Testes Clássicos

Anova

Tabela de Anova

Baixe o arquivo

colheita.csv

e preencha a tabela de anova com esses dados. Testando a hipótese de que existem diferenças na produção agrícola em diferentes tipos de solo. Os cálculos devem ser feitos passo-a -passo, sem uso de uma função específica.

Fonte	Desvio Quadrático	Graus de Liberdade	Desvio Médio	Razão das Variâncias	P-valor
Entre Grupos					
Intra Grupos					
TOTAL	x				

Desvios quadráticos total

$$SS_{total} = \sum_{i=1}^k\sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{\bar{y}})^2 $$

Desvios quadráticos internos ao grupo

$$SS_{in} = \sum_{i=1}^k\sum_{j=1}^n (y_{i,j} - \bar{y}_{i})^2 $$

Desvio quadrático entre os grupos

$$SS_{en} = \sum_{i=1}^k\sum_{j=1}^n (\bar{y}_{i} - \bar{\bar{y}})^2 $$

- O resto é com vc, COMPLETE A TABELA!
- Faça o teste usando reamostragem no ***RSampling***
- Faça gráficos para apresentar os dados
- Inclua o resultado do teste de ANOVA no gráfico

Regressão Linear Simples

Análise de Resíduos de Regressão Linear

Quando realizamos uma análise mais aprofundada sobre a relação entre duas variáveis numéricas contínuas podemos ajustar uma reta que represente o melhor ajuste entre os dados e que possa nos ajudar a prever valores da variável resposta (eixo Y) a partir de valores da variável preditora (eixo X). Se o ajuste é uma reta, esse tipo de análise é chamado de **Análise de Regressão Linear**. A explicação sobre como funciona essa análise foi apresentada na aula sobre Análise de Regressão Linear. Alguns aspectos importantes para entendermos esse tutorial:

- A reta ajustada (também denominada “linha de regressão”) passa obrigatoriamente pelo ponto que representa a média da variável Y e a média da variável X.
- A linha de regressão é aquela que minimiza os resíduos (na verdade, **a soma dos quadrados dos resíduos**)
- Os pontos das observações estarão distribuídos em torno dessa reta.
- A distância vertical (projetada no eixo Y) de cada ponto até a reta é chamada de **resíduo** ou **erro** dos pontos.

Nesse tutorial nosso interesse é **avaliar como os resíduos/erros estão distribuídos**, pois os modelos de regressão linear possuem importantes premissas relacionadas a eles.

As premissas de um modelo de regressão linear são relativos aos termos de resíduos/erros do modelo. Se estamos falando de um modelo de regressão no qual a variável preditora é fixa (i.e. sem erros aleatórios), somente a variável resposta apresentará erro aleatório, então, as premissas também se aplicam à variável Y (resposta).

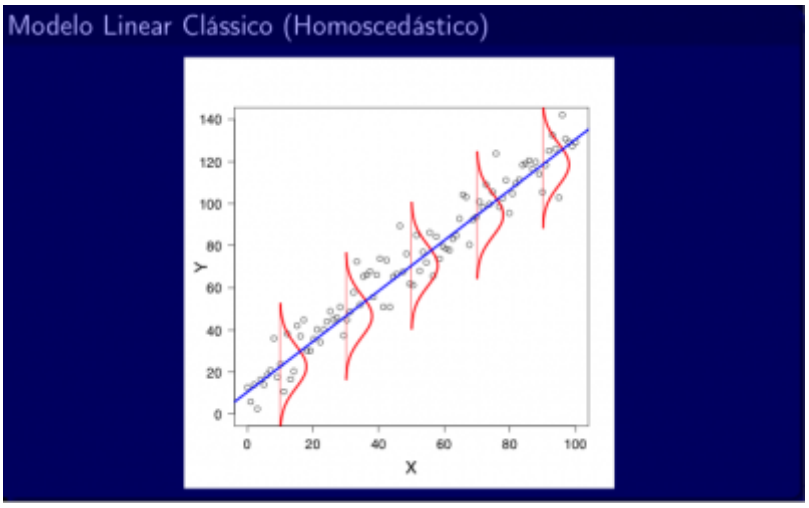
Premissas de uma Análise de Regressão Linear

