

# Relatório Final do Projeto - Planejamento e Análise de Experimentos (MAE0316)

Caio M. de Almeida - 15444560      Eduardo Yukio G. Ishihara - 15449012  
Gustavo S. Garone - 15458155      Ian B. Loures - 15459667  
João Victor G. de Sousa - 15463912

2025-11-28

---

## Tratamento de Dados

Transformamos nossos dados em uma tabela longa para facilitar a análise longitudinal. Criamos a variável “Retenção”, que mede relativamente a retenção de informação dos participantes entre a primeira e segunda aplicação do teste. Sua forma está dada na Equação 1.

$$\text{Retenção} = 1 + \frac{\text{Nota na reaplicação} - \text{Nota na aplicação}}{5} \quad (1)$$

Disso, segue que uma retenção de 0 indica que o participante acertou tudo na aplicação, e errou todas as questões na reaplicação, indicando perda total do que aprendeu com os vídeos. Por outro lado, uma retenção de 1 indica que o participante acertou o mesmo número de questões, enquanto uma retenção maior que 1 indica que o participante teve um desempenho melhor na reaplicação, o que pode indicar efeito de aprendizagem tardio, exposição ao conteúdo fora do experimento, ou acaso.

Tabela 1: Dados transformados em tabela longa para análise

Participante	Idade	Sexo	Topico	Velocidade	Aplicação	Nota
1	22	Feminino	Bio	X1	Diagn	1
1	22	Feminino	Bio	X1	Imed	4
1	22	Feminino	Bio	X1	Semn	4
2	20	Feminino	Bio	X1	Diagn	3
2	20	Feminino	Bio	X1	Imed	5
2	20	Feminino	Bio	X1	Semn	5
3	21	Feminino	Bio	X1	Diagn	2
3	21	Feminino	Bio	X1	Imed	5
3	21	Feminino	Bio	X1	Semn	5
4	19	Masculino	Bio	X1	Diagn	2

Tabela 1: Dados transformados em tabela longa para análise

Participante	Idade	Sexo	Topico	Velocidade	Aplicação	Nota
4	19	Masculino	Bio	X1	Imed	4
4	19	Masculino	Bio	X1	Semn	4
5	21	Feminino	Bio	X1	Diagn	1
5	21	Feminino	Bio	X1	Imed	3
5	21	Feminino	Bio	X1	Semn	3
6	19	Masculino	Bio	X1	Diagn	1
6	19	Masculino	Bio	X1	Imed	4
6	19	Masculino	Bio	X1	Semn	4
7	19	Masculino	Bio	X1	Diagn	2
7	19	Masculino	Bio	X1	Imed	5
7	19	Masculino	Bio	X1	Semn	5
8	21	Masculino	Bio	X2	Diagn	1
8	21	Masculino	Bio	X2	Imed	4
8	21	Masculino	Bio	X2	Semn	3
9	20	Masculino	Bio	X2	Diagn	1
9	20	Masculino	Bio	X2	Imed	4
9	20	Masculino	Bio	X2	Semn	3
10	22	Masculino	Bio	X2	Diagn	1
10	22	Masculino	Bio	X2	Imed	2
10	22	Masculino	Bio	X2	Semn	1
11	23	Masculino	Bio	X2	Diagn	2
11	23	Masculino	Bio	X2	Imed	4
11	23	Masculino	Bio	X2	Semn	5
12	20	Masculino	Bio	X2	Diagn	2
12	20	Masculino	Bio	X2	Imed	5
12	20	Masculino	Bio	X2	Semn	5
13	21	Feminino	Mat	X1	Diagn	0
13	21	Feminino	Mat	X1	Imed	4
13	21	Feminino	Mat	X1	Semn	5
14	26	Masculino	Mat	X1	Diagn	1
14	26	Masculino	Mat	X1	Imed	2
14	26	Masculino	Mat	X1	Semn	1
15	26	Masculino	Mat	X1	Diagn	2
15	26	Masculino	Mat	X1	Imed	5
15	26	Masculino	Mat	X1	Semn	5
16	20	Masculino	Mat	X1	Diagn	0
16	20	Masculino	Mat	X1	Imed	4
16	20	Masculino	Mat	X1	Semn	4
17	23	Masculino	Mat	X1	Diagn	0
17	23	Masculino	Mat	X1	Imed	4
17	23	Masculino	Mat	X1	Semn	3
18	20	Feminino	Mat	X2	Diagn	1
18	20	Feminino	Mat	X2	Imed	4

