Comparações entre duas condições dependentes e independentes

Paulo S. P Silveira (paulo.silveira@fm.usp.br)
Koichi Sameshima (koichi.sameshima@fm.usp.br)
José O. Siqueira (jose.siqueira@fm.usp.br)

Contents

v20200329.2025

Objetivos

- reconhecer e mencionar propriedades da distribuição t.
- reconhecer as indicações e aplicar um teste t para uma condição.
- reconhecer as indicações e aplicar um teste t relacionado (condições dependentes).
- reconhecer as indicações e aplicar um teste t independente (condições independentes).
- definir hipóteses estatísticas nula e alternativa.

Preparação

Os exemplos aqui apresentados estão disponíveis. Caso queira usá-los, crie um projeto, coloque o arquivo desta aula e os seguintes arquivos na pasta do mesmo:

- Animacao_t_central.R
- Animacao_t_nao_central.R
- Nifedipina.R
- Violencia_estadios.R
- Violencia_estadios.xlsx
- Nutricao.R
- Nutricao.xlsx

Distribuição t

É uma distribuição de probabilidades que considera graus de liberdade (ν, letra grega *ni*).

Sob H_0 é semelhante à distribuição normal padronizada, centrada em $t = 0$, mas com suas caudas mais "pesadas" (desvio-padrão > 1). Não é uma única curva, mas uma família delas, variando os graus de liberdade: podemos pensar na distribuição t como um avanço histórico em relação à distribuição normal padronizada - em um teste z o desvio-padrão populacional é conhecido; no teste t usa-se o desvio-padrão amostral como estimador. A incerteza adicional pela falta de conhecimento do desvio-padrão populacional é considerada através dos graus de liberdade, alterando a distribuição sobre a qual a estatística do teste funciona.

Os graus de liberdade dependem do tamanho da amostra; quanto menor, mais pesadas são as caudas e, portanto, diferenças numéricas precisam que ser maiores para que consigamos rejeitar a hipótese nula.

Experimente Animacao_t_central.R para ver o aspecto da distribuição t e observe:

- sob H_0 a distribuição t é centrada em zero.
- quando as caudas têm maior área, então o valor crítico, que define α, afasta-se.
- aproxima-se da distribuição normal se $\nu \to \infty$.

Funções para distribuições em R

R dispõe de uma pequena família de funções básicas para cada tipo de distribuição. Estes pequenos conjuntos são análogos uns aos outros conjuntos, facilitando o aprendizado.

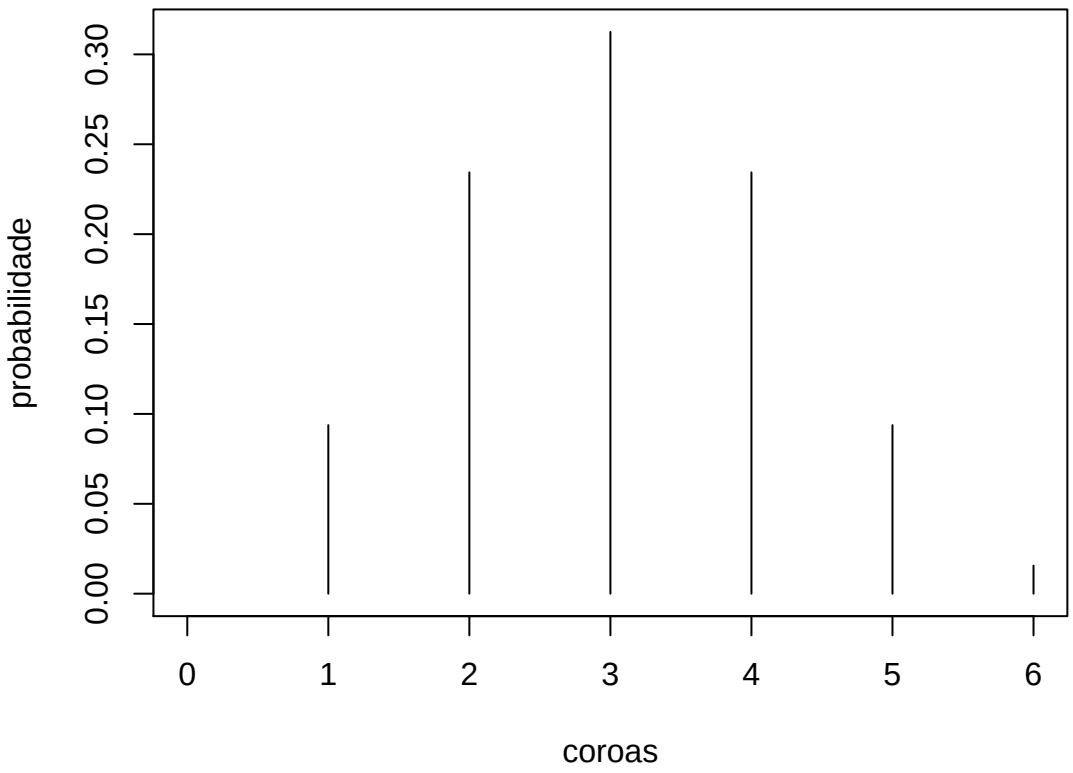
distribuição binomial

A família de funções para a distribuição binomial é:

- dbinom(x, size, prob, log = FALSE)
- pbinom(q, size, prob, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- qbinom(p, size, prob, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- rbinom(n, size, prob)

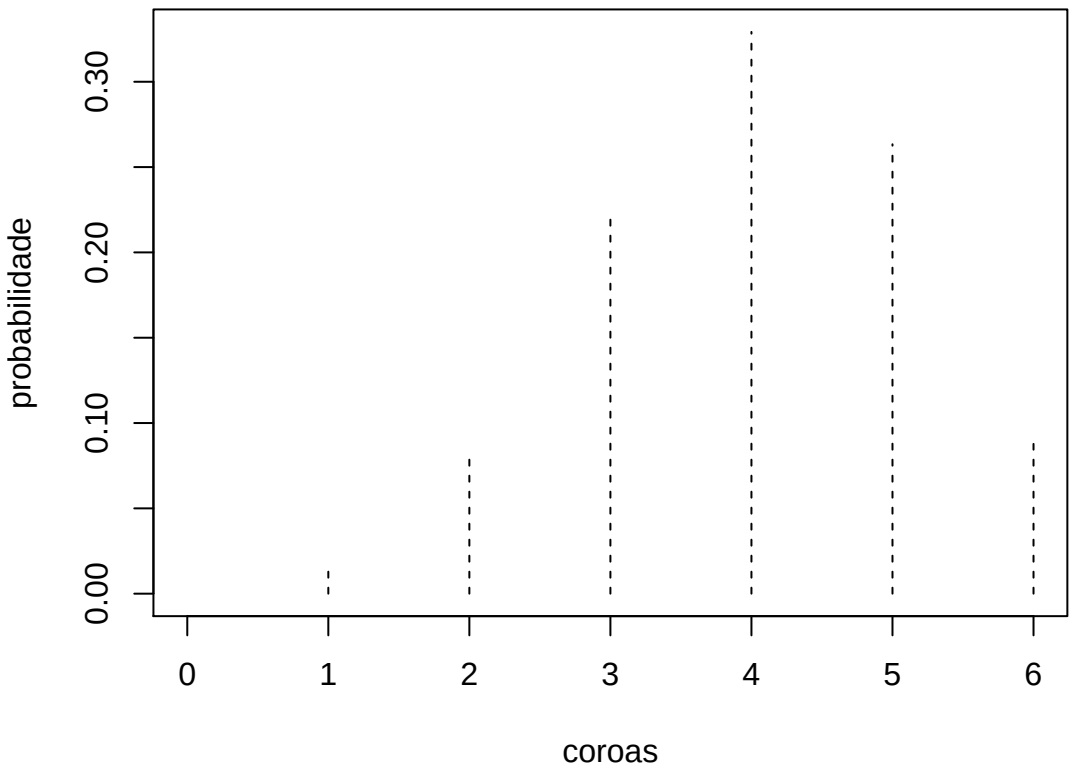
que dependem do número de eventos (*size*) e sucesso de cada evento (*prob*). Esta distribuição serve, por exemplo, para modelar uma moeda. Por exemplo, uma moeda bem balanceada tem 50% de probabilidade de sair coroa. Caso fosse testada com 6 jogadas, esperamos que 3 coroas sejam o mais provável, e o gráfico com a distribuição de probabilidades pode usar o seguinte código:

```
jogadas <- seq(0:6)
probabilidades <- dbinom(x=jogadas, size=6, prob=0.5)
plot(jogadas, probabilidades,
     xlab="coroas", ylab="probabilidade",
     xlim=c(0,6), type="h")
```



Para uma moeda desbalanceada, viciada para dar $\frac{2}{3}$ de coroas, esperamos 4 coroas em 6 jogadas, como vemos alterando o parâmetro *prob*:

```
jogadas <- seq(0:6)
probabilidades <- dbinom(x=jogadas, size=6, prob=2/3)
plot(jogadas, probabilidades,
     xlab="coroas", ylab="probabilidade",
     xlim=c(0,6), type="h", lty=2)
```



A curva produzida para a moeda desbalanceada é a mesma daquela obtida pela moeda balanceada, apenas transladada para a direita. A dificuldade para distinguir uma moeda da outra está em observar que a moeda de 50% tem certa probabilidade de sair com 4 coroas, bem como a desbalanceada pode obter 3.

distribuição normal

A distribuição normal tem conjunto de funções similar às da binomial:

- dnorm(x, mean = 0, sd = 1, log = FALSE)
- pnorm(q, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- qnorm(p, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)

na qual necessitamos da média (*mean*) e desvio-padrão (*sd*) para sua caracterização. É usada com variáveis quantitativas contínuas, portanto os gráficos devem usar linhas contínuas.

Por comparação exploraremos distribuições normais com médias de 3 e 4 e desvio-padrão de 1.22.

Este desvio-padrão não foi escolhido ao acaso. O desvio-padrão de uma binomial é dado por:

$sd_{binomial} = \sqrt{n \cdot p \cdot (1-p)}$

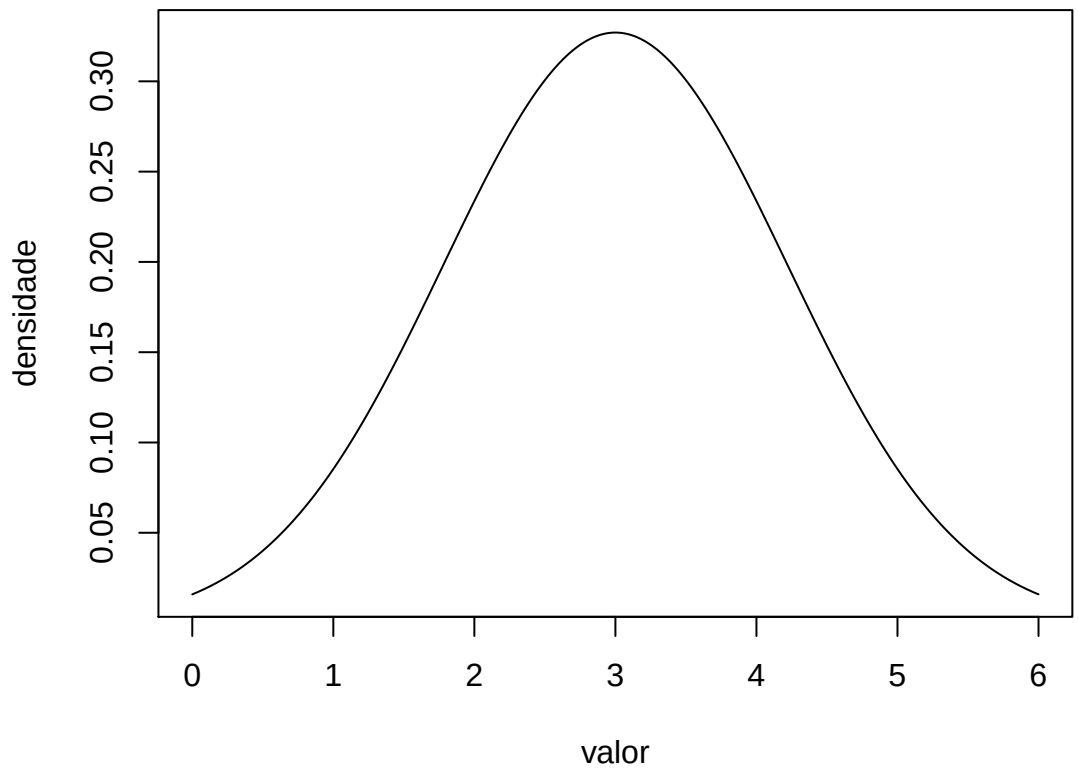
onde n é o número de jogadas, p é a probabilidade do evento. Então, para o exemplo acima, $sd_{binomial} = \sqrt{6 \cdot 0.5 \cdot (1-0.5)} \approx 1.22$.

Para este exemplo procuramos mostrar uma distribuição normal com formato similar à binomial do exemplo anterior.

O código para ilustrar distribuições normais é muito similar aos mostrados para as distribuições binomais, mas usando a função *dnorm()* no lugar de *dbinom()*.

Para mostrar uma distribuição normal com média de 3 podemos usar:

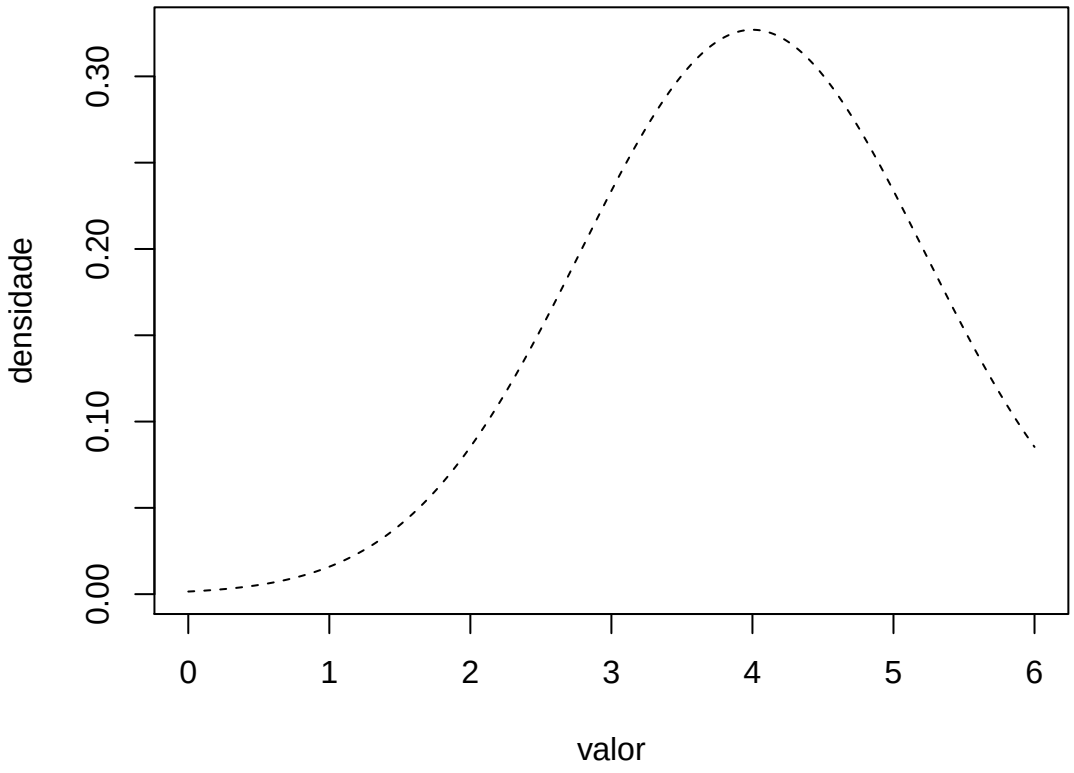
```
valores <- seq(from=0, to=6, by=0.01)
densidades <- dnorm(x=valores, mean=3, sd=1.22)
plot(valores, densidades,
     xlab="valor", ylab="densidade",
     type="l")
```



e para média de 4:

```
valores <- seq(from=0, to=6, by=0.01)
densidades <- dnorm(x=valores, mean=4, sd=1.22)
plot(valores, densidades,
```

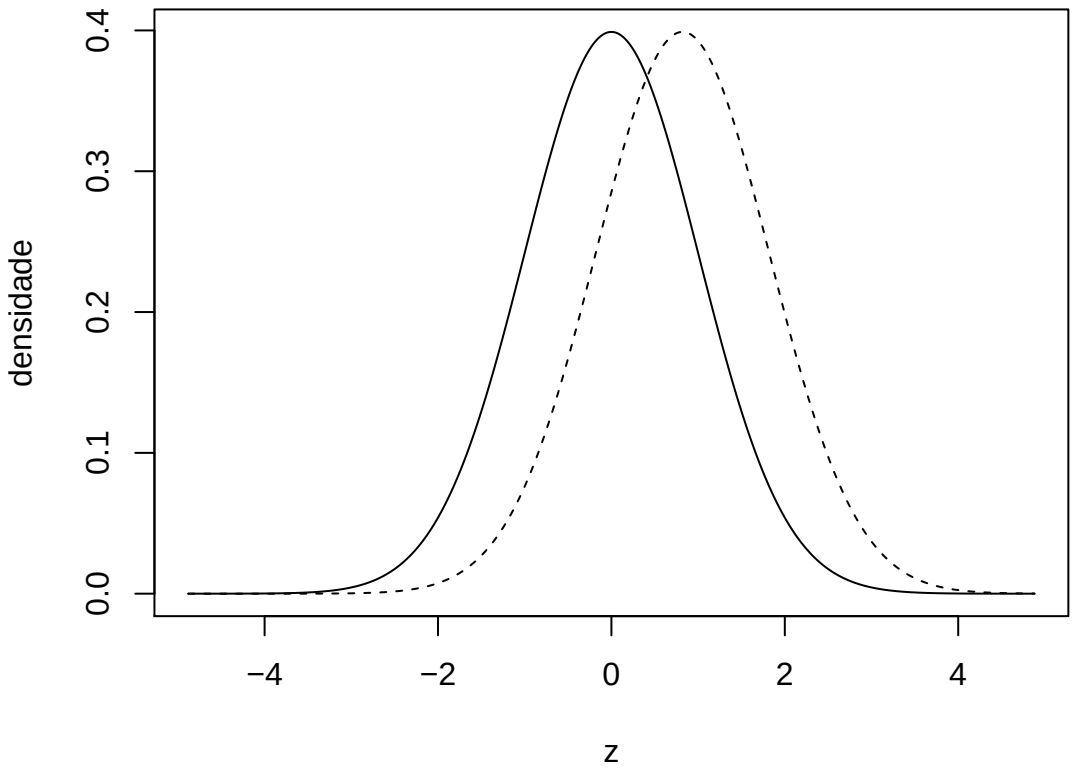
```
     xlab="valor", ylab="densidade",
     type="l", lty=2)
```



Observamos, novamente, a curva transladada para a direita quando a média aumenta de 3 para 4. O problema estatístico é análogo a distinguir uma moeda balanceada de uma viciada em $\frac{2}{3}$: saber se duas distribuições com médias numericamente diferentes podem ser tratadas como diversas.