- **LINEARIDADE** - Uma reta representa o melhor ajuste aos dados

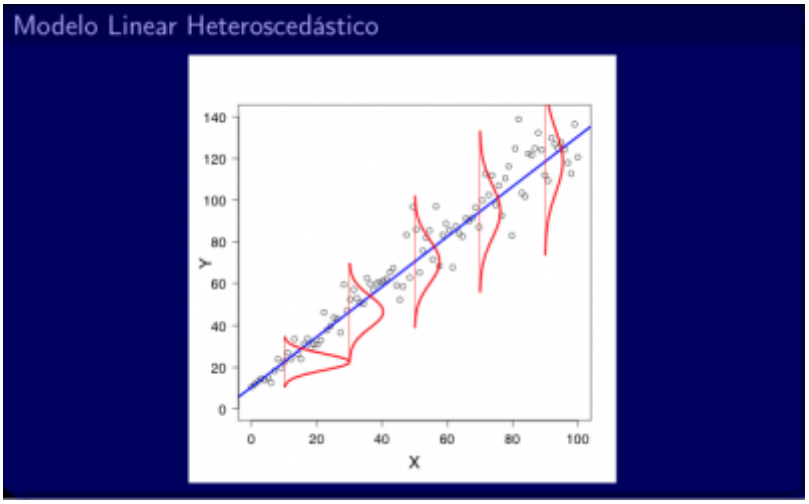
- **DISTRIBUIÇÃO NORMAL DOS ERROS/RESÍDUOS** - Para cada valor de X, os erros seguem uma distribuição normal. Se fossem feitas muitas réplicas para cada um dos valores de X, a distribuição dos vários valores obtidos para Y (e consequentemente dos erros) nas muitas réplicas seguiria uma distribuição normal. Porém, em geral, não são feitas réplicas e é necessário assumir que esses valores seguem essa distribuição.

- **VARIÂNCIA DOS ERROS/RESÍDUOS CONSTANTE** - Para qualquer valor de X, a variância dos erros é a mesma. Se fossem feitas muitas réplicas para cada um dos valores de X, a distribuição dos vários valores obtidos para Y (e consequentemente dos erros) nas muitas réplicas apresentaria uma mesma variância para qualquer valor de X. Porém, em geral, não são feitas réplicas e é necessário assumir que essas variâncias são iguais.

Quando essa premissa é cumprida, temos o que chamamos de **homoscedasticidade**:

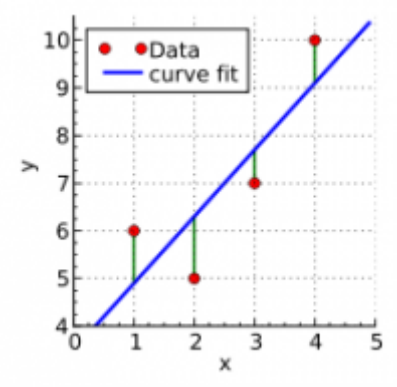


Quando ela não é cumprida, observamos uma **heteroscedasticidade**:

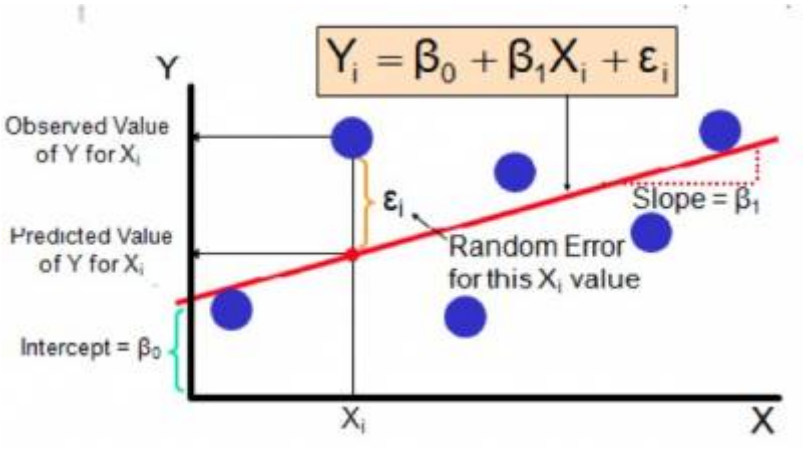


O que são os erros/resíduos e como calcular?