Tabela 1: Dados transformados em tabela longa para análise

Participante	Idade	Sexo	Topico	Velocidade	Aplicação	Nota
18	20	Feminino	Mat	X2	Semn	5
19	23	Masculino	Mat	X2	Diagn	2
19	23	Masculino	Mat	X2	Imed	2
19	23	Masculino	Mat	X2	Semn	4
20	19	Masculino	Mat	X2	Diagn	1
20	19	Masculino	Mat	X2	Imed	5
20	19	Masculino	Mat	X2	Semn	5
21	20	Masculino	Mat	X2	Diagn	1
21	20	Masculino	Mat	X2	Imed	3
21	20	Masculino	Mat	X2	Semn	3
22	21	Masculino	Mat	X2	Diagn	0
22	21	Masculino	Mat	X2	Imed	2
22	21	Masculino	Mat	X2	Semn	3

## Análise Exploratória

Tabela 2: Sumário estatístico das notas por aplicação

Aplicação	media	dp	min	Q1	mediana	Q3	max	
Diagn	1.2273	0.8125	0	1.00		1	2.00	3
Imed	3.8182	1.0527	2	3.25		4	4.75	5
Semn	3.8636	1.2458	1	3.00		4	5.00	5

Tabela 3: Sumário estatístico da retenção por tratamento

Grupo	n	media	dp	min	Q1	mediana	Q3	max	
Bio-X1	7	1.00	0.0000	1.0	1.0		1.0	1.0	
Bio-X2	5	0.92	0.1789	0.8	0.8		0.8	1.0	1.2
Mat-X1	5	0.96	0.1673	0.8	0.8		1.0	1.0	1.2
Mat-X2	5	1.16	0.1673	1.0	1.0		1.2	1.2	1.4

Tabela 4: Sumário estatístico das notas por tratamento e aplicação

Grupo	media	dp	min	Q1	mediana	Q3	max	
Bio-X1-Diagn	1.7143	0.7559	1	1		2	2	3
Bio-X1-Imed	4.2857	0.7559	3	4		4	5	5
Bio-X1-Semn	4.2857	0.7559	3	4		4	5	5
Bio-X2-Diagn	1.4000	0.5477	1	1		1	2	2
Bio-X2-Imed	3.8000	1.0954	2	4		4	4	5

Tabela 4: Sumário estatístico das notas por tratamento e aplicação

Grupo	media	dp	min	Q1	mediana	Q3	max
Bio-X2-Semn	3.4000	1.6733	1	3	3	5	5
Mat-X1-Diagn	0.6000	0.8944	0	0	0	1	2
Mat-X1-Imed	3.8000	1.0954	2	4	4	4	5
Mat-X1-Semn	3.6000	1.6733	1	3	4	5	5
Mat-X2-Diagn	1.0000	0.7071	0	1	1	1	2
Mat-X2-Imed	3.2000	1.3038	2	2	3	4	5
Mat-X2-Semn	4.0000	1.0000	3	3	4	5	5