A decisão estatística, considerando $H_0 : \mu_A = \mu_B$, é tomada com base nas distribuições normais padronizadas: é o caso de um teste z, e as duas distribuições exemplificadas aqui corresponderiam aproximadamente a:

```
z <- seq(from=-4*1.22, to=4*1.22, by=0.01)
H0_z <- dnorm(x=z, mean=0, sd=1)
plot(z, H0_z,
     xlab="z", ylab="densidade",
     type="l")
delta <- (4-3)/1.22
H1_z <- dnorm(x=z, mean=delta, sd=1)
lines(z, H1_z, lty=2)
```



Esta representação ilustra normais padronizadas no intervalo de ±4 desvios-padrão. A distribuição de referência, que tinha média de 4 (correspondendo a $H_0 : \mu_A = \mu_B$, linha sólida) foi centrada em zero. A distribuição correspondente à média de 4 ($H_1 : \mu_A \neq \mu_B$, linha pontilhada) está a aproximadamente a 0.82 unidades de desvio-padrão acima da média de referência ($(4-3)/1.22 \approx 0.8196$).

a distribuição t

Para a distribuição t as funções são:

- dt(x, df, ncp, log = FALSE)
- pt(q, df, ncp, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- qt(p, df, ncp, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
- rt(n, df, ncp)

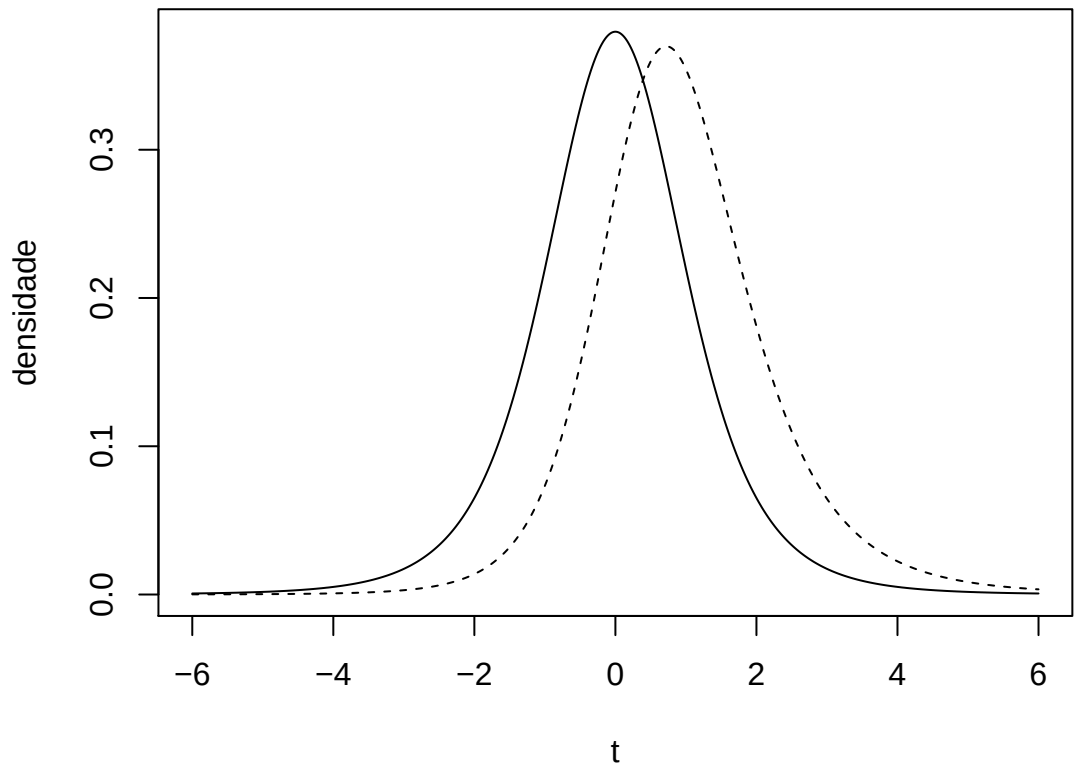
Como as distribuições normais, as funções t são para variáveis quantitativas contínuas. Já são padronizadas e, portanto, não aparece média e desvio-padrão entre seus parâmetros. Em vez disto, aparecem duas novidades:

- os graus de liberdade (*df*, degrees of freedom), já discutidos, e
- o parâmetro de não centralidade (*ncp*).

No caso, *df* é relacionado com o tamanho da amostra ($df = n - 1$), e *ncp* define a translação da distribuição t, representando H_1. A curva correspondente a H_0 tem ncp = 0.

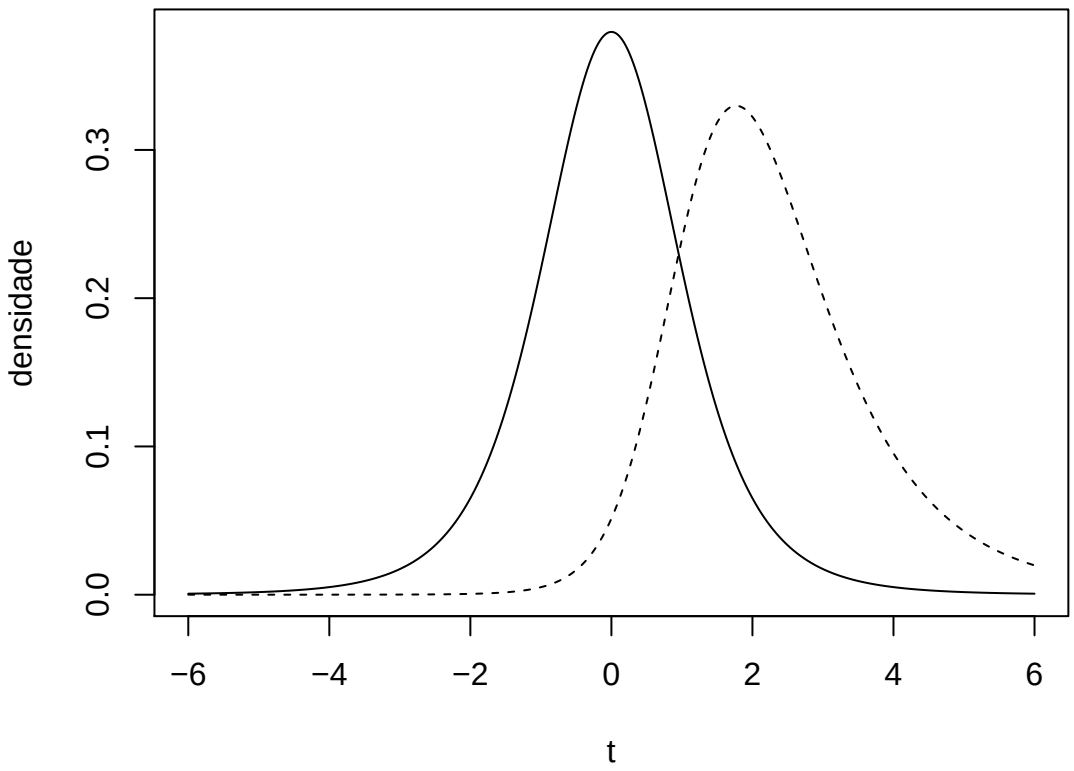
O código similar ao das normais padronizadas é:

```
t <- seq(from=-6, to=6, by=0.01)
H0_t <- dt(x=t, df=6-1, ncp=0)
plot(t, H0_t,
     xlab="t", ylab="densidade",
     type="l")
H1_t <- dt(x=t, df=6-1, ncp=0.82)
lines(t, H1_t, lty=2)
```



Algo além da translação ocorreu quando *ncp* não é zero: observe que a curva pontilhada é ligeiramente mais baixa que a de linha sólida. Mais difícil de perceber é que a curva pontilhada é assimétrica. É mais visível com valor maior de *ncp*:

```
t <- seq(from=-6, to=6, by=0.01)
H0_t <- dt(x=t, df=6-1, ncp=0)
plot(t, H0_t,
     xlab="t", ylab="densidade",
     type="l")
H1_t <- dt(x=t, df=6-1, ncp=2)
lines(t, H1_t, lty=2)
```

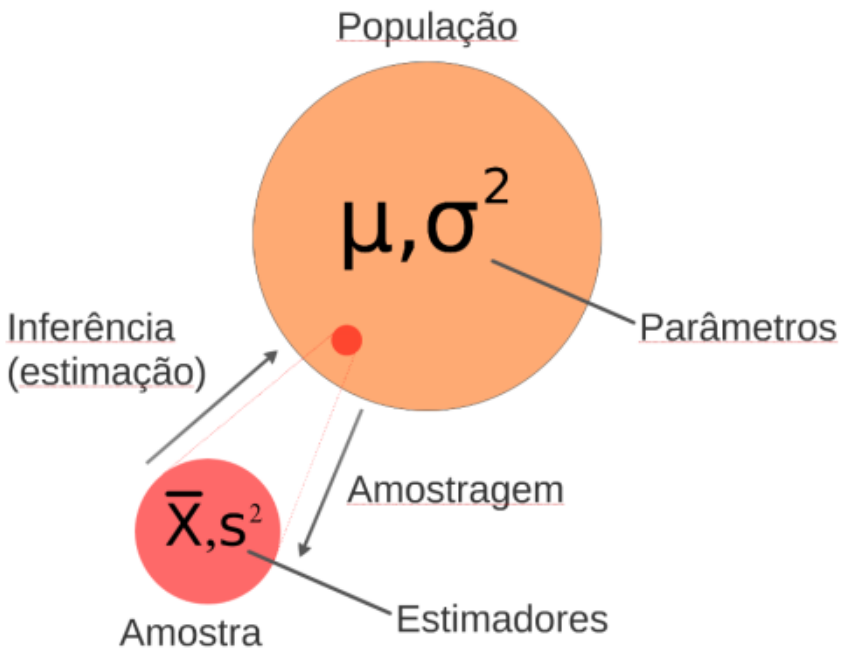


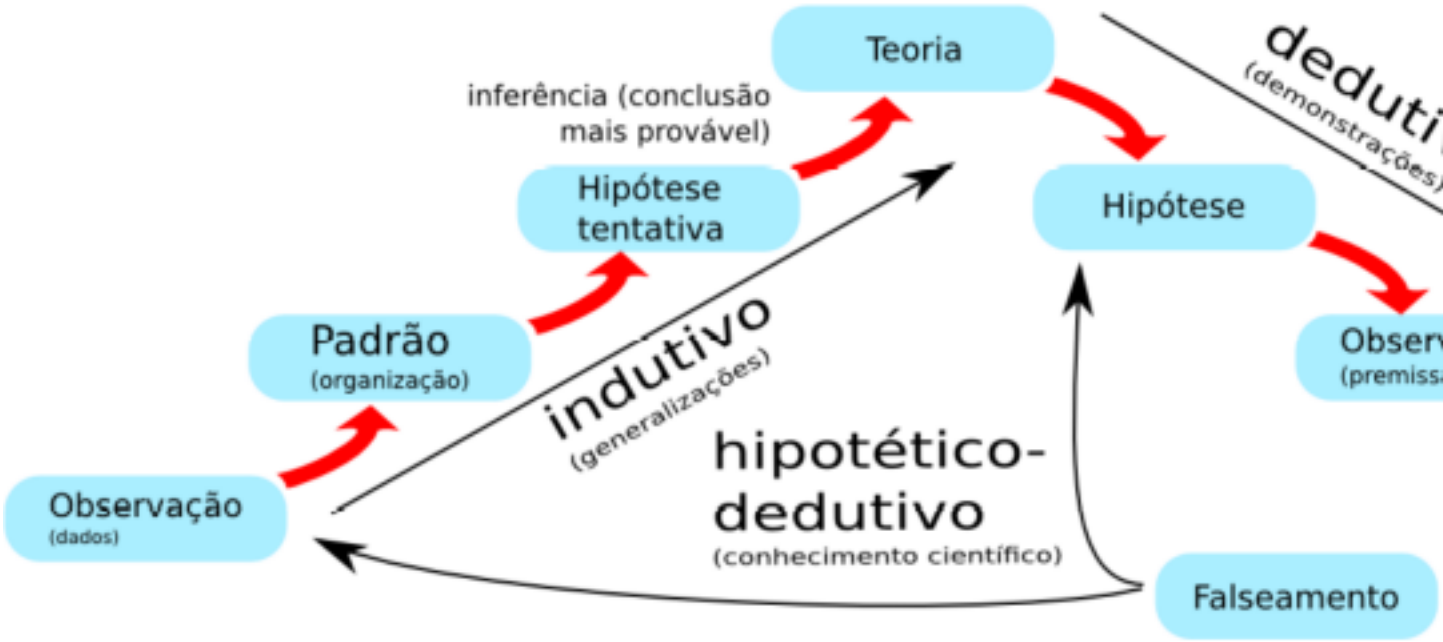
Na estatística t, então, as curvas que representam a hipótese alternativa são transladas mas, também, assimétricas.

O código disponível em Animacao_t_nao_central.R compara a curva observada sob H_0 na animação anterior com diversas curvas representando H_1s. Observe, sob H_1, assimetria das distribuições, e as áreas correspondentes a β e ao poder do teste $(1 - \beta)$.

Raciocícinio inferencial

Análise estatística inferencial é o processo de estimar características de uma população a partir de uma amostra, através de teste da hipótese nula, usando seus estimadores.


População
μ,σ²
Parâmetros
Inferência
(estimação)
Amostragem
X̄,s²
Estimadores
Amostra


Teoria
dedut
(demonstrações)
inferência (conclusão
mais provável)
Hipótese
tentativa
Hipótese
Padrão
(organização)
indutivo
(generalizações)
Observ
(premiss
hipotético-
dedutivo
(conhecimento científico)
Observação
(dados)
Falseamento

Métodos Robustos

https://performancedrive.com.au/icon-land-rover-defender-90-6-2-chev-v8-1606/

Teste t para uma condição

- situação

Suspeita-se de que um medicamento vasodilatador (Nifedipina) para Hipertensão Arterial, amplamente receitado, esteja aumentando a frequência cardíaca dos pacientes.

É sabido que a frequência cardíaca fisiológica tem Distribuição Normal com média 70 bpm.

- hipóteses (planejamento)

Para verificar essa suspeita, planejou-se obter uma amostra aleatória de 50 pacientes que recebem Nifedipina para se medir a frequência cardíaca.

$$H_0 : \mu_{\text{nifedipina}} = \mu_0$$

$$H_1 : \mu_{\text{nifedipina}} > \mu_0$$

Adota-se $\mu_0 = 70$ bpm

O teste é unicaudal (só investigamos se há aumento da frequência cardíaca) e a direção é explícita em H_1, com o símbolo $>$. É comum encontrar a anotação da hipótese nula com o símbolo complementar ($\leq$ neste exemplo):

$$H_0 : \mu_{\text{nifedipina}} \leq \mu_0$$

$$H_1 : \mu_{\text{nifedipina}} > \mu_0$$

Mas optamos por usar o símbolo de igualdade ($=$) porque mais adequadamente espelha o que se espera de H_0, a ausência de efeito. Matematicamente, também, é equivalente (GATÁS RR (1978, p. 220-223) Elementos de Probabilidade e Inferência. SP: Atlas.)

- coleta dos dados

A amostra de 50 pacientes forneceu:

72, 74, 70, 70, 69, 71, 72, 71, 69, 74, 71, 71, 70, 73, 69, 68, 68, 71, 71, 72, 70, 69, 73, 69, 71, 70, 72, 73, 70, 72, 67, 72, 67, 68, 69, 72, 70, 70, 70, 71, 74, 67, 69, 71, 71, 73, 71, 71, 70, 71

- estatística descritiva

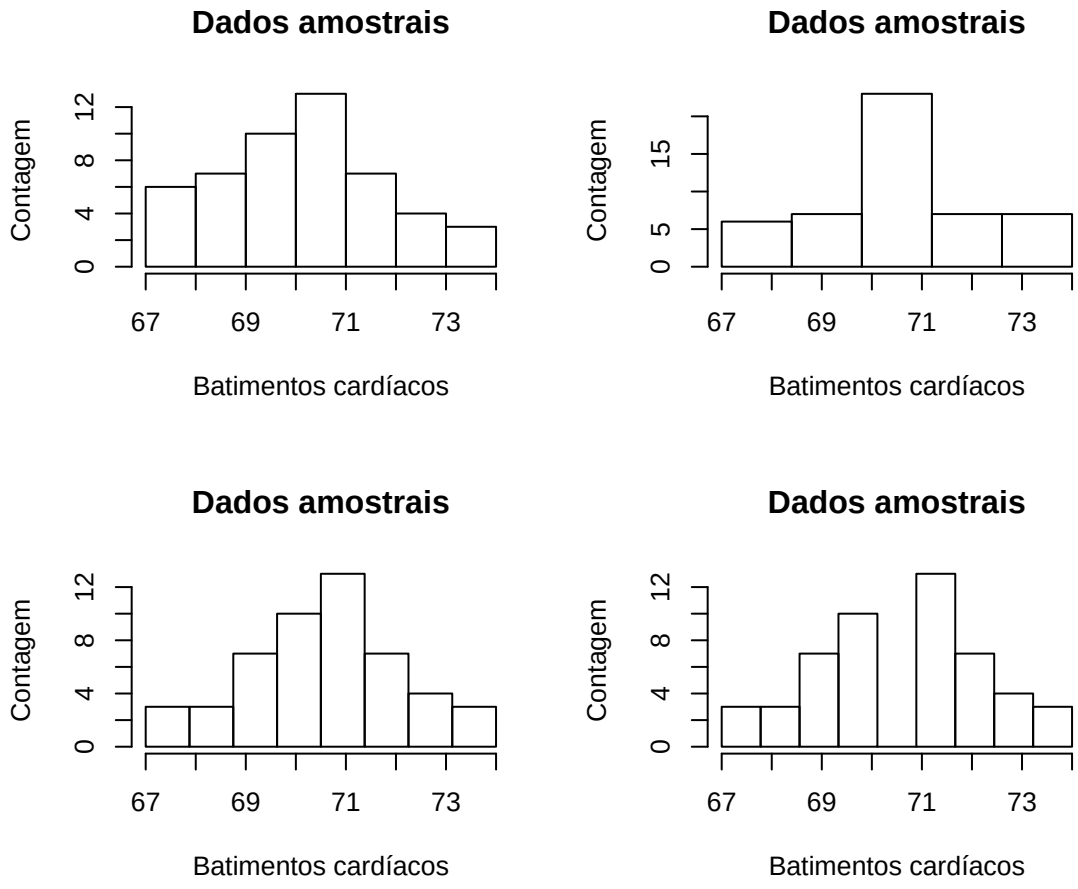
- Esquema de 5 pontos de Tukey:

```
bpm <- c(72, 74, 70, 70, 69, 71, 72, 71, 69, 74, 71, 71, 70, 73, 69, 68, 68,
         71, 71, 72, 70, 69, 73, 69, 71, 70, 72, 73, 70, 72, 67, 72, 67, 68,
         69, 72, 70, 70, 70, 71, 74, 67, 69, 71, 71, 73, 71, 71, 70, 71)
sumario <- summary(bpm)
print(sumario)
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max. 
  67.00   69.25   71.00   70.58   72.00   74.00 
```

