

# Arthur de Sá Ferreira

# Ciência com R

*Perguntas e respostas para pesquisadores e analistas de dados*

**Arthur de Sá Ferreira**

# Ciência com R

*Perguntas e respostas para pesquisadores e analistas de dados*

2025

Copyright © 2023–2025 Arthur de Sá Ferreira

Publicado em [Cidade], [País]  
Edição do autor / Publicação independente

Todos os direitos reservados. Nenhuma parte deste livro pode ser reproduzida ou transmitida por qualquer meio eletrônico, mecânico, fotocópia, gravação ou outro, sem a permissão prévia por escrito do autor, exceto nos casos previstos pela lei de direitos autorais.

Nenhuma garantia é dada em relação ao conteúdo desta obra, incluindo adequação a finalidades específicas. O uso é de responsabilidade exclusiva do leitor.

As opiniões expressas nesta obra são de responsabilidade exclusiva do autor.

Para solicitar permissões, entre em contato: [cienciaomr@gmail.com](mailto:cienciaomr@gmail.com)

1<sup>a</sup> edição — 2025  
Capa dura: ISBN  
Brochura: ISBN  
E-book: ISBN

Depósito legal: Biblioteca Nacional, Brasil

---

Arthur de Sá Ferreira  
Ciência com R. – Rio de Janeiro: Editora, 2025.  
479 p. : il. (alguma cor).  
ISBN XXX-XX-XXXX-XXX-X  
1. Estatística aplicada. 2. Metodologia científica. 3. Análise de dados. 4. R (Linguagem de programação). 5. Pesquisa científica. 6. Modelagem estatística. 7. Reprodutibilidade científica. 8. Boas práticas em pesquisa.  
I. Título. II. Educação. III. Tecnologia.

---

# Sumário

<b>Sumário</b>	v
<b>Lista de Figuras</b>	xiii
<b>Lista de Tabelas</b>	xvii
<b>Dedicatória</b>	xix
<b>Agradecimentos</b>	xxi
<b>Apresentação</b>	xxiii
<b>Sobre o autor</b>	xxv

---

<b>PARTE 1: FUNDAMENTOS ESTATÍSTICOS</b>	1
<b>1 Pensamento estatístico</b>	3
1.1 Unidade de análise . . . . .	3
1.2 População . . . . .	3
1.3 Amostra . . . . .	4
1.4 Amostragem . . . . .	4
1.5 Reamostragem . . . . .	5
1.6 Subamostragem . . . . .	6
1.7 Superamostragem . . . . .	6
<b>2 Falácia estatísticas</b>	9
2.1 Falácia . . . . .	9
<b>3 Paradoxos estatísticos</b>	11
3.1 Paradoxos . . . . .	11
<b>4 Letramento estatístico</b>	15
4.1 Elementos centrais do letramento estatístico . . . . .	16
4.2 Hierarquia de letramento estatístico . . . . .	16
4.3 Habilidades de letramento estatístico baseadas no pensamento crítico . . . . .	17
<b>PARTE 2: FUNDAMENTOS METODOLÓGICOS</b>	19

---

<b>5 Pensamento metodológico</b>	<b>21</b>
5.1 Metodologia da pesquisa . . . . .	21
5.2 Relação Estatística-Metodologia . . . . .	21
5.3 Pré-registro . . . . .	21
5.4 Reprodutibilidade . . . . .	21
5.5 Robustez . . . . .	23
5.6 Replicabilidade . . . . .	23
5.7 Generalização . . . . .	23
<b>6 Vieses metodológicos</b>	<b>25</b>
6.1 Vieses metodológicos . . . . .	25
6.2 Tipos de vieses metodológicos . . . . .	25
6.3 Efeitos relacionados aos vieses metodológicos . . . . .	25
<b>7 Práticas questionáveis em pesquisa</b>	<b>27</b>
7.1 Práticas Questionáveis em Pesquisa . . . . .	27
7.2 Prática não intencional e má conduta . . . . .	27
7.3 Prevenindo práticas questionáveis em pesquisa . . . . .	30
7.4 Reações éticas e institucionais práticas questionáveis em pesquisa . . . . .	30
<hr/>	
<b>PARTE 3: DO MUNDO REAL À TABELA</b>	<b>33</b>
<b>8 Variáveis e fatores</b>	<b>35</b>
8.1 Variáveis . . . . .	35
8.2 Transformação de variáveis . . . . .	36
8.3 Categorização de variáveis contínuas . . . . .	37
8.4 Dicotomização de variáveis contínuas . . . . .	38
8.5 Fatores . . . . .	39
<b>9 Dados, <i>big data</i> e metadados</b>	<b>41</b>
9.1 Dados . . . . .	41
9.2 <i>Big data</i> . . . . .	41
9.3 Metadados . . . . .	42
<b>10 Medidas e instrumentos</b>	<b>45</b>
10.1 Escalas . . . . .	45
10.2 Medição e Medidas . . . . .	47
10.3 Erros de medida . . . . .	50
10.4 Instrumentos . . . . .	50
10.5 Acurácia e precisão . . . . .	50
10.6 Viés e variabilidade . . . . .	51
<b>11 Tabulação de dados</b>	<b>53</b>
11.1 Planilhas eletrônicas . . . . .	53
<b>12 Dados perdidos e imputados</b>	<b>57</b>
12.1 Dados perdidos . . . . .	57
12.2 Dados imputados . . . . .	62
<b>13 Dados anonimizados e sintéticos</b>	<b>63</b>
13.1 Dados anonimizados . . . . .	63
13.2 Dados sintéticos . . . . .	64

---

<b>PARTE 4: DO ALEATÓRIO AO CÓDIGO</b>	<b>65</b>
<b>14 Pensamento probabilístico</b>	<b>67</b>
14.1 Experimento . . . . .	67
14.2 Espaço amostral e eventos discretos . . . . .	67
14.3 Espaço amostral e eventos contínuos . . . . .	68
14.4 Probabilidade . . . . .	68
14.5 Independência e probabilidade . . . . .	70
14.6 Leis dos números anômalos . . . . .	71
14.7 Leis dos pequenos números . . . . .	71
14.8 Leis dos grandes números . . . . .	73
14.9 Teorema central do limite . . . . .	73
14.10 Regressão para a média . . . . .	76
<b>15 Pensamento computacional</b>	<b>79</b>
15.1 Programas de computador . . . . .	79
15.2 Scripts computacionais . . . . .	81
15.3 Pacotes . . . . .	82
15.4 Aplicativos Shiny . . . . .	83
15.5 Manuscritos reproduzíveis . . . . .	83
15.6 Compartilhamento . . . . .	85
<b>16 Simulação computacional</b>	<b>87</b>
16.1 Simulações computacionais . . . . .	87
16.2 Características . . . . .	88
16.3 Método de Monte Carlo . . . . .	89
16.4 Diretrizes para redação . . . . .	91
<b>17 Shiny Apps</b>	<b>93</b>
17.1 Aplicativos por delineamento de estudo . . . . .	93
<b>PARTE 5: ANÁLISES DESCRIPTIVAS E EXPLORATÓRIAS</b>	<b>95</b>
<b>18 Análise inicial de dados</b>	<b>97</b>
18.1 Análise inicial de dados . . . . .	97
<b>19 Descrição</b>	<b>99</b>
19.1 Análise de descrição . . . . .	99
19.2 Estimação . . . . .	100
<b>20 Análise exploratória de dados</b>	<b>101</b>
20.1 Análise exploratória de dados . . . . .	101
<b>21 Análise descritiva</b>	<b>105</b>
21.1 Análise descritiva . . . . .	105
21.2 Apresentação de resultados numéricos . . . . .	105
21.3 Tabelas . . . . .	106
21.4 Tabela 1 . . . . .	108
21.5 Tabela 2 . . . . .	109
21.6 Gráficos . . . . .	109

<b>22 Distribuições e parâmetros</b>	<b>127</b>
22.1 Distribuições de probabilidade . . . . .	127
22.2 Parâmetros . . . . .	138
22.3 Tendência central . . . . .	140
22.4 Dispersão . . . . .	140
22.5 Proporção . . . . .	144
22.6 Distribuição . . . . .	145
22.7 Extremos . . . . .	145
22.8 Valores discrepantes . . . . .	146
<b>23 Análise robusta</b>	<b>149</b>
23.1 Raciocínio inferencial robusto . . . . .	149
<hr/>	
<b>PARTE 6: ANÁLISES INFERENCIAIS</b>	<b>151</b>
<b>24 Seleção de testes</b>	<b>153</b>
24.1 Multiverso de análises estatísticas . . . . .	153
24.2 Escolha de testes para análise inferencial . . . . .	153
<b>25 Análise inferencial</b>	<b>155</b>
25.1 Raciocínio inferencial . . . . .	155
25.2 Hipóteses científicas . . . . .	155
25.3 Hipóteses estatísticas . . . . .	156
25.4 Testes de hipóteses . . . . .	156
25.5 Poder do teste . . . . .	157
25.6 Inferência visual . . . . .	162
25.7 Interpretação de análise inferencial . . . . .	163
25.8 Erros de inferência . . . . .	164
<b>26 Tamanho do efeito e P-valor</b>	<b>171</b>
26.1 Tamanho do efeito . . . . .	171
26.2 Efeitos brutos e padronizados . . . . .	172
26.3 Efeito principal . . . . .	172
26.4 Efeito de interação . . . . .	172
26.5 Efeito de mediação . . . . .	175
26.6 Efeito de modificação . . . . .	175
26.7 P-valor . . . . .	176
<b>27 Testes estatísticos</b>	<b>179</b>
27.1 Testes de Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) . . . . .	179
27.2 Teste exato de Fisher . . . . .	179
<b>28 Comparação</b>	<b>181</b>
28.1 Análise inferencial de comparação . . . . .	181
<b>29 Associação</b>	<b>183</b>
29.1 Análise inferencial de associação . . . . .	183
29.2 Associação bivariada . . . . .	183
29.3 Associação multivariada . . . . .	184
<b>30 Correlação</b>	<b>185</b>
30.1 Análise inferencial de correlação . . . . .	185

30.2 Coeficientes de correlação . . . . .	189
30.3 Colinearidade . . . . .	192
<b>31 Regressão</b>	<b>193</b>
31.1 Análise de regressão . . . . .	193
31.2 Preparação de variáveis para regressão . . . . .	199
31.3 Multicolinearidade . . . . .	200
31.4 Redução de dimensionalidade . . . . .	202
31.5 Suposições dos modelos . . . . .	203
<hr/>	
<b>PARTE 7: MODELAGEM E ANÁLISES AVANÇADAS</b>	<b>205</b>
<b>32 Modelos</b>	<b>207</b>
32.1 Modelos estatísticos . . . . .	207
32.2 Suposições dos modelos . . . . .	207
32.3 Avaliação de modelos . . . . .	208
32.4 Modelos estocásticos . . . . .	208
32.5 Comparação de modelos . . . . .	209
32.6 Validação de modelos . . . . .	209
32.7 Calibração de modelos . . . . .	209
<b>33 Modelagem temporal</b>	<b>211</b>
33.1 Modelos temporais . . . . .	211
<b>34 Modelagem espacial</b>	<b>213</b>
34.1 Modelos espaciais . . . . .	213
<b>35 Redes</b>	<b>215</b>
35.1 Análise de redes . . . . .	215
<b>36 Análise preditiva</b>	<b>217</b>
36.1 Predição via modelagem . . . . .	217
<b>37 Análise causal</b>	<b>219</b>
37.1 Causalidade . . . . .	219
37.2 Questões orientadoras para avaliar causalidade em estudos observacionais . . . . .	219
37.3 Linguagem causal em estudos observacionais . . . . .	220
37.4 Diagramas acíclicos direcionados (DAGs) . . . . .	220
<b>38 Análise qualitativa</b>	<b>223</b>
38.1 Análise qualitativa . . . . .	223
<b>39 Aprendizado de máquina</b>	<b>225</b>
39.1 Aprendizado de máquina . . . . .	225
39.2 Tipos de aprendizado . . . . .	225
39.3 Principais algoritmos . . . . .	225
39.4 Desbalanceamento de classes . . . . .	226
<b>40 Inteligência artificial</b>	<b>229</b>
40.1 Inteligência artificial . . . . .	229
40.2 Áreas da IA . . . . .	229
40.3 Técnicas modernas . . . . .	229

40.4 IA generativa e grandes modelos de linguagem . . . . .	230
<hr/>	
<b>PARTE 9: DELINEAMENTO DE ESTUDOS</b>	<b>233</b>
<b>41 Delineamento de estudos</b>	<b>235</b>
41.1 Critérios de delineamento . . . . .	235
41.2 Alocação . . . . .	235
41.3 Cegamento . . . . .	235
41.4 Pareamento . . . . .	235
41.5 Aleatorização . . . . .	236
41.6 Taxonomia de estudos . . . . .	236
<b>42 Tamanho da amostra</b>	<b>239</b>
42.1 Tamanho da amostra . . . . .	239
42.2 Cálculo do tamanho da amostra . . . . .	240
42.3 Perdas de amostra . . . . .	242
42.4 Ajustes no tamanho da amostra . . . . .	242
42.5 Justificativa do tamanho da amostra . . . . .	243
<b>43 Estudos observacionais</b>	<b>245</b>
43.1 Características . . . . .	245
43.2 Diretrizes para redação . . . . .	245
<b>44 Propriedades psicométricas</b>	<b>247</b>
44.1 Características . . . . .	247
44.2 Análise fatorial exploratória . . . . .	248
44.3 Análise fatorial confirmatória . . . . .	248
44.4 Validade de conteúdo . . . . .	248
44.5 Validade de face . . . . .	248
44.6 Validade do construto . . . . .	248
44.7 Validade fatorial . . . . .	248
44.8 Validade convergente . . . . .	249
44.9 Validade discriminante . . . . .	249
44.10 Validade de critério . . . . .	249
44.11 Validade concorrente . . . . .	249
44.12 Responsividade . . . . .	249
44.13 Concordância . . . . .	249
44.14 Confiabilidade . . . . .	252
44.15 Diretrizes para redação . . . . .	252
<b>45 Desempenho diagnóstico</b>	<b>253</b>
45.1 Características . . . . .	253
45.2 Tabelas 2x2 . . . . .	253
45.3 Curvas ROC . . . . .	255
45.4 Gráficos crosshair . . . . .	257
45.5 Interpretação da validade de um teste . . . . .	257
45.6 Diretrizes para redação . . . . .	258
<b>46 Ensaios quase-experimentais</b>	<b>259</b>
46.1 Características . . . . .	259
46.2 Diretrizes para redação . . . . .	259

<b>47 Ensaios experimentais</b>	<b>261</b>
47.1 Ensaio clínico aleatorizado . . . . .	261
47.2 Modelos de análise de comparação . . . . .	262
47.3 Comparação na linha de base . . . . .	262
47.4 Comparação intragrupos . . . . .	264
47.5 Comparação entre grupos . . . . .	264
47.6 Comparação de subgrupos . . . . .	264
47.7 Efeito de interação . . . . .	265
47.8 Ajuste de covariáveis . . . . .	265
47.9 Imputação de dados perdidos . . . . .	266
47.10 Diretrizes para redação . . . . .	266
<b>48 Revisão sistemática</b>	<b>267</b>
48.1 Revisão sistemática de literatura . . . . .	267
<b>49 Meta-análise</b>	<b>269</b>
49.1 Características . . . . .	269
49.2 Modelos de meta-análise . . . . .	269
49.3 Conversão de Medidas em Meta-análises . . . . .	271
49.4 Interpretação de efeitos em meta-análise . . . . .	271
49.5 Interpretação do Forest Plot . . . . .	272
49.6 Viés de publicação em meta-análises . . . . .	274
49.7 Diretrizes para redação . . . . .	276
<hr/>	
<b>PARTE 10: COMUNICAÇÃO E RELATO CIENTÍFICO</b>	<b>277</b>
<b>50 Plano de análise</b>	<b>279</b>
50.1 Plano de análise estatística . . . . .	279
50.2 Diretrizes para redação . . . . .	279
<b>51 Redação de resultados</b>	<b>281</b>
51.1 Resultados da análise estatística . . . . .	281
51.2 Diretrizes e Listas . . . . .	281
<b>52 Diretrizes e Listas</b>	<b>283</b>
52.1 Diretrizes . . . . .	283
52.2 Listas de verificação . . . . .	284
<b>53 Fontes externas</b>	<b>285</b>
53.1 Fontes de informação externas . . . . .	285
<hr/>	
<b>APÊNDICES E REFERÊNCIAS</b>	<b>287</b>
<b>Apêndice - R scripts</b>	<b>289</b>
<b>Referências</b>	<b>453</b>

# RASCUNHO

# **Lista de Figuras**

1.1	Representação esquemática da amostragem de uma população para a amostra.	5
1.2	Representação esquemática da reamostragem de uma amostra.	6
1.3	Representação esquemática da subamostragem de uma amostra.	7
1.4	Representação esquemática da superamostragem de uma população.	7
3.1	Paradoxo de Simpson representado com dados simulados. Os pontos no gráfico representam observações individuais e as linhas de tendência representam as regressões lineares ajustadas para os dados desagregados da população e agregados por subpopulação.	12
5.1	Mapa mental da relação entre o pensamento estatístico e o pensamento metodológico.	22
5.2	Representação esquemática da generalização de uma amostra para a população.	23
10.1	Exemplo de instrumento com 3 itens tipo Likert com 5 categorias cada.	46
10.2	Acurácia e precisão como propriedades de uma medida.	51
10.3	Viés e variabilidade de uma medida.	52
12.1	Representação gráfica de dados perdidos completamente ao acaso (MCAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).	58
12.2	Representação gráfica de dados perdidos ao acaso (MAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).	59
12.3	Representação gráfica de dados perdidos não ao acaso (MNAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).	60
14.1	Exemplos de espaço amostral discreto. Superior: Todas as faces de uma moeda. Inferior: Todas as faces de um dado.	68
14.2	Exemplos de evento de experimento. Superior: 1 lançamento de 1 moeda. Inferior: 1 lançamento de 1 dado.	69
14.3	Espaço de eventos: União dos eventos face = 3 e face = 4 de um dado.	69
14.4	Superior: Eventos independentes. Inferior: Eventos dependentes.	71
14.5	Esquerda: Evento (face = 4). Direita: Experimentos de 1 lançamento de 1 dado (superior), 3 lançamentos de 1 dado (central), 10 lançamentos de 1 dado (inferior).	72
14.6	Esquerda: Histogramas de lançamento de 1 dado com distribuição uniforme ( $N = 100$ ). Direita: Histogramas da média de 100 amostras de tamanhos 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade.	74
14.7	Esquerda: Histogramas de lançamento de 1 moeda com distribuição uniforme ( $N = 100$ ). Direita: Histogramas da média de 100 amostras de tamanhos 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade.	75
14.8	Representação gráfica da regressão para a média em medidas repetidas. A segunda medida (dado 2) é mais próxima da média (valor real) do que a primeira medida (dado 1).	77
15.1	Interface do RStudio. Fonte: <a href="https://docs.posit.co/ide/user/">https://docs.posit.co/ide/user/</a>	80

16.1 Convergência do histograma para a PDF teórica da Normal(0,1) com o aumento do tamanho amostral ( $n = 10, 100, 1000, 10000$ ) . . . . .	89
16.2 Convergência da média e do desvio-padrão amostral para os valores teóricos (0 e 1, respectivamente) com o aumento do tamanho amostral ( $n = 10, 20, 50, 100, 200, 500, 1000, 2000, 5000, 10000$ ) . . . . .	90
 17.1 RCTapp: Shiny app para análise de ensaios clínicos aleatorizados. . . . .	93
 21.1 Gráfico de barras simples representando frequências por categoria. . . . .	110
21.2 Gráfico de barras empilhadas representando frequências por categoria. . . . .	111
21.3 Gráficos de barras representando médias, barras de erro e dados individuais. . . . .	112
21.4 Histograma da variável 'valor'. . . . .	113
21.5 Gráfico de densidade da variável 'valor'. . . . .	114
21.6 Boxplot por grupo. . . . .	115
21.7 Violin plot por grupo. . . . .	116
21.8 Gráfico de pontos da variável 'valor'. . . . .	117
21.9 Gráfico de dispersão representando a relação entre duas variáveis. . . . .	118
21.10 Gráfico de bolhas representando a relação entre três variáveis. . . . .	119
21.11 Gráfico de linha representando uma série temporal. . . . .	120
21.12 Gráfico de correlação entre duas variáveis com linha de tendência. . . . .	121
21.13 Matriz de dispersão representando relações entre múltiplas variáveis. . . . .	122
21.14 Mapa de calor da correlação entre variáveis. . . . .	123
21.15 Gráfico radar representando múltiplas variáveis. . . . .	123
 22.1 Distribuições discretas e suas funções de probabilidade. . . . .	129
22.2 Distribuições contínuas básicas e suas funções de densidade. . . . .	130
22.3 Distribuições contínuas aproximadas e suas funções de densidade. . . . .	131
22.4 Distribuições contínuas aproximadas e suas funções de densidade. . . . .	132
22.5 Distribuições contínuas para inferência e suas funções de densidade. . . . .	133
22.6 Distribuições contínuas para dados específicos e suas funções de densidade. . . . .	134
22.7 Distribuições contínuas para probabilidades e proporções e suas funções de densidade. . . . .	135
22.8 Distribuições contínuas com caudas pesadas e suas funções de densidade. . . . .	136
22.9 Distribuições e funções de probabilidade. . . . .	137
22.10 Distribuição normal e métodos de visualização e testes de normalidade. . . . .	138
22.11 Distribuições unimodal, bimodal e multimodal. . . . .	141
22.12 Parâmetros de tendência central em distribuições assimétricas e normais. . . . .	142
22.13 Parâmetros de dispersão em distribuições normais. . . . .	143
22.14 Regressão linear com valores extremos. . . . .	145
22.15 Regressão linear com valores discrepantes. . . . .	146
 25.1 Representação gráfica de um teste de hipótese unicaudal à direita, aplicado quando se busca evidência de efeitos positivos (valores significativamente maiores que o esperado sob $H_0$ ). . . . .	157
25.2 Representação gráfica de um teste de hipótese unicaudal à esquerda, aplicado quando se busca evidência de efeitos negativos (valores significativamente menores que o esperado sob $H_0$ ). . . . .	158
25.3 Representação gráfica de um teste de hipótese bicaudal, aplicado quando se busca evidência de efeitos positivos ou negativos (valores significativamente diferentes do esperado sob $H_0$ ). . . . .	159
25.4 Representação gráfica dos erros tipo I e tipo II em um teste de hipótese (bicaudal). . . . .	165
25.5 Erro tipo I: Distribuição dos p-valores em 100 testes de hipótese de amostras aleatórias de tamanho 30. A linha vermelha pontilhada indica o nível de significância estatística de 0,05. . . . .	166
25.6 Erro tipo II: Distribuição dos p-valores em 100 testes de hipótese de amostras aleatórias de tamanho 10. A linha vermelha pontilhada indica o nível de significância estatística de 0,05. . . . .	167
25.7 Representação gráfica do erro tipo S (sinal) em um teste de hipótese (bicaudal). . . . .	168
25.8 Representação gráfica do erro tipo M (magnitude) em um teste de hipótese (bicaudal). . . . .	169

26.1 Análise de efeito de interação (direta) entre grupos e tempo. Retas paralelas sugerem ausência de efeito de interação. . . . .	173
26.2 Análise de efeito de interação (inversa) entre grupos e tempo. Retas paralelas sugerem ausência de efeito de interação. . . . .	174
26.3 Visualização espacial de $p < 0,05$ (5 quadrados aleatórios em 100). . . . .	177
30.1 Exemplo de diferentes forças e direção de correlação entre duas variáveis X e Y. . . . .	186
30.2 Gráfico de dispersão do Quarteto de Anscombe para representação gráfica de conjuntos de dados bivariados com parâmetros quase idênticos e relações muito distintas. . . . .	188
31.1 Regressão linear. . . . .	195
31.2 Regressão não-linear. . . . .	196
31.3 Regressão polinomial. . . . .	197
31.4 Regressão ridge. . . . .	198
31.5 Regressão logística. . . . .	199
31.6 Multicolinearidade entre variáveis candidatas em modelos de regressão multivariável. . . . .	201
31.7 Diagnóstico de regressão para avaliar suposições do modelo: linearidade, normalidade dos resíduos, homocedasticidade e alavancagem. . . . .	203
37.1 Padrões causais básicos: independência, cadeia, garfo e colisor. . . . .	221
40.1 Representação esquemática de um modelo de linguagem grande (LLM) . . . . .	230
41.1 Alocação 1:1 entre dois grupos de participantes . . . . .	236
45.1 Árvore de frequência do desempenho diagnóstico de uma tabela de confusão 2x2 representando um método novo (dicotômico) comparado ao método padrão-ouro ou referência (dicotômico). . . . .	254
45.2 Curva ROC (Receiver Operating Characteristic) para um modelos de classificação com diferentes desempenhos diagnósticos. . . . .	257
49.1 Comparação entre modelos de efeito fixo e aleatório com 10 ensaios clínicos simulados. . . . .	270
49.2 Forest plot de uma meta-análise de efeito fixo com 10 ensaios clínicos simulados. . . . .	272
49.3 Forest plot de uma meta-análise de efeito aleatório com 10 ensaios clínicos simulados. . . . .	273
49.4 Gráfico de funil de meta-análise com 10 ensaios clínicos simulados. . . . .	275

RASCUNHO

# **Lista de Tabelas**

7.1 Classificação das práticas questionáveis em pesquisa segundo sua intencionalidade.	28
10.1 Descrição dos itens tipo Likert do instrumento.	45
10.2 Tabela de dados brutos com medidas únicas.	47
10.3 Tabela de dados brutos com medidas repetidas.	48
10.4 Tabela de dados brutos com medidas repetidas agregadas.	48
10.5 Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas.	49
10.6 Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas.	49
10.7 Tabela de dados brutos com medidas múltiplas.	50
11.1 Estrutura básica de uma tabela de dados.	54
11.2 Formatação recomendada para tabela de dados.	54
11.3 Formatação não recomendada para tabela de dados.	55
12.1 Tabela simulada com 10 indivíduos de um RCT (dados com perdas aleatórias).	57
21.1 Quantidade de casas decimais e dígitos significativos.	106
21.2 Valores originais, arredondamentos e erros de arredondamento por casas decimais.	106
25.1 Tabela de erros tipos I e II de inferência estatística.	164
25.2 Tabela de erro tipo S de inferência estatística.	164
25.3 Tabela de erro tipo M de inferência estatística.	164
27.1 Teste Qui-quadrado (com correção de Yates)	179
27.2 Teste Qui-quadrado (sem correção de Yates)	179
27.3 Teste exato de Fisher	180
30.1 Quarteto de Anscombe	187
30.2 Análise descritiva do Quarteto de Anscombe demonstrando os conjuntos de dados bivariados com parâmetros quase idênticos.	187
32.1 Métricas de desempenho do modelo de regressão linear.	208
44.1 Tabela de confusão sobre propriedades psicométricas de instrumentos.	247
44.2 Tabela de confusão 2x2 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas.	250
44.3 Tabela de confusão 3x3 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas.	250
45.1 Tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho diagnóstico de testes e variáveis dicotômicas.	253
45.2 Probabilidades calculados a partir da tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho diagnóstico de testes e variáveis dicotômicas.	255

RASCUNHO

# Dedicatória

Esta obra é dedicada a todos que, em princípio, buscam conhecimento para melhorar a qualidade da pesquisa científica — seja a sua própria, a de colegas ou a de desconhecidos — mas, em última análise, desejam mesmo prover melhores condições de saúde e desenvolvimento da sociedade.

Dedico também ao leitor eventual que chegou aqui por acaso.

RASCUNHO

# Agradecimentos

Este trabalho não seria possível sem o apoio e suporte da minha esposa Daniele, minha irmã Mônica, meu pai José Victorino, minha mãe Angela (*in memoriam*) e meus filhos Giovanna, Victor e Lucas.

RASCUNHO

# Apresentação

No âmbito da análise estatística de dados, os processos envolvidos são marcados por uma série de escolhas críticas. Estas decisões abrangem considerações metodológicas e ações operacionais que moldam toda a jornada analítica. Deve-se selecionar, cuidadosamente, um delineamento de estudo para enfrentar os desafios únicos colocados por um projeto de pesquisa. Além disso, a escolha de métodos estatísticos adequados para lidar com os dados gerados pelo delineamento escolhido tem um peso importante. Estas decisões necessitam de uma base construída sobre as evidências mais convincentes da literatura existente e na adesão a práticas sólidas de investigação.

Interpretar os resultados destas análises não é uma tarefa simples. Confiar apenas na formação educacional convencional, no bom senso e na intuição para decifrar tabelas e gráficos pode revelar-se inadequado. Interpretações errôneas podem gerar consequências indesejáveis, incluindo a utilização de testes diagnósticos imprecisos ou o endosso de tratamentos ineficazes.

Este livro emerge do reconhecimento desses desafios.

A proposta gira em torno da organização de um compêndio abrangente de métodos e técnicas de ponta, para análise estatística de dados em pesquisa científica, apresentados em formato de perguntas e respostas. Esse formato promove um diálogo direto e objetivo com o leitor, respondendo a dúvidas comumente colocadas por alunos de graduação, pós-graduação lato sensu, pós-graduação stricto sensu (mestrado e doutorado), bem como por pesquisadores.

O objetivo geral de cada capítulo é elucidar as questões metodológicas fundamentais: “*O que é?*”, “*Por que usar?*”, “*Quando usar?*”, “*Quando não usar?*” e “*Como fazer?*”. Em cada capítulo, diversas questões específicas são propostas e respondidas sistematicamente, permitindo ao leitor uma melhor elaboração do conteúdo e resultado do seu trabalho. Todos eles com citações de fontes confiáveis referências, que podem ser consultadas para aprofundamento e verificação das informações apresentadas — um total de 435 referências foram incluídas para apoiar as informações e recomendações apresentadas.

Os capítulos foram organizados para seguir uma progressão de conceitos e aplicações. Embora sejam fragmentados para maior clareza instrucional, as referências cruzadas ajudam a mitigar a fragmentação do conteúdo e reforçar a interconexão dos tópicos.

O público-alvo comprehende pesquisadores, professores, analistas de dados, profissionais e estudantes que regularmente lidam com a tomada de decisões em pesquisa. Os estudantes de pós-graduação encontrarão aqui uma obra repleta de exemplos para adaptar na análise dos dados de seus projetos de pesquisa. Professores de graduação e pós-graduação terão acesso a uma obra didática de referência, direcionada para seus alunos. Pesquisadores e analistas de dados iniciantes descobrirão um valioso acervo de informações e referências para a construção de projetos e manuscritos. Pesquisadores e os cientistas mais experientes podem recorrer às referências e esclarecimentos mais atuais sobre vieses, paradoxos, mitos e mal práticas em pesquisa. E mesmo os leitores não familiarizados ainda com as técnicas de análise de dados em pesquisa terão a oportunidade de apreciar o papel fundamental de colocar e responder suas perguntas na busca do conhecimento científico.

Arthur de Sá Ferreira

RASCUNHO

# Sobre o autor



## Arthur de Sá Ferreira

Obtive minha Graduação em Fisioterapia pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (1999), Formação em Acupuntura pela Academia Brasileira de Arte e Ciência Oriental (2001), Mestrado em Engenharia Biomédica pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (2002) e Doutorado em Engenharia Biomédica pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (2006).

Tenho experiência em docência no ensino superior, atuei com professor da graduação em cursos de Fisioterapia, Enfermagem e Odontologia, entre outros (2001-2018); pós-graduação *lato sensu* em Fisioterapia (2001-atual) e *stricto sensu* níveis mestrado e doutorado (2010-atual).

Como pesquisador, sou Professor Adjunto do Centro Universitário Augusto Motta (UNISUAM), atuando nos Programas de Pós-graduação em Ciências da Reabilitação (PPGCR; 2009-atual) e Desenvolvimento Local (PPGDL; 2018-atual). Também sou pesquisador do Instituto D'Or de Pesquisa e Ensino (IDOR; 2024-atual). Fundei o Laboratório de Simulação Computacional e Modelagem em Reabilitação (LSCMR) em 2012, onde desenvolvo projetos de pesquisa principalmente nos seguintes temas: Bioestatística, Modelagem e simulação computacional, Processamento de sinais biomédicos, Movimento funcional humano, Medicina tradicional (chinesa), Distúrbios musculoesqueléticos, Doenças cardiovasculares e Doenças respiratórias.

Dentre os editais públicos que obtive financimento, destaco os Programas Jovem Cientista do Nossa Estado (JCNE; 2012-2015; 2015-2017) e Cientista do Nossa Estado (2021-atual) da Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ; e Bolsista Produtividade em Pesquisa pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq; 2021-atual).

Como gestor, estou na Coordenação do Programa de Pós-Graduação *stricto sensu* em Ciências da Reabilitação (PPGCR; 2016-atual). Coordeno o Curso Superior de Tecnologia em Radiologia da Faculdade IDOR de Ciências Médicas (IDOR; 2024-atual). Atuei como coordenador do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) do Centro Universitário Augusto Motta (UNISUAM; 2020-2024) e como Coordenador do Curso de Graduação em Fisioterapia da Universidade Salgado de Oliveira (UNIVERSO; 2004-2009).

Sou membro da Associação Brasileira de Pesquisa e Pós-Graduação em Fisioterapia (ABRAPG-FT) (2007-atual), Consórcio Acadêmico Brasileiro de Saúde Integrativa (CABSIN) (2019-atual), e Royal Statistical Society (RSS) (2021-atual). Fui membro do Committee on Publication Ethics (COPE) (2018-2024).

Componho o corpo editorial e de revisores de periódicos nacionais e internacionais como Scientific Reports, Frontiers in Rehabilitation Sciences, The Journal of Clinical Hypertension, Chinese Journal of Integrative Medicine, Journal of Integrative Medicine, Brazilian Journal of Physical Therapy, Fisioterapia e Pesquisa.

## Curículos externos

5432142731317894

0000-0001-7014-2002

F-6831-2012

RAASCUNHO

## ***PARTE 1: FUNDAMENTOS ESTATÍSTICOS***

---

**Conceitos essenciais para pensar estatisticamente e evitar armadilhas comuns**

RASCUNHO

# **Capítulo 1**

## **Pensamento estatístico**

### **1.1 Unidade de análise**

#### **1.1.1 O que é unidade de análise?**

- A unidade de análise (ou unidade experimental) de pesquisas na área de saúde geralmente é o indivíduo.<sup>1</sup>
- A unidade de análise também pode ser a instituição em estudos multicêntricos (ex.: hospitais, clínicas) ou um estudo publicado em meta-análise (ex.: ensaios clínicos).<sup>1</sup>

#### **1.1.2 Por que identificar a unidade de análise de um estudo?**

- É fundamental identificar corretamente a unidade de análise para evitar inflação do tamanho da amostra (ex.: medidas bilaterais resultando em o dobro de participantes), violações de suposições dos testes de hipótese (ex.: independência entre medidas e/ou unidade de análise) e resultados espúrios em testes de hipótese (ex.: P-valores menores que aqueles observados se a amostra não estivesse inflada).<sup>1,2</sup>

#### **1.1.3 Que medidas podem ser obtidas da unidade de análise de um estudo?**

- Da unidade de análise podem ser coletadas informações em medidas únicas, repetidas, seriadas ou múltiplas.

### **1.2 População**

#### **1.2.1 O que é população?**

- População — ou população-alvo — refere-se ao conjunto completo sobre o qual se pretende obter informações.<sup>3,4</sup>
- População é metodologicamente delimitada pelos critérios de inclusão e exclusão do estudo.<sup>3</sup>
- Em estudos observacionais, inicialmente as características geográficas e/ou demográficas, por exemplo, definem a população a ser estudada.<sup>3</sup>
- Em estudos analíticos, a população é inicialmente definida pelos objetivos da pesquisa e, posteriormente, as observações são realizadas na amostra.<sup>3</sup>

## 1.3 Amostra

### 1.3.1 O que é amostra?

- Amostra é uma parte finita da população do estudo.<sup>3,4</sup>
- Em pesquisa científica, utilizam-se dados de uma amostra de participantes (ou outras unidades de análise) para realizar inferências sobre a população.<sup>5</sup>

### 1.3.2 Por que usar dados de amostras?

- Estudos com amostras, em vez de censos, são preferíveis por diversas razões, dentre elas: questões éticas; limitações orçamentárias; desafios logísticos; restrição de tempo; e tamanho populacional desconhecido.<sup>4</sup>
- Dados de uma amostra de tamanho suficiente e características representativas podem ser utilizados para inferência sobre uma população.<sup>6</sup>
- Em geral, amostras de tamanhos maiores possuem médias mais próximas da média populacional e menores variâncias.<sup>6</sup>

### 1.3.3 O que é representatividade amostral e por que ela importa?

- Representatividade amostral refere-se ao grau em que uma amostra reflete com fidelidade as características da população de referência.<sup>4</sup>
- Quando a amostra contém menos indivíduos do que o número mínimo necessário, mas mantém a representatividade, a inferência estatística ainda é possível, embora possa haver redução da precisão e/ou do poder estatístico para detectar os efeitos.<sup>4</sup>
- Amostras não representativas comprometem a validade da inferência estatística, mesmo quando o tamanho da amostra atende aos requisitos de poder da análise.<sup>4</sup>

## 1.4 Amostragem

### 1.4.1 O que é amostragem?

- Amostragem é o processo pelo qual se seleciona uma parte de uma população para constituir a amostra que será efetivamente estudada.<sup>4</sup>

### 1.4.2 Quais métodos de amostragem são usados para obter uma amostra da população?

- O método de amostragem é geralmente definido pelas condições de viabilidade do estudo, no que diz respeito a acesso aos participantes, ao tempo de execução e aos custos envolvidos, entre outras.<sup>3</sup>
- Não-probabilísticas ou intencionais:<sup>3,4</sup>
  - Bola de neve.
  - Conveniência.
  - Participantes encaminhados.
  - Proposital.
- Probabilísticas:<sup>3,4</sup>
  - Simples.
  - Sistemática.

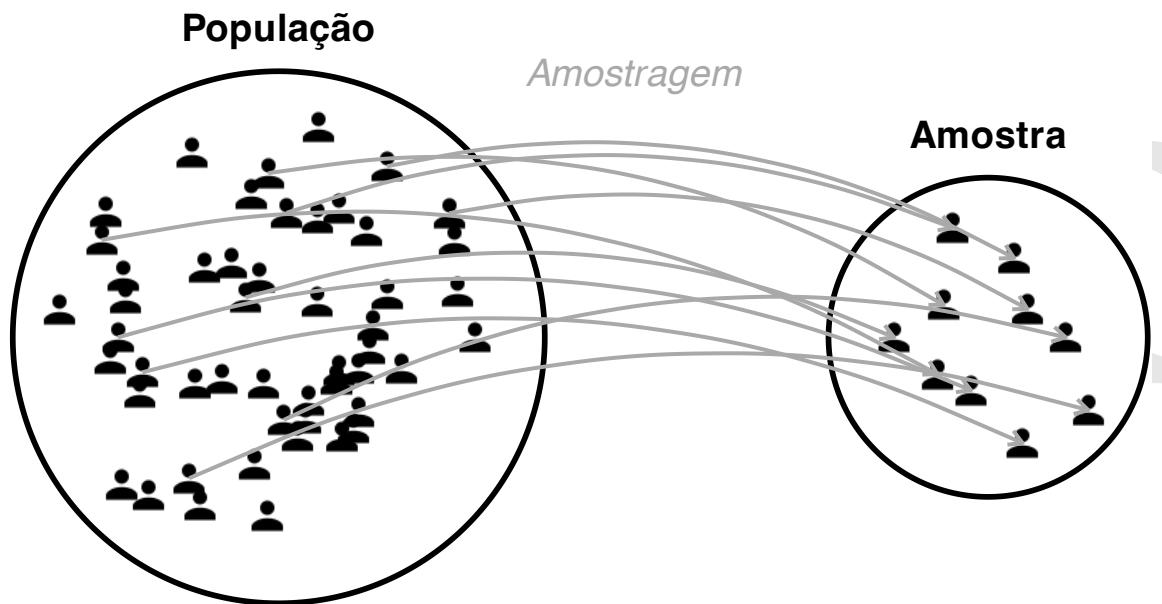


Figura 1.1: Representação esquemática da amostragem de uma população para a amostra.

- Multiestágio.
- Estratificada.
- Agregada.

### 1.4.3 O que é erro de amostragem?

- Erro de amostragem é a variação natural entre os resultados obtidos a partir de uma amostra e os resultados que seriam obtidos caso toda a população fosse examinada. Reflete o grau de incerteza inerente à generalização de uma amostra para a população.<sup>4</sup>

## 1.5 Reamostragem

### 1.5.1 O que é reamostragem?

- Reamostragem é um procedimento que cria vários conjuntos de dados sorteados a partir de um conjunto de dados real - a amostra da população - sem a necessidade de fazer suposições sobre os dados e suas distribuições.<sup>5</sup>
- O procedimento é repetido várias vezes para usar a variabilidade dos resultados para obter um intervalo de confiança do parâmetro no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>5</sup>

### 1.5.2 Por que utilizar reamostragem?

- Quando se dispõe de dados de apenas 1 amostra, as diversas suposições que são feitas podem não ser atingidas.<sup>5</sup>
- Procedimentos de reamostragem produzem um conjunto de observações escolhidas aleatoriamente da amostra, igualmente representativo da população original.<sup>5</sup>
- Procedimentos de reamostragem permitem estimar o erro-padrão e intervalos de confiança sem a necessidade de tais suposições, sendo, portanto, um conjunto de procedimentos não-paramétricos.<sup>5</sup>

### 1.5.3 Quais procedimentos de reamostragem podem ser realizados?

- *Bootstrap*: Cada iteração gera uma amostra *bootstrap* do mesmo tamanho do conjunto de dados original escolhendo aleatoriamente observações reais, uma de cada vez. Cada observação tem chances iguais de ser escolhida a cada vez, portanto, algumas observações serão escolhidas mais de uma vez e outras nem serão escolhidas.<sup>5</sup>

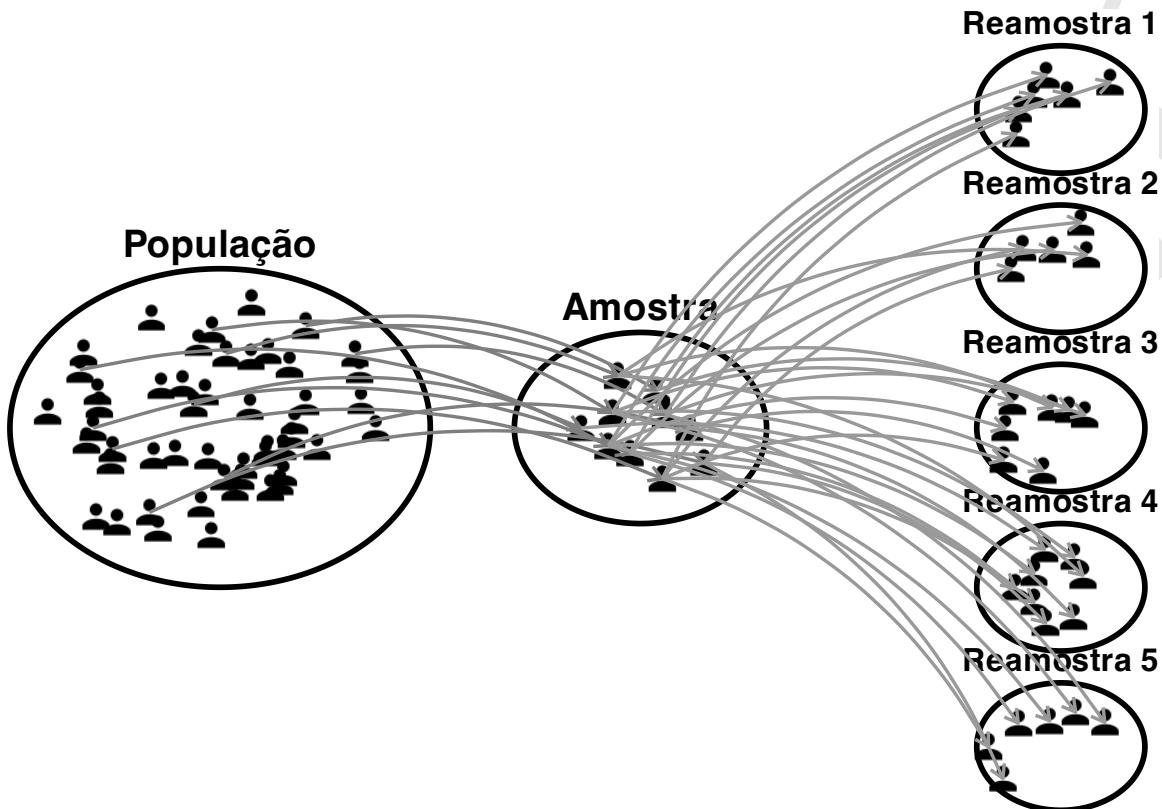


Figura 1.2: Representação esquemática da reamostragem de uma amostra.

## 1.6 Subamostragem

### 1.6.1 O que é subamostragem?

- ?

## 1.7 Superamostragem

### 1.7.1 O que é superamostragem?

- ?

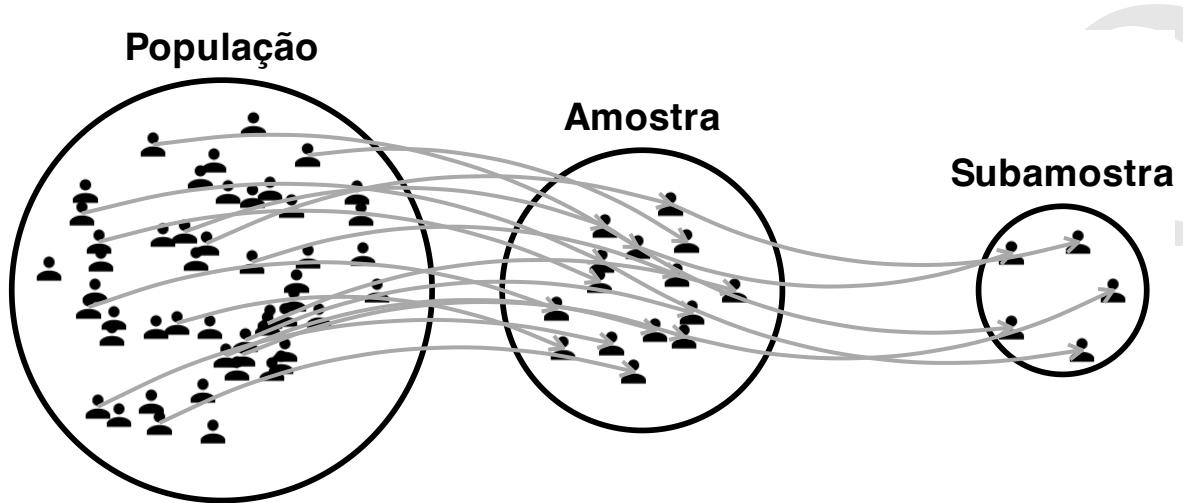


Figura 1.3: Representação esquemática da subamostragem de uma amostra.

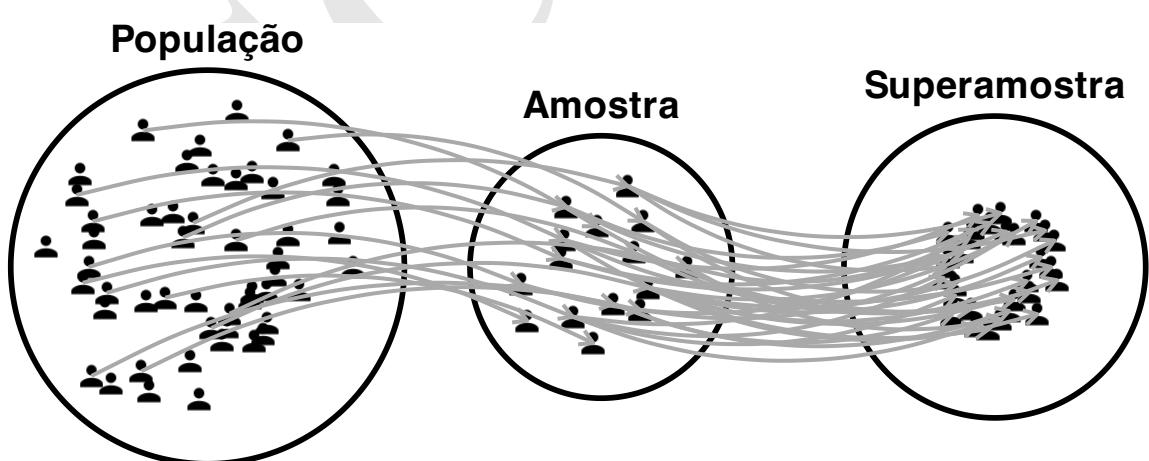


Figura 1.4: Representação esquemática da superamostragem de uma população.

RASCUNHO

## Capítulo 2

# Falácia estatísticas

### 2.1 Falácia estatísticas

#### 2.1.1 O que são falácia estatísticas?

- Falácia estatísticas são erros de raciocínio que ocorrem em situações que envolvem dados e estatísticas. Elas podem ocorrer em qualquer etapa do processo de análise de dados, desde a coleta até a interpretação dos resultados.<sup>7</sup>
- Elas podem ser intencionais ou não intencionais, e podem ser usadas para manipular, enganar ou confundir as pessoas.<sup>7</sup>
- As falácia estatísticas podem ser difíceis de detectar, pois muitas vezes são sutis e podem parecer plausíveis à primeira vista. No entanto, é importante estar ciente delas e saber como identificá-las para evitar erros de interpretação e tomada de decisão.<sup>7</sup>

#### 2.1.2 O que é a falácia do jogador?

- A falácia do jogador é a crença de que eventos independentes têm uma influência sobre eventos futuros. Por exemplo, se uma moeda é lançada várias vezes e cai cara em todas as vezes, a falácia do jogador sugere que a próxima jogada será coroa, pois a moeda “deve” se equilibrar. No entanto, cada lançamento da moeda é independente e não afeta o resultado do próximo lançamento.<sup>7</sup>

#### 2.1.3 O que é a falácia da mão quente?

- A falácia da mão quente é a crença de que um jogador que teve sucesso em um jogo de azar terá mais chances de sucesso no futuro. Por exemplo, se uma moeda é lançada várias vezes e cai cara em todas as vezes, a falácia da mão quente sugere que a próxima jogada será cara, pois o jogador está “quente”. No entanto, cada lançamento da moeda é independente e não afeta o resultado do próximo lançamento.<sup>7</sup>

RASCUNHO

# Capítulo 3

## Paradoxos estatísticos

### 3.1 Paradoxos

#### 3.1.1 O que são paradoxos estatísticos?

- Paradoxos podem originar da incompreensão ou mal informação da nossa intuição a respeito do fenômeno.<sup>8</sup>

#### 3.1.2 O que é o paradoxo de Abelson?

- <sup>9</sup>

#### 3.1.3 O que é o paradoxo de Berkson?

- <sup>10</sup>

#### 3.1.4 O que é o paradoxo de *Big Data*?

- “Quanto maior a quantidade de dados, maior a certeza de que vamos nos enganar”.<sup>8</sup>

#### 3.1.5 O que é o paradoxo de Ellsberg?

- <sup>11</sup>

#### 3.1.6 O que é o paradoxo de Freedman?

- <sup>12,13</sup>

#### 3.1.7 O que é o paradoxo de Hand?

- <sup>14</sup>

#### 3.1.8 O que é o paradoxo de Lindley?

- <sup>15</sup>

#### 3.1.9 O que é o paradoxo de Lord?

- <sup>16,17</sup>

### 3.1.10 O que é o paradoxo de Probsting?

- ?

### 3.1.11 O que é o paradoxo de Simpson?

- O paradoxo de Simpson ocorre quando a associação entre duas variáveis  $X$  e  $Y$  desaparece ou mesmo reverte sua direção quando condicionadas em uma terceira variável  $Z$ .<sup>18,19</sup>
- Para decisão do paradoxo de Simpson pode-se utilizar o conceito de ‘back-door’, o qual considera os ‘caminhos’ (isto é, associações) no gráfico acíclico direcionado e assegura que todos as associações espúrias do tratamento  $X$  para o desfecho  $Y$  nesse diagrama causal sejam interceptados pela variável  $Z$ .<sup>20</sup>
- Dependendo do contexto em que os dados foram obtidos — delineamento do estudo, escolha dos instrumentos e dos tipos de variáveis — a melhor escolha para a análise pode variar entre a análise da população agregada ou da subpopulação desagregada.<sup>20</sup>
- É possível que em alguns contextos nem a análise agregada ou a desagregada podem oferecer a resposta correta, sendo necessário o uso de outras (mais) covariáveis.<sup>20</sup>

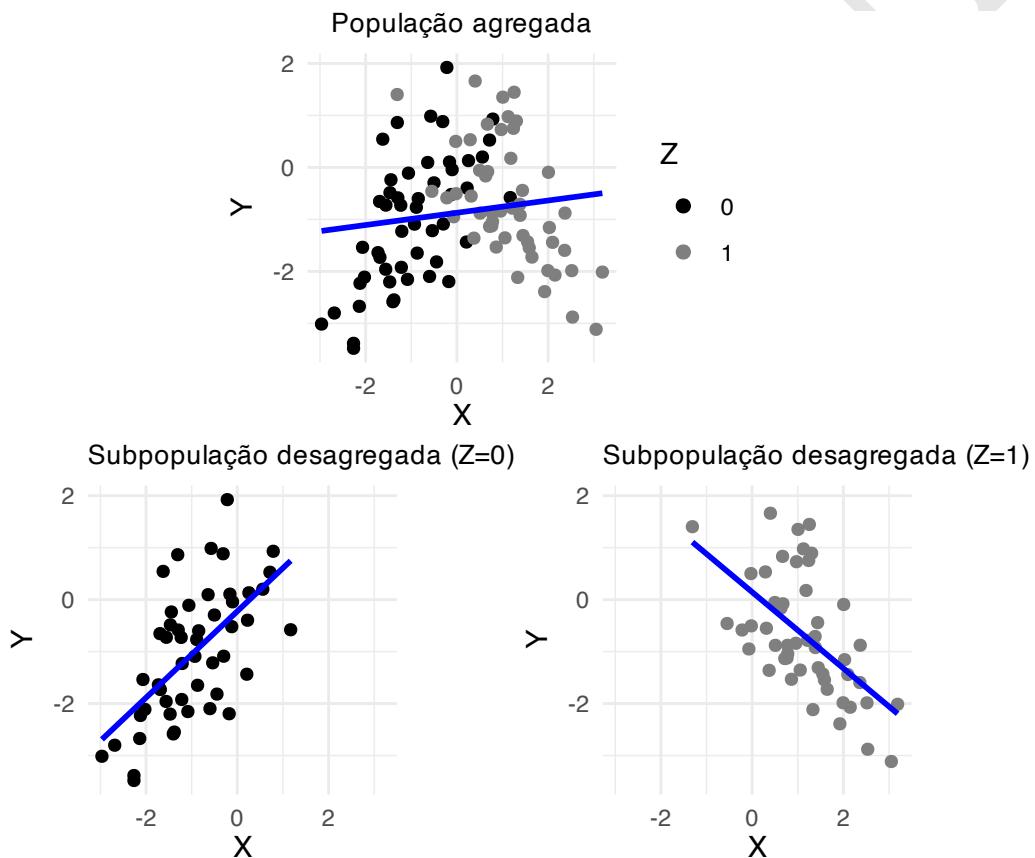


Figura 3.1: Paradoxo de Simpson representado com dados simulados. Os pontos no gráfico representam observações individuais e as linhas de tendência representam as regressões lineares ajustadas para os dados desagregados da população e agregados por subpopulação.

### 3.1.12 O que é o paradoxo de Stein?

- <sup>21</sup>

**3.1.13 O que é o paradoxo de Okie?**

- <sup>?</sup>

**3.1.14 O que é o paradoxo da acurácia?**

- <sup>?</sup>

**3.1.15 O que é o paradoxo do falso positivo?**

- <sup>?</sup>

**3.1.16 O que é o paradoxo da caixa de Bertrand?**

- <sup>?</sup>

**3.1.17 O que é o paradoxo do elevador?**

- <sup>22</sup>

**3.1.18 O que é o paradoxo da amizade?**

- <sup>23</sup>

**3.1.19 O que é o paradoxo do menino ou menina?**

- <sup>22</sup>

**3.1.20 O que é o paradoxo do teste surpresa?**

- <sup>?</sup>

**3.1.21 O que é o paradoxo do nó da gravata?**

- <sup>?</sup>

**3.1.22 O que é o paradoxo da Bela Adormecida?**

- <sup>?</sup>

RASCUNHO

## Capítulo 4

# Letramento estatístico

### 4.0.1 O que é letramento estatístico?

- Letramento em informação: Capacidade de reconhecer quando a informação é necessária e de localizá-la, avaliá-la criticamente (qualidade, validade, relevância, completude, imparcialidade) e usá-la de forma eficaz e ética. Abrange qualquer tipo de informação, em texto ou números.<sup>24</sup>
- Letramento em dados: Competência técnica para acessar, manipular, resumir e apresentar dados, utilizando ferramentas e métodos (SQL, planilhas, softwares estatísticos), com foco na preparação e organização de conjuntos de dados para análise e comunicação.<sup>24</sup>
- Letramento estatístico é a competência para compreender, interpretar e avaliar informações baseadas em dados, integrando conhecimentos técnicos (linguagem, estatística, matemática) e contextuais com postura crítica, crenças e atitudes que sustentem o uso ético e fundamentado da estatística.<sup>25-27</sup>
- Letramento estatístico é parte essencial do letramento informacional (fornecendo a capacidade de reconhecer, acessar e avaliar informações) e do letramento em dados (envolve acessar, manipular e apresentar dados de forma adequada).<sup>24</sup>

### 4.0.2 Por que o letramento estatístico é importante?

- A presença dos dados no cotidiano deixou de ser restrita a decisões políticas ou relatórios técnicos: hoje, todos estamos expostos e interagimos com dados de forma constante, seja por dispositivos móveis, redes sociais ou sistemas automatizados de recomendação.<sup>28</sup>
- Ferramentas para coletar e analisar dados estão mais acessíveis e baratas, o que amplia a possibilidade de qualquer pessoa atuar não só como consumidora, mas também como produtora de informações.<sup>28</sup>

### 4.0.3 Quais são exemplos de “armadilhas” comuns na interpretação de estatísticas?

- Escolha do indicador: usar média ou mediana pode levar a conclusões muito diferentes sobre o mesmo fenômeno (por exemplo, renda média vs. mediana antes e depois de impostos).<sup>24</sup>
- Confusão entre taxas e contagens: comparar números absolutos sem considerar proporções populacionais pode distorcer a realidade.<sup>24</sup>
- Fatores de confusão: diferenças observadas podem ser explicadas por variáveis não consideradas, como idade média da população ao comparar taxas de mortalidade.<sup>24</sup>

## 4.1 Elementos centrais do letramento estatístico

### 4.1.1 Quais são os elementos de conhecimento que sustentam o letramento estatístico?

- O modelo de letramento estatístico é composto por cinco elementos de conhecimento e dois elementos disposicionais.<sup>25–27</sup>

### 4.1.2 Quais são os cinco elementos de conhecimento que sustentam o letramento estatístico?

- Competências de letramento, incluindo leitura de textos, gráficos e tabelas.<sup>25</sup>
- Conhecimento estatístico básico, incluindo conceitos, métodos, interpretação de dados e probabilidade.<sup>25</sup>
- Conhecimento matemático sobre percentagens, médias e raciocínio numérico.<sup>25</sup>
- Conhecimento de contexto/mundo, com entendimento do cenário e origem dos dados.<sup>25</sup>
- Questões críticas (lista de *worry questions* para avaliar a validade da informação).<sup>25</sup>

### 4.1.3 Quais são os dois elementos de disposição que facilitam a ação estatisticamente letrada?

- Postura crítica: propensão para questionar e analisar mensagens quantitativas.<sup>25</sup>
- Crenças e atitudes: visão positiva sobre a capacidade de pensar estatisticamente; valorização de dados bem produzidos.<sup>25</sup>

### 4.1.4 Que tipo de perguntas críticas (*worry questions*) devemos fazer ao interpretar informação estatística?

- De onde vêm os dados? Que tipo de estudo foi feito?<sup>25</sup>
- A amostra é representativa e suficientemente grande?<sup>25</sup>
- Os instrumentos de medição são confiáveis?<sup>25</sup>
- As estatísticas e gráficos são apropriados e não distorcem?<sup>25</sup>
- Há relação causal ou apenas correlação? Há informação em falta?<sup>25</sup>
- Existem interpretações alternativas plausíveis?<sup>25</sup>

## 4.2 Hierarquia de letramento estatístico

### 4.2.1 Quais são os níveis da hierarquia de letramento estatístico?

- Nível 6 – Crítico Matemático: É o nível mais alto. A pessoa questiona e analisa as informações de forma profunda, usando cálculos e raciocínio proporcional (como comparar porcentagens e proporções). Reconhece que previsões sempre envolvem algum grau de incerteza e percebe detalhes sutis na forma como os dados são apresentados.<sup>29</sup>
- Nível 5 – Crítico: Também envolve uma postura questionadora, mas sem exigir cálculos complexos de proporção. Usa corretamente a linguagem estatística, entende o significado de termos ligados à probabilidade e percebe que os resultados podem variar.<sup>29</sup>
- Nível 4 – Consistente, mas Não Crítico: Consegue interpretar dados e usar termos estatísticos corretamente, mas não chega a questionar a forma como as informações são apresentadas. Reconhece a variação apenas

em situações que envolvem sorte ou acaso, e sabe lidar com conceitos como média, probabilidades simples e leitura de gráficos.<sup>29</sup>

- Nível 3 – Inconsistente: Analisa partes do problema, mas de forma irregular. Pode identificar conclusões corretas, mas sem explicá-las. Usa ideias estatísticas de maneira mais descritiva do que numérica.<sup>29</sup>
- Nível 2 – Informal: A interpretação é mais baseada no senso comum do que em conceitos estatísticos. Utiliza apenas alguns termos corretos e consegue fazer cálculos muito simples com tabelas, gráficos ou situações de probabilidade.<sup>29</sup>
- Nível 1 – Idiossincrático: Responde de forma muito pessoal ou confusa, usando termos de maneira incorreta ou limitada. Realiza apenas contagens diretas e leituras simples de dados.<sup>29</sup>

#### 4.2.2 Quais são os componentes centrais do letramento estatístico com literacia de dados?

- Compreender quem coleta dados, por que e como essa coleta é feita.<sup>28</sup>
- Saber interpretar dados de amostras aleatórias e não aleatórias, avaliando limitações e potencial.<sup>28</sup>
- Conhecer e aplicar práticas de proteção de dados e direitos de propriedade sobre informações coletadas.<sup>28</sup>
- Produzir representações descritivas (tabelas, gráficos, mapas, dashboards) para responder perguntas sobre fenômenos reais.<sup>28</sup>
- Reconhecer a importância da proveniência e do armazenamento dos dados, bem como a necessidade de pré-processamento antes da análise.<sup>28</sup>
- Entender fundamentos de modelagem preditiva e algoritmos, como árvores de classificação e regressão, especialmente no contexto de dados massivos (big data).<sup>28</sup>

### 4.3 Habilidades de letramento estatístico baseadas no pensamento crítico

#### 4.3.1 Quais são as habilidades de letramento estatístico?

- Identificar: Descobrir qual é a principal afirmação de um texto ou relatório e separar o que é opinião do que é realmente evidência ou dado.<sup>30</sup>
- Questionar: Fazer perguntas sobre os dados: de onde vieram, como foram coletados, qual o tamanho da amostra, se houve erros, se os gráficos estão claros e se o questionário foi bem feito.<sup>30</sup>
- Julgar: Avaliar se a afirmação é bem sustentada pelos dados ou se está exagerando, por exemplo, dizendo que algo causa quando só foi encontrada uma relação.<sup>30</sup>
- Esclarecer: Entender e explicar palavras técnicas e expressões que podem confundir, além de saber como foi feita a pesquisa e a análise.<sup>30</sup>
- Avaliar: Decidir se a afirmação é confiável comparando com outras informações disponíveis e verificando se faz sentido.<sup>30</sup>
- Investigar mais: Procurar informações que não foram mostradas, como quem fez a pesquisa, por que foi feita, detalhes do processo ou fatores escondidos que podem influenciar os resultados.<sup>30</sup>
- Considerar alternativas: Pensar em outras explicações possíveis ou diferentes interpretações para os mesmos dados.<sup>30</sup>
- Concluir: Chegar à sua própria conclusão sobre o assunto, usando as informações e o raciocínio de forma clara e bem fundamentada.<sup>30</sup>

RASCUNHO

## ***PARTE 2: FUNDAMENTOS METODOLÓGICOS***

---

**Como a metodologia sólida sustenta análises estatísticas confiáveis**

RASCUNHO

# **Capítulo 5**

## **Pensamento metodológico**

### **5.1 Metodologia da pesquisa**

#### **5.1.1 O que é metodologia da pesquisa?**

- A utilização de um vocabulário próprio — incluindo termos frequentemente usados em metodologia, epidemiologia e estatística — facilita a discussão na comunidade científica e melhora a compreensão das publicações.<sup>31,32</sup>

### **5.2 Relação Estatística-Metodologia**

#### **5.2.1 Qual a relação entre estatística e metodologia da pesquisa?**

- <sup>33</sup>

### **5.3 Pré-registro**

#### **5.3.1 O que é pré-registro?**

- <sup>34</sup>

### **5.4 Reprodutibilidade**

#### **5.4.1 O que é reproduzibilidade?**

- Reproduzibilidade é a habilidade de se obter resultados iguais ou similares quando uma análise ou teste estatístico é repetido.<sup>34-36</sup>

#### **5.4.2 Por que reproduzibilidade é importante?**

- Analisar a reproduzibilidade pode fornecer evidências a respeito da objetividade e confiabilidade dos achados, em detrimento de terem sido obtidos devido a vieses ou ao acaso.<sup>34</sup>
- A reproduzibilidade não é apenas uma questão metodológica, mas também ética, uma vez que pode envolver mal práticas científicas como fabricação e/ou falsificação de dados.<sup>34</sup>
- Reproduzibilidade pode ser considerada um padrão mínimo em pesquisa científica.<sup>35</sup>

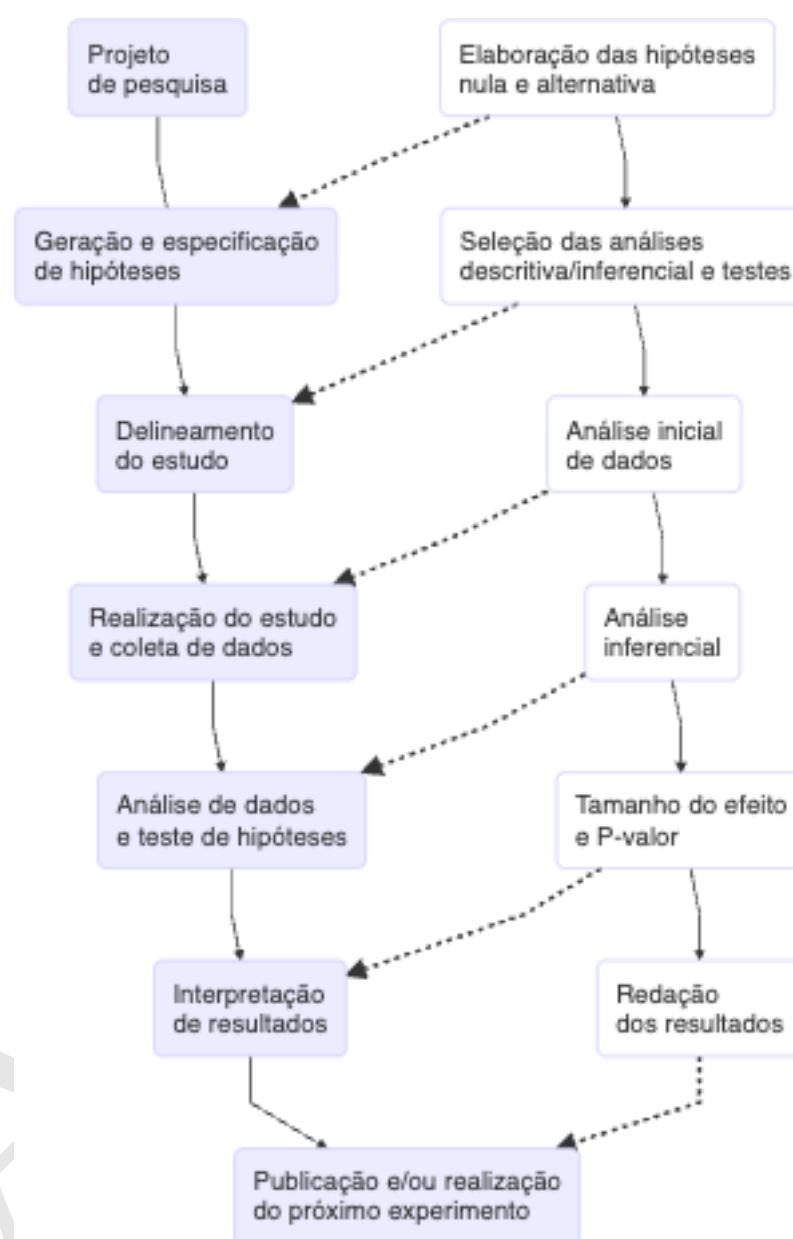


Figura 5.1: Mapa mental da relação entre o pensamento estatístico e o pensamento metodológico.

### 5.4.3 Como contribuir para a reproduzibilidade?

- Disponibilize publicamente os bancos de dados, respeitando as considerações éticas vigentes (ex.: autorização dos participantes e do Comitê de Ética em Pesquisa) e internacionalmente.<sup>36</sup>
- Produza manuscritos reproduzíveis - manuscritos executáveis ou relatórios dinâmicos - que permitem a integração do banco de dados da(s) amostra(s), do(s) script(s) de análise estatística (incluindo comentários para sua interpretação), dos pacotes ou bibliotecas utilizados, das fontes e referências bibliográficas citadas, além dos demais elementos textuais (tabelas, gráficos) - todos gerados dinamicamente.<sup>37</sup>

## 5.5 Robustez

### 5.5.1 O que é robustez?

- ?

## 5.6 Replicabilidade

### 5.6.1 O que é replicabilidade?

- Replicabilidade é a habilidade de se obter conclusões iguais ou similares quando um experimento é repetido.<sup>35,36</sup>

## 5.7 Generalização

### 5.7.1 O que é generalização?

- Generalização refere-se à extração das conclusões do estudo, observados na amostra, para a população.<sup>3</sup>

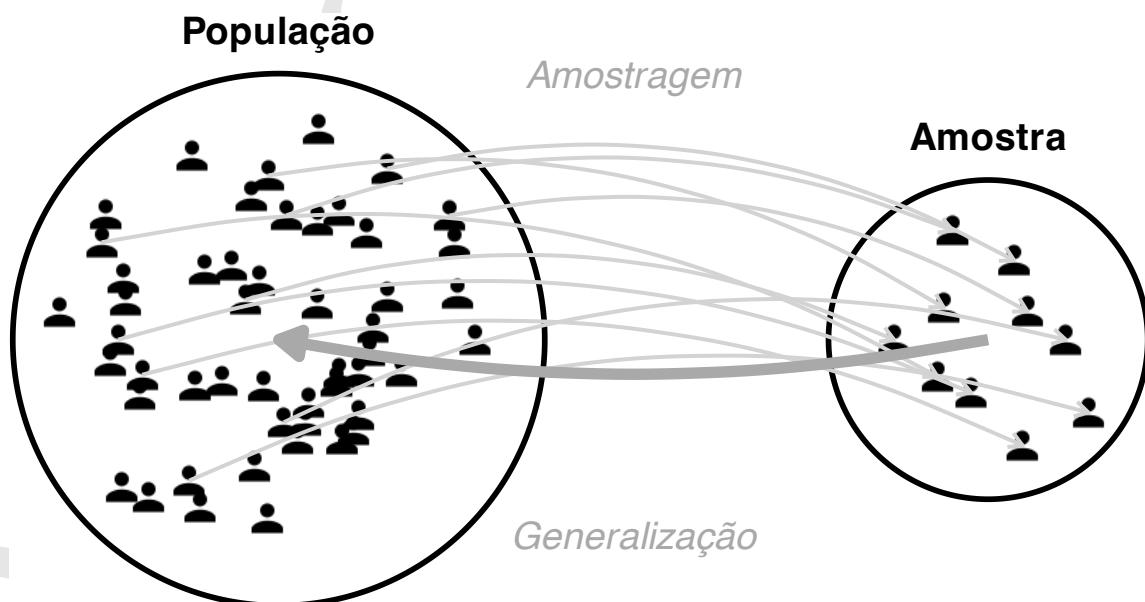


Figura 5.2: Representação esquemática da generalização de uma amostra para a população.

RASCUNHO

## **Capítulo 6**

# **Vieses metodológicos**

### **6.1 Vieses metodológicos**

#### **6.1.1 O que são vieses metodológicos?**

- . ?

### **6.2 Tipos de vieses metodológicos**

#### **6.2.1 Quais são os tipos de vieses metodológicos?**

- . ?

### **6.3 Efeitos relacionados aos vieses metodológicos**

#### **6.3.1 Quais são os efeitos relacionados aos vieses metodológicos?**

- . ?

#### **6.3.2 O que é efeito placebo?**

- . ?

#### **6.3.3 O que é efeito nocebo?**

- . ?

#### **6.3.4 O que é efeito Hawthorne?**

- . ?

#### **6.3.5 O que é efeito Rosenthal?**

- . ?

RASCUNHO

## Capítulo 7

# Práticas questionáveis em pesquisa

## 7.1 Práticas Questionáveis em Pesquisa

### 7.1.1 O que são práticas questionáveis em pesquisa?

- Práticas questionáveis em pesquisa são más condutas ou comportamentos impróprios, realizados desde o planejamento até a publicação dos resultados.<sup>38,39</sup>

### 7.1.2 Por que práticas questionáveis em pesquisa devem ser combatidas?

- Práticas questionáveis em pesquisa são prevalentes.<sup>40</sup>
- Práticas questionáveis em pesquisa comprometem a integridade científica, a confiabilidade dos resultados e a confiança do público na ciência.<sup>38,39</sup>
- Práticas questionáveis em pesquisa inflam artificialmente o tamanho do efeito e poder estatístico.<sup>39</sup>
- Práticas questionáveis em pesquisa parecem contribuir para a crise da replicação na ciência, onde muitos estudos não conseguem ser replicados ou reproduzidos.<sup>39</sup>

## 7.2 Prática não intencional e má conduta

- Práticas questionáveis podem ser classificadas em más condutas e não intencionais.<sup>41</sup>
- MÁS condutas são aquelas que são deliberadamente realizadas com o objetivo de enganar ou manipular os resultados, enquanto práticas não intencionais são aquelas que ocorrem devido a falta de conhecimento, treinamento inadequado ou outras razões.<sup>2</sup>
- Práticas na zona cinzenta são aquelas que podem ser interpretadas de diferentes maneiras, dependendo do contexto e da intenção do pesquisador.<sup>2</sup>

### 7.2.1 Quais práticas questionáveis podem ocorrer durante o planejamento do estudo?

- *Hypothesizing After Results are Known* (HARKing) consiste em formular hipóteses após a análise dos dados, o que pode levar a resultados enviesados e não replicáveis.<sup>42</sup>
- *Storytelling* é a prática de criar narrativas convincentes para justificar os resultados, mesmo que não sejam suportados pelos dados.<sup>2</sup>

Tabela 7.1: Classificação das práticas questionáveis em pesquisa segundo sua intencionalidade.

Prática	Intencionalidade	Definição
Data fabrication	Má conduta	Inventar dados inexistentes
Data falsification	Má conduta	Alterar ou manipular dados reais
Fake authorship	Má conduta	Inserir autores fictícios ou inexistentes
Fake peer review	Má conduta	Criar revisões falsas para facilitar publicação
Honorary authorship	Má conduta	Incluir autores sem contribuição real
Gold authorship	Má conduta	Atribuir autoria como forma de prestígio ou recompensa
Ghost authorship	Má conduta	Omitir autores que participaram do estudo
Duplicate publication	Má conduta	Publicar o mesmo estudo em mais de uma revista
Spin (doloso)	Má conduta	Apresentar os resultados de forma a exagerar efeitos positivos
Data distortion	Má conduta	Modificar dados ou gráficos para torná-los mais convincentes
SPARKing	Má conduta	Ajustar o tamanho da amostra após a coleta dos dados para obter significância estatística
HARKing	Zona cinzenta	Criar hipóteses após ver os dados (sem pré-registro)
Storytelling	Zona cinzenta	Construir uma narrativa forçada para justificar os achados
Selective reporting	Zona cinzenta	Relatar apenas os resultados favoráveis ou positivos
P-hacking	Zona cinzenta	Testar múltiplas análises até encontrar $p < 0.05$
Data peeking	Zona cinzenta	Analizar dados antes do término da coleta, parando quando um efeito aparece
Cherry picking	Zona cinzenta	Selecionar apenas os resultados que apoiam a hipótese
Salami slicing	Zona cinzenta	Dividir artificialmente um estudo em vários artigos para inflar publicações
Beautification	Zona cinzenta	Embelezar tabelas, gráficos ou resultados para torná-los mais atraentes
P-hacking reverso	Não intencional	Forçar análises para que não haja significância estatística
Fishing expedition	Não intencional	Procurar achados sem plano prévio
Data dredging	Não intencional	Explorar excessivamente os dados para encontrar associações irrelevantes
File drawer problem	Não intencional	Não publicar estudos com resultados negativos ou nulos
Publication bias	Não intencional	Tendência geral das revistas em favorecer publicações com resultados positivos

### 7.2.2 Quais práticas questionáveis podem ocorrer durante a coleta de dados?

- *Data falsification* é a prática de manipular ou inventar dados para obter resultados desejados.<sup>?</sup>
- *Data fabrication* é a prática de inventar dados ou resultados que nunca foram coletados.<sup>?</sup>

### 7.2.3 Quais práticas questionáveis podem ocorrer durante a análise dos dados?

- *P-hacking* é a prática de manipular os dados ou análises para obter resultados estatisticamente significativos, como realizar múltiplos testes sem correção adequada.<sup>43-45</sup>
- *P-hacking* reverso é a prática de manipular os dados ou análises para obter resultados não estatisticamente significativos, como realizar múltiplos testes sem correção adequada, o que pode levar a conclusões enviesadas e enganosas.<sup>46</sup>
- *SPARKing (Sample size Planning After the Results are Known)* é uma mal prática que envolve o ajuste do tamanho da amostra após a coleta dos dados, com o objetivo de obter resultados estatisticamente significativos.<sup>47</sup>
- *Data peeking* é a prática de analisar os dados repetidamente antes de completar a coleta, visando interromper a coleta quando um resultado desejado é alcançado.<sup>48</sup>
- *Fishing expedition* refere-se à exploração dos dados sem uma hipótese pré-definida, o que pode levar a conclusões enganosas e enviesadas, uma vez que os resultados podem ser meramente acidentais.<sup>@44</sup>
- *Data dredging* refere-se à exploração excessiva dos dados para encontrar padrões ou relações que não são teoricamente fundamentados, o que pode resultar em conclusões enganosas e enviesadas.<sup>44</sup>
- *Selective reporting* é a prática de relatar apenas os resultados que suportam uma hipótese específica, ignorando aqueles que não a apoiam, o que pode levar a conclusões enganosas e enviesadas.<sup>?</sup>

### 7.2.4 Quais práticas questionáveis podem ocorrer durante a apresentação dos resultados?

- *Cherry picking* consiste em selecionar apenas os resultados que suportam uma hipótese específica, ignorando aqueles que não a apoiam, o que pode levar a conclusões enganosas e enviesadas.<sup>44</sup>
- *Spin* é a prática de apresentar os resultados de forma a enfatizar aspectos positivos ou minimizar aspectos negativos, o que pode levar a interpretações enganosas e enviesadas dos dados.<sup>49,50</sup>
- *Beautification* é a prática de embelezar visualmente gráficos ou tabelas para aumentar impacto visual.<sup>?</sup>
- *Data distortion* é a prática de modificar ou omitir informações nos dados para induzir interpretações específicas.<sup>?</sup>

### 7.2.5 Quais práticas questionáveis podem ocorrer durante a publicação e revisão por pares?

- *Honorary authorship* refere-se à inclusão de autores que não contribuíram significativamente para o estudo, o que pode distorcer a atribuição de crédito e responsabilidade.<sup>51</sup>
- *Ghost authorship* é a prática de não reconhecer autores que contribuíram significativamente para o estudo, o que pode distorcer a atribuição de crédito e responsabilidade.<sup>51</sup>
- *Gold authorship* é a prática de atribuir autoria em troca de prestígio, recursos ou favorecimento político, independentemente da contribuição acadêmica.<sup>51</sup>
- *Fake authorship* refere-se à inclusão de autores fictícios ou inexistentes em uma publicação.<sup>51</sup>

- *Fake peer review* refere-se à prática de criar revisões por pares falsas ou fraudulentas para apoiar a publicação de um estudo, o que compromete a integridade do processo de revisão por pares e pode levar a conclusões enganosas.<sup>?</sup>
- *File drawer problem* refere-se à tendência de não publicar estudos com resultados negativos ou não significativos, o que pode levar a uma visão distorcida da literatura científica e dificultar a replicação de estudos.<sup>?</sup>
- *Salami slicing* é a prática de dividir os resultados em múltiplas publicações para aumentar o número de publicações, o que pode levar a uma má interpretação dos dados e à fragmentação do conhecimento.<sup>?</sup>
- *Publication bias* é a tendência de publicar apenas resultados positivos ou significativos, o que pode levar a uma visão distorcida da literatura científica e dificultar a replicação de estudos.
- *Duplicate publication* é a prática de publicar o mesmo estudo ou resultados em mais de uma revista, o que pode levar a uma superestimação da importância dos resultados e à confusão na literatura científica.<sup>?</sup>

## 7.3 Prevenindo práticas questionáveis em pesquisa

### 7.3.1 Como prevenir práticas questionáveis?

- Educação formal em integridade científica e estatística.<sup>?</sup>
- Pré-registro do protocolo do estudo de ensaios clínicos (ex.: ReBEC<sup>1</sup>, ClinicalTrials.gov<sup>2</sup>, revisões sistemáticas (ex.: PROSPERO<sup>3</sup>), ou outras plataformas (ex.: OSF<sup>4</sup>).<sup>52,53</sup>
- Planos de análise detalhados.<sup>?</sup>
- Compartilhamento de dados/scripts (reprodutibilidade).<sup>?</sup>
  - Dryad Digital Repository<sup>5</sup>
  - figshare<sup>6</sup>
  - Harvard Dataverse<sup>7</sup>
  - Mendeley Data<sup>8</sup>
  - Open Science Framework<sup>9</sup>
  - Zenodo<sup>10</sup>
- Manuscritos reproduzíveis (RMarkdown, bookdown, etc.).<sup>?</sup>
- Adoção de diretrizes para redação de manuscritos (CONSORT, STROBE, PRISMA).<sup>?</sup>

## 7.4 Reações éticas e institucionais práticas questionáveis em pesquisa

- *Post-publication peer review* é a prática de revisar e criticar publicações após sua publicação, o que pode levar a uma melhor compreensão dos resultados e à correção de erros, mas também pode ser usada para desacreditar estudos sem justificativa adequada.<sup>?</sup>

<sup>1</sup><https://ensaiosclinicos.gov.br>

<sup>2</sup><https://clinicaltrials.gov>

<sup>3</sup><https://www.crd.york.ac.uk/prospero/>

<sup>4</sup><https://osf.io>

<sup>5</sup><http://datadryad.org/>

<sup>6</sup><http://figshare.com/>

<sup>7</sup><http://dataverse.harvard.edu/>

<sup>8</sup><https://data.mendeley.com/>

<sup>9</sup><https://osf.io/>

<sup>10</sup><http://zenodo.org/>

- *Corrigendum* é uma correção publicada para corrigir erros ou imprecisões em um artigo já publicado, o que pode levar a uma melhor compreensão dos resultados e à correção de erros, mas também pode ser usada para desacreditar estudos sem justificativa adequada.<sup>?</sup>
- *Expression of concern* é uma declaração emitida por uma revista científica para alertar os leitores sobre preocupações com a integridade de um estudo, sem necessariamente retirar o artigo.<sup>?</sup>
- *Retraction* é a prática de retirar uma publicação devido a erros, fraudes ou práticas questionáveis, o que pode levar a uma melhor compreensão dos resultados e à correção de erros, mas também pode ser usada para desacreditar estudos sem justificativa adequada.<sup>?</sup>
- Retraction Watch<sup>11</sup> é um blog que monitora e relata casos de retratações e preocupações éticas em publicações científicas, fornecendo informações sobre práticas questionáveis e promovendo a transparência na pesquisa.<sup>?</sup>



O pacote *retractcheck*<sup>54</sup> fornece a função *retractcheck*<sup>a</sup> para verificar se um artigo foi retratado usando a Open Retractions<sup>b</sup>.

<sup>a</sup><https://rdrr.io/github/chartgerink/retractcheck/man/retractcheck.html>

<sup>b</sup><http://openretractions.com>

<sup>11</sup><https://retractionwatch.com>

RASCUNHO

## ***PARTE 3: DO MUNDO REAL À TABELA***

---

**Da coleta à organização: estruturando dados para análises**

RASCUNHO

# Capítulo 8

## Variáveis e fatores

### 8.1 Variáveis

#### 8.1.1 O que são variáveis?

- Variáveis são informações que podem variar entre medidas em diferentes indivíduos e/ou repetições.<sup>55</sup>
- Variáveis definem características de uma amostra extraída da população, tipicamente observados por aplicação de métodos de amostragem (isto é, seleção) da população de interesse.<sup>56</sup>

#### 8.1.2 Como são classificadas as variáveis?

- Quanto à informação:<sup>56–59</sup>
  - Quantitativa
  - Qualitativa
- Quanto ao conteúdo:<sup>56–60</sup>
  - Contínua: representam ordem e magnitude entre valores.
    - \* Contínua (números inteiros) vs. Discreta (números racionais).
    - \* Intervalo (valor ‘0’ é arbitrário) vs. Razão (valor ‘0’ verdadeiro).
  - Categórica ordinal (numérica ou nominal): representam ordem, mas não magnitude entre valores.
  - Categórica nominal (multinomial ou dicotômica): não representam ordem ou magnitude, apenas categorias.
- Quanto à interpretação:<sup>56–59</sup>
  - Dependente (desfecho)
  - Independente (preditora, covariável, confundidora, controle)
  - Mediadora
  - Moderadora
  - Modificadora
  - Auxiliar
  - Indicadora

**R**

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *class*<sup>a</sup> para identificar qual é o tipo do objeto.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/class>

**R**

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece as funções *as.numeric*<sup>a</sup> e *as.character*<sup>b</sup> para criar objetos numéricos e categóricos, respectivamente.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/numeric>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/character>

**R**

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece as funções *as.Date*<sup>a</sup> e *as.logical*<sup>b</sup> para criar objetos em formato de data e lógicos (VERDADEIRO, FALSO), respectivamente.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/as.Date>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/logical>

### 8.1.3 Por que é importante classificar as variáveis?

- Identificar corretamente os tipos de variáveis da pesquisa é uma das etapas da escolha dos métodos estatísticos adequados para as análises e representações no texto, tabelas e gráficos.<sup>58</sup>

## 8.2 Transformação de variáveis

### 8.2.1 O que é transformação de variáveis?

- Transformação significa aplicar uma função matemática à variável medida em sua unidade original.<sup>62</sup>
- A transformação visa atender aos pressupostos dos modelos estatísticos quanto à distribuição da variável, em geral a distribuição gaussiana.<sup>56,62</sup>
- A dicotomização pode ser interpretada como um caso particular de agrupamento.<sup>63</sup>

### 8.2.2 Por que transformar variáveis?

- Muitos procedimentos estatísticos supõem que as variáveis - ou seus termos de erro, mais especificamente - são normalmente distribuídas. A violação dessa suposição pode aumentar suas chances de cometer um erro do tipo I ou II.<sup>64</sup>
- Mesmo quando se está usando análises consideradas robustas para violações dessas suposições ou testes não paramétricos (que não assumem explicitamente termos de erro normalmente distribuídos), atender a essas questões pode melhorar os resultados das análises (por exemplo, Zimmerman, 1995).<sup>64</sup>

### 8.2.3 Quais transformações podem ser aplicadas?

- Distribuições com assimetria à direita:<sup>64</sup>
  - Raiz quadrada
  - Logaritmo natural
  - Logaritmo base 10
  - Transformação inversa

- Distribuições com assimetria à esquerda:<sup>64</sup>
  - Reflexão e raiz quadrada
  - Reflexão e logaritmo natural
  - Reflexão e logaritmo base 10
  - Reflexão e transformação inversa
- Transformação arco-seno.<sup>64</sup>
- Transformação de Box-Cox.<sup>65</sup>
- Transformação de escore padrão (Z-score ou padronização).
- Escala Mínimo-Máximo (0,1).
- Normalização (normas L1, L2).
- Diferenciação.
- Categorização.
- Dicotomização.



O pacote *MASS*<sup>66</sup> fornece a função *boxcox*<sup>a</sup> para executar a transformação de Box-Cox.<sup>65</sup>

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/MASS/versions/7.3-58.3/topics/boxcox>

## 8.3 Categorização de variáveis contínuas

### 8.3.1 O que é categorização de uma variável?

- ?

### 8.3.2 Por que não é recomendado categorizar variáveis contínuas?

- Nenhum dos argumentos usados para defender a categorização de variáveis se sustenta sob uma análise técnica rigorosa.<sup>67</sup>
- Categorizar variáveis não é necessário para conduzir análises estatísticas. Ao invés de categorizar, priorize as variáveis contínuas.<sup>68-70</sup>
- Em geral, não existe uma justificativa racional (plausibilidade biológica) para assumir que as categorias artificiais subjacentes existam.<sup>68-70</sup>
- Caso exista um ponto de corte ou limiar verdadeiro que discrimine três ou mais grupos independentes, identificar tal ponto de corte ainda é um desafio.<sup>71</sup>
- Categorização de variáveis contínuas aumenta a quantidade de testes de hipótese para comparações pareadas entre os quantis, inflando, portanto, o erro tipo I.<sup>72</sup>
- Categorização de variáveis contínuas requer uma função teórica que pressupõe a homogeneidade da variável dentro dos grupos, levando tanto a uma perda de poder como a uma estimativa imprecisa.<sup>72</sup>
- Categorização de variáveis contínuas pode dificultar a comparação de resultados entre estudos devido aos pontos de corte baseados em dados de um banco usados para definir as categorias.<sup>72</sup>

**R** O pacote *questionr*<sup>73</sup> fornece a função *irec*<sup>a</sup> para executar uma interface interativa para codificação de variáveis categóricas.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/questionr/versions/0.7.8/topics/irec>

### 8.3.3 Quais são as alternativas à categorização de variáveis contínuas?

- Análise com os dados das variáveis na escala de medida original.<sup>67</sup>
- Análise com modelos de regressão com pesos locais (*lowess*) tais como *splines* e polinômios fracionais.<sup>67</sup>

## 8.4 Dicotomização de variáveis contínuas

### 8.4.1 O que são variáveis dicotômicas?

- Variáveis dicotômicas (ou binárias) podem representar categorias naturais tipo “presente/ausente”, “sim/não”?
- Variáveis dicotômicas podem representar categorias fictícias, criadas a partir de variáveis multinominais, em que cada nível é convertido em uma variável dicotônica indicatada (*dummy*).<sup>67</sup>
- Dicotomização é considerado um artefato da análise de dados, uma vez que é realizada após a coleta de dados.<sup>74</sup>
- Geralmente são representadas por “1” (presente, sucesso) e “0” (ausente, falha).<sup>67</sup>

### 8.4.2 Quais argumentos são usados para defender a categorização ou dicotomização de variáveis contínuas?

- O argumento principal para dicotomização de variáveis é que tal procedimento facilita e simplifica a apresentação dos resultados, principalmente para o público em geral.<sup>63</sup>
- Os pesquisadores não conhecem as consequências estatísticas da dicotomização.<sup>67</sup>
- Os pesquisadores não conhecem os métodos adequados de análise não-paramétrica, não-linear e robusta.<sup>67</sup>
- As categorias representam características existentes dos participantes da pesquisa, de modo que as análises devam ser feitas por grupos e não por indivíduos.<sup>67</sup>
- A confiabilidade da(s) variável(eis) medida(s) é baixa e, portanto, categorizar os participantes resultaria em uma medida mais confiável.<sup>67</sup>

### 8.4.3 Por que não é recomendado dicotomizar variáveis contínuas?

- Nenhum dos argumentos usados para defender a dicotomização de variáveis se sustenta sob uma análise técnica rigorosa.<sup>67</sup>
- Dicotomizar variáveis não é necessário para conduzir análises estatísticas. Ao invés de dicotomizar, priorize as variáveis contínuas.<sup>68–70</sup>
- Em geral, não existe uma justificativa racional (plausibilidade biológica) para assumir que as categorias artificiais subjacentes existam.<sup>68–70</sup>
- Dicotomização causa perda de informação e consequentemente perda de poder estatístico para detectar efeitos.<sup>67,68</sup>

- Dicotomização também classifica indivíduos com valores próximos na variável contínua como indivíduos em pontos opostos e extremos, artificialmente sugerindo que são muito diferentes.<sup>68</sup>
- Dicotomização pode diminuir a variabilidade das variáveis.<sup>68</sup>
- Dicotomização pode ocultar não-linearidades presentes na variável contínua.<sup>67,68</sup>
- A média ou a mediana, embora amplamente utilizadas, não são bons parâmetros para dicotomizar variáveis.<sup>63,68</sup>
- Caso exista um ponto de corte ou limiar verdadeiro que discrimine dois grupos independentes, identificar tal ponto de corte ainda é um desafio.<sup>71</sup>

#### 8.4.4 Quais cenários legitimam a dicotomização das variáveis contínuas?

- Quando existem dados e/ou análises que suportem a existência - não apenas a suposição ou teorização - de categorias com um ponto de corte claro e com significado entre elas.<sup>67</sup>
- Quando a distribuição da variável contínua é muito assimétrica, de modo que uma grande quantidade de observações está em um dos extremos da escala.<sup>67</sup>

#### 8.4.5 Quais métodos são usados para dicotomizar variáveis contínuas?

- Em termos de tabelas de contingência 2x2, os seguintes métodos permitem<sup>71</sup> a identificação do limiar verdadeiro:
  - Youden.<sup>75</sup>
  - Gini Index.<sup>76</sup>
  - Estatística qui-quadrado ( $\chi^2$ ).<sup>77</sup>
  - Risco relativo ( $RR$ ).<sup>78</sup>
  - Kappa ( $\kappa$ ).<sup>79</sup>

### 8.5 Fatores

#### 8.5.1 O que são fatores?

- Fator é um sinônimo de variável categórica.<sup>?</sup>
- Na modelagem, fator é sinônimo de variável preditora, em particular quando se refere à modelagem de efeitos fixos e aleatórios – os fatores (variáveis) são fatores fixos ou fatores aleatórios.<sup>?</sup>
- Fatores são variáveis controladas pelos pesquisadores em um experimento para determinar seu efeito na(s) variável(ies) de resposta. Um fator pode assumir apenas um pequeno número de valores, conhecidos como níveis. Os fatores podem ser uma variável categórica ou baseados em uma variável contínua, mas usam apenas um número limitado de valores escolhidos pelos experimentadores.<sup>?</sup>

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *as.factor*<sup>a</sup> para converter uma variável em fator.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/factor>

### 8.5.2 O que são níveis de um fator?

- Níveis de um fator são as possíveis categorias que descrevem um fator.<sup>2</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece as funções *levels*<sup>a</sup> e *nlevels*<sup>b</sup> para listar os níveis e a quantidade deles em um fator.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/levels>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/nlevels>

# Capítulo 9

## Dados, *big data* e metadados

### 9.1 Dados

#### 9.1.1 O que são dados?

- “Tudo são dados”.<sup>80</sup>
- Dados coletados em um estudo geralmente contêm erros de mensuração e/ou classificação, dados perdidos e são agrupados por alguma unidade de análise.<sup>81</sup>

#### 9.1.2 Quais são as fontes de dados?

- Experimentos.?
- Mundo real.?
- Simulação.?

#### 9.1.3 O que são dados primários e secundários?

- Dados primários são dados originais coletados intencionalmente para uma determinada análise exploratória ou inferencial planejada a priori.<sup>56</sup>
- Dados secundários compreendem dados coletados inicialmente para análises de um estudo, e são subsequentemente utilizados para outras análises.<sup>56</sup>

#### 9.1.4 O que são dados quantitativos e qualitativos?

- .?

### 9.2 *Big data*

#### 9.2.1 O que são *big data*?

- *Big data* refere-se a bancos de dados muito grandes com um mecanismo “R” — aleatório (*Random*), auto-reportado (*self-Reported*), reportado administrativamente (*administratively reported*), seletivamente respondido (*selectively respondend*) — descontrolado ou desconhecido.<sup>8</sup>

## 9.3 Metadados

### 9.3.1 O que são metadados?

- Metadados são informações técnicas relacionadas às variáveis do estudo, tais como rótulos, limites de valores plausíveis, códigos para dados perdidos e unidades de medida.<sup>82</sup>
- Metadados também são informações relacionadas ao delineamento e/ou protocolo do estudo, recrutamento dos participantes, e métodos para realização das medidas.<sup>82</sup>

### 9.3.2 Quais são as recomendações para os metadados de um banco de dados?

- Utilize rótulos padronizados para variáveis e fatores para facilitar o reuso (reprodutibilidade) do conjuntos de dados e scripts de análise.<sup>83</sup>
- Crie rótulos de variáveis concisos, claros e mutuamente exclusivos.<sup>83</sup>
- Evite muitas letras maiúsculas ou outros caracteres especiais que usam a *shift*.<sup>83</sup>
- Na existência de versões de instrumentos publicadas em diferentes anos, use o ano de publicação das escalas no rótulo.<sup>83</sup>
- Divida o rótulo da variável ou fator em partes e ordene-as do mais geral para o mais particular geral (ex.: experimento -> repetição -> escala -> item).<sup>83</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *names*<sup>a</sup> para declarar o nome de uma variável.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/names>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *labels*<sup>a</sup> para declarar o rótulo de uma variável.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/labels>



O pacote *units*<sup>84</sup> fornece a função *units*<sup>a</sup> para declarar as unidades de medida de uma variável.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/units/versions/0.8-3/topics/units>



O pacote *units*<sup>84</sup> fornece a função *valid\_udunits*<sup>a</sup> para listar as opções de unidades de medida de uma variável.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/units/versions/0.8-3/topics/valid\\_udunits](https://www.rdocumentation.org/packages/units/versions/0.8-3/topics/valid_udunits)



O pacote *janitor*<sup>85</sup> fornece a função *clean\_names*<sup>a</sup> para formatar de modo padronizado o nome das variáveis utilizando apenas caracteres, números e o símbolo ‘\_’.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/janitor/versions/2.2.0/topics/clean\\_names](https://www.rdocumentation.org/packages/janitor/versions/2.2.0/topics/clean_names)



O pacote *Hmisc*<sup>86</sup> fornece a função *contents*<sup>a</sup> para criar um objeto com os metadados (nomes, rótulos, unidades, quantidade e níveis das variáveis categóricas, e quantidade de dados perdidos) de um dataframe.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/Hmisc/versions/5.1-0/topics/contents>

RASCUNHO

# Capítulo 10

## Medidas e instrumentos

### 10.1 Escalas

#### 10.1.1 O que são escalas?

- Uma escala de medição grosseira representa um construto de natureza contínua medido por itens tais que diferentes pontuações são agrupadas na mesma categoria no ato da coleta de dados.<sup>74</sup>
- Em escalas grosseiras, erros são introduzidos porque as variações contínuas do constructo são colapsadas em uma mesma categorias ou separadas entre categorias próximas.<sup>74</sup>
- Escalas tipo Likert com 5 categorias tipo “discordo totalmente”, “discordo parcialmente”, “nem concordo nem discordo”, “concordo parcialmente”, e “concordo totalmente” são escalas grosseira porque as diferenças entre as categorias não são iguais. Por exemplo, a diferença entre “discordo totalmente” e “discordo parcialmente” não é a mesma que a diferença entre “concordo parcialmente” e “concordo totalmente”.<sup>74</sup>



O pacote *likert*<sup>87</sup> fornece a função *likert*<sup>a</sup> para analisar respostas de instrumentos em escala tipo Likert.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/likert/versions/1.3.5/topics/likert>



O pacote *ggstats*<sup>88</sup> fornece a função *gglikert*<sup>a</sup> para gerar um gráfico em escalas tipo Likert.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/ggstats/versions/0.10.0/topics/gglikert>

- O erros em escalas grosseiras é considerado sistemático mas não pode ser corrigido em nível da unidade de análise.<sup>74</sup>

Tabela 10.1: Descrição dos itens tipo Likert do instrumento.

Itens	Discordância	Neutro	Concordância	Média	DP
Item1	40	22	38	2.94	1.38
Item2	36	20	44	3.12	1.42
Item3	38	34	28	2.82	1.32



Figura 10.1: Exemplo de instrumento com 3 itens tipo Likert com 5 categorias cada.

Tabela 10.2: Tabela de dados brutos com medidas únicas.

Unidade de análise	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)
1	118
2	113
3	116
4	110
5	111
6	116
7	120
8	111
9	<b>120</b>
10	112

## 10.2 Medição e Medidas

### 10.2.1 O que é medição?

- Processo empírico, realizado por meio de um instrumento, que estabelece uma correspondência rigorosa e objetiva entre uma observação e uma categoria em um modelo da observação.<sup>89</sup>
- Esse processo tem como objetivo distinguir de maneira substantiva a manifestação observada de outras possíveis manifestações que também possam ser diferenciadas.<sup>89</sup>

### 10.2.2 O que são medidas diretas?

- ?

### 10.2.3 O que são medidas derivadas?

- ?

### 10.2.4 O que são medidas por teoria?

- ?

### 10.2.5 O que são medidas únicas?

- A medida única da pressão arterial sistólica no braço esquerdo resulta em um valor pontual.<sup>90</sup>
- Medidas únicas obtidas de diferentes unidades de análise podem ser consideradas independentes se observadas outras condições na coleta de dados.<sup>90</sup>
- O valor pontual será considerado representativo da variável para a unidade de análise (ex.: **120 mmHg** para o participante #9).

### 10.2.6 O que são medidas repetidas?

- As medidas repetidas podem ser tabuladas separadamente, por exemplo para análise da confiabilidade de obtenção dessa medida.<sup>90</sup>
- A medida repetida da pressão arterial no braço esquerdo resulta em um conjunto de valores pontuais (ex.: **110 mmHg**, **118 mmHg** e **116 mmHg** para o participante #5).

Tabela 10.3: Tabela de dados brutos com medidas repetidas.

Unidade de análise	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #1	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #2	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #3
1	114	112	112
2	115	120	113
3	115	110	120
4	117	116	114
<b>5</b>	<b>110</b>	<b>118</b>	<b>116</b>
6	110	120	113
7	118	114	117
8	111	112	119
9	120	112	117
10	110	115	115

Tabela 10.4: Tabela de dados brutos com medidas repetidas agregadas.

Unidade de análise	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) média
1	113
2	116
3	115
4	116
<b>5</b>	<b>115</b>
6	114
7	116
8	114
9	116
10	113

- As medidas repetidas podem ser agregadas por algum parâmetro — ex.: média, mediana, máximo, mínimo, entre outros —, observando-se a relevância biológica, clínica e/ou metodológica desta escolha.<sup>?</sup>
- Medidas agregadas obtidas de diferentes unidades de análise podem ser consideradas independentes se observadas outras condições na coleta de dados.<sup>?</sup>
- O valor agregado será considerado representativo da variável para a unidade de análise (ex.: média = **115 mmHg** para o participante #5).

R O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *aggregate*<sup>a</sup> para agrregar medidas repetidas utilizando uma função personalizada.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/aggregate>

### 10.2.7 O que são medidas seriadas?

- Medidas seriadas são possivelmente relacionadas e, portanto, dependentes na mesma unidade de análise.<sup>?</sup>
- Por exemplo, a medida seriada da pressão arterial no braço esquerdo, em intervalos tipicamente regulares (ex.: **114 mmHg**, **120 mmHg** e **110 mmHg** em **1 min**, **2 min** e **3 min**, respectivamente, para o participante #1).

Tabela 10.5: Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas.

Unidade de análise	Tempo (min)	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)
1	1	114
1	2	120
1	3	110
2	1	119
2	2	120
2	3	114
3	1	116
3	2	114
3	3	116
4	1	113

Tabela 10.6: Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas.

Unidade de análise	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) amplitude
1	10
2	6
3	2
4	6
5	1
6	8
7	9
8	10
9	7
10	5

- Medidas seriadas também agregadas por parâmetros — ex.: máximo, mínimo, amplitude — são consideradas representativas da variação temporal ou de uma característica de interesse (ex.: amplitude = **10 mmHg** para o participante #1).



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *aggregate*<sup>a</sup> para agregar medidas repetidas utilizando uma função personalizada.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/aggregate>

### 10.2.8 O que são medidas múltiplas?

- Medidas múltiplas também são possivelmente relacionadas e, portanto, são dependentes na mesma unidade de análise. Medidas múltiplas podem ser obtidas de modo repetido para análise agregada ou seriada.<sup>91</sup>
- A medida de pressão arterial bilateral resulta em um conjunto de valores pontuais (ex.: braço esquerdo = **114 mmHg**, braço direito = **118 mmHg** para o participante #8). Neste caso, ambos os valores pontuais são considerados representativos daquela unidade de análise.

Tabela 10.7: Tabela de dados brutos com medidas múltiplas.

Unidade de análise	Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)	Pressão arterial, braço direito (mmHg)
1	117	115
2	120	118
3	112	118
4	112	112
5	116	112
6	112	118
7	115	113
<b>8</b>	<b>114</b>	<b>118</b>
9	119	114
10	112	116



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *aggregate*<sup>a</sup> para agrregar medidas repetidas utilizando uma função personalizada.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/aggregate>

## 10.3 Erros de medida

### 10.3.1 O que são erros de medida?

- ?
- A natureza dos erros de medida são em geral atribuídos aos (1) instrumentos utilizados e variações no protocolo, na medida em que o seu tamanho médio pode ser reduzido por modificações e melhorias nesses instrumentos; e (2) variações genuínas medida em de curto prazo.<sup>91</sup>

### 10.3.2 Quais fontes de variabilidade são comumente investigadas?

- Intra/Entre participantes (isto é, unidades de análise).<sup>92</sup>
- Intra/Entre repetições.<sup>92</sup>
- Intra/Entre observadores.<sup>92</sup>

## 10.4 Instrumentos

### 10.4.1 O que são instrumentos?

- ?