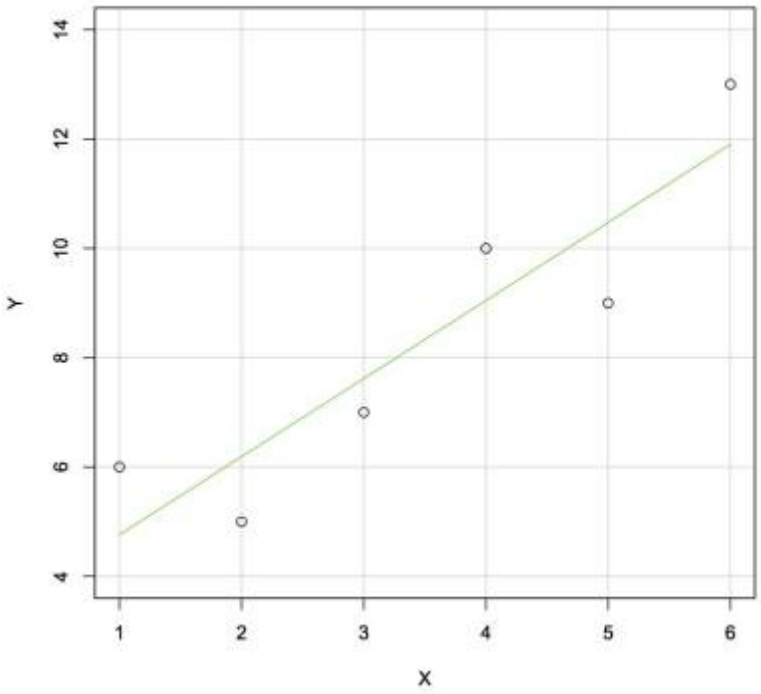
Os erros/resíduos indicam o quão longe os valores de Y observados estão dos valores de Y estimados pela linha de regressão ajustada.



Os erros/resíduos de cada observação são calculados projetando-se no eixo Y o valor de Y observado e o valor de Y estimado (ou predito) pela reta e calculando-se a diferença entre esses dois valores.



Agora vamos estimar os valores dos resíduos para esse exemplo hipotético abaixo:



Faça uma tabela como essa e anote os valores aproximados que você consegue obter por esse gráfico:

X	Yobservado	Yestimado	Resíduo
1			
2			
3			
4			
5			
6			

Agora vamos checar no R com esses mesmos dados: 1) Crie um diretório (*i.e.* uma pasta) para você

2) Abra o R no seu computador e mude o diretório de trabalho para o diretório que você criou, usando o menu ***Arquivo*** > ***mudar dir…***.

3) Crie as variáveis x e y:

```
x<- c(1,2,3,4,5,6)
y<- c(6,5,7,10,9,13)
```

4) Ajuste um modelo de regressão linear simples usando a função *lm()* e inspecione o resumo do modelo usando a função *summary()*, que fornece informações importantes sobre o modelo, incluindo os valores brutos dos erros/resíduos (*residuals*):

```
lm.xy<-lm(y~x)
summary(lm.xy)
```

Checando as premissas

Ok, agora que você entendeu como são calculados os erros/resíduos, vamos trabalhar com conjuntos de dados maiores para podermos entender como checar as premissas da análise de regressão linear de uma maneira um pouco mais realista:

Baixe os arquivos de dados para o seu diretório:

- algas_peixes.csv
- algas_peixes2.csv
- insetos_peixes.csv
- vol_inds.csv

Descrição dos conjuntos de dados:

Um grupo de pesquisadores vem trabalhando há muito tempo com peixes da família Rivulidae que ocorrem em lagos temporários. Esses peixes crescem e se reproduzem nesses lagos temporários durante o período de chuvas e seus ovos ficam dormentes durante o período de seca.

Do total de lagos temporários existentes, foram sorteados 20 lagos e na época chuvosa os

seguintes dados foram coletados:

- - Biomassa de algas
- - Biomassa de insetos aquáticos
- - Volume do lago
- - Biomassa de peixes herbívoros
- - Biomassa de peixes insetívoros
- - Número de indivíduos adultos da espécie mais abundante (*Austrolebias charrua*)

- O primeiro conjunto de dados (algas_peixes.csv) foi obtido com o objetivo de analisar se a biomassa de algas existente nos lagos influencia a biomassa de peixes herbívoros e se essa relação é linear.