- Histogramas (para ver a seu gosto)

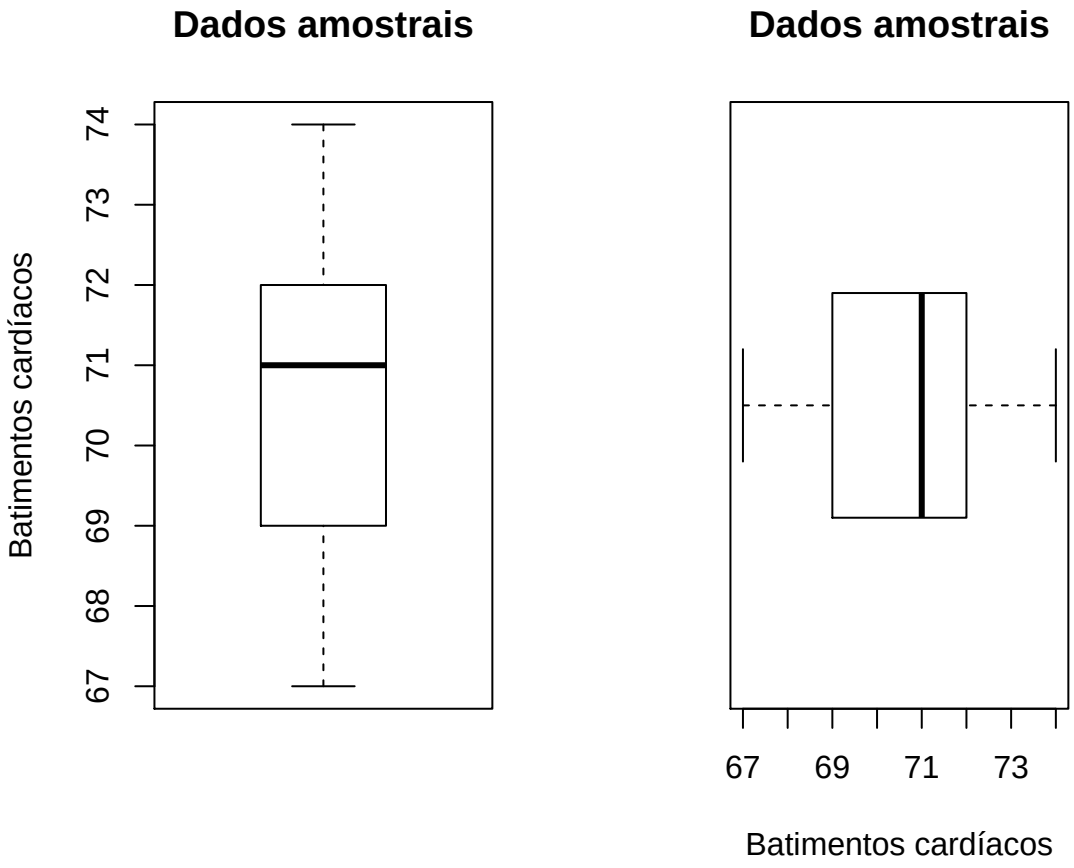
```
par(mfrow=c(2,2))

hist(bpm, freq=TRUE,
      main="Dados amostrais",
      xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Contagem")
divisoes <- seq(from=min(bpm),to=max(bpm),by=(max(bpm)-min(bpm))/5)
hist(bpm, freq=TRUE, breaks=divisoes,
     main="Dados amostrais",
     xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Contagem")
divisoes <- seq(from=min(bpm),to=max(bpm),by=(max(bpm)-min(bpm))/8)
hist(bpm, freq=TRUE, breaks=divisoes,
     main="Dados amostrais",
     xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Contagem")
divisoes <- seq(from=min(bpm),to=max(bpm),by=(max(bpm)-min(bpm))/9)
hist(bpm, freq=TRUE, breaks=divisoes,
     main="Dados amostrais",
     xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Contagem")
```



```
par(mfrow=c(1,1))
```

- *Boxplot* para ver a distribuição dos dados:

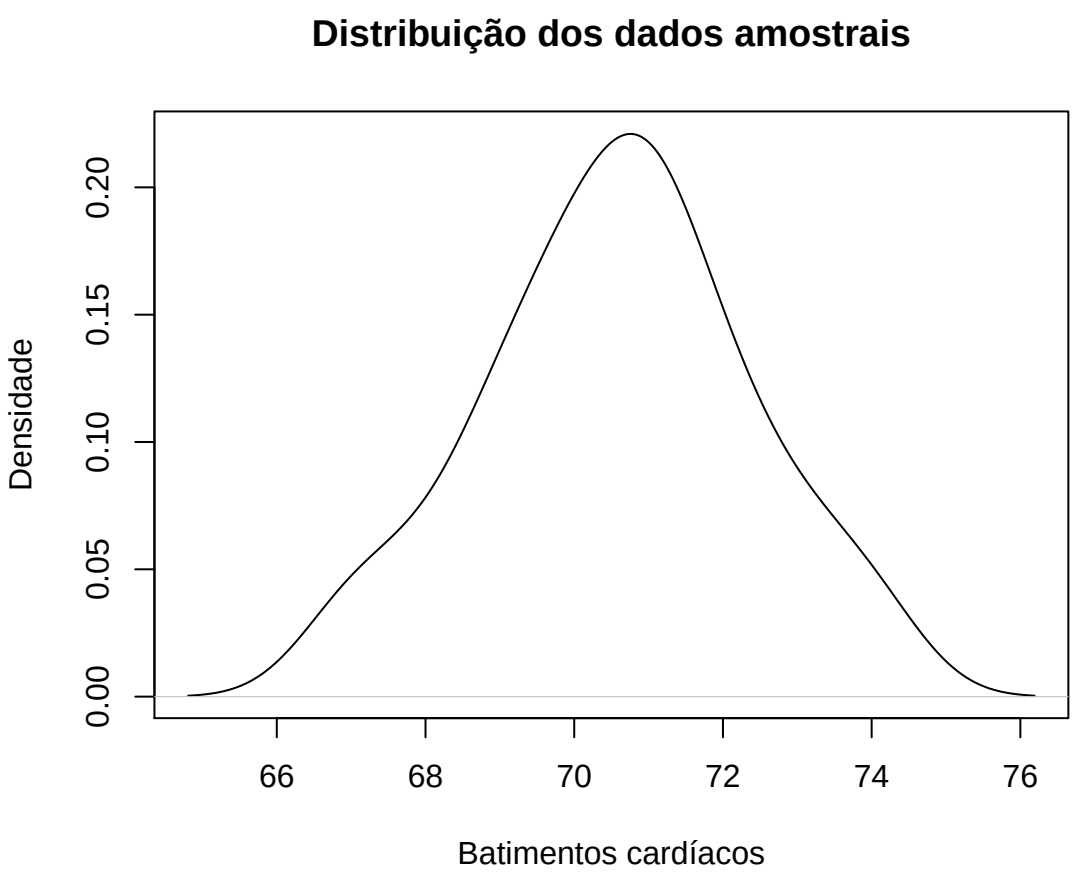
```
par(mfrow=c(1,2))

boxplot (bpm,
      main="Dados amostrais",
      ylab="Batimentos cardíacos", xlab="")
boxplot (bpm, horizontal = TRUE,
      main="Dados amostrais",
      xlab="Batimentos cardíacos", ylab="")
```




```
par(mfrow=c(1,1))
```

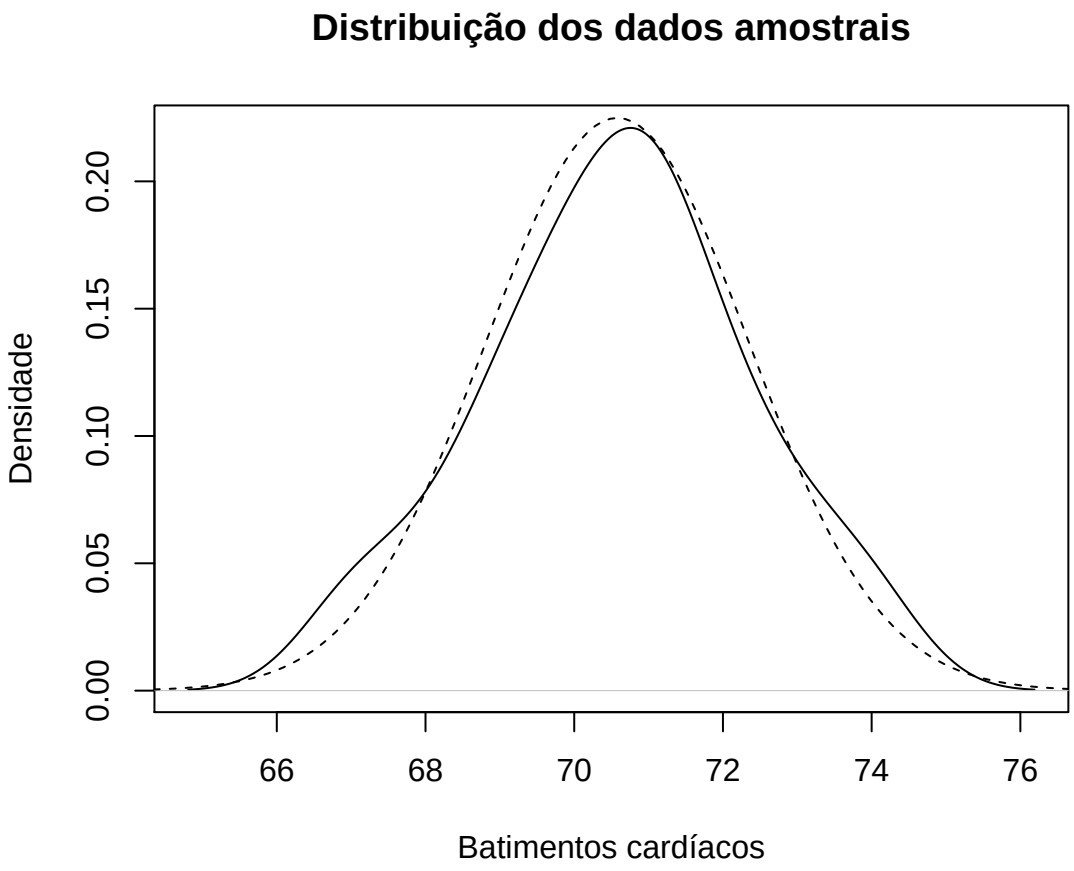
- *Density plot* para ver o formato da distribuição dos dados:

```
densprob <- density(bpm)
plot (densprob,
      main="Distribuição dos dados amostrais",
      xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Densidade")
```



no "olhômetro", parece aproximar-se da distribuição normal?

```
# dados
bpm <- c(72, 74, 70, 70, 69, 71, 72, 71, 69, 74, 71, 71, 70, 73, 69, 68, 68,
         71, 71, 72, 70, 69, 73, 69, 71, 70, 72, 73, 70, 72, 67, 72, 67, 68,
         69, 72, 70, 70, 70, 71, 74, 67, 69, 71, 71, 73, 71, 71, 70, 71)
# density plot
densprob <- density(bpm)
plot (densprob,
      main="Distribuição dos dados amostrais",
      xlab="Batimentos cardíacos", ylab="Densidade")
# distribuicao com media +- 4 desvios-padrao
media_bpm <- mean(bpm, na.rm = TRUE)
dp_bpm <- sd(bpm, na.rm = TRUE)
x <- seq(media_bpm-4*dp_bpm,media_bpm+4*dp_bpm,by=0.1)
distnormal <- dnorm(x, mean=media_bpm, sd=dp_bpm)
lines(x, distnormal, lty=2)
```



- estatística inferencial

Para um teste t para uma condição, unilateral à direita (note o uso de "*greater*"), é necessário fornecer o valor de referência (mu_pop <- 70) executado com:

```
bpm <- c(72, 74, 70, 70, 69, 71, 72, 71, 69, 74, 71, 71, 70, 73, 69, 68, 68,
         71, 71, 72, 70, 69, 73, 69, 71, 70, 72, 73, 70, 72, 67, 72, 67, 68,
         69, 72, 70, 70, 70, 71, 74, 67, 69, 71, 71, 73, 71, 71, 70, 71)
mu_pop <- 70
alfa <- 0.05
t_out <- t.test(bpm, mu=mu_pop,
                conf.level = 1-alfa, alternative = "greater")
print (t_out)
```

```
    One Sample t-test

data:  bpm
t = 2.312, df = 49, p-value = 0.01251
alternative hypothesis: true mean is greater than 70
95 percent confidence interval:
 70.15942      Inf
sample estimates:
```

```
mean of x
    70.58
```

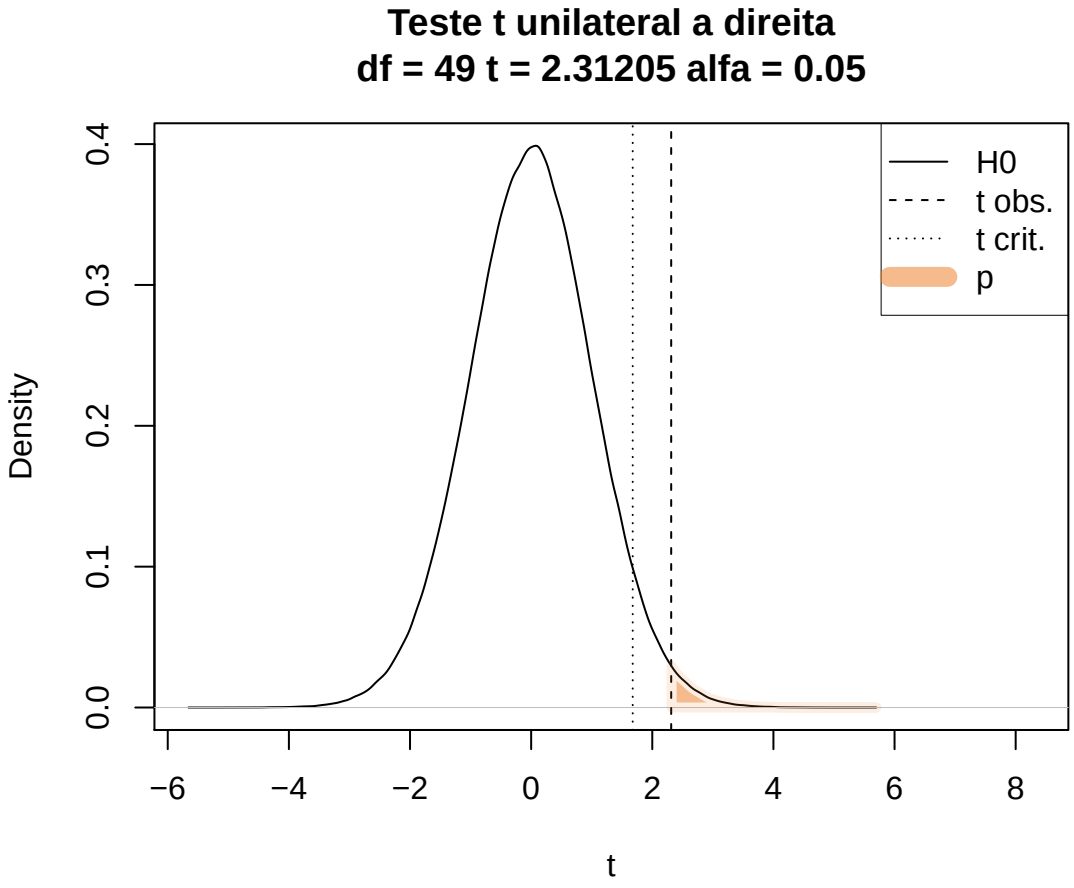
Para a decisão estatística, observe o valor da estatística do teste, guardada em **t_out$statistic**=2.3120489 e o valor-p associado em **t_out$p.value**=0.0125097.

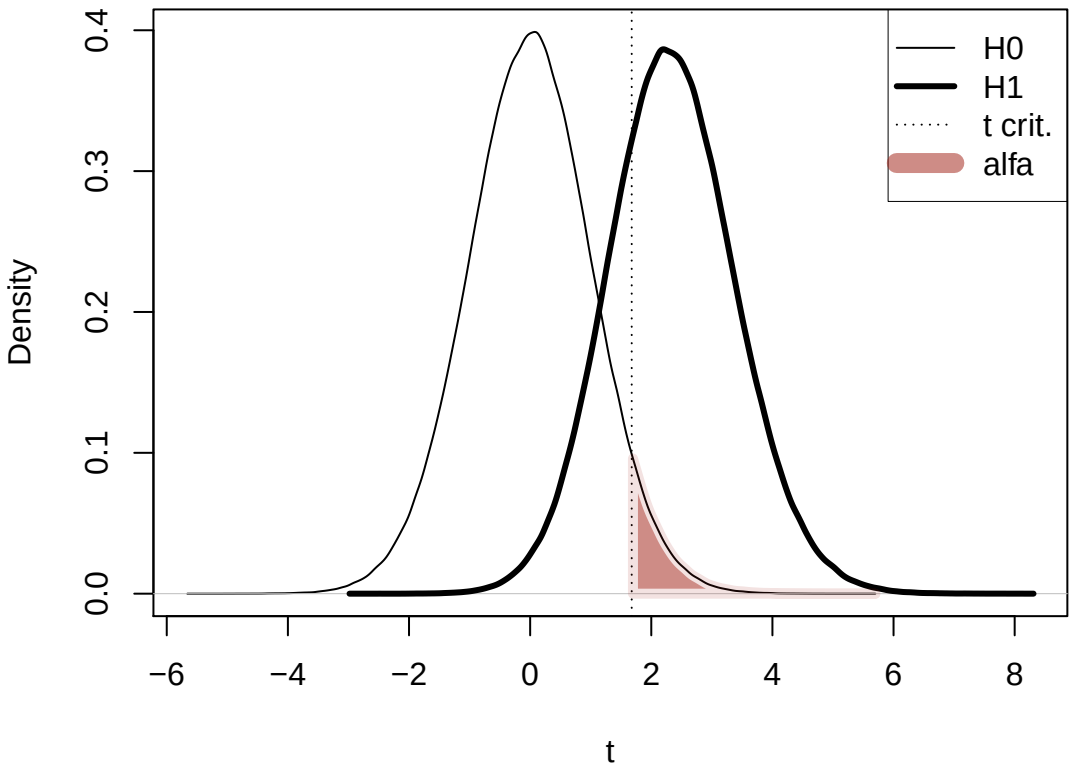
Para $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 e, portanto, o uso de nifedipina está associada ao aumento da frequência cardíaca neste estudo.

Para $\alpha = 0.01$, não se rejeita H_0 e, portanto, não há elementos neste estudo para afirmar-se que o uso de nifedipina está associada ao aumento da frequência cardíaca.

FALTOU escolher α no planejamento do estudo.

