

Package ‘BIMG’

August 9, 2022

Title Bootstrap tools for Inhibition of Mycelial Growth Percentage

Version 0.0.1.0000

Description BIMG offers functionality on bootstrap techniques especially for experiments related to inhibition of mycelial growth percentage. BIMG provides plug-in estimates, inhibition of mycelial growth percentage based on a control treatment, treatment contrast matrices, confidence intervals, data simulation, coverage rate for confidence intervals and data visualization.

License GPL-3

Encoding UTF-8

Roxygen list(markdown = TRUE)

RoxygenNote 7.2.1

R topics documented:

beta.par	2
boot.pic1	3
boot.pic2	4
bstrap	5
CI.boot	6
CoRa	7
fMcomp	9
fMpar	10
fPICp	11
M.extract	12
multi.ss	13
pic.contrast	14
sample.simul	15
trat.contrast	16
Index	18

beta.par	<i>Retorna os parametros "a" e "b" da distribuicao beta a partir da media e variancia desejadas</i>
----------	---

Description

Retorna os parametros "a" e "b" da distribuicao beta a partir da media e variancia desejadas. Os valores para media e variancia podem ser restritos a valores que gerem parametros que pertençam ao espaço paramétrico ($a > 0$, $b > 0$).

Usage

```
beta.par(mu, v)
```

Arguments

mu	Valor esperado desejado da distribuicao beta.
v	Variancia desejada da distribuicao beta.

Details

O valor esperado (ou media) da distribuicao beta deve ser um valor no intervalo (0,1). A variancia da distribuicao beta deve ser um valor positivo.

F-01 - beta.par Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

#' Inserir referencias de como e a distribuicao beta, fdp, esperança e variancia, alem de como resolver o sistema.

Value

Os parametros a e b da distribuicao beta a partir de valores de mu e v desejados e informados como argumentos.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos; Silvio S. Zocchi.

See Also

[beta](#), [rbeta](#)

Examples

```
beta.par(mu = -0.1, v = 0.01)
```

```
beta.par(mu = 1.1, v = 0.01)
```

```
beta.par(mu = 0.1, v = -0.01)
```

```
beta.par(mu = 0.1, v = 1)
```

```
beta.par(mu = 0.1, v = 0.01)
```

boot.pic1*Calcula a PIC por meio de bootstrap*

Description

Calcula a porcentagem de inibicao do crescimento micelial de tratamentos em relacao a um controle, por meio de bootstrap.

Usage

```
boot.pic1(x, INDEX, FUN, Control, B, print.matrixes = F)
```

Arguments

x	Vetor numerico com dados referentes ao diametro das colonias fungicas do controle e dos tratamentos.
INDEX	Vetor de identificacao dos tratamentos.
FUN	Funcao a ser aplicada ao vetor x.
Control	Vetor numerico com dados referentes ao diametro das colonias fungicas do controle.
B	Numero de amostras bootstrap a serem geradas.
print.matrixes	Logico. Se print.matrixes==T, retorna as matrizes MB.C, MS.C, Mtrat e Mvalues, em caso contrario, retorna apenas a matriz Mvalues.

Details

Calcula a porcentagem de inibicao do crescimento micelial de tratamentos em relacao ao controle, por meio de bootstrap. Reamostra com reposicao n_i elementos a partir do vetor x, em que n_i e o tamanho amostral do tratamento i, gerando B amostras bootstrap independentes. A porcentagem de inibicao do crescimento micelial e dada pela expressao $PIC = 1 - T_i/C_m$ (FONTE, ANO).

F-08 - boot.pic1 Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Retorna uma lista de matrizes, constituídas por: MB.C : Matriz de dimensao B por n, em que as linhas correspondem as amostras bootstrap geradas a partir do vetor Control, contendo n elementos, dispostos nas colunas.

MS.C : Matriz de dimensao 1 por B, em que as colunas correspondem a estatistica de interesse estimada para cada amostra bootstrap.

Mtrat : Lista de matrizes de dimensao B por n_i , em que as linhas correspondem as amostras bootstrap geradas a partir dos I tratamentos, contendo n_i elementos, dispostos nas colunas.