## 10.5 Acurácia e precisão

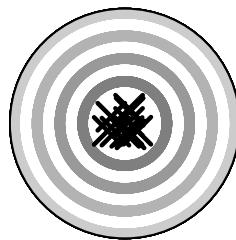
### 10.5.1 O que é acurácia?

- Acurácia expressa a proximidade de concordância entre uma mensuração e o valor real.<sup>93</sup>
- Acurácia está para medidas como validade está para instrumentos de medida.?

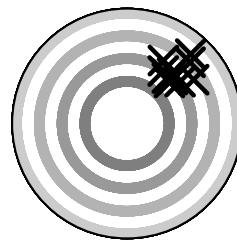
### 10.5.2 O que é precisão?

- Precisão se refere à proximidade de concordância entre resultados de testes independentes obtidos nas mesmas condições de teste.<sup>93</sup>
- Precisão é um índice de quão próximo os resultados podem ser repetidos entre mensurações repetidas.<sup>94</sup>
- Precisão está para medidas como confiabilidade está para instrumentos de medida.<sup>9</sup>

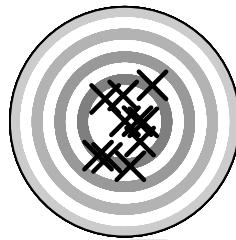
Acurácia alta, Precisão alta



Acurácia baixa, Precisão alta



Acurácia alta, Precisão baixa



Acurácia baixa, Precisão baixa

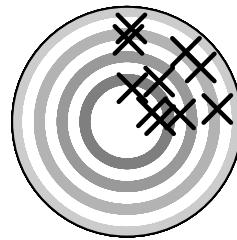


Figura 10.2: Acurácia e precisão como propriedades de uma medida.

## 10.6 Viés e variabilidade

### 10.6.1 Qual é a relação entre viés e variabilidade?

- ?

Viés alto, Variância baixa    Viés baixo, Variância alta    Viés baixo, Variância baixa

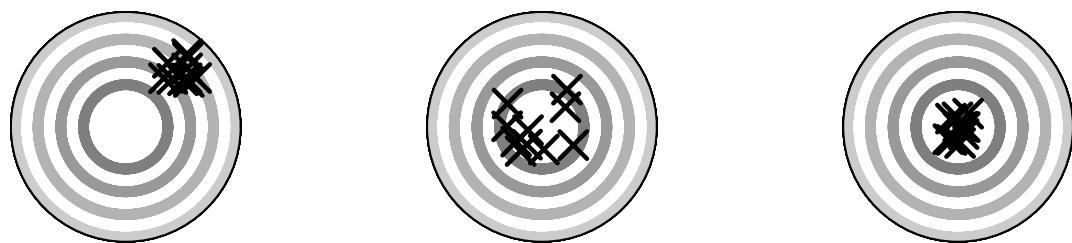


Figura 10.3: Viés e variabilidade de uma medida.

# Capítulo 11

## Tabulação de dados

### 11.1 Planilhas eletrônicas

#### 11.1.1 Qual a organização de uma tabela de dados?

- As informações podem ser organizadas em formato de dados retangulares (ex.: matrizes, tabelas, quadro de dados) ou não retangulares (ex.: listas).<sup>9</sup>
- Cada variável possui sua própria coluna (vertical).<sup>95</sup>
- Cada observação possui sua própria linha (horizontal).<sup>95</sup>
- Cada valor possui sua própria célula especificada em um par (linha, coluna).<sup>95</sup>
- Cada célula possui seu próprio dado.<sup>95</sup>



O pacote *DataEditR*<sup>96</sup> fornece a função *data\_edit*<sup>a</sup> para interativamente criar, editar e salvar a tabela de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/DataEditR/versions/0.1.5/topics/dataInput>

#### 11.1.2 Qual a estrutura básica de uma tabela para análise estatística?

- Use apenas 1 (uma) planilha eletrônica para conter todas as informações coletadas. Evite múltiplas abas no mesmo arquivo, assim como múltiplos arquivos quando possível.<sup>97</sup>
- Use apenas 1 (uma) linha de cabeçalho para nomear os fatores e variáveis do seu estudo.<sup>97</sup>
- Tipicamente, cada linha representa um participante e cada coluna representa uma variável ou fator do estudo. Estudos com medidas repetidas dos participantes podem conter múltiplas linhas para o mesmo participante (repetindo os dados na mesma coluna, conhecido como *formato curto*) ou só uma linha para o participante (repetindo os dados em colunas separadas, conhecido como *formato longo*).<sup>98</sup>

#### 11.1.3 O que usar para organizar tabelas para análise computadorizada?

- Seja consistente em: códigos para as variáveis categóricas; códigos para dados perdidos; nomes das variáveis; identificadores de participantes; nome dos arquivos; formato de datas; uso de caracteres de espaço.<sup>97,98</sup>
- Crie um dicionário de dados (metadados) em um arquivo separado contendo: nome da variável, descrição da variável, unidades de medida e valores extremos possíveis.<sup>97</sup>

Tabela 11.1: Estrutura básica de uma tabela de dados.

V1	V2	V3	V4
$x_{1,1}$	$x_{1,2}$	$x_{1,3}$	$x_{1,4}$
$x_{2,1}$	$x_{2,2}$	$x_{2,3}$	$x_{2,4}$
$x_{3,1}$	$x_{3,2}$	$x_{3,3}$	$x_{3,4}$
$x_{4,1}$	$x_{4,2}$	$x_{4,3}$	$x_{4,4}$
$x_{5,1}$	$x_{5,2}$	$x_{5,3}$	$x_{5,4}$

Tabela 11.2: Formatação recomendada para tabela de dados.

ID	Data.Coleta	Estado.Civil	Numero.Filhos
1	20-08-2025	casado	NA
2	21-08-2025	casado	1
3	22-08-2025	casado	NA
4	23-08-2025	solteiro	NA
5	24-08-2025	casado	NA
6	25-08-2025	solteiro	0
7	26-08-2025	solteiro	NA
8	27-08-2025	solteiro	NA
9	28-08-2025	casado	NA
10	29-08-2025	solteiro	NA

- Use recursos para validação de dados antes e durante a digitação de dados.<sup>97,98</sup>

 O pacote *data.table*<sup>99</sup> fornece a função *melt.data.table*<sup>a</sup> para reorganizar a tabela em diferentes formatos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/data.table/versions/1.14.8/topics/melt.data.table>

#### 11.1.4 O que não usar para organizar tabelas para análise computadorizada?

- Não deixe células em branco: substitua dados perdidos por um código sistemático (ex.: NA [*not available*]).<sup>97</sup>
- Não inclua análises estatísticas ou gráficos nas tabelas de dados brutos.<sup>97</sup>
- Não utilize cores como informação. Se necessário, crie colunas adicionais - variáveis instrumentais ou auxiliares - para identificar a informação de modo que possa ser analisada.<sup>97</sup>
- Não use células mescladas.
- Delete linhas e/ou colunas totalmente em branco (sem unidades de análise e/ou sem variáveis).

#### 11.1.5 O que é recomendado e o que deve ser evitado na organização das tabelas para análise?

Tabela 11.3: Formatação não recomendada para tabela de dados.

ID	Data de Coleta	Estado Civil	Número de Filhos
1	20-08-2025	casado	NA
2	21-08-2025	Casado	1
3	22-08-2025	casado	NaN
4	23-08-2025	Solteiro	N/A
5	24-08-2025	Casado	N.A.
6	25-08-2025	solteiro	0
7	26-08-2025	solteiro	
8	27-08-2025	Solteiro	na
9	28-08-2025	casado	n.a.
10	29-08-2025	Solteiro	999

RASCUNHO

# Capítulo 12

## Dados perdidos e imputados

### 12.1 Dados perdidos

#### 12.1.1 O que são dados perdidos?

- Dados perdidos são dados não coletados de um ou mais participantes, para uma ou mais variáveis.<sup>100</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *is.na*<sup>a</sup> para identificar que elementos de um objeto são dados perdidos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/na>

#### 12.1.2 Qual o problema de um estudo ter dados perdidos?

- Uma grande quantidade de dados perdidos pode comprometer a integridade científica do estudo, considerando-se que o tamanho da amostra foi estimado para observar um determinado tamanho de efeito mínimo.<sup>100</sup>
- Perda de participantes no estudo por dados perdidos pode reduzir o poder estatístico (erro tipo II).<sup>100</sup>
- Não existe solução globalmente satisfatória para o problema de dados perdidos.<sup>100</sup>

Tabela 12.1: Tabela simulada com 10 indivíduos de um RCT (dados com perdas aleatórias).

<b>id</b>	<b>Grupo</b>	<b>Idade</b>	<b>Sexo</b>	<b>Desfecho (pré)</b>	<b>Desfecho (pós)</b>
<b>1</b>	Controle	53	F	57.0	41.3
<b>2</b>	Controle	64	F	45.3	70.0
<b>3</b>	Controle	65	M	39.3	NA
<b>4</b>	Intervenção	66	F	47.8	NA
<b>5</b>	Controle	44	M	39.7	65.7
<b>6</b>	Intervenção	NA	F	42.7	NA
<b>7</b>	Intervenção	67	M	43.7	64.9
<b>8</b>	Intervenção	NA	F	33.1	63.3
<b>9</b>	Controle	68	F	58.4	61.6
<b>10</b>	Controle	74	M	51.5	54.3

### 12.1.3 Quais os mecanismos geradores de dados perdidos?

- Dados perdidos completamente ao acaso (*missing completely at random*, MCAR), em que os dados perdidos estão distribuídos aleatoriamente nos dados da amostra.<sup>101,102</sup>

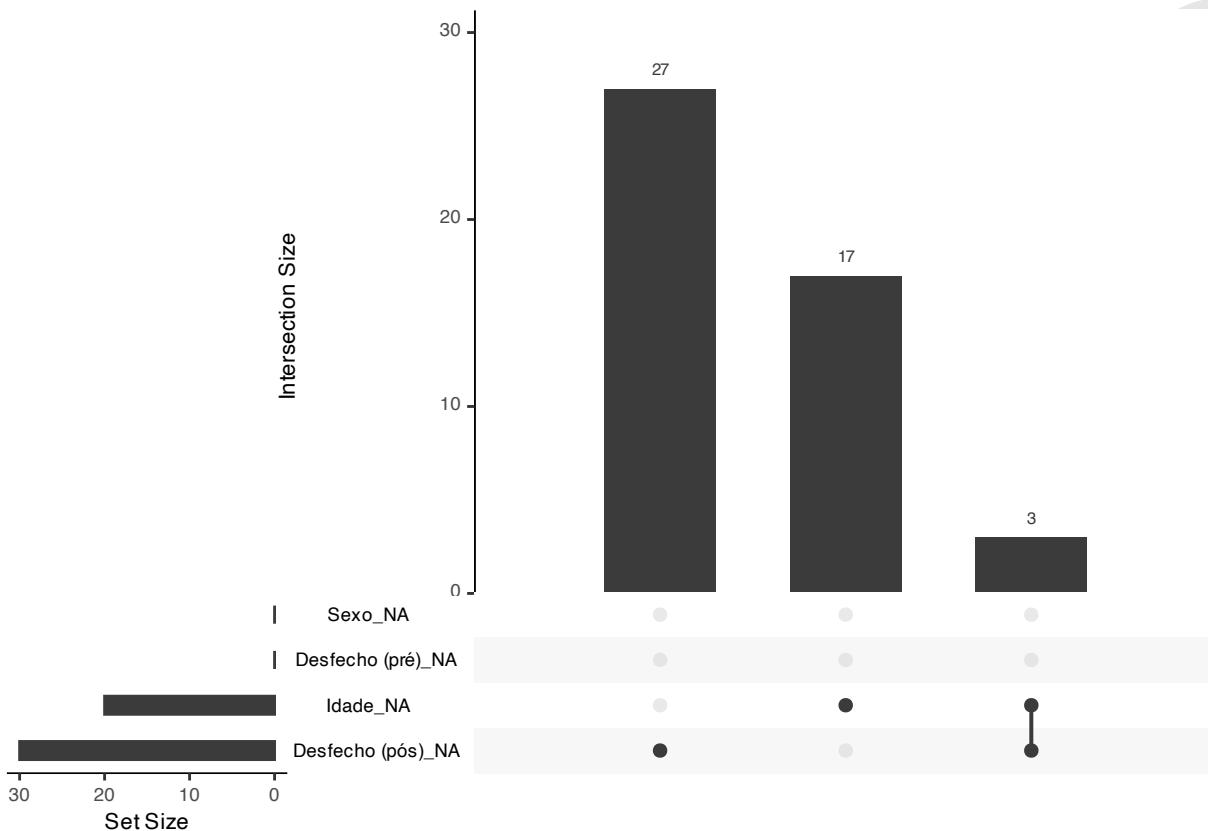


Figura 12.1: Representação gráfica de dados perdidos completamente ao acaso (MCAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).

- Dados perdidos ao acaso (*missing at random*, MAR), em que a probabilidade de ocorrência de dados perdidos é relacionada a outras variáveis medidas.<sup>101,102</sup>
- Dados perdidos não ao acaso (*missing not at random*, MNAR), em que a probabilidade da ocorrência de dados perdidos é relacionada com a própria variável.<sup>101,102</sup>

### 12.1.4 Como identificar o mecanismo gerador de dados perdidos em um banco de dados?

- Por definição, não é possível avaliar se os dados foram perdidos ao acaso (MAR) ou não (MNAR).<sup>101</sup>
- Testes t e regressões logísticas podem ser aplicados para identificar relações entre variáveis com e sem dados perdidos, criando um fator de análise ('dado perdido' = 1, 'dado observado' = 0).<sup>101</sup>

**R** O pacote *misty*<sup>103</sup> fornece a função *na.test*<sup>a</sup> para executar o Little's Missing Completely at Random (MCAR) test<sup>104</sup>.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/misty/versions/0.5.0/topics/na.test>

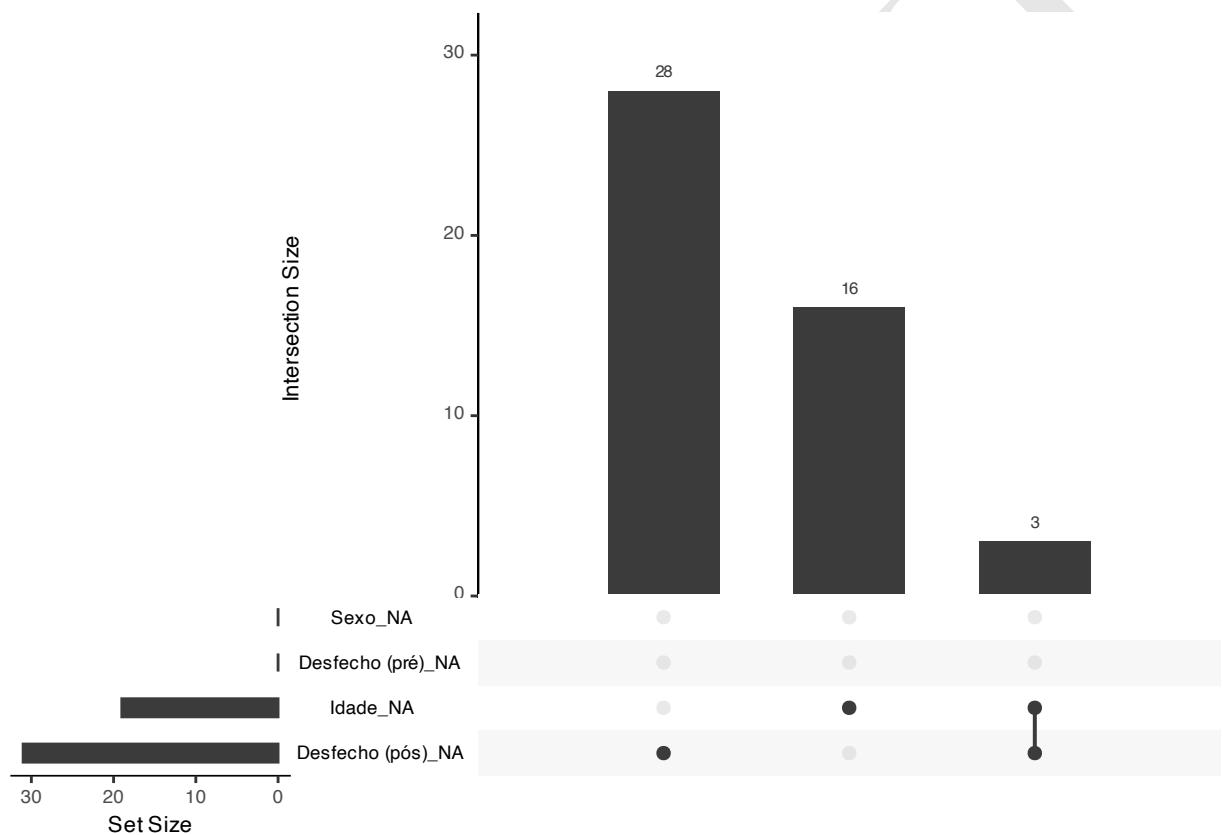


Figura 12.2: Representação gráfica de dados perdidos ao acaso (MAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).

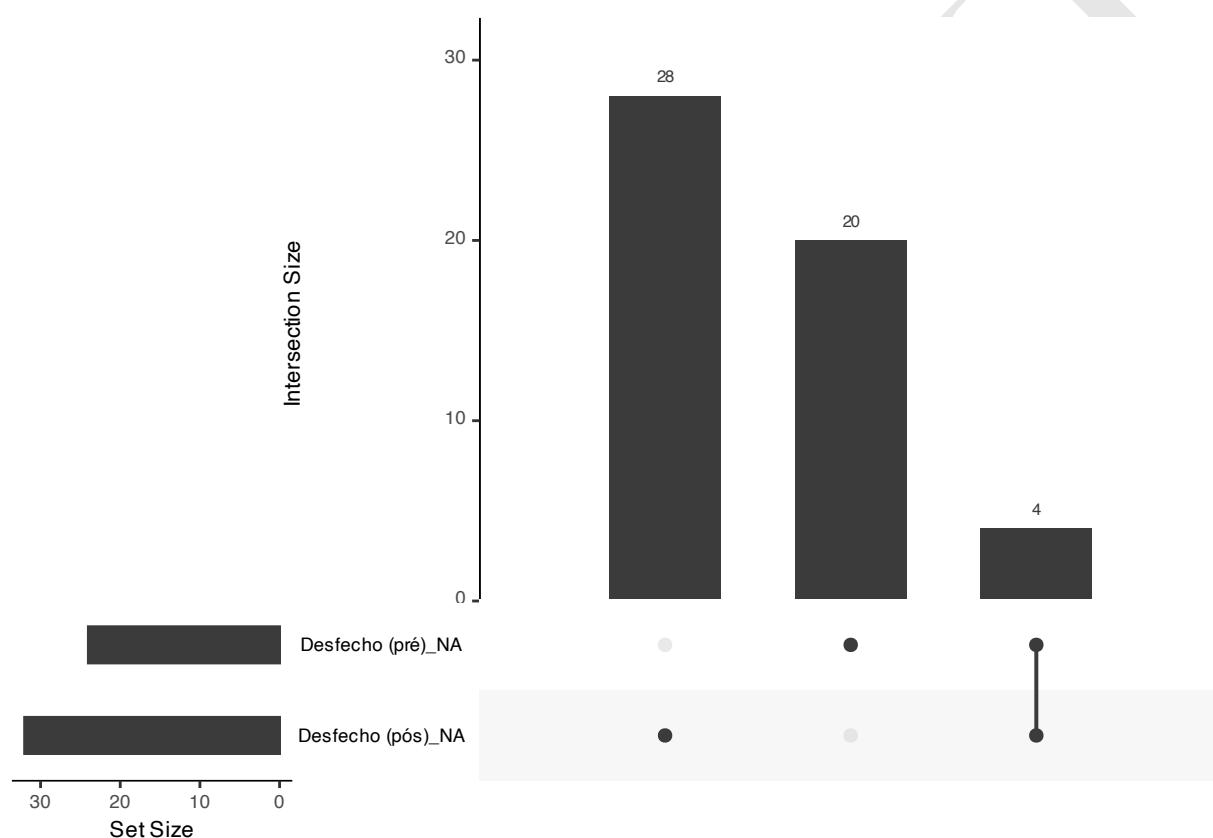


Figura 12.3: Representação gráfica de dados perdidos não ao acaso (MNAR) em um estudo randomizado controlado (RCT).



O pacote *naniar*<sup>105</sup> fornece a função *mcar\_test*<sup>a</sup> para executar o Little's Missing Completely at Random (MCAR) test<sup>104</sup>.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/naniar/versions/1.0.0/topics/mcar\\_test](https://www.rdocumentation.org/packages/naniar/versions/1.0.0/topics/mcar_test)



O pacote *naniar*<sup>105</sup> fornece a função *gg\_miss\_upset*<sup>a</sup> para gerar o gráfico Upset para visualizar padrões de dados perdidos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/naniar/versions/1.0.0/topics/gg\\_miss\\_upset](https://www.rdocumentation.org/packages/naniar/versions/1.0.0/topics/gg_miss_upset)

### 12.1.5 Que estratégias podem ser utilizadas na coleta de dados quando há expectativa de perda amostral?

- Na expectativa de ocorrência de perda amostral, com consequente ocorrência de dados perdidos, recomenda-se ampliar o tamanho da amostra com um percentual correspondente a tal estimativa (ex.: 10%), embora ainda não corrija potenciais vieses pela perda.<sup>100</sup>

### 12.1.6 Que estratégias podem ser utilizadas na análise quando há dados perdidos?

- Na ocorrência de dados perdidos, a análise mais comum compreende apenas os ‘casos completos’, com exclusão de participantes com algum dado perdido nas variáveis do estudo. Em casos de grande quantidade de dados perdidos, pode-se perder muito poder estatístico (erro tipo II elevado).<sup>100</sup>
- A análise de dados completos é válida quando pode-se argumentar que a probabilidade de o participante ter dados completos depende apenas das covariáveis e não dos desfechos.<sup>102</sup>
- A análise de dados completos é eficiente quando todos os dados perdidos estão no desfecho, ou quando cada participante com dados perdidos nas covariáveis também possui dados perdidos nos desfechos.<sup>102</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *na.omit*<sup>a</sup> para remover dados perdidos de um objeto em um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/na.fail>



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *complete.cases*<sup>a</sup> para identificar os casos completos - isto é, sem dados perdidos - em um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/complete.cases>

### 12.1.7 Que estratégias podem ser utilizadas na redação de estudos em que há dados perdidos?

- Informar: o número de participantes com dados perdidos; diferenças nas taxas de dados perdidos entre os braços do estudo; os motivos dos dados perdidos; o fluxo de participantes; quaisquer diferenças entre os participantes com e sem dados perdidos; o padrão de ausência (por exemplo, se é aleatória); os métodos para tratamento de dados perdidos das variáveis em análise; os resultados de quaisquer análises de sensibilidade; as implicações dos dados perdidos na interpretação do resultados.<sup>106</sup>

## 12.2 Dados imputados

### 12.2.1 O que são dados imputados?

- ?

### 12.2.2 Quando a imputação de dados é indicada?

- A análise com imputação de dados pode ser útil quando pode-se argumentar que os dados foram perdidos ao acaso (MAR); quando o desfecho foi observado e os dados perdidos estão nas covariáveis; e variáveis auxiliares — preditoras do desfecho e não dos dados perdidos — estão disponíveis.<sup>102</sup>
- Na ocorrência de dados perdidos, a imputação de dados (substituição por dados simulados plausíveis pre-ditos pelos dados presentes) pode ser uma alternativa para manter o erro tipo II estipulado no plano de análise.<sup>100</sup>

### 12.2.3 Quais os métodos de imputação de dados?

- Modelos lineares e logísticos podem ser utilizados para imputar dados perdidos em variáveis contínuas e dicotômicas, respectivamente.<sup>107</sup>
- Os métodos de imputação de dados mais robustos incluem a imputação multivariada por equações encadeadas (*multivariate imputation by chained equations*, MICE)<sup>108</sup> e a correspondência média preditiva (*predictive mean matching*, PMM)<sup>109,110</sup>.

**R**

Os pacotes *mice*<sup>108</sup> e *miceadds*<sup>111</sup> fornecem funções *mice*<sup>a</sup> e *mi.anova*<sup>b</sup> para imputação multi-variada por equações encadeadas, respectivamente, para imputação de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/mice/versions/3.16.0/topics/mice>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/miceadds/versions/3.16-18/topics/mi.anova>

# Capítulo 13

## Dados anonimizados e sintéticos

### 13.1 Dados anonimizados

#### 13.1.1 O que são dados anonimizados?

- ?

#### 13.1.2 Com anonimizar os dados de um banco?

- ?



O pacote *ids*<sup>112</sup> fornece a função *random\_id*<sup>a</sup> para criar identificadores aleatórios por criptografia.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ids/versions/1.0.1/topics/random\\_id](https://www.rdocumentation.org/packages/ids/versions/1.0.1/topics/random_id)



O pacote *hash*<sup>113</sup> fornece a função *hash*<sup>a</sup> para criar identificadores por objetos *hash*.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/hash/versions/3.0.1/topics/hash>



O pacote *anonymizer*<sup>114</sup> fornece a função *anonymize*<sup>a</sup> para criar uma versão anônima de variáveis em um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/anonymizer/versions/0.2.0/topics/anonymize>



O pacote *digest*<sup>115</sup> fornece a função *digest*<sup>a</sup> para criar identificadores por objetos *hash* criptografados ou não.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/digest/versions/0.6.33/topics/digest>

## 13.2 Dados sintéticos

### 13.2.1 O que são dados sintéticos?

• ?



O pacote *synthpop*<sup>116</sup> fornece a função *syn*<sup>a</sup> para criar bancos de dados sintéticos a partir de um banco de dados real.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/synthpop/versions/1.8-0/topics/syn>

## ***PARTE 4: DO ALEATÓRIO AO CÓDIGO***

---

**Usando probabilidade e ferramentas computacionais para explorar e modelar incertezas**

RASCUNHO

# Capítulo 14

## Pensamento probabilístico

### 14.1 Experimento

#### 14.1.1 O que é um experimento?

- Um experimento é um processo de simulação ou medição cujo resultado é chamado de desfecho.<sup>117</sup>
- Tentativa se refere a uma repetição de um experimento.<sup>117</sup>

#### 14.1.2 O que é um experimento aleatório?

- Em um experimento aleatório, o desfecho de cada tentativa é imprevisível.<sup>117</sup>

### 14.2 Espaço amostral e eventos discretos

#### 14.2.1 O que é espaço amostral discreto?

- O espaço amostral  $S$  de um experimento aleatório é definido como o conjunto de todos os desfechos possíveis de um experimento.<sup>117</sup>
- Em probabilidade discreta, o espaço amostral  $S$  pode ser enumerado e contado.<sup>117</sup>

#### 14.2.2 O que é evento discreto?

- Um evento  $E$  é um único desfecho ou uma coleção de desfechos.<sup>117</sup>
- Um evento  $E$  é um subconjunto do espaço amostral  $S$  de um experimento.<sup>117</sup>

#### 14.2.3 O que é espaço de eventos discretos?

- Um espaço de eventos  $E_s$  também é um subconjunto do espaço amostral  $S$  de um experimento.<sup>117</sup>
- A união de dois eventos  $E_1 \cup E_2$  é o conjunto de todos os desfechos que estão em ambos.<sup>117</sup>
- A intersecção de dois eventos  $E_1 \cap E_2$ , ou evento conjunto, é o conjunto de todos os desfechos que estão em ambos os eventos.<sup>117</sup>
- O complemento de um evento  $E^C$  consiste em todos os desfechos que não estão incluídos no evento  $E$ .<sup>117</sup>

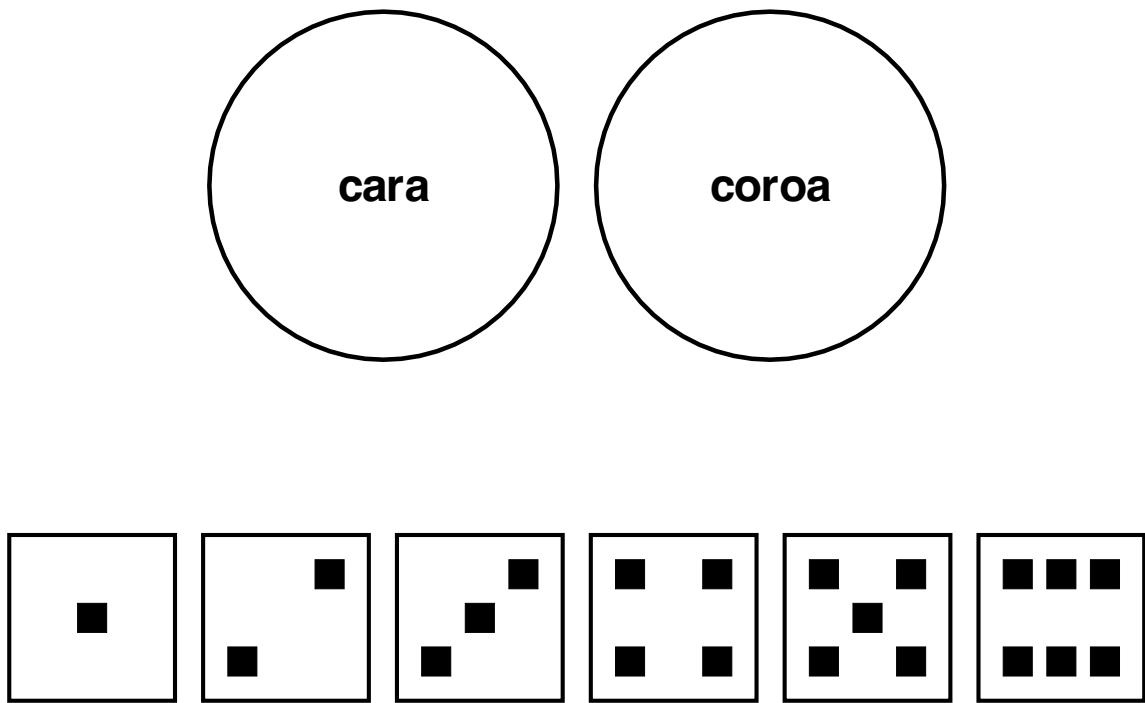


Figura 14.1: Exemplos de espaço amostral discreto. Superior: Todas as faces de uma moeda. Inferior: Todas as faces de um dado.

## 14.3 Espaço amostral e eventos contínuos

### 14.3.1 O que é espaço amostral contínuo?

• ?

### 14.3.2 O que é evento contínuo?

• ?

### 14.3.3 O que é espaço de eventos contínuo?

• ?

## 14.4 Probabilidade

### 14.4.1 O que é probabilidade?

- Com um espaço amostral  $S$  finito e não vazio de desfechos igualmente prováveis, a probabilidade  $P$  de um evento  $E$  é a razão entre o número de desfechos no evento  $E$  e o número de desfechos no espaço amostral  $S$ .<sup>117</sup>
- Um evento  $E$  impossível não contém um desfecho e, portanto, nunca ocorre:  $P(E) = 0$ .<sup>117,118</sup>
- Um evento  $E$  é certo consiste em qualquer um dos desfechos possíveis e, portanto, sempre ocorre:  $P(E) = 1$ .<sup>117</sup>

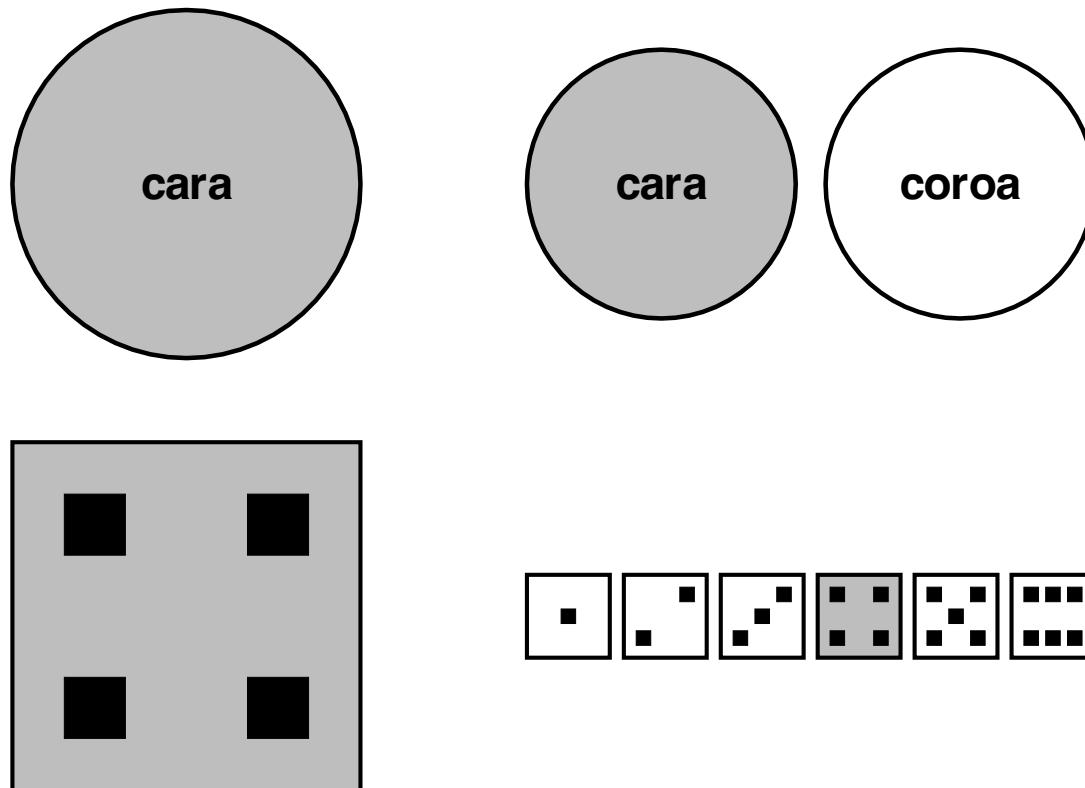


Figura 14.2: Exemplos de evento de experimento. Superior: 1 lançamento de 1 moeda. Inferior: 1 lançamento de 1 dado.

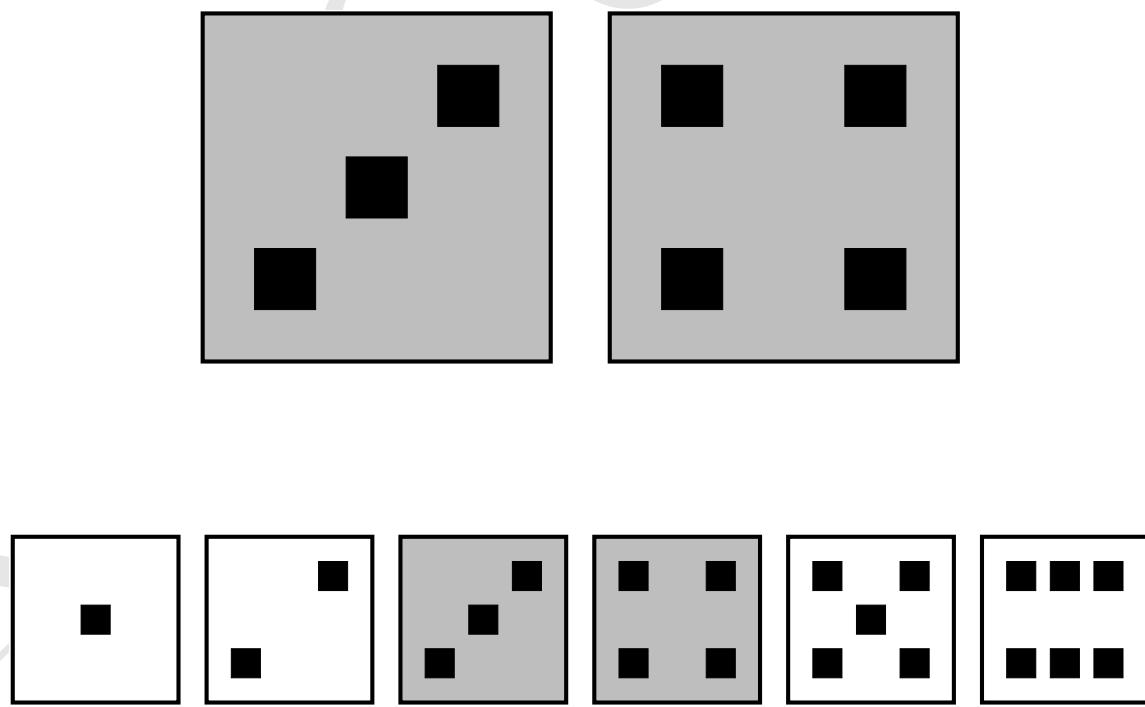


Figura 14.3: Espaço de eventos: União dos eventos face = 3 e face = 4 de um dado.

#### 14.4.2 Quais são os axiomas da probabilidade?

- A probabilidade de um evento é um número real que satisfaz os seguintes axiomas descritos por Andrei Nikolaevich Kolmogorov em 1950:<sup>117,118</sup>
  - Axioma I. Probabilidades de um evento  $E$  são números não-negativos:  $P(E) \geq 0$ .
  - Axioma II. Probabilidade de todos os eventos do espaço amostral  $A$  ocorrerem é 100%:  $P(S) = 1$ .
  - Axioma III. A probabilidade de um conjunto  $k$  de eventos mutuamente exclusivos é igual a soma da probabilidade de cada evento:  $P(E_1 \cup E_2 \cup \dots \cup E_k) = P(E_1) + P(E_2) + \dots + P(E_k)$ .
- Os axiomas possuem as seguintes consequências:<sup>117</sup>
  - A soma da probabilidade de dois eventos que dividem o espaço amostral é 100%:  $P(E) + P(E^C) = 1$ .
  - O valor máximo de probabilidade de um evento é 100%:  $P(S) \leq 1$ .
  - A probabilidade é uma função não decrescente do número de desfechos de um evento.

### 14.5 Independência e probabilidade

#### 14.5.1 O que é independência em estatística?

- Em experimentos aleatórios, é comum assumir que os eventos de tentativas separadas são independentes devido a independência física de eventos e experimentos.<sup>117</sup>
- Se a ocorrência do evento  $E_1$  não tiver efeito na ocorrência do evento  $E_2$ , os eventos  $E_1$  e  $E_2$  são considerados estatisticamente independentes.<sup>117</sup>
- Eventos são mutuamente exclusivos, ou disjuntos, se a ocorrência de um exclui a ocorrência dos outros.<sup>117</sup>
- Se dois eventos  $E_1$  e  $E_2$  são mutuamente exclusivos, então os eventos  $E_1$  e  $E_2$  não podem ocorrer ao mesmo tempo e, portanto, são eventos independentes.<sup>117</sup>
- Em experimentos independentes, o desfecho de uma tentativa é independente dos desfechos de outras tentativas, passadas e/ou futuras. Uma tentativa em um experimento aleatório é independente se a probabilidade de cada desfecho possível não mudar de tentativa para tentativa.<sup>117</sup>

#### 14.5.2 O que é probabilidade marginal?

- Probabilidade marginal é a probabilidade de ocorrência de um evento  $E$  independentemente da(s) probabilidade(s) de outro(s) evento(s).<sup>117</sup>

#### 14.5.3 O que é probabilidade conjunta?

- Probabilidade conjunta é a probabilidade de ocorrência de dois ou mais eventos independentes  $E_1, E_2, \dots, E_k$ , independentemente da(s) probabilidade(s) de outro(s) evento(s).<sup>117</sup>
- Se a probabilidade conjunta dos eventos é nula ( $E_1 \cup E_2 = 0$ ), esses dois eventos  $E_1$  e  $E_2$  são mutuamente exclusivos ou disjuntos.<sup>117</sup>

#### 14.5.4 O que é probabilidade condicional?

- Probabilidade condicional é a probabilidade de ocorrência do evento  $E_2$  quando se sabe que o evento  $E_1$  já ocorreu  $P(E_2|E_1)$ .<sup>117</sup>

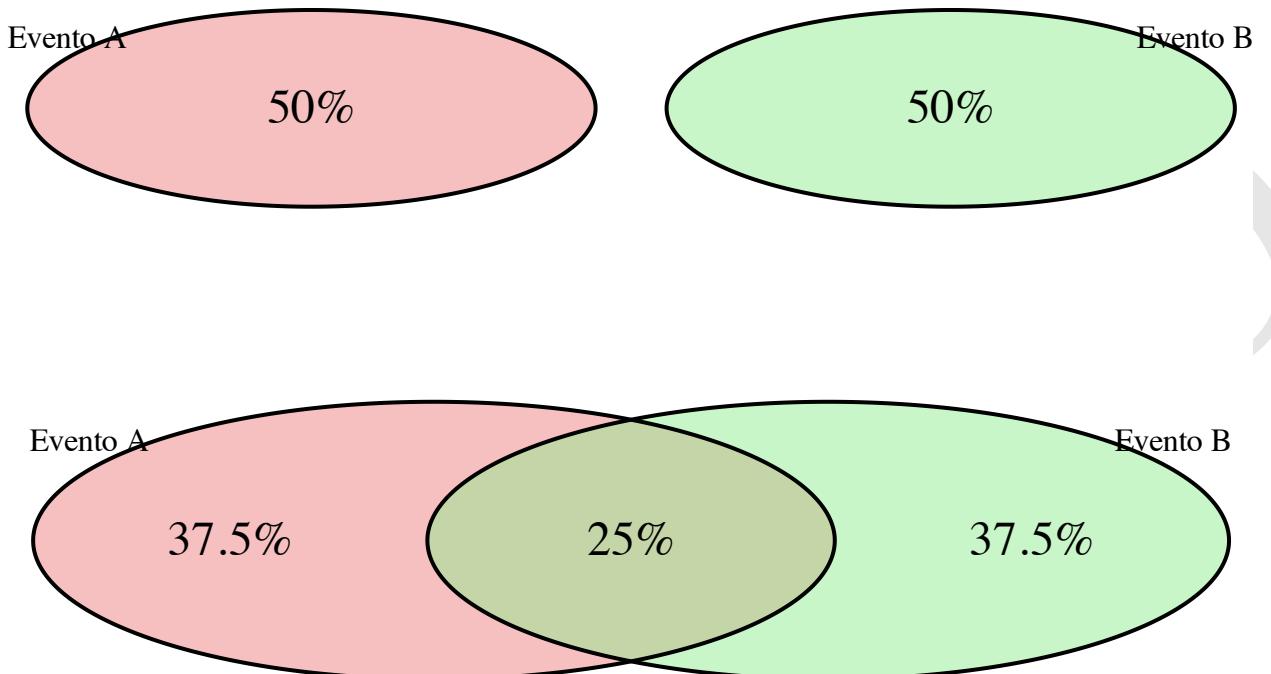


Figura 14.4: Superior: Eventos independentes. Inferior: Eventos dependentes.

- A probabilidade condicional  $P(E_2|E_1)$  representa que a ocorrência do evento  $E_1$  fornece informação sobre a ocorrência do evento  $E_2$ .<sup>117</sup>
- Se a ocorrência do evento  $E_1$  tiver alguma influência na ocorrência do evento  $E_2$ , então a probabilidade condicional do evento  $E_2$  dado o evento  $E_1$  pode ser maior ou menor do que a probabilidade marginal.<sup>117</sup>

## 14.6 Leis dos números anômalos

### 14.6.1 O que é a lei dos números anômalos?

- A lei dos números anômalos - lei de Benford - é uma distribuição de probabilidade que descreve a frequência de ocorrência do primeiro dígito em muitos conjuntos de dados do mundo real.<sup>119</sup>

## 14.7 Leis dos pequenos números

### 14.7.1 O que é a lei dos pequenos números?

- A crença exagerada na probabilidade de replicar com sucesso os achados de um estudo, pela tendência de se considerar uma amostra como representativa da população.<sup>120</sup>
- A crença na lei dos pequenos números se refere à tendência de superestimar a estabilidade das estimativas provenientes de estudos com amostras pequenas.<sup>121</sup>
- Quando se percebe um padrão, pode não ser possível identificar se tal padrão é real.<sup>122</sup>

### 14.7.2 Quais são as versões da lei dos pequenos números?

- 1a Lei Forte dos Pequenos Números: “Não há pequenos números suficientes para atender às muitas demandas que lhes são feitas”.<sup>122</sup>

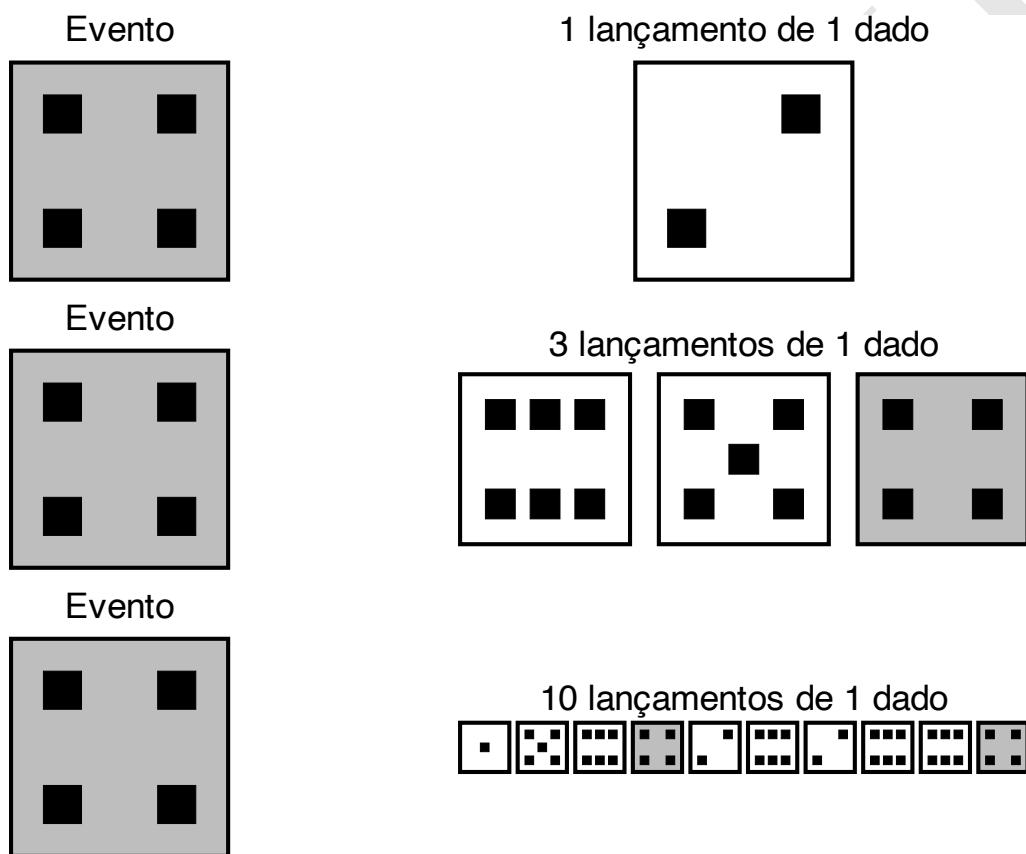


Figura 14.5: Esquerda: Evento (face = 4). Direita: Experimentos de 1 lançamento de 1 dado (superior), 3 lançamentos de 1 dado (central), 10 lançamentos de 1 dado (inferior).

- 2a Lei Forte dos Pequenos Números: “Quando dois números parecem iguais, não são necessariamente assim”.<sup>123</sup>

## 14.8 Leis dos grandes números

### 14.8.1 O que é a lei dos grandes números?

- A lei dos grandes números descreve que, ao realizar o mesmo experimento  $E$  um grande número de vezes ( $n$ ), a média  $\mu$  dos resultados obtidos tende a se aproximar do valor esperado  $E[\bar{X}]$  à medida que mais experimentos forem realizados ( $n \rightarrow \infty$ ).<sup>7</sup>
- De acordo com a lei dos grandes números, a média amostral converge para a média populacional à medida que o tamanho da amostra aumenta.<sup>8</sup>

### 14.8.2 Quais são as versões da lei dos grandes números?

- Lei Fraca dos Grandes Números (de Poisson): ““.”?
- Lei Fraca dos Grandes Números (de Bernoulli): ““.”?
- Lei Forte dos Grandes Números: ““.”?

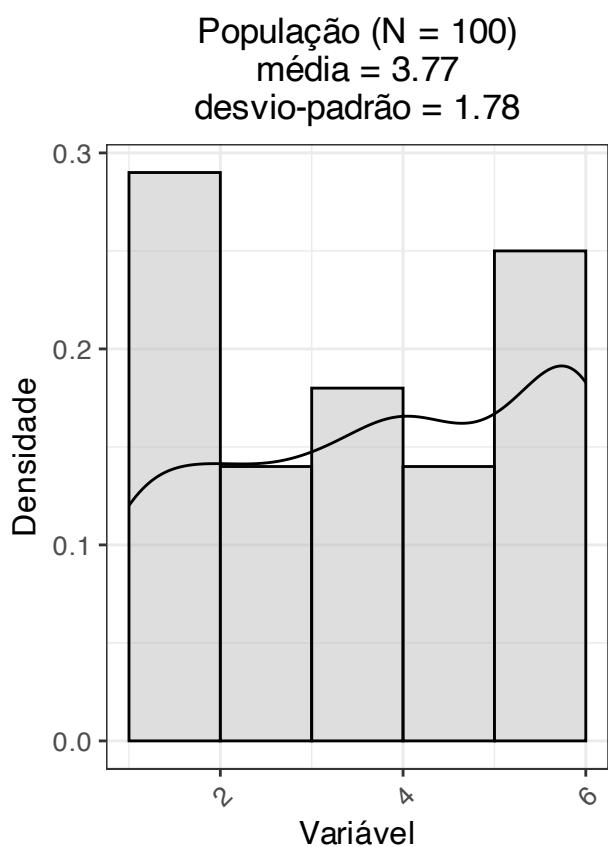
## 14.9 Teorema central do limite

### 14.9.1 O que é teorema central do limite?

- O teorema central do limite - equação (14.1) - afirma que, para uma amostra aleatória de tamanho  $n$  de uma população com valor esperado igual à média  $E[\bar{X}_i] = \mu$  e variância  $Var[\bar{X}_i]$  igual a  $\sigma^2$ , a distribuição amostral da média de uma variável  $\bar{X}$  se aproxima de uma distribuição normal  $N$  com média  $\mu$  e variância  $\sigma^2/n$  à medida que  $n$  aumenta ( $n \rightarrow \infty$ ):<sup>6</sup>

$$\sqrt{n}(\bar{X} - \mu) \xrightarrow{n \rightarrow \infty} N(0, \sigma^2) \quad (14.1)$$

- O teorema central do limite demonstra que se o tamanho da amostra  $n$  for suficientemente grande, a distribuição amostral das médias obtidas utilizando reamostragem com substituição será aproximadamente normal, com média  $\mu$  e variância  $\sigma^2/n$ , independentemente da distribuição da população.<sup>6</sup>
- No exemplo abaixo, uma variável aleatória numérica com distribuição uniforme no espaço amostral  $S = [18; 65]$  tem média  $\mu = 38.53$  e variância  $\sigma^2 = 172.433$ . A distribuição amostral da média de 100 amostras de tamanho 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade se aproxima de uma distribuição normal com média  $\mu = 38.493$  e variância  $\sigma^2 = 0.038$ , independentemente da distribuição da população:
- Em outro exemplo, o lançamento de um dado com distribuição uniforme no espaço amostral  $S = \{1, 2, 3, 4, 5, 6\}$  tem média  $\mu = 3.77$  e variância  $\sigma^2 = 3.169$ . A distribuição amostral da média de 100 amostras de tamanho 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade se aproxima de uma distribuição normal com média  $\mu = 3.767$  e variância  $\sigma^2 = 0.001$ , independentemente da distribuição da população:
- Mais um exemplo, o lançamento de uma moeda com distribuição uniforme no espaço amostral  $S = \{0, 1\}$  — codificado para *sucesso* = 1 e *insucesso* = 0 — tem média  $\mu = 0.46$  e variância  $\sigma^2 = 0.251$ . A distribuição amostral da média de 100 amostras de tamanho 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade se aproxima de uma distribuição normal com média  $\mu = 0.46$  e variância  $\sigma^2 = 0$ , independentemente da distribuição da população:



Histogramas representando as médias de 100 amostras de tamanhos diferentes tomadas da população com reposição e igual probabilidade

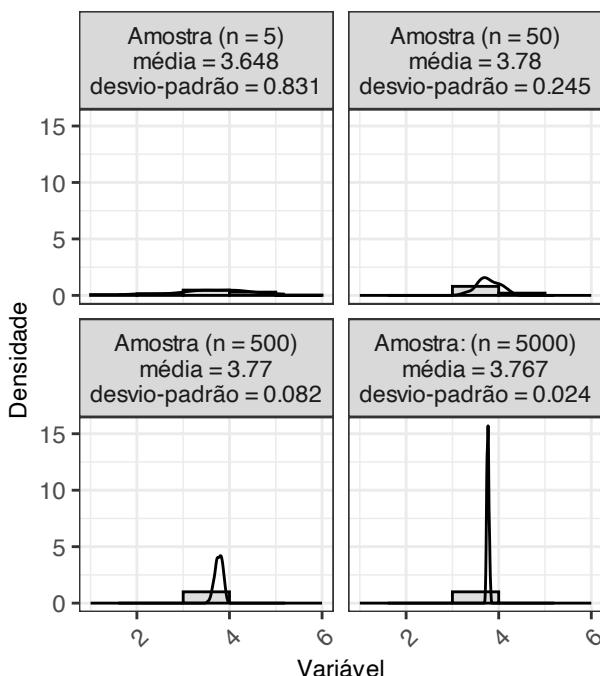
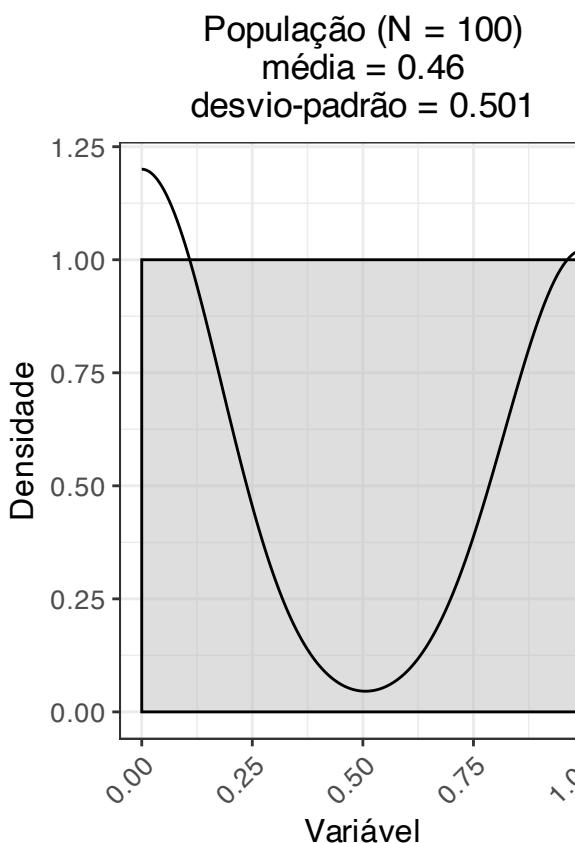


Figura 14.6: Esquerda: Histogramas de lançamento de 1 dado com distribuição uniforme ( $N = 100$ ). Direita: Histogramas da média de 100 amostras de tamanhos 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade.



Histogramas representando as médias de 100 amostras de tamanhos diferentes tomadas da população com reposição e igual probabilidade

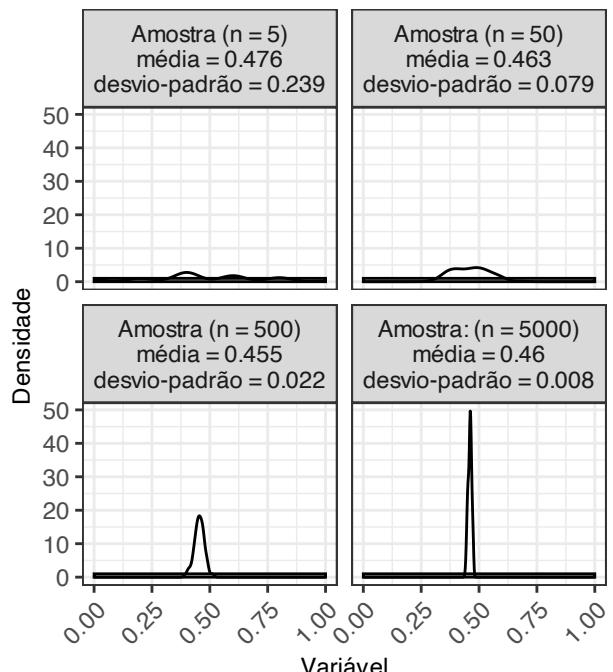


Figura 14.7: Esquerda: Histogramas de lançamento de 1 moeda com distribuição uniforme ( $N = 100$ ). Direita: Histogramas da média de 100 amostras de tamanhos 5, 50, 500 e 5000 tomadas da população com reposição e igual probabilidade.

### 14.9.2 Quais as condições de validade do teorema central do limite?

- As condições de validade do teorema central do limite são:<sup>6</sup>
  - As variáveis aleatórias devem ser independentes e identicamente distribuídas (*independent and identically distributed* ou i.i.d.);
  - As variáveis aleatórias devem ter média  $\mu$  e variância  $\sigma^2$  finitas;
  - O tamanho da amostra deve ser suficientemente grande (geralmente,  $n \geq 30$ ).

### 14.9.3 Qual a relação entre a lei dos grandes números e o teorema central do limite?

- A lei dos grandes números é um precursor do teorema central do limite, pois estabelece que a média da amostra se torna cada vez mais próxima da média populacional (isto é, mais representativa) à medida que o tamanho da amostra aumenta, e o teorema central do limite demonstra que a distribuição da soma das variáveis aleatórias se aproxima de uma distribuição normal também à medida que o tamanho da amostra aumenta.<sup>7</sup>

### 14.9.4 Qual a relevância do teorema central do limite para a análise estatística?

- O teorema central do limite explica porque os testes paramétricos têm maior poder estatístico do que os testes não paramétricos, os quais não requerem suposições de distribuição de probabilidade.<sup>6</sup>
- O teorema central do limite implica que os métodos estatísticos que se aplicam a distribuições normais podem ser aplicados a outras distribuições quando suas suposições são satisfeitas.<sup>6</sup>
- Como o teorema central do limite determina a distribuição amostral  $Z$  - equação (14.2) - das médias com tamanho amostral suficientemente grande, a média pode ser padronizada para uma distribuição normal com média 0 e variância 1,  $N(0, 1)$ .<sup>6</sup>

$$Z = \frac{\bar{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \quad (14.2)$$

- Para amostras com  $n \geq 30$ , a distribuição amostral Student- $t$  se aproxima da distribuição normal padrão  $Z$  e, portanto, as suposições sobre a distribuição populacional não são mais necessárias de acordo com o teorema central do limite. Neste cenário, a suposição de distribuição normal pode ser usada para a distribuição de probabilidade.<sup>6</sup>

## 14.10 Regressão para a média

### 14.10.1 O que é regressão para a média?

- Regressão para a média<sup>124</sup> é um fenômeno estatístico que ocorre quando uma variável aleatória  $X$  é medida na mesma unidade de análise em dois ou mais momentos diferentes,  $X_1, X_2, \dots, X_t$  e  $X_t$  é mais próximo da média populacional do que  $X_1$ , ou seja,  $E(X_t)$  é mais próxima de  $E(X)$  do que  $E(X_1)$  é de  $E(X)$ .<sup>125</sup>
- O valor real - sem erros aleatório ou sistemático - em geral não é conhecido, mas pode ser estimado pela média de várias observações.<sup>125</sup>
- Regressão para a média pode ocorrer em qualquer pesquisa cujo delineamento envolva medidas repetidas.<sup>126</sup>
- Em medidas repetidas, a média de várias observações é mais próxima da média verdadeira do que qualquer observação individual, pois o erro aleatório é reduzido pela média.<sup>125</sup>
- Valores extremos - em direção ao mínimo ou máximo - em uma medição inicial tendem a ser seguidos por valores mais próximos da média (valor real) na medição subsequente.<sup>125</sup>

- No exemplo abaixo, a 2a medida (dado 2 = 121) é mais próxima da média (valor real = 120) do que a 1a medida (dado 1 = 118):

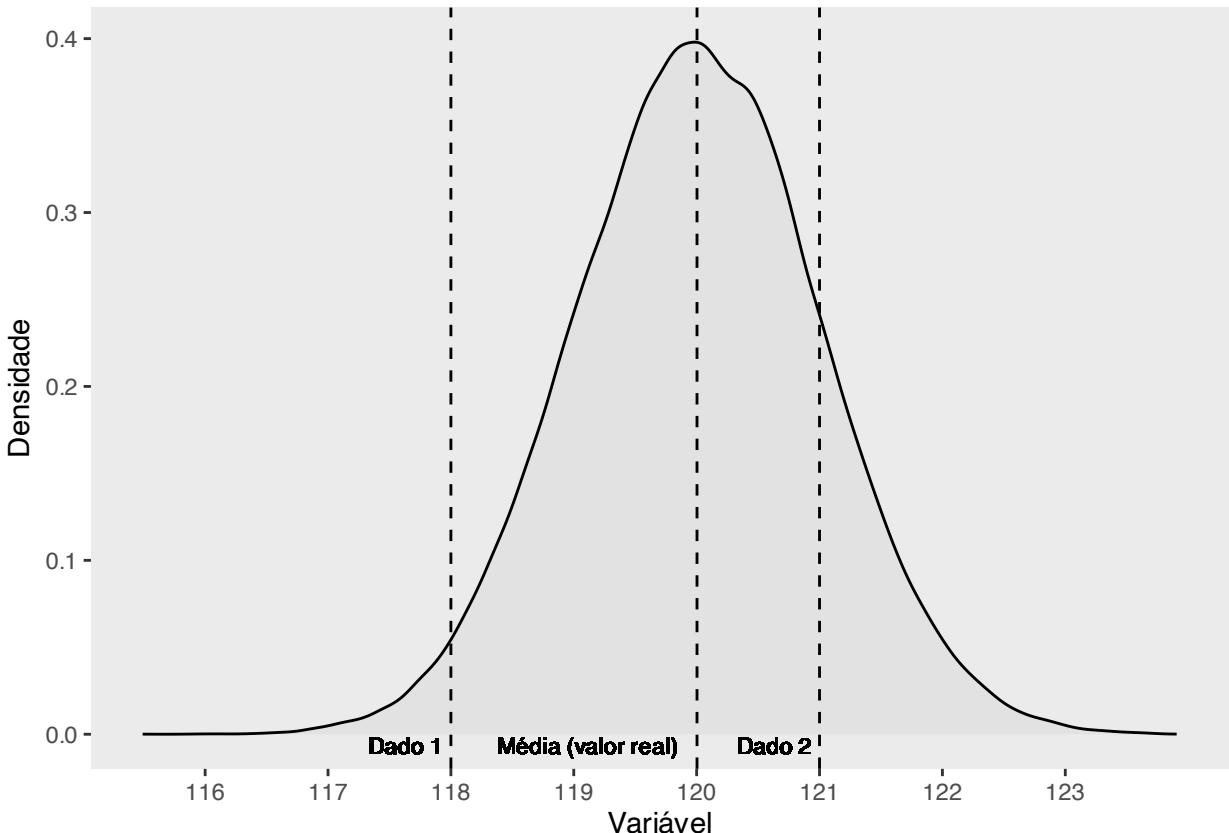


Figura 14.8: Representação gráfica da regressão para a média em medidas repetidas. A segunda medida (dado 2) é mais próxima da média (valor real) do que a primeira medida (dado 1).

#### 14.10.2 Qual a causa da regressão para a média?

- A regressão para a média pode ser atribuída ao erro aleatório, que é a variação não sistemática nos valores observados em torno de uma média verdadeira (por exemplo, erro de medição aleatório ou variações aleatórias em um participante).<sup>125</sup>
- Regressão para a média é uma consequência da observação de que dados extremos não se repetem com frequência.<sup>126</sup>
- Deve-se assumir que a regressão para a média ocorreu até que os dados mostrem o contrário.<sup>125</sup>

#### 14.10.3 Por que detectar o fenômeno de regressão para a média?

- A regressão para a média pode levar a conclusões errôneas sobre a eficácia de uma intervenção, pois a mudança observada pode ser devida ao erro aleatório e não ao tratamento.<sup>126</sup>

#### 14.10.4 Com detectar o fenômeno de regressão para a média?

- O fenômeno de regressão para a média pode ser detectado por meio de gráfico de dispersão da diferença (estudos transversais) ou mudança (estudos longitudinais) versus os valores da 1a medida.<sup>125</sup>



O pacote *regtomean*<sup>127</sup> fornece as funções *cordata*<sup>a</sup> para calcular a correlação entre medidas tipo antes-e-depois e *meechua\_reg*<sup>b</sup> para ajustar modelos lineares de regressão.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/regtomean/versions/1.1/topics/cordata>

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/regtomean/versions/1.1/topics/meechua\\_reg](https://www.rdocumentation.org/packages/regtomean/versions/1.1/topics/meechua_reg)

#### 14.10.5 Como o fenômeno de regressão para a média pode ser evitado?

- Aloque os participantes de modo aleatório nos grupos de tratamento e controle pode reduzir o fenômeno de regressão para a média.<sup>125</sup>
- Selecione participantes com base em medidas repetidas ao invés de medidas únicas.<sup>125</sup>

# Capítulo 15

## Pensamento computacional

### 15.1 Programas de computador

#### 15.1.1 O que é R?

- R é um programa de computador de código aberto com linguagem computacional direcionada para análise estatística.<sup>128,129</sup>
- R version 4.5.1 (2025-06-13) está disponível gratuitamente em *Comprehensive R Archive Network* (CRAN).<sup>130</sup>

#### 15.1.2 Por que usar R?

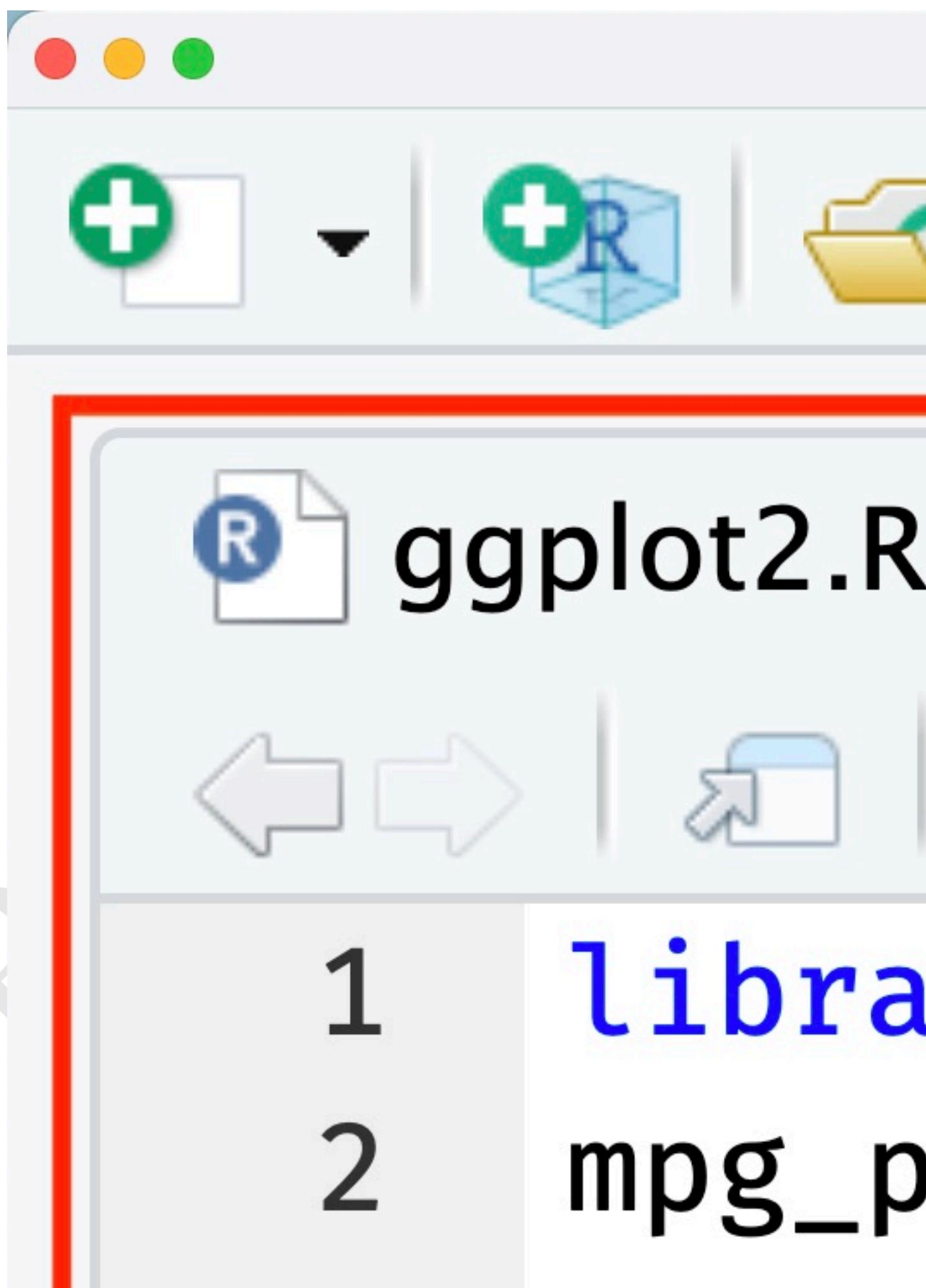
- R é o software de maior abrangência de métodos estatísticos, possui sintaxe que permite análises estatísticas reproduzíveis e está disponível gratuitamente no *Comprehensive R Archive Network* (CRAN).<sup>36,130</sup>

#### 15.1.3 O que é RStudio?

- RStudio é um ambiente de desenvolvimento integrado (*integrated development environment*, IDE) desenvolvido visando a reproduzibilidade e a simplicidade para a criação e disseminação de conhecimento.<sup>129,131</sup>
- O ambiente do RStudio é dividido em painéis:
  - *Source/Script editor*: para edição de R scripts.<sup>129</sup>
  - *Console*: para execução de códigos simples.<sup>129</sup>
  - *Environments*: para visualização de objetos criados durante a sessão de trabalho.<sup>129</sup>
  - *Output*: para visualização de gráficos criados durante a sessão de trabalho.<sup>129</sup>
- As principais características do RStudio incluem um ambiente de edição com abas para acesso rápido a arquivos, comandos e resultados; histórico de comandos previamente utilizados; ferramentas para visualização de bancos de dados e elaboração de scripts e gráficos e tabelas.<sup>129,131</sup>
- RStudio está disponível gratuitamente em Posit<sup>1</sup>.

O pacote *learnr*<sup>132</sup> fornece tutoriais interativos para RStudio.

<sup>1</sup><https://posit.co/download/rstudio-desktop/>



### 15.1.4 Que programas de computador podem ser usados para análise estatística com R?

- JASP<sup>2</sup>.<sup>133</sup>
- jamovi<sup>3</sup>.<sup>134</sup>
- BlueSky<sup>4</sup>.



Os pacotes *jmv*<sup>135</sup> e *jmvconnect*<sup>136</sup> fornecem funções para análise descritiva e inferencial com interface com jamovi.

## 15.2 Scripts computacionais

### 15.2.1 O que são R scripts?

- “Scripts são dados”.<sup>37</sup>
- Scripts permitem ao usuário se concentrar nas tarefas mais importantes da computação e utilizar pacotes ou bibliotecas para executar as funções mais básicas com maior eficiência.<sup>37</sup>
- Um script é um arquivo de texto contendo (quase) os mesmos comandos que você digitaria na linha de comando do R. O “quase” refere-se ao fato de que se você estiver usando *sink()* para enviar a saída para um arquivo, você terá que incluir alguns comandos em *print()* para obter a mesma saída da linha de comando.

# Exemplo de R script

# Este é um comentário

# Esta é uma variável

```
variavel <- 3.14 # Atribui o valor 3.14 à variável
```

# Esta é uma função

```
f <- function(x) {
  return(x^2) # Retorna o quadrado do valor de x
}
```

# Esta é uma chamada de função

```
resultado <- f(variavel) # Chama a função f com a variável como argumento
```

# Exibe o resultado da função

```
print(resultado) # Exibe o resultado na saída padrão
```

# Este é um vetor

```
vetor <- c(1, 2, 3, 4, 5) # Cria um vetor com os valores de 1 a 5
```

# Exibe o vetor

```
print(vetor) # Exibe o vetor na saída padrão
```

# Esta é uma matrix

```
matriz <- matrix(1:9, nrow=3, ncol=3) # Cria uma matriz 3x3 com os valores de 1 a 9
```

<sup>2</sup><https://jasp-stats.org>

<sup>3</sup><https://www.jamovi.org>

<sup>4</sup><https://www.blueskystatistics.com>

```

# Exibe a matriz
print(matriz) # Exibe a matriz na saída padrão

# Esta é uma lista
lista <- list(nome="João", idade=30, altura=1.75) # Cria uma lista com nome, idade e altura
# Exibe a lista
print(lista) # Exibe a lista na saída padrão

# Este é um dataframe
dataframe <- data.frame(nome=c("João", "Maria", "José"), idade=c(30, 25, 40), altura=c(1.75, 1.60, 1.80))
# Exibe o dataframe
print(dataframe) # Exibe o dataframe na saída padrão

# Fim do exemplo de R script

```

### 15.2.2 Quais práticas são recomendadas na redação de scripts?

- Use nomes consistentes para as variáveis.<sup>137</sup>
- Defina os tipos de variáveis adequadamente no banco de dados.<sup>137</sup>
- Defina constantes - isto é, variáveis de valor fixo - ao invés de digitar valores.<sup>137</sup>
- Use e cite os pacotes disponíveis para suas análises.<sup>137</sup>
- Controle as versões do script.<sup>137,138</sup>
- Teste o script antes de sua utilização.<sup>137</sup>
- Conduza revisão por pares do código durante a redação (digitação em dupla).<sup>137</sup>



O pacote *formatR*<sup>139</sup> fornece a função *tidy\_source*<sup>a</sup> para formatar um R script.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/formatR/versions/1.14/topics/tidy\\_source](https://www.rdocumentation.org/packages/formatR/versions/1.14/topics/tidy_source)



O pacote *styler*<sup>140</sup> fornece a função *style\_file*<sup>a</sup> para formatar um R script.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/styler/versions/1.10.1/topics/style\\_file](https://www.rdocumentation.org/packages/styler/versions/1.10.1/topics/style_file)



O pacote *lintr*<sup>141</sup> fornece a função *lint*<sup>a</sup> para verificar a adesão de um script a um determinado estilo, identificando erros de sintaxe e possíveis problemas semânticos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/lintr/versions/3.1.0/topics/lint>

## 15.3 Pacotes

### 15.3.1 O que são pacotes?

- Pacotes são conjuntos de scripts programados pela comunidade e compartilhados para uso público.<sup>129</sup>
- Os pacotes ficam armazenados no *Comprehensive R Archive Network* (CRAN) e podem ser instalados diretamente no RStudio.<sup>129,130</sup>

- Na mais recente atualização deste livro, o [Comprehensive R Archive Network (CRAN) possui 0 pacotes disponíveis.<sup>129,130</sup>
- Os pacotes disponíveis podem ser encontrados em *R PACKAGES DOCUMENTATION*.<sup>142</sup>



O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *install.packages*<sup>a</sup> para instalar os pacotes no computador.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/install.packages>



O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *library*<sup>a</sup> para carregar os pacotes instalados no computador.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/library>



O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *require*<sup>a</sup> para indicar se o pacote requisitado está disponível.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/require>



O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *installed.packages*<sup>a</sup> para listar os pacotes instalados no computador.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/installed.packages>



O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *update.packages*<sup>a</sup> para atualizar os pacotes instalados no computador.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/update.packages>



O pacote *roxygen2*<sup>144</sup> fornece a função *roxygenize*<sup>a</sup> para criar arquivos .Rd para documentar pacotes.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/roxygen2/index.html>

## 15.4 Aplicativos Shiny

### 15.4.1 O que são Shiny Apps?

- Shiny Apps são aplicativos web interativos que permitem a criação de interfaces gráficas para visualização e análise de dados em tempo real, utilizando o R como backend.<sup>7</sup>

## 15.5 Manuscritos reproduzíveis

### 15.5.1 O que são manuscritos reproduzíveis?

- Manuscritos reproduzíveis - manuscritos executáveis ou relatórios dinâmicos - permitem a produção de um manuscrito completo a partir da integração do banco de dados da(s) amostra(s), do(s) script(s) de análise estatística (incluindo comentários para sua interpretação), dos pacotes ou bibliotecas utilizados, das fontes

e referências bibliográficas citadas, além dos demais elementos textuais (tabelas, gráficos) - todos gerados dinamicamente.<sup>37</sup>

### 15.5.2 Por que usar manuscritos reproduzíveis?

- No processo tradicional de redação científica há muitas etapas de copiar e colar não reproduzíveis envolvidas. Documentos dinâmicos combinam uma ferramenta de processamento de texto com o R script que produz o texto/tabela/figura a ser incorporado no manuscrito.<sup>36</sup>
- Ao trabalhar com relatórios dinâmicos, é possível extrair o mesmo script usado para análise estatística. Os documentos podem ser compilados em vários formatos de saída e salvos como DOCX, PPTX e PDF.<sup>36</sup>
- Muitos erros de análise poderiam ser evitados com a adoção de boas práticas de programação em manuscritos reproduzíveis.<sup>145</sup>



O pacote *rmarkdown*<sup>146</sup> fornece as funções *render*<sup>a</sup> para criar manuscritos reproduzíveis a partir de arquivos .Rmd.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/rmarkdown/versions/2.24/topics/render>



O pacote *officedown*<sup>147</sup> fornece as funções *rdocx\_document*<sup>a</sup> e *rpptx\_document*<sup>b</sup> para criar arquivos DOCX e PPTX, respectivamente, com o conteúdo criado no manuscrito reproduzível.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/officedown/versions/0.3.0/topics/rdocx\\_document](https://www.rdocumentation.org/packages/officedown/versions/0.3.0/topics/rdocx_document)

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/officedown/versions/0.3.0/topics/rpptx\\_document](https://www.rdocumentation.org/packages/officedown/versions/0.3.0/topics/rpptx_document)



O pacote *bookdown*<sup>148</sup> fornece as funções *gitbook*<sup>a</sup>, *pdf\_book*<sup>b</sup>, *epub\_book*<sup>c</sup> e *html\_document2*<sup>d</sup> para criar documentos reproduzíveis em diversos formatos (Git, PDF, EPUB e HTML, respectivamente).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/gitbook>

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/pdf\\_book](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/pdf_book)

<sup>c</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/epub\\_book](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/epub_book)

<sup>d</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/html\\_document2](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/html_document2)

### 15.5.3 O que é RMarkdown?

- RMarkdown<sup>146</sup> é uma ferramenta que permite a integração de texto, código e saída em um único documento. O RMarkdown é uma extensão do Markdown, que é uma linguagem de marcação simples e fácil de aprender, que é usada para formatar texto. O RMarkdown permite a inclusão de blocos de código R, Python, SQL, C++, entre outros, e a saída desses blocos de código é incorporada ao documento final. O RMarkdown é uma ferramenta poderosa para a criação de relatórios dinâmicos, que podem ser facilmente atualizados com novos dados ou análises. O RMarkdown é amplamente utilizado na comunidade científica para a criação de relatórios de pesquisa, artigos científicos, apresentações, livros, entre outros.
- O trabalho com RMarkdown<sup>146</sup> permite um fluxo de dados totalmente transparente, desde o conjunto de dados coletados até o manuscrito finalizado. Todos os aspectos do fluxo de dados podem ser incorporados em blocos de R script (*chunk*), exibindo tanto o R script quanto o respectivo texto, tabelas e figuras formatadas no estilo científico de interesse.<sup>149</sup>
- O RMarkdown<sup>146</sup> foi projetado especificamente para relatórios dinâmicos onde a análise é realizada em R e oferece uma flexibilidade incrível por meio de uma linguagem de marcação.<sup>36</sup>

### 15.5.4 Como manuscritos reproduutíveis contribuem para a ciência?

- O compartilhamento de bancos de dados e seus scripts de análise estatística permitem a adoção de práticas reproduutíveis, tais como a reanálise dos dados.<sup>150</sup>



O pacote *projects*<sup>151</sup> fornece a função *setup\_projects*<sup>a</sup> para criar um projeto com arquivos organizados em diretórios.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/projects/versions/2.1.3/topics/setup\\_projects](https://www.rdocumentation.org/packages/projects/versions/2.1.3/topics/setup_projects)



O pacote *rmarkdown*<sup>146</sup> fornece a função *render*<sup>a</sup> para criar manuscritos reproduutíveis a partir de arquivos .Rmd.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/rmarkdown/versions/2.24/topics/render>



O pacote *bookdown*<sup>148</sup> fornece as funções *gitbook*<sup>a</sup>, *pdf\_book*<sup>b</sup>, *epub\_book*<sup>c</sup> e *html\_document2*<sup>d</sup> para criar documentos reproduutíveis em diversos formatos (Git, PDF, EPUB e HTML, respectivamente).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/gitbook>

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/pdf\\_book](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/pdf_book)

<sup>c</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/epub\\_book](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/epub_book)

<sup>d</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/html\\_document2](https://www.rdocumentation.org/packages/bookdown/versions/0.35/topics/html_document2)

## 15.6 Compartilhamento

### 15.6.1 Por que compartilhar scripts?

- Compartilhar o script — principalmente junto aos dados — pode facilitar a replicação direta do estudo, a detecção de eventuais erros de análise, a detecção de pesquisas fraudulentas.<sup>152</sup>

### 15.6.2 O que pode ser compartilhado?

- Idealmente, todos os scripts, pacotes/bibliotecas e dados necessários para outros reproduzirem seus dados.<sup>138</sup>
- Minimamente, partes importantes incluindo implementações de novos algoritmos e dados que permitam reproduzir um resultado importante.<sup>138</sup>

### 15.6.3 Como preparar dados para compartilhamento?

- ?

### 15.6.4 Como preparar scripts para compartilhamento?

- Providencie a documentação sobre seu script (ex.: arquivo README).<sup>138</sup>
- Inclua a versão dos pacotes usados no seu script por meio de um script inicial para instalação de pacotes (ex.: ‘instalar.R’).<sup>145</sup>

- Documente em um arquivo README os arquivos disponíveis e os pré-requisitos necessários para executar o código (ex.: pacotes e respectivas versões). Uma lista de configurações (hardware e software) que foram usadas para rodar o código pode ajudar na reprodução dos resultados.<sup>35</sup>
- Use endereços de arquivos relativos.<sup>145</sup>
- Crie links persistentes para versões do seu script.<sup>138</sup>
- Defina uma semente para o gerador de números aleatórios em scripts com métodos computacionais que dependem da geração de números pseudoaleatórios.<sup>35</sup>

**R**

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *set.seed*<sup>a</sup> para especificar uma semente para reproduzibilidade de computações que envolvem números aleatórios.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/Random>

- Escolha uma licença apropriada para garantir os direitos de criação e como outros poderão usar seus scripts.<sup>138</sup>
- Teste o script em uma nova sessão antes de compartilhar.<sup>145</sup>
- Cite todos os pacotes relacionados à sua análise.<sup>153</sup>

**R**

O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *citation*<sup>a</sup> para citar o programa R e os pacotes da sessão atual.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/citation>

**R**

O pacote *grateful*<sup>154</sup> fornece a função *cite\_packages*<sup>a</sup> para citar os pacotes utilizados em um projeto R.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/grateful/versions/0.2.0/topics/cite\\_packages](https://www.rdocumentation.org/packages/grateful/versions/0.2.0/topics/cite_packages)

- Inclua a informação da sessão em que os scripts foram rodados.<sup>145</sup>

**R**

O pacote *utils*<sup>143</sup> fornece a função *sessionInfo*<sup>a</sup> para descrever as características do programa, pacotes e plataforma da sessão atual.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/utils/versions/3.6.2/topics/sessionInfo>

### 15.6.5 O que incluir no arquivo README?

- Título do trabalho.<sup>35</sup>
- Autores do trabalho.<sup>35</sup>
- Principais responsáveis pela escrita do script e quaisquer outras pessoas que fizeram contribuições substanciais para o desenvolvimento do script.<sup>35</sup>
- Endereço de e-mail do autor ou contribuidor a quem devem ser direcionadas dúvidas, comentários, sugestões e bugs sobre o script.<sup>35</sup>
- Lista de configurações nas quais o script foi testado, tais com nome e versão do programa, pacotes e plataforma.<sup>35</sup>

# Capítulo 16

## Simulação computacional

### 16.1 Simulações computacionais

#### 16.1.1 O que são simulações computacionais?

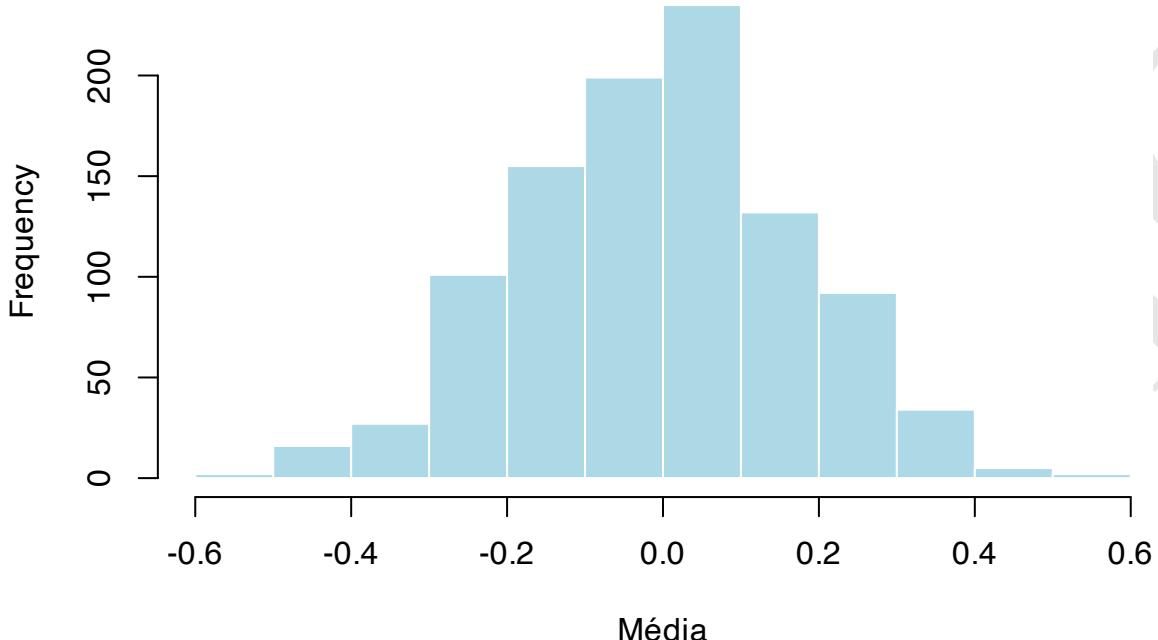
- Simulações computacionais consistem na geração de dados artificiais baseados em regras matemáticas e estatísticas, permitindo testar hipóteses, validar métodos e explorar cenários complexos sem necessidade de dados reais.<sup>37</sup>
- A simulação é frequentemente usada em estatística para avaliar o desempenho de testes, estimadores e modelos sob diferentes condições.

#### 16.1.2 Por que usar simulações?

- Testar o comportamento de métodos estatísticos sob diferentes premissas (ex: normalidade, homocedasticidade, tamanho amostral).
- Avaliar a robustez de algoritmos computacionais.
- Reproduzir processos naturais ou sociais para compreensão teórica.

```
# Simulação de 1000 médias de amostras de tamanho 30 de uma N(0,1)
set.seed(123)
n_sim <- 1000
amostras <- replicate(n_sim, mean(rnorm(30, mean = 0, sd = 1)))
hist(
  amostras,
  main = "Distribuição das médias simuladas",
  xlab = "Média",
  col = "lightblue",
  border = "white"
)
```

## Distribuição das médias simuladas



### 16.1.3 Quais são as boas práticas em simulações computacionais?

- Defina claramente o objetivo da simulação e as hipóteses a serem testadas, incluindo quais aspectos do fenômeno ou do método você pretende avaliar.<sup>155</sup>
- Use uma semente para o gerador de números aleatórios com `set.seed()` para garantir a reproduzibilidade dos resultados.<sup>156</sup>
- Documente detalhadamente o processo de simulação, incluindo os parâmetros utilizados, a lógica do algoritmo e as suposições feitas.<sup>156</sup>
- Realize múltiplas simulações (ex.: 1000 ou mais) para obter estimativas estáveis e resultados mais robustos e confiáveis.
- Analise os resultados de forma crítica, considerando a variabilidade, as limitações do modelo e possíveis vieses do processo de simulação.
- Use funções vetorizadas para otimizar o desempenho e reduzir o tempo de execução da simulação.

R

O pacote base<sup>61</sup> fornece a função `set.seed`<sup>a</sup> para especificar uma semente e garantir a reproduzibilidade de computações que envolvem números aleatórios.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/Random>

## 16.2 Características

### 16.2.1 Quais são as características de estudos de simulação computacional?

- ?

## 16.3 Método de Monte Carlo

### 16.3.1 O que é o método de Monte Carlo?

• ?

Convergência do histograma →  $\text{Normal}(0,1)$

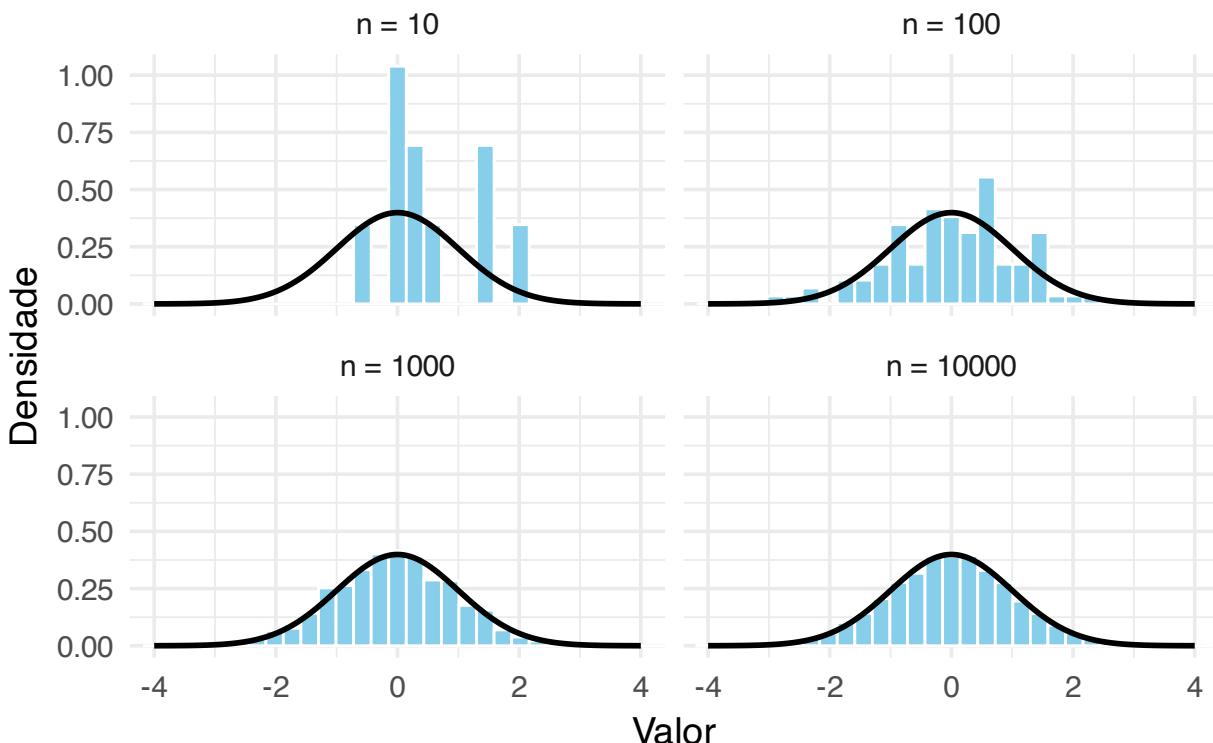


Figura 16.1: Convergência do histograma para a PDF teórica da  $\text{Normal}(0,1)$  com o aumento do tamanho amostral ( $n = 10, 100, 1000, 10000$ ).



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *set.seed*<sup>a</sup> para especificar uma semente para reproduzibilidade de computações que envolvem números aleatórios.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/Random>



O pacote *simstudy*<sup>157</sup> fornece as funções *defData*<sup>a</sup> e *genData*<sup>b</sup> para criar variáveis e simular um banco de dados de acordo com o delineamento pré-especificado, respectivamente.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/simstudy/versions/0.7.0/topics/defData>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/simstudy/versions/0.7.0/topics/genData>

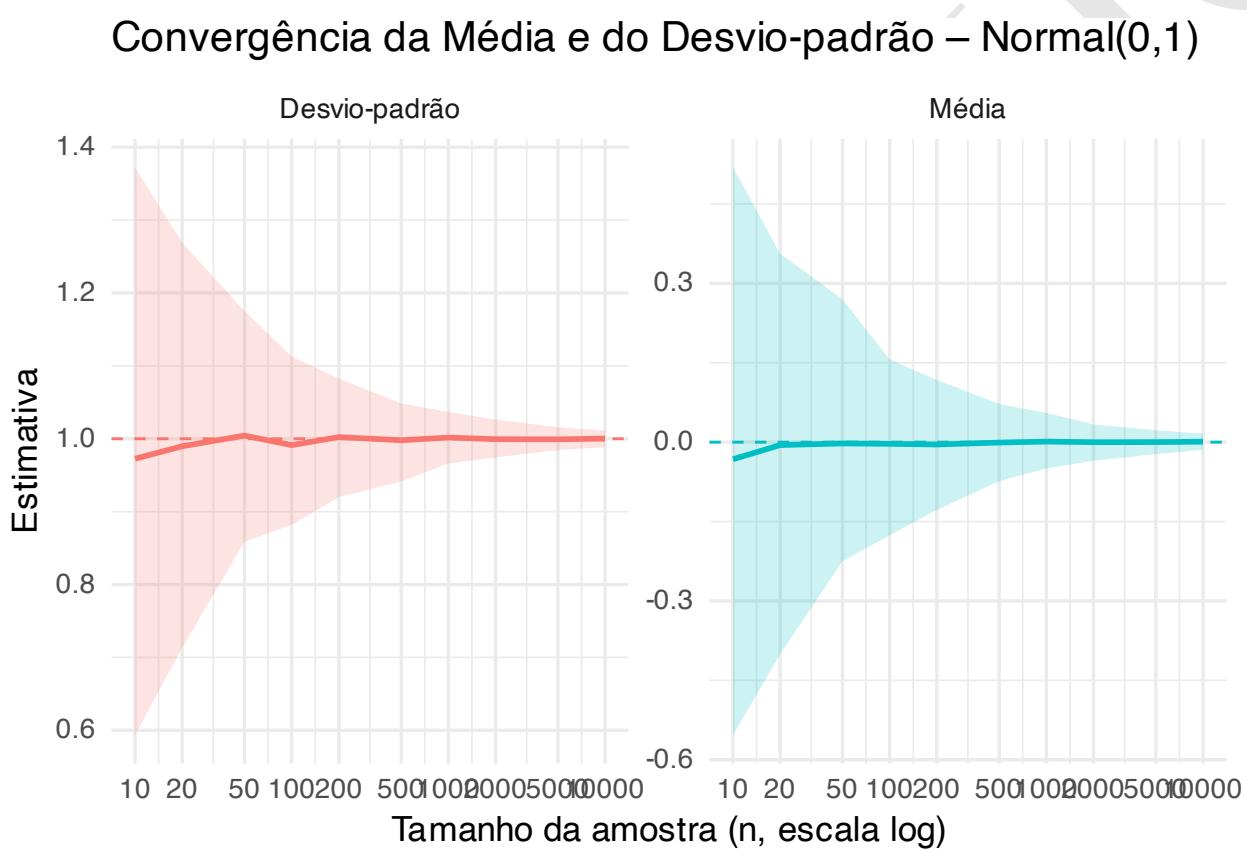


Figura 16.2: Convergência da média e do desvio-padrão amostral para os valores teóricos (0 e 1, respectivamente) com o aumento do tamanho amostral ( $n = 10, 20, 50, 100, 200, 500, 1000, 2000, 5000, 10000$ ).



O pacote *faux*<sup>158</sup> fornece a função *sim\_design*<sup>a</sup> para simular um banco de dados de acordo com o delineamento pré-especificado.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/faux/versions/1.2.1/topics/sim\\_design](https://www.rdocumentation.org/packages/faux/versions/1.2.1/topics/sim_design)



O pacote *InteractionPowerR*<sup>159</sup> fornece a função *generate\_interaction*<sup>a</sup> para simular bancos de dados com efeitos de interação.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/InteractionPowerR/versions/0.2.1/topics/generate\\_interaction](https://www.rdocumentation.org/packages/InteractionPowerR/versions/0.2.1/topics/generate_interaction)

## 16.4 Diretrizes para redação

### 16.4.1 Quais são as diretrizes para redação de estudos de simulação computacional?

- Visite a rede *Enhancing the QUality and Transparency Of health Research EQUATOR Network*<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de estudo de simulação computacional.
  - *Reporting Guidelines for Health Care Simulation Research: Extensions to the CONSORT and STROBE Statements*:<sup>160</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/reporting-guidelines-for-health-care-simulation-research-extensions-to-the-consort-and-strobe-statements/>

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

RASCUNHO

# Capítulo 17

## Shiny Apps

### 17.1 Aplicativos por delineamento de estudo

#### 17.1.1 Qual Shiny App usar para ensaios experimentais?

- *RCTapp*<sup>1</sup><sup>161</sup>

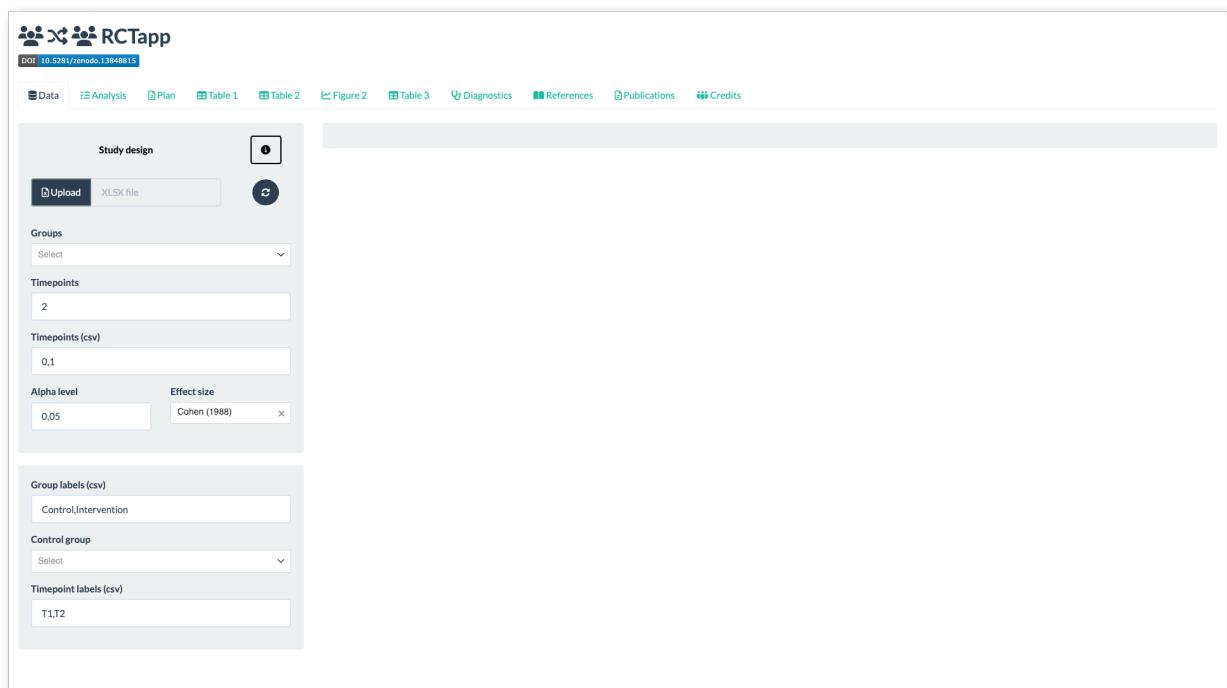


Figura 17.1: RCTapp: Shiny app para análise de ensaios clínicos aleatorizados.

