



Estatística Não Paramétrica

Trabalho 3

Luiz Francisco - GRR20213026

dezembro/2023

1) Hipóteses:

$$H_0 : NivelDor_A = NivelDor_B$$

$$H_1 : NivelDor_A \neq NivelDor_B$$

```
library(tidyverse)
n <- 18
m <- 20
N <- n + m
cat("Amostra Hospital A:", m, "\nAmostra Hospital B:", n, "\nTotal de Amostras:", N)

## Amostra Hospital A: 20
## Amostra Hospital B: 18
## Total de Amostras: 38

dados1 <- data.frame(Hospital = c(rep("A", 20), rep("B", 18)),
                      Paciente = c(seq(1:m), seq(1:n)),
                      NivelDor = c(5, 7, 6, 8, 5, 4, 9, 4, 7, 7, 7, 6, 7, 7, 6, 5, 8, 6, 6,
                                  8, 4, 7, 6, 5, 5, 6, 7, 8, 4, 3, 5, 4, 4, 6, 5, 3, 4))
knitr::kable(dados1)
```

Hospital	Paciente	NivelDor
A	1	5
A	2	7
A	3	6
A	4	8
A	5	5
A	6	4
A	7	9
A	8	4
A	9	7
A	10	7
A	11	7
A	12	6
A	13	7
A	14	7
A	15	6
A	16	5
A	17	8
A	18	6
A	19	6
A	20	8
B	1	4
B	2	7
B	3	6
B	4	5
B	5	5
B	6	6
B	7	6
B	8	7
B	9	8
B	10	4
B	11	3
B	12	5

Hospital	Paciente	NivelDor
B	13	4
B	14	4
B	15	6
B	16	5
B	17	3
B	18	4

Ordenamos então o nível de dor e calculamos os postos correspondentes.

```
dados1 <- dados1 %>% mutate(Postos = rank(dados1$NivelDor)) %>% arrange(Postos)
knitr::kable(dados1)
```

Hospital	Paciente	NivelDor	Postos
B	11	3	1.5
B	17	3	1.5
A	6	4	6.0
A	8	4	6.0
B	1	4	6.0
B	10	4	6.0
B	13	4	6.0
B	14	4	6.0
B	18	4	6.0
A	1	5	13.0
A	5	5	13.0
A	16	5	13.0
B	4	5	13.0
B	5	5	13.0
B	12	5	13.0
B	16	5	13.0
A	3	6	21.0
A	12	6	21.0
A	15	6	21.0
A	18	6	21.0
A	19	6	21.0
B	3	6	21.0
B	6	6	21.0
B	7	6	21.0
B	15	6	21.0
A	2	7	29.5
A	9	7	29.5
A	10	7	29.5
A	11	7	29.5
A	13	7	29.5
A	14	7	29.5
B	2	7	29.5
B	8	7	29.5
A	4	8	35.5
A	17	8	35.5
A	20	8	35.5
B	9	8	35.5
A	7	9	38.0

Realizamos a soma de postos de correspondentes para cada categoria, obtendo assim a estatística de teste U.

```
U <- dados1 %>% group_by(Hospital) %>% summarise(U = sum(Postos))
knitr::kable(U)
```

Hospital	U
A	477.5
B	263.5

Calculamos então a estatística de teste, com muitos empates, para a diferença de tratamentos entre hospital A e B:

$$U_1 = \frac{U \frac{-n(N+1)}{2}}{\sqrt{\frac{nm}{N(N-1)} \sum_{i=1}^2 U_i^2 - \frac{nm(N+1)^2}{4(N-1)}}}$$

```
U1 <- (U$U[2] - n * (N + 1)/2) /
  sqrt((n * m / (N * (N - 1))) * sum(U$U)^2 - (n * m * (N + 1)^2 / (4 * (N - 1))))
cat("Estatística de Teste = ", U1)
```

```
## Estatística de Teste = -0.2364951
```

Realizamos a padronização:

$$Z = \frac{U_1 + 0.5 - \frac{n+1}{2}}{\sqrt{\frac{nm(N+1)}{12}}}$$

```
Z <- (U1 + 1/2 - n * (N + 1)/2) / sqrt(n * m * (N + 1) / 12)
cat("Estatística de Teste Padronizada = ", Z)
```

