

Estatística Inferencial para o Direito.

Autor: Felipe Navarro Romero Miguel (navarromiguel787@gmail.com (<mailto:navarromiguel787@gmail.com>)).

Agradeço a C.B pelos comentários.

Nov. 2020.

Teste Wilcoxon para amostras pareadas

Introdução

Objetivo

Assim como o documento anterior, esse notebook tem por objetivo apresentar temáticas e técnicas de estatística inferencial para usos práticos no mundo do Direito. Ainda, esse caderno também lida com amostragem e testes comparativos de amostras; todavia, ao invés de utilizarmos testes que pressupõem uma distribuição subjacente, como no documento anterior, vamos abordar casos de testes não paramétricos, ou seja, que não pressupõem uma distribuição da nossa amostra.

Para isso usamos da linguagem de programação Python 3 e vamos discutir as temáticas de: estatística não paramétrica, teorema central do limite, teste de normalidade da distribuição amostral (teste Shapiro-Wilk) e comparação entre amostras pelo teste de Wilcoxon ("Wilcoxon signed-rank test").

Sobre o notebook anterior (mesma pasta)

No notebook anterior (Teste t para amostras pareadas) procuramos apresentar um procedimento para responder a pergunta: "Se, nas ações contra a Fazenda Pública, existe diferença no arbitramento de honorários em câmaras de um mesmo tribunal (ou de tribunais diversos) em causas de mesmo valor, considerando as hipóteses do art. 85 do CPC?". No procedimento nós: (I) geramos amostras aleatórias para representar a determinação de dividendos entre duas câmaras; (II) organizamos as amostras por valores crescentes e juntamos estas em pares (para simular pareamento das amostras segundo o valor de causa e o mesmo período); (III) testamos pela normalidade das diferenças entre os pares (isto é, se a diferença entre as decisões formam uma distribuição normal) usando do teste Wilk-Shapiro e; (IV) realizou-se um teste t para comparar as amostras e avaliar se existia essa diferença entre as decisões das cortes e qual o seu valor médio.

Nesse notebook, optou-se por lidar com outra questão (para mostrar situações distintas em que se pode utilizar de testes comparativos entre amostras), todavia, o procedimento abaixo pode ser usado também para responder a perguntas como a do notebook anterior, desde que se trate de duas amostras pareadas e que se cumpram alguns requisitos que serão apresentados ao longo do texto.

Pergunta

Procuramos responder a pergunta: "Se, nos recursos das ações de indenização por dano moral, existe diferença nas decisões da primeira e segunda instância".

Resumo e explicação do Procedimento

(I) Geração de amostra de casos (simulando a obtenção de amostra aleatória): retirada da amostra se justifica por limitações de tempo e recursos que impedem de avaliar a população inteira. Aqui busca-se uma amostra que seja representativa da população, mas que, ao mesmo tempo, seja pequena ($n < 25$) para simular situações em que não podemos contar com o teorema central do limite (explicado infra).

(II) Realização de um teste de normalidade: nesse notebook, a diferença amostral não segue uma distribuição normal, conforme ficará comprovado pelo teste Shapiro-Wilk.

(III) Execução do teste de Wilcoxon para comparar a média amostral: dado que a distribuição de interesse não é normal, vamos utilizar um teste de hipótese não-paramétrico.

última observação

Ao invés de vírgulas, a separação decimal se dará por ponto, dado que assim funciona a linguagem original do Python 3.

Definições importantes (glossário)

Para fins didáticos, repte-se aqui algumas das definições apresentadas em "Amostragem e Comparação de Amostras I" do mesmo autor. Estas são: Distribuição normal, Hipótese nula, Intervalo de Confiança, Nível de significância, poder do teste e valor-p. As demais definições são exclusivas (por enquanto) ao presente notebook.