Figura 1: Boxplots da retenção por velocidade de apresentação

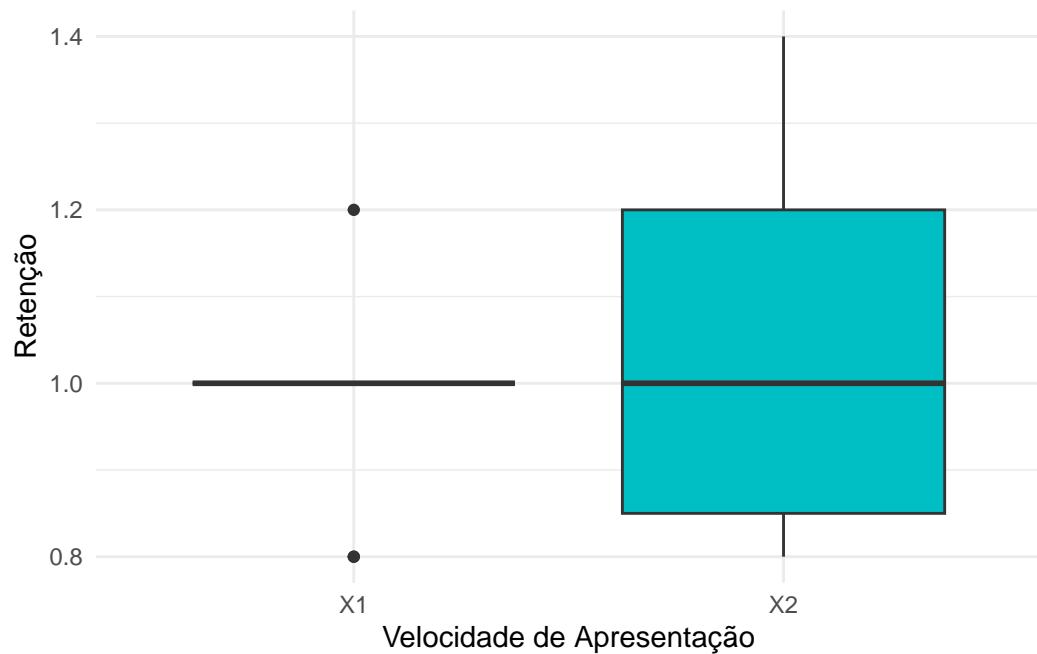


Figura 2: Boxplots da retenção por tópico

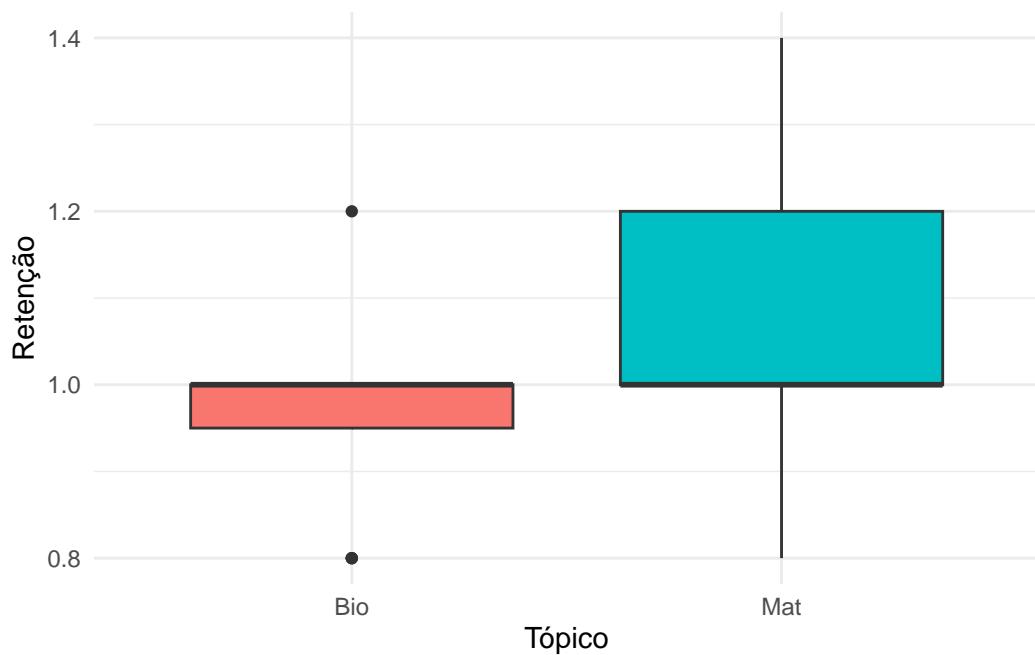


Figura 3: Boxplots da retenção por tratamento

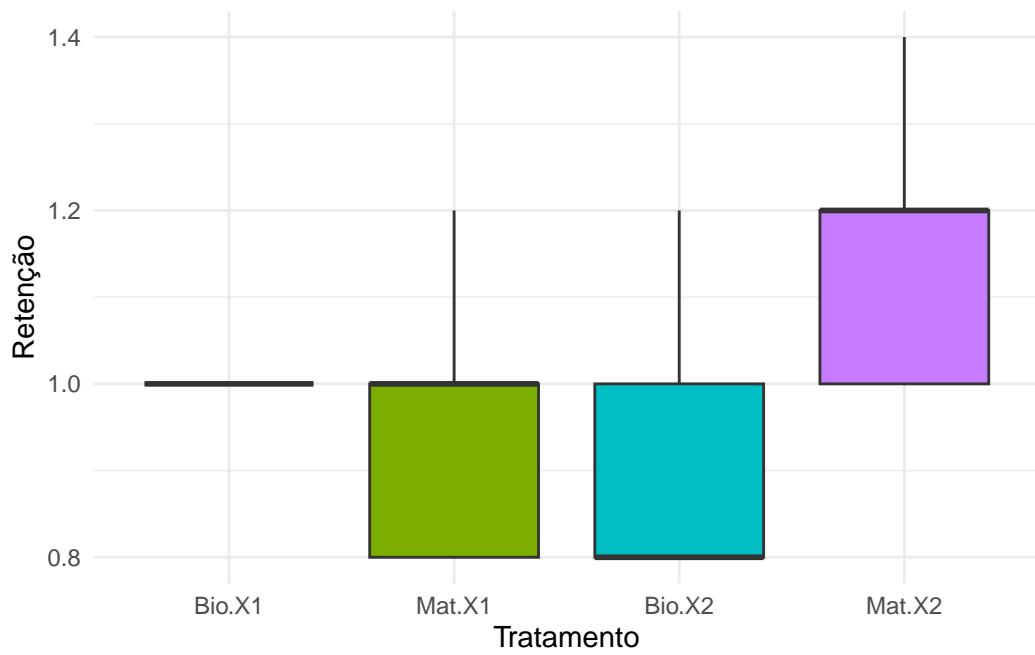