Mvalues : Matriz de dimensao I por B, em que as linhas correspondem aos I tratamentos e as colunas correspondem as porcentagens de inibicao do crescimento micelial dos tratamentos em relacao ao controle, estimadas a partir das amostras bootstrap de MS.C e Mtrat.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[bstrap](#), [boot.pic2](#)

Examples

```
Diam <- c(74.07, 75.69, 77.94, 81.00,
          65.79, 68.13, 61.47, 62.73,
          47.16, 50.76, 48.69, 43.83,
          48.10, 48.60, 47.52, 43.92,
          77.85, 76.68, 74.07, 74.25)

id <- rep(c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4"), e = 4)

boot.pic1 (x = Diam, INDEX = id, FUN = bstrap,
          Control = Diam[1:4], B = 100, print.matrixes = TRUE)
```

boot.pic2

Calcula a PIC por meio de bootstrap, para multiplos bancos de dados

Description

Calcula a porcentagem de inibicao do crescimento micelial de tratamentos em relacao a um controle, por meio de bootstrap, para multiplos bancos de dados. Util para estudos de simulacao.

Usage

```
boot.pic2(dados, B, nc, print.matrixes = F)
```

Arguments

dados	Lista de data.frames, contendo vetor de identificacao dos tratamentos e vetor numerico com diametro das colonias fungicas do controle e dos tratamentos. Os dados referentes ao controle devem ser os primeiros valores nos data.frames.
B	Numero de amostras bootstrap a serem geradas.
nc	Tamanho amostral do controle.
print.matrixes	Logico. Se print.matrixes==T, retorna listas com as matrizes MB.C, MS.C, Mtrat e Mvalues, em caso contrario, retorna apenas listas com as matrizes Mvalues.

Details

Calcula a porcentagem de inibicao do crescimento micelial de tratamentos em relacao ao controle, por meio de bootstrap. Generalizao da funcao boot.pic1 para listas com multiplos bancos de dados. Reamostra com reposicao n_i elementos a partir do vetor x , em que n_i e o tamanho amostral do tratamento i , gerando B amostras bootstrap independentes. A porcentagem de inibicao do crescimento micelial e dada pela expressao $PIC = 1 - Ti/Cm$ (FONTE, ANO).

F-09 - boot.pic2 Ultima edicao/atualizacao: 15/05/2022

Value

Retorna uma lista de matrizes para cada banco de dados, constituídas por: MB.C : Matriz de dimensao B por n, em que as linhas correspondem as amostras bootstrap geradas a partir do vetor Control, contendo n elementos, dispostos nas colunas.

MS.C : Matriz de dimensao 1 por B, em que as colunas correspondem a estatistica de interesse estimada para cada amostra bootstrap.

MTrat : Lista de matrizes de dimensao B por n_i, em que as linhas correspondem as amostras bootstrap geradas a partir dos I tratamentos, contendo n_i elementos, dispostos nas colunas.

Mvalues : Matriz de dimensao I por B, em que as linhas correspondem aos I tratamentos e as colunas correspondem as porcentagens de inibicao do crescimento micelial dos tratamentos em relacao ao controle, estimadas a partir das amostras bootstrap de MS.C e Mtrat.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[bstrap](#), [multi.ss](#), [boot.pic1](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 10)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 100, nc = vn[1], print.matrixes = TRUE)
```

bstrap

Executa reamostragens para bootstrap

Description

Executa reamostragens independentes, com reposicao, para bootstrap.

Usage

```
bstrap(x, B)
```

Arguments

x	Vetor numerico.
B	Numero de amostras bootstrap a serem geradas.

Details

Reamostra com reposicao n elementos a partir do vetor x, em que n e o tamanho amostral de x, gerando B amostras bootstrap independentes.

F-07 - bstrap Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Retorna uma matriz, de dimensao B por n, em que cada linha corresponde a uma amostra bootstrap, com os valores reamostrados de x dispostos nas colunas.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos; Silvio S. Zocchi.

See Also

[bootstrap](#)

Examples