Distribuição normal (Gaussiana): uma distribuição de probabilidade em formato de "sino", centrada na média (que, no caso da distribuição normal, é idêntica a mediana e a moda) e simétrica a direita e a esquerda desta. Ela é de grande importância estatística, não só por ser comum, como também a *distribuição das médias de amostras aleatórias tende a ser normal* (teorema central do limite). A distância de um valor, medida em desvios padrões, em relação à média de uma distribuição normal é chamada de "z-score" (Z); ela é muito importante considerando que, em uma distribuição normal, a área embaixo da curva entre uma Z score de -1.96 e de + 1.96 desvio padrão contém 95% dos valores de uma distribuição normal. O valor associado a Z -score, bem como a área entre este e a média pode ser encontrado nas tabelas de distribuição Z .

Distribuição simétrica: são distribuições em que o valor da média e da mediana é o mesmo (por exemplo: distribuição normal, uniforme, etc.).

Hipótese nula (H_0): é a hipótese que procuramos rejeitar por meio do teste estatístico considerando a hipótese alternativa (H_1) de nosso interesse.

Intervalo de confiança (I.C): é um intervalo que contém um conjunto de valores de uma dada distribuição. Em uma distribuição normal, o intervalo de confiança, para um valor $\alpha = 5\%$, contém 95% dos valores observados na nossa amostra.

Nível de significância (alfa): trata-se da probabilidade de se rejeitar a hipótese nula se esta for verdadeira (a rejeição da hipótese nula quando esta é verdadeira é conhecido como erro de tipo I). Geralmente o valor adotado de alfa é de 5%.

Paramétrico e não paramétrico: a diferença entre estatística paramétrica e não paramétrica é que aquela pressupõe certa distribuição dos dados (normal ou não), enquanto que esta não o faz.

Poder do teste (1 - beta): é a probabilidade de se rejeitar a hipótese nula quando esta for falsa. Geralmente adotam-se os valores de 20% ou 10% para *beta* (importante destacar que beta **não** é o símbolo do poder de teste, mas sim o símbolo que identifica erro de tipo II - a possibilidade de se aceitar a hipótese nula quando esta for falsa -, portanto, dizer que o poder de teste é de 80% significa dizer que há uma chance de 20% de falhar em rejeitar a hipótese nula).

Testes bicaudais e monocaudais: o objetivo desses tipos de teste é verificar o quão distante o valor obtido está da média de uma distribuição (ou seja, o quão próximo ele está de uma das extremidades ou "caudas"). Se o valor encontrado estiver muito distante da média (prevista pela hipótese nula), é provável que ele pertença a uma distribuição distinta (prevista pela hipótese alternativa). O teste é bicaudal quando se avalia a proximidade do valor de *qualquer* uma das duas caudas e monocaudal quando se verifica a proximidade de *somente* uma das caudas.

Valor p: é um valor que nos diz o quão provável é a hipótese nula (normalmente, para se rejeitar a hipótese nula, adotam-se valores p menores que 0.05 ou 0.01).

Bibliotecas

```
In [1]: import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import random
import pandas as pd
from scipy import stats
from scipy.stats import norm
from scipy.stats import skewnorm
pd.options.mode.chained_assignment = None
```

Porque (não) usar testes não paramétricos

Os testes não paramétricos (testes que não pressupõem uma distribuição da população) apresentam vantagens e desvantagens que devem ser levadas em conta na escolha do procedimento mais adequado. Segundo Nahm (2016, p. 9-10), se por um lado os testes não paramétricos não demandam que a população de interesse siga uma distribuição determinada para poder fazer inferências sobre esta; por outro eles podem ter menos poder estatístico que testes paramétricos.

População e Amostra não normal

Imaginemos que uma amostra aleatória tenha sido retirada de certa população e que, uma vez feito os testes de normalidade, você descobre que é improvável que a população de interesse siga uma distribuição normal. Isso é um problema porque vários testes para comparação entre

amostras (como, por exemplo, teste t e ANOVA) tem por premissa a distribuição normal da população (ou da diferença entre essas populações, ao depender do teste) e, na falta dessa distribuição, os testes podem levar a resultados pouco confiáveis. O que fazer nessa situação?

Nesse documento vamos apresentar dois caminhos típicos (ainda que não únicos) para resolver esse impasse. O primeiro consiste na retirada de uma amostra maior na expectativa de obter uma distribuição das médias amostrais mais próximas da normalidade (teorema central do limite). A segunda é de se utilizar de testes não-paramétricos.

