Testes de permutação (ou aleatorização)

Fernando P. Mayer

1 Introdução

Justificativas

- Métodos computacionalmente intensivos para inferência estatística são usados quando as abordagens tradicionais não são adequadas.
- Resultados assintóticos em pequenas amostras.
- Violação de pressupostos.
- Não existência de mecanísmos de inferência específicos.
- Tais métodos se baseiam em reamostragem e/ou simulação.
- Podem ser aplicados em muitos contextos.

Testes de Aleatorização

- Abordagem baseada em permutação das observações (*permutation tests*).
- São considerados testes livre de distribuição.
- Faz suposições sobre o processo gerador dos dados.
- Duas formas de cálculo da estatística de teste:
    - **Exaustiva**: no conjunto de todos os arranjos possíveis $\rightarrow$ distribuição amostral exata.
    - **Por reamostragem**: amostra do conjunto completo de arranjos com reamostragem sem reposição.
- IMPORTANTE: Sob a hipótese nula os dados são **permutáveis**.
- Esse é o principal conceito e requisito dos testes de aleatorização.

Limitações dos testes de aleatorização

- Só podem ser usados para hipóteses que envolvam comparações (trocar observações entre grupos) ou desalinhar registros (como em correlação, por exemplo).
- Portanto, não podem ser usados para testar hipóteses sobre parâmetros individuais.
- O teste de aleatorização exato de Fisher para a média é uma alternativa para testar hipótese sobre a média considerando população simétrica, porém, estritamente não é um teste de aleatorização.

De acordo com Manly (2006):

- Compara o valor da estatística com aquele obtido da distribuição gerada pela permutação dos valores observados.
- São úteis pois permitem o usuário definir a estatística de teste mais apropriada.
- Não necessariamente os resultados podem ser extrapolados para a população.
- Testes de aleatorização são exatos: fonece um nível de significância que é igual ou inferior ao nível nominal.
- Duas estatísticas são equivalente se elas dão o mesmo nível de significância em testes de aleatorização.
- Testes de aleatorização e tradicionais darão similar nível de significância se as suposições do último forem atendidas.

2 Exemplos

2.1 Exemplos simples

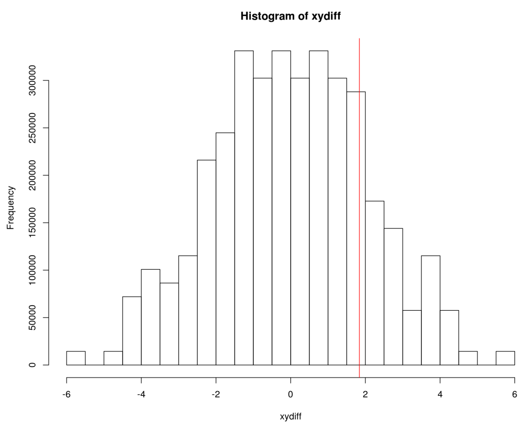
2.1.1 Diferença entre médias de dois grupos

```
## Dados observados
x <- c(4.1, 8.3, 2.9, 10.8, 9.5)
y <- c(3.7, 5.1, 1.0, 7.7, 8.9)
da <- data.frame(vals = c(x, y),
                 id = rep(c("x", "y"),
  each = 5))
da
#    vals id
# 1   4.1  x
# 2   8.3  x
# 3   2.9  x
# 4  10.8  x
# 5   9.5  x
# 6   3.7  y
# 7   5.1  y
# 8   1.0  y
# 9   7.7  y
# 10  8.9  y

## Compara médias
with(da, tapply(vals, id, mean))
#    x    y
# 7.12 5.28
(obsdiff <- with(da, abs(diff(tapply(v
  als, id, mean)))))
#    y
# 1.84

## Teste-t tradicional
t.test(vals ~ id, data = da, var.equal
  = TRUE)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  vals by id
# t = 0.88051, df = 8, p-value = 0.404
  3
# alternative hypothesis: true differe
  nce in means is not equal to 0
# 95 percent confidence interval:
#  -2.978831  6.658831
# sample estimates:
# mean in group x mean in group y
#            7.12            5.28

## Número possível de permutações por
  grupo
```

```
factorial(length(x))
# [1] 120
factorial(length(y))
# [1] 120

## A permutação dentro de cada grupo n
  ão faz sentido, pois as médias não
## serão alteradas
xperm <- gtools::permutations(n = leng
  th(x), r = length(x), v = x)
str(xperm)
#  num [1:120, 1:5] 2.9 2.9 2.9 2.9 2.
  9 2.9 2.9 2.9 2.9 2.9 ...
sort(x)
# [1]  2.9  4.1  8.3  9.5 10.8
head(xperm)
#      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
# [1,]  2.9  4.1  8.3  9.5 10.8
# [2,]  2.9  4.1  8.3 10.8  9.5
# [3,]  2.9  4.1  9.5  8.3 10.8
# [4,]  2.9  4.1  9.5 10.8  8.3
# [5,]  2.9  4.1 10.8  8.3  9.5
# [6,]  2.9  4.1 10.8  9.5  8.3
tail(xperm)
#        [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
# [115,] 10.8  9.5  2.9  4.1  8.3
# [116,] 10.8  9.5  2.9  8.3  4.1
# [117,] 10.8  9.5  4.1  2.9  8.3
# [118,] 10.8  9.5  4.1  8.3  2.9
# [119,] 10.8  9.5  8.3  2.9  4.1
# [120,] 10.8  9.5  8.3  4.1  2.9
yperm <- gtools::permutations(n = leng
  th(y), r = length(y), v = y)
str(yperm)
#  num [1:120, 1:5] 1 1 1 1 1 1 1 1 1
  1 ...
sort(y)
# [1] 1.0 3.7 5.1 7.7 8.9
head(yperm)
#      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
# [1,]    1  3.7  5.1  7.7  8.9
# [2,]    1  3.7  5.1  8.9  7.7
# [3,]    1  3.7  7.7  5.1  8.9
# [4,]    1  3.7  7.7  8.9  5.1
# [5,]    1  3.7  8.9  5.1  7.7
# [6,]    1  3.7  8.9  7.7  5.1
tail(yperm)
#        [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
```

