# 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 pareado (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 ($\nu$, 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 $\alpha$, 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.

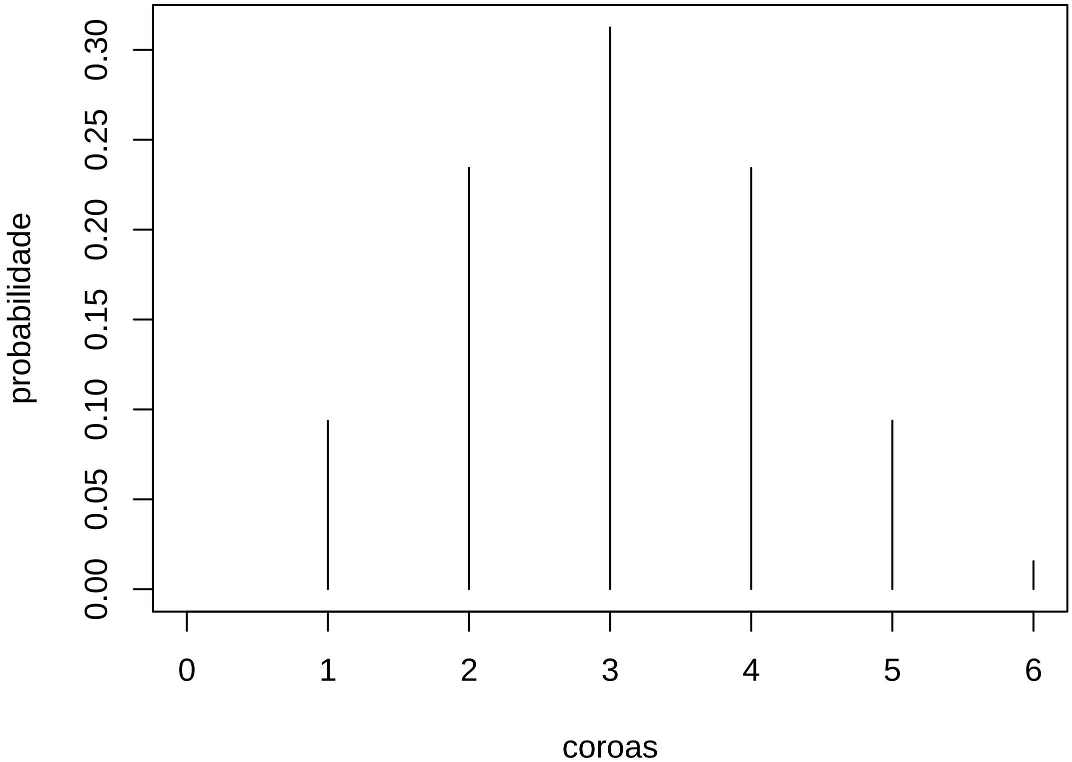
### distribuição binomial

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)

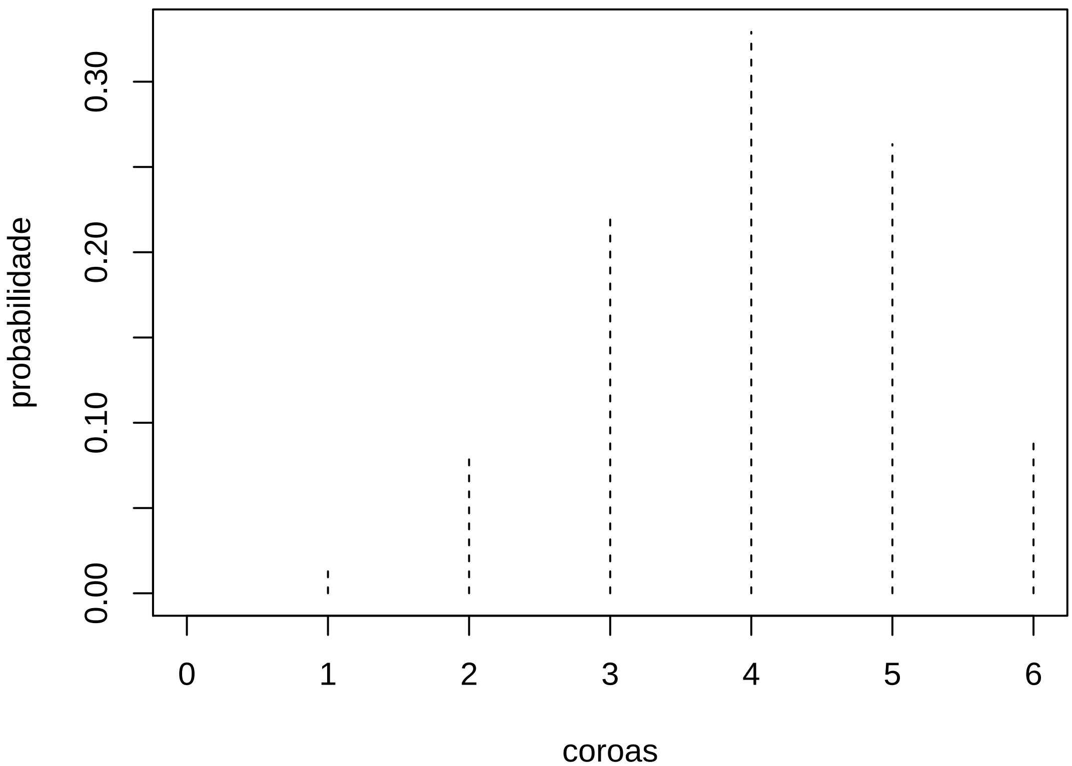
que dependem do número de eventos (*size*) e sucesso de cada evento (*prob*). Esta distribuição serve, por exemplo, para modelar uma moeda. Por exemplo, uma moeda bem balanceada tem 50% de probabilidade de sair coroa. Caso fosse testada com 6 jogadas, esperamos que 3 coroas sejam o mais provável, e o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

```r
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, $sd_{binomial} = \sqrt{6 \cdot 0.5 \cdot (1-0.5)} \approx 1.22$.

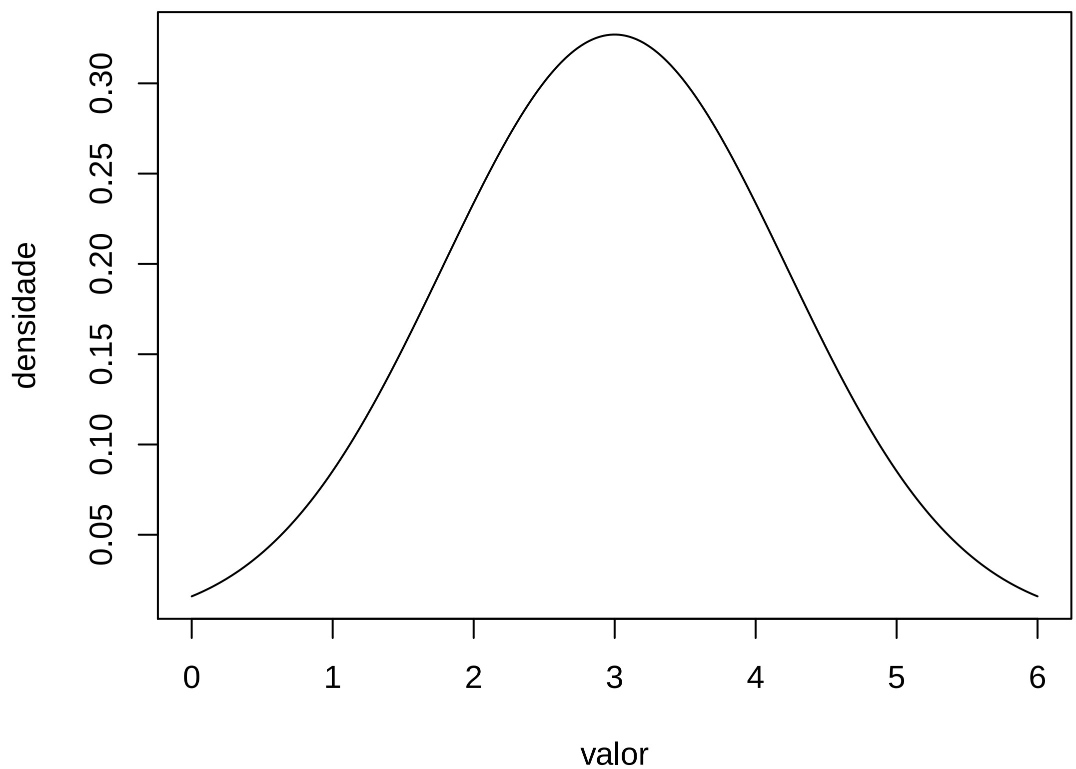
Para este exemplo procuramos mostrar uma distribuição normal com formato similar à binomial do exemplo anterior.

---

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:

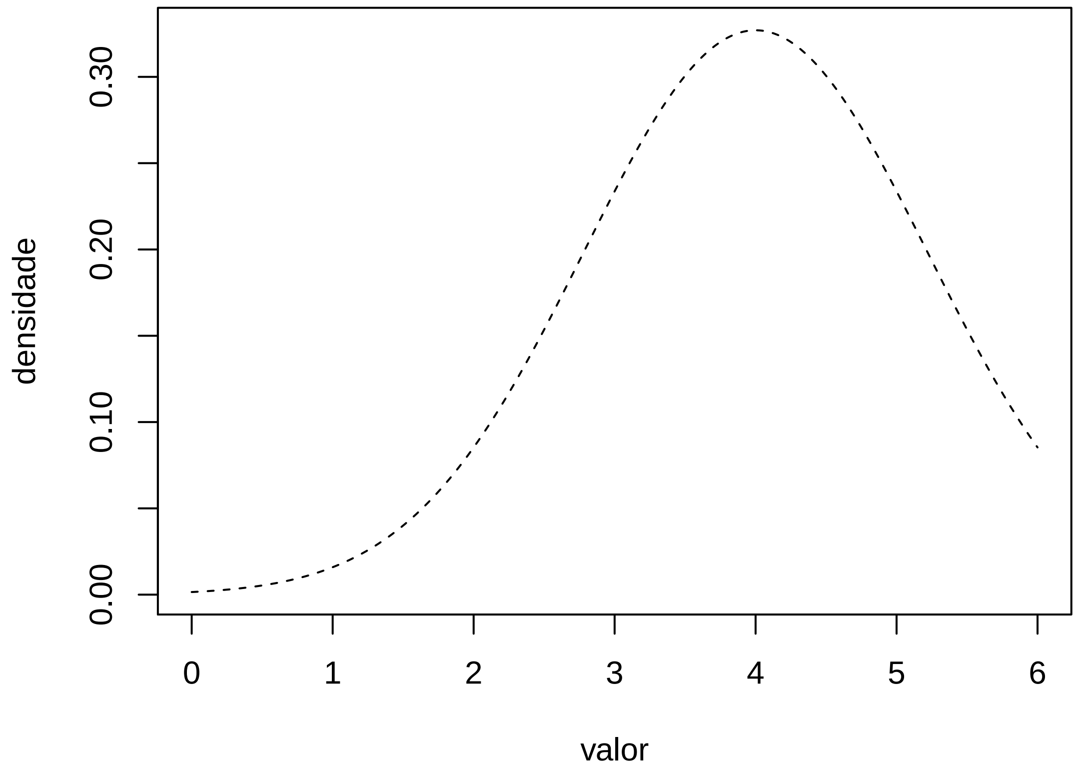
```
valores <- seq(from=0, to=6, by=0.01)
densidades <- dnorm(x=valores, mean=3, sd=1.22)
plot(valores, densidades,
     xlab="valor", ylab="densidade",
     type="l")
```




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,
```