- O segundo conjunto de dados (algas_peixes2.csv) foi obtido com o mesmo objetivo anterior, mas em outros 20 lagos diferentes

- O terceiro conjunto de dados (insetos_peixes.csv) foi obtido com o objetivo de analisar se a biomassa de insetos existente nos lagos influencia a biomassa de peixes insetívoros e se essa relação é linear.

- O quarto conjunto de dados (vol_inds.csv) foi obtido com o objetivo de analisar se o volume de água de cada lago afeta o número de indivíduos da espécie *Austrolebias charrua* existente no lago e se essa relação é linear.

Carregue o pacote *car*:

```
library(car)
```

O primeiro passo é ajustar um modelo de regressão linear aos dados obtidos.

Inicialmente vamos trabalhar com o conjunto de dados *algas_peixes.csv*

Importe o arquivo para o R e conheça os dados:

```
algas.peixes <- read.csv("algas_peixes.csv", sep=";")
head(algas.peixes)
summary(algas.peixes)
```

Avalie visualmente a relação entre as variáveis com o gráfico *scatterplot*:

```
scatterplot(BIOMASSA_PEIXES_HERB~BIOMASSA_ALGAS, data=algas.peixes)
```

Ajuste um modelo de regressão linear para as variáveis, usando a função *lm()*:

```
lm.algas.peixes<-lm(BIOMASSA_PEIXES_HERB~BIOMASSA_ALGAS, data=algas.peixes)
summary (lm.algas.peixes)
```

Use a função “names()” para saber quais são as informações que estão disponíveis sobre esse modelo:

```
names(lm.algas.peixes)
```

Se você quiser olhar detalhadamente alguma dessas informações, basta escrever o *nome_do_modelo$nome_da_informação*. Então, vamos olhar especificamente os erros/resíduos:

```
lm.algas.peixes$residuals
```

O mesmo pode ser feito para conhecer os valores ajustados (*fitted.values*), os coeficientes a e b (*coef*), etc.

Como saber se os erros/resíduos seguem uma distribuição normal?

Lembre dos métodos usados no tutorial de ANÁLISES EXPLORATÓRIAS DE DADOS. Escolha um dos métodos disponíveis para avaliar a normalidade dos dados e aplique a mesma lógica para a distribuição dos erros/resíduos.

Histograma

```
hist(lm.algas.peixes$residuals)
```

Boxplot

```
boxplot(lm.algas.peixes$residuals)
```

Gráfico Quantil-Quantil

```
qqnorm(lm.algas.peixes$residuals)
qqline(lm.algas.peixes$residuals)
```

Como saber se a variância dos erros/resíduos é constante?

Para qualquer valor de X (ou de *Yobservado*, ou de *Yestimado*) os valores máximos e mínimos dos resíduos devem ser similares. Então, podemos fazer um gráfico em que relacionamos os valores de *Yestimado* (ou seja, os valores de Y que são indicados pela reta de regressão) e os valores dos *Resíduos* para cada *Yestimado*.

```
res.a.p<-lm.algas.peixes$residuals
```

```
yest.a.p<-lm.algas.peixes$fitted.values
```