```
x <- c(45, 40, 41, 42, 41)
```

```
bstrap(x, B = 100)
```

CI.boot

Calcula intervalos de confianca para multiplas amostras

Description

Calcula intervalos de confianca para mutiplas amostras oriundas de bancos de dados independentes. Utilizada em estudos de simulacao para determinar a taxa de cobertura de intervalos de confianca.

Usage

```
CI.boot(Mcomp, alpha = 0.05)
```

Arguments

Mcomp	Matriz de dimensao $I! / ((I-2)! * 2!)$ por B, em que I e o numero de tratamentos para um determinado banco de dados. As linhas correspondem aos constrastes entre as medias de PIC dos I tratamentos, duas a duas, e as colunas correspondem as amostras bootstrap das quais as medias foram calculadas.
alpha	Numerico. Nivel de significancia dos intervalos de confianca, de modo que o nivel de confianca e dado por $1 - \alpha$. Default = 0.05

Details

Calcula, dois a dois, a diferenca entre as medias de porcentagem de inibicao do crescimento micelial para multiplos tratamentos. O contraste e calculado pela diferenca entre as medias dos valores de PIC para os tratamentos obtidos por meio das respectivas amostras bootstrap.

F-13 - CI.boot Ultima edicao/atualizacao: 11/05/2022

Value

Lista de matrizes de dimensao m por B , em que m e o numero de linhas das matrizes $Mcomp$ dos respectivos bancos de dados. As linhas correspondem aos tratamentos,e as colunas correspondem aos limites inferiores e superiores do intervalo de confianca, respectivamente.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[fMcomp](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 10)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 5, nc = vn[1], print.matrixes = FALSE)

#Calculando os contrastes
Mcomp <- fMcomp(Mvalues = M)

IC <- CI.boot(Mcomp, alpha = 0.05)
```

CoRa

Determina a taxa de cobertura para intervalos de confianca

Description

Determina a porcentagem de intervalos de confianca que contem o parametro, alem do equilibrio entre as caudas inferior e superior em relacao ao nivel de significancia. Suporta multiplas amostras.

Usage

```
CoRa(CI, theta, print.matrixes = F)
```

Arguments

CI	Lista de matrizes de intervalos de confianca, em que as linhas correspondem aos tratamentos,e as colunas correspondem aos limites inferiores e superiores do intervalo de confianca, respectivamente.
theta	Numerico. Vetor de parametros referencia para determinar a taxa de cobertura.

`print.matrixes` Logico. Se `print.matrixes==T`, retorna listas com as matrizes `Descricao`, `Lower.tail`, `Upper.tail`, `Cobertura` e `Taxa_cobertura`, em caso contrario, retorna apenas a matriz `Taxa_cobertura`.

Details

A funcao atribui a cada replica de intervalo de confianca da lista `CI` o valor 1 se o intervalo contem o parametro e o valor 0 em caso contrario. Quando o intervalo de confianca nao cobre o parametro, este ultimo pode estar abaixo do limite inferior, portanto $\theta < LI$ recebe o valor 1 ou acima do limite superior, portanto $\theta > LS$ recebe o valor 1.

F-14 - CoRa Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Lista com as seguintes matrizes:

`Descricao`: A cobertura, de forma detalhada, de cada intervalo de confianca construido quanto a amplitude e as caudas.

`Lower.tail`: Identifica qual intervalo de confianca nao contem o parametro pois este esta abaixo do limite inferior.

`Upper.tail`: Identifica qual intervalo de confianca nao contem o parametro pois este esta acima do limite superior.

`Cobertura`: Identifica qual intervalo de confianca contem o parametro pois este esta dentro da amplitude intervalar.

`Taxa_cobertura`: Matriz em que as colunas informam:

$\theta < LI$: A porcentagem de intervalos de confianca que nao contem o parametro pois este esta abaixo do limite inferior.

$\theta > LS$: A porcentagem de intervalos de confianca que nao contem o parametro pois este esta acima do limite superior.