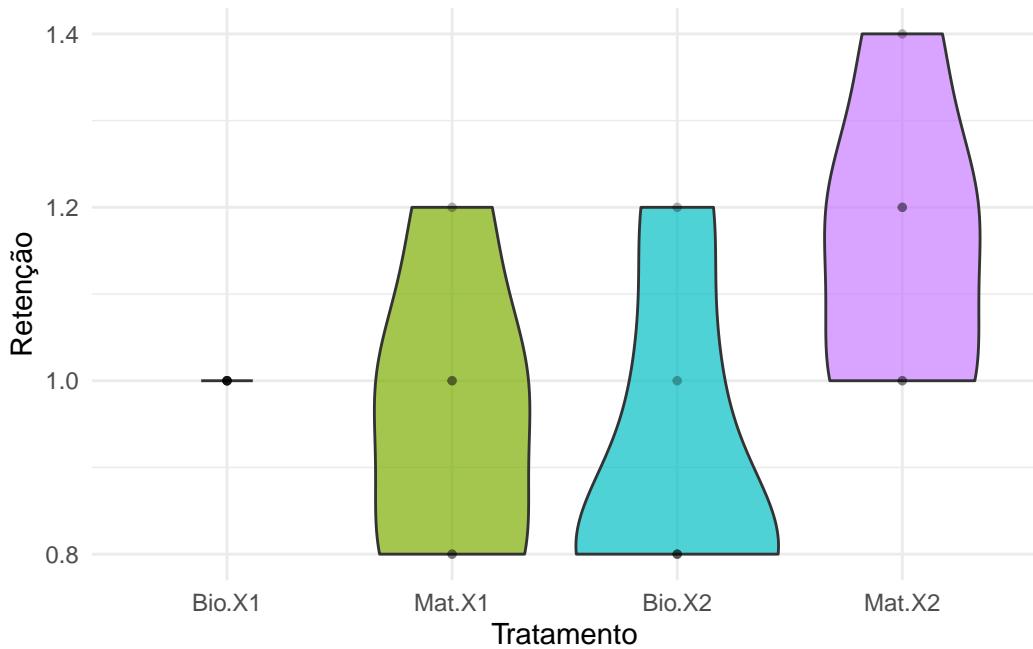


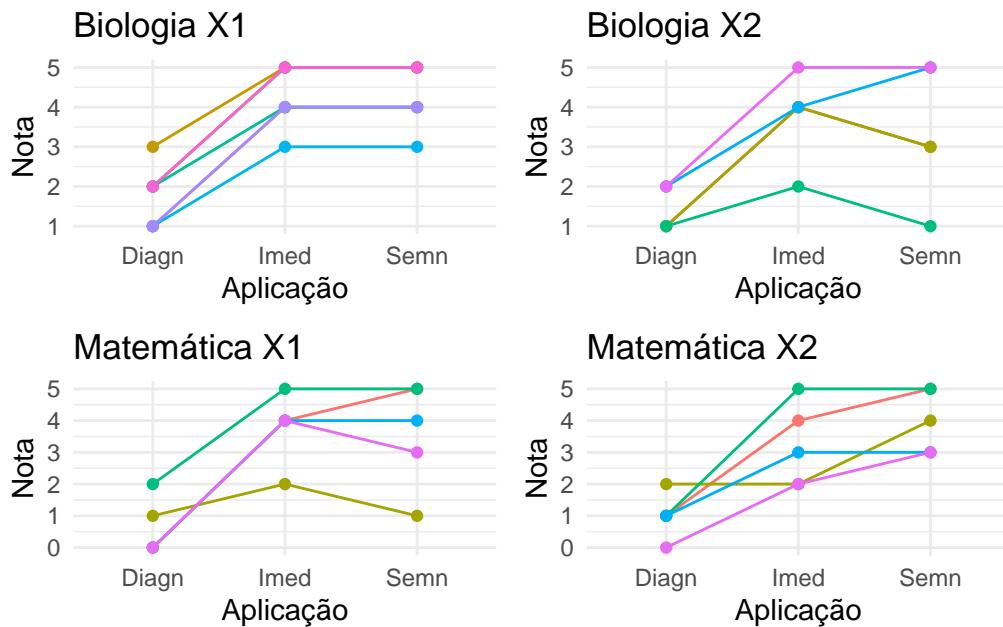
Figura 4: Violin plots da retenção por tratamento



Observamos destes gráficos que pode haver diferença entre os tratamentos, apesar de, individualmente, o *boxplot* de velocidades apresenta pouca variação na retenção.