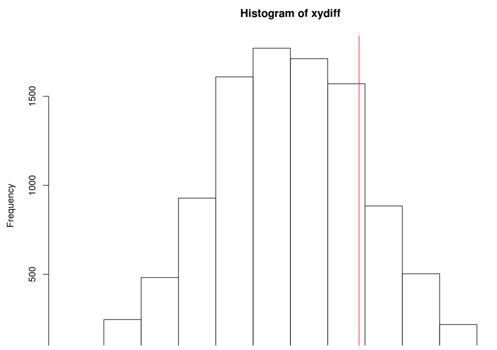
```
# [115,]  8.9  7.7  1.0  3.7  5.1
# [116,]  8.9  7.7  1.0  5.1  3.7
# [117,]  8.9  7.7  3.7  1.0  5.1
# [118,]  8.9  7.7  3.7  5.1  1.0
# [119,]  8.9  7.7  5.1  1.0  3.7
# [120,]  8.9  7.7  5.1  3.7  1.0
## Diferença entre médias para todas as permutações
xydiff <- numeric(nrow(xperm))
for(i in 1:nrow(xperm)) {
    xydiff[i] <- mean(xperm[i, ]) - mean(yperm[i, ])
}
str(xydiff)
#  num [1:120] 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 1.84 ...
summary(xydiff)
#    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#    1.84    1.84    1.84    1.84    1.84    1.84

## Portanto, a permutação deve ser feita entre os grupos, ou seja,
## alternando todos os valores possíveis entre os dois grupos
xy <- c(x, y)
## Número de permutações
factorial(length(xy))
# [1] 3628800
xyperm <- gtools::permutations(n = length(xy), r = length(xy), v = xy)
str(xyperm)
#  num [1:3628800, 1:10] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
sort(xy)
#  [1]  1.0  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7  8.3  8.9  9.5 10.8
head(xyperm)
#      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
# [1,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7  8.3  8.9  9.5  10.8
# [2,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7  8.3  8.9 10.8   9.5
# [3,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7  8.3  9.5  8.9  10.8
# [4,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7  8.3  9.5 10.8   8.9
```

