

Objetivos

Preparação

Roteiro

Contingência

Relações entre duas variáveis

Associação

Exemplos

A hipótese nula

Riscos relativos

Dois códigos úteis, com vários dos elementos apresentados neste texto

Comentários sobre os métodos tradicionais

Métodos avançados

# Análise de Tabelas de contingência

Paulo S. P Silveira ([paulo.silveira@fm.usp.br](mailto:paulo.silveira@fm.usp.br) (<mailto:paulo.silveira@fm.usp.br>))

José O. Siqueira ([jose.siqueira@fm.usp.br](mailto:jose.siqueira@fm.usp.br) (<mailto:jose.siqueira@fm.usp.br>))

v20200426.2342

## Objetivos

- Identificar e sumarizar dados categóricos em tabela de contingência.
- Identificar distribuição amostral  $\chi^2$  (qui-quadrado).
- Formular hipótese estatística na análise de dados categóricos.
- Definir e determinar frequências observada e esperada.
- Identificar, aplicar e interpretar os testes de aderência.
- Identificar e formular análise de variáveis categóricas em tabela de contingência  $l \times c$  (números de linhas versus de colunas).
- Analisar tabelas de contingência com variáveis ordinais.
- Analisar de tabelas “tridimensionais”  $l \times c \times k$ , com a inclusão de variável de estratificação.
- Realizar os procedimentos estatísticos em R.

## Preparação

Para executar os exemplos aqui apresentados, sugerimos que crie um projeto e baixe os seguintes arquivos para a pasta do mesmo:

- `tabelacontingencia2x2_capacetetrauma.R` (`tabelacontingencia2x2_capacetetrauma.R`)

- Qui2.R (Qui2.R)
- Qui2\_LxC.R (Qui2\_LxC.R)
- friendlycolor.R (friendlycolor.R)
- TesteQuiQuadradoAderencia\_Chocolate.R (TesteQuiQuadradoAderencia\_Chocolate.R)
- chocolate.xlsx (chocolate.xlsx)
- eiras.quiaderencia.R (eiras.quiaderencia.R)
- TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R (TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R)
- flores.xlsx (flores.xlsx)
- TabelaContingencia2x2\_TabagismoEtilismo.R (TabelaContingencia2x2\_TabagismoEtilismo.R)
- tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx (tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx)
- tabagismo\_e\_etilismo\_2x2\_v2.xlsx (tabagismo\_e\_etilismo\_2x2\_v2.xlsx)
- TCrXc\_StatusOcupacional.R (TCrXc\_StatusOcupacional.R)
- Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage.R (Teste%20qui-quadrado%20de%20Cochran-Armitage.R)
- menarca.xlsx (menarca.xlsx)
- Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage generalizado.R (Teste%20qui-quadrado%20de%20Cochran-Armitage%20generalizado.R)
- Teste Qui-quadrado de Mantel-Haenszel.R (Teste%20Qui-quadrado%20de%20Mantel-Haenszel.R)
- fumo\_e\_faixaetaria.xlsx (fumo\_e\_faixaetaria.xlsx)

# Roteiro

Há diversas funções e procedimentos envolvidos neste texto. Como roteiro orientador, verifique:

## Delineamento entre participantes

teste de independência / dissociação

- Tabela unidimensional
  - Uma variável nominal:
    - Teste de aderência: chisq.test
- Tabela bidimensional
  - Duas variáveis nominais dicotômicas
    - Teste qui-quadrado de Pearson: chisq.test
    - Teste exato de Fisher de OR bruto: fisher.test
    - Teste qui-quadrado mínimo
  - Uma variável nominal dicotômica e uma ordinal
    - Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage (trend): - -
   
DescTools::CochranArmitageTest
  - Uma variável nominal politômica e uma ordinal
    - Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage generalizado: coin::chisq\_test
  - Duas variáveis ordinais
    - Teste qui-quadrado de Mantel-Haenszel: DescTools::MHChisqTest
- Tabela tridimensional
  - Duas variáveis nominais dicotômicas e uma variável de estratificação nominal politômica
    - Teste de Mantel-Haenszel de OR comum: stats::mantelhaen.test
  - Duas variáveis nominais politômicas e uma variável de estratificação nominal politômica
    - Teste de Mantel-Haenszel de OR comum generalizado: coin::cmh\_test
  - Duas variáveis ordinais e uma variável de estratificação nominal politômica

- Teste qui-quadrado ordinal estratificado (linear-by-linear association model):  
coin::lbl\_test

### Delineamento intraparticipantes

teste de concordância entre dois métodos de avaliação

- Tabela bidimensional
  - Duas variáveis nominais dicotômicas
    - Teste de McNemar: mcnemar.test, coin::mh\_test
    - Teste kappa de Cohen: epiR::epi.kappa

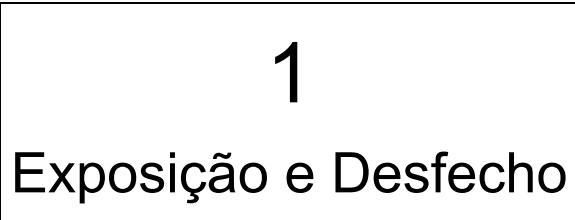
## Contingência

Em sentido geral, contingência pode significar qualquer relação de dependência entre eventos ambientais ou entre eventos comportamentais e ambientais (Catania, 1993; Skinner, 1953, 1969; Todorov, 1985). Embora possa ser encontrado nos dicionários com diferentes significados, esse termo é empregado, na análise do comportamento, **como termo técnico para enfatizar como a probabilidade de um evento pode ser afetada ou causada por outros eventos** (Catania, 1993, p. 368).

Deisy das Graças de Souza (UFSCar)

[http://www.itcrcampinas.com.br/txt/texto\\_deisy.pdf](http://www.itcrcampinas.com.br/txt/texto_deisy.pdf) ([http://www.itcrcampinas.com.br/txt/texto\\_deisy.pdf](http://www.itcrcampinas.com.br/txt/texto_deisy.pdf))

## Relações entre duas variáveis



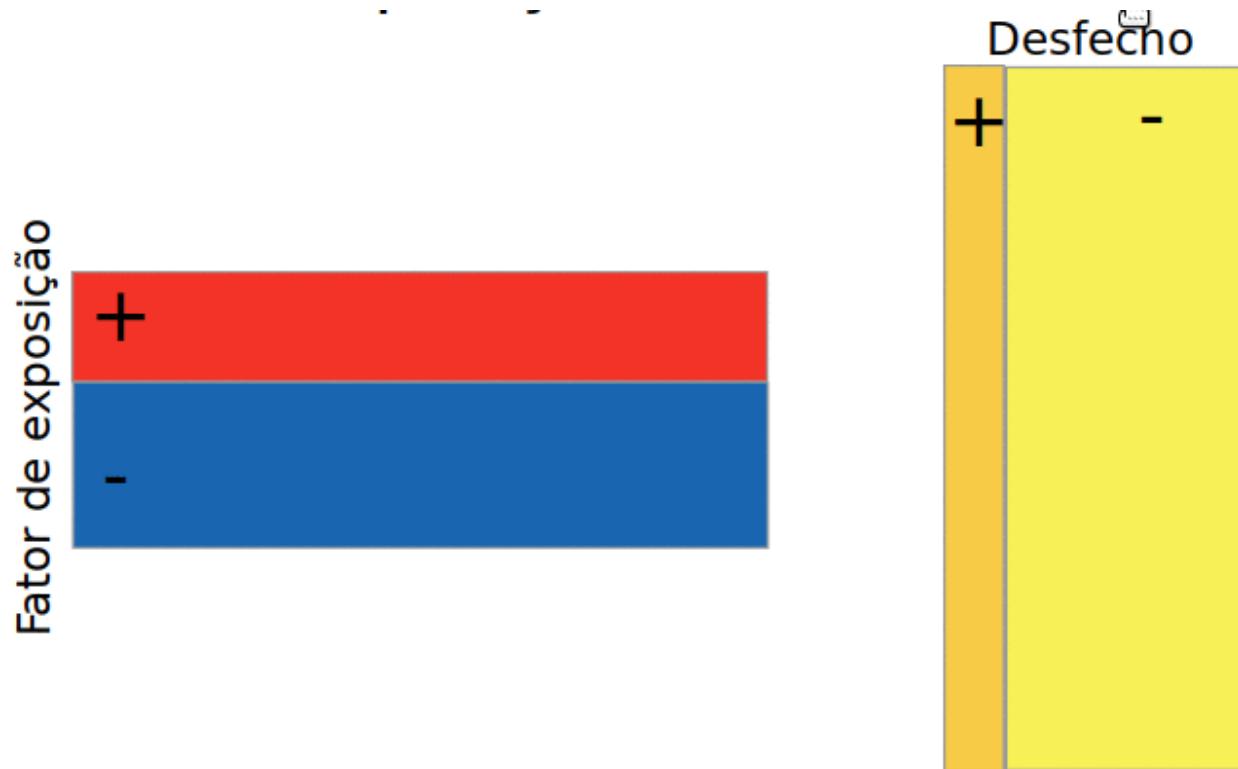
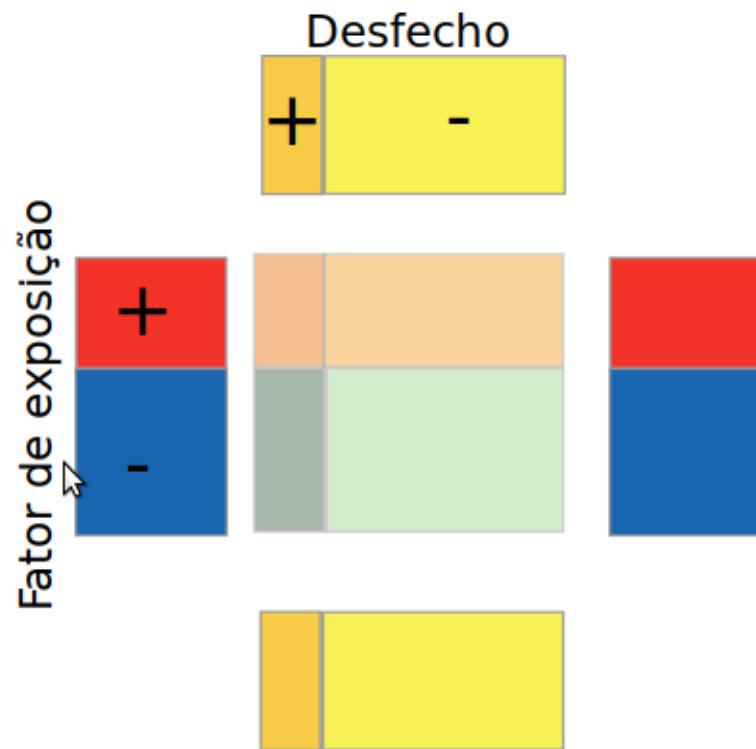