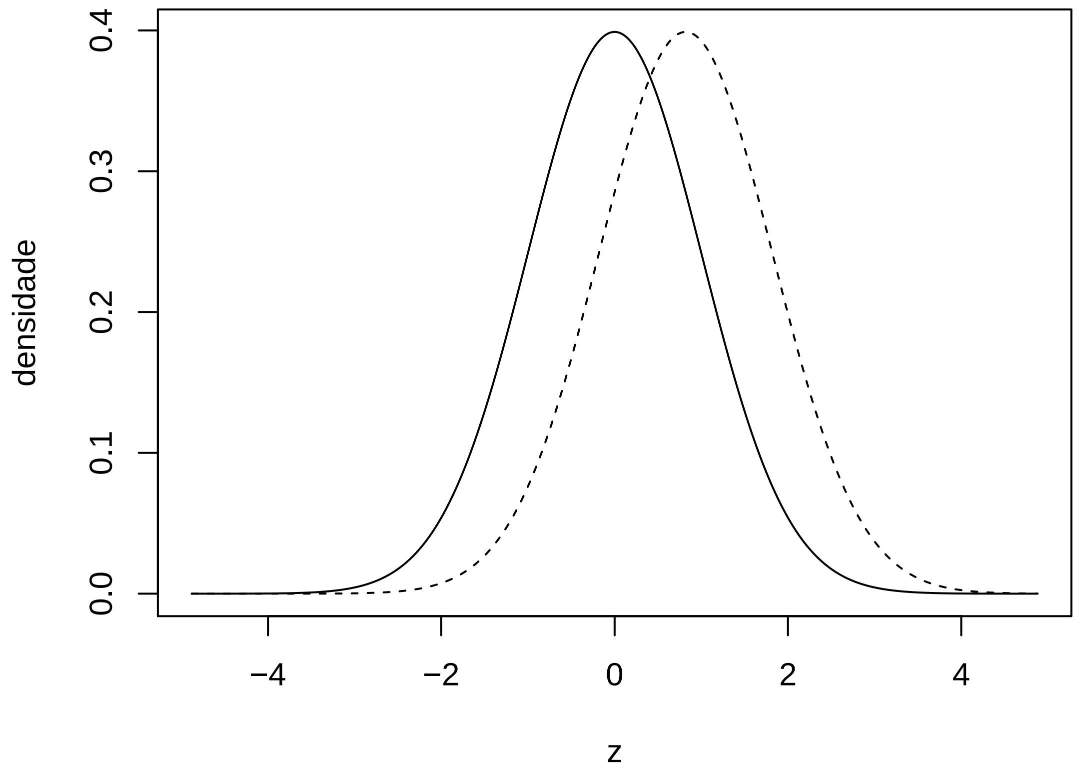
```
     xlab="valor", ylab="densidade",
     type="l", lty=2)
```




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)

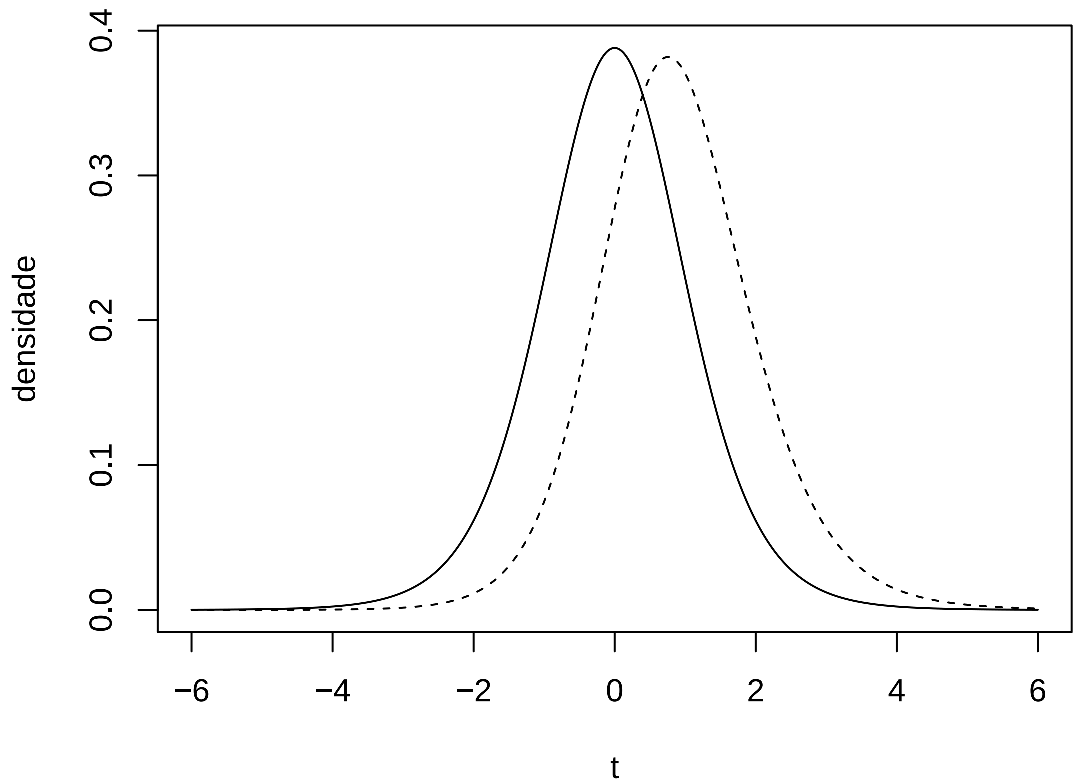
Como as distribuições normais, as funções t são para variáveis quantitativas contínuas. Já são padronizadas e, portanto, não aparece média e desvio-padrão entre seus parâmetros. Em vez disto, aparecem duas novidades:

- 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.

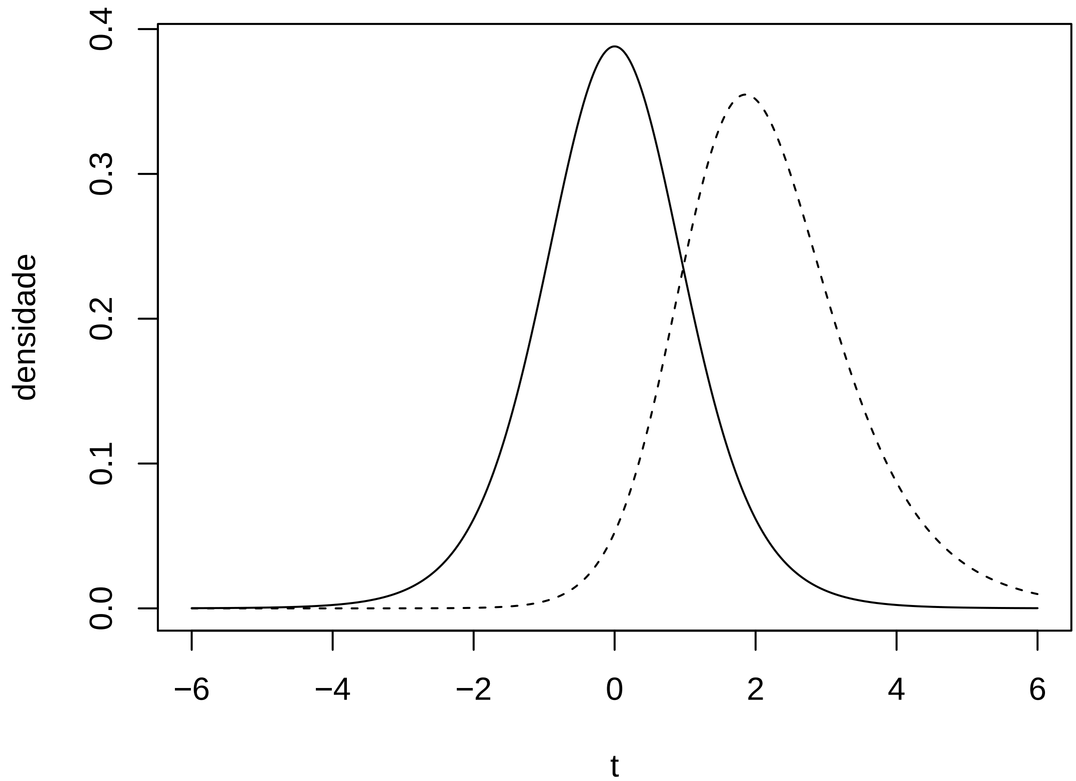
O código similar ao das normais padronizadas é:

```r
t <- seq(from=-6, to=6, by=0.01)
H0_t <- dt(x=t, df=10-1, ncp=0)
plot(t, H0_t,
     xlab="t", ylab="densidade",
     type="l")
H1_t <- dt(x=t, df=10-1, 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*:

```r
t <- seq(from=-6, to=6, by=0.01)
H0_t <- dt(x=t, df=10-1, ncp=0)
plot(t, H0_t,
     xlab="t", ylab="densidade",
     type="l")
H1_t <- dt(x=t, df=10-1, ncp=2)
lines(t, H1_t, lty=2)
```




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

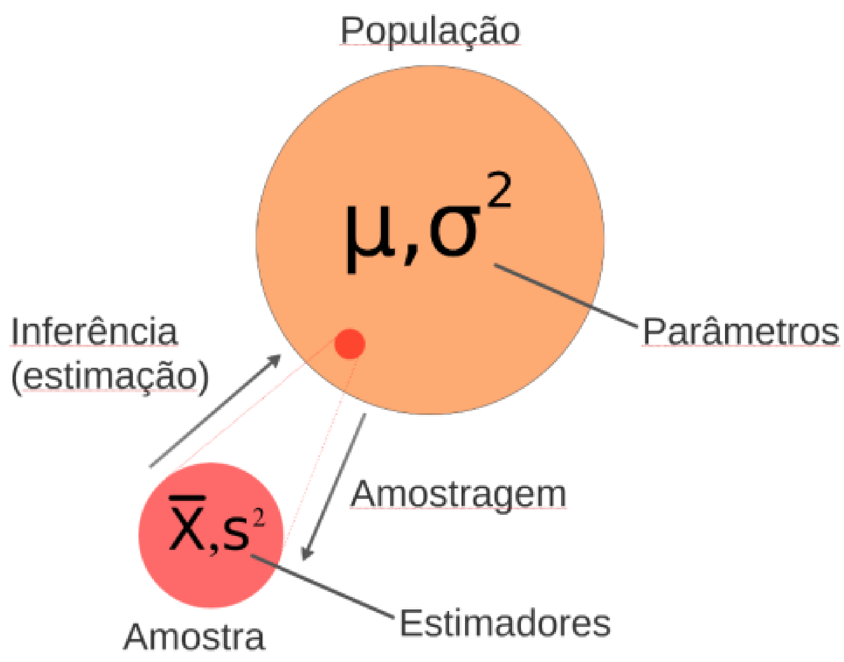
---

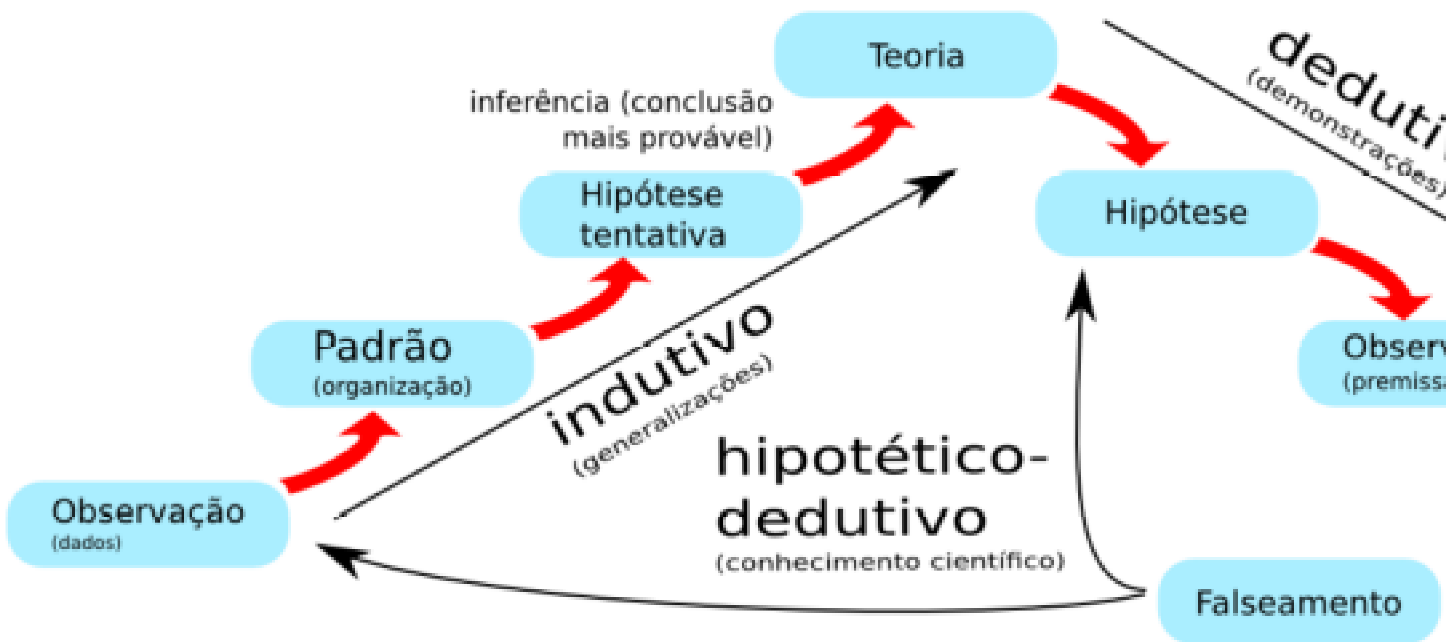
O código disponível em Animacao_t_nao_central.R compara a curva observada sob $H_0$ na animação anterior com diversas curvas representando $H_1$s. Observe, sob $H_1$, assimetria das distribuições, e as áreas correspondentes a $\beta$ e ao poder do teste $(1 - \beta)$.

---

## 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
$\mu, \sigma^2$
Parâmetros
Inferência
(estimação)
Amostragem
$\bar{X}, s^2$
Amostra
Estimadores


Teoria
inferência (conclusão
mais provável)
Hipótese
tentativa
Hipótese
Padrão
(organização)
Observação
(dados)
indutivo
(generalizações)
hipotético-
dedutivo
(conhecimento científico)
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 na população normal 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.

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

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

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):

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

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

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

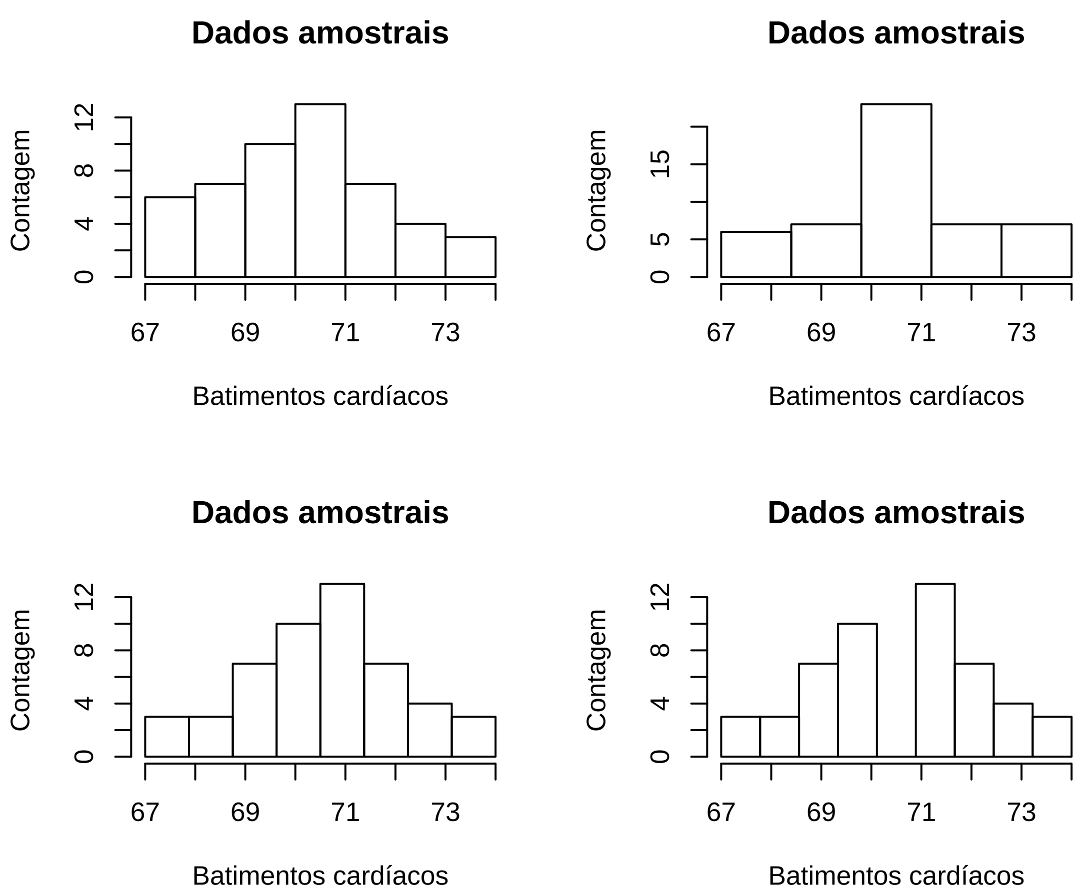
- Esquema de 5 pontos de Tuckey:

```
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)

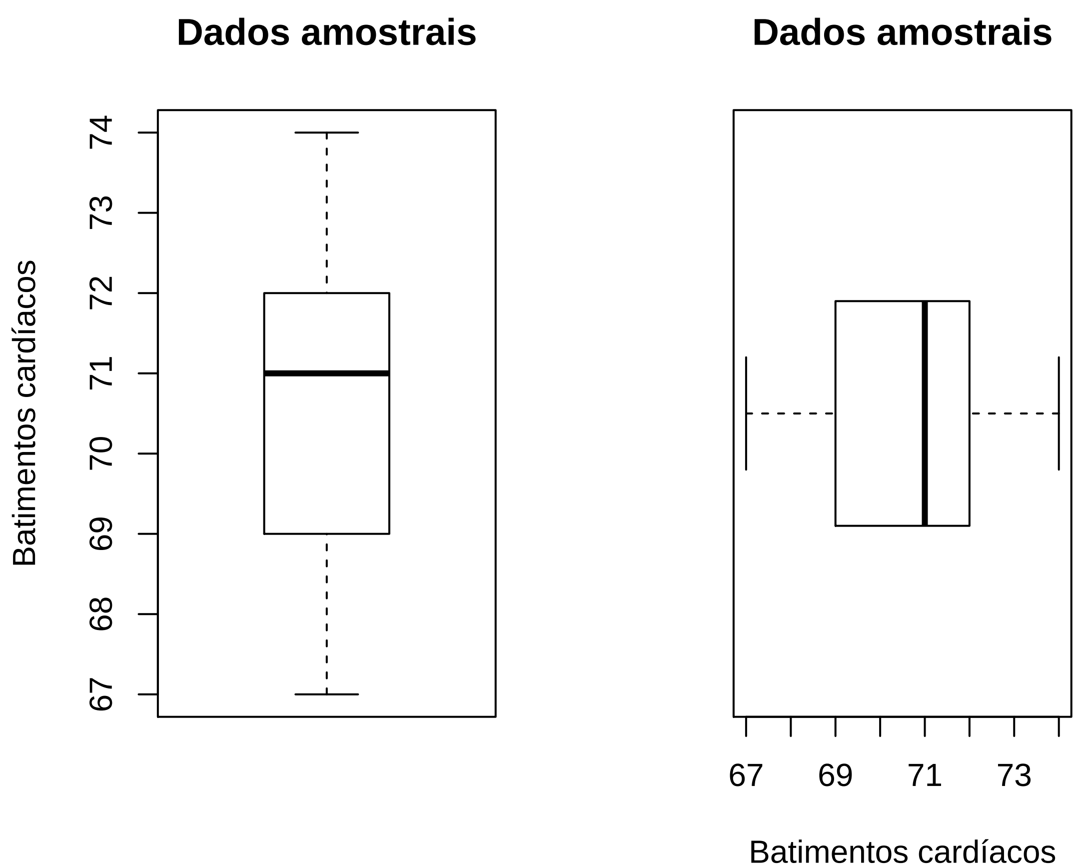
```
par(mfrow=c(2,2))

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:

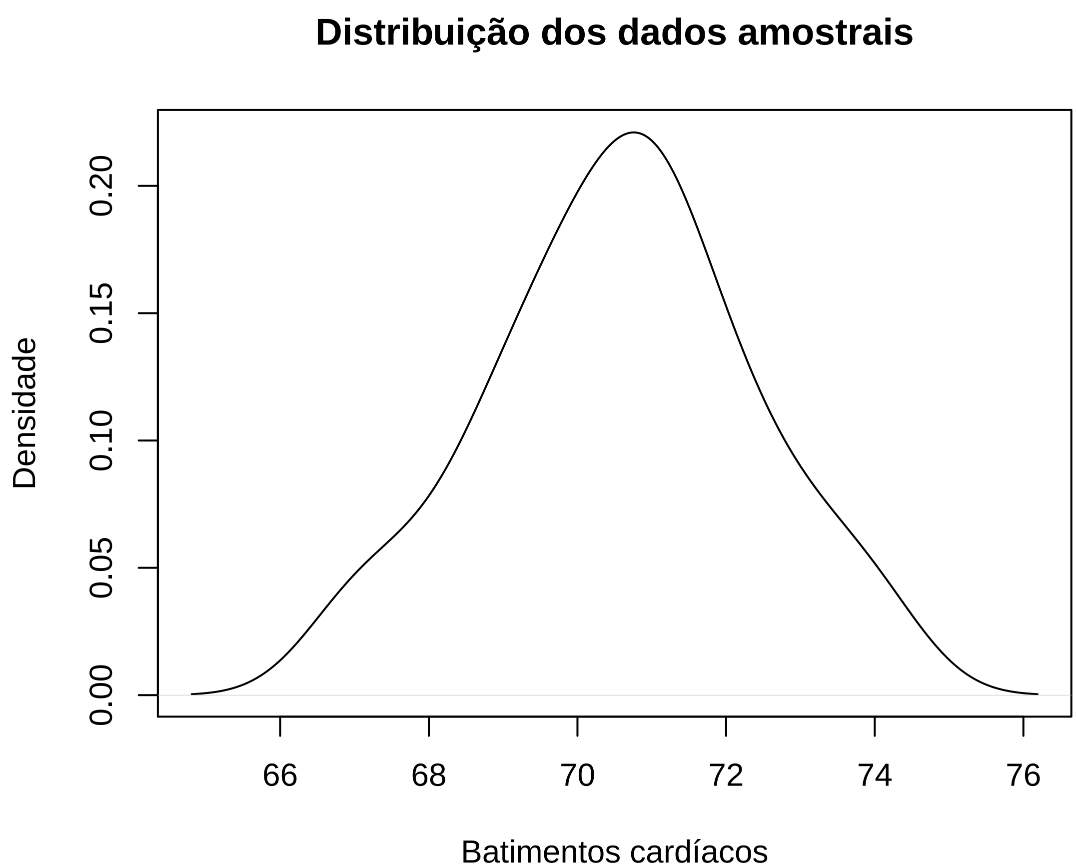
```r
par(mfrow=c(1,2))

