

trabalho 8

higor lucas de Araujo Freitas

2024-10-15

Enunciado

Em um estudo sobre hábitos alimentares, os pesquisadores investigaram seis dietas diferentes e seus efeitos sobre a perda de peso, com dois grupos principais de dietas: **1.Dietas com Baixo Teor de Carboidratos:** - Dieta Cetogênica - Dieta Atkins - Dieta Paleo

2.Dietas com Baixo Teor de Gorduras: - Dieta Vegetariana - Dieta Mediterrânea - Dieta DASH

Cada dieta foi aplicada a 12 indivíduos, e a perda de peso (em kg) foi medida após 3 meses. O objetivo da análise é:

```
dados <- data.frame( Dieta = rep(c("Cetogenica", "Atkins", "Paleo", "Vegetariana", "Mediterranea", "DASH"), 12),
  Perda_Peso = c(8.5, 7.9, 8.2, 9.0, 8.8, 8.6, 8.7, 9.1, 8.9, 9.2, 9.0, 9.3,
7.5, 7.8, 7.7, 8.1, 7.9, 7.6, 7.4, 7.5, 7.8, 7.7, 7.9, 7.6,
9.1, 9.2, 9.0, 9.3, 9.4, 9.1, 9.3, 9.2, 9.0, 9.4, 9.5, 9.1,
6.1, 6.3, 6.5, 6.7, 6.6, 6.4, 6.2, 6.8, 6.9, 6.5, 6.7, 6.6,
7.0, 7.2, 7.1, 7.5, 7.3, 7.4, 7.2, 7.1, 7.3, 7.5, 7.2, 7.4,
6.2, 6.0, 5.9, 6.1, 6.3, 6.1, 6.4, 6.5, 6.3, 6.4, 6.0, 6.2))
```