tabela 2x2

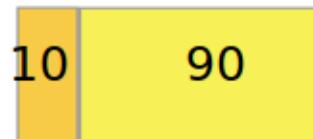


independência

Acordar cedo



Vitamina V	+	3	27	30
	-	7	63	70



100

## concordância

Acordar cedo



$$\begin{array}{r|l} 3 & 27 \\ \hline 7 & 63 \end{array}$$

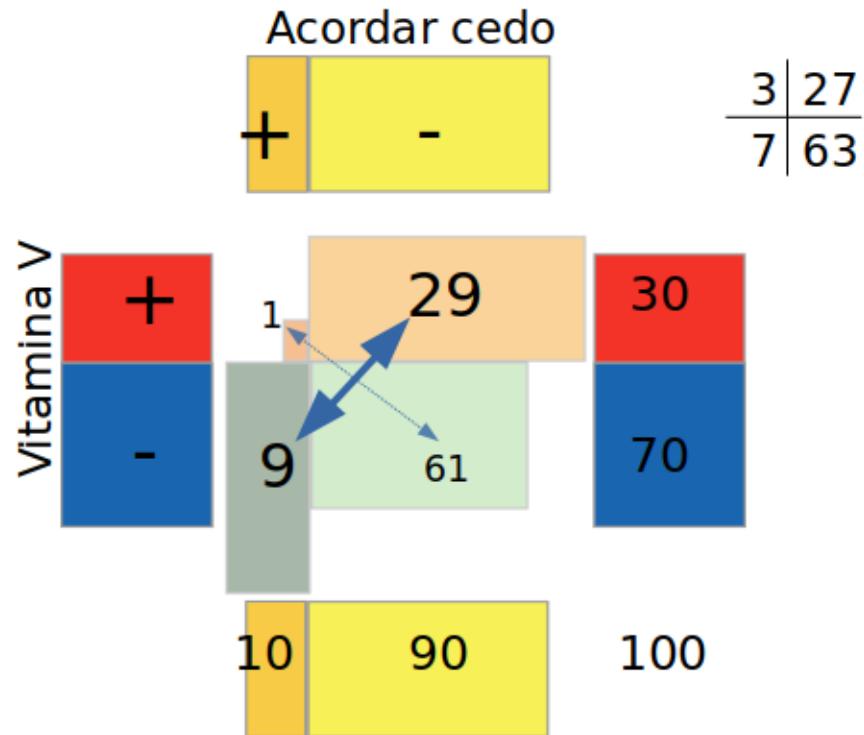
Vitamina V	+	6	24	30
	-	4	66	70



100



## discordância

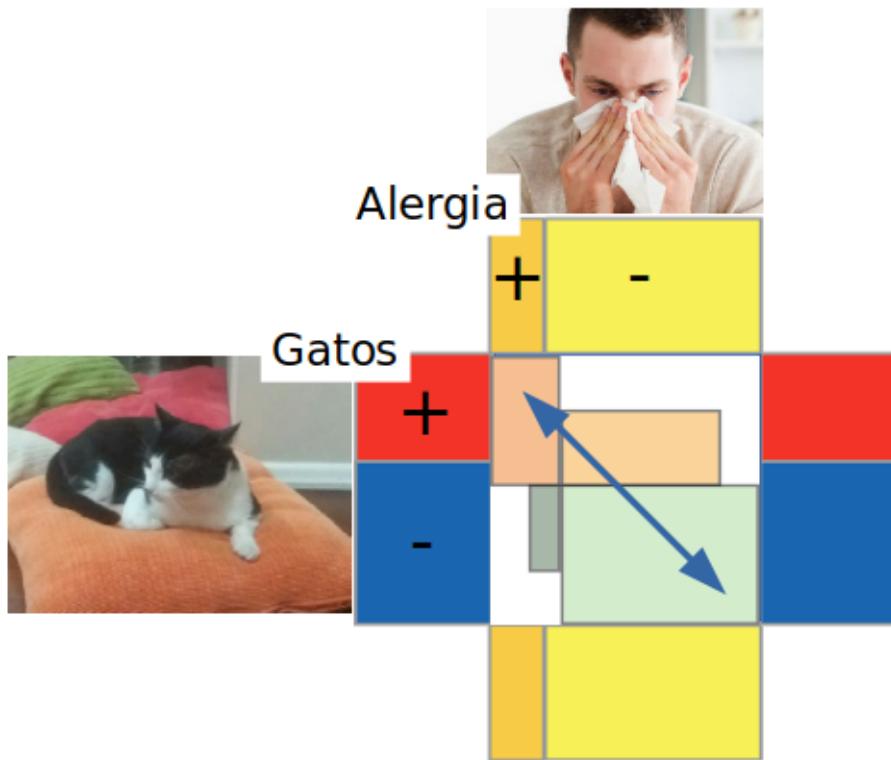


## Associação

2  
Não avalia  
causa e efeito:  
apenas associação.

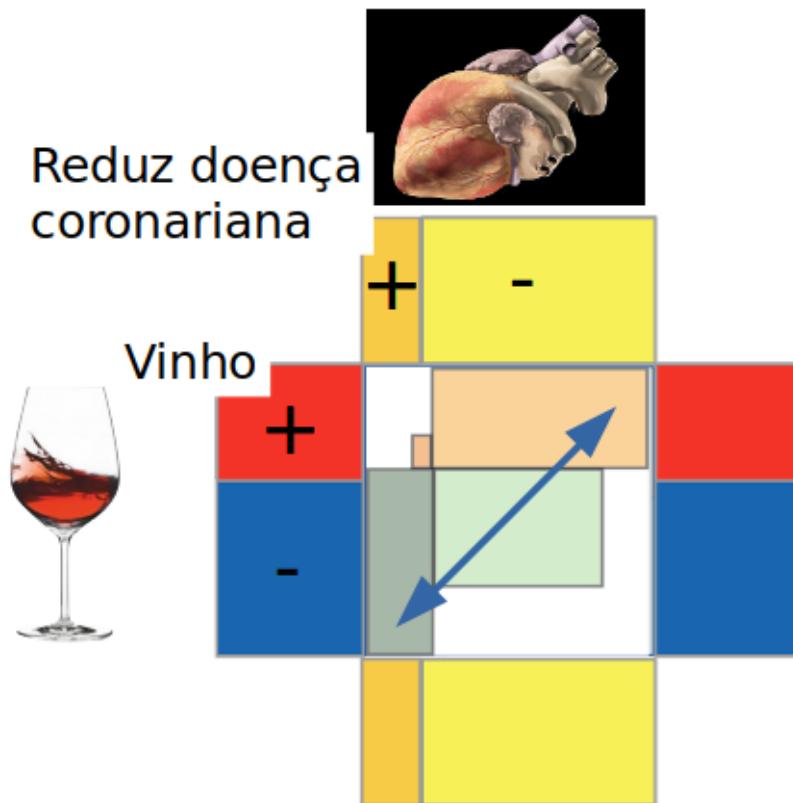
causa e efeito positivo?

## Causa e efeito +?

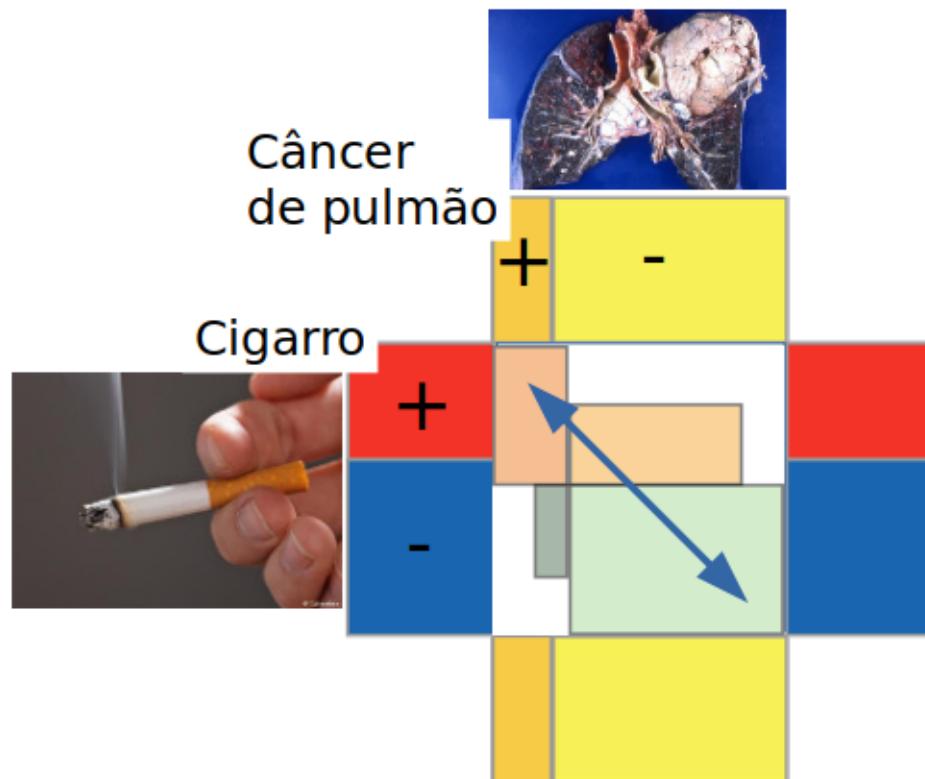


causa e efeito negativo?

## Causa e efeito -?



# causa e efeito positivo?



## Exemplos

Gatos e alergia

## Causa e efeito +?



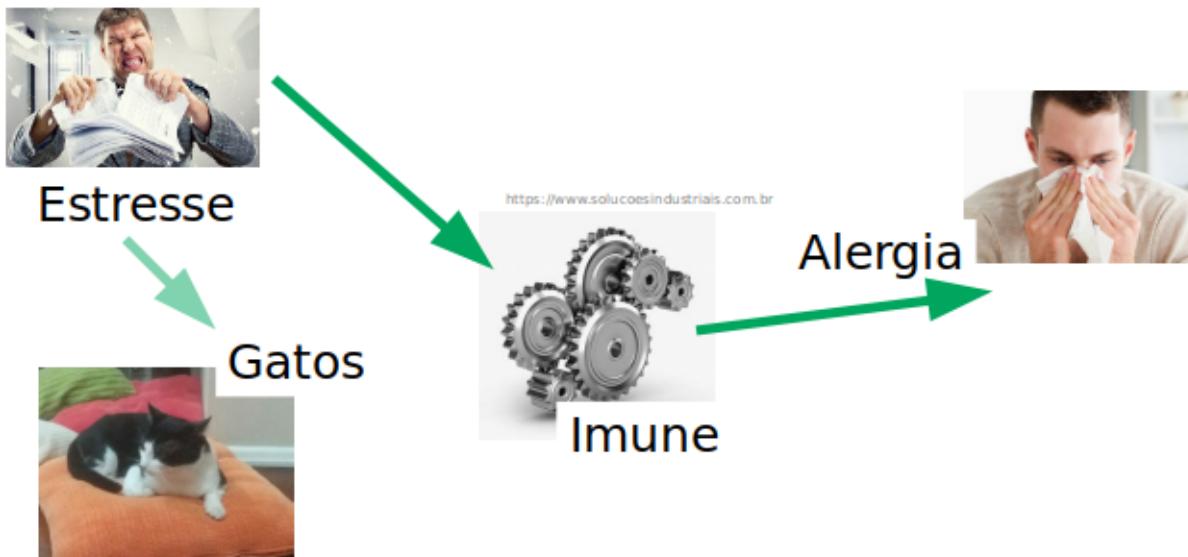
- estresse

## Causa e efeito +?



- mecanismo imune

## Causa e efeito +?



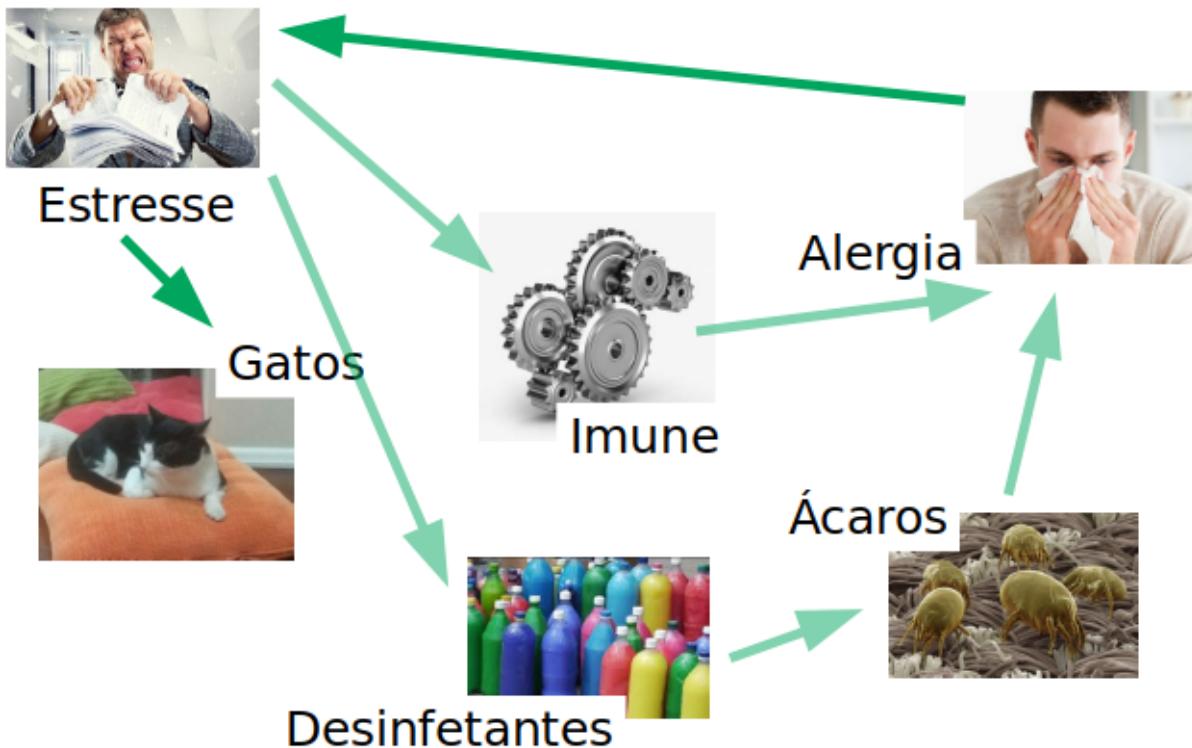
- desinfetantes

# Causa e efeito +?



- alergia e estresse

# Causa e efeito +?

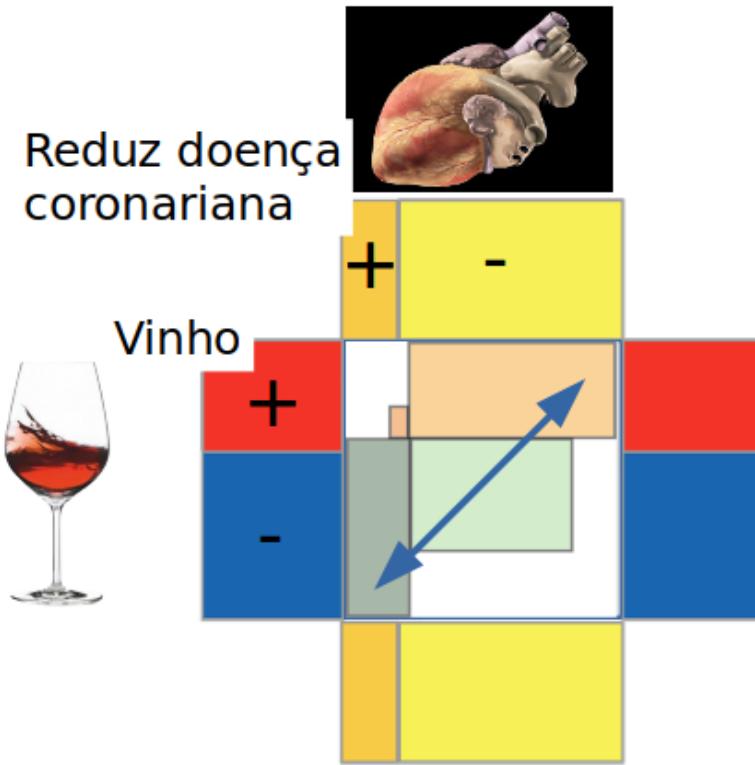


## - alergia e gatos



## Vinho e doença coronariana

# Associação



---

- ambiente inseguro

# Associação

Reduc doença  
coronariana ?