`Taxa de Cobertura`: A porcentagem de intervalos de confianca que contem o parametro pois este esta dentro da amplitude intervalar.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[fMcomp](#), [CI.boot](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)

Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)
PICp <- fPICp(C = Tmu[1], Trat = Tmu[-1])
theta <- pic.contrast(PICp, ID = Tid)

#Simulacao
```



```
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 3)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 5, nc = vn[1], print.matrixes = FALSE)

#Calculando os contrastes
Mcomp <- fMcomp(Mvalues = M)

#Construindo os intervalos de confianca e calculando as taxas de cobertura
IC <- CI.boot(Mcomp, alpha = 0.05)

CoRa(IC, theta, print.matrixes = TRUE)
```

fMcomp	<i>Calcula os contrastes entre medias de amostras bootstrap, indexadas por tratamentos, para multiplos bancos de dados.</i>
--------	--

Description

Calcula os contrastes entre medias de amostras **bootstrap**, indexadas por tratamentos, tomados dois a dois, para multiplos bancos de dados. Generalizacao da funcao `trat.constrast`

Usage

```
fMcomp(Mvalues)
```

Arguments

Mvalues	Lista de matrizes de dimensao I por B, em que as linhas correspondem aos I tratamentos e as colunas correspondem as porcentagens de inibicao do crescimento micelial dos tratamentos em relacao ao controle, estimadas a partir das amostras bootstrap de MS.C e Mtrat.
---------	---

Details

Calcula, dois a dois, a diferenca entre as medias de porcentagem de inibicao do crescimento micelial para multiplos tratamentos. O contraste e calculado pela diferenca entre as medias dos valores de PIC para os tratamentos obtidos por meio das respectivas amostras bootstrap.

F-11 - trat.constrast Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Mcomp: Matriz de dimensao $I!/((I-2)!*2!)$ por B, em que I e o numero de tratamentos para um determinado banco de dados. As linhas correspondem aos constrastes entre as medias de PIC dos I tratamentos, duas a duas, e as colunas correspondem as amostras **bootstrap** das quais as medias foram calculadas.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[boot.pic1](#), [boot.pic2](#), [trat.contrast](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 10)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 5, nc = vn[1], print.matrixes = FALSE)

#Calculando os contrastes
fMcomp(Mvalues = M)
```

fMpar

Gera uma matriz de parametros "a" e "b" da distribuicao beta para multiplos tratamentos.

Description

Gera uma matriz, em que os parametros "a" e "b" da distribuicao beta sao apresentadas respectivamente em duas colunas, e as linhas correspondem aos multiplos tratamentos.

Usage

```
fMpar(Tmu, Tvar, Tid)
```

Arguments

Tmu	Vetor de valores esperados de cada tratamento.
Tvar	Vetor de variancias de cada tratamento.
Tid	Vetor de identificacao para tratamentos.

Details

No contexto da simulacao, os vetores de valores esperados e variancias sao conhecidos e escolhidos pelo usuario.

F-02 - fMpar Ultima edição/atualizacao: 12/05/2022

Value

Uma matriz de parametros nao-negativos "a" e "b" da distribuicao beta para multiplos tratamentos, com dimensao I por 2, em que I representa o numero de tratamentos.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

Examples

```
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")

(Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid))
```

fPICp

Calcula a PIC a partir dos parametros conhecidos para multiplos tratamentos.

Description

Calcula a porcentagem de inibicao do crescimento micelial a partir dos parametros conhecidos (utilizados na simulacao das amostras) para multiplos tratamentos. A PIC e calculada em relacao ao diametro do tratamento controle.

Usage

```
fPICp(C, Trat)
```

Arguments

C	Valor esperado, ou media, para o controle, a partir dos parametros nao-negativos "a" e "b" da distribuicao beta.
Trat	Vetor de valores esperados, ou medias, para os tratamentos, a partir dos parametros nao-negativos "a" e "b" da distribuicao beta.

Details

Em estudos de simulacao, a porcentagem de inibicao do crescimento micelial teorica, a partir de parametros conhecidos, pode ser utilizada como referencia para as tecnicas de reamostragem.