1. Verificar se as suposições de normalidade e homogeneidade de variância são atendidas.

```
# Definir a ordem dos fatores
dados$Dieta <- factor(dados$Dieta,
  levels = c("Cetogenica", "Atkins", "Paleo", "Vegetariana", "Mediterranea", "DASH"))

# Mostrar os níveis do fator
levels(dados$Dieta)
```

```
## [1] "Cetogenica" "Atkins" "Paleo" "Vegetariana" "Mediterranea"
## [6] "DASH"
```

```
# Ajustar o modelo ANOVA
anova_model <- aov(Perda_Peso ~ Dieta, data = dados)

# Obter os resíduos
residuos <- residuals(anova_model)

# Carregar a biblioteca para o teste Anderson-Darling
library(nortest)

# Teste de normalidade dos resíduos
```

```
ad_test <- ad.test(residuos)
# Se p-value > 0.05, podemos considerar que os dados seguem uma distribuição normal.
print(ad_test)
```

```
##
## Anderson-Darling normality test
##
## data:  residuos
## A = 0.33647, p-value = 0.4979
```

```
# Carregar a biblioteca car para o teste de Levene
library(car)
```

```
## Carregando pacotes exigidos: carData
```

```
# Teste de Levene para homogeneidade de variância
homocedasticidade <- leveneTest(Perda_Peso ~ Dieta, data = dados)
# Se P-value > 0.05 indica que não rejeitamos a hipótese nula. Isso significaria que não há evidências .
print(homocedasticidade)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##      Df F value Pr(>F)
## group 5  2.7795 0.02442 *
##      66
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Executar ANOVA
anova_summary <- summary(anova_model)
print(anova_summary)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Dieta      5  86.54   17.31   289.8 <2e-16 ***
## Residuals 66   3.94    0.06
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Definir os contrastes
```

```
# Definir os 5 contrastes
```

```
contraste1 <- c(1, 1, 1, -1, -1, -1) # Baixo Carboidrato vs Baixo Gordura
contraste2 <- c(2, -1, -1, 0, 0, 0)  # Cetogênica vs Atkins e Paleo
contraste3 <- c(0, 0, 0, 2, -1, -1)  # Vegetariana vs Mediterrânea e DASH
contraste4 <- c(0, 0, 0, 0, 1, -1)    # Mediterrânea vs DASH
contraste5 <- c(1, 0, 0, -1, 0, 0)    # Cetogênica vs Vegetariana
```

```
# Aplicar os contrastes ao modelo
```

```
contrasts(dados$Dieta) <- cbind(contraste1, contraste2, contraste3, contraste4, contraste5)
```

```
# Realizar ANOVA com os contrastes definidos
```

```
anova_contrastes <- aov(Perda_Peso ~ Dieta, data = dados)

# Resumo dos resultados da ANOVA com contrastes
summary(anova_contrastes, split = list(Dieta = list("Carboidratos vs Gorduras" = 1,
"Cetogênica vs Outras Carboidratos" = 2,
"Vegetariana vs Outras Gorduras" = 3,
"Mediterrânea vs DASH" = 4,
"Cetogênica vs Vegetariana" = 5)))
```

```
##                               Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Dieta                        4   72.89    18.22  69.405 < 2e-16
##   Dieta: Carboidratos vs Gorduras      1   64.98    64.98 247.478 < 2e-16
##   Dieta: Cetogênica vs Outras Carboidratos 1    0.74     0.74   2.819  0.0978
##   Dieta: Vegetariana vs Outras Gorduras    1    0.35     0.35   1.322  0.2542
##   Dieta: Mediterrânea vs DASH             1    6.83     6.83  26.000 3.01e-06
##   Dieta: Cetogênica vs Vegetariana        1
## Residuals                        67   17.59     0.26
##
## Dieta                        ***
##   Dieta: Carboidratos vs Gorduras      ***
##   Dieta: Cetogênica vs Outras Carboidratos .
##   Dieta: Vegetariana vs Outras Gorduras
##   Dieta: Mediterrânea vs DASH          ***
##   Dieta: Cetogênica vs Vegetariana
## Residuals
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Número de contrastes
```

```
k <- 5
```

```
# Obter o número de graus de liberdade residual
```

```
df_residual <- anova_contrastes$df.residual
```

```
# Obter as médias dos grupos
```

```
media_cetogenica <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "Cetogenica"])
```

```
media_atkins <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "Atkins"])
```

```
media_paleo <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "Paleo"])
```

```
media_vegetariana <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "Vegetariana"])
```

```
media_mediterranea <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "Mediterranea"])
```

```
media_dash <- mean(dados$Perda_Peso[dados$Dieta == "DASH"])
```

```
# Calcular as médias dos contrastes
```

```
media_contraste1 <- (media_cetogenica + media_atkins + media_paleo ) - (media_vegetariana + media_mediterranea + media_dash)
```

```
media_contraste2 <- media_cetogenica - (media_atkins + media_paleo)
```

```
media_contraste3 <- media_vegetariana - (media_mediterranea + media_dash)
```

```
media_contraste4 <- media_mediterranea - media_dash
```

```
media_contraste5 <- media_cetogenica - media_vegetariana
```

```

# Calcular o número de observações em cada grupo
n <- table(dados$Perda_Peso)

# Calcular a soma dos quadrados do modelo para cada contraste
ssr1 <- (media_contraste1^2) / sum((contraste1^2) / n)

## Warning in (contraste1^2)/n: comprimento do objeto maior não é múltiplo do
## comprimento do objeto menor

ssr2 <- (media_contraste2^2) / sum((contraste2^2) / n)

## Warning in (contraste2^2)/n: comprimento do objeto maior não é múltiplo do
## comprimento do objeto menor

ssr3 <- (media_contraste3^2) / sum((contraste3^2) / n)

## Warning in (contraste3^2)/n: comprimento do objeto maior não é múltiplo do
## comprimento do objeto menor

ssr4 <- (media_contraste4^2) / sum((contraste4^2) / n)

## Warning in (contraste4^2)/n: comprimento do objeto maior não é múltiplo do
## comprimento do objeto menor

ssr5 <- (media_contraste5^2) / sum((contraste5^2) / n)

## Warning in (contraste5^2)/n: comprimento do objeto maior não é múltiplo do
## comprimento do objeto menor

# Extrair o MS residual
summary_anova <- summary(anova_contrastes)
ms_residual <- summary_anova[[1]][["Mean Sq"]][2]

# Calcular os valores F para cada contraste
f_value1 <- ssr1 / ms_residual
f_value2 <- ssr2 / ms_residual
f_value3 <- ssr3 / ms_residual
f_value4 <- ssr4 / ms_residual
f_value5 <- ssr5 / ms_residual

# Aplicar correção de Bonferroni ao nível de significância
alpha <- 0.05 / 4

# Calcular os valores-p associados
p_value1 <- pf(f_value1, df1 = 1, df2 = df_residual, lower.tail = FALSE)
p_value2 <- pf(f_value2, df1 = 1, df2 = df_residual, lower.tail = FALSE)
p_value3 <- pf(f_value3, df1 = 1, df2 = df_residual, lower.tail = FALSE)

