

Atividade Avaliativa

Métodos não Paramétricos

Ana Maria Alves da Silva

2025-03-03

Exercício 1

No artigo **Eficácia de ação educativa com reeducandas de cadeia pública de Mato Grosso sobre o vírus HPV** (Corsino, P. K. D. *et al.*, Saúde e Pesquisa, 2018) os autores analisaram o impacto de ações educativas, sobre o vírus HPV, em reeducandas de Cadeia Pública Feminina de Mato Grosso. Entre outras variáveis, eles registraram idade, estado civil, grau de escolaridade, quantidade de filhos, motivo de estarem detidas e tempo de detenção, para cada uma das detentas participantes do estudo.

- Item a: Classifique, usando os tipo de variáveis e escala de medidas, as variáveis como se você fosse o pesquisador (como se a pesquisa fosse **sua** e como achar importante registrar os valores). Justifique **suas** escolhas de registro.

Solução 1.a:

A classificação correta das variáveis é fundamental para a escolha dos testes estatísticos apropriados na análise de dados. Variáveis quantitativas permitem cálculos de média e dispersão, enquanto variáveis qualitativas exigem análise de frequência e testes de associação. Além disso, entender a escala de medida ajuda a evitar interpretações erradas e escolher os métodos estatísticos mais adequados. Lembremos que as variáveis podem ser classificadas em dois grandes grupos:

- **Qualitativas:** Representam categorias e podem ser **nominais**, isso é sem ordem natural, ou podem ser **ordinais**, isto é com uma ordem definida.
- **Quantitativas:** Representam números e podem ser **discretas**, valores inteiros, ou podem ser **contínuas**, isso é com valores em números reais.

Além disso, as escalas de medida são:

- **Nominal:** Categorização sem ordem.
- **Ordinal:** Categorização com ordem definida.
- **Intervalar:** Diferenças entre valores fazem sentido, mas não há um zero absoluto.
- **Razão:** Diferenças e razões fazem sentido, e há um zero absoluto.

Abaixo, classificamos as variáveis do estudo conforme seu tipo e escala de medida:

Variável	Tipo da Variável	Escala de Medida	Justificativa
Idade	Quantitativa Contínua	Razão	A idade é uma variável quantitativa porque pode ser expressa numericamente e comparada entre indivíduos. Ela é contínua porque pode assumir qualquer valor dentro de um intervalo, uma pessoa pode ter 25.5 anos. A escala de medida é de razão, pois possui um zero absoluto onde 0 anos significa ausência de idade. A razão entre valores faz sentido, por exemplo, uma pessoa de 30 anos tem o dobro da idade de uma pessoa de 15 anos.
Estado civil	Qualitativa Nominal	Nominal	O estado civil é uma variável qualitativa porque representa categorias sem um valor numérico associado. Ela é nominal, pois as categorias solteira, casada, divorciada, viúva, etc, não possuem uma ordem hierárquica natural. Não faz sentido dizer que “casada” é maior que “solteira”, apenas que são estados diferentes.
Grau de escolaridade	Qualitativa Ordinal	Ordinal	O grau de escolaridade é uma variável qualitativa, pois representa níveis educacionais em categorias. Porém, ela é ordinal, pois há uma relação de ordem entre os níveis fundamental < médio < superior. Apesar de ter hierarquia, a diferença entre os níveis não é mensurável de forma numérica precisa pois não faz sentido dizer que ensino médio é “duas vezes maior” que ensino fundamental.
Quantidade de filhos	Quantitativa Discreta	Razão	A quantidade de filhos é uma variável quantitativa discreta, pois assume apenas valores inteiros, não faz sentido dizer que uma pessoa tem 2.5 filhos. A escala é de razão, pois há um zero absoluto, onde 0 filhos significa ausência de filhos e comparações multiplicativas fazem sentido, por exemplo, uma pessoa com 4 filhos tem o dobro de filhos que uma pessoa com 2.
Motivo da detenção	Qualitativa Nominal	Nominal	O motivo da detenção é uma variável qualitativa nominal, pois representa categorias distintas, por exemplo tráfico de drogas, roubo, homicídio, não possuem ordem natural entre elas. Não há hierarquia entre os diferentes motivos de detenção, portanto, a escala de medida é nominal.