Teorema central do limite

Já no glossário se mencionou o teorema central do limite como a tendência da média amostral de se aproximar de uma distribuição normal para amostras grandes. Como não se falou muito do teorema no último documento, optou-se por fazer uma breve referência a este. Neste notebook vamos definir e mostrar graficamente o que significa o teorema e porque, apesar dele, pode ser recomendado se utilizar de instrumentos de inferência estatística não paramétrica. Optou-se por não adentrar na matemática do teorema, mas quem tiver interesse pode ver o trabalho de Kwak e Kim (2017, p. 154-156).

Uma ótima definição do teorema central do limite, ou Teorema Limite Central é apresentada por Bussab e Morettin (2017, p. 291): "Para amostras aleatórias simples (X_1, \dots, X_n), retiradas de uma população com média μ e variância σ^2 finita, a distribuição amostral da média \bar{X} aproxima-se, para n grande, de uma distribuição normal com média μ e variância $\frac{\sigma^2}{n}$." Ainda segundo os autores a amostra aleatória simples é definida, para o uso corrente na obra, é feita com reposição para garantir a independência entre os elementos (ibid., p. 291).

Em outros termos o teorema pressupõe: (I) amostras grandes; (II) aleatórias e; (III) com reposição. A violação desses pressupostos pode levar o teorema a não se aplicar a distribuição das médias amostrais.

Exemplificando: imaginemos uma população que siga uma distribuição uniforme (não normal). Se retiramos diversas amostras contendo n elementos, calcularmos a média de cada uma delas e colocarmos esses valores em um histograma, vamos notar que, quanto maior o valor de n , mais essa distribuição de médias se aproxima de ser normal. Em termos gráficos, podemos visualizar isso abaixo: o primeiro gráfico contém a distribuição uniforme de valores entre 0 e 1; o segundo contém as médias de 1000 amostras de 5 elementos dessa população; e o terceiro contém a média amostral de 1000 amostras de 30 elementos.

```
In [2]: Amostra = np.random.uniform(0, 1, size = 1000)
Array_Amostra = np.array(Amostra)

MA1 = np.sum(Amostra)/Amostra.size
MA1 = np.array(MA1)

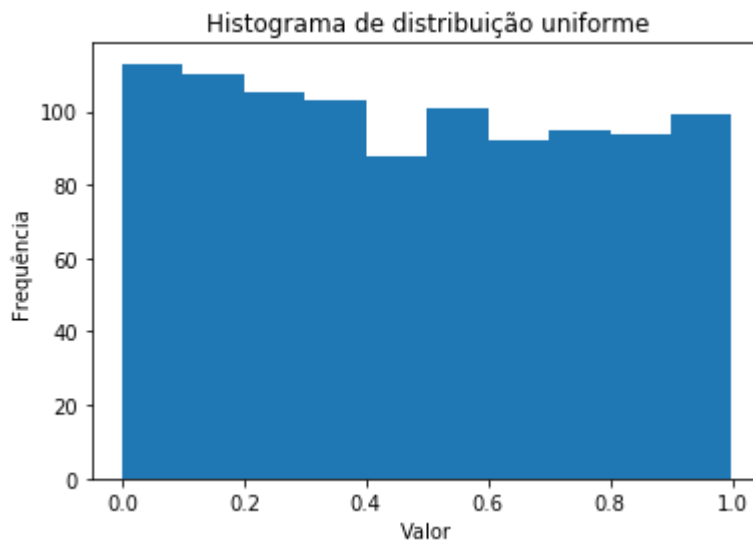
MA2 = np.sum(Amostra)/Amostra.size
MA2 = np.array(MA2)

while True:
    if MA1.size < 1000:
        Amostra = np.random.uniform(0, 1, size = 5)
        MB = np.sum(Amostra)/Amostra.size
        MA1 = np.append(MA1,MB)
    elif MA2.size < 1000:
        Amostra = np.random.uniform(0, 1, size = 30)
        MB = np.sum(Amostra)/Amostra.size
        MA2 = np.append(MA2,MB)
    else:
        break

# Distribuição da amostra (uniforme)

plt.hist(Array_Amostra)
plt.title('Histograma de distribuição uniforme')
plt.xlabel('Valor')
plt.ylabel('Frequência')
```