Disponibilizamos o RScript *Nifedipina.R* que reúne os procedimentos acima, gerando alguns resultados e gráficos adicionais.






```
BPM :

   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  67.00   69.25   71.00   70.58   72.00   74.00

    Desvio-padrao = 1.77

    Tamanho da amostra =  50


    One Sample t-test

data:  Nifedipina$BPM
t = 2.312, df = 49, p-value = 0.01251
alternative hypothesis: true mean is greater than 70
95 percent confidence interval:
 70.15942      Inf
sample estimates:
mean of x
    70.58

Significancia pratica:

    d de Cohen = 0.3269731 (Pequeno)
```

Note que:

- o valor β e seu complemento, o poder do teste $(1-\beta)$ nestes gráficos foram suprimidos. Não têm valor porque o cálculo 'a posteriori' é inútil para a decisão.
- apareceu o **d de Cohen**, medida de tamanho de efeito (significância prática), classificado como "pequeno" de acordo com:

d de Cohen

Effect size	*d*	Reference
Very small	0.01	Sawilowsky, 2009
Small	0.20	Cohen, 1988
Medium	0.50	Cohen, 1988
Large	0.80	Cohen, 1988
Very large	1.20	Sawilowsky, 2009
Huge	2.0	Sawilowsky, 2009

Sawilowsky, S (2009) New effect size rules of thumb. Journal of Modern Applied Statistical Methods 8(2): 467-74.

A outra maneira de decidir é utilizar o intervalo de confiança (IC).

Note que a função *t.test()* exigiu o parâmetro α; necessário, justamente, para o cálculo do IC.

No exemplo, fornecemos $\alpha = 0.05$ e foi computado IC95 = [70.1594209, Inf] (guardado na variável **t_out$conf.int**). O limite superior é infinito (*Inf* significa ∞) porque o teste é unilateral. O valor populacional ($\mu = 70$ *bpm*) está fora do intervalo, levando à rejeição de H_0 para este alfa.

Caso o teste fosse executado com $\alpha = 0.01$ teríamos:

```
bpm <- c(72, 74, 70, 70, 69, 71, 72, 71, 69, 74, 71, 71, 70, 73, 69, 68, 68,
         71, 71, 72, 70, 69, 73, 69, 71, 70, 72, 73, 70, 72, 67, 72, 67, 68,
         69, 72, 70, 70, 70, 71, 74, 67, 69, 71, 71, 73, 71, 71, 70, 71)
mu_pop <- 70
alfa <- 0.01
t_out <- t.test(bpm, mu=mu_pop,
                conf.level = 1-alfa, alternative = "greater")
print (t_out)
```

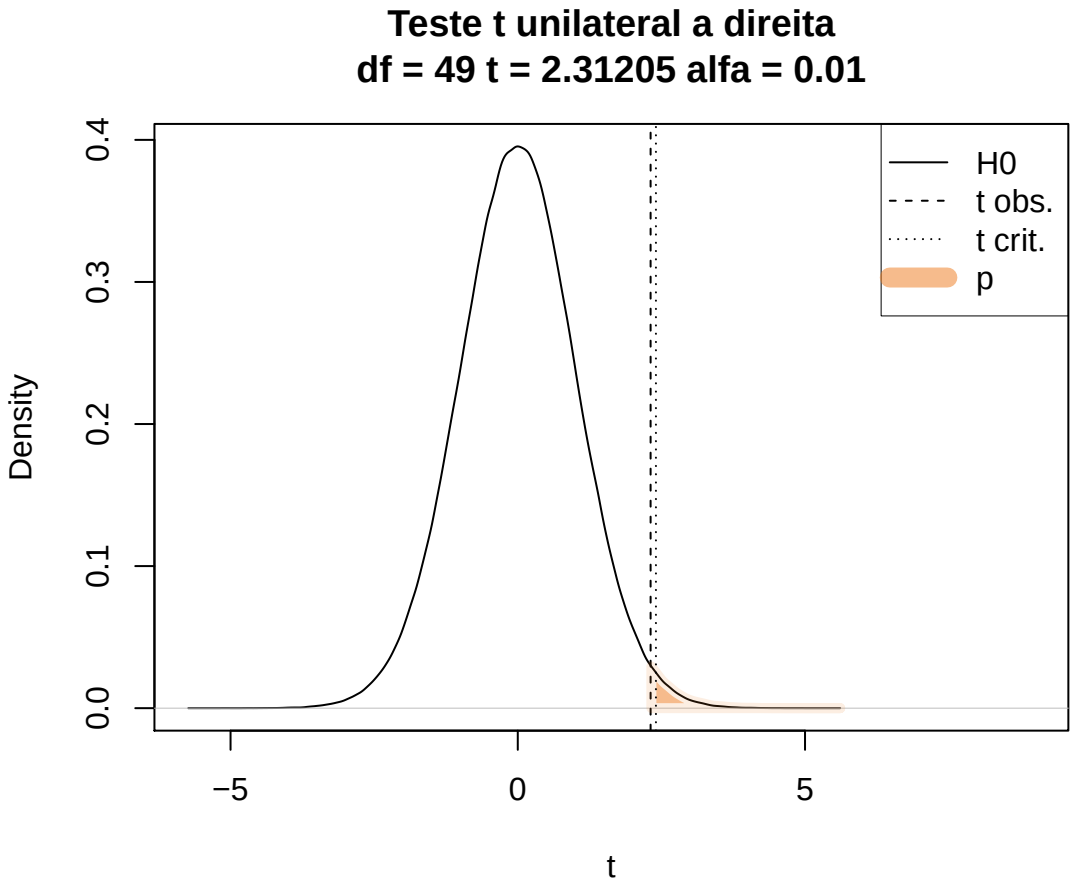
```
    One Sample t-test

data:  bpm
t = 2.312, df = 49, p-value = 0.01251
alternative hypothesis: true mean is greater than 70
99 percent confidence interval:
 69.97671      Inf
sample estimates:
mean of x
    70.58
```

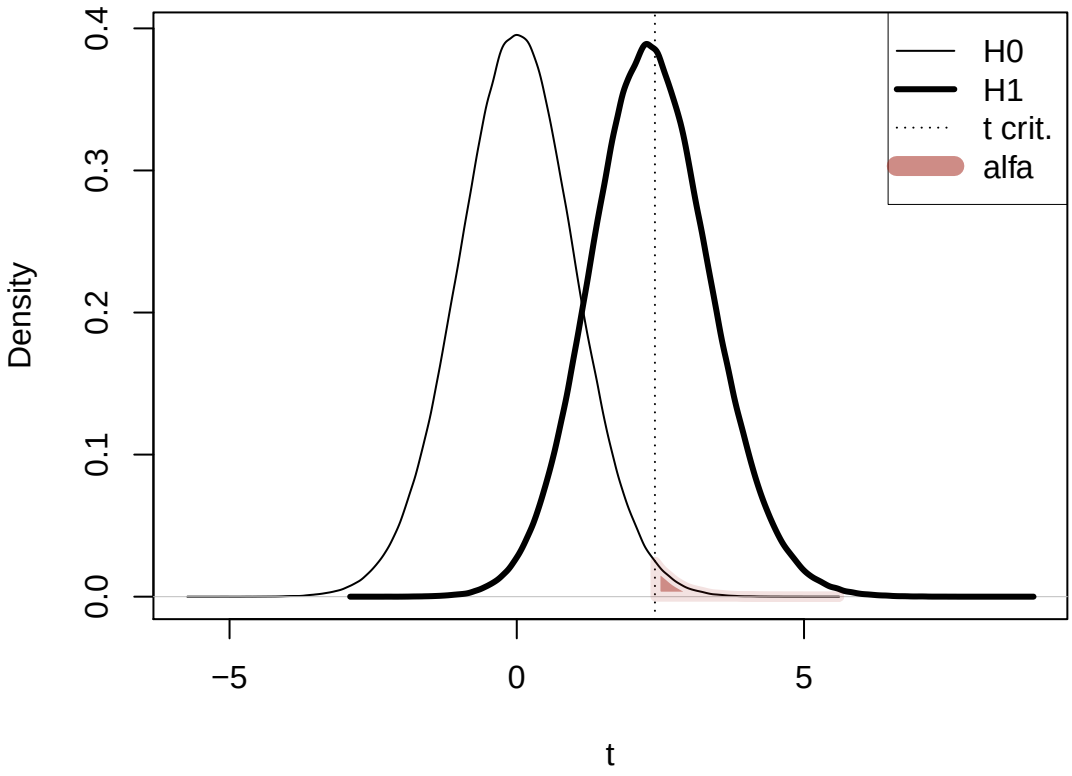
O valor populacional ($\mu = 70\ bpm$) agora está dentro do intervalo, levando à não rejeição de H_0.

Alterando-se, no início de *Nifedipina.R* o valor de alfa:

```
alfa <- 0.01 # nivel de significancia adotado
```

a saída altera-se de acordo, mostrando $p > \alpha$ e a não-rejeição de H_0:






```
BPM :
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  67.00   69.25   71.00   70.58   72.00   74.00
```

```
    Desvio-padrao = 1.77
```

```
    Tamanho da amostra =  50
```

```
    One Sample t-test

data:  Nifedipina$BPM
t = 2.312, df = 49, p-value = 0.01251
alternative hypothesis: true mean is greater than 70
99 percent confidence interval:
 69.97671      Inf
sample estimates:
mean of x
    70.58
Análise de significância prática:
    d de Cohen = 0.3269731 (Pequeno)
```

Revendo o raciocínio

1. Formular a hipótese de interesse.
2. Fixar um nível de significância (alfa).
3. Escolher e executar o teste estatístico apropriado.
4. Decidir sobre H_0.

H_0 é a hipótese nula (sempre abrange a igualdade). H_1 é a hipótese alternativa (oposta da H_0). H_0 pode ser não rejeitada ou rejeitada (a rejeição deve ser baseada em evidências obtidas a partir da amostra).

A decisão estatística sempre envolve possíveis erros:

NA POPULAÇÃO: Não sabemos se o efeito existe

Se o efeito**não existe**

Se o efeito**existe**

sem evidênciade efeitona amostra

Corretamentenão se rejeita H_0

β

com evidênciade efeitona amostra

α

Corretamenterejeita-se H_0 $poder = 1 - \beta$

que são:

- α, a probabilidade de erro do tipo I, rejeitar H_0 e assumir, com base na amostra, que existe efeito, quando o efeito não existe na população;
- β, a probabilidade de erro do tipo II, não rejeitar H_0 e falhar, com base na amostra, em detectar efeito, quando o efeito existe na população.

Não rejeitar H_0 (não encontrar evidência para a existência de efeito com base na amostra) não é o mesmo que aceitar H_0 (assumir a ausência de efeito na população). Para aceitar H_0 com boa probabilidade de não cometer erro (supondo que não rejeitou H_0 e o efeito populacional existe), β deve ser pequeno, mas há um cuidado fundamental: tem que ser o β estabelecido *a priori* (prospectivo), ao planejar o estudo. O β *a posteriori* (retrospectivo) que poderia ser visualizado nestes gráficos, pela sobreposição das curvas após o experimento ter sido realizado, **não** tem valor sobre a decisão.

O mesmo vale para o poder do teste, $1 - \beta$, complementar à probabilidade de erro do tipo II. Se $1 - \beta$ for estabelecido *a priori* e se, com a amostra, rejeitarmos H_0, então a probabilidade de acerto ao afirmar que o efeito existe na população é o poder do teste.

A decisão sobre o teste depende da comparação entre a probabilidade de se observar uma diferença sob a hipótese nula, dada uma amostra de tamanho n e a probabilidade do erro do tipo I (α) escolhida previamente:

- se a probabilidade de que a diferença seja observada ao acaso for "grande" ($p > \alpha$), não se rejeita H_0 (só podemos falar em aceitar H_0 se o poder *a priori* for maior que 90%).
- se a probabilidade de que a diferença seja observada ao acaso for "pequena" ($p < \alpha$), rejeita-se H_0.

Entenda "*acaso*" como flutuação amostral: supondo que o efeito não exista na população, ocasionalmente uma amostra pode sair com valores compatíveis com a diferença, levando-nos a rejeitar H_0 e cometer um erro do tipo I.

Em outras palavras, o valor-p é a probabilidade de se observar os valores que vieram em determinada amostra supondo-se que o efeito populacional não existe (i.e. sob H_0). Portanto, se tal probabilidade for alta ($p > \alpha$), não apostamos na existência da diferença (os valores amostrais são aqueles esperados a partir de uma população que não exibe o efeito) e, assim, não rejeitamos H_0. Por outro lado, se observar tais valores amostrais vindos de uma população que não tem o efeito é improvável ($p < \alpha$), apostamos que esta amostra não deve ter vindo de uma população que não tem efeito e rejeitamos H_0; por exclusão de H_0, aceitamos que há diferença na população que originou a amostra, com probabilidade p (de acordo com esta amostra) de estarmos enganados; nós decidimos aceitar qualquer probabilidade de engano se encontrássemos qualquer probabilidade abaixo do nivel de significância adotado, α.

---

t relacionado (duas condições dependentes)

Aplica-se tipicamente às situações em que o mesmo indivíduo (ou a mesma unidade experimental) tem uma variável quantitativa medida em dois momentos ou em duas condições experimentais. As duas medidas feitas em um mesmo indivíduo não podem ser consideradas independentes: ao contrário, estão relacionadas entre si por tudo que for idiossincrático a cada indivíduo.

Por exemplo, em dois momentos, podemos medir em um grupo de indivíduos hipertensos a pressão arterial, submetê-los a determinado tratamento (intervenção) e voltar a medir suas pressões. Verifica-se a diferença observada, **em cada indivíduo**, de nível pressórico entre os dois momentos, com o objetivo de saber se o tratamento teve o efeito esperado, de redução neste caso (um teste unilateral).

Em duas condições, podemos submeter um grupo de indivíduos a uma droga hipnótica e medir as horas de sono induzido. Os mesmos indivíduos podem, então, ser testados com outra droga (com cuidado de esperar qualquer efeito residual da primeira droga desaparecer), e medirmos novamente as horas de sono induzido. Então, com base na diferença entre as medidas **de cada indivíduo**, saberemos se o efeito das duas drogas é similar ou diferente (um teste bilateral).

O teste t relacionado também costuma ser chamado de teste t pareado. O problema de denominá-lo de *pareado* é a confusão conceitual entre o cálculo estatístico, que é o mesmo, e o delineamento dos estudos, que é diverso.

Um desenho de estudo pareado não usa os mesmos indivíduos "antes e depois" nem "sob condição A e condição B", mas indivíduos diferentes. No entanto, não são indivíduos quaisquer, mas pares de indivíduos o mais similares possíveis em todas as variáveis outras, que não a que nos interessa estudar, das quais sabemos ter influência em nossa medida. Por exemplo, para ver o efeito do tratamento em pares de hipertensos, podemos utilizar pares de indivíduos com o mesmo IMC, idade, sexo, nível de colesterol, hábitos de dieta, etc.

-situação

A pesquisadora Yob está interessada na violência de massa durante as partidas de futebol. Ela pensa que a violência do grupo é resultado dos assentos desconfortáveis do estádio.

Adaptado de Dancey & Reidy (2011) Estatistica sem matematica para psicologia. 5a edicao. Porto Alegre: Penso.

- planejamento

Por isso, Yob modifica dois estádios diferentes na Inglaterra. Em um estádio coloca assentos bem apertados e desconfortáveis. No outro, instala assentos confortáveis, com muito espaço para as pernas e entre os assentos adjacentes.

A professora organiza uma competição, de modo que cada clube jogue metade das partidas em um estádio e a outra metade no outro estádio. Ela prevê que o número de prisões e expulsões será maior no estádio que apresenta os assentos mais desconfortáveis.

Para testar o efeito da acomodação nos estádios sobre espectadores com perfil agressivo, planeja acompanhar um grupo de 12 fãs adolescentes agressivos e grosseiros do clube e registrar o número de vezes que cada um é preso ou expulso do estádio (número de prisões ou expulsões, NPE).

Ao planejar a pesquisadora deve se perguntar:

- Este é um delineamento entreparticipantes ou intraparticipantes? **intraparticipantes**
- Que tipo de variável será medida: discreta ou contínua? **discreta**
  - Qual é a variável independente (VI)? **tipo de acomodação nos estádios**
  - Qual é a variável dependente (VD)? ***diferença* do número de prisões ou expulsões**
- Este é um teste unilateral ou bilateral? **unilateral** (atenção ao lado que será testado)
- Qual é a hipótese nula? H_0 : **a diferença *populacional* de NPE entre as duas condições é nula.**
- Qual é a hipótese de pesquisa? H_1 : **a diferença *populacional* de NPE é maior nos estádios desconfortáveis.**
- Qual alfa escolhe? $\alpha = 0.05$ (por exemplo, mas pode ser qualquer um que considere adequado)

Formula-se hipóteses:

$$H_0 : \mu_{\text{conforto}} - \mu_{\text{desconforto}} = 0$$

$$H_1 : \mu_{\text{conforto}} - \mu_{\text{desconforto}} < 0$$

$$\alpha = 0.05$$

- coleta dos dados

Aqui disponibilizamos o *RScript Violencia_estadios.R* e destacamos seus principais trechos.

Os dados estão disponíveis na planilha Excel *Violencia_estadios.xlsx*, lida para um *data frame*:

```
library(readxl)
Dtfrm <- read_excel("Violencia_estadios.xlsx", sheet = "dependente")
# diferenca entre as condições experimentais
Dtfrm$dif  <-  Dtfrm$Conforto - Dtfrm$Desconforto
print(Dtfrm)
```

```
# A tibble: 12 x 4
   Adolescente Desconforto Conforto   dif
   <chr>              <dbl>    <dbl> <dbl>
 1 a                      8        3    -5
 2 b                      5        2    -3
 3 c                      4        4     0
 4 d                      6        6     0
 5 e                      4        2    -2
 6 f                      8        1    -7
 7 g                      9        6    -3
 8 h                     10        3    -7
 9 i                      7        4    -3
10 j                      8        1    -7
11 k                      6        4    -2
12 l                      7        3    -4
```

Caso queira, abra a planilha para verificar como os dados foram guardados e como aparecem ao serem lidos. Note, também, que *read_excel()* lê a aba "dependente" da planilha, na qual cada linha tem as observações de um indivíduo feitas nas duas condições experimentais (contagens de número de prisões ou expulsões NPE no estádio confortável e desconfortável aparecem na mesma linha).