Variável	Tipo da Variável	Escala de Medida	Justificativa
Tempo de detenção	Quantitativa Contínua	Razão	O tempo de detenção é uma variável quantitativa contínua, pois pode ser expresso em frações de tempo seja em anos, meses ou dias. Ele segue a escala de razão, pois há um zero absoluto, 0 anos de detenção significa ausência de detenção e a relação entre valores é significativa por exemplo, 4 anos de detenção é o dobro de 2 anos.

Note que Tempo de detenção pode ser interpretado como quantitativo contínuo ou discreto, dependendo da forma como os dados foram coletados. Se for em anos inteiros, pode ser discreto; se for em dias ou meses e permitir frações, contínuo.

- Item b. Para verificar o efeito da ação educativa sobre o vírus HPV, as detentas responderam um questionário antes e após as ações educativas (filmes, palestras, *etc.*). Neste estudo, a respeito dos locais/meios onde as detentas adquiraram conhecimento sobre HPV antes/após a ação educativa, considere duas situações Escola e, Comunicação em mídia e redes sociais). Escolha entre uma entre as duas formas: **Escola** ou **Comunicação em mídia e redes sociais**. A realização da ação educativa contribuiu significativamente com a informação dessas mulheres sobre o HPV? Descreva as suposições, hipóteses, aplique o teste de hipóteses adequado e apresente uma conclusão.

Escola				Comunicação em mídia e redes sociais			
		Depois				Depois	
		Sim	Não			Sim	Não
Antes	Sim	5	3	Antes	Sim	5	12
	Não	8	21		Não	4	

Solução 1.b:

Para resolver essa questão usaremos o **Teste de McNemar**. O Teste de McNemar é utilizado para comparar proporções em amostras pareadas antes e depois de uma intervenção, como no caso da ação educativa sobre o HPV. Se tivéssemos dois grupos independentes, ou seja, detentas diferentes antes e depois, usaríamos um **Teste Qui-Quadrado** ao invés do McNemar. Mas como estamos comparando as mesmas detentas, o Teste de McNemar é o correto. Note que amostras são pareadas quando cada observação antes e depois pertence ao mesmo indivíduo e cada resposta posterior está diretamente relacionada à resposta inicial do mesmo participante. No caso do estudo sobre HPV temos que as mesmas detentas responderam o questionário duas vezes, antes e depois da ação educativa. Os dados estão organizados como uma tabela de contingência 2x2, comparando as respostas antes e depois para cada detenta. Cada detenta serve como seu próprio controle, ou seja, estamos analisando mudanças individuais. Portanto, as amostras são pareadas porque estamos observando a mesma população em dois momentos distintos.

1. Suposições do Teste de McNemar:

- As respostas antes e depois da intervenção são pareadas (as mesmas pessoas responderam o questionário antes e depois).

- A variável de interesse é dicotômica (Sim/Não).
- O teste avalia se houve mudança significativa no conhecimento sobre o HPV após a intervenção.

2. Hipóteses:

- Hipótese Nula (H_0): A ação educativa não teve impacto significativo, ou seja, as proporções de respostas “Sim” antes e depois são iguais.
- Hipótese Alternativa (H_1): A ação educativa teve impacto significativo, ou seja, as proporções de respostas “Sim” antes e depois são diferentes.

3. A seguir, aplicaremos o teste:

```
# Criar a matriz de contingência para o teste de McNemar
dados <- matrix(c(5, 12, 4, 0), nrow = 2, byrow = TRUE,
               dimnames = list("Antes" = c("Sim", "Nao"),
                               "Depois" = c("Sim", "Nao")))

# Aplicar o teste de McNemar
teste <- mcnemar.test(dados, correct = TRUE)

# Exibir resultado do teste
print(teste)
```

```
##
## McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data: dados
## McNemar's chi-squared = 3.0625, df = 1, p-value = 0.08012
```

Como o p-value é igual a 0.08012 é maior que 0.05, mas próximo de 0.05, podemos dizer que há uma tendência de mudança, mas a evidência estatística não é forte o suficiente para afirmar que a ação educativa teve um impacto significativo. Se tivéssemos um p-value menor que 0.05, concluiríamos que a ação educativa foi estatisticamente significativa. Portanto, concluímos que *NÃO* temos evidências estatísticas suficientes para afirmar que a ação educativa teve um impacto significativo sobre o conhecimento das detentas sobre HPV.

