## set seed and path, load libraries

path<- ("c:/users/USER/jeewon")

setwd(path)

library(MASS)

library(lme4)

## load files

**dat**<- read.table("fixed.txt", header=T) ---maximal model and just random intercept model (EST, SE)

**dat2**<- read.table("ll.txt", header=T) ----- loglikelihood of every model

***####* 1. Maximal model (M1)** --- **M1(maximal model)의 bias, RMSE,**

**그리고 Wald검정에서는 estimate한 값 검정.**

**LRT는 두모형비교시 사용 -> M1.null & M1 비교.**

**즉, 기본적으로 null model과 비교하여 유의한 차**

**이를 보이는지)**

**## 1.1. bias (abolute difference)**

b1 = 0 ## fixed effect magnitude(0, 25).

bias.max = mean(dat$m1est) - b1 ----- 1개

**## 1.2. RMSE**

rmse.max = sd(dat$m1est - b1) --------- 1개

**## 1.3. Type 1 error rate or Power**

**### 1.3.1. Wald test (Wald 검정)**

t.max = dat$m1est/dat$m1se **# t값 1000개**

wald.sig.max = ifelse(t.max>qnorm(0.975),1,0) **# significant하면 1 아니면 0 (1000개)**

**wald.rate.max** = mean(wald.sig.max) **# 1과 0의 Proportion**

------------------------------------------------------------------------------------------------

**### 1.3.2. LRT**

***deviance.max*** <- **-2**\*(dat2$ll.m1.null-dat2$ll.m1) <--- (1000개)

LRT.sig.max <- ifelse(deviance.max>**qchisq**(.95,1),1,0) **# significant하면 1 아니면 0 (1000개)**

**LRT.rate.max** = mean(LRT.sig.max) **# 1과 0의 Proportion (%)**

***#### 2. Model comparison*** <**--- m1 & m2 비교**

**### 2.0. LRT for model selection <-- m1(maximal model)과 m2중 하나 선택**

deviance<- -2\*(dat2$ll.m1-dat2$ll.m2) ------ 1000개

select.m1<- ifelse(deviance>qchisq(.95 ,1),1,0) <---- **0.05보다 작을 때**

**maximal model(m1)이면 1 M2이면 0**

**√b1est.final<- ifelse(deviance>qchisq(.95 ,1), dat$m1est, dat$m2est) -->위에 선택된 모델에 따**

**라 0.05보다 작을 때**

**mX.est (1000개)**

**√b1se.final<- ifelse(deviance>qchisq(.95 ,1), dat$m1se,dat$m2se) --> 0.05보다 작을 때**

**mX.se(1000개)**

## **2.1. bias (model comparison)**

bias.MC= mean(b1est.final) - b1 ---- 평균

## **2.2. RMSE (model comparison)**

rmse.MC= sd(b1est.final-b1) ---- 표준편차

## **2.3. Type 1 error rate or Power**

**### 2.3.1**. **Wald test**

t.MC=b1est.final/b1se.final <--- 선택된 모델에서 **1000개의 t값**

wald.sig.MC= ifelse(t.MC>qnorm(.975),1,0) **# 선택된 모델(b1) t값이 significant하면 1 아니면 0**

**wald.rate.MC** = mean(wald.sig.MC) **# 1과 0의 Proportion %**

**### 2.3.2. LRT <----** (**각각의 null model**과의 비교하여 **m1과 m2중 선택**)

**deviance.MC**<- ifelse(deviance>qchisq(.95,1), -2\*(dat2$ll.m1.null-dat2$ll.m1),

-2\*(dat2$ll.m2.null-dat2$ll.m2)) **<--- 0.05보다 작으면 m1모델 크면 m2모델**

**LRT.sig.MC** <- ifelse(deviance.MC>qchisq(.95,1),1,0) **<--- 선택된 모델이 significant하면 1 or 0**

**LRT.rate.MC** = mean(LRT.sig.MC) **<---** **# 1과 0의 Proportion**

***## summary*  --- Maximal model과 Model comparison의 “Type 1 error rate & Power”**

table <- numeric(0)

table<- c(**bias.max**, **bias.MC**, **rmse.max**, **rmse.MC**, **wald.rate.max**, **wald.rate.MC**,

**LRT.rate.max**,**LRT.rate.MC**)

table

~~type 1 error rate: m1.null & m2.null에서 유의미한 효과를 보이는 모델의 비율.~~

~~power: 고정효과가 존재하는 비율에서 유의미한 효과를 보이는 모델의 비율.~~