Out[2]: Text(0, 0.5, 'Frequência')



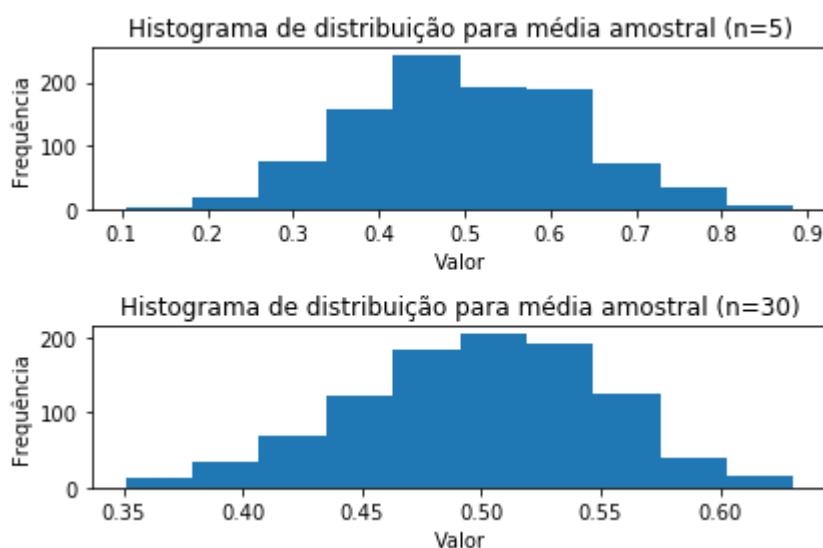
```
In [3]: fig, axes = plt.subplots(2,1)

# Distribuição das médias amostrais

axes[0].hist(MA1)
axes[0].set_title('Histograma de distribuição para média amostral (n=5)')
axes[0].set_xlabel('Valor')
axes[0].set_ylabel('Frequência')

axes[1].hist(MA2)
axes[1].set_title('Histograma de distribuição para média amostral (n=30)')
axes[1].set_xlabel('Valor')
axes[1].set_ylabel('Frequência')

plt.tight_layout()
```



Como se pode notar, quanto maior o tamanho da amostra (n), mais a distribuição das médias amostrais se aproxima da normal (com cada vez mais observações no centro da distribuição e menos nas caudas).

O que é uma amostra "grande"?

Note que, para que a média amostral seja (aproximadamente) normal, é necessário que n seja "grande"; o problema é que não há uma medida universal para n ser grande o suficiente para todo e qualquer tipo de amostra. Ainda assim, como regra prática e na ausência de procedimentos mais avançados, recomendamos que, para distribuições de $n > 30$, utilize-se de testes paramétricos que assumam uma distribuição normal (ainda que a população de interesse não siga uma distribuição do tipo). Caso contrário, recomendamos que seja realizado não paramétrico como, por exemplo, o teste de sinais de Wilcoxon abaixo.

Teste de Wilcoxon

O "Wilcoxon signed-rank test", apresentado por Frank Wilcoxon (1945), é um método estatístico usado para verificar a existência de diferenças estatisticamente significantes entre duas amostras. Em casos de amostras não pareadas, ele demanda que seja adicionado sinal negativo a posição ("rank") das diferenças quando estas forem negativas (WILCOXON, 1945, p. 80-81). Apesar do autor não explicitar o caráter não paramétrico do método desenvolvido, essa é uma das possíveis vantagens deste em relação a testes paramétricos em se tratando de situações como a presente (em que temos amostras "pequenas" e distribuídas não normalmente).