```

```

p_value4 <- pf(f_value4, df1 = 1, df2 = df_residual, lower.tail = FALSE)
p_value5 <- pf(f_value5, df1 = 1, df2 = df_residual, lower.tail = FALSE)

# Exibir os resultados com correção de Bonferroni
cat("Resultado do contraste 1: p-value =", p_value1, " - Significativo?", p_value1 < alpha, "\n")

## Resultado do contraste 1: p-value = 0.0168249 - Significativo? FALSE

cat("Resultado do contraste 2: p-value =", p_value2, " - Significativo?", p_value2 < alpha, "\n")

## Resultado do contraste 2: p-value = 0.0009026222 - Significativo? TRUE

cat("Resultado do contraste 3: p-value =", p_value3, " - Significativo?", p_value3 < alpha, "\n")

## Resultado do contraste 3: p-value = 0.00803472 - Significativo? TRUE

cat("Resultado do contraste 4: p-value =", p_value4, " - Significativo?", p_value4 < alpha, "\n")

## Resultado do contraste 4: p-value = 0.3951623 - Significativo? FALSE

cat("Resultado do contraste 5: p-value =", p_value5, " - Significativo?", p_value5 < alpha, "\n")

## Resultado do contraste 5: p-value = 0.1343634 - Significativo? FALSE

# Usando o Método Scheffé

# Usando o Método Scheffé

library(emmeans)

## Welcome to emmeans.
## Caution: You lose important information if you filter this package's results.
## See '? untidy'

em_means <- emmeans(anova_model, "Dieta")
contrast(em_means, "pairwise", adjust = "scheffe") # Saída Pairwise

```

## contrast	estimate	SE	df	t.ratio	p.value
## Cetogenica - Atkins	1.058	0.0998	66	10.608	<.0001
## Cetogenica - Paleo	-0.450	0.0998	66	-4.510	0.0028
## Cetogenica - Vegetariana	2.242	0.0998	66	22.469	<.0001
## Cetogenica - Mediterranea	1.500	0.0998	66	15.035	<.0001
## Cetogenica - DASH	2.567	0.0998	66	25.726	<.0001
## Atkins - Paleo	-1.508	0.0998	66	-15.118	<.0001
## Atkins - Vegetariana	1.183	0.0998	66	11.861	<.0001
## Atkins - Mediterranea	0.442	0.0998	66	4.427	0.0036
## Atkins - DASH	1.508	0.0998	66	15.118	<.0001
## Paleo - Vegetariana	2.692	0.0998	66	26.979	<.0001

```
## Paleo - Mediterranea      1.950 0.0998 66 19.545 <.0001
## Paleo - DASH              3.017 0.0998 66 30.237 <.0001
## Vegetariana - Mediterranea -0.742 0.0998 66 -7.434 <.0001
## Vegetariana - DASH        0.325 0.0998 66 3.258 0.0736
## Mediterranea - DASH       1.067 0.0998 66 10.691 <.0001
##
## P value adjustment: scheffe method with rank 5
```

```
contraste1 <- c(1, 1, 1, -1, -1, -1) # Baixo Carboidrato vs Baixo Gordura
contraste2 <- c(2, -1, -1, 0, 0, 0)  # Cetogênica vs Atkins e Paleo
contraste3 <- c(0, 0, 0, 2, -1, -1)  # Vegetariana vs Mediterrânea e DASH
contraste4 <- c(0, 0, 0, 0, 1, -1)    # Mediterrânea vs DASH
contraste5 <- c(1, 0, 0, -1, 0, 0)    # Cetogênica vs Vegetariana
# Define contrastes
contrasts_list <- list(
  "Baixo Carboidrato vs Baixo Gordura" = c(1, 1, 1, -1, -1, -1),
  "Cetogênica vs Atkins e Paleo" = c(2, -1, -1, 0, 0, 0),
  "Vegetariana vs Mediterrânea e DASH" = c(0, 0, 0, 2, -1, -1),
  "Mediterrânea vs DASH" = c(0, 0, 0, 0, 1, -1),
  "Cetogênica vs Vegetariana" = c(1, 0, 0, -1, 0, 0)
)
# Aplica contrastes
contrast_results <- contrast(em_means, contrasts_list)
print(contrast_results)
```

