

# Package ‘BIMG’

September 6, 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
<b>Index</b>	<b>18</b>

---

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 contrastes 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	<i>Gera multiplos bancos de dados com amostras pseudoaleatorias de valores de diametro de colonias fungicas cultivadas em placas de Petri.</i>
----------	--

---

## 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 balanceados.

## 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 balaceados.

**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  $I!/(I-2)! \times 2!$  por B, em que I e o numero de tratamentos. As linhas correspondem aos contrastes 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](#)