Ressalta-se que o teste pressupõem a simetria da população subjacente (VORAPRATEEP, 2013, p. 29) caso contrário quanto mais assimétrica a população menor é o poder do teste Wilcoxon, como demonstrado nas simulações feitas por Voraprateep (2013, p. 30-49). Dada a complexidade do tema de como testar e lidar com assimetria, bem como as limitações desse notebook, optou-se por criar amostras de populações uniformes (simétricas) visando garantir que a diferença dos valores entre as amostras seja simétrica; mas para quem estiver interesse no assunto, recomenda-se a excelente dissertação de Voraprateep (2013).

Explicando o teste

Resumindo o procedimento apresentado em Wilcoxon (1945, p. 80-82): (i) organizam-se em colunas as amostras pareadas; (ii) subtrai-se o valor da primeira amostra pela segunda; (iii) posicionam-se (rank) a diferença das observações pelo seu valor absoluto; (iv) multiplica-se as posições pelo sinal da diferença; (v) somam-se os valores negativos das posições entre si e se obtém o valor absoluto dessa soma; (vi) somam-se os valores positivos das posições entre si; (vii) escolhe-se o menor valor (em termos absolutos) dessas somas e compara-se com o valor crítico (obtido na tabela específica para esse teste que pode ser vista online ou no paper original do autor, na página 82).

O menor valor dessas somas será chamado de T no sentido apresentado por Siegel (1975, p. 85-86): "Seja T a menor soma dos postos de mesmo sinal. Isto é, T é, ou a soma dos postos positivos ou a soma dos postos negativos (a que for menor).".

Exemplificando com duas amostras aleatórias de 10 elementos cada (formando ao todo 10 pares) de distribuição não normal. O valor crítico (α) é de 0.05, e nós queremos que o teste seja bicaudal (ou seja, desejamos saber se a diferença entre as medianas dos valores é distinta de 0). Isso significa que rejeitaremos a hipótese nula se o valor obtido para a menor das somas for menor do que 8 (isto é, "statistic" < 8 e p. < 0.05).

```
In [4]: A1 = np.random.randint(1,400,10)
A1 = np.array(A1)

A2 = np.random.randint(1,400,10)
A2 = np.array(A2)

A12 = A1 - A2
```

```
In [5]: # A1 == Amostra Aleatória 1; A2 == Amostra Aleatória 2
W = pd.DataFrame({"A1": A1, "A2": A2, "A1 - A2": A12})

W["Rank Absoluto"] = W["A1 - A2"].abs().rank()

W["Rank com sinal"] = W["Rank Absoluto"]
for i in range(0,9):
    if W["A1 - A2"][i] > 0 :
        W["Rank com sinal"][i] = 1*W["Rank Absoluto"][i]
    else:
        W["Rank com sinal"][i] = - 1*W["Rank Absoluto"][i]

print(W)
```

	A1	A2	A1 - A2	Rank Absoluto	Rank com sinal
0	40	157	-117	5.0	-5.0
1	11	341	-330	10.0	-10.0
2	194	347	-153	8.0	-8.0
3	4	303	-299	9.0	-9.0
4	87	10	77	4.0	4.0
5	362	331	31	2.0	2.0
6	134	12	122	6.0	6.0
7	145	292	-147	7.0	-7.0
8	156	161	-5	1.0	-1.0
9	281	231	50	3.0	3.0

```
In [6]: Tneg = 0
Tpos = 0
while True:
    for i in range(0,10):
        if W["Rank com sinal"][i] < 0 :
            Tneg = Tneg + W["Rank com sinal"][i]
            i+=i
        else:
            Tpos = Tpos + W["Rank com sinal"][i]
            i+=i
    if Tpos < -1*Tneg:
        print("T =", Tpos)
    else:
        print("T =", -1*Tneg)
    break
```

T = 15.0

```
In [7]: stats.wilcoxon(A12)
```

```
Out[7]: WilcoxonResult(statistic=15.0, pvalue=0.232421875)
```

Realizando o procedimento.

Gerando amostras aleatórias

Com isso, procede-se de modo similar ao notebook anterior: geramos amostras aleatórias representando cada instância (Primeira Instância - PI - e Segunda Instância - SI) e pareamos estas para simular uma amostragem aleatória real organizada segundo o valor da causa (no mesmo período de tempo). Em seguida, subtraem-se os valores entre as instâncias (PI - SI) e se realiza o teste de normalidade Wilk-Shapiro (1965) para avaliar se a diferença entre as amostras segue uma distribuição normal.