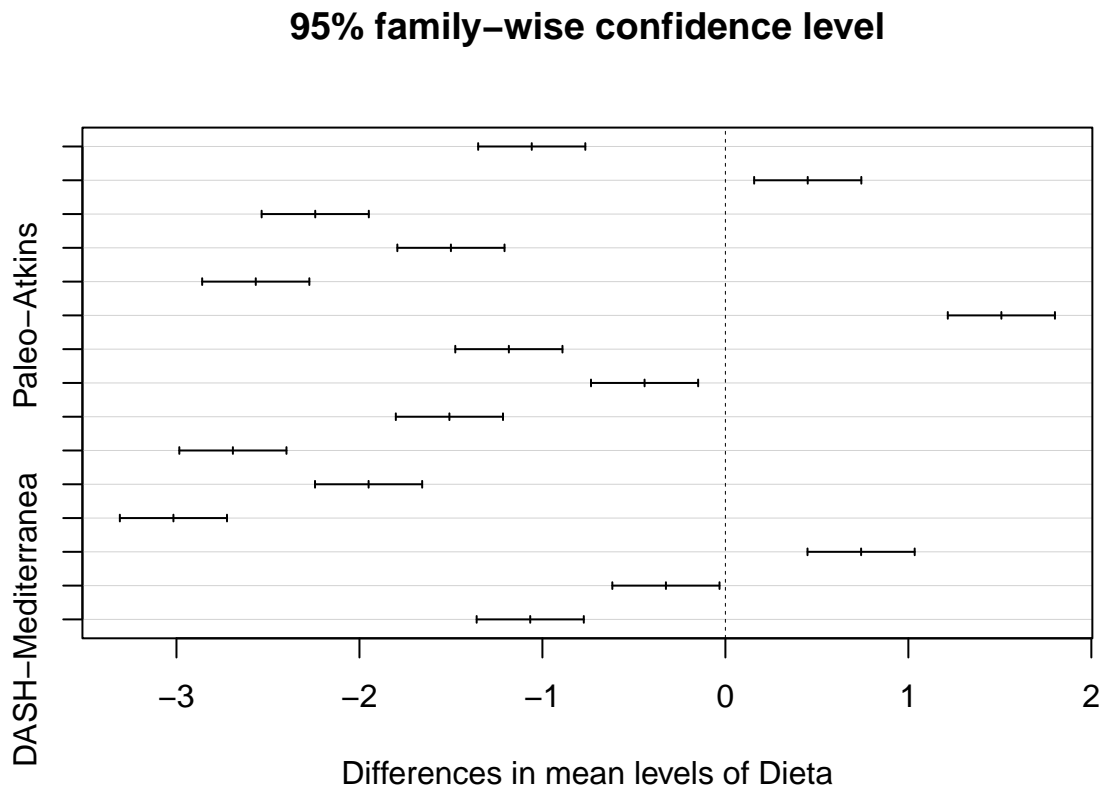
```
## contrast      estimate      SE df t.ratio p.value
## Baixo Carboidrato vs Baixo Gordura      5.700 0.1730 66 32.985 <.0001
## Cetogênica vs Atkins e Paleo            0.608 0.1730 66 3.520 0.0008
## Vegetariana vs Mediterrânea e DASH     -0.417 0.1730 66 -2.411 0.0187
## Mediterrânea vs DASH                   1.067 0.0998 66 10.691 <.0001
## Cetogênica vs Vegetariana              2.242 0.0998 66 22.469 <.0001
```

```
# Teste de Tukey
tukey_test <- TukeyHSD(anova_model)
print(tukey_test)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = Perda_Peso ~ Dieta, data = dados)
##
## $Dieta
##          diff      lwr      upr      p adj
## Atkins-Cetogenica -1.0583333 -1.3511626 -0.76550407 0.0000000
## Paleo-Cetogenica  0.4500000  0.1571707  0.74282926 0.0003791
## Vegetariana-Cetogenica -2.2416667 -2.5344959 -1.94883741 0.0000000
## Mediterranea-Cetogenica -1.5000000 -1.7928293 -1.20717074 0.0000000
## DASH-Cetogenica -2.5666667 -2.8594959 -2.27383741 0.0000000
## Paleo-Atkins      1.5083333  1.2155041  1.80116259 0.0000000
## Vegetariana-Atkins -1.1833333 -1.4761626 -0.89050407 0.0000000
## Mediterranea-Atkins -0.4416667 -0.7344959 -0.14883741 0.0005085
```

```
## DASH-Atkins          -1.5083333 -1.8011626 -1.21550407 0.0000000
## Vegetariana-Paleo   -2.6916667 -2.9844959 -2.39883741 0.0000000
## Mediterranea-Paleo  -1.9500000 -2.2428293 -1.65717074 0.0000000
## DASH-Paleo          -3.0166667 -3.3094959 -2.72383741 0.0000000
## Mediterranea-Vegetariana 0.7416667 0.4488374 1.03449593 0.0000000
## DASH-Vegetariana     -0.3250000 -0.6178293 -0.03217074 0.0210487
## DASH-Mediterranea    -1.0666667 -1.3594959 -0.77383741 0.0000000
```

```
# Visualizar o gráfico de Tukey
plot(tukey_test)
```



```
# Teste de Kruskal-Wallis
kruskal_test <- kruskal.test(Perda_Peso ~ Dieta, data = dados)
print(kruskal_test)
```

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data: Perda_Peso by Dieta
## Kruskal-Wallis chi-squared = 66.828, df = 5, p-value = 4.678e-13
```

```
pairwise.wilcox.test(dados$Perda_Peso, dados$Dieta,
                     p.adjust.method = "bonferroni")
```

```
## Warning in wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...): não é possível
## computar o valor de p exato com o de desempate
```