<sup>1</sup><https://scicenter.shinyapps.io/RCTapp/>

RASCUNHO

## ***PARTE 5: ANÁLISES DESCRIPTIVAS E EXPLORATÓRIAS***

---

**Primeiros passos na análise: descrever, visualizar e explorar padrões nos dados**

RASCUNHO

# Capítulo 18

## Análise inicial de dados

### 18.1 Análise inicial de dados

#### 18.1.1 O que é análise inicial de dados?

- Análise inicial de dados<sup>162</sup> é uma sequência de procedimentos que visam principalmente a transparência e integridade das pré-condições do estudo para conduzir a análise estatística apropriada de modo responsável para responder aos problemas da pesquisa.<sup>82</sup>
- O objetivo da análise inicial de dados é propiciar dados prontos para análise estatística, incluindo informações confiáveis sobre as propriedades dos dados.<sup>82</sup>
- A análise inicial de dados pode ser dividida nas seguintes etapas:<sup>82</sup>
  - Configuração dos metadados
  - Limpeza dos dados
  - Verificação dos dados
  - Relatório inicial dos dados
  - Refinamento e atualização do plano de análise estatística
  - Documentação e relatório da análise inicial de dados
- A análise inicial de dados não deve ser confundida com análise exploratória,<sup>163</sup> nem deve ser utilizada para hipotetizar após os dados serem coletados (conhecido como *Hypothesizing After Results are Known*, HARKing).<sup>42</sup>

#### 18.1.2 Como conduzir uma análise inicial de dados?

- Desenvolva um plano de análise inicial de dados consistente com os objetivos da pesquisa. Por exemplo, verifique a distribuição e escala das variáveis, procure por observações não-usuais ou improváveis, avalie possíveis padrões de dados perdidos.<sup>82</sup>
- Não altere diretamente os dados de uma tabela obtida de uma fonte. Use scripts para implementar eventuais alterações, de modo a manter o registro de todas as modificações realizadas no banco de dados.<sup>82</sup>
- Use os metadados do estudo para guiar a análise inicial dos dados e compartilhe com os dados para maior transparência e reproduzibilidade.<sup>82</sup>

- Representação gráfica dos dados pode ajudar a identificar características e padrões no banco de dados, tais como suposições e tendências.<sup>82</sup>
- Verifique a frequência e proporção de dados perdidos em cada variável, e depois examine por padrões de dados perdidos simultaneamente por duas ou mais variáveis.<sup>82</sup>
- Verifique a frequência e proporção de dados perdidos em cada variável, e depois examine por padrões de dados perdidos simultaneamente por duas ou mais variáveis.<sup>82</sup>
- Exclusão de dados *ad hoc* baseada no desfecho pode influenciar os resultados do estudo, portanto os critérios de exclusão de dados antes da análise estatística (descritiva e/ou inferencial) devem ser reportados.<sup>164</sup>

### 18.1.3 Quais problemas podem ser detectados na análise inicial de dados?

- Ocorrência de dados perdidos, que podem ser excluídos ou imputados para não reduzir o poder do estudo.<sup>?</sup>



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *na.omit*<sup>a</sup> para retornar os dados sem os dados perdidos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/na.fail>



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *complete.cases*<sup>a</sup> para identificar os casos completos - isto é, sem dados perdidos - em um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/complete.cases>

- Registros duplicados, que devem ser excluídos para não inflar a amostra.<sup>165</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *duplicated*<sup>a</sup> para identificar elementos duplicados de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/duplicated>

- Codificação 0 ou 1 para variáveis dicotômicas para representar a direção esperada da associação entre elas.<sup>165</sup>
- Ordenação cronológica de variáveis com registros temporais (retrospectivos ou prospectivos).<sup>165</sup>
- A distribuição das variáveis para verificação das suposições das análises planejadas.<sup>165</sup>
- Ocorrência de efeitos teto e piso nas variáveis.<sup>165</sup>

# Capítulo 19

## Descrição

### 19.1 Análise de descrição

#### 19.1.1 O que é análise de descrição de dados?

- A análise descritiva utiliza métodos para calcular, descrever e resumir os dados coletados da(s) amostra(s) de modo que sejam interpretadas adequadamente.<sup>56</sup>
- As análises descritivas geralmente compreendem a apresentação quantitativa (numérica) em tabelas e/ou gráficos.<sup>56</sup>

R

O pacote *explore*<sup>166</sup> fornece a função *explore*<sup>a</sup> para análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/explore/versions/1.0.2/topics/explore>

R

O pacote *dataMaid*<sup>167</sup> fornece a função *makeDataReport*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/dataMaid/versions/1.4.1/topics/makeDataReport>

R

O pacote *DataExplorer*<sup>168</sup> fornece a função *create\_report*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/DataExplorer/versions/0.8.2/topics/create\\_report](https://www.rdocumentation.org/packages/DataExplorer/versions/0.8.2/topics/create_report)

R

O pacote *SmartEDA*<sup>169</sup> fornece a função *ExpReport*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/SmartEDA/versions/0.3.9/topics/ExpReport>



O pacote *esquisse*<sup>170</sup> fornece a função *esquisser*<sup>a</sup> para executar uma interface interativa para visualização de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/esquisse/versions/1.1.2/topics/esquisser>

## 19.2 Estimação

### 19.2.1 O que é estimativa?

- Estimativa é o valor de uma variável de interesse calculado a partir de uma amostra.<sup>?</sup>

### 19.2.2 O que é estimativa pontual?

- Estimativa pontual é o valor único de uma variável de interesse calculado a partir de uma amostra.<sup>?</sup>

### 19.2.3 O que é estimativa intervalar?

- Estimativa intervalar é um intervalo de valores de uma variável de interesse calculado a partir de uma amostra.<sup>?</sup>

### 19.2.4 O que é estimativa de parâmetro?

- Estimativa de parâmetro é o valor de uma variável de interesse calculado a partir de uma amostra que representa o valor da população.<sup>?</sup>

# Capítulo 20

## Análise exploratória de dados

### 20.1 Análise exploratória de dados

#### 20.1.1 O que é análise exploratória de dados?

- Análise exploratória de dados consiste em um processo iterativo de elaboração e interpretação da síntese de dados, tabelas e gráficos, considerando os aspectos teóricos do estudo.<sup>163</sup>
- Análise exploratória deve ser separada da análise inferencial de testes de hipóteses; a decisão sobre os modelos a testar deve ser feita *a priori*.<sup>171</sup>

#### 20.1.2 Por que conduzir a análise exploratória de dados?

- A condução de análise exploratória de dados pode ajudar a identificar padrões e pode orientar trabalhos futuros, mas os resultados não devem ser interpretados como inferências sobre uma população.<sup>171</sup>
- A análise exploratória não deve ser usada para definir as questões e hipóteses científicas do estudo.<sup>171</sup>



O pacote *explore*<sup>166</sup> fornece a função *explore*<sup>a</sup> para análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/explore/versions/1.0.2/topics/explore>



O pacote *dataMaid*<sup>167</sup> fornece a função *makeDataReport*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/dataMaid/versions/1.4.1/topics/makeDataReport>



O pacote *DataExplorer*<sup>168</sup> fornece a função *create\_report*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/DataExplorer/versions/0.8.2/topics/create\\_report](https://www.rdocumentation.org/packages/DataExplorer/versions/0.8.2/topics/create_report)

**R**

O pacote *SmartEDA*<sup>169</sup> fornece a função *ExpReport*<sup>a</sup> para criar um relatório de análise exploratória de um banco de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/SmartEDA/versions/0.3.9/topics/ExpReport>

**R**

O pacote *gtExtras*<sup>172</sup> fornece a função *gt\_plt\_summary*<sup>a</sup> para criar uma tabela descritiva síntese com histogramas ou gráficos de barra a partir de um banco de dados.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/gtExtras/versions/0.5.0/topics/gt\\_plt\\_summary](https://www.rdocumentation.org/packages/gtExtras/versions/0.5.0/topics/gt_plt_summary)

**R**

O pacote *radiant*<sup>173</sup> fornece a função *radiant*<sup>a</sup> para executar uma interface interativa para análise exploratória de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/radiant/versions/1.5.0/topics/radiant>

### 20.1.3 Quais etapas constituem a análise exploratória de dados?

- Cada combinação de problema de pesquisa e delineamento de estudo pode demandar um plano de análise exploratório distinto.<sup>171</sup>
- Verifique a existência e/ou influência de valores discrepantes (“fora da curva” ou *outliers*):<sup>162,163,171</sup>
  - Boxplots
  - Gráficos quantil-quantil (Q-Q)

**R**

O pacote *ggplot2*<sup>174</sup> fornece a função *geom\_boxplot*<sup>a</sup> para construção de gráficos *boxplot*.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggplot2/versions/3.5.2/topics/geom\\_boxplot](https://www.rdocumentation.org/packages/ggplot2/versions/3.5.2/topics/geom_boxplot)

- Verifique a homocedasticidade (homogeneidade da variância):<sup>171</sup>
  - Boxplots condicionais (por fator de análise)
  - Análise dos resíduos do modelo de regressão
  - Gráfico resíduos vs. valores ajustados
- Verifique a normalidade da distribuição dos dados:<sup>162,171</sup>
  - Histograma das variáveis (por fator de análise)
  - Histograma dos resíduos da regressão
- Verifique a existência de grande quantidade de valores nulos (=0):<sup>171</sup>
  - Histograma das variáveis (por fator de análise)
- Verifique a existência de colinearidade entre variáveis independentes de um modelo de regressão:<sup>171</sup>
  - Fator de inflação de variância (*variance inflation factor*, VIF)
  - Coeficiente de correlação de Pearson (*r*)
  - Gráfico de dispersão entre variáveis

- Verifique possíveis relações entre as variáveis dependente(s) e independente(s) de um modelo de regressão:<sup>171</sup>
  - Gráfico de dispersão entre variáveis independente e dependente
- Verifique possíveis interações entre as variáveis dependente(s) de um modelo de regressão:<sup>171</sup>
  - Gráfico *coplot* de dispersão entre variáveis dependentes



O pacote *ggcleveland*<sup>175</sup> fornece a função *gg\_coplot*<sup>a</sup> para construção de gráficos *boxplot* condicionais.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggcleveland/versions/0.1.0/topics/gg\\_coplot](https://www.rdocumentation.org/packages/ggcleveland/versions/0.1.0/topics/gg_coplot)

- Verifique por dependência entre variáveis de um modelo de regressão:<sup>171</sup>
  - Gráfico de série temporal das variáveis
  - Gráfico de autocorrelação entre as variáveis

RASCUNHO

# Capítulo 21

## Análise descritiva

### 21.1 Análise descritiva

#### 21.1.1 O que é análise descritiva?

- Análise descritiva é usada para compreendermos algum aspecto de um conjunto de dados, respondendo a perguntas do tipo “quando?”, “onde?”, “quem?”, “o quê?”, “como?” e “e daí?”.<sup>56,176</sup>

#### 21.1.2 Como apresentar os resultados descritivos?

- Variáveis categóricas: Reporte valores de frequência absoluta e relativa (n, percentual).<sup>177</sup>
- Organização das tabelas: as variáveis são exibidas em linhas e os grupos são exibidos em colunas.<sup>177</sup>
- Calcule percentagens para as colunas (isto é, entre grupos) e não entre linhas.<sup>177</sup>
- Em caso de dados perdidos, não inclua uma linha com total de dados perdidos, pois distorce as proporções entre colunas e as análises de tabela de contingência. Indique no texto ou em uma coluna separada o total de dados perdidos por variável.<sup>177</sup>

### 21.2 Apresentação de resultados numéricos

#### 21.2.1 O que são casas decimais?

- O número de casas decimais refere-se à quantidade de dígitos que aparecem após a vírgula decimal.<sup>178,179</sup>

#### 21.2.2 O que são dígitos significativos?

- O termo “dígitos significativos” é preferido a “algarismos significativos” ou “dígitos efetivos” e não se relaciona com significância estatística.<sup>178,179</sup>
- O número de dígitos significativos é a soma total de dígitos, desconsiderando a vírgula decimal e os zeros à esquerda; os zeros à direita são considerados informativos, salvo exceções.<sup>178,179</sup>

#### 21.2.3 Como arredondar dados numéricos?

- Apresentar dados com quantidade excessiva de casas decimais pode dificultar a interpretação e induzir erroneamente uma precisão espúria.<sup>178,179</sup>

Tabela 21.1: Quantidade de casas decimais e dígitos significativos.

Valor	Casas Decimais	Dígitos Significativos
0,00789	5	0
0,0456	4	0
45,6	1	2
123,456	3	3
7890,0000	4	4

Tabela 21.2: Valores originais, arredondamentos e erros de arredondamento por casas decimais.

Valor	Casas Decimais	Dígitos Significativos	2 Casas decimais [Margem de erro]	1 Casa decimal [Margem de erro]	Sem casa decimal [Margem de erro]
0,00789	5	0	0,01 [0,005, 0,015]	0,0 [-0,05, 0,05]	0 [-0,5, 0,5]
0,0456	4	0	0,05 [0,045, 0,055]	0,0 [-0,05, 0,05]	0 [-0,5, 0,5]
45,6	1	2	45,60 [45,595, 45,605]	45,6 [45,55, 45,65]	46 [45,5, 46,5]
123,456	3	3	123,46 [123,455, 123,465]	123,5 [123,45, 123,55]	123 [122,5, 123,5]
7890,0000	4	4	7890,00 [7889,995, 7890,005]	7890,0 [7889,95, 7890,05]	7890 [7889,5, 7890,5]

- A precisão é determinada pelo grau de arredondamento aplicado, medido em casas decimais ou dígitos significativos.<sup>178,179</sup>
- O arredondamento também introduz erros, uma vez que aumenta a imprecisão (isto é, incerteza) em torno do valor original.<sup>178,179</sup>
- A regra geral é utilizar 2 ou 3 dígitos significativos para tamanhos de efeito e 1 ou 2 dígitos significativos para medidas de variabilidade.<sup>179</sup>
- Regra dos 3 dígitos significativos para proporção de risco: em média, o erro de arredondamento é menor que os 0,5% exigidos, de modo que três dígitos significativos são mais precisos do que o necessário.<sup>178</sup>
- Regra dos 4 dígitos significativos para proporção de risco: divida a proporção de risco por quatro e arredonde para dois dígitos significativos e, em seguida, relate a proporção para esse número de casas decimais.<sup>178</sup>

## 21.3 Tabelas

### 21.3.1 Por que usar tabelas?

- Tabelas complementam o texto (e vice-versa), e podem apresentar os dados de modo mais acessível e informativo.<sup>180</sup>

### 21.3.2 Que informações incluir nas tabelas?

- Título ou legenda, uma síntese descritiva (geralmente por meio de parâmetros descritivos), intervalos de confiança e/ou P-valores conforme necessário para adequada interpretação.<sup>180,181</sup>

### 21.3.3 Quais são os tipos de tabelas?

- Tabela de frequência: apresenta a quantidade de ocorrências (frequência absoluta e relativa) de cada categoria de uma variável; usada com variáveis qualitativas ou quantitativas discretas.<sup>182</sup>
- Tabela de frequência agrupada: organiza dados contínuos em intervalos de classe (ex: faixas etárias) e mostra as frequências correspondentes.<sup>183</sup>
- Tabela de contingência (ou tabela cruzada): cruza duas variáveis categóricas, permitindo observar possíveis associações entre elas.<sup>184</sup>
- Tabela de medidas descritivas: resume variáveis quantitativas com estatísticas como média, mediana, desvio-padrão, mínimo, máximo e quartis.<sup>185</sup>
- Tabela de comparação entre grupos: apresenta médias, desvios-padrão e ocasionalmente resultados de testes de inferência estatística para comparar dois ou mais grupos.<sup>186</sup>
- Tabela de resultados de testes estatísticos: exibe valores de estatísticas de teste, P-valores e intervalos de confiança; usada para mostrar inferências.<sup>187</sup>
- Tabela de regressão (ou de modelos estatísticos): mostra os coeficientes de regressão, erros padrão, intervalos de confiança e P-valores para cada variável de um modelo.<sup>188</sup>
- Tabela de séries temporais ou longitudinais: organiza dados medidos em diferentes momentos no tempo, permitindo visualizar tendências ou variações longitudinais.<sup>189</sup>



O pacote *flextable*<sup>182</sup> fornece as funções *flextable*<sup>a</sup>, *as\_flextable*<sup>b</sup> e *save\_as\_docx*<sup>c</sup> para criar e salvar tabelas formatadas em DOCX.

<sup>a</sup><https://search.r-project.org/CRAN/refmans/flextable/html/flextable.html>

<sup>b</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/flextable/html/as\\_flextable.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/flextable/html/as_flextable.html)

<sup>c</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/flextable/html/save\\_as\\_docx.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/flextable/html/save_as_docx.html)



O pacote *rempsyc*<sup>183</sup> fornece a função *nice\_table*<sup>a</sup> para criar tabelas formatadas.

<sup>a</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/rempsyc/html/nice\\_table.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/rempsyc/html/nice_table.html)



O pacote *table1*<sup>184</sup> fornece a função *table1*<sup>a</sup> para construção de tabelas.

<sup>a</sup><https://search.r-project.org/CRAN/refmans/table1/html/table1.html>



O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_summary*<sup>a</sup> para construção da ‘Tabela 1’ com dados descritivos.

<sup>a</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl\\_summary.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl_summary.html)

### 21.3.4 Quais são os erros mais comuns de preenchimento de tabelas?

- Erros tipográficos.<sup>186</sup>

- Ausência de rótulos ou unidades nas variáveis.<sup>186</sup>
- Relatar estatísticas incorretamente, tais como rotular variáveis contínuas como porcentagens.<sup>186</sup>
- Estatísticas descritivas de tendência central (ex.: médias) relatadas sem a estatística de dispersão correspondente (ex.: desvio-padrão).<sup>186</sup>
- Desvio-padrão nulo ( $\sigma = 0$ ).<sup>186</sup>
- Valores porcentuais que não correspondem ao numerador dividido pelo denominador.<sup>186</sup>

## 21.4 Tabela 1

### 21.4.1 O que é a ‘Tabela 1’?

- A ‘Tabela 1’ descreve as características demográficas, sociais e clínicas da amostra, completa ou agrupada por algum fator, geralmente por meio de parâmetros de tendência central e dispersão.<sup>187,188</sup>

### 21.4.2 Qual a utilidade da ‘Tabela 1’?

- Descrever (conhecer) as características da amostra e dos grupos sendo comparados, quando aplicável.<sup>188</sup>
- Verificar aderência ao protocolo do estudo, incluindo critérios de inclusão/exclusão, tamanho da amostra e perdas amostrais.<sup>188</sup>
- Permitir a replicação do estudo.<sup>188</sup>
- Meta-analisar os dados junto a estudos similares.<sup>188</sup>
- Avaliar a generalização (validade externa) das conclusões do estudo.<sup>188</sup>

### 21.4.3 O que é a falácia da ‘Tabela 1’?

- Falácia da Tabela 1 ocorre pela interpretação errônea dos P-valores na comparação entre grupos, na linha de base, de um ensaio clínico aleatorizado.<sup>189</sup>

### 21.4.4 Como construir a ‘Tabela 1’?

- A Tabela 1 geralmente é utilizada para descrever as características da amostra estudada, possibilitando a análise de ameaças à validade interna e/ou externa ao estudo.<sup>190,191</sup>

**R** O pacote *table1*<sup>184</sup> fornece a função *table1*<sup>a</sup> para construção de tabelas.

<sup>a</sup><https://search.r-project.org/CRAN/refmans/table1/html/table1.html>

**R** O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_summary*<sup>a</sup> para construção da ‘Tabela 1’ com dados descritivos.

<sup>a</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl\\_summary.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl_summary.html)

## 21.5 Tabela 2

### 21.5.1 Qual a utilidade da ‘Tabela 2’?

- A Tabela 2 mostra associações ajustadas multivariadas com o resultado para variáveis resumidas na Tabela 1.<sup>187</sup>

### 21.5.2 O que é a falácia da ‘Tabela 2’?

- A Tabela 2 pode induzir ao erro de interpretação pelas estimativas de efeitos para covariáveis do modelo também serem utilizados para controlar a confusão da exposição.<sup>187,192</sup>
- Ao apresentar estimativas de efeito ajustadas para covariáveis juntamente com a estimativa de efeito ajustada para a exposição primária, a Tabela 2 sugere implicitamente que todas estas estimativas podem ser interpretadas de forma semelhante, se não de forma idêntica, como estimativa do efeito total.<sup>187,192</sup>
- A falácia da Tabela 2 pode ser evitada limitando-se a tabela a estimativas das medidas primárias do efeito de exposição nos diferentes modelos, com as covariáveis secundárias de “ajuste” relatadas em uma nota de rodapé, juntamente com a forma como foram categorizadas ou modeladas.<sup>187</sup>

### 21.5.3 Como construir a ‘Tabela 2’?

- A Tabela 2 pode ser utilizada para apresentar estimativas de múltiplos efeitos ajustados de um mesmo modelo estatístico.<sup>187</sup>



O pacote *table1*<sup>184</sup> fornece a função *table1<sup>a</sup>* para construção de tabelas.

<sup>a</sup><https://search.r-project.org/CRAN/refmans/table1/html/table1.html>



O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_summary<sup>a</sup>* para construção da ‘Tabela 1’ com dados descritivos.

<sup>a</sup>[https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl\\_summary.html](https://search.r-project.org/CRAN/refmans/gtsummary/html/tbl_summary.html)

## 21.6 Gráficos

### 21.6.1 O que são gráficos?

- Gráficos são utilizados para apresentar dados (geralmente em grande quantidade) de modo mais intuitivo e fácil de compreender.<sup>193</sup>

### 21.6.2 Quais são os tipos de gráficos para variáveis categóricas?

- Gráfico de barras: Mais usado para comparar frequências absolutas ou relativas entre categorias.<sup>?</sup>
- Gráfico de barras empilhadas: Útil para comparar proporções entre grupos em mais de uma variável categórica.<sup>?</sup>

### 21.6.3 Quais são os tipos de gráficos para variáveis numéricas?

- Histograma: Distribuição de frequência de uma variável contínua. Mostra a forma da distribuição (simétrica, assimétrica, bimodal).<sup>?</sup>

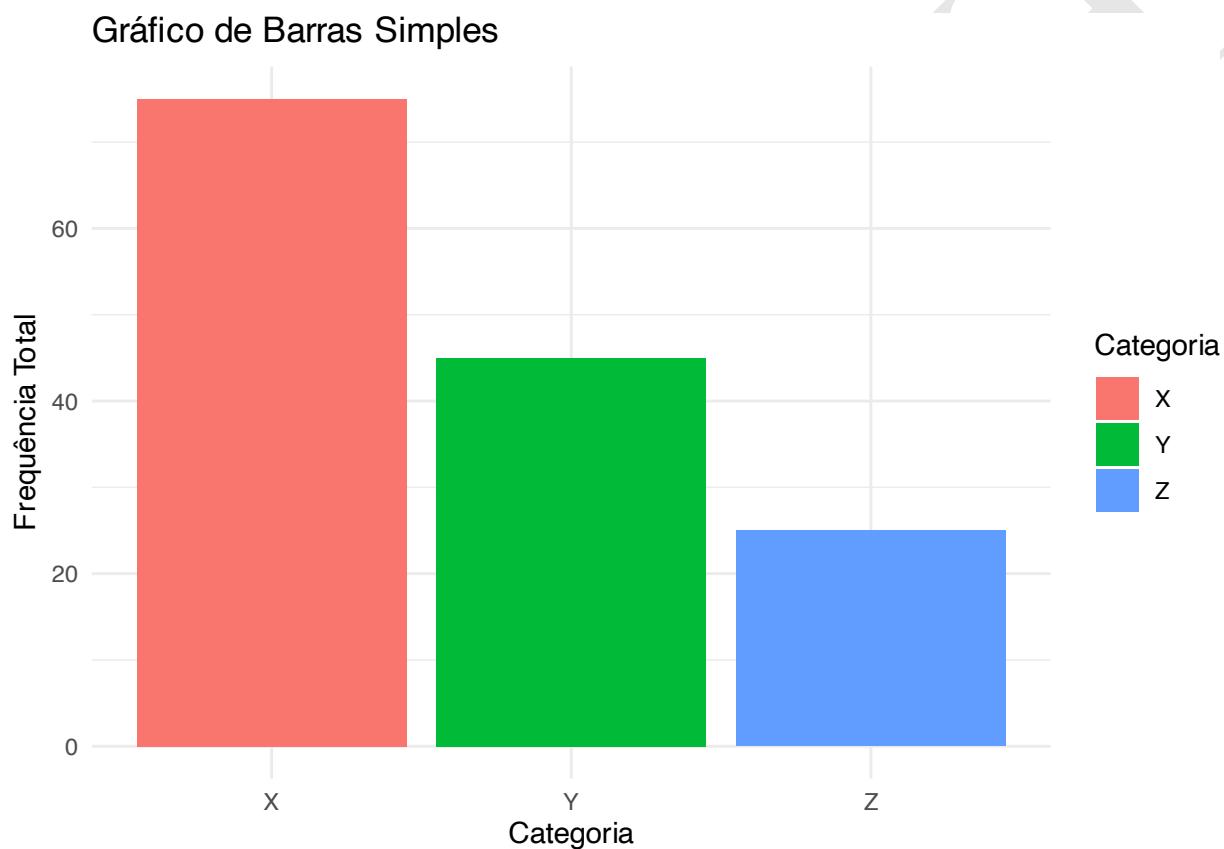


Figura 21.1: Gráfico de barras simples representando frequências por categoria.

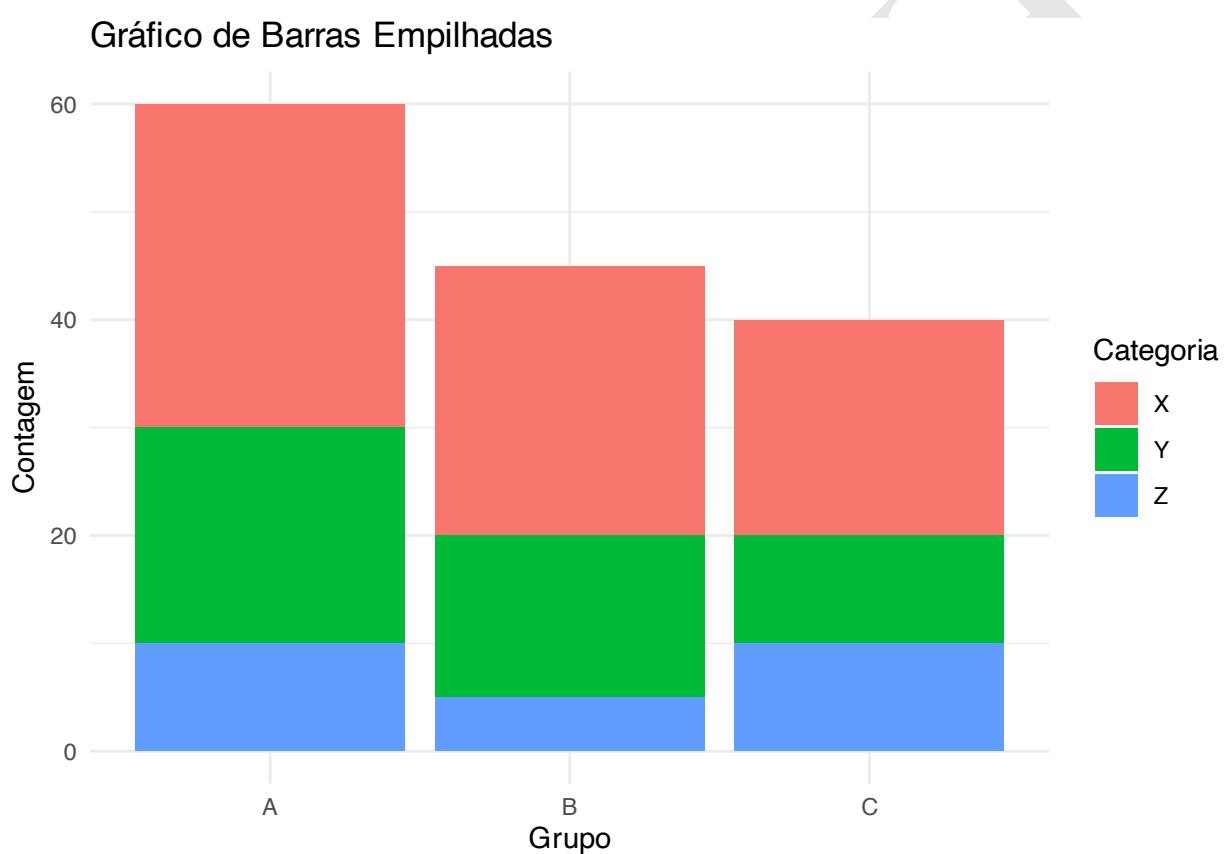


Figura 21.2: Gráfico de barras empilhadas representando frequências por categoria.

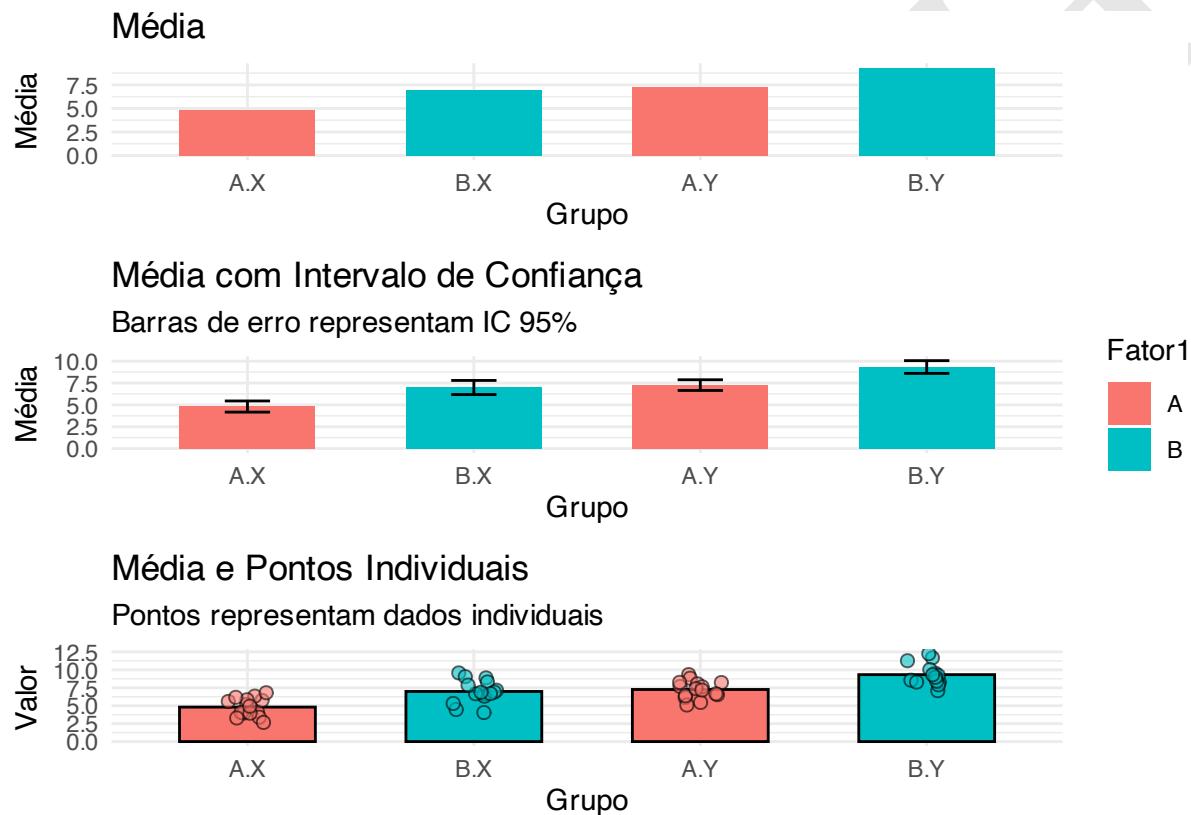


Figura 21.3: Gráficos de barras representando médias, barras de erro e dados individuais.

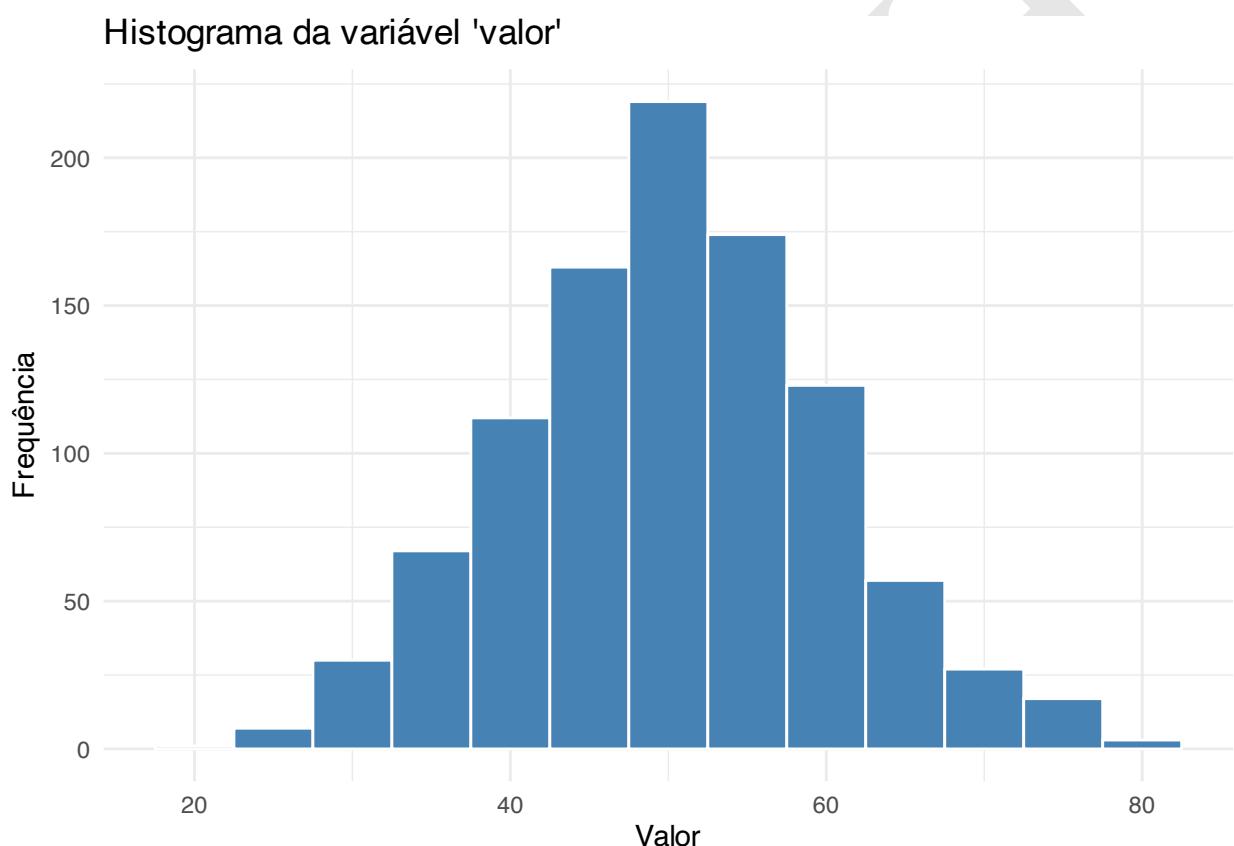


Figura 21.4: Histograma da variável 'valor'.

- Gráfico de densidade: Similar ao histograma, mas mais suave. Útil para avaliar a distribuição.<sup>?</sup>

### Gráfico de Densidade da variável 'valor'

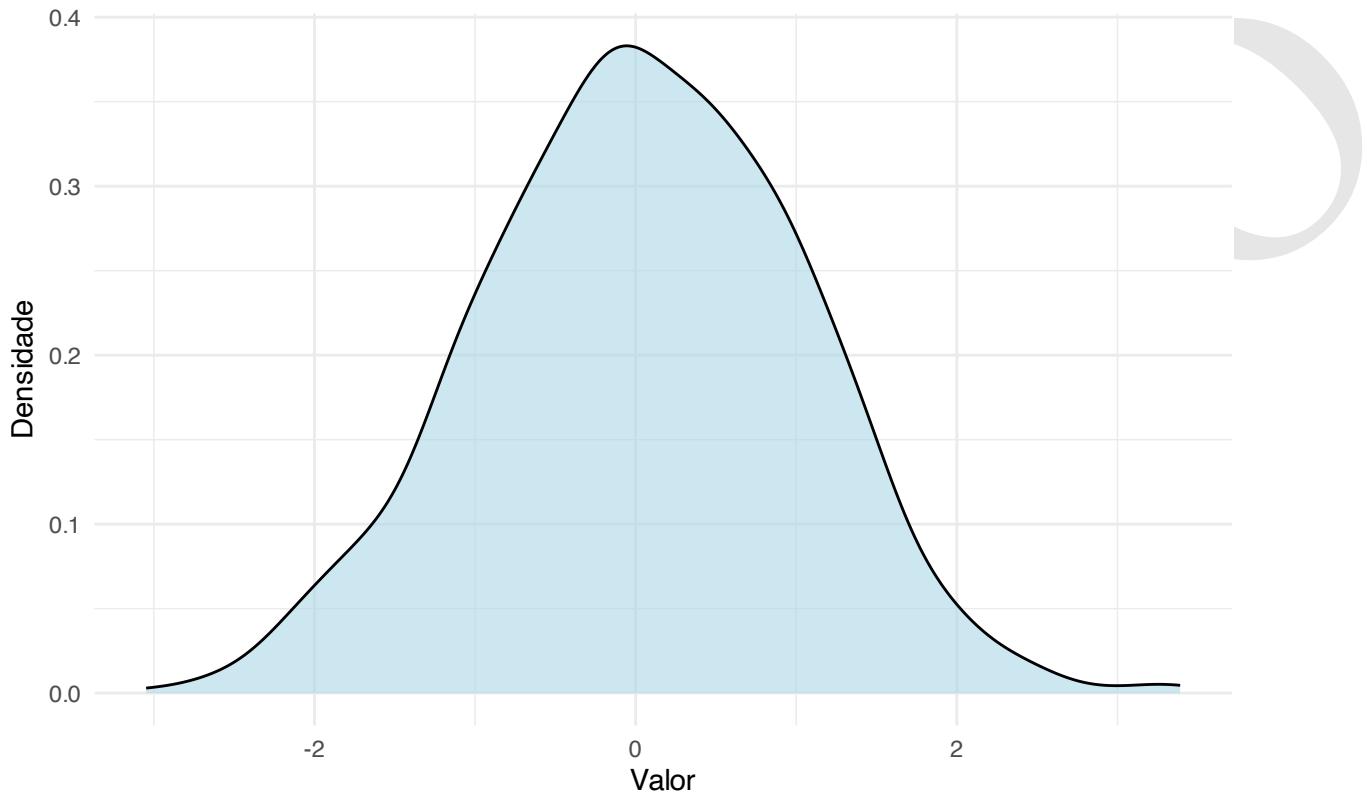


Figura 21.5: Gráfico de densidade da variável 'valor'.

- Diagrama de caixa (*boxplot*): Resume mediana, quartis e valores extremos. Excelente para comparar grupos.<sup>?</sup>
- Gráfico de violino: Combina boxplot e densidade, mostrando a distribuição da variável. Útil para comparar grupos.<sup>?</sup>
- Gráfico de pontos (*dot plot*): Mostra cada valor individualmente, útil para pequenas amostras e para visualizar a distribuição.<sup>?</sup>

#### 21.6.4 Quais são os tipos de gráficos para relações entre variáveis?

- Gráfico de dispersão (*scatter plot*): Mostra a relação entre duas variáveis quantitativas. Ideal para investigar correlações.<sup>?</sup>
- Gráfico de bolhas (*bubble chart*): Expande o gráfico de dispersão adicionando uma terceira variável (tamanho da bolha).<sup>?</sup>

#### 21.6.5 Quais são os tipos de gráficos para séries temporais?

- Gráfico de linhas: Mostra a evolução de uma variável ao longo do tempo, com pontos conectados por linhas.<sup>?</sup>

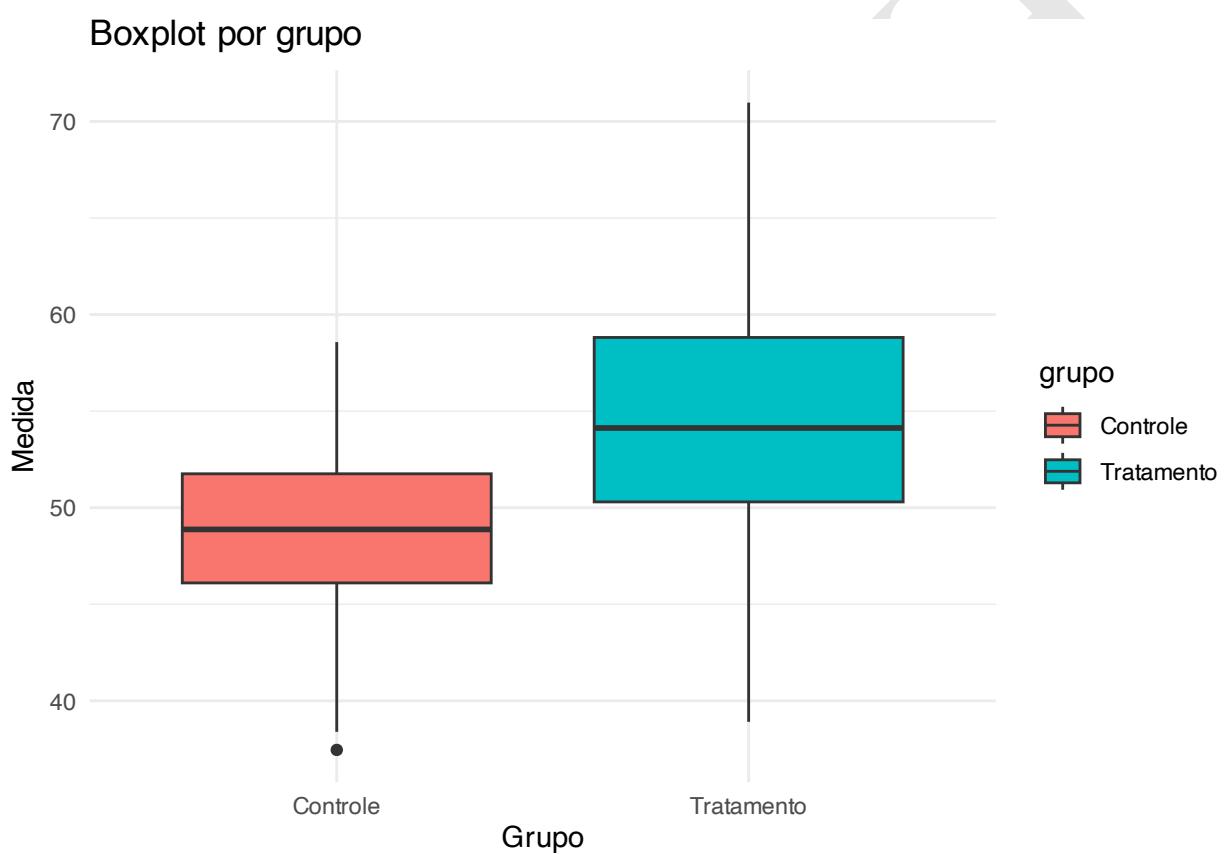


Figura 21.6: Boxplot por grupo.

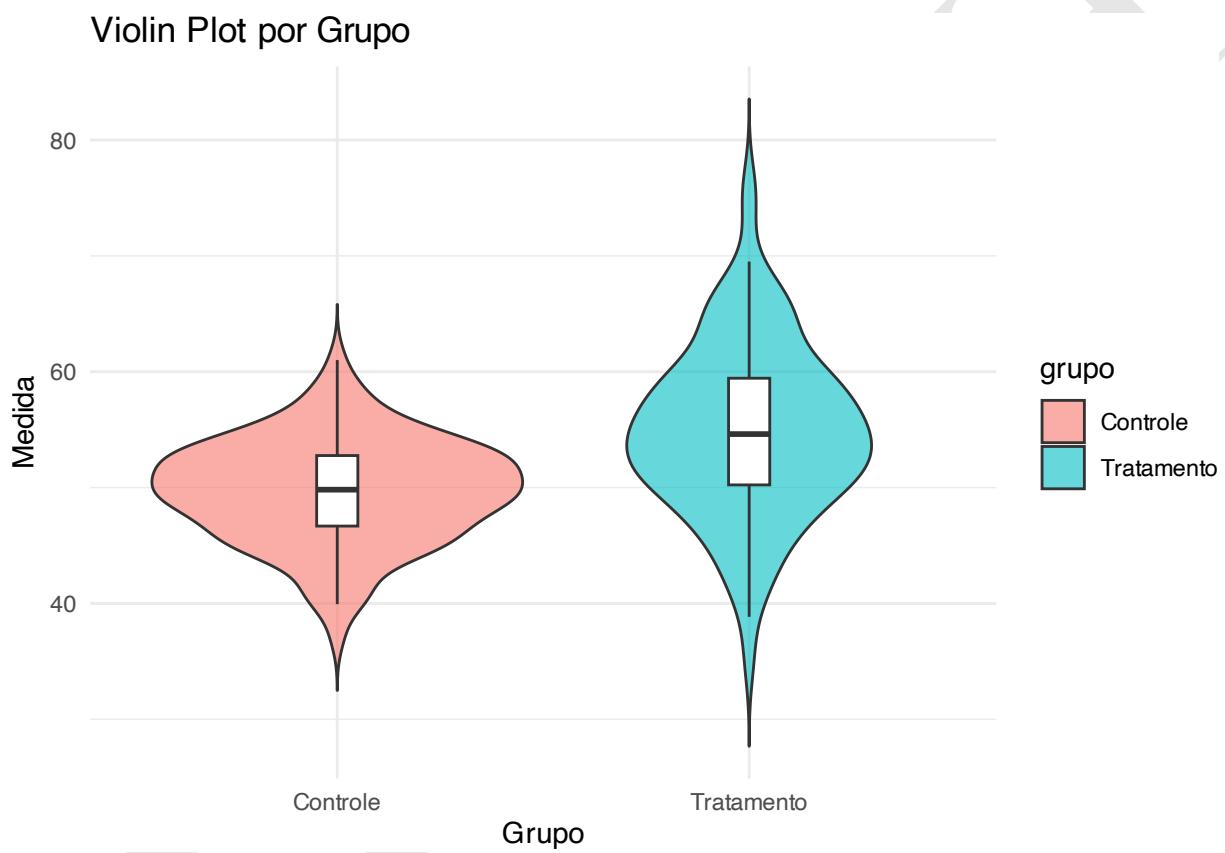


Figura 21.7: Violin plot por grupo.

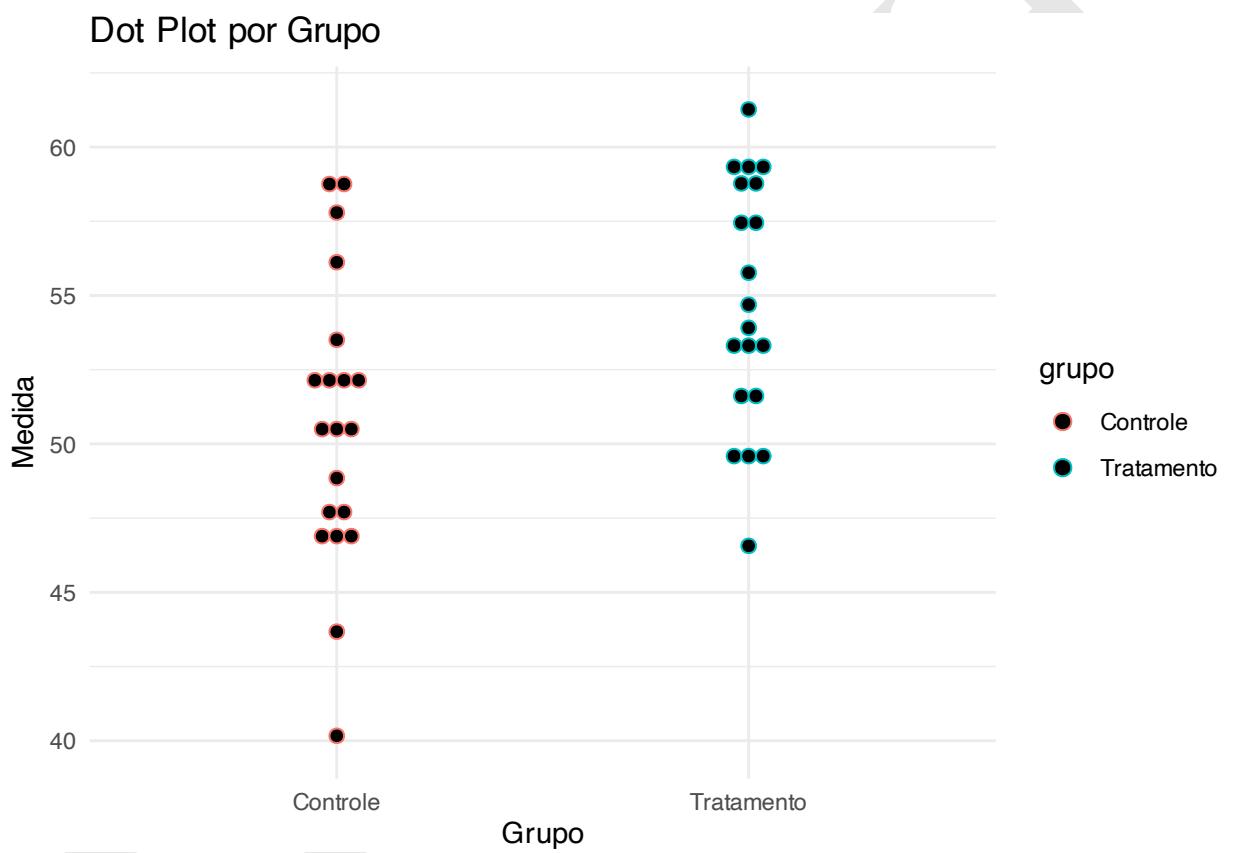


Figura 21.8: Gráfico de pontos da variável 'valor'.

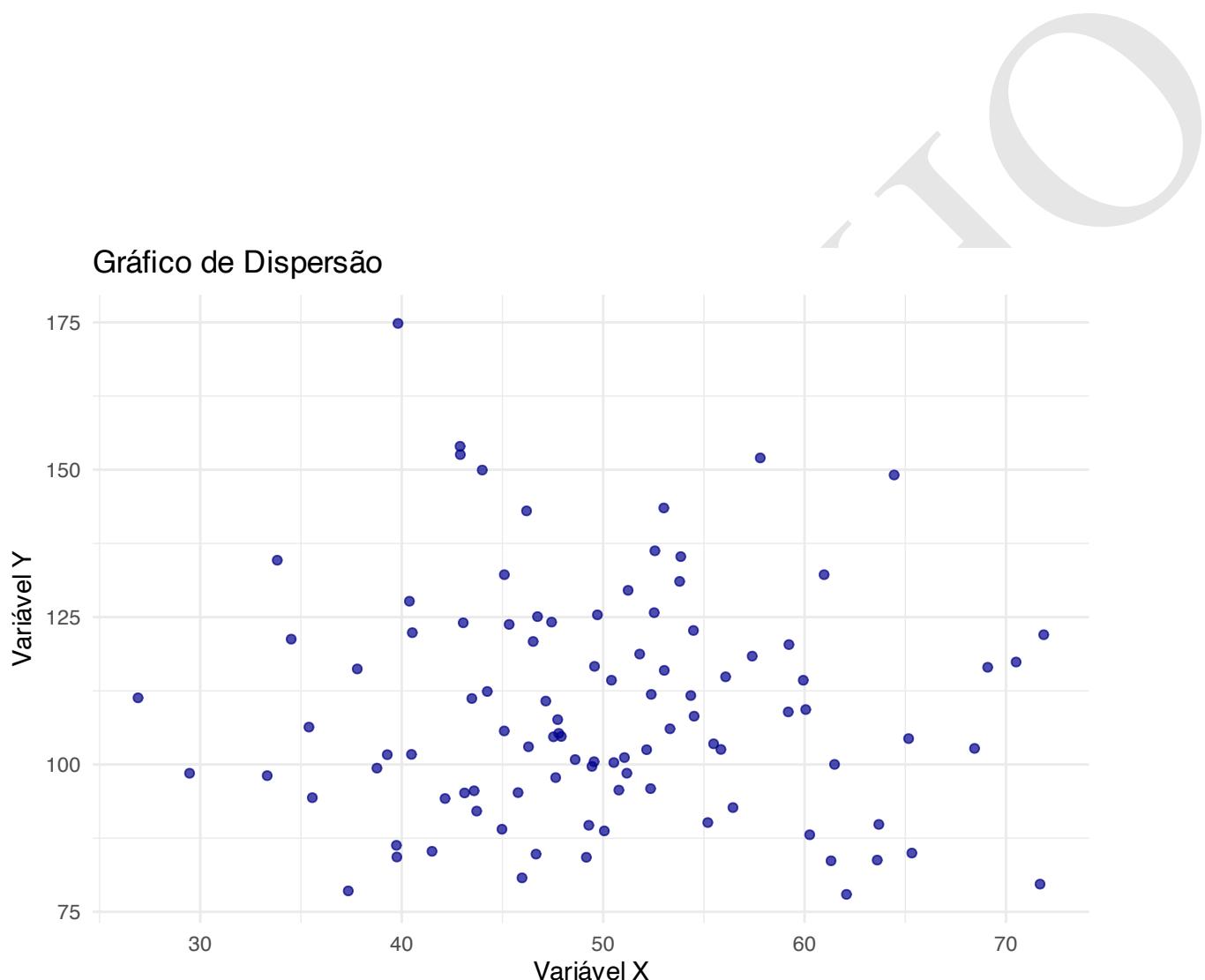


Figura 21.9: Gráfico de dispersão representando a relação entre duas variáveis.

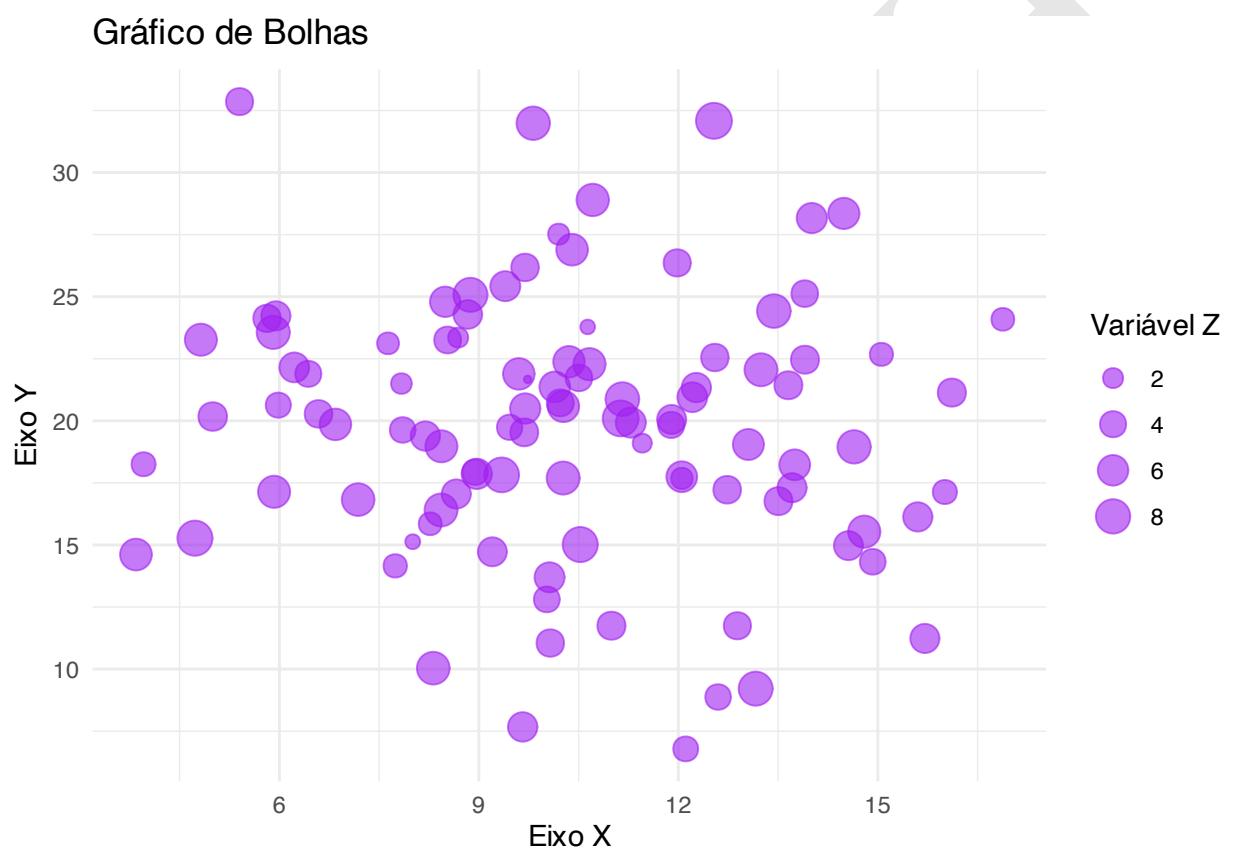


Figura 21.10: Gráfico de bolhas representando a relação entre três variáveis.

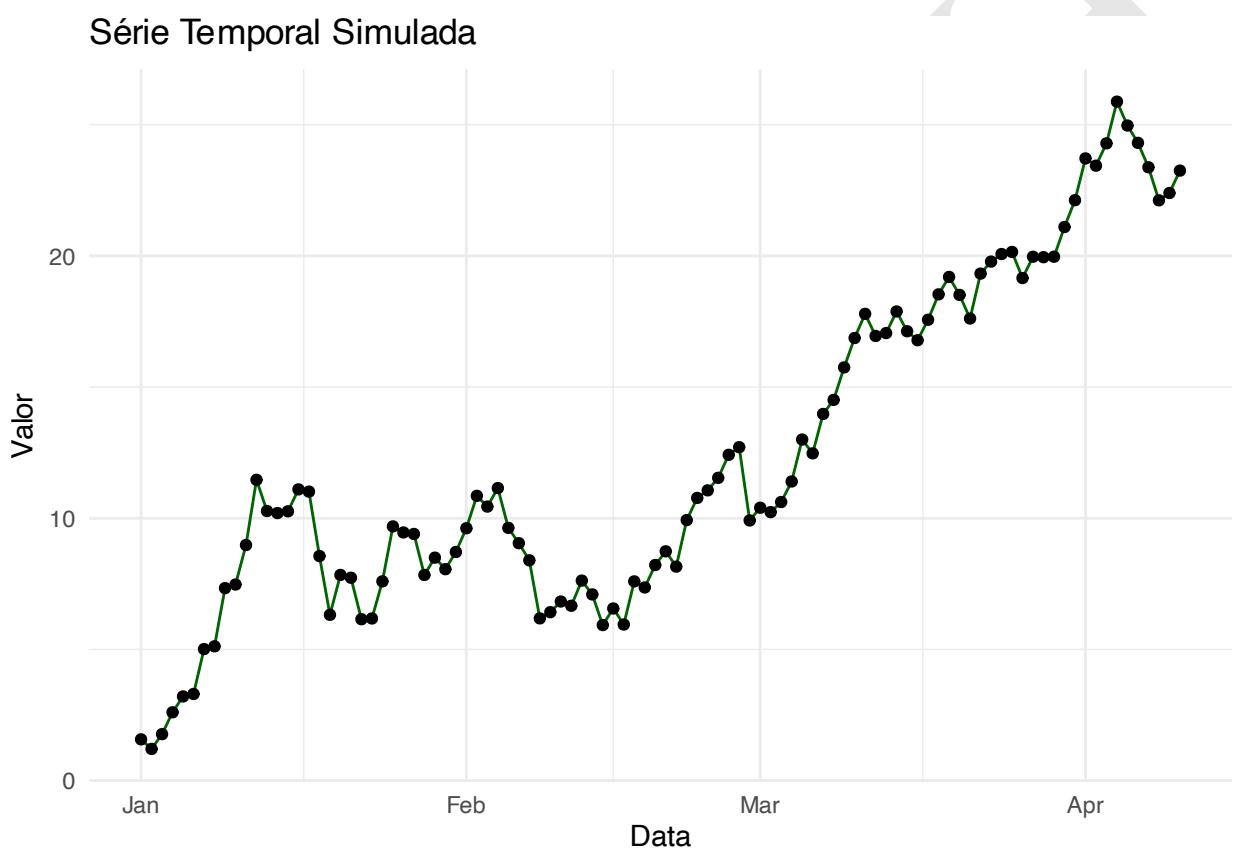


Figura 21.11: Gráfico de linha representando uma série temporal.

### 21.6.6 Quais são os tipos de gráficos para dados multivariados?

- Gráfico de dispersão: Representa a relação entre duas variáveis, com pontos e uma linha de tendência.<sup>192</sup>

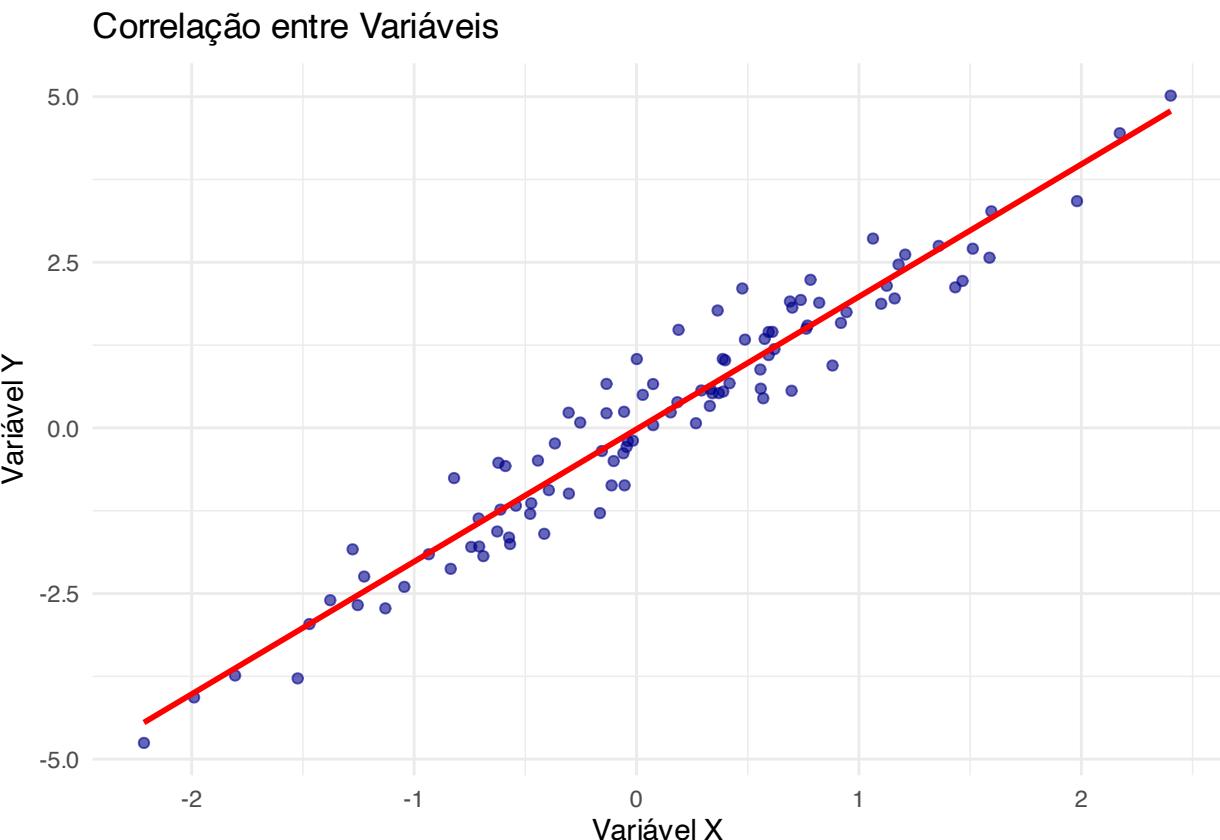


Figura 21.12: Gráfico de correlação entre duas variáveis com linha de tendência.

- Gráfico de matriz de dispersão: Mostra relações entre múltiplas variáveis quantitativas, útil para identificar padrões.<sup>193</sup>
- Gráfico de calor (*heatmap*): Representa dados em uma matriz, com cores indicando intensidade ou frequência.<sup>194</sup>
- Gráfico de radar (ou gráfico de aranha): Representa várias variáveis em um único gráfico, útil para comparar perfis.<sup>195</sup>

### 21.6.7 Que elementos incluir em gráficos?

- Título, eixos horizontal e vertical com respectivas unidades, escalas em intervalos representativos das variáveis, legenda com símbolos, síntese descritiva dos valores e respectiva margem de erro, conforme necessário para adequada interpretação.<sup>193</sup>



Os pacotes *ggplot2*<sup>174</sup>, *plotly*<sup>194</sup> e *corrplot*<sup>195</sup> fornecem diversas funções para construção de gráficos tais como *ggplot*<sup>a</sup>, *plot\_ly*<sup>b</sup> e *corrplot*<sup>c</sup> respectivamente.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/ggplot2/versions/3.4.3/topics/ggplot>

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/plotly/versions/4.10.2/topics/plot\\_ly](https://www.rdocumentation.org/packages/plotly/versions/4.10.2/topics/plot_ly)

<sup>c</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/corrplot/versions/0.92/topics/corrplot>

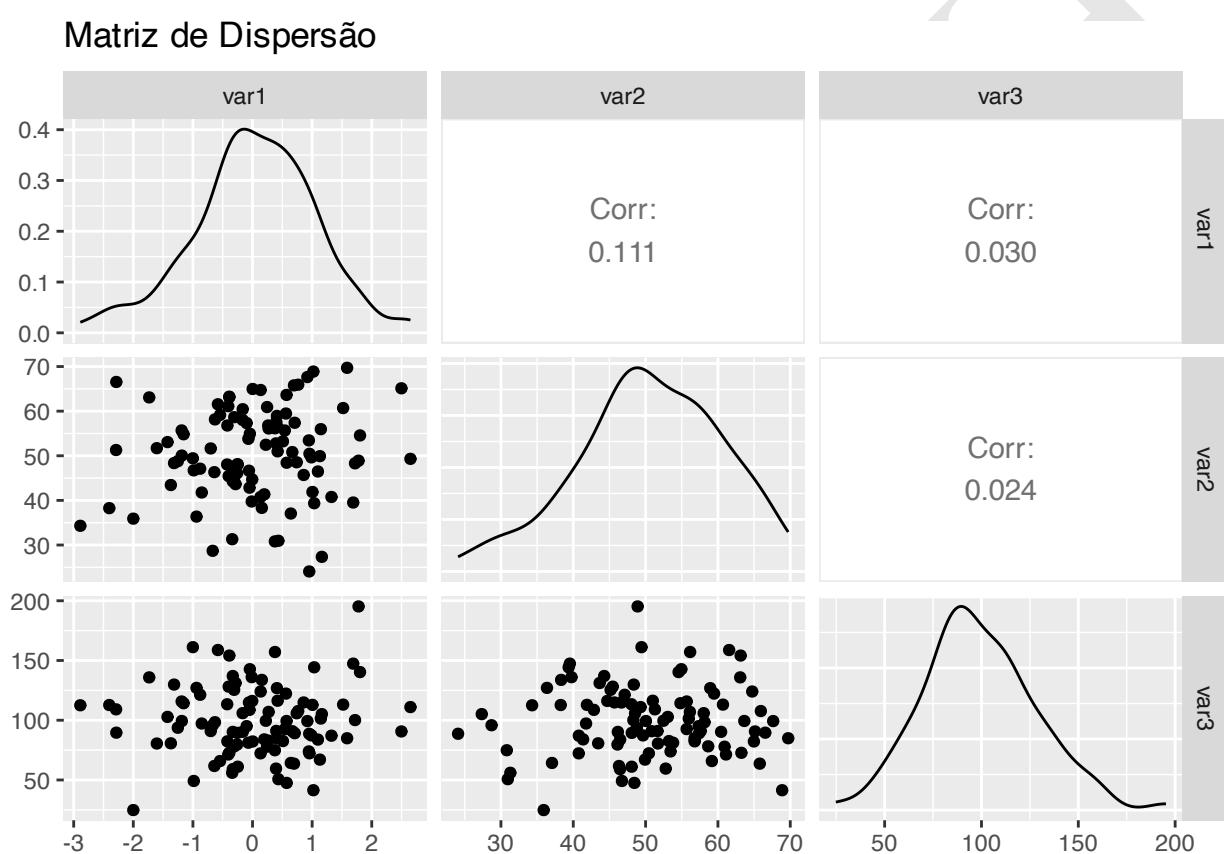


Figura 21.13: Matriz de dispersão representando relações entre múltiplas variáveis.

### Mapa de Calor da Correlação entre Variáveis

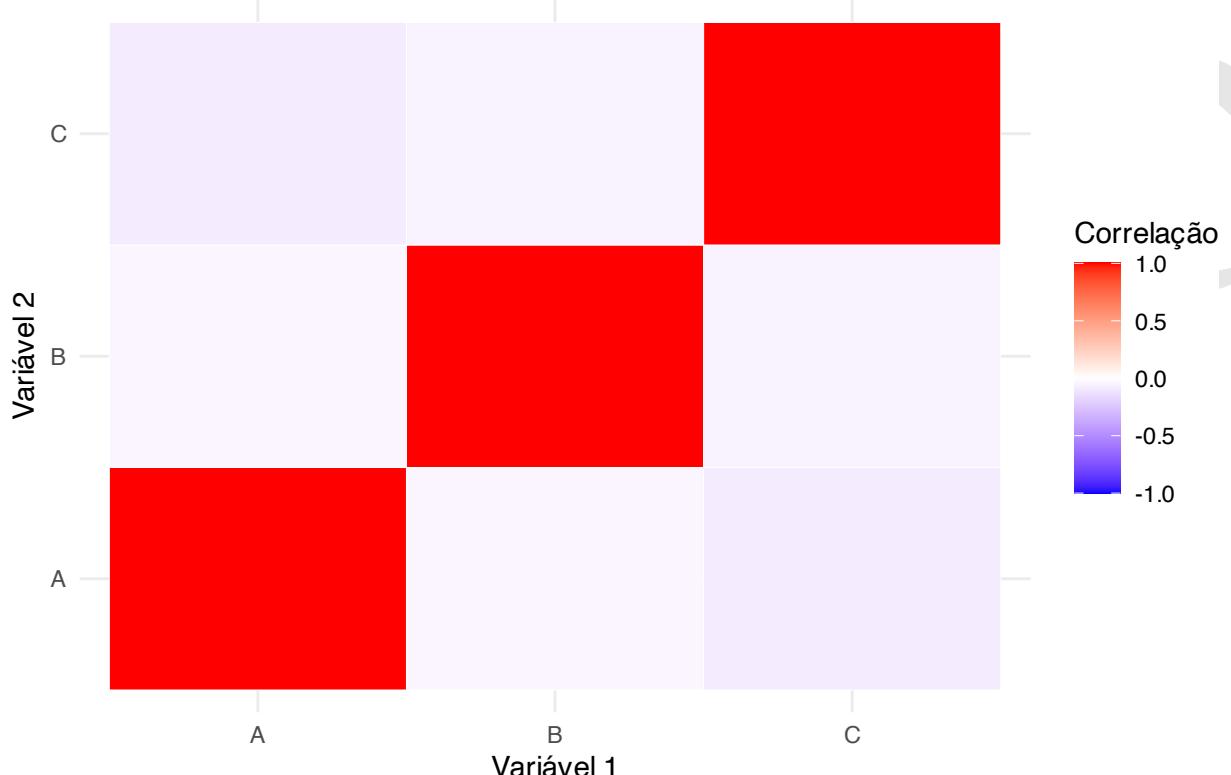


Figura 21.14: Mapa de calor da correlação entre variáveis.

### Gráfico de Radar - Perfis Simulados

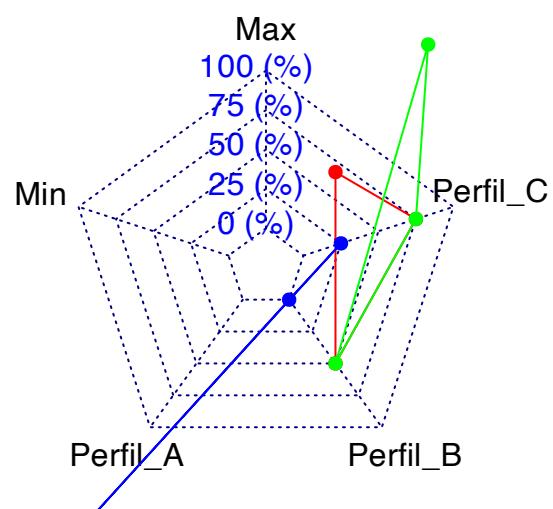


Figura 21.15: Gráfico radar representando múltiplas variáveis.

### 21.6.8 Para que servem as barras de erro em gráficos?

- Barras de erro ajudam ao autor a apresentar as informações que descrevem os dados (por exemplo, em uma análise descritiva) ou sobre as inferências ou conclusões tomadas a partir de dados.<sup>196,197</sup>
- Barras de erro mais longas representam mais imprecisão (maiores erros), enquanto barras mais curtas representam mais precisão na estimativa.<sup>196</sup>
- Barras de erro descritivas geralmente apresentam a amplitude (mínimo-máximo) ou desvio-padrão.<sup>196</sup>
- Barras de erro inferenciais geralmente apresentam o erro-padrão ou intervalo de confiança no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>196,197</sup>
- Barras de erro com desvio-padrão são úteis para descrever a variabilidade dos dados, enquanto as barras de erro com erro padrão da média são úteis para descrever a precisão do parâmetro estimado (média) e sua relação com o tamanho da amostra.<sup>197</sup>
- Barras de erro com intervalo de confiança são úteis para fornecer uma estimativa da incerteza da estimativa do parâmetro populacional.<sup>197</sup>
- O comprimento das barras de erro sugere graficamente a imprecisão dos dados do estudo, uma vez que o valor verdadeiro da população pode estar em qualquer nível do intervalo da barra.<sup>196</sup>
- De modo contraintuitivo, um espaço entre as barras não garante significância, nem a sobreposição a descarta—depende do tipo de barra.<sup>197</sup>
- Para amostras pequenas é preferível apresentar os dados brutos, uma vez que as barras de erro não serão muito informativas.<sup>197</sup>

### 21.6.9 Quais são as boas práticas na elaboração de gráficos?

- O tamanho da amostra total e subgrupos, se houver, deve estar descrito na figura ou na sua legenda.<sup>196</sup>
- Para análise inferencial de figuras, as barras de erro representadas por erro-padrão ou intervalo de confiança no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido são preferíveis à amplitude ou desvio-padrão.<sup>196,197</sup>
- Evite gráficos de barra e mostre a distribuição dos dados sempre que possível.<sup>198</sup>
- Exiba os pontos de dados em boxplots.<sup>198</sup>
- Use *jitter* simétrico em gráficos de pontos para permitir a visualização de todos os dados.<sup>198</sup>
- Prefira palhetas de cor adaptadas para daltônicos.<sup>198</sup>

**R**

O pacote *ggsci*<sup>199</sup> fornece palhetas de cores tais como *pal\_lancet*<sup>a</sup>, *pal\_nejm*<sup>b</sup> e *pal\_npg*<sup>c</sup> inspiradas em publicações científicas para uso em gráficos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal\\_lancet](https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal_lancet)

<sup>b</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal\\_nejm](https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal_nejm)

<sup>c</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal\\_npg](https://www.rdocumentation.org/packages/ggsci/versions/3.0.0/topics/pal_npg)

**R**

O pacote *grDevices*<sup>200</sup> fornece a função *dev.new*<sup>a</sup> para controlar diversos aspectos do gráfico, tais como tamanho e resolução.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/grDevices/versions/3.6.2/topics/dev>

### 21.6.10 Como exportar figuras em formato TIFF?

- ?



O pacote *tiff*<sup>201</sup> fornece a função *writeTIFF*<sup>a</sup> para exportar gráficos em formato TIFF.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/tiff/versions/0.1-11/topics/writeTIFF>

RASCUNHO

## Capítulo 22

# Distribuições e parâmetros

### 22.1 Distribuições de probabilidade

#### 22.1.1 O que são distribuições de probabilidade?

- Uma distribuição de probabilidade é uma função que descreve os valores possíveis ou o intervalo de valores de uma variável (eixo horizontal) e a frequência com que cada valor é observado (eixo vertical).<sup>56</sup>

#### 22.1.2 Como representar distribuições de probabilidade?

- Tabelas de frequência, polígonos de frequência, gráficos de barras, histogramas e *boxplots* são formas de representar distribuições de probabilidade.<sup>202</sup>
- Tabelas de frequência mostram as categorias de medição e o número de observações em cada uma. É necessário conhecer o intervalo de valores (mínimo e máximo), que é dividido em intervalos arbitrários chamados “intervalos de classe”.<sup>202</sup>
- Se houver muitos intervalos, não haverá redução significativa na quantidade de dados, e pequenas variações serão perceptíveis. Se houver poucos intervalos, a forma da distribuição não poderá ser adequadamente determinada.<sup>202</sup>
- A quantidade de intervalos pode ser determinada pelo método de Sturges, que é dado pela fórmula  $k = 1 + 3.322 \times \log_{10}(n)$ , onde  $k$  é o número de intervalos e  $n$  é o número de observações.<sup>203</sup>
- A quantidade de intervalos pode ser determinada pelo método de Scott, que é dado pela fórmula  $h = 3.5 \times \text{sd}(x) \times n^{-1/3}$ , onde  $h$  é a largura do intervalo,  $\text{sd}(x)$  é o desvio padrão e  $n$  é o número de observações.<sup>204</sup>
- A quantidade de intervalos pode ser determinada pelo método de Freedman-Diaconis, que é dado pela fórmula  $h = 2 \times \text{IQR}(x) \times n^{-1/3}$ , onde  $h$  é a largura do intervalo,  $\text{IQR}(x)$  é o intervalo interquartil e  $n$  é o número de observações.<sup>205</sup>
- A largura das classes pode ser determinada dividindo o intervalo total de observações pelo número de classes. Recomenda-se larguras iguais, mas larguras desiguais podem ser usadas quando existirem grandes lacunas nos dados ou em contextos específicos. Os intervalos devem ser mutuamente exclusivos e não sobrepostos, evitando intervalos abertos (ex.:  $<5, >10$ ).<sup>202</sup>
- Polígonos de frequência são gráficos de linhas que conectam os pontos médios de cada barra do histograma. Eles são úteis para comparar duas ou mais distribuições de frequência.<sup>202</sup>
- Gráficos de barra verticais ou horizontais representam a distribuição de frequências de uma variável categórica. A altura de cada barra é proporcional à frequência da classe. A largura da barra é igual à largura da

classe. A área de cada barra é proporcional à frequência da classe. A área total do gráfico de barras é igual ao número total de observações.<sup>202</sup>

- Histogramas representam a distribuição de frequências de uma variável contínua. A altura de cada barra é proporcional à frequência da classe. A largura da barra é igual à largura da classe. A área de cada barra é proporcional à frequência da classe. A área total do histograma é igual ao número total de observações.<sup>202</sup>
- *Boxplots* representam a distribuição de frequências de uma variável contínua. A linha central divide os dados em duas partes iguais (mediana ou Q2). A caixa inferior representa o primeiro quartil (Q1) e a caixa superior representa o terceiro quartil (Q3). A linha inferior é o mínimo e a linha superior é o máximo. Os valores atípicos são representados por pontos individuais.<sup>202</sup>

**R**

O pacote *grDevices*<sup>200</sup> fornece a função *nclass*<sup>a</sup> para determinar a quantidade de classes de um histograma com os métodos de Sturge<sup>203</sup>, Scott<sup>204</sup> ou Freedman-Diaconis<sup>205</sup>.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/grDevices/versions/3.6.2/topics/nclass>

**R**

O pacote *ggplot2*<sup>174</sup> fornece a função *geom\_freqpoly*<sup>a</sup> para criar histogramas.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggplot2/versions/3.5.2/topics/geom\\_freqpoly](https://www.rdocumentation.org/packages/ggplot2/versions/3.5.2/topics/geom_freqpoly)

### 22.1.3 Quais características definem uma distribuição?

- Uma distribuição pode ser definida por modelos matemáticos e caracterizada por parâmetros de tendência central, dispersão, simetria e curtose.

### 22.1.4 Quais são as distribuições mais comuns?

- Distribuições discretas:
  - Bernoulli: resultado de um único teste com dois possíveis desfechos (sucesso ou fracasso).?
  - Binomial: número de sucessos em  $k$  tentativas.?
  - Geométrica: número de testes até o 1º sucesso.?
  - Binomial negativa: número de testes até o  $k$ -ésimo sucesso.?
  - Hipergeométrica: número de indivíduos na amostra tomados sem reposição.?
  - Poisson: número de eventos em um intervalo de tempo fixo.?
  - Uniforme: resultados (finitos) que são igualmente prováveis.?
  - Multinomial: resultados de múltiplos testes com mais de dois possíveis desfechos.?
- Distribuições contínuas:
  - Uniforme: resultados que possuem a mesma densidade.?
  - Exponencial: tempo entre eventos.?
  - Normal: .?
  - Aproximação binomial: número de sucessos em uma grande quantidade de tentativas.?
  - Aproximação Poisson: número de ocorrências em um intervalo de tempo fixo.?
  - t-Student: .?

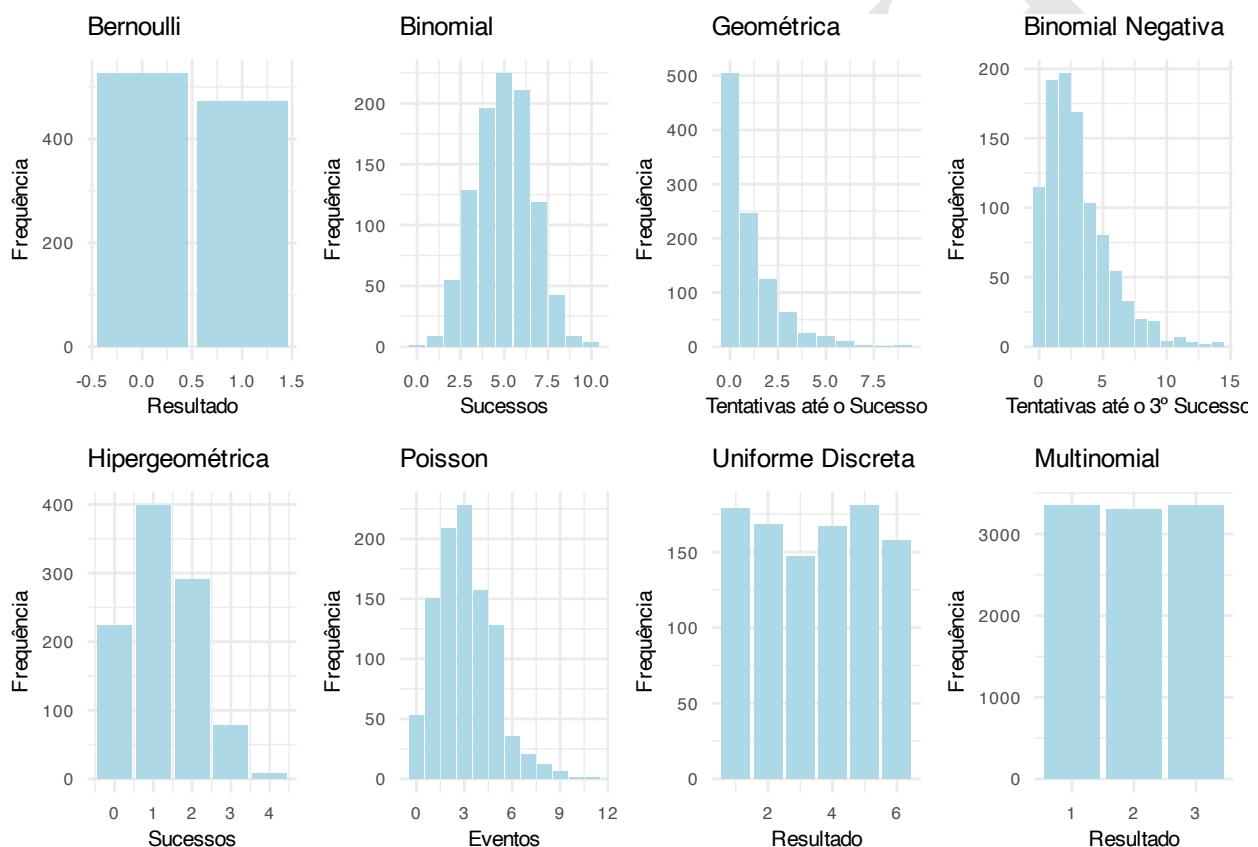


Figura 22.1: Distribuições discretas e suas funções de probabilidade.

– Qui-quadrado: ?

– Weibull: ?

– Gama: ?

– Log-normal: ?

– Beta: ?

– Logística: ?

– Pareto: ?

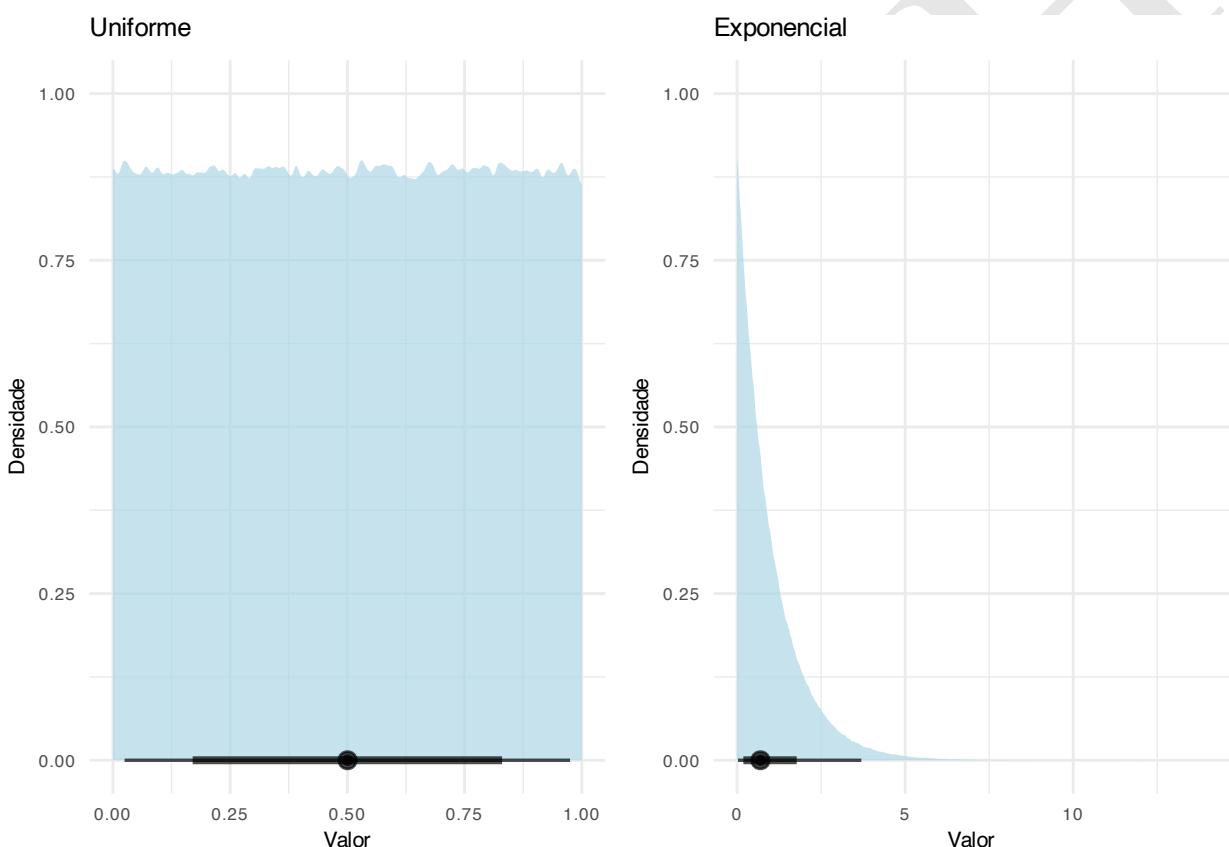


Figura 22.2: Distribuições contínuas básicas e suas funções de densidade.

### 22.1.5 Quais são as funções de uma distribuição?

- Função de massa de probabilidade (*probability mass function, pmf*).?
- Função de distribuição cumulativa (*cumulative distribution function, cdf*).?
- Função quantílicas (*quantile function, qf*).?
- Função geradora de números aleatórios (*random function, rf*).?

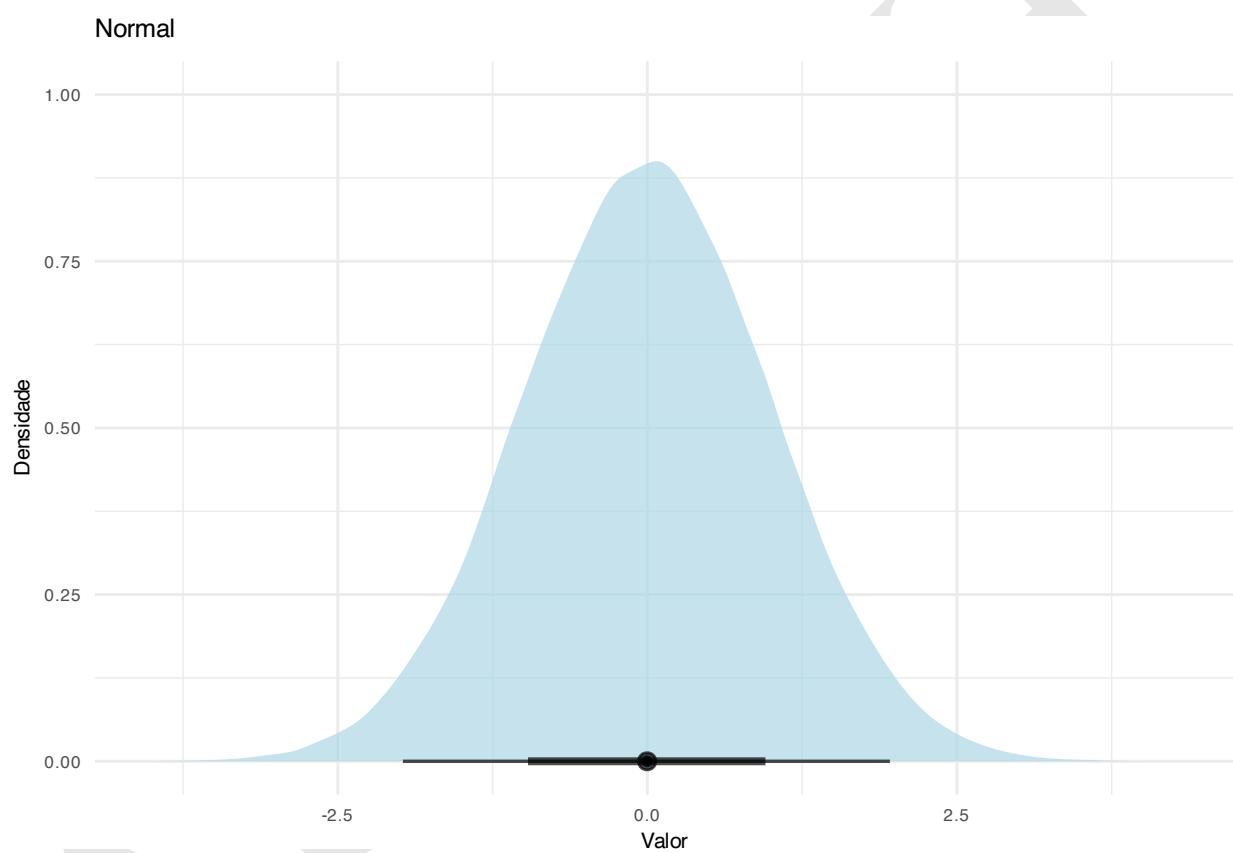


Figura 22.3: Distribuições contínuas aproximadas e suas funções de densidade.

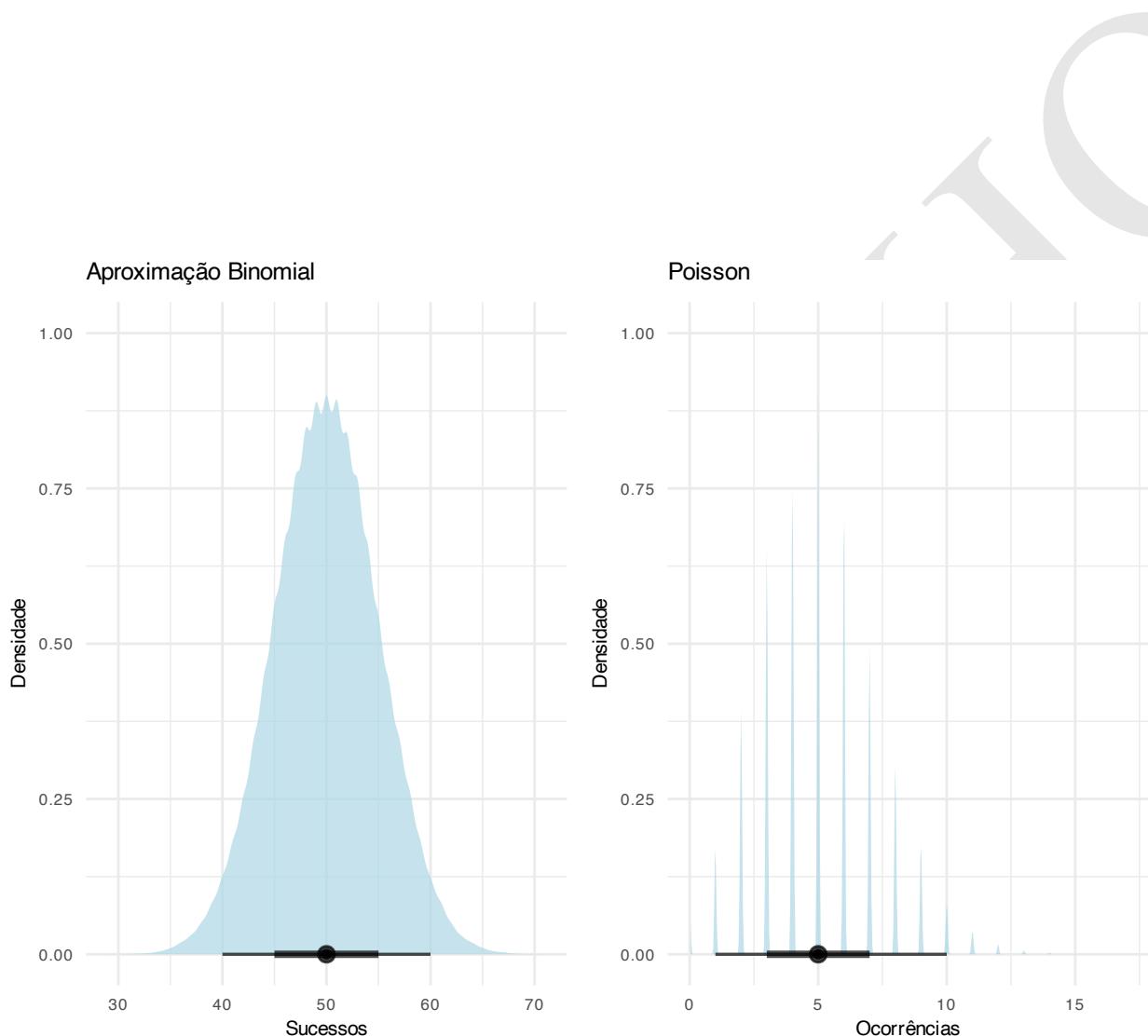


Figura 22.4: Distribuições contínuas aproximadas e suas funções de densidade.

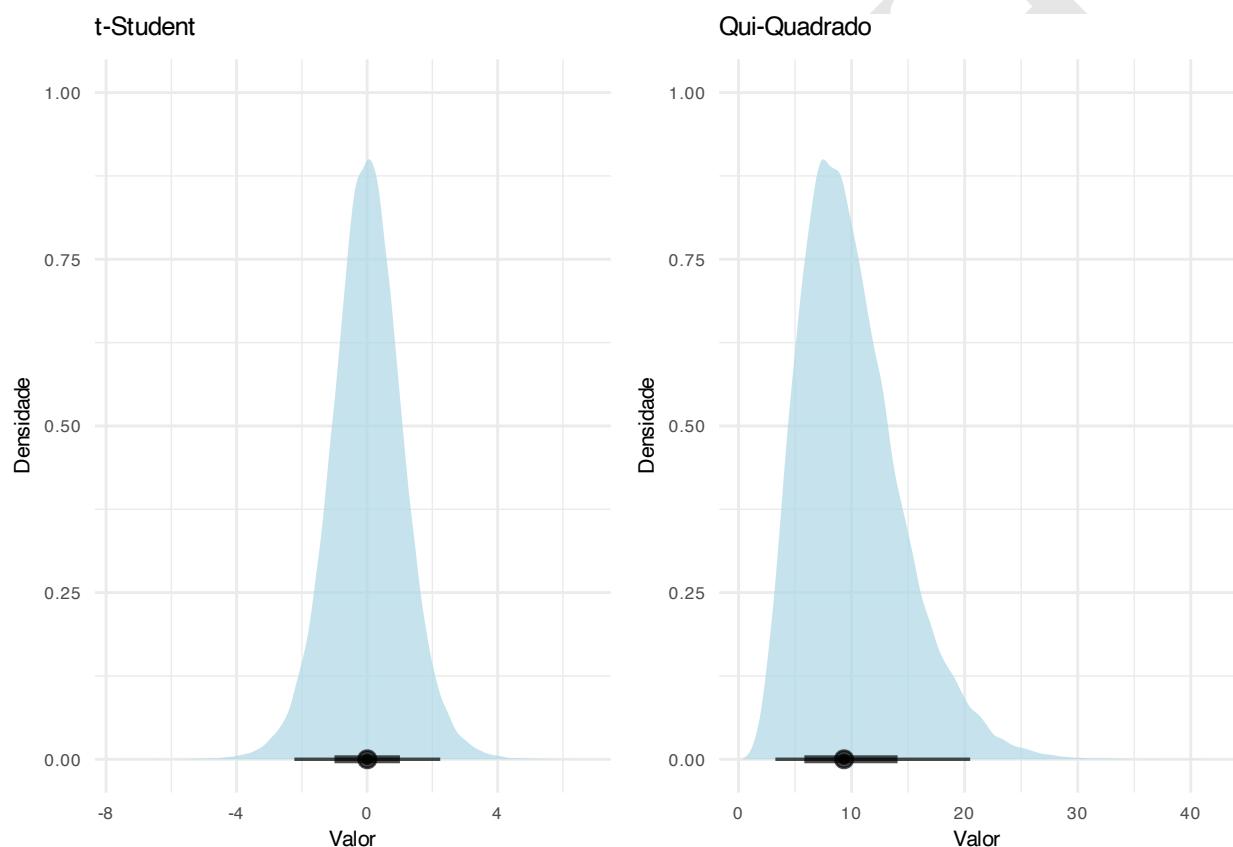


Figura 22.5: Distribuições contínuas para inferência e suas funções de densidade.

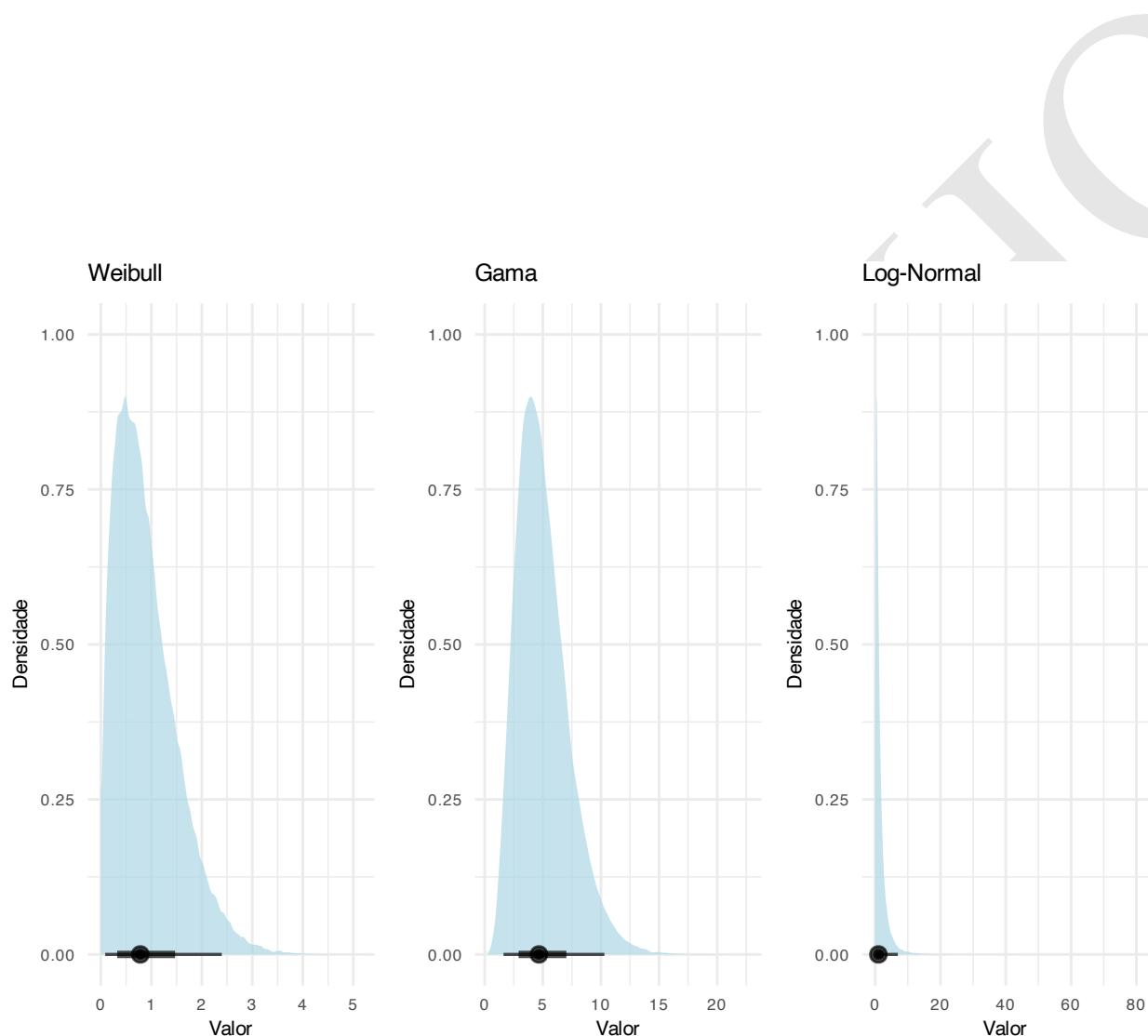


Figura 22.6: Distribuições contínuas para dados específicos e suas funções de densidade.

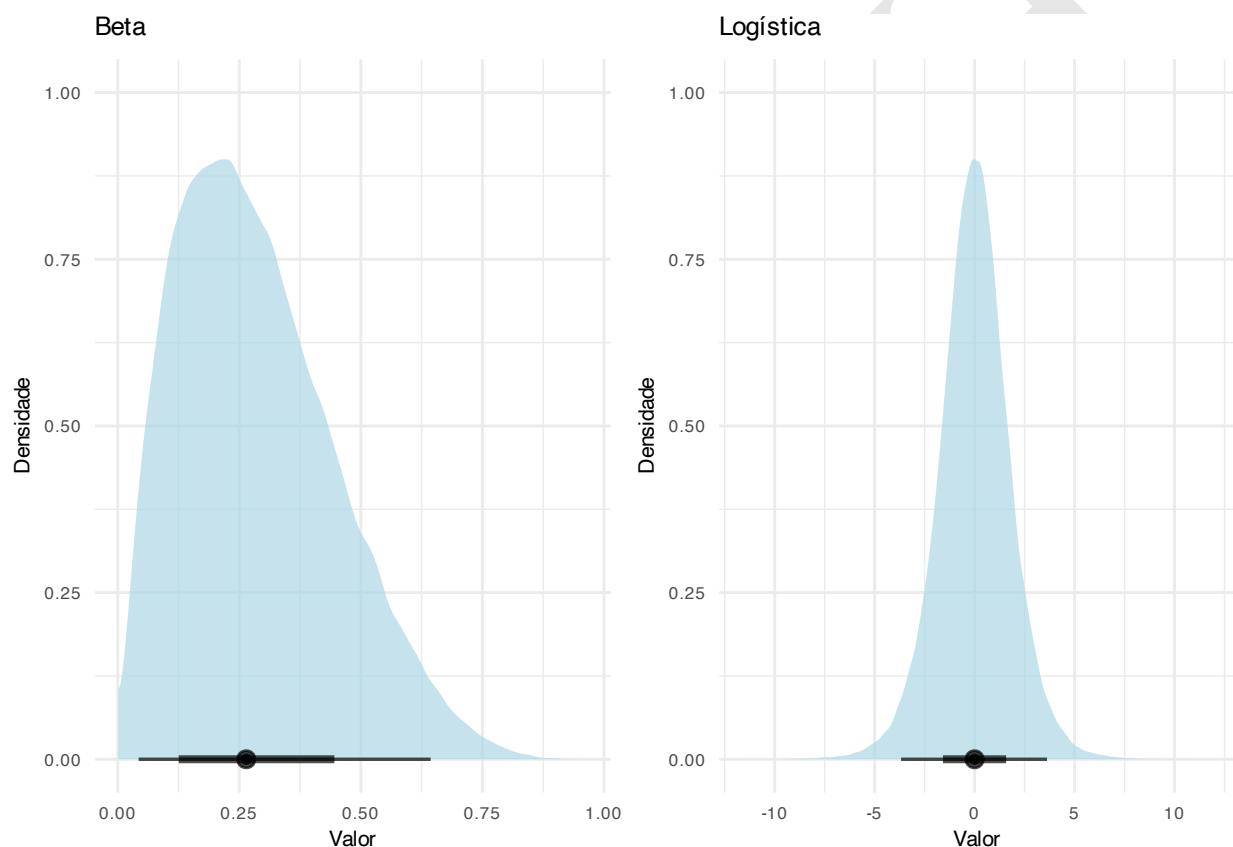


Figura 22.7: Distribuições contínuas para probabilidades e proporções e suas funções de densidade.

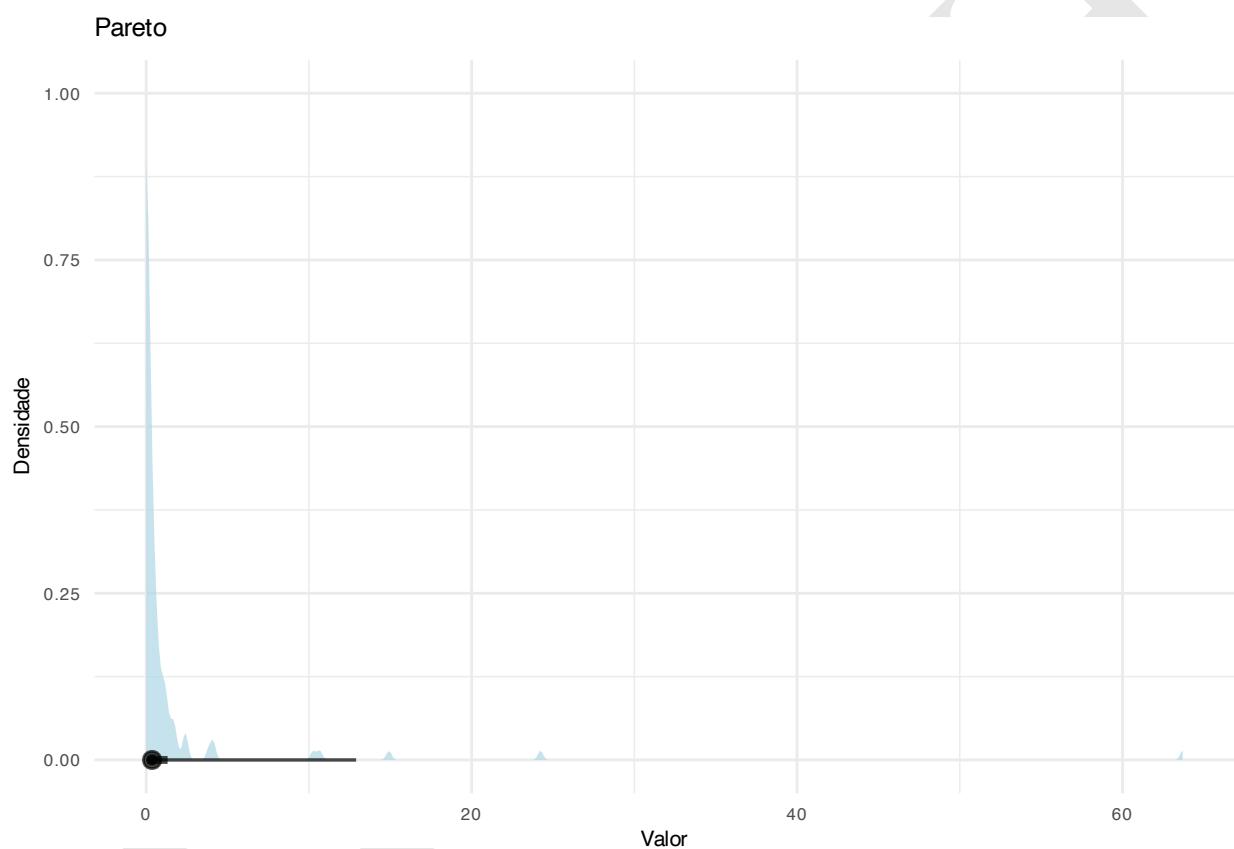


Figura 22.8: Distribuições contínuas com caudas pesadas e suas funções de densidade.



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece funções de distribuição de probabilidade (p), funções de densidade (d), funções quantílicas (q) e funções geradoras de números aleatórios (r) para as distribuições normal<sup>a</sup>, Student t<sup>b</sup>, binomial<sup>c</sup>, qui-quadrado<sup>d</sup>, uniforme<sup>e</sup>, dentre outras.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/Normal>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/TDist>

<sup>c</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/Binomial>

d<https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/Chisquare>e<https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/Uniform>

O pacote *ggdist*<sup>206</sup> fornece a função *geom\_slabinterval*<sup>a</sup> para criar gráficos de distribuição de probabilidade (p) e funções de densidade (d) as distribuições.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggdist/versions/3.3.0/topics/geom\\_slabinterval](https://www.rdocumentation.org/packages/ggdist/versions/3.3.0/topics/geom_slabinterval)



O pacote *ggfortify*<sup>207</sup> fornece a função *ggdistribution*<sup>a</sup> para criar gráficos de distribuição de probabilidade (p), funções de densidade (d), funções quantílicas (q) e funções geradoras de números aleatórios (r) para as distribuições.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/ggfortify/versions/0.4.16/topics/ggdistribution>

## 22.1.6 O que é a distribuição normal?

- A distribuição normal (ou gaussiana) é uma distribuição com desvios simétricos positivos e negativos em torno de um valor central.<sup>57</sup>
- Em uma distribuição normal, o intervalo de 1 desvio-padrão ( $\pm 1DP$ ) inclui cerca de 68% dos dados; de 2 desvios-padrão ( $\pm 2DP$ ) cerca de 95% dos dados; e no intervalo de 3 desvios-padrão ( $\pm 3DP$ ) cerca de 99% dos dados.<sup>57</sup>

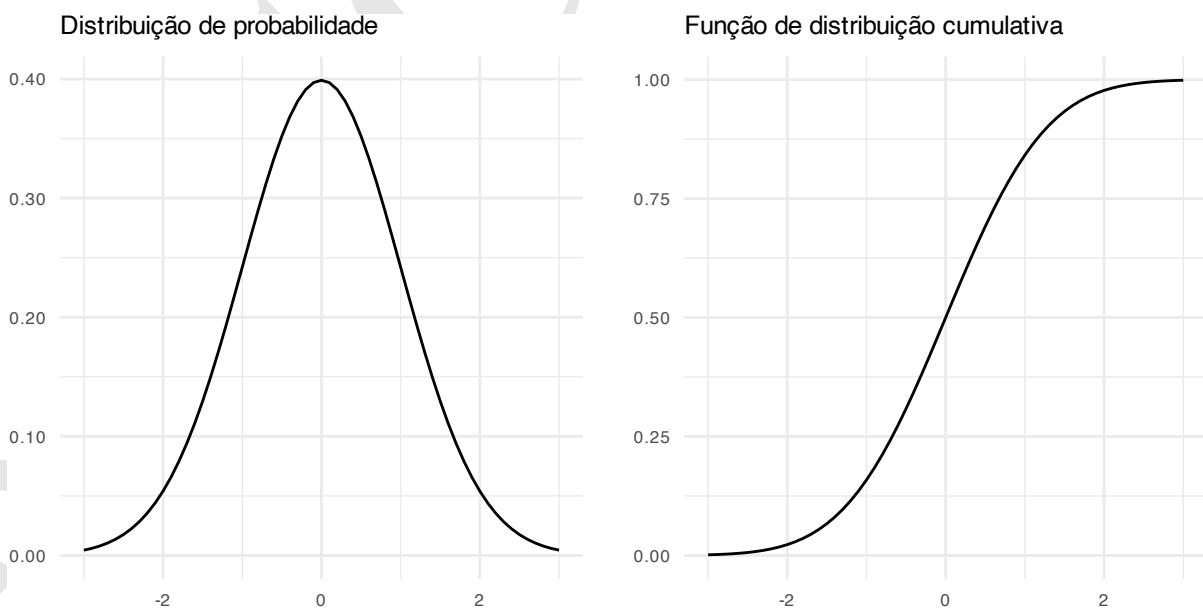


Figura 22.9: Distribuições e funções de probabilidade.