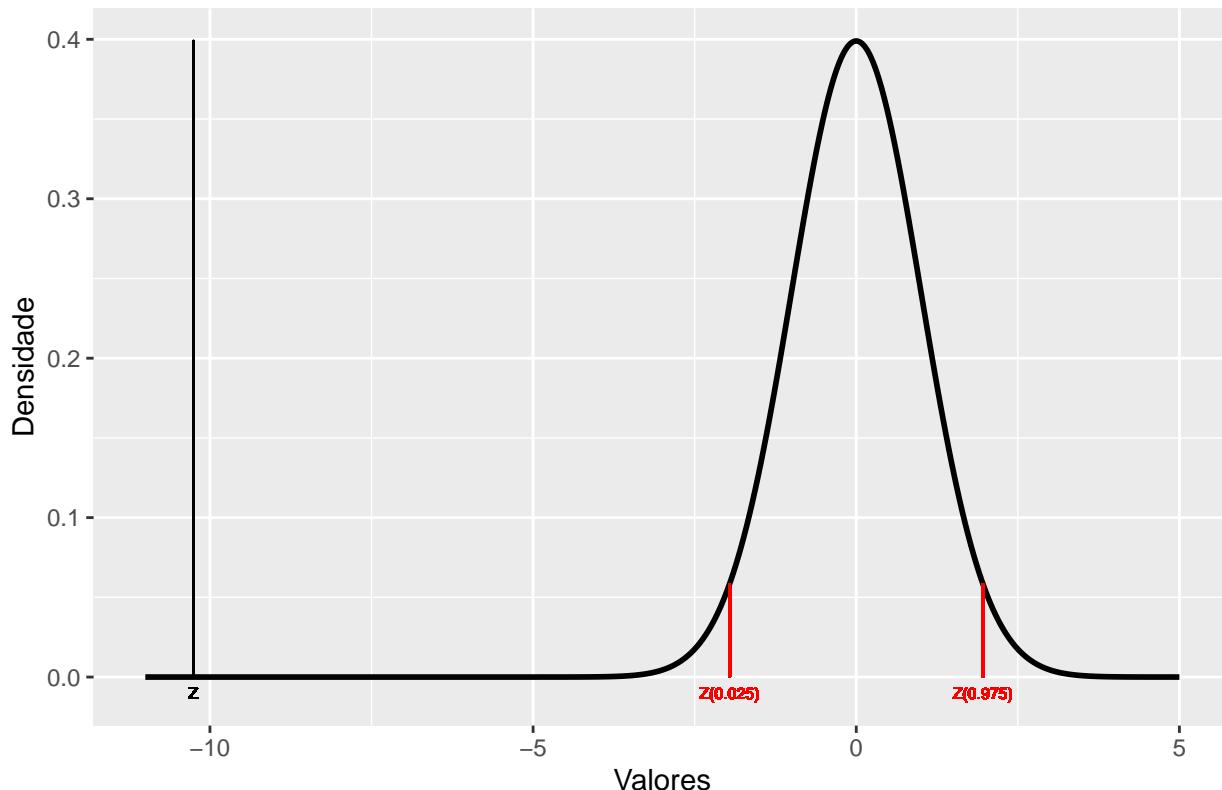
```
## Estatística de Teste Padronizada = -10.25388
```

Verificamos então o *p-valor* correspondente:

```
p <- 2 * min(pnorm(Z), pnorm(Z, lower.tail = F))
cat("p-valor = ", p)

## p-valor = 1.136919e-24
```

Normal Padrão



Verificamos que o *p-valor* calculado ($1.136919e-24$) é menor que $\frac{\alpha}{2} = 0.025$ e, portanto, a estatística Z de teste está dentro da região crítica. Por esse resultado, temos evidência estatística para a rejeição de H_0 , assumindo então: $H_1 : NivelDor_A \neq NivelDor_B$. Para o pesquisador, sintetizamos que o nível de dor entre os dois hospitais é diferente.