Precisamos analisar o gráfico de perfis das notas da primeira e segunda aplicação por indivíduo para analisarmos a existência de heteroscedasticidade entre os participantes.

Figura 5: Gráficos de perfis das notas por participante por tratamento



Analisamos a partir da primeira aplicação do teste (**Imed**), uma vez que estamos preocupados em modelar a retenção. Além da interpretação biológica e social, esperamos pelos gráficos na Figura 5 que há efeito aleatório no intercepto e coeficiente angular. Os gráficos apontam, porém, que esses valores podem não estar correlacionados.

Também é interessante observar a covariância entre as variáveis explicativas.

Figura 6: Correlação entre as variáveis (Tratamentos)

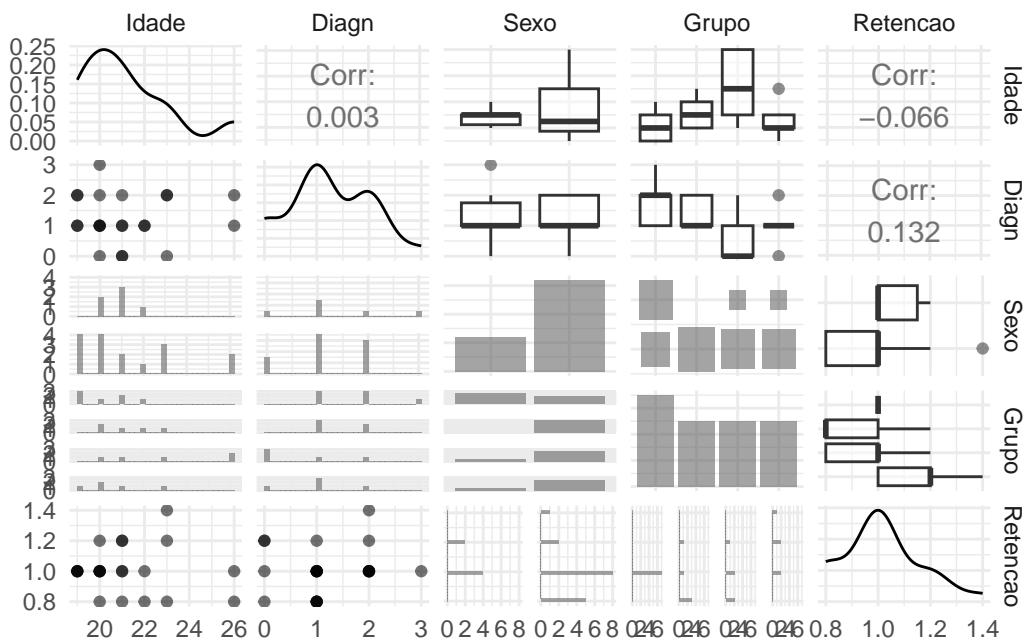
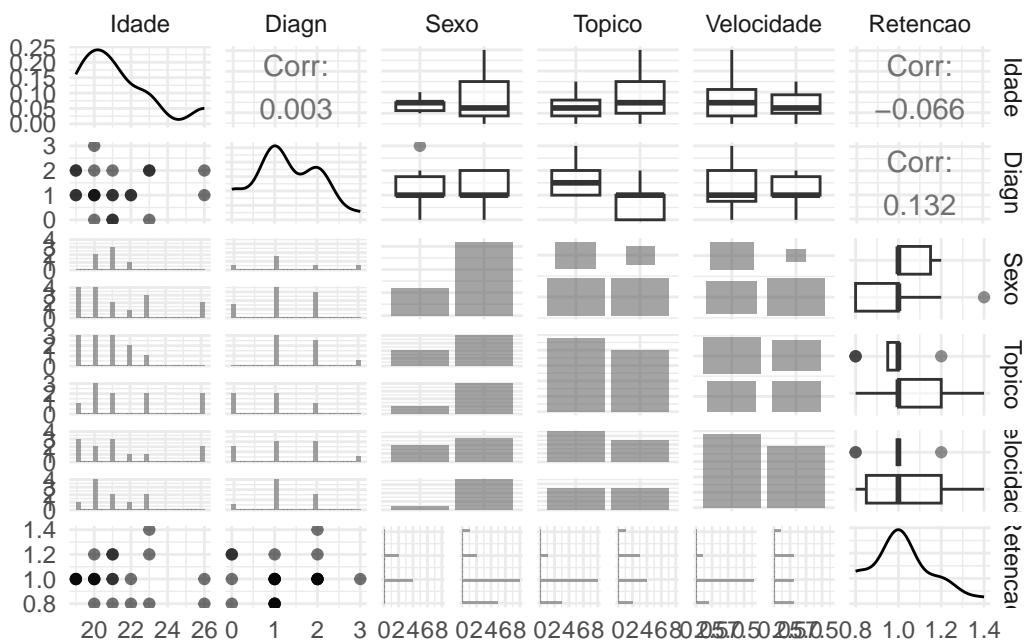


Figura 7: Correlação entre as variáveis com fatores separados



# Modelagem da Retenção

Temos como objetivo modelar a retenção de informação dos participantes a partir das variáveis explicativas disponíveis: idade, sexo, e grupo/tratamento (tópico e velocidade).