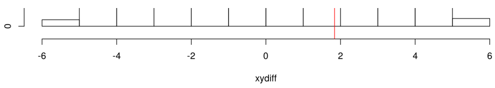
```
# [5,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7
  8.3 10.8  8.9   9.5
# [6,]    1  2.9  3.7  4.1  5.1  7.7
  8.3 10.8  9.5   8.9
tail(xyperm)
#             [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
  [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
# [3628795,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  1.0  2.9   3.7
# [3628796,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  1.0  3.7   2.9
# [3628797,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  2.9  1.0   3.7
# [3628798,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  2.9  3.7   1.0
# [3628799,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  3.7  1.0   2.9
# [3628800,] 10.8  9.5  8.9  8.3  7.7
  5.1  4.1  3.7  2.9   1.0

## Calcula a diferença média para toda
  s as permutações possíveis
xydiff <- numeric(nrow(xyperm))
for(i in 1:nrow(xyperm)) {
    xydiff[i] <- mean(xyperm[i, 1:5])
  - mean(xyperm[i, 6:10])
}
str(xydiff)
#  num [1:3628800] -5.68 -5.68 -5.68 -
  5.68 -5.68 -5.68 -5.68 -5.68 -5.68 -
  5.68 ...
summary(xydiff)
#    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd
  Qu.    Max.
#   -5.68   -1.45    0.00    0.00
  1.45    5.68
hist(xydiff)
abline(v = obsdiff, col = 2)
```



```
## P-valor do teste.
2 * sum(xydiff >= obsdiff)/length(xydiff)
# [1] 0.3888889
t.test(vals ~ id, data = da, var.equal = TRUE)$p.value
# [1] 0.404256

## Usando pacotes
library(coin)
# Loading required package: survival
#
# Attaching package: 'survival'
# The following object is masked from 'package:boot':
#
#     aml
#
# Attaching package: 'coin'
# The following object is masked _by_ '.GlobalEnv':
#
#     alpha
oneway_test(vals ~ id, data = da)
#
#   Asymptotic Two-Sample Fisher-Pitman Permutation Test
#
# data:  vals by id (x, y)
# Z = 0.89172, p-value = 0.3725
# alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
oneway_test(vals ~ id, data = da,
            distribution = approximate(nresample = 10000))
#
#   Approximative Two-Sample Fisher-Pitman Permutation Test
#
# data:  vals by id (x, y)
# Z = 0.89172, p-value = 0.3842
# alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
library(perm)
permTS(vals ~ id, data = da)
#
```

```
#   Exact Permutation Test (network al
  gorithm)
#
# data:  vals by id
# p-value = 0.3889
# alternative hypothesis: true mean i
  d=x - mean id=y is not equal to 0
# sample estimates:
# mean id=x - mean id=y
#                  1.84

## Mesmo em um caso simples como, ess
  e, onde n = 10, já vimos que o
## número total de permutações possíve
  is pode ser muito grande, o que
## faz com que esse processo fique inv
  iável computacionalmente.
## A ideia então é fazer um grande núm
  ero de permutações aleatórias e
## fazer o mesmo cálculo. Isso pode se
  r feito retirando-se amostra COM
## REPOSIÇÃO da amostra conjunta (conc
  atenando os dois grupos)
## Usando amostras sem reposição
N <- 10000
xydiff <- numeric(N)
for(i in 1:N) {
    xydiff[i] <- diff(tapply(sample(x
  y), da$id, mean))
}
str(xydiff)
#  num [1:10000] 0.36 1.36 -0.16 -2.96
  -1.72 ...
summary(xydiff)
#    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd
  Qu.    Max.
# -5.6800 -1.4400  0.0000  0.0113  1.4
  800  5.6800
hist(xydiff)
abline(v = obsdiff, col = 2)
```

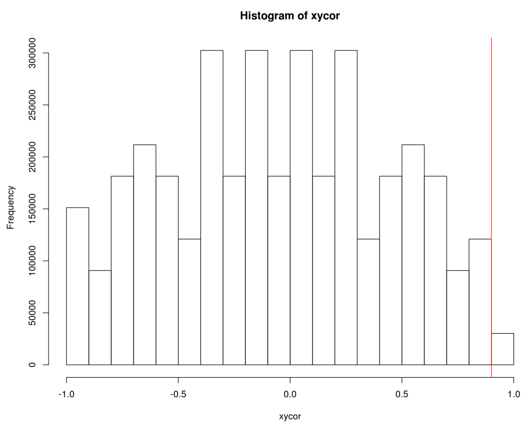





```
## P-valor do teste.
2 * sum(xydiff >= obsdiff)/length(xydiff)
# [1] 0.396
t.test(vals ~ id, data = da, var.equal = TRUE)$p.value
# [1] 0.404256
coin::oneway_test(vals ~ id, data = da)
#
#   Asymptotic Two-Sample Fisher-Pitman Permutation Test
#
# data:  vals by id (x, y)
# Z = 0.89172, p-value = 0.3725
# alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
perm::permTS(vals ~ id, data = da)
#
#   Exact Permutation Test (network algorithm)
#
# data:  vals by id
# p-value = 0.3889
# alternative hypothesis: true mean id=x - mean id=y is not equal to 0
# sample estimates:
# mean id=x - mean id=y
#                  1.84
```