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




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

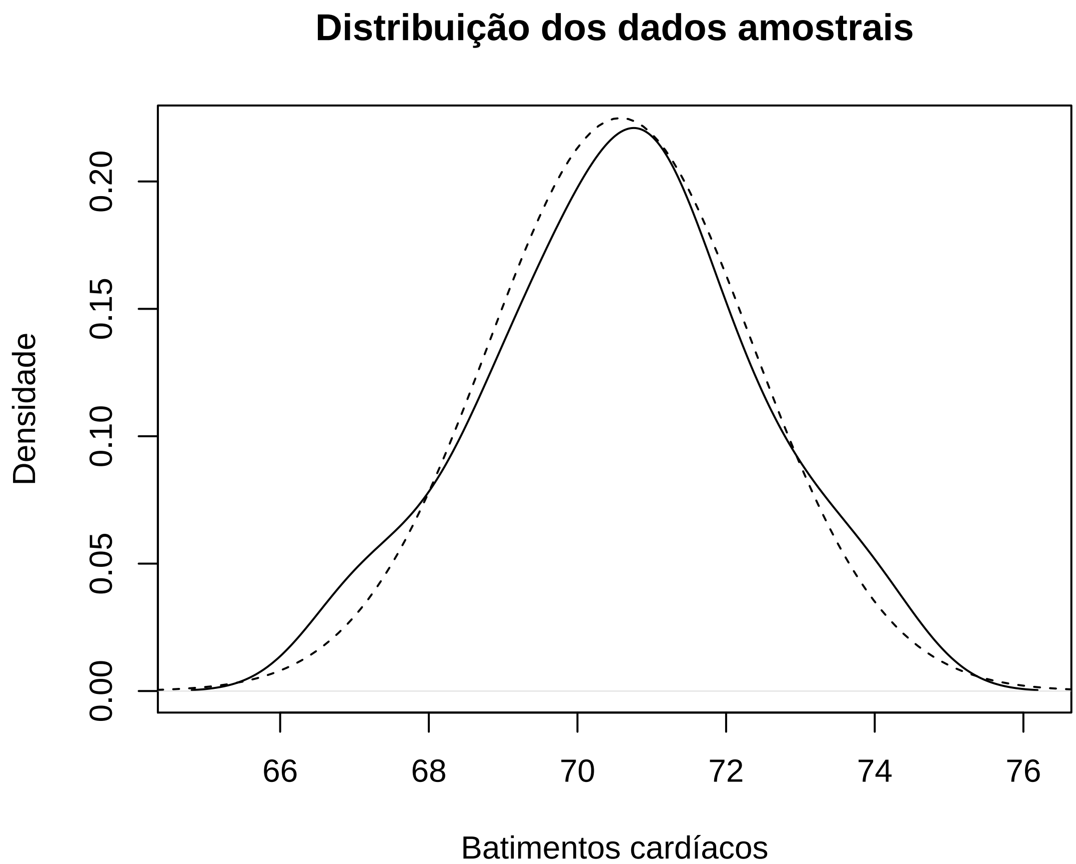
- *Density plot* para ver o formato da distribuição dos dados:

```r
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
```

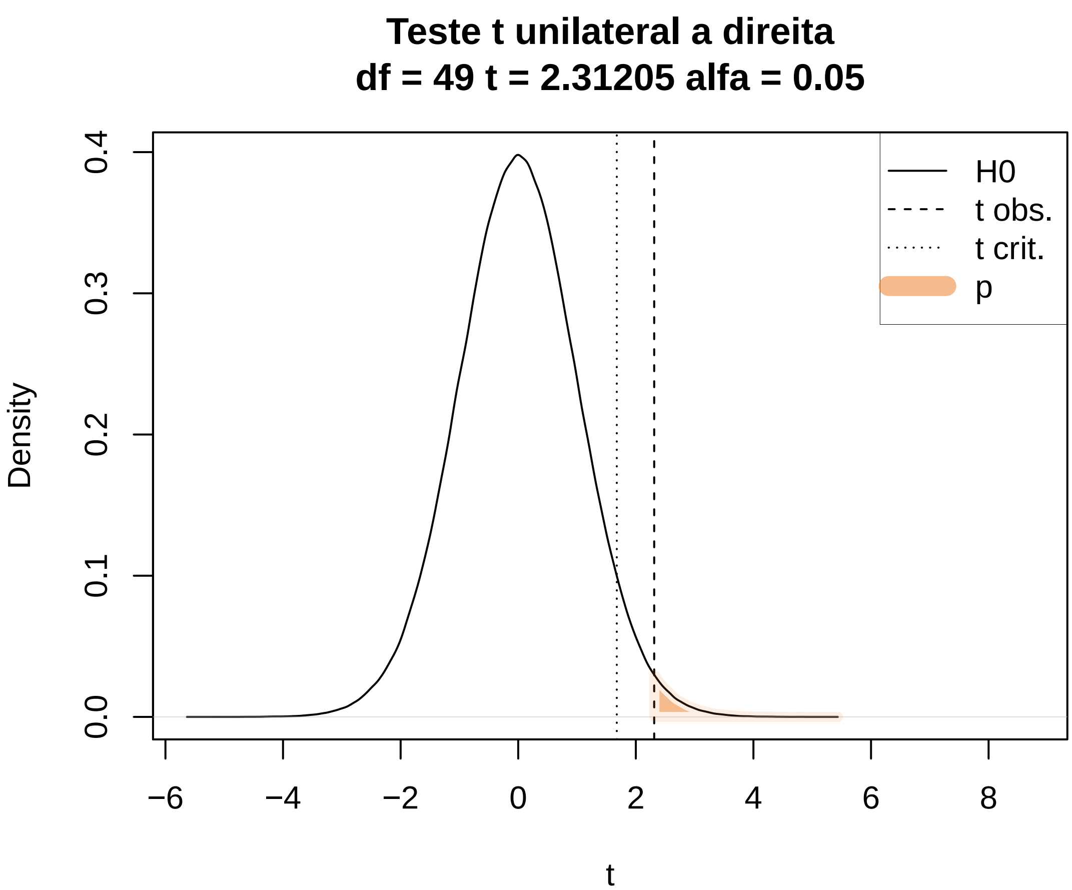
Para a decisão estatística, observe o valor da estatística do teste, guardada em **t_out$statistic**=2.3120489 e o valor-$p$ associado em **t_out$p.value**=0.0125097.

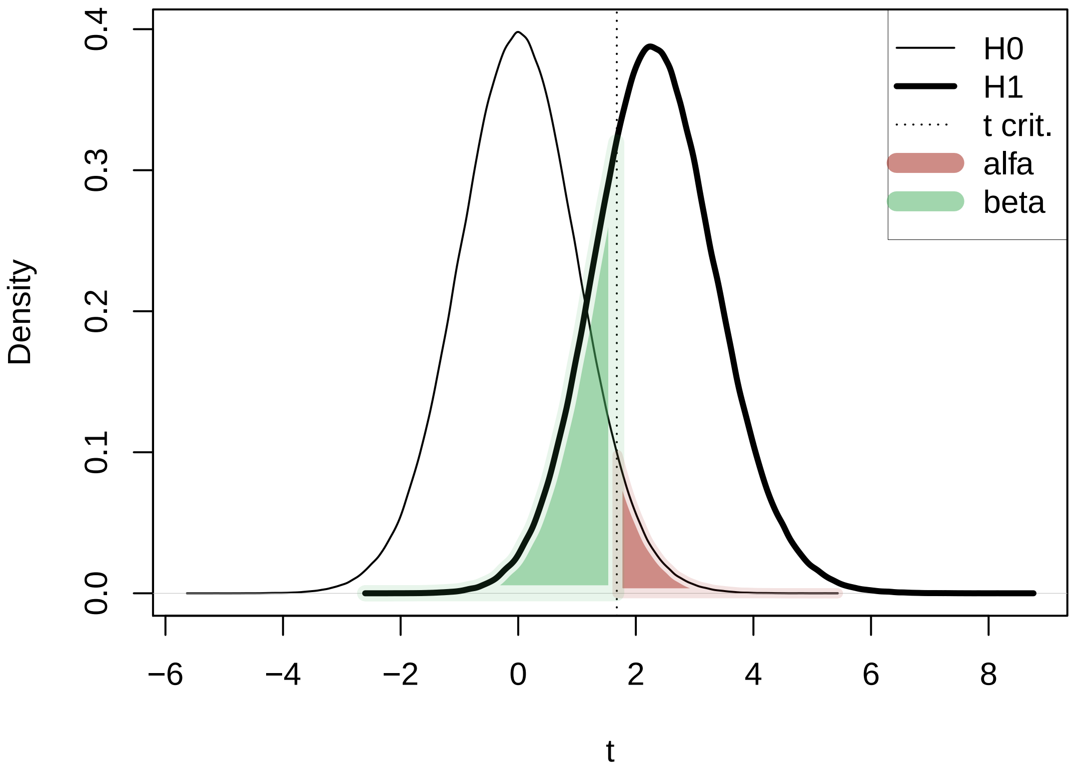
Para $\alpha = 0.05$, rejeita-se $H_0$ e, portanto, o uso de nifedipina está associada ao aumento da frequência cardíaca neste estudo.

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 $\alpha$ 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 

Referencial teorico:

    valor-p = 0.01250973

    d de Cohen = 0.3269731 (Pequeno)
```

```
sob H0: distribuicao t com media = 0 e d.p. = 1.021055
```

```
sob H1: distribuicao t com media = 2.348206 e d.p. = 1.049534
```

Note que:

- o valor $\beta$ e seu complemento, o poder do teste $(1 - \beta)$ nestes gráficos foram computados 'a posteriori' e, portanto, são inúteis 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 $\alpha$; 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 $\infty$) 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:

```r
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
```

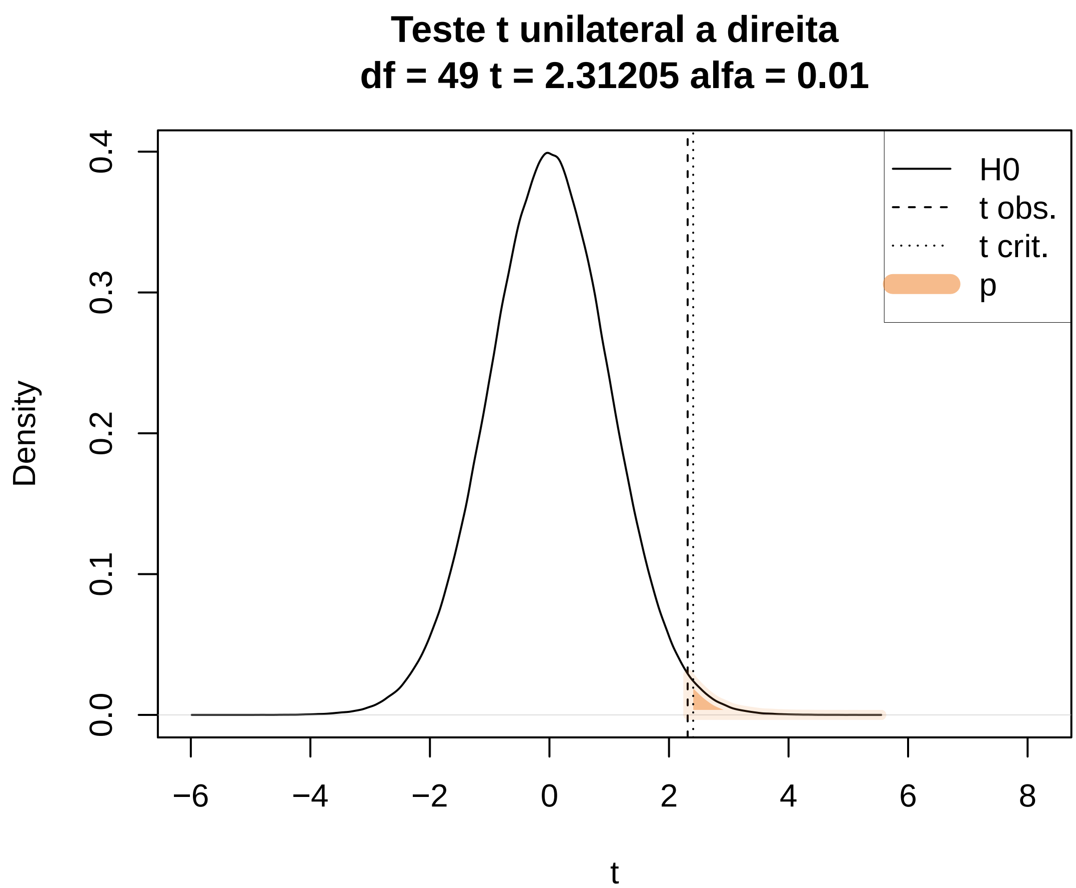
O valor populacional ($\mu = 70$ *bpm*) agora está dentro do intervalo, levando à não rejeição de $H_0$.

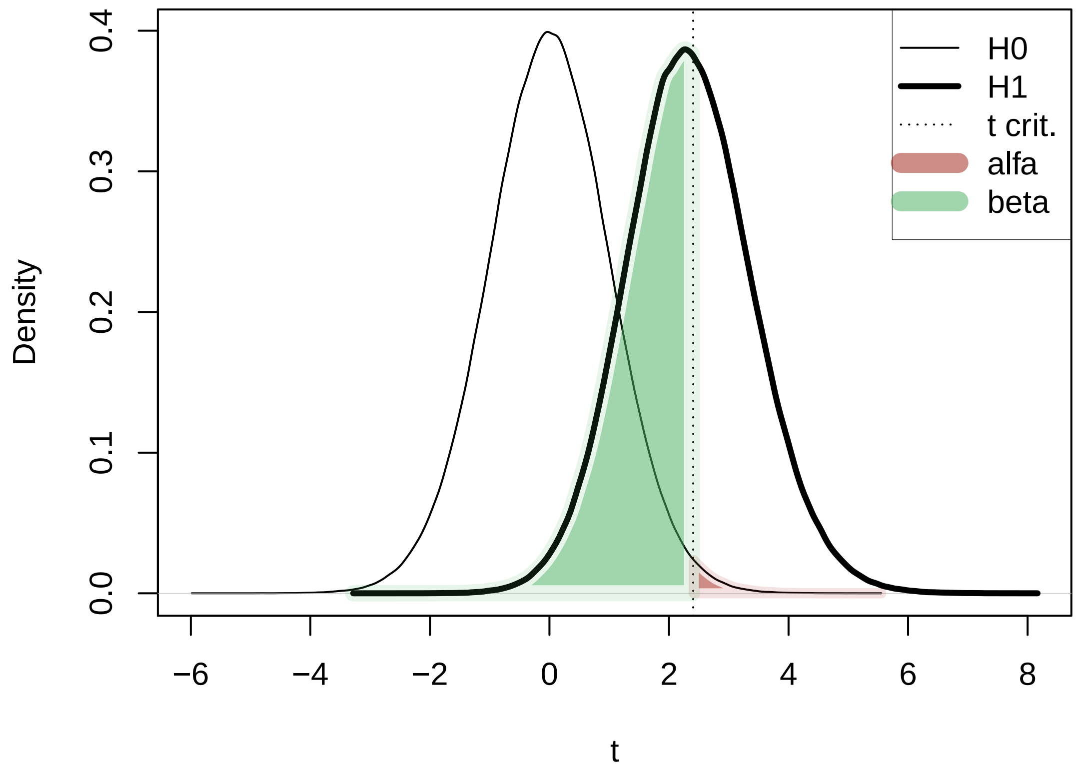
---

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 

Referencial teorico:

    valor-p = 0.01250973

    d de Cohen = 0.3269731 (Pequeno)
```

```
sob H0: distribuicao t com media = 0 e d.p. = 1.021055

sob H1: distribuicao t com media = 2.348206 e d.p. = 1.049534
```