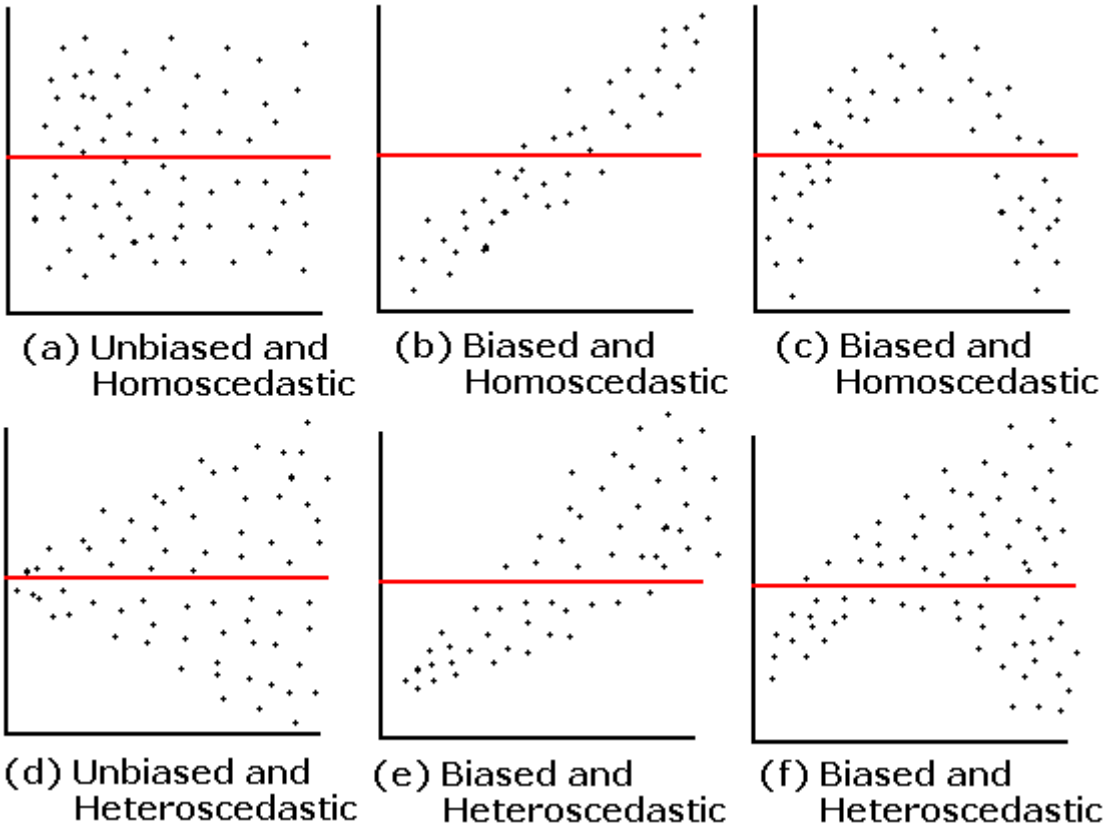
```
plot(res.a.p~yest.a.p, xlab="Y estimado", ylab="Resíduos")
```

Como você interpreta esse gráfico? Você nota algum padrão na distribuição dos erros/resíduos?

O mesmo gráfico (*Resíduos* X *Yestimado*) que é utilizado para avaliar se a variância é constante (homoscedasticidade), também pode ser utilizado para checar se existe alguma assimetria, algum

viés (positivo ou negativo) ou alguma tendência de que a relação seja melhor definida por uma curva do que por uma reta.

A figura abaixo mostra vários exemplos desse gráfico entre *Resíduos* X *Yestimado* relações com ou sem homoscedasticidade e com ou sem vieses (*biased* ou *unbiased*):



Como saber se uma reta representa o melhor ajuste?

O primeiro gráfico a ser feito é um gráfico de dispersão (XY) simples. Uma curva suavizada pode ser plotada para ajudar a analisar a tendência geral.

```
scatterplot(y~x)
```

Adicionalmente, o gráfico de *Resíduos* X *Yestimado* (acima) também indica se existe alguma tendência de melhor ajuste a uma curva do que a uma reta.

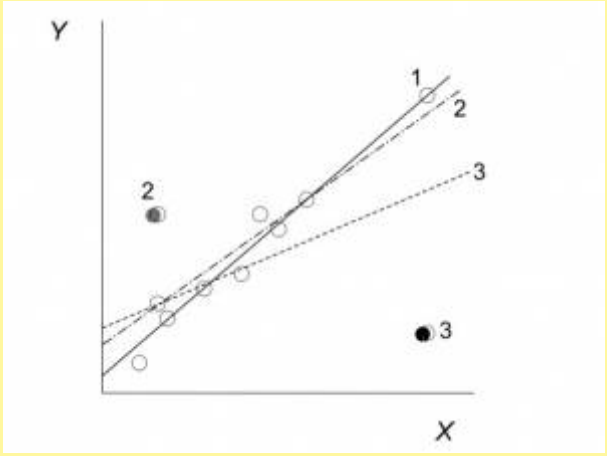
Como saber se alguma observação está influenciando demais os parâmetros da regressão?