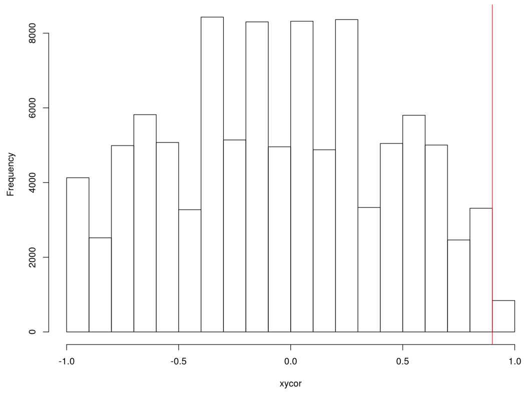
2.1.2 Teste para correlação

```
## Usando o mesmo exemplo, mas agora calculando a correlação entre os
## grupos
## Correlação observada. NOTE que é necessário usar a correlação (de
## postos) de Spearman
cor(x, y, method = "pearson")
# [1] 0.9228669
cor(x, y, method = "kendall")
# [1] 0.8
(obscor <- cor(x, y, method = "spearman"))
# [1] 0.9

## Calcula a diferença média para todas as permutações possíveis
xycor <- numeric(nrow(xyperm))
for(i in 1:nrow(xyperm)) {
    xycor[i] <- cor(xyperm[i, 1:5], xyperm[i, 6:10],
                     method = "spearman")
}
str(xycor)
#  num [1:3628800] 1 0.9 0.9 0.7 0.7 0.6 0.9 0.8 0.7 0.4 ...
summary(xycor)
#    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#    -1.0    -0.4     0.0     0.0     0.4     1.0
hist(xycor)
abline(v = obscor, col = 2)
```



```
## P-valor do teste.
2 * sum(xycor >= obscor)/length(xycor) # teste exato
# [1] 0.08333333
cor.test(x, y,  method = "pearson")$p.value
# [1] 0.02541591
cor.test(x, y,  method = "kendall")$p.value
# [1] 0.08333333
cor.test(x, y,  method = "spearman")$p.value
# [1] 0.08333333
spearman_test(x ~ y,
              distribution = approximate(nresample = 10000))
#
#   Approximative Spearman Correlation Test
#
# data:  x by y
# Z = 1.8, p-value = 0.0833
# alternative hypothesis: true rho is not equal to 0

## Usa amostragem SEM REPOSIÇÃO
N <- 100000
n <- length(xy)
xycor <- numeric(N)
for(i in 1:N) {
    ip <- sample(1:n, replace = FALSE)
    xp <- xy[ip[1:5]]
    yp <- xy[ip[6:10]]
    xycor[i] <- cor(xp, yp, method = "spearman")
}
str(xycor)
#  num [1:100000] -0.3 0.7 0 -0.8 0.8 -0.1 0.7 -0.5 0.2 -0.1 ...
summary(xycor)
#      Min.   1st Qu.    Median      Mean   3rd Qu.      Max.
# -1.000000 -0.400000  0.000000 -0.000821  0.400000  1.000000
hist(xycor)
abline(v = obscor, col = 2)
```

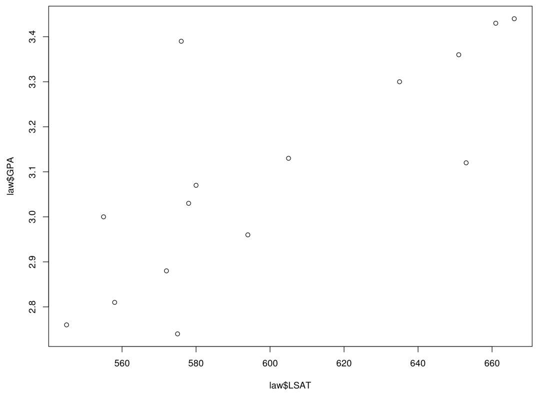
Histogram of xycor



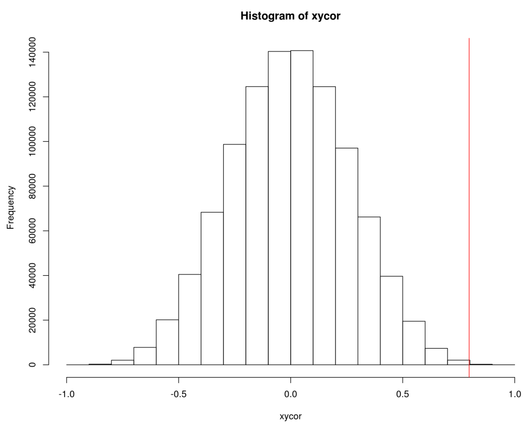

```
## P-valor do teste.
2 * sum(xycor >= obscor)/length(xycor)
  # teste aproximado
# [1] 0.08306
cor.test(x, y,  method = "pearson")$p.
  value
# [1] 0.02541591
cor.test(x, y,  method = "kendall")$p.
  value
# [1] 0.08333333
cor.test(x, y,  method = "spearma
  n")$p.value
# [1] 0.08333333
spearman_test(x ~ y,
              distribution = approxima
  te(nresample = 10000))
#
#   Approximative Spearman Correlation
  Test
#
# data:  x by y
# Z = 1.8, p-value = 0.0811
# alternative hypothesis: true rho is
  not equal to 0
```

2.2 Exemplo aplicado: correlação

```
data(law, package = "bootstrap")
str(law)
# 'data.frame': 15 obs. of  2 variable
  s:
#  $ LSAT: num  576 635 558 578 666 58
  0 555 661 651 605 ...
#  $ GPA : num  3.39 3.3 2.81 3.03 3.4
  4 3.07 3 3.43 3.36 3.13 ...
plot(law$LSAT, law$GPA)
```