Vamos aumentar a sensibilidade do teste usando o Teste de McNemar sem a correção de continuidade, isso é `mcnemar.test(dados, correct = FALSE)`, para ver se o p-value diminui pois não há como aumentarmos a amostra de dados para ter uma análise mais acertiva.

```
# Aplicar o teste de McNemar
teste_2 <- mcnemar.test(dados, correct = FALSE)

# Exibir resultado do teste
print(teste_2)
```

```
##
## McNemar's Chi-squared test
##
## data: dados
## McNemar's chi-squared = 4, df = 1, p-value = 0.0455
```

```
#if(!require(DescTools)) install.packages("DescTools", dependencies = TRUE)
library(DescTools)
```

```
##
## Anexando pacote: 'DescTools'

## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:caret':
##
##      MAE, RMSE

## O seguinte objeto é mascarado por 'package:car':
##
##      Recode
```

```
# Calcular Odds Ratio e Intervalo de Confiança
OR_result <- OddsRatio(dados, conf.level = 0.95)

# Exibir resultado
print(OR_result)
```

```
## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
## 0.048888889 0.002226615 1.073433636
```

4. Conclusão:

O Teste de McNemar sem correção mostrou um p-value igual a 0.0455 que é menor que 0.05, indicando que a diferença antes e depois da ação educativa não foi aleatória. Logo rejeitamos H_0 ao nível de 5% de significância, ou seja, agora temos evidências estatísticas para aceitar a hipótese alternativa H_1 que a ação educativa teve impacto significativo, ou seja, as proporções de respostas “Sim” antes e depois são diferentes. Isso não significa que H_1 é uma verdade absoluta, significa apenas que há fortes evidências estatísticas para sustentá-la. Além disso, o OddsRatio igual a 0.0489, o que indica que a chance de mudança para “Sim” depois da intervenção é muito baixa em comparação com a chance de permanecer “Não”.

Exercício 2

Suponha que 100 pacientes, selecionados aleatoriamente (sob certas condições) sejam avaliados, quanto à dor. Dos que ingeriram placebo, 35 dos pacientes relataram algum alívio, mas os 65 restantes não. Sob um novo medicamento, 55 dos pacientes relataram algum alívio, enquanto 45 não. Das 65 pessoas que não relataram alívio sob o placebo, 30 também não relataram alívio sob o novo medicamento. Podemos dizer que existe evidência, nesta amostra, de que placebo e o novo medicamento tem efeitos diferentes? Descreva as suposições hipóteses, aplique o teste de hipótese adequado e apresente uma conclusão.

Solução 2:

O Teste de McNemar é a melhor opção para analisar mudanças nas respostas dos mesmos indivíduos antes e depois da administração do novo medicamento porque as amostras são pareadas, isso é, os mesmos pacientes foram analisados antes e depois. Além disso a variável é categórica dicotômica e o nosso objetivo é testar diferenças entre placebo e medicamento nos mesmos indivíduos. Se tivéssemos grupos independentes, usaríamos o Teste Qui-Quadrado.

1. Suposições: Para aplicar corretamente o Teste de McNemar, precisamos garantir que as seguintes suposições sejam atendidas:

- Dados Pareados: O mesmo grupo de 100 pacientes foi avaliado antes e depois, placebo e novo medicamento. Isso significa que cada paciente serve como seu próprio controle, ou seja, temos amostras dependentes.
- Variáveis Categóricas Dicotômicas: Cada paciente respondeu se sentiu alívio da dor ou não → Variável binária (Sim/Não).
- Tamanho Amostral Suficiente: O Teste de McNemar funciona melhor para amostras grandes. Nossa amostra tem 100 pacientes, o que geralmente é suficiente para esse teste.