### 22.1.7 Que métodos podem ser utilizados para identificar a normalidade da distribuição?

- Histogramas.<sup>56</sup>
- Gráficos Q-Q.<sup>56</sup>
- Testes de hipótese nula:<sup>56</sup>
  - Kolmogorov-Smirnov
  - Shapiro-Wilk
  - Anderson-Darling

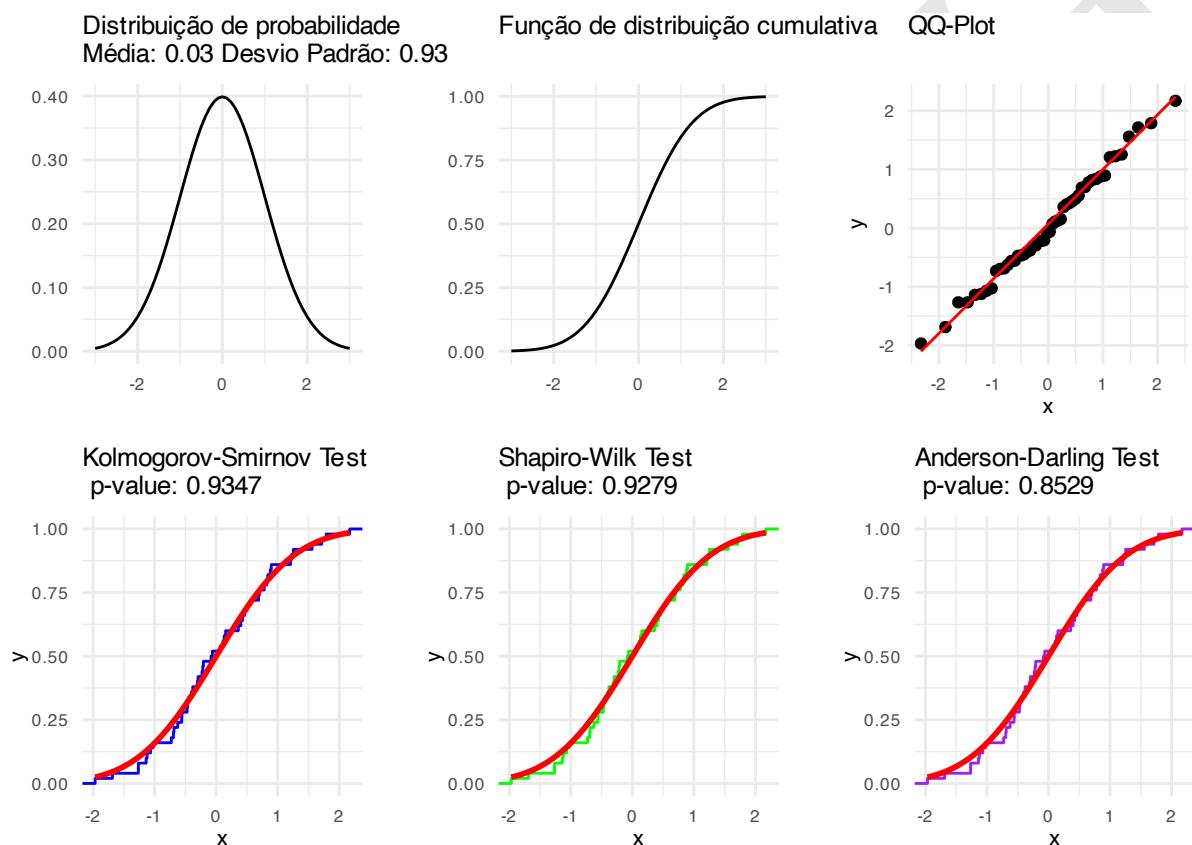


Figura 22.10: Distribuição normal e métodos de visualização e testes de normalidade.

### 22.1.8 O que são distribuições não-normais?

- ?

## 22.2 Parâmetros

### 22.2.1 O que são parâmetros?

- Parâmetros são informações que definem um modelo teórico, como propriedades de uma coleção de indivíduos.<sup>55</sup>

- Parâmetros definem características de uma população inteira, tipicamente não observados por ser inviável ter acesso a todos os indivíduos que constituem tal população.<sup>56</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>

### 22.2.2 O que é uma análise paramétrica?

- Testes paramétricos possuem suposições sobre as características e/ou parâmetros da distribuição dos dados na população.<sup>56</sup>
- Testes paramétricos assumem que: a variável é quantitativa numérica (contínua); os dados foram amostrados de uma população com distribuição normal; a variância da(S) amostra(s) é igual à da população; as amostras foram selecionadas de modo aleatório na população; os valores de cada amostra são independentes entre si.<sup>56,57</sup>
- Testes paramétricos são baseados na suposição de que os dados amostrais provêm de uma população com parâmetros fixos determinando sua distribuição de probabilidade.<sup>6</sup>

### 22.2.3 O que é uma análise não paramétrica?

- Testes não-paramétricos fazem poucas suposições, ou menos rigorosas, sobre as características e/ou parâmetros da distribuição dos dados na população.<sup>56,57</sup>
- Testes não-paramétricos são úteis quando as suposições de normalidade não podem ser sustentadas.<sup>57</sup>

### 22.2.4 Devemos testar as suposições de normalidade?

- Testes preliminares de normalidade não são necessários para a maioria dos testes paramétricos de comparação, pois eles são robustos contra desvios moderados da normalidade. Normalidade da distribuição deve ser estabelecida para a população.<sup>208</sup>

### 22.2.5 Por que as análises paramétricas são preferidas?

- Em geral, testes paramétricos são mais robustos (isto é, possuem menores erros tipo I e II) que seus testes não-paramétricos correspondentes.<sup>56,190,209</sup>
- Testes não-paramétricos apresentam menor poder estatístico (maior erro tipo II) comparados aos testes paramétricos correspondentes.<sup>57</sup>

### 22.2.6 Que parâmetros podem ser estimados?

- Parâmetros de tendência central.<sup>57,210</sup>
- Parâmetros de dispersão.<sup>57,210,211</sup>
- Parâmetros de proporção.<sup>57,210,212,212</sup>
- Parâmetros de distribuição.<sup>210</sup>
- Parâmetros de extremos.<sup>57</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>

## 22.3 Tendência central

### 22.3.1 Que parâmetros de tendência central podem ser estimados?

- *Média*: aritmética, ponderada, geométrica ou harmônica.<sup>57,210,213</sup>
- *Mediana*.<sup>57,210,214</sup>
- *Moda*.<sup>57,210,214</sup>
- A posição relativa das medidas de tendência central (média, mediana e moda) depende da forma da distribuição.<sup>214</sup>
- Em uma distribuição normal, as três medidas são idênticas.<sup>214</sup>
- A média é sempre puxada para os valores extremos, por isso é deslocada para a cauda em distribuições assimétricas.<sup>214</sup>
- A mediana fica entre a média e a moda em distribuições assimétricas.<sup>214</sup>
- A moda é o valor mais frequente e, portanto, se localiza no pico da distribuição assimétrica.<sup>214</sup>
- Uma distribuição pode uma moda (unimodal), duas modas (bimodal) ou três ou mais modas (multimodal), indicando a presença de mais de um valor com alta frequência.<sup>214</sup>



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>

### 22.3.2 Como escolher o parâmetro de tendência central?

- A mediana é preferida à média quando existem poucos valores extremos na distribuição, alguns valores são indeterminados, ou há uma distribuição aberta, ou os dados são medidos em uma escala ordinal.<sup>214</sup>
- A moda é preferida quando os dados são medidos em uma escala nominal.<sup>214</sup>
- A média geométrica é preferida quando os dados são medidos em uma escala logarítmica.<sup>214</sup>

## 22.4 Dispersão

### 22.4.1 Que parâmetros de dispersão podem ser estimados?

- *Variância*.<sup>57,210</sup>
- *Desvio-padrão*: Informam sobre a dispersão da população e são, portanto, úteis como preditores da variação em novas amostras.<sup>197,211,215</sup>
- *Erro-padrão*: Refletem a incerteza na média e sua dependência do tamanho da amostra.<sup>197,211</sup>
- *Amplitude*.<sup>57,210,215</sup>
- *Intervalo interquartil*.<sup>57,210,215</sup>

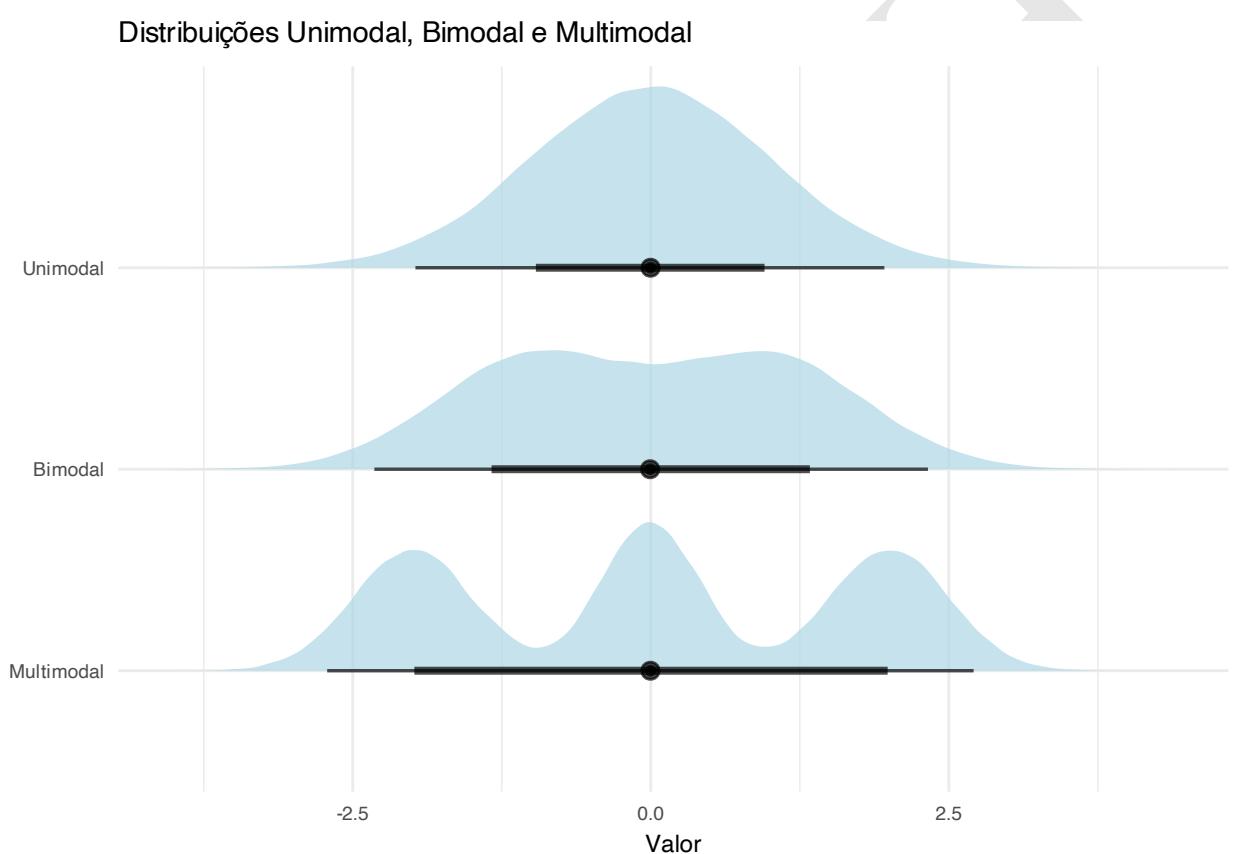


Figura 22.11: Distribuições unimodal, bimodal e multimodal.

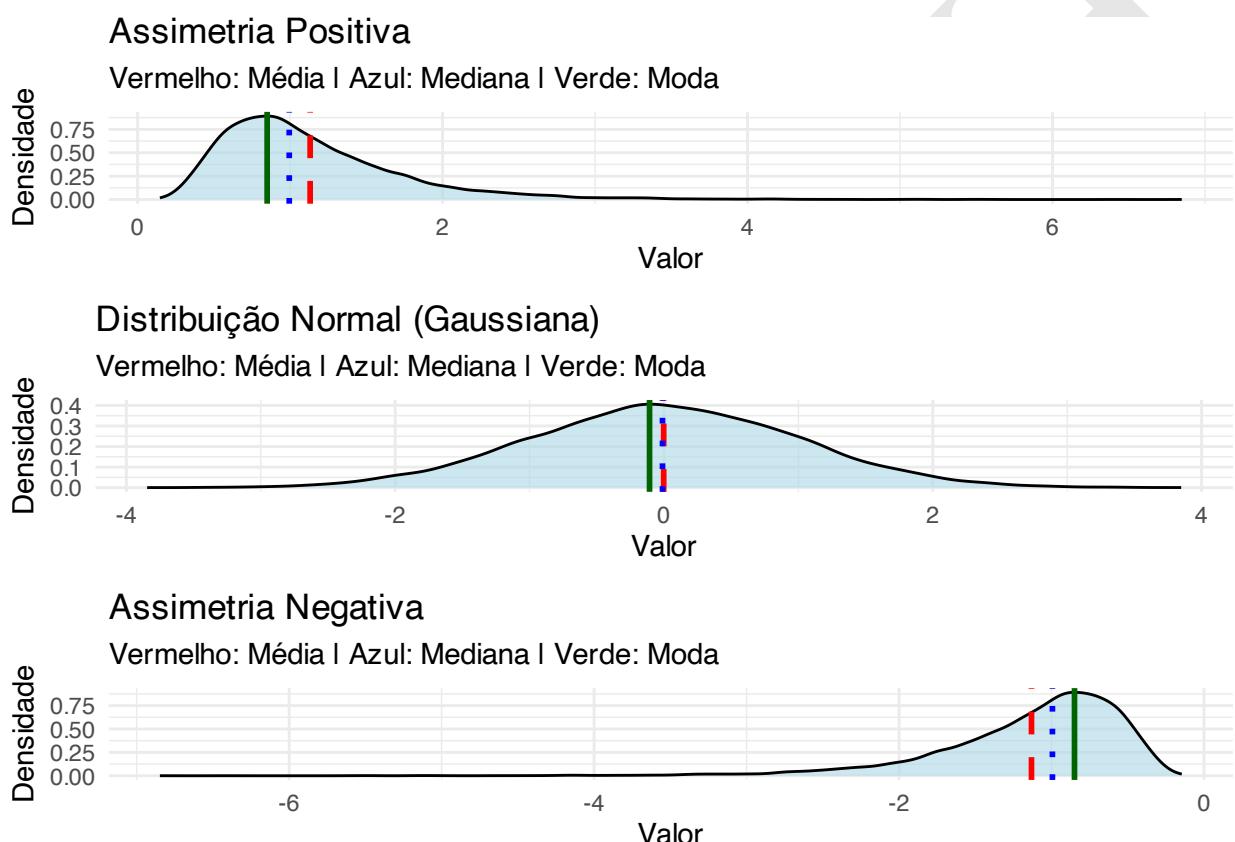


Figura 22.12: Parâmetros de tendência central em distribuições assimétricas e normais.

- *Intervalo de confiança*: Captura a média populacional correspondente ao nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>57,196,197,210</sup>

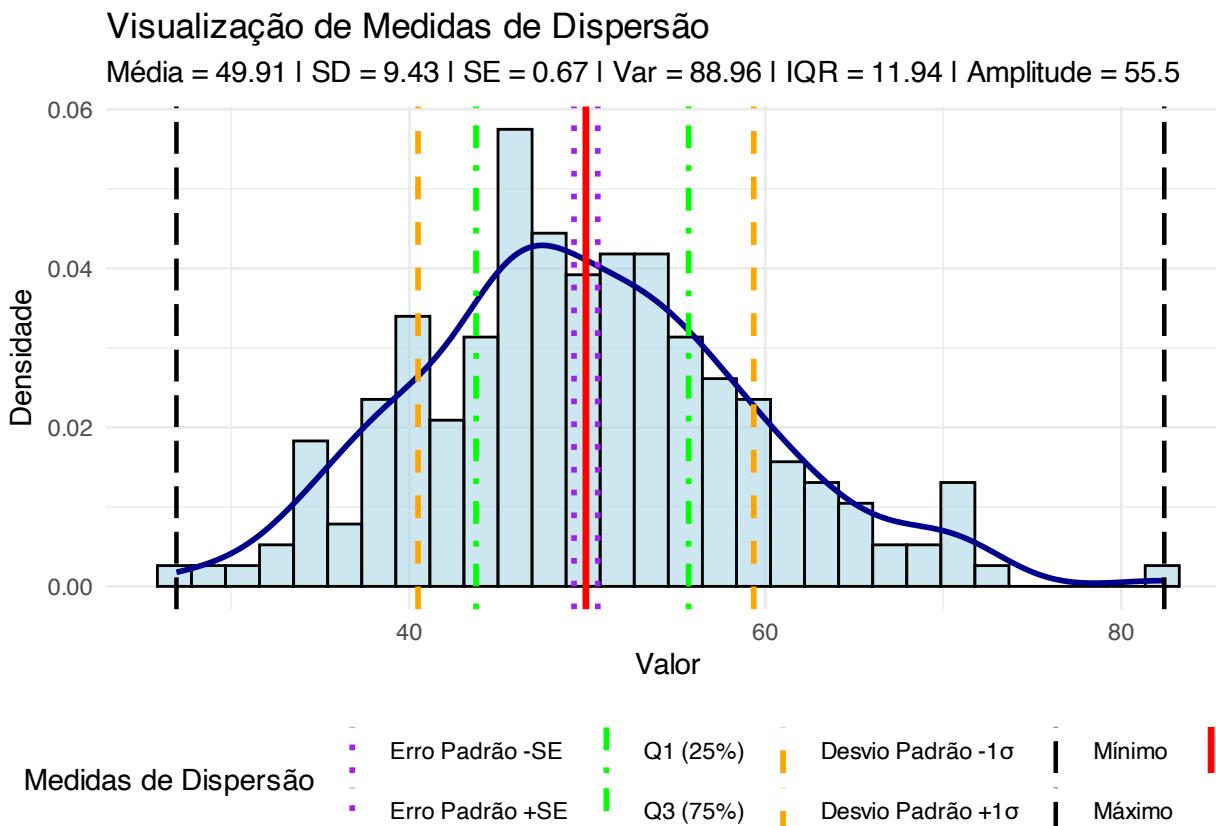


Figura 22.13: Parâmetros de dispersão em distribuições normais.



O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *confint*<sup>a</sup> para calcular o intervalo de confiança em um nível de significância  $\alpha$ .

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/confint>

## 22.4.2 Como escolher o parâmetro de dispersão?

- Desvio-padrão é apropriado quando a média é utilizada como parâmetro de tendência central em distribuições simétricas.<sup>215</sup>
- Amplitue ou intervalo interquartil são apropriadas para variáveis ordinais ou distribuições assimétricas.<sup>215</sup>

### 22.4.3 O que é a correção de Bessel para variância?

- Correção de Bessel é um ajuste feito no denominador da fórmula de variância da amostra — ou seja, o número de graus de liberdade — para evitar que a variância amostral seja menor do que a variância populacional.<sup>216</sup>
- A correção de Bessel é feita subtraindo-se 1 do número de observações da amostra, ou seja,  $n - 1$ .<sup>216</sup>

### 22.4.4 Por que a correção de Bessel para variância é importante?

- A correção de Bessel é importante porque a variância amostral tende a ser menor do que a variância populacional, especialmente em amostras pequenas.<sup>216</sup>
- A correção de Bessel ajuda a garantir que a variância amostral seja uma estimativa mais precisa da variância populacional, o que é fundamental para a validade dos testes estatísticos e das inferências feitas a partir da amostra.<sup>216</sup>

## 22.5 Proporção

### 22.5.1 Que parâmetros de proporção podem ser estimados?

- *Frequência absoluta.*<sup>57,210,212</sup>
- *Frequência relativa.*<sup>57,210,212</sup>
- *Percentil.*<sup>57,210,212</sup>
- *Quantil:* é o ponto de corte que define a divisão da amostra em grupos de tamanhos iguais. Portanto, não se referem aos grupos em si, mas aos valores que os dividem.<sup>212</sup>
  - Tercil: 2 valores que dividem a amostra em 3 grupos de tamanhos iguais.<sup>212</sup>
  - Quartil: 3 valores que dividem a amostra em 4 grupos de tamanhos iguais.<sup>212</sup>
  - Quintil: 4 valores que dividem a amostra em 5 grupos de tamanhos iguais.<sup>212</sup>
  - Decil: 9 valores que dividem a amostra em 10 grupos de tamanhos iguais.<sup>212</sup>

R O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>

R O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *table*<sup>a</sup> para calcular proporções.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/table>

R O pacote *stats*<sup>61</sup> fornece a função *quantile*<sup>a</sup> para executar análise de percentis.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/quantile>

## 22.6 Distribuição

### 22.6.1 Que parâmetros de distribuição podem ser estimados?

- Assimetria.<sup>210</sup>
- Curtose.<sup>210</sup>

## 22.7 Extremos

### 22.7.1 O que são extremos?

- Valores extremos podem constituir valores legítimos ou ilegítimos de uma distribuição.<sup>217</sup>

### 22.7.2 Que parâmetros extremos podem ser estimados?

- Mínimo.<sup>57</sup>
- Máximo.<sup>57</sup>

**R**egressão linear com valores extremos

Outlier (Iresíduo > 2); Influente (Cook > 0.036)

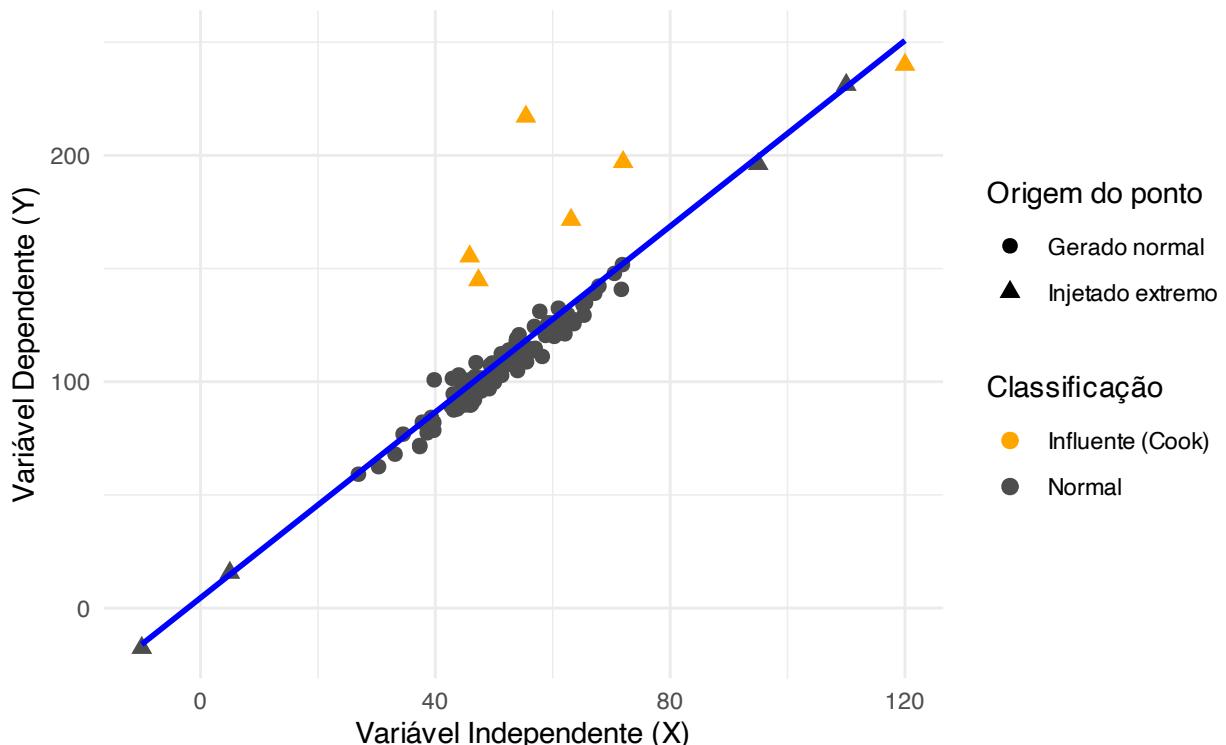


Figura 22.14: Regressão linear com valores extremos.

O pacote *base*<sup>61</sup> fornece a função *summary*<sup>a</sup> para calcular diversos parâmetros descritivos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/summary>

## 22.8 Valores discrepantes

### 22.8.1 O que são valores discrepantes (*outliers*)?

- Em termos gerais, um valor discrepante - “fora da curva” ou *outlier* - é uma observação que possui um valor relativamente grande ou pequeno em comparação com a maioria das observações.<sup>211</sup>
- Um valor discrepante é uma observação incomum que exerce influência indevida em uma análise.<sup>211</sup>
- Valores discrepantes são dados com valores altos de resíduos.<sup>217</sup>

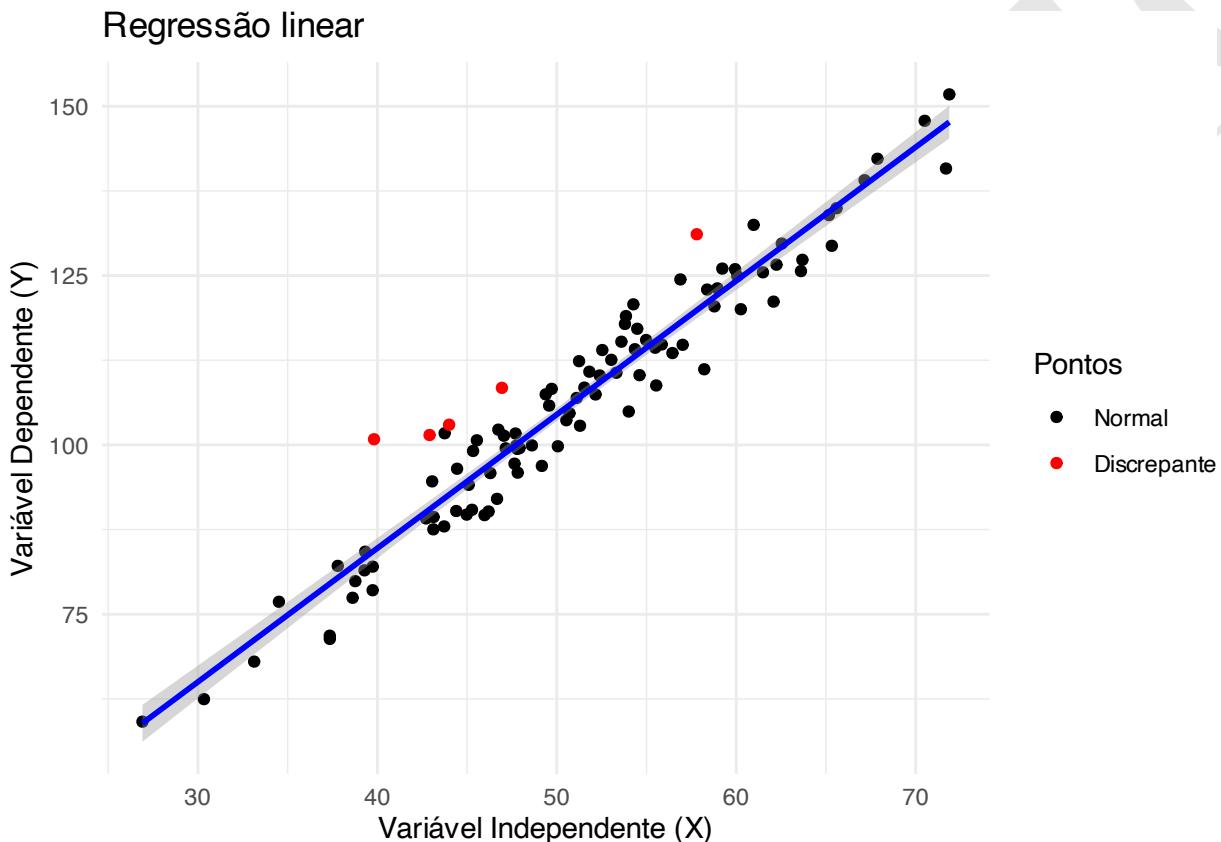


Figura 22.15: Regressão linear com valores discrepantes.

### 22.8.2 Quais são os tipos de valores discrepantes?

- Valores discrepantes podem ser categorizados em três subtipos: *outliers* de erro, *outliers* interessantes e *outliers* aleatórios.<sup>217</sup>
- Os valores discrepantes de erro são observações claramente não legítimas, distantes de outros dados devido a imprecisões por erro de mensuração e/ou codificação.<sup>217</sup>
- Os valores discrepantes interessantes não são claramente erros, mas podem refletir um processo/mecanismo potencialmente interessante para futuras pesquisas.<sup>217</sup>
- Os valores discrepantes aleatórios são observações que resultam por acaso, sem qualquer padrão ou tendência conhecida.<sup>217</sup>
- Valores discrepantes podem ser univariados ou multivariados.<sup>217</sup>

### 22.8.3 Por que é importante avaliar valores discrepantes?

- Excluir o valor discrepante implica em reduzir inadequadamente a variância, ao remover um valor que de fato pertence à distribuição considerada.<sup>217</sup>
- Manter os dados inalterados (mantendo o valor discrepante) implica em aumentar inadequadamente a variância, pois a observação não pertence à distribuição que fundamenta o experimento.<sup>217</sup>
- Em ambos os casos, uma decisão errada pode influenciar o erro do tipo I ( $\alpha$  — rejeitar uma hipótese verdadeira) ou o erro do tipo II ( $\beta$  — não rejeitar uma hipótese falsa).<sup>217</sup>

### 22.8.4 Como detectar valores discrepantes?

- Na maioria das vezes, não há como saber de qual distribuição uma observação provém. Por isso, não é possível ter certeza se um valor é legítimo ou não dentro do contexto do experimento.<sup>217</sup>
- Recomenda-se seguir um procedimento em duas etapas: detectar possíveis candidatos a *outliers* usando ferramentas quantitativas; e gerenciar os outliers, decidindo manter, remover ou recodificar os valores, com base em informações qualitativas.<sup>217</sup>
- A detecção de outliers deve ser aplicada apenas uma vez no conjunto de dados; um erro comum é identificar e tratar os outliers (como remover ou recodificar) e, em seguida, reaplicar o procedimento no conjunto de dados já modificado.<sup>217</sup>
- A detecção ou o tratamento dos *outliers* não deve ser realizada após a análise dos resultados, pois isso introduz viés nos resultados.<sup>217</sup>

### 22.8.5 Quais são os métodos para detectar valores discrepantes?

- Valores univariados são comumente considerados *outliers* quando são mais extremos do que a média  $\pm$  (desvio padrão  $\times$  constante), podendo essa constante ser 3 (99,7% das observações estão dentro de 3 desvios-padrão da média) ou 3,29 (99,9% estão dentro de 3,29 desvios-padrão).<sup>217</sup>
- Para detectar *outliers* univariados, recomenda-se o uso da Mediana da Desviação Absoluta (Median Absolute Deviation, MAD), calculado a partir de um intervalo em torno da mediana, multiplicado por uma constante (valor padrão: 1,4826).<sup>217,218</sup>
- Para detectar *outliers* multivariados, comumente utiliza-se a distância de Mahalanobis, que identifica valores muito distantes do centróide formado pela maioria dos dados (por exemplo, 99%).<sup>217</sup>
- Para detectar *outliers* multivariados, recomenda-se o Determinante de Mínima Covariância (Minimum Covariance Determinant, MCD), pois possui o maior ponto de quebra possível e utiliza a mediana, que é o indicador mais robusto em presença de outliers.<sup>217,219</sup>

### 22.8.6 Como manejar os valores discrepantes?

- Manter *outliers* pode ser uma boa decisão se a maioria desses valores realmente pertence à distribuição de interesse. Manter *outliers* que pertencem a uma distribuição alternativa pode ser problemático, pois um teste pode se tornar significativo apenas por causa de um ou poucos outliers.<sup>217</sup>
- Remover *outliers* pode ser eficaz quando eles distorcem a estimativa dos parâmetros da distribuição. Remover *outliers* que pertencem legitimamente à distribuição pode reduzir artificialmente a estimativa do erro.<sup>217</sup>
- Remover *outliers* leva à perda de observações, especialmente em conjuntos de dados com muitas variáveis, quando outliers univariados são excluídos em cada variável.<sup>217</sup>
- Recodificar *outliers* evita a perda de uma grande quantidade de dados, mas deve ser baseada em argumentos razoáveis e convincentes.<sup>217</sup>

- Erros de observação e de medição são uma justificativa válida para descartar observações discrepantes.<sup>171</sup>

### 22.8.7 Como conduzir análises com valores discrepantes?

- É importante reportar se existem valores discrepantes e como foram tratados.<sup>171</sup>
- Valores discrepantes na variável de desfecho podem exigir uma abordagem mais refinada, especialmente quando representam uma variação real na variável que está sendo medida.<sup>171</sup>
- Valores discrepantes em uma (co)variável podem surgir devido a um projeto experimental inadequado; nesse caso, abandonar a observação ou transformar a covariável são opções adequadas.<sup>171</sup>
- Valores discrepantes podem ser recodificados usando a Winsorização,<sup>220</sup> que transforma os *outliers* em valores de percentis específicos (como o 5º e o 95º).<sup>217</sup>

**R**

O pacote *outliers*<sup>221</sup> fornece a função *outlier*<sup>a</sup> para identificar os valores mais distantes da média.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/outliers/versions/0.15/topics/outlier>

**R**

O pacote *outliers*<sup>221</sup> fornece a função *rm.outlier*<sup>a</sup> para remover os valores mais distantes da média detectados por testes de hipótese e/ou substitui-los pela média ou mediana.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/outliers/versions/0.15/topics/rm.outlier>

# Capítulo 23

## Análise robusta

### 23.1 Raciocínio inferencial robusto

#### 23.1.1 O que é análise robusta?

- Análise robusta é uma abordagem estatística que busca fornecer resultados confiáveis mesmo quando as suposições clássicas dos modelos estatísticos são violadas, como normalidade e homocedasticidade. Ela utiliza métodos que são menos sensíveis a outliers e outras irregularidades nos dados.<sup>222</sup>

#### 23.1.2 Por que usar análise robusta?

- Métodos clássicos como ANOVA e regressão por mínimos quadrados assumem normalidade e homocedasticidade — suposições frequentemente violadas na prática. Violações dessas suposições podem comprometer os resultados, reduzindo o poder estatístico, distorcendo os intervalos de confiança e obscurecendo as reais diferenças entre grupos.<sup>222</sup>
- Testar previamente as suposições não é suficiente: testes de homocedasticidade têm baixo poder e não garantem segurança analítica.<sup>222</sup>
- Métodos estatísticos robustos oferecem uma solução mais segura e eficaz, lidando melhor com dados não ideais.<sup>222</sup>

#### 23.1.3 Quando usar análise robusta?

- Em alguns casos, os métodos robustos confirmam os resultados clássicos; em outros, revelam interpretações completamente diferentes. A única forma de saber o impacto real dos métodos robustos é usá-los e comparar com os métodos tradicionais.<sup>222</sup>

#### 23.1.4 O que é Winsorização?

- Winsorização é uma técnica que substitui os valores extremos (outliers) por valores menos extremos, preservando a estrutura dos dados. Isso é feito definindo limites superior e inferior e substituindo os valores que ultrapassam esses limites pelos próprios limites.<sup>222</sup>

**R**

O pacote *WRS2*<sup>223</sup> fornece as funções *winmean*<sup>a</sup> e *winvar*<sup>b</sup> para calcular a média e variância Winsorizadas.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/trimse>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/trimse>

**R**

O pacote *WRS2*<sup>223</sup> fornece a função *yuen*<sup>a</sup> para realizar o teste de comparação de Yuen de médias Winsorizadas para amostras independentes ou dependentes.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/yuen>

**R**

O pacote *WRS2*<sup>223</sup> fornece a função *wincor*<sup>a</sup> para calcular a correlação Winsorizada.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/pbcor>

**R**

O pacote *WRS2*<sup>223</sup> fornece as funções *t1way*<sup>a</sup>, *t2way*<sup>b</sup> e *t3way*<sup>c</sup> para realizar testes de comparação de médias Winsorizadas para análise de variância para 1, 2 ou 3 fatores, respectivamente.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/t1way>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/t2way>

<sup>c</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/WRS2/versions/1.1-6/topics/t3way>

## ***PARTE 6: ANÁLISES INFERENCIAIS***

---

**Testando hipóteses e estimando parâmetros para responder perguntas de pesquisa**

RASCUNHO

## **Capítulo 24**

# **Seleção de testes**

### **24.1 Multiverso de análises estatísticas**

#### **24.1.1 Por que escolher o teste é um problema?**

- Analisar a mesma hipótese com o mesmo banco de dados pode resultar em diferenças substanciais nas estimativas estatísticas e nas conclusões.<sup>224</sup>
- As decisões para especificação das análises estatísticas podem ser tão minuciosas que muitas vezes nem sequer são registradas como decisões e, assim, podem impactar negativamente na reproduzibilidade do estudo.<sup>224</sup>

### **24.2 Escolha de testes para análise inferencial**

#### **24.2.1 Como selecionar os testes para a análise estatística inferencial?**

- <sup>225</sup>
- <sup>226</sup>
- <sup>227</sup>
- <sup>228</sup>
- <sup>229</sup>
- <sup>230</sup>
- <sup>231</sup>
- <sup>232</sup>

RASCUNHO

# Capítulo 25

## Análise inferencial

### 25.1 Raciocínio inferencial

#### 25.1.1 O que é análise inferencial?

- Na análise inferencial são utilizados dados da(s) amostra(s) para fazer uma inferência válida (isto é, estimativa) sobre os parâmetros populacionais desconhecidos.<sup>56</sup>
- No paradigma de Jerzy Neyman e Egon Pearson, um teste de hipótese científica envolve a tomada de decisão sobre hipóteses nulas ( $H_0$ ) e alternativa ( $H_1$ ) concorrentes e mutuamente exclusivas.<sup>233</sup>

#### 25.1.2 Quais são os tipos de raciocínio inferencial?

- Inferência dedutiva: Uma dada hipótese inicial é utilizada para prever o que seria observado caso tal hipótese fosse verdadeira.<sup>234</sup>
- Inferência induktiva: Com base nos dados observados, avalia-se qual hipótese é mais defensável (isto é, mais provável).<sup>234</sup>

#### 25.1.3 Quais são as questões fundamentais da análise inferencial?

- A direção do efeito<sup>235</sup>
- A magnitude do efeito<sup>235</sup>
- A importância do efeito<sup>235</sup>

## 25.2 Hipóteses científicas

#### 25.2.1 O que é hipótese científica?

- Hipótese científica é uma ideia que pode ser testada.<sup>233</sup>
- Definir claramente os problemas e os objetivos da pesquisa são o ponto de partida de todos os estudos científicos.<sup>81</sup>

#### 25.2.2 Quais são as fontes de ideias para gerar hipóteses científicas?

- Revisão das práticas atuais.<sup>236</sup>

- Desafio a ideias aceitas.<sup>236</sup>
- Conflito entre ideias divergentes.<sup>236</sup>
- Variações regionais, temporais e populacionais.<sup>236</sup>
- Experiências dos próprios pesquisadores.<sup>236</sup>
- Imaginação sem fronteiras ou limites convencionais.<sup>236</sup>

## 25.3 Hipóteses estatísticas

### 25.3.1 O que é hipótese nula?

- A hipótese nula ( $H_0$ ) é uma expressão que representa o estado atual do conhecimento (*status quo*), em geral a não existência de um determinado efeito.<sup>210</sup>

### 25.3.2 O que é hipótese alternativa?

- A hipótese alternativa ( $H_1$ ) é uma expressão que contém as situações que serão testadas, de modo que um resultado positivo indique alguma ação a ser conduzida.<sup>210</sup>

### 25.3.3 Qual hipótese está sendo testada?

- A hipótese nula ( $H_0$ ) é a hipótese sob teste em análises inferenciais.<sup>57</sup>
- Pode-se concluir sobre rejeitar ou não rejeitar a hipótese nula ( $H_0$ ).<sup>57</sup>
- Não se conclui sobre a hipótese alternativa ( $H_1$ ).<sup>210</sup>
- Para testar a hipótese nula, deve-se selecionar o nível de significância crítica (P-valor de corte); a probabilidade de rejeitarmos uma hipótese nula verdadeira ( $\alpha$ ); e a probabilidade de não rejeitarmos uma hipótese nula falsa ( $\beta$ ).<sup>233</sup>

## 25.4 Testes de hipóteses

### 25.4.1 Quais são os tipos de teste de hipóteses?

- Teste (clássico) de significância da hipótese nula.<sup>237</sup>
- Teste de mínimos efeitos.<sup>237</sup>
- Teste de equivalência.<sup>237</sup>
- Teste de inferioridade.<sup>237</sup>
- Teste de não-inferioridade.?
- Teste de superioridade.?

### 25.4.2 O que é uma família de hipóteses?

- ?

### 25.4.3 O que são testes *ad hoc* e *post hoc*?

- ?

#### 25.4.4 Como ajustar a análise inferencial para hipóteses múltiplas?

- ?



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *p.adjust*<sup>a</sup> para ajustar o P-valor utilizando diversos métodos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/p.adjust>

#### 25.4.5 O que são testes unicaudais e bicaudais?

- ?

##### Teste Unicaudal (cauda direita) da Hipótese Nula

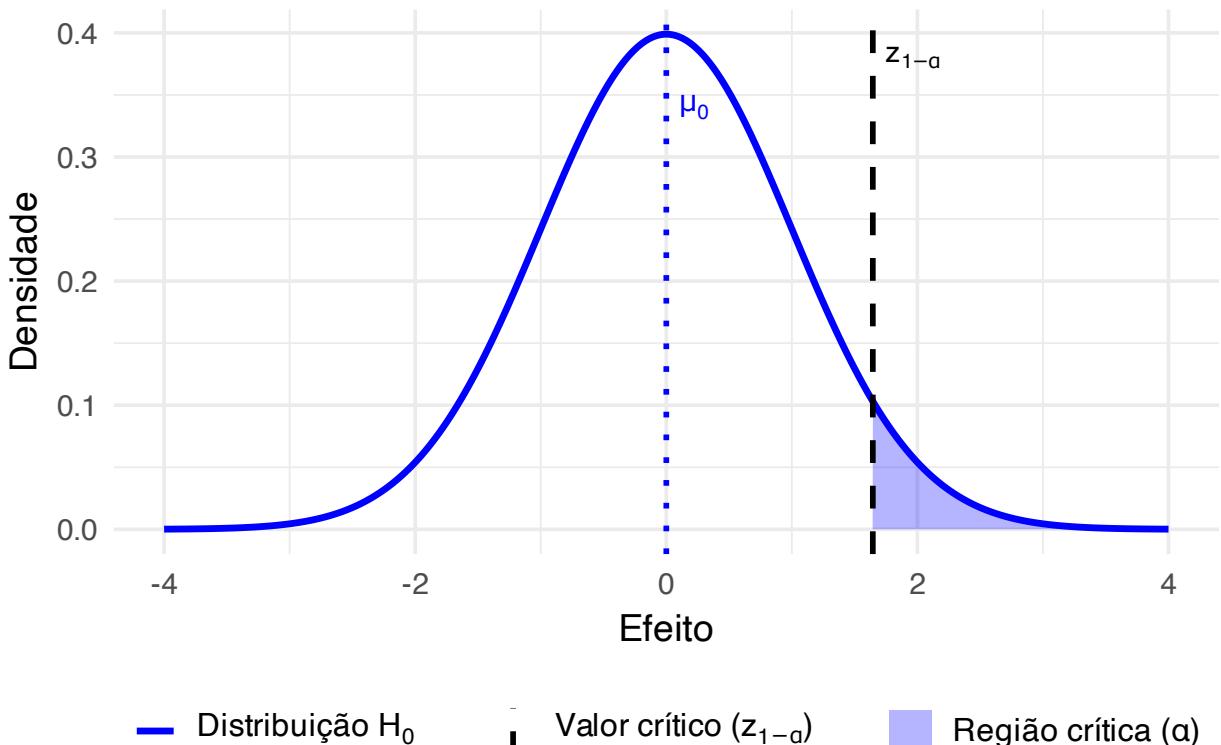


Figura 25.1: Representação gráfica de um teste de hipótese unicaudal à direita, aplicado quando se busca evidência de efeitos positivos (valores significativamente maiores que o esperado sob  $H_0$ ).

#### 25.4.6 O que reportar após um teste de hipótese?

- P-valores, como estimativa da significância estatística.<sup>238</sup>
- Tamanho do efeito, como estimativa de significância substantiva (clínica).<sup>238</sup>

### 25.5 Poder do teste

#### 25.5.1 O que é poder do teste?

- Poder do teste é a probabilidade de rejeitar corretamente a hipótese nula ( $H_0$ ) quando esta é falsa.<sup>233</sup>

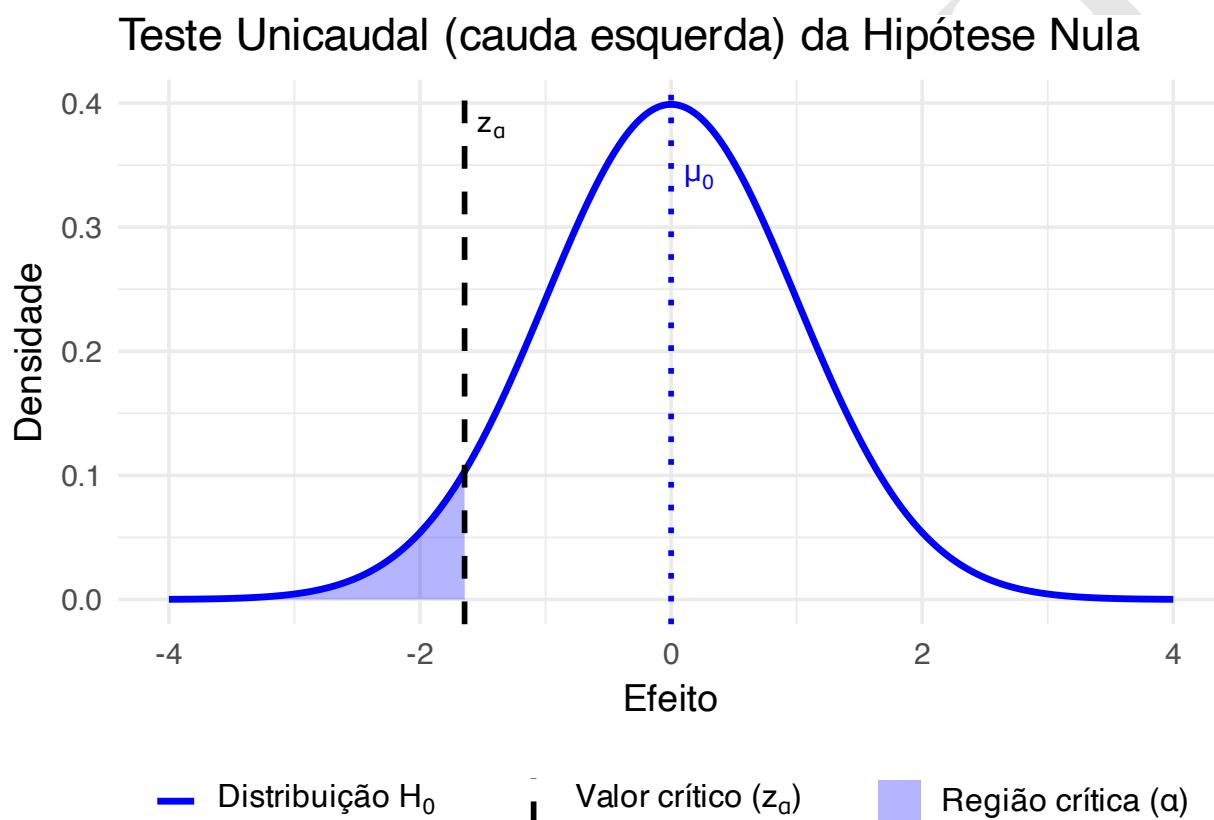


Figura 25.2: Representação gráfica de um teste de hipótese unicaudal à esquerda, aplicado quando se busca evidência de efeitos negativos (valores significativamente menores que o esperado sob  $H_0$ ).

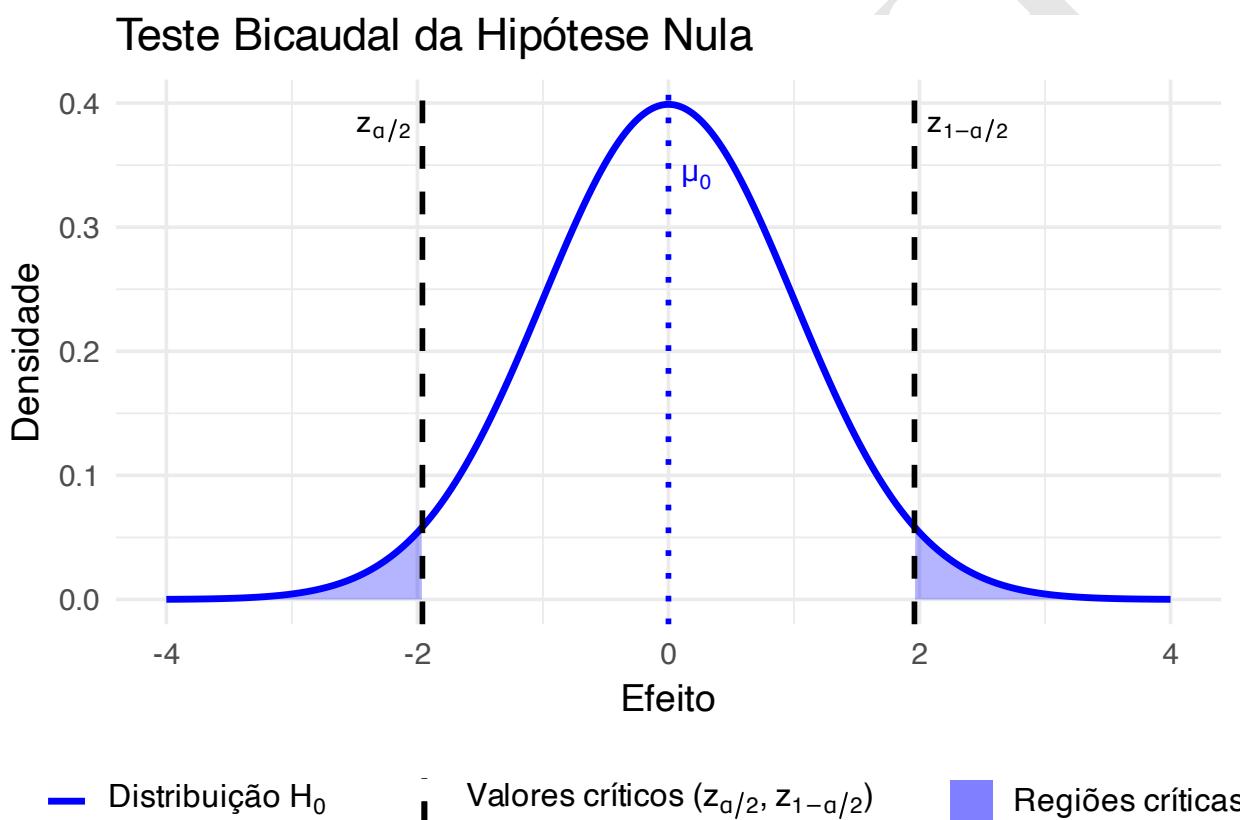


Figura 25.3: Representação gráfica de um teste de hipótese bicaudal, aplicado quando se busca evidência de efeitos positivos ou negativos (valores significativamente diferentes do esperado sob  $H_0$ ).

- Poder do teste pode ser calculado como  $(1 - \beta)$ .<sup>233</sup>

### 25.5.2 O que é análise de poder do teste?

- Poder é a probabilidade de que um dado tamanho de efeito será observado em um experimento futuro sob um conjunto de hipóteses - tamanho de efeito real e erro tipo I - para um dado tamanho de amostra.<sup>239</sup>
- O objetivo geral da análise de poder ao projetar um estudo é escolher um tamanho de amostra que controle os 2 tipos de erros de inferência estatística: tipo I ( $\alpha$ , resultado falso-positivo) e tipo II ( $\beta$ , resultado falso-negativo).<sup>239</sup>
- Numericamente, o poder de um estudo é calculado como  $1 - \beta$  e reportado em valor percentual.<sup>239</sup>

### 25.5.3 Quando realizar a análise de poder do teste?

- Na fase de projeto de pesquisa: a análise de poder para determinar o tamanho da amostra objetiva que o tamanho da amostra permita uma probabilidade razoável de detectar um efeito significativo pré-especificado.<sup>239</sup>
- Após a coleta de dados: a análise de poder objetiva informar estudos futuros a respeito do tamanho da amostra necessário para a detecção de um efeito significativo pré-especificado.<sup>239</sup>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.2p.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de proporção balanceado (2 amostras com mesmo número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.2p.test>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.2p2n.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de proporção não balanceado (2 amostras com diferente número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.2p.test>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.anova.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de análise de variância balanceado (3 ou mais amostras com mesmo número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.anova.test>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.chisq.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de qui-quadrado  $\chi^2$ .

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.chisq.test>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.f2.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste com modelo linear geral.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.f2.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.norm.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de média de uma distribuição normal com variância conhecida.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.norm.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.p.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de proporção (1 amostra).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.p.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.r.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste de correlação (1 amostra).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.r.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.t.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste *t* de diferença de 1 amostra, 2 amostras dependentes ou 2 amostras independentes (grupos balanceados).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.t.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.t2n.test*<sup>a</sup> para cálculo do poder do teste *t* de diferença de 2 amostras independentes (grupos não balanceados).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.t2n.test>



O pacote *longpower*<sup>241</sup> fornece a função *power:mmrm*<sup>a</sup> para calcular o poder de testes com análises por modelo de regressão linear misto.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/longpower/versions/1.0.24/topics/power.mmrm>



O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power.ftest*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de testes F.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power.ftest>



O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power\_oneway\_between*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de variância (ANOVA) de 1 fator entre-sujeitos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power\\_oneway\\_between](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power_oneway_between)

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power\_oneway\_within*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de variância (ANOVA) de 1 fator intra-sujeitos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power\\_oneway\\_within](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power_oneway_within)

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power\_oneway\_ancova*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de covariância (ANCOVA).

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power\\_oneway\\_ancova](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power_oneway_ancova)

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power\_twoway\_between*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de covariância (ANOVA) de 2 fatores entre-sujeitos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power\\_twoway\\_between](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power_twoway_between)

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *power\_threeway\_between*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de covariância (ANOVA) de 3 fatores entre-sujeitos.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power\\_threeway\\_between](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/power_threeway_between)

**R**

O pacote *InteractionPowerR*<sup>159</sup> fornece a função *power\_interaction*<sup>a</sup> para calcular o poder do teste por análise de efeito de interações.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/InteractionPowerR/versions/0.2.1/topics/power\\_interaction](https://www.rdocumentation.org/packages/InteractionPowerR/versions/0.2.1/topics/power_interaction)

#### 25.5.4 Por que a análise de poder do teste *post hoc* é inadequada?

- A análise do poder é teoricamente incorreta, uma vez que a probabilidade calculada  $1 - \beta$  expressa a probabilidade de um evento futuro, o que não é mais relevante quando o evento de interesse já ocorreu.<sup>177,239</sup>

#### 25.5.5 O que pode ser realizado ao invés da análise de poder?

- Após a coleta e análise de dados, recomenda-se realizar a análise e interpretação dos resultados a partir do tamanho do efeito e do seu intervalo de confiança no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>239</sup>

### 25.6 Inferência visual

#### 25.6.1 O que é inferência visual?

- Inferência visual consiste na interpretação de dados apresentados em gráficos.<sup>243</sup>
- Para inferência visual, recomenda-se a apresentação dos dados em gráficos com estimativas de tendência central e seu intervalo (preferencialmente intervalo de confiança no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido).<sup>243</sup>

### 25.6.2 Por que usar intervalos de confiança para inferência visual?

- Intervalos de confiança fornecem estimativas pontuais e intervalares na mesma unidade de medida da variável.<sup>243</sup>
- Existe uma relação entre o intervalo de confiança e o valor de P obtido pelo teste de significância de hipótese nula, em que ambos consideram o mesmo nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>243</sup>

### 25.6.3 Como interpretar intervalos de confiança em uma figura?

- Identifique o que as tendências centrais e as barras de erro representam. Qual é a variável dependente? É expressa em unidades originais ou é padronizada? A figura mostra intervalos de confiança, erro-padrão ou desvio-padrão? Qual é o desenho experimental?<sup>243</sup>
- Faça uma interpretação substantiva dos valores de tendência central e dos intervalos de confiança.<sup>243</sup>
- O intervalo de confiança é uma faixa de valores plausíveis para a tendência central. Valores fora do intervalo são relativamente implausíveis, no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>243</sup>
- Qualquer valor fora do intervalo de confiança, quando considerado como hipótese nula ( $H_0$ ), equivale a  $P < \alpha$  pré-estabelecido (bicaudal).<sup>243</sup>
- Qualquer valor dentro do intervalo, quando considerado como hipótese nula ( $H_0$ ), equivale a  $P > \alpha$  pré-estabelecido (bicaudal).<sup>243</sup>

## 25.7 Interpretação de análise inferencial

### 25.7.1 Como interpretar uma análise inferencial?

- Testes de hipótese nula ( $H_0$ ) vs. alternativa ( $H_1$ ) a partir de um nível de significância ( $\alpha$ ) pré-especificado.<sup>244</sup>
- P-valor como evidência estatística sobre ( $H_0$ ).<sup>244</sup>
- Estimação de intervalos de confiança de um nível de significância ( $\alpha$ ) pré-especificado bicaudal ( $IC_{1-\alpha/2}$ ) ou unicaudal ( $IC_{1-\alpha}$ ).<sup>244</sup>
- Análise Bayesiana.<sup>244</sup>

### 25.7.2 O que são resultados ‘positivos’ e ‘negativos’ ou inconclusivos em teste de hipótese?

- Resultados ‘positivos’ compreendem um P-valor dentro da zona crítica estatisticamente significativa (ex.:  $P < 0,05$  ou outro ponto de corte) e sugerem que os autores rejeitem a hipótese nula  $H_0$ , confirmando assim sua hipótese científica.<sup>245</sup>
- Resultados ‘negativos’ ou inconclusivos compreendem um P-valor fora da zona crítica estatisticamente significativa (ex.:  $P \geq 0,05$  ou outro ponto de corte) e sugerem que os autores não rejeitem a hipótese nula  $H_0$  porque o efeito observado é nulo (logo, *negativo*), ou porque o estudo não possui poder suficiente para detectá-lo, não permitindo portanto afirmar a hipótese científica (logo, *inconclusivo*).<sup>245</sup>

### 25.7.3 Qual a importância de resultados ‘negativos’?

- Conhecer resultados negativos contribui com uma visão mais ampla do campo de estudo junto aos resultados positivos.<sup>246</sup>
- Resultados negativos permitem um melhor planejamento das pesquisas futuras e pode aumentar suas chances de sucesso.<sup>246</sup>

Tabela 25.1: Tabela de erros tipos I e II de inferência estatística.

	Hipótese nula $H_0$ é falsa	Hipótese nula $H_0$ é verdadeira
Hipótese nula $H_0$ foi rejeitada	Decisão correta	Decisão incorreta (erro tipo I)
Hipótese nula $H_0$ não foi rejeitada	Decisão incorreta (erro tipo II)	Decisão correta

Tabela 25.2: Tabela de erro tipo S de inferência estatística.

	Sinal positivo	Sinal negativo
Sinal positivo	Decisão correta	Decisão incorreta (erro tipo S)
Sinal negativo	Decisão incorreta (erro tipo S)	Decisão correta

#### 25.7.4 Resultados inconclusivos: Ausência de evidência ou evidência de ausência?

- Em estudos (geralmente com amostras grandes), resultados estatisticamente significativos (com P-valores menores do limiar pré-estabelecido,  $P < \alpha$ ) podem não ser clinicamente relevantes.<sup>247</sup>
- Em estudos (geralmente com amostras pequenas), resultados estatisticamente não significativos (com P-valores iguais ou maiores do limiar pré-estabelecido,  $P \geq \alpha$ ) não devem ser interpretados como evidência de inexistência do efeito.<sup>247</sup>
- Geralmente é razoável aceitar uma nova conclusão apenas quando há dados a seu favor ('resultados positivos'). Também é razoável questionar se apenas a ausência de dados a seu favor ('resultados negativos') justifica suficientemente a rejeição de tal conclusão.<sup>247</sup>

### 25.8 Erros de inferência

#### 25.8.1 O que são erros de inferência estatística?

- Um erro de inferência é a tomada de decisão incorreta, seja a favor ou contra a hipótese nula  $H_0$ .<sup>233</sup>

#### 25.8.2 O que são erros Tipo I e Tipo II?

- Erro Tipo I significa a rejeição de uma hipótese nula ( $H_0$ ) quando esta é verdadeira.<sup>233</sup>
- Erro Tipo II significa a não rejeição de uma hipótese nula ( $H_0$ ) quando esta é falsa.<sup>233</sup>

#### 25.8.3 O que são erros Tipo S e Tipo M?

- Erro Tipo S (do inglês *sign*) significa a identificação errônea da direção - positiva ou negativa - do efeito observado.<sup>248,249</sup>
- Erro Tipo M (do inglês *magnitude*) significa a identificação errônea - em geral, exagerada - da magnitude do efeito observado.<sup>248,249</sup>

Tabela 25.3: Tabela de erro tipo M de inferência estatística.

	Magnitude alta	Magnitude baixa
Magnitude alta	Decisão correta	Decisão incorreta (erro tipo M)
Magnitude baixa	Decisão incorreta (erro tipo M)	Decisão correta

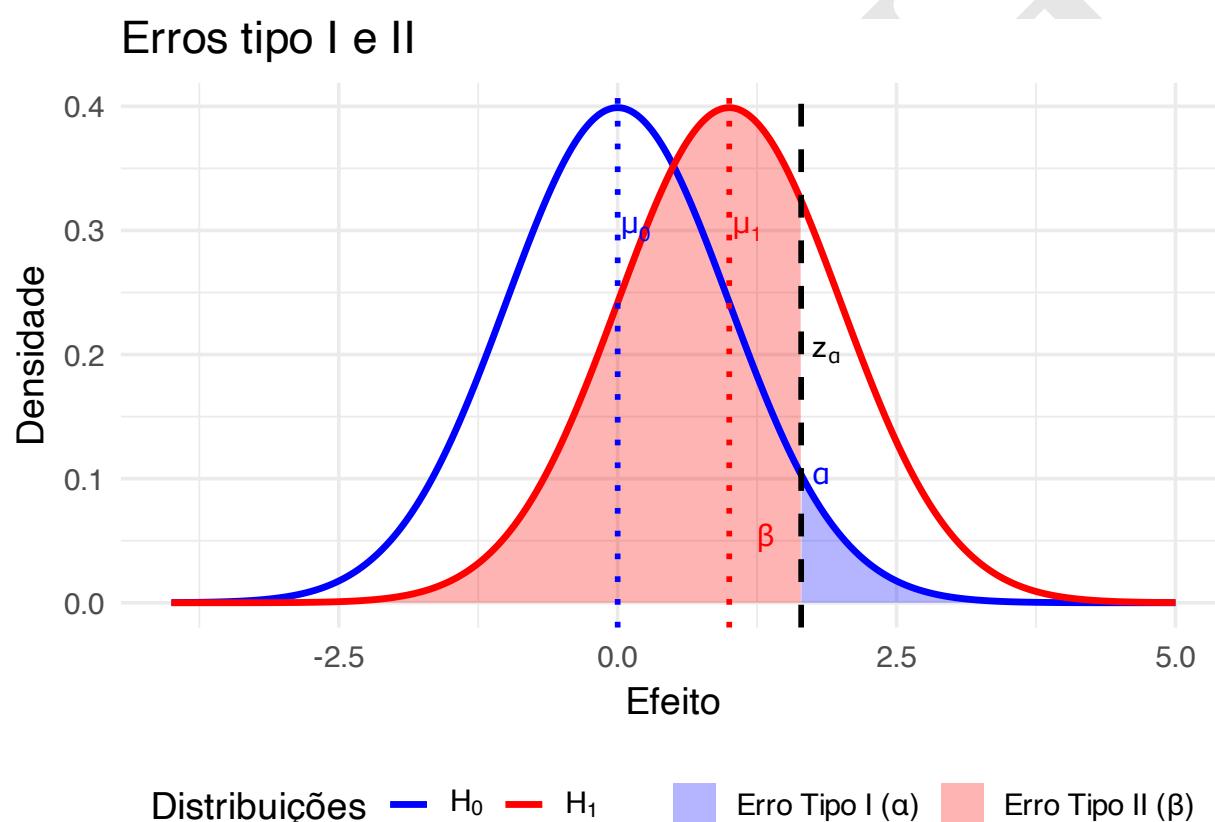


Figura 25.4: Representação gráfica dos erros tipo I e tipo II em um teste de hipótese (bicaudal).

Distribuição dos p-valores com  $H_0$  verdadeira

Número de testes com  $p < 0,05$  (erro tipo I): 5 de 100

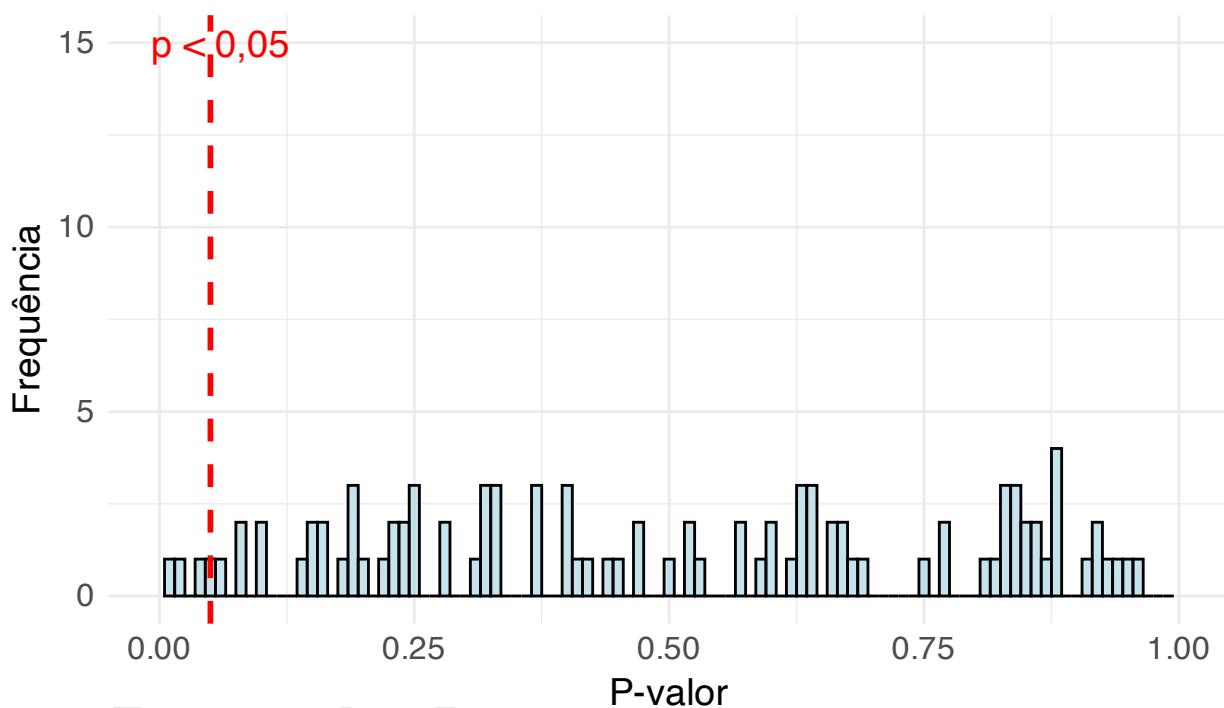


Figura 25.5: Erro tipo I: Distribuição dos p-valores em 100 testes de hipótese de amostras aleatórias de tamanho 30. A linha vermelha pontilhada indica o nível de significância estatística de 0,05.

Distribuição dos p-valores com  $H_0$  falsa  
Número de testes com  $p > 0,05$  (erro tipo II): 24 de 100

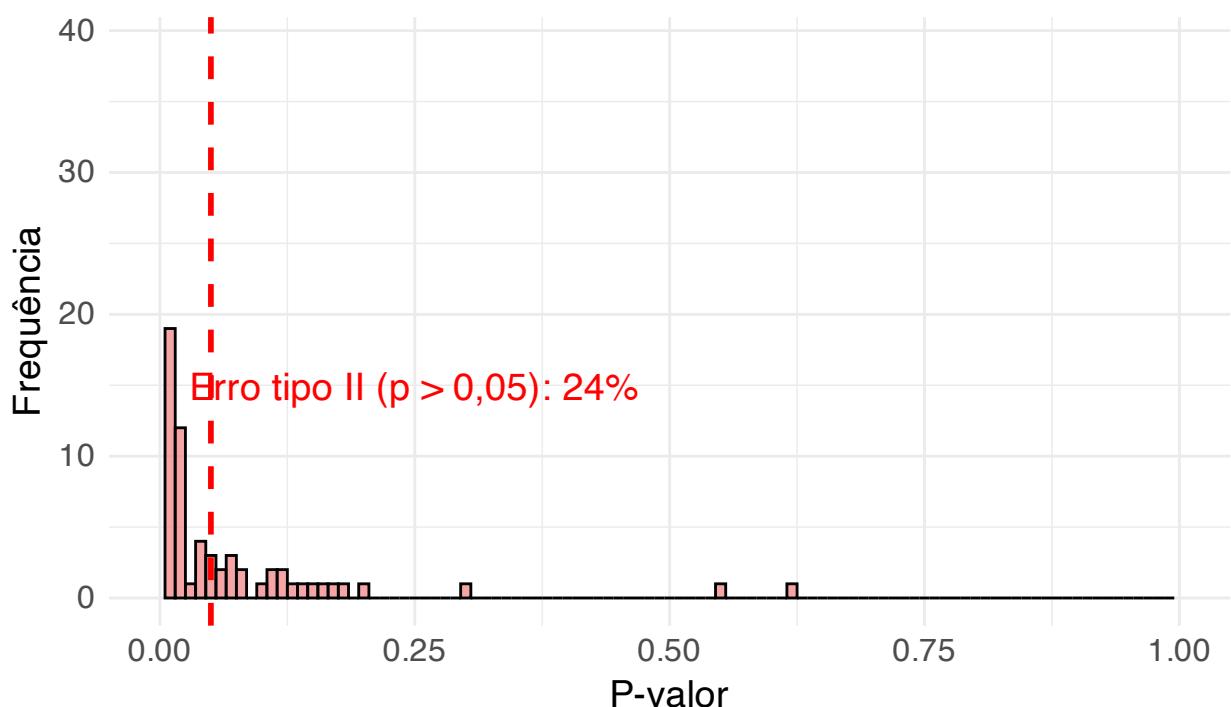


Figura 25.6: Erro tipo II: Distribuição dos p-valores em 100 testes de hipótese de amostras aleatórias de tamanho 10. A linha vermelha pontilhada indica o nível de significância estatística de 0,05.

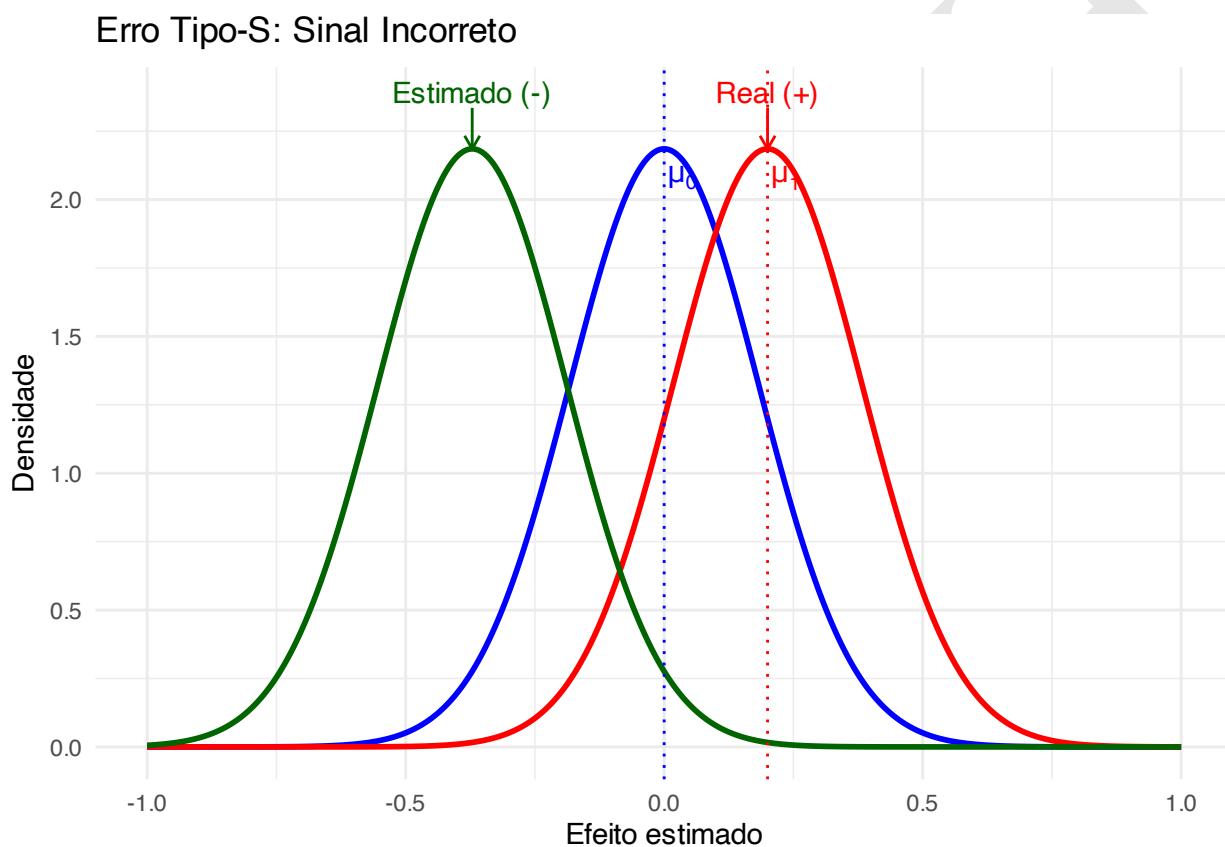


Figura 25.7: Representação gráfica do erro tipo S (sinal) em um teste de hipótese (bicaudal).

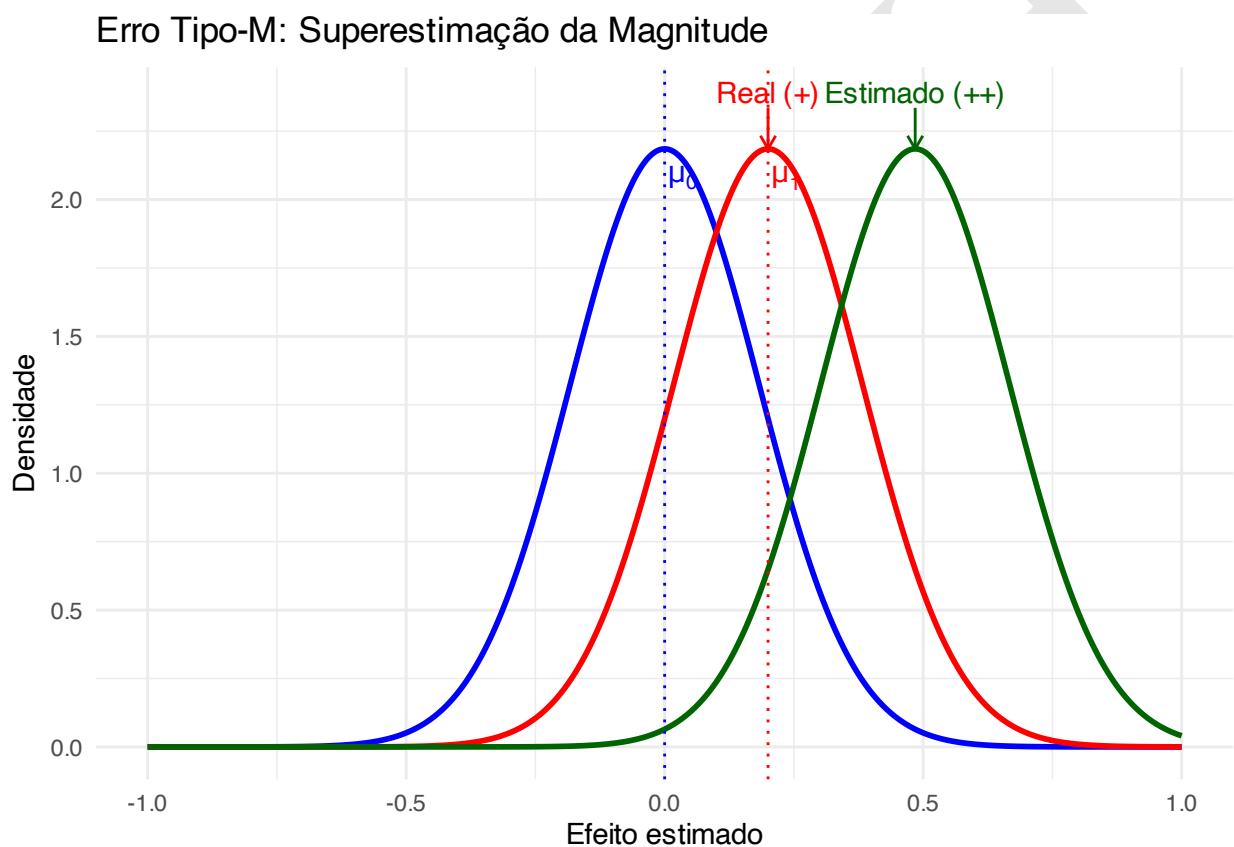


Figura 25.8: Representação gráfica do erro tipo M (magnitude) em um teste de hipótese (bicaudal).

RASCUNHO

# Capítulo 26

## Tamanho do efeito e P-valor

### 26.1 Tamanho do efeito

#### 26.1.1 O que é o tamanho do efeito?

- Tamanho do efeito quantifica a magnitude de um efeito real da análise, expressando uma importância descriptiva dos resultados.<sup>250</sup>

#### 26.1.2 Quais são os tipos de tamanho do efeito?

- Diferenças padronizadas entre grupos:<sup>238,250</sup>
  - Cohen's  $d$
  - Glass's  $\Delta$
  - Razão de chances ( $RC$  ou  $OR$ )
  - Risco relativo ou razão de risco ( $RR$ )
- Medidas de associação:<sup>238,250</sup>
  - Coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ), ponto-bisserial ( $r_s$ ), Spearman ( $\rho$ ), Kendall ( $\tau$ ), Cramér ( $V$ ) e  $\phi$ .
  - Coeficiente de determinação ( $R^2$ )

#### 26.1.3 Como converter um tamanho de efeito em outro?

- <sup>250</sup>

O pacote *effectsize*<sup>251</sup> fornece diversas funções para conversão de diferentes estimativas de tamanhos de efeito.

#### 26.1.4 Como interpretar um tamanho do efeito?

- Tamanhos de efeito podem ser comparadores entre diferentes estudos.<sup>238</sup>

**R**

O pacote *effectsize*<sup>251</sup> fornece a função *rules*<sup>a</sup> para criar regras de interpretação de tamanhos de efeito.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/effectsize/versions/0.8.3/topics/rules>

**R**

O pacote *effectsize*<sup>251</sup> fornece a função *interpret*<sup>a</sup> para interpretar os tamanhos de efeito com base em uma lista de regras pré-definidas.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/effectsize/versions/0.8.3/topics/interpret>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *cohen.ES*<sup>a</sup> para obter os tamanhos de efeito “pequeno”, “médio” e “grande” para diversos testes de hipóteses.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/cohen.ES>

## 26.2 Efeitos brutos e padronizados

### 26.2.1 O que é efeito bruto?

- <sup>252</sup>
- <sup>253</sup>

### 26.2.2 O que é efeito padronizado?

- <sup>252</sup>
- <sup>253</sup>

## 26.3 Efeito principal

### 26.3.1 O que é efeito principal?

- <sup>254</sup>

## 26.4 Efeito de interação

### 26.4.1 O que é efeito de interação?

- A interação - representada pelo símbolo \* - é o termo estatístico empregado para representar a heterogeneidade de um determinado efeito.<sup>255</sup>
- <sup>254</sup>

**R**

O pacote *nlme*<sup>256</sup> fornece a função *nlme*<sup>a</sup> para ajustar um modelo de regressão misto não linear.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/nlme/versions/3.1-163/topics/nlme>

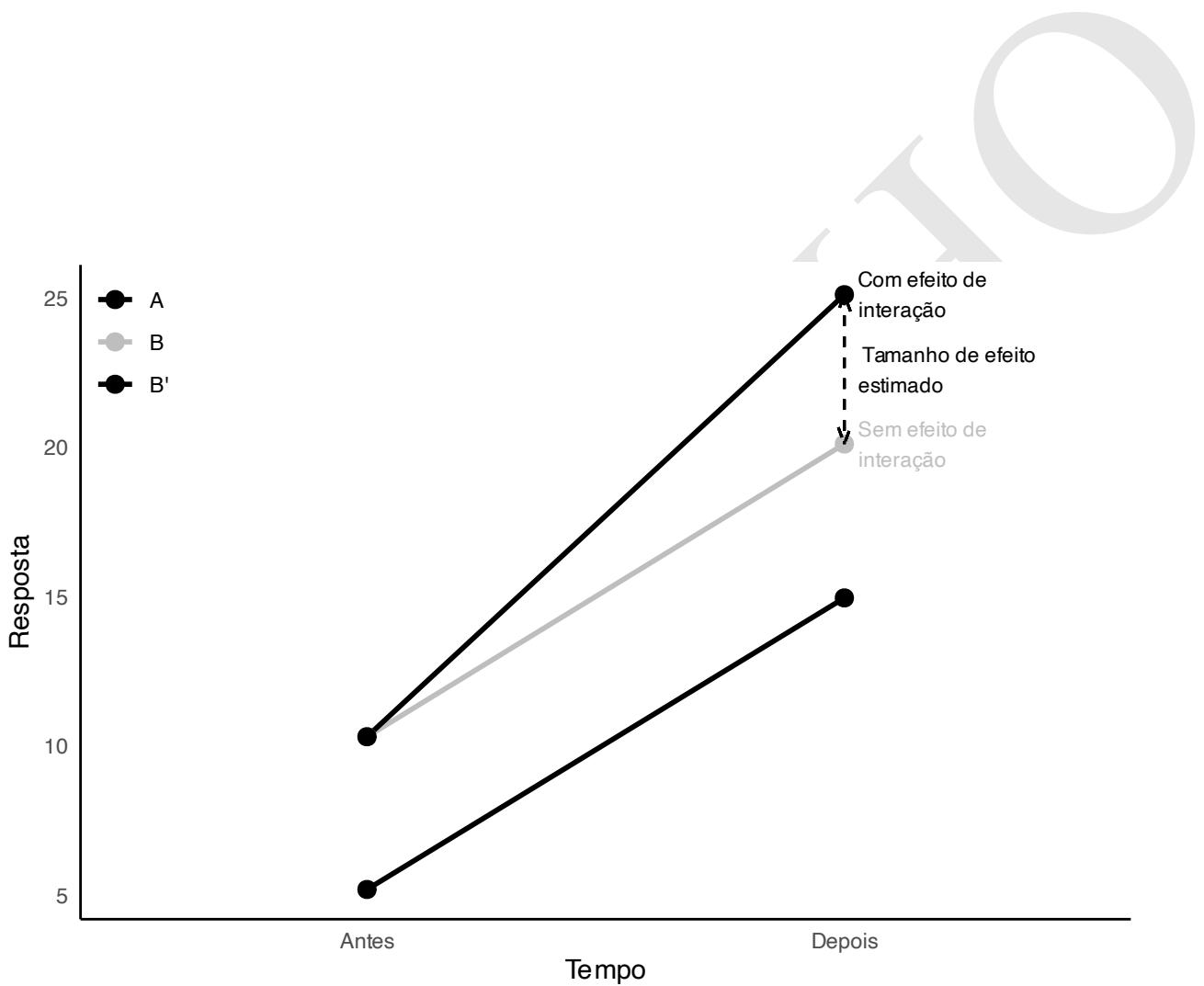


Figura 26.1: Análise de efeito de interação (direta) entre grupos e tempo. Retas paralelas sugerem ausência de efeito de interação.

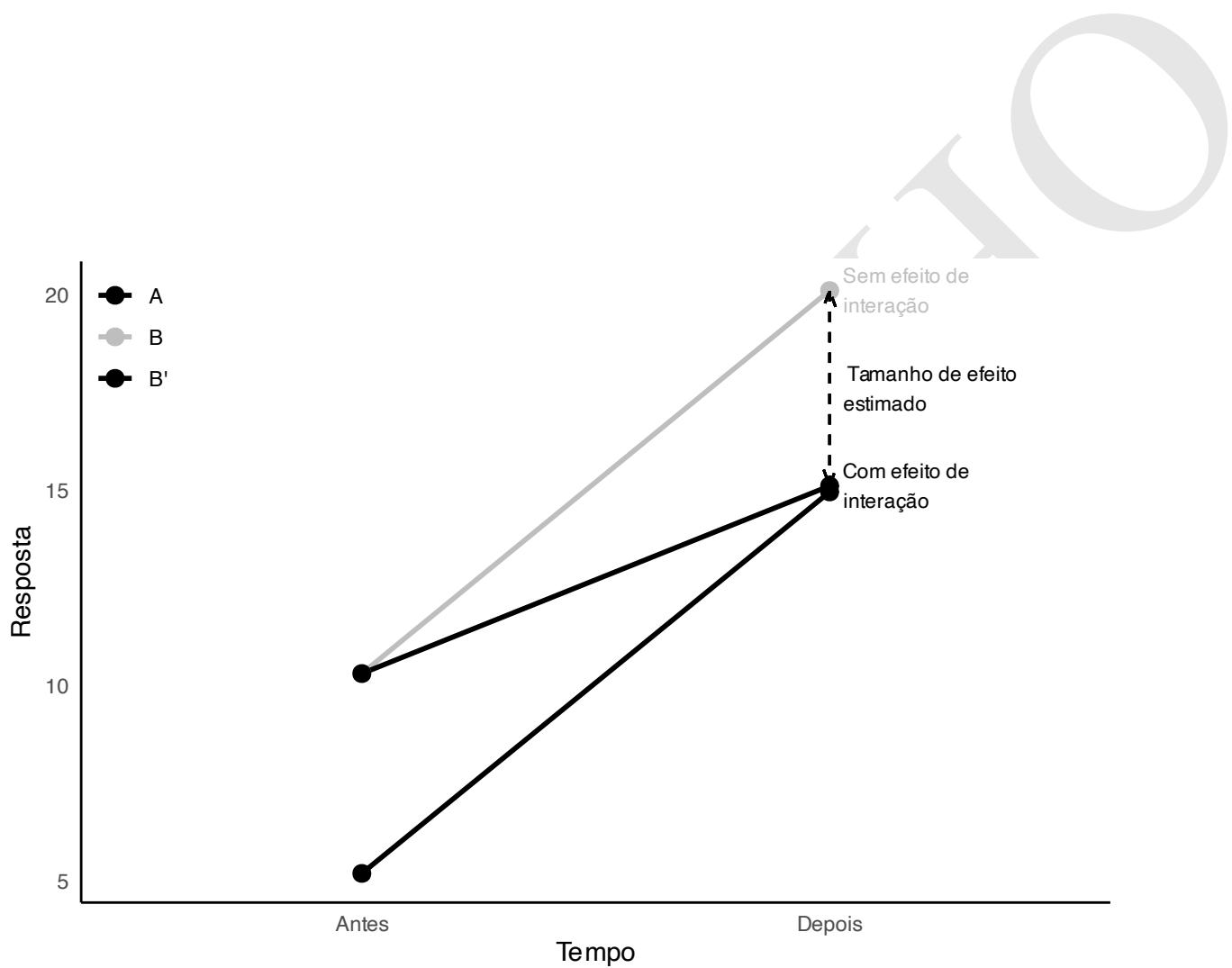


Figura 26.2: Análise de efeito de interação (inversa) entre grupos e tempo. Retas paralelas sugerem ausência de efeito de interação.



O pacote *mmrm*<sup>257</sup> fornece a função *mmrm*<sup>a</sup> para ajuste de um modelo de regressão misto linear.

<sup>a</sup><https://rdrr.io/cran/mmrm/man/mmrm.html>



O pacote *emmeans*<sup>258</sup> fornece a função *emmeans*<sup>a</sup> para calcular as médias marginais dos fatores e suas combinações de um modelo de regressão misto linear.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/emmeans/versions/1.8.7/topics/emmeans>

## 26.5 Efeito de mediação

### 26.5.1 O que é um mediador de efeito?

- <sup>259</sup>
- <sup>254</sup>

### 26.5.2 O que é efeito de mediação?

- <sup>259</sup>
- <sup>254</sup>

### 26.5.3 O que é efeito direto?

- <sup>259</sup>
- <sup>254</sup>

### 26.5.4 O que é efeito indireto?

- <sup>259</sup>
- <sup>254</sup>

### 26.5.5 O que é efeito total?

- <sup>259</sup>
- <sup>254</sup>

## 26.6 Efeito de modificação

### 26.6.1 O que é um modificador de efeito?

- <sup>254</sup>

### 26.6.2 O que é efeito de modificação?

- <sup>254</sup>

## 26.7 P-valor

### 26.7.1 O que é significância estatística?

- A expressão “significância estatística”<sup>260</sup> ou “evidência estatística de significância” sugere apenas que um experimento merece ser repetido, uma vez que um baixo P-valor (calculado a partir dos dados, modelos e demais suposições do estudo) sugere ser improvável que os dados coletados sejam coletados no contexto de que a hipótese nula  $H_0$  assumida é verdadeira.<sup>261</sup>

### 26.7.2 Como justificar o nível de significância estatística de um teste?

- ?

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *optimal\_alpha*<sup>a</sup> para calcular e justificar o nível de significância  $\alpha$  por balanço dos erros tipo I e II.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/optimal\\_alpha](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/optimal_alpha)

**R**

O pacote *Superpower*<sup>242</sup> fornece a função *ANOVA\_compromise*<sup>a</sup> para calcular e justificar o nível de significância  $\alpha$  por balanço dos erros tipo I e II em análise de variância (ANOVA).

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/ANOVA\\_compromise](https://www.rdocumentation.org/packages/Superpower/versions/0.2.0/topics/ANOVA_compromise)

### 26.7.3 O que é o P-valor?

- P-valor é a probabilidade, assumindo-se um dado modelo estatístico, de que um efeito calculado a partir dos dados seria igual ou mais extremo do que o seu valor observado.<sup>262</sup>
- P-valor é uma variável aleatória que possui distribuição uniforme quando a hipótese nula  $H_0$  é verdadeira.<sup>263</sup>

### 26.7.4 Como interpretar o P-valor?

- P-valores abaixo de um nível de significância estatística pré-especificado representam que um experimento merece ser repetido, com a rejeição da hipótese nula  $H_0$ ) justificada apenas quando experimentos adicionais frequentemente reportem igualmente resultados positivos (rejeição da hipótese nula  $H_0$ ).<sup>244</sup>
- P-valor resulta da coleta e análise de dados, e assim quantifica a plausibilidade dos dados observados sob a hipótese nula  $H_0$ .<sup>264</sup>
- P-valores podem indicar quantitativamente a incompatibilidade entre os dados obtidos e o modelo estatístico especificado a priori (geralmente constituído pela hipótese nula  $H_0$ ).<sup>262</sup>
- P-valores menores/maiores do que o nível de significância estatístico pré-estabelecido não devem ser utilizados como única fonte de informação para tomada de decisão em ciência.<sup>262</sup>

### 26.7.5 O que o P-valor não é?

- P-valor não representa a probabilidade de que a hipótese nula  $H_0$  seja verdadeira, nem a probabilidade de que os dados tenham sido produzidos pelo acaso.<sup>262</sup>
- P-valor não mede o tamanho do efeito ou a relevância da sua observação.<sup>262</sup>
- P-valor sozinho não provê informação suficiente sobre a evidência sobre um modelo teórico. A sua interpretação correta requer uma descrição ampla sobre o delineamento, métodos e análises estatísticas aplicados no estudo.<sup>262</sup>

- Evidência estatística de significância não provê informação sobre a magnitude do efeito observado e não necessariamente implica que o efeito é robusto.<sup>164,263</sup>

### 26.7.6 Qual a origem do ‘P<0,05’?

- A origem do P<0,05 remonta aos trabalhos de R. A. Fisher nas décadas de 1920 e 1930. Fisher introduziu o conceito de valor-P dentro de uma abordagem frequentista de inferência estatística.<sup>244</sup>
- O P<0,05 foi sugerido por Ronald A. Fisher como um limiar prático para indicar que um resultado era “estatisticamente significativo”<sup>244</sup>
- Para Ronald A. Fisher, a significância estatística não era prova definitiva, mas um sinal de que o resultado merecia investigação adicional. A rejeição da hipótese nula só deveria ocorrer após repetidas observações significativas, e não com base em um único teste.<sup>244</sup>

Visualização de  $p < 0,05$  (5 quadrados aleatórios em 100)

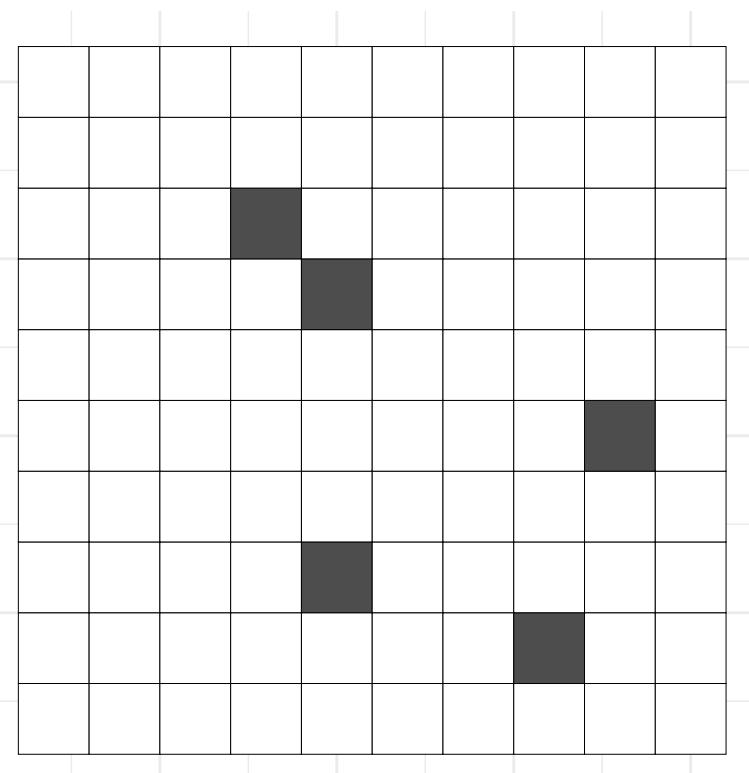


Figura 26.3: Visualização espacial de  $p < 0,05$  (5 quadrados aleatórios em 100).

### 26.7.7 Quais são os complementos ou alternativas ao P-valor?

- Intervalos de confiança, credibilidade ou predição.<sup>262</sup>
- Razão de verossimilhança.<sup>262</sup>
- Métodos Bayesianos, fator Bayes.<sup>262</sup>

RASCUNHO

## Capítulo 27

# Testes estatísticos

### 27.1 Testes de Qui-quadrado ( $\chi^2$ )

Tabela 27.1: Teste Qui-quadrado (com correção de Yates)

		Tumor Response		P-valor
		0	1	
Chemotherapy Treatment			Total	0.530
	Drug A	67	28	95
Drug B		65	33	98
<b>Total</b>		132	61	193

Pearson's Chi-squared test

Tabela 27.2: Teste Qui-quadrado (sem correção de Yates)

		Tumor Response		P-valor
		0	1	
Chemotherapy Treatment			Total	0.530
	Drug A	67	28	95
Drug B		65	33	98
<b>Total</b>		132	61	193

Pearson's Chi-squared test

### 27.2 Teste exato de Fisher

Tabela 27.3: Teste exato de Fisher

Chemotherapy Treatment	Tumor Response		Total	P-valor
	0	1		
Drug A	67	28	95	0.530
Drug B	65	33	98	
Total	132	61	193	

Pearson's Chi-squared test

## Capítulo 28

# Comparação

### 28.1 Análise inferencial de comparação

#### 28.1.1 O que é análise de comparação de dados?

• ?



O pacote *cocor*<sup>265</sup> fornece as funções *cocor.indep.groups*<sup>a</sup>, *cocor.dep.groups.overlap*<sup>b</sup> e *cocor.dep.groups.nonoverlap*<sup>c</sup> para comparar 2 coeficientes de correlação entre grupos independentes, grupos sobrepostos ou independentes, respectivamente.<sup>265</sup>

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

<sup>c</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

RASCUNHO

# Capítulo 29

## Associação

### 29.1 Análise inferencial de associação

#### 29.1.1 O que é análise de associação?

- ?

### 29.2 Associação bivariada

#### 29.2.1 O que são análises de associação bivariada?

- ?

#### 29.2.2 Quais testes podem ser usados para análises de associação bivariada?

- Teste Qui-quadrado ( $\chi^2$ ).<sup>266,267</sup>
  - O teste qui-quadrado ( $\chi^2$ ) avalia uma hipótese global se a relação entre duas variáveis e/ou fatores é independente ou associada.<sup>267</sup>
  - O teste qui-quadrado é utilizado para comparar a distribuição de uma variável categórica em uma amostra ou grupo com a distribuição em outro. Se a distribuição da variável categórica não for muito diferente nos diferentes grupos, pode-se concluir que a distribuição da variável categórica não está relacionada com a variável dos grupos. Pode-se também concluir que a variável categórica e os grupos são independentes.<sup>267</sup>
  - Tipo: não paramétrico.<sup>266,267</sup>
  - Suposições:<sup>266,267</sup>
    - \* As variáveis são ordinais ou categóricas nominais, de modo que as células representem frequência.
    - \* Os níveis dos fatores (variáveis categóricas) são mutuamente exclusivos.
    - \* Tamanho de amostra grande e adequado porque é baseado em uma abordagem de aproximação.
    - \* Menos de 20% das células com frequências esperadas  $< 5$
    - \* Nenhuma célula com frequência esperada  $< 1$ .
  - Hipóteses:<sup>267</sup>

- \* Nula ( $H_0$ ): independente (sem associação)
- \* Alternativa ( $H_1$ ): não independente (associação)
- Tamanho do efeito:<sup>267</sup>
  - \* Phi ( $\phi$ ), para tabelas de contingência 2x2
  - \* Razão de chances ( $RC$  ou  $OR$ ), para tabelas de contingência 2x2
  - \* Cramer V ( $V$ ), para tabelas de contingência NxM

**R** O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_cross*<sup>a</sup> para criar uma tabela NxM.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl\\_cross](https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl_cross)

- Teste Exato de Fisher ( $\chi^2$ ).<sup>266,267</sup>
  - O teste exato de Fisher avalia a hipótese nula de independência aplicando a distribuição hipergeométrica dos números nas células da tabela.<sup>267</sup>
  - Hipóteses:<sup>266,267</sup>
    - \* Nula ( $H_0$ ): independente (sem associação)
    - \* Alternativa ( $H_1$ ): não independente (associação)
  - Tamanho do efeito:<sup>266,267</sup>
    - \* Phi ( $\phi$ ), para tabelas de contingência 2x2
    - \* Razão de chances ( $RC$  ou  $OR$ ), para tabelas de contingência 2x2
    - \* Cramer V ( $V$ ), para tabelas de contingência NxM

**R** O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_cross*<sup>a</sup> para criar uma tabela NxM.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl\\_cross](https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl_cross)

## 29.3 Associação multivariada

### 29.3.1 O que são análises de associação multivariada?

- ?

### 29.3.2 Quais testes podem ser usados para análises de associação multivariada?

- ?

# Capítulo 30

## Correlação

### 30.1 Análise inferencial de correlação

#### 30.1.1 O que é covariância?

- ?

#### 30.1.2 O que é correlação?

- ?

#### 30.1.3 Qual é a interpretação das medidas de correlação?

- Os valores de correlação estão no intervalo  $[-1; 1]$ .<sup>60,268,269</sup>
- Valores de correlação positivos representam uma relação direta entre as variáveis, tal que valores maiores de uma variável estão associados a valores maiores de outra variável.<sup>268,269</sup>
- Valores de correlação negativos representam uma relação indireta (ou inversa) entre as variáveis, tal que valores maiores (menores) de uma variável estão associados a valores maiores (menores) de outra variável.<sup>268,269</sup>
- Valores de correlação próximos de 0 representam a inexistência de relação entre as variáveis.<sup>268,269</sup>

#### 30.1.4 Quais precauções devem ser tomadas na interpretação de medidas de correlação?

- Tamanhos de efeito grande (ou qualquer outro) não representam necessariamente uma relação causa-efeito entre as variáveis.<sup>268</sup>
- Tamanhos de efeito grande (ou qualquer outro) não representam necessariamente uma relação de concordância ou confiabilidade entre as variáveis.<sup>268</sup>
- Uma escala de medição com representação agregada do constructo na coleta de dados pode subestimar o tamanho do efeito da correlação  $r$  em cerca de 13% e do coeficiente de determinação  $R^2$  de cerca de 30%.<sup>74</sup> Neste caso, a correlação desatenuada  $r_{x'y'}$  pode ser calculada pela equação (30.1), utilizando a correlação observada  $r_{xy}$  e os fatores de correção  $r_{xx'}$  e  $r_{yy'}$  para o número de intervalos nas variáveis X e Y, respectivamente:<sup>74</sup>

$$r_{x'y'} = \frac{r_{xy}}{r_{xx'} r_{yy'}} \quad (30.1)$$

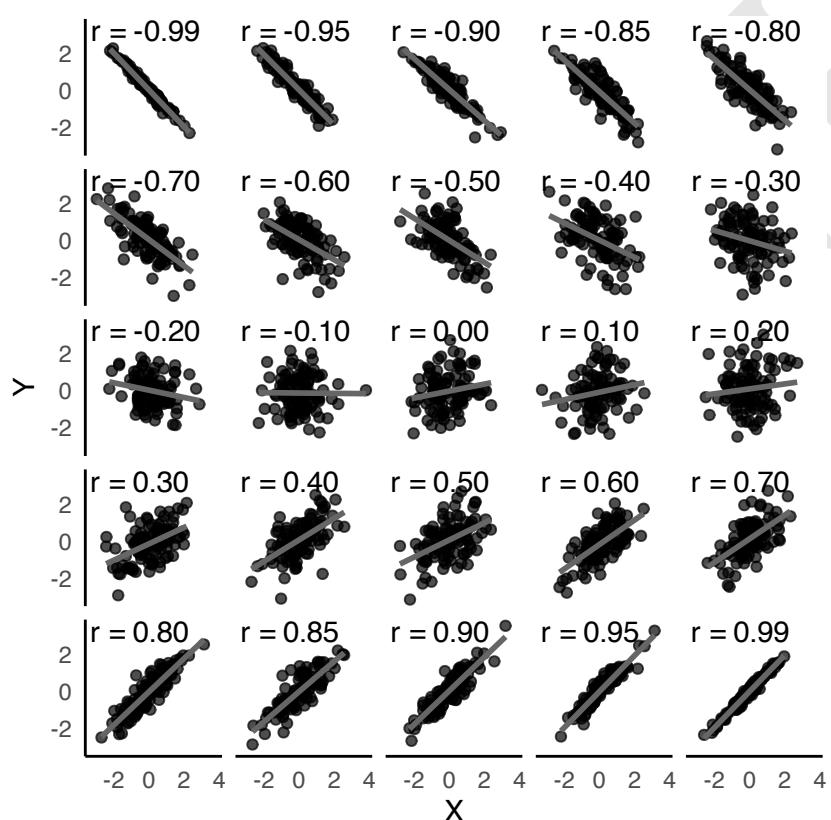


Figura 30.1: Exemplo de diferentes forças e direção de correlação entre duas variáveis X e Y.

Tabela 30.1: Quarteto de Anscombe.