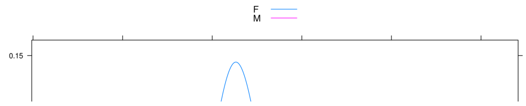
```
x <- law$LSAT
y <- law$GPA
(obscor <- cor(x, y, method = "spearma
  n"))
# [1] 0.7964286

## Impossível fazer com todas as permu
  tações
factorial(nrow(law))
# [1] 1.307674e+12

## Usa amostragem SEM REPOSIÇÃO
N <- 1000000
xy <- c(x, y)
n <- length(xy)
xycor <- numeric(N)
for(i in 1:N) {
    ip <- sample(1:n, size = n/2, repl
  ace = FALSE)
    xp <- xy[ip]
    yp <- xy[-ip]
    xycor[i] <- cor(xp, yp, method = "
  spearman")
}
str(xycor)
#  num [1:1000000] -0.0464 0.0321 -0.1
  75 0.2393 -0.3 ...
summary(xycor)
#       Min.    1st Qu.     Median
  Mean    3rd Qu.       Max.
# -0.9107143 -0.1857143  0.0000000 -0.
  0003011  0.1857143  0.9464286
hist(xycor)
abline(v = obscor, col = 2)
```

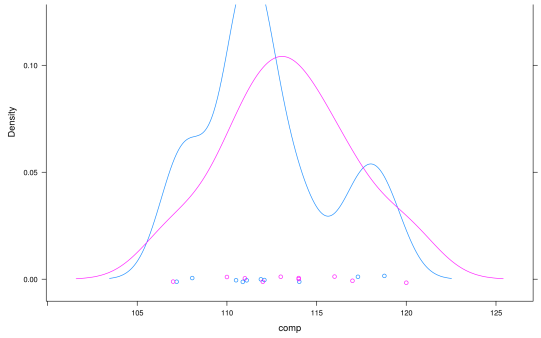


```
## P-valor do teste.
2 * sum(xycor >= obscor)/length(xycor) # teste aproximado
# [1] 0.000618
cor.test(x, y,  method = "pearson")$p.value
# [1] 0.000665102
cor.test(x, y,  method = "kendall")$p.value
# [1] 0.0005320216
cor.test(x, y,  method = "spearman")$p.value
# [1] 0.000607857
spearman_test(x ~ y,
              distribution = approximate(nresample = 100000))
#
#   Approximative Spearman Correlation Test
#
# data:  x by y
# Z = 2.98, p-value = 0.00056
# alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
```

2.3 Exemplo das aulas anteriores

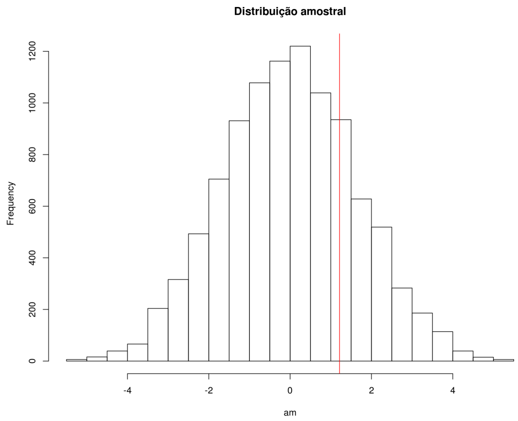
```
## Exemplo adaptado de Manly (1997)
## Comparação do comprimento da mandíbula de chacais machos e fêmeas
set.seed(2)
machos <- c(120, 107, 110, 116, 114, 111, 113, 117, 114, 112)
## Simula diferença para as femeas
femeas <- rnorm(10, mean(machos) - 2, sd = sd(machos))
da <- data.frame(comp = c(machos, femeas),
                 sexo = c(rep("M", 10), rep("F", 10)))
densityplot(~comp, groups = sexo, data = da, auto.key = TRUE)
```