- estatística descritiva

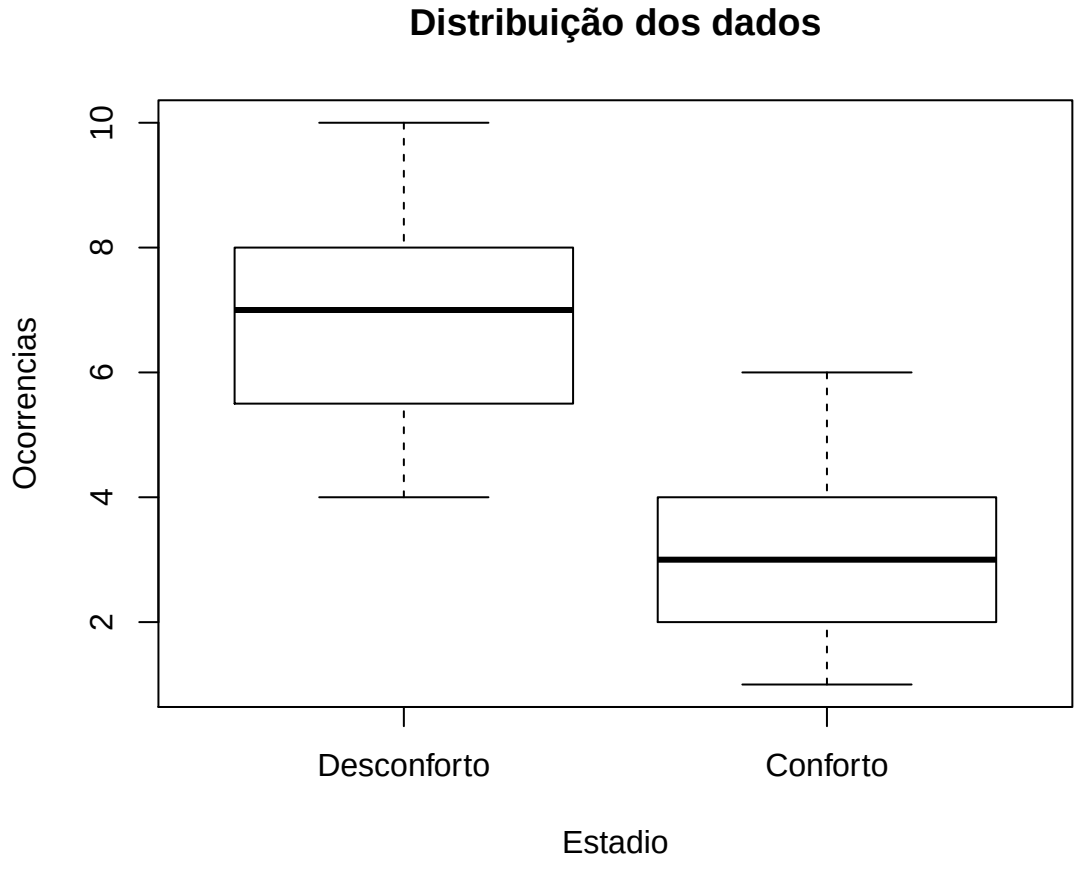
Exibe a estatística descritiva:

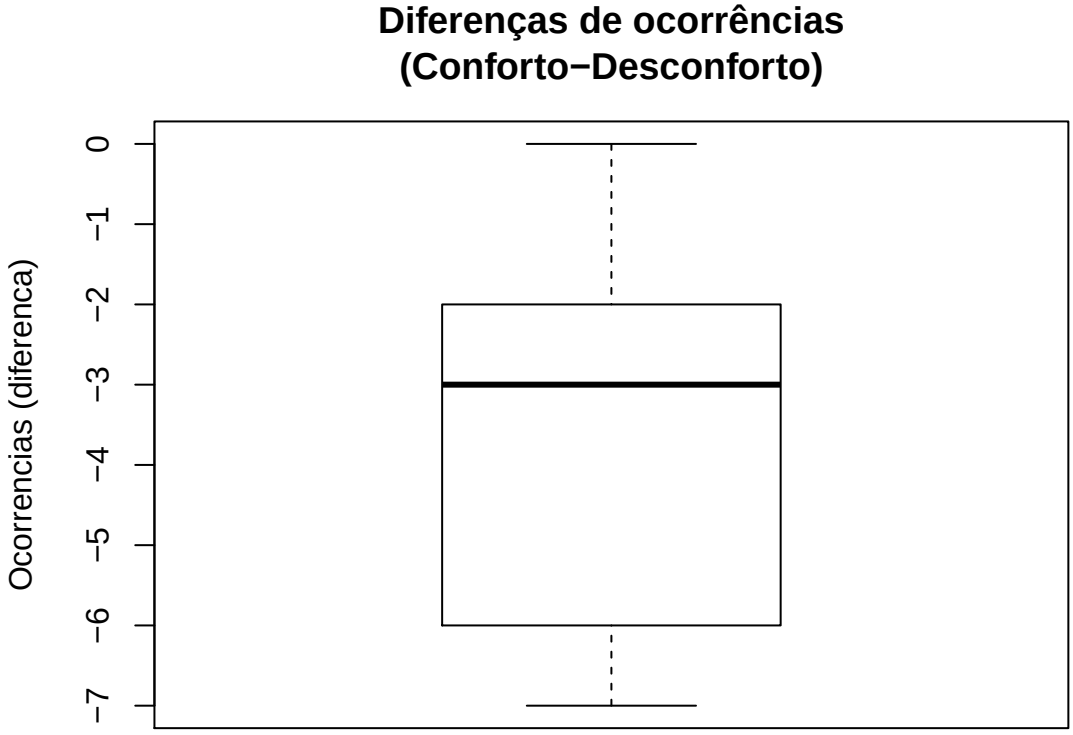
```
cat("\nEsquema de 5 estatísticas de Tukey & média\n")
cat("\nTamanho da amostra: ",length(Dtfrm$dif),"\n", sep="")
cat("\nNúmero de ocorrências em ",names(Dtfrm)[2],":\n", sep="")
sumario <- summary(Dtfrm[[2]], digits = 3)
print (sumario)
cat("\nNúmero de ocorrências em ",names(Dtfrm)[3],":\n", sep="")
sumario <- summary(Dtfrm[[3]], digits = 3)
print (sumario)
cat("Diferença do número de ocorrências (",names(Dtfrm)[3]," - ",names(Dtfrm)[2],"):\n", sep="")
sumario <- summary(Dtfrm$dif, digits = 3)
print (sumario)
```

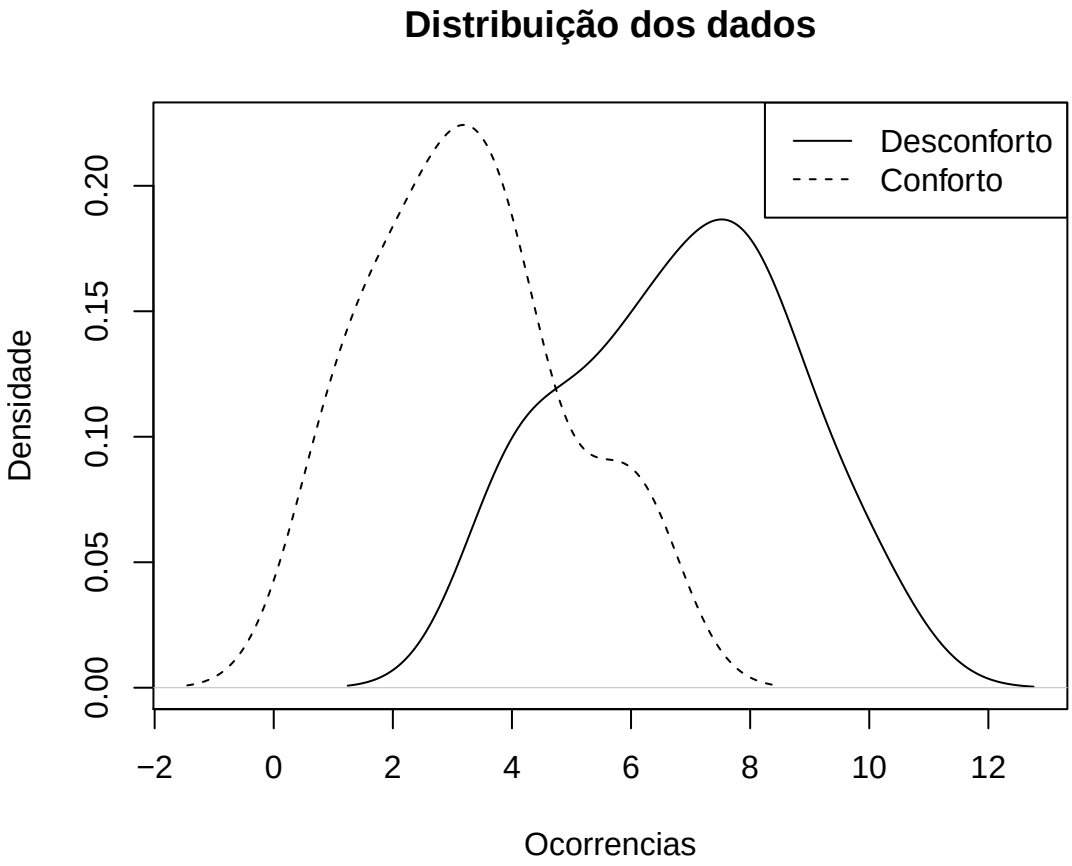
```
Esquema de 5 estatísticas de Tukey & média
```

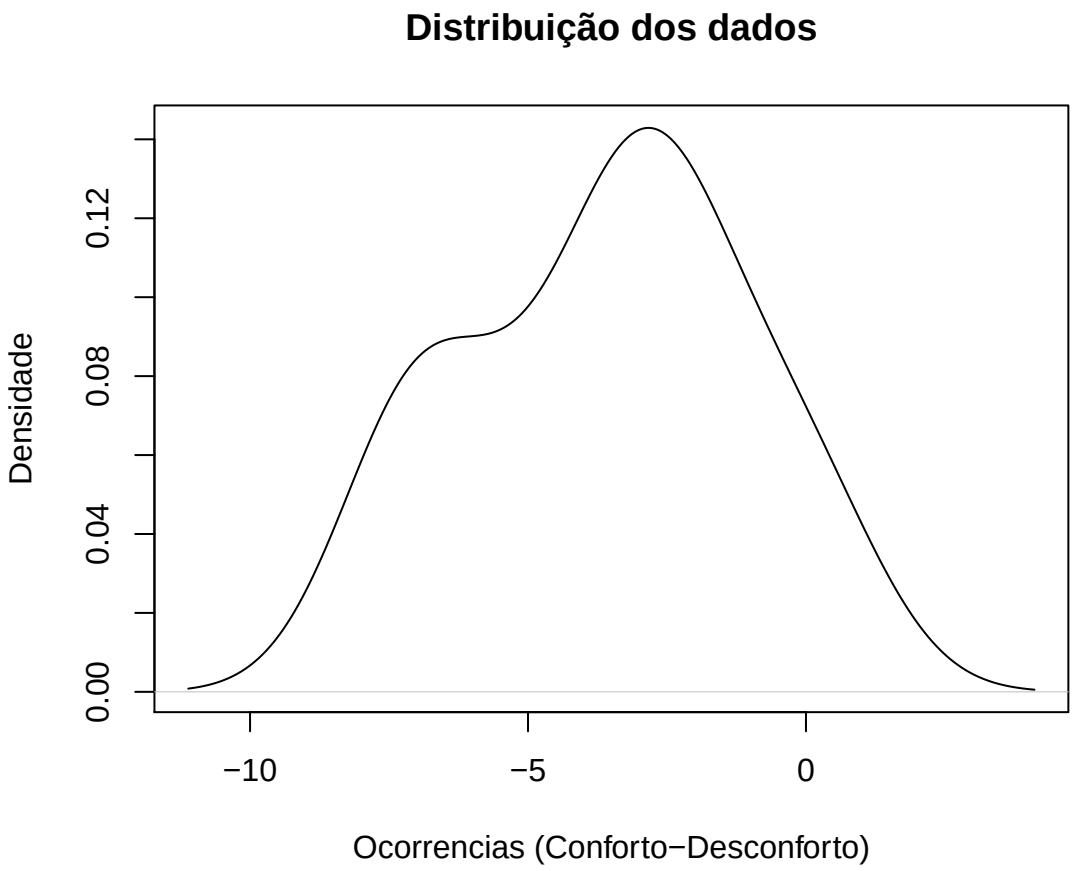
```
Tamanho da amostra: 12


Número de ocorrências em Desconforto:

   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   4.00    5.75    7.00    6.83    8.00   10.00


Número de ocorrências Conforto:

   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
   1.00    2.00    3.00    3.25    4.00    6.00

Diferença do número de ocorrências (Conforto - Desconforto):

   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  -7.00   -5.50   -3.00   -3.58   -2.00    0.00
```

Gera alguns gráficos para estatística descritiva (abra o código R para ver como os gráficos foram gerados):




Diferenças de ocorrências
(Conforto−Desconforto)
Ocorrencias (diferenca)
0
−1
−2
−3
−4
−5
−6
−7


Distribuição dos dados
Desconforto
Conforto
Densidade
0.00
0.05
0.10
0.15
0.20
−2
0
2
4
6
8
10
12
Ocorrencias



- estatística inferencial

É testada a **diferença** de comportamento entre as duas condições em comparação com a média esperada para $H_0 : \mu_{\text{dif}} = 0$:

```
cat("Analise de significancia estatistica: valor-p\n")
t_out <- t.test(Dtfrm$dif, mu=0, alternative="less")
print(t_out)
```

```
Analise de significancia estatistica: valor-p


    One Sample t-test

data:  Dtfrm$dif
t = -4.9592, df = 11, p-value = 0.0002147
alternative hypothesis: true mean is less than 0
95 percent confidence interval:
      -Inf -2.285695
sample estimates:
mean of x
-3.583333
```

mostrando que há diferença entre as condições experimentais (rejeição de H_0, valor-$p < \alpha$, intervalo de

confiança 95% não inclui o valor zero). O teste foi feito com Conforto – Desconforto, encontrando-se números negativos: então NPE é maior em Desconforto; o número de NPE é significantemente maior nos estádios desconfortáveis. Para que o teste fosse unilateral à esquerda usamos alternative="less".

Observe os graus de liberdade (df). No caso de um teste t relacionado, são dados por $df = n - 1$, onde n é o número de indivíduos da amostra.

Computa, também, valores para a significância prática:

```
F <- t^2
df <- t_out$parameter
eta2 <- F/(F+df)

# Elis P (2010) The essential guide to effect sizes. Cambridge
if (eta2 <0.01) {mag_eta2<-c("Desprezivel")}
if (eta2>=0.01 && eta2<0.06) {mag_eta2<-c("Pequeno")}
if (eta2>=0.06 && eta2<0.14) {mag_eta2<-c("Intermediario")}
if (eta2>=0.14) {mag_eta2<-c("Grande")}
R2aj <- (F-1)/(F+df)

# tamanho de efeito d de Cohen
dp <- sd(Dtfrm$dif)
m <- t_out$estimate
d <- abs(t_out$statistic)/sqrt(t_out$parameter+1)
# Sawilowsky, S (2009) New effect size rules of thumb. Journal of Modern Applied Statistical Methods 8(
if (d<0.01) {mag_Cohen<-c("Desprezivel")}
if (d>=0.01 && d<0.2) {mag_Cohen<-c("Muito pequeno")}
if (d>=0.2 && d<0.5) {mag_Cohen<-c("Pequeno")}
if (d>=0.5 && d<0.8) {mag_Cohen<-c("Intermediario")}
if (d>=0.8 && d<1.2) {mag_Cohen<-c("Grande")}
if (d>=1.2 && d<2) {mag_Cohen<-c("Muito grande")}
if (d>=2) {mag_Cohen<-c("Enorme")}

cat("Analise de significancia pratica: tamanho de efeito\n")
cat("\td de Cohen = ",d," (",mag_Cohen,")","\n",sep="")
cat("\teta^2 = R^2 = ",eta2," (",mag_eta2,")\n",sep="")
```

```
Analise de significancia pratica: tamanho de efeito

    d de Cohen = 1.431599 (Muito grande)

    eta^2 = R^2 = 0.3270348 (Grande)
```

O tamanho de efeito para o d de Cohen já foi apresentada. Para a intensidade do efeito calculada por eta^2 (η^2) é:

Table 2.1 *Cohen's effect size benchmarks*

Test	Relevant effect size	Effect size classes: Small	Medium	Large
Comparison of independent means	d, Δ, Hedges' g	.20	.50	.80
Comparison of two correlations	q	.10	.30	.50
Difference between proportions	Cohen's g	.05	.15	.25
Correlation	r	.10	.30	.50
	r^2	.01	.09	.25
Crosstabulation	w, φ, V, C	.10	.30	.50
ANOVA	Cohen's $f = \sqrt{\eta^2/(1-\eta^2)}$	.10	.25	.40
	η^2	.01	.06	.14
Multiple regression	R^2	.02	.13	.26
	f^2	.02	.15	.35

Notes: The rationale for most of these benchmarks can be found in Cohen (1988) at the following pages: Cohen's d (p. 40), q (p. 115), Cohen's g (pp. 147–149), r and r^2 (pp. 79–80), Cohen's w (pp. 224–227), f and η^2 (pp. 285–287), R^2 and f^2 (pp. 413–414).

Elis P (2010) The essential guide to effect sizes. Cambridge

crítica ao uso do teste

O teste t, neste caso, pode não ser bem indicado porque o número de participantes é pequeno, a variável é quantitativa discreta, e não temos ideia se a distribuição de NPE é aproximadamente normal na população de interesse.

Caso o número de participantes fosse maior (e.g., 30), poderíamos apelar para o teorema central do limite. Na situação deste exemplo, porém, há uma solução robusta: *bootstrapping*.

Existe uma implementação do teste t feito por *bootstrapping* no pacote *MKinfer*. Esta função utiliza os mesmos parâmetros do *t.test()* convencional, adicionado do número de reamostras com repetição a serem executadas (escolhemos $R = 10^6 = 1$ milhão) para o *bootstrapping*:

```
library(MKinfer)
```

```
Registered S3 methods overwritten by 'ggplot2':
  method         from
  [.quosures     rlang
  c.quosures     rlang
  print.quosures rlang
```

```
t.boot <- MKinfer::boot.t.test(Dtfrm$dif, mu=0, alternative="less", R=10^6)
print(t.boot)
```

```

    Bootstrapped One Sample t-test

data:  Dtfrm$dif
```

```
bootstrapped p-value = 0.00022
95 percent bootstrap percentile confidence interval:
      -Inf -2.416667

Results without bootstrap:
t = -4.9592, df = 11, p-value = 0.0002147
alternative hypothesis: true mean is less than 0
95 percent confidence interval:
      -Inf -2.285695
sample estimates:
mean of x
-3.583333
```

Sua saída tem duas partes: a superior ("Bootstrapped One Sample t-test") mostra o valor-p e o intervalo de confiança obtido com *bootstrapping* (versão robusta) e a inferior ("Results without bootstrap") faz o *t.test()* convencional para comparação. Neste caso, os valores parecem similares e a conclusão, pelos dois métodos, é a mesma. Aparentemente, mesmo violando premissas, o teste t convencional apresentou-se razoável para este exemplo.

teste t para duas condições independentes (teste t de Welch)

- situação

https://www.fns.usda.gov/snap/supplemental-nutrition-assistance-program-education-snap-ed

O SNAP-Ed (Supplemental Nutrition Assistance Program Education) é um programa baseado em evidências que ajuda as pessoas a terem uma vida mais saudável.

O SNAP-Ed ensina às pessoas que usam ou qualificam para o SNAP uma boa nutrição e como fazer com que o seu dinheiro de alimentação se estenda ainda mais.

Os participantes do SNAP-Ed também aprendem a ser fisicamente ativos.

- planejamento

Brendon Small e Coach McGuirk fazem com que seus alunos do SNAP-Ed mantenham diários do que comem por uma semana e depois calculem a ingestão diária de sódio em miligramas.