ID	x1	x2	x3	x4	y1	y2	y3	y4
1	10	10	10	8	8.04	9.14	7.46	6.58
2	8	8	8	8	6.95	8.14	6.77	5.76
3	13	13	13	8	7.58	8.74	12.74	7.71
4	9	9	9	8	8.81	8.77	7.11	8.84
5	11	11	11	8	8.33	9.26	7.81	8.47
6	14	14	14	8	9.96	8.10	8.84	7.04
7	6	6	6	8	7.24	6.13	6.08	5.25
8	4	4	4	19	4.26	3.10	5.39	12.50
9	12	12	12	8	10.84	9.13	8.15	5.56
10	7	7	7	8	4.82	7.26	6.42	7.91
11	5	5	5	8	5.68	4.74	5.73	6.89

Tabela 30.2: Análise descritiva do Quarteto de Anscombe demonstrando os conjuntos de dados bivariados com parâmetros quase idênticos.

	X1Y1	X2Y2	X3Y3	X4Y4
<b>Observações</b>	11.00	11.00	11.00	11.00
<b>Média x</b>	9.00	9.00	9.00	9.00
<b>Média y</b>	7.50	7.50	7.50	7.50
<b>Variância x</b>	11.00	11.00	11.00	11.00
<b>Variância y</b>	4.13	4.13	4.12	4.12
<b>Correlação</b>	0.82	0.82	0.82	0.82
<b>Coeficiente angular</b>	0.50	0.50	0.50	0.50
<b>Coeficiente linear</b>	3.00	3.00	3.00	3.00
<b>Coeficiente de determinação</b>	0.67	0.67	0.67	0.67



O pacote *psychmeta*<sup>270</sup> fornece a função *correct\_r\_coarseness*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação desatenuado ( $r_{x'y'}$ ).

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/correct\\_r\\_coarseness](https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/correct_r_coarseness)



O pacote *psychmeta*<sup>270</sup> fornece a função *correct\_r*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação em escala restrita e/ou com erro de mensuração ( $r_{x'y'}$ ).

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/correct\\_r](https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/correct_r)

- Os coeficientes de correlação possuem suposições que, se violadas, podem levar a interpretações equivocadas. Nestes cenários, visualizar os dados e as relações entre as variáveis pode contribuir com a interpretação e utilidade dos coeficientes de correlação.<sup>271</sup>
- O *quarteto de Anscombe* é um conjunto de quatro bancos de dados bivariados que possuem a mesma média, variância, correlação e regressão linear (até a 2a casa decimal), mas que são visualmente diferentes e, assim, demonstram a importância da análise gráfica da correlação.<sup>271</sup>

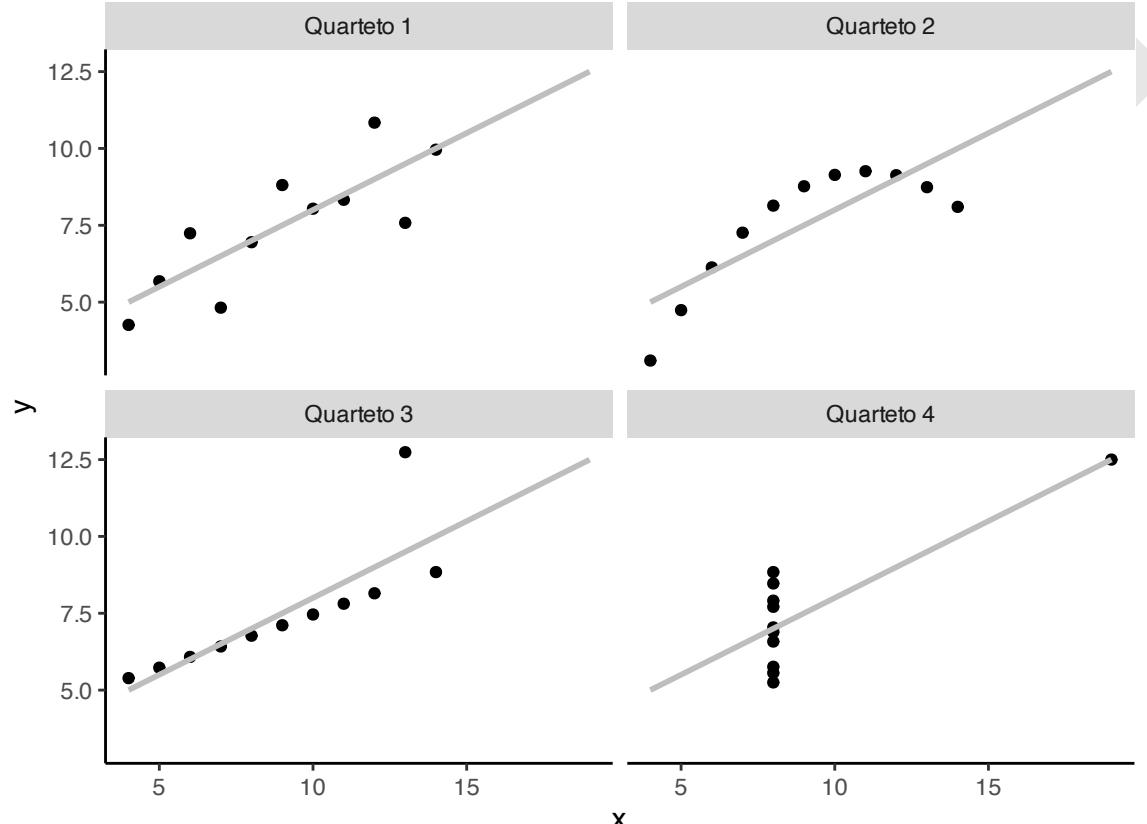


Figura 30.2: Gráfico de dispersão do Quarteto de Anscombe para representação gráfica de conjuntos de dados bivariados com parâmetros quase idênticos e relações muito distintas.



O pacote *anscombiner*<sup>272</sup> fornece a função *anscombise*<sup>a</sup> para gerar bancos de dados que compartilham os mesmos valores de parâmetros do Quarteto de Anscombe.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/anscombiner/versions/1.1.0/topics/anscombise>

## 30.2 Coeficientes de correlação

### 30.2.1 Quais coeficientes podem ser usados em análises de correlação?

- Coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ).<sup>268,269</sup>
  - O coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) avalia a força e direção da relação linear entre duas variáveis quantitativas.<sup>268,269</sup>
  - Tipo: paramétrico.<sup>268,269</sup>
  - Hipóteses:<sup>269</sup>
    - \* Nula ( $H_0$ ):  $r = 0$
    - \* Alternativa ( $H_1$ ):  $r \neq 0$
  - Tamanho do efeito:<sup>268,269</sup>
    - \* Coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ )



O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *cor.test*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>



O pacote *correlation*<sup>273</sup> do projeto *easystats*<sup>274</sup> fornece a função *correlation*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ).

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correlation/index.html>

- Coeficiente de correlação ponto-bisserial ( $r_s$ ).<sup>268</sup>
  - O coeficiente de correlação ponto-bisserial ( $r_s$ ) avalia a força e direção da relação linear entre uma variável quantitativa e outra dicotômica.<sup>268</sup>
  - Tipo: paramétrico.<sup>268</sup>
  - Hipóteses:<sup>268</sup>
    - \* Nula ( $H_0$ ):  $r_s = 0$
    - \* Alternativa ( $H_1$ ):  $r_s \neq 0$
  - Tamanho do efeito:<sup>268</sup>
    - \* Coeficiente de correlação ponto-bisserial ( $r_s$ )

**R**

O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *cor.test*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação ponto-bisserial ( $r_s$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

**R**

O pacote *correlation*<sup>273</sup> do projeto *easystats*<sup>274</sup> fornece a função *correlation*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação ponto-bisserial ( $r_s$ ).

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correlation/index.html>

- Coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ).<sup>268,269</sup>

- O coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ) avalia a força e direção da relação monotônica entre duas variáveis quantitativas.<sup>268,269</sup>
- O coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ) pode ser também definida como a correlação de Pearson ( $r$ ) entre as classificações (*ranks*) das duas variáveis quantitativas.<sup>268,269</sup>
- Tipo: não-paramétrico.<sup>268,269</sup>
- Hipóteses:<sup>268,269</sup>
  - \* Nula ( $H_0$ ):  $\rho = 0$
  - \* Alternativa ( $H_1$ ):  $\rho \neq 0$
- Tamanho do efeito:<sup>268,269</sup>
  - \* Coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ )

**R**

O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *cor.test*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

**R**

O pacote *correlation*<sup>273</sup> do projeto *easystats*<sup>274</sup> fornece a função *correlation*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ).

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correlation/index.html>

- Coeficiente de Kendall ( $\tau$ ).<sup>268,269</sup>

- O coeficiente Kendall  $\tau$  avalia a força e direção da relação monotônica entre duas variáveis quantitativas ou qualitativas.<sup>268,269</sup>
- O coeficiente Kendall  $\tau$  é definido como a proporção de todos os pares concordantes menos a proporção de todos os pares discordantes.<sup>268,269</sup>
- Tipo: não-paramétrico.<sup>268,269</sup>
- Hipóteses:<sup>268,269</sup>
  - \* Nula ( $H_0$ ):  $\tau = 0$
  - \* Alternativa ( $H_1$ ):  $\tau \neq 0$

- Tamanho do efeito:<sup>268,269</sup>

\* Kendall  $\tau$

 O pacote *stats*<sup>90</sup> fornece a função *cor.test*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente Kendall  $\tau$ .

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/stats/versions/3.6.2/topics/cor.test>

-  O pacote *correlation*<sup>273</sup> do projeto *easystats*<sup>274</sup> fornece a função *correlation*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente coeficiente Kendall  $\tau$ .

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correlation/index.html>

- Coeficiente de Cramér ( $V$ ).?

- O coeficiente Cramér ( $V$ ) avalia a força e direção da relação entre duas variáveis qualitativas.?
- Tipo: não-paramétrico.?
- Hipóteses:?

\* Nula ( $H_0$ ):  $V = 0$

\* Alternativa ( $H_1$ ):  $V \neq 0$

- Tamanho do efeito:?

\* Coeficiente Cramer ( $V$ )

- Coeficiente de Sheperd  $\phi$ .?

- O coeficiente Phi ( $\phi$ ) avalia a força e direção da relação entre duas variáveis dicotômicas.?
  - Tipo: não-paramétrico.?
  - Hipóteses:?
- \* Nula ( $H_0$ ):  $\phi = 0$
- \* Alternativa ( $H_1$ ):  $\phi \neq 0$
- Tamanho do efeito:?
- \* Coeficiente Phi ( $\phi$ )

 O pacote *correlation*<sup>273</sup> do projeto *easystats*<sup>274</sup> fornece a função *correlation*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente coeficiente Sheperd  $\phi$ .

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correlation/index.html>

-  O pacote *corrplot*<sup>195</sup> fornece a função *cor.mtest*<sup>a</sup> para calcular os P-valores e intervalos de confiança da matriz de correlação.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/corrplot/versions/0.92/topics/cor.mtest>



O pacote *corrplot*<sup>195</sup> fornece a função *corrplot*<sup>a</sup> para visualização da matriz de correlação.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/corrplot/versions/0.92/topics/corrplot>

## 30.3 Colinearidade

### 30.3.1 O que é colinearidade?

- Colinearidade representa a correlação entre duas variáveis.<sup>275</sup>
- Colinearidade exata indica uma relação linear perfeita entre duas variáveis.<sup>275</sup>

### 30.3.2 Como identificar colinearidade na matriz de correlação?

- A colinearidade pode ser identificada na matriz de correlação por meio da análise dos coeficientes de correlação entre as variáveis.<sup>275</sup>
- Valores de correlação próximos de 1 ou  $-1$  indicam colinearidade entre as variáveis.<sup>275</sup>



O pacote *GGally*<sup>276</sup> fornece a função *ggally\_cor*<sup>a</sup> para estimar a correlação bivariada e exibir o coeficiente de correlação e o P-valor na matriz de correlação.<sup>276</sup>

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/GGally/versions/2.2.1/topics/ggally\\_cor](https://www.rdocumentation.org/packages/GGally/versions/2.2.1/topics/ggally_cor)

# Capítulo 31

## Regressão

### 31.1 Análise de regressão

#### 31.1.1 O que é regressão?

- Regressão refere-se a uma equação matemática que permite que uma ou mais variável(is) de desfecho (dependentes) seja(m) prevista(s) a partir de uma ou mais variável(is) independente(s). A regressão implica em uma direção de efeito, mas não garante causalidade.<sup>245</sup>
- Para estimar os efeitos imparciais de um fator de exposição primária sobre uma variável de desfecho, frequentemente constroem-se modelos estatísticos de regressão.<sup>192</sup>



O pacote *modelsummary*<sup>277</sup> fornece as funções *modelsummary*<sup>a</sup> e *modelplot*<sup>b</sup> para gerar tabelas e gráficos de coeficientes de regressão.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/modelsummary/versions/1.4.1/topics/modelsummary>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/modelsummary/versions/1.4.1/topics/modelplot>



O pacote *gtsummary*<sup>185</sup> fornece a função *tbl\_regression*<sup>a</sup> para construção da ‘Tabela 2’ com dados do modelo de regressão.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl\\_regression](https://www.rdocumentation.org/packages/gtsummary/versions/1.6.3/topics/tbl_regression)

#### 31.1.2 Quais são os algoritmos de regressão?

- Linear.?
- Não-linear.?
- Polinomial.?
- Ridge.?
- Lasso.?

### 31.1.3 O que são análises de regressão simples?

- A análise de regressão simples consiste em modelos estatísticos com 1 variável dependente (desfecho) e 1 variável independente (preditor).<sup>278</sup>
- A equação de regressão simples é expressa como (31.1), onde  $Y$  é a variável dependente,  $X$  é a variável independente,  $\beta_0$  é o intercepto (constante),  $\beta_1$  é o coeficiente de regressão da variável independente e  $\epsilon$  representa o erro aleatório do modelo.<sup>278</sup>

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon \quad (31.1)$$

### 31.1.4 O que são análises de regressão multivariável?

- A análise multivariável (ou múltiplo) consiste em modelos estatísticos com 1 variável dependente (desfecho) e duas ou mais variáveis independentes.<sup>278</sup>
- A equação de regressão multivariável é expressa como (31.2), onde  $Y$  é a variável dependente,  $X_1, X_2, \dots, X_n$  são as variáveis independentes,  $\beta_0$  é o intercepto (constante),  $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n$  são os coeficientes de regressão das variáveis independentes e  $\epsilon$  representa o erro aleatório do modelo.<sup>278</sup>

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n + \epsilon \quad (31.2)$$

### 31.1.5 O que são análises de regressão multivariada?

- A análise multivariada consiste em modelos estatísticos com 2 ou mais variáveis dependentes (desfechos) e duas ou mais variáveis independentes.<sup>278</sup>
- A equação de regressão multivariada é expressa como (31.3), onde  $Y_1, Y_2, \dots, Y_m$  são as variáveis dependentes,  $X_1, X_2, \dots, X_n$  são as variáveis independentes,  $\beta_{0j}$  é o intercepto (constante) da variável dependente  $Y_j$ ,  $\beta_{ij}$  são os coeficientes de regressão das variáveis independentes para a variável dependente  $Y_j$  e  $\epsilon_j$  representa o erro aleatório do modelo para a variável dependente  $Y_j$ .<sup>278</sup>

$$Y_1 = \beta_{01} + \beta_{11} X_1 + \beta_{12} X_2 + \dots + \beta_{1n} X_n + \epsilon_1 \quad (31.3)$$

$$Y_2 = \beta_{02} + \beta_{21} X_1 + \beta_{22} X_2 + \dots + \beta_{2n} X_n + \epsilon_2 \quad (31.4)$$

$$\vdots \quad (31.5)$$

$$Y_m = \beta_{0m} + \beta_{m1} X_1 + \beta_{m2} X_2 + \dots + \beta_{mn} X_n + \epsilon_m \quad (31.6)$$

### 31.1.6 O que são análises de regressão linear?

- ?

### 31.1.7 O que são análises de regressão não-linear?

- ?

### 31.1.8 O que são análises de regressão polinomial?

- ?

### 31.1.9 O que são análises de regressão ridge?

- ?

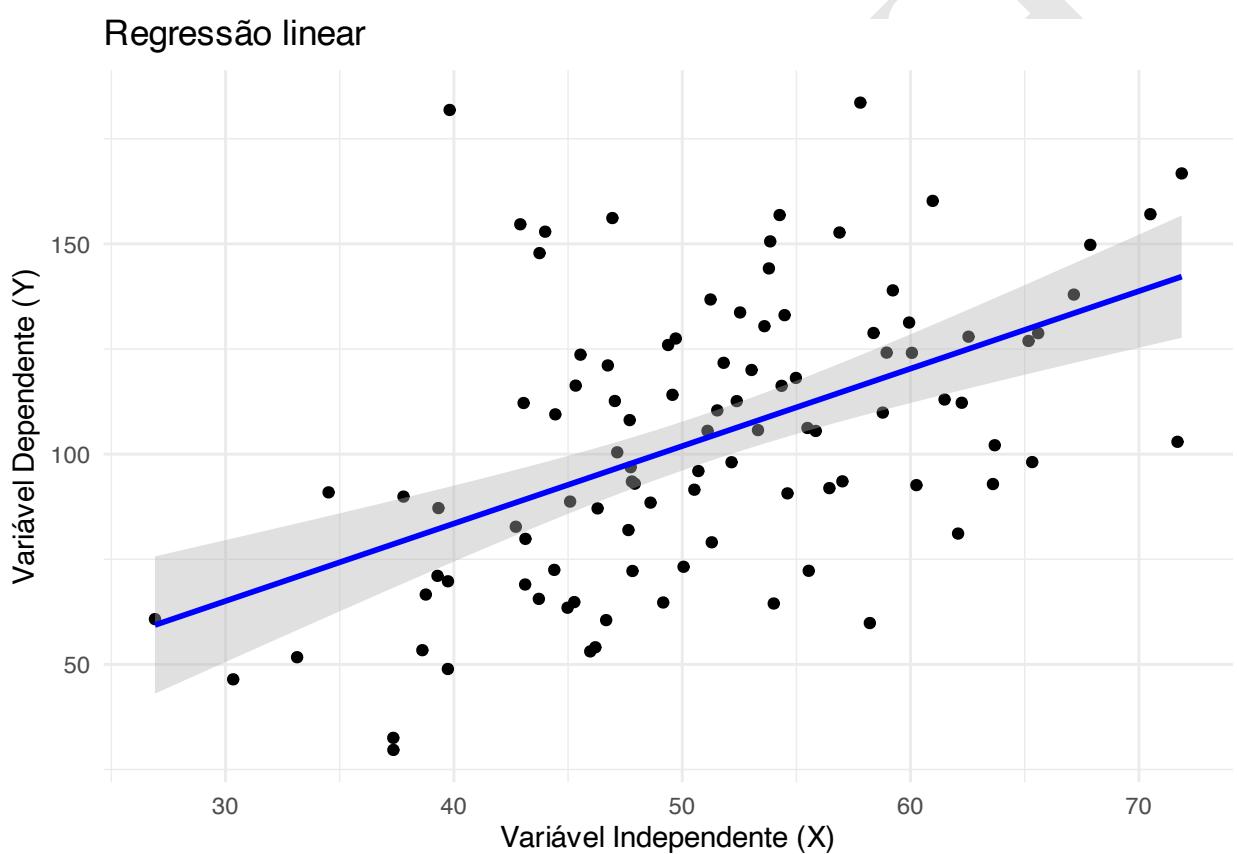


Figura 31.1: Regressão linear.

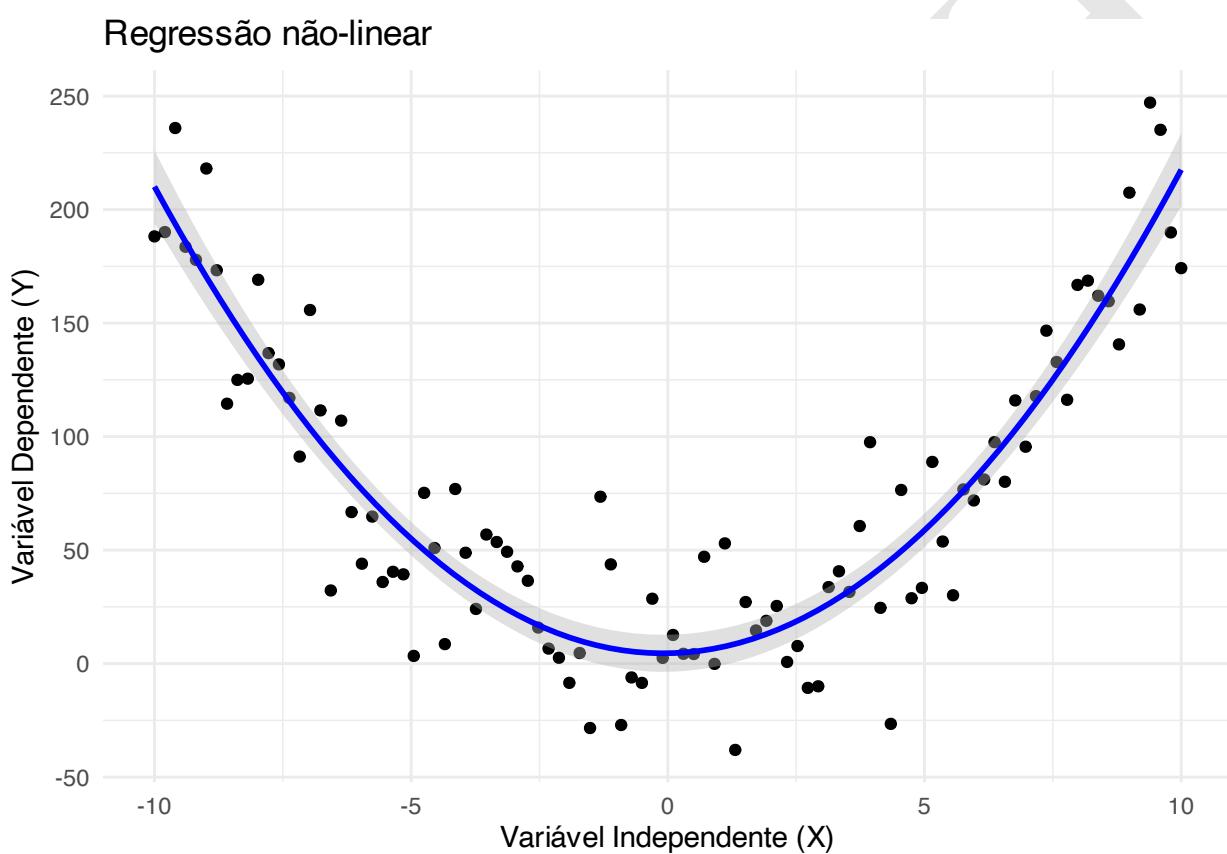


Figura 31.2: Regressão não-linear.

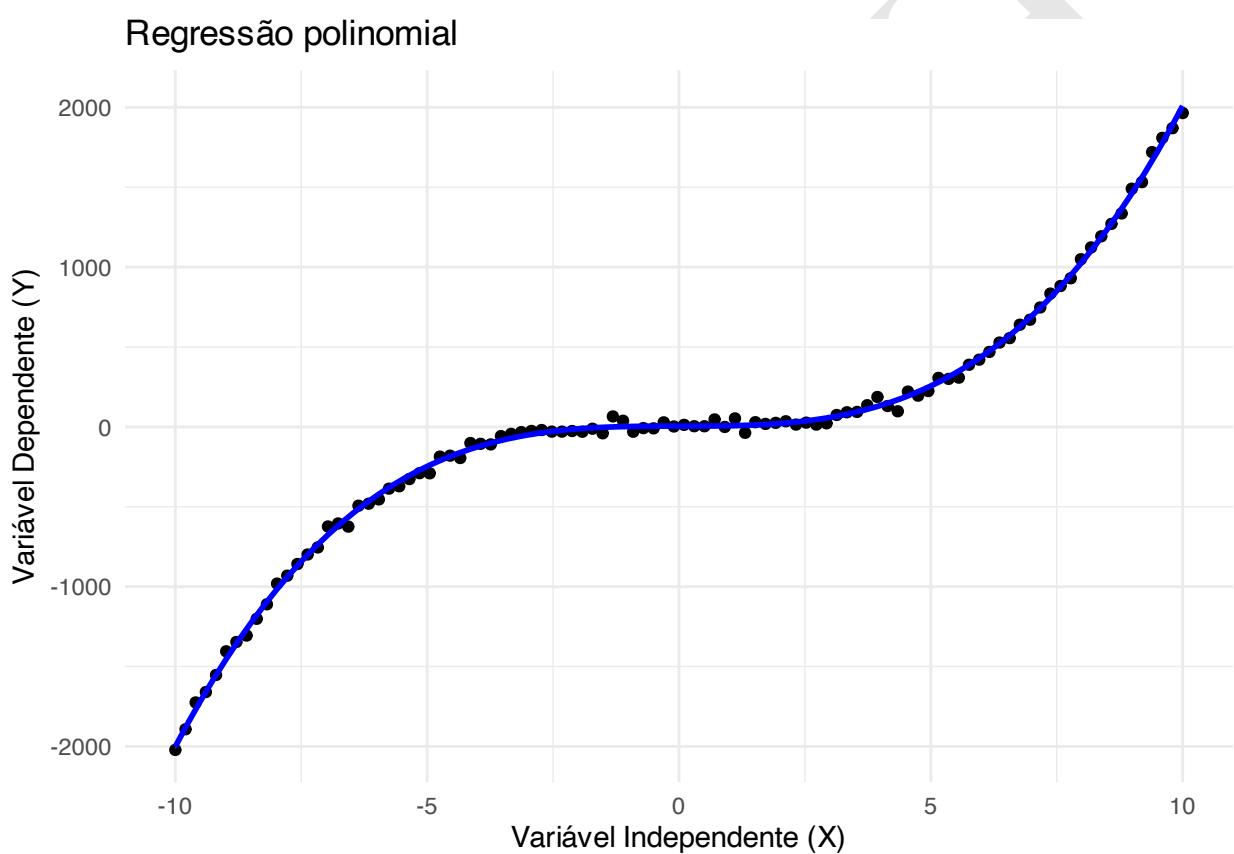


Figura 31.3: Regressão polinomial.

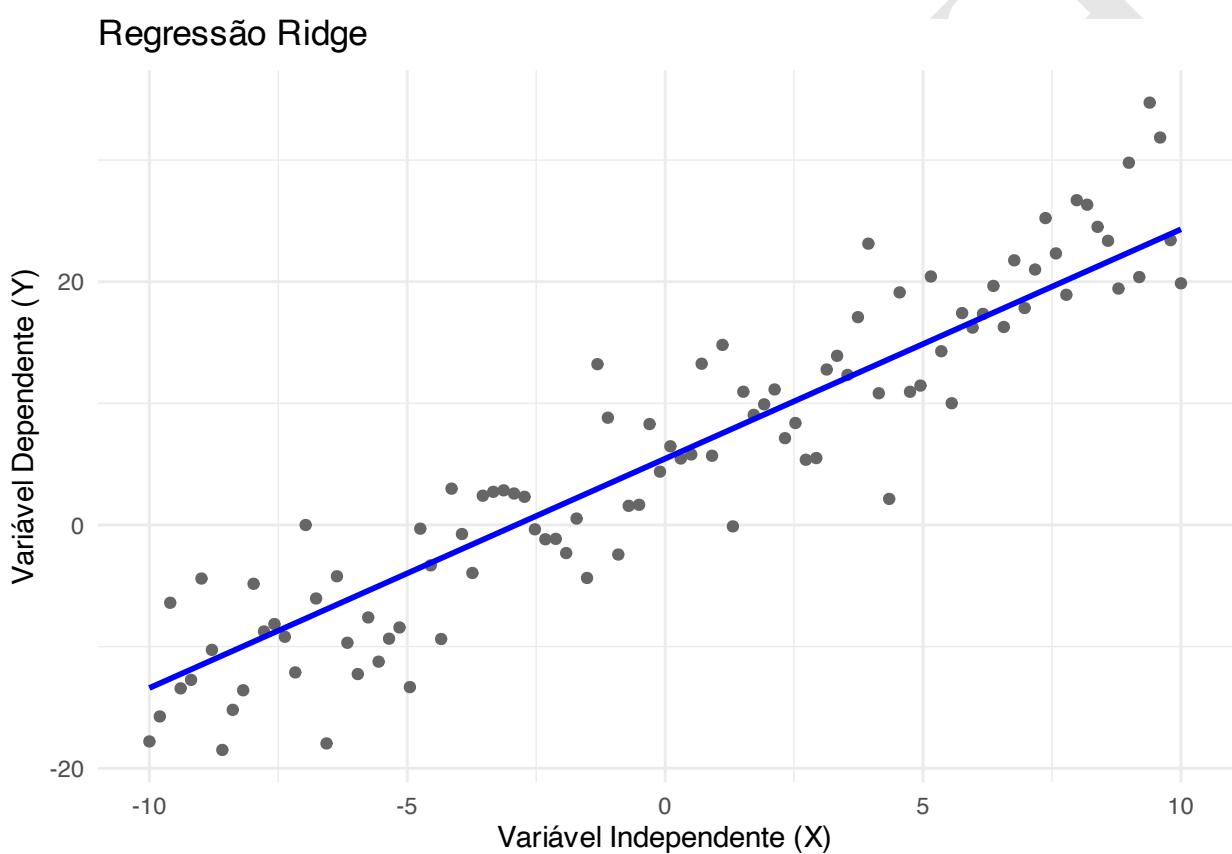


Figura 31.4: Regressão ridge.

### 31.1.10 O que são análises de regressão logística?

- ?

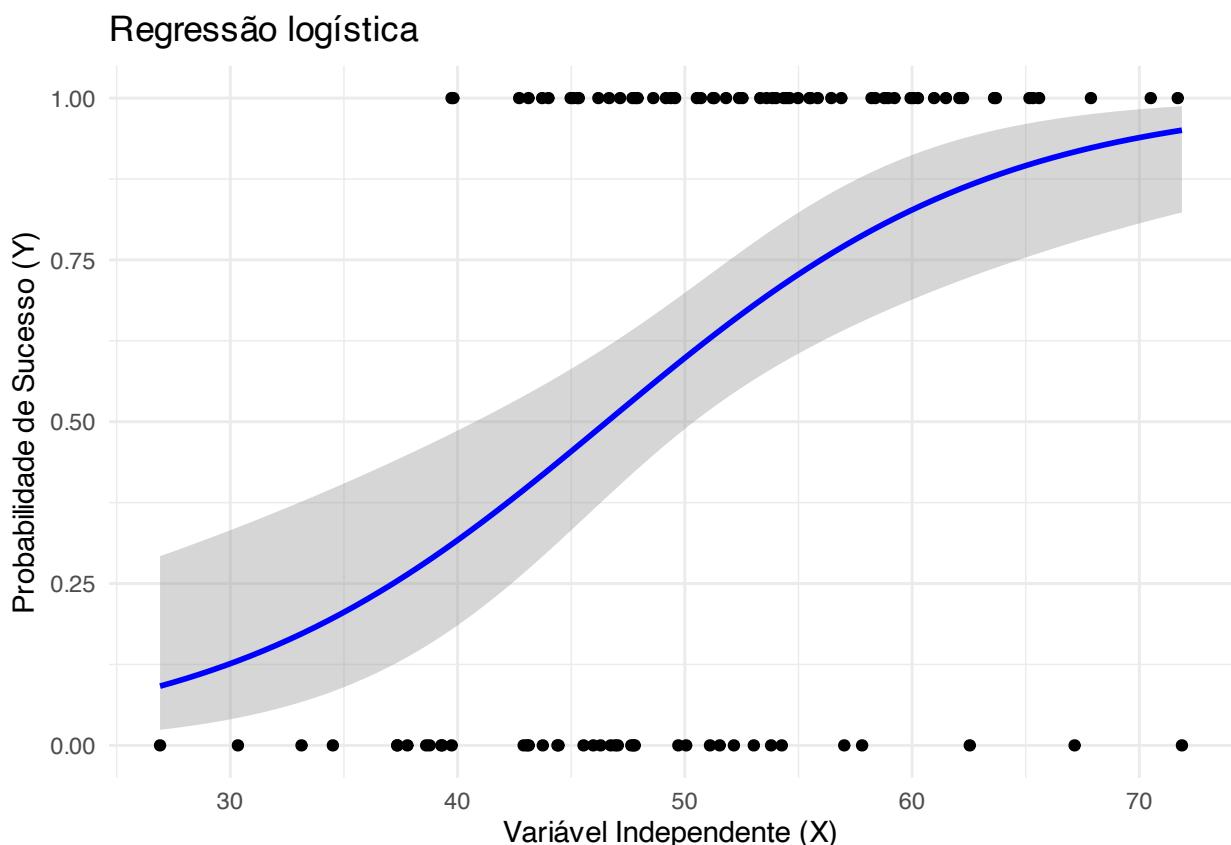


Figura 31.5: Regressão logística.

## 31.2 Preparação de variáveis para regressão

### 31.2.1 Como preparar as variáveis categóricas para análise de regressão?

- Variáveis fictícias (*dummy*) compreendem variáveis criadas para introduzir, nos modelos de regressão, informações contidas em outras variáveis que não podem ser medidas em escala numérica.<sup>279</sup>
- Variáveis categóricas nominais, com 2 ou mais níveis, devem ser subdivididas em variáveis fictícias dicotômicas para ser usada em modelos de regressão.<sup>280</sup>
- Cada nível da variável categórica nominal será convertido em uma nova variável fictícias dicotômica, tal que a nova variável dicotômica assume valor 1 para a presença do nível correspondente e 0 em qualquer outro caso.<sup>280</sup>



O pacote *fastDummies*<sup>281</sup> fornece a função *dummy\_cols*<sup>a</sup> para preparar as variáveis categóricas fictícias para análise de regressão.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/fastDummies/versions/1.7.3/topics/dummy\\_columns](https://www.rdocumentation.org/packages/fastDummies/versions/1.7.3/topics/dummy_columns)

### 31.2.2 Por que é comum escolher a categoria mais frequente como referência em modelos epidemiológicos?

- Maior estabilidade estatística: a categoria mais frequente costuma gerar estimativas mais estáveis, com menor erro padrão nos coeficientes das demais categorias.<sup>274</sup>
- A escolha da referência não altera o ajuste nem o valor predito pelo modelo — apenas muda o ponto de comparação.<sup>274</sup>

## 31.3 Multicolinearidade

### 31.3.1 O que é multicolinearidade?

- Multicolinearidade representa a intercorrelação entre as variáveis independentes (explanatórias) de um modelo.<sup>275</sup>

### 31.3.2 Como diagnosticar multicolinearidade de forma quantitativa?

- Verifique a existência de multicolinearidade entre as variáveis candidatas.<sup>282</sup>
- O Coeficiente de determinação ( $R^2$ ) é uma medida de quão bem as variáveis independentes explicam a variabilidade da variável dependente. Valores próximos a 1 indicam que as variáveis independentes estão fortemente correlacionadas entre si, o que pode indicar multicolinearidade.<sup>275</sup>
- O Fator de Inflação da Variância (*variance inflation factor*, VIF) é uma medida que quantifica o quanto a variância de um coeficiente de regressão é inflacionada devido à multicolinearidade. Valores de VIF maiores que 10 são frequentemente considerados indicativos de multicolinearidade significativa.<sup>275</sup>
- O recíproco da VIF é chamado de Tolerância, que mede a proporção da variância de uma variável independente que não é explicada pelas outras variáveis independentes. Valores baixos de Tolerância (geralmente abaixo de 0.1) indicam multicolinearidade.<sup>275</sup>
- O número de condições (*Condition Number*) é uma medida que avalia a estabilidade numérica de um modelo de regressão. Valores altos (entre 10 e 30) indicam multicolinearidade, e valores maiores que 30 indicam forte multicolinearidade.<sup>275</sup>

**R**

O pacote *GGally*<sup>276</sup> fornece a função *ggpairs*<sup>a</sup> para criar uma matriz gráfica de correlações bivariadas.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/GGally/versions/2.2.1/topics/ggpairs>

**R**

O pacote *car*<sup>283</sup> fornece a função *vif*<sup>a</sup> para calcular o fator de inflação da variância (VIF).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/car/versions/3.1-3/topics/vif>

### 31.3.3 O que fazer em caso de multicolinearidade elevada?

- Verifique a transformação (codificação) de variáveis numéricas em categóricas.<sup>275</sup>
- Aumente o tamanho da amostra, se possível, para reduzir a multicolinearidade.<sup>275</sup>
- Combine níveis de variáveis categóricas com baixa frequência de ocorrência.<sup>275</sup>
- Combine variáveis numéricas altamente correlacionadas em uma única variável composta, como a média ou soma das variáveis.<sup>275</sup>

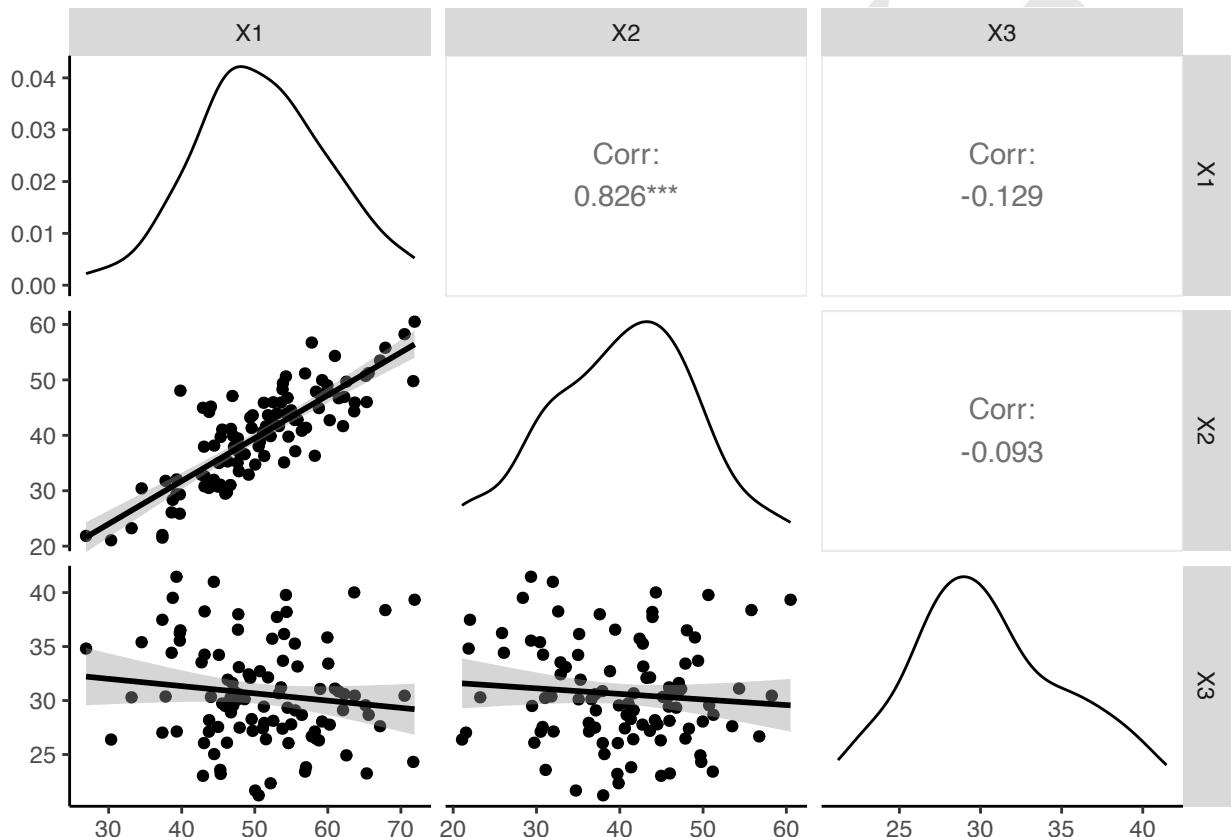


Figura 31.6: Multicolinearidade entre variáveis candidatas em modelos de regressão multivariável.

- Considere a exclusão de variáveis altamente correlacionadas do modelo, especialmente se elas não forem essenciais para a análise.<sup>275</sup>
- Use técnicas de seleção de variáveis, como seleção passo a passo, para identificar e remover variáveis redundantes.<sup>275</sup>
- Use técnicas de regularização, como regressão ridge ou lasso, que podem lidar com multicolinearidade ao penalizar coeficientes de regressão.<sup>275</sup>

## 31.4 Redução de dimensionalidade

### 31.4.1 Correlação bivariada pode ser usada para seleção de variáveis em modelos de regressão multivariável?

- Seleção bivariada de variáveis - isto é, aplicação de testes de correlação em pares de variáveis candidatas e variável de desfecho afim de selecionar quais serão incluídas no modelo multivariável - é um dos erros mais comuns na literatura.<sup>264,282,284</sup>
- A seleção bivariada de variáveis torna o modelo mais suscetível a otimismo no ajuste se as variáveis de confundimento não são adequadamente controladas.<sup>282,284</sup>

### 31.4.2 Variáveis sem significância estatística devem ser excluídas do modelo final?

- Eliminar uma variável de um modelo significa anular o seu coeficiente de regressão ( $\beta = 0$ ), mesmo que o valor estimado pelos dados seja outro. Desta forma, os resultados se afastam de uma solução de máxima verossimilhança (que tem fundamento teórico) e o modelo resultante é intencionalmente subótimo.<sup>264</sup>
- Os coeficientes de regressão geralmente dependem do conjunto de variáveis do modelo e, portanto, podem mudar de valor (“mudança na estimativa” positiva ou negativa) se uma (ou mais) variável(is) for(em) eliminada(s) do modelo.<sup>264</sup>

### 31.4.3 Por que métodos de regressão gradual não são recomendados para seleção de variáveis em modelos de regressão multivariável?

- Métodos diferentes de regressão gradual podem produzir diferentes seleções de variáveis de um mesmo banco de dados.<sup>280</sup>
- Nenhum método de regressão gradual garante a seleção ótima de variáveis de um banco de dados.<sup>280</sup>
- As regras de término da regressão baseadas em P-valor tendem a ser arbitrárias.<sup>280</sup>

### 31.4.4 O que pode ser feito para reduzir o número de variáveis candidatas em modelos de regressão multivariável?

- Em caso de uma proporção baixa entre o número de participantes e de variáveis, use o conhecimento prévio da literatura para selecionar um pequeno conjunto de variáveis candidatas.<sup>282</sup>
- Colapse categorias com contagem nula (células com valor igual a 0) de variáveis candidatas.<sup>282</sup>
- Use simulações de dados para identificar qual(is) variável(is) está(ão) causando problemas de convergência do ajuste do modelo.<sup>282</sup>
- A eliminação retroativa tem sido recomendada como a abordagem de regressão gradual mais confiável entre aquelas que podem ser facilmente alcançadas com programas de computador.<sup>264</sup>

### 31.4.5 Quando devemos forçar uma variável no modelo?

- Sempre que houver base teórica ou evidência prévia forte (por exemplo, idade em estudos de câncer), ou se for a variável de exposição principal.<sup>285</sup>

## 31.5 Suposições dos modelos

### 31.5.1 Quais suposições são feitas para regressão?

- As suposições dos modelos de regressão incluem linearidade, independência, homocedasticidade, normalidade dos resíduos e ausência de multicolinearidade.<sup>286</sup>

### 31.5.2 Como avaliar as suposições de uma regressão?

- Usando diagnóstico de regressão (ex.: análise de resíduos, gráficos de valores observados vs. preditos) e comparação com análises estratificadas.<sup>285</sup>

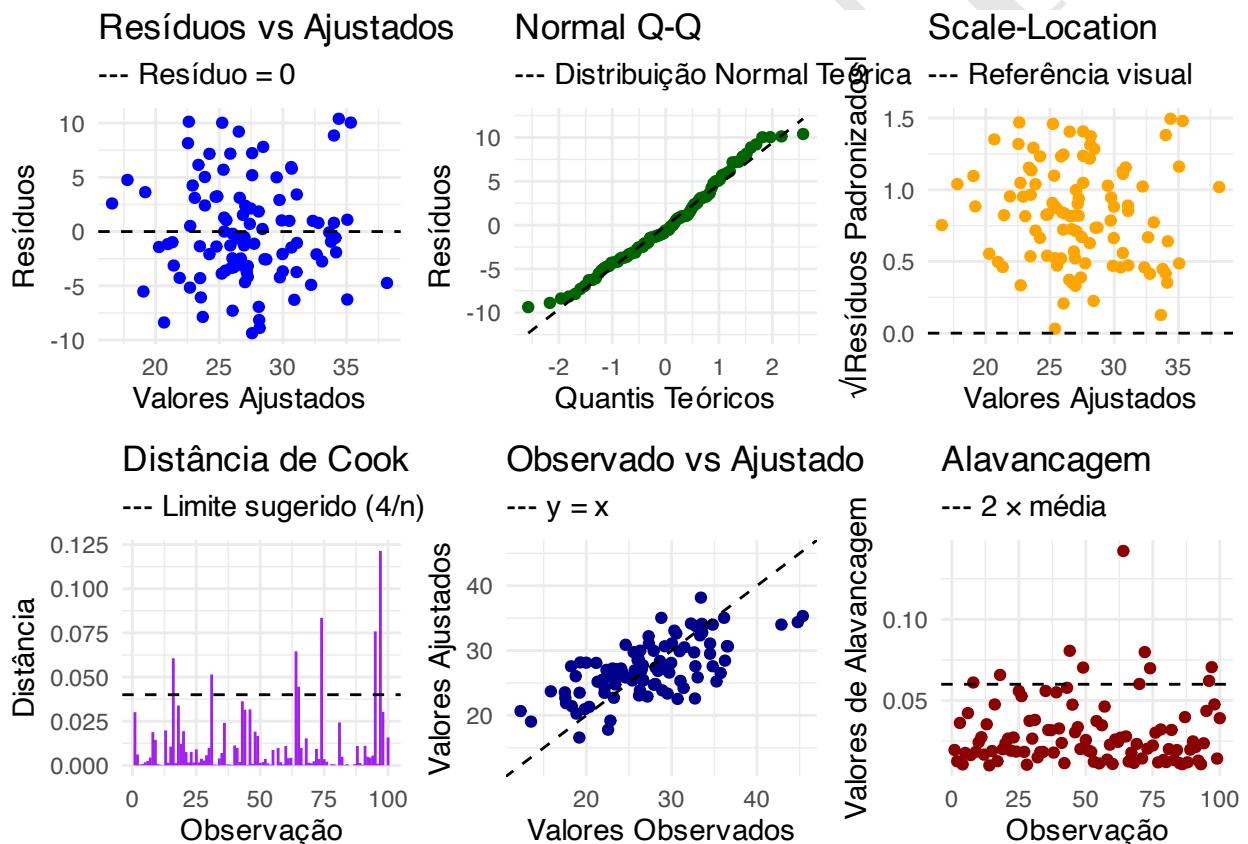


Figura 31.7: Diagnóstico de regressão para avaliar suposições do modelo: linearidade, normalidade dos resíduos, homocedasticidade e alavancagem.

RASCUNHO

## ***PARTE 7: MODELAGEM E ANÁLISES AVANÇADAS***

---

Estratégias para entender relações complexas, prever resultados e explorar padrões ocultos

RASCUNHO

# Capítulo 32

## Modelos

### 32.1 Modelos estatísticos

#### 32.1.1 O que é modelagem estatística?

- Modelagem é o processo de usar dados para selecionar um modelo matemático explícito que represente o processo gerador dos dados.<sup>285</sup>

#### 32.1.2 Por que a escolha do modelo é complexa?

- Há inúmeras combinações possíveis de variáveis, formas funcionais (lineares, quadráticas, transformações), interações e formas do desfecho, o que torna o espaço de possibilidades muito amplo.<sup>285</sup>



O pacote *equatiomatic*<sup>286</sup> fornece a função *extract\_eq*<sup>a</sup> para extrair a equação dos modelos em formato LaTeX para visualização.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/equatiomatic/versions/0.3.1/topics/extract\\_eq](https://www.rdocumentation.org/packages/equatiomatic/versions/0.3.1/topics/extract_eq)

### 32.2 Suposições dos modelos

#### 32.2.1 Quais suposições são feitas para modelagem?

- ?

#### 32.2.2 Como avaliar as suposições de um modelo?

- ?



O pacote *performance*<sup>287</sup> fornece a função *check\_model*<sup>a</sup> para analisar a colinearidade entre variáveis, a normalidade da distribuição das variáveis e a heteroscedasticidade.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/check\\_model](https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/check_model)

Tabela 32.1: Métricas de desempenho do modelo de regressão linear.

Métrica	Valor
AIC	513.017
AIC corrigido	513.267
BIC	520.833
$R^2$	0.007
$R^2$ ajustado	-0.003
Erro quadrático médio (RMSE)	3.053
Desvio residual (Sigma)	3.084

## 32.3 Avaliação de modelos

### 32.3.1 Como avaliar a qualidade de ajuste de um modelo?

- ?

**R** O pacote *performance*<sup>287</sup> fornece a função *model\_performance*<sup>a</sup> para calcular as métricas de ajuste da regressão adequadas ao modelo pré-especificado.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/model\\_performance](https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/model_performance)

**R** O pacote *performance*<sup>287</sup> fornece a função *compare\_performance*<sup>a</sup> para comparar o desempenho e a qualidade do ajuste de diversos modelos de regressão pré-especificados.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/compare\\_performance](https://www.rdocumentation.org/packages/performance/versions/0.10.4/topics/compare_performance)

## 32.4 Modelos estocásticos

### 32.4.1 O que são modelos estocásticos?

- ?

### 32.4.2 O que são cadeias de Markov?

- ?

### 32.4.3 Como construir uma cadeia de Markov?

- ?

**R** O pacote *markovchain*<sup>288</sup> fornece a função *markovchainFit*<sup>a</sup> ajusta uma cadeia com base em dados observados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/markovchain/versions/0.9.5/topics/createSequenceMatrix>

## 32.5 Comparação de modelos

### 32.5.1 Como comparar modelos de aprendizagem de máquina?

- ?



O pacote *correctR*<sup>289</sup> fornece funções para comparar o desempenho e a qualidade do ajuste de diversos modelos de aprendizagem de máquina em amostras correlacionadas.

## 32.6 Validação de modelos

### 32.6.1 Como validar modelos estatísticos?

- ?

## 32.7 Calibração de modelos

### 32.7.1 Como calibrar modelos estatísticos?

- ?

RASCUNHO

## Capítulo 33

# Modelagem temporal

### 33.1 Modelos temporais

#### 33.1.1 O que são modelos temporais?

- ?

RASCUNHO

## **Capítulo 34**

# **Modelagem espacial**

### **34.1 Modelos espaciais**

#### **34.1.1 O que são modelos espaciais?**

- ?

RASCUNHO

## **Capítulo 35**

# **Redes**

### **35.1 Análise de redes**

#### **35.1.1 O que é análise de rede?**

- ?

RASCUNHO

# Capítulo 36

## Análise preditiva

### 36.1 Predição via modelagem

#### 36.1.1 O que são previsões?

• ?



O pacote *ggeffects*<sup>290</sup> fornece a função *predict\_response*<sup>a</sup> para calcular valores preditos marginais ou ajustados das variáveis de desfecho.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggeffects/versions/1.6.0/topics/predict\\_response](https://www.rdocumentation.org/packages/ggeffects/versions/1.6.0/topics/predict_response)



O pacote *ggeffects*<sup>290</sup> fornece a função *test\_response*<sup>a</sup> para testar valores preditos marginais ou ajustados das variáveis de desfecho.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/ggeffects/versions/1.6.0/topics/test\\_response](https://www.rdocumentation.org/packages/ggeffects/versions/1.6.0/topics/test_response)

RASCUNHO

# Capítulo 37

## Análise causal

### 37.1 Causalidade

#### 37.1.1 O que é análise causal?

- Análise causal é usada para explicar a relação entre causa e efeito em um conjunto de dados, respondendo a perguntas do tipo “por quê?”.<sup>176</sup>
- Análise causal implica em contrafactual, no sentido de que a análise causal é baseada na comparação entre o que realmente aconteceu e o que teria acontecido se uma ou mais variáveis tivessem sido diferentes.<sup>176</sup>

### 37.2 Questões orientadoras para avaliar causalidade em estudos observacionais

#### 37.2.1 Como diferenciar associação de causalidade?

- Associação descreve que duas variáveis variam juntas, mas não garante que uma afete a outra.<sup>291</sup>
- Causalidade exige evidências (diretas ou indiretas) de que modificar a variável de exposição altera o desfecho.<sup>291</sup>

#### 37.2.2 Quais critérios ajudam a sustentar inferência causal?

- Existência de um mecanismo plausível.<sup>291</sup>
- Controle adequado de confundidores (medidos e não medidos).<sup>291</sup>
- Consistência com literatura prévia e plausibilidade do tamanho do efeito.<sup>291</sup>
- Avaliação de alternativas explicativas (ex.: viés de seleção, mediadores não controlados).<sup>291</sup>

#### 37.2.3 Qual o papel dos caminhos causais (DAGs)?

- Ajudam a identificar quais variáveis precisam ser medidas e ajustadas.<sup>291</sup>
- Evitam ajustes indevidos (ex.: em colisores), que podem introduzir viés.<sup>291</sup>

### 37.2.4 Como lidar com confundimento residual?

- Reconhecer que modelos multivariados e escores de propensão não eliminam completamente o confundimento.<sup>291</sup>
- Comparar características basais entre grupos para identificar diferenças persistentes.<sup>291</sup>
- Considerar análises de sensibilidade, mas com cautela na interpretação.<sup>291</sup>

## 37.3 Linguagem causal em estudos observacionais

### 37.3.1 Quais são as principais recomendações para relatar causalidade?

- Usar termos causais de forma explícita e criteriosa (“causa”, “efeito”, “reduzir”, “aumentar”), evitando expressões ambíguas como “fator de risco”.<sup>291</sup>
- Contextualizar a causalidade em termos práticos, explicando por que identificar a causa é relevante para intervenções.<sup>291</sup>
- Declarar claramente na introdução se existe hipótese causal, justificando quando não houver.<sup>291</sup>
- Descrever caminhos causais (mediadores, confundidores, colisores) em texto claro ou com diagramas.<sup>291</sup>
- Justificar a seleção de covariáveis com base nas relações causais previstas.<sup>291</sup>
- Avaliar o controle de confundimento, reconhecendo limitações e possível confundimento residual.<sup>291</sup>
- Discutir as inferências causais considerando estimativas, vieses e plausibilidade biológica.<sup>291</sup>
- Indicar recomendações específicas para pesquisas futuras ou prática clínica baseadas nas conclusões causais.<sup>291</sup>

## 37.4 Diagramas acíclicos direcionados (DAGs)

### 37.4.1 O que são DAGs?

- DAGs são representações gráficas de relações causais entre variáveis, usando nós (variáveis) e arestas direcionadas (relações causais).?
- DAGs ajudam a identificar confundidores, mediadores e colisores, orientando a seleção de variáveis para ajuste em análises estatísticas.?
- DAGs são acíclicos, ou seja, não permitem ciclos ou loops, refletindo a natureza unidirecional das relações causais.?

### 37.4.2 Quais são os padrões causais básicos?

- Independência: duas variáveis não têm relação causal direta ou indireta.?
- Cadeia: uma variável causa outra, que por sua vez causa uma terceira ( $X \rightarrow M \rightarrow Y$ ).?
- Garfo: uma variável causa duas outras ( $X \leftarrow Z \rightarrow Y$ ), onde  $Z$  é um confundidor.?
- Colisor: duas variáveis causam uma terceira ( $X \rightarrow Z \leftarrow Y$ ), onde  $Z$  é um colisor.?



O pacote *dagitty*<sup>292</sup> fornece a função *dagitty*<sup>a</sup> para criar um objeto grafo a partir de uma descrição textual.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/dagitty/index.html>



O pacote *ggdag*<sup>293</sup> fornece a função *ggdag*<sup>a</sup> para criar figuras de grafos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/ggdag/versions/0.2.10/topics/ggdag>



O pacote *performance*<sup>287</sup> fornece a função *check\_dag*<sup>a</sup> para criar, verificar e visualizar os modelos em grafos.

<sup>a</sup>[https://easystats.github.io/performance/reference/check\\_dag.html](https://easystats.github.io/performance/reference/check_dag.html)

### 1) Independência



### 2) Cadeia ( $X \rightarrow M \rightarrow Y$ )



### 3) Garfo ( $X \leftarrow Z \rightarrow Y$ )



### 4) Colisor ( $X \rightarrow Z \leftarrow Y$ )



Figura 37.1: Padrões causais básicos: independência, cadeia, garfo e colisor.

RASCUNHO

# Capítulo 38

## Análise qualitativa

### 38.1 Análise qualitativa

#### 38.1.1 O que é análise qualitativa?

• ?



O pacote *tidytext*<sup>294</sup> fornece a função *unnest\_token*<sup>a</sup> para transformar um texto em um *data frame* com uma coluna para cada palavra.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/unnest\\_tokens](https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/unnest_tokens)



O pacote *tidytext*<sup>294</sup> fornece a função *stop\_words*<sup>a</sup> para remover palavras comuns que não agregam significado.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/stop\\_words](https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/stop_words)



O pacote *tidytext*<sup>294</sup> fornece a função *get\_sentiments*<sup>a</sup> para obter listas de palavras com sentimentos associados.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/get\\_sentiments](https://www.rdocumentation.org/packages/tidytext/versions/0.4.3/topics/get_sentiments)

RASCUNHO

## Capítulo 39

# Aprendizado de máquina

### 39.1 Aprendizado de máquina

#### 39.1.1 O que é aprendizado de máquina?

- ?

### 39.2 Tipos de aprendizado

#### 39.2.1 O que é aprendizado supervisionado?

- ?

#### 39.2.2 O que é aprendizado não supervisionado?

- ?

#### 39.2.3 O que é aprendizado semi-supervisionado?

- ?

#### 39.2.4 O que é aprendizado por reforço?

- ?

#### 39.2.5 O que é aprendizado profundo?

- ?

### 39.3 Principais algoritmos

#### 39.3.1 Quais são os principais algoritmos de aprendizado de máquina?

- Modelos de regressão não penalizados, modelos de regressão penalizados, modelos baseados em árvores, modelos baseados em vizinhos, redes neurais, máquinas de vetores de suporte, Naive Bayes e ensembles do tipo Superlearner.<sup>295</sup>

**R**

O pacote *h2o@correctR*<sup>a</sup> fornece funções construir modelos de aprendizado de máquina.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/h2o/index.html>

**R**

O pacote *correctR*<sup>289</sup> fornece as funções *kfold\_ttest*<sup>a</sup>, *repkfold\_ttest*<sup>b</sup> e *resampled\_ttest*<sup>c</sup> para calcular estatística para comparação de modelos de aprendizado de máquina em amostras dependentes.

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correctR/correctR.pdf>

<sup>b</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correctR/correctR.pdf>

<sup>c</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/correctR/correctR.pdf>

**R**

O pacote *caret@caret*<sup>a</sup> fornece um conjunto de funções para pré-processamento, ajuste, avaliação e comparação de modelos de aprendizado de máquina.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/caret/index.html>

**R**

O pacote *mlr3@mlr3*<sup>a</sup> fornece funções para fluxos de trabalho complexos, incluindo pré-processamento, ajuste de hiperparâmetros e integração com diversos algoritmos.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/mlr3/index.html>

## 39.4 Desbalanceamento de classes

### 39.4.1 O que é desbalanceamento de classes (*class imbalance*)?

- Ocorre quando as classes do desfecho (por exemplo, presença vs. ausência de um evento) não estão igualmente representadas nos dados de treinamento.<sup>?</sup>

### 39.4.2 Por que o desbalanceamento é um problema?

- Modelos podem aprender a priorizar a classe mais frequente, obtendo alta acurácia global, mas baixo desempenho para a classe minoritária.<sup>?</sup>
- Isso pode comprometer métricas como sensibilidade, especificidade e, em alguns casos, a calibração.<sup>?</sup>

### 39.4.3 Quais são as abordagens mais comuns para lidar com desbalanceamento de classes?

- Reamostragem aleatória: superamostragem da classe minoritária; subamostragem da classe majoritária)<sup>?</sup>
- Ajuste de pesos: penaliza mais os erros na classe menos frequente.<sup>?</sup>
- Alteração do limiar de decisão: muda o ponto de corte de probabilidade para otimizar métricas específicas.<sup>?</sup>

### 39.4.4 Qual é o impacto do desbalanceamento de classes na calibração de modelos?

- Corrigir o desbalanceamento de classes nem sempre melhora a calibração e, em alguns casos, pode piorá-la.<sup>296</sup>

- Em simulações computacionais, modelos sem correção tiveram calibração igual ou superior aos corrigidos.<sup>296</sup>
- A piora observada foi caracterizada por superestimação do risco, nem sempre reversível com recalibração.<sup>296</sup>

RASCUNHO

## **Capítulo 40**

# **Inteligência artificial**

### **40.1 Inteligência artificial**

#### **40.1.1 O que é inteligência artificial (IA)?**

- ?

#### **40.1.2 Como ela se relaciona com estatística, ciência de dados e aprendizado de máquina?**

- ?

### **40.2 Áreas da IA**

#### **40.2.1 Quais são as principais áreas de aplicação da IA?**

- Percepção: visão computacional, reconhecimento de fala.<sup>?</sup>
- Raciocínio: sistemas especialistas, inferência lógica.<sup>?</sup>
- Aprendizado: machine learning e deep learning.<sup>?</sup>
- Interação: processamento de linguagem natural, agentes conversacionais.<sup>?</sup>

#### **40.2.2 Quais são exemplos de aplicação prática?**

- Classificação de imagens.<sup>?</sup>
- Análise de sentimentos.<sup>?</sup>
- Geração de texto.<sup>?</sup>

### **40.3 Técnicas modernas**

#### **40.3.1 Quais são as técnicas modernas de IA?**

- Redes neurais profundas (CNN, RNN, Transformers).<sup>?</sup>
- Modelos gerativos (GANs, VAEs, LLMs).<sup>?</sup>

- Aprendizado por reforço profundo (Deep Reinforcement Learning).<sup>297</sup>

## 40.4 IA generativa e grandes modelos de linguagem

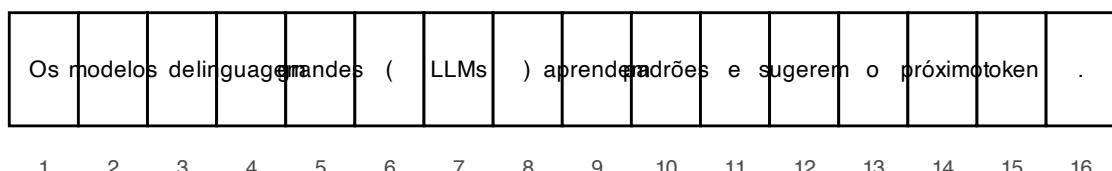
### 40.4.1 O que são grandes modelos de linguagem (*large language models, LLM*)?

- ?

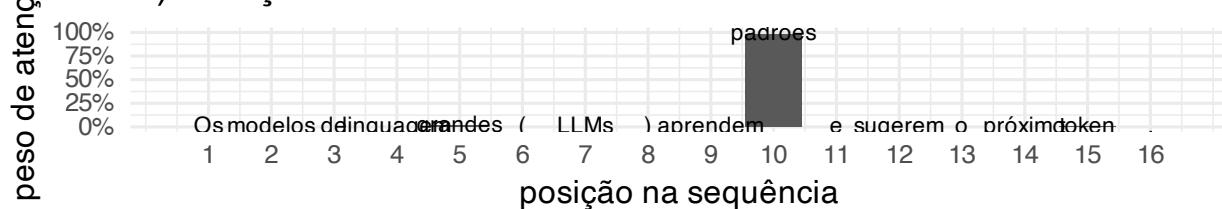
### 40.4.2 Como funcionam modelos como GPT, BERT e similares?

- ?

#### A) Sequência de tokens (após tokenização)



#### B) Atenção do último token: ":"



#### C) Próximo token (top-10) – distribuição toy

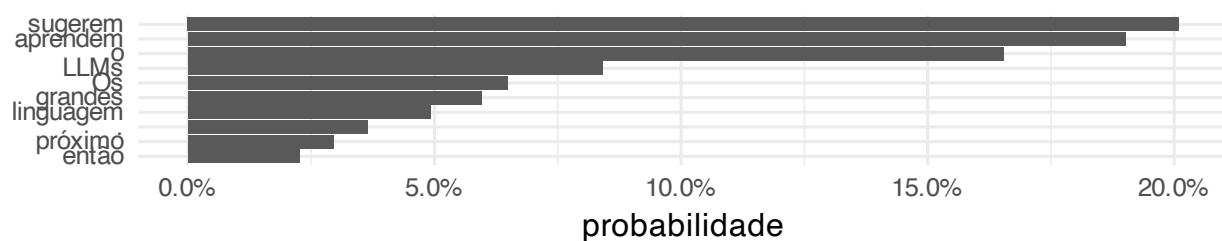


Figura 40.1: Representação esquemática de um modelo de linguagem grande (LLM)

O pacote *keras*<sup>297a</sup> funções para criar, treinar e avaliar modelos de redes neurais.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/keras/index.html>

O pacote *torch*<sup>298a</sup> permite criar e treinar redes neurais com alto desempenho.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/torch/index.html>



O pacote *reticulate*<sup>299a</sup> integra R e Python em um mesmo ambiente de trabalho, permitindo chamar funções Python a partir de R e facilitar o uso de bibliotecas de IA disponíveis nesse ecossistema.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/reticulate/index.html>



O pacote *text2vec*<sup>300a</sup> fornece ferramentas para modelagem de texto em R, incluindo pré-processamento, vetorização, embeddings e outros modelos úteis para processamento de linguagem natural.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/text2vec/index.html>

RASCUNHO

## ***PARTE 9: DELINEAMENTO DE ESTUDOS***

---

**Planejando pesquisas para maximizar validade, confiabilidade e aplicabilidade dos resultados**

RASCUNHO

# Capítulo 41

## Delineamento de estudos

### 41.1 Critérios de delineamento

#### 41.1.1 Quais critérios são utilizados para classificar os delineamentos de estudos?

- ?

### 41.2 Alocação

#### 41.2.1 O que é alocação?

- ?

### 41.3 Cegamento

- ?

#### 41.3.1 O que é cegamento?

### 41.4 Pareamento

#### 41.4.1 O que é pareamento?

- Pareamento significa que para cada participante de um grupo (por exemplo, com alguma condição clínica), existe um (ou mais) participantes (por exemplo, grupo controle) que possui características iguais ou similares relativas a algumas variáveis de interesse.<sup>301</sup>
- As variáveis escolhidas para pareamento devem ter relação com as variáveis de desfecho, mas não são de interesse elas mesmas.<sup>301</sup>
- O ajuste por pareamento deve ser incluído nas análises estatísticas mesmo que as variáveis de pareamento não sejam consideradas prognósticas ou confundidores na amostra estudada.<sup>301</sup>
- A ausência de evidência estatística de diferença entre grupos não é considerada pareamento.<sup>301</sup>

### Alocação Aleatória (1:1)

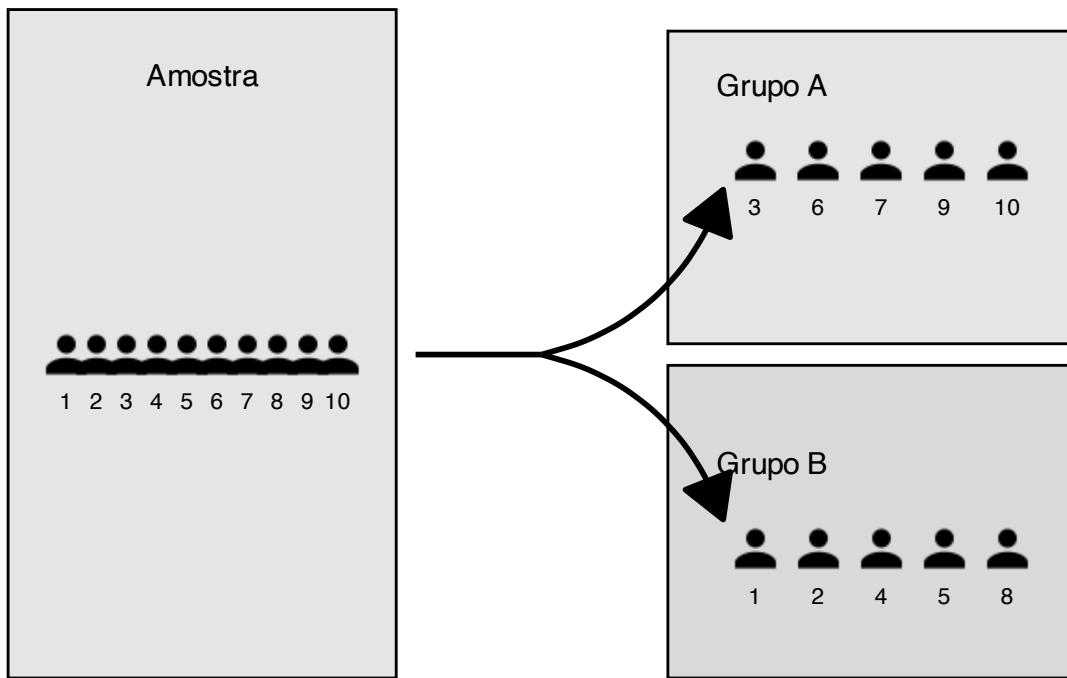


Figura 41.1: Alocação 1:1 entre dois grupos de participantes

## 41.5 Aleatorização

### 41.5.1 O que é aleatorização?

- ?

## 41.6 Taxonomia de estudos

### 41.6.1 Como podem ser classificados os estudos científicos?

- Estudos científicos podem ser classificados em *básicos, observacionais, experimentais, acurácia diagnóstica, propriedades psicométricas, avaliação econômica e revisões de literatura*.<sup>302-311</sup>
- *Estudos básicos*<sup>303,308</sup>
  - Genética
  - Celular
  - Experimentos com animais
  - Desenvolvimento de métodos
- *Estudos de simulação computacional*<sup>309,311</sup>
- *Estudos de propriedades psicométricas*<sup>304,306</sup>
  - Validade
  - Concordância

- Confiabilidade
- *Estudos de desempenho diagnóstico*<sup>307,310</sup>
  - Transversal
  - Caso-Controle
  - Comparativo
  - Totalmente pareado
  - Parcialmente pareado com subgrupo aleatório
  - Parcialmente pareado com subgrupo não aleatório
  - Não pareado aleatório
  - Não pareado não aleatório
- *Estudos observacionais*<sup>303,308</sup>
  - Descritivo
    - \* Estudo de caso
    - \* Série de casos
    - \* Transversal
  - Analítico
    - \* Transversal
    - \* Caso-Controle
      - Caso-Controle aninhado
      - Caso-Coorte
    - Coorte prospectiva ou retrospectiva
- *Estudos quase-experimentais*<sup>305</sup>
  - Quase-aleatorizado controlado
  - Estimação de variável instrumental
  - Descontinuidade de regressão
  - Série temporal interrompida controlada
  - Série temporal interrompida
  - Diferença
- *Estudos experimentais*<sup>303,308</sup>
  - Fases I a IV
    - \* Aleatorizado controlado
    - \* Não-aleatorizado controlado
    - \* Autocontrolado
    - \* Cruzado
    - \* Fatorial

- Campo
- Comunitário
- *Estudos de avaliação econômica*<sup>303</sup>
  - Análise de custo
  - Análise de minimização de custo
  - Análise de custo-utilidade
  - Análise de custo-efetividade
  - Análise de custo-benefício
- *Estudos de revisão*<sup>302</sup>
  - Estado-da-arte
  - Narrativa
  - Crítica
  - Mapeamento
  - Escopo
  - Busca e revisão sistemática
  - Sistematizada
  - Sistemática
    - \* Meta-análise
    - \* Bibliométrica.<sup>312,313</sup>
  - Sistemática qualitativa
  - Mista
  - Visão geral
  - Rápida
  - Guarda-chuva

## Capítulo 42

# Tamanho da amostra

### 42.1 Tamanho da amostra

#### 42.1.1 O que é tamanho da amostra?

- Tamanho da amostra  $n$  é a quantidade de participantes (ou unidades de análise) necessárias para conduzir um estudo a fim de testar uma hipótese.<sup>314</sup>
- <sup>3</sup>

#### 42.1.2 Por que determinar o tamanho da amostra é importante?

- É virtualmente impossível, devido a limitações de recursos - tempo, acesso, custo, dentre outros - coletar dados da população completa.<sup>6</sup>
- Uma amostra muito pequena para o estudo pode resultar em ajuste exagerado, imprecisão e baixo poder do teste.<sup>81</sup>

#### 42.1.3 Quais fatores devem ser considerados para determinar o tamanho da amostra?

- Tamanho da população ( $N$ ): O tamanho da amostra depende parcialmente do tamanho da população de origem. Geralmente assume-se que a população tem tamanho desconhecido ou infinito. Em alguns estudos serão amostradas populações de tamanho finito (inferior a 100.000 indivíduos), geralmente em pesquisas descritivas, em que esse tamanho deve ser incorporado nos cálculos.<sup>314</sup>
- Delineamento do estudo.<sup>314</sup>
- Quantidade e características (dependente vs. independente) dos grupos de participantes do estudo.<sup>314</sup>
- Erros tipo I ( $\alpha$ ) e tipo II ( $\beta$ ).<sup>314</sup>
- Tipo de variável a ser observada (contínua, intervalo, ordinal, nominal, dicotômica).<sup>314</sup>
- Tamanho de efeito mínimo a ser observado.<sup>314</sup>
- Variabilidade da(s) variável(eis) coletada(s).<sup>314</sup>
- Lateralidade do teste de hipótese (uni- ou bicaudais).<sup>314</sup>
- Perdas de dados durante a coleta e/ou acompanhamento dos participantes do estudo.<sup>314</sup>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *plot.power.htest*<sup>a</sup> para apresentar graficamente a relação entre o tamanho da amostra e o poder de testes de hipóteses.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/plot.power.htest>

#### 42.1.4 Quais aspectos éticos estão envolvidos no tamanho da amostra?

- Determinar a priori o tamanho da amostra pode diminuir o risco de realizar testes ou intervenções desnecessários, de desperdício de recursos (tempo e dinheiro) associados e, por outro lado, de coletar dados insuficientes para testar as hipóteses do estudo.<sup>314</sup>
- O tratamento ético dos participantes do estudo, portanto, não exige que se considere se o poder do estudo é inferior à meta convencional de 80% ou 90%.<sup>315</sup>
- Estudos com poder <80% não são necessariamente antiéticos.<sup>315</sup>
- Grandes estudos podem ser desejáveis por outras razões que não as éticas.<sup>315</sup>

### 42.2 Cálculo do tamanho da amostra

#### 42.2.1 Como calcular o tamanho da amostra?

- O tamanho amostral pode ser calculado por meio de fórmulas matemáticas que tendem a assegurar margens de erros tipos I ( $\alpha$ ) e II ( $\beta$ ) para a estimativa dos parâmetros populacionais (tamanho de efeito) a partir dos dados amostrais.<sup>314</sup>
- O tamanho da amostra deve ser calculado para cada um dos objetivos primários e/ou secundários, sendo escolhido o maior tamanho de amostra calculado para o estudo.<sup>314</sup>
- Geralmente é recomendado ser cético em relação às regras práticas para o tamanho da amostra, tais como a proporção entre o número de variáveis (ou eventos) e de participantes.<sup>81</sup>

#### 42.2.2 Como especificar o tamanho do efeito esperado?

- Estudo-piloto — realizados nas mesmas condições do estudo, mas envolvendo um tamanho de amostra limitado — pode ser útil na estimativa do tamanho da amostra a partir do tamanho do efeito estimado.<sup>314</sup>
- Utilizar os limites dos intervalos de confiança de estudos-piloto de ensaios clínicos como estimativa do tamanho do efeito pode aumentar o poder estatístico da análise se comparado ao uso das estimativas pontuais obtidas no mesmo piloto.<sup>316</sup>
- Embora os testes de hipótese considerem efeito nulo para a hipótese nula — ex.: diferença de média ( $H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0$ ), correlação ( $H_0 : r = 0$ ), associação ( $H_0 : \beta = 0$  ou  $H_0 : OR = 1$ ) —, em geral é improvável que os efeitos populacionais sejam de fato nulos (isto é, exatamente 0).<sup>317</sup>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.2p.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de proporção balanceados (2 amostras com mesmo número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.2p.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.2p2n.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de proporção não balanceados (2 amostras com diferente número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.2p.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.anova.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de análise de variância balanceados (3 ou mais amostras com mesmo número de participantes).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.anova.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.chisq.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de qui-quadrado  $\chi^2$ .

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.chisq.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.f2.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes com modelo linear geral.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.f2.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.norm.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para a média de uma distribuição normal com variância conhecida.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.norm.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.p.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de proporção (1 amostra).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.p.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.r.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes de correlação (1 amostra).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.r.test>



O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.t.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes *t* de diferença de 1 amostra, 2 amostras dependentes ou 2 amostras independentes (grupos balanceados).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.t.test>

**R**

O pacote *pwr*<sup>240</sup> fornece a função *pwr.t2n.test*<sup>a</sup> para cálculo do tamanho da amostra para testes *t* de diferença de 2 amostras independentes (grupos não balanceados).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pwr/versions/1.3-0/topics/pwr.t2n.test>

**R**

O pacote *longpower*<sup>241</sup> fornece a função *power.mrmm*<sup>a</sup> para calcular o tamanho da amostra para estudos com análises por modelo de regressão linear misto.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/longpower/versions/1.0.24/topics/power.mrmm>

## 42.3 Perdas de amostra

### 42.3.1 O que é perda de amostra?

- Perda de amostra(s) — isto é, participante(s) ou unidade(s) de análise — pode ocorrer durante a coleta e/ou acompanhamento dos participantes do estudo.<sup>314</sup>
- Perda amostral pode ocorrer por: abandono ou desistência do participante, perda de contato com o participante, perda de informação, ocorrência de eventos adversos, morte do participante, entre outros.<sup>314</sup>

### 42.3.2 Por que a perda de amostra é um problema?

- A perda de amostra pode levar a uma redução do poder do estudo, aumentando a probabilidade de erro tipo II ( $\beta$ ).<sup>315</sup>
- A perda de amostra pode levar a um viés de seleção, pois os participantes que permanecem no estudo podem ser diferentes daqueles que foram perdidos.<sup>316</sup>

### 42.3.3 Como evitar perda de amostra?

- A perda de amostra pode ser evitada por meio de um planejamento cuidadoso do estudo, incluindo a definição de critérios de inclusão e exclusão claros e apropriados, bem como a definição de estratégias para minimizar a perda de amostra.<sup>317</sup>
- A perda de amostra pode ser compensada pelo aumento do tamanho da amostra, desde que o aumento seja suficiente para manter o poder do estudo.<sup>314</sup>

## 42.4 Ajustes no tamanho da amostra

### 42.4.1 Por que ajustar o tamanho da amostra?

- O tamanho da amostra pode ser ajustado durante o estudo para compensar a perda de amostra, desde que o aumento seja suficiente para manter o poder do estudo.<sup>314</sup>

### 42.4.2 Como ajustar para perda amostral?

- Aumentar o tamanho da amostra estimada  $n$  pela porcentagem  $d$  de perdas esperada ou prevista, para obter o tamanho da amostra efetiva  $n'$  com base na equação (42.1).<sup>314</sup>

$$n' = \frac{n}{1 - d} \quad (42.1)$$

## 42.5 Justificativa do tamanho da amostra

### 42.5.1 Como justificar o tamanho da amostra de um estudo?

- Em estudos que envolvem condições raras, pode ser difícil recrutar o número necessário de participantes devido à limitada disponibilidade de casos da população. Mesmo assim, é aconselhável determinar o tamanho da amostra.<sup>314</sup>
- Quando um estudo deste tipo não é possível, as considerações referentes ao tamanho da amostra são justificadas de acordo com o número máximo de pacientes que podem ser recrutados no decorrer do estudo.<sup>314</sup>

RASCUNHO

## Capítulo 43

# Estudos observacionais

### 43.1 Características

#### 43.1.1 Quais são as características de estudos observacionais?

- ?

### 43.2 Diretrizes para redação

#### 43.2.1 Quais são as diretrizes para redação de estudos observacionais?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research* EQUATOR Network<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de estudo observacional.
  - *The Strengthening the Reporting of Observational Studies in Epidemiology (STROBE) Statement: guidelines for reporting observational studies.*<sup>318</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/strobe/>

---

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

RASCUNHO

## Capítulo 44

# Propriedades psicométricas

### 44.1 Características

#### 44.1.1 O que são propriedades psicométricas?

• ?



O pacote *lavaan*<sup>319</sup> fornece a função *cfa*<sup>a</sup> para implementar modelos de análise fatorial confirmatória.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/lavaan/versions/0.6-16/topics/cfa>



O pacote *lavaan*<sup>319</sup> fornece a função *modificationIndices*<sup>a</sup> para calcular os índices de modificação.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/lavaan/versions/0.6-16/topics/modificationIndices>



O pacote *semTools*<sup>320</sup> fornece a função *reliability*<sup>a</sup> para analisar a confiabilidade de um instrumento.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/semTools/versions/0.5-6/topics/reliability-deprecated>



O pacote *psych*<sup>321</sup> fornece a função *icc*<sup>a</sup> para calcular a confiabilidade utilizando coeficientes de correlação intraclass.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/psych/versions/2.3.6/topics/ICC>

Tabela 44.1: Tabela de confusão sobre propriedades psicométricas de instrumentos.

	Concordância alta	Concordância baixa
Validade alta	Adequado	Inadequado
Validade baixa	Inadequado	Inadequado

## 44.2 Análise factorial exploratória

### 44.2.1 O que é análise factorial exploratória?

- .?

## 44.3 Análise factorial confirmatória

### 44.3.1 O que é análise factorial confirmatória?

- .?

## 44.4 Validade de conteúdo

### 44.4.1 O que é validade interna?

- .<sup>322</sup>

### 44.4.2 O que é validade externa?

- .<sup>322</sup>

### 44.4.3 Que fatores afetam a validade?

- A amostragem não probabilística pode dificultar a generalização dos achados da amostra para a população, diminuindo assim a validade externa do estudo.<sup>3</sup>
- Quando as características da amostra obtida por seleção não probabilística forem similares às da população, a validade externa pode ser maior.<sup>3</sup>

### 44.4.4 Como avaliar a validade de um estudo?

- As características da amostra apresentadas na Tabela 1 são úteis para interpretação da validade interna e externa dos achados do estudo.<sup>187</sup>

## 44.5 Validade de face

### 44.5.1 O que é validade de face?

- .[RF]

## 44.6 Validade do construto

### 44.6.1 O que é construto?

- .[RF]

## 44.7 Validade factorial

### 44.7.1 O que é validade factorial?

- .[RF]

## 44.8 Validação convergente

### 44.8.1 O que é validade convergente?

- .[RF]

## 44.9 Validação discriminante

### 44.9.1 O que é validade discriminante?

- .[RF]

## 44.10 Validação de critério

### 44.10.1 O que é validade de critério?

- .[RF]

## 44.11 Validação concorrente

### 44.11.1 O que é concorrente?

- .[RF]

### 44.11.2 O que é validade concorrente?

- .[RF]

### 44.11.3 O que é validade preditiva?

- .[RF]

## 44.12 Responsividade

### 44.12.1 O que é responsividade?

- ?

## 44.13 Concordância

### 44.13.1 O que é concordância?

- ?

### 44.13.2 Quais métodos são adequados para análise de concordância de variáveis dicotômicas?

- Coeficiente de Cohen  $\kappa$ : mede a concordância corrigida pelo acaso.<sup>323,324</sup>
- Coeficiente de correlação tetracórica  $r_{tet}$ .<sup>325,326</sup>

Tabela 44.2: Tabela de confusão 2x2 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas.

	Teste positivo	Teste negativo	Total
Teste positivo	$a$	$b$	$g = a + b$
Teste negativo	$c$	$d$	$h = c + d$
Total	$e = a + c$	$f = b + d$	$N = a + b + c + d$

Tabela 44.3: Tabela de confusão 3x3 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas.

	Grave	Moderado	Leve	Total
Grave	$a$	$b$	$c$	$j = a + b + c$
Moderado	$d$	$e$	$f$	$k = d + e + f$
Leve	$g$	$h$	$i$	$l = g + h + i$
Total	$j = a + d + g$	$k = b + e + h$	$l = c + f + i$	$N = a + b + c + d + e + f + g + h + i$

**R**

O pacote *psych*<sup>321</sup> fornece a função *tetrachoric*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação tetracórica ( $r_{tet}$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/psych/versions/2.3.6/topics/tetrachoric>

#### 44.13.3 Quais métodos não são adequados para análise de concordância de variáveis dicotômicas?

- Concordância absoluta  $C_A$  - quantidade de casos em que examinadores concordam - não é recomendada porque não corrige a estimativa para possíveis concordâncias ao acaso.<sup>326</sup>
- Concordância percentual  $C\%$  - proporção de casos em que examinadores concordam pela quantidade total de casos - não é recomendada porque não corrige a estimativa para possíveis concordâncias ao acaso.<sup>326</sup>
- Qui-quadrado  $\chi^2$  a partir da tabela de contigência não é recomendado porque tal teste analisa associação.<sup>326</sup>
- A família de coeficientes de Cohen  $\kappa$  não é adequada para analisar concordância quando as variáveis são aparentemente (e não originalmente) dicotômicas.<sup>326</sup>

#### 44.13.4 Quais métodos são adequados para análise de concordância de variáveis categóricas?

- Coeficiente de Cohen  $\kappa$ : mede a concordância corrigida pelo acaso.<sup>323,324</sup>
- Coeficiente de Cohen ponderado  $\kappa_w$ : mede a concordância corrigida pelo acaso.<sup>323,324</sup>
- Coeficiente de correlação policórica  $r_{pol}$ .<sup>326</sup>

**R**

O pacote *psych*<sup>321</sup> fornece a função *tetrachoric*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação policórica ( $r_{pol}$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/psych/versions/2.3.6/topics/tetrachoric>

#### 44.13.5 Quais métodos são adequados para análise de concordância de variáveis categóricas e contínuas?

- Coeficiente de correlação bisserial  $r_s$ .<sup>326</sup>



O pacote *psych*<sup>321</sup> fornece a função *tetrachoric*<sup>a</sup> para calcular o coeficiente de correlação bisserial ( $r_s$ ).

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/psych/versions/2.3.6/topics/tetrachoric>

#### 44.13.6 Quais métodos são adequados para análise de concordância de variáveis ordinais?

- Coeficiente de Cohen ponderado  $\kappa_w$ : mede a concordância corrigida pelo acaso.<sup>323,324</sup>

#### 44.13.7 Quais métodos são adequados para análise de concordância de variáveis contínuas?

- Gráfico de dispersão com a reta de regressão.<sup>92</sup>
- Gráfico de limites de concordância (média dos testes vs. diferença entre testes) com a reta de regressão do viés e respectivo no nível de significância  $\alpha$  pré-estabelecido.<sup>92</sup>



O pacote *BlandAltmanLeh*<sup>327</sup> fornece as funções *bland.altman.stats*<sup>a</sup> e *bland.altman.plot*<sup>b</sup> para calcular e apresentar, respectivamente, o gráfico com os limites de concordância entre dois métodos.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/BlandAltmanLeh/versions/0.3.1/topics/bland.altman.stats>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/BlandAltmanLeh/versions/0.3.1/topics/bland.altman.plot>

#### 44.13.8 Quais métodos não são adequados para análise de concordância de variáveis contínuas?

- Comparação de médias: dois métodos apresentarem médias similares - isto é, ‘sem diferença estatística’ após um teste inferencial de hipótese nula  $H_0 : \mu_1 = \mu_2$  - não informa sobre a concordância deles. Métodos com maior erro de medida tendem a ter menos chance de rejeição da hipótese nula.<sup>92</sup>
- Correlação bivariada: o coeficiente de correlação dependente tanto da variação entre indivíduos (isto é, entre os valores verdadeiros) quanto da variação intraindividual (isto é, erro de medida). Se a variância dos erros de medida de ambos os métodos não for pequena comparadas à variância dos valores verdadeiros, o tamanho do efeito da correlação será pequeno mesmo que os métodos possuam boa concordância.<sup>92</sup>
- Regressão linear: o teste da hipótese nula da inclinação da reta de regressão ( $H_0 : \beta = 0$ ) é equivalente a testar a correlação bivariada ( $H_0 : \rho = 0$ ).<sup>92</sup>

#### 44.13.9 Quais métodos são adequados para modelagem de concordância?

- Modelo log-linear.<sup>326</sup>

## 44.14 Confiabilidade

### 44.14.1 O que é confiabilidade?

- ?

### 44.14.2 Quais métodos são adequados para análise de confiabilidade?

- ?

## 44.15 Diretrizes para redação

### 44.15.1 Quais são as diretrizes para redação de estudos de propriedades psicométricas?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research* EQUATOR Network<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de estudo de propriedades psicométricas.
  - *COSMIN reporting guideline for studies on measurement properties of patient-reported outcome measures*:<sup>328</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/cosmin-reporting-guideline-for-studies-on-measurement-properties-of-patient-reported-outcome-measures/>
  - *Recommendations for reporting the results of studies of instrument and scale development and testing*:<sup>329</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/recommendations-for-reporting-the-results-of-studies-of-instrument-and-scale-development-and-testing/>
  - *Guidelines for reporting reliability and agreement studies (GRRAS) were proposed*:<sup>330</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/guidelines-for-reporting-reliability-and-agreement-studies-grras-were-proposed/>

---

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

# Capítulo 45

## Desempenho diagnóstico

### 45.1 Características

#### 45.1.1 Quais são as características de estudos de desempenho diagnóstico?

- ?

### 45.2 Tabelas 2x2

#### 45.2.1 O que é uma tabela de confusão 2x2?

- Tabela de confusão é uma matriz de 2 linhas por 2 colunas que permite analisar o desempenho de classificação de uma variável dicotômica (padrão-ouro ou referência) versus outra variável dicotômica (novo teste).<sup>331</sup>

#### 45.2.2 Como analisar o desempenho diagnóstico em tabelas 2x2?

- Verdadeiro-positivo (*VP*): caso com a condição presente e corretamente identificado como tal.<sup>332</sup>
- Falso-negativo (*FN*): caso com a condição presente e erroneamente identificado como ausente.<sup>332</sup>
- Verdadeiro-negativo (*VN*): controle sem a condição presente e corretamente identificados como tal.<sup>332</sup>
- Falso-positivo (*FP*): controle sem a condição presente e erroneamente identificado como presente.<sup>332</sup>
- Tabelas de confusão também podem ser visualizadas em formato de árvores de frequência.<sup>331</sup>

Tabela 45.1: Tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho diagnóstico de testes e variáveis dicotômicas.

	Condição presente	Condição ausente	Total
Teste positivo	$VP$	$FP$	$VP + FP$
Teste negativo	$FN$	$VN$	$FN + VN$
Total	$VP + FN$	$FP + VN$	$N = VP + VN + FP + FN$

## Scenario

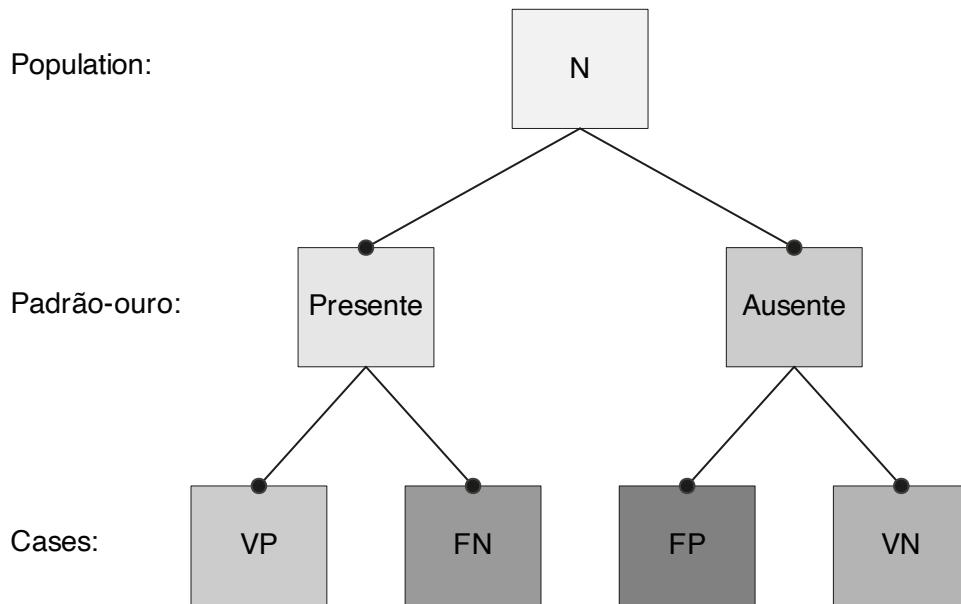


Figura 45.1: Árvore de frequência do desempenho diagnóstico de uma tabela de confusão 2x2 representando um método novo (dicotômico) comparado ao método padrão-ouro ou referência (dicotômico).

**R** O pacote *riskyR*<sup>333</sup> fornece a função *plot\_prism*<sup>a</sup> para construir árvores de frequência a partir de diferentes cenários.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/riskyR/versions/0.4.0/topics/plot\\_prism](https://www.rdocumentation.org/packages/riskyR/versions/0.4.0/topics/plot_prism)

### 45.2.3 Quais probabilidades caracterizam o desempenho diagnóstico de um teste em tabelas 2x2?

- Sensibilidade (*SEN*), equação (45.1): Proporção de verdadeiro-positivos dentre aqueles com a condição.<sup>332</sup>

$$SEN = \frac{VP}{VP + FN} \quad (45.1)$$

- Especificidade (*ESP*), equação (45.2): Proporção de verdadeiro-negativos dentre aqueles sem a condição.<sup>332</sup>

$$ESP = \frac{VN}{VN + FP} \quad (45.2)$$

- Valor predictivo positivo (*VPP*), equação (45.3): Proporção de casos corretamente identificados como verdadeiro-positivos.<sup>332</sup>

$$VPP = \frac{VP}{VP + FP} \quad (45.3)$$

Tabela 45.2: Probabilidades calculados a partir da tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho diagnóstico de testes e variáveis dicotômicas.

	<b>Condição presente</b>	<b>Condição ausente</b>	<b>Total</b>	<b>Probabilidades</b>
<b>Teste positivo</b>	$VP$	$FP$	$VP + FP$	$VPP = \frac{VP}{VP+FP}$
<b>Teste negativo</b>	$FN$	$VN$	$FN + VN$	$VPN = \frac{VN}{VN+FN}$
<b>Total</b>	$VP + FN$	$FP + VN$	$N = VP + VN + FP + FN$	
<b>Probabilidades</b>	$SEN = \frac{VP}{VP+FN}$	$ESP = \frac{VN}{VN+FP}$		$ACU = \frac{VP+VN}{VP+VN+FP+FN}$ $DOR = \frac{VP \cdot VN}{FP \cdot FN}$

- Valor preditivo negativo ( $VPN$ ), equação (45.4): Proporção de controles corretamente identificados como verdadeiro-negativos.<sup>332</sup>

$$VPN = \frac{VN}{VN + FN} \quad (45.4)$$

- Acurácia ( $ACU$ ), equação (45.5): Proporção de casos e controle corretamente identificados.<sup>332</sup>

$$ACU = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (45.5)$$

- Razão de chances diagnóstica ( $DOR$ ), equação (45.6): Razão entre a chance de um teste ser positivo quando a condição está presente e a chance de um teste ser positivo quando a condição está ausente.<sup>334</sup>

$$DOR = \frac{VP}{FN} \div \frac{FP}{VN} = \frac{VP \cdot VN}{FP \cdot FN} \quad (45.6)$$



O pacote *riskyR*<sup>333</sup> fornece a função *comp\_prob*<sup>a</sup> para estimar 13 probabilidades relacionadas ao desempenho diagnóstico em tabelas 2x2.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/riskyR/versions/0.4.0/topics/comp\\_prob](https://www.rdocumentation.org/packages/riskyR/versions/0.4.0/topics/comp_prob)



O pacote *caret*<sup>335</sup> fornece a função *confusionMatrix*<sup>a</sup> para estimar 11 probabilidades relacionadas ao desempenho diagnóstico em tabelas 2x2.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/caret/versions/3.45/topics/confusionMatrix>

## 45.3 Curvas ROC

### 45.3.1 O que representa a curva ROC?

- A relação entre sensibilidade ( $SEN$ ) no eixo vertical e  $1 - ESP$  no eixo horizontal.<sup>336</sup>
- Cada ponto na curva corresponde a um ponto de corte possível do teste.<sup>336</sup>

### 45.3.2 Quais são os tipos de curva ROC?

- Curva empírica: conecta diretamente os pontos obtidos a partir dos diferentes pontos de corte observados.<sup>337</sup>
- Curva suavizada (paramétrica): assume uma distribuição binormal e gera uma curva ajustada por máxima verossimilhança.<sup>337</sup>

### 45.3.3 O que é a área sob a curva (AUROC)?

- A área sob a curva ROC (AUC ou AUROC) quantifica o poder de discriminação ou desempenho diagnóstico na classificação de uma variável dicotômica.<sup>338</sup>
- A área sob a curva (*AUC*) resume o desempenho global e representa a probabilidade de o teste classificar corretamente um caso positivo selecionado aleatoriamente em relação a um caso negativo selecionado aleatoriamente.<sup>336</sup>

### 45.3.4 Como calcular a AUC?

- Método não paramétrico: soma das áreas trapezoidais sob a curva empírica. Pode subestimar AUC quando os dados são discretos.<sup>337</sup>
- Método paramétrico (binormal): mais robusto para dados em escala ordinal (ex: categorias diagnósticas), com viés reduzido.<sup>337</sup>
- AUC deve sempre vir acompanhada de intervalo de confiança (IC95%).<sup>337</sup>

 O pacote *proc*<sup>339</sup> fornece a função *plot.roc*<sup>a</sup> para criar uma curva ROC.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/pROC/versions/1.18.4/topics/plot.roc>

### 45.3.5 Como interpretar a área sob a curva (ROC)?

- A área sob a curva AUC varia no intervalo [0.5; 1], com valores mais elevados indicando melhor discriminação ou desempenho do modelo de classificação.<sup>338</sup>
- As interpretações qualitativas (isto é: pobre/fraca/baixa, moderada/razoável/aceitável, boa ou muito boa/alta/excelente) dos valores de área sob a curva são arbitrários e não devem ser considerados isoladamente.<sup>338</sup>
- Modelos de classificação com valores altos de área sob a curva podem ser enganosos se os valores preditos por esses modelos não estiverem adequadamente calibrados.<sup>338</sup>
- Diferenças pequenas entre AUCs podem não ser estatisticamente significativas.<sup>336</sup>
- A interpretação clínica pode ser equivocada se não houver teste estatístico adequado.<sup>336</sup>
- Se as curvas vêm do mesmo conjunto de pacientes, aplique o teste de DeLong.<sup>336</sup>
- Se as curvas vêm de amostras independentes, use métodos como Dorfman-Alf.<sup>336</sup>

### 45.3.6 Por que uma AUC menor que 0.5 está errada?

- Porque indica desempenho pior que o acaso.<sup>336</sup>
- Geralmente decorre de seleção incorreta da direção do teste ou variável de estado.<sup>336</sup>
- Verifique se o software está configurado para maiores valores indicam presença do evento ou o inverso.<sup>336</sup>
- Ajustar a direção do teste para que AUC seja  $\geq 0.5$ .<sup>336</sup>

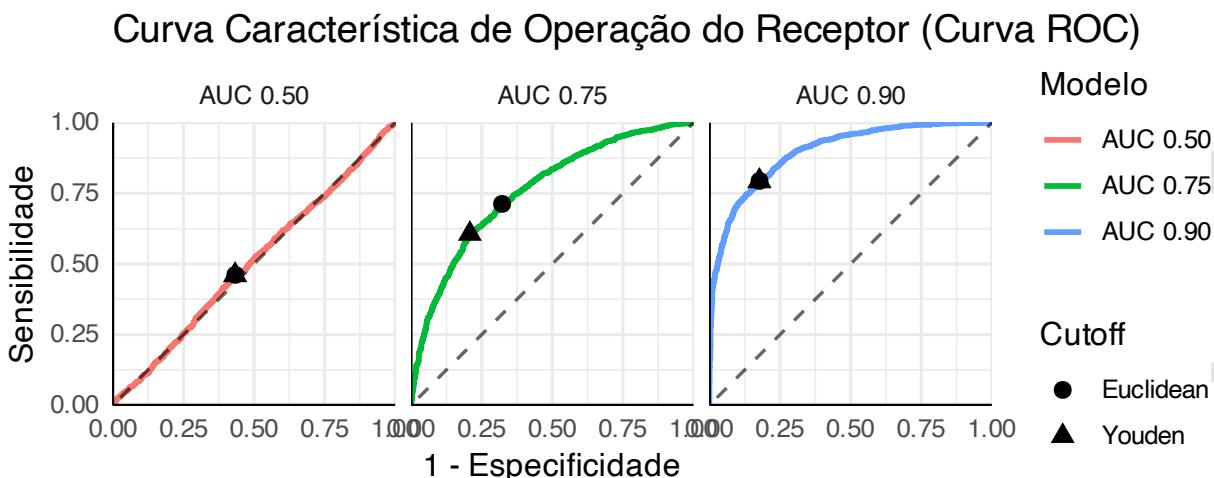


Figura 45.2: Curva ROC (Receiver Operating Characteristic) para um modelos de classificação com diferentes desempenhos diagnósticos.

### 45.3.7 Como analisar o desempenho diagnóstico em desfechos com distribuição trimodal na população?

- Limiares duplos podem ser utilizados para análise de desempenho diagnóstico de testes com distribuição trimodal.<sup>340</sup>

## 45.4 Gráficos crosshair

### 45.4.1 O que é um gráfico crosshair?

- <sup>341</sup>



O pacote *mada*<sup>342</sup> fornece a função *crosshair*<sup>a</sup> para criar um gráfico *crosshair*<sup>341</sup> a partir de dados de verdadeiro-positivo, falso-positivo, verdadeiro-negativo e verdadeiro-positivo de tabelas de confusão 2x2.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/mada/versions/0.5.11/topics/crosshair>

## 45.5 Interpretação da validade de um teste

### 45.5.1 Que itens devem ser verificados na interpretação de um estudo de validade?

- O novo teste foi comparado junto ao método padrão-ouro.<sup>332</sup>
- As probabilidades pontuais estimadas que caracterizam o desempenho diagnóstico do novo teste são altas e adequadas para sua aplicação clínica.<sup>332</sup>
- Os intervalos de confiança estimados para as probabilidades do novo teste são estreitos e adequados para sua aplicação clínica.<sup>332</sup>
- O novo teste possui adequada confiabilidade intra/inter examinadores.<sup>332</sup>
- O estudo de validação incluiu um espectro adequado da amostra.<sup>332</sup>

- Todos os participantes realizaram ambos o novo teste e o padrão-ouro no estudo de validação.<sup>332</sup>
- Os examinadores do novo teste estavam cegados para o resultado do teste padrão-ouro.<sup>332</sup>

## 45.6 Diretrizes para redação

### 45.6.1 Quais são as diretrizes para redação de estudos diagnósticos?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research EQUATOR Network*<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de estudo de desempenho diagnóstico.
  - *STARD 2015: An Updated List of Essential Items for Reporting Diagnostic Accuracy Studies*:<sup>343</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/stard/>

---

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

## Capítulo 46

# Ensaios quase-experimentais

### 46.1 Características

#### 46.1.1 Quais são as características de ensaios quase-experimentais?

• ?