Density
0.10
0.05
0.00
105
110
115
120
125
comp

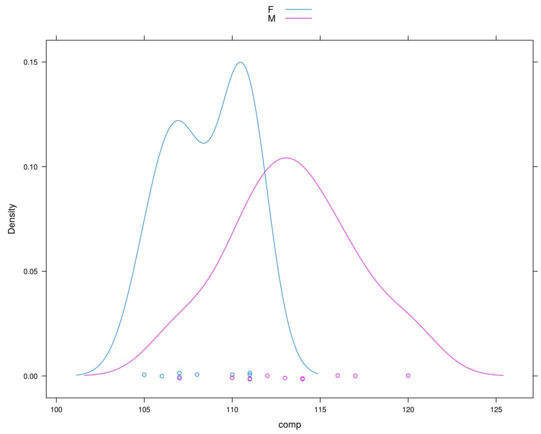
```
## Média por sexo
tapply(da$comp, da$sexo, mean)
#       F       M
# 112.185 113.400
## Diferença das médias
diff(tapply(da$comp, da$sexo, mean))
#        M
# 1.214975

## Média de cada sexo
(m1 <- mean(machos))
# [1] 113.4
(m2 <- mean(femeas))
# [1] 112.185
## Diferença entre as médias amostrais
(med.amostral <- m1 - m2)
# [1] 1.214975
## Calcula o desvio padrão ponderado
n1 <- length(machos)
v1 <- var(machos)
n2 <- length(femeas)
v2 <- var(femeas)
(s.pond <- sqrt(((n1 - 1) * v1 + (n2 -
  1) * v2)/(n1 + n2 - 2)))
# [1] 3.690024

## Teste de hipótese para
## H0: mu1 <= mu2
## Ha: mu1 > mu2
mu0 <- 0
t.test(x = machos, y = femeas, alterna
  tive = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 0.73625, df = 18, p-value = 0.23
  55
# alternative hypothesis: true differe
  nce in means is greater than 0
# 95 percent confidence interval:
#  -1.646627       Inf
# sample estimates:
# mean of x mean of y
#   113.400   112.185
## Estatística de teste
```

```
(tcalc <- (m1 - m2)/(s.pond * sqrt(1/n1 + 1/n2)))
# [1] 0.7362465
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n1 + n2 - 2, lower.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tail = FALSE)
# [1] 0.2355338

## Teste por simulação via _permutação_
N <- 10000
## Se a hipótese nula é verdadeira, então o comprimento das mandíbulas
## de machos e fêmeas são provenientes da mesma poplação, e portanto
## podem ser pensados como uma única amostra.
amostra <- c(machos, femeas)
## Amostra SEM REPOSIÇÃO os 20 valores, e atribui aleatoriamente 10 para
## cada grupo (macho ou fêmea). Se forem de fato da mesma população,
## então as diferenças entre as médias devem ser próximas de zero.
am <- replicate(
    N, diff(tapply(sample(amostra, replace = FALSE), da$sexo, mean))
)
## Visualização
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```



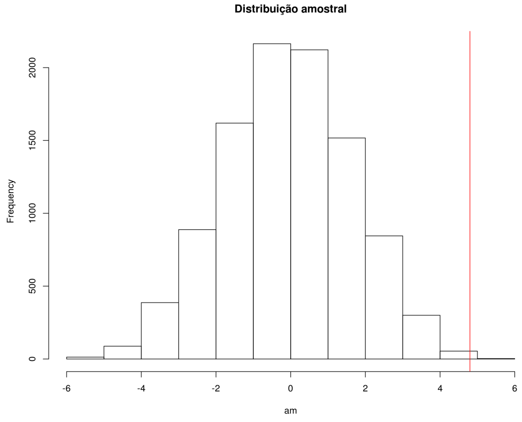
```
## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 0.2309
```

```
## Exemplo adaptado de Manly (1997)
## Comparação do comprimento da mandíbula de chacais machos e fêmeas
machos <- c(120, 107, 110, 116, 114, 111, 113, 117, 114, 112)
femeas <- c(110, 111, 107, 108, 110, 105, 107, 106, 111, 111)
da <- data.frame(comp = c(machos, femeas),
                 sexo = c(rep("M", 10), rep("F", 10)))
densityplot(~comp, groups = sexo, data = da, auto.key = TRUE)
```



```
## Média por sexo
tapply(da$comp, da$sexo, mean)
#     F     M
# 108.6 113.4
## Diferença das médias
diff(tapply(da$comp, da$sexo, mean))
#   M
# 4.8

## Média de cada sexo
(m1 <- mean(machos))
# [1] 113.4
(m2 <- mean(femeas))
# [1] 108.6
## Diferença entre as médias amostrais
(med.amostral <- m1 - m2)
# [1] 4.8
## Calcula o desvio padrão ponderado
n1 <- length(machos)
v1 <- var(machos)
n2 <- length(femeas)
v2 <- var(femeas)
(s.pond <- sqrt(((n1 - 1) * v1 + (n2 -
  1) * v2)/(n1 + n2 - 2)))
# [1] 3.080404

## Teste de hipótese para
## H0: mu1 <= mu2
## Ha: mu1 > mu2
mu0 <- 0
t.test(x = machos, y = femeas, alterna
  tive = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 3.4843, df = 18, p-value = 0.001
  324
# alternative hypothesis: true differe
  nce in means is greater than 0
# 95 percent confidence interval:
#  2.411156      Inf
# sample estimates:
# mean of x mean of y
#     113.4     108.6
## Estatística de teste
```

```
(tcalc <- (m1 - m2)/(s.pond * sqrt(1/n1 + 1/n2)))
# [1] 3.484324
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n1 + n2 - 2, lower.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tail = FALSE)
# [1] 0.001323634