Como essas suposições foram atendidas, podemos prosseguir com o Teste de McNemar.

2. Hipóteses:

- Hipótese Nula H_0 : Não há diferença significativa entre os efeitos do placebo e do novo medicamento.
- Hipótese Alternativa H_1 : Há uma diferença significativa entre os efeitos do placebo e do novo medicamento.

3. Tabela de Contingência:

```
# Criar a matriz de contingência para o Teste de McNemar
dados <- matrix(c(35, 30, 25, 10), nrow = 2, byrow = TRUE,
               dimnames = list("Placebo" = c("Alívio", "Sem Alívio"),
                              "Novo Medicamento" = c("Alívio", "Sem Alívio")))

# Exibir a tabela formatada
print(dados)
```

```
##              Novo Medicamento
## Placebo      Alívio Sem Alívio
##   Alívio      35      30
##   Sem Alívio   25      10
```

4. Aplicar o Teste de McNemar

```
# Aplicar o Teste de McNemar
teste <- mcnemar.test(dados, correct = FALSE)

# Exibir resultado
print(teste)

##
## McNemar's Chi-squared test
##
## data:  dados
## McNemar's chi-squared = 0.45455, df = 1, p-value = 0.5002

OR_result <- OddsRatio(dados, conf.level = 0.95)

# Exibir resultado
print(OR_result)
```

```
## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
## 0.4666667 0.1934325 1.1258592
```

5. Conclusão:

Com base nesta amostra, não rejeitamos a hipótese nula e não há evidências estatísticas de que o novo medicamento seja mais eficaz que o placebo. Pois o p-value alto de 0.5002 indica que a diferença observada nos dados pode ter ocorrido por acaso, sugerindo que o efeito do novo medicamento pode ser semelhante ao do placebo, pelo menos na amostra estudada. O OddiosRatio igual a 0.4667, o que indica que o novo medicamento tem menos chances de produzir alívio do que o placebo. Como o intervalo inclui o valor 1, o resultado não é estatisticamente significativo, reforçando que não há evidencia suficiente de que o novo medicamento seja melhor que o placebo.

Exercício 3

Agar-agar, um gel preparado a partir das paredes celulares de várias algas vermelhas, é usado como meio de cultura em laboratórios e também como espessante, estabilizante ou adesivo nas indústrias de alimentos, cosméticos e fármacos. Geyer *et al.* (1990) estudaram como o teor de agar-agar extraído da alga *Pterocladia capillacea* (Rhodophyceae) variava com a localidade onde as amostras eram colhidas, na costa próxima à Arraial do Cabo (RJ). Os resultados foram:

Local A: (39.75, 36.40, 33.88, 27.85, 31.42, 34.40, 36.62, 36.50, 38.40, 23.80)

Local B: (42.37, 45.23, 34.14, 37.00, 29.96, 31.82, 34.58, 42.58, 42.38)

Existe diferença entre os teores de agar-agar, considerando as duas localidades? Descreva as suposições, hipóteses, aplique o teste de hipótese adequado e apresente uma conclusão.

Solução:

Para resolver essa questão, precisamos determinar se há diferença significativa entre os teores de agar-agar extraídos em dois locais diferentes. Como os dados são quantitativos e contínuos, e estamos comparando duas amostras independentes, podemos utilizar um teste não paramétrico.

1. Suposições:

Antes de escolher o teste estatístico adequado, precisamos garantir que algumas suposições sejam avaliadas.

- Variáveis quantitativas: Os teores de agar-agar são medidas contínuas, em números reais. Logo, os dados atendem a essa condição.
- Amostras independentes: Cada local tem um conjunto diferente de amostras, coletadas separadamente. Logo, as amostras de Local A e Local B são independentes.
- Normalidade dos dados: usaremos o teste de Kolmogorov-Smirnov para verificar se os dados seguem uma distribuição normal. Assim, temos as seguintes hipóteses:

H_0 Os dados seguem uma distribuição normal. H_1 Os dados não seguem uma distribuição normal.

```
# Criar os vetores com os teores de agar-agar
local_A <- c(39.75, 36.40, 33.88, 27.85, 31.42, 34.40, 36.62, 36.50, 38.40, 23.80)
local_B <- c(42.37, 45.23, 34.14, 37.00, 29.96, 31.82, 34.58, 42.58, 42.38)

# Visualizar um resumo dos dados
summary(local_A)
```

```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##      23.80   32.03   35.40   33.90   36.59   39.75
```

```
summary(local_B)
```

```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##      29.96   34.14   37.00   37.78   42.38   45.23
```

```
# Teste de Kolmogorov-Smirnov para normalidade
ks.test(local_A, "pnorm", mean(local_A), sd(local_A))
```

```
##
## Exact one-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  local_A
## D = 0.19822, p-value = 0.7578
## alternative hypothesis: two-sided
```

```
ks.test(local_B, "pnorm", mean(local_B), sd(local_B))
```

```
##
## Exact one-sample Kolmogorov-Smirnov test
##
## data:  local_B
## D = 0.24245, p-value = 0.5848
## alternative hypothesis: two-sided
```

Como ambos os p-values são maiores que 0.05, não rejeitamos H_0 . Ou seja, isso indica que os dados podem ser tratados como normais com base no Teste de Kolmogorov-Smirnov.

2. Hipóteses:

Nosso objetivo é testar se há diferença nos teores de agar-agar entre os dois locais.

- Hipótese Nula H_0 : Os teores de agar-agar nos dois locais são iguais, as medianas são iguais.
- Hipótese Alternativa H_1 : Os teores de agar-agar são diferentes entre os locais, as medianas são diferentes.

3. Escolha do teste estatístico:

Utilizaremos o teste de Teste de Mann-Whitney para a Comparação de duas amostras independentes. Pois mesmo que os dados sejam normais, pode ser utilizado para comparação de medianas.

```
wilcox_test <- wilcox.test(local_A, local_B, alternative = "two.sided", conf.int = TRUE)
print(wilcox_test)
```

```
##
## Wilcoxon rank sum exact test
##
## data:  local_A and local_B
```



```
## W = 28, p-value = 0.1823
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -8.70  2.26
## sample estimates:
## difference in location
## -3.975
```

4. Conclusão: Como, p é maior que 0.05, nós não rejeitamos a hipótese nula H_0 , logo não há evidências estatísticas suficientes para afirmar que os teores médios de agar-agar nos locais A e B são diferentes. Isso significa que a variação observada nas médias pode ser resultado do acaso, e não de um efeito real das diferenças entre as localidades. O intervalo de confiança contém 0, reforçando a ideia de que não há evidência suficiente para afirmar que os locais têm teores diferentes.

Exercício 4

Para avaliar o efeito de anestésicos, um estudo foi realizado aplicando quatro diferentes tipos de anestésico em determinada espécie de animal. Neste estudo, 19 animais, desta espécie, receberam inicialmente o medicamento pentobarbital. Cada animal recebeu dióxido de carbono (CO_2) em cada um dos dois níveis de pressão (alta e baixa). Em seguida, halotano (H) foi adicionado e a administração de CO_2 foi repetida. Os batimentos cardíacos (em milissegundos) foram registrados para as quatro combinações de tratamento:

Tratamento A: Alta pressão de CO_2 sem halotano

Tratamento B: Baixa pressão de CO_2 sem halotano

Tratamento C: Alta pressão de CO_2 com halotano

Tratamento D: Baixa pressão de CO_2 com halotano

Os resultados foram:

Animal	Tratamento A	Tratamento B	Tratamento C	Tratamento D
1	426	609	556	600
2	253	236	392	395
3	359	433	349	357
4	432	431	522	600
5	405	426	513	513
6	324	438	507	539
7	310	312	410	456
8	326	326	350	504
9	375	447	547	548
10	286	286	403	422
11	349	382	473	497
12	429	410	488	547
13	348	377	447	514
14	412	473	472	446
15	347	326	455	468
16	434	458	637	524
17	364	367	432	469
18	420	395	508	531
19	397	556	645	625

(como descrito em Johnson, R. A.; Wichern, D. W. “Applied multivariate statistical analysis”, 2002).

- Item a Apresente uma análise descritiva (tipos e variáveis envolvidas, gráficos e medidas resumo).