### 46.2 Diretrizes para redação

#### 46.2.1 Quais são as diretrizes para redação de ensaios quase-experimentais?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research* EQUATOR Network<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de estudo de ensaio quase-experimental.
- *Guidelines for reporting non-randomised studies:*<sup>344</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/guidelines-for-reporting-non-randomised-studies/>

---

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

RASCUNHO

## Capítulo 47

# Ensaios experimentais

### 47.1 Ensaio clínico aleatorizado

#### 47.1.1 Quais são as características de ensaios clínicos aleatorizados?

- A característica essencial de um ensaio clínico aleatorizado é a comparação entre grupos.<sup>345</sup>
- Quanto à unidade de alocação:<sup>346</sup>
  - Individual
  - Agrupado
- Quanto ao número de braços:<sup>346</sup>
  - Único\*
  - Múltiplos
- Quanto ao número de centros:<sup>346</sup>
  - Único
  - Múltiplos
- Quanto ao cegamento:<sup>346</sup>
  - Aberto\*
  - Simples-cego
  - Duplo-cego
  - Tripo-cego
  - Quádruplo-cego
- Quanto à alocação:<sup>346</sup>
  - Sem sorteio
  - Estratificada (centro apenas)
  - Estratificada
  - Minimizada
  - Estratificada e minimizada

### 47.1.2 Quais são as estratégias para metodológicas para reduzir vieses metodológicos?

- Grupo controle.<sup>?</sup>
- Grupo placebo.<sup>?</sup>
- Controle sham.<sup>?</sup>
- Cegamento.<sup>?</sup>

## 47.2 Modelos de análise de comparação

### 47.2.1 Que modelos podem ser utilizados para comparações?

- As abordagens compreendem a comparação da variável de desfecho medida entre os momentos antes e depois ou da sua mudança (pré - pós) entre os momentos.<sup>347</sup>
- Se a média da variável é igual entre grupos no início do acompanhamento, ambas abordagens estimam o mesmo efeito. Caso contrário, o efeito será influenciado pela correlação entre as medidas antes e depois. A análise da mudança não controla para desbalanços no início do estudo.<sup>347</sup>
- A abordagem mais recomendada é a análise de covariância (ANCOVA) - equação (47.1) - pois ajusta os valores pós-intervenção ( $Y_{ij}$ ) aos valores pré-intervenção ( $X_{ij}$ ) para cada participante ( $i$ ) de cada grupo  $\{Z_{ij}\}$ , e portanto não é afetada pelas diferenças entre grupos no início do estudo.<sup>125,347</sup>

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 X_{ij} + \beta_2 Z_j + \epsilon_{ij} \quad (47.1)$$

- A ANCOVA modelando seja a mudança (pré - pós:  $\Delta = X_{ij} - Y_{ij}$ ) quando o desfecho no pós-tratamento parece ser o método mais efetivo considerando-se o viés de estimativa dos parâmetros, a precisão das estimativas, a cobertura nominal (isto é, intervalo de confiança) e o poder do teste.<sup>348</sup>
- Quando a ANCOVA - equação (47.2) - é utilizada com a mudança (pré - pós) com variável de desfecho ( $Y_{ij}$ ), o coeficiente de regressão  $\beta_1$  é diminuído em 1 unidade.<sup>125,349</sup>

$$(X_{ij} - Y_{ij}) = \beta_0 + \beta_1 Z_j + \epsilon_{ij} \quad (47.2)$$

- Análise de variância (ANOVA) e modelos lineares mistos (MLM) são outras opções de métodos, embora apresentem maior variância, menor poder, e cobertura nominal comparados à ANCOVA.<sup>348</sup>
- <sup>350</sup>
- <sup>351</sup>

## 47.3 Comparação na linha de base

### 47.3.1 O que são dados na linha de base?

- Dados sociodemográficos, clínicos e funcionais são coletados na linha de base sobre cada participante no momento da aleatorização.<sup>352</sup>
- Os dados de linha de base são usados para caracterizar os pacientes incluídos no estudo e para mostrar que os grupos de tratamento estão bem equilibrados.<sup>352</sup>
- Dados da linha de base podem ser utilizados para a aleatorização de modo a equilibrar ou estratificar os grupos considerando alguns fatores-chave.<sup>352</sup>
- Dados da linha de base podem ser utilizados como ajuste de covariável para análise do resultado por grupo de tratamento.<sup>352</sup>

#### 47.3.2 O que é comparação entre grupos na linha de base em ensaios clínicos aleatorizados?

- A comparação se refere ao teste de hipótese nula de não haver diferença ('balanço' ou 'equilíbrio') entre grupos de tratamento nas (co)variáveis na linha de base, geralmente apresentadas apenas de modo descritivo na 'Tabela 1'.<sup>353</sup>
- A interpretação isolada do P-valor da comparação entre grupos na linha de base não permite identificar as razões para eventuais diferenças.<sup>353</sup>

#### 47.3.3 Para quê comparar grupos na linha de base em ensaios clínicos aleatorizados?

- Os P-valores estão relacionados à aleatorização dos participantes em grupos.<sup>354</sup>
- Em ensaios clínicos aleatorizados, a comparação de (co)variáveis na linha de base é usada para avaliar se aleatorização foi 'bem sucedida'.<sup>354</sup>

#### 47.3.4 Quais são as razões para diferenças entre grupos de tratamento nas (co)variáveis na linha de base?

- Acaso.<sup>188,353</sup>
- Viés.<sup>188,353</sup>
- Tamanho da amostra.<sup>188,353</sup>
- Má conduta científica.<sup>188</sup>

#### 47.3.5 Quais cenários permitem a comparação entre grupos na linha de base em ensaios clínicos aleatorizados?

- Em ensaios clínicos aleatorizados agregados, os P-valores possuem interpretação diferente de estudos aleatorizados individualmente.<sup>354</sup>
- Em ensaios clínicos com agrupamento, nos quais o recrutamento ocorreu após a aleatorização, os P-valores já não estão inteiramente relacionados ao processo de aleatorização, mas sim ao método de recrutamento, o que pode resultar na comparação de amostras não aleatórias.<sup>354</sup>

#### 47.3.6 Por que não se deve comparar grupos na linha de base em ensaios clínicos aleatorizados?

- A interpretação errônea dos P-valores na comparação entre grupos, na linha de base, de um ensaio clínico aleatorizado constitui a 'falácia da Tabela 1'.<sup>189</sup>
- Quando a aleatorização é bem-sucedida, a hipótese nula de diferença entre grupos na linha de base é verdadeira.<sup>355</sup>
- Testes de significância estatística na linha de base avaliam a probabilidade de que as diferenças observadas possam ter ocorrido por acaso; no entanto, já sabemos - pelo delineamento do experimento - que quaisquer diferenças são causadas pelo acaso.<sup>356</sup>

#### 47.3.7 Quais estratégias podem ser adotadas para substituir a comparação entre grupos na linha de base em ensaios clínicos aleatorizados?

- Na fase de projeto: identifique as variáveis prognósticas do desfecho de acordo com a literatura.<sup>355</sup>
- Na fase de análise: inclua as variáveis prognósticas nos modelos para ajuste.<sup>355</sup>

## 47.4 Comparação intragrupos

### 47.4.1 Por que não se deve comparar intragrupos (pré - pós) em ensaios clínicos aleatorizados?

- Testar por mudanças a partir da linha de base separadamente em cada grupos aleatorizados não permite concluir sobre diferenças entre grupos; não se pode fazer inferências a partir da comparação de P-valores.<sup>345</sup>

## 47.5 Comparação entre grupos

### 47.5.1 O que é comparação entre grupos em ensaios clínicos aleatorizados?

- A comparação se refere ao teste de hipótese nula de não haver diferença ('alteração' ou 'mudança') pós-tratamento entre grupos de tratamento.<sup>345</sup>

### 47.5.2 O que pode ser comparado entre grupos?

- Valores pós-tratamento; mudança entre linha de base e pós-tratamento; mudança percentual da linha de base.<sup>357</sup>

### 47.5.3 Qual é a comparação entre grupos mais adequada em ensaios clínicos aleatorizados?

- Análise de covariância (ANCOVA) que analisa o pós-tratamento com a linha de base como covariável é a opção que possui maior poder estatístico.<sup>357</sup>
- Mudança entre linha de base e pós-tratamento tem poder adequado apenas quando a correlação entre linha de base e pós-tratamento é alta.<sup>357</sup>
- Mudança percentual da linha de base é a opção menos eficiente em termos de poder estatístico.<sup>357</sup>

## 47.6 Comparação de subgrupos

### 47.6.1 O que é comparação de subgrupos em ensaios clínicos aleatorizados?

- Análises de subgrupos podem ser realizadas para avaliar se as diferenças no resultado do tratamento (ou a falta delas) dependem de algumas características na linha de base dos pacientes.<sup>352</sup>

### 47.6.2 Como realizar a comparação de subgrupos em ensaios clínicos aleatorizados?

- Testes estatísticos de interação (que avaliam se um efeito de tratamento difere entre subgrupos) devem ser usados, e não apenas a inspeção dos P-valores do subgrupo. Somente se o teste de interação estatística apoiar um efeito de subgrupo as conclusões poderão ser influenciadas.<sup>352,358</sup>

### 47.6.3 Como interpretar a comparação de subgrupos em ensaios clínicos aleatorizados?

- Análises de subgrupos devem ser consideradas de natureza exploratória e raramente elas afetam as conclusões obtidas a partir do estudo.<sup>352,358</sup>
- A credibilidade das análises de subgrupos é melhor se restrita ao desfecho primário e a alguns subgrupos predefinidos e baseadas em hipóteses biologicamente plausíveis.<sup>352</sup>

- Deve-se verificar se o estudo possui poder estatístico suficiente para detectar tamanhos de efeitos realistas em subgrupos e interpretar com cautela uma diferença de tratamento em um subgrupo quando a comparação global do tratamento não é significativa.<sup>352</sup>

## 47.7 Efeito de interação

### 47.7.1 Por que analisar o efeito de interação?

- Em ensaios clínicos aleatorizados, o principal problema de pesquisa é se há uma diferença pré - pós maior em um grupo do que em outro(s).<sup>345</sup>
- A comparação de subgrupos por meio de testes de significância de hipótese nula separados é enganosa por não testar (comparar) diretamente os tamanhos dos efeitos dos tratamentos.<sup>359</sup>
- .<sup>254</sup>

### 47.7.2 Quando usar o termo de interação?

- Análise de efeito de interação pode ser usada para testar se o efeito de um tratamento varia entre dois ou mais subgrupos de indivíduos, ou seja, se um efeito é modificado pelo(s) outros(s) efeito(s).<sup>255</sup>
- A interação entre duas (ou mais) variáveis pode ser utilizada para comparar efeitos do tratamento em subgrupos de ensaios clínicos.<sup>360</sup>
- O poder estatístico para detectar efeitos de interação é limitado.<sup>360</sup>

## 47.8 Ajuste de covariáveis

### 47.8.1 Quais variáveis devem ser utilizadas no ajuste de covariáveis?

- A escolha das características de linha de base pelas quais uma análise é ajustada deve ser determinada pelo conhecimento prévio de uma possível influência no resultado, em vez da evidência de desequilíbrio entre os grupos de tratamento no estudo.<sup>355</sup>

### 47.8.2 Quais os benefícios do ajuste de covariáveis?

- Ajustar por covariáveis ajuda a estimar os efeitos do tratamento para o indivíduo, assim como aumenta a eficiência dos testes para hipótese nula e a validade externa do estudo.<sup>361</sup>
- Incluir a variável de desfecho medida na linha de base como covariável - independentemente de a análise ser realizada com a medida pós-tratamento da mesma variável ou a diferença para a linha de base - pode aumentar o poder estatístico do estudo.<sup>362</sup>
- Incluir outras variáveis medidas na linha de base, com potencial para serem desbalanceadas entre grupos após a aleatorização, diminui a chance de afetar as estimativas de efeito dos tratamentos.<sup>362</sup>

### 47.8.3 Quais os riscos do ajuste de covariáveis?

- Incluir covariáveis que não são prognósticas do desfecho pode reduzir o poder estatístico do estudo.<sup>362</sup>
- Incluir covariáveis com dados perdidos pode reduzir o tamanho amostral e consequentemente o poder estatístico do estudo (análise de casos completos) ou levar a desvios do plano de análise por exclusão de covariáveis prognósticas.<sup>362</sup>

## 47.9 Imputação de dados perdidos

### 47.9.1 Como lidar com os dados perdidos em desfechos?

- Em dados longitudinais com um pequeno número de ‘ondas’ (medidas repetidas) e poucas variáveis, para análise com modelos de regressão univariados, a imputação paramétrica via especificação condicional completa - também conhecido como imputação multivariada por equações encadeadas (*multivariate imputation by chained equations*, MICE) - é eficiente do ponto de vista computacional e possui acurácia e precisão para estimativa de parâmetros.<sup>101,363</sup>
- Para dados perdidos em desfechos dicotômicos, o desempenho dos métodos de imputação multivariada por equações encadeadas (*multivariate imputation by chained equations*, MICE)<sup>108</sup> e por correspondência média preditiva (*predictive mean matching*, PMM)<sup>109,110</sup> é similar.<sup>107</sup>

### 47.9.2 Como lidar com os dados perdidos em covariáveis?

- Imputação de dados perdidos de uma covariável pela média dos dados do respectivo grupo permite estimativas não enviesadas dos efeitos do tratamento, preserva o erro tipo I e aumenta o poder estatístico comparado à análise de dados completos.<sup>362</sup>

**R**

Os pacotes *mice*<sup>108</sup> e *miceadds*<sup>111</sup> fornecem funções *mice*<sup>a</sup> e *mi.anova*<sup>b</sup> para imputação multivariada por equações encadeadas, respectivamente, para imputação de dados.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/mice/versions/3.16.0/topics/mice>

<sup>b</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/miceadds/versions/3.16-18/topics/mi.anova>

## 47.10 Diretrizes para redação

### 47.10.1 Quais são as diretrizes para redação de ensaios experimentais?

- Visite a rede *Enhancing the QUality and Transparency Of health Research* EQUATOR Network<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de ensaio experimental.
- CONSORT 2010 Statement: updated guidelines for reporting parallel group randomised trials:*<sup>364</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/consort/>

**R**

O pacote *consort*<sup>365</sup> fornece a função *consort\_plot*<sup>a</sup> para elaboração do fluxograma de ensaios experimentais no formato padrão.

<sup>a</sup>%60r%20paste0(%22https://search.r-project.org/CRAN/refmans/%22,%20%22consort%22,%20%22/html/%22,%20%22consort\_plot%22,%20%22.html%22)%60

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

## Capítulo 48

# Revisão sistemática

### 48.1 Revisão sistemática de literatura

#### 48.1.1 O que é revisão sistemática?

• ?



O pacote *easyPubMed*<sup>366</sup> fornece a função *get\_pubmed\_ids*<sup>a</sup> e *fetch\_pubmed\_data*<sup>b</sup> para buscar artigos no PubMed<sup>c</sup>.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/easyPubMed/index.html>

<sup>b</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/easyPubMed/index.html>

<sup>c</sup><https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov>



O pacote *rcrossref*<sup>367</sup> fornece a função *cr\_works*<sup>a</sup> para buscar artigos.

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/rcrossref/index.html>



O pacote *roadoi*<sup>368</sup> fornece a função *oadoi\_fetch*<sup>a</sup> para recuperar dados de acesso aberto do Unpaywall<sup>b</sup>.

<sup>a</sup><https://cloud.r-project.org/web/packages/roadoi/index.html>

<sup>b</sup><https://unpaywall.org>

RASCUNHO

# Capítulo 49

## Meta-análise

### 49.1 Características

#### 49.1.1 O que é meta-análise?

- Meta-análise é um método estatístico que combina quantitativamente os resultados de múltiplos estudos independentes sobre uma mesma questão de pesquisa, aumentando o poder estatístico e a precisão das estimativas de efeito.<sup>369</sup>
- Meta-análise sintetiza evidências considerando o peso de cada estudo (geralmente inversamente proporcional à variância) e permite avaliar a consistência dos resultados, identificar fontes de heterogeneidade e estimar um efeito global.<sup>369</sup>

### 49.2 Modelos de meta-análise

- **Modelo de efeitos fixos:** assume que todos os estudos avaliam o mesmo efeito verdadeiro, e a variação observada é apenas devido ao erro de amostragem. É adequado quando os estudos são homogêneos e as diferenças entre eles são pequenas.<sup>369</sup>
- **Modelo de efeitos aleatórios:** assume que os estudos avaliam efeitos verdadeiros diferentes, com uma distribuição normal. É mais apropriado quando há heterogeneidade entre os estudos, pois considera a variação entre eles além do erro de amostragem.<sup>369</sup>
- **Modelo de efeitos de rede:** estende a meta-análise para comparar múltiplas intervenções simultaneamente, mesmo que não tenham sido comparadas diretamente em estudos. É útil para avaliar a eficácia relativa de várias intervenções.<sup>7</sup>

O pacote *metafor*<sup>370</sup> fornece a função *forest*<sup>a</sup> para criar figuras tipo *forest plot*.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/metafor/index.html>

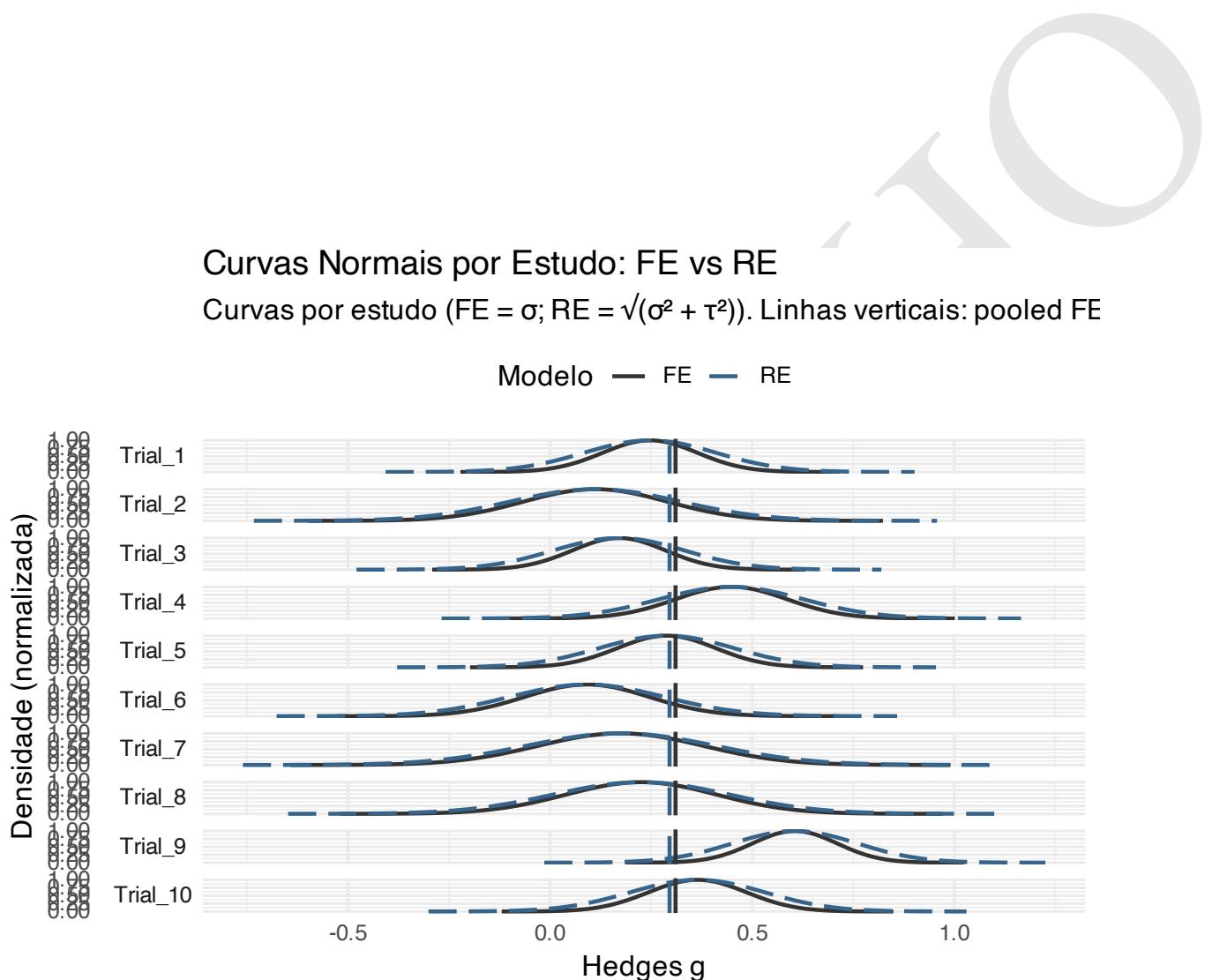


Figura 49.1: Comparação entre modelos de efeito fixo e aleatório com 10 ensaios clínicos simulados.

## 49.3 Conversão de Medidas em Meta-análises

### 49.3.1 O que fazer quando os estudos apresentam resultados com diferentes parâmetros?

- Quando os estudos reportam médias e desvios-padrão, os dados podem ser usados diretamente na metanálise.<sup>370</sup>
- Quando apresentam mediana e intervalo interquartil (ou mínimo–máximo), existem métodos estatísticos para converter em média e DP.<sup>371</sup>
- Hozo et al. (2005) propuseram fórmulas para estimar a média e o desvio-padrão a partir da mediana, amplitude e tamanho da amostra.<sup>371</sup>
- Wan et al. (2014) aperfeiçoaram essas estimativas, oferecendo métodos mais precisos para converter mediana e IQR em média e DP.<sup>372</sup>



O pacote *metafor*<sup>370</sup> fornece a função *conv.fivenum*<sup>a</sup> para converter mínimo/mediana/máximo ou Q1/mediana/Q2 em média e desvio-padrão.

<sup>a</sup><https://cran.r-project.org/web/packages/metafor/refman/metafor.html#conv.fivenum>

## 49.4 Interpretação de efeitos em meta-análise

### 49.4.1 Como avaliar a variação do tamanho do efeito?

- O intervalo de predição contém informação sobre a variação do tamanho do efeito.<sup>373</sup>
- Se o intervalo de predição não contém a hipótese nula ( $H_0$ ), podemos concluir que (a) o tratamento funciona igualmente bem em todas as populações, ou que ele funciona melhor em algumas populações do que em outras.<sup>373</sup>
- Se o intervalo de predição contém a hipótese nula ( $H_0$ ), podemos concluir que o tratamento pode ser benéfico em algumas populações, mas prejudicial em outras, de modo que a estimativa pontual (geralmente a média) torna-se amplamente irrelevante. Nesse caso, é recomendado investigar em que populações o tratamento seria benéfico e em quais causaria danos.<sup>373</sup>

### 49.4.2 Como avaliar a heterogeneidade entre os estudos?

- A heterogeneidade - variação não-aleatória - no efeito do tratamento entre os estudos incluídos em uma meta-análise pode ser avaliada pelo  $I^2$ .<sup>373,374</sup>
- $I^2$  representa qual proporção da variância observada reflete a variância nos efeitos verdadeiros em vez do erro de amostragem.<sup>373</sup>
- $I^2$  mede a proporção da variância total que pode ser atribuída à heterogeneidade entre os estudos incluídos.<sup>374</sup>
- $I^2$  não depende da quantidade de estudos incluídos na meta-análise. Entretanto,  $I^2$  aumenta com a quantidade de participantes incluídos nos estudos meta-analisados.<sup>374</sup>
- A heterogeneidade entre estudos é explicada de modo mais confiável utilizando dados de pacientes individuais, uma vez que a direção verdadeira da modificação de efeito não pode ser observada a partir de dados agregados no estudo.<sup>375</sup>

**R**

O pacote *psychmeta*<sup>270</sup> fornece a função *ma\_d*<sup>a</sup> para meta-analisar valores *d*.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/ma\\_d](https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/ma_d)

**R**

O pacote *psychmeta*<sup>270</sup> fornece a função *ma\_r*<sup>a</sup> para meta-analisar correlações.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/ma\\_r](https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/ma_r)

## 49.5 Interpretação do Forest Plot

### 49.5.1 O que é um forest plot?

- Um forest plot é uma representação gráfica dos achados de uma meta-análise. Ele resume os resultados de estudos individuais e apresenta uma estimativa combinada do efeito, permitindo interpretação visual da magnitude, direção e significância estatística dos resultados.<sup>376</sup>

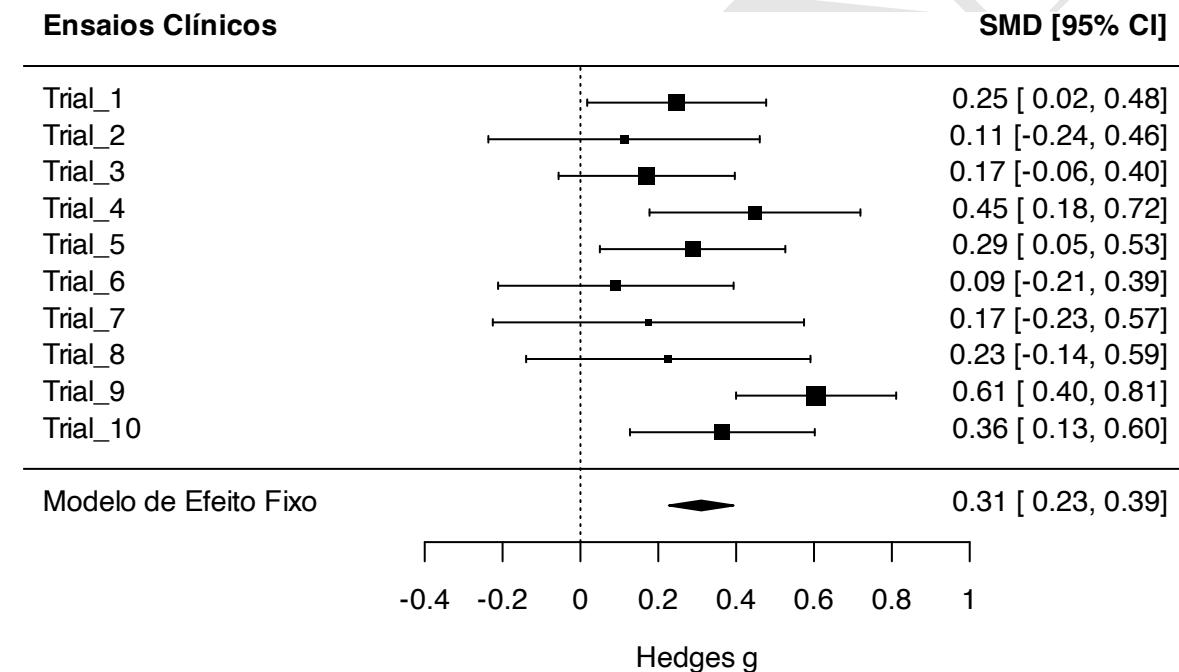


Figura 49.2: Forest plot de uma meta-análise de efeito fixo com 10 ensaios clínicos simulados.

### 49.5.2 2. Quais são as seis colunas básicas que um forest plot geralmente apresenta?

- As seis colunas básicas incluem: estudos incluídos (e subgrupos, se analisados); dados do grupo de intervenção; dados do grupo controle; peso de cada estudo; medida numérica do efeito; representação gráfica do efeito.<sup>376</sup>

### 49.5.3 Como diferenciar um desfecho binário de um contínuo em um forest plot?

- Em desfechos binários, são mostrados número de eventos e total da amostra, sendo o efeito medido por *risk ratio* (*RR*) ou *odds ratio* (*OR*).<sup>376</sup>

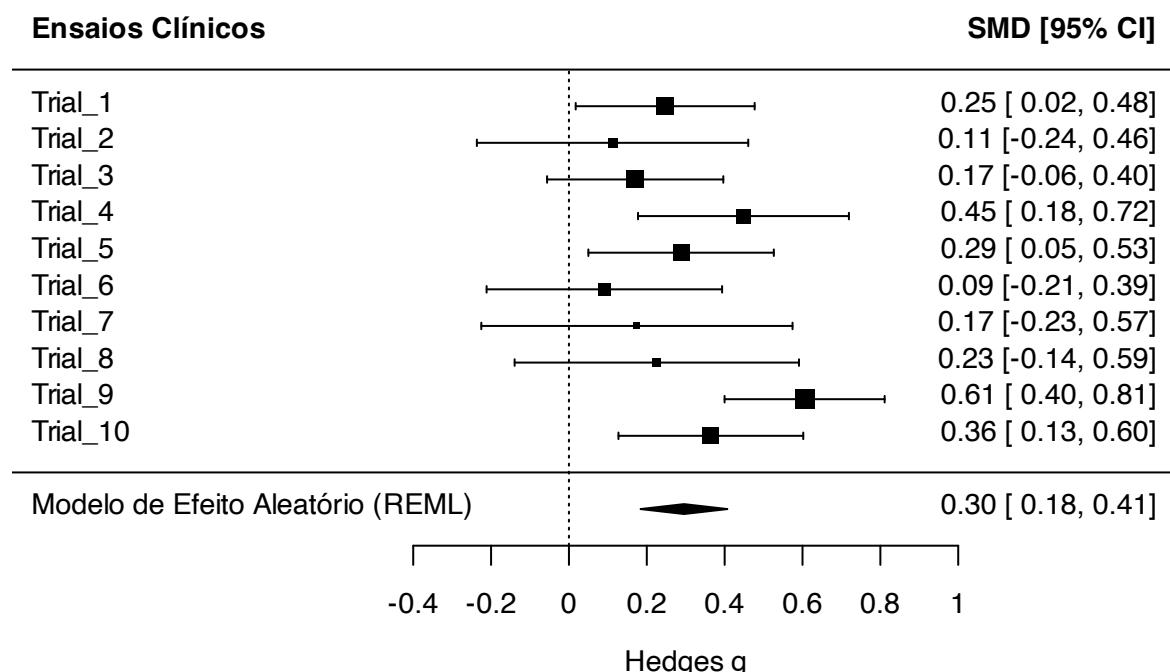


Figura 49.3: Forest plot de uma meta-análise de efeito aleatório com 10 ensaios clínicos simulados.

- Em desfechos contínuos, apresentam-se médias, desvios-padrão e tamanhos amostrais, com o efeito medido pela diferença de médias.<sup>376</sup>

#### 49.5.4 4. O que representa o ponto central da caixa e o tamanho desta no gráfico?

- O ponto central indica a estimativa pontual do efeito (melhor estimativa para o efeito real).<sup>376</sup>
- O tamanho da caixa é proporcional ao peso do estudo na meta-análise, geralmente maior para estudos com amostras maiores.<sup>376</sup>

#### 49.5.5 5. Qual é o significado da linha vertical do “nenhum efeito”?

- É a linha de referência que indica efeito nulo.<sup>376</sup>
- Para desfechos binários, corresponde ao valor 1 ( $RR$  ou  $OR = 1$ ).<sup>376</sup>
- Para desfechos contínuos, corresponde ao valor 0 (diferença de médias = 0).<sup>376</sup>
- Se o intervalo de confiança de um estudo ou do resultado combinado cruza essa linha, o resultado não é estatisticamente significativo.<sup>376</sup>

#### 49.5.6 6. Como interpretar o diamante na parte inferior do forest plot?

- O diamante representa o efeito combinado dos estudos incluídos.<sup>376</sup>
- O ponto central do diamante é a estimativa global.<sup>376</sup>
- A largura do diamante representa o intervalo de confiança de 95% para o efeito combinado.<sup>376</sup>

#### 49.5.7 Como a heterogeneidade pode ser avaliada no forest plot?

- A variabilidade nos resultados dos estudos incluídos é avaliada pela sobreposição dos intervalos de confiança dos estudos; pelo teste do qui-quadrado ( $\chi^2$ ) e pelo valor de  $I^2$ .<sup>376</sup>

#### 49.5.8 Quais são as interpretações usuais para os valores de $I^2$ ?

- 0% a 40%: pode não ser importante; 30% a 60%: heterogeneidade moderada; 50% a 90%: heterogeneidade substancial; 75% a 100%: heterogeneidade considerável.<sup>376</sup>

### 49.6 Viés de publicação em meta-análises

#### 49.6.1 O que é viés de publicação?

- O viés de publicação ocorre quando estudos com resultados não significativos ou contrários à hipótese tendem a não ser publicados, afetando a estimativa final da meta-análise e podendo levar a conclusões incorretas.<sup>377</sup>

#### 49.6.2 Quais métodos podem ser usados para identificar viés de publicação?

- O método mais simples é o **funnel plot**, que representa a estimativa de efeito de cada estudo em função de sua precisão ( $1/SE$ ).<sup>378</sup>
- Na ausência de viés, espera-se uma distribuição simétrica (“forma de funil”). Assimetria pode indicar viés de publicação, heterogeneidade entre estudos ou efeitos de tamanho de estudo (*small-study effects*).<sup>378</sup>
- Para *odds ratios (OR)*, a correlação entre  $\ln(OR)$  e seu erro padrão pode gerar assimetria mesmo sem viés, por isso recomenda-se, nesses casos, plotar em função do tamanho amostral.<sup>379</sup>

#### 49.6.3 O que é um gráfico de funil (funnel plot)?

- É um gráfico de dispersão que relaciona a estimativa de efeito de cada estudo com uma medida de seu tamanho ou precisão (por exemplo, erro-padrão no eixo vertical, em escala invertida). Em condições ideais (ausência de viés e heterogeneidade), os estudos se distribuem de forma simétrica, formando um “funil invertido”.<sup>380</sup>

#### 49.6.4 A assimetria do funnel plot indica sempre viés de publicação?

- Viéses de relato (*reporting biases*), como viés de publicação, viés de linguagem ou de citação.<sup>380</sup>
- Diferenças metodológicas entre estudos pequenos e grandes.<sup>380</sup>
- Heterogeneidade verdadeira (diferença real no efeito conforme o tamanho ou o contexto do estudo).<sup>380</sup>
- Artefatos estatísticos ou mero acaso.<sup>380</sup>

#### 49.6.5 O que é trim and fill?

- O método *trim and fill* “apara” (trim) os estudos que causam assimetria no funnel plot, estima o número de estudos possivelmente ausentes (não publicados) e “preenche” (fill) o gráfico com esses estudos simulados, recalculando o efeito combinado.<sup>381</sup>
- O método assume que a assimetria é causada unicamente por viés de publicação, podendo levar a conclusões equivocadas quando há outras causas, como heterogeneidade.<sup>381</sup>

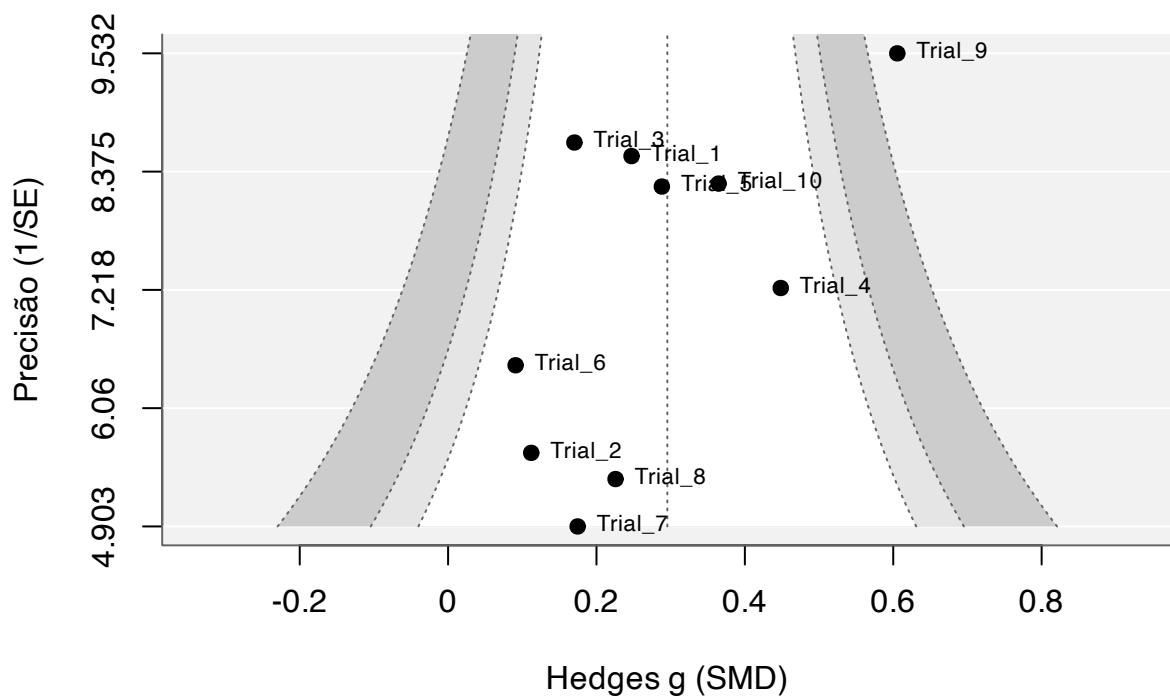


Figura 49.4: Gráfico de funil de meta-análise com 10 ensaios clínicos simulados.

#### 49.6.6 O que é o teste de Egger?

- É um teste estatístico amplamente utilizado que avalia a relação entre o efeito padronizado ( $efeito/SE$ ) e a precisão ( $1/SE$ ).<sup>378</sup>
- No entanto, para meta-análises com  $OR$ , apresenta taxas de erro tipo I excessivas, especialmente quando o efeito é grande ou há alta heterogeneidade.<sup>379</sup>

#### 49.6.7 O que é o teste de Peters?

- Uma regressão linear ponderada com  $\ln(OR)$  como variável dependente e o inverso do tamanho total da amostra como variável independente (modificação do teste de Macaskill).<sup>379</sup>
- Essa abordagem reduz a correlação entre  $\ln(OR)$  e seu  $SE$ , resultando em taxas de erro tipo I mais adequadas (~10%) independentemente do tamanho do efeito, número de estudos ou heterogeneidade.<sup>379</sup>
- O teste de Peters é preferível ao teste de Egger quando o desfecho é expresso como OR, pois mantém taxas de erro tipo I adequadas e ainda apresenta poder comparável para detectar viés em condições de baixa heterogeneidade.<sup>379</sup>
- Em casos de alta heterogeneidade, o teste de Egger pode apresentar maior poder, mas sua alta taxa de falsos positivos compromete a interpretação.<sup>379</sup>

#### 49.6.8 Quais são as recomendações para testar a assimetria?

- Evitar testes quando há menos de 10 estudos, devido ao baixo poder estatístico.<sup>380</sup>
- Inspecionar visualmente o *funnel plot* junto com os resultados dos testes.<sup>380</sup>
- Para desfechos contínuos (diferença de médias), o teste de Egger pode ser usado.<sup>380</sup>

- Para desfechos dicotômicos expressos como *odds ratio (OR)* com baixa heterogeneidade ( $\tau^2 < 0,1$ ), considerar os testes de Harbord, Peters ou Rücker.<sup>380</sup>
- Para desfechos dicotômicos expressos como *odds ratio(OR)* com alta heterogeneidade ( $\tau^2 > 0,1$ ), o teste de Rücker com transformação *arcsine* é mais indicado.<sup>380</sup>

#### 49.6.9 Como interpretar os resultados de testes de viés de publicação?

- Um resultado não significativo não garante ausência de viés.<sup>379</sup>
- Recomenda-se complementar com inspeção visual do *funnel plot* e considerar métodos adicionais como *trim and fill*.<sup>379,381</sup>
- Quando há suspeita de viés, discutir as implicações e interpretar o efeito combinado com cautela.<sup>379</sup>

**R**

O pacote *psychmeta*<sup>270</sup> fornece a função *plot\_funnel*<sup>a</sup> para criar figuras tipo *funnel plot*.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/plot\\_funnel](https://www.rdocumentation.org/packages/psychmeta/versions/2.7.0/topics/plot_funnel)

### 49.7 Diretrizes para redação

#### 49.7.1 Quais são as diretrizes para redação de meta-análises?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research EQUATOR Network*<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas para cada tipo de meta-análises.
  - *The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews*:<sup>382</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/prisma/>

**R**

O pacote *metagear*<sup>383</sup> fornece a função *plot\_PRISMA*<sup>a</sup> para gerar o fluxograma de uma revisão sistemática de acordo com o *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*<sup>384</sup>.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/metagear/versions/0.7/topics/plot\\_PRISMA](https://www.rdocumentation.org/packages/metagear/versions/0.7/topics/plot_PRISMA)

**R**

O pacote *PRISMA2020*<sup>385</sup> fornece a função *PRISMA\_flowdiagram*<sup>a</sup> para elaboração do fluxograma de revisões sistemáticas no formato padrão.

<sup>a</sup>[https://www.rdocumentation.org/packages/PRISMA2020/versions/1.1.1/topics/PRISMA\\_flowdiagram](https://www.rdocumentation.org/packages/PRISMA2020/versions/1.1.1/topics/PRISMA_flowdiagram)

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

## ***PARTE 10: COMUNICAÇÃO E RELATO CIENTÍFICO***

---

**Transformando resultados em narrativas claras, completas e alinhadas às boas práticas**

RASCUNHO

## Capítulo 50

# Plano de análise

### 50.1 Plano de análise estatística

#### 50.1.1 O que é plano de análise estatística?

• ?

### 50.2 Diretrizes para redação

#### 50.2.1 Quais são as diretrizes para redação de planos de análise estatística?

- Visite a rede *Enhancing the QUAlity and Transparency Of health Research* EQUATOR Network<sup>1</sup> para encontrar diretrizes específicas:
  - *Guidelines for the Content of Statistical Analysis Plans in Clinical Trials:*<sup>386</sup> <https://www.equator-network.org/reporting-guidelines/guidelines-for-the-content-of-statistical-analysis-plans-in-clinical-trials/>

---

<sup>1</sup><https://www.equator-network.org/>

RASCUNHO

# Capítulo 51

## Redação de resultados

### 51.1 Resultados da análise estatística

#### 51.1.1 Como redigir os resultados da análise estatística?

- ?



O pacote *report*<sup>387</sup> fornece a função *report*<sup>a</sup> para redigir a descrição de diversas análises estatísticas.

<sup>a</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/report/versions/0.5.8/topics/report>

### 51.2 Diretrizes e Listas

#### 51.2.1 Quais diretrizes estão disponíveis para redação estatística?

- *Review of guidance papers on regression modeling in statistical series of medical journals.*<sup>388</sup>
- *Principles and recommendations for incorporating estimands into clinical study protocol templates.*<sup>389</sup>
- *How to write statistical analysis section in medical research.*<sup>226</sup>
- *Recommendations for Statistical Reporting in Cardiovascular Medicine: A Special Report From the American Heart Association.*<sup>390</sup>
- *Framework for the treatment and reporting of missing data in observational studies: The Treatment And Reporting of Missing data in Observational Studies framework.*<sup>391</sup>
- *Guidelines for reporting of figures and tables for clinical research in urology.*<sup>392</sup>
- *Who is in this study, anyway? Guidelines for a useful Table 1.*<sup>191</sup>
- *Guidelines for Reporting of Statistics for Clinical Research in Urology.*<sup>393</sup>
- *Reveal, Don't Conceal: Transforming Data Visualization to Improve Transparency.*<sup>198</sup>
- *Guidelines for the Content of Statistical Analysis Plans in Clinical Trials.*<sup>386</sup>
- *Basic statistical reporting for articles published in Biomedical Journals: The "Statistical Analyses and Methods in the Published Literature" or the SAMPL Guidelines.*<sup>394</sup>

- *Beyond Bar and Line Graphs: Time for a New Data Presentation Paradigm.*<sup>395</sup>
- *STRengthening analytical thinking for observational studies: the STRATOS initiative.*<sup>396</sup>
- *Research methods and reporting.*<sup>397</sup>
- *How to ensure your paper is rejected by the statistical reviewer.*<sup>398</sup>

### 51.2.2 Quais listas de verificação estão disponíveis para redação estatística?

- *A Checklist for statistical Assessment of Medical Papers (the CHAMP statement): explanation and elaboration.*<sup>399</sup>
- *Checklist for clinical applicability of subgroup analysis.*<sup>400</sup>
- *Evidence-based statistical analysis and methods in biomedical research (SAMBR) checklists according to design features.*<sup>225</sup>

## Capítulo 52

# Diretrizes e Listas

### 52.1 Diretrizes

#### 52.1.1 Quais são as diretrizes para relatórios estatísticos em pesquisas?

- *Guidelines for Reporting Observational Research in Urology: The Importance of Clear Reference to Causality.*<sup>291</sup>
- *Review of guidance papers on regression modeling in statistical series of medical journals.*<sup>388</sup>
- *Principles and recommendations for incorporating estimands into clinical study protocol templates.*<sup>389</sup>
- *How to write statistical analysis section in medical research.*<sup>226</sup>
- *A Guideline for Reporting Mediation Analyses of Randomized Trials and Observational Studies: The AGReMA Statement.*<sup>401</sup>
- *Recommendations for Statistical Reporting in Cardiovascular Medicine: A Special Report From the American Heart Association.*<sup>390</sup>
- *Framework for the treatment and reporting of missing data in observational studies: The Treatment And Reporting of Missing data in Observational Studies framework.*<sup>391</sup>
- *Guidelines for reporting of figures and tables for clinical research in urology.*<sup>392</sup>
- *Who is in this study, anyway? Guidelines for a useful Table 1.*<sup>191</sup>
- *Guidelines for Reporting of Statistics for Clinical Research in Urology.*<sup>393</sup>
- *Reveal, Don't Conceal: Transforming Data Visualization to Improve Transparency.*<sup>198</sup>
- *Guidelines for the Content of Statistical Analysis Plans in Clinical Trials.*<sup>386</sup>
- *Basic statistical reporting for articles published in Biomedical Journals: The ‘‘Statistical Analyses and Methods in the Published Literature’’ or the SAMPL Guidelines.*<sup>394</sup>
- *Beyond Bar and Line Graphs: Time for a New Data Presentation Paradigm.*<sup>395</sup>
- *STRengthening analytical thinking for observational studies: the STRATOS initiative.*<sup>396</sup>
- *Research methods and reporting.*<sup>397</sup>
- *How to ensure your paper is rejected by the statistical reviewer.*<sup>398</sup>

## 52.2 Listas de verificação

### 52.2.1 Quais são as listas de verificação para relatórios estatísticos em pesquisas?

- *A Checklist for statistical Assessment of Medical Papers (the CHAMP statement): explanation and elaboration.*<sup>399</sup>
- *Checklist for clinical applicability of subgroup analysis.*<sup>400</sup>
- *Evidence-based statistical analysis and methods in biomedical research (SAMBR) checklists according to design features.*<sup>225</sup>

# Capítulo 53

## Fontes externas

### 53.1 Fontes de informação externas

#### 53.1.1 American Heart Association

- *Statistical Reporting Recommendations - AHA/ASA journals*<sup>1</sup>

#### 53.1.2 American Physiological Society

- *Statistics*<sup>2</sup>
- *Exploration in Statistics*<sup>3</sup>
- *General Statistics*<sup>4</sup>
- *Reporting Statistics*<sup>5</sup>

#### 53.1.3 American Statistical Association

- *Statistical Inference in the 21st Century: A World Beyond  $p < 0.05$*  - The American Statistical Association<sup>6</sup>

#### 53.1.4 British Medicine Journal

- *Statistics - Latest from The BMJ*<sup>7</sup>
- *Statistics notes - Latest from The BMJ*<sup>8</sup>
- *Statistics and research methods - Latest from The BMJ*<sup>9</sup>
- *Statistics at Square One*<sup>10</sup>

<sup>1</sup><https://www.ahajournals.org/statistical-recommendations>

<sup>2</sup><https://journals.physiology.org/topic/advances-collections/statistics?seriesKey=&tagCode=&>

<sup>3</sup><https://journals.physiology.org/topic/advances-collections/explorations-in-statistics?seriesKey=&tagCode=&>

<sup>4</sup><https://journals.physiology.org/topic/advances-collections/general-statistics?seriesKey=&tagCode=&>

<sup>5</sup><https://journals.physiology.org/topic/advances-collections/reporting-statistics?seriesKey=&tagCode=&>

<sup>6</sup><https://www.tandfonline.com/toc/utas20/73/sup1?nav=tocList>

<sup>7</sup><https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties>

<sup>8</sup>[https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties/statistics-notes](https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties)

<sup>9</sup>[https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties/statistics-and-research-methods](https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties)

<sup>10</sup>[https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties/about-bmj/resources-readers/publications/statistics-square-one](https://www.bmjjournals.org/journal/bmjspecialties)

- *Research methods & reporting*<sup>11</sup>

### 53.1.5 Enhancing the QUality And Transparency Of health Research Network

- *Enhancing the Quality and Transparency of health research EQUATOR Network*<sup>12</sup>

### 53.1.6 Journal of the American Medical Association

- *JAMA Guide to Statistics and Methods - JAMA*<sup>13</sup>

### 53.1.7 Nature Publishing Group

- *Statistics for Biologists - Nature Publishing Group*<sup>14</sup>

### 53.1.8 Oxford Reference

- *A Dictionary of Statistics*<sup>15</sup>

### 53.1.9 Royal Statistical Society

- *Best Practices for Data Visualisation - Royal Statistical Society*<sup>16</sup>

### 53.1.10 Statistics in Medicine

- *Tutorials in Biostatistics Papers*<sup>17</sup>

### 53.1.11 BMC Trials

- *Design and analysis of n-of-1 trials*<sup>18</sup>

### 53.1.12 The Journal of Applied Statistics in the Pharmaceutical Industry

- *Tutorial Papers*<sup>19</sup>

<sup>11</sup><https://www.bmjjournals.org/research/research-methods-and-reporting>

<sup>12</sup><https://www.equator-network.org>

<sup>13</sup><https://jamanetwork.com/collections/44042/jama-guide-to-statistics-and-methods>

<sup>14</sup><https://www.nature.com/collections/qghqm>

<sup>15</sup><https://www.oxfordreference.com/display/10.1093/acref/9780199679188.001.0001/acref-9780199679188>

<sup>16</sup><https://royal-statistical-society.github.io/datavisguide>

<sup>17</sup><https://onlinelibrary.wiley.com/page/journal/10970258/homepage/tutorials.htm>

<sup>18</sup><https://www.biomedcentral.com/collections/DANT>

<sup>19</sup>[https://onlinelibrary.wiley.com/journal/15391612/homepage/tutorial\\_papers.htm](https://onlinelibrary.wiley.com/journal/15391612/homepage/tutorial_papers.htm)

## *APÊNDICES E REFERÊNCIAS*

---

**Materiais complementares e fontes citadas**

RASCUNHO

## **Apêndice - R scripts**

RASCUNHO

# Pensamento estatístico

## Amostragem

```
# Dados da população e amostra
set.seed(123)
pop_n <- 50
sample_n <- 10

# Reduzindo os raios internos para posicionar os ícones mais perto do centro
radius_pop <- runif(pop_n, 0.5, 2.5)
radius_sample <- runif(sample_n, 0.5, 1.5)

# Geração das posições para a população (círculo à esquerda)
angle_pop <- seq(0, 2 * pi, length.out = pop_n + 1)[-1]
pop_df <- data.frame(
  id = 1:pop_n,
  x_pop = cos(angle_pop) * radius_pop - 4,
  y_pop = sin(angle_pop) * radius_pop
)

# Seleção aleatória da amostra
sample_ids <- sample(pop_df$id, sample_n)
sample_df <- pop_df %>%
  dplyr::filter(id %in% sample_ids) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1],
    x_sample = cos(angle) * radius_sample + 4,
    y_sample = sin(angle) * radius_sample
  )

# Atribui o ícone após os data.frames estarem prontos
pop_df$label <- "./images/person.svg"
sample_df$label <- "./images/person.svg"

# Base de setas
setas_df <- sample_df %>%
  dplyr::select(id, x_pop, y_pop, x_sample, y_sample)

# Plot
ggplot2::ggplot() +
  # Círculo da população
```

```

ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = -4, y0 = 0, r = 3),
                      color = "black",
                      linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = pop_df,
                      ggplot2::aes(x = x_pop, y = y_pop, image = label),
                      size = 0.07) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = -4,
    y = 3.5,
    label = "População",
    size = 5,
    fontface = "bold"
  ) +
  # Círculo da amostra
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 4, y0 = 0, r = 1.8),
                      color = "black",
                      linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(
    data = sample_df,
    ggplot2::aes(x = x_sample, y = y_sample, image = label),
    size = 0.07
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 4,
    y = 2.3,
    label = "Amostra",
    size = 5,
    fontface = "bold"
  ) +
  # Setas
  ggplot2::geom_curve(
    data = setas_df,
    ggplot2::aes(
      x = x_pop,
      y = y_pop,
      xend = x_sample,
      yend = y_sample
    ),
    arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
    color = "darkgray",
    linewidth = 0.7,
    curvature = -0.2
  ) +
  ggplot2::coord_fixed() +
  ggplot2::theme_void() +
  # Texto "Amostragem"
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 0,

```

```

y = 3,
label = "Amostragem",
color = "darkgray",
size = 5,
fontface = "italic"
)

```

## Reamostragem

```

# reproduzibilidade
set.seed(123)

# parâmetros
pop_n <- 50
sample_n <- 10
svg_size <- 0.045
y_offsets <- c(6, 3, 0, -3, -6)
raio_reamostra <- 1.2

# População (coluna 1)
radius_pop <- runif(pop_n, 0.5, 2.5)
angle_pop <- seq(0, 2 * pi, length.out = pop_n + 1)[-1]
pop_df <- data.frame(
  id = 1:pop_n,
  x_pop = cos(angle_pop) * radius_pop - 6,
  y_pop = sin(angle_pop) * radius_pop,
  label = "./images/person.svg"
)

# Amostra (coluna 2)
radius_sample <- runif(sample_n, 0.4, 1.2)
angle_sample <- seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1]
sample_ids <- sample(pop_df$id, sample_n)
sample_df <- dplyr::filter(pop_df, id %in% sample_ids) |>
  dplyr::mutate(
    angle = angle_sample,
    x_sample = cos(angle) * radius_sample,
    y_sample = sin(angle) * radius_sample,
    label = "./images/person.svg"
)

# Reamostras (coluna 3) - agora bootstrap da amostra
reamostra_list <- lapply(seq_along(y_offsets), function(i) {
  offset <- y_offsets[i]
  radius_sample <- runif(sample_n, 0.3, 1.1)
  angle_sample <- seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1]

  # Bootstrap da amostra: sorteia com reposição
  re_ids <- sample(sample_df$id, sample_n, replace = TRUE)
  sample_boot <- dplyr::filter(sample_df, id %in% re_ids)
})

```

```

# Para manter mesmo número de pontos, atribuímos posições sequenciais
sample_boot <- dplyr::arrange(sample_boot, id)[seq_len(sample_n), ] |>
  dplyr::mutate(
    angle = angle_sample,
    x_sample_reamostra = cos(angle) * radius_sample + 6,
    y_sample_reamostra = sin(angle) * radius_sample + offset,
    grupo = paste0("Reamostra ", i)
  )
}

reamostras_df <- dplyr::bind_rows(reamostra_list)

# Setas: População → Amostra
setas_amostra <- dplyr::left_join(
  dplyr::filter(pop_df, id %in% sample_ids),
  dplyr::select(sample_df, id, xend = x_sample, yend = y_sample),
  by = "id"
) |>
  dplyr::rename(x = x_pop, y = y_pop)

# Setas: Amostra → Reamostras (AGORA COMPLETO)
# Faz um join entre a amostra e todas as ocorrências nas reamostras.
setas_reamostras <- dplyr::inner_join(
  dplyr::select(sample_df, id, x_amostra = x_sample, y_amostra = y_sample),
  dplyr::select(
    reamostras_df,
    id,
    x_sample_reamostra,
    y_sample_reamostra,
    grupo
  ),
  by = "id"
) |>
  dplyr::rename(x = x_amostra,
                y = y_amostra,
                xend = x_sample_reamostra,
                yend = y_sample_reamostra)

# Gráfico
ggplot2::ggplot() +
  # Coluna População
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = -6, y0 = 0, r = 3),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = pop_df,
                      ggplot2::aes(x = x_pop, y = y_pop, image = label),
                      size = svg_size) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = -6,
    y = 3.5,
    label = "População",

```

```

    size = 5,
    fontface = "bold"
) +
# Coluna Amostra
ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 0, y0 = 0, r = 1.8),
                      color = "black",
                      linewidth = 1) +
ggimage::geom_image(
  data = sample_df,
  ggplot2::aes(x = x_sample, y = y_sample, image = label),
  size = svg_size
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = 0,
  y = 2.3,
  label = "Amostra",
  size = 5,
  fontface = "bold"
) +
# Coluna Reamostras
ggforce::geom_circle(
  data = data.frame(x0 = 6, y0 = y_offsets, r = raio_reamostra),
  ggplot2::aes(x0 = x0, y0 = y0, r = r),
  color = "black",
  linewidth = 1
) +
ggimage::geom_image(
  data = reamostras_df,
  ggplot2::aes(x = x_sample_reamostra, y = y_sample_reamostra, image = label),
  size = svg_size
) +
ggplot2::geom_text(
  data = data.frame(
    x = 6,
    y = y_offsets,
    label = paste0("Reamostra ", 1:5)
  ),
  ggplot2::aes(
    x = x,
    y = y + raio_reamostra + 0.4,
    label = label
  ),
  size = 4.2,
  fontface = "bold"
) +
# Setas: População → Amostra
ggplot2::geom_curve(
  data = setas_amostra,
  ggplot2::aes(
    x = x,
    y = y,
    xend = 0,
    yend = 0
  )
)

```

```

    xend = xend,
    yend = yend
),
arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
color = "gray50",
linewidth = 0.6,
curvature = -0.2
) +
# Setas: Amostra → Reamostras
ggplot2::geom_curve(
  data = setas_reamostras,
  ggplot2::aes(
    x = x,
    y = y,
    xend = xend,
    yend = yend
),
arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
color = "gray60",
linewidth = 0.6,
curvature = -0.2
) +
ggplot2::theme_void()

```

## Subamostragem

```

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Tamanhos
pop_n <- 50
sample_n <- 15
subsample_n <- 5

# Raio dos círculos
radius_pop <- runif(pop_n, 0.5, 2.5)
radius_sample <- runif(sample_n, 0.5, 1.5)
radius_subsample <- runif(subsample_n, 0.5, 1)

# Ângulos para posicionamento circular
angle_pop <- seq(0, 2 * pi, length.out = pop_n + 1)[-1]
angle_sample <- seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1]
angle_subsample <- seq(0, 2 * pi, length.out = subsample_n + 1)[-1]

# População (esquerda)
pop_df <- data.frame(
  id = 1:pop_n,
  x_pop = cos(angle_pop) * radius_pop - 6,
  y_pop = sin(angle_pop) * radius_pop,
  label = "./images/person.svg"
)

```

```

# Amostra (centro)
sample_ids <- sample(pop_df$id, sample_n)
sample_df <- pop_df %>%
  dplyr::filter(id %in% sample_ids) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = angle_sample,
    x_sample = cos(angle_sample) * radius_sample,
    y_sample = sin(angle_sample) * radius_sample,
    label = "./images/person.svg"
  )

# Subamostra (direita)
subsample_ids <- sample(sample_df$id, subsample_n)
subsample_df <- sample_df %>%
  dplyr::filter(id %in% subsample_ids) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = angle_subsample,
    x_sub = cos(angle_subsample) * radius_subsample + 6,
    y_sub = sin(angle_subsample) * radius_subsample,
    label = "./images/person.svg"
  )

# Setas população → amostra
setas_1 <- sample_df %>%
  dplyr::select(id, x_pop, y_pop, x_sample, y_sample)

# Setas amostra → subamostra
setas_2 <- subsample_df %>%
  dplyr::select(id, x_sample, y_sample, x_sub, y_sub)

# Plot
ggplot2::ggplot() +
  # Círculo da população
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = -6, y0 = 0, r = 3),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = pop_df,
                      ggplot2::aes(x = x_pop, y = y_pop, image = label),
                      size = 0.07) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = -6,
    y = 3.5,
    label = "População",
    size = 5,
    fontface = "bold"
  ) +
  # Círculo da amostra
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 0, y0 = 0, r = 2),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 6,
    y = 3.5,
    label = "Amostra",
    size = 5,
    fontface = "bold"
  )

```

```

ggimage::geom_image(data = sample_df,
  ggplot2::aes(x = x_sample, y = y_sample, image = label),
  size = 0.07) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = 0,
  y = 2.5,
  label = "Amostra",
  size = 5,
  fontface = "bold"
) +
# Círculo da subamostra
ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 6, y0 = 0, r = 1.2),
  color = "black",
  linewidth = 1) +
ggimage::geom_image(data = subsample_df,
  ggplot2::aes(x = x_sub, y = y_sub, image = label),
  size = 0.07) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = 6,
  y = 1.7,
  label = "Subamostra",
  size = 5,
  fontface = "bold"
) +
# Setas: população → amostra
ggplot2::geom_curve(
  data = setas_1,
  ggplot2::aes(
    x = x_pop,
    y = y_pop,
    xend = x_sample,
    yend = y_sample
  ),
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
  color = "darkgray",
  linewidth = 0.7,
  curvature = -0.2
) +
# Setas: amostra → subamostra
ggplot2::geom_curve(
  data = setas_2,
  ggplot2::aes(
    x = x_sample,
    y = y_sample,
    xend = x_sub,
    yend = y_sub
  ),
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
  color = "darkgray",
  linewidth = 0.7,
)

```

```

    curvature = 0.2
) +
ggplot2::coord_fixed() +
ggplot2::theme_void()

```

## Superamostragem

```

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Tamanhos
pop_n <- 50
sample_n <- 15
supersample_n <- 30 # maior que a amostra

# Raio dos círculos
radius_pop <- runif(pop_n, 0.5, 2.5)
radius_sample <- runif(sample_n, 0.5, 1.5)

# Ângulos para população e amostra
angle_pop <- seq(0, 2 * pi, length.out = pop_n + 1)[-1]
angle_sample <- seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1]

# População (esquerda)
pop_df <- data.frame(
  id = 1:pop_n,
  x_pop = cos(angle_pop) * radius_pop - 6,
  y_pop = sin(angle_pop) * radius_pop,
  label = "./images/person.svg"
)

# Amostra (centro) - amostragem aleatória da população
sample_ids <- sample(pop_df$id, sample_n)
sample_df <- pop_df %>%
  dplyr::filter(id %in% sample_ids) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = angle_sample,
    x_sample = cos(angle_sample) * radius_sample,
    y_sample = sin(angle_sample) * radius_sample,
    label = "./images/person.svg"
)

# Superamostra (direita) - reamostragem com reposição da amostra
angle_supersample <- seq(0, 2 * pi, length.out = supersample_n + 1)[-1]
radius_supersample <- runif(supersample_n, 0.5, 1)

supersample_df <- sample_df %>%
  dplyr::slice_sample(n = supersample_n, replace = TRUE) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = angle_supersample,
    radius = radius_supersample,
    label = "./images/person.svg"
)

```

```

  x_sub = cos(angle) * radius + 6,
  y_sub = sin(angle) * radius,
  label = "./images/person.svg"
)

# Setas população → amostra
setas_1 <- sample_df %>%
  dplyr::select(id, x_pop, y_pop, x_sample, y_sample)

# Setas amostra → superamostra
setas_2 <- supersample_df %>%
  dplyr::select(id, x_sample, y_sample, x_sub, y_sub)

# Plot
ggplot2::ggplot() +
  # Círculo da população
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = -6, y0 = 0, r = 3),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = pop_df,
                      ggplot2::aes(x = x_pop, y = y_pop, image = label),
                      size = 0.07) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = -6,
    y = 3.5,
    label = "População",
    size = 5,
    fontface = "bold"
) +
  # Círculo da amostra
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 0, y0 = 0, r = 2),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = sample_df,
                      ggplot2::aes(x = x_sample, y = y_sample, image = label),
                      size = 0.07) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 0,
    y = 2.5,
    label = "Amostra",
    size = 5,
    fontface = "bold"
) +
  # Círculo da superamostra
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 6, y0 = 0, r = 2.3),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = supersample_df,
                      ggplot2::aes(x = x_sub, y = y_sub, image = label),
                      size = 0.07) +

```

```
ggplot2::annotate(  
  "text",  
  x = 6,  
  y = 2.8,  
  label = "Superamostra",  
  size = 5,  
  fontface = "bold"  
) +  
# Setas: população → amostra  
ggplot2::geom_curve(  
  data = setas_1,  
  ggplot2::aes(  
    x = x_pop,  
    y = y_pop,  
    xend = x_sample,  
    yend = y_sample  
) ,  
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),  
  color = "darkgray",  
  linewidth = 0.7,  
  curvature = -0.2  
) +  
# Setas: amostra → superamostra  
ggplot2::geom_curve(  
  data = setas_2,  
  ggplot2::aes(  
    x = x_sample,  
    y = y_sample,  
    xend = x_sub,  
    yend = y_sub  
) ,  
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),  
  color = "darkgray",  
  linewidth = 0.7,  
  curvature = 0.2  
) +  
ggplot2::coord_fixed() +  
ggplot2::theme_void()
```

RASCUNHO

# Paradoxos estatísticos

## Paradoxos

```
# Define global shapes and colors
global_shapes <- c(16, 16) # Circle and triangle
global_colors <- c("black", "gray50") # Black and gray

# Function to generate data
generate_data <- function(n, r1, r2) {
  x <- c(rnorm(n / 2, mean = -1), rnorm(n / 2, mean = 1))
  y <- r1 * x + rnorm(n)

  # Introduce a third variable z that acts as a confounding variable
  z <- rep(c(0, 1), each = n / 2)
  y[z == 1] <- r2 * x[z == 1] + rnorm(sum(z))

  data.frame(x = x, y = y, z = z)
}

# Generate data
set.seed(123)
n <- 100
r1 <- 0.8
r2 <- -0.6
data <- generate_data(n, r1, r2)

# Calculate correlation coefficients
cor_aggregated <- cor(data$x, data$y)
cor_disaggregated <- by(data, data$z, function(df)
  cor(df$x, df$y))

# Define the limits for x and y axes
x_limits <- range(data$x)
y_limits <- range(data$y)

# Plot for aggregated trend
aggregated_plot <- ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = x, y = y, color = factor(z)), shape = gl
  ggplot2::geom_point(size = 2, shape = ifelse(data$z == 0, 16, 16)) +
  ggplot2::geom_smooth(
    method = "lm",
    se = FALSE,
```

```

ggplot2::aes(group = 1),
  color = "blue"
) +
ggplot2::labs(
  title = "População agregada",
  x = "X",
  y = "Y",
  color = "Z"
) +
ggplot2::scale_color_manual(values = global_colors) +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::xlim(x_limits) +
ggplot2::ylim(y_limits) +
ggplot2::theme(
  aspect.ratio = 1,
  legend.position = "right",
  plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5, size = 10)
)

# Plot for disaggregated trends
disaggregated_plots <- lapply(unique(data$z), function(z_value) {
  ggplot2::ggplot(data[data$z == z_value, ], ggplot2::aes(x = x, y = y, color = factor(z))) +
    ggplot2::geom_point(
      size = 2,
      shape = ifelse(z_value == 0, 16, 16),
      color = ifelse(z_value == 0, "black", "gray50")
    ) +
    ggplot2::geom_smooth(
      method = "lm",
      se = FALSE,
      ggplot2::aes(group = 1),
      color = "blue"
    ) +
    ggplot2::labs(
      title = paste("Subpopulação desagregada (Z=", z_value, ")"),
      x = "X",
      y = "Y"
    ) +
    ggplot2::scale_color_manual(values = global_colors) +
    ggplot2::theme_minimal() +
    ggplot2::xlim(x_limits) +
    ggplot2::ylim(y_limits) +
    ggplot2::theme(
      aspect.ratio = 1,
      plot.title = ggplot2::element_text(size = 10)
    )
  }

aggregated_plot <- aggregated_plot +
  ggplot2::theme(plot.margin = ggplot2::margin(2, 2, 2, 2))

disaggregated_plots <- lapply(disaggregated_plots, function(p) {

```

```
p + ggplot2::theme(plot.margin = ggplot2::margin(2, 2, 2, 2))  
})  
  
# Arrange plots  
cowplot::plot_grid(  
  aggregated_plot,  
  cowplot::plot_grid(plotlist = disaggregated_plots, align = "v"),  
  ncol = 1,  
  align = "v",  
  axis = "lr"  
)
```

RASCUNHO

# Pensamento metodológico

```
R H O  
DiagrammeR::mermaid(  
  "  
  
graph TB  
  
A[Projeto de pesquisa] --- B[Geração e especificação de hipóteses]  
B[Geração e especificação de hipóteses]-->C[Delineamento do estudo]  
C[Delineamento do estudo]-->D[Realização do estudo e coleta de dados]  
D[Realização do estudo e coleta de dados]-->E[Análise de dados e teste de hipóteses]  
E[Análise de dados e teste de hipóteses]-->F[Interpretação de resultados]  
F[Interpretação de resultados]-->G[Publicação e/ou realização do próximo experimento]  
  
H[Elaboração das hipóteses nula e alternativa]-->B  
I[Seleção das análises descritiva/inferencial e testes]-->C  
J[Análise inicial de dados]-->D  
K[Análise inferencial]-->E  
L[Tamanho do efeito e P-valor]-->F  
M[Redação dos resultados]-->G  
  
H-->I  
I-->J  
J-->K  
K-->L  
L-->M  
  
style H fill:#FFFFFF00;  
style I fill:#FFFFFF00;  
style J fill:#FFFFFF00;  
style K fill:#FFFFFF00;  
style L fill:#FFFFFF00;  
style M fill:#FFFFFF00;  
  
"  
)
```

## Generalização

```

# Dados da população e amostra
set.seed(123)
pop_n <- 50
sample_n <- 10

# Reduzindo os raios internos para posicionar os ícones mais perto do centro
radius_pop <- runif(pop_n, 0.5, 2.5)
radius_sample <- runif(sample_n, 0.5, 1.5)

# Geração das posições para a população (círculo à esquerda)
angle_pop <- seq(0, 2 * pi, length.out = pop_n + 1)[-1]
pop_df <- data.frame(
  id = 1:pop_n,
  x_pop = cos(angle_pop) * radius_pop - 4,
  y_pop = sin(angle_pop) * radius_pop
)

# Seleção aleatória da amostra
sample_ids <- sample(pop_df$id, sample_n)
sample_df <- pop_df %>%
  dplyr::filter(id %in% sample_ids) %>%
  dplyr::mutate(
    angle = seq(0, 2 * pi, length.out = sample_n + 1)[-1],
    x_sample = cos(angle) * radius_sample + 4,
    y_sample = sin(angle) * radius_sample
  )

# Atribui o ícone após os data.frames estarem prontos
pop_df$label <- "./images/person.svg"
sample_df$label <- "./images/person.svg"

# Base de setas (amostragem)
setas_df <- sample_df %>%
  dplyr::select(id, x_pop, y_pop, x_sample, y_sample)

# Plot
ggplot2::ggplot() +
  # Círculo da população
  ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = -4, y0 = 0, r = 3),
                        color = "black",
                        linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(data = pop_df,
                      ggplot2::aes(x = x_pop, y = y_pop, image = label),
                      size = 0.07) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = -4, y = 3.5,
    label = "População",
    size = 5, fontface = "bold"
) +

```

```

# Círculo da amostra
ggforce::geom_circle(ggplot2::aes(x0 = 4, y0 = 0, r = 1.8),
                      color = "black",
                      linewidth = 1) +
  ggimage::geom_image(
    data = sample_df,
    ggplot2::aes(x = x_sample, y = y_sample, image = label),
    size = 0.07
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 4, y = 2.3,
    label = "Amostra",
    size = 5, fontface = "bold"
  ) +
  # Setas (amostragem) população -> amostra
  ggplot2::geom_curve(
    data = setas_df,
    ggplot2::aes(
      x = x_pop, y = y_pop,
      xend = x_sample, yend = y_sample
    ),
    arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
    color = "lightgray",
    linewidth = 0.7,
    curvature = -0.2
  ) +
  # NOVO: Seta grossa Amostra -> População (inferência/generalização)
  ggplot2::geom_curve(
    ggplot2::aes(x = 4, y = 0, xend = -4, yend = 0),
    arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.35, "cm"), type = "closed"),
    curvature = -0.1,
    color = "darkgray",
    linewidth = 2
  ) +
  # NOVO: Título da seta de inferência
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 0, y = -2.2,
    label = "Generalização",
    color = "darkgray",
    size = 5,
    fontface = "italic"
  ) +
  ggplot2::coord_fixed() +
  ggplot2::theme_void() +
  # Texto "Amostragem"
  ggplot2::annotate(

```

```
    "text",
    x = 0, y = 3,
    label = "Amostragem",
    color = "darkgray",
    size = 5,
    fontface = "italic"
)
```

# Práticas questionáveis em pesquisa

## Prática não intencional e má conduta

```
# Carregar pacotes
library(dplyr)

# Criar a tibble com 3 categorias equilibradas
praticas_questionaveis <- tibble::tibble(
  Prática = c(
    "Data fabrication",
    "Data falsification",
    "Fake authorship",
    "Fake peer review",
    "Honorary authorship",
    "Gold authorship",
    "Ghost authorship",
    "Duplicate publication",
    "Spin (doloso)",
    "Data distortion",
    "SPARKing",

    "HARKing",
    "Storytelling",
    "Selective reporting",
    "P-hacking",
    "Data peeking",
    "Cherry picking",
    "Salami slicing",
    "Beautification",

    "P-hacking reverso",
    "Fishing expedition",
    "Data dredging",
    "File drawer problem",
    "Publication bias"
  ),
  Intencionalidade = c(
    # 11 intencionais (inclui SPARKing)
    rep("Má conduta", 11),
    # 8 zona cinzenta
  )
)
```

```

rep("Zona cinzenta", 8),

# 5 não intencionais
rep("Não intencional", 5)
),
Definição = c(
  "Inventar dados inexistentes",
  "Alterar ou manipular dados reais",
  "Inserir autores fictícios ou inexistentes",
  "Criar revisões falsas para facilitar publicação",
  "Incluir autores sem contribuição real",
  "Atribuir autoria como forma de prestígio ou recompensa",
  "Omitir autores que participaram do estudo",
  "Publicar o mesmo estudo em mais de uma revista",
  "Apresentar os resultados de forma a exagerar efeitos positivos",
  "Modificar dados ou gráficos para torná-los mais convincentes",
  "Ajustar o tamanho da amostra após a coleta dos dados para obter significância estatística",

  "Criar hipóteses após ver os dados (sem pré-registro)",
  "Construir uma narrativa forçada para justificar os achados",
  "Relatar apenas os resultados favoráveis ou positivos",
  "Testar múltiplas análises até encontrar p<0.05",
  "Analizar dados antes do término da coleta, parando quando um efeito aparece",
  "Selecionar apenas os resultados que apoiam a hipótese",
  "Dividir artificialmente um estudo em vários artigos para inflar publicações",
  "Embelezar tabelas, gráficos ou resultados para torná-los mais atraentes",

  "Forçar análises para que não haja significância estatística",
  "Procurar achados sem plano prévio",
  "Explorar excessivamente os dados para encontrar associações irrelevantes",
  "Não publicar estudos com resultados negativos ou nulos",
  "Tendência geral das revistas em favorecer publicações com resultados positivos"
)
)

# Ordenar por categoria
praticas_questionaveis <- praticas_questionaveis %>%
  arrange(factor(
    Intencionalidade,
    levels = c("Má conduta", "Zona cinzenta", "Não intencional")
  ))

bg_color <- function(hex, latex) {
  if (knitr:::is_html_output()) hex else latex
}

# Criar tabela com kableExtra
kableExtra::kable(
  praticas_questionaveis,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
)

```

```
linesep = "",  
escape = FALSE,  
caption = "Classificação das práticas questionáveis em pesquisa segundo sua intencionalidade."  
) %>%  
kableExtra::kable_styling(  
  latex_options = c("striped"),  
  bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),  
  full_width = TRUE,  
  position = "center"  
) %>%  
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")  
kableExtra::row_spec(  
  which(praticas_questionaveis$Intencionalidade == "Má conduta"),  
  background = bg_color("#FFCDD2", "lightred")  
) %>%  
kableExtra::row_spec(  
  which(praticas_questionaveis$Intencionalidade == "Zona cinzenta"),  
  background = bg_color("#FFF9C4", "lightyellow")  
) %>%  
kableExtra::row_spec(  
  which(praticas_questionaveis$Intencionalidade == "Não intencional"),  
  background = bg_color("#E8F5E9", "lightgreen")  
) %>%  
kableExtra::row_spec(nrow(praticas_questionaveis), extra_css = "border-bottom: 1px solid")
```

## Reações éticas e institucionais práticas questionáveis em pesquisa

RASCUNHO

# Medidas e instrumentos

## Escalas

```
# Reproduibilidade
set.seed(1234)

# pacotes necessários
library(dplyr)

niveis <- c(
  "Discordo\ntotalmente",
  "Discordo\nparcialmente",
  "Nem concordo\nnem discordo",
  "Concordo\nparcialmente",
  "Concordo\ntotalmente"
)

# Simulação de dados tipo Likert
dados_prom <- base::data.frame(
  Item1 = base::factor(
    base::sample(
      c(
        "Discordo\ntotalmente",
        "Discordo\nparcialmente",
        "Nem concordo\nnem discordo",
        "Concordo\nparcialmente",
        "Concordo\ntotalmente"
      ),
      50,
      replace = TRUE
    ),
    levels = niveis
  ),
  Item2 = base::factor(
    base::sample(
      c(
        "Discordo\ntotalmente",
        "Discordo\nparcialmente",
        "Nem concordo\nnem discordo",
        "Concordo\nparcialmente",
        "Concordo\ntotalmente"
      )
    )
  )
)
```

```

),
50,
replace = TRUE
),
levels = niveis
),
Item3 = base::factor(
base::sample(
c(
"Discordo\ntotalmente",
"Discordo\nparcialmente",
"Nem concordo\nnem discordo",
"Concordo\nparcialmente",
"Concordo\ntotalmente"
),
50,
replace = TRUE
),
levels = niveis
)
)

# as factor
dados_prom <- dados_prom %>%
  dplyr::mutate(across(everything(), ~ factor(.x, levels = niveis)))

# Gráfico com rótulos solicitados
ggstats::gglkert(dados_prom, symmetric = TRUE)

# quebra de linha
cat("\n\n")

# Cria o objeto likert
likert_obj <- likert::likert(dados_prom)

# Converte o summary para data.frame
dados <- base::as.data.frame(summary(likert_obj))
# ordenar pela ordem alfabética da 1a coluna
dados <- dados[order(dados[, 1]), ]

# formata a visualização de casas decimais das variáveis numéricas
dados[, 2:4] <- base::round(dados[, 2:4], digits = 0)
dados[, 5:6] <- base::round(dados[, 5:6], digits = 2)

# Ajuste de alinhamento: 1ª coluna à esquerda, demais centralizadas
alinhamento <- base::rep("c", base::ncol(dados))
alinhamento[1] <- "l"

# Ajuste de rótulos
names(dados) <- c(
  "Itens",
  "Discordância",

```

```

    "Neutro",
    "Concordância",
    "Média",
    "DP"
)

# Render da tabela
kableExtra::kable(
  dados,
  align = alinhamento,
  format = base::ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Descrição dos itens tipo Likert do instrumento."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = base::ifelse(knitr::is_html_output(), TRUE, TRUE),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid"),
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(base::dim(dados)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

```

## Medição e Medidas

```

# sorteia participante para relatar no texto
set.seed(1)
k1 <- sample(1:10, 1)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(1)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
VAR.1 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

# organiza as informações de unidade de análise e dados
table.1 <- data.frame(ID, VAR.1)

```

```

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.1) <-
  c("Unidade de análise", "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)")

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.1, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Tabela de dados brutos com medidas únicas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid") %>%
  kableExtra::row_spec(k1, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)

# sorteia participante para relatar no texto
set.seed(2)
k2 <- sample(1:10, 1)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(2)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
VAR.1 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)
VAR.2 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)
VAR.3 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

# organiza as informações de unidade de análise e dados
VAR <- data.frame(VAR.1, VAR.2, VAR.3)
table.2 <- data.frame(ID, VAR)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.2) <-
  c(
    "Unidade de análise",

```

```

"Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #1",
"Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #2",
"Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) #3"
)

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.2, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Tabela de dados brutos com medidas repetidas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid black; border-bottom: 1px solid black")
  kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid black") %>%
  kableExtra::row_spec(k2, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(2)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
VAR.1 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)
VAR.2 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)
VAR.3 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

# organiza as informações de unidade de análise e dados
VAR <- data.frame(VAR.1, VAR.2, VAR.3)

# converte dados para variável numérica contínua
VAR <- sapply(VAR, as.numeric)

# agrupa os valores repetidos em linhas com a média
VAR.aggr <- round(apply(VAR, 1, FUN = mean), 0)

# organiza as informações de unidade de análise e dados

```

```

table.3 <- data.frame(ID, VAR.aggr)

# formata a visualização de casas decimais das variáveis numéricas
table.3 <- format(table.3, nsmall = 0)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.3) <-
  c("Unidade de análise",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) média")

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.3, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Tabela de dados brutos com medidas repetidas agregadas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid") %>%
  kableExtra::row_spec(k2, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)

# sorteia participante para relatar no texto
set.seed(2)
k2 <- sample(1:10, 1)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(3)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# número de medidas seriadas
k <- 3

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# prepara a tabela de resultados
table.4 <-
  data.frame(matrix(

```

```

vector(),
nrow = 0,
ncol = 3,
dimnames = list(
  c(),
  c(
    "Unidade de análise",
    "Tempo (min)",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)"
  )
)
))

# para cada série
for (i in 1:k) {
  # cria o fator de repetição seriada
  TIME <- rep(i, n)

  # sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
  VAR <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

  # organiza as informações de unidade de análise e dados
  serie <- data.frame(ID, TIME, VAR)

  # atribui rótulos para a tabela de dados
  colnames(serie) <-
    c("Unidade de análise",
      "Tempo (min)",
      "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)")

  # concatena as informações de unidade de análise e dados para cada série de coleta
  table.4 <- rbind(table.4, serie)
}

# reordena a tabela de dados
table.4 <-
  table.4[order(table.4[, 1], table.4[, 2], decreasing = FALSE), ]

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.4) <-
  c("Unidade de análise",
    "Tempo (min)",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)")

# remove rótulos para as linhas
row.names(table.4) <- NULL

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.4, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
)

```

```

booktabs = TRUE,
linesep = "",
caption = "Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas."
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("striped"),
  bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid") %>%
kableExtra::row_spec(1:3, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(3)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# número de medidas seriadas
k <- 3

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# prepara a tabela de resultados
table.5 <-
data.frame(matrix(
  vector(),
  nrow = 0,
  ncol = 3,
  dimnames = list(
    c(),
    c(
      "Unidade de análise",
      "Tempo (min)",
      "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)"
    )
  )
))
))

# para cada série
for (i in 1:k) {
  # cria o fator de repetição seriada
  TIME <- rep(i, n)

  # sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
}

```

```

VAR <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

# organiza as informações de unidade de análise e dados
serie <- data.frame(ID, TIME, VAR)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(serie) <-
  c("Unidade de análise",
    "Tempo (min)",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)")

# concatena as informações de unidade de análise e dados para cada série de coleta
table.5 <- rbind(table.5, serie)
}

# converte dados para variável numérica contínua
table.5[, 3] <- sapply(table.5[, 3], as.numeric)

# agrupa os valores seriados em linhas com a amplitude
table.5 <-
  aggregate(
    table.5[, 3] ~ table.5[, 1],
    FUN = function(x) {
      range(x)[2] - range(x)[1]
    }
  )

# formata a visualização de casas decimais das variáveis numéricas
table.5 <- format(table.5, nsmall = 0)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.5) <-
  c("Unidade de análise",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg) amplitude")

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.5, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Tabela de dados brutos com medidas seriadas não agregadas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid") %>

```

```

kableExtra::row_spec(1, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)

# sorteia participante para relatar no texto
set.seed(4)
k4 <- sample(1:10, 1)

# para reproduzibilidade das simulações
set.seed(4)

# tamanho do grupo
n <- 100

# cria o fator unidade de análise, sem reposição
ID <- seq(1:n)

# determina os limites do espaço amostral para sorteio
inferior <- 110
superior <- 120

# sorteia n dados no intervalo min-max, com reposição para cada variável
VAR.1 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)
VAR.2 <- sample(inferior:superior, n, replace = TRUE)

# organiza as informações de unidade de análise e dados
VAR <- data.frame(VAR.1, VAR.2)
table.6 <- data.frame(ID, VAR)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.6) <-
  c(
    "Unidade de análise",
    "Pressão arterial, braço esquerdo (mmHg)",
    "Pressão arterial, braço direito (mmHg")
  )

# exibe as 10 linhas iniciais da tabela de dados
kableExtra::kable(
  head(table.6, n = 10L),
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Tabela de dados brutos com medidas múltiplas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::row_spec(10, extra_css = "border-bottom: 1px solid") %>%

```

```
kableExtra::row_spec(k4, background = "#E6E6E6", bold = TRUE)
```

## Acurácia e precisão

```
# função para criar o alvo
make_target_plot <- function(title, m_shift = 0, sd_spread = 0.1) {
  tibble::tibble(
    x = runif(10, min = m_shift - sd_spread, max = m_shift + sd_spread),
    y = runif(10, min = m_shift - sd_spread, max = m_shift + sd_spread)
  ) %>%
    ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = x, y = y)) +
    # círculos concêntricos maiores
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 40, fill = "gray80", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 36, fill = "white", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 32, fill = "gray70", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 28, fill = "white", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 24, fill = "gray60", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 20, fill = "white", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 16, fill = "gray50", color =
    ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(x = 0, y = 0), shape = 21, size = 12, fill = "white", color =
    # pontos aleatórios
    ggplot2::geom_point(shape = 4, size = 4, stroke = 1.2, color = "black") +
    ggplot2::coord_fixed(xlim = c(-1.0, 1.0), ylim = c(-1.0, 1.0)) +
    ggplot2::theme_void() +
    ggplot2::ggtitle(title)
  }

  # reproduzibilidade
  set.seed(1234)

  # quatro plots
  p1 <- make_target_plot("Acurácia alta, Precisão alta", m_shift = 0, sd_spread = 0.1)
  p2 <- make_target_plot("Acurácia baixa, Precisão alta", m_shift = 0.3, sd_spread = 0.1)
  p3 <- make_target_plot("Acurácia alta, Precisão baixa", m_shift = 0, sd_spread = 0.3)
  p4 <- make_target_plot("Acurácia baixa, Precisão baixa", m_shift = 0.3, sd_spread = 0.3)

  # grid 2x2
  gridExtra::grid.arrange(p1, p2, p3, p4, ncol = 2)
```

## Viés e variabilidade

```
# para reproduzibilidade
set.seed(1234)

# Função para criar o alvo com os pontos
target_board_ggplot <- function(title,
                                  m_shift = 0,
                                  sd_spread = 0.1) {
  # Cria um dataframe com os pontos aleatórios
```

```
df_points <- tibble::tibble(  
  x = runif(10, min = m_shift - sd_spread, max = m_shift + sd_spread),  
  y = runif(10, min = m_shift - sd_spread, max = m_shift + sd_spread)  
)  
  
ggplot2::ggplot(df_points, ggplot2::aes(x = x, y = y)) +  
  # Círculos concêntricos do alvo  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 40,  
    fill = "gray80",  
    color = "black"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 36,  
    fill = "white",  
    color = "white"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 32,  
    fill = "gray70",  
    color = "gray70"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 28,  
    fill = "white",  
    color = "white"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 24,  
    fill = "gray60",  
    color = "gray60"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,  
    size = 20,  
    fill = "white",  
    color = "white"  
) +  
  ggplot2::geom_point(  
    ggplot2::aes(x = 0, y = 0),  
    shape = 21,
```

```

    size = 16,
    fill = "gray50",
    color = "gray50"
) +
ggplot2::geom_point(
  ggplot2::aes(x = 0, y = 0),
  shape = 21,
  size = 12,
  fill = "white",
  color = "white"
) +
# Adiciona os pontos aleatórios
ggplot2::geom_point(
  shape = 4,
  size = 4,
  stroke = 1.2,
  color = "black"
) +
# Define as coordenadas e o tema
ggplot2::coord_fixed(xlim = c(-1.0, 1.0), ylim = c(-1.0, 1.0)) +
ggplot2::theme_void() +
ggplot2::ggtile(title) +
ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))
}

p1 <- target_board_ggplot("Viés alto, Variância baixa",
                           m_shift = 0.3,
                           sd_spread = 0.1)
p2 <- target_board_ggplot("Viés baixo, Variância alta",
                           m_shift = 0,
                           sd_spread = 0.2)
p3 <- target_board_ggplot("Viés baixo, Variância baixa",
                           m_shift = 0,
                           sd_spread = 0.1)

# Grid de 1x3 para exibir os plots
gridExtra::grid.arrange(p1, p2, p3, ncol = 3)

```

RASCUNHO

# Tabulação de dados

## Planilhas eletrônicas

```
# atribui rótulos para a tabela de dados
N <- 5
M <- 4

# cria a tabela de exemplos
table.0 <- matrix("dato", nrow = N, ncol = M)

colnames(table.0) <- paste0("V", seq(1:M))
for (i in 1:N) {
  for (j in 1:M) {
    table.0[i, j] <-
      paste0("$x", "_{", as.character(i), ",", " ", as.character(j), "}$")
  }
}

# exibe a tabela
kableExtra::kable(
  table.0,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = F,
  caption = "Estrutura básica de uma tabela de dados."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::row_spec(dim(table.0)[1], bold = TRUE, extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# cria a tabela de exemplos
table.1 <- matrix(NA, nrow = 10, ncol = 2)

# atribui rótulos para a tabela de dados
```

```

colnames(table.1) <- c("ID", "Data.Coleta")

# preenche a tabela com identificação da unidade de análise
table.1[, 1] <- seq(1:10)

# preenche a tabela com maus exemplos
table.1[, 2] <- as.character(Sys.Date() + seq(1:10))

# preenche a tabela com melhores exemplos
table.1[, 2] <-
  format(as.Date(table.1[, 2], origin = "1950-01-01"), "%d-%m-%Y")

# cria a tabela de exemplos
table.2 <- matrix(NA, nrow = 10, ncol = 4)

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.2) <-
  c("ID", "Estado Civil", "Estado.Civil", "Estado.Civil.Cod")

# preenche a tabela com identificação da unidade de análise
table.2[, 1] <- seq(1:10)

# preenche a tabela com maus exemplos (&nbsp; representa o caracter " " em HTML)
table.2[, 2] <-
  c(
    "casado",
    "Casado",
    " casado",
    "Solteiro",
    " Casado",
    " solteiro",
    "solteiro",
    "Solteiro",
    " casado",
    " Solteiro"
  )

# preenche a tabela com melhores exemplos
# altera para caixa baixa
table.2[, 3] <- tolower(table.2[, 2])
# remove espaços em branco
table.2[, 3] <-
  trimws(table.2[, 3], which = "both", whitespace = "[\t\r\n]")
# remove espaço em branco de HTML
table.2[, 3] <- gsub("&nbsp;", "", table.2[, 3])
# converte em fator codificado
table.2[, 4] <- factor(table.2[, 3])

# cria a tabela de exemplos
table.3 <- matrix(NA, nrow = 10, ncol = 3)

# preenche a tabela com identificação da unidade de análise
table.3[, 1] <- seq(1:10)

```

```

# atribui rótulos para a tabela de dados
colnames(table.3) <- c("ID", "Filhos", "Filhos")

# preenche a tabela com maus exemplos
table.3[, 2] <-
  c("NA", 1, "NaN", "N/A", "N.A.", 0, "", "na", "n.a.", "999")

# preenche a tabela com código único
table.3[, 3] <-
  gsub("NA|NaN|N/A|N.A.|na|n.a.|\\t\\r\\n|^$|\\\\d{3}", NA, table.3[, 2])

# cria a tabela de exemplos
table.final <-
  data.frame(table.1[, 1], table.1[, 2], table.2[, 3], table.3[, 3])
colnames(table.final) <-
  c("ID", "Data.Coleta", "Estado.Civil", "Numero.Filhos")

# exibe a tabela
kableExtra::kable(
  table.final,
  align = "l",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  caption = "Formatação recomendada para tabela de dados."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("striped"),
    bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(
    0,
    bold = TRUE,
    extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid"
) %>%
  kableExtra::row_spec(
    dim(table.final)[1],
    extra_css = "border-bottom: 1px solid"
)

# cria a tabela de exemplos
table.final <-
  data.frame(table.1[, 1], table.1[, 2], table.2[, 2], table.3[, 2])
colnames(table.final) <-
  c("ID", "Data de Coleta", "Estado Civil", "Número de Filhos")

# exibe a tabela
kableExtra::kable(
  table.final,
  align = "l",

```

```
format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
booktabs = TRUE,
linesep = "",
caption = "Formatação não recomendada para tabela de dados."
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("striped"),
  bootstrap_options = c("striped", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(
  0,
  bold = TRUE,
  extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid"
) %>%
kableExtra::row_spec(
  dim(table.final)[1],
  extra_css = "border-bottom: 1px solid"
)
```

# Dados perdidos e imputados

## Dados perdidos

```
# Reproduzibilidade
set.seed(123)

# Simulação de dados de um RCT (n = 10)
n <- 10
rct10 <- data.frame(
  id = 1:n,
  Grupo = sample(c("Controle", "Intervenção"), n, replace = TRUE),
  Idade = sample(40:75, n, replace = TRUE),
  Sexo = sample(c("M", "F"), n, replace = TRUE),
  "Desfecho (pré)" = rnorm(n, mean = 50, sd = 10),
  "Desfecho (pós)" = rnorm(n, mean = 55, sd = 12),
  check.names = FALSE
)

# Introduzir dados perdidos (MCAR)
rct10[["Desfecho (pós)"]][sample(1:n, 3)] <- NA # 3 perdas no pós
rct10$Idade[sample(1:n, 2)] <- NA # 2 perdas em Idade

# (Opcional) arredondar desfechos para visualização
rct10[["Desfecho (pré)"]] <- round(rct10[["Desfecho (pré)"]], 1)
rct10[["Desfecho (pós)"]] <- round(rct10[["Desfecho (pós)"]], 1)

# exibir a tabela de 10 indivíduos simulada
kableExtra::kable(
  rct10,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Tabela simulada com 10 indivíduos de um RCT (dados com perdas aleatórias)."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), TRUE, TRUE),
    position = "center"
```

```

) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(rct10)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# para reproduzir o exemplo
set.seed(123)

# Simulação de dados de um RCT
n <- 200
rct_data <- data.frame(
  id = 1:n,
  Grupo = sample(c("Controle", "Intervenção"), n, replace = TRUE),
  Idade = sample(40:75, n, replace = TRUE),
  Sexo = sample(c("M", "F"), n, replace = TRUE),
  "Desfecho (pré)" = rnorm(n, mean = 50, sd = 10),
  "Desfecho (pós)" = rnorm(n, mean = 55, sd = 12),
  check.names = FALSE
)
# Simular dados perdidos - MCAR
rct_mcar <- rct_data
rct_mcar[["Desfecho (pós)"]][sample(1:n, 30)] <- NA
rct_mcar$Idade[sample(1:n, 20)] <- NA

p1 <- naniar::gg_miss_upset(rct_mcar, nsets = 5)
p1

# para reproduzir o exemplo
set.seed(123)

# Simulação de dados de um RCT
n <- 200
rct_data <- data.frame(
  id = 1:n,
  Grupo = sample(c("Controle", "Intervenção"), n, replace = TRUE),
  Idade = sample(40:75, n, replace = TRUE),
  Sexo = sample(c("M", "F"), n, replace = TRUE),
  "Desfecho (pré)" = rnorm(n, mean = 50, sd = 10),
  "Desfecho (pós)" = rnorm(n, mean = 55, sd = 12),
  check.names = FALSE
)
# Simular dados perdidos - MAR
rct_mar <- rct_data
rct_mar[["Desfecho (pós)"]][rct_mar$Grupo == "Intervenção" &
                           runif(n) < 0.3] <- NA
rct_mar$Idade[rct_mar$Sexo == "F" & runif(n) < 0.2] <- NA

# Visualização dos padrões de dados ausentes
graphics::par(mar = c(5, 4, 4, 2) + 0.1)

```

```

p2 <- naniar::gg_miss_upset(rct_mar, nsets = 5)
p2

# para reproduzir o exemplo
set.seed(123)

# Simulação de dados de um RCT
n <- 200
rct_data <- data.frame(
  id = 1:n,
  Grupo = sample(c("Controle", "Intervenção"), n, replace = TRUE),
  Idade = sample(40:75, n, replace = TRUE),
  Sexo = sample(c("M", "F"), n, replace = TRUE),
  "Desfecho (pré)" = rnorm(n, mean = 50, sd = 10),
  "Desfecho (pós)" = rnorm(n, mean = 55, sd = 12),
  check.names = FALSE
)

# Simular dados perdidos - MNAR
rct_mnar <- rct_data
rct_mnar[["Desfecho (pós)"]][rct_mnar[["Desfecho (pós)"]] > 60 &
  runif(n) < 0.5] <- NA
rct_mnar[["Desfecho (pré)"]][rct_mnar[["Desfecho (pré)"]] < 45 &
  runif(n) < 0.4] <- NA

# Visualização dos padrões de dados ausentes
graphics::par(mar = c(5, 4, 4, 2) + 0.1)

p3 <- naniar::gg_miss_upset(rct_mnar, nsets = 5)
p3

```

## Dados imputados

RASCUNHO

# Pensamento probabilístico

## Espaço amostral e eventos discretos

```
# para reproduzibilidade
set.seed(1234)

# simula o lançamento de moeda
população.coin <- tidydice::flip_coin(times = 1000,
                                         rounds = 1,
                                         success = c(1))

# remove lances duplicados
população.coin <- população.coin[!duplicated(população.coin$result), ]
# coloca em ordem
população.coin <- população.coin[order(população.coin$result), ]

espaço.amostral.coin <- tidydice::plot_coin(população.coin, fill_success = NA) + ggplot2::ggtitle(
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5)) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = c(1.45, 2.45),
    y = c(1.45, 1.45),
    label = c("cara", "coroa"),
    color = "black",
    size = 6,
    fontface = "bold",
    hjust = 0.5,
    vjust = 0.5
  )
)

# simula o lançamento de dado
população.dice <- tidydice::roll_dice(times = 1000,
                                         rounds = 1,
                                         success = 4)

# remove lances duplicados
população.dice <- população.dice[!duplicated(população.dice$result), ]
# coloca em ordem
população.dice <- população.dice[order(população.dice$result), ]

espaço.amostral.dice <- tidydice::plot_dice(população.dice, fill_success = NA) + ggplot2::ggtitle(
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))
)
```

```

gridExtra::grid.arrange(espaço.amostral.coin, espaço.amostral.dice, nrow = 2)

# para reprodutibilidade
set.seed(1234)

# simula 1 lançamento de 1 moeda
evento.coin <- tidydice::plot_coin(tidydice::flip_coin(
  times = 1,
  rounds = 1,
  success = c(1)
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5)) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = c(1.45),
    y = c(1.45),
    label = c("cara"),
    color = "black",
    size = 6,
    fontface = "bold",
    hjust = 0.5,
    vjust = 0.5
  )

espaço.amostral.coin <- tidydice::plot_coin(população.coin, fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle(
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5)) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = c(1.45, 2.45),
    y = c(1.45, 1.45),
    label = factor(
      população.coin$result,
      levels = c(1, 2),
      labels = c("cara", "coroa")
    ),
    color = "black",
    size = 6,
    fontface = "bold",
    hjust = 0.5,
    vjust = 0.5
  )
)

# simula 1 lançamento de 1 dado
evento.dice <- tidydice::plot_dice(tidydice::roll_dice(
  times = 1,
  rounds = 1,
  success = 4
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

```

```

espaço.amostral.dice <- tidydice::plot_dice(população.dice, fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

gridExtra::grid.arrange(
  evento.coin,
  espaço.amostral.coin,
  evento.dice,
  espaço.amostral.dice,
  nrow = 2,
  ncol = 2
)

# para reproduzibilidade
set.seed(1234)

# simula o lançamento de dado
população <- tidydice::roll_dice(times = 1000,
                                    rounds = 1,
                                    success = c(3, 4))

# remove lances duplicados
população <- população[!duplicated(população$result), ]
# coloca em ordem
população <- população[order(população$result), ]

espaço.amostral <- tidydice::plot_dice(população, fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

# seleciona espaço de eventos
população <- população[população$result == 3 |
                           população$result == 4, ]

espaço.eventos <- tidydice::plot_dice(população, fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

gridExtra::grid.arrange(espaço.eventos, espaço.amostral, nrow = 2)

```

## Independência e probabilidade

```

# Criar o layout dos dois painéis
grid::grid.newpage()
grid::pushViewport(grid::viewport(layout = grid::grid.layout(2, 1)))

# Função para posicionar gráficos
vplayout <- function(x, y)
  grid::viewport(layout.pos.row = x, layout.pos.col = y)

# Painel 1 - Eventos Independentes
grid::pushViewport(vplayout(1, 1))
VennDiagram::draw.pairwise.venn(
  area1 = 50,
  area2 = 50,

```

```

cross.area = 0,
category = c("Evento A", "Evento B"),
fill = c("lightcoral", "lightgreen"),
alpha = 0.5,
cat.cex = 1,
cex = 1.5,
main = "Eventos Independentes",
print.mode = "percent"
)
grid::popViewport()

# Painel 2 - Eventos Dependentes
grid::pushViewport(vplayout(2, 1))
VennDiagram::draw.pairwise.venn(
  area1 = 50,
  area2 = 50,
  cross.area = 20,
  category = c("Evento A", "Evento B"),
  fill = c("lightcoral", "lightgreen"),
  alpha = 0.5,
  cat.cex = 1,
  cex = 1.5,
  main = "Eventos Dependentes",
  print.mode = "percent"
)
grid::popViewport()

# sair do viewport principal
grid::popViewport()

# para reproduzibilidade
set.seed(1234)

# simula 1 lançamento de 1 dado
evento <- tidydice::plot_dice(tidydice::roll_dice(
  times = 1,
  rounds = 1,
  success = 4
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("Evento") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

# simula 1 lançamento de 1 dado
p1 <- tidydice::plot_dice(tidydice::roll_dice(
  times = 1,
  rounds = 1,
  success = 4
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("1 lançamento de 1 dado") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

# simula 3 lançamentos de 1 dado

```

```

p3 <- tidydice::plot_dice(tidydice::roll_dice(
  times = 3,
  rounds = 1,
  success = 4
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("3 lançamentos de 1 dado") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

# simula 10 lançamentos de 1 dado
p10 <- tidydice::plot_dice(tidydice::roll_dice(
  times = 10,
  rounds = 1,
  success = 4
),
fill_success = "grey") + ggplot2::ggtitle("10 lançamentos de 1 dado") +
  ggplot2::theme(plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5))

gridExtra::grid.arrange(evento, p1, evento, p3, evento, p10, nrow = 3)

```

## Teorema central do limite

```

# para garantir a reproduutibilidade
set.seed(1234)

# carrega os pacotes
library(dplyr)

# simula uma variável aleatória de uma população
N <- 100
população <- data.frame(ID = seq(start = 1, end = N, by = 1),
                           Variável = round(runif(N, min = 18, max = 65), digits = 0))

# histograma de densidade da população
histograma_pop <-
  ggplot2::ggplot(população, ggplot2::aes(x = Variável)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
    binwidth = 1,
    boundary = 0,
    fill = "grey",
    color = "black",
    alpha = 0.5
  ) +
  ggplot2::geom_density() +
  ggplot2::labs(
    title = paste0(
      "População (N = ",
      N,
      ")",
      "\n",
      "média = ",
      mean(população$Variável),
      "\n",
      "desvio padrão = ",
      sd(população$Variável),
      "\n",
      "intervalo interquartil = ",
      IQR(população$Variável)
    )
  )

```

```

round(mean(população$Variável), digits = 3),
"\n",
"desvio-padrão = ",
round(sd(população$Variável), digits = 3)
),
x = "Variável",
y = "Densidade"
) +
ggplot2::theme_bw() +
ggplot2::theme(
  plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
  axis.title = ggplot2::element_text(size = 12),
  axis.text = ggplot2::element_text(size = 10),
  axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
)

B <- 100
# armazena as médias das amostras de tamanho B
reamostra <- data.frame(
  res.5 = rep(NA, B),
  res.50 = rep(NA, B),
  res.500 = rep(NA, B),
  res.5000 = rep(NA, B)
)
for (i in 1:B) {
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 5,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.5[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 50,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.50[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 500,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.500[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 5000,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.5000[i] <- mean(sub)
}
names(reamostra) <- c(
  paste0(
    "Amostra (n = 5)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.5), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.5), digits = 3)
),

```

```

paste0(
  "Amostra (n = 50)",
  "\n",
  "média = ",
  round(mean(reamostra$res.50), digits = 3),
  "\n",
  "desvio-padrão = ",
  round(sd(reamostra$res.50), digits = 3)
),
paste0(
  "Amostra (n = 500)",
  "\n",
  "média = ",
  round(mean(reamostra$res.500), digits = 3),
  "\n",
  "desvio-padrão = ",
  round(sd(reamostra$res.500), digits = 3)
),
paste0(
  "Amostra: (n = 5000)",
  "\n",
  "média = ",
  round(mean(reamostra$res.5000), digits = 3),
  "\n",
  "desvio-padrão = ",
  round(sd(reamostra$res.5000), digits = 3)
)
)

# histograma de densidade da reamostra utilizando grid por reamostra
histograma_reamostra <- reamostra %>%
  tidyr::pivot_longer(cols = 1:4,
                      names_to = "reamostra",
                      values_to = "valor") %>%
  ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = valor)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
    binwidth = 1,
    boundary = 0,
    fill = "grey",
    color = "black",
    alpha = 0.5
) +
  ggplot2::geom_density() +
  ggplot2::facet_wrap(~ reamostra, ncol = 2) +
  ggplot2::labs(title = "Histogramas representando as médias \n de 100 amostras de tamanhos diferentes")
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::theme(
    plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
    axis.title = ggplot2::element_text(size = 9),
    axis.text = ggplot2::element_text(size = 9),
    axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
)

```

```

)

# exibe os histogramas
# gridExtra::grid.arrange(histograma_pop,
#                         histograma_reamostra,
#                         ncol = 2)

# para garantir a reproduzibilidade
set.seed(1234)

# carrega os pacotes
library(dplyr)

# simula o lançamento de 1 dado B vezes
N <- 100
população <- data.frame(Variável = tidydice::roll_dice(times = N)$result)

# histograma de densidade da lançamentos
histograma_pop <-
  ggplot2::ggplot(população, ggplot2::aes(x = Variável)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
    binwidth = 1,
    boundary = 0,
    fill = "grey",
    color = "black",
    alpha = 0.5
  ) +
  ggplot2::geom_density() +
  ggplot2::labs(
    title = paste0(
      "População (N = ",
      N,
      ")",
      "\n",
      "média = ",
      round(mean(população$Variável), digits = 3),
      "\n",
      "desvio-padrão = ",
      round(sd(população$Variável), digits = 3)
    ),
    x = "Variável",
    y = "Densidade"
  ) +
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::theme(
    plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
    axis.title = ggplot2::element_text(size = 12),
    axis.text = ggplot2::element_text(size = 10),
    axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
  )
}

B <- 100

```

```

# armazena as médias das amostras de tamanho B
reamostra <- data.frame(
  res.5 = rep(NA, B),
  res.50 = rep(NA, B),
  res.500 = rep(NA, B),
  res.5000 = rep(NA, B)
)
for (i in 1:B) {
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 5,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.5[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 50,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.50[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 500,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.500[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 5000,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.5000[i] <- mean(sub)
}
names(reamostra) <- c(
  paste0(
    "Amostra (n = 5)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.5), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.5), digits = 3)
  ),
  paste0(
    "Amostra (n = 50)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.50), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.50), digits = 3)
  ),
  paste0(
    "Amostra (n = 500)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.500), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.500), digits = 3)
  )
)

```

```

),
paste0(
  "Amostra: (n = 5000)",
  "\n",
  "média = ",
  round(mean(reamostra$res.5000), digits = 3),
  "\n",
  "desvio-padrão = ",
  round(sd(reamostra$res.5000), digits = 3)
)
)

# histograma de densidade da reamostra utilizando grid por reamostra
histograma_reamostra <- reamostra %>%
  tidyr::pivot_longer(cols = 1:4,
    names_to = "reamostra",
    values_to = "valor") %>%
  ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = valor)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
    binwidth = 1,
    boundary = 0,
    fill = "grey",
    color = "black",
    alpha = 0.5
) +
  ggplot2::geom_density() +
  ggplot2::facet_wrap(~ reamostra, ncol = 2) +
  ggplot2::labs(title = "Histogramas representando as médias \n de 100 amostras de tamanhos diferentes",
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::theme(
    plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
    axis.title = ggplot2::element_text(size = 9),
    axis.text = ggplot2::element_text(size = 9),
    axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
)
)

# exibe os histogramas
gridExtra::grid.arrange(histograma_pop,
  histograma_reamostra,
  ncol = 2)

# para garantir a reproduzibilidade
set.seed(1234)

# carrega os pacotes
library(dplyr)

# simula o lançamento de 1 moeda B vezes
N <- 100
população <- data.frame(Variável = tidydice::flip_coin(times = N)$result)

# subtrai 1 para codificar (0,1)