---

- moradia precária

# Associação

Reduc doença  
coronariana ?



---

- má nutrição

# Associação



Reduc doença  
coronariana ?



- boa moradia

# Associação

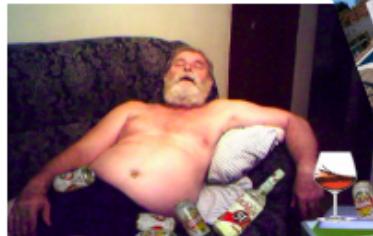
Reduc doença  
coronariana ?



- segurança

# Associação

Reduc doença  
coronariana ?



---

- boa alimentação

# Associação

Reduc doença  
coronariana ?



<https://exame.abril.com.br>

- outros cuidados

# Associação

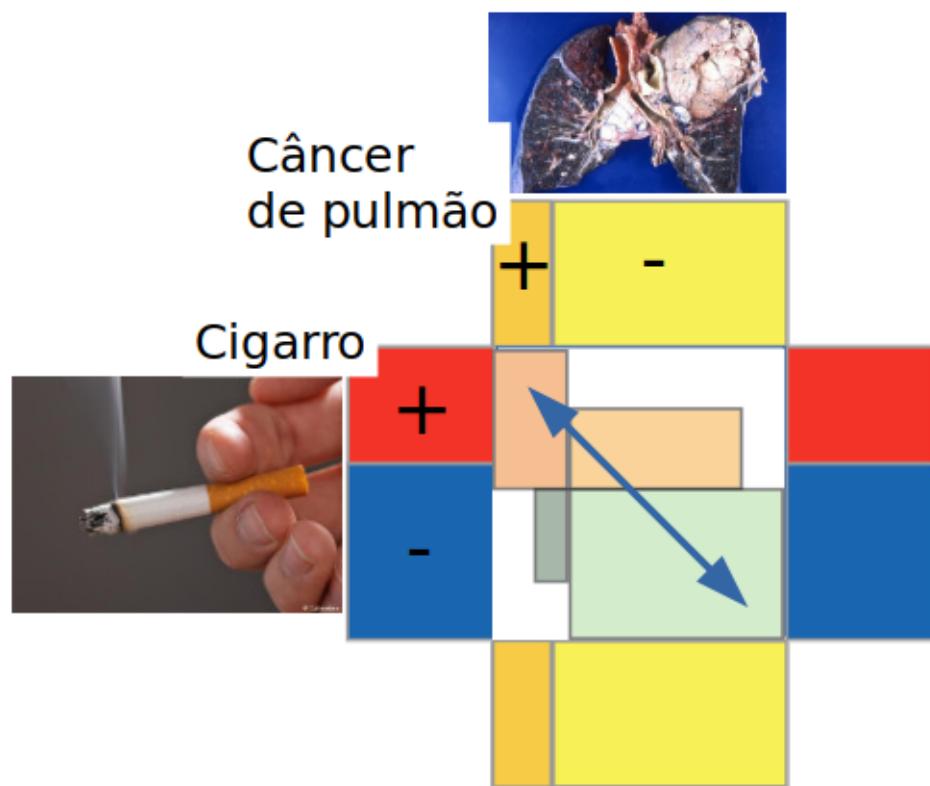


- é o vinho?

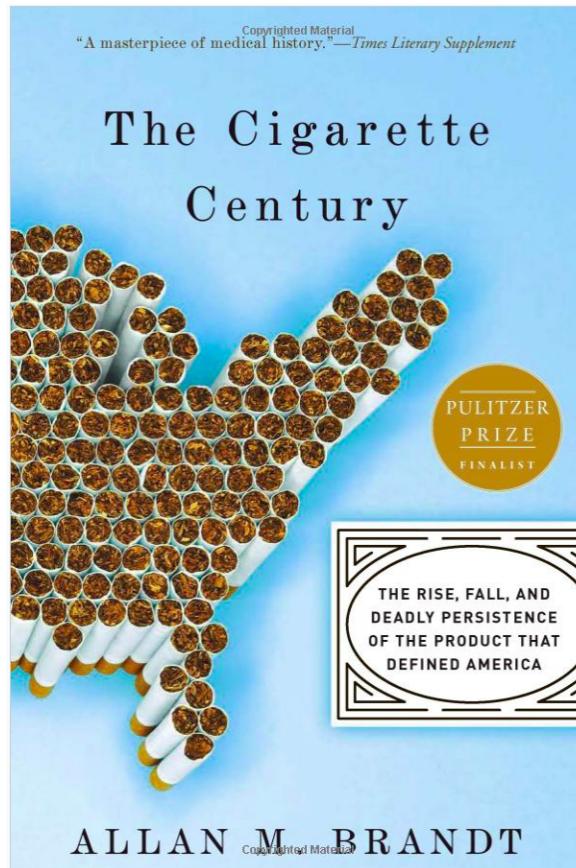
# Associação



## Fumo e Câncer de Pulmão



## - The Cigarette Century



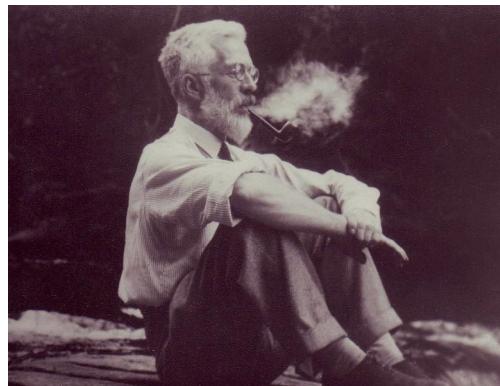
### - How could one attribute lung cancer to cigarette smoking?

"The public impression of scientific and medical **uncertainty** that resulted was a crucial element in maintaining the market of current smokers as well as recruiting new ones. Industry literature, for example, frequently pointed to the fact that **nonsmokers could also develop lung cancer**. Therefore, they argued, **how could one attribute lung cancer to cigarette smoking?**"

### - Medical knowledge is provisional

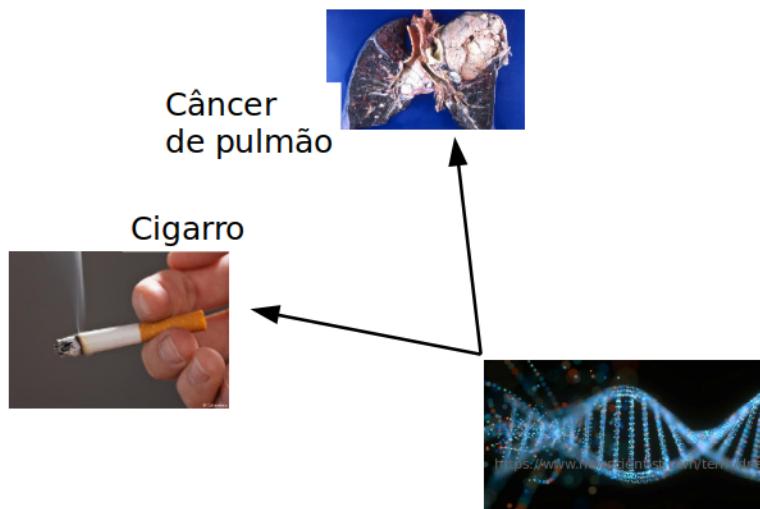
medical knowledge was always provisional and **contingent**. Just as drugs deemed "effective" do not work in every case, so too **a cause of disease does not always result in disease**. As Richard Doll would later explain, the epidemiologists had identified a cause of lung cancer (and other diseases), not the cause.

### - Fisher was against the association between smoking and lung cancer



Another vocal critic of the lung cancer findings was **Sir Ronald Fisher**, the leading biometrician and geneticist in Great Britain during the first half of the twentieth century and a man deeply committed to bringing statistical analysis to genetics and agricultural experimentation. His **1925** book, Statistical Methods for Research Workers, quickly became a classic, leading to academic appointments at University College London and Cambridge University. Fisher's critiques were similar to Berkson's. The ethical impossibility of conducting a randomized experiment led him to question the results of the epidemiological studies. As a **believer in genetic\* notions of cancer causality**, Fisher speculated that there was some constitutional factor that led individuals both to become smokers and to get lung cancer, even though smoking and lung cancer might not be causally related. Doll and Hill repeatedly rebutted this theory, returning to the critical question of how to account for the rise in lung cancers during the twentieth century if the disease was simply "constitutional."

\* **1923:** One of the [A. Bradford] Hill's innovations was the **first randomized, double-blind clinical trial**, designed to reduce investigator bias in the evaluation of clinical outcomes. [...] This method, which drew on Fisher's **agricultural experimentation** in genetics, became a critical new tool for evaluating medical treatments.



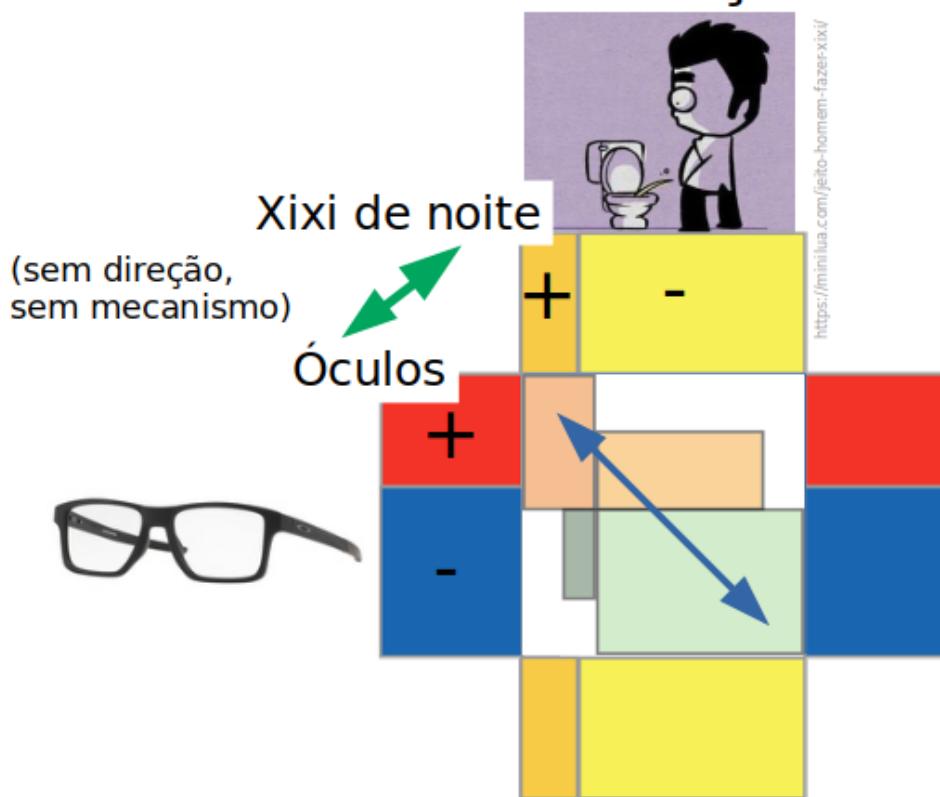
By the **1930s**, the relationship of smoking to cancer was a topic of unresolved debate. It was the **life insurance industry**, which like the tobacco corporations grew by leaps and bounds in the first half of the twentieth century, that **took the lead in understanding the effects of smoking on health**.