Solução 4.a:

1. Primeiramente vamos identificar as variáveis envolvidas e seus tipos.

1.1. Variável Dependente (Resposta):

- **Batimentos cardíacos**, que é do tipo **quantitativa Contínua** pois é medida em milissegundos.

1.2. Variáveis Independentes:

- **Pressão de CO_2** (Alta/Baixa), que é do tipo **qualitativa Nominal**.
- **Presença de Halotano** (Com/Sem), que é do tipo **qualitativa Nominal**.
- **Tratamento (A, B, C, D)**, que é do tipo **qualitativa Nominal**. Onde as combinações de tratamento são:

Tratamento	Pressão de CO_2	Halotano
A	Alta	Sem Halotano
B	Baixa	Sem Halotano
C	Alta	Com Halotano
D	Baixa	Com Halotano

2. Análise Descritiva. O código a baixo nos traz um resumo das principais medidas descritivas, média, mediana, desvio padrão, mínimo e máximo além dos quartis.

```
# Criar o dataframe com os dados
dados_2 <- data.frame(
  Tratamento_A = c(426, 253, 359, 393, 405, 412, 376, 319, 438, 412, 348, 329,
                    376, 405, 312, 326, 375, 394, 387),
  Tratamento_B = c(609, 426, 433, 482, 426, 486, 500, 400, 493, 473, 377, 347,
                    395, 508, 376, 359, 508, 506, 556),
  Tratamento_C = c(556, 392, 349, 349, 513, 513, 410, 392, 347, 427, 477, 420,
                    486, 470, 437, 405, 438, 425, 545),
  Tratamento_D = c(600, 395, 357, 357, 513, 513, 395, 362, 375, 416, 514, 478,
                    496, 452, 396, 432, 469, 446, 625)
)

# Estatísticas descritivas para cada tratamento
resumo <- summary(dados_2)
print(resumo)
```

```
##   Tratamento_A   Tratamento_B   Tratamento_C   Tratamento_D
##   Min.    :253.0   Min.    :347.0   Min.    :347.0   Min.    :357.0
##   1st Qu.:338.5   1st Qu.:397.5   1st Qu.:398.5   1st Qu.:395.0
##   Median :376.0   Median :473.0   Median :427.0   Median :446.0
##   Mean   :370.8   Mean   :455.8   Mean   :439.5   Mean   :452.2
##   3rd Qu.:405.0   3rd Qu.:503.0   3rd Qu.:481.5   3rd Qu.:504.5
##   Max.    :438.0   Max.    :609.0   Max.    :556.0   Max.    :625.0
```