```

```

população$Variável <- população$Variável - 1

# histograma de densidade da lançamentos
histograma_pop <-
  ggplot2::ggplot(população, ggplot2::aes(x = Variável)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
    binwidth = 1,
    boundary = 0,
    fill = "grey",
    color = "black",
    alpha = 0.5
  ) +
  ggplot2::geom_density() +
  ggplot2::labs(
    title = paste0(
      "População (N = ", N, ")",
      "\n",
      "média = ",
      round(mean(população$Variável), digits = 3),
      "\n",
      "desvio-padrão = ",
      round(sd(população$Variável), digits = 3)
    ),
    x = "Variável",
    y = "Densidade"
  ) +
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::theme(
    plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
    axis.title = ggplot2::element_text(size = 12),
    axis.text = ggplot2::element_text(size = 10),
    axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
  )

B <- 100
# armazena as médias das amostras de tamanho B
reamostra <- data.frame(
  res.5 = rep(NA, B),
  res.50 = rep(NA, B),
  res.500 = rep(NA, B),
  res.5000 = rep(NA, B)
)
for (i in 1:B) {
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 5,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.5[i] <- mean(sub)
  sub <- sample(x = população$Variável,
                size = 50,
                replace = TRUE)
  reamostra$res.50[i] <- mean(sub)
}

```

```

sub <- sample(x = população$Variável,
              size = 500,
              replace = TRUE)
reamostra$res.500[i] <- mean(sub)
sub <- sample(x = população$Variável,
              size = 5000,
              replace = TRUE)
reamostra$res.5000[i] <- mean(sub)
}
names(reamostra) <- c(
  paste0(
    "Amostra (n = 5)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.5), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.5), digits = 3)
  ),
  paste0(
    "Amostra (n = 50)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.50), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.50), digits = 3)
  ),
  paste0(
    "Amostra (n = 500)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.500), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.500), digits = 3)
  ),
  paste0(
    "Amostra: (n = 5000)",
    "\n",
    "média = ",
    round(mean(reamostra$res.5000), digits = 3),
    "\n",
    "desvio-padrão = ",
    round(sd(reamostra$res.5000), digits = 3)
  )
)

# histograma de densidade da reamostra utilizando grid por reamostra
histograma_reamostra <- reamostra %>%
  tidyr::pivot_longer(cols = 1:4,
                      names_to = "reamostra",

```

```

            values_to = "valor") %>%
ggplot2::ggplot(ggplot2::aes(x = valor)) +
ggplot2::geom_histogram(
  ggplot2::aes(y = ggplot2::after_stat(density)),
  binwidth = 1,
  boundary = 0,
  fill = "grey",
  color = "black",
  alpha = 0.5
) +
ggplot2::geom_density() +
ggplot2::facet_wrap(~ reamostra, ncol = 2) +
ggplot2::labs(title = "Histogramas representando as médias \n de 100 amostras de tamanhos diferentes",
             x = "Variável",
             y = "Densidade") +
ggplot2::theme_bw() +
ggplot2::theme(
  plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5),
  axis.title = ggplot2::element_text(size = 9),
  axis.text = ggplot2::element_text(size = 9),
  axis.text.x = ggplot2::element_text(angle = 45, hjust = 1)
)

# exibe os histogramas
gridExtra::grid.arrange(histograma_pop,
                        histograma_reamostra,
                        ncol = 2)

```

## Regressão para a média

```

# simula uma distribuição normal
set.seed(1234)
amostra <- data.frame(Variável = rnorm(100000, mean = 120, sd = 1))

# seleciona um dado aleatório da amostra
dado1 <- round(sample(amostra$Variável, 1), digits = 0)

# seleciona outro dado aleatório da amostra
dado2 <- round(sample(amostra$Variável, 1), digits = 0)

# gráfico de distribuição da amostra com os dois dados aleatórios
ggplot2::ggplot(amostra, ggplot2::aes(x = Variável)) +
  ggplot2::geom_density(alpha = 0.2, fill = "grey") +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = dado1,
                      color = "black",
                      linetype = "dashed") +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = dado2,
                      color = "black",
                      linetype = "dashed") +
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = mean(amostra$Variável),

```

```
color = "black",
linetype = "dashed"
) +
ggplot2::geom_text(
  ggplot2::aes(
    x = dado1,
    y = 0,
    label = "Dado 1",
    hjust = 1.1,
    vjust = 1.1
  ),
  color = "black",
  size = 3
) +
ggplot2::geom_text(
  ggplot2::aes(
    x = dado2,
    y = 0,
    label = "Dado 2",
    hjust = 1.1,
    vjust = 1.1
  ),
  color = "black",
  size = 3
) +
ggplot2::geom_text(
  ggplot2::aes(
    x = mean(amostra$Variável),
    y = 0,
    label = "Média (valor real)",
    hjust = 1.1,
    vjust = 1.1
  ),
  color = "black",
  size = 3
) +
ggplot2::labs(x = "Variável", y = "Densidade") +
ggplot2::theme(
  ggplot2::element_blank(),
  panel.grid.minor = ggplot2::element_blank(),
  panel.grid.major = ggplot2::element_blank()
) +
ggplot2::scale_x_continuous(breaks = round(seq(
  min(amostra$Variável), max(amostra$Variável), by = 1
), 0))
```

# Pensamento computacional

## Programas de computador

```
# insert image from html page
myurl <- "https://docs.posit.co/ide/user/ide/guide/ui/images/rstudio-panes-labeled.jpeg"
utils::download.file(url = myurl, destfile = 'images/RStudioConsole.jpeg', mode = 'wb')
knitr::include_graphics('images/RStudioConsole.jpeg')
```

## Scripts computacionais

```
# Exemplo de R script

# Este é um comentário

# Esta é uma variável
variavel <- 3.14 # Atribui o valor 3.14 à variável

# Esta é uma função
f <- function(x) {
  return(x^2) # Retorna o quadrado do valor de x
}

# Esta é uma chamada de função
resultado <- f(variavel) # Chama a função f com a variável como argumento

# Exibe o resultado da função
print(resultado) # Exibe o resultado na saída padrão

# Este é um vetor
vetor <- c(1, 2, 3, 4, 5) # Cria um vetor com os valores de 1 a 5
# Exibe o vetor
print(vetor) # Exibe o vetor na saída padrão

# Esta é uma matriz
matriz <- matrix(1:9, nrow=3, ncol=3) # Cria uma matriz 3x3 com os valores de 1 a 9
# Exibe a matriz
print(matriz) # Exibe a matriz na saída padrão

# Esta é uma lista
```

```
lista <- list(nome="João", idade=30, altura=1.75) # Cria uma lista com nome, idade e altura
# Exibe a lista
print(lista) # Exibe a lista na saída padrão

# Este é um dataframe
dataframe <- data.frame(nome=c("João", "Maria", "José"), idade=c(30, 25, 40), altura=c(1.75, 1.60, 1.80))
# Exibe o dataframe
print(dataframe) # Exibe o dataframe na saída padrão

# Fim do exemplo de R script
```

## Compartilhamento

# Simulação computacional

## Simulações computacionais

```
# Simulação de 1000 médias de amostras de tamanho 30 de uma N(0,1)
set.seed(123)
n_sim <- 1000
amostras <- replicate(n_sim, mean(rnorm(30, mean = 0, sd = 1)))
hist(
  amostras,
  main = "Distribuição das médias simuladas",
  xlab = "Média",
  col = "lightblue",
  border = "white"
)
```

## Método de Monte Carlo

```
# reproduzibilidade
set.seed(42)

# Tamanhos de amostra
sizes <- c(10, 100, 1000, 10000)

# Dados simulados
normal_data <- lapply(sizes, function(n) {
  tibble::tibble(
    x = rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    n = factor(paste0("n = ", n), levels = paste0("n = ", sizes))
  )
}) %>% dplyr::bind_rows()

# PDF teórica Normal(0,1)
x_seq <- seq(-4, 4, length.out = 400)
pdf_norm <- tibble::tibble(x = x_seq, y = dnorm(x_seq, mean = 0, sd = 1))

# Figura 2x2
normal_plot_2x2 <-
  ggplot2::ggplot(normal_data, ggplot2::aes(x = x)) +
  ggplot2::geom_histogram(ggplot2::aes(y = ..density..), bins = 30, fill = "skyblue", color = "white")
```

```

ggplot2::geom_line(
  data = pdf_norm, ggplot2::aes(x = x, y = y),
  linewidth = 1, inherit.aes = FALSE
) +
  ggplot2::facet_wrap(~ n, ncol = 2) +
  ggplot2::coord_cartesian(xlim = c(-4, 4)) +
  ggplot2::labs(
    title = "Convergência do histograma → Normal(0,1)",
    x = "Valor", y = "Densidade"
) +
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 14)

normal_plot_2x2

# Pacotes
library(dplyr)

# Reproducibilidade
set.seed(42)

# Tamanhos de amostra e número de repetições
ns   <- c(10, 20, 50, 100, 200, 500, 1000, 2000, 5000, 10000)
reps <- 500

# Função para simular
sim_summary_normal <- function(ns, reps) {
  tibble::tibble(n = ns) %>%
    dplyr::mutate(
      sims = purrr::map(n, ~ replicate(reps, {
        x <- rnorm(.x, mean = 0, sd = 1)
        c(mean = mean(x), sd = sd(x))
      })))
    ) %>%
    dplyr::mutate(
      mean_vals = purrr::map(sims, ~ .x[["mean", ]]),
      sd_vals   = purrr::map(sims, ~ .x[["sd", ]])
    ) %>%
    dplyr::select(-sims) %>%
    tidyr::pivot_longer(cols = c(mean_vals, sd_vals),
                        names_to = "stat", values_to = "values") %>%
    tidyr::unnest(values) %>%
    dplyr::group_by(n, stat) %>%
    dplyr::summarise(
      med = median(values),
      lo  = quantile(values, 0.05),
      hi  = quantile(values, 0.95),
      .groups = "drop"
    ) %>%
    dplyr::mutate(
      stat = recode(stat, mean_vals = "Média", sd_vals = "Desvio-padrão"),
      true = ifelse(stat == "Média", 0, 1)
    )
}

```

```
}  
  
normal_sum <- sim_summary_normal(ns, reps)  
  
# Gráfico  
ggplot2::ggplot(normal_sum, ggplot2::aes(x = n, y = med)) +  
  ggplot2::geom_ribbon(ggplot2::aes(ymin = lo, ymax = hi, fill = stat), alpha = 0.2) +  
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(color = stat), size = 1) +  
  ggplot2::geom_hline(ggplot2::aes(yintercept = true, color = stat), linetype = 2) +  
  ggplot2::facet_wrap(~ stat, scales = "free_y") +  
  ggplot2::scale_x_log10(breaks = ns) +  
  ggplot2::labs(  
    title = "Convergência da Média e do Desvio-padrão - Normal(0,1)",  
    x = "Tamanho da amostra (n, escala log)", y = "Estimativa"  
) +  
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 13) +  
  ggplot2::theme(legend.position = "none")
```

## Diretrizes para redação

RASCUNHO

# Shiny Apps

## Aplicativos por delineamento de estudo

```
URL.site <- "https://scicenter.shinyapps.io/RCTapp/"  
file.png <- "images/RCTapp.png"  
  
screen_width <- 1920  
screen_height <- 1080  
  
# function to get screenshot  
library("chromote")  
screenshot <- function(b, img_path,  
                        selector = "html",  
                        cliprect = c(top = 0, left = 0, width = screen_width, height = screen_height,  
                        expand = NULL) {  
  
  b$screenshot(  
    img_path,  
    selector = selector,  
    delay = 15,  
    cliprect = cliprect,  
    expand = expand  
  )  
  
  magick::image_read(img_path) |>  
  magick::image_shadow() |>  
  magick::image_write(img_path, quality = 100)  
}  
  
# get URL screenshot  
a <- ChromoteSession$new(height = screen_height, width = screen_width)  
invisible(a$Page$navigate(URL.site))  
Sys.sleep(1)  
screenshot(a, file.png)  
  
if(!exists(file.png)) {  
  # show image  
  img <- magick::image_read(file.png)  
  # zero margins  
  par(mar = c(0, 0, 0, 0), oma = c(0, 0, 0, 0))
```

```
    plot(img)  
}
```

# Análise descritiva

## Apresentação de resultados numéricos

```
# Criar um dataframe com exemplos de casas decimais e dígitos significativos
dados <- data.frame(
  Valor = c(0.00789, 0.0456, 45.600, 123.456, 7890)
)

# Calcular casas decimais
dados$'Casas Decimais' <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  if (x == 0) return(0)
  else return(nchar(sub(".*\\".", "", as.character(x))))
})

# Calcular dígitos significativos
dados$'Dígitos Significativos' <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  gsub("^\+|\\"..*", "", as.character(x)) %>%
  nchar()
})

# Remover zeros à direita e formatar os valores
dados$Valor <- sapply(1:nrow(dados), function(i) {
  format(dados$Valor[i], nsmall = dados$`Casas Decimais`[i],
         scientific = FALSE,
         trim = TRUE,
         decimal.mark = ",")
})

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  dados,
  align = c("r", "c", "c"),
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Quantidade de casas decimais e dígitos significativos."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
```

```

full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0,
  bold = TRUE,
  extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid") %>%
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(dados)[1],
  extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# Criar um dataframe com exemplos de casas decimais e dígitos significativos
dados <- data.frame(
  Valor = c(0.00789, 0.0456, 45.600, 123.456, 7890)
)

# Calcular casas decimais
dados$'Casas Decimais' <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  if (x == 0) return(0)
  else return(nchar(sub(".*\\.", "", as.character(x))))
})

# Calcular dígitos significativos
dados$'Dígitos Significativos' <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  gsub("^0+|\\.\\..*", "", as.character(x)) %>%
    nchar()
})

# Remover zeros à direita e formatar os valores
dados$Valor <- sapply(1:nrow(dados), function(i) {
  format(dados$Valor[i], nsmall = dados$`Casas Decimais`[i],
         scientific = FALSE,
         trim = TRUE,
         decimal.mark = ",")
})

# Função para calcular arredondamento e faixa de erro
calcular_erro <- function(valor, casas) {
  original_value <- as.numeric(gsub(", ", ".", valor))
  rounded_value <- round(as.numeric(gsub(", ", ".", original_value)), casas)

  # Calcular a faixa de erro
  if (casas == 2) {
    lower_bound <- rounded_value - 0.005
    upper_bound <- rounded_value + 0.005
  } else if (casas == 1) {
    lower_bound <- rounded_value - 0.05
    upper_bound <- rounded_value + 0.05
  } else {
    lower_bound <- rounded_value - 0.5
    upper_bound <- rounded_value + 0.5
  }
}

```

```

    return(paste0(format(rounded_value, nsmall = casas, decimal.mark = ","), " [", format(round(lower
})

dados$"2 Casas decimais [Margem de erro]" <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  calcular_erro(x, 2)
})

dados$"1 Casa decimal [Margem de erro]" <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  calcular_erro(x, 1)
})

dados$"Sem casa decimal [Margem de erro]" <- sapply(dados$Valor, function(x) {
  calcular_erro(x, 0)
})

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  dados,
  align = c("r", "c", "c", "r", "r", "r"),
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Valores originais, arredondamentos e erros de arredondamento por casas decimais."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0,
    bold = TRUE,
    extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid") %>%
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(dim(dados)[1],
    extra_css = "border-bottom: 1px solid")

```

## Gráficos

```

# Criar um conjunto de dados de exemplo
dados <- data.frame(
  Grupo = rep(c("A", "B", "C"), each = 3),
  Categoria = rep(c("X", "Y", "Z"), times = 3),
  Contagem = c(30, 20, 10, 25, 15, 5, 20, 10, 10)
)

# Frequência por Categoria (soma total de contagens)
dados_barra <- dados %>%
  dplyr::group_by(Categoria) %>%
  dplyr::summarise(Total = sum(Contagem))

```

```

ggplot2::ggplot(dados_barras, ggplot2::aes(x = Categoria, y = Total, fill = Categoria)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  labs(title = "Gráfico de Barras Simples",
       x = "Categoria", y = "Frequência Total") +
  theme_minimal()

# Criar um conjunto de dados de exemplo
dados <- data.frame(
  Grupo = rep(c("A", "B", "C"), each = 3),
  Categoria = rep(c("X", "Y", "Z"), times = 3),
  Contagem = c(30, 20, 10, 25, 15, 5, 20, 10, 10)
)

# Frequência por Categoria (soma total de contagens)
dados_barras <- dados %>%
  group_by(Categoria) %>%
  summarise(Total = sum(Contagem))

ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = Grupo, y = Contagem, fill = Categoria)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  labs(title = "Gráfico de Barras Empilhadas",
       x = "Grupo", y = "Contagem") +
  theme_minimal()

# Gerar dados de exemplo
set.seed(123)
df <- base::expand.grid(Fator1 = c("A", "B"),
                        Fator2 = c("X", "Y"),
                        Rep = 1:15) |>
  mutate(Y = stats::rnorm(dplyr::n(),
                         mean = dplyr::if_else(Fator1 == "A", 5, 7) + dplyr::if_else(Fator2 == "X", 1, 2),
                         sd = 1.5))

# Calcular estatísticas por grupo
summary_df <- df |>
  group_by(Fator1, Fator2) |>
  summarise(
    media = mean(Y),
    sd = stats::sd(Y),
    n = dplyr::n(),
    se = sd / sqrt(n),
    ic95 = 1.96 * se,
    .groups = "drop"
  )

# 1. Gráfico com apenas as médias
p1 <- ggplot2::ggplot(summary_df, ggplot2::aes(x = interaction(Fator1, Fator2), y = media, fill = Fator1))
  geom_bar(stat = "identity", position = ggplot2::position_dodge(), width = 0.6) +
  labs(title = "Média", y = "Média", x = "Grupo") +
  theme_minimal()

# 2. Gráfico com média + intervalo de confiança

```

```

p2 <- ggplot2::ggplot(summary_df, ggplot2::aes(x = interaction(Fator1, Fator2), y = media, fill =
  ggplot2::geom_bar(stat = "identity", position = ggplot2::position_dodge(), width = 0.6) +
  ggplot2::geom_errorbar(ggplot2::aes(ymin = media - ic95, ymax = media + ic95), width = 0.2) +
  ggplot2::labs(
    title = "Média com Intervalo de Confiança",
    subtitle = "Barras de erro representam IC 95%",
    y = "Média", x = "Grupo"
  ) +
  ggplot2::theme_minimal()

# 3. Gráfico com média + pontos individuais
p3 <- ggplot2::ggplot(df, ggplot2::aes(x = interaction(Fator1, Fator2), y = Y, fill = Fator1)) +
  ggplot2::stat_summary(fun = mean, geom = "bar", width = 0.6, color = "black") +
  ggplot2::geom_jitter(position = ggplot2::position_jitter(width = 0.1), shape = 21, color = "black") +
  ggplot2::labs(
    title = "Média e Pontos Individuais",
    subtitle = "Pontos representam dados individuais",
    y = "Valor", x = "Grupo"
  ) +
  ggplot2::guides(fill = "none") + # <- oculta a legenda
  ggplot2::theme_minimal()

# Empilhar os gráficos verticalmente
library(patchwork)
(p1 / p2 / p3) + patchwork::plot_layout(guides = "collect")

# Simular dados
dados <- data.frame(valor = stats::rnorm(1000, mean = 50, sd = 10))

# Histograma
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = valor)) +
  ggplot2::geom_histogram(binwidth = 5, fill = "steelblue", color = "white") +
  ggplot2::labs(title = "Histograma da variável 'valor'", x = "Valor", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados
dados <- data.frame(valor = stats::rnorm(1000, mean = 0, sd = 1))

# Gráfico de densidade
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = valor)) +
  ggplot2::geom_density(fill = "lightblue", alpha = 0.6) +
  ggplot2::labs(title = "Gráfico de Densidade da variável 'valor'", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados com dois grupos
dados <- data.frame(
  grupo = rep(c("Controle", "Tratamento"), each = 100),
  medida = c(stats::rnorm(100, mean = 50, sd = 5),
             stats::rnorm(100, mean = 55, sd = 7))
)

```

```

# Boxplot
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = grupo, y = medida, fill = grupo)) +
  ggplot2::geom_boxplot() +
  ggplot2::labs(title = "Boxplot por grupo",
               x = "Grupo", y = "Medida") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados com dois grupos
dados <- data.frame(
  grupo = rep(c("Controle", "Tratamento"), each = 100),
  medida = c(stats::rnorm(100, mean = 50, sd = 5),
             stats::rnorm(100, mean = 55, sd = 7))
)

# Violin plot
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = grupo, y = medida, fill = grupo)) +
  ggplot2::geom_violin(trim = FALSE, alpha = 0.6) +
  ggplot2::geom_boxplot(width = 0.1, fill = "white", outlier.shape = NA) +
  ggplot2::labs(title = "Violin Plot por Grupo",
               x = "Grupo", y = "Medida") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados
set.seed(123)
dados <- data.frame(
  grupo = rep(c("Controle", "Tratamento"), each = 20),
  medida = c(stats::rnorm(20, mean = 50, sd = 5),
             stats::rnorm(20, mean = 55, sd = 5))
)

# Dot plot
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = grupo, y = medida, color = grupo)) +
  ggplot2::geom_dotplot(binaxis = "y", stackdir = "center", dotsize = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Dot Plot por Grupo",
               x = "Grupo", y = "Medida") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados
dados <- data.frame(
  x = stats::rnorm(100, mean = 50, sd = 10),
  y = 2 * stats::rnorm(100, mean = 50, sd = 10) + 10
)

# Gráfico de dispersão
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = y)) +
  ggplot2::geom_point(color = "darkblue", alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Gráfico de Dispersão",
               x = "Variável X", y = "Variável Y") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados com três variáveis
dados <- data.frame(
  x = stats::rnorm(100, 10, 3),
  y = stats::rnorm(100, 50, 5),
  z = stats::rnorm(100, 50, 5)
)

```

```

y = stats::rnorm(100, 20, 5),
z = abs(stats::rnorm(100, 5, 2)) # Tamanho da bolha (positivo)
)

# Gráfico de bolhas
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = y, size = z)) +
  ggplot2::geom_point(alpha = 0.6, color = "purple") +
  ggplot2::labs(title = "Gráfico de Bolhas",
    x = "Eixo X", y = "Eixo Y", size = "Variável Z") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular série temporal
set.seed(42)
tempo <- seq.Date(from = as.Date("2025-01-01"), by = "day", length.out = 100)
medida <- cumsum(stats::rnorm(100, mean = 0.2, sd = 1))
dados <- data.frame(data = tempo, valor = medida)

# Gráfico de linha com pontos
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = data, y = valor)) +
  ggplot2::geom_line(color = "darkgreen") +
  ggplot2::geom_point(color = "black", size = 1.5) +
  ggplot2::labs(title = "Série Temporal Simulada",
    x = "Data", y = "Valor") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados com correlação
set.seed(1)
x <- stats::rnorm(100)
y <- 2 * x + stats::rnorm(100, sd = 0.5)
dados <- data.frame(x = x, y = y)

# Gráfico de dispersão com linha de tendência
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = y)) +
  ggplot2::geom_point(color = "darkblue", alpha = 0.6) +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm", color = "red", se = FALSE) +
  ggplot2::labs(title = "Correlação entre Variáveis",
    x = "Variável X", y = "Variável Y") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Instalar se necessário: install.packages("GGally")
library(GGally)

# Simular dados multivariados
dados <- data.frame(
  var1 = stats::rnorm(100),
  var2 = stats::rnorm(100, mean = 50, sd = 10),
  var3 = stats::rnorm(100, mean = 100, sd = 25)
)

# Matriz de dispersão
GGally::ggpairs(dados, title = "Matriz de Dispersão")

```

```

# Simular matriz de correlação
set.seed(2)
dados <- data.frame(
  A = stats::rnorm(50),
  B = stats::rnorm(50, mean = 5),
  C = stats::rnorm(50, mean = 10, sd = 3)
)
matriz_cor <- stats::cor(dados)

# Converter para formato longo e renomear variáveis
library(reshape2)
dados_long <- reshape2::melt(matriz_cor)
names(dados_long) <- c("Variável 1", "Variável 2", "Correlação")

# Heatmap com nomes atualizados (sem aspas em aes)
ggplot2::ggplot(dados_long, ggplot2::aes(x = `Variável 1`, y = `Variável 2`, fill = Correlação)) +
  ggplot2::geom_tile(color = "white") +
  ggplot2::scale_fill_gradient2(low = "blue", high = "red", mid = "white",
                                midpoint = 0, limit = c(-1, 1), name = "Correlação") +
  ggplot2::labs(title = "Mapa de Calor da Correlação entre Variáveis") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Simular dados para 3 perfis com 5 variáveis
dados <- data.frame(
  Max = c(10, 10, 10, 10, 10),
  Min = c(0, 0, 0, 0, 0),
  Perfil_A = c(6, 7, 8, 5, 9),
  Perfil_B = c(8, 6, 7, 6, 7),
  Perfil_C = c(5, 9, 6, 8, 6)
)
rownames(dados) <- c("Max", "Min", "A", "B", "C")

# Gráfico radar
fmsb::radarchart(dados,
                  axistype = 1,
                  pcol = c("red", "blue", "green"),
                  plty = 1,
                  title = "Gráfico de Radar - Perfis Simulados")

```

# Distribuições e parâmetros

## Distribuições de probabilidade

```
# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 1. Distribuição Bernoulli ( $p = 0.5$ )
beroulli_data <- rbinom(1000, 1, 0.5)
p1 <- ggplot2::ggplot(data.frame(beroulli_data), ggplot2::aes(x = beroulli_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Bernoulli", x = "Resultado", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 2. Distribuição Binomial ( $n = 10, p = 0.5$ )
binomial_data <- rbinom(1000, 10, 0.5)
p2 <- ggplot2::ggplot(data.frame(binomial_data), ggplot2::aes(x = binomial_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Binomial", x = "Sucessos", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 3. Distribuição Geométrica ( $p = 0.5$ )
geom_data <- rgeom(1000, 0.5) # número de tentativas até o 1º sucesso com  $p = 0.5$ 
p3 <- ggplot2::ggplot(data.frame(geom_data), ggplot2::aes(x = geom_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Geométrica", x = "Tentativas até o Sucesso", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 4. Distribuição Binomial Negativa ( $r = 3, p = 0.5$ )
neg_binomial_data <- rnbinom(1000, 3, 0.5)
p4 <- ggplot2::ggplot(data.frame(neg_binomial_data),
                      ggplot2::aes(x = neg_binomial_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Binomial Negativa", x = "Tentativas até o 3º Sucesso", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))
```

```

# 5. Distribuição Hipergeométrica ( $m = 10$ ,  $n = 30$ ,  $k = 5$ )
hypergeom_data <- rhyper(1000, 10, 30, 5)
p5 <- ggplot2::ggplot(data.frame(hypergeom_data), ggplot2::aes(x = hypergeom_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Hipergeométrica", x = "Sucessos", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 6. Distribuição Poisson ( $\lambda = 3$ )
poisson_data <- rpois(1000, 3)
p6 <- ggplot2::ggplot(data.frame(poisson_data), ggplot2::aes(x = poisson_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Poisson", x = "Eventos", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 7. Distribuição Uniforme Discreta ( $\min = 1$ ,  $\max = 6$ )
uniform_data <- sample(1:6, 1000, replace = TRUE)
p7 <- ggplot2::ggplot(data.frame(uniform_data), ggplot2::aes(x = uniform_data)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "count", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Uniforme Discreta", x = "Resultado", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 8. Distribuição Multinomial (probabilidades:  $1/3$ ,  $1/3$ ,  $1/3$ )
# Gerar 1000 experimentos com 3 resultados possíveis e 10 tentativas em cada experimento
multinomial_data <- rmultinom(1000, 10, prob = c(1 / 3, 1 / 3, 1 / 3))

# Convertendo os dados para um formato adequado para ggplot
multinomial_df <- data.frame(Result = rep(1:3, times = 1000),
                               Freq = as.vector(multinomial_data))

# Criando o gráfico
p8 <- ggplot2::ggplot(multinomial_df, ggplot2::aes(x = factor(Result), y = Freq)) +
  ggplot2::geom_bar(stat = "identity", fill = cor_padrao) +
  ggplot2::labs(title = "Multinomial", x = "Resultado", y = "Frequência") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 2x4 com todos os gráficos
gridExtra::grid.arrange(p1, p2, p3, p4, p5, p6, p7, p8, ncol = 4, nrow = 2)

# Definir semente para reprodutibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 1. Distribuição Uniforme ( $a = 0$ ,  $b = 1$ )
uniforme_data <- runif(1000000, min = 0, max = 1)
p1 <- ggplot2::ggplot(data.frame(uniforme_data), ggplot2::aes(x = uniforme_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,

```

```

            color = "black",
            alpha = 0.7) +
ggplot2::labs(title = "Uniforme", x = "Valor", y = "Densidade") +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 2. Distribuição Exponencial (lambda = 1)
exponencial_data <- rexp(1000000, rate = 1)
p2 <- ggplot2::ggplot(data.frame(exponencial_data),
                      ggplot2::aes(x = exponencial_data)) +
ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                     color = "black",
                     alpha = 0.7) +
ggplot2::labs(title = "Exponencial", x = "Valor", y = "Densidade") +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 1x2 com os gráficos p1 e p2
gridExtra::grid.arrange(p1, p2, ncol = 2, nrow = 1)

# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 3. Distribuição Normal (mu = 0, sigma = 1)
normal_data <- rnorm(100000, mean = 0, sd = 1)
p3 <- ggplot2::ggplot(data.frame(normal_data), ggplot2::aes(x = normal_data)) +
ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                     color = "black",
                     alpha = 0.7) +
ggplot2::labs(title = "Normal", x = "Valor", y = "Densidade") +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 1x1 com os gráficos p1
gridExtra::grid.arrange(p3, ncol = 1, nrow = 1)

# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 4. Aproximação Binomial (n = 100, p = 0.5)
binomial_data <- rbinom(100000, size = 100, prob = 0.5)
p4 <- ggplot2::ggplot(data.frame(binomial_data), ggplot2::aes(x = binomial_data)) +
ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                     color = "black",
                     alpha = 0.7) +
ggplot2::labs(title = "Aproximação Binomial", x = "Sucessos", y = "Densidade") +
ggplot2::theme_minimal() +

```

```

ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 5. Aproximação Poisson (lambda = 5)
poisson_data <- rpois(100000, lambda = 5)
p5 <- ggplot2::ggplot(data.frame(poisson_data), ggplot2::aes(x = poisson_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Poisson", x = "Ocorrências", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 1x2 com os gráficos p4 e p5
gridExtra::grid.arrange(p4, p5, ncol = 2, nrow = 1)

# Reprodutibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 6. Distribuição t-Student (df = 10)
tstudent_data <- rt(100000, df = 10)
p6 <- ggplot2::ggplot(data.frame(tstudent_data), ggplot2::aes(x = tstudent_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "t-Student", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 7. Distribuição Qui-Quadrado (df = 10)
chi_squared_data <- rchisq(100000, df = 10)
p7 <- ggplot2::ggplot(data.frame(chi_squared_data),
                      ggplot2::aes(x = chi_squared_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Qui-Quadrado", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 1x2 com os gráficos p6 e p7
gridExtra::grid.arrange(p6, p7, ncol = 2, nrow = 1)

# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 8. Distribuição Weibull (shape = 1.5, scale = 1)

```

```

weibull_data <- rweibull(100000, shape = 1.5, scale = 1)
p8 <- ggplot2::ggplot(data.frame(weibull_data), ggplot2::aes(x = weibull_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Weibull", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 9. Distribuição Gama (shape = 5, scale = 1)
gama_data <- rgamma(100000, shape = 5, scale = 1)
p9 <- ggplot2::ggplot(data.frame(gama_data), ggplot2::aes(x = gama_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Gama", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 10. Distribuição Log-Normal (meanlog = 0, sdlog = 1)
log_normal_data <- rlnorm(100000, meanlog = 0, sdlog = 1)
p10 <- ggplot2::ggplot(data.frame(log_normal_data),
                        ggplot2::aes(x = log_normal_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Log-Normal", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 2x2 com os gráficos p8, p9 e p10
gridExtra::grid.arrange(p8, p9, p10, ncol = 3, nrow = 1)

# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 11. Distribuição Beta (alpha = 2, beta = 5)
beta_data <- rbeta(100000, shape1 = 2, shape2 = 5)
p11 <- ggplot2::ggplot(data.frame(beta_data), ggplot2::aes(x = beta_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Beta", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# 12. Distribuição Logística (mu = 0, s = 1)
logistica_data <- rlogis(100000, location = 0, scale = 1)
p12 <- ggplot2::ggplot(data.frame(logistica_data), ggplot2::aes(x = logistica_data)) +

```

```

ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                      color = "black",
                      alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Logística", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 2x2 com os gráficos p11 e p12
gridExtra::grid.arrange(p11, p12, ncol = 2, nrow = 1)

# Definir semente para reproduzibilidade
set.seed(42)

# Definir cor padrão para os gráficos
cor_padrao <- "lightblue"

# 13. Distribuição Pareto (shape = 2, scale = 1)
# Gerar a distribuição Pareto usando a função rpareto
pareto_data <- actuar::rpareto(100, shape = 2, scale = 1)
p13 <- ggplot2::ggplot(data.frame(pareto_data), ggplot2::aes(x = pareto_data)) +
  ggdist::stat_halfeye(fill = cor_padrao,
                        color = "black",
                        alpha = 0.7) +
  ggplot2::labs(title = "Pareto", x = "Valor", y = "Densidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Criar painel 1x1 com os gráficos p13
gridExtra::grid.arrange(p13, ncol = 1, nrow = 1)

scaleFUN <- function(x)
  sprintf("%.2f", x)

# normal
d1 <- ggfortify::ggdistribution(dnorm,
                                 seq(-3, 3, 0.1),
                                 mean = 0,
                                 sd = 1,
                                 main = "Distribuição de probabilidade") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                text = ggplot2::element_text(size = 8))

p1 <- ggfortify::ggdistribution(pnorm,
                                 seq(-3, 3, 0.1),
                                 mean = 0,
                                 sd = 1,
                                 main = "Função de distribuição cumulativa") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                text = ggplot2::element_text(size = 8))

```

```

ggpubr::ggarrange(
  d1,
  p1,
  heights = c(1, 1),
  widths = c(1, 1),
  nrow = 1,
  ncol = 2,
  align = "h"
)

scaleFUN <- function(x)
  sprintf("%.2f", x)

# Simulate random sample from normal distribution
set.seed(123)
n <- 50
data <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)

# Calcular a média e o desvio padrão
mean_data <- mean(data)
sd_data <- sd(data)

# Realizar os testes
ks_test <- ks.test(data, "pnorm", mean = 0, sd = 1)
shapiro_test <- shapiro.test(data)
ad_test <- nortest::ad.test(data)

# Função para formatar p-values
format_p_value <- function(p_value) {
  if (p_value < 0.001) {
    return("p < 0.001")
  } else {
    return(paste("p-value:", format(p_value, digits = 4)))
  }
}

# Normal Distribution plot (d1) com média e desvio padrão no título
d1 <- ggfortify::ggdistribution(
  dnorm,
  seq(-3, 3, 0.1),
  mean = 0,
  sd = 1,
  main = paste(
    "Distribuição de probabilidade\nMédia:",
    sprintf("%.2f", mean_data),
    "Desvio Padrão:",
    sprintf("%.2f", sd_data)
  )
) +
  ggplot2::scale_y_continuous(labels = scaleFUN) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,

```

```

text = ggplot2::element_text(size = 8)

# CDF plot (p1)
p1 <- ggfortify::ggdistribution(pnorm,
                                seq(-3, 3, 0.1),
                                mean = 0,
                                sd = 1,
                                main = "Função de distribuição cumulativa") +
  ggplot2::scale_y_continuous(labels = scaleFUN) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                 text = ggplot2::element_text(size = 8))

# QQ-plot for Normal distribution
qqplot <- ggplot2::ggplot(data.frame(x = data), ggplot2::aes(sample = x)) +
  ggplot2::stat_qq() +
  ggplot2::stat_qq_line(color = "red") +
  ggplot2::ggttitle("QQ-Plot") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                 text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Kolmogorov-Smirnov Test plot (kolmogorov)
kolmogorov <- ggplot2::ggplot(data.frame(x = sort(data)), ggplot2::aes(x)) +
  ggplot2::stat_ecdf(geom = "step", color = "blue") + # ECDF of data
  ggplot2::stat_function(
    fun = stats::pnorm,
    args = list(mean = 0, sd = 1),
    color = "red",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::ggttitle(paste("Kolmogorov-Smirnov Test\n", format_p_value(ks_test$p.value))) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                 text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Shapiro-Wilk Test plot (shapiro)
shapiro <- ggplot2::ggplot(data.frame(x = sort(data)), ggplot2::aes(x)) +
  ggplot2::stat_ecdf(geom = "step", color = "green") + # ECDF of data
  ggplot2::stat_function(
    fun = stats::pnorm,
    args = list(mean = 0, sd = 1),
    color = "red",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::ggttitle(paste("Shapiro-Wilk Test\n", format_p_value(shapiro_test$p.value))) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
                 text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Anderson-Darling Test plot (anderson)
anderson <- ggplot2::ggplot(data.frame(x = sort(data)), ggplot2::aes(x)) +

```

```

ggplot2::stat_ecdf(geom = "step", color = "purple") + # ECDF of data
ggplot2::stat_function(
  fun = stats::pnorm,
  args = list(mean = 0, sd = 1),
  color = "red",
  size = 1
) + # Normal CDF
ggplot2::ggtitle(paste("Anderson-Darling Test\n", format_p_value(ad_test$p.value))) +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(aspect.ratio = 1,
               text = ggplot2::element_text(size = 8))

# Combine all plots into one grid
ggbubr::ggarrange(
  d1,
  p1,
  qqplot,
  kolmogorov,
  shapiro,
  anderson,
  heights = c(1, 1),
  widths = c(1, 1, 1),
  nrow = 2,
  ncol = 3,
  align = "h"
)

```

## Tendência central

```

# Reproduzibilidade
set.seed(42)

# Cor padrão
cor_padrao <- "lightblue"

# 1. Unimodal
dados_uni <- rnorm(100000, mean = 0, sd = 1)
df_uni <- data.frame(valor = dados_uni, grupo = "Unimodal")

# 2. Bimodal
dados_bi <- c(rnorm(50000, mean = -1, sd = 0.8), rnorm(50000, mean = 1, sd = 0.8))
df_bi <- data.frame(valor = dados_bi, grupo = "Bimodal")

# 3. Multimodal
dados_multi <- c(rnorm(33333, mean = -2, sd = 0.5),
                  rnorm(33334, mean = 0, sd = 0.4),
                  rnorm(33333, mean = 2, sd = 0.5))
df_multi <- data.frame(valor = dados_multi, grupo = "Multimodal")

# Juntar os dados
dados_todos <- rbind(df_uni, df_bi, df_multi)

```

```

# Reordenar os níveis do fator explicitamente
dados_todos$grupo <- factor(dados_todos$grupo,
                             levels = rev(c("Unimodal", "Bimodal", "Multimodal")))

# Plot com stat_halfeye (sem slab_type)
p <- ggplot2::ggplot(dados_todos, ggplot2::aes(x = valor, y = grupo)) +
  ggdist::stat_halfeye(
    ggplot2::aes(thickness = ggplot2::after_stat(pdf)),
    fill = cor_padrao,
    color = "black",
    alpha = 0.7
  ) +
  ggplot2::labs(
    title = "Distribuições Unimodal, Bimodal e Multimodal",
    x = "Valor", y = NULL
  ) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(text = ggplot2::element_text(size = 9))

# Mostrar gráfico
p

# Função para gerar um dataframe com a densidade e os valores de média, mediana e moda
gerar_dados <- function(tipo_dist) {
  set.seed(123) # Para reproduzibilidade
  n <- 10000

  if (tipo_dist == "assimetria_positiva") {
    x <- rlnorm(n, meanlog = 0, sdlog = 0.5)
    titulo <- "Assimetria Positiva"
  } else if (tipo_dist == "normal") {
    x <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)
    titulo <- "Distribuição Normal (Gaussiana)"
  } else if (tipo_dist == "assimetria_negativa") {
    x <- -rlnorm(n, meanlog = 0, sdlog = 0.5)
    titulo <- "Assimetria Negativa"
  }

  # Estimar a moda com base no pico da densidade
  d <- density(x)
  moda <- d$x[which.max(d$y)]

  data.frame(
    x = x,
    media = mean(x),
    mediana = median(x),
    moda = moda,
    titulo = titulo
  )
}

# Gerar os conjuntos de dados

```

```

dados_pos <- gerar_dados("assimetria_positiva")
dados_norm <- gerar_dados("normal")
dados_neg <- gerar_dados("assimetria_negativa")

# Função para plotar cada distribuição
plotar_distribuicao <- function(dados) {
  ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x)) +
    ggplot2::geom_density(fill = "lightblue", alpha = 0.6) +
    ggplot2::geom_vline(
      ggplot2::aes(xintercept = media),
      color = "red",
      linetype = "dashed",
      size = 1
    ) +
    ggplot2::geom_vline(
      ggplot2::aes(xintercept = mediana),
      color = "blue",
      linetype = "dotted",
      size = 1
    ) +
    ggplot2::geom_vline(
      ggplot2::aes(xintercept = moda),
      color = "darkgreen",
      linetype = "solid",
      size = 1
    ) +
    ggplot2::labs(
      title = unique(dados$titulo),
      x = "Valor",
      y = "Densidade",
      subtitle = "Vermelho: Média | Azul: Mediana | Verde: Moda"
    ) +
    ggplot2::theme_minimal()
}

# Criar os gráficos individuais
g1 <- plotar_distribuicao(dados_pos)
g2 <- plotar_distribuicao(dados_norm)
g3 <- plotar_distribuicao(dados_neg)

# Combinar os gráficos em um painel
gridExtra::grid.arrange(g1, g2, g3, nrow = 3)

```

## Dispersão

```

# Geração de dados: distribuição normal
set.seed(123)
n <- 200
dados <- rnorm(n, mean = 50, sd = 10)

# Cálculo das medidas

```

```

media <- mean(dados)
variancia <- var(dados)
desvio_padrao <- sd(dados)
erro_padrao <- desvio_padrao / sqrt(n)
amplitude <- max(dados) - min(dados)
iqr <- IQR(dados)

# Criar dataframe com os dados
df <- data.frame(valor = dados)

# Plotar histograma com densidade
ggplot2::ggplot(df, ggplot2::aes(x = valor)) +
  ggplot2::geom_histogram(
    ggplot2::aes(y = ..density..),
    bins = 30,
    fill = "lightblue",
    color = "black",
    alpha = 0.6
  ) +
  ggplot2::geom_density(color = "darkblue", size = 1) +
  
  # Média
  ggplot2::geom_vline(ggplot2::aes(xintercept = media, color = "Média"), size = 1.2) +
  
  # Desvio padrão
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = media + desvio_padrao, color = "Desvio Padrão +1"),
    size = 1,
    linetype = "dashed"
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = media - desvio_padrao, color = "Desvio Padrão -1"),
    size = 1,
    linetype = "dashed"
  ) +
  
  # Erro padrão
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = media + erro_padrao, color = "Erro Padrão +SE"),
    size = 1,
    linetype = "dotted"
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = media - erro_padrao, color = "Erro Padrão -SE"),
    size = 1,
    linetype = "dotted"
  ) +
  
  # Intervalo interquartil (IQR)
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = quantile(dados, 0.25), color = "Q1 (25%)"),
    size = 1,

```

```

    linetype = "dotdash"
) +
ggplot2::geom_vline(
  ggplot2::aes(xintercept = quantile(dados, 0.75), color = "Q3 (75%)"),
  size = 1,
  linetype = "dotdash"
) +
# Limites mínimo e máximo (Amplitude)
ggplot2::geom_vline(
  ggplot2::aes(xintercept = min(dados), color = "Mínimo"),
  size = 0.8,
  linetype = "longdash"
) +
ggplot2::geom_vline(
  ggplot2::aes(xintercept = max(dados), color = "Máximo"),
  size = 0.8,
  linetype = "longdash"
) +
# Legenda
ggplot2::scale_color_manual(
  values = c(
    "Desvio Padrão -1" = "orange",
    "Desvio Padrão +1" = "orange",
    "Erro Padrão -SE" = "purple",
    "Erro Padrão +SE" = "purple",
    "Q1 (25%)" = "green",
    "Q3 (75%)" = "green",
    "Mínimo" = "black",
    "Máximo" = "black",
    "Média" = "red"
  ),
  breaks = c(
    "Erro Padrão -SE",
    "Erro Padrão +SE",
    "Q1 (25%)",
    "Q3 (75%)",
    "Desvio Padrão -1",
    "Desvio Padrão +1",
    "Mínimo",
    "Máximo",
    "Média"
  )
) +
ggplot2::labs(
  title = "Visualização de Medidas de Dispersão",
  subtitle = paste0(
    "Média = ",
    round(media, 2),
    " | SD = "
  )
)

```

```

round(desvio_padrao, 2),
" | SE = ",
round(erro_padrao, 2),
" | Var = ",
round(variancia, 2),
" | IQR = ",
round(iqr, 2),
" | Amplitude = ",
round(amplitude, 2)
),
x = "Valor",
y = "Densidade",
color = "Medidas de Dispersão"
) +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(legend.position = "bottom")

```

## Distribuição

### Extremos

```

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# 1) Dados "normais"
n <- 100
X <- rnorm(n, mean = 50, sd = 10)
Y <- 5 + 2 * X + rnorm(n, mean = 0, sd = 5)
data <- data.frame(X, Y, is_extreme = FALSE)

# 2) Injeta valores extremos
#   a) Outliers verticais (grande erro em Y)
X_ext1 <- rnorm(5, mean = 50, sd = 10)
Y_ext1 <- 5 + 2 * X_ext1 + rnorm(5, mean = 0, sd = 25) + 60

#   b) Alta alavancagem (X muito distante)
X_ext2 <- c(5, 95, 110, -10, 120) # bem fora do centro
Y_ext2 <- 5 + 2 * X_ext2 + rnorm(5, mean = 0, sd = 5)

data_ext <- rbind(
  data,
  data.frame(X = X_ext1, Y = Y_ext1, is_extreme = TRUE),
  data.frame(X = X_ext2, Y = Y_ext2, is_extreme = TRUE)
)

# 3) Ajuste do modelo
model <- lm(Y ~ X, data = data_ext)

# 4) Diagnósticos
data_ext$resid_std <- rstandard(model)

```

```

data_ext$cook_d    <- cooks.distance(model)

# Regras simples:
thr_resid <- 2                      # |resíduo padronizado| > 2
thr_cook  <- 4 / nrow(data_ext)       # regra prática para Cook

data_ext$outlier_resid <- abs(data_ext$resid_std) > thr_resid
data_ext$influente    <- data_ext$cook_d > thr_cook

# 5) Plot: pontos normais, outliers e influentes
library(ggplot2)
ggplot(data_ext, aes(x = X, y = Y)) +
  geom_point(aes(
    color = case_when(
      influente ~ "Influente (Cook)",
      outlier_resid ~ "Outlier (resíduo)",
      TRUE ~ "Normal"
    ),
    shape = is_extreme
  ), size = 2.4) +
  scale_color_manual(values = c(
    "Normal" = "grey30",
    "Outlier (resíduo)" = "red",
    "Influente (Cook)" = "orange"
  )) +
  scale_shape_manual(values = c(`FALSE` = 16, `TRUE` = 17),
                     labels = c("FALSE" = "Gerado normal", "TRUE" = "Injetado extremo"),
                     name = "Origem do ponto") +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color = "blue") +
  labs(
    title = "Regressão linear com valores extremos",
    subtitle = paste0("Outlier (|resíduo| > ", thr_resid,
                     "); Influente (Cook > ", round(thr_cook, 3), ")"),
    x = "Variável Independente (X)",
    y = "Variável Dependente (Y)",
    color = "Classificação"
  ) +
  theme_minimal()

```

## Valores discrepantes

```

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# simulate X
X <- rnorm(100, mean = 50, sd = 10)

# simulate Y based on X
Y <- 5 + 2 * X + rnorm(100, mean = 0, sd = 5)

# create a dataframe

```

```
data <- data.frame(X, Y)

# create the regression model
model <- lm(Y ~ X, data = data)

# calcular resíduos padronizados
data$resid <- rstandard(model)

# marcar outliers (|resíduo padronizado| > 2)
data$outlier <- abs(data$resid) > 2

# plot the regression line e outliers
ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point(ggplot2::aes(color = outlier)) +
  ggplot2::scale_color_manual(values = c("black", "red"),
                               labels = c("Normal", "Discrepante"),
                               name = "Pontos") +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm", color = "blue") +
  ggplot2::labs(title = "Regressão linear",
                x = "Variável Independente (X)",
                y = "Variável Dependente (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()
```

# Análise inferencial

## Testes de hipóteses

```
# Parâmetros
mu0 <- 0
sigma <- 1
alpha <- 0.05

# Valor crítico (cauda direita)
z_crit <- qnorm(1 - alpha, mean = mu0, sd = sigma)

# Dados
x <- seq(mu0 - 4 * sigma, mu0 + 4 * sigma, length.out = 1000)
dens_H0 <- dnorm(x, mean = mu0, sd = sigma)
dados <- data.frame(x = x, densidade = dens_H0)
dados$regiao_critica <- ifelse(x >= z_crit, "regiao_critica", "h0")

# Gráfico
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = densidade)) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(color = "h0"), size = 1.2) +
  ggplot2::geom_area(
    data = subset(dados, regiao_critica == "regiao_critica"),
    ggplot2::aes(fill = "regiao_critica"),
    alpha = 0.3
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = mu0,
    linetype = "dotted",
    color = "blue",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = z_crit, linetype = "zcrit"),
    color = "black",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = mu0 + 0.1,
    y = max(dens_H0) * 0.85,
    label = expression(mu[0]),
```

```

color = "blue",
parse = TRUE,
hjust = 0
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_crit + 0.1,
  y = max(dens_H0) * 0.95,
  label = expression(z[1 - alpha]),
  color = "black",
  parse = TRUE,
  hjust = 0
) +
ggplot2::scale_color_manual(
  name = NULL,
  values = c("h0" = "blue"),
  labels = c(expression("Distribuição H"[0])))
) +
ggplot2::scale_linetype_manual(
  name = NULL,
  values = c("zcrit" = "dashed"),
  labels = c(expression("Valor crítico (z"[1 - alpha] * ")")))
) +
ggplot2::scale_fill_manual(
  name = NULL,
  values = c("regiao_critica" = "blue"),
  labels = c("Região crítica ()"))
) +
ggplot2::labs(title = "Teste Unicaudal (cauda direita) da Hipótese Nula", x = "Efeito", y = "Densidade")
ggplot2::theme_minimal(base_size = 14) +
ggplot2::theme(legend.position = "bottom",
              legend.text = ggplot2::element_text(size = 12)) +
ggplot2::guides(
  color = ggplot2::guide_legend(order = 1, override.aes = list(linetype = "solid")),
  linetype = ggplot2::guide_legend(
    order = 2,
    override.aes = list(color = "black", size = 1)
  ),
  fill = ggplot2::guide_legend(order = 3, override.aes = list(alpha = 0.3)))
)

# Parâmetros
mu0 <- 0
sigma <- 1
alpha <- 0.05

# Valor crítico (cauda esquerda)
z_crit <- qnorm(alpha, mean = mu0, sd = sigma)

# Dados
x <- seq(mu0 - 4 * sigma, mu0 + 4 * sigma, length.out = 1000)
dens_H0 <- dnorm(x, mean = mu0, sd = sigma)

```

```

dados <- data.frame(x = x, densidade = dens_H0)
dados$regiao_critica <- ifelse(x <= z_crit, "regiao_critica", "h0")

# Gráfico
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = densidade)) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(color = "h0"), size = 1.2) +
  ggplot2::geom_area(
    data = subset(dados, regiao_critica == "regiao_critica"),
    ggplot2::aes(fill = "regiao_critica"),
    alpha = 0.3
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = mu0,
    linetype = "dotted",
    color = "blue",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    ggplot2::aes(xintercept = z_crit, linetype = "zcrit"),
    color = "black",
    size = 1
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = mu0 + 0.1,
    y = max(dens_H0) * 0.85,
    label = expression(mu[0]),
    color = "blue",
    parse = TRUE,
    hjust = 0
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = z_crit + 0.1,
    y = max(dens_H0) * 0.95,
    label = expression(z[alpha]),
    color = "black",
    parse = TRUE,
    hjust = 0
  ) +
  ggplot2::scale_color_manual(
    name = NULL,
    values = c("h0" = "blue"),
    labels = c(expression("Distribuição H"[0]))
  ) +
  ggplot2::scale_linetype_manual(
    name = NULL,
    values = c("zcrit" = "dashed"),
    labels = c(expression("Valor crítico (z"[alpha] * ")"))
  ) +
  ggplot2::scale_fill_manual(
    name = NULL,

```

```

values = c("regiao_critica" = "blue"),
labels = c("Região crítica ()")
) +
ggplot2::labs(title = "Teste Unicaudal (cauda esquerda) da Hipótese Nula", x = "Efeito", y = "Densid-
ggplot2::theme_minimal(base_size = 14) +
ggplot2::theme(legend.position = "bottom",
              legend.text = ggplot2::element_text(size = 12)) +
ggplot2::guides(
  color = ggplot2::guide_legend(order = 1, override.aes = list(linetype = "solid")),
  linetype = ggplot2::guide_legend(
    order = 2,
    override.aes = list(color = "black", size = 1)
  ),
  fill = ggplot2::guide_legend(order = 3, override.aes = list(alpha = 0.3))
)

# Parâmetros
mu0 <- 0
sigma <- 1
alpha <- 0.05

# Valores críticos (duas caudas)
z_lower <- qnorm(alpha / 2, mean = mu0, sd = sigma)
z_upper <- qnorm(1 - alpha / 2, mean = mu0, sd = sigma)

# Dados
x <- seq(mu0 - 4 * sigma, mu0 + 4 * sigma, length.out = 1000)
dens_H0 <- dnorm(x, mean = mu0, sd = sigma)
dados <- data.frame(x = x, densidade = dens_H0)

# Caudas separadas
dados_cauda_inf <- subset(dados, x <= z_lower)
dados_cauda_sup <- subset(dados, x >= z_upper)

# Gráfico
ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x, y = densidade)) +
  # Linha da distribuição H0 com legenda
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(color = "H0"), size = 1.2) +
  # Área das caudas com legenda
  ggplot2::geom_area(data = dados_cauda_inf,
                     ggplot2::aes(x = x, y = densidade, fill = "rc"),
                     alpha = 0.3) +
  ggplot2::geom_area(data = dados_cauda_sup,
                     ggplot2::aes(x = x, y = densidade, fill = "rc"),
                     alpha = 0.3) +
  # Linha pontilhada em mu0
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = mu0,
    linetype = "dotted",

```

```

    color = "blue",
    size = 1
) +
# Linhas dos valores críticos com legenda
ggplot2::geom_vline(
  ggplot2::aes(xintercept = z_lower, linetype = "zcrit"),
  color = "black",
  size = 1
) +
ggplot2::geom_vline(
  ggplot2::aes(xintercept = z_upper, linetype = "zcrit"),
  color = "black",
  size = 1
) +
# Anotações
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu0 + 0.1,
  y = max(dens_H0) * 0.85,
  label = expression(mu[0]),
  color = "blue",
  parse = TRUE,
  hjust = 0
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_upper + 0.1,
  y = max(dens_H0) * 0.95,
  label = expression(z[1 - alpha / 2]),
  color = "black",
  parse = TRUE,
  hjust = 0
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_lower - 0.1,
  y = max(dens_H0) * 0.95,
  label = expression(z[alpha / 2]),
  color = "black",
  parse = TRUE,
  hjust = 1
) +
# Legendas
ggplot2::scale_color_manual(
  name = NULL,
  values = c("H0" = "blue"),
  labels = c(expression("Distribuição H"[0])))
) +
ggplot2::scale_fill_manual(
  name = NULL,

```

```

values = c("rc" = "blue"),
labels = c("Regiões críticas ()")
) +
ggplot2::scale_linetype_manual(
  name = NULL,
  values = c("zcrit" = "dashed"),
  labels = c(expression("Valores críticos (z"[alpha / 2] * ", z"[1 - alpha /
2] * ")")))
) +
ggplot2::labs(title = "Teste Bicaudal da Hipótese Nula", x = "Efeito", y = "Densidade") +
ggplot2::theme_minimal(base_size = 14) +
ggplot2::theme(legend.position = "bottom",
  legend.text = ggplot2::element_text(size = 12)) +
ggplot2::guides(
  color = ggplot2::guide_legend(order = 1, override.aes = list(linetype = "solid")),
  linetype = ggplot2::guide_legend(
    order = 2,
    override.aes = list(color = "black", size = 1)
  ),
  fill = ggplot2::guide_legend(order = 3, override.aes = list(alpha = 0.3)))
)

```

## Erros de inferência

```

# Cria uma tabela de erros tipo I e II
cross.table.erros <-
  matrix(
    c(
      'Decisão correta',
      'Decisão incorreta (erro tipo II)',
      'Decisão incorreta (erro tipo I)',
      'Decisão correta'
    ),
    nrow = 2,
    ncol = 2,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table.erros) <-
  c("Hipótese nula $H_0$ foi rejeitada",
    "Hipótese nula $H_0$ não foi rejeitada")
colnames(cross.table.erros) <-
  c("Hipótese nula $H_0$ é falsa",
    "Hipótese nula $H_0$ é verdadeira")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table.erros,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = ""
)

```

```

escape = FALSE,
caption = "Tabela de erros tipos I e II de inferência estatística."
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("basic"),
  bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid black")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(cross.table.erros)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid black")

# Parâmetros
mu0 <- 0
mu1 <- 1
sigma <- 1
alpha <- 0.05
z_crit <- stats::qnorm(1 - alpha, mean = mu0, sd = sigma)

# Dados principais
x <- base::seq(mu0 - 4 * sigma, mu1 + 4 * sigma, length.out = 1000)

dens_df <- dplyr::tibble(
  x = x,
  dens_H0 = stats::dnorm(x, mean = mu0, sd = sigma),
  dens_H1 = stats::dnorm(x, mean = mu1, sd = sigma)
)

# Dados das regiões de erro
area_alpha <- dplyr::filter(dens_df, x >= z_crit) %>%
  dplyr::mutate(erro = "Erro Tipo I ()", y = dens_H0)

area_beta <- dplyr::filter(dens_df, x <= z_crit) %>%
  dplyr::mutate(erro = "Erro Tipo II ()", y = dens_H1)

areas_df <- dplyr::bind_rows(area_alpha, area_beta)

# Gráfico
plot_base <- ggplot2::ggplot() +
  # Áreas de erro com legenda
  ggplot2::geom_area(data = areas_df,
                      ggplot2::aes(x = x, y = y, fill = erro),
                      alpha = 0.3) +
  # Curvas H0 e H1
  ggplot2::geom_line(data = dens_df,
                     ggplot2::aes(x = x, y = dens_H0, color = "H0"),
                     linewidth = 1.2) +
  ggplot2::geom_line(data = dens_df,
                     ggplot2::aes(x = x, y = dens_H1, color = "H1"),
                     linewidth = 1.2) +
  # Linhas verticais
  geom_vline(xintercept = z_crit, color = "black", size = 1)

```

```
ggplot2::geom_vline(
  xintercept = z_crit,
  linetype = "dashed",
  color = "black",
  linewidth = 1
) +
ggplot2::geom_vline(
  xintercept = mu0,
  linetype = "dotted",
  color = "blue",
  linewidth = 1
) +
ggplot2::geom_vline(
  xintercept = mu1,
  linetype = "dotted",
  color = "red",
  linewidth = 1
) +
# Anotações matemáticas
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_crit + 0.1,
  y = 0.2,
  label = "z[alpha]",
  parse = TRUE,
  hjust = 0,
  color = "black"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu0,
  y = 0.3,
  label = "mu[0]",
  parse = TRUE,
  hjust = -0.1,
  color = "blue"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu1,
  y = 0.3,
  label = "mu[1]",
  parse = TRUE,
  hjust = -0.1,
  color = "red"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_crit + 0.1,
  y = 0.1,
  label = "alpha",
  parse = TRUE,
```

```

    hjust = 0,
    color = "blue"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = z_crit - 0.4,
  y = 0.05,
  label = "beta",
  parse = TRUE,
  hjust = 0,
  color = "red"
) +
# Títulos e legendas
ggplot2::labs(
  title = "Erros tipo I e II",
  x = "Efeito",
  y = "Densidade",
  color = "Distribuições",
  fill = NULL # Remove título da legenda de preenchimento
) +
# Escalas de cores
ggplot2::scale_color_manual(
  values = c("H0" = "blue", "H1" = "red"),
  labels = c(expression(H[0]), expression(H[1])))
) +
ggplot2::scale_fill_manual(values = c(
  "Erro Tipo I ()" = "blue",
  "Erro Tipo II ()" = "red"
)) +
ggplot2::theme_minimal(base_size = 14) +
ggplot2::theme(legend.position = "bottom")

# Exibir gráfico
plot_base

# Reprodutibilidade
set.seed(42)

# Parâmetros da simulação
n_tests <- 100 # Número de testes
n_samples <- 30 # Tamanho da amostra em cada teste

# Simular 100 testes com amostras de 30 elementos
p_values <- numeric(n_tests) # Vetor para armazenar os p-valores

for (i in 1:n_tests) {
  # Gerar uma amostra aleatória de uma distribuição normal
  sample_data <- rnorm(n_samples)

  # Realizar um teste t para a média da amostra (teste bilateral)
  test_result <- t.test(sample_data)
}

```

```

# Armazenar o p-valor
p_values[i] <- test_result$p.value
}

# Contar quantos p-valores são menores que 0,05
p_less_than_0_05 <- sum(p_values < 0.05)

# Criar gráfico de distribuição dos p-valores
ggplot2::ggplot(data.frame(p_values), ggplot2::aes(x = p_values)) +
  ggplot2::geom_histogram(binwidth = 0.01, fill = "lightblue", color = "black", alpha = 0.7) +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = 0.05, color = "red", linetype = "dashed", size = 1) +
  ggplot2::annotate("text", x = 0.06, y = 15, label = "p < 0,05", color = "red", size = 5) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::labs(
    title = expression("Distribuição dos p-valores com H"[0]*" verdadeira"),
    subtitle = paste("Número de testes com p < 0,05 (erro tipo I):", p_less_than_0_05, "de", n_tests,
      x = "P-valor",
      y = "Frequência") +
    ggplot2::theme(axis.text = ggplot2::element_text(size = 12),
      axis.title = ggplot2::element_text(size = 14)) +
    ggplot2::scale_x_continuous(
      limits = c(0, 1),
      breaks = seq(0, 1, by = 0.25)
  )

# Reprodutibilidade
set.seed(42)

# Parâmetros da simulação
n_tests <- 100
n_samples <- 34 # Ajustado para obter ~80% de poder (20% de erro tipo II)
true_mean <- 0.5 # H é falsa: média real 0

# Vetor para armazenar p-valores
p_values <- numeric(n_tests)

for (i in 1:n_tests) {
  # Gerar amostra de uma normal com média 0
  sample_data <- rnorm(n_samples, mean = true_mean, sd = 1)

  # Teste t contra H: mu = 0
  test_result <- t.test(sample_data, mu = 0)

  # Armazenar p-valor
  p_values[i] <- test_result$p.value
}

# Contar quantos testes NÃO rejeitaram H (erro tipo II)
p_greater_than_0_05 <- sum(p_values > 0.05)
erro_tipo_II_percentual <- round(p_greater_than_0_05 / n_tests * 100)

# Gráfico

```

```

ggplot2::ggplot(data.frame(p_values), ggplot2::aes(x = p_values)) +
  ggplot2::geom_histogram(binwidth = 0.01, fill = "lightcoral", color = "black", alpha = 0.7) +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = 0.05, color = "red", linetype = "dashed", size = 1) +
  ggplot2::annotate("text", x = 0.25, y = 15,
                    label = paste0("Erro tipo II (p > 0,05): ", erro_tipo_II_percentual, "%"),
                    color = "red", size = 5) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::labs(
    title = expression("Distribuição dos p-valores com H"[0]*" falsa"),
    subtitle = paste("Número de testes com p > 0,05 (erro tipo II):", p_greater_than_0_05, "de", n),
    x = "P-valor",
    y = "Frequência"
  ) +
  ggplot2::theme(axis.text = ggplot2::element_text(size = 12),
                 axis.title = ggplot2::element_text(size = 14)) +
  ggplot2::scale_x_continuous(
    limits = c(0, 1),
    breaks = seq(0, 1, by = 0.25)
  )

# Cria uma tabela de erros tipo S
cross.table.erros <-
  matrix(
    c(
      'Decisão correta',
      'Decisão incorreta (erro tipo S)',
      'Decisão incorreta (erro tipo S)',
      'Decisão correta'
    ),
    nrow = 2,
    ncol = 2,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table.erros) <-
  c("Sinal positivo", "Sinal negativo")
colnames(cross.table.erros) <-
  c("Sinal positivo", "Sinal negativo")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table.erros,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Tabela de erro tipo S de inferência estatística."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  )

```

```

    position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(cross.table.erros)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Parâmetros
mu0 <- 0
mu1 <- 0.2
sigma <- 1
alpha <- 0.05
n <- 30
se <- sigma / sqrt(n)

# Simula erro tipo-S
repeat {
  obs_mean <- rnorm(1, mean = mu1, sd = se)
  z <- (obs_mean - mu0) / se
  if (abs(z) > qnorm(1 - alpha / 2) && obs_mean < 0)
    break
}

# Dados
x <- seq(-1, 1, length.out = 1000)
dens_H0 <- dnorm(x, mean = mu0, sd = se)
dens_H1 <- dnorm(x, mean = mu1, sd = se)
dens_estimado <- dnorm(x, mean = obs_mean, sd = se)

dados <- data.frame(
  x = x,
  H0 = dens_H0,
  H1 = dens_H1,
  Estimado = dens_estimado
)

# Pico das distribuições
pico_H1 <- dnorm(mu1, mean = mu1, sd = se)
pico_estimado <- dnorm(obs_mean, mean = obs_mean, sd = se)

# Definindo novo limite superior do eixo y
y_lim_sup <- max(pico_H1, pico_estimado) + 0.15

plot_base <- ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x)) +
  # Curvas
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = H0, color = "H0"), size = 1) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = H1, color = "H1"), size = 1) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = Estimado, color = "Estimado"),
                     size = 1,
                     linetype = "solid") +

```

```

# Linhas principais
ggplot2::geom_vline(xintercept = mu0,
                     linetype = "dotted",
                     color = "blue") +
ggplot2::geom_vline(xintercept = mu1,
                     linetype = "dotted",
                     color = "red") +
# Labels de médias
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu0,
  y = max(dens_H0) * 0.95,
  label = expression(mu[0]),
  color = "blue",
  hjust = -0.1,
  parse = TRUE
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu1,
  y = max(dens_H1) * 0.95,
  label = expression(mu[1]),
  color = "red",
  hjust = -0.1,
  parse = TRUE
) +
# Seta "efeito real" no pico
ggplot2::annotate(
  "segment",
  x = mu1,
  xend = mu1,
  y = y_lim_sup,
  yend = pico_H1,
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
  color = "red"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = mu1,
  y = y_lim_sup + 0.05,
  label = "Real (+)",
  color = "red",
  hjust = 0.5
) +
# Seta "efeito estimado" no pico
ggplot2::annotate(
  "segment",
  x = obs_mean,
  xend = obs_mean,
  y = y_lim_sup,
  yend = pico_estimado,
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),

```

```

    color = "darkgreen"
) +
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = obs_mean,
  y = y_lim_sup + 0.05,
  label = "Estimado (-)",
  color = "darkgreen",
  hjust = 0.5
) +
ggplot2::scale_color_manual(
  name = "Densidades",
  values = c(
    "H0" = "blue",
    "H1" = "red",
    "Estimado" = "darkgreen"
  )
) +
ggplot2::labs(title = "Erro Tipo-S: Sinal Incorreto", x = "Efeito estimado", y = "Densidade") +
ggplot2::coord_cartesian(xlim = c(-1, 1), ylim = c(0, y_lim_sup + 0.03)) +
ggplot2::theme_minimal() +
ggplot2::theme(legend.position = "none")

# Exibir gráfico
plot_base

# Cria uma tabela de erros tipo M
cross.table.erros <-
matrix(
  c(
    'Decisão correta',
    'Decisão incorreta (erro tipo M)',
    'Decisão incorreta (erro tipo M)',
    'Decisão correta'
  ),
  nrow = 2,
  ncol = 2,
  byrow = FALSE
)
rownames(cross.table.erros) <-
c("Magnitude alta", "Magnitude baixa")
colnames(cross.table.erros) <-
c("Magnitude alta", "Magnitude baixa")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table.erros,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,

```

```

  caption = "Tabela de erro tipo M de inferência estatística."
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("basic"),
  bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(cross.table.erros)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Parâmetros
mu0 <- 0
mu1 <- 0.2
sigma <- 1
alpha <- 0.05
n <- 30
se <- sigma / sqrt(n)

# Simula um efeito superestimado (erro tipo-M)
repeat {
  obs_mean <- rnorm(1, mean = mu1, sd = se)
  z <- (obs_mean - mu0) / se
  if (abs(z) > qnorm(1 - alpha / 2) && obs_mean > mu1)
    break
}

# Densidades para visualização
x <- seq(-1, 1, length.out = 1000)
dens_H0 <- dnorm(x, mean = mu0, sd = se)
dens_H1 <- dnorm(x, mean = mu1, sd = se)
dens_estimado <- dnorm(x, mean = obs_mean, sd = se)

# Picos das curvas
pico_H1 <- dnorm(mu1, mean = mu1, sd = se)
pico_estimado <- dnorm(obs_mean, mean = obs_mean, sd = se)

# Limite superior do eixo y
y_lim_sup <- max(pico_H1, pico_estimado) + 0.15

# Dados para o gráfico
dados <- data.frame(
  x = x,
  H0 = dens_H0,
  H1 = dens_H1,
  Estimado = dens_estimado
)

```

```

# Gráfico
plot_base <- ggplot2::ggplot(dados, ggplot2::aes(x = x)) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = H0, color = "H0"), size = 1) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = H1, color = "H1"), size = 1) +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = Estimado, color = "Estimado"), size = 1) +
  # Linhas verticais para médias
  ggplot2::geom_vline(xintercept = mu0,
                       linetype = "dotted",
                       color = "blue") +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = mu1,
                       linetype = "dotted",
                       color = "red") +
  # Anotações
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = mu0,
    y = max(dens_H0) * 0.95,
    label = expression(mu[0]),
    color = "blue",
    hjust = -0.1,
    parse = TRUE
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = mu1,
    y = max(dens_H1) * 0.95,
    label = expression(mu[1]),
    color = "red",
    hjust = -0.1,
    parse = TRUE
  ) +
  # Setas e texto: efeito real
  ggplot2::annotate(
    "segment",
    x = mu1,
    xend = mu1,
    y = y_lim_sup,
    yend = pico_H1,
    arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
    color = "red"
  ) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = mu1,
    y = y_lim_sup + 0.05,
    label = "Real (+)",
    color = "red",
    hjust = 0.5
  ) +

```

```
# Setas e texto: efeito estimado (superestimado)
ggplot2::annotate(
  "segment",
  x = obs_mean,
  xend = obs_mean,
  y = y_lim_sup,
  yend = pico_estimado,
  arrow = ggplot2::arrow(length = grid::unit(0.2, "cm")),
  color = "darkgreen"
) +
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = obs_mean,
    y = y_lim_sup + 0.05,
    label = "Estimado (++)",
    color = "darkgreen",
    hjust = 0.5
) +
  # Estilo
  ggplot2::scale_color_manual(
    name = "Densidades",
    values = c(
      "H0" = "blue",
      "H1" = "red",
      "Estimado" = "darkgreen"
    )
  ) +
  ggplot2::labs(title = "Erro Tipo-M: Superestimação da Magnitude", x = "Efeito estimado", y = "Densidade") +
  ggplot2::coord_cartesian(xlim = c(-1, 1), ylim = c(0, y_lim_sup + 0.03)) +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(legend.position = "none")

# Exibir gráfico
plot_base
```

RASCUNHO

# Tamanho do efeito e P-valor

## Efeito de interação

```
# Simulate data
set.seed(123) # For reproducibility
n <- 5 # Number of observations

# Create a dataframe with two time points and different offsets
data <- data.frame(
  group = rep(c("A", "B", "B'"), each = n * 2),
  time = rep(c(1, 2), each = n),
  response = c(
    5 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group A at time 1
    15 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group A at time 2
    10 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B' at time 1
    20 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B' at time 2
    rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B at time 1
    rnorm(n, mean = 0, sd = 1) # Group B at time 2
  )
)

# add offset to group B at 2
data$response[data$group == "B'" &
             data$time == 1] <- data$response[data$group == "B" &
                                         data$time == 1]
data$response[data$group == "B'" &
             data$time == 2] <- data$response[data$group == "B" &
                                         data$time == 2] + 5

# Calculate means for plotting
means <- aggregate(response ~ group + time, data, mean)

# Create the plot
ggplot2::ggplot(means,
  ggplot2::aes(
    x = time,
```



```

        data$time == 2])
),
arrow = ggplot2::arrow(
  type = "open",
  length = grid::unit(0.1, "inches"),
  ends = "both",
  angle = 20
),
color = "black",
linetype = "dashed"
) +
# annotate plot with "Efeito de interação"
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = 2,
  y = mean(data$response[data$group != "A" &
                           data$time == 2]),
  label = "Tamanho do efeito \n estimado",
  size = 3,
  color = "black",
  hjust = -0.1,
  vjust = 0.5
) +
# augment x axis margins to make room for annotations
ggplot2::scale_x_continuous(
  breaks = c(1, 2),
  labels = c("Antes", "Depois"),
  expand = c(0.3, 0.3)
)

# Simulate data
set.seed(123) # For reproducibility
n <- 5 # Number of observations

# Create a dataframe with two time points and different offsets
data <- data.frame(
  group = rep(c("A", "B", "B'"), each = n * 2),
  time = rep(c(1, 2), each = n),
  response = c(
    5 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group A at time 1
    15 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group A at time 2
    10 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B' at time 1
    20 + rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B' at time 2
    rnorm(n, mean = 0, sd = 1),
    # Group B at time 1
    rnorm(n, mean = 0, sd = 1) # Group B at time 2
  )
)

```

```

# add offset to group B at 2
data$response[data$group == "B" &
             data$time == 1] <- data$response[data$group == "B" &
                                              data$time == 1]
data$response[data$group == "B" &
             data$time == 2] <- data$response[data$group == "B" &
                                              data$time == 2] - 5

# Calculate means for plotting
means <- aggregate(response ~ group + time, data, mean)

# Create the plot
ggplot2::ggplot(means,
                ggplot2::aes(
                  x = time,
                  y = response,
                  color = group,
                  group = group
                )) +
  ggplot2::geom_line(size = 1) +                      # Draw lines for means
  ggplot2::geom_point(size = 3) +                     # Add points for means
  ggplot2::labs(title = "", x = "Tempo", y = "Resposta") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::scale_color_manual(values = c("black", "gray", "black")) + # Custom colors
  ggplot2::theme(legend.title = ggplot2::element_blank()) +
  # minimum theme
  ggplot2::theme(
    panel.grid.major = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.minor = ggplot2::element_blank(),
    panel.background = ggplot2::element_blank(),
    axis.line = ggplot2::element_line(colour = "black")
  ) +
  # move legend to the top left corner
  ggplot2::theme(legend.position = c(0, 1),
                legend.justification = c(0, 1)) +
  # annotate plot with "Efeito esperado sem interação"
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 2,
    y = mean(data$response[data$group == "B" &
                                data$time == 2]),
    label = "Sem efeito de \n interação",
    size = 3,
    color = "gray",
    hjust = -0.1,
    vjust = 0.5
  ) +
  # annotate plot with "Efeito esperado com interação"
  ggplot2::annotate(
    "text",
    x = 2,

```

```

y = mean(data$response[data$group == "B'" &
                        data$time == 2]),
label = "Com efeito de \n interação",
size = 3,
color = "black",
hjust = -0.1,
vjust = 0.5
) +
# draw dashed arrow of effect from B' to B at time 2
ggplot2::geom_segment(
  ggplot2::aes(
    x = 2,
    xend = 2,
    y = mean(data$response[data$group == "B'" &
                                data$time == 2]),
    yend = mean(data$response[data$group == "B" &
                                data$time == 2]))
),
arrow = ggplot2::arrow(
  type = "open",
  length = grid::unit(0.1, "inches"),
  ends = "both",
  angle = 20
),
color = "black",
linetype = "dashed"
) +
# annotate plot with "Efeito de interação"
ggplot2::annotate(
  "text",
  x = 2,
  y = mean(data$response[data$group != "A" &
                                data$time == 2]),
  label = "Tamanho de efeito \n estimado",
  size = 3,
  color = "black",
  hjust = -0.1,
  vjust = 0.5
) +
# augment x axis margins to make room for annotations
ggplot2::scale_x_continuous(
  breaks = c(1, 2),
  labels = c("Antes", "Depois"),
  expand = c(0.3, 0.3)
)

```

## P-valor

```

# Criar grid 10x10 (100 quadrados)
set.seed(42) # Para reproduzibilidade
grid <- expand.grid(x = 1:10, y = 1:10)

```

```
# Criar vetor de cor com todos brancos
grid$cor <- "branco"

# Selecionar aleatoriamente 5 índices para serem cinza escuro
cinzas <- sample(1:100, 5)
grid$cor[cinzas] <- "cinza escuro"

# Criar o gráfico
ggplot2::ggplot(grid, ggplot2::aes(x = x, y = y, fill = cor)) +
  ggplot2::geom_tile(color = "black") +
  ggplot2::scale_fill_manual(values = c("cinza escuro" = "gray30", "branco" = "white")) +
  ggplot2::coord_fixed() +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(axis.title = ggplot2::element_blank(),
    axis.text = ggplot2::element_blank(),
    axis.ticks = ggplot2::element_blank(),
    legend.position = "none") +
  ggplot2::gtitle("Visualização de p < 0,05 (5 quadrados aleatórios em 100)")
```

# Testes estatísticos

## Testes de Qui-quadrado ( $\chi^2$ )

```
# carrega os pacotes
library("dplyr")
library("gtsummary")

# tabela 2x2
tbl_cross <-
  # banco de dados
  trial %>%
  # cria a tabela de contingência
  gtsummary::tbl_cross(
    row = trt,
    col = response,
    statistic = "{n}",
    digits = 0,
    percent = "cell",
    margin = c("row", "column"),
    missing = "no",
    missing_text = "Dados perdidos",
    margin_text = "Total"
  ) %>%
  # calcula o p-valor do teste
  gtsummary::add_p(
    test = "chisq.test",
    pvalue_fun = function(x) style_pvalue(x, digits = 3)
  ) %>%
  gtsummary::modify_header(
    p.value = "***P-valor***"
  ) %>%
  # calcula o tamanho do efeito
  gtsummary::modify_table_styling(
    rows = NULL,
    footnote = as.character(rstatix::cramer_v(trt, response))
  ) %>%
  # formata o título em negrito
  gtsummary::bold_labels() %>%
  # cria título da tabela
  gtsummary::modify_caption(
    "Teste Qui-quadrado (com correção de Yates)"
```

```

    )

# exibe a tabela
require(huxtable)
tbl_cross %>%
  gtsummary::as_hux_table()

# carrega os pacotes
library("dplyr")
library("gtsummary")

# tabela 2x2
tbl_cross <-
  # banco de dados
  trial %>%
  # cria a tabela de contingência
  gtsummary::tbl_cross(
    row = trt,
    col = response,
    statistic = "{n}",
    digits = 0,
    percent = "cell",
    margin = c("row", "column"),
    missing = "no",
    missing_text = "Dados perdidos",
    margin_text = "Total"
  ) %>%
  # calcula o p-valor do teste
  gtsummary::add_p(
    test = "chisq.test.no.correct",
    pvalue_fun = function(x) style_pvalue(x, digits = 3)
  ) %>%
  gtsummary::modify_header(
    p.value = "***P-valor***"
  ) %>%
  # calcula o tamanho do efeito
  gtsummary::modify_table_styling(
    rows = NULL,
    footnote = as.character(rstatix::cramer_v(trt, response))
  ) %>%
  # formata o título em negrito
  gtsummary::bold_labels() %>%
  # cria título da tabela
  gtsummary::modify_caption(
    "Teste Qui-quadrado (sem correção de Yates)"
  )

# exibe a tabela
require(huxtable)
tbl_cross %>%
  gtsummary::as_hux_table()

```

## Teste exato de Fisher

```
# carrega os pacotes
library("dplyr")
library("gtsummary")

# tabela 2x2
tbl_cross <-
  # banco de dados
  trial %>%
  # cria a tabela de contingência
  gtsummary::tbl_cross(
    row = trt,
    col = response,
    statistic = "{n}",
    digits = 0,
    percent = "cell",
    margin = c("row", "column"),
    missing = "no",
    missing_text = "Dados perdidos",
    margin_text = "Total"
  ) %>%
  # calcula o p-valor do teste
  gtsummary::add_p(
    test = "fisher.test",
    pvalue_fun = function(x) style_pvalue(x, digits = 3)
  ) %>%
  gtsummary::modify_header(
    p.value = "**P-valor**"
  ) %>%
  # calcula o tamanho do efeito
  gtsummary::modify_table_styling(
    rows = NULL,
    footnote = as.character(rstatix::cramer_v(trt, response))
  ) %>%
  # formata o título em negrito
  gtsummary::bold_labels() %>%
  # cria título da tabela
  gtsummary::modify_caption(
    "Teste exato de Fisher"
  )

# exibe a tabela
require(huxtable)
tbl_cross %>%
  gtsummary::as_hux_table()
```

RASCUNHO

# Correlação

## Análise inferencial de correlação

```
# Generate data with given correlation
generate_data <- function(n, rho) {
  Sigma <- base::matrix(c(1, rho, rho, 1), ncol = 2)
  MASS::mvrnorm(n = n, mu = c(0, 0), Sigma = Sigma)
}

# Reproducibility
base::set.seed(123)
n <- 100

# Define correlation matrix for 25 panels (5x5), center = 0
rho_mat <- base::matrix(c(
  -0.99, -0.95, -0.90, -0.85, -0.80,
  -0.70, -0.60, -0.50, -0.40, -0.30,
  -0.20, -0.10,  0.00,  0.10,  0.20,
  0.30,  0.40,  0.50,  0.60,  0.70,
  0.80,  0.85,  0.90,  0.95,  0.99
), nrow = 5, byrow = TRUE)

# Build dataframe
layout_df <- base::do.call(base::rbind,
  base::lapply(base::seq_len(base::nrow(rho_mat)), function(r) {
    base::do.call(base::rbind,
      base::lapply(base::seq_len(base::ncol(rho_mat)), function(c) {
        rho <- rho_mat[r, c]
        m <- generate_data(n, rho)
        base::data.frame(
          x = m[,1],
          y = m[,2],
          rho = rho,
          row = base::factor(r, levels = 1:5),
          col = base::factor(c, levels = 1:5),
          label = base::sprintf("r = %.2f", rho)
        )
      })
    )
  })
)
```

```

# Plot
ggplot2::ggplot(layout_df, ggplot2::aes(x = x, y = y)) +
  ggplot2::geom_point(alpha = 0.7) +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color = "gray40") +
  ggplot2::facet_grid(rows = ggplot2::vars(row), cols = ggplot2::vars(col), drop = FALSE) +
  ggplot2::labs(x = "X", y = "Y") +
  ggplot2::theme_minimal() +
  ggplot2::theme(
    strip.text      = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.major = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.minor = ggplot2::element_blank(),
    axis.line       = ggplot2::element_line(color = "black"),
    aspect.ratio    = 1,
    panel.spacing   = grid::unit(0.35, "lines"),
    plot.margin     = ggplot2::margin(10, 5, 10, 5)
  ) +
  ggplot2::geom_text(
    data = stats::aggregate(cbind(x, y) ~ label + row + col, layout_df, function(z) NA)[, c("label", "r",
      inherit.aes = FALSE,
      ggplot2::aes(x = -Inf, y = Inf, label = label),
      hjust = -0.05, vjust = 1.1
    )
  )

library(dplyr)
anscombe.dt <- datasets::anscombe
anscombe.dt$ID <- seq(1, dim(anscombe.dt)[1])
anscombe.dt <- anscombe.dt[c(9, 1:8)]

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  anscombe.dt,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Quarteto de Anscombe."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(dim(anscombe.dt)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

anscombe.dt <- anscombe.dt %>% dplyr::select(-ID)

cat('<br>')
cat('<br>')

```

```

# exibe a tabela descritiva
anscombe.summ <- data.frame(
  "X1Y1" = c(NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA),
  "X2Y2" = c(NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA),
  "X3Y3" = c(NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA),
  "X4Y4" = c(NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
)
ff <- y ~ x
mods <- setNames(as.list(1:4), paste0("lm", 1:4))
for (i in 1:4) {
  ff[2:3] <- lapply(paste0(c("y", "x"), i), as.name)
  mods[[i]] <- lm(ff, data = anscombe.dt)
  # observacoes
  anscombe.summ[1, i] <- dim(anscombe.dt)[1]
  # media x,y
  anscombe.summ[2, i] <- mean(anscombe.dt[, paste0("x", i)])
  anscombe.summ[3, i] <- mean(anscombe.dt[, paste0("y", i)])
  # variancia x,y
  anscombe.summ[4, i] <- var(anscombe.dt[, paste0("x", i)])
  anscombe.summ[5, i] <- var(anscombe.dt[, paste0("y", i)])
  # correlacao
  anscombe.summ[6, i] <-
    cor(anscombe.dt[, paste0("x", i)], anscombe.dt[, paste0("y", i)])
  # coeficiente angular
  anscombe.summ[7, i] <- coef(lmi)[2]
  # coeficiente linear
  anscombe.summ[8, i] <- coef(lmi)[1]
  # coeficiente de determinacao
  anscombe.summ[9, i] <- summary(lmi)$r.squared
}
rownames(anscombe.summ) <-
  c(
    "Observações",
    "Média x",
    "Média y",
    "Variância x",
    "Variância y",
    "Correlação",
    "Coeficiente angular",
    "Coeficiente linear",
    "Coeficiente de determinação"
  )
anscombe.summ <- round(anscombe.summ, 2)

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  anscombe.summ,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = ""
)

```

```

escape = FALSE,
caption = "Análise descritiva do Quarteto de Anscombe demonstrando os conjuntos de dados bivariados com
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("basic"),
  bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(anscombe.summ)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

library(dplyr)
anscombe.dt <- datasets::anscombe
anscombe.dt$ID <- seq(1, dim(anscombe.dt)[1])

# exibe o gráfico
datLong <- data.frame(
  group = paste0("Quarteto ", rep(1:4, each = 11)),
  x = unlist(anscombe.dt[, c(1:4)]),
  y = unlist(anscombe.dt[, c(5:8)])
)
rownames(datLong) <- NULL
ggplot2::ggplot(data = datLong,
                 mapping = ggplot2::aes(x = x, y = y, group = group)) +
  ggplot2::geom_point(fill = "black") +
  ggplot2::geom_smooth(
    method = "lm",
    se = FALSE,
    fullrange = TRUE,
    colour = "grey"
  ) +
  ggplot2::facet_wrap(~ group) +
  ggplot2::theme(
    panel.background = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.major = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.minor = ggplot2::element_blank(),
    axis.line = ggplot2::element_line(colour = "black")
  ) +
  ggplot2::theme(legend.key = ggplot2::element_blank()) +
  ggplot2::coord_fixed()

```

## Colinearidade

# Regressão

## Análise de regressão

```
# simulate X
set.seed(123)
X <- rnorm(100, mean = 50, sd = 10)

# simulate Y based on X
Y <- 5 + 2 * X + rnorm(100, mean = 0, sd = 30)

# create a dataframe
data <- data.frame(X, Y)

# create the regression model
model <- lm(Y ~ X, data = data)

ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm",
                       color = "blue",    # cor da linha
                       fill = "grey70",   # cor da área IC95%
                       se = TRUE) +      # mostra o intervalo de confiança
  ggplot2::labs(title = "Regressão linear",
                x = "Variável Independente (X)",
                y = "Variável Dependente (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()

# simulate X
set.seed(123)
X <- seq(-10, 10, length.out = 100)

# simulate Y based on a non-linear function of X
Y <- 5 + 2 * X^2 + rnorm(100, mean = 0, sd = 30)

# create a dataframe
data <- data.frame(X, Y)

# create the regression model
model <- lm(Y ~ poly(X, 2), data = data)

# plot the regression line
```

```

ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm",
    formula = y ~ poly(x, 2),
    color = "blue",
    fill = "grey70", # cor da área do IC
    se = TRUE) +      # ativa o intervalo de confiança
  ggplot2::labs(title = "Regressão não-linear",
    x = "Variável Independente (X)",
    y = "Variável Dependente (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()

# simulate X
set.seed(123)
X <- seq(-10, 10, length.out = 100)

# simulate Y based on a polynomial function of X
Y <- 5 + 2 * X^3 - 0.1 * X^2 + rnorm(100, mean = 0, sd = 30)

# create a dataframe
data <- data.frame(X, Y)

# create the regression model
model <- lm(Y ~ poly(X, 3), data = data)

ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_smooth(method = "lm",
    formula = y ~ poly(x, 3),
    color = "blue",      # cor da linha
    fill = "grey70",     # cor da faixa IC95%
    se = TRUE) +        # ativa o intervalo de confiança
  ggplot2::labs(title = "Regressão polinomial",
    x = "Variável Independente (X)",
    y = "Variável Dependente (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()

# simulate X
set.seed(123)
X <- seq(-10, 10, length.out = 100)
Y <- 5 + 2 * X + rnorm(100, mean = 0, sd = 5)
data <- data.frame(X, Y)

# criar matriz de preditores com intercepto
X_matrix <- model.matrix(~ X, data = data)

# ajustar modelo de regressão ridge
model <- glmnet::glmnet(X_matrix, data$Y, alpha = 0)

# previsão (usando lambda padrão)
predicted_Y <- predict(model, newx = X_matrix, s = 0.01)

```

```

# adicionar ao dataframe
data$Y_pred <- as.numeric(predicted_Y)

# plotar com ggplot
ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point(color = "gray40") +
  ggplot2::geom_line(ggplot2::aes(y = Y_pred), color = "blue", size = 1) +
  ggplot2::labs(title = "Regressão Ridge",
    x = "Variável Independente (X)",
    y = "Variável Dependente (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()

# simulate X
set.seed(123)
X <- rnorm(100, mean = 50, sd = 10)

# simulate a binary outcome Y based on X
prob <- 1 / (1 + exp(-( -5 + 0.1 * X))) # logistic function
Y <- rbinom(100, size = 1, prob = prob) # sample Y ~ Bernoulli(prob)

# create a dataframe
data <- data.frame(X, Y)

# create the logistic regression model
model <- glm(Y ~ X, data = data, family = binomial)

# plot the regression line
ggplot2::ggplot(data, ggplot2::aes(x = X, y = Y)) +
  ggplot2::geom_point() +
  ggplot2::geom_smooth(method = "glm", method.args = list(family = "binomial"), color = "blue") +
  ggplot2::labs(title = "Regressão logística",
    x = "Variável Independente (X)",
    y = "Probabilidade de Sucesso (Y)") +
  ggplot2::theme_minimal()

```

## Multicolinearidade

```

# Set the seed for reproducibility
set.seed(123)

# Generate an independent variable
X1 <- rnorm(100, mean = 50, sd = 10)

# Generate a second variable that is highly correlated with X1
X2 <- 0.8 * X1 + rnorm(100, mean = 0, sd = 5)

# Generate a third variable that is not correlated with X1 or X2
X3 <- rnorm(100, mean = 30, sd = 5)

# Combine the variables into a dataframe
data <- data.frame(X1, X2, X3)

```

```
# Create the customized grid plot
GGally::ggpairs(
  data,
  lower = list(continuous = GGally::wrap("smooth", method = "lm")),
  diag = list(continuous = "densityDiag"),
  upper = list(continuous = "cor")
) +
  ggplot2::theme(
    panel.background = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.major = ggplot2::element_blank(),
    panel.grid.minor = ggplot2::element_blank(),
    axis.line = ggplot2::element_line(color = "black")
)
```

## Suposições dos modelos

```
# Definir semente
set.seed(123)

# Simular dados
n <- 100
x1 <- stats::rnorm(n, mean = 50, sd = 10)
x2 <- stats::rnorm(n, mean = 30, sd = 5)
erro <- stats::rnorm(n, mean = 0, sd = 5)
y <- 10 + 0.5 * x1 - 0.3 * x2 + erro

# Data frame
dados <- data.frame(y = y, x1 = x1, x2 = x2)

# Modelo
modelo <- stats::lm(y ~ x1 + x2, data = dados)

# Dados auxiliares para gráficos
dados_diag <- dados %>%
  dplyr::mutate(
    Ajustado = stats::fitted(modelo),
    Resíduo = stats::resid(modelo),
    Resíduo_pad = stats::rstandard(modelo),
    Raiz_Resíduo_pad = sqrt(abs(Resíduo_pad)),
    Cook = stats::cooks.distance(modelo),
    Alavancagem = stats::hatvalues(modelo)
  )

# Gráfico 1: Resíduos vs Ajustados
g1 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(x = Ajustado, y = Resíduo)) +
  ggplot2::geom_point(color = "blue") +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "black") +
  ggplot2::labs(title = "Resíduos vs Ajustados", subtitle = "--- Resíduo = 0",
               x = "Valores Ajustados", y = "Resíduos") +
  ggplot2::theme_minimal()
```

```

# Gráfico 2: QQ Plot
g2 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(sample = Resíduo)) +
  ggplot2::stat_qq(color = "darkgreen") +
  ggplot2::stat_qq_line(color = "black", linetype = "dashed") +
  ggplot2::labs(title = "Normal Q-Q", subtitle = "--- Distribuição Normal Teórica",
               x = "Quantis Teóricos", y = "Resíduos") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Gráfico 3: Scale-Location
g3 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(x = Ajustado, y = Raiz_Resíduo_pad)) +
  ggplot2::geom_point(color = "orange") +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 0, linetype = "dashed", color = "black") +
  ggplot2::labs(title = "Scale-Location", subtitle = "--- Referência visual",
               x = "Valores Ajustados", y = " $\sqrt{|Resíduos Padronizados|}$ ") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Gráfico 4: Distância de Cook
g4 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(x = seq_along(Cook), y = Cook)) +
  ggplot2::geom_segment(ggplot2::aes(xend = seq_along(Cook), yend = 0), color = "purple") +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 4/n, linetype = "dashed", color = "black") +
  ggplot2::labs(title = "Distância de Cook", subtitle = "--- Limite sugerido (4/n)",
               x = "Observação", y = "Distância") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Gráfico 5: Observado vs Ajustado
lim <- range(c(dados_diag$y, dados_diag$Ajustado))
g5 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(x = y, y = Ajustado)) +
  ggplot2::geom_point(color = "darkblue") +
  ggplot2::geom_abline(intercept = 0, slope = 1, linetype = "dashed", color = "black") +
  ggplot2::coord_cartesian(xlim = lim, ylim = lim) +
  ggplot2::labs(title = "Observado vs Ajustado", subtitle = "--- y = x",
               x = "Valores Observados", y = "Valores Ajustados") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Gráfico 6: Alavancagem
g6 <- ggplot2::ggplot(dados_diag, ggplot2::aes(x = seq_along(Alavancagem), y = Alavancagem)) +
  ggplot2::geom_point(color = "darkred") +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 2 * mean(dados_diag$Alavancagem), linetype = "dashed", color =
  ggplot2::labs(title = "Alavancagem", subtitle = "--- 2 × média",
               x = "Observação", y = "Valores de Alavancagem") +
  ggplot2::theme_minimal()

# Organizar os 6 gráficos em 2x3
gridExtra::grid.arrange(g1, g2, g3, g4, g5, g6, nrow = 2)

```

RASCUNHO

# Modelos

## Avaliação de modelos

```
# Reproduibilidade
set.seed(123)

# Modelo
dados <- data.frame(x = rnorm(100, 5, 2),
                      y = 3 + 1.5 * rnorm(100, 5, 2) + rnorm(100))
modelo <- lm(y ~ x, data = dados)

# Resultado
resultado <- performance::model_performance(modelo)

# Reestruturando para exibir como "Métrica / Valor"
resultado_df <- as.data.frame(t(resultado)) # transpor para linhas
resultado_df$Métrica <- rownames(resultado_df)
colnames(resultado_df)[1] <- "Valor"
rownames(resultado_df) <- NULL
resultado_df <- resultado_df[, c("Métrica", "Valor")]

# Formatando os valores numéricos
resultado_df$Valor <- formatC(
  resultado_df$Valor,
  format = "f",
  digits = 3,
  big.mark = ",",
  decimal.mark = "."
)

resultado_df$Métrica <- dplyr::recode(
  resultado_df$Métrica,
  AIC = "AIC",
  AICc = "AIC corrigido",
  BIC = "BIC",
  R2 = "$R^2$",
  R2_adjusted = "$R^2$ ajustado",
  RMSE = "Erro quadrático médio (RMSE)",
  Sigma = "Desvio residual (Sigma)"
)
```

```
# Exibindo com estilo avançado
kableExtra::kable(
  resultado_df,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Métricas de desempenho do modelo de regressão linear."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), TRUE, TRUE),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(nrow(resultado_df), extra_css = "border-bottom: 1px solid")
```

## Calibração de modelos

# Análise causal

## Diagramas acíclicos direcionados (DAGs)

```
# ----- Funções auxiliares -----
.build_nodes_df <- function(dag, panel_label){
  coords <- dagitty::coordinates(dag)
  nms <- union(names(coords$x), names(coords$y))
  x <- unname(coords$x[nms]); names(x) <- NULL
  y <- unname(coords$y[nms]); names(y) <- NULL
  data.frame(
    name = nms, x = as.numeric(x), y = as.numeric(y),
    panel = panel_label, stringsAsFactors = FALSE
  )
}

.build_edges_df <- function(dag, nodes_df){
  ed <- dagitty::edges(dag)
  if(nrow(ed) == 0L) return(data.frame())
  x_of <- function(nm) nodes_df$x[match(nm, nodes_df$name)]
  y_of <- function(nm) nodes_df$y[match(nm, nodes_df$name)]
  data.frame(
    x      = x_of(ed$v), y      = y_of(ed$v),
    xend  = x_of(ed$w), yend = y_of(ed$w),
    panel = nodes_df$panel[1], stringsAsFactors = FALSE
  )
}

# Encurtar arestas para não invadir os nós
trim_edges_to_node_border <- function(edges, node_r = 0.085){
  if(nrow(edges) == 0L) return(edges)
  dx <- edges$xend - edges$x
  dy <- edges$yend - edges$y
  L <- sqrt(dx*dx + dy*dy)
  ux <- dx / L
  uy <- dy / L
  # recua na origem e no destino
  edges$x <- edges$x + ux * node_r
  edges$y <- edges$y + uy * node_r
  edges$xend <- edges$xend - ux * node_r
  edges$yend <- edges$yend - uy * node_r
  edges
```

```

}

# ----- DAGs -----
dag_ind <- dagitty::dagitty("dag { X Y }")
dagitty::coordinates(dag_ind) <- list(x = c(X=0, Y=1), y = c(X=0, Y=0))

dag_chain <- dagitty::dagitty("dag { X -> M -> Y }")
dagitty::coordinates(dag_chain) <- list(x = c(X=0, M=0.5, Y=1), y = c(X=0, M=0, Y=0))

dag_fork <- dagitty::dagitty("dag { X <- Z -> Y }")
dagitty::coordinates(dag_fork) <- list(x = c(X=0, Z=0.5, Y=1), y = c(X=0, Z=0, Y=0))

dag_coll <- dagitty::dagitty("dag { X -> Z <- Y }")
dagitty::coordinates(dag_coll) <- list(x = c(X=0, Z=0.5, Y=1), y = c(X=0, Z=0, Y=0))

# ----- Data frames -----
nodes_all <- rbind(
  .build_nodes_df(dag_ind, "1) Independência"),
  .build_nodes_df(dag_chain, "2) Cadeia (X → M → Y)"),
  .build_nodes_df(dag_fork, "3) Garfo (X ← Z → Y)"),
  .build_nodes_df(dag_coll, "4) Colisor (X → Z ← Y)")
)

edges_all <- rbind(
  .build_edges_df(dag_ind, subset(nodes_all, panel == "1) Independência")),
  .build_edges_df(dag_chain, subset(nodes_all, panel == "2) Cadeia (X → M → Y)")),
  .build_edges_df(dag_fork, subset(nodes_all, panel == "3) Garfo (X ← Z → Y)")),
  .build_edges_df(dag_coll, subset(nodes_all, panel == "4) Colisor (X → Z ← Y)"))
)

# *** Ajuste importante: encurtar arestas ***
edges_all <- trim_edges_to_node_border(edges_all, node_r = 0.085)

# ----- Plot -----
p <- ggplot2::ggplot() +
  # Arestas com setas visíveis
  ggplot2::geom_segment(
    data = edges_all,
    mapping = ggplot2::aes(x = x, y = y, xend = xend, yend = yend),
    arrow = grid::arrow(length = grid::unit(0.25, "in"), ends = "last", type = "closed"),
    linewidth = 1
  ) +
  # Nós grandes (círculo branco com contorno)
  ggplot2::geom_point(
    data = nodes_all,
    mapping = ggplot2::aes(x = x, y = y),
    shape = 21, fill = "white", color = "black",
    stroke = 1.6, size = 14
  ) +
  # Letras dentro dos círculos
  ggplot2::geom_text(
    data = nodes_all,

```

```
mapping = ggplot2::aes(x = x, y = y, label = name),
size = 6, fontface = "bold", vjust = 0.35, hjust = 0.5
) +
ggdag::theme_dag() +
ggplot2::facet_wrap(~ panel, ncol = 2) +
ggplot2::theme(
  plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5, size = 14),
  panel.spacing = grid::unit(5, "lines"),
  plot.margin = grid::unit(c(0.5, 0.5, 0.5, 0.5), "cm")
) +
ggplot2::coord_cartesian(clip = "off")

print(p)
```

RASCUNHO

# Inteligência artificial

## IA generativa e grandes modelos de linguagem

```
# Reprodutibilidade
set.seed(42)

# 1) Texto e tokenização
texto <- "Os modelos de linguagem grandes (LLMs) aprendem padrões e sugerem o próximo token." 

# Tokenizador simples: palavras, números, abreviações e pontuação
tokens <- stringr::str_extract_all(texto, "[\\p{L}\\p{N}]+(?:[''][\\p{L}\\p{N}]+)?|[:punct:]", s
tokens <- tokens[tokens != ""] 
tokens_df <- tibble::tibble(idx = seq_along(tokens), token = tokens)

# 2) "Mini-LLM" ilustrativo
#   Embeddings aleatórios + atenção toy + softmax
# Vocabulário = tokens do texto + alguns candidatos de próxima palavra
candidatos <- c("e", "então", "porque", "mas", "gato", "cachorro", "token", "modelo", ".", ",") 
vocab <- unique(c(tokens, candidatos))

d <- 32 # dimensão do embedding (toy)
E <- matrix(rnorm(length(vocab) * d), nrow = length(vocab), ncol = d)
rownames(E) <- vocab

# Mapeia cada token ao seu embedding
emb_for <- function(tok) E[as.character(tok), , drop = FALSE]

# Contexto = média dos embeddings dos tokens já vistos
contexto <- apply(do.call(rbind, lapply(tokens, emb_for)), 2, mean)

# Logits ~ similaridade (produto interno) com o contexto
logits <- as.numeric(E %*% contexto)
names(logits) <- vocab

# Softmax com temperatura
softmax <- function(x, temp = 0.8) {
  z <- x / temp
  z <- z - max(z)
  exp_z <- exp(z)
  exp_z / sum(exp_z)
}
```

```

probs <- softmax(logits, temp = 0.8)
pred_df <- tibble::tibble(token = names(probs), prob = probs) |>
  dplyr::arrange(dplyr::desc(prob))

top_k <- 10
pred_top <- pred_df |> dplyr::slice(1:top_k) |>
  dplyr::mutate(token = factor(token, levels = rev(token)))

# 3) Atenção "toy"
#   Último token (query) atendendo aos anteriores (keys)
# Para a atenção, criamos Q e K a partir de E (projeções lineares aleatórias)
Wq <- matrix(rnorm(d * d), nrow = d, ncol = d)
Wk <- matrix(rnorm(d * d), nrow = d, ncol = d)

# Keys: um por token da sequência
K_mat <- do.call(rbind, lapply(tokens, function(tk) emb_for(tk) %*% Wk))
# Query: do último token
q_vec <- as.numeric(emb_for(tail(tokens, 1)) %*% Wq)[1, ]

# Pesos de atenção do último token para todos os anteriores
att_logits <- as.numeric(K_mat %*% q_vec) / sqrt(d)
att_w <- softmax(att_logits, temp = 1.0)

att_df <- tibble::tibble(idx = seq_along(tokens), token = tokens, att = att_w)

# 4) Figuras (3 painéis)

# Painel A: sequência de tokens
pal <- scales::hue_pal()(length(unique(tokens)))
tokens_df <- tokens_df |>
  dplyr::mutate(tok_id = as.integer(factor(token)),
               y = 1)

# Painel A: sequência de tokens (sem cores, apenas moldura preta)
g_seq <- ggplot2::ggplot(tokens_df, ggplot2::aes(xmin = idx - 0.5, xmax = idx + 0.5,
                                                 ymin = 0.5, ymax = 1.5)) +
  ggplot2::geom_rect(fill = "white", color = "black") +
  ggplot2::geom_text(ggplot2::aes(x = idx, y = 1, label = token), size = 3) +
  ggplot2::scale_x_continuous(breaks = tokens_df$idx) +
  ggplot2::scale_y_continuous(NULL, breaks = NULL, limits = c(0.4, 1.6)) +
  ggplot2::labs(title = "A) Sequência de tokens (após tokenização)") +
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 12) +
  ggplot2::theme(panel.grid = ggplot2::element_blank(),
                axis.title.x = ggplot2::element_blank(),
                axis.text.x = ggplot2::element_text(size = 8, vjust = 0.5))

# Painel B: atenção do último token para os anteriores
g_att <- ggplot2::ggplot(att_df, ggplot2::aes(x = idx, y = att)) +
  ggplot2::geom_col() +
  ggplot2::geom_text(ggplot2::aes(label = token), nudge_y = 0.02, size = 3, angle = 0) +
  ggplot2::scale_y_continuous(labels = scales::percent_format(accuracy = 1)) +
  ggplot2::scale_x_continuous(breaks = att_df$idx) +