2) Hipóteses:

$$H_0 : Treinamento_T = Treinamento_C$$

$$H_1 : Treinamento_T > Treinamento_C$$

```
n <- 10
m <- 8
N <- n + m
dados2 <- data.frame(Classif = seq(1:18),
                      Treinamento = c("C", "C", "T", "T", "C", "C", "C", "C", "T",
                      "T", "C", "T", "C", "T", "T", "T", "T", "T"))
knitr::kable(dados2)
```

Classif	Treinamento
1	C
2	C
3	T
4	T
5	C
6	C
7	C
8	C

	Classif	Treinamento
9	T	
10	T	
11	C	
12	T	
13	C	
14	T	
15	T	
16	T	
17	T	
18	T	

```
cat("Amostra Hospital A:", m, "\nAmostra Hospital B:", n, "\nTotal de Amostras:", N)
```

```
## Amostra Hospital A: 8
## Amostra Hospital B: 10
## Total de Amostras: 18
```

Realizamos a soma de postos de correspondentes para cada categoria, obtendo assim a estatística de teste U.

```
U <- dados2 %>% group_by(Treinamento) %>% summarise(U = sum(Classif))
knitr::kable(U)
```

Treinamento	U
C	53
T	118

```
cat("Estatística de Teste = ", U$U[2])
```

```
## Estatística de Teste = 118
```

A estatística de teste utilizada foi a soma das classificações de cada treinamento, e nesse caso foi considerada a de maior valor, do Treinamento T. Realizamos então a padronização:

$$Z = \frac{U + 0.5 - \frac{n(N+1)}{2}}{\sqrt{\frac{nm(N+1)}{12}}}$$

```
Z <- (U$U[2] + 1/2 - n * (N + 1)/2) / sqrt(n * m * (N + 1) / 12)
cat("Estatística de Teste Padronizada = ", Z)
```

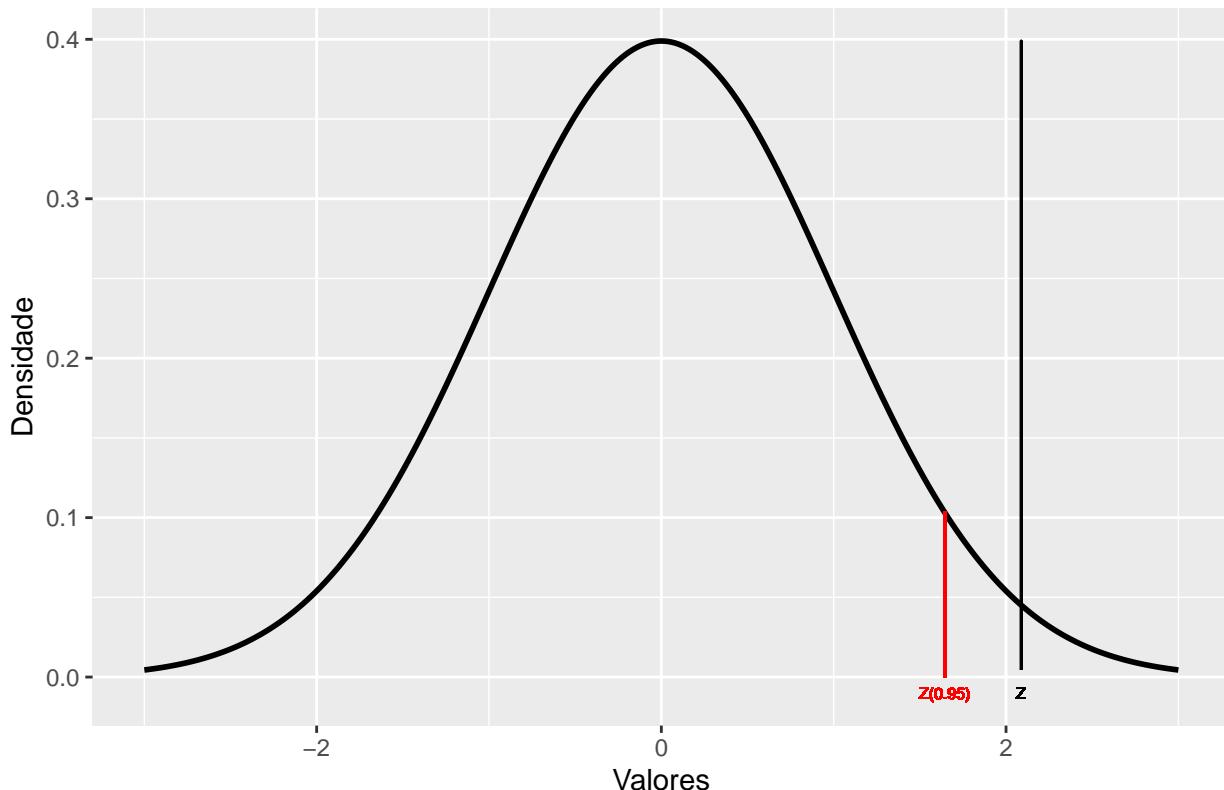
```
## Estatística de Teste Padronizada = 2.08803
```