## 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:

| | | "A VERDADE" | |
|---|---|---|---|
| | | $H_0$ é Verdadeira | $H_0$ é Falsa |
| Decisão | Aceitar $H_0$ | Decisão Correta | Erro Tipo II ($\beta$) |
| | Rejeitar $H_0$ | Erro tipo I ($\alpha$) | Decisão Correta |

que são:

- $\alpha$, a probabilidade de erro do tipo I, rejeitar $H_0$ quando não há efeito,
- $\beta$, a probabilidade de erro do tipo II, não rejeitar $H_0$ quando há efeito (mas o valor de $\beta$ precisa ser estabelecido *a priori* para ter valor no momento da decisão sobre o 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 ($\alpha$) 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 $H_0$.

## $t$ pareado (duas condições dependentes)

Também chamado de teste $t$ relacionado, aplica-se tipicamente às situações em que o mesmo indivíduo (ou a mesma unidade experimental) tem uma variável quantitativa medida em dois momentos ou duas condições experimentais.

### -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 um 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.

---

- Este é um delineamento entreparticipantes ou intraparticipantes? **intraparticipantes**
- Que tipo de variável a professora Yob mediu: 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 (NPE)**
- Este é um teste unilateral ou bilateral? **unilateral**
- 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? $\alpha = 0.05$

---

## - coleta dos dados

Ela acompanha um grupo de 12 fãs adolescentes agressivos e grosseiros do clube e registra o número de vezes que cada um é preso ou expulso do estádio.

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

Os dados estão disponíveis na planilha Excel *Violencia_estadios.xlsx*:

```
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
```

Abra a planilha para verificar como os dados foram guardados e como aparecem ao serem lidos. Note que *read_excel()* lê a aba "dependente" da planilha, na qual cada linha tem as observações de um indivíduo, feitas nas duas condições experimentais.

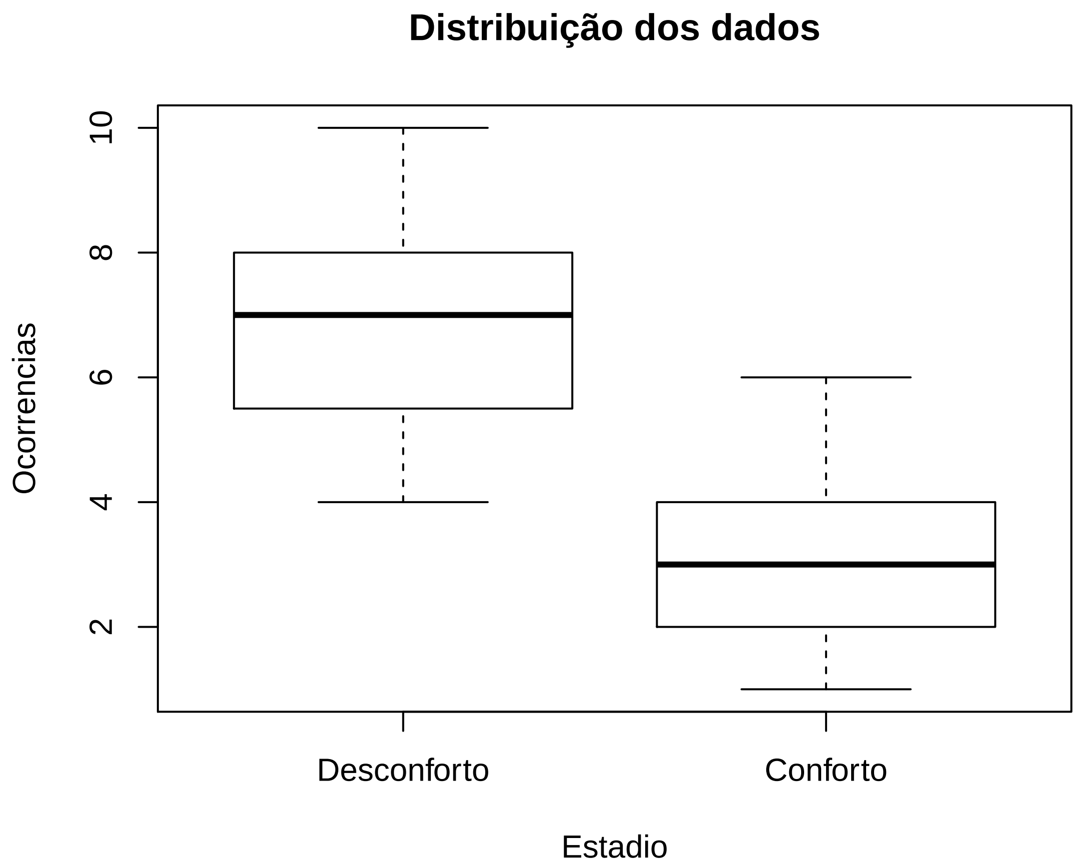
## - estatística descritiva

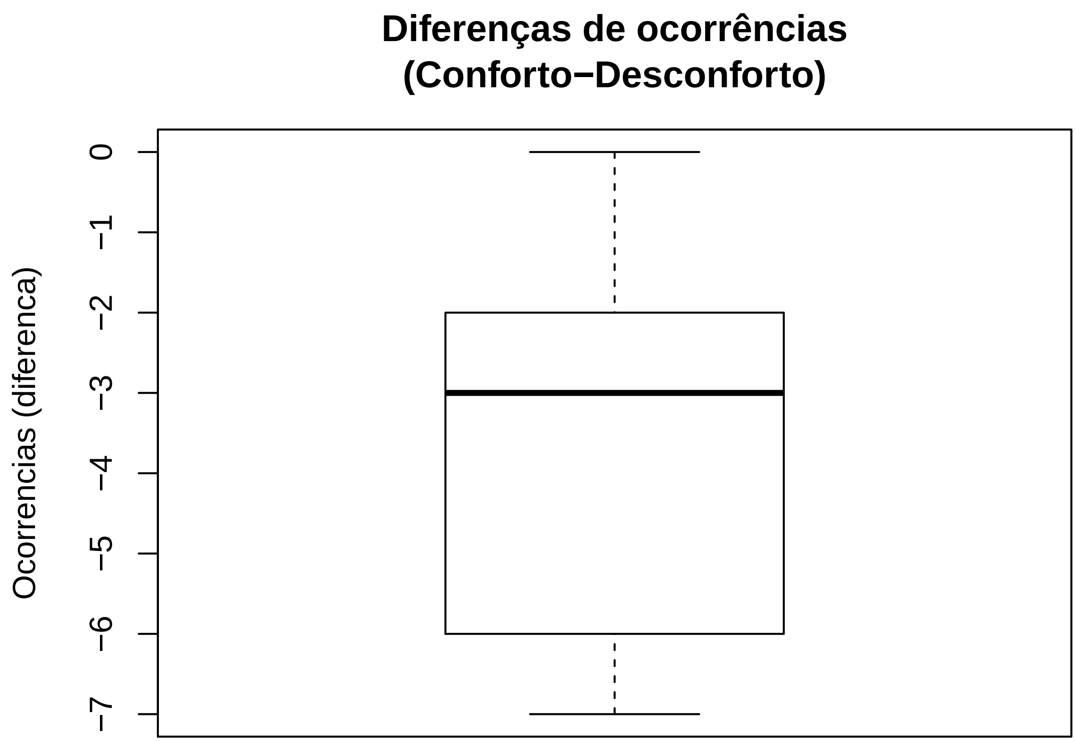
Exibe a estatística descritiva:

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

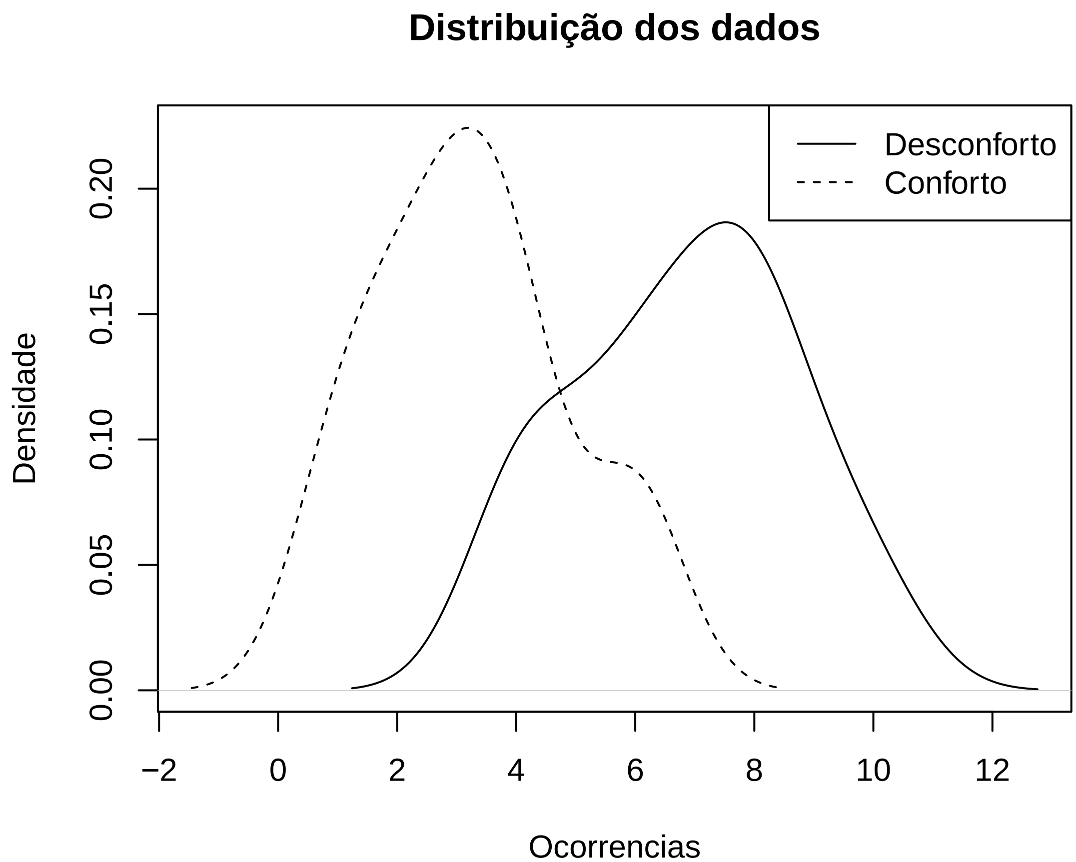
```
Esquema de 5 estatísticas de Tukey & média


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
```