## Teste por simulação via _permutação_
N <- 10000
## Se a hipótese nula é verdadeira, então o comprimento das mandíbulas
## de machos e fêmeas são provenientes da mesma população, e portanto
## podem ser pensados como uma única amostra.
amostra <- c(machos, femeas)
## Amostra SEM REPOSIÇÃO os 20 valores, e atribui aleatoriamente 10 para
## cada grupo (macho ou fêmea). Se forem de fato da mesma população,
## então as diferenças entre as médias devem ser próximas de zero.
am <- replicate(
    N, diff(tapply(sample(amostra, replace = FALSE), da$sexo, mean))
)
## Visualização
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```



```
## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 0.0015
```

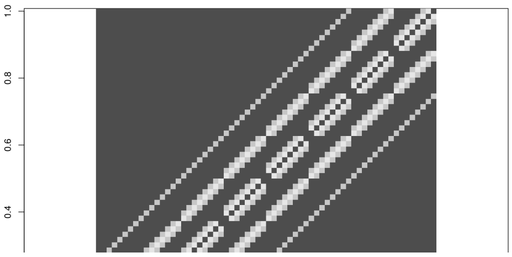
2.4 Índice de Moran (correlação espacial)

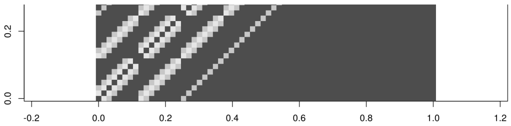
O índice de Moran é uma medida que avalia a dependência espacial entre observações, através de uma medida de correlção que considera os "pesos" entre observações vizinhas (mais próximas). Valores em locais mais próximos tendem a influenciar mais do que os valores de locais mais distantes.

O índice (I) de Moran é calculado por

$$I = \frac{n}{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2} \frac{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} w_{ij}(x_i - \bar{x})(x_j - \bar{x})}{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} w_{ij}}$$

```
## Índice de Moran para medir dependên
  cia espacial.

## Coordenadas dos eventos em uma malh
  a regular 8 x 8.
x <- 1:8
y <- 1:8

## Construção da matriz de pesos que d
  etermina a vizinhança entre
## observações.
ind <- expand.grid(i = 1:length(x),
                   j = 1:length(y))

##  Função que determina o peso entre
  duas localizações na malha.
f <- function(i, j) {
    u <- min(3, sum(abs(ind[i, ] - ind
  [j, ])))
    w <- c(0, 1, sqrt(1/2), 0)[u + 1]
    return(w)
}

##  Cria os pesos, matriz (8^2) x (8^
  2) = 64 x 64.
w <- matrix(0, nrow = nrow(ind), ncol
  = nrow(ind))
for (i in 1:nrow(ind)) {
    for (j in 1:nrow(ind)) {
        w[i, j] <- f(i, j)
    }
}

##  Normaliza.
w <- w/sum(w)

## Gráfico. Valores claros indicam mai
  or peso entre observações.
image(w, asp = 1, col = gray.colors(10
  0))
```