By the early **1950s**, however, it was abundantly clear that the evidence implicating cigarette smoking as a risk to health was now of a different order. First, the link between smoking and disease was **categorical**, outside the realm of individual clinical judgment.

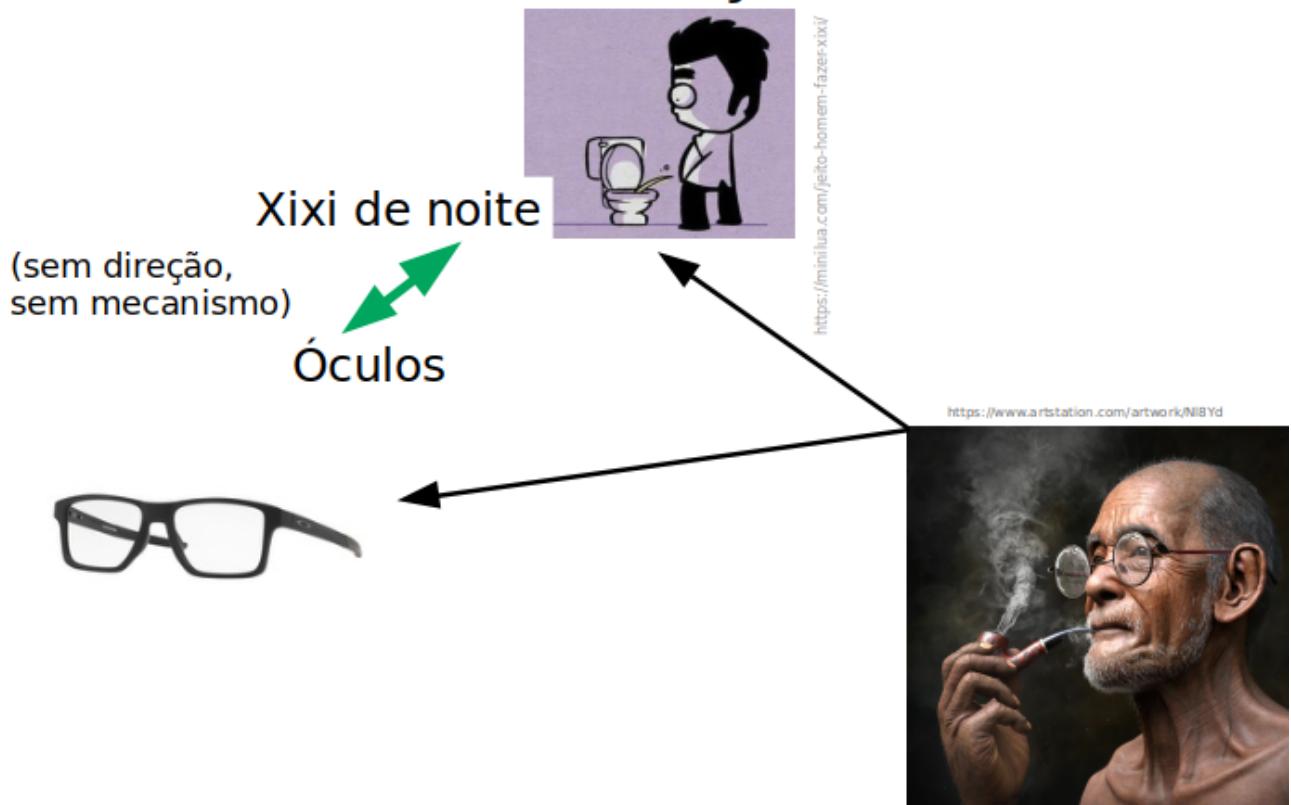
They [tobacco industry] responded with a new and unprecedent public relations strategy. Its goals was to produce and **sustain scientific skepticism and controversy** in order to disrupt the emerging consensus on the harms of cigarette smoking. This strategy required **intrusions into scientific process and procedure**. [...] So long as there appeared to be doubt, so long as the industry could assert "**not proven**". [...] The future of the cigarette would now depend on the **successful production of a scientific controversy**.

## Óculos e xixi

# Associação



# Associação



Quando alguém lhe traz uma opinião coincidente com sua crença, você a toma como um fato. Quando alguém lhe traz um fato discordante de sua crença, você o toma como uma opinião.

Prof. Eduardo Massad

## A hipótese nula

3

Tomada de decisão:  
Hipótese nula ( $H_0$ )  
e hipótese alternativa ( $H_1$ )



Adotaremos, neste texto, a seguinte convenção:

	<b>Desfecho +</b>	<b>Desfecho -</b>
<b>Exposição +</b>	a	b
<b>Exposição -</b>	c	d

## Teste Qui-quadrado

Os testes baseados na estatística qui-quadrado podem ser divididos em dois tipos:

1. Teste de aderência uma variável nominal com duas ou mais categorias: teste de frequências hipotetizadas
2. Teste de independência entre duas variáveis nominais com duas ou mais categorias

### - a distribuição $\chi^2$

Antes de discutirmos os testes, vamos explorar um pouco a distribuição que utilizam. Diferente da distribuição normal que têm domínio de  $[-\infty, +\infty]$ , estas são distribuições assimétricas, iniciadas em zero, que tendem assintoticamente a zero com o valor crescente de  $\chi^2$ ,  $[0, +\infty]$ .

O comando para calcular a probabilidade acumulada entre zero e cada valor de qui-quadrado é:

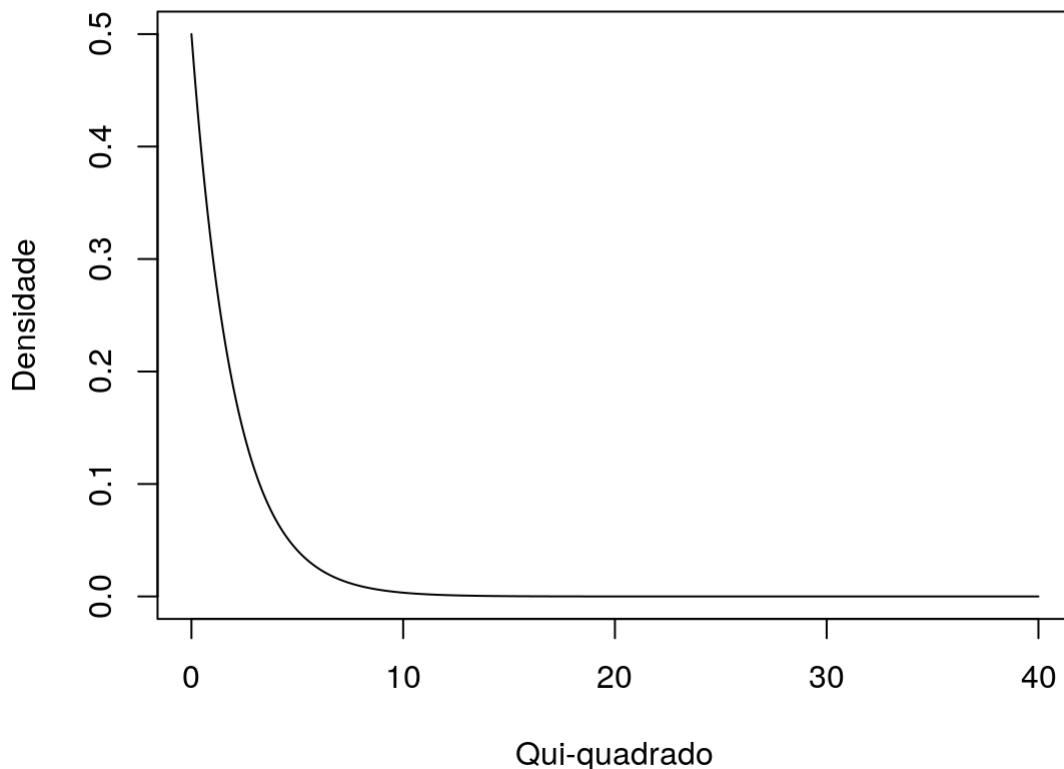
**dchisq(x, df, ncp = 0, log = FALSE)**

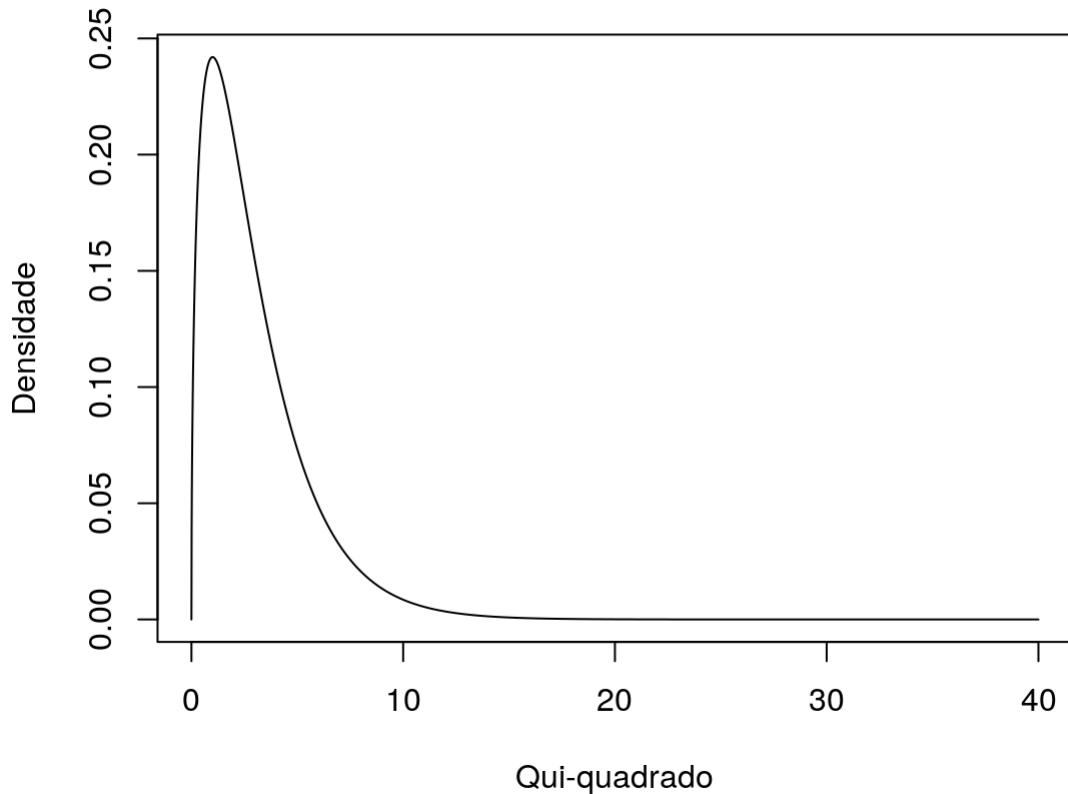
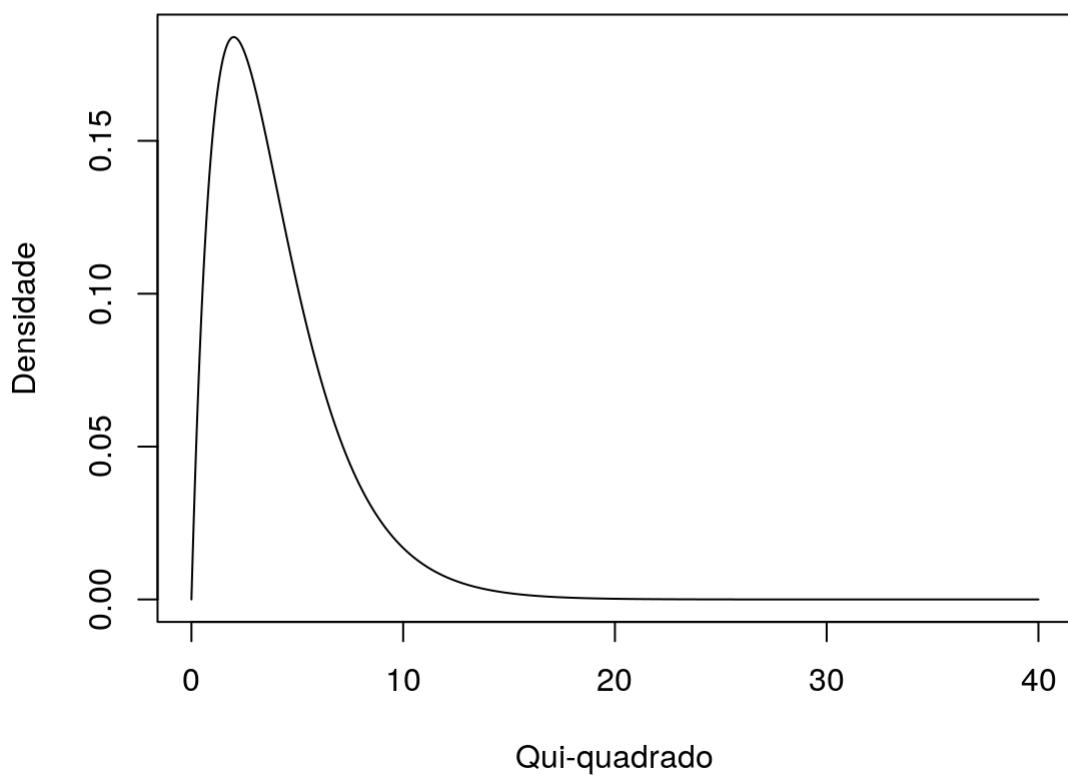
onde  $x$  é o valor de  $\chi^2$ ,  $df$  são os graus de liberdade (*degrees of freedom*) e  $ncp$  é o parâmetro de não centralidade (*non-centrality parameter* = 0, por *default*, correspondente à distribuição centrada de  $H_0$ ; voltaremos ao  $ncp$  adiante). O parâmetro  $log$ , desligado por *default* é para a possibilidade de devolver o logarítmico do valor (não o exploraremos neste texto).