F-05 - fPICp Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Vetor de porcentagens de inibicao do crescimento micelial para multiplos tratamentos em relacao ao tratamento controle.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[rbeta](#), [beta.par](#)

Examples

```
#Valores esperados dos tratamentos
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)

(PICp <- fPICp(C = Tmu[1], Trat = Tmu[-1]))
```

M.extract	<i>Extrai a matriz Mvalues gerada pela funcao boot.pic2</i>
-----------	---

Description

Extrai a matriz Mvalues da lista de matrizes gerada pela funcao boot.pic2 quando o argumento print.matrixes e indicado como T.

Usage

```
M.extract(M)
```

Arguments

M Lista de matrizes gerada pela funcao boot.pic2.

Details

Extrai, correspondente a cada banco de dados, a matriz Mvalues da lista de matrizes gerada pela funcao boot.pic2 quando o argumento print.matrixes e indicado como T. Permite, sem a realizacao de nova reamostragem, que matrizes de interesse sejam copiadas da saida da funcao boot.pic2 para serem utilizadas em outras operacoes e funcoes.

F-10 - M.extract Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Mvalues : Matriz de dimensao I por B, em que as linhas correspondem aos I tratamentos e as colunas correspondem as porcentagens de inibicao do crescimento micelial dos tratamentos em relacao ao controle, estimadas a partir das amostras bootstrap de MS.C e Mtrat.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[bstrap](#), [multi.ss](#), [boot.pic2](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 10)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 100, nc = vn[1], print.matrixes = TRUE)

#Extracao das matrizes de interesse
Mvalues <- M.extract(M)
```

multi.ss

Gera multiplos bancos de dados com amostras pseudoaleatorias de valores de diametro de colonias fungicas cultivadas em placas de Petri.

Description

Gera multiplos bancos de dados com amostras pseudoaleatorias de valores de diametro (em milimetros) de colonias fungicas cultivadas em placas de Petri. A funcao suporta simulacoes para casos balanceados e nao **balaceados**.

Usage

```
multi.ss(vn, Mpar, rdist = rbeta, nsample = 1, PDD = 90, naprox = 3)
```

Arguments

vn	Vetor com numero de repeticoes de cada tratamento.
Mpar	Matriz de parametros nao-negativos "a" e "b" da distribuicao beta.
rdist	Distribuicao a ser utilizada no processo de simulacao, desde que o modelo contenha um parametro de locacao e um parametro de escala.
nsample	Numero de replicas de simulacao. Numero de bancos de dados a serem simulados.
PDD	Diametro da placa de Petri, em milimetros. Default = 90 mm.
naprox	Numero de casas decimais a serem mostradas na aproximacao.

Details

Caso geral da funcao `multi.ss`, utilizado para estudos de simulacao.

F-04 - multi.ss Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Lista de data.frames em que nas colunas estao id: a identificacao dos tratamentos; y: os valores gerados a partir da distribuicao teorica; e Diam: a conversao de y para diametro, em milímetros.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[rbeta](#), [beta.par](#), [fMpar](#), [sample.simul](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)

Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 5)
```

pic.contrast

Calcula o contraste entre PICs, dois a dois.

Description

Calcula o contraste entre **porcentagemns** de inibicao do crescimento micelial de multiplos tratamentos, tomados dois a dois.

Usage

```
pic.contrast(PICp, ID)
```

Arguments

PICp	Vetor de porcentagens de inibicao do crescimento micelial para multiplos tratamentos em relacao ao tratamento controle.
ID	Vetor de identificacao dos tratamentos.

Details

Retorna os contrastes entre porcentagemns de inibicao do crescimento micelial de multiplos tratamentos, tomados dois a dois, para fins de inferencia.

F-06 - pic.contrast Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Vetor de contrastes entre porcentagemns de inibicao do crescimento micelial de multiplos tratamentos, tomados dois a dois,

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[fPICp](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")

PICp <- fPICp(C = Tmu[1], Trat = Tmu[-1])

(pic <- pic.contrast(PICp, ID = Tid))
```

sample.simul

Gera amostras pseudoaleatorias com valores de diametro de colonias fungicas cultivadas em placas de Petri.

Description

Gera amostras pseudoaleatorias com valores de diametro (em milímetros) de colonias fungicas cultivadas em placas de Petri. A funcao suporta simulacoes para casos balanceados e nao [balanceados](#).

Usage