Desde que as classes receberam diferentes programas de educação nutricional, eles querem ver se a ingestão média de sódio é a mesma para as duas turmas.

$$H_0 : \mu_{\text{Small}} = \mu_{\text{McGuirk}}$$
$$H_1 : \mu_{\text{Small}} \neq \mu_{\text{McGuirk}}$$
$$\alpha = 0.05$$

O subscritos nos μs das hipóteses nula e alternativa podem não ser os mais felizes. Note que, com o teste, nosso objetivo final é a inferência: não é avaliar a turma de Brendon Small em comparação à do Coach McGuirk que interessa aqui, mas se **populacionalmente** os efeitos dos programas adotados por Brendon Small e pelo Coach McGuirk são iguais ou não, tendo por base o que acontecer em suas respectivas turmas de estudantes.

- coleta dos dados

Desenvolvemos *Nutricao.R* para as análises descritiva e inferencial. Abaixo destacamos seus techos principais. Neste *RScript* aproveitamos funções de alguns pacotes para aumentar o repertório de possibilidades.

O *RScript* começa carregando as respectivas *libraries* para a memória do computador. Caso todos os pacotes que as contém estejam instaladas em seu computador, não haverá mensagens de erro e suas funções ficarão disponíveis:

```
library(readxl)
library(car)
```

```
Loading required package: carData
```

```
library(lattice)
library(ggplot2)
library(rcompanion)
```

```

Attaching package: 'rcompanion'

The following object is masked from 'package:MKinfer':

    quantileCI
```

Os dados estão na planilha *Nutricao.xlsx*:

```
Dtfrm <- read_excel("Nutricao.xlsx")
# os instrutores devem ser tratados como fator
Dtfrm$Instructor <- as.factor(Dtfrm$Instructor)
Dtfrm$Instructor <- factor(Dtfrm$Instructor, levels=unique(Dtfrm$Instructor))
print(Dtfrm)
```

```
# A tibble: 40 x 3
   Instructor    Student Sodium
   <fct>         <chr>    <dbl>
 1 Brendon Small a         1200
 2 Brendon Small b         1400
 3 Brendon Small c         1350
 4 Brendon Small d          950
 5 Brendon Small e         1400
 6 Brendon Small f         1150
 7 Brendon Small g         1300
 8 Brendon Small h         1325
 9 Brendon Small i         1425
```

```
10 Brendon Small j         1500
# ... with 30 more rows
```

- estatística descritiva

Verificamos se os dados estão coerentes:

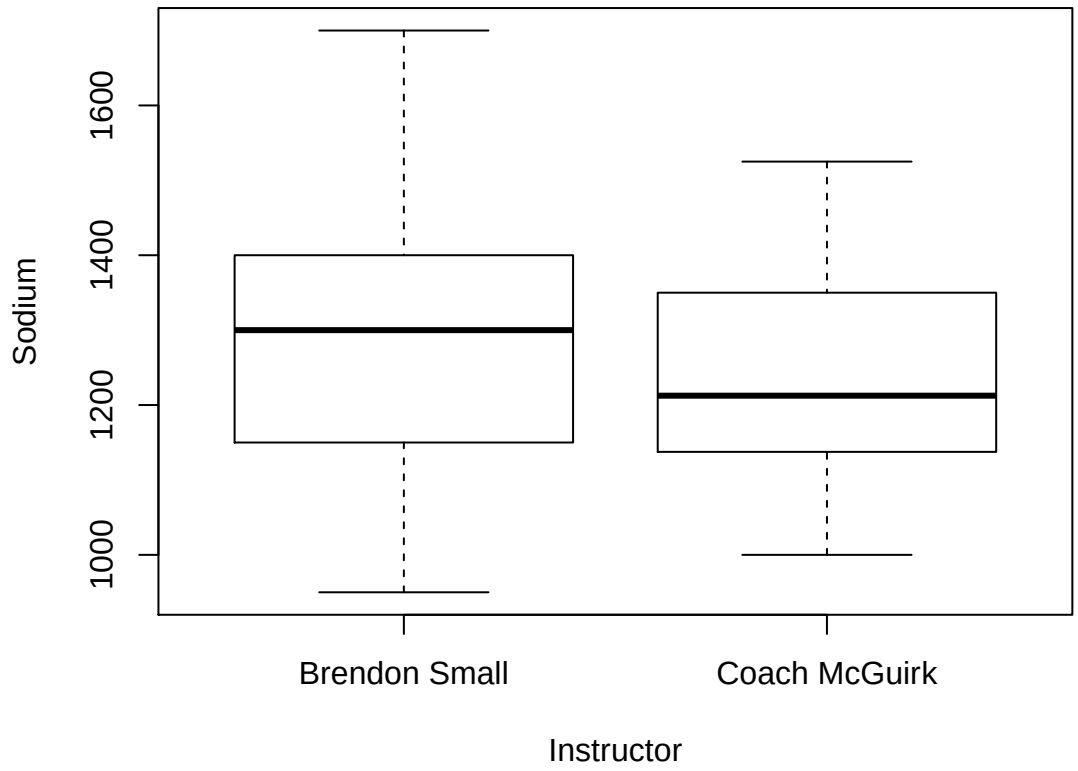
```
res_sodiumbyinstructor <- summary.data.frame(Dtfrm, digits=2)
print (res_sodiumbyinstructor)
```

```
         Instructor   Student             Sodium
 Brendon Small:20   Length:40          Min.   : 950
 Coach McGuirk:20   Class :character   1st Qu.:1150
                    Mode  :character   Median :1250
                                       Mean   :1267
                                       3rd Qu.:1362
                                       Max.   :1700
```

Gráficos sugeridos:

- *boxplot*:

```
grf <- boxplot(Sodium ~ Instructor, data=Dtfrm, ylab=names(Dtfrm)[3],
        xlab="Instructor")
```

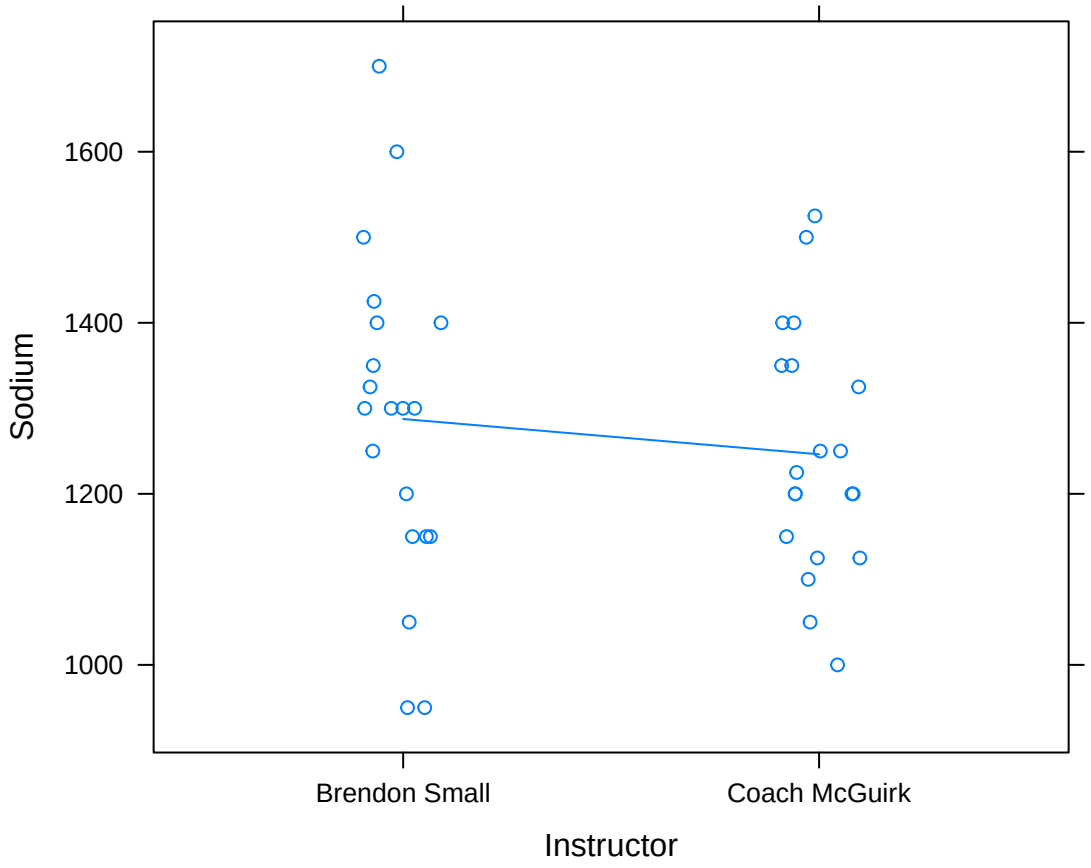


```
print(grf)
```

```
$stats
     [,1]   [,2]
[1,]  950 1000.0
[2,] 1150 1137.5
[3,] 1300 1212.5
[4,] 1400 1350.0
[5,] 1700 1525.0

$n
[1] 20 20

$conf
         [,1]     [,2]
[1,] 1211.675 1137.424
[2,] 1388.325 1287.576

$out
numeric(0)

$group
numeric(0)

$names
[1] "Brendon Small" "Coach McGuirk"
```

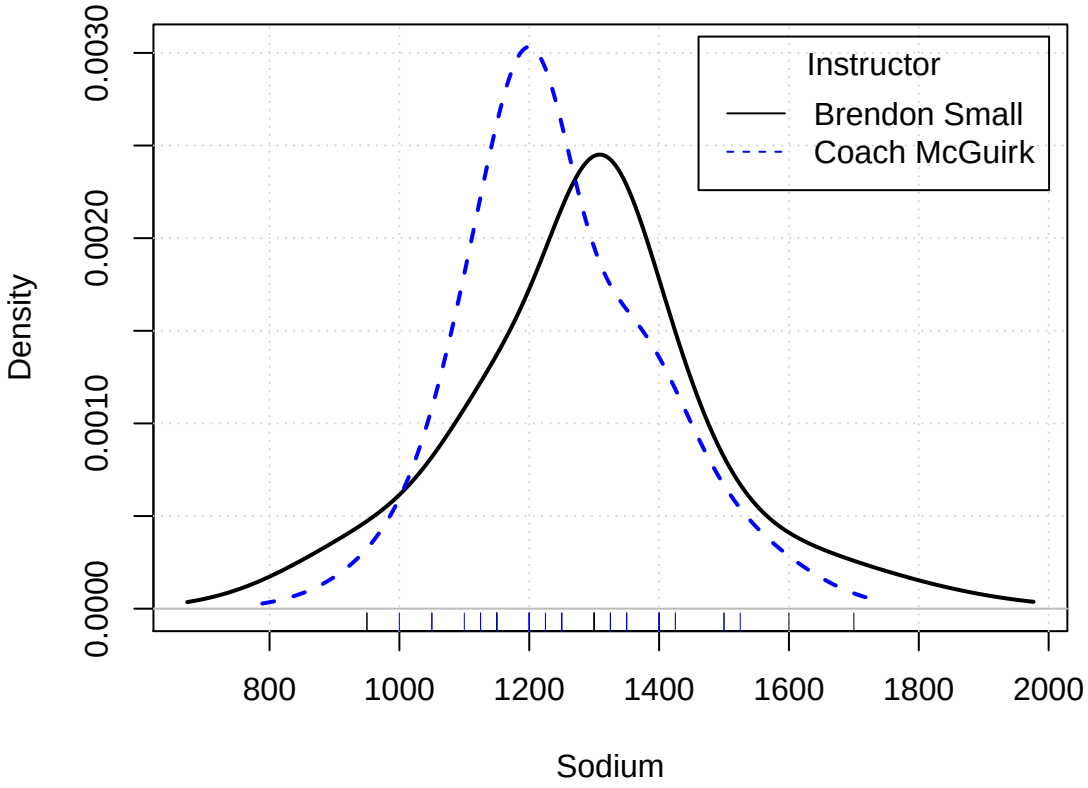
- *xyplot()* do pacote *lattice*:

```
grf <- lattice::xyplot(Sodium ~ Instructor, data=Dtfrm, type=c("p","a"), jitter.x=TRUE)
print(grf)
```



- uma variante de *density plot* do pacote *car*:

```
grf <- car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=Dtfrm, rug=TRUE)
```



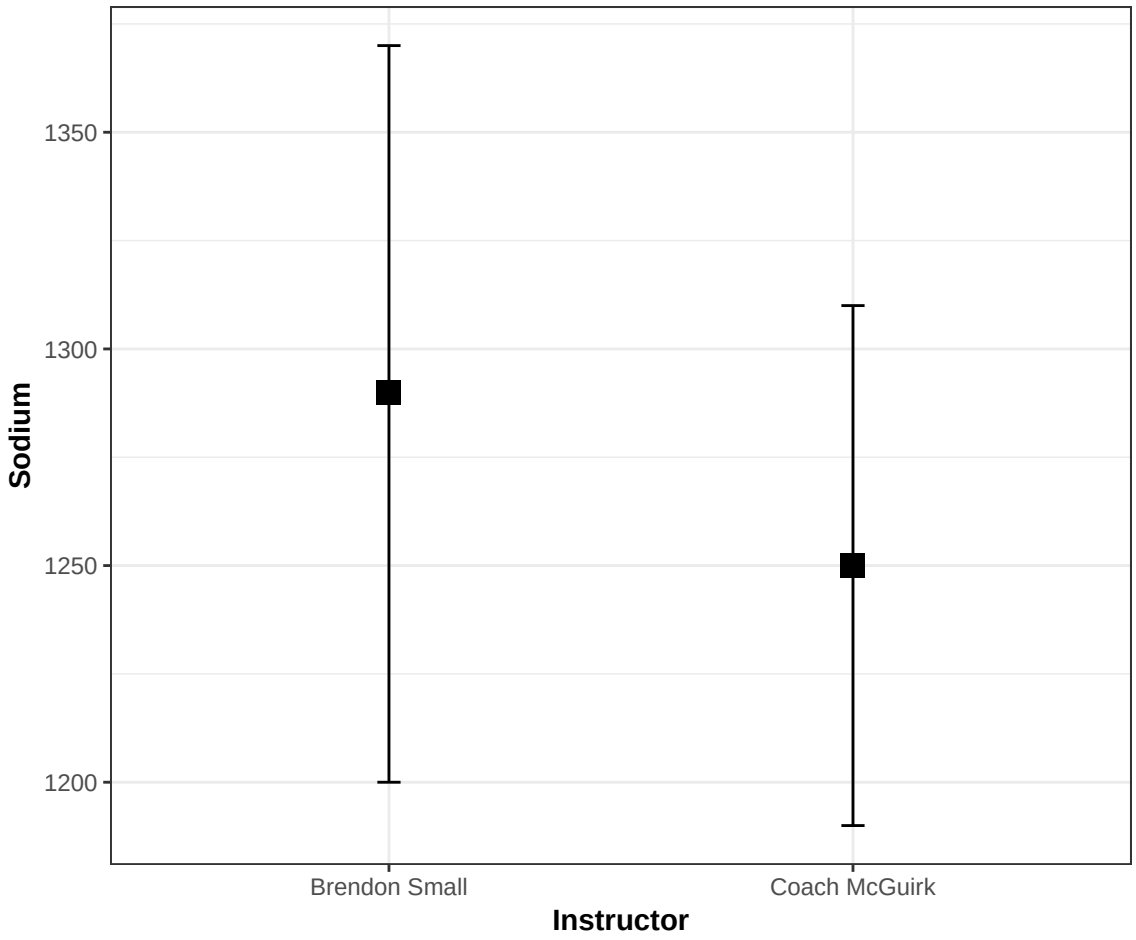

```
print(grf)
```

```
$`Brendon Small`

Call:
    adaptiveKernel(x = x[g == group], bw = if (is.numeric(bw)) bw[group] else bw,     adjust = adjust[g

Data: x[g == group] (500 obs.); Bandwidth 'bw' = 92.23

       x                y          
 Min.   : 673.3   Min.   :3.574e-05  
 1st Qu.: 999.2   1st Qu.:1.735e-04  
 Median :1325.0   Median :4.381e-04  
 Mean   :1325.0   Mean   :7.619e-04  
 3rd Qu.:1650.8   3rd Qu.:1.218e-03  
 Max.   :1976.7   Max.   :2.451e-03  

$`Coach McGuirk`

Call:
    adaptiveKernel(x = x[g == group], bw = if (is.numeric(bw)) bw[group] else bw,     adjust = adjust[g

Data: x[g == group] (500 obs.); Bandwidth 'bw' = 70.4
```

```
       x                y          
 Min.   : 788.8   Min.   :2.804e-05  
 1st Qu.:1025.6   1st Qu.:2.137e-04  
 Median :1262.5   Median :7.231e-04  
 Mean   :1262.5   Mean   :1.050e-03  
 3rd Qu.:1499.4   3rd Qu.:1.708e-03  
 Max.   :1736.2   Max.   :3.032e-03  
```

- gráfico com médias e intervalos de confiança separados por grupo, combinando recursos dos pacotes *ggplot2* e *rcompanion*:

```
SumMM <- rcompanion::groupwiseMean(Sodium ~ Instructor,
                       data   = Dtfrm,
                       conf   = 0.95,
                       digits = 3,
                       traditional = FALSE,
                       percentile  = TRUE)

grf <- ggplot2::ggplot(SumMM, ggplot2::aes(x = Instructor, y = Mean)) +
  ggplot2::geom_errorbar(ggplot2::aes(ymin = Percentile.lower,
                                      ymax = Percentile.upper),
                         width = 0.05, size  = 0.5) +
  ggplot2::geom_point(shape = 15,
                      size  = 4) +
  ggplot2::theme_bw() +
  ggplot2::theme(axis.title   = ggplot2::element_text(face  = "bold")) +
  ylab(names(Dtfrm)[3])
print(grf)
```



Repare o que acontece com a linha

print(grf)

Há gráficos que aparecem quando sua função é chamada, e o que é armazenado na variável **grf** é um objeto com informações sobre o gráfico (e.g., *boxplot()*); em outros gráficos, o que retorna e é armazenado em **grf** é o gráfico propriamente dito (e.g., *lattice::xyplot()*). Sempre que for usar gráficos em seus *RScripts*, precisará testar caso a caso.