Além de testar as premissas, também é importante fazer um diagnóstico para verificar se existem *outliers* e se eles afetam muito o resultado da análise de regressão.

Para medir a influência de uma observação usamos uma medida denominada **“Distância de Cook”** que é calculada para cada observação e leva em consideração o erro/resíduo (***e***) e a *leverage* (***hii***) da observação, que pode ser traduzida como “alavancagem”. A *leverage* indica o quanto um dado valor de X influencia o valor de *Yestimado*.

$$D_i = \frac{e_i^2}{(p+1)QME} \frac{h_{ii}}{(1-h_{ii})^2}.$$

Valores altos de Distância de Cook significam que se esse ponto for retirado das análises, a inclinação da reta de regressão pode mudar muito. Veja o exemplo abaixo, do livro de Quinn & Keough (2008), mostrando o efeito de três diferentes pontos sobre a inclinação da reta.



Se o valor dos *Resíduos* for plotado em relação ao valor de *leverage*, os pontos que possuírem as maiores *leverage* e também erros/resíduos grandes (positivos ou negativos) serão os pontos com maiores **Distâncias de Cook** e consequentemente, com maiores **influências** sobre os parâmetros da reta.

Devido ao tempo escasso, não vamos construir esse gráfico passo-a-passo. Vamos usar uma função mágica do R que vai mostrar 4 gráficos de diagnóstico de uma só vez e incluirá esse gráfico para que você possa analisar.

O primeiro passo é ajustar um modelo de regressão linear aos dados obtidos. Para o primeiro conjunto de dados (algas_peixes.csv), nós já fizemos isso, então, vamos apenas inspecionar o resumo do modelo:

```
summary (lm.algas.peixes)
```

Agora, vamos definir que sejam construídos os 4 gráficos de diagnóstico para esse modelo e que eles sejam colocados em uma mesma página:

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm.algas.peixes)
par(mfrow=c(1,1))
```

Obs.: Note que o gráfico inferior à direita é o gráfico que mostra a distância de Cook.

Salve essa página como.pdf e coloque o mesmo nome do arquivo de dados

Repita o mesmo procedimento para os outros conjuntos de dados e avalie quais premissas

estão sendo atendidas ou não para cada um.

```
## copie uma linha por vez:
algas.peixes2 <- read.csv("algas_peixes2.csv", sep=";")
head(algas.peixes2)
summary(algas.peixes2)
scatterplot(BIOMASSA_PEIXES_HERB2~BIOMASSA_ALGAS2, data=algas.peixes2)
lm.algas.peixes2<-lm(BIOMASSA_PEIXES_HERB2~BIOMASSA_ALGAS2,
data=algas.peixes2)
summary (lm.algas.peixes2)

## copie as três linhas juntas:
par(mfrow=c(2,2))
plot (lm.algas.peixes2)
par(mfrow=c(1,1))
```

```
## copie uma linha por vez:
insetos.peixes <- read.csv("insetos_peixes.csv", sep=";")
head(insetos.peixes)
summary(insetos.peixes)
scatterplot(BIOMASSA_PEIXES_INS~BIOMASSA_INSETOS, data=insetos.peixes)
lm.insetos.peixes<-lm(BIOMASSA_PEIXES_INS~BIOMASSA_INSETOS,
data=insetos.peixes)
summary(lm.insetos.peixes)

## copie as três linhas juntas:
par(mfrow=c(2,2))
plot (lm.insetos.peixes)
par(mfrow=c(1,1))
```

```
## copie uma linha por vez:
vol.inds <- read.csv("vol_inds.csv", sep=";")
head(vol.inds)
summary(vol.inds)
scatterplot(INDIVIDUOS_AUSTROL~VOLUME_LAGO, data=vol.inds)
lm.vol.inds<-lm(INDIVIDUOS_AUSTROL~VOLUME_LAGO, data=vol.inds)
summary(lm.vol.inds)

## copie as três linhas juntas:
par(mfrow=c(2,2))
plot (lm.vol.inds)
par(mfrow=c(1,1))
```