```
sample.simul(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist, PDD = 90, naprox = 3)
```

Arguments

vn	Vetor com numero de repeticoes de cada tratamento.
Mpar	Matriz de parametros nao-negativos "a" e "b" da distribuicao beta.
rdist	Distribuicao a ser utilizada no processo de simulacao, desde que o modelo contenha um parametro de locacao e um parametro de escala.
PDD	Diametro da placa de Petri, em milímetros. Default = 90 mm.
naprox	Numero de casas decimais a serem mostradas na aproximacao.

Details

Caso particular da funcao `multi.ss`

F-03 - sample.simul Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Data.frame em que nas colunas estao id: a identificacao dos tratamentos; y: os valores gerados a partir da distribuicao teorica; e Diam: a conversao de y para diametro, em milimetros.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[rbeta](#), [beta.par](#), [fMpar](#), [multi.ss](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)

#Matriz de parametros
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
sample.simul(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta)
```

trat.contrast	<i>Calcula os contrastes entre médias de amostras bootstrap, indexadas por tratamentos.</i>
---------------	--

Description

Calcula os contrastes entre médias de amostras **bootstrap**, indexadas por tratamentos, tomados dois a dois.

Usage

```
trat.contrast(Mvalues, ID)
```

Arguments

Mvalues	Matriz de dimensao I por B, em que as linhas correspondem aos I tratamentos e as colunas correspondem as porcentagens de inibicao do crescimento micelial dos tratamentos em relacao ao controle, estimadas a partir das amostras bootstrap de MS.C e Mtrat.
ID	Vetor de identificacao para tratamentos

Details

Calcula, dois a dois, a diferenca entre as medias de porcentagem de inibicao do crescimento micelial para multiplos tratamentos. O contraste e calculado pela diferenca entre as medias dos valores de PIC para os tratamentos obtidos por meio das respectivas amostras bootstrap.

F-12 - trat.contrast Ultima edicao/atualizacao: 12/05/2022

Value

Mcomp : Matriz de dimensao $I!/((I-2)!*2!)$ por B, em que I e o numero de tratamentos. As linhas correspondem aos constrastes entre as medias de PIC dos I tratamentos, duas a duas, e as colunas correspondem as amostras **bootstrap** das quais as medias foram calculadas.

Author(s)

Rodrigo D. Marques; Cristian M. V. Lobos.

See Also

[boot.pic1](#), [boot.pic2](#), [fMcomp](#)

Examples

```
#Parametros dos tratamentos e numero de repeticoes
Tmu <- c(0.85, 0.7, 0.5, 0.5, 0.85)
Tvar <- c(0.001, 0.001, 0.001, 0.001, 0.001)
Tid <- c("Control", "T1", "T2", "T3", "T4")
vn <- c(4,4,4,4,4)
Mpar <- fMpar(Tmu = Tmu, Tvar = Tvar, Tid = Tid)

#Simulacao
#Geracao de bancos de dados
dados <- multi.ss(vn = vn, Mpar = Mpar, rdist = rbeta, nsample = 1)

#Bootstrap
M <- boot.pic2(dados = dados, B = 5, nc = vn[1], print.matrixes = FALSE)

#Calculando os contrastes
is.matrix(M[[1]])
trat.contrast(M[[1]], ID = dados[[1]]$id)
```

Index

beta, [2](#)
beta.par, [2](#), [11](#), [14](#), [16](#)
boot.pic1, [3](#), [5](#), [10](#), [17](#)
boot.pic2, [4](#), [4](#), [10](#), [12](#), [17](#)
bootstrap, [6](#)
bstrap, [4](#), [5](#), [5](#), [12](#)

CI.boot, [6](#), [8](#)
CoRa, [7](#)

fMcomp, [7](#), [8](#), [9](#), [17](#)
fMpar, [10](#), [14](#), [16](#)
fPICp, [11](#), [15](#)

M.extract, [12](#)
multi.ss, [5](#), [12](#), [13](#), [16](#)

pic.contrast, [14](#)

rbeta, [2](#), [11](#), [14](#), [16](#)

sample.simul, [14](#), [15](#)

trat.contrast, [10](#), [16](#)