- estatística inferencial

Definimos alfa:

```
alfa <- 0.05 # nivel de significancia adotado
```

O teste t a ser aplicado é de Satterthwaite (apesar do R exibir como teste de Welch), conforme as seguintes referências:

- Manuais do STATA
- SATTERTHWAITE, FE (1946) Approximate distribution of estimates of variance components. Biometrics Bulletin, 2(6): 110-114 e
- WELCH, BL (1947) The generalization of 'Student's' problem when several different population variances are involved. Biometrika, 34(1/2): 28-35.

significância estatística

Para operacionalizar o teste, calculamos:

```
# separa os dois instrutores
SodiumBS <- subset(Dtfrm,select=Sodium,subset=Instructor=="Brendon Small",drop=TRUE)
SodiumCM <- subset(Dtfrm,select=Sodium,subset=Instructor=="Coach McGuirk",drop=TRUE)
# dados da amostra
nA <- sum(!is.na(SodiumBS))
nB <- sum(!is.na(SodiumCM))

# significancia estatistica
t_out <- t.test(Sodium ~ Instructor, data = Dtfrm)

# significancia pratica
t <- t_out$statistic # estatistica de teste t
df <- t_out$parameter # graus de liberdade
dfefic <- (df-min(nA,nB))/(nA+nB-2-min(nA,nB))
```

exibimos o resultado:

```
cat("\nTamanho das amostras: \n", sep="")
cat ("\tBrendon Small: n = ", nA, "\n", sep="")
cat ("\tCoach McGuirk: n = ", nB, "\n", sep="")

cat ("\n")
cat("Analise de significancia estatistica: valor-p\n")
cat("Teste t de Satterthwaite\n")
print(t_out)

cat("Eficiencia do numero de graus de liberdade =",dfefic,"\n\n")
```

```
Tamanho das amostras:

    Brendon Small: n = 20

    Coach McGuirk: n = 20

Analise de significancia estatistica: valor-p

Teste t de Satterthwaite


    Welch Two Sample t-test

data:  Sodium by Instructor
t = 0.76722, df = 34.893, p-value = 0.4481
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -67.91132 150.41132
```

```
sample estimates:
mean in group Brendon Small mean in group Coach McGuirk
                    1287.50                     1246.25

Eficiencia do numero de graus de liberdade = 0.8273926
```

O teste t de Satterthwaite (*a.k.a.* Welch) já é um método mais robusto que o teste t de Student tradicional, discutido adiante. Uma das premissas para a aplicação do teste t é a homocedasticidade (a variância populacional da variável dependente deve ser igual nos dois grupos estudados), convencionalmente verificada através de uma estatística F antes da aplicação do teste t. A modificação proposta por Satterthwaite prescinde da homocedasticidade, corrigindo os graus de liberdade (df).

No caso de duas condições independentes, A e B, os graus de liberdade são dados por $df_{\max} = n_A + n_B - 2$, igual a 38 neste exemplo da ingesta de sódio. A saída relata 34.893 graus de liberdade. Quanto maior for a heterocedasticidade, menor será o número de graus de liberdade. Como foi visto, menor número de graus de liberdade equivale a caudas mais pesadas para a distribuição t e, portanto, mais incerteza é levada em conta para a decisão estatística quanto maior for a heterocedasticidade entre os grupos amostrados das duas condições experimentais, compensando o quanto a falta de homocedasticidade "atrapalha" o teste t.

Outra observação interessante sobre a correção de Satterthwaite é sobre seus valores extremos. O limite superior, como vimos, é $df_{\max} = n_A + n_B - 2$. Temos, neste exemplo, dois grupos de 20 estudantes e $df_{\max} = 38$. Também sabemos que na situação do teste t relacionado, os graus de liberdade são dados por $df = n - 1$. Este é o limite inferior dos graus de liberdade, como se fossem os mesmos indivíduos submetidos a ambas as condições: $df_{\min} = \min(n_A + n_B) - 1$ que, neste exemplo é $df_{\min} = 19$, valor que seria alcançado se houvesse heterocedasticidade extrema.

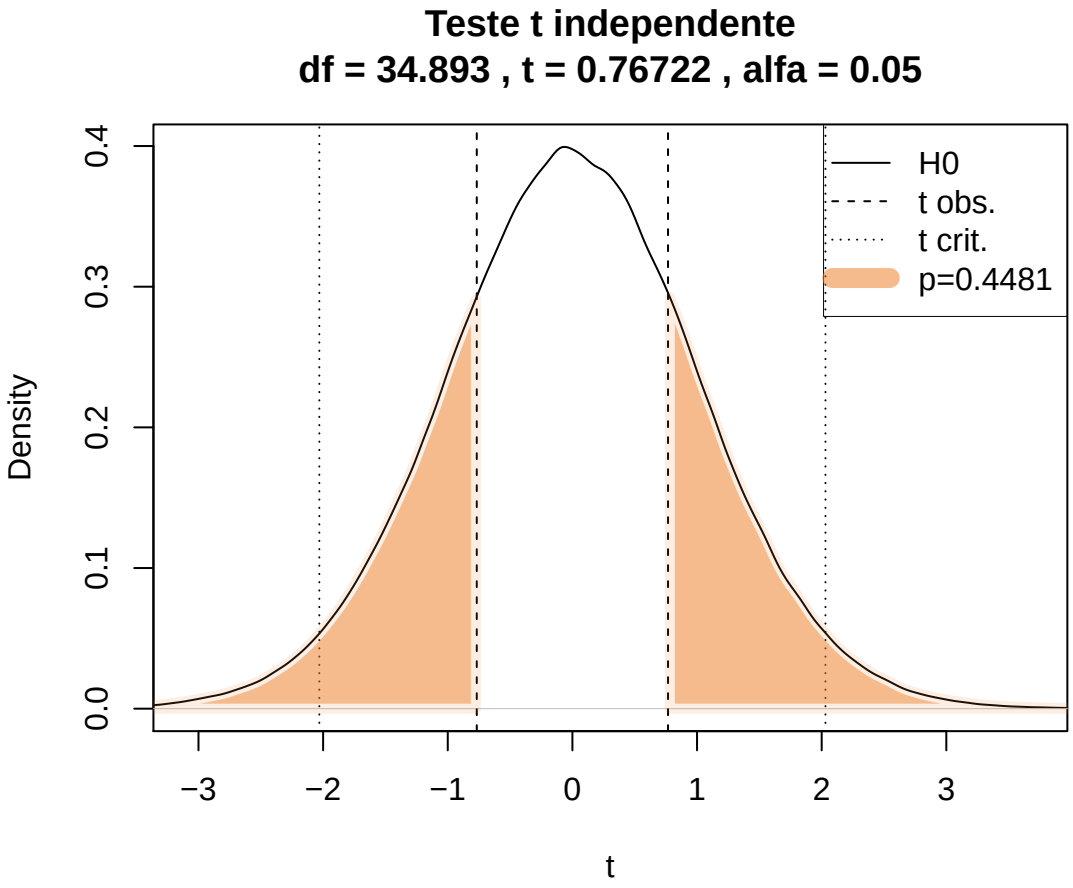
---

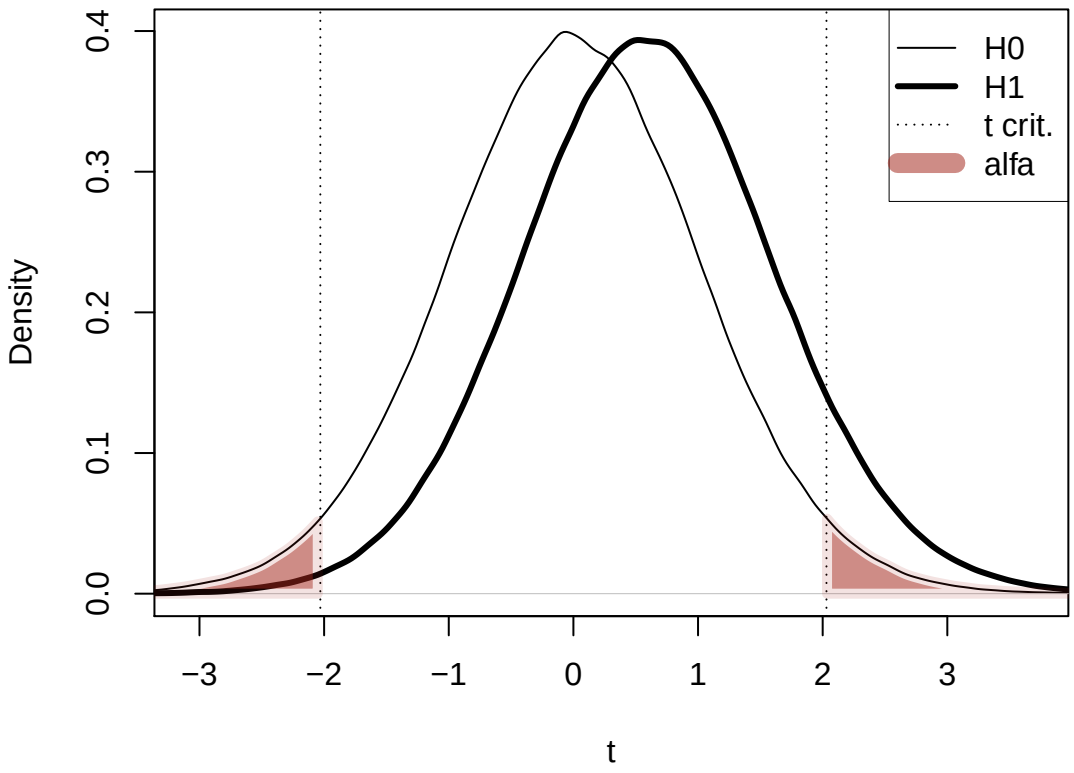
e construímos os gráficos:

```r
# distribuicao t sob H0 (central: ncp = 0)
tH0 <- rt(1e6, df)
dtH0 <- density(tH0)
# distribuicao t sob H1, ncp = t
# ncp
F <- t^2 # estatistica de teste F de Fisher
eta2 <- F/(F+df)
f2 <- eta2/(1-eta2) # f de Cohen
ncp <- df*f2 # parametro de nao-centralidade: ncp = F
tH1 <- rt(1e6, df, ncp)
dtH1 <- density(tH1)

# media e dp das dist. t central e nao-central
mediaH0 <- 0
dpH0 <- sqrt(df/(df-2))
beta <- sqrt(df/2)*gamma((df-1)/2)/gamma(df/2)
mediaH1 <- ncp*beta
dpH1 <- sqrt((df*(1+ncp^2)/(df-2))-mediaH1^2)

# graficos
showbeta <- 0
for (g in 1:2)
```

```
{
  # limites de x
  min_x <- min(mediaH0-3*dpH0, mediaH1-3*dpH1)
  max_x <- max(mediaH0+3*dpH0, mediaH1+3*dpH1)
  if (g == 1)
  {
    plot(dtH0,
         main=paste("Teste t independente\ndf =",round(df,3),", t =",round(t,5),", alfa =",alfa),
         xlab="t",
         xlim=c(min_x,max_x),
         lwd=1, lty=1
    )
  }
  if (g == 2)
  {
    plot(dtH0,
         main=NA,
         xlab="t",
         xlim=c(min_x,max_x),
         lwd=1, lty=1
    )
  }
  qalfa <- qt(c(alfa/2,1-alfa/2),df,0)
  abline(v=qalfa[1], lty = 3)
  abline(v=qalfa[2], lty = 3)
  if (g==1)
  {
    abline(v=abs(t),lwd=1,lty=2)
    abline(v=-abs(t),lwd=1,lty=2)
    # area do valor p
    polx <- dtH0$x[dtH0$x>=abs(t)]; polx <- c(min(polx),polx,max(polx))
    poly <- dtH0$y[dtH0$x>=abs(t)]; poly <- c(0,poly,0)
    polygon(polx,poly,border="#EE802622",col="#EE802688",lwd=5)
    polx <- dtH0$x[dtH0$x<=-abs(t)]; polx <- c(min(polx),polx,max(polx))
    poly <- dtH0$y[dtH0$x<=-abs(t)]; poly <- c(0,poly,0)
    polygon(polx,poly,border="#EE802622",col="#EE802688",lwd=5)
  }
  if (g==2)
  {
    # H1
    lines(dtH1,lwd=3,lty=1)
    # area alfa
    polx <- dtH0$x[dtH0$x<=qalfa[1]]; polx <- c(min(polx),polx,max(polx))
    poly <- dtH0$y[dtH0$x<=qalfa[1]]; poly <- c(0,poly,0)
    polygon(polx,poly,border="#a3261b22",col="#a3261b88",lwd=5)
    polx <- dtH0$x[dtH0$x>=qalfa[2]]; polx <- c(min(polx),polx,max(polx))
    poly <- dtH0$y[dtH0$x>=qalfa[2]]; poly <- c(0,poly,0)
    polygon(polx,poly,border="#a3261b22",col="#a3261b88",lwd=5)
    if (showbeta==1)
    {
      # area beta
      polx <- dtH1$x[dtH1$x>=qalfa[1] & dtH1$x<=qalfa[2]];
            polx <-       c(min(polx),polx,max(polx))
```

```
      poly <- dtH1$y[dtH1$x>=qalfa[1] & dtH1$x<=qalfa[2]];
            poly <- c(0,poly,0)
      polygon(polx,poly,border="#4EB26522",col="#4EB26588",lwd=8)
    }

  }

  # legenda
  if (g==1)
  {
    p_txt <- t_out$p.value;
    if (p_txt > 0.001)
    {
      p_txt <- round(p_txt,4)
    } else
    {
      p_txt <- format(format(p_txt, scientific = TRUE, digits = 4))
    }
    legend ("topright",
            c("H0","t obs.","t crit.",paste("p=",p_txt,sep="")),
            lwd=c(1,1,1,10),
            lty=c(1,2,3,1),
            pch=NA,
            col=c("black","black","black","#EE802688"),
            box.lwd=0, bg="transparent")
  }
  if (g==2)
  {
    if (showbeta==1)
    {
      legend ("topright",
              c("H0","H1","t crit.","alfa","beta"),
              lwd=c(1,3,1,10,10),
              lty=c(1,1,3,1,1),
              pch=NA,
              col=c("black","black","black","#a3261b88","#4EB26588"),
              box.lwd=0, bg="transparent")
    } else
    {
      legend ("topright",
              c("H0","H1","t crit.","alfa"),
              lwd=c(1,3,1,10),
              lty=c(1,1,3,1),
              pch=NA,
              col=c("black","black","black","#a3261b88"),
              box.lwd=0, bg="transparent")
    }
  }
}
```


Teste t independente
df = 34.893 , t = 0.76722 , alfa = 0.05
H0
t obs.
t crit.
p=0.4481
Density
0.0
0.1
0.2
0.3
0.4
−3
−2
−1
0
1
2
3
t



Verifique e interprete a saída. Não rejeitamos H_0: não há elementos para afirmar que há diferença de resultado, quanto à ingestão de sódio, quando comparamos os dois grupos submetidos a diferentes programas educacionais.

Método ainda mais robusto, usando o teste t feito por *bootstrapping* do package *MKinfer*, resulta em:

```
library(MKinfer)
t.boot <- MKinfer::boot.t.test(Sodium ~ Instructor, data=Dtfrm, R=10^6)
print(t.boot)
```

```
    Bootstrapped Welch Two Sample t-test

data:  Sodium by Instructor
bootstrapped p-value = 0.4484
95 percent bootstrap percentile confidence interval:
 -61.25 143.75

Results without bootstrap:
```

```
t = 0.76722, df = 34.893, p-value = 0.4481
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -67.91132 150.41132
sample estimates:
mean in group Brendon Small mean in group Coach McGuirk
                    1287.50                     1246.25
```

Similarmente ao teste t relacionado, o que aparece após "Results without bootstrap" é o teste t de Welch.

---

significância prática

Calculamos os tamanhos de efeito:

```
# Elis P (2010) The essential guide to effect sizes. Cambridge
if (eta2 <0.01) {mag_eta2<-c("Desprezivel")}
if (eta2>=0.01 && eta2<0.06) {mag_eta2<-c("Pequeno")}
if (eta2>=0.06 && eta2<0.14) {mag_eta2<-c("Intermediario")}
if (eta2>=0.14) {mag_eta2<-c("Grande")}

d <- abs(t)/sqrt(1/((1/nA)+(1/nB)))
# Sawilowsky, S (2009) New effect size rules of thumb. Journal of Modern Applied Statistical Methods 8(
if (d<0.01) {mag_Cohen<-c("Desprezivel")}
if (d>=0.01 && d<0.2) {mag_Cohen<-c("Muito pequeno")}
if (d>=0.2 && d<0.5) {mag_Cohen<-c("Pequeno")}
if (d>=0.5 && d<0.8) {mag_Cohen<-c("Intermediario")}
if (d>=0.8 && d<1.2) {mag_Cohen<-c("Grande")}
if (d>=1.2 && d<2) {mag_Cohen<-c("Muito grande")}
if (d>=2) {mag_Cohen<-c("Enorme")}
g <- d*(1-3/(4*df-1))
if (g<0.01) {mag_Hedges<-c("Desprezivel")}
if (g>=0.01 && g<0.2) {mag_Hedges<-c("Muito pequeno")}
if (g>=0.2 && g<0.5) {mag_Hedges<-c("Pequeno")}
if (g>=0.5 && g<0.8) {mag_Hedges<-c("Intermediario")}
if (g>=0.8 && g<1.2) {mag_Hedges<-c("Grande")}
if (g>=1.2 && g<2) {mag_Hedges<-c("Muito grande")}
if (g>=2) {mag_Hedges<-c("Enorme")}

# selecao de modelo
R2aj <- (F-1)/((F-1)+df+1)
omega2 <- (F-1)/((F-1)+df+2)
```

e exibimos o resultado:

```
cat("Analise de significancia pratica: tamanho de efeito\n")
cat("\td de Cohen = ",d," (",mag_Cohen,")","\n",sep="")
cat("\tg de Hedges = ",g," (",mag_Hedges,")","\n",sep="")
cat("\teta^2 = R^2 = ",eta2," (",mag_eta2,")\n",sep="")

cat("\nSelecao de modelo:\n")
cat("\tR^2 ajustado =",R2aj,"\n")
cat("\tomega^2 = ", omega2,"\n")
```

```
Analise de significancia pratica: tamanho de efeito
```

```
    d de Cohen = 0.2426174 (Pequeno)

    g de Hedges = 0.2373649 (Pequeno)

    eta^2 = R^2 = 0.01658973 (Pequeno)


Selecao de modelo:

    R^2 ajustado = -0.01159381

    omega^2 =  -0.01127601
```

Conceitos adicionais

Teste t sem os dados brutos

É muito comum, em publicações, que somente tenhamos acesso às medidas-resumo (número de participantes, média, desvio-padrão e correlação). Nestes casos, os *RScripts* acima não são utilizáveis.