```

```
ggplot2::labs(title = paste0("B) Atenção do último token: \\"", tail(tokens,1), "\\",\"),  
  x = "posição na sequência", y = "peso de atenção") +  
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 12)  
  
# Painel C: top-k previsões de próximo token (toy)  
g_pred <- ggplot2::ggplot(pred_top, aes(x = token, y = prob)) +  
  ggplot2::geom_col() +  
  ggplot2::coord_flip() +  
  ggplot2::scale_y_continuous(labels = scales::percent_format(accuracy = 0.1)) +  
  ggplot2::labs(title = "C) Próximo token (top-10) - distribuição toy",  
    x = NULL, y = "probabilidade") +  
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 12)  
  
# Compor figura  
gridExtra::grid.arrange(g_seq, g_att, g_pred, ncol = 1, heights = c(1.2, 1.2, 1.4))
```

RASCUNHO

# Delineamento de estudos

## Alocação

```
allocation_plot <- function(n_left = 6,
                           lab_title = "Alocação Aleatória (1:1)",
                           img_path   = "./images/person.svg",
                           right_split_y = 3,
                           gap = 0.2,
                           curve_frac = 0.85) {

  # painéis
  left_panel <- data.frame(xmin = 0, xmax = 4, ymin = 0, ymax = 6.2)
  right_panel <- data.frame(xmin = 6.8, xmax = 11, ymin = 0, ymax = 6)

  # pessoas no painel esquerdo
  left_people <- data.frame(
    x = seq(0.6, 3.4, length.out = n_left),
    y = rep(3, n_left),
    id = 1:n_left,
    image = img_path
  )

  # alocação aleatória balanceada
  arms <- sample(rep(c("A", "B"), length.out = n_left))
  ids_A <- left_people$id[arms == "A"]
  ids_B <- left_people$id[arms == "B"]

  make_row <- function(ids, yval, xmin = 7.7, xmax = 10.3) {
    xs <- seq(xmin, xmax, length.out = max(3, length(ids)))
    data.frame(x = xs[seq_along(ids)], y = yval, id = ids, image = img_path)
  }
  right_top <- make_row(ids_A, yval = 4.8); right_top$arm <- "A"
  right_bot <- make_row(ids_B, yval = 1.2); right_bot$arm <- "B"
  right_people <- rbind(right_top, right_bot)

  # setas: origem, nó e destinos (primeiros de cada fileira)
  origin <- data.frame(x = left_panel$xmax + 0.2, y = 3.0)
  node   <- data.frame(x = 5.5, y = 3.0)
  dest_A <- subset(right_top, id == min(right_top$id))[1, c("x", "y")]
  dest_B <- subset(right_bot, id == min(right_bot$id))[1, c("x", "y")]

}
```

```

# encurtar curvas para não entrar no ícone
shorten <- function(x0, y0, x1, y1, frac = 0.85) {
  data.frame(x = x0 + frac * (x1 - x0),
             y = y0 + frac * (y1 - y0))
}

end_A <- shorten(node$x, node$y, dest_A$x, dest_A$y, frac = curve_frac)
end_B <- shorten(node$x, node$y, dest_B$x, dest_B$y, frac = curve_frac)

ggplot2::ggplot() +
  # painel esquerdo
  ggplot2::annotate("rect",
    xmin = left_panel$xmin, xmax = left_panel$xmax,
    ymin = left_panel$ymin, ymax = left_panel$ymax,
    fill = "grey90", colour = "black"
  ) +
  # painel direito superior
  ggplot2::annotate("rect",
    xmin = right_panel$xmin, xmax = right_panel$xmax,
    ymin = right_split_y + gap/2, ymax = right_panel$ymax,
    fill = "grey90", colour = "black"
  ) +
  # painel direito inferior
  ggplot2::annotate("rect",
    xmin = right_panel$xmin, xmax = right_panel$xmax,
    ymin = right_panel$ymin, ymax = right_split_y - gap/2,
    fill = "grey85", colour = "black"
  ) +
  # pessoas
  ggimage::geom_image(data = left_people,
    ggplot2::aes(x, y, image = image), size = 0.08) +
  ggplot2::geom_text(data = left_people,
    ggplot2::aes(x, y, label = id), vjust = 3, size = 3) +
  ggimage::geom_image(data = right_people,
    ggplot2::aes(x, y, image = image), size = 0.08) +
  ggplot2::geom_text(data = right_people,
    ggplot2::aes(x, y, label = id), vjust = 3, size = 3) +
  # setas
  ggplot2::annotate("segment",
    x = origin$x, y = origin$y,
    xend = node$x, yend = node$y,
    colour = "black", linewidth = 1
  ) +
  ggplot2::annotate("curve",
    x = node$x, y = node$y,
    xend = end_A$x, yend = end_A$y,
    curvature = 0.28,
    arrow = grid::arrow(length = grid::unit(0.25, "inches"), type = "closed"),
    colour = "black", linewidth = 1
  )

```

```
ggplot2::annotate("curve",
  x = node$x, y = node$y,
  xend = end_B$x, yend = end_B$y,
  curvature = -0.28,
  arrow = grid::arrow(length = grid::unit(0.25, "inches"), type = "closed"),
  colour = "black", linewidth = 1
) +
  # rótulos
  ggplot2::annotate("text", x = 2, y = 5.6, label = "Amostra", size = 4) +
  ggplot2::annotate("text",
    x = right_panel$xmin + 0.5, y = 5.5,
    label = "Grupo A", hjust = 0, size = 4
) +
  ggplot2::annotate("text",
    x = right_panel$xmin + 0.5, y = 2.0,
    label = "Grupo B", hjust = 0, size = 4
) +
  ggplot2::ggtile(lab_title) +
  ggplot2::theme_void() +
  ggplot2::theme(
    plot.background = ggplot2::element_rect(fill = "white", colour = NA),
    plot.title = ggplot2::element_text(hjust = 0.5, size = 14),
    plot.margin = ggplot2::margin(14, 14, 14, 14)
  )
}

# exemplo
allocation_plot(n_left = 10)
```

## Taxonomia de estudos

RASCUNHO

# Propriedades psicométricas

## Características

```
library(dplyr)
cross.table.psico <-
  matrix(
    c(
      'Adequado', 'Inadequado',
      'Inadequado', 'Inadequado'
    ),
    nrow = 2,
    ncol = 2,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table.psico) <-
  c("Validade alta", "Validade baixa")
colnames(cross.table.psico) <-
  c("Concordância alta", "Concordância baixa")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table.psico,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Tabela de confusão sobre propriedades psicométricas de instrumentos."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0,
                      bold = TRUE,
                      extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid") %>%
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(dim(cross.table.psico)[1],
```

```
extra_css = "border-bottom: 1px solid")
```

## Concordância

```
library(dplyr)
cross.table.kappa <-
  matrix(
    c(
      '$a$', '$c$', '$e=a+c$',
      '$b$', '$d$', '$f=b+d$',
      '$g=a+b$', '$h=c+d$', '$N=a+b+c+d$'
    ),
    nrow = 3,
    ncol = 3,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table.kappa) <-
  c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total")
colnames(cross.table.kappa) <-
  c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table.kappa,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr:::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Tabela de confusão 2x2 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas."
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr:::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0,
    bold = TRUE,
    extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid") %>%
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(dim(cross.table.kappa)[1],
    extra_css = "border-bottom: 1px solid")

library(dplyr)
cross.table.kappa <-
  matrix(
    c(
      '$a$', '$d$', '$g$', '$j=a+d+g$',
      '$b$', '$e$', '$h$', '$k=b+e+h$',
      '$c$', '$f$', '$i$', '$l=c+f+i$',
      '$n$', '$m$', '$o$'
    ),
    nrow = 3,
    ncol = 3,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table.kappa) <-
  c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total")
colnames(cross.table.kappa) <-
  c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total")
```

```

' $j=a+b+c$', '$k=d+e+f$', '$l=g+h+i$', '$N=a+b+c+d+e+f+g+h+i$'
),
nrow = 4,
ncol = 4,
byrow = FALSE
)
rownames(cross.table.kappa) <-
c("Grave", "Moderado", "Leve", "Total")
colnames(cross.table.kappa) <-
c("Grave", "Moderado", "Leve", "Total")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
cross.table.kappa,
align = "c",
format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
booktabs = TRUE,
linesep = "",
escape = FALSE,
caption = "Tabela de confusão 3x3 para análise de concordância de testes e variáveis dicotômicas
) %>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("basic"),
  bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
kableExtra::row_spec(0,
  bold = TRUE,
  extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid") %>%
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(cross.table.kappa)[1],
  extra_css = "border-bottom: 1px solid")

```

## Diretrizes para redação

RASCUNHO

# Desempenho diagnóstico

## Tabelas 2x2

```
cross.table <-
  matrix(
    c(
      '$VP$',
      '$FN$',
      '$VP+FN$',
      '$FP$',
      '$VN$',
      '$FP+VN$',
      '$VP+FP$',
      '$FN+VN$',
      '$N=VP+VN+FP+FN$'
    ),
    nrow = 3,
    ncol = 3,
    byrow = FALSE
  )
rownames(cross.table) <-
  c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total")
colnames(cross.table) <-
  c("Condição presente", "Condição ausente", "Total")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho diagnóstico de testes e variáveis c")
%>%
kableExtra::kable_styling(
  latex_options = c("basic"),
  bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
  full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
  position = "center"
) %>%
```

```

kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid; border-bottom: 1px solid")
kableExtra::row_spec(dim(cross.table)[1] - 1), bold = TRUE, extra_css = "border-bottom: 1px solid")
kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
kableExtra::row_spec(dim(cross.table)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid")

# generate data
gold.std <- rbinom(n = 100, size = 1, prob = 0.5)
new.test <- rbinom(n = 100, size = 1, prob = 0.5)
dataset <- data.frame("Padrão-ouro" = gold.std, "Novo teste" = new.test)

# change labels
my_txt <-
riskyr::init_txt(
  cond_lbl = "Padrão-ouro",
  cond_true_lbl = "Presente",
  cond_false_lbl = "Ausente",
  hi_lbl = "VP",
  mi_lbl = "FN",
  fa_lbl = "FP",
  cr_lbl = "VN"
)

# plot the frequency tree
riskyr::plot_prism(
  dataset,
  by = "cd",
  show_accu = TRUE,
  main = NULL,
  sub = NULL,
  col_pal = riskyr::pal_bw,
  f_lbl = "nam",
  p_lbl = "no",
  lbl_txt = my_txt,
  f_lwd = .5
)

cross.table <-
matrix(
  c(
    '$VP$',
    '$FN$',
    '$VP+FN$',
    '$SEN = \frac{VP}{VP+FN}$',
    '$FP$',
    '$VN$',
    '$FP+VN$',
    '$ESP = \frac{VN}{VN+FP}$',
    '$VP+FP$',
    '$FN+VN$',
    '$N=VP+VN+FP+FN$',
    '',
    '$VPP = \frac{VP}{VP+FP}$',
    '$VPN = \frac{VN}{VN+FN}$',
  )
)

```

```

    '',
    '$ACU = \frac{VP+VN}{VP+VN+FP+FN}$ \\ $DOR = \frac{VP \cdot VN}{FP \cdot FN}$'
),
nrow = 4,
ncol = 4,
byrow = FALSE
)

rownames(cross.table) <- c("Teste positivo", "Teste negativo", "Total", "Probabilidades")
colnames(cross.table) <- c("Condição presente",
                           "Condição ausente",
                           "Total",
                           "Probabilidades")

# exibe a tabela de dados
kableExtra::kable(
  cross.table,
  align = "c",
  format = ifelse(knitr::is_html_output(), "html", "latex"),
  booktabs = TRUE,
  linesep = "",
  escape = FALSE,
  caption = "Probabilidades calculados a partir da tabela de confusão 2x2 para análise de desempenho")
) %>%
  kableExtra::kable_styling(
    latex_options = c("basic"),
    bootstrap_options = c("basic", "hover", "condensed", "responsive"),
    full_width = ifelse(knitr::is_html_output(), T, T),
    position = "center"
) %>%
  kableExtra::row_spec(0, bold = TRUE, extra_css = "border-top: 1px solid black; border-bottom: 1px solid black")
  kableExtra::row_spec((dim(cross.table)[1] - 1), bold = TRUE, extra_css = "border-bottom: 1px solid black")
  kableExtra::column_spec(1, bold = TRUE) %>%
  kableExtra::row_spec(dim(cross.table)[1], extra_css = "border-bottom: 1px solid black")

```

## Curvas ROC

```

# reproduzível
set.seed(123)

# AUC alvo -> d' (duas Normais com mesma variância: AUC = Phi(d'/sqrt(2)))
dprime_from_auc <- function(target_auc) sqrt(2) * stats::qnorm(target_auc)

simulate_scores <- function(n_pos = 1000, n_neg = 1000, target_auc = 0.75) {
  dprime <- dprime_from_auc(target_auc)
  scores_neg <- stats::rnorm(n_neg, mean = 0, sd = 1)
  scores_pos <- stats::rnorm(n_pos, mean = dprime, sd = 1)
  tibble::tibble(
    y = c(rep(0L, n_neg), rep(1L, n_pos)),
    score = c(scores_neg, scores_pos)
  )
}

```

```

}

threshold_metrics <- function(df, thr) {
  y <- df$y
  pred <- as.integer(df$score >= thr)
  TP <- sum(pred == 1 & y == 1)
  FP <- sum(pred == 1 & y == 0)
  TN <- sum(pred == 0 & y == 0)
  FN <- sum(pred == 0 & y == 1)

  sens <- ifelse((TP + FN) > 0, TP / (TP + FN), NA_real_)
  spec <- ifelse((TN + FP) > 0, TN / (TN + FP), NA_real_)
  ppv <- ifelse((TP + FP) > 0, TP / (TP + FP), NA_real_)
  npv <- ifelse((TN + FN) > 0, TN / (TN + FN), NA_real_)
  acc <- (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN)
  f1 <- ifelse((2*TP + FP + FN) > 0, 2*TP / (2*TP + FP + FN), NA_real_)

  tibble::tibble(
    threshold = thr,
    TP = TP, FP = FP, TN = TN, FN = FN,
    Sensitivity = sens, Specificity = spec,
    PPV = ppv, NPV = npv, Accuracy = acc, F1 = f1
  )
}

build_roc_summary <- function(df, label_auc) {
  # Primeiro tenta com direction=">"
  roc_obj <- pROC::roc(
    response = factor(df$y, levels = c(0,1)),
    predictor = df$score,
    quiet      = TRUE,
    direction  = ">"
  )
  # Se por qualquer motivo ficar < 0.5, recalcula invertendo
  if (as.numeric(pROC::auc(roc_obj)) < 0.5) {
    roc_obj <- pROC::roc(
      response = factor(df$y, levels = c(0,1)),
      predictor = df$score,
      quiet      = TRUE,
      direction  = "<"
    )
  }

  # Cutoffs
  youden <- pROC::coords(
    roc_obj, x = "best", best.method = "youden",
    ret = c("threshold","sensitivity","specificity"), transpose = FALSE
  )
  euclid <- pROC::coords(
    roc_obj, x = "best", best.method = "closest.topleft",
    ret = c("threshold","sensitivity","specificity"), transpose = FALSE
  )
}

```

```

met_youden <- threshold_metrics(df, youden$threshold) |>
  dplyr::mutate(Cutoff = "Youden")
met_euclid <- threshold_metrics(df, euclid$threshold) |>
  dplyr::mutate(Cutoff = "Euclidean")

cut_table <- dplyr::bind_rows(
  tibble::tibble(Cutoff = "Youden",
    threshold = youden$threshold,
    Sensitivity = youden$sensitivity,
    Specificity = youden$specificity),
  tibble::tibble(Cutoff = "Euclidean",
    threshold = euclid$threshold,
    Sensitivity = euclid$sensitivity,
    Specificity = euclid$specificity)
)

list(
  auc_label    = label_auc,
  roc          = roc_obj,
  df           = df,
  coords_tbl   = cut_table,
  metrics_tbl  = dplyr::bind_rows(met_youden, met_euclid)
)
}

targets <- c(0.50, 0.75, 0.90)

data_list <- purrr::map(
  targets,
  ~{ d <- simulate_scores(n_pos = 1500, n_neg = 1500, target_auc = .x)
    build_roc_summary(d, label_auc = sprintf("AUC %.2f", .x)) }
)

cutoffs_tbl <- purrr::map_dfr(
  data_list,
  ~ .x$coords_tbl |>
    dplyr::mutate(Model = .x$auc_label) |>
    dplyr::relocate(Model, Cutoff)
)

metrics_tbl <- purrr::map_dfr(
  data_list,
  ~ .x$metrics_tbl |>
    dplyr::mutate(Model = .x$auc_label) |>
    dplyr::relocate(Model, Cutoff)
)

# ----- Curvas ROC (acima da diagonal) -----
roc_df <- purrr::map_dfr(
  data_list,
  function(x) {
    
```

```

gdat <- pROC::ggroc(x$roc)$data
dplyr::mutate(gdat, Model = x$auc_label)
}

cut_points <- cutoffs_tbl |>
  dplyr::mutate(FPR = 1 - Specificity,
                TPR = Sensitivity)

p <- ggplot2::ggplot() +
  ggplot2::geom_line(
    data = roc_df,
    ggplot2::aes(x = 1 - specificity, y = sensitivity, color = Model),
    linewidth = 1
) +
  ggplot2::geom_abline(
    intercept = 0, slope = 1,
    linewidth = 0.6, alpha = 0.6, linetype = "dashed"
) +
  ggplot2::geom_point(
    data = cut_points,
    ggplot2::aes(x = FPR, y = TPR, shape = Cutoff),
    size = 2.8
) +
  ggplot2::geom_hline(yintercept = 0, color = "black") +
  ggplot2::geom_vline(xintercept = 0, color = "black") +
  ggplot2::facet_wrap(~ Model) +
  ggplot2::labs(
    title = "Curva Característica de Operação do Receptor (Curva ROC)",
    x = "1 - Especificidade", y = "Sensibilidade",
    color = "Modelo", shape = "Cutoff"
) +
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 12) +
  ggplot2::coord_equal(xlim = c(0,1), ylim = c(0,1)) + # garante quadrado
  ggplot2::scale_x_continuous(limits = c(0,1), expand = c(0,0)) +
  ggplot2::scale_y_continuous(limits = c(0,1), expand = c(0,0))

print(p)

```

## Diretrizes para redação

# Meta-análise

## Modelos de meta-análise

```
# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Simular dados de 10 ensaios clínicos (Tratamento vs. Controle)
k      <- 10
n_t    <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Tratamento
n_c    <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Controle

# Médias e desvios-padrão simulados
mu_c   <- rnorm(k, mean = 0.00, sd = 0.40)
mu_t   <- mu_c + rnorm(k, mean = 0.30, sd = 0.15) # efeito médio positivo para Tratamento
sd_c   <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)
sd_t   <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)

dat <- data.frame(
  study_id = paste0("Trial_", seq_len(k)),
  n_t       = n_t,
  n_c       = n_c,
  mean_t    = mu_t,
  mean_c    = mu_c,
  sd_t      = sd_t,
  sd_c      = sd_c,
  stringsAsFactors = FALSE
)

# Calcular SMD (Hedges g) com escalc()
# measure = "SMD" usa a correção de Hedges por padrão (J)
es <- metafor::escalc(
  measure = "SMD",
  m1i = dat$mean_t,
  sd1i = dat$sd_t,
  n1i = dat$n_t,
  m2i = dat$mean_c,
  sd2i = dat$sd_c,
  n2i = dat$n_c,
  data = dat,
  vtype = "UB"
)
```

```

# --- modelo de efeito fixo ---
res_fe <- metafor::rma.uni(yi = es$yi,
                            vi = es$vi,
                            method = "FE")

# --- modelo de efeito aleatório (REML) ---
res_re <- metafor::rma.uni(
  yi = es$yi,
  vi = es$vi,
  method = "REML" # método para efeito aleatório
)
tau2   <- base::as.numeric(res_re$tau2)
fe_est <- base::as.numeric(res_fe$b)
re_est <- base::as.numeric(res_re$b)

# --- preparar dados (Trial_1 no topo) ---
plotdat <- es %>%
  dplyr::mutate(se = base::sqrt(vi),
                study_id = base::factor(study_id, levels = study_id))

# --- curvas para FE (sd = se) ---
curve_FE <- plotdat %>%
  dplyr::rowwise() %>%
  dplyr::do({
    m <- .$yi
    s <- .$se
    xseq <- base::seq(m - 4 * s, m + 4 * s, length.out = 200)
    tibble::tibble(
      study_id = .$study_id,
      model = "FE",
      x = xseq,
      density = stats::dnorm(xseq, mean = m, sd = s)
    )
  })
}) %>%
dplyr::ungroup()

# --- curvas para RE (sd = sqrt(se^2 + tau2)) ---
curve_RE <- plotdat %>%
  dplyr::rowwise() %>%
  dplyr::do({
    m <- .$yi
    s <- base::sqrt(. $se^2 + tau2)
    xseq <- base::seq(m - 4 * s, m + 4 * s, length.out = 200)
    tibble::tibble(
      study_id = .$study_id,
      model = "RE",
      x = xseq,
      density = stats::dnorm(xseq, mean = m, sd = s)
    )
  })
}) %>%
dplyr::ungroup()

```

```

# --- juntar e normalizar ---
curve_data <- dplyr::bind_rows(curve_FE, curve_RE) %>%
  dplyr::group_by(study_id, model) %>%
  dplyr::mutate(density = density / base::max(density)) %>%
  dplyr::ungroup()

# --- paleta ---
cols <- c(FE = "gray20", RE = "steelblue4")
lts <- c(FE = "solid", RE = "longdash")

# --- plot ---
ggplot2::ggplot(curve_data,
  ggplot2::aes(
    x = x,
    y = density,
    color = model,
    linetype = model
  )) +
  ggplot2::geom_line(linewidth = 0.8) +
  ggplot2::facet_wrap(
    ~ study_id,
    ncol = 1,
    strip.position = "left",
    scales = "free_y"
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = fe_est,
    color = cols["FE"],
    linetype = lts["FE"],
    linewidth = 0.8
  ) +
  ggplot2::geom_vline(
    xintercept = re_est,
    color = cols["RE"],
    linetype = lts["RE"],
    linewidth = 0.8
  ) +
  ggplot2::scale_color_manual(values = cols, name = "Modelo") +
  ggplot2::scale_linetype_manual(values = lts, name = "Modelo") +
  ggplot2::labs(
    title = "Curvas Normais por Estudo: FE vs RE",
    subtitle = "Curvas por estudo (FE = ; RE =  $\sqrt{(\text{ }^2 + \text{ }^2)}$ ). Linhas verticais: pooled FE (preta) e",
    x = "Hedges g",
    y = "Densidade (normalizada)"
  ) +
  ggplot2::theme_minimal(base_size = 12) +
  ggplot2::theme(strip.text.y.left = ggplot2::element_text(angle = 0),
                legend.position = "top")

```

## Interpretação do Forest Plot

```

# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Simular dados de 10 ensaios clínicos (Tratamento vs. Controle)
k   <- 10
n_t <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Tratamento
n_c <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Controle

# Médias e desvios-padrão simulados
mu_c <- rnorm(k, mean = 0.00, sd = 0.40)
mu_t <- mu_c + rnorm(k, mean = 0.30, sd = 0.15) # efeito médio positivo para Tratamento
sd_c <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)
sd_t <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)

dat <- data.frame(
  study_id = paste0("Trial_", seq_len(k)),
  n_t       = n_t,
  n_c       = n_c,
  mean_t    = mu_t,
  mean_c    = mu_c,
  sd_t      = sd_t,
  sd_c      = sd_c,
  stringsAsFactors = FALSE
)

# Calcular SMD (Hedges g) com escalc()
# measure = "SMD" usa a correção de Hedges por padrão (J)
es <- metafor::escalc(
  measure = "SMD",
  m1i = dat$mean_t,
  sd1i = dat$sd_t,
  n1i = dat$n_t,
  m2i = dat$mean_c,
  sd2i = dat$sd_c,
  n2i = dat$n_c,
  data = dat,
  vtype = "UB"
)

# Ajustar meta-análise de efeito fixo (variância inversa, sem tau^2)
res_fe <- metafor::rma.uni(yi = es$yi,
                           vi = es$vi,
                           method = "FE")

# Forest plot
metafor::forest(
  res_fe,
  slab = es$study_id,
  xlab = "Hedges g",
  header = "Ensaios Clínicos",

```

```

    cex = 0.9,
    refline = 0,
    mlab = "Modelo de Efeito Fixo"
)

# Reproduzibilidade
set.seed(123)

# Simular dados de 10 ensaios clínicos (Tratamento vs. Controle)
k <- 10
n_t <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Tratamento
n_c <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Controle

# Médias e desvios-padrão simulados
mu_c <- rnorm(k, mean = 0.00, sd = 0.40)
mu_t <- mu_c + rnorm(k, mean = 0.30, sd = 0.15) # efeito médio positivo para Tratamento
sd_c <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)
sd_t <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)

dat <- data.frame(
  study_id = paste0("Trial_", seq_len(k)),
  n_t      = n_t,
  n_c      = n_c,
  mean_t   = mu_t,
  mean_c   = mu_c,
  sd_t     = sd_t,
  sd_c     = sd_c,
  stringsAsFactors = FALSE
)

# Calcular SMD (Hedges g) com escalc()
# measure = "SMD" usa a correção de Hedges por padrão (J)
es <- metafor::escalc(
  measure = "SMD",
  m1i = dat$mean_t,
  sd1i = dat$sd_t,
  n1i = dat$n_t,
  m2i = dat$mean_c,
  sd2i = dat$sd_c,
  n2i = dat$n_c,
  data = dat,
  vtype = "UB"
)

# Ajustar meta-análise de efeito aleatório (REML)
res_re <- metafor::rma.uni(
  yi = es$yi,
  vi = es$vi,
  method = "REML" # método para efeito aleatório
)

# Forest plot

```

```
metafor::forest(
  res_re,
  slab = es$study_id,
  xlab = "Hedges g",
  header = "Ensaios Clínicos",
  cex = 0.9,
  refline = 0,
  mlab = "Modelo de Efeito Aleatório (REML)"
)
```

## Viés de publicação em meta-análises

```
# Reprodutibilidade
set.seed(123)

# Simular dados de 10 ensaios clínicos (Tratamento vs. Controle)
k <- 10
n_t <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Tratamento
n_c <- sample(30:200, k, replace = TRUE) # tamanho do grupo Controle

# Médias e desvios-padrão simulados
mu_c <- rnorm(k, mean = 0.00, sd = 0.40)
mu_t <- mu_c + rnorm(k, mean = 0.30, sd = 0.15) # efeito médio positivo para Tratamento
sd_c <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)
sd_t <- runif(k, min = 0.6, max = 1.4)

dat <- data.frame(
  study_id = paste0("Trial_", seq_len(k)),
  n_t = n_t,
  n_c = n_c,
  mean_t = mu_t,
  mean_c = mu_c,
  sd_t = sd_t,
  sd_c = sd_c,
  stringsAsFactors = FALSE
)

# Calcular SMD (Hedges g) com escalc()
# measure = "SMD" usa a correção de Hedges por padrão (J)
es <- metafor::escalc(
  measure = "SMD",
  m1i = dat$mean_t,
  sd1i = dat$sd_t,
  n1i = dat$n_t,
  m2i = dat$mean_c,
  sd2i = dat$sd_c,
  n2i = dat$n_c,
  data = dat,
  vtype = "UB"
)
```

```

# --- modelo de efeito fixo) ---
res_fe <- metafor::rma.uni(yi = es$yi,
                           vi = es$vi,
                           method = "FE")

# --- modelo de efeito aleatório (REML) ---
res_re <- metafor::rma.uni(
  yi = es$yi,
  vi = es$vi,
  method = "REML"  # método para efeito aleatório
)
tau2   <- base::as.numeric(res_re$tau2)
fe_est <- base::as.numeric(res_fe$b)
re_est <- base::as.numeric(res_re$b)

# Funnel com "contour enhancement" para significância
# As áreas sombreadas ajudam a distinguir assimetria por viés vs. heterogeneidade/azar.
metafor::funnel(
  res_re,
  xlab   = "Hedges g (SMD)",
  ylab   = "Precisão (1/SE)",
  yaxis  = "seinv",
  level   = c(90, 95, 99),    # contornos de significância
  refline = as.numeric(res_re$b),
  back    = "gray95",          # fundo suave
  shade   = c("white", "gray90", "gray80")
)

# Adiciona rótulos dos estudos
# A função funnel() devolve um gráfico, mas não retorna coordenadas,
# então usamos os próprios yi e vi para calcular posições
with(es, {
  precisao <- 1 / sqrt(vi) # eixo vertical (seinv)
  text(x = yi, y = precisao, labels = dat$study_id, pos = 4, cex = 0.7)
})

```

## Diretrizes para redação

RASCUNHO

# Referências

1. Altman DG, Bland JM. Statistics Notes: Units of analysis. *BMJ*. 1997;314(7098):1874–1874. doi:10.1136/bmj.314.7098.1874
2. Matthews JN, Altman DG, Campbell MJ, Royston P. Analysis of serial measurements in medical research. *BMJ*. 1990;300(6719):230–235. doi:10.1136/bmj.300.6719.230
3. Banerjee A, Chaudhury S. Statistics without tears: Populations and samples. *Industrial Psychiatry Journal*. 2010;19(1):60. doi:10.4103/0972-6748.77642
4. Martínez-Mesa J, González-Chica DA, Duquia RP, Bonamigo RR, Bastos JL. Sampling: how to select participants in my research study? *Anais Brasileiros de Dermatologia*. 2016;91(3):326–330. doi:10.1590/abd1806-4841.20165254
5. Bland JM, Altman DG. Statistics Notes: Bootstrap resampling methods. *BMJ*. 2015;350(jun02 13):h2622–h2622. doi:10.1136/bmj.h2622
6. Kwak SG, Kim JH. Central limit theorem: the cornerstone of modern statistics. *Korean Journal of Anesthesiology*. 2017;70(2):144. doi:10.4097/kjae.2017.70.2.144
7. Polin BA, Benisaac E. A longitudinal analysis of the hot hand and gambler's fallacy biases. *Judgment and Decision Making*. 2023;18. doi:10.1017/jdm.2023.23
8. Meng XL. Statistical paradeses and paradoxes in big data (I): Law of large populations, big data paradox, and the 2016 US presidential election. *The Annals of Applied Statistics*. 2018;12(2). doi:10.1214/18-aos1161sf
9. Abelson RP. A variance explanation paradox: When a little is a lot. *Psychological Bulletin*. 1985;97(1):129–133. doi:10.1037/0033-2909.97.1.129
10. Berkson J. Limitations of the Application of Fourfold Table Analysis to Hospital Data. *Biometrics Bulletin*. 1946;2(3):47. doi:10.2307/3002000
11. Ellsberg D. Risk, Ambiguity, and the Savage Axioms. *The Quarterly Journal of Economics*. 1961;75(4):643. doi:10.2307/1884324
12. Freedman DA, Freedman DA. A Note on Screening Regression Equations. *The American Statistician*. 1983;37(2):152–155. doi:10.1080/00031305.1983.10482729
13. Freedman LS, Pee D. Return to a Note on Screening Regression Equations. *The American Statistician*. 1989;43(4):279. doi:10.2307/2685389

14. Hand DJ. On Comparing Two Treatments. *The American Statistician*. 1992;46(3):190–192. doi:10.1080/00031305.1992.10475881
15. LINDLEY DV. A STATISTICAL PARADOX. *Biometrika*. 1957;44(1-2):187–192. doi:10.1093/biomet/44.1-2.187
16. Lord FM. A paradox in the interpretation of group comparisons. *Psychological Bulletin*. 1967;68(5):304–305. doi:10.1037/h0025105
17. Lord FM. Statistical adjustments when comparing preexisting groups. *Psychological Bulletin*. 1969;72(5):336–337. doi:10.1037/h0028108
18. Simpson EH. The Interpretation of Interaction in Contingency Tables. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)*. 1951;13(2):238–241. doi:10.1111/j.2517-6161.1951.tb00088.x
19. Blyth CR. On Simpson's Paradox and the Sure-Thing Principle. *Journal of the American Statistical Association*. 1972;67(338):364–366. doi:10.1080/01621459.1972.10482387
20. Pearl J. Comment: Understanding Simpson's Paradox. *The American Statistician*. 2014;68(1):8–13. doi:10.1080/00031305.2014.876829
21. Stein C. INADMISSIBILITY OF THE USUAL ESTIMATOR FOR THE MEAN OF A MULTIVARIATE NORMAL DISTRIBUTION. Em: University of California Press; 1956:197–206. doi:10.1525/9780520313880-018
22. De S, Sen A. The generalised Gamow-Stern problem. *The Mathematical Gazette*. 1996;80(488):345–348. doi:10.2307/3619568
23. Feld SL. Why Your Friends Have More Friends Than You Do. *American Journal of Sociology*. 1991;96(6):1464–1477. doi:10.1086/229693
24. Shields M. Information Literacy, Statistical Literacy, Data Literacy. *IASSIST Quarterly*. 2005;28(2):6. doi:10.29173/iq790
25. Gal I. Adults' Statistical Literacy: Meanings, Components, Responsibilities. *International Statistical Review*. 2002;70(1):1–25. doi:10.1111/j.1751-5823.2002.tb00336.x
26. Sharma S. Definitions and models of statistical literacy: a literature review. *Open Review of Educational Research*. 2017;4(1):118–133. doi:10.1080/23265507.2017.1354313
27. Hidayati NA, Waluya SB, Rochmad, Wardono. Statistics literacy: what, why and how? *Journal of Physics: Conference Series*. 2020;1613(1):012080. doi:10.1088/1742-6596/1613/1/012080
28. GOULD R. DATA LITERACY IS STATISTICAL LITERACY. *STATISTICS EDUCATION RESEARCH JOURNAL*. 2017;16(1):22–25. doi:10.52041/serj.v16i1.209
29. CALLINGHAM R, WATSON JM. THE DEVELOPMENT OF STATISTICAL LITERACY AT SCHOOL. *STATISTICS EDUCATION RESEARCH JOURNAL*. 2017;16(1):181–201. doi:10.52041/serj.v16i1.223
30. Koga S. Characteristics of statistical literacy skills from the perspective of critical thinking. *Teaching Statistics*. 2022;44(2):59–67. doi:10.1111/test.12302

31. Amatuzzi MLL, Barreto M do CC, Litvoc J, Leme LEG. Linguagem metodológica: parte 1. *Acta Ortopédica Brasileira*. 2006;14(1):53–56. doi:10.1590/s1413-78522006000100012
32. Amatuzzi MLL, Barreto M do CC, Litvoc J, Leme LEG. Linguagem metodológica: parte 2. *Acta Ortopédica Brasileira*. 2006;14(2):108–112. doi:10.1590/s1413-78522006000200012
33. Munafò MR, Nosek BA, Bishop DVM, et al. A manifesto for reproducible science. *Nature Human Behaviour*. 2017;1(1). doi:10.1038/s41562-016-0021
34. Resnik DB, Shamoo AE. Reproducibility and Research Integrity. *Accountability in Research*. 2016;24(2):116–123. doi:10.1080/08989621.2016.1257387
35. Hofner B, Schmid M, Edler L. Reproducible research in statistics: A review and guidelines for the *Biometrical Journal*. *Biometrical Journal*. 2015;58(2):416–427. doi:10.1002/bimj.201500156
36. Mair P. Thou Shalt Be Reproducible! A Technology Perspective. *Frontiers in Psychology*. 2016;7. doi:10.3389/fpsyg.2016.01079
37. Hinsen K. A data and code model for reproducible research and executable papers. *Procedia Computer Science*. 2011;4:579–588. doi:10.1016/j.procs.2011.04.061
38. John LK, Loewenstein G, Prelec D. Measuring the Prevalence of Questionable Research Practices With Incentives for Truth Telling. *Psychological Science*. 2012;23(5):524–532. doi:10.1177/0956797611430953
39. Bausell RB. Too Much Medicine: Not Enough Health. Em: New York: Oxford University Press; 2021:56–C3.P203. doi:10.1093/oso/9780197536537.003.0004
40. Neoh MJY, Carollo A, Lee A, Esposito G. Fifty years of research on questionable research practises in science: quantitative analysis of co-citation patterns. *Royal Society Open Science*. 2023;10(10). doi:10.1098/rsos.230677
41. Kleinert S. COPE's retraction guidelines. *The Lancet*. 2009;374(9705):1876–1877. doi:10.1016/s0140-6736(09)62074-2
42. Kerr NL. HARKing: Hypothesizing After the Results are Known. *Personality and Social Psychology Review*. 1998;2(3):196–217. doi:10.1207/s15327957pspr0203\_4
43. Groot AD de. The meaning of “significance” for different types of research [translated and annotated by Eric-Jan Wagenmakers, Denny Borsboom, Josine Verhagen, Rogier Kievit, Marjan Bakker, Angelique Cramer, Dora Matzke, Don Mellenbergh, and Han L. J. van der Maas]. *Acta Psychologica*. 2014;148:188–194. doi:10.1016/j.actpsy.2014.02.001
44. Andrade C. HARKing, Cherry-Picking, P-Hacking, Fishing Expeditions, and Data Dredging and Mining as Questionable Research Practices. *The Journal of Clinical Psychiatry*. 2021;82(1). doi:10.4088/jcp.20f13804
45. Stefan AM, Schönbrodt FD. Big little lies: a compendium and simulation of p-hacking strategies. *Royal Society Open Science*. 2023;10(2). doi:10.1098/rsos.220346

46. Chuard PJC, Vrtílek M, Head ML, Jennions MD. Evidence that nonsignificant results are sometimes preferred: Reverse P-hacking or selective reporting? *PLOS Biology*. 2019;17(1):e3000127. doi:10.1371/journal.pbio.3000127
47. Sasaki K, Yamada Y. SPARKing: Sample-size planning after the results are known. *Frontiers in Human Neuroscience*. 2023;17. doi:10.3389/fnhum.2023.912338
48. Armitage P, McPherson CK, Rowe BC. Repeated Significance Tests on Accumulating Data. *Journal of the Royal Statistical Society Series A (General)*. 1969;132(2):235. doi:10.2307/2343787
49. Horton R. The rhetoric of research. *BMJ*. 1995;310(6985):985–987. doi:10.1136/bmj.310.6985.985
50. Chiu K, Grundy Q, Bero L. ‘Spin’ in published biomedical literature: A methodological systematic review. Boutron I, org. *PLOS Biology*. 2017;15(9):e2002173. doi:10.1371/journal.pbio.2002173
51. Picano E. Who is the author: genuine, honorary, ghost, gold, and fake authors? *Exploration of Cardiology*. 2024;2(3):88–96. doi:10.37349/ec.2024.00024
52. Nosek BA, Ebersole CR, DeHaven AC, Mellor DT. The preregistration revolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2018;115(11):2600–2606. doi:10.1073/pnas.1708274114
53. P. Simmons J, D. Nelson L, Simonsohn U. Pre-registration: Why and How. *Journal of Consumer Psychology*. 2021;31(1):151–162. doi:10.1002/jcpy.1208
54. Hartgerink C, Aust F. *retractcheck: Retraction Scanner.*; 2025. <https://github.com/chartgerink/retractcheck>.
55. Altman DG, Bland JM. Statistics notes Variables and parameters. *BMJ*. 1999;318(7199):1667–1667. doi:10.1136/bmj.318.7199.1667
56. Vetter TR. Fundamentals of Research Data and Variables. *Anesthesia & Analgesia*. 2017;125(4):1375–1380. doi:10.1213/ane.0000000000002370
57. Ali Z, Bhaskar Sb. Basic statistical tools in research and data analysis. *Indian Journal of Anaesthesia*. 2016;60(9):662. doi:10.4103/0019-5049.190623
58. Dettori JR, Norvell DC. The Anatomy of Data. *Global Spine Journal*. 2018;8(3):311–313. doi:10.1177/2192568217746998
59. Kaliyadan F, Kulkarni V. Types of variables, descriptive statistics, and sample size. *Indian Dermatology Online Journal*. 2019;10(1):82. doi:10.4103/idoj.idoj\_468\_18
60. Barkan H. Statistics in clinical research: Important considerations. *Annals of Cardiac Anaesthesia*. 2015;18(1):74. doi:10.4103/0971-9784.148325
61. R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2023. <https://www.R-project.org/>.
62. Bland JM, Altman DG. Statistics Notes: Transforming data. *BMJ*. 1996;312(7033):770–770. doi:10.1136/bmj.312.7033.770

63. Fedorov V, Mannino F, Zhang R. Consequences of dichotomization. *Pharmaceutical Statistics*. 2009;8(1):50–61. doi:10.1002/pst.331
64. Osborne J. Improving your data transformations: Applying the Box-Cox transformation. *University of Massachusetts Amherst*. 2010. doi:10.7275/QBPC-GK17
65. Box GEP, Cox DR. An Analysis of Transformations. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)*. 1964;26(2):211–243. doi:10.1111/j.2517-6161.1964.tb00553.x
66. Venables WN, Ripley BD. *Modern Applied Statistics with S*. Springer; 2002. <https://www.stats.ox.ac.uk/pub/MASS4/>.
67. MacCallum RC, Zhang S, Preacher KJ, Rucker DD. On the practice of dichotomization of quantitative variables. *Psychological Methods*. 2002;7(1):19–40. doi:10.1037/1082-989X.7.1.19
68. Altman DG, Royston P. The cost of dichotomising continuous variables. *BMJ*. 2006;332(7549):1080.1. doi:10.1136/bmj.332.7549.1080
69. Royston P, Altman DG, Sauerbrei W. Dichotomizing continuous predictors in multiple regression: a bad idea. *Statistics in Medicine*. 2005;25(1):127–141. doi:10.1002/sim.2331
70. Collins GS, Ogundimu EO, Cook JA, Manach YL, Altman DG. Quantifying the impact of different approaches for handling continuous predictors on the performance of a prognostic model. *Statistics in Medicine*. 2016;35(23):4124–4135. doi:10.1002/sim.6986
71. Nelson SLP, Ramakrishnan V, Nietert PJ, Kamen DL, Ramos PS, Wolf BJ. An evaluation of common methods for dichotomization of continuous variables to discriminate disease status. *Communications in Statistics – Theory and Methods*. 2017;46(21):10823–10834. doi:10.1080/03610926.2016.1248783
72. Bennette C, Vickers A. Against quantiles: categorization of continuous variables in epidemiologic research, and its discontents. *BMC Medical Research Methodology*. 2012;12(1). doi:10.1186/1471-2288-12-21
73. Barnier J, Briatte F, Larmarange J. *questionr: Functions to Make Surveys Processing Easier*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=questionr>.
74. Aguinis H, Pierce CA, Culpepper SA. Scale Coarseness as a Methodological Artifact. *Organizational Research Methods*. 2008;12(4):623–652. doi:10.1177/1094428108318065
75. Youden WJ. Index for rating diagnostic tests. *Cancer*. 1950;3(1):32–35. doi:10.1002/1097-0142(1950)3:1<32::aid-cncr2820030106>3.0.co;2-3
76. Strobl C, Boulesteix AL, Augustin T. Unbiased split selection for classification trees based on the Gini Index. *Computational Statistics & Data Analysis*. 2007;52(1):483–501. doi:10.1016/j.csda.2006.12.030
77. Pearson K. X. *On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling*. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*. 1900;50(302):157–175. doi:10.1080/14786440009463897

78. Greiner M, Pfeiffer D, Smith RD. Principles and practical application of the receiver-operating characteristic analysis for diagnostic tests. *Preventive Veterinary Medicine*. 2000;45(1-2):23–41. doi:10.1016/s0167-5877(00)00115-x
79. Fleiss JL. Measuring nominal scale agreement among many raters. *Psychological Bulletin*. 1971;76(5):378–382. doi:10.1037/h0031619
80. Olson K. What Are Data? *Qualitative Health Research*. 2021;31(9):1567–1569. doi:10.1177/10497323211015960
81. Smeden M van. A Very Short List of Common Pitfalls in Research Design, Data Analysis, and Reporting. *PRIMER*. 2022;6. doi:10.22454/PRIMER.2022.511416
82. Baillie M, Cessie S le, Schmidt CO, Lusa L, Huebner M. Ten simple rules for initial data analysis. *PLOS Computational Biology*. 2022;18(2):e1009819. doi:10.1371/journal.pcbi.1009819
83. Buttliere B. Adopting standard variable labels solves many of the problems with sharing and reusing data. *Methodological Innovations*. 2021;14(2):205979912110266. doi:10.1177/20597991211026616
84. Pebesma E, Mailund T, Hiebert J. Measurement Units in {R}. *The R Journal*. 2016;8. doi:10.32614/RJ-2016-061
85. Firke S. *janitor: Simple Tools for Examining and Cleaning Dirty Data.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=janitor>.
86. Harrell Jr FE. *Hmisc: Harrell Miscellaneous.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>.
87. Bryer J, Speerschneider K. *likert: Analysis and Visualization Likert Items.*; 2016. <https://CRAN.R-project.org/package=likert>.
88. Larmarange J. *ggstats: Extension to 'ggplot2' for Plotting Stats.*; 2025. doi:10.32614/CRAN.package.ggstats
89. Ferris TLJ. A new definition of measurement. *Measurement*. 2004;36(1):101–109. doi:10.1016/j.measurement.2004.03.001
90. R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing.*; 2023. <https://www.R-project.org/>.
91. Healy MJR, Goldstein H. Regression to the mean. *Annals of Human Biology*. 1978;5(3):277–280. doi:10.1080/03014467800002891
92. Altman DG, Bland JM. Measurement in Medicine: The Analysis of Method Comparison Studies. *The Statistician*. 1983;32(3):307. doi:10.2307/2987937
93. Menditto A, Patriarca M, Magnusson B. Understanding the meaning of accuracy, trueness and precision. *Accreditation and Quality Assurance*. 2006;12(1):45–47. doi:10.1007/s00769-006-0191-z
94. Streiner DL, Norman GR. “Precision” and “Accuracy”: Two Terms That Are Neither. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2006;59(4):327–330. doi:10.1016/j.jclinepi.2005.09.005

95. Tierney N, Cook D. Expanding Tidy Data Principles to Facilitate Missing Data Exploration, Visualization and Assessment of Imputations. *Journal of Statistical Software*. 2023;105(7). doi:10.18637/jss.v105.i07
96. Hammill D. *DataEditR: An Interactive Editor for Viewing, Entering, Filtering & Editing Data.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=DataEditR>.
97. Broman KW, Woo KH. Data Organization in Spreadsheets. *The American Statistician*. 2018;72(1):2–10. doi:10.1080/00031305.2017.1375989
98. Juluru K, Eng J. Use of Spreadsheets for Research Data Collection and Preparation: *Academic Radiology*. 2015;22(12):1592–1599. doi:10.1016/j.acra.2015.08.024
99. Dowle M, Srinivasan A. *data.table: Extension of ‘data.frame’*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=data.table>.
100. Altman DG, Bland JM. Missing data. *BMJ*. 2007;334(7590):424–424. doi:10.1136/bmj.38977.682025.2c
101. Heymans MW, Twisk JWR. Handling missing data in clinical research. *Journal of Clinical Epidemiology*. setembro 2022. doi:10.1016/j.jclinepi.2022.08.016
102. Carpenter JR, Smuk M. Missing data: A statistical framework for practice. *Biometrical Journal*. 2021;63(5):915–947. doi:10.1002/bimj.202000196
103. Yanagida T. *misty: Miscellaneous Functions*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=misty>.
104. Little RJA. A Test of Missing Completely at Random for Multivariate Data with Missing Values. *Journal of the American Statistical Association*. 1988;83(404):1198–1202. doi:10.1080/01621459.1988.10478722
105. Tierney N, Cook D. Expanding Tidy Data Principles to Facilitate Missing Data Exploration, Visualization and Assessment of Imputations. *Journal of Statistical Software*. 2023;105(7):1–31. doi:10.18637/jss.v105.i07
106. Akl EA, Shawwa K, Kahale LA, et al. Reporting missing participant data in randomised trials: systematic survey of the methodological literature and a proposed guide. *BMJ Open*. 2015;5(12):e008431. doi:10.1136/bmjjopen-2015-008431
107. Austin PC, Buuren S van. Logistic regression vs. predictive mean matching for imputing binary covariates. *Statistical Methods in Medical Research*. setembro 2023. doi:10.1177/09622802231198795
108. Buuren S van, Groothuis-Oudshoorn K. {mice}: Multivariate Imputation by Chained Equations in R. *Journal of Statistical Software*. 2011;45:1–67. doi:10.18637/jss.v045.i03
109. Rubin DB. Statistical Matching Using File Concatenation with Adjusted Weights and Multiple Imputations. *Journal of Business & Economic Statistics*. 1986;4(1):87. doi:10.2307/1391390
110. Little RJA. Missing-Data Adjustments in Large Surveys. *Journal of Business & Economic Statistics*. 1988;6(3):287–296. doi:10.1080/07350015.1988.10509663
111. Robitzsch A, Grund S. *miceadds: Some Additional Multiple Imputation Functions, Especially for {mice}*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=miceadds>.

112. FitzJohn R. *ids: Generate Random Identifiers.*; 2017. <https://CRAN.R-project.org/package=ids>.
113. Brown C. *hash: Full Featured Implementation of Hash Tables/Associative Arrays/Dictionaries.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=hash>.
114. Hendricks P. *anonymizer: Anonymize Data Containing Personally Identifiable Information.*; 2023. <https://github.com/paulhendricks/anonymizer>.
115. Lucas DE with contributions by A, Tuszyński J, Bengtsson H, et al. *digest: Create Compact Hash Digests of R Objects.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=digest>.
116. Nowok B, Raab GM, Dibben C. {synthpop}: Bespoke Creation of Synthetic Data in {R}. *Journal of Statistical Software*. 2016;74. doi:10.18637/jss.v074.i11
117. Grami A. Discrete Probability. Em: Elsevier; 2023:285–305. doi:10.1016/b978-0-12-820656-0.00016-2
118. Viti A, Terzi A, Bertolaccini L. A practical overview on probability distributions. *Journal of Thoracic Disease*. 2015;7(3). <https://jtd.amegroups.org/article/view/4086>.
119. Benford F. The Law of Anomalous Numbers. *Proceedings of the American Philosophical Society*. 1938;78(4):551–572. <http://www.jstor.org/stable/984802>. Acessado novembro 24, 2024.
120. Tversky A, Kahneman D. Belief in the law of small numbers. *Psychological Bulletin*. 1971;76(2):105–110. doi:10.1037/h0031322
121. Bishop DVM, Thompson J, Parker AJ. Can we shift belief in the ‘Law of Small Numbers’? *Royal Society Open Science*. 2022;9(3). doi:10.1098/rsos.211028
122. Guy RK. The Strong Law of Small Numbers. *The American Mathematical Monthly*. 1988;95(8):697. doi:10.2307/2322249
123. Guy RK. The Second Strong Law of Small Numbers. *Mathematics Magazine*. 1990;63(1):3–20. doi:10.1080/0025570x.1990.11977475
124. Galton F. Regression Towards Mediocrity in Hereditary Stature. *The Journal of the Anthropological Institute of Great Britain and Ireland*. 1886;15:246. doi:10.2307/2841583
125. Barnett AG. Regression to the mean: what it is and how to deal with it. *International Journal of Epidemiology*. 2004;34(1):215–220. doi:10.1093/ije/dyh299
126. Senn S. Francis Galton and Regression to the Mean. *Significance*. 2011;8(3):124–126. doi:10.1111/j.1740-9713.2011.00509.x
127. Recchia D. *regtomean: Regression Toward the Mean.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=regtomean>.
128. Ihaka R, Gentleman R. R: A Language for Data Analysis and Graphics. *Journal of Computational and Graphical Statistics*. 1996;5(3):299. doi:10.2307/1390807
129. Nwanganga F, Chapple M. Introduction to R and RStudio. Em: Nwanganga F, Chapple M, orgs. *Practical Machine Learning in R*. John Wiley & Sons, Ltd; 2020:25–52. doi:10.1002/9781119591542.ch2

130. R Core Team. The Comprehensive R Archive Network. 2021. <https://cran.r-project.org>.
131. Racine JS. RStudio: A Platform-Independent IDE for R and Sweave. *Journal of Applied Econometrics*. 2011;27(1):167–172. doi:10.1002/jae.1278
132. Aden-Buie G, Schloerke B, Allaire J, Rossell Hayes A. *learnr: Interactive Tutorials for R.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=learnr>.
133. Love J, Selker R, Marsman M, et al. **JASP**: Graphical Statistical Software for Common Statistical Designs. *Journal of Statistical Software*. 2019;88(2). doi:10.18637/jss.v088.i02
134. ŞAHİN M, AYBEK E. Jamovi: An Easy to Use Statistical Software for the Social Scientists. *International Journal of Assessment Tools in Education*. 2020;6(4):670–692. doi:10.21449/ijate.661803
135. Selker R, Love J, Dropmann D. *jmv: The {jamovi} Analyses.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=jmv>.
136. Love J. *jmvconnect: Connect to the {jamovi} Statistical Spreadsheet.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=jmvconnect>.
137. Schwab, Simon, Held, Leonhard. Statistical programming: Small mistakes, big impacts. *Wiley-Blackwell Publishing, Inc.* 2021. doi:10.5167/UZH-205154
138. Eglen SJ, Marwick B, Halchenko YO, et al. Toward standard practices for sharing computer code and programs in neuroscience. *Nature Neuroscience*. 2017;20(6):770–773. doi:10.1038/nn.4550
139. Xie Y. *formatR: Format R Code Automatically.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=formatR>.
140. Müller K, Walther L. *styler: Non-Invasive Pretty Printing of R Code.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=styler>.
141. Hester J, Angly F, Hyde R, et al. *lintr: A {Linter} for R Code.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=lintr>.
142. All R CRAN packages [Full List]. 2025. <https://r-packages.io/packages>. Acessado fevereiro 11, 2025.
143. R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2023. <https://www.R-project.org/>.
144. Wickham H, Danenberg P, Csárdi G, Eugster M. *roxygen2: In-Line Documentation for R.*; 2024. doi:10.32614/CRAN.package.roxygen2
145. Trisovic A, Lau MK, Pasquier T, Crosas M. A large-scale study on research code quality and execution. *Scientific Data*. 2022;9(1). doi:10.1038/s41597-022-01143-6
146. Allaire J, Xie Y, Dervieux C, et al. *rmarkdown: Dynamic Documents for R.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=rmarkdown>.
147. Gohel D, Ross N. *officedown: Enhanced {R Markdown} Format for {Word} and {PowerPoint}.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=officedown>.

148. Xie Y. *bookdown: Authoring Books and Technical Documents with R Markdown*. Chapman; Hall/CRC; 2023. <https://bookdown.org/yihui/bookdown/>.
149. Holmes DT, Mobini M, McCudden CR. Reproducible manuscript preparation with RMarkdown application to JMSACL and other Elsevier Journals. *Journal of Mass Spectrometry and Advances in the Clinical Lab*. 2021;22:8–16. doi:10.1016/j.jmsacl.2021.09.002
150. Ioannidis JPA. How to Make More Published Research True. *PLoS Medicine*. 2014;11(10):e1001747. doi:10.1371/journal.pmed.1001747
151. Krieger N, Perzynski A, Dalton J. *projects: A Project Infrastructure for Researchers.*; 2021. <https://CRAN.R-project.org/package=projects>.
152. Schultze A, Tazare J. The role of programming code sharing in improving the transparency of medical research. *BMJ*. outubro 2023:p2402. doi:10.1136/bmj.p2402
153. Zhao Y, Xiao N, Anderson K, Zhang Y. Electronic common technical document submission with analysis using R. *Clinical Trials*. 2022;20(1):89–92. doi:10.1177/17407745221123244
154. Francisco Rodríguez-Sánchez, Connor P. Jackson, Shaurita D. Hutchins. *grateful: Facilitate citation of R packages.*; 2023. <https://github.com/Pakillo/grateful>.
155. Eglen SJ, Marwick B, Halchenko YO, et al. Toward standard practices for sharing computer code and programs in neuroscience. *Nature Neuroscience*. 2017;20(6):770–773. doi:10.1038/nn.4550
156. Trisovic A, Lau MK, Pasquier T, Crosas M. A large-scale study on research code quality and execution. *Scientific Data*. 2022;9(1). doi:10.1038/s41597-022-01143-6
157. Goldfeld K, Wujciak-Jens J. simstudy: Illuminating research methods through data generation. *Journal of Open Source Software*. 2020;5:2763. doi:10.21105/joss.02763
158. DeBruine L. *faux: Simulation for Factorial Designs.*; 2023. doi:10.5281/zenodo.2669586
159. Baranger DAA, Finsaas MC, Goldstein BL, Vize CE, Lynam DR, Olino TM. Tutorial: Power Analyses for Interaction Effects in Cross-Sectional Regressions. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*. 2023;6(3):25152459231187531. doi:10.1177/25152459231187531
160. Cheng A, Kessler D, Mackinnon R, et al. Reporting Guidelines for Health Care Simulation Research. *Simulation in Healthcare: The Journal of the Society for Simulation in Healthcare*. 2016;11(4):238–248. doi:10.1097/sih.0000000000000150
161. Ferreira A de S, Meziat Filho N. *RCTapp*. Zenodo; 2025. doi:10.5281/ZENODO.13848815
162. Chatfield C. Exploratory data analysis. *European Journal of Operational Research*. 1986;23(1):5–13. doi:10.1016/0377-2217(86)90209-2
163. Ferketich S, Verran J. Technical Notes. *Western Journal of Nursing Research*. 1986;8(4):464–466. doi:10.1177/019394598600800409
164. Landis SC, Amara SG, Asadullah K, et al. A call for transparent reporting to optimize the predictive value of preclinical research. *Nature*. 2012;490(7419):187–191. doi:10.1038/nature11556

165. Huebner M, Vach W, Cessie S le. A systematic approach to initial data analysis is good research practice. *The Journal of Thoracic and Cardiovascular Surgery*. 2016;151(1):25–27. doi:10.1016/j.jtcvs.2015.09.085
166. Krasser R. *explore: Simplifies Exploratory Data Analysis.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=explore>.
167. Petersen AH, Ekstrøm CT. {dataMaid}: Your Assistant for Documenting Supervised Data Quality Screening in {R}. *Journal of Statistical Software*. 2019;90. doi:10.18637/jss.v090.i06
168. Cui B. *DataExplorer: Automate Data Exploration and Treatment.*; 2020. <https://CRAN.R-project.org/package=DataExplorer>.
169. Dayanand Ubrangala, R K, Prasad Kondapalli R, Putatunda S. *SmartEDA: Summarize and Explore the Data.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=SmartEDA>.
170. Meyer F, Perrier V. *esquisse: Explore and Visualize Your Data Interactively.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=esquisse>.
171. Zuur AF, Ieno EN, Elphick CS. A protocol for data exploration to avoid common statistical problems. *Methods in Ecology and Evolution*. 2009;1(1):3–14. doi:10.1111/j.2041-210x.2009.00001.x
172. Mock T. *gtExtras: Extending {gt} for Beautiful HTML Tables.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=gtExtras>.
173. Nijs V. *radiant: Business Analytics using R and Shiny.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=radiant>.
174. Wickham H. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer; 2016. <https://ggplot2.tidyverse.org>.
175. Prunello M, Mari G. *ggcleveland: Implementation of Plots from Cleveland's Visualizing Data Book.*; 2021. doi:10.32614/CRAN.package.ggcleveland
176. Gerring J. Mere Description. *British Journal of Political Science*. 2012;42(4):721–746. doi:10.1017/s0007123412000130
177. Cummings P, Rivara FP. Reporting Statistical Information in Medical Journal Articles. *Archives of Pediatrics & Adolescent Medicine*. 2003;157(4):321. doi:10.1001/archpedi.157.4.321
178. Cole TJ. Setting number of decimal places for reporting risk ratios: rule of four. *BMJ*. 2015;350(apr27 3):h1845–h1845. doi:10.1136/bmj.h1845
179. Cole TJ. Too many digits: the presentation of numerical data. *Archives of Disease in Childhood*. 2015;100(7):608–609. doi:10.1136/archdischild-2014-307149
180. Inskip H, Ntani G, Westbury L, et al. Getting started with tables. *Archives of Public Health*. 2017;75(1). doi:10.1186/s13690-017-0180-1
181. Kwak SG, Kang H, Kim JH, et al. The principles of presenting statistical results: Table. *Korean Journal of Anesthesiology*. 2021;74(2):115–119. doi:10.4097/kja.20582

182. Gohel D, Skintzos P. *flextable: Functions for Tabular Reporting.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=flextable>.
183. Thériault R. {rempscy}: Convenience functions for psychology. *Journal of Open Source Software*. 2023;8:5466. doi:10.21105/joss.05466
184. Rich B. *table1: Tables of Descriptive Statistics in HTML.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=table1>.
185. Sjoberg DD, Whiting K, Curry M, Lavery JA, Larmarange J. Reproducible Summary Tables with the gtsummary Package. *The R Journal*. 2021;13:570–580. doi:10.32614/RJ-2021-053
186. Barnett A. Automated detection of over- and under-dispersion in baseline tables in randomised controlled trials. *F1000Research*. 2023;11:783. doi:10.12688/f1000research.123002.2
187. Westreich D, Greenland S. The Table 2 Fallacy: Presenting and Interpreting Confounder and Modifier Coefficients. *American Journal of Epidemiology*. 2013;177(4):292–298. doi:10.1093/aje/kws412
188. Chen H, Lu Y, Slye N. Testing for baseline differences in clinical trials. *International Journal of Clinical Trials*. 2020;7(2):150. doi:10.18203/2349-3259.ijct20201720
189. Pijls BG. The Table I Fallacy: P Values in Baseline Tables of Randomized Controlled Trials. *Journal of Bone and Joint Surgery*. 2022;104(16):e71. doi:10.2106/jbjs.21.01166
190. Greenhalgh T. How to read a paper: Statistics for the non-statistician. I: Different types of data need different statistical tests. *BMJ*. 1997;315(7104):364–366. doi:10.1136/bmj.315.7104.364
191. Hayes-Larson E, Kezios KL, Mooney SJ, Lovasi G. Who is in this study, anyway? Guidelines for a useful Table 1. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2019;114:125–132. doi:10.1016/j.jclinepi.2019.06.011
192. Bandoli G, Palmsten K, Chambers CD, Jelliffe-Pawlowski LL, Baer RJ, Thompson CA. Revisiting the Table 2 fallacy: A motivating example examining preeclampsia and preterm birth. *Paediatric and Perinatal Epidemiology*. 2018;32(4):390–397. doi:10.1111/ppe.12474
193. Park JH, Lee DK, Kang H, et al. The principles of presenting statistical results using figures. *Korean Journal of Anesthesiology*. 2022;75(2):139–150. doi:10.4097/kja.21508
194. Sievert C. *Interactive Web-Based Data Visualization with R, plotly, and shiny*. Chapman; Hall/CRC; 2020. <https://plotly-r.com>.
195. Wei T, Simko V. *R package 'corrplot': Visualization of a Correlation Matrix.*; 2024. <https://github.com/taiyun/corrplot>.
196. Cumming G, Fidler F, Vaux DL. Error bars in experimental biology. *The Journal of Cell Biology*. 2007;177(1):7–11. doi:10.1083/jcb.200611141
197. Krzywinski M, Altman N. Error bars. *Nature Methods*. 2013;10(10):921–922. doi:10.1038/nmeth.2659
198. Weissgerber TL, Winham SJ, Heinzen EP, et al. Reveal, Don't Conceal. *Circulation*. 2019;140(18):1506–1518. doi:10.1161/circulationaha.118.037777

199. Xiao N. *ggsci: Scientific Journal and Sci-Fi Themed Color Palettes for {ggplot2}.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=ggsci>.
200. R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing.*; 2024. <https://www.R-project.org/>.
201. Urbanek S, Johnson K. *tiff: Read and Write TIFF Images.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=tiff>.
202. S M. Frequency distribution. *Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics.* 2011;2(1):54–56. doi:10.4103/0976-500x.77120
203. Sturges HA. The Choice of a Class Interval. *Journal of the American Statistical Association.* 1926;21(153):65–66. doi:10.1080/01621459.1926.10502161
204. SCOTT DW. On optimal and data-based histograms. *Biometrika.* 1979;66(3):605–610. doi:10.1093/biomet/66.3.605
205. Freedman D, Diaconis P. On the histogram as a density estimator:L 2 theory. *Zeitschrift für Wahrscheinlichkeitstheorie und Verwandte Gebiete.* 1981;57(4):453–476. doi:10.1007/bf01025868
206. Kay M. {ggdist}: Visualizations of Distributions and Uncertainty in the Grammar of Graphics. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics.* 2024;30(1):414–424. doi:10.1109/TVCG.2023.3327195
207. Tang Y, Horikoshi M, Li W. *ggfortify: Unified Interface to Visualize Statistical Result of Popular R Packages.* Vol 8.; 2016. doi:10.32614/RJ-2016-060
208. Rochon J, Gondan M, Kieser M. To test or not to test: Preliminary assessment of normality when comparing two independent samples. *BMC Medical Research Methodology.* 2012;12(1). doi:10.1186/1471-2288-12-81
209. Schmider E, Ziegler M, Danay E, Beyer L, Bühner M. Is It Really Robust? *Methodology.* 2010;6(4):147–151. doi:10.1027/1614-2241/a000016
210. Kanji G. *100 Statistical Tests.* SAGE Publications Ltd; 2006. doi:10.4135/9781849208499
211. Curran-Everett D. Explorations in statistics: standard deviations and standard errors. *Advances in Physiology Education.* 2008;32(3):203–208. doi:10.1152/advan.90123.2008
212. Altman DG, Bland JM. Statistics Notes: Quartiles, quintiles, centiles, and other quantiles. *BMJ.* 1994;309(6960):996–996. doi:10.1136/bmj.309.6960.996
213. S. M. Measures of central tendency: The mean. *Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics.* 2011;2(2):140–142. doi:10.4103/0976-500x.81920
214. S. M. Measures of central tendency: Median and mode. *Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics.* 2011;2(3):214–215. doi:10.4103/0976-500x.83300
215. Manikandan S. Measures of dispersion. *Journal of Pharmacology and Pharmacotherapeutics.* 2011;2(4):315–316. doi:10.4103/0976-500x.85931

216. Sahai H, Misra S. Definitions of Sample Variance: Some Teaching Problems to be Overcome. *The Statistician*. 1992;41(1):55. doi:10.2307/2348636
217. Leys C, Delacre M, Mora YL, Lakens D, Ley C. How to Classify, Detect, and Manage Univariate and Multivariate Outliers, With Emphasis on Pre-Registration. *International Review of Social Psychology*. 2019;32(1). doi:10.5334/irsp.289
218. Leys C, Ley C, Klein O, Bernard P, Licata L. Detecting outliers: Do not use standard deviation around the mean, use absolute deviation around the median. *Journal of Experimental Social Psychology*. 2013;49(4):764–766. doi:10.1016/j.jesp.2013.03.013
219. Leys C, Klein O, Dominicy Y, Ley C. Detecting multivariate outliers: Use a robust variant of the Mahalanobis distance. *Journal of Experimental Social Psychology*. 2018;74:150–156. doi:10.1016/j.jesp.2017.09.011
220. Tukey JW, McLaughlin DH. Less Vulnerable Confidence and Significance Procedures for Location Based on a Single Sample: Trimming/Winsorization 1. *Sankhyā: The Indian Journal of Statistics, Series A (1961-2002)*. 1963;25(3):331–352. <http://www.jstor.org/stable/25049278>. Acessado abril 11, 2025.
221. Komsta L. *outliers: Tests for Outliers.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=outliers>.
222. Mair P, Wilcox R. Robust Statistical Methods in R Using the WRS2 Package. *Behavior Research Methods*. 2020;52:464–488. doi:10.3758/s13428-019-01246-w
223. Mair P, Wilcox R, Indrajeet P. *A Collection of Robust Statistical Methods.*; 2025. <https://CRAN.R-project.org/package=WRS2>.
224. Breznau N, Rinke EM, Wuttke A, et al. Observing many researchers using the same data and hypothesis reveals a hidden universe of uncertainty. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2022;(44):e2203150119. doi:10.1073/pnas.2203150119
225. Dwivedi AK, Shukla R. Evidence-based statistical analysis and methods in biomedical research (SAMBR) checklists according to design features. *CANCER REPORTS*. 2019;3(4). doi:10.1002/cnr2.1211
226. Dwivedi AK. How to Write Statistical Analysis Section in Medical Research. *Journal of Investigative Medicine*. 2022;70(8):1759–1770. doi:10.1136/jim-2022-002479
227. Kim N, Fischer AH, Dyring-Andersen B, Rosner B, Okoye GA. Research Techniques Made Simple: Choosing Appropriate Statistical Methods for Clinical Research. *Journal of Investigative Dermatology*. 2017;137(10):e173–e178. doi:10.1016/j.jid.2017.08.007
228. Marusteri M, Bacarea V. Comparing groups for statistical differences: how to choose the right statistical test? *Biochimia Medica*. 2010:15–32. doi:10.11613/bm.2010.004
229. Mishra P, Pandey C, Singh U, Keshri A, Sabaretnam M. Selection of appropriate statistical methods for data analysis. *Annals of Cardiac Anaesthesia*. 2019;22(3):297. doi:10.4103/aca.aca\_248\_18
230. Ray A, Najmi A, Sadasivam B. How to choose and interpret a statistical test? An update for budding researchers. *Journal of Family Medicine and Primary Care*. 2021;10(8):2763. doi:10.4103/jfmpc.jfmpc\_433\_21

231. Nayak B, Hazra A. How to choose the right statistical test? *Indian Journal of Ophthalmology*. 2011;59(2):85. doi:10.4103/0301-4738.77005
232. Shankar S, Singh R. Demystifying statistics: How to choose a statistical test? *Indian Journal of Rheumatology*. 2014;9(2):77–81. doi:10.1016/j.injr.2014.04.002
233. Curran-Everett D. Explorations in statistics: hypothesis tests and *P* values. *Advances in Physiology Education*. 2009;33(2):81–86. doi:10.1152/advan.90218.2008
234. Goodman SN. Toward Evidence-Based Medical Statistics. 1: The *P* Value Fallacy. *Annals of Internal Medicine*. 1999;130(12):995. doi:10.7326/0003-4819-130-12-199906150-00008
235. McCaskey K, Rainey C. Substantive Importance and the Veil of Statistical Significance. *Statistics, Politics and Policy*. 2015;6(1-2). doi:10.1515/spp-2015-0001
236. Vandenbroucke JP, Pearce N. From ideas to studies: how to get ideas and sharpen them into research questions. *Clinical Epidemiology*. 2018;Volume 10:253–264. doi:10.2147/clep.s142940
237. Lakens D, Scheel AM, Isager PM. Equivalence Testing for Psychological Research: A Tutorial. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*. 2018;1(2):259–269. doi:10.1177/2515245918770963
238. Sullivan GM, Feinn R. Using Effect Size—or Why the *P* Value Is Not Enough. *Journal of Graduate Medical Education*. 2012;4(3):279–282. doi:10.4300/jgme-d-12-00156.1
239. Heckman MG, Davis JM, Crowson CS. Post Hoc Power Calculations: An Inappropriate Method for Interpreting the Findings of a Research Study. *The Journal of Rheumatology*. 2022;49(8):867–870. doi:10.3899/jrheum.211115
240. Champely S. *pwr: Basic Functions for Power Analysis*; 2020. <https://CRAN.R-project.org/package=pwr>.
241. Iddi S, Donohue MC. Power and Sample Size for Longitudinal Models in R – The longpower Package and Shiny App. *The R Journal*. 2022;14:264–282.
242. Lakens D, Caldwell A. Simulation-Based Power Analysis for Factorial Analysis of Variance Designs. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*. 2021;4:251524592095150. doi:10.1177/2515245920951503
243. Cumming G, Finch S. Inference by Eye: Confidence Intervals and How to Read Pictures of Data. *American Psychologist*. 2005;60(2):170–180. doi:10.1037/0003-066x.60.2.170
244. Goodman SN. Aligning statistical and scientific reasoning. *Science*. 2016;352(6290):1180–1181. doi:10.1126/science.aaf5406
245. Greenhalgh T. How to read a paper: Statistics for the non-statistician. II: Significant relations and their pitfalls. *BMJ*. 1997;315(7105):422–425. doi:10.1136/bmj.315.7105.422
246. Weintraub PG. The Importance of Publishing Negative Results. *Journal of Insect Science*. 2016;16(1):109. doi:10.1093/jisesa/iew092
247. Altman DG, Bland JM. Statistics notes: Absence of evidence is not evidence of absence. *BMJ*. 1995;311(7003):485–485. doi:10.1136/bmj.311.7003.485

248. Gelman A, Carlin J. Beyond Power Calculations. *Perspectives on Psychological Science*. 2014;9(6):641–651. doi:10.1177/1745691614551642
249. Lu J, Qiu Y, Deng A. A note on Type S/M errors in hypothesis testing. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology*. 2018;72(1):1–17. doi:10.1111/bmsp.12132
250. Kim HY. Statistical notes for clinical researchers: effect size. *Restorative Dentistry & Endodontics*. 2015;40(4):328. doi:10.5395/rde.2015.40.4.328
251. Ben-Shachar MS, Lüdecke D, Makowski D. `effectsize`: Estimation of Effect Size Indices and Standardized Parameters. *Journal of Open Source Software*. 2020;5:2815. doi:10.21105/joss.02815
252. GREENLAND S, SCHLESSELMAN JJ, CRIQUI MH. THE FALLACY OF EMPLOYING STANDARDIZED REGRESSION COEFFICIENTS AND CORRELATIONS AS MEASURES OF EFFECT. *American Journal of Epidemiology*. 1986;123(2):203–208. doi:10.1093/oxfordjournals.aje.a114229
253. Greenland S, Maclure M, Schlesselman JJ, Poole C, Morgenstern H. Standardized Regression Coefficients. *Epidemiology*. 1991;2(5):387–392. doi:10.1097/00001648-199109000-00015
254. Bours MJL. Using mediators to understand effect modification and interaction. *Journal of Clinical Epidemiology*. setembro 2023. doi:10.1016/j.jclinepi.2023.09.005
255. Altman DG, Matthews JNS. Statistics Notes: Interaction 1: heterogeneity of effects. *BMJ*. 1996;313(7055):486–486. doi:10.1136/bmj.313.7055.486
256. Pinheiro J, Bates D, R Core Team. *nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>.
257. Sabanes Bove D, Dedic J, Kelkhoff D, et al. *mmrm: Mixed Models for Repeated Measures.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=mmrm>.
258. Lenth RV. *emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>.
259. Baron RM, Kenny DA. The moderator–mediator variable distinction in social psychological research: Conceptual, strategic, and statistical considerations. *Journal of Personality and Social Psychology*. 1986;51(6):1173–1182. doi:10.1037/0022-3514.51.6.1173
260. LATTER OH. THE EGG OF CUCULUS CANORUS: AN ENQUIRY INTO THE DIMENSIONS OF THE CUCKOO'S EGO AND THE RELATION OF THE VARIATIONS TO THE SIZE OF THE EGGS OF THE FOSTER-PARENT, WITH NOTES ON COLORATION, &c. *Biometrika*. 1902;1(2):164–176. doi:10.1093/biomet/1.2.164
261. Aylmer Fisher R. The arrangement of field experiments. *Ministry of Agriculture and Fisheries*. 1926. doi:10.23637/ROTHAMSTED.8V61Q
262. Wasserstein RL, Lazar NA. The ASA Statement on *p*-Values: Context, Process, and Purpose. *The American Statistician*. 2016;70(2):129–133. doi:10.1080/00031305.2016.1154108
263. Altman N, Krzywinski M. P values and the search for significance. *Nature Methods*. 2017;14(1):3–4. doi:10.1038/nmeth.4120

264. Heinze G, Dunkler D. Five myths about variable selection. *Transplant International*. 2016;30(1):6–10. doi:10.1111/tri.12895
265. Diedenhofen B, Musch J. cocor: A Comprehensive Solution for the Statistical Comparison of Correlations. *PLOS ONE*. 2015;10:e0121945. doi:10.1371/journal.pone.0121945
266. McHugh ML. The Chi-square test of independence. *Biochimia Medica*. 2013;143–149. doi:10.11613/bm.2013.018
267. Kim HY. Statistical notes for clinical researchers: Chi-squared test and Fisher's exact test. *Restorative Dentistry & Endodontics*. 2017;42(2):152. doi:10.5395/rde.2017.42.2.152
268. Khamis H. Measures of Association: How to Choose? *Journal of Diagnostic Medical Sonography*. 2008;24(3):155–162. doi:10.1177/8756479308317006
269. Allison JS, Santana L, (Jaco) Visagie LJH. A primer on simple measures of association taught at undergraduate level. *Teaching Statistics*. 2022;44(3):96–103. doi:10.1111/test.12307
270. Dahlke JA, Wiernik BM. {psychmeta}: An R Package for Psychometric Meta-Analysis. *Applied Psychological Measurement*. 2018;43(3):415–416. doi:10.1177/0146621618795933
271. Anscombe FJ. Graphs in Statistical Analysis. *The American Statistician*. 1973;27(1):17–21. doi:10.1080/00031305.1973.10478966
272. Northrop PJ. *anscombiser: Create Datasets with Identical Summary Statistics.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=anscombiser>.
273. Makowski D, Wiernik BM, Patil I, Lüdecke D, Ben-Shachar MS. {{correlation}}: Methods for Correlation Analysis.; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=correlation>.
274. Lüdecke D, Ben-Shachar MS, Patil I, et al. *easystats: Framework for Easy Statistical Modeling, Visualization, and Reporting.*; 2022. <https://easystats.github.io/easystats/>.
275. Kim JH. Multicollinearity and misleading statistical results. *Korean Journal of Anesthesiology*. 2019;72(6):558–569. doi:10.4097/kja.19087
276. Schloerke B, Cook D, Larmarange J, et al. *GGally: Extension to 'ggplot2'*; 2024. doi:10.32614/CRAN.package.GGally
277. Arel-Bundock V. {modelsummary}: Data and Model Summaries in {R}. *Journal of Statistical Software*. 2022;103. doi:10.18637/jss.v103.i01
278. Hidalgo B, Goodman M. Multivariate or Multivariable Regression? *American Journal of Public Health*. 2013;103(1):39–40. doi:10.2105/ajph.2012.300897
279. Suits DB. Use of Dummy Variables in Regression Equations. *Journal of the American Statistical Association*. 1957;52(280):548–551. doi:10.1080/01621459.1957.10501412
280. Healy MJ. Statistics from the inside. 16. Multiple regression (2). *Archives of Disease in Childhood*. 1995;73(3):270–274. doi:10.1136/adc.73.3.270

281. Kaplan J. *fastDummies: Fast Creation of Dummy (Binary) Columns and Rows from Categorical Variables.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=fastDummies>.
282. Sun GW, Shook TL, Kay GL. Inappropriate use of bivariable analysis to screen risk factors for use in multivariable analysis. *Journal of Clinical Epidemiology*. 1996;49(8):907–916. doi:10.1016/0895-4356(96)00025-x
283. Fox J, Weisberg S. *An {R} Companion to Applied Regression*. Sage Publications, Inc.; 2019. <https://www.john-fox.ca/Companion/>.
284. DALES LG, URY HK. An Improper Use of Statistical Significance Testing in Studying Covariates. *International Journal of Epidemiology*. 1978;7(4):373–376. doi:10.1093/ije/7.4.373
285. Greenland S. Modeling and variable selection in epidemiologic analysis. *American Journal of Public Health*. 1989;79(3):340–349. doi:10.2105/ajph.79.3.340
286. Anderson D, Heiss A, Sumners J. *equatiomatic: Transform Models into {LaTeX} Equations.*; 2024. <https://CRAN.R-project.org/package=equatiomatic>.
287. Lüdecke D, Ben-Shachar MS, Patil I, Waggoner P, Makowski D. *{performance}*: An {R} Package for Assessment, Comparison and Testing of Statistical Models. *Journal of Open Source Software*. 2021;6:3139. doi:10.21105/joss.03139
288. Spedicato GA. Discrete Time Markov Chains with R. *The R Journal*. 2017;9(2):84–104. doi:10.32614/RJ-2017-036
289. Henderson T. *correctR: Corrected Test Statistics for Comparing Machine Learning Models on Correlated Samples.*; 2025. <https://CRAN.R-project.org/package=correctR>.
290. Lüdecke D. *ggeffects: Tidy Data Frames of Marginal Effects from Regression Models*. *Journal of Open Source Software*. 2018;3:772. doi:10.21105/joss.00772
291. Vickers AJ, Assel M, Dunn RL, et al. Guidelines for Reporting Observational Research in Urology: The Importance of Clear Reference to Causality. *European Urology*. 2023;84(2):147–151. doi:10.1016/j.eururo.2023.04.027
292. Textor J, Zander B van der, Gilthorpe MS, Liskiewicz M, Ellison GT. Robust causal inference using directed acyclic graphs: the R package *{dagitty}*. *International Journal of Epidemiology*. 2016;45:1887–1894. doi:10.1093/ije/dyw341
293. Barrett M. *ggdag: Analyze and Create Elegant Directed Acyclic Graphs.*; 2024. <https://CRAN.R-project.org/package=ggdag>.
294. Silge J, Robinson D. *tidytext: Text Mining and Analysis Using Tidy Data Principles in R*. 2016;1. doi:10.21105/joss.00037
295. Andaur Navarro CL, Damen JAA, Smeden M van, et al. Systematic review identifies the design and methodological conduct of studies on machine learning-based prediction models. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2023;154:8–22. doi:10.1016/j.jclinepi.2022.11.015

296. Carriero A, Luijken K, Hond A de, Moons KGM, Calster B van, Smeden M van. The Harms of Class Imbalance Corrections for Machine Learning Based Prediction Models: A Simulation Study. *Statistics in Medicine*. 2025;44(3-4). doi:10.1002/sim.10320
297. Allaire J, Chollet F. *keras: R Interface to 'Keras'*; 2024. doi:10.32614/CRAN.package.keras
298. Falbel D, Luraschi J. *torch: Tensors and Neural Networks with 'GPU' Acceleration*; 2025. doi:10.32614/CRAN.package.torch
299. Ushey K, Allaire J, Tang Y. *reticulate: Interface to 'Python'*; 2025. doi:10.32614/CRAN.package.reticulate
300. Selivanov D, Bickel M, Wang Q. *text2vec: Modern Text Mining Framework for R*; 2023. doi:10.32614/CRAN.package.text2vec
301. Bland JM, Altman DG. Statistics notes: Matching. *BMJ*. 1994;309(6962):1128–1128. doi:10.1136/bmj.309.6962.1128
302. Grant MJ, Booth A. A typology of reviews: an analysis of 14 review types and associated methodologies. *Health Information & Libraries Journal*. 2009;26(2):91–108. doi:10.1111/j.1471-1842.2009.00848.x
303. Sut N. Study Designs in Medicine. *Balkan Medical Journal*. 2015;31(4):273–277. doi:10.5152/balkanmedj.2014.1408
304. Souza AC de, Alexandre NMC, Guirardello E de B, Souza AC de, Alexandre NMC, Guirardello E de B. Propriedades psicométricas na avaliação de instrumentos: avaliação da confiabilidade e da validade. *Epidemiologia e Serviços de Saúde*. 2017;26(3):649–659. doi:10.5123/s1679-49742017000300022
305. Reeves BC, Wells GA, Waddington H. Quasi-experimental study designs series—paper 5: a checklist for classifying studies evaluating the effects on health interventions—a taxonomy without labels. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2017;89:30–42. doi:10.1016/j.jclinepi.2017.02.016
306. Echevarría-Guanilo ME, Gonçalves N, Romanoski PJ. PSYCHOMETRIC PROPERTIES OF MEASUREMENT INSTRUMENTS: CONCEPTUAL BASIS AND EVALUATION METHODS – PART II. *Texto & Contexto – Enfermagem*. 2019;28. doi:10.1590/1980-265x-tce-2017-0311
307. Chassé M, Fergusson DA. Diagnostic Accuracy Studies. *Seminars in Nuclear Medicine*. 2019;49(2):87–93. doi:10.1053/j.semnuclmed.2018.11.005
308. Chidambaram AG, Josephson M. Clinical research study designs: The essentials. *PEDIATRIC INVESTIGATION*. 2019;3(4):245–252. doi:10.1002/ped4.12166
309. Erdemir A, Mulugeta L, Ku JP, et al. Credible practice of modeling and simulation in healthcare: ten rules from a multidisciplinary perspective. *Journal of Translational Medicine*. 2020;18(1). doi:10.1186/s12967-020-02540-4
310. Yang B, Olsen M, Vali Y, et al. Study designs for comparative diagnostic test accuracy: A methodological review and classification scheme. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2021;138:128–138. doi:10.1016/j.jclinepi.2021.04.013

311. Chipman H, Bingham D. Let's practice what we preach: Planning and interpreting simulation studies with design and analysis of experiments. *Canadian Journal of Statistics*. 2022;50(4):1228–1249. doi:10.1002/cjs.11719
312. Donthu N, Kumar S, Mukherjee D, Pandey N, Lim WM. How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*. 2021;133:285–296. doi:10.1016/j.jbusres.2021.04.070
313. Lim WM, Kumar S. Guidelines for interpreting the results of bibliometric analysis: A sensemaking approach. *Global Business and Organizational Excellence*. agosto 2023. doi:10.1002/joe.22229
314. Rodríguez del Águila M, González-Ramírez A. Sample size calculation. *Allergologia et Immunopathologia*. 2014;42(5):485–492. doi:10.1016/j.aller.2013.03.008
315. Bacchetti P. Ethics and Sample Size. *American Journal of Epidemiology*. 2005;161(2):105–110. doi:10.1093/aje/kwi014
316. Ying X, Robinson KA, Ehrhardt S. Re-evaluating the role of pilot trials in informing effect and sample size estimates for full-scale trials: a meta-epidemiological study. *BMJ Evidence-Based Medicine*. 2023;28(6):383–391. doi:10.1136/bmjebm-2023-112358
317. Andrade C. Sample Size and its Importance in Research. *Indian Journal of Psychological Medicine*. 2020;42(1):102–103. doi:10.4103/ijpsym.ijpsym\_504\_19
318. Elm E von, Altman DG, Egger M, Pocock SJ, Gøtzsche PC, Vandebroucke JP. The Strengthening the Reporting of Observational Studies in Epidemiology (STROBE) Statement: Guidelines for Reporting Observational Studies. *Annals of Internal Medicine*. 2007;147(8):573. doi:10.7326/0003-4819-147-8-200710160-00010
319. Rosseel Y. {lavaan}: An {R} Package for Structural Equation Modeling. *Journal of Statistical Software*. 2012;48. doi:10.18637/jss.v048.i02
320. Contributors semTools. *semTools: Useful tools for structural equation modeling.*; 2016. <https://CRAN.R-project.org/package=semTools>.
321. William Revelle. *psych: Procedures for Psychological, Psychometric, and Personality Research.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=psych>.
322. Findley MG, Kikuta K, Denly M. External Validity. *Annual Review of Political Science*. 2021;24(1):365–393. doi:10.1146/annurev-polisci-041719-102556
323. Scott WA. Reliability of Content Analysis: The Case of Nominal Scale Coding. *Public Opinion Quarterly*. 1955;19(3):321. doi:10.1086/266577
324. Cohen J. A Coefficient of Agreement for Nominal Scales. *Educational and Psychological Measurement*. 1960;20(1):37–46. doi:10.1177/001316446002000104
325. Mathews I, Pearson K. I. Mathematical contributions to the theory of evolution. —VII. On the correlation of characters not quantitatively measurable. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series A, Containing Papers of a Mathematical or Physical Character*. 1901;195(262-273):1–47. doi:10.1098/rsta.1900.0022

326. Banerjee M, Capozzoli M, McSweeney L, Sinha D. Beyond kappa: A review of interrater agreement measures. *Canadian Journal of Statistics*. 1999;27(1):3–23. doi:10.2307/3315487
327. Lehnert B. *BlandAltmanLeh: Plots (Slightly Extended) Bland-Altman Plots.*; 2015. <https://CRAN.R-project.org/package=BlandAltmanLeh>.
328. Gagnier JJ, Lai J, Mokkink LB, Terwee CB. COSMIN reporting guideline for studies on measurement properties of patient-reported outcome measures. *Quality of Life Research*. 2021;30(8):2197–2218. doi:10.1007/s11136-021-02822-4
329. Streiner DL, Kottner J. Recommendations for reporting the results of studies of instrument and scale development and testing. *Journal of Advanced Nursing*. 2014;70(9):1970–1979. doi:10.1111/jan.12402
330. Kottner J, Audigé L, Brorson S, et al. Guidelines for Reporting Reliability and Agreement Studies (GRRAS) were proposed. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2011;64(1):96–106. doi:10.1016/j.jclinepi.2010.03.002
331. Steckelberg A, Balgenorth A, Berger J, Mühlhauser I. Explaining computation of predictive values:  $2 \times 2$  table versus frequency tree. A randomized controlled trial [ISRCTN74278823]. *BMC Medical Education*. 2004;4(1). doi:10.1186/1472-6920-4-13
332. Greenhalgh T. How to read a paper: Papers that report diagnostic or screening tests. *BMJ*. 1997;315(7107):540–543. doi:10.1136/bmj.315.7107.540
333. Neth H, Gaisbauer F, Gradwohl N, Gaissmaier W. *riskyR: Rendering Risk Literacy more Transparent.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=riskyR>.
334. Glas AS, Lijmer JG, Prins MH, Bonsel GJ, Bossuyt PMM. The diagnostic odds ratio: a single indicator of test performance. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2003;56(11):1129–1135. doi:10.1016/s0895-4356(03)00177-x
335. Kuhn, Max. Building Predictive Models in R Using the caret Package. *Journal of Statistical Software*. 2008;28(5):1–26. doi:10.18637/jss.v028.i05
336. He Z, Zhang Q, Song M, Tan X, Wang W. Four overlooked errors in ROC analysis: how to prevent and avoid. *BMJ Evidence-Based Medicine*. 2024;30(3):208–211. doi:10.1136/bmjebm-2024-113078
337. Park SH, Goo JM, Jo CH. Receiver Operating Characteristic (ROC) Curve: Practical Review for Radiologists. *Korean Journal of Radiology*. 2004;5(1):11. doi:10.3348/kjr.2004.5.1.11
338. Hond AAH de, Steyerberg EW, Calster B van. Interpreting area under the receiver operating characteristic curve. *The Lancet Digital Health*. 2022;4(12):e853–e855. doi:10.1016/s2589-7500(22)00188-1
339. Robin X, Turck N, Hainard A, et al. pROC: an open-source package for R and S+ to analyze and compare ROC curves. *BMC Bioinformatics*. 2011;12:77. doi:10.1186/1471-2105-12-77
340. Ferreira ADS, Meziat-Filho N, Ferreira APA. Double threshold receiver operating characteristic plot for three-modal continuous predictors. *Computational Statistics*. 2021;36(3):2231–2245. doi:10.1007/s00180-021-01080-9

341. Phillips B, Stewart LA, Sutton AJ. 'Cross hairs' plots for diagnostic meta-analysis. *Research Synthesis Methods*. 2010;1(3-4):308–315. doi:10.1002/jrsm.26
342. Sousa-Pinto PD with contributions from B. *mada: Meta-Analysis of Diagnostic Accuracy.*; 2022. <https://CRAN.R-project.org/package=mada>.
343. Bossuyt PM, Reitsma JB, Bruns DE, et al. STARD 2015: an updated list of essential items for reporting diagnostic accuracy studies. *BMJ*. outubro 2015:h5527. doi:10.1136/bmj.h5527
344. Reeves BC, Gaus W. Guidelines for Reporting Non-Randomised Studies. *Complementary Medicine Research*. 2004;11(1):46–52. doi:10.1159/000080576
345. Bland JM, Altman DG. Comparisons within randomised groups can be very misleading. *BMJ*. 2011;342(may06 2):d561–d561. doi:10.1136/bmj.d561
346. Bruce CL, Juszczak E, Ogollah R, Partlett C, Montgomery A. A systematic review of randomisation method use in RCTs and association of trial design characteristics with method selection. *BMC Medical Research Methodology*. 2022;22(1). doi:10.1186/s12874-022-01786-4
347. Vickers AJ, Altman DG. Statistics Notes: Analysing controlled trials with baseline and follow up measurements. *BMJ*. 2001;323(7321):1123–1124. doi:10.1136/bmj.323.7321.1123
348. O Connell NS, Dai L, Jiang Y, et al. Methods for Analysis of Pre-Post Data in Clinical Research: A Comparison of Five Common Methods. *Journal of Biometrics & Biostatistics*. 2017;08(01). doi:10.4172/2155-6180.1000334
349. Laird N. Further Comparative Analyses of Pretest-Posttest Research Designs. *The American Statistician*. 1983;37(4a):329–330. doi:10.1080/00031305.1983.10483133
350. Cnaan A, Laird NM, Slasor P. Using the general linear mixed model to analyse unbalanced repeated measures and longitudinal data. *Statistics in Medicine*. 1997;16(20):2349–2380. doi:10.1002/(sici)1097-0258(19971030)16:20<2349::aid-sim667>3.0.co;2-e
351. Mallinckrodt CH, Lane PW, Schnell D, Peng Y, Mancuso JP. Recommendations for the Primary Analysis of Continuous Endpoints in Longitudinal Clinical Trials. *Drug Information Journal*. 2008;42(4):303–319. doi:10.1177/009286150804200402
352. Assmann SF, Pocock SJ, Enos LE, Kasten LE. Subgroup analysis and other (mis)uses of baseline data in clinical trials. *The Lancet*. 2000;355(9209):1064–1069. doi:10.1016/s0140-6736(00)02039-0
353. Stang A, Baethge C. Imbalance  $p$  values for baseline covariates in randomized controlled trials: a last resort for the use of  $p$  values? A pro and contra debate. *Clinical Epidemiology*. 2018;Volume 10:531–535. doi:10.2147/cepl.s161508
354. Bolzern JE, Mitchell A, Torgerson DJ. Baseline testing in cluster randomised controlled trials: should this be done? *BMC Medical Research Methodology*. 2019;19(1). doi:10.1186/s12874-019-0750-8
355. Roberts C, Torgerson DJ. Understanding controlled trials: Baseline imbalance in randomised controlled trials. *BMJ*. 1999;319(7203):185–185. doi:10.1136/bmj.319.7203.185

356. Gruijters SLK. Baseline comparisons and covariate fishing: Bad statistical habits we should have broken yesterday. julho 2020. <http://dx.doi.org/10.31234/osf.io/qftwg>.
357. Vickers AJ. The use of percentage change from baseline as an outcome in a controlled trial is statistically inefficient: a simulation study. *BMC Medical Research Methodology*. 2001;1(1). doi:10.1186/1471-2288-1-6
358. Brookes ST, Whitely E, Egger M, Smith GD, Mulheran PA, Peters TJ. Subgroup analyses in randomized trials: risks of subgroup-specific analyses; *Journal of Clinical Epidemiology*. 2004;57(3):229–236. doi:10.1016/j.jclinepi.2003.08.009
359. Matthews JNS, Altman DG. Statistics Notes: Interaction 2: compare effect sizes not P values. *BMJ*. 1996;313(7060):808–808. doi:10.1136/bmj.313.7060.808
360. Altman DG. Statistics Notes: Interaction revisited: the difference between two estimates. *BMJ*. 2003;326(7382):219–219. doi:10.1136/bmj.326.7382.219
361. Hauck WW, Anderson S, Marcus SM. Should We Adjust for Covariates in Nonlinear Regression Analyses of Randomized Trials? *Controlled Clinical Trials*. 1998;19(3):249–256. doi:10.1016/s0197-2456(97)00147-5
362. Kahan BC, Jairath V, Doré CJ, Morris TP. The risks and rewards of covariate adjustment in randomized trials: an assessment of 12 outcomes from 8 studies. *Trials*. 2014;15(1). doi:10.1186/1745-6215-15-139
363. Cao Y, Allore H, Vander Wyk B, Gutman R. Review and evaluation of imputation methods for multivariate longitudinal data with mixed-type incomplete variables. *Statistics in Medicine*. outubro 2022. doi:10.1002/sim.9592
364. Schulz KF. CONSORT 2010 Statement: Updated Guidelines for Reporting Parallel Group Randomized Trials. *Annals of Internal Medicine*. 2010;152(11):726. doi:10.7326/0003-4819-152-11-201006010-00232
365. Dayim A. *consort: Create Consort Diagram.*; 2023. <https://CRAN.R-project.org/package=consort>.
366. Fantini D. *easyPubMed: Search and Retrieve Scientific Publication Records from PubMed.*; 2019. doi:10.32614/CRAN.package.easyPubMed
367. Chamberlain S, Zhu H, Jahn N, Boettiger C, Ram K. *rcrossref: Client for Various 'CrossRef' 'APIs'*; 2022. doi:10.32614/CRAN.package.rcrossref
368. Jahn N. *roadoi: Find Free Versions of Scholarly Publications via Unpaywall.*; 2024. doi:10.32614/CRAN.package.roadoi
369. Borenstein M, Hedges LV, Higgins JPT, Rothstein HR. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. *Research Synthesis Methods*. 2010;1(2):97–111. doi:10.1002/jrsm.12
370. Viechtbauer W. *Conducting meta-analyses in {R} with the {metafor} package.* Vol 36.; 2010. doi:10.18637/jss.v036.i03
371. Hozo SP, Djulbegovic B, Hozo I. Estimating the mean and variance from the median, range, and the size of a sample. *BMC Medical Research Methodology*. 2005;5(1). doi:10.1186/1471-2288-5-13

372. Wan X, Wang W, Liu J, Tong T. Estimating the sample mean and standard deviation from the sample size, median, range and/or interquartile range. *BMC Medical Research Methodology*. 2014;14(1). doi:10.1186/1471-2288-14-135
373. Borenstein M. In a meta-analysis, the I-squared statistic does not tell us how much the effect size varies. *Journal of Clinical Epidemiology*. outubro 2022. doi:10.1016/j.jclinepi.2022.10.003
374. Rücker G, Schwarzer G, Carpenter JR, Schumacher M. Undue reliance on I<sup>2</sup> in assessing heterogeneity may mislead. *BMC Medical Research Methodology*. 2008;8(1). doi:10.1186/1471-2288-8-79
375. Grooth HJ de, Parienti JJ. Heterogeneity between studies can be explained more reliably with individual patient data. *Intensive Care Medicine*. julho 2023. doi:10.1007/s00134-023-07163-z
376. Dettori JR, Norvell DC, Chapman JR. Seeing the Forest by Looking at the Trees: How to Interpret a Meta-Analysis Forest Plot. *Global Spine Journal*. 2021;11(4):614–616. doi:10.1177/21925682211003889
377. Song, Eastwood, Gilbody, Duley, Sutton. Publication and related biases. *Health Technology Assessment*. 2000;4(10). doi:10.3310/hta4100
378. Egger M, Smith GD, Schneider M, Minder C. Bias in meta-analysis detected by a simple, graphical test. *BMJ*. 1997;315(7109):629–634. doi:10.1136/bmj.315.7109.629
379. Peters JL. Comparison of Two Methods to Detect Publication Bias in Meta-analysis. *JAMA*. 2006;295(6):676. doi:10.1001/jama.295.6.676
380. Sterne JAC, Sutton AJ, Ioannidis JPA, et al. Recommendations for examining and interpreting funnel plot asymmetry in meta-analyses of randomised controlled trials. *BMJ*. 2011;343(jul22 1):d4002–d4002. doi:10.1136/bmj.d4002
381. Duval S, Tweedie R. Trim and Fill: A Simple Funnel-Plot-Based Method of Testing and Adjusting for Publication Bias in Meta-Analysis. *Biometrics*. 2000;56(2):455–463. doi:10.1111/j.0006-341x.2000.00455.x
382. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, et al. The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *PLOS Medicine*. 2021;18(3):e1003583. doi:10.1371/journal.pmed.1003583
383. Lajeunesse MJ. Facilitating systematic reviews, data extraction, and meta-analysis with the metagear package for R. *Methods in Ecology and Evolution*. 2016;7(3):323–330. doi:10.1111/2041-210X.12472
384. Moher D, Shamseer L, Clarke M, et al. Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (PRISMA-P) 2015 statement. *Systematic Reviews*. 2015;4(1). doi:10.1186/2046-4053-4-1
385. Haddaway NR, Page MJ, Pritchard CC, McGuinness LA. PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis. *Campbell Systematic Reviews*. 2022;18:e1230. doi:10.1002/cl2.1230
386. Gamble C, Krishan A, Stocken D, et al. Guidelines for the Content of Statistical Analysis Plans in Clinical Trials. *JAMA*. 2017;318(23):2337. doi:10.1001/jama.2017.18556

387. Makowski D, Lüdecke D, Patil I, Thériault R, Ben-Shachar MS, Wiernik BM. *Automated Results Reporting as a Practical Tool to Improve Reproducibility and Methodological Best Practices Adoption.*; 2023. <https://easystats.github.io/report/>.
388. Wallisch C, Bach P, Hafermann L, et al. Review of guidance papers on regression modeling in statistical series of medical journals. Mathes T, org. *PLOS ONE*. 2022;17(1):e0262918. doi:10.1371/journal.pone.0262918
389. Lynggaard H, Bell J, Lösch C, et al. Principles and recommendations for incorporating estimands into clinical study protocol templates. *Trials*. 2022;23(1). doi:10.1186/s13063-022-06515-2
390. Althouse AD, Below JE, Claggett BL, et al. Recommendations for Statistical Reporting in Cardiovascular Medicine: A Special Report From the American Heart Association. *Circulation*. 2021;144(4). doi:10.1161/circulationaha.121.055393
391. Lee KJ, Tilling KM, Cornish RP, et al. Framework for the treatment and reporting of missing data in observational studies: The Treatment And Reporting of Missing data in Observational Studies framework. *Journal of Clinical Epidemiology*. 2021;134:79–88. doi:10.1016/j.jclinepi.2021.01.008
392. Vickers AJ, Assel MJ, Sjoberg DD, et al. Guidelines for Reporting of Figures and Tables for Clinical Research in Urology. *Urology*. 2020;142:1–13. doi:10.1016/j.urology.2020.05.002
393. Assel M, Sjoberg D, Elders A, et al. Guidelines for Reporting of Statistics for Clinical Research in Urology. *Journal of Urology*. 2019;201(3):595–604. doi:10.1097/ju.0000000000000001
394. Lang TA, Altman DG. Basic statistical reporting for articles published in Biomedical Journals: The “Statistical Analyses and Methods in the Published Literature” or the SAMPL Guidelines. *International Journal of Nursing Studies*. 2015;52(1):5–9. doi:10.1016/j.ijnurstu.2014.09.006
395. Weissgerber TL, Milic NM, Winham SJ, Garovic VD. Beyond Bar and Line Graphs: Time for a New Data Presentation Paradigm. *PLOS Biology*. 2015;13(4):e1002128. doi:10.1371/journal.pbio.1002128
396. Sauerbrei W, Abrahamowicz M, Altman DG, Cessie S, Carpenter J. STREngthening Analytical Thinking for Observational Studies: the STRATOS initiative. *Statistics in Medicine*. 2014;33(30):5413–5432. doi:10.1002/sim.6265
397. Groves T. Research methods and reporting. *BMJ*. 2008;337(oct22 1):a2201–a2201. doi:10.1136/bmj.a2201
398. Stratton IM, Neil A. How to ensure your paper is rejected by the statistical reviewer. *Diabetic Medicine*. 2005;22(4):371–373. doi:10.1111/j.1464-5491.2004.01443.x
399. Mansournia MA, Collins GS, Nielsen RO, et al. A Checklist for statistical Assessment of Medical Papers (the CHAMP statement): explanation and elaboration. *British Journal of Sports Medicine*. 2021;55(18):1009–1017. doi:10.1136/bjsports-2020-103652
400. Gil-Sierra MD, Fénix-Caballero S, Abdel kader-Martin L, et al. Checklist for clinical applicability of subgroup analysis. *Journal of Clinical Pharmacy and Therapeutics*. 2019;45(3):530–538. doi:10.1111/jcpt.13102

401. Lee H, Cashin AG, Lamb SE, et al. A Guideline for Reporting Mediation Analyses of Randomized Trials and Observational Studies. *JAMA*. 2021;326(11):1045. doi:10.1001/jama.2021.14075

# “Ciência com R”

Você está pronto para desbloquear o poder da análise estatística de dados e elevar sua pesquisa a novos patamares? Não procure mais. Em “Ciência com R”, o Dr. Arthur de Sá Ferreira, um pesquisador experiente, oferece um guia indispensável que capacitará pesquisadores, analistas de dados e estudantes a tomarem decisões informadas e baseadas em evidências em seus empreendimentos científicos.

**ORIENTAÇÃO ESPECIALIZADA:** Beneficie-se da ampla experiência do Dr. Arthur de Sá Ferreira enquanto ele responde às perguntas mais fundamentais: *O que é isso? Por que usá-lo? Quando usar? Quando não usar? Como fazer?* Cada capítulo se aprofunda em questões específicas, oferecendo explicações claras e concisas e exemplos práticos.

**FORMATO DE PERGUNTAS E RESPOSTAS:** Mantenha uma conversa direta e objetiva com o autor. Descubra respostas para as perguntas comumente feitas por estudantes, pesquisadores e profissionais em todas as fases de sua jornada acadêmica e científica.

**APRENDIZADO PROGRESSIVO:** Navegue por uma progressão de conceitos e aplicações. Capítulos são estruturados didaticamente para maior clareza educacional, com referências cruzadas para garantir uma compreensão coesa dos tópicos inter-relacionados, reduzindo a fragmentação do conteúdo.

**INSIGHTS ATUALIZADOS:** Fique à frente da curva com as referências e insights mais recentes. Dr. [Seu nome] lança luz sobre preconceitos, paradoxos, mitos e práticas ilícitas na área, oferecendo uma clareza inestimável até mesmo para os pesquisadores mais experientes.

**SUPORTE DA LITERATURA:** Com um total de 345 referências, cada capítulo é apoiado por uma extensa bibliografia, permitindo que você aprofunde seu conhecimento e explore tópicos adicionais.

Quer você seja um estudante de pós-graduação em busca de métodos para analisar seus projetos de pesquisa, um pesquisador que precisa de informações e referências para o desenvolvimento de projetos ou um analista de dados experiente que deseja se manter atualizado, este livro é seu melhor companheiro. Além disso, pessoas de diversas áreas encontrarão neste livro uma porta de entrada para compreender a importância de fazer e responder perguntas no mundo da ciência.

Tome decisões informadas, evite armadilhas e destaque-se em sua pesquisa científica com “Ciência com R”. Os insights profundos do Dr. Arthur de Sá Ferreira permitirão que você transforme seus dados em descobertas significativas, colocando você no caminho da excelência em pesquisa.”