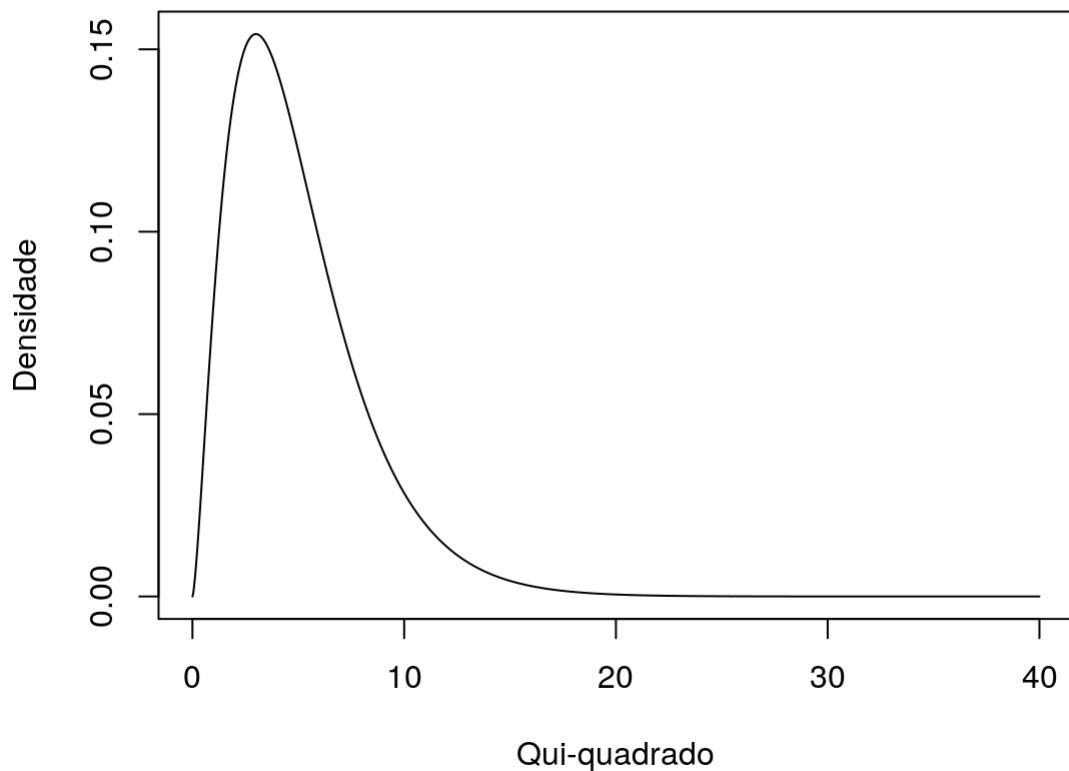
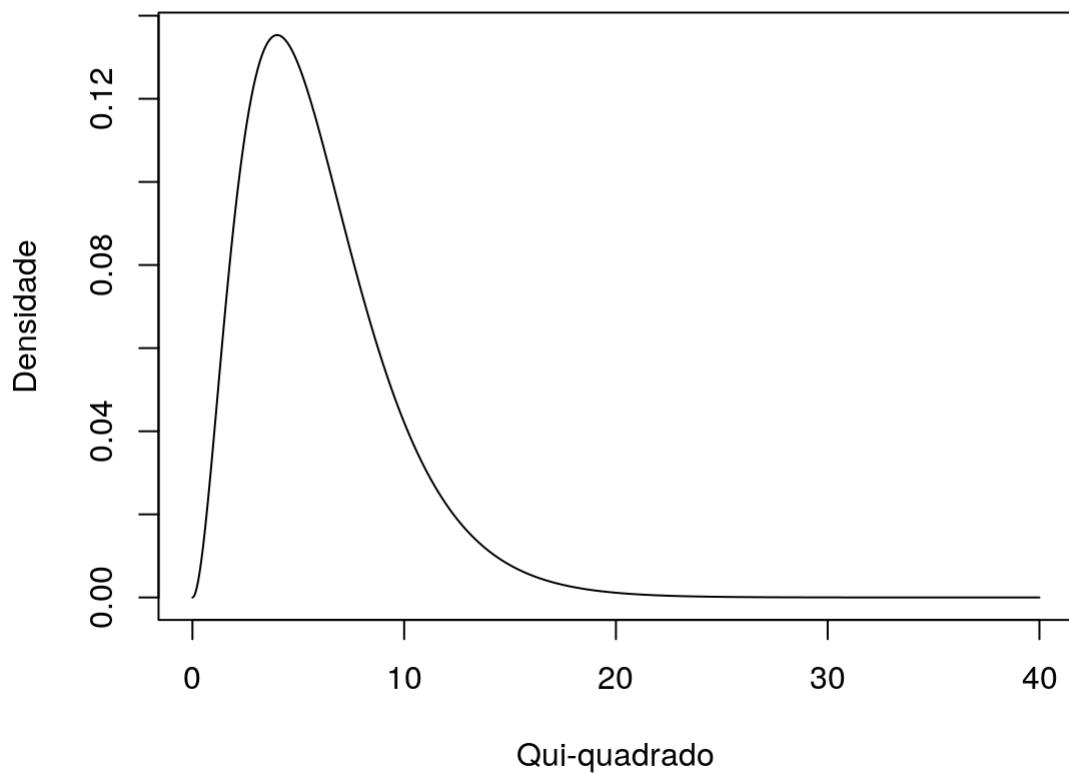
Pode-se gerar curvas desta distribuição com o seguinte código, mostrando seu aspecto entre 2 e 6 graus de liberdade:

```
chi2.valor <- seq(from=0, to=40, by=0.01)
graus.liberdade <- 2:6
for (g in 1:length(graus.liberdade))
{
  p <- dchisq(chi2.valor, df=graus.liberdade[g])
  plot(chi2.valor, p, type="l",
       main=paste("Distribuição de Qui^2, df=",
                  graus.liberdade[g], sep=""),
       xlab="Qui-quadrado", ylab="Densidade")
}
```

### Distribuição de Qui<sup>2</sup>, df=2



**Distribuição de Qui<sup>2</sup>, df=3****Distribuição de Qui<sup>2</sup>, df=4**

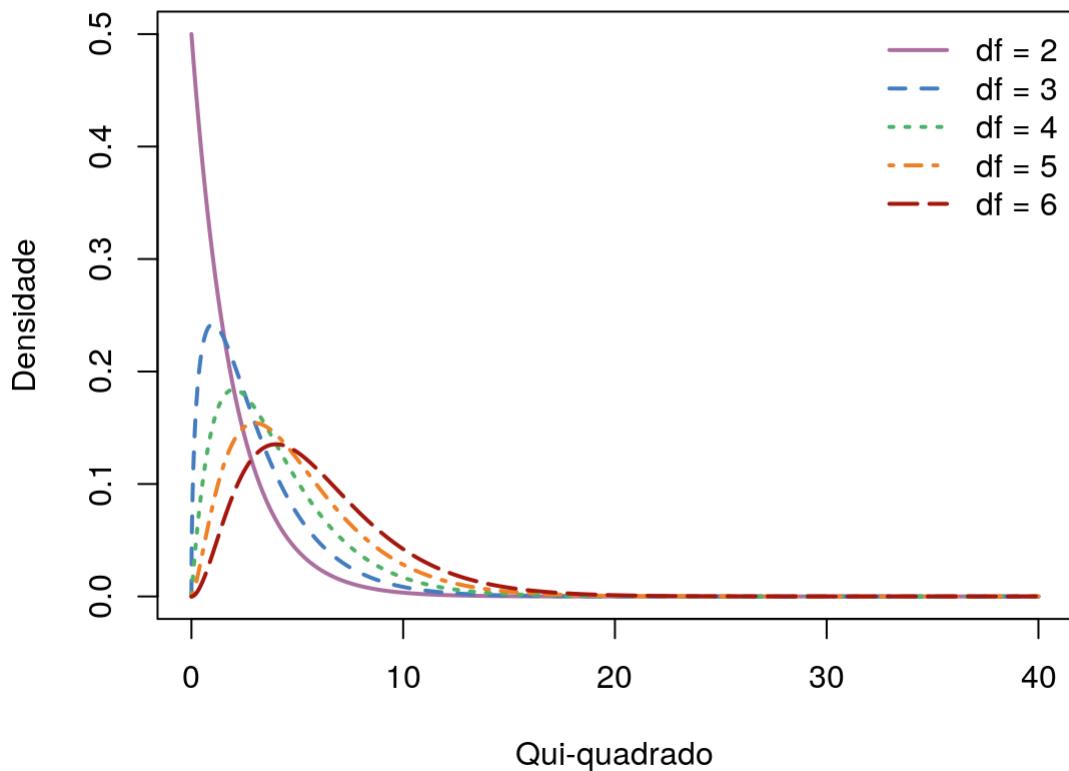
**Distribuição de Qui<sup>2</sup>, df=5****Distribuição de Qui<sup>2</sup>, df=6**

ou, caso prefira ver todas as curvas no mesmo gráfico, sugere-se:

```
source("friendlycolor.R")
cor <- 3
padrao <- 1
leg.txt <- c()
leg.cor <- c()
chi2.valor <- seq(from=0, to=40, by=0.01)
graus.liberdade <- 2:6
for (g in 1:length(graus.liberdade))
{
  p <- dchisq(chi2.valor, df=graus.liberdade[g])
  if (g==1)
  {
    plot(chi2.valor, p, type="l", lty=padrao,
          col=friendlycolor(cor), lwd=2,
          main="Distribuições de Qui^2",
          xlab="Qui-quadrado", ylab="Densidade")

  } else
  {
    lines(chi2.valor, p, lty=padrao,
          col=friendlycolor(cor), lwd=2)
  }
  # guarda para a legenda
  leg.txt <- c(leg.txt, paste("df = ",graus.liberdade[g],sep=""))
  leg.cor <- c(leg.cor, friendlycolor(cor))
  cor <- cor+6
  padrao <- padrao+1
}
legend("topright",
       leg.txt,
       col=leg.cor,
       lwd=2,
       lty=1:5,
       box.lwd=0, bg="transparent")
```

## Distribuições de Qui<sup>2</sup>



## Teste de aderência: teste qui-quadrado de uma variável

Permite descobrir se um conjunto de frequências observadas difere de um outro conjunto de frequências hipotetizadas.

### suposição

Independência das observações: cada observação da unidade observacional deve ser alocada em apenas um categoria da variável nominal.

SIEGEL, S. & CASTELLAN Jr., N.J. (1988) Nonparametric statistics for the behavioral sciences. 2<sup>a</sup> ed. NY: McGraw-Hill,  
p. 111

### exemplo 1: chocolate

Cento e dez pessoas foram solicitadas a manifestar suas preferências com respeito a chocolates. Queremos verificar se alguma das marcas é preferida em detrimento de outras.

Se não são ( $H_0$ ), devemos esperar aproximadamente o mesmo número de pessoas em cada categoria.

Com certeza, não haverá exatamente o mesmo número de participantes em cada categoria, mas os números devem ter uma distribuição com razoável proximidade.

O número de pessoas que escolheu apenas uma entre quatro marcas diferentes está em chocolate.xlsx (chocolate.xlsx).