Para fazer os testes t relacionados (ou pareados) e testes t de Welch (independentes), quando os dados brutos não estão disponíveis, criamos os seguintes scripts:

- TestetRelacionadoBilateral_SemDadosBrutos.R
- TestetRelacionadoUnilateralDireita_SemDadosBrutos.R
- TestetRelacionadoUnilateralEsquerda_SemDadosBrutos.R
- TestetWelchBilateral_SemDadosBrutos.R
- TestetWelchUnilatDir_SemDadosBrutos.R
- TestetWelchUnilatEsq_SemDadosBrutos.R

Estude e aprenda a modificar estes *RScripts* para seu uso.

teste t com *bootstrapping* e tamanho de efeito

Um código que incorpora o teste t por *bootstrapping*, o teste t de Welch e um cálculo de d de Cohen (requer o package *lsr*) mais adequado às versões robustas de testes t é:

```
library(readxl)
library(MKinfer)
library(lsr)
Dados <- readxl::read_excel("Nutricao.xlsx")
MKinfer::boot.t.test(Sodium ~ Instructor, data=Dados, R=10^6)
```

```
    Bootstrapped Welch Two Sample t-test

data:  Sodium by Instructor
bootstrapped p-value = 0.4465
95 percent bootstrap percentile confidence interval:
 -61.25 143.75

Results without bootstrap:
t = 0.76722, df = 34.893, p-value = 0.4481
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -67.91132 150.41132
```

```
sample estimates:
mean in group Brendon Small mean in group Coach McGuirk
                   1287.50                    1246.25
```

```r
# d de Cohen para o teste t de Welch
d <- lsr::cohensD(Sodium ~ Instructor, data=Dados, method="unequal")
# Sawilowsky, S (2009) New effect size rules of thumb.
# Journal of Modern Applied Statistical Methods, 8(2): 467-74.
if (0 <= d && d < 0.01) {dc <- "negligible"}
if (0.01 <= d && d < 0.2) {dc <- "very small"}
if (0.2 <= d && d < 0.5) {dc <- "small"}
if (0.5 <= d && d < 0.8) {dc <- "medium"}
if (0.8 <= d && d < 1.2) {dc <- "large"}
if (1.2 <= d && d < 2) {dc <- "very large"}
if (2 <= d && d < Inf) {dc <- "huge"}
cat("Cohen's d = ", d, " (",dc, " effect size)", sep="")
```

```
Cohen's d = 0.2426174 (small effect size)
```

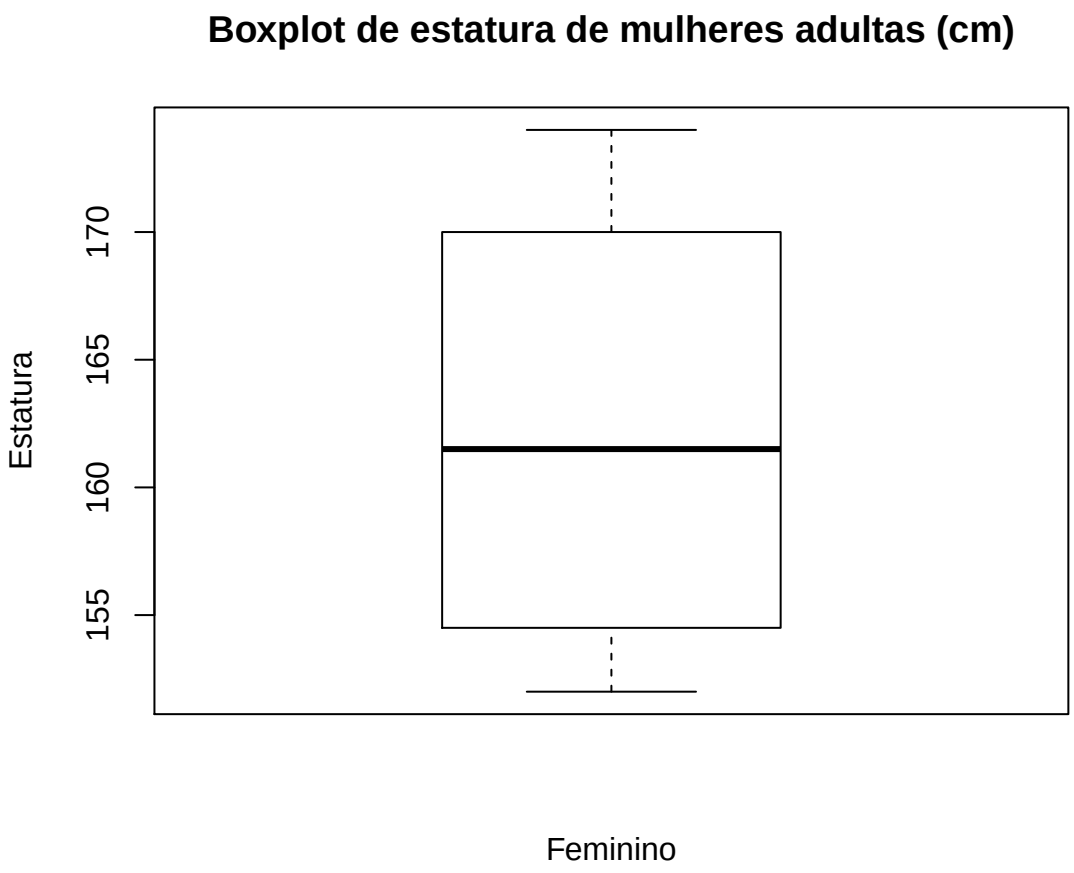
algumas manobras úteis

construção de dois *boxplots*, lado a lado

Um exemplo caricato (apenas 4 medidas em cada grupo) é dado por:

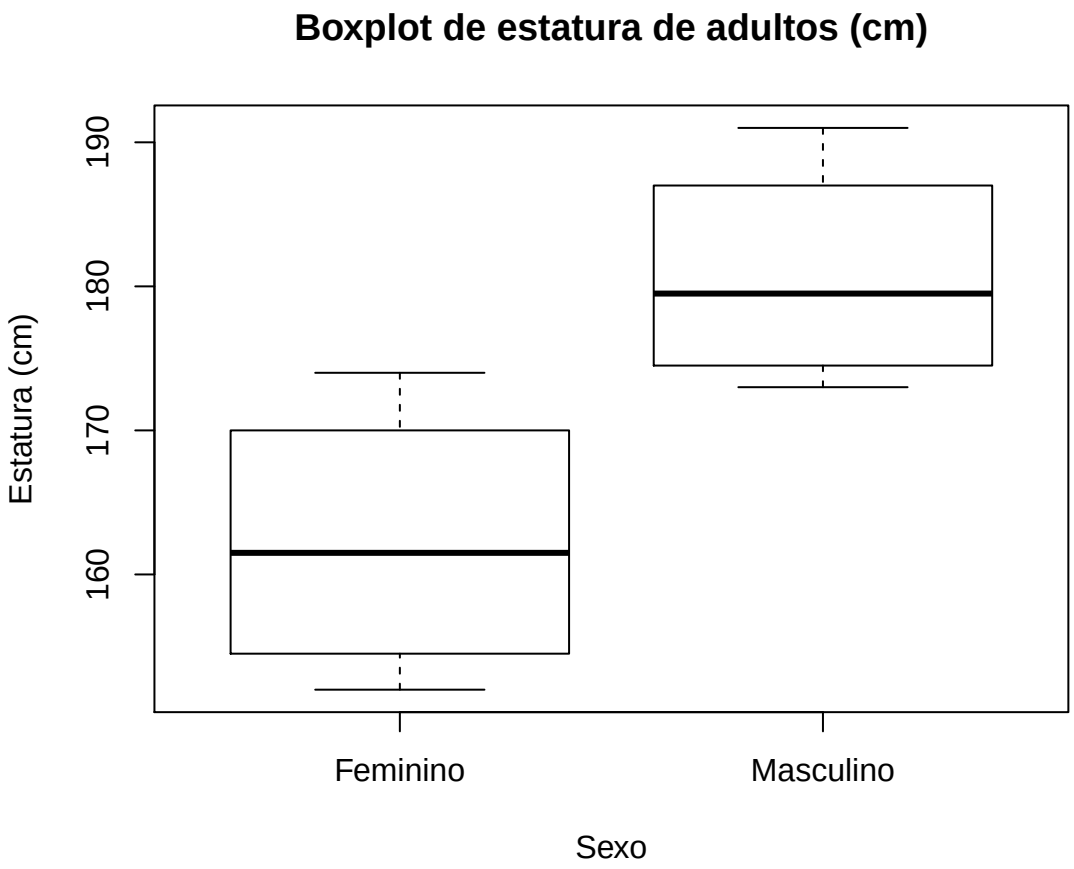
```r
estatm <- c(176,183,173,191) # estatura de 4 homens
estatf <- c(157,152,174,166) # estatura de 4 mulheres
# Criando dois boxplot simples
boxplot(estatm, main="Boxplot de estatura de homens adultos (cm)",
        xlab="Masculino", ylab="Estatura")
```


```
boxplot(estatf, main="Boxplot de estatura de mulheres adultas (cm)",
        xlab="Feminino", ylab="Estatura")
```



Para juntar os dois gráficos, uma possibilidade é construir dois vetores de mesmo tamanho, um com os dados e outro que indique o sexo (Masculino ou Feminino):

```
estatm <- c(176,183,173,191)
estatf <- c(157,152,174,166)
estat <- c(estatm,estatf)
sexo <- rep(c("Masculino","Feminino"),each=4)
boxplot(estat~sexo, main="Boxplot de estatura de adultos (cm)", xlab="Sexo", ylab="Estatura (cm)")
```



guardar o gráfico em um arquivo

Experimente criar um arquivo .png:

```
png("estatura_homem_mulher.png")
boxplot(estat~sexo, main="Boxplot de estatura de adultos (cm)", xlab="Sexo", ylab="Estatura (cm)")
dev.off()
```

A função *png()* tem vários outros parâmetros. Veja a documentação do R (com ?png): especialmente *width* e *height* são fundamentais; há outros formatos gráficos disponíveis.

Caso queira um formato vetorial, como EPS, experimente:

```
setEPS()
postscript("estatura_adultos.eps")
d.m <- density(estatm)
d.f <- density(estatf)
plot(d.m,
     main="Distribuição das estaturas", type="l",
     xlim=c(min(d.m$x,d.f$x,na.rm=TRUE), max(d.m$x,d.f$x,na.rm=TRUE)),
     ylim=c(min(d.m$y,d.f$y,na.rm=TRUE), max(d.m$y,d.f$y,na.rm=TRUE)),
     xlab="Estatura", ylab="densidade")
lines(d.f, lty=2)
legend ("topright",
```

```
        c("homens","mulheres"),
        lty=c(1,2),
        box.lwd=0, bg="transparent")
dev.off()
```

Também é possível guardar vários gráficos em SVG (veja ?svg) ou PDF (veja ?pdf).

guardar a saída textual em um arquivo

Você pode desviar a saída em tela para um arquivo texto. Experimente a função *sink()*:

```
sink("estatura_homem_mulher.txt")
resumo <- summary(estat)
cat ("Estatura de todos os individuos:\n")
print (resumo)
sink()
```

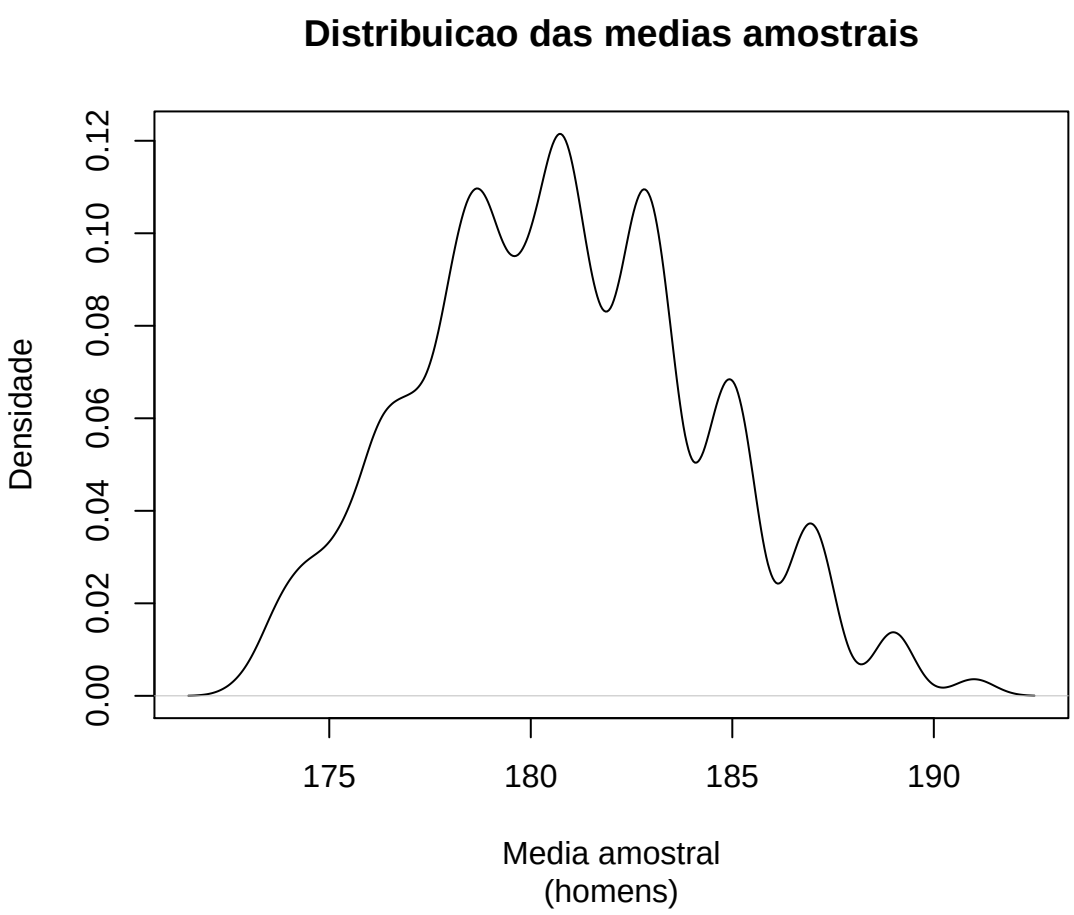
Precisa ser usada duas vezes: a primeira para abrir o arquivo e a segunda para fechá-lo - *sink()*, sem parâmetros - voltando a exibir as saídas na tela.

intervalo de confiança robusto

Na linha de métodos robustos é possível estimar o intervalo de confiança 95% por bootstrapping (https://en.wikipedia.org/wiki/Bootstrapping_(statistics)).

Por exemplo, para as estaturas dos homens deste exemplo:

```
rm <- replicate(1e4, mean(sample(estatm, replace=TRUE)))
plot(density(rm), main="Distribuicao das medias amostrais",
     sub="(homens)", xlab="Media amostral", ylab="Densidade")
```




```
qm <- quantile(rm, probs=c(0.025, 0.975))
cat (paste ("Intervalo de confianca 95% para os homens: [",qm[1],", ",qm[2], "]\n",sep=""))
```

```
Intervalo de confianca 95% para os homens: [174.5, 187.25]
```

A função *replicate(1e4, mean(sample(estatm, replace=TRUE)))* é uma forma de fazer reamostragem (sample), de uma população hipotética com média (mean) igual à da amostra de estatura dos homens com reposição (replace=TRUE), repetindo (replicate) o processo 10.000 vezes (1e4).

O intervalo de confiança de 95% é obtido com a função quantile(), localizando os valores que deixam 2.5% da área sob as caudas esquerda e direita desta distribuição de probabilidades.

Sobre os métodos tradicionais

http://unusual-cars.com/wp-content/uploads/2016/01/Ford-Model-T-1908.jpg

- o teste t de Student

https://en.wikipedia.org/wiki/Student%27s_t-test

Este teste foi inicialmente publicado por em 1908 por William Sealy Gosset sob o pseudônimo de Student, e posteriormente aprimorado por Ronald Fisher, que introduziu os graus de liberdade.

Em R, o teste t default é executado com a correção de Satterthwaite (erroneamente exibido como Welch), mas é possível forçar o teste clássico, adicionando o parâmetro *var.equal*:

```
t_student <- t.test(Sodium ~ Instructor, data = Dtfrm, var.equal = TRUE)
print (t_student)
```

```
    Two Sample t-test

data:  Sodium by Instructor
t = 0.76722, df = 38, p-value = 0.4477
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -67.59215 150.09215
sample estimates:
mean in group Brendon Small mean in group Coach McGuirk
                    1287.50                     1246.25
```

O parâmetro var.equal = TRUE é a indicação de que o teste clássico exige variâncias iguais (homocedasticidade). Em relação ao teste t de Welch apresentado acima, a mudança mais visível são os graus de liberdade, aqui correspondendo a um número inteiro igual ao tamanho da amostra subtraído de duas unidades (uma para cada grupo).

- o (não) uso de testes não-paramétricos

Classicamente, havia várias condições para se poder executar o teste t. No entanto, em suas versões robustas e com tamanho de amostra suficiente, podemos dispensar os testes prévios de homocedasticidade e normalidade. Quando estas condições não são atendidas, os pesquisadores podem optar pelos métodos equivalentes não paramétricos (e.g., Wilcoxon e Mann-Whitney).

Há respaldo na literatura especializada, sugerindo que atualmente esta pode não ser a melhor opção:

Stat Papers (2011) 52:219–231
DOI 10.1007/s00362-009-0224-x

REGULAR ARTICLE

The two-sample *t* test: pre-testing its assumptions does not pay off

Dieter Rasch · Klaus D. Kubinger · Karl Moder

Abstract Traditionally, when applying the two-sample t test, some pre-testing occurs. That is, the theory-based assumptions of normal distributions as well as of homogeneity of the variances are often tested in applied sciences in advance of the tried-for t test. But this paper shows that such pre-testing leads to unknown final type-I- and type-II-risks if the respective statistical tests are performed using the same set of observations. In order to get an impression of the extension of the resulting misinterpreted risks, some theoretical deductions are given and, in particular, a systematic simulation study is done. As a result, we propose that it is preferable to apply no pre-tests for the t test and no t test at all, but instead to use the Welch-test as a standard test: its power comes close to that of the t test when the variances are homogeneous, and for unequal variances and skewness values $|\gamma_1| < 3$, it keeps the so called 20% robustness whereas the t test as well as Wilcoxon's U test cannot be recommended for most cases.

Keywords Pre-tests · Two-sample t test · Welch-test · Wilcoxon-U test

INTERNATIONAL REVIEW OF SOCIAL PSYCHOLOGY

Delacre, M., et al (2017). Why Psychologists Should by Default Use Welch's *t*-test Instead of Student's *t*-test. *International Review of Social Psychology*, 30(1), 92–101, DOI: https://doi.org/10.5334/irsp.82

RESEARCH ARTICLE

Why Psychologists Should by Default Use Welch's *t*-test Instead of Student's *t*-test

Marie Delacre*, Daniël Lakens† and Christophe Leys*

When comparing two independent groups, psychology researchers commonly use Student's *t*-tests. Assumptions of normality and homogeneity of variance underlie this test. More often than not, when these conditions are not met, Student's *t*-test can be severely biased and lead to invalid statistical inferences. Moreover, we argue that the assumption of equal variances will seldom hold in psychological research, and choosing between Student's *t*-test and Welch's *t*-test based on the outcomes of a test of the equality of variances often fails to provide an appropriate answer. We show that the Welch's *t*-test provides a better control of Type 1 error rates when the assumption of homogeneity of variance is not met, and it loses little robustness compared to Student's *t*-test when the assumptions are met. We argue that Welch's *t*-test should be used as a default strategy.

Keywords: Welch's *t*-test; Student's *t*-test; homogeneity of variance; Levene's test; Homoscedasticity; statistical power; type 1 error; type 2 error

Statistica Neerlandica (1999) Vol. 53, nr. 3, pp. 277–286

Nonparametric methods for paired samples

U. Munzel*

Department of Medical Statistics, University of Göttingen, Humboldtallee 32, 37073 Göttingen, Germany

The small sample and asymptotic properties of nonparametric tests f
paired sampled are examined. Linear rank statistics are compared wi
the paired t-test and the Wilcoxon-signed-rank test in simulati
studies. From a minimax point of view the linear rank statistics turn o
to be the best. Moreover, it is illustrated that the Wilcoxon-signed-ra
test should not be used if it is not clear that the differences of the pa
have a symmetric distribution.

Key Words & Phrases: Asymmetry, Behrens-Fisher problem, pair
t-test, rank transform, ties, Wilcoxon-signed-rank test.