Como se observa abaixo o valor p do teste é inferior à 0.05, o que significa que devemos rejeitar a hipótese nula do teste (segundo a qual a diferença entre as médias segue uma distribuição normal). Ainda, como nossa amostra é pequena, é improvável que consigamos uma distribuição normal das médias o recomendável é executarmos um teste alternativo ao "teste-t" para amostras pareadas, dado que não podemos assumir uma distribuição normal para nossos dados de interesse. No caso, realizamos o teste de Wilcoxon.

```
In [8]: PI = np.random.randint(30000,40000,10)
SI = np.random.randint(30000,50000,10)
PI = sorted(PI)
SI = sorted(SI)
PISI = np.array(SI) - np.array(PI)

while True:
    if stats.shapiro(PISI).pvalue > 0.05:
        PI = np.random.randint(30000,40000,10)
        SI = np.random.randint(30000,50000,10)
        PI = sorted(PI)
        SI = sorted(SI)
        PISI = np.array(SI) - np.array(PI)
    else:
        print(stats.shapiro(PISI))
        break
```

```
ShapiroResult(statistic=0.8237578272819519, pvalue=0.028135372325778008)
```

Realizando o teste Wilcoxon

Agora vamos realizar o teste de Wilcoxon com as diferenças entre as amostras dos honorários concebidos pelas duas instâncias (ou PISI). Como $p < 0.05$, podemos rejeitar a hipótese nula de que as populações (as decisões de cada câmara) possuem a mesma mediana.

```
In [9]: stats.wilcoxon(PISI)
```

```
Out[9]: WilcoxonResult(statistic=0.0, pvalue=0.001953125)
```

Interpretando o teste

Dado o valor p inferior a 0.05, é recomendável rejeitar a hipótese nula de que as amostras vêm de uma mesma distribuição. Para sabermos se a mediana de PISI é positiva (isto é, a mediana dos valores da subtração PI - SI é positiva), podemos repetir o teste sob esta nova hipótese nula (em outros termos, se $p > 0.05$, falhamos em rejeitar a hipótese nula de que a mediana PISI é positiva; caso contrário, podemos assumir que a mediana da subtração PI - SI é negativa).

```
In [10]: stats.wilcoxon(PISI, alternative = 'less')
```

```
Out[10]: WilcoxonResult(statistic=55.0, pvalue=1.0)
```

Calculando o Intervalo de Confiança

O procedimento de cálculo do intervalo de confiança nesta situação é explicado em Campbel e Gardner (1988, p. 1455-1456): em síntese, calculamos os valores das $\frac{n(n+1)}{2}$ diferenças e escolhemos o menor e o maior valor de ordem K segundo tabela oferecida pelos autores. Segundo a tabela (Ibid., p. 1456) precisamos escolher o 9º menor e maior valor considerando que nossa amostra é de 10 diferenças.

```
In [11]: #Criando matrizes nulas
M1 = np.zeros((10,10))
M2 = np.zeros((10,10))
# Adicionando dados
for i in range(0,10):
    M1[:,i] = PISI
    M2[i,:] = PISI
    MF = (M1 + M2)/2

# Removendo valores desnecessários
for j in range(0,9):
    MF[j+1:10,j] = np.zeros(1)

# Transformando a matriz em array, organizando por ordem crescente e eliminando o zero
MF = np.matrix.flatten(MF)
MF = np.sort(MF)
MF = MF[MF != 0]

# Escolhendo o 9º menor valor (limite inferior)
LI = round(MF[9])

# Encontrando o 9º maior valor (limite superior)
MF = np.sort(MF)[::-1]
LS = round(MF[9])

print("Temos 95% de confiança que o valor real da diferença entre as medianas está entre R$ 4842 e R$ 8275")
```

Temos 95% de confiança que o valor real da diferença entre as medianas está entre R\$ 4842 e R\$ 8275

Considerações finais

Ao invés de sumarizar o documento supra, optamos por abordar algumas questões não trabalhadas no texto.