Verificamos então o *p*-valor correspondente:

```
p <- 2 * min(pnorm(Z), pnorm(Z, lower.tail = F))
cat("p-valor = ", p)
```

```
## p-valor = 0.03679515
```

Normal Padrão



Verificamos que o p -valor calculado (0.03679515) é menor que $\alpha = 0.05$ e, portanto, a estatística Z de teste está dentro da região crítica. Por esse resultado, temos evidência estatística para a rejeição de H_0 , assumindo então: $H_1 : \text{Treinamento}_T > \text{Treinamento}_C$. Para o pesquisador, sintetizamos que a aptidão física medida dos pacientes do treinamento T é maior do que para o treinamento C.

3) Hipóteses:

$$H_0 : \text{Batimentos}_D = \text{Batimentos}_A$$

$$H_1 : \text{Batimentos}_D < \text{Batimentos}_A$$

```
dados3 <- data.frame(Paciente = seq(1:15),
                      Antes = c(125, 132, 138, 120, 125, 127, 136, 139,
                               131, 132, 135, 136, 128, 127, 130),
                      Depois = c(118, 134, 130, 124, 105, 130, 130, 132,
                               123, 128, 126, 140, 135, 123, 132))
knitr::kable(dados3)
```

Paciente	Antes	Depois
1	125	118
2	132	134
3	138	130
4	120	124
5	125	105
6	127	130
7	136	130
8	139	132

Paciente	Antes	Depois
9	131	123
10	132	128
11	135	126
12	136	140
13	128	135
14	127	123
15	130	132

Vamos agora ordenar os batimentos, desconsiderando quando foi medido, se antes os depois.

```
dados3 <- dados3 %>% mutate(Postos = rank(Batimentos)) %>% arrange(Postos)
knitr::kable(dados3)
```

Paciente	Estágio	Batimentos	Postos
5	Depois	105	1.0
1	Depois	118	2.0
4	Antes	120	3.0
9	Depois	123	4.5
14	Depois	123	4.5
4	Depois	124	6.0
1	Antes	125	7.5
5	Antes	125	7.5
11	Depois	126	9.0
6	Antes	127	10.5
14	Antes	127	10.5
13	Antes	128	12.5
10	Depois	128	12.5
15	Antes	130	15.5
3	Depois	130	15.5
6	Depois	130	15.5
7	Depois	130	15.5
9	Antes	131	18.0
2	Antes	132	20.5
10	Antes	132	20.5
8	Depois	132	20.5
15	Depois	132	20.5
2	Depois	134	23.0
11	Antes	135	24.5
13	Depois	135	24.5
7	Antes	136	26.5
12	Antes	136	26.5
3	Antes	138	28.0
8	Antes	139	29.0
12	Depois	140	30.0

É então calculado D, a diferença de postos nos estágios antes e depois para cara paciente.

```
dados3 <- dados3 %>% pivot_wider(names_from = Estágio, values_from = c(Batimentos, Postos))
dados3 <- dados3 %>% mutate(D = Postos_Depois - Postos_Antes)
knitr::kable(dados3)
```