O teste está implementado em TesteQuiQuadradoAderencia\_Chocolate.R  
(TesteQuiQuadradoAderencia\_Chocolate.R):

```
# TesteQuiQuadradoAderencia_Chocolate.R

library(readxl)

cat("Teste de aderencia a distribuicao multinomial\n")

df_chocolate <- read_excel("chocolate.xlsx")

prmatrix(df_chocolate, rowlab = rep("",nrow(df_chocolate)))

out <- chisq.test(df_chocolate$Pessoas, p=df_chocolate$probH0,
                   simulate.p.value = TRUE, B = 1e6)
df <- chisq.test(df_chocolate$Pessoas, p=df_chocolate$probH0)$parameter
X2 <- out$statistic
p <- out$p.value
n <- sum(chisq.test(df_chocolate$Pessoas, p=df_chocolate$probH0)$observed)
V <- sqrt((X2/n)/df)
cat("X^2 =", X2 , "gl =", df, "p exato =", p, "\n")
cat("\nHeuristica de significancia: X^2/gl > 2:\n", X2/df, "\n")
cat("\nResiduos estandardizados:\n", out$stdres, "\n")
if (0 <= V & V < 0.1) {gV <- "minimo"}
if (0.1 <= V & V < 0.3) {gV <- "pequeno"}
if (0.3 <= V & V < 0.5) {gV <- "intermediario"}
if (0.5 <= V & V <= 1.0) {gV <- "grande"}
cat("V de Cramer = ", V, "\n", sep="")
cat("(Grau ", gV, "de dessemelhanca entre as distribuicoes observada e hipotetizada)\n", sep="")
```

Observe o código:

- Lê a planilha no formato xlsx com os dados e a exibe.
- note que denominamos uma coluna como **probH0**, contendo 0.25 em todas as linhas; estas são as frequências esperadas para a hipótese nula,  $H_0$ .
- O teste em si recebe a coluna com o número de pessoas que preferiram cada chocolate e estas frequências esperadas; é executado com *bootstrapping*, com  $10^5$  iterações (parâmetro  $B$ ).
- O restante do código serve para reorganizar e ecoar os resultados, incluindo o cálculo de tamanho de efeito dado pelo V de Cramér.

Este código gera a seguinte saída:

**Teste de aderencia a distribuicao multinomial**

Chocolate Pessoas probH0

"A"	"20"	"0.25"
"B"	"60"	"0.25"
"C"	"10"	"0.25"
"D"	"20"	"0.25"

 $X^2 = 53.63636$  gl = 3 p exato = 9.99999e-07Heuristica de significancia:  $X^2/gl > 2:$ 

17.87879

Residuos estandardizados:

-1.651446	7.156264	-3.853373	-1.651446
-----------	----------	-----------	-----------

V de Cramer = 0.4031556

(Grau intermediario de dessemelhanca entre as distribuicoes observada e hipotetizada)

Com  $p = 9.999 \cdot 10^{-5}$ , rejeita-se  $H_0$  e, portanto, temos evidênciade que a escolha das pessoas pelas marcas de chocolate não é homogênea. Observando a tabela, vemos que o desequilíbrio ocorreu pela maior preferência pelo chocolate B.



Os graus de liberdade em uma tabela com  $L$  linhas e  $C$  colunas são dados por

$$df = (L - 1) \cdot (C - 1)$$

Portanto, uma tabela 2 x 2, tem somente um grau de liberdade, e uma tabela 4 x 3 tem seis graus de liberdade.

**exemplo 2: genética**

As probabilidades relacionadas com  $H_0$  não precisam ser sempre as mesmas. Por exemplo, em genética, é comum precisarmos avaliar como é a herança de um genótipo a partir dos fenótipos observados.

Duas linhagens puras de plantas foram cruzadas: uma com pétalas amarelas e outra com pétalas vermelhas. A primeira geração,  $F_1$ , tem pétalas cor de laranja. Então  $F_1$  é cruzada entre si, gerando  $F_2$  com 320 plantas, das quais 182 têm pétalas cor de laranja, 61 amarelas e 77 vermelhas.

exemplo traduzido de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21907/> (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21907/>)

Há duas possibilidades para explicar este resultado, e queremos saber qual é o caso para o fenótipo das pétalas das flores desta espécie:

- dominância incompleta ou codominância, com os seguintes genótipos e frequências esperadas:

- Y/R: laranja ( $\frac{1}{2}$ )
- Y/Y: amarela ( $\frac{1}{4}$ )
- R/R: vermelha ( $\frac{1}{4}$ )

Neste caso, os números esperados para  $F_2$  são, respectivamente, 160, 80 e 80, seguindo as proporções 2:1:1.

2. epistasis (<https://en.wikipedia.org/wiki/Epistasis>) recessiva, com os seguintes genótipos e frequências esperadas:

- Y/-; R/-: laranja ( $\frac{9}{16}$ )
- y/y; R/-: amarela ( $\frac{3}{16}$ )
- Y/-; r/r: vermelha ( $\frac{3}{16}$ )
- y/y; r/r: vermelha ( $\frac{1}{16}$ )

Neste caso, os números esperados para  $F_2$  são, respectivamente, 180 , 60 e 80 (60+20), seguindo as proporções 9:3:(3:1).

A qual das duas hipóteses a herança da cor das flores desta espécie adere?

Implementamos uma solução em eiras.quiaderencia.R (eiras.quiaderencia.R) e TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R (TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R).

Observe o código com nova função declarada:

```
# eiras.quiaderencia.R
# Teste Qui-quadrado de aderencia

eiras.quiaderencia <- function (df_dados, B=1e6)
{
  valores <- as.vector(unlist(df_dados[,1]))
  probabilidades <- as.vector(unlist(df_dados[,2]))
  # teste robusto (bootstrapping)
  robusto <- chisq.test(valores, p=probabilidades,
                        simulate.p.value = TRUE, B = B)
  # usando o teste convencional para obter os graus de liberdade
  tradicional <- chisq.test(valores, p=probabilidades)
  df <- tradicional$parameter
  X2 <- robusto$statistic
  p <- robusto$p.value
  n <- sum(robusto$observed)
  V <- sqrt((X2/n)/df)
  # resultados
  cat("-----\n")
  cat("Teste de aderencia a distribuicao multinomial\n")
  prmatrix(df_dados, rowlab = rep("",nrow(df_dados)))
  cat("X^2 =", X2, "gl =", df, "p exato =", p, "\n")
  cat("\nHeuristica de significancia: X^2/gl > 2:\n", X2/df, "\n")
  cat("\nResiduos estandardizados:\n", robusto$stdres, "\n")
  if (0 <= V & V < 0.1) {gV <- "minimo"}
  if (0.1 <= V & V < 0.3) {gV <- "pequeno"}
  if (0.3 <= V & V < 0.5) {gV <- "intermediario"}
  if (0.5 <= V & V <= 1.0) {gV <- "grande"}
  cat("V de Cramer = ", V, "\n", sep="")
  cat("(Grau ", gV, " de dessemelhanca entre as distribuicoes observada e hipotetizada\n", sep="")
  cat("-----\n")
}
```

Criar uma função e armazená-la em um arquivo separado facilita seu uso (o nome do arquivo tem o mesmo nome da função só por conveniência; poderia ter qualquer nome). Esta função, *eiras.quiaderencia()*, recebe um *data frame* com duas colunas e o número de iterações para o *bootstrapping* (com  $10^6$  por *default*).

Adaptar o código para outros casos torna-se muito mais simples. No código anterior, seria preciso alterar todas as ocorrências de **df\_chocolate** e os nomes das colunas **Pessoas** e **probH0**. Agora, só é necessário modificar TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R  
(TesteQuiQuadradoAderencia\_Flores.R):

```
# TesteQuiQuadradoAderencia_Flores.R
library(readxl)

source ("eiras.quiaderencia.R")

# pega o arquivo e mostra seu conteúdo
df_flores <- read_excel("flores.xlsx")
cat("\nDados:\n")
prmatrix(df_flores, rowlab = rep("",nrow(df_flores)))

# chama os testes estatísticos
cat("\nHipótese de codominância:\n")
eiras.quiaderencia(df_flores[,c(2,3)], B=1e6)

cat("\nHipótese de epistasis recessiva:\n")
eiras.quiaderencia(df_flores[,c(2,4)], B=1e6)
```

Para funcionar, carrega-se a função na memória (com *source()*), lemos o arquivo de interesse flores.xlsx (flores.xlsx) e chamamos *eiras.quiaderencia()* duas vezes, indicando as colunas a serem testadas:

- a coluna 2 da planilha (que tem o número de plantas com cada característica) contra a coluna 3, que testa a hipótese de codominância,
- a coluna 2 da planilha contra a coluna 4, que testa a hipótese de epistasis.

Este código produz a seguinte saída:

Dados:

CorPetalas	Numero	Codominancia	Epistasis
"laranja"	"182"	"0.50"	"0.5625"
"vermelha"	"77"	"0.25"	"0.2500"
"amarela"	"61"	"0.25"	"0.1875"

Hipótese de codominância:

Teste de aderência a distribuição multinomial

Número	Codominancia
182	0.50
77	0.25
61	0.25

$$\chi^2 = 7.65 \text{ gl} = 2 \text{ p exato} = 0.02224998$$

Heurística de significância:  $\chi^2/\text{gl} > 2$ :

3.825

Resíduos estandardizados:

2.459675 -0.3872983 -2.452889

V de Cramer = 0.1093303

(Grau pequeno de dessemelhança entre as distribuições observada e hipotetizada)

Hipótese de epistase recessiva:

Teste de aderência a distribuição multinomial

Número	Epistasis
182	0.5625
77	0.2500
61	0.1875

$$\chi^2 = 0.1513889 \text{ gl} = 2 \text{ p exato} = 0.9324391$$

Heurística de significância:  $\chi^2/\text{gl} > 2$ :

0.07569444

Resíduos estandardizados:

0.2253745 -0.3872983 0.143223

V de Cramer = 0.01538002

(Grau mínimo de dessemelhança entre as distribuições observada e hipotetizada)

Neste exemplo buscamos **não** rejeitar  $H_0$ . Para o habitual  $\alpha = 0.05$  estes resultados sugerem que a herança das cores das pétalas desta espécie é explicada por epistase recessiva.

## Teste Qui-quadrado de Pearson para Independência

O teste Qui-quadrado de Pearson permite que se descubra se existe um relacionamento ou efeito de interação entre duas variáveis qualitativas nominais com duas ou mais categorias.

Cada observação da unidade observacional deve ser alocada em apenas uma categoria de cada uma das duas variáveis nominais.

SIEGEL, S. & CASTELLAN Jr., N.J. (1988) Nonparametric statistics for the behavioral sciences. 2<sup>a</sup> ed. NY: McGraw-Hill, p. 111

## Exemplo: capacete e trauma

Considere um estudo que investiga a efetividade dos capacetes de segurança de bicicleta na prevenção de traumas cranianos. Os dados consistem de uma amostra aleatória de 793 indivíduos envolvidos em acidentes ciclísticos durante um certo período. Deseja-se testar, com  $\alpha = 0.05$ , se o uso do capacete tem funcionado como um fator de proteção.