Devido ao caráter discreto da variável resposta, provavelmente um modelo linear clássico não será adequado na modelagem. Ainda assim, tentaremos ajustar um modelo linear só com efeitos fixos, depois, prosseguirmos para métodos não paramétricos, se necessário.

## Modelo linear simples

Ajustamos um modelo linear simples com efeitos fixos para a retenção da idade, tópico, velocidade da apresentação e a nota na aplicação diagnóstica. Iniciaremos por um modelo envolvendo idade, nota na avaliação diagnóstica e o tratamento (grupo), assim como a interação entre idade e grupo e entre diagnóstico e idade.

Tabela 5: Resumo do modelo linear simples com grupos

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
<b>(Intercept)</b>	1.644	1.033	1.591	0.1375
<b>Diagn</b>	-0.5695	0.4317	-1.319	0.2117
<b>Idade</b>	-0.03464	0.04893	-0.708	0.4925
<b>GrupoBio-X2</b>	-1.117	1.147	-0.9743	0.3491
<b>GrupoMat-X1</b>	1.251	0.9788	1.278	0.2255
<b>GrupoMat-X2</b>	-1.389	1.086	-1.279	0.2252
<b>Idade:GrupoBio-X2</b>	0.04857	0.05509	0.8815	0.3953
<b>Idade:GrupoMat-X1</b>	-0.05423	0.04522	-1.199	0.2536
<b>Idade:GrupoMat-X2</b>	0.07559	0.05265	1.436	0.1767
<b>Diagn:Idade</b>	0.03004	0.02005	1.498	0.1599

Tabela 6: Resumo do modelo linear simples com grupos

Observations	Residual Std. Error	R <sup>2</sup>	Adjusted R <sup>2</sup>
22	0.1057	0.7414	0.5475

Após seleção das variáveis por *stepwise*, terminamos com o modelo sem intercepto, com os efeitos fixos dos grupos e a interação entre idade e grupo.

Tabela 7: Resumo do modelo linear simples selecionado com grupos

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
<b>GrupoBio-X1</b>	1	0.8025	1.246	0.2332
<b>GrupoBio-X2</b>	-0.5765	0.9639	-0.5981	0.5593
<b>GrupoMat-X1</b>	1.683	0.4977	3.382	0.004472
<b>GrupoMat-X2</b>	-0.9	0.8057	-1.117	0.2828

Tabela 7: Resumo do modelo linear simples selecionado com grupos

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
<b>GrupoBio-X1:Idade</b>	-4.805e-17	0.03978	-1.208e-15	1
<b>GrupoBio-X2:Idade</b>	0.07059	0.0454	1.555	0.1423
<b>GrupoMat-X1:Idade</b>	-0.03117	0.02133	-1.461	0.166
<b>GrupoMat-X2:Idade</b>	0.1	0.03903	2.562	0.02258

Tabela 8: Resumo do modelo linear simples selecionado com grupos

Observations	Residual Std. Error	R <sup>2</sup>	Adjusted R <sup>2</sup>
22	0.1184	0.9914	0.9865

Devido aos altos valores  $p$  para os coeficientes ajustados, decidimos também por comparar esse modelo com uma forma reduzida (sem interação) por ANOVA.

Tabela 9: Comparação entre modelos lineares simples com e sem interação

Res.Df	RSS	Df	Sum of Sq	F	Pr(>F)
18	0.352	NA	NA	NA	NA
14	0.1962	4	0.1558	2.779	0.06849

Com diferença não significativa entre os modelos, optamos por seguir com o modelo reduzido pelo princípio da parcimônia. Dessa forma, nos resta o modelo apenas com os efeitos fixos dos grupos. Apresentamos um sumário na Tabela 11.