Amostras grandes e aproximação de normalidade

Segundo Siegel (1975, p.88), para amostras grandes ($n > 25$), "a soma dos postos, T, tem distribuição praticamente normal", o que significa que deve-se utilizar da tabela normal e do valor z. O autor define a média (μ_T) e o desvio padrão (σ_T) como sendo (SIEGEL. 1975. P. 88):

$$\mu_T = \frac{N*(N+1)}{4}$$

$$\sigma_T = \sqrt{\frac{N*(N+1)*(2N+1)}{24}}$$

Assim, obtém-se o valor z para o teste como sendo (SIEGEL, 1975, p. 89):

$$z = \frac{T - \mu_T}{\sigma_T} = \frac{T - \frac{N*(N+1)}{4}}{\sqrt{\frac{N*(N+1)*(2N+1)}{24}}}$$

Apesar da aproximação com a distribuição normal, recomendamos usar de testes paramétricos (como o teste t) para amostras com $n > 25$ quando se busca a média (ou mediana) das diferenças entre as amostras, dado o seu maior poder de teste.

Caso de empates e de 0s

Caso alguma das pontuações no teste Wilcoxon dê valor zero ($A1 - A2 = 0$), exclua essas observações (SIEGEL, 1975, p. 85). Caso pontuações em módulo idênticas, atribui-se a elas a mesma posição (com sinal negativo ou positivo a depender da observação); segundo Siegel (1975, p. 85): "Atribuímos então o mesmo posto a tais casos empatados. Esse posto é a média dos postos que teriam sido atribuídos se os d_s fossem ligeiramente diferentes".

Referências

BUSSAB, Wilton de O.; MORETTIN, Pedro A.. *Estatística básica*. 9ª ed. São Paulo: Saraiva, 2017.

CAMPBELL, M., GARDNER, M. (1988). Calculating Confidence Intervals For Some Non-Parametric Analyses. *British Medical Journal (Clinical Research Edition)*, vol. 296, n. 6634, p. 1454-1456, 1988. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/29530803> (<http://www.jstor.org/stable/29530803>). Acesso em 18 nov. 2020.

KWAK, S. G.; KIM, J. H.. Central limit theorem: the cornerstone of modern statistics. *Korean journal of anesthesiology*, vol. 70, n. 2, 144–156, 2017. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5370305/> (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5370305/>). Acesso em: 03 nov. 2020.

NAHM F. S.. Nonparametric statistical tests for the continuous data: the basic concept and the practical use. *Korean journal of anesthesiology*, vol. 69, n. 1, 2016, p. 8–14. Disponível em: <https://doi.org/10.4097/kjae.2016.69.1.8> (<https://doi.org/10.4097/kjae.2016.69.1.8>). Acesso em 05 nov. 2020.

SHAPIRO, S., WILK, M.. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). *Biometrika*, vol. 52, n. 3/4, p. 591-611, 1965. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2333709> (<https://www.jstor.org/stable/2333709>). Acesso em: 16 Out. 2020.

SIEGEL, Sidney. *Estatística não-paramétrica para as ciências do comportamento*. Tradução de Alfredo Alves de Faria. São Paulo: McGraw - Hill do Brasil, 1977.

WILCOXON, F.. Individual Comparisons by Ranking Methods. *Biometrics Bulletin*, vol. 1, n. 6, 1945, p. 80-83. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/3001968?seq=1> (<https://www.jstor.org/stable/3001968?seq=1>). Acesso em: 02 Nov. 2020.

VORAPRATEEP, Jutharath. *Robustness of Wilcoxon signed-rank test against the assumption of symmetry*. 2013. Dissertação de Mestrado. University of Birmingham. Birmingham (Inglaterra), p. 85. 2013. Disponível em: <https://etheses.bham.ac.uk/id/eprint/4607/1/Voraprateep13MRes.pdf> (<https://etheses.bham.ac.uk/id/eprint/4607/1/Voraprateep13MRes.pdf>). Acesso em: 14 Nov. 2020.