Paciente	Batimentos_Depois	Batimentos_Antes	Postos_Depois	Postos_Antes	D
5	105	125	1.0	7.5	-6.5
1	118	125	2.0	7.5	-5.5
4	124	120	6.0	3.0	3.0
9	123	131	4.5	18.0	-13.5
14	123	127	4.5	10.5	-6.0
11	126	135	9.0	24.5	-15.5
6	130	127	15.5	10.5	5.0
13	135	128	24.5	12.5	12.0
10	128	132	12.5	20.5	-8.0
15	132	130	20.5	15.5	5.0
3	130	138	15.5	28.0	-12.5
7	130	136	15.5	26.5	-11.0
2	134	132	23.0	20.5	2.5
8	132	139	20.5	29.0	-8.5
12	140	136	30.0	26.5	3.5

A estatística W de teste será dada por:

$$W = \min(|\sum_{D_i < 0} D_i|, |\sum_{D_i > 0} D_i|)$$

```
PostosPositivos <- dados3 %>% filter(D >= 0) %>% summarise(U = sum(D))
PostosNegativos <- dados3 %>% filter(D <= 0) %>% summarise(U = -sum(D))
cat("Soma dos Postos Positivos = ", PostosPositivos$U,
    "\nSoma dos Postos Negativos = ", PostosNegativos$U)

## Soma dos Postos Positivos = 31
## Soma dos Postos Negativos = 87
W <- min(PostosPositivos$U, PostosNegativos$U)
cat("Estatística de Teste W = ", W)

## Estatística de Teste W = 31
```

Verificando na tabela de quantis do teste de postos sinalizados de Wilcoxon, obtemos que o valor tabelado unilateral para $W_{\alpha=0.05,n=15} = 31$. Como $W = W_{\alpha=0.05,n=15}$ dizemos que não temos evidência estatística para a rejeição da hipótese nula $H_0 : Batimentos_D = Batimentos_A$. Para o pesquisador, podemos dizer que os batimentos parecem não serem reduzidos pelo tratamento.

Cabe ressaltar que o valor obtido para W foi exatamente a linha de corte da tabela $W_{\alpha=0.05,n=15}$, e que a hipótese H_0 seria rejeitada caso fosse definido um nível de confiança menor. Para 90%, por exemplo, $W < W_{\alpha=0.10,n=15} = 37$, o que resultaria na rejeição de H_0 .

4) Hipóteses:

$$H_0 : DorMedicamento_1 = DorMedicamento_2 = DorMedicamento_3$$

$$H_1 : DorMedicamento_1 \neq DorMedicamento_2 = DorMedicamento_3$$

$$H_1 : DorMedicamento_1 = DorMedicamento_2 \neq DorMedicamento_3$$

$$H_1 : DorMedicamento_1 \neq DorMedicamento_2 \neq DorMedicamento_3$$

```

dados4 <- data.frame(Medicamento = c(rep("1", 7), rep("2", 7), rep("3", 7)),
                      NivelDor = c(7, 8, 7, 6, 9, 8, 6, 5, 4, 6, 7,
                                  4, 5, 7, 6, 6, 4, 6, 5, 4, 7))
knitr::kable(dados4)

```

Medicamento	NivelDor
1	7
1	8
1	7
1	6
1	9
1	8
1	6
2	5
2	4
2	6
2	7
2	4
2	5
2	7
3	6
3	6
3	4
3	6
3	5
3	4
3	7

Vamos agora ordenar pelo nível de dor e calcular os postos correspondentes a cada observação.

```

dados4 <- dados4 %>% mutate(Postos = rank(NivelDor)) %>% arrange(Postos)
knitr::kable(dados4)

```

Medicamento	NivelDor	Postos
2	4	2.5
2	4	2.5
3	4	2.5
3	4	2.5
2	5	6.0
2	5	6.0
3	5	6.0
1	6	10.5
1	6	10.5
2	6	10.5
3	6	10.5
3	6	10.5
3	6	10.5
1	7	16.0
1	7	16.0
2	7	16.0
2	7	16.0
3	7	16.0

Medicamento	NivelDor	Postos
1	8	19.5
1	8	19.5
1	9	21.0

Calcula-se então a estatística de teste de *Kruskal-Wallis*.