Tabela 10: Resumo do modelo linear simples reduzido com grupos

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
<b>GrupoBio-X1</b>	1	0.05285	18.92	2.507e-13
<b>GrupoBio-X2</b>	0.92	0.06254	14.71	1.785e-11
<b>GrupoMat-X1</b>	0.96	0.06254	15.35	8.753e-12
<b>GrupoMat-X2</b>	1.16	0.06254	18.55	3.522e-13

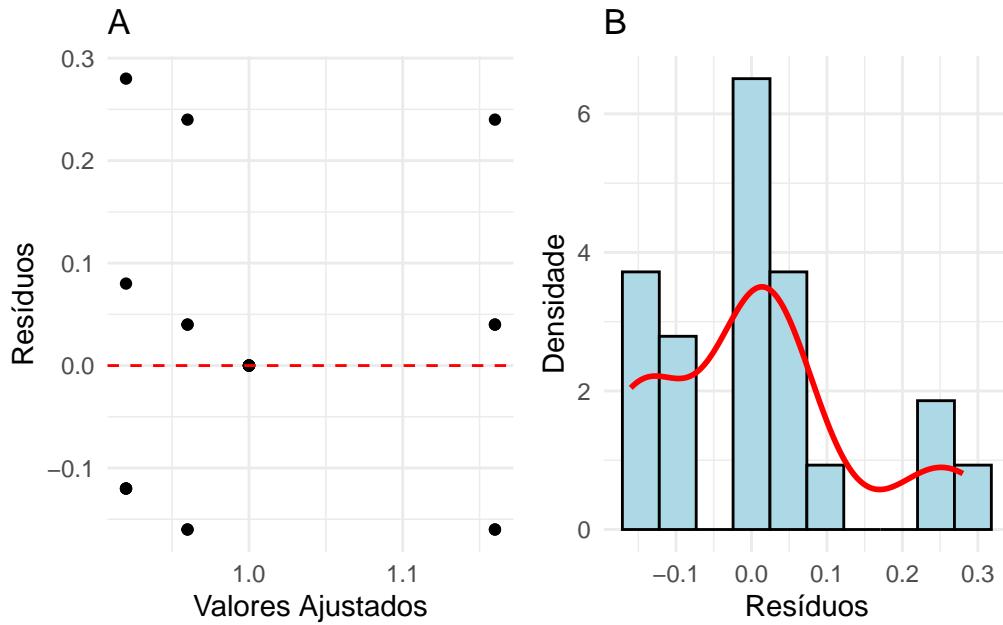
Tabela 11: Resumo do modelo linear simples reduzido com grupos

Observations	Residual Std. Error	R <sup>2</sup>	Adjusted R <sup>2</sup>
22	0.1398	0.9846	0.9812

Apesar de apresentar um grande valor de  $\bar{R}^2$ , precisamos realizar um diagnóstico do modelo para verificar as suposições do modelo linear clássico.

## Diagnóstico do modelo linear simples

Figura 8: Diagnóstico do modelo linear simples reduzido com grupos

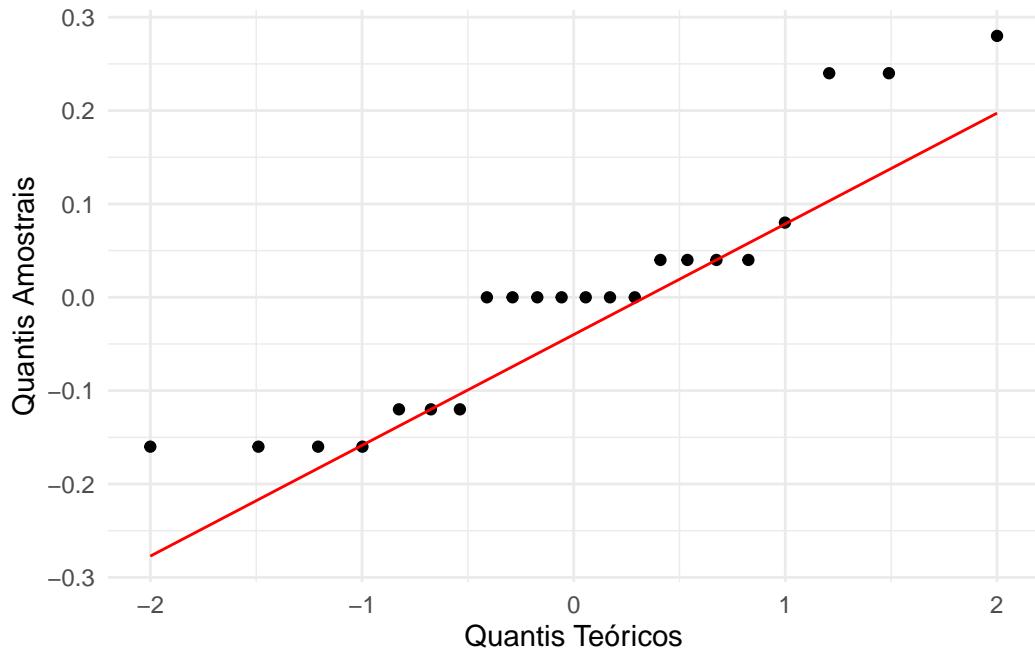


Os resíduos não mostram padrão claro no gráfico A da Figura 8, enquanto o histograma do gráfico B aponta certa irregularidade, partiremos para análise numérica.

