelder e Wedderburn (1972) mostraram que uma série de técnicas estatísticas podem ser formuladas de forma unificada, como uma classe de modelos de regressão. A essa teoria, uma extensão dos modelos clássicos de regressão, deram o nome de **Modelos Lineares Generalizados**.

$$\text{Teste-t} \subset \text{ANOVA} \subset \text{ANCOVA*} \subset \text{ML} \subset \text{ML-MULT*} \subset \text{MLG}$$

- Teste-t: compara uma ou duas médias
- ANOVA: compara 2 ou mais médias (fator)
- ANCOVA: compara 2 ou mais médias (fator) + variáveis numéricas
- ML: regressão de y (numérico) em função de um único x (numérico ou fator)
- ML-MULT: regressão de y (numérico) em função de mais de um x (numéricos ou fatores)
- MLG: Similar ao ML-MULT, mas extende o modelo para que y possa ser um fator ou ter uma distribuição diferente da normal.

Modelos Lineares Generalizados

Os MLGs são formados por três componentes:

1. **Componente aleatório**: a variável resposta do modelo, com distribuição pertencente à família de distribuições exponencial.
2. **Componente sistemático**: as variáveis explicativas, que entram na forma de uma estrutura linear.
3. **Função de ligação**: função que liga os componentes aleatório e sistemático.

Modelos Lineares Generalizados

De maneira geral, os MLGs descrevem a relação entre a variável resposta y_i $(i = 1, \ldots, n)$ através de preditores x_i. A média de y_i condicionada aos preditores x_i é

$$E(y_i|x_i) = \mu_i$$

e existe uma transformação de μ_i de forma que

$$g(\mu_i) = x_i^T \beta$$

onde $g(\cdot)$ é uma função de ligação conhecida, e β é o vetor de parâmetros a ser estimado.

Distribuições da família exponencial e funções de ligação (P = link padrão)

Link	binomial	poisson	negative binomial	Gamma	gaussian	inverse gaussian
logit	P					
probit	•					
cloglog	•					
identity		•	•	•	P	
inverse				P		
log		P	P	•		
1/mu^2						P
sqrt		•	•			

Modelos Lineares Generalizados

Para ajustar um MLG usamos a função `glm()`

```
> mod.glm <- glm(CL ~ especie, data = dados,
                 family = gaussian(link = "identity"))
> summary(mod.glm)


Call:
glm(formula = CL ~ especie, family = gaussian(link = "identity"),
    data = dados)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-17.385   -5.019    0.273    5.019   17.231

Coefficients:
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)       29.87       0.79    37.8  < 2e-16 ***
especielaranja     4.22       1.11     3.8  0.00021 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 48.08)
```

Quando existe mais de uma variável resposta (y)? **Métodos multivariados**!

Exercícios

Com o objeto dados

1. Faça um boxplot de CW por sexo
2. Faça um teste-t para testar se existe diferença entre as médias de CW para machos e fêmeas
3. Ajuste um modelo linear para testar essa mesma hipótese
4. Faça uma ANOVA e o teste de Tukey

Qual sua conclusão?