$$H = (N - 1) \frac{\sum_{i=1}^g n_i (\bar{r}_{i\cdot} - \bar{r})^2}{\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^{n_i} (\bar{r}_{ij} - \bar{r})^2}$$

onde: $n_i = 7$ é o número de observações de cada grupo, $g = 3$ é o número de grupos, $N = 21$ é o número total de observações, $\bar{r}_{i\cdot}$ é o posto médio de cada grupo e \bar{r} é a média de todos os postos.

```
N <- nrow(dados4)
g <- length(unique(dados4$Medicamento))
n <- N/g
r_grupo <- tapply(dados4$Postos, dados4$Medicamento, mean)
r_total <- mean(dados4$Postos)

H <- (N-1) * sum(n * (r_grupo - r_total)^2) / sum((dados4$Postos - r_total)^2)
cat("Estatística H de teste: ", H)

## Estatística H de teste: 7.558795
```

O valor crítico tabelado para 7 amostras em 3 grupos é $H_c = 5.819$. Como o H calculado é maior que H_c rejeita-se, portanto, a hipótese nula H_0 de igual nível de dor entre os medicamentos. Para o pesquisador, podemos dizer que houve evidência estatística que corrobora a diferença de nível de dor entre os medicamentos.

Vamos agora realizar exatamente o mesmo procedimento, porém filtrando somente dois medicamentos por vez, para verificar a diferença dos tratamentos dois a dois.

```
dados4 <- data.frame(Medicamento = c(rep("1", 7), rep("2", 7), rep("3", 7)),
                      NivelDor = c(7, 8, 7, 6, 9, 8, 6, 5, 4, 6, 7,
                                 4, 5, 7, 6, 6, 4, 6, 5, 4, 7))

dados4_M_1_2 <- dados4 %>% filter(Medicamento == "1" | Medicamento == "2") %>%
  mutate(Postos = rank(NivelDor)) %>% arrange(Postos)

N_M_1_2 <- nrow(dados4_M_1_2)
g_M_1_2 <- length(unique(dados4_M_1_2$Medicamento))
n_M_1_2 <- N_M_1_2/g_M_1_2
r_grupo_M_1_2 <- tapply(dados4_M_1_2$Postos, dados4_M_1_2$Medicamento, mean)
r_total_M_1_2 <- mean(dados4_M_1_2$Postos)

H_M_1_2 <- (N_M_1_2-1) * sum(n_M_1_2 * (r_grupo_M_1_2 - r_total_M_1_2)^2) /
  sum((dados4_M_1_2$Postos - r_total_M_1_2)^2)
cat("Estatística H de teste: ", H_M_1_2)

## Estatística H de teste: 5.194064
```

O valor crítico tabelado para 7 amostras em 2 grupos é $H_c = 3.841$. Como o H calculado é maior que H_c rejeita-se, portanto, a hipótese nula H_0 de igual nível de dor entre os medicamentos. Para o pesquisador, podemos dizer que houve evidência estatística que corrobora a diferença de nível de dor entre os medicamentos 1 e 2.

```

dados4_M_1_3 <- dados4 %>% filter(Medicamento == "1" | Medicamento == "3") %>%
  mutate(Postos = rank(NivelDor)) %>% arrange(Postos)
N_M_1_3 <- nrow(dados4_M_1_3)
g_M_1_3 <- length(unique(dados4_M_1_3$Medicamento))
n_M_1_3 <- N_M_1_3/g_M_1_3
r_grupo_M_1_3 <- tapply(dados4_M_1_3$Postos, dados4_M_1_3$Medicamento, mean)
r_total_M_1_3 <- mean(dados4_M_1_3$Postos)

H_M_1_3 <- (N_M_1_3-1) * sum(n_M_1_3 *(r_grupo_M_1_3 - r_total_M_1_3)^2) /
  sum((dados4_M_1_3$Postos-r_total_M_1_3)^2)
cat("Estatística H de teste: ", H_M_1_3)

## Estatística H de teste: 5.926407