Tabela 12: Teste de Levene para homocedasticidade dos resíduos do modelo linear simples reduzido com grupos

Estatística	Valor-p
1.8409	0.1759

Figura 9: QQ-Plot dos resíduos do modelo linear simples reduzido com grupos



Pelo gráfico na Figura 9, os resíduos, claramente, não seguem distribuição normal. Isso é esperado pela natureza discreta da variável resposta somado a uma amostra pequena. Vamos, ainda assim, realizar o teste de Shapiro-Wilk para fins exploratórios.

Tabela 13: Teste de Shapiro-Wilk para normalidade dos resíduos do modelo linear simples reduzido com grupos

Estatística	Valor-p
0.8761	0.0102

Curiosamente, não rejeitariamoa uma confiança de 99%. Ainda assim, sob nossos critérios ( $\alpha = 5\%$ ), e a análise da forma dos dados, rejeitamos a normalidade dos resíduos e descartamos este modelo.

## Análise não paramétrica

Dado o diagnóstico do modelo linear simples, optamos por analisar os dados de forma não paramétrica através da permutação, considerando que temos um modelo com delineamento completamente aleatorizado (pela querida professora), usaremos um teste de aleatorização (permutação) para testar a hipótese de que há efeito do grupo no valor médio da retenção.

Vemos pelas Tabela 14 e Tabela 15 que há efeito significativo do grupo na retenção dos participantes. Prosseguiremos com a análise pelo teste de Kruskal-Wallis para confirmar esse resultado.

Tabela 14: Resumo do modelo por permutação com grupos

```
[1] "Settings: unique SS"

Call:
lmp(formula = Retencao ~ 0 + Grupo, data = df_grupos)

Residuals:
    Min         1Q     Median        3Q       Max
-1.600e-01 -1.200e-01  1.101e-16  4.000e-02  2.800e-01

Coefficients:
            Estimate Iter Pr(Prob)
GrupoBio-X1     1.00 5000   0.0020 **
GrupoBio-X2      0.92   51   0.9608
GrupoMat-X1     0.96 5000   0.0050 **
GrupoMat-X2     1.16 5000   0.0004 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.1398 on 18 degrees of freedom
Multiple R-Squared: 0.9846, Adjusted R-squared: 0.9812
F-statistic: 288.5 on 4 and 18 DF,  p-value: 4.687e-16
```

Tabela 15: ANOVA do modelo por permutação com grupos

```
Analysis of Variance Table

Response: Retencao
          Df R Sum Sq R Mean Sq Iter Pr(Prob)
(Intercept)  4   22.568   5.6420 5000   0.0034 **
Residuals   18   0.352    0.0196
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Tabela 16: Teste de Kruskal-Wallis para grupos

Estatística	Valor-p
6.2899	0.0983

O teste de Kruskal-Wallis não rejeita a hipótese nula de que as amostras entre os grupos se originam da mesma distribuição. Dessa forma, pode ser que pela variabilidade distinta entre os grupos observadas na análise descritiva (Tabela 3), a análise do modelo com permutação seja inválida. Pode ser também que o teste de KW tenha pouca adequação pela grande quantidade de empates na variável resposta.

Prosseguiremos mesmo assim com a análise post-hoc.

Usaremos o teste post-hoc de Dunn para identificar quais grupos diferem entre si.

Tabela 17: Teste de Dunn para comparações múltiplas entre os grupos

Estatística	Valor-p ajustado
1.0156	1.0000
0.5223	1.0000
-0.4567	1.0000
-1.5378	0.7445
-2.3640	0.1085
-1.9073	0.3389

Corroborando o resultado do teste KW, o teste de Dunn não aponta diferenças significativas entre os grupos, mas, como dito, a análise pode ser prejudicada pela grande quantidade de empates na variável resposta.

## Conclusões da modelagem sobre a retenção

A partir dos modelos ajustados, é inconclusivo se há diferenças significativas na retenção de informação entre os diferentes tratamentos com os métodos utilizados. Isso ocorre devido à forma discreta da variável resposta e a pequena amostra, que dificultam o ajuste de modelos adequados.

Nesse contexto, seguiríamos com a análise através de transformações, como a transformação **Logit** com a probabilidade de retenção, ou o uso de modelos lineares generalizados, como o modelo logístico para uma outra forma da variável retenção, ou até mesmo modelos binomiais.