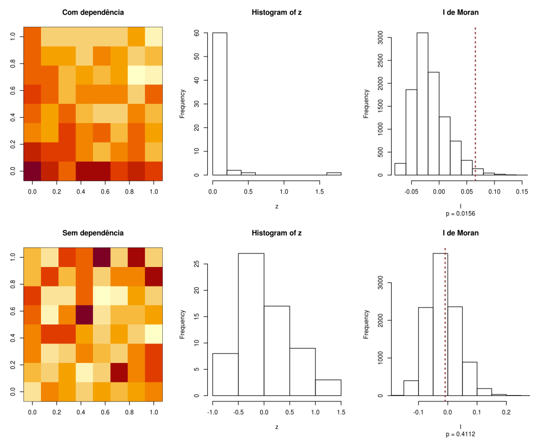

0.2
0.0
-0.2
0.0
0.2
0.4
0.6
0.8
1.0
1.2

```
## Lógica do índica de Moran: correlaç
  ão entre valores observados e
## média dos vizinhos. Exemplo com val
  ores simulados.
xx <- rnorm(64)
cor(cbind("Valores observados" = xx,
          "Média dos vizinhos" = as.ve
  ctor(xx %*% w)))
#                      Valores observado
  s Média dos vizinhos
# Valores observados          1.000000
  0         -0.2233522
# Média dos vizinhos         -0.223352
  2          1.0000000

## Índice de Moran
moran <- function(x, w) {
    n <- length(x)
    xbar <- mean(x)
    dx <- x - xbar
    xi <- rep(dx, each = n)
    xj <- rep(dx)
    xixj <- xi * xj
    pm <- matrix(xixj, ncol = n)
    pmw <- pm * w
    spmw <- sum(pmw)
    smw <- sum(w)
    sw  <- spmw / smw
    vr <- n / sum(dx^2)
    MI <- vr * sw
    return(MI)
}

## Moran para os dados simulados
moran(xx, w)
# [1] -0.05779878

## A ideia do teste de permutação, é t
  rocar de lugar as observações e
## calcular o índice de Moran, mantend
  o a matriz de pesos fixa. Se não
## houver dependência espacial, então
  qualquer observação poderia estar
## em qualquer lugar. Com isso, o valo
  r calculado do índice de Moran
## pode ser comparado com a distribuiç
  ão dos índices de Moran calculados
```

```
## para observações permutadas.
## Se o valor observado for extremo, indica que deve haver correlação
## espacial. Se o observado estiver no centro (ou próximo do centro) da
## distribuição, então não há evidências de correlação espacial.
replicate(10, moran(sample(xx), w))
#  [1]  0.034023631 -0.032555384 -0.041883483 -0.019790671  0.024932478
#  [6] -0.005887561 -0.046625628  0.006277762  0.017167652  0.019192943

## Teste de permutação com saída gráfica.
ppt <- function(z, w, N = 10000, stat, ...) {
    ## Índice de Moran por reamostragem.
    sim <- replicate(N,
                     moran(sample(z), w))
    ## Determina o p-valor.
    p.value <- mean((all <- c(stat, sim)) >= stat)
    ## Histograma da distribuição empírica sob H_0.
    hist(sim,
         sub = paste("p =", round(p.value, 4)),
         xlim = range(all),
         ...)
    abline(v = stat, col = "#903030", lty = 3, lwd = 2)
    return(p.value)
}

## Observações simuladas.
set.seed(17)
par(mfrow = c(2, 3))

## Dados com dependência espacial ------------------------------------
## Indução de autocorrelação por meio de uma tendência.
z <- matrix(rexp(length(x) * length(y),
                 outer(x, y^2)),
            length(x))
```

```
image(log(z), main = "Com dependênci
  a")

cor(cbind("Valores observados" = as.ve
  ctor(z),
          "Média dos vizinhos" = as.ve
  ctor(as.vector(z) %*% w)))
#                    Valores observado
  s Média dos vizinhos
# Valores observados          1.000000
  0          0.1335676
# Média dos vizinhos          0.133567
  6          1.0000000

## Índice de Moran com dados originai
  s.
(stat <- moran(z, w))
# [1] 0.06551254

hist(z)
ppt(z, w, stat = stat, main = "I de Mo
  ran", xlab = "I")
# [1] 0.01559844

## Teste usando spdep
spdep::moran.test(z, spdep::mat2listw
  (w))
#
#   Moran I test under randomisation
#
# data:  z
# weights: spdep::mat2listw(w)
#
# Moran I statistic standard deviate =
  2.7152, p-value = 0.003312
# alternative hypothesis: greater
# sample estimates:
# Moran I statistic       Expectation
  Variance
#      0.0655125441     -0.0158730159
  0.0008984441
## De help(moran.test):
## The assumptions underlying the test
  are sensitive to the form of the
## graph of neighbour relationships an
  d other factors, and results may
## be checked against those of moran.m
  c permutations
spdep::moran.mc(z, spdep::mat2listw
  (w), nsim = 10000)
```

```
#
#   Monte-Carlo simulation of Moran I
#
# data:  z
# weights: spdep::mat2listw(w)
# number of simulations + 1: 10001
#
# statistic = 0.065513, observed rank
  = 9837, p-value = 0.0164
# alternative hypothesis: greater

## Dados sem dependência espacial
  --------------------------------------
## Geração de de um conjunto de dados
  sob hipótese nula.
z <- matrix(rnorm(length(x) * length
  (y), 0, 1/2), length(x))
image(z, main = "Sem dependência")

cor(cbind("Valores observados" = as.ve
  ctor(z),
          "Média dos vizinhos" = as.ve
  ctor(as.vector(z) %*% w)))
#                    Valores observado
  s Média dos vizinhos
# Valores observados         1.0000000
  0         -0.04208797
# Média dos vizinhos        -0.0420879
  7          1.00000000

# Índice de Moran com dados originais.
(stat <- moran(z, w))
# [1] -0.008995086

hist(z)
ppt(z, w, stat = stat, main = "I de Mo
  ran", xlab = "I")
```



```
# [1] 0.4111589
par(mfrow = c(1, 1))

## Teste usando spdep
spdep::moran.test(z, spdep::mat2listw
(w))
#
#   Moran I test under randomisation
#
# data:  z
# weights: spdep::mat2listw(w)
#
# Moran I statistic standard deviate =
0.12925, p-value = 0.4486
# alternative hypothesis: greater
# sample estimates:
# Moran I statistic       Expectation
Variance
#      -0.008995086      -0.015873016
0.002831704
spdep::moran.mc(z, spdep::mat2listw
(w), nsim = 10000)
#
#   Monte-Carlo simulation of Moran I
#
# data:  z
# weights: spdep::mat2listw(w)
# number of simulations + 1: 10001
#
# statistic = -0.0089951, observed ran
k = 5846, p-value = 0.4155
# alternative hypothesis: greater
```