Formulamos as hipóteses nula e alternativa:

$H_0$  : não existe associação entre uso do capacete e trauma craniano

$H_1$  : existe associação entre uso do capacete e trauma craniano

$\alpha = 5\%$

Os dados são:



```
tbla <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tbla) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tbla) <- c("Capacete +", "Capacete -")
print (tbla)
```

	Trauma +	Trauma -
Capacete +	17	138
Capacete -	130	508

Sob a hipótese nula ( $H_0$ ), i.e., se não existe associação entre o uso de capacete e o trauma craniano nos acidentes, os valores esperados são:

```
chi2 <- chisq.test(tbla)
print(round(chi2$expected,3))
```

	Trauma +	Trauma -
Capacete +	28.733	126.267
Capacete -	118.267	519.733

É possível transformar em proporções, obtendo:

```
tbla <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tbla) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tbla) <- c("Capacete +", "Capacete -")
tbla_prop <- tabela/sum(tabela)
print (round(tbla_prop,3))
```

		Trauma +	Trauma -
Capacete +	0.021	0.174	
Capacete -	0.164	0.641	

e, sob  $H_0$ , os valores esperados são:

```
soma_col1 <- sum(tabela_prop[,1])
soma_col2 <- sum(tabela_prop[,2])
soma_lin1 <- sum(tabela_prop[1,])
soma_lin2 <- sum(tabela_prop[2,])
tabela_propesp <- tabela_prop
tabela_propesp[1,1] <- soma_lin1*soma_col1
tabela_propesp[1,2] <- soma_lin1*soma_col2
tabela_propesp[2,1] <- soma_lin2*soma_col1
tabela_propesp[2,2] <- soma_lin2*soma_col2
print(round(tabela_propesp,3))
```

		Trauma +	Trauma -
Capacete +	0.036	0.159	
Capacete -	0.149	0.655	

Note que o teste em R é feito diretamente com os valores observados (pois o tamanho da amostra importa) e seus resultados foram armazenados, acima, na variável **chi2**. O tipo desta variável é dado por:

```
str(chi2)
```

```
List of 9
```

```
$ statistic: Named num 6.7
  ..- attr(*, "names")= chr "X-squared"
$ parameter: Named int 1
  ..- attr(*, "names")= chr "df"
$ p.value : num 0.00964
$ method   : chr "Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction"
$ data.name: chr "tabela"
$ observed : 'table' num [1:2, 1:2] 17 130 138 508
  ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
    ...$ : chr [1:2] "Capacete +" "Capacete -"
    ...$ : chr [1:2] "Trauma +" "Trauma -"
$ expected : num [1:2, 1:2] 28.7 118.3 126.3 519.7
  ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
    ...$ : chr [1:2] "Capacete +" "Capacete -"
    ...$ : chr [1:2] "Trauma +" "Trauma -"
$ residuals: 'table' num [1:2, 1:2] -2.189 1.079 1.044 -0.515
  ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
    ...$ : chr [1:2] "Capacete +" "Capacete -"
    ...$ : chr [1:2] "Trauma +" "Trauma -"
$ stdres   : 'table' num [1:2, 1:2] -2.7 2.7 2.7 -2.7
  ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
    ...$ : chr [1:2] "Capacete +" "Capacete -"
    ...$ : chr [1:2] "Trauma +" "Trauma -"
- attr(*, "class")= chr "htest"
```

```
sapply(chi2, typeof)
```

statistic	parameter	p.value	method	data.name	observed
"double"	"integer"	"double"	"character"	"character"	"double"
expected	residuals		stdres		
"double"	"double"	"double"			

É uma estrutura complexa, da qual muitos valores podem ser extraídos quando quisermos utilizá-los dentro de um *RScript*. A parte em **chi2\$expected**, que já utilizamos, contém a tabela com os valores esperados sob  $H_0$ .

O resultado principal do teste é exibido pela variável como um todo:

```
print (chi2)
```

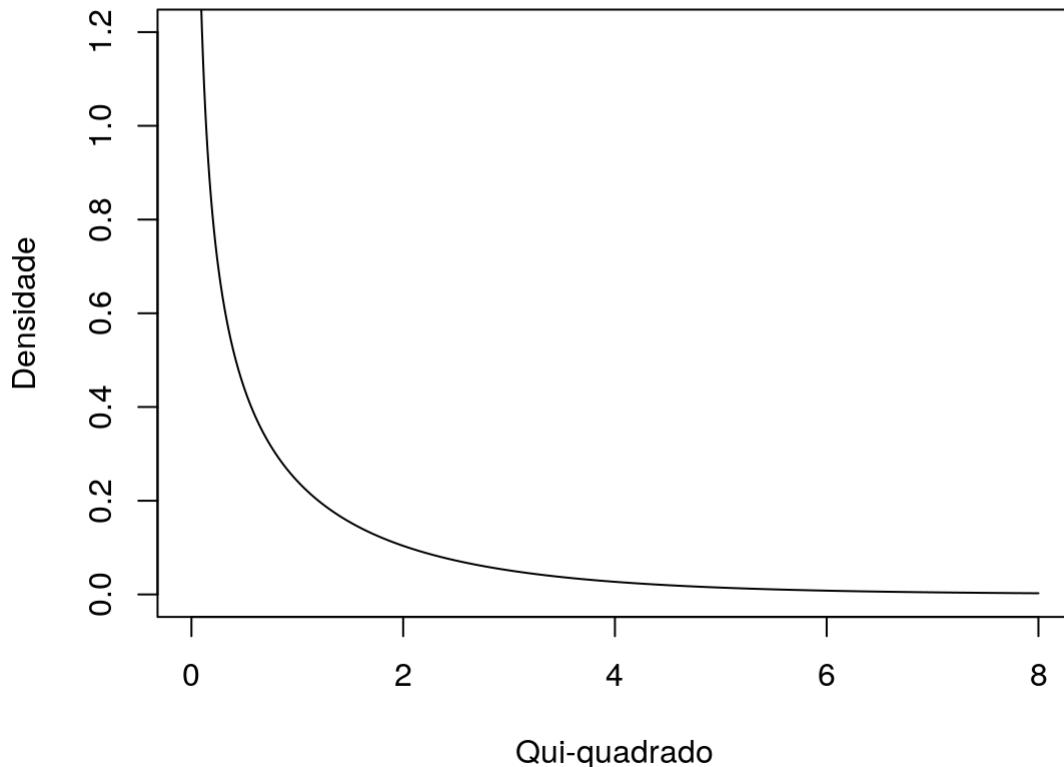
```
Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data: tabela
X-squared = 6.7001, df = 1, p-value = 0.009641
```

A estatística de teste tem o valor  $X^2 = 6.7001$ , com 1 grau de liberdade ( $df = 1$ ), correspondendo ao valor-p de 0.009641 (que será discutido adiante). Com estes valores podemos decidir pela rejeição ou não-rejeição de  $H_0$ .

No exemplo de uma tabela 2x2 há somente 1 grau de liberdade. O gráfico da distribuição de qui-quadrado (para melhor visibilidade, computamos  $0 \leq \chi^2 \leq 8$ , pois o valor de  $\chi^2$  vai de zero a  $\infty$ , e truncamos o eixo  $y$  em 1.2) é:

```
chi2.valor <- seq(from=0, to=8, by=0.01)
graus.liberdade <- 1
p <- dchisq(chi2.valor, df=graus.liberdade)
plot(chi2.valor, p, type="l", ylim=c(0, 1.2),
     xlab="Qui-quadrado", ylab="Densidade"
)
```



Conceitualmente, o teste Qui-quadrado é um teste de proporções, no qual a estatística de teste (i.e., o valor de  $X^2$ ) é obtida pela diferença quadrática entre as frequências absolutas observadas e esperadas, dada por

$$X^2 = \sum \frac{(o - e)^2}{e}$$

. ou

$$X^2 = \frac{(ad - bd)^2(a + b + c + d)}{(a + b)(c + d)(b + d)(a + c)}$$

Em R, experimente calcular a estatística na “força bruta”:

```
qui2 <- 0
for(i in 1:4)
{
  qui2 <- qui2 + ((chi2$observed[i]-chi2$expected[i])^2)/chi2$expected[i]
}
cat("O valor do qui-quadrado é ",qui2,"\n",sep="")
```

O valor do qui-quadrado é 7.309882

O valor de  $X^2$  aumenta com a discrepância crescente entre os valores observados e esperados.

Note, porém, que o valor calculado pelo código acima é diferente do que aparece em:

```
print (chi2)
```

Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

```
data: tabela
X-squared = 6.7001, df = 1, p-value = 0.009641
```

Isto acontece por causa da correção para continuidade de Yates, que será comentada adiante. Na “força bruta”, a correção pode ser implementada com:

```
qui2y <- 0
for(i in 1:4)
{
  qui2y <- qui2y + ((abs(chi2$observed[i]-chi2$expected[i])-0.5)^2)/chi2$expected[i]
}
cat("O valor do qui-quadrado com a correção de Yates é ",qui2y,"\n",sep="")
```

O valor do qui-quadrado com a correção de Yates é 6.700121

Obviamente, nenhum destes cálculos manuais é necessário. A função `chisq.test()` já os executa e armazena no objeto que denominamos, neste exemplo, `chi2`.

Nosso interesse é saber a partir de qual o valor de  $X^2$  a discrepância entre os valores observados e esperados é menos provável que o valor de  $\alpha$  escolhido. Isto é encontrar o valor que separa a área de 5% sob a curva de distribuição em sua cauda direita. Este valor é chamado de qui-quadrado crítico,  $\chi_c^2$ .



Note que o raciocínio é bicaudal, buscando associação positiva ou negativa, mas a operacionalização do teste só utiliza a cauda superior. Isto acontece porque  $\chi^2 = 0$  indica igualdade numérica (e, portanto, também estatística) entre os valores esperados e observados. Consequentemente, procuramos  $\alpha = 0.05$  somente na cauda direita.

Em R, podemos encontrar  $\chi_c^2$  pelo complemento ( $1 - \alpha = 0.95$ ) com

```
chi2.critico <- qchisq(p=0.95, df=1)
cat("qui-quadrado crítico (df=1, alfa=5%): ", chi2.critico, "\n", sep="")
```

```
qui-quadrado crítico (df=1, alfa=5%): 3.841459
```

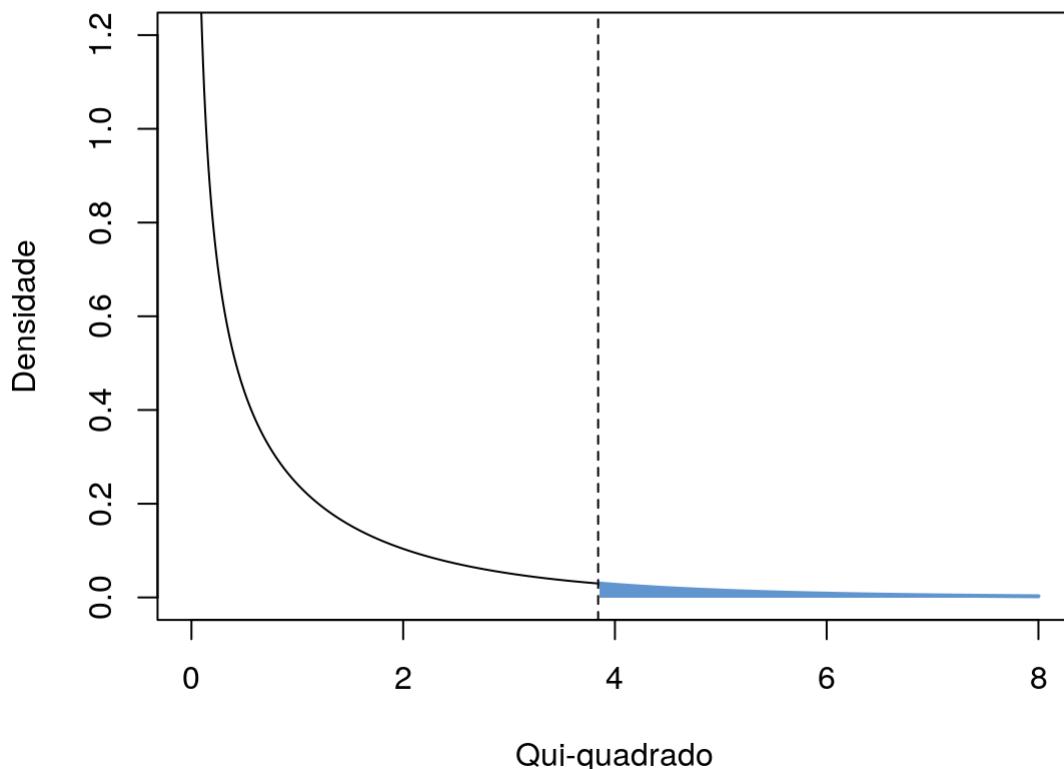
pois este é o valor de  $\chi^2$  que deixa 95% da área sob a curva à sua esquerda.

Graficamente, podemos hachurar em azul a área correspondente a  $\alpha$  e traçar uma linha pontilhada vertical em  $\chi_c^2$  com:

```

source("friendlycolor.R")
# vetor com valores de 0 a 8
chi2.valor <- seq(from=0, to=8, by=0.01)
graus.liberdade <- 1
# vetor com probabilidades correspondentes
p <- dchisq(chi2.valor, df=graus.liberdade)
# exibe o gráfico
plot(chi2.valor, p, type="l", ylim=c(0, 1.2),
      xlab="Qui-quadrado", ylab="Densidade")
# vetor com os valores acima de qui critico
chi2.critico <- qchisq(p=0.95, df=1)
chi2maioralfa <- chi2.valor[chi2.valor>chi2.critico]
# probabilidades correspondentes
pmaioralfa <- dchisq(chi2maioralfa, df=graus.liberdade)
# hachura sob a curva
chi2maioralfa <- c(min(chi2maioralfa), chi2maioralfa, max(chi2maioralfa))
pmaioralfa <- c(0, pmaioralfa, 0)
polygon(chi2maioralfa, pmaioralfa, col=friendlycolor(10), border = NA)
# reforça a linha
lines(chi2maioralfa[2:(length(chi2maioralfa)-1)],
      pmaioralfa[2:(length(pmaioralfa)-1)],
      col=friendlycolor(10), lwd=2)
# linha pontilhada, valor critico
abline(v=chi2.critico, lty=2)

```



Esta área hachurada é a região de rejeição de  $H_0$ .

### - decisão pela estatística de teste

A estatística  $\chi^2$  é maior quanto maior for a discrepância entre os valores observados e esperados.