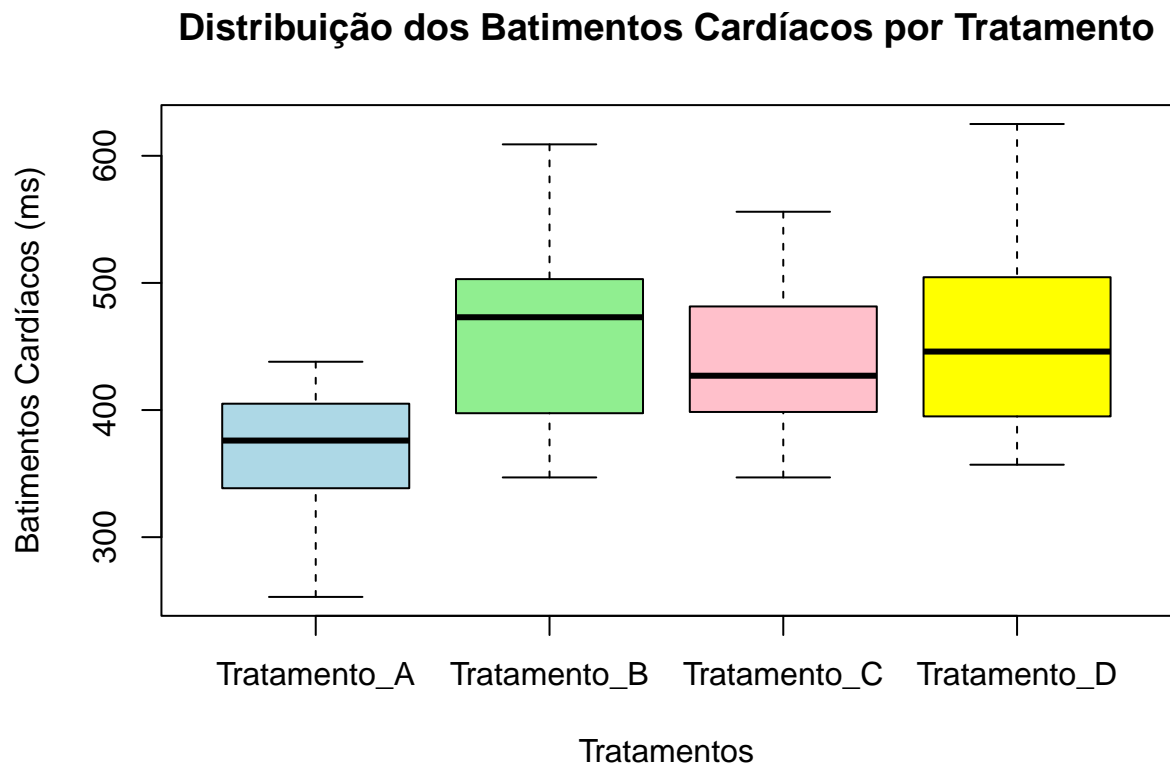
```
# Desvio Padrão para cada tratamento
desvio <- apply(dados, 2, sd)
print(desvio)
```

```
##      Alívio Sem Alívio
## 7.071068 14.142136
```

Através dos resumos acima temos que o Tratamento B apresentou a maior média e mediana, indicando que baixar a pressão de CO_2 sem Halotano pode aumentar os batimentos cardíacos. O Tratamento A apresentou os valores mais baixos de média e mediana, sugerindo que manter uma alta pressão de CO_2 sem Halotano pode reduzir os batimentos cardíacos. O Tratamento D apresentou alta média e alta variabilidade, sugerindo que o efeito de baixa pressão de CO_2 combinada com Halotano pode ser mais instável entre os animais. O Tratamento C foi intermediário, mais próximo de D, indicando que a combinação de alta pressão de CO_2 com Halotano também pode aumentar os batimentos, mas com menor intensidade que D.

3. Visualização:

```
# Criar boxplot para comparar os tratamentos
boxplot(dados_2, main="Distribuição dos Batimentos Cardíacos por Tratamento",
        col=c("lightblue", "lightgreen", "pink", "yellow"),
        xlab="Tratamentos", ylab="Batimentos Cardíacos (ms)")
```



Os Boxplot acima nos mostra que os tratamentos B e D parecem elevar os batimentos cardíacos significativamente. O Tratamento A pode ter um efeito de redução nos batimentos cardíacos. Enquanto o Tratamento C tem um efeito intermediário e menos variável.

- Item b Sob a abordagem não paramétrica, é possível afirmar, nesta amostra, que os diferentes tipos de anestésicos são semelhantes? Se sim, quais pares apresentam resultados diferentes? Descreva as suposições, hipóteses, aplique o teste de hipótese adequado e apresente uma conclusão.

Solução 4.b:

1. Escolha do Teste Não Paramétrico:

Como temos quatro grupos de tratamentos e cada animal foi submetido a todos os quatro tratamentos, temos que os dados são pareados. Neste caso, o Teste de Friedman é mais apropriado.

2. Suposições:

- As amostras são independentes: Sim, pois cada tratamento foi aplicado separadamente.
- A variável de resposta (batimentos cardíacos) quantitativa contínua: Sim, pois os batimentos cardíacos é uma variável quantitativa contínua.
- As distribuições dos tratamentos podem ser comparadas em termos de ranking (postos).

3. Hipóteses:

- Hipótese Nula H_0 : Os batimentos cardíacos são estatisticamente semelhantes entre os quatro tratamentos (A, B, C e D).
- Hipótese Alternativa H_1 : Pelo menos um dos tratamentos tem um efeito significativamente diferente nos batimentos cardíacos.