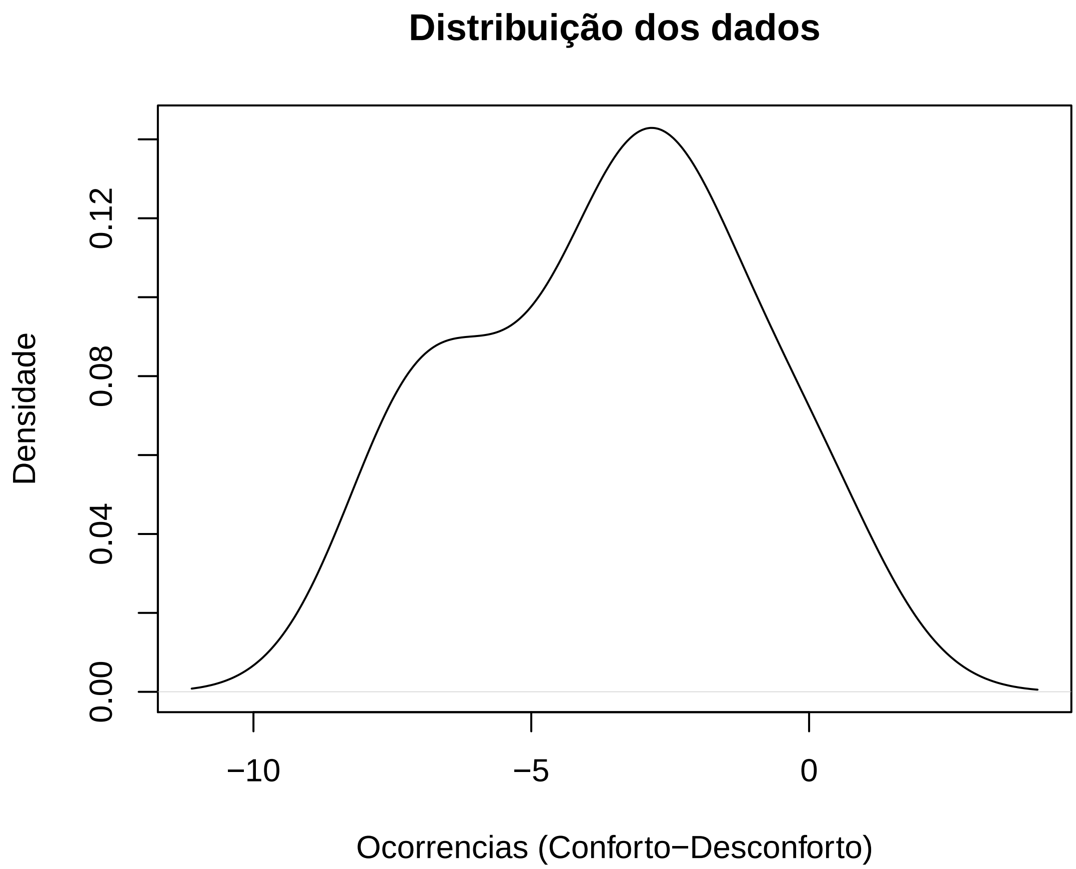
Gera alguns gráficos para estatística descritiva (abra o código R para ver como os gráficos foram gerados):


Distribuição dos dados
Ocorrencias
10
8
6
4
2
Desconforto
Conforto
Estadio



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

Faz testes de estatística inferencial:

```
corr_test <- cor.test(Dtfrm$Desconforto,Dtfrm$Conforto)
cat("\nCoeficiente de correlacao de Pearson\n")
print (corr_test)
```

```

Coeficiente de correlacao de Pearson


    Pearson's product-moment correlation

data:  Dtfrm$Desconforto and Dtfrm$Conforto
t = 0.04565, df = 10, p-value = 0.9645
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.5641406  0.5835022
sample estimates:
       cor
0.01443426
```

mostrando que os comportamentos do mesmo indivíduo em cada uma das condições experimentais não estão associados.

```
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.

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. Cambrige
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)
```

A tabela implementada no *RScript* para a intensidade do efeito calculado por eta^2 ($\eta^2$) é:

Table 2.1 *Cohen's effect size benchmarks*

| Test | Relevant effect size | Effect size classes: Small | Medium | Large |
|---|---|---|---|---|
| Comparison of independent means | $d$, $\Delta$, 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 | $w$, $\varphi$, $V$, $C$ | .10 | .30 | .50 |
| ANOVA | Cohen's $f = \sqrt{\eta^2/(1-\eta^2)}$ | .10 | .25 | .40 |
| | $\eta^2$ | $\boxed{.01}$ | $\boxed{.06}$ | $\boxed{.14}$ |
| 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 $\eta^2$ (pp. 285–287), $R^2$ and $f^2$ (pp. 413–414).

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

## 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.

## - coleta dos dados

Desenvolvemos *Nutricao.R* para as análises descritiva e inferencial. Abaixo destacamos seus techos principais. Neste *RScript* aproveitamos funções de alguns pacotes (verifique se estão instalados em seu computador)

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

```
Loading required package: carData
```

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

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

```
library(rcompanion)
```

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:

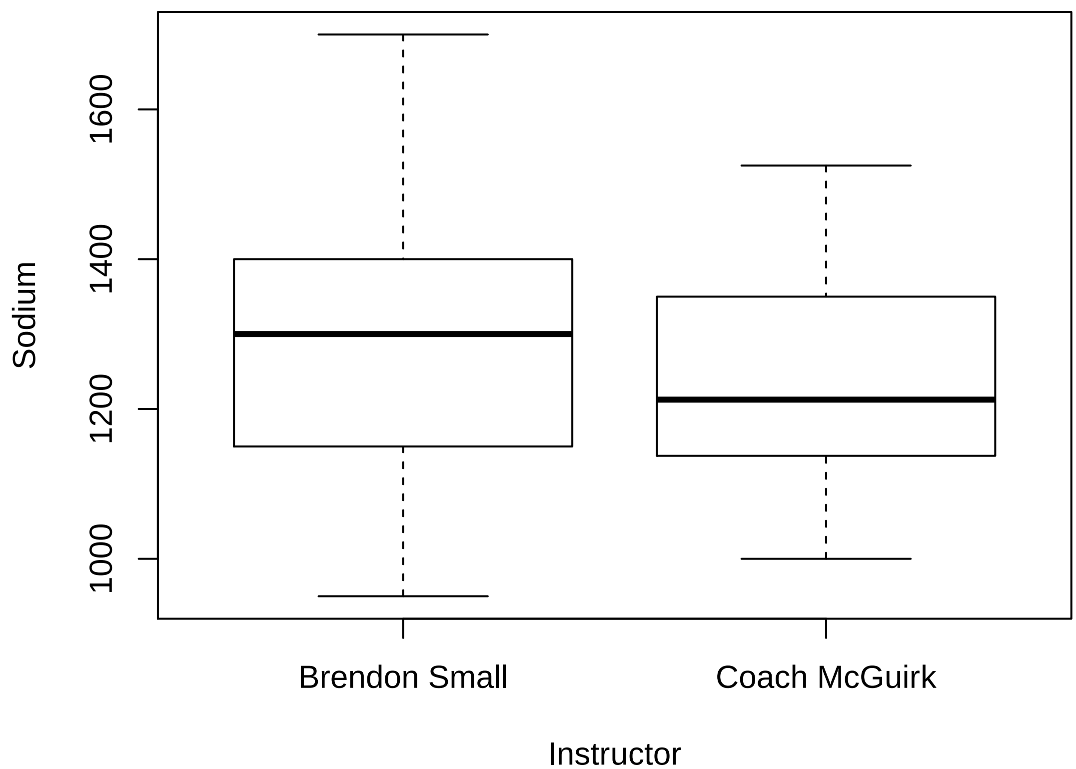
```r
res_sodiumbyinstructor <- summary.data.frame(Dtfrm, digits=2)
print (res_sodiumbyinstructor)
```

```
          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*:

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



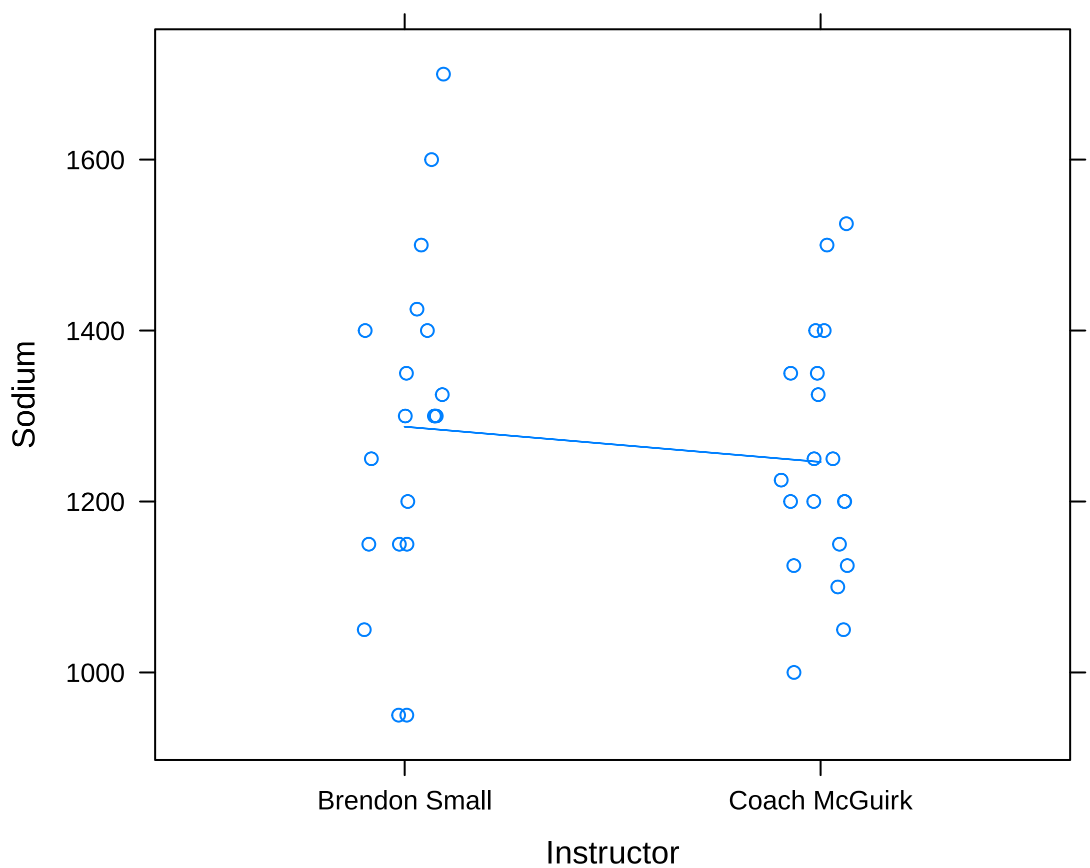