```

O valor crítico tabelado para 7 amostras em 2 grupos é $H_c = 3.841$. Como o H calculado é maior que H_c rejeita-se, portanto, a hipótese nula H_0 de igual nível de dor entre os medicamentos. Para o pesquisador, podemos dizer que houve evidência estatística que corrobora a diferença de nível de dor entre os medicamentos 1 e 3.

```

dados4_M_2_3 <- dados4 %>% filter(Medicamento == "2" | Medicamento == "3") %>%
  mutate(Postos = rank(NivelDor)) %>% arrange(Postos)
N_M_2_3 <- nrow(dados4_M_2_3)
g_M_2_3 <- length(unique(dados4_M_2_3$Medicamento))
n_M_2_3 <- N_M_2_3/g_M_2_3
r_grupo_M_2_3 <- tapply(dados4_M_2_3$Postos, dados4_M_2_3$Medicamento, mean)
r_total_M_2_3 <- mean(dados4_M_2_3$Postos)

H_M_2_3 <- (N_M_2_3-1) * sum(n_M_2_3 *(r_grupo_M_2_3 - r_total_M_2_3)^2) /
  sum((dados4_M_2_3$Postos-r_total_M_2_3)^2)
cat("Estatística H de teste: ", H_M_2_3)

## Estatística H de teste: 0

```

O valor crítico tabelado para 7 amostras em 2 grupos é $H_c = 3.841$. Como o H calculado é menor que H_c não rejeita-se, portanto, a hipótese nula H_0 de igual nível de dor entre os medicamentos. Para o pesquisador, podemos dizer que houve evidência estatística que corrobora a igualdade de nível de dor entre os medicamentos 2 e 3.

5) Hipóteses:

$$H_0 : RankCurso_1 = RankCurso_2 = RankCurso_3$$

$$H_1 : RankCurso_1 \neq RankCurso_2 = RankCurso_3$$

$$H_1 : RankCurso_1 = RankCurso_2 \neq RankCurso_3$$

$$H_1 : RankCurso_1 \neq RankCurso_2 \neq RankCurso_3$$

```

dados5 <- data.frame(Participante = seq(1:10),
                      Curso1 = c(3, 1.5, 1.5, 1, 2, 2, 2, 2, 3, 1.5),
                      Curso2 = c(1, 1.5, 1.5, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1.5),
                      Curso3 = c(2, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 2, 3))
knitr::kable(dados5)

```

Participante	Curso1	Curso2	Curso3
1	3.0	1.0	2
2	1.5	1.5	3
3	1.5	1.5	3
4	1.0	2.0	3
5	2.0	1.0	3
6	2.0	1.0	3
7	2.0	1.0	3
8	2.0	1.0	3
9	3.0	1.0	2
10	1.5	1.5	3

Para esse problema, iremos realizar o teste de Friedman, dado pela estatística de teste:

$$Q = \frac{SS_t}{SS_e} = \frac{n \sum_{j=1}^k (\bar{r}_{.j} - \bar{r})^2}{\frac{1}{n(k-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^k (r_{ij} - \bar{r})^2}$$

onde: $n = 10$ é o número de participantes, $k = 3$ é o número de categorias (cursos), r_{ij} são os postos individuais, $\bar{r}_{.j}$ é a média de postos por categoria e \bar{r} é a média de postos geral. Nesse problema, os dados obtidos já estão codificados da forma correta em postos, portanto não é necessária realizar essa etapa de ordenamento e definição de postos. Calculamos então Q.

```
n <- nrow(dados5)
k <- length(dados5[,-1])
r_grupo <- colMeans(dados5[,-1])
r_total <- sum(dados5[,-1])/(n*k)

Q <- (n*sum((r_grupo-r_total)^2))/((1/(n*(k-1)))*sum((dados5[,-1]-r_total)^2))
cat("Estatística H de teste: ", Q)

## Estatística H de teste: 13.02703
```

O valor crítico tabelado para 10 participantes em 3 grupos é $Q_c = 6.2$. Como o Q calculado é maior que H_c rejeita-se, portanto, a hipótese nula H_0 de igual nível de rank (ou preferência) entre os três cursos. Para o pesquisador, podemos dizer que houve evidência estatística que corrobora a diferença de preferência entre os três cursos.