4. Aplicação do teste:

```
dados_friedman <- data.frame(  
  Tratamento_A = c(426, 253, 359, 393, 405, 412, 376, 319, 438, 412, 348, 329, 376, 405, 312, 326, 375,  
  Tratamento_B = c(609, 426, 433, 482, 426, 486, 500, 400, 493, 473, 377, 347, 395, 508, 376, 359, 508,  
  Tratamento_C = c(556, 392, 349, 349, 513, 513, 410, 392, 347, 427, 477, 420, 486, 470, 437, 405, 438,  
  Tratamento_D = c(600, 395, 357, 357, 513, 513, 395, 362, 375, 416, 514, 478, 496, 452, 396, 432, 469,  
)  
  
# Aplicar o Teste de Friedman  
friedman_test <- friedman.test(as.matrix(dados_friedman))  
  
# Exibir resultado  
print(friedman_test)  
  
##  
## Friedman rank sum test  
##  
## data: as.matrix(dados_friedman)  
## Friedman chi-squared = 24.287, df = 3, p-value = 2.176e-05
```

5. Conclusão do Teste:

Como o p valor é muito menor que 0.05 rejeitamos a hipótese nula H_0 . Ou seja, pelo menos um dos tratamentos causou um efeito significativamente diferente nos batimentos cardíacos. Para descobrir quais pares de tratamentos apresentam diferenças, precisamos aplicar um Teste de Conover-Nemenyi.

6. Teste de Conover-Nemenyi:

```
# Instalar e carregar pacotes necessários  
if(!require(PMCMRplus)) install.packages("PMCMRplus", dependencies = TRUE)  
library(PMCMRplus)  
  
# Reformular os dados para formato longo (long format)
```

```

dados_long <- data.frame(
  Animal = rep(1:19, times = 4), # Criamos um identificador único para cada animal
  Tratamento = factor(rep(c("A", "B", "C", "D"), each = 19)),
  Batimentos = c(
    426, 253, 359, 393, 405, 412, 376, 319, 438, 412, 348, 329, 376, 405, 312, 326, 375, 394, 387,
    609, 426, 433, 482, 426, 486, 500, 400, 493, 473, 377, 347, 395, 508, 376, 359, 508, 506, 556,
    556, 392, 349, 349, 513, 513, 410, 392, 347, 427, 477, 420, 486, 470, 437, 405, 438, 425, 545,
    600, 395, 357, 357, 513, 513, 395, 362, 375, 416, 514, 478, 496, 452, 396, 432, 469, 446, 625
  )
)

# Converter os dados para formato de matriz antes de aplicar o teste
dados_matriz <- reshape(dados_long, idvar = "Animal", timevar = "Tratamento", direction = "wide")

# Remover a coluna de identificador Animal para que apenas os valores numéricos sejam usados
dados_matriz <- as.matrix(dados_matriz[,-1])

# Aplicar o Teste de Comparações Múltiplas Pós-Hoc de Conover-Nemenyi
posthoc_result <- frdAllPairsConoverTest(dados_matriz, p.adjust.method = "bonferroni")

# Exibir os resultados
print(posthoc_result)

##
## Pairwise comparisons using Conover's all-pairs test for a two-way balanced complete block design

## data: y

##           Batimentos.A Batimentos.B Batimentos.C
## Batimentos.B 1.8e-06      -              -
## Batimentos.C 0.0027      0.2371         -
## Batimentos.D 3.4e-05      1.0000         1.0000

##
## P value adjustment method: bonferroni

```

7. Conclusão Final:

Os resultados do Conover-Nemenyi nos diz que o Tratamento A tem um efeito significativamente diferente de todos os outros tratamentos (B, C e D). Os tratamentos B, C e D não diferem estatisticamente entre si. Isso sugere que a condição representada pelo Tratamento A teve um efeito estatisticamente diferente dos demais, enquanto os outros tratamentos (B, C, D) tiveram efeitos semelhantes entre si.

Portanto, o Teste de Conover-Nemenyi confirmou que o Tratamento A é o único estatisticamente diferente dos outros, validando a hipótese alternativa H_1 .