```r
print(grf)
```

```
$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"
```

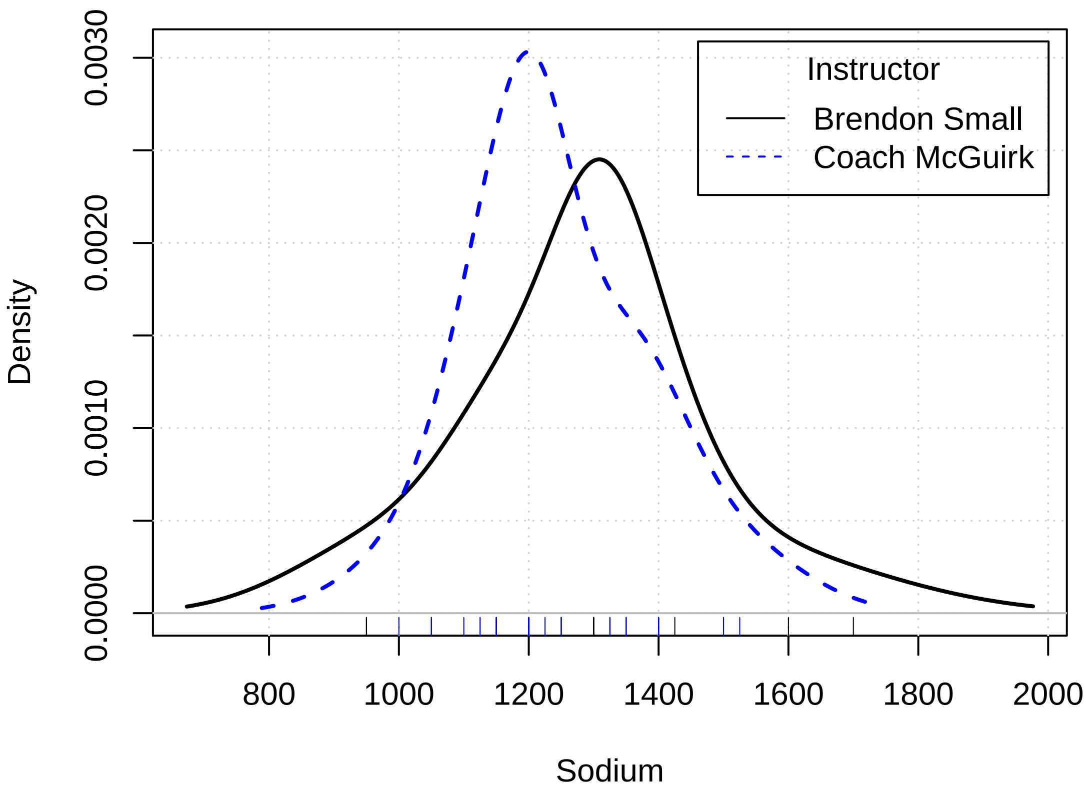
- *xyplot()* do pacote *lattice*:

```
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)
```



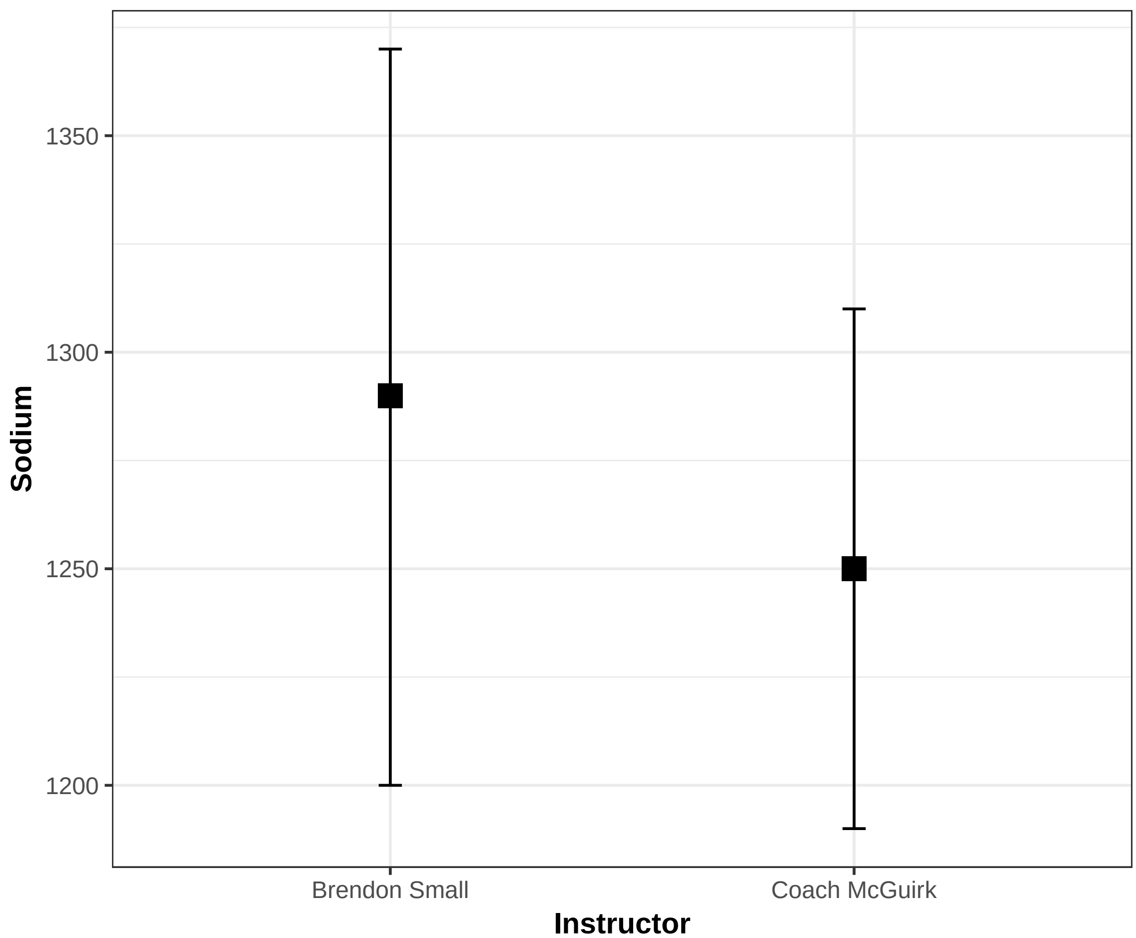

```
print(grf)
```

```
$`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
```

e construímos os gráficos:

```
# 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)
```

```
cat("\nReferencial teorico:\n")
cat("\tvalor-p =",t_out$p.value,"\n")
cat("sob H0: distribuicao t com media = ",mediaH0," e d.p. = ",dpH0,"\n",sep="")
cat("sob H1: distribuicao t com media = ",mediaH1," e d.p. = ",dpH1,"\n",sep="")
cat("\n")
```

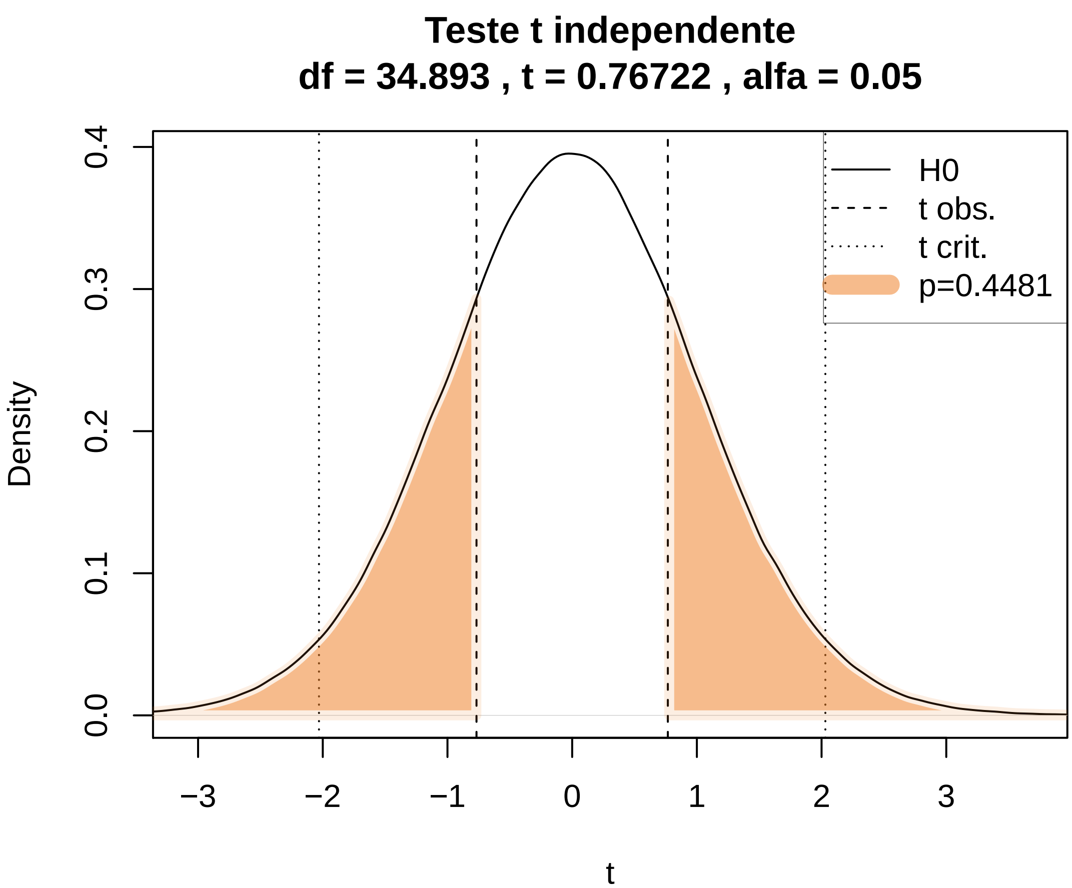
```
Referencial teorico:

    valor-p = 0.4481092

sob H0: distribuicao t com media = 0 e d.p. = 1.029953

sob H1: distribuicao t com media = 0.6016735 e d.p. = 1.032641
```

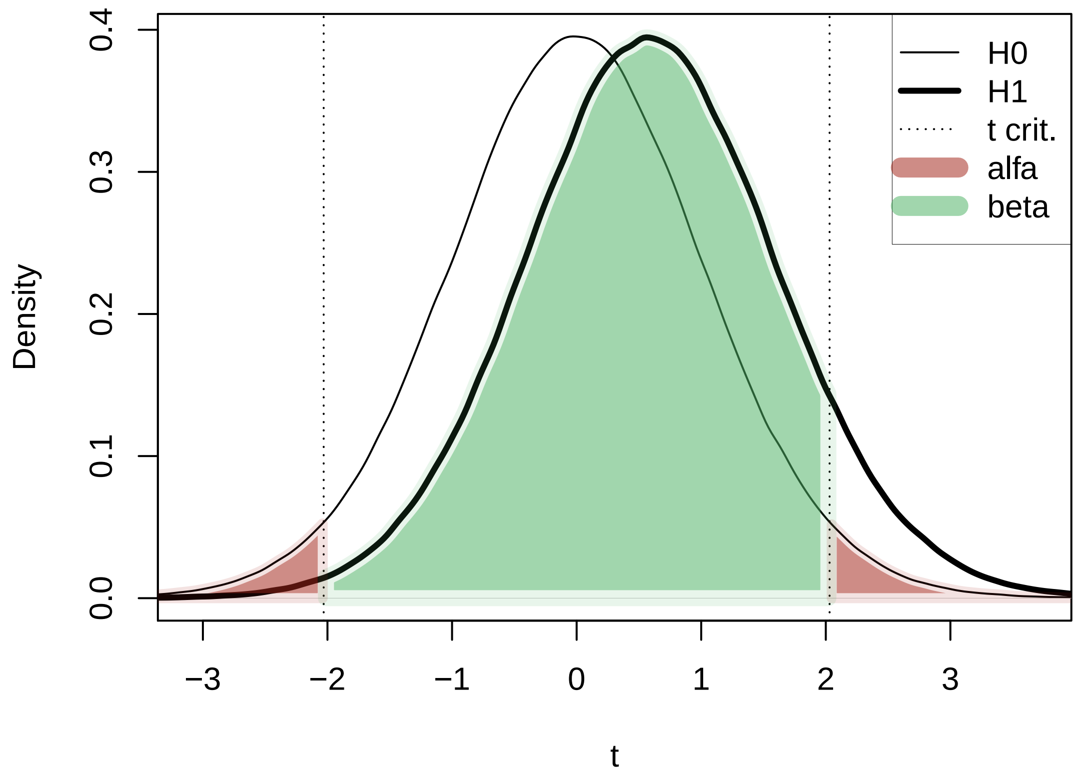
e construímos os gráficos:

```
# graficos
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
    )
```

```r
}
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)
  # 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)
  {
    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")
  }
}
```






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.

---

Existe um outro teste $t$ feito por *bootstrapping* (do package *MKinfer*):

```
library(MKinfer)
```

```
Attaching package: 'MKinfer'

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

    quantileCI
```

```
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 = 0.4479
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
```

A novidade são as primeiras linhas. O que aparece após "Results without bootstrap" é o teste de Welch visto acima.

---

**significância prática**

Calculamos os tamanhos de efeito:

```
# Elis P (2010) The essential guide to effect sizes. Cambrige
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:

```r
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 $t$ de Welch ( independentes) ou testes $t$ relacionados (pareados), quando os dados brutos não estão disponíveis, criamos os seguintes scripts:

- TestetWelchBilateral_SemDadosBrutos.R
- TestetWelchUnilatDir_SemDadosBrutos.R
- TestetWelchUnilatEsq_SemDadosBrutos.R
- TestetRelacionadoBilateral_SemDadosBrutos.R
- TestetRelacionadoUnilateralDireita_SemDadosBrutos.R
- TestetRelacionadoUnilateralEsquerda_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 $t$ e um cálculo de d de Cohen (requer o package *lsr*) mais adequado à versão robusta do teste $t$ de Welch é:

```r
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 = 0.4497
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)
```

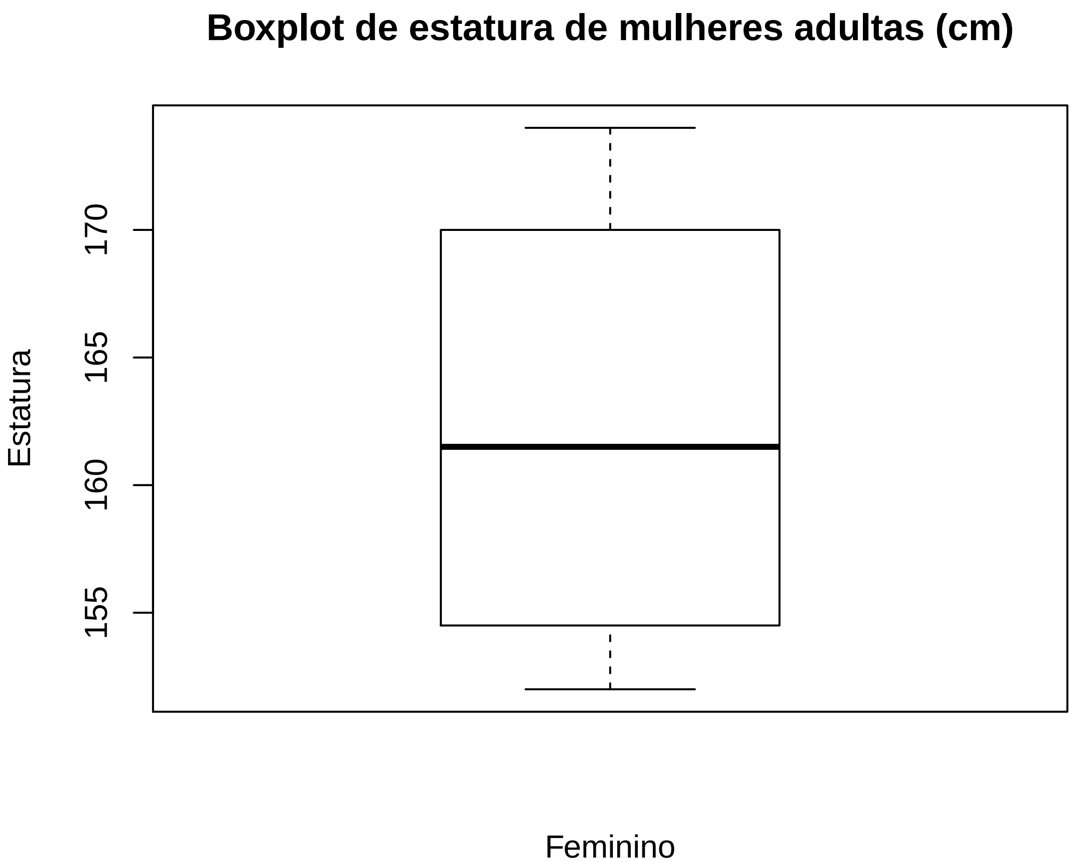
## algumas manobras úteis

### construção de dois *boxplots*, lado a lado

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

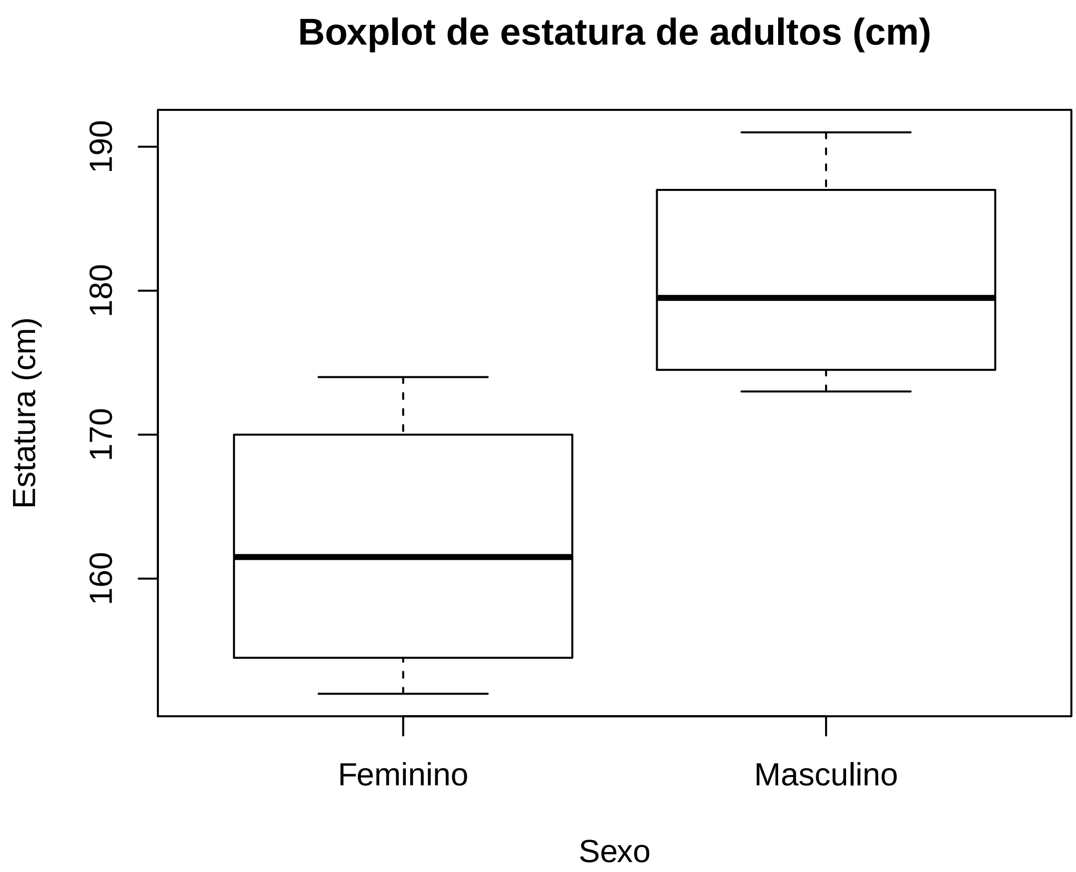
```r
estatm <- c(176,183,173,191) # estatura de 4 homens
estatf <- c(157,152,174,166) # estatura de 4 mulheres
# Criando dois boxplot simples
boxplot(estatm, main="Boxplot de estatura de homens adultos (cm)",
        xlab="Masculino", ylab="Estatura")
```


```r
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 para 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.

**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()
```

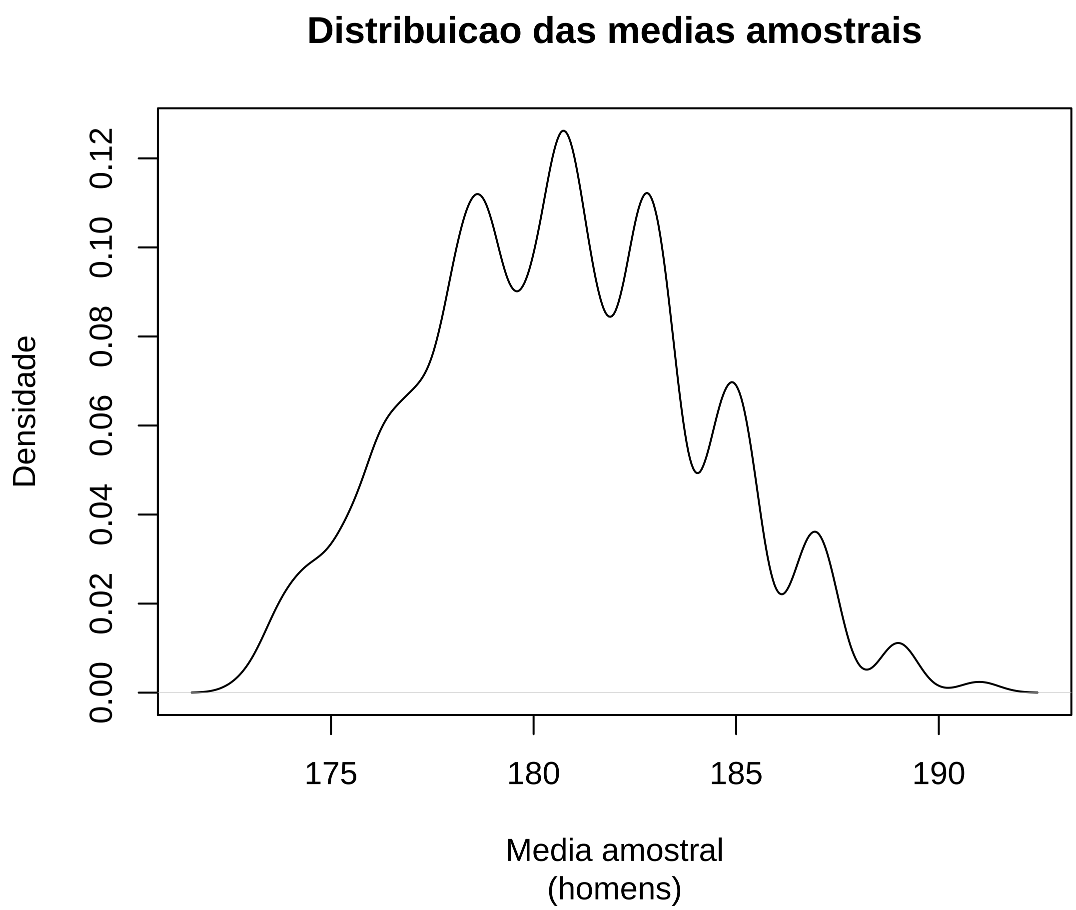
Precisa ser usada duas vezes: a primeira para abrir o arquivo e a segunda para fechá-lo - *sink()*, sem parâmetros - voltando a exibir as saídas na tela.

### 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

```r
knitr::include_graphics("./image/William_Sealy_Gosset.jpg", dpi=80)
```

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*:

```
    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 que muda 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 mis-interpreted 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.