Para um grau de liberdade e  $\alpha = 0.05$ , computamos  $\chi_c^2 = 3.8414588$ . No exemplo de capacete e trauma, acima, rejeitamos  $H_0$  porque calculamos  $X^2 = 6.7001206$ , valor maior que o valor crítico.

### - decisão pelo valor-p

À direita do valor calculado  $X^2 = 6.7001206$  define-se uma área, que corresponde ao valor-p. Este valor também foi calculado quando aplicamos o teste e guardamos seu resultado em **chi2**, acima; o valor-p encontra-se acessível em **chi2\$p.value=0.0096406**. Como  $p < \alpha$ , concluimos pela rejeição de  $H_0$ .

Podemos hachurar em laranja a área correspondente ao valor- $p$  e traçar uma linha pontilhada vertical na altura do  $X^2$  calculado, adicione mais linhas ao código anterior, mas precisamos da variável **chi2\$statistic** que retorna de **chisq.test()**. O gráfico, agora, tem muitos elementos e, portanto, também devemos adicionar uma legenda.

O código completo é:

```
tabela <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tabela) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tabela) <- c("Capacete +", "Capacete -")
chi2 <- chisq.test(tabela)
```

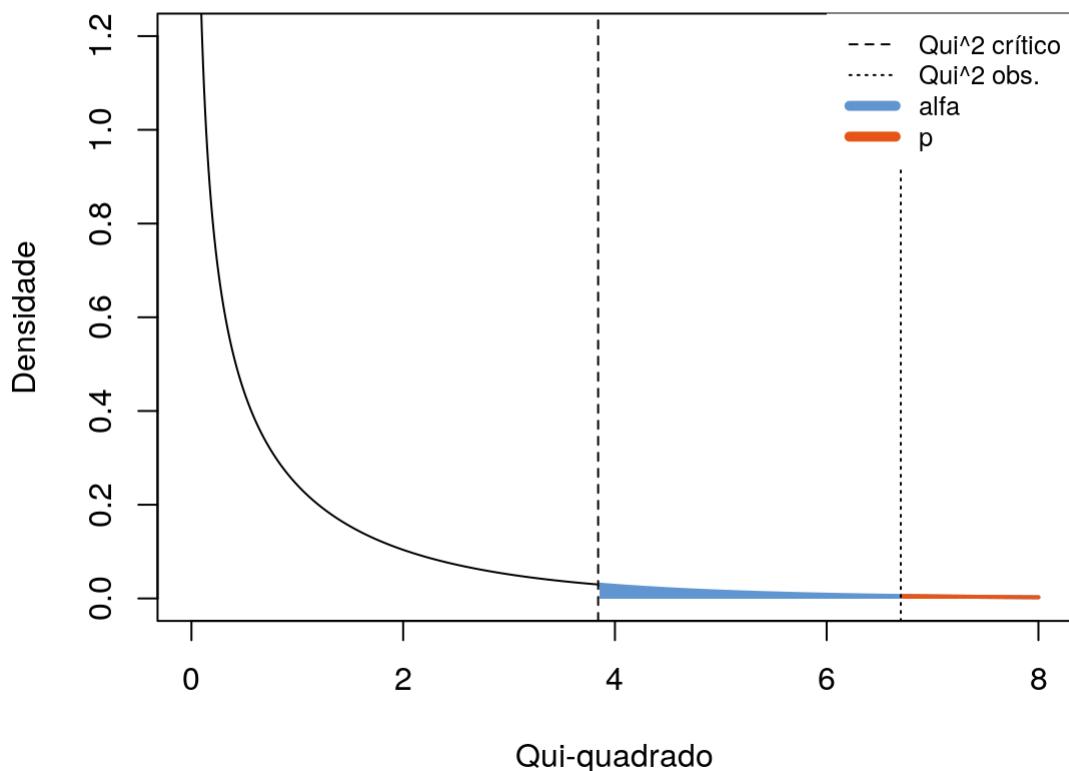
```

source("friendlycolor.R")
# vetor com valores de 0 a 8
chi2.valor <- seq(from=0, to=8, by=0.01)
graus.liberdade <- 1
# vetor com probabilidades correspondentes
p <- dchisq(chi2.valor, df=graus.liberdade)
# exibe o gráfico
plot(chi2.valor, p, type="l", ylim=c(0, 1.2),
      xlab="Qui-quadrado", ylab="Densidade")
# vetor com os valores acima de qui critico
chi2.critico <- qchisq(p=0.95, df=1)
chi2maioralfa <- chi2.valor[chi2.valor>chi2.critico]
# probabilidades correspondentes
pmaioralfa <- dchisq(chi2maioralfa, df=graus.liberdade)
# hachura sob a curva
chi2maioralfa <- c(min(chi2maioralfa), chi2maioralfa, max(chi2maioralfa))
pmaioralfa <- c(0, pmaioralfa, 0)
polygon(chi2maioralfa, pmaioralfa, col=friendlycolor(10), border = NA)
# reforça a linha
lines(chi2maioralfa[2:(length(chi2maioralfa)-1)],
      pmaioralfa[2:(length(pmaioralfa)-1)],
      col=friendlycolor(10), lwd=2)
# linha pontilhada, valor critico
abline(v=chi2.critico, lty=2)

# ##### Area a direita de p #####
# vetor com os valores acima de qui calculado
chi2maiorp <- chi2.valor[chi2.valor>chi2$statistic]
# probabilidades correspondentes
pmaiorp <- dchisq(chi2maiorp, df=graus.liberdade)
# hachura sob a curva
chi2maiorp <- c(min(chi2maiorp), chi2maiorp, max(chi2maiorp))
pmaiorp <- c(0, pmaiorp, 0)
polygon(chi2maiorp, pmaiorp, col=friendlycolor(20), border = NA)
# reforça a linha
lines(chi2maiorp[2:(length(chi2maiorp)-1)],
      pmaiorp[2:(length(pmaiorp)-1)],
      col=friendlycolor(20), lwd=2)
# linha pontilhada, valor critico
abline(v=chi2$statistic, lty=3)

# legenda
legend("topright",
       c("Qui^2 crítico", "Qui^2 obs.", "alfa", "p"),
       col=c("black", "black", friendlycolor(10), friendlycolor(20)),
       lty=c(2, 3, 1, 1),
       lwd=c(1, 1, 5, 5),
       box.lwd=0, bg="white",
       cex=0.8)

```



As duas formas de decisão são igualmente válidas e equivalentes.

Exibir o valor-p é a forma mais moderna e recomendada atualmente.

## Teste Qui-quadrado robusto

Repare nas saídas da função `chisq.test()`, cujo cabeçalho indica:

Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

Esta é uma versão tradicional do teste, para a qual a correção de Yates é aplicável por *default* às tabelas 2x2 (mais detalhes serão vistos adiante). Podemos evitá-la com:

```
chi2ny <- chisq.test(tabela, correct=FALSE)
print(chi2ny)
```

```
Pearson's Chi-squared test
```

```
data: tabela
X-squared = 7.3099, df = 1, p-value = 0.006858
```

Além disto, há várias condições para a aplicação do teste Qui-quadrado (comentadas adiante) que podem, muitas vezes, restringir seu uso.

Uma alternativa é computar o teste em sua versão robusta. A função `chisq.test()` consegue simular a distribuição por *bootstrapping*, alterando-se o comando para:

```
chi2.robusto <- chisq.test(tabela, correct=FALSE,
                             simulate.p.value = TRUE, B=1e6)
print(chi2.robusto)
```

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: tabela
X-squared = 7.3099, df = NA, p-value = 0.007638
```

Esta versão é simulada com  $1e6 = 1 \cdot 10^6 = 1000000$  iterações.



Como a amostra é grande, os valores de  $X^2$  e  $p$  não mudam muito entre as diferentes versões. Há um pequeno *bug* na implementação da versão robusta, que não calcula os graus de liberdade (sabemos que  $df = 1$ ).

A decisão, neste caso, não mudou, tanto pelo critério do  $\chi^2_c$  quanto pelo  $p$ : rejeita-se  $H_0$ .

## Riscos relativos



## Odds e probabilidade

*Odds* (traduzido habitualmente por chance) e probabilidade são formas equivalentes para expressar possibilidades e relacionadas por:

$$Odds = \frac{\text{Probabilidade}}{1-\text{Probabilidade}}$$

e

$$\text{Probabilidade} = \frac{Odds}{1+Odds}$$

Por exemplo, uma probabilidade de 80% corresponde a

$$Odds = \frac{0.8}{1-0.8} = \frac{0.8}{0.2} = 4$$

indicando que dizer “80% de probabilidade” é equivalente a dizer “4 vezes mais chance de ocorrer do que não ocorrer” um determinado evento.

Resersamente, *Odds* de 2 é:

$$\text{Probabilidade} = \frac{2}{1+2} = \frac{2}{3} \approx 66.67\%$$

e *Odds* = 1 resulta em:

$$\text{Probabilidade} = \frac{1}{1+1} = \frac{1}{2} = 50\%$$

Associa-se o máximo de incerteza com probabilidade de 50%; por este motivo, *Odds* = 1 será um valor necessário para decisões estatísticas, adiante.

Há dois tipos principais de risco relativo: *razão de riscos* (RR, *risk ratio*) e *razão de chances* (OR, *odds ratio*).

Vamos considerar a seguinte tabela:

	Tem efeito	Não tem efeito	
Tem exposição	a	b	a+b
Não tem exposição	c	d	c+d
	a+c	b+d	total

Esta tabela de contingência genericamente relaciona exposição (e.g., hábito de fumar) com o efeito (e.g., câncer de pulmão). Traz as contagens dos:

- expostos que apresentaram o efeito (*a*),
- expostos que não apresentaram o efeito (*b*),
- não expostos que apresentaram o efeito (*c*) e
- não expostos que não apresentaram o efeito (*d*),

## *razão de riscos* (RR, *risk ratio*)

Riscos são probabilidades. A razão de riscos é dada por:

$$RR = \frac{\frac{a}{a+b}}{\frac{c}{c+d}}$$

Repare que  $\frac{a}{a+b}$  é a probabilidade de um indivíduo exposto ter o efeito (e.g., fumante ter câncer);  $\frac{c}{c+d}$  é a probabilidade de um indivíduo **não** exposto ter o efeito (e.g., não-fumante ter câncer).

RR, portanto, é um *odds*: quantas vezes mais é esperado o efeito (ocorrência de câncer) de quem é exposto (fumante) em comparação com quem não é exposto (não fumante);

## *razão de chances (OR, odds ratio)*

*Odds ratio* como diz o nome, é uma razão entre dois *odds*, dada por:

$$OR = \frac{\frac{a}{a+c}}{\frac{c}{a+c}} \cdot \frac{\frac{b}{b+d}}{\frac{d}{b+d}}$$

Considere, agora, que:

- $\frac{\frac{a}{a+c}}{\frac{c}{a+c}}$ , entre os doentes, quantas vezes é a maior a chance (*odds*) de ter efeito (câncer) para quem é exposto (fuma).
- $\frac{\frac{b}{b+d}}{\frac{d}{b+d}}$ , entre os não doentes, quantas vezes é a maior a chance (*odds*) de ter efeito (câncer) para quem é exposto (fuma).

Interessante, também, é que (com alguma álgebra) *OR* reduz-se a:

$$OR = \frac{a \cdot d}{b \cdot c}$$

fácil de lembrar e assim conhecido como “produto cruzado” (com o defeito de ocultar o motivo pelo qual é um *odds ratio*). Por outro lado, como produto cruzado, percebe-se que é uma medida de quanto pesa a:

- diagonal principal, do que é concordante:  
efeito entre expostos E não efeito entre não expostos

em relação à

- diagonal secundária, do que é discordante:  
efeito entre não expostos E não efeito entre expostos.



Os valores de  $RR$  e  $OR$  são próximos quando menos que 5% dos não expostos têm efeito.

Em R, o cálculo de  $OR$  aparece no Teste Exato de Fisher. No exemplo de capacete e trauma, temos:

```
tbla <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tbla) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tbla) <- c("Capacete +", "Capacete -")
print(tbla)
ft <- fisher.test(tbla) # Teste de OR robusto
print(ft)
```

	Trauma +	Trauma -
Capacete +	17	138
Capacete -	130	508

#### Fisher's Exact Test for Count Data

```
data: tbla
p-value = 0.005688
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
0.2630993 0.8357342
sample estimates:
odds ratio
0.4817645
```

- decisão pelo intervalo de confiança

A estimativa pontual de *odds ratio* está em `ft$estimate=0.4817645`, mas para a decisão é obrigatório verificar seu intervalo de confiança 95% (*IC95*), com limites inferior e superior respectivamente guardados em `ft$conf.int[1]=0.2630993` e `ft$conf.int[2]=0.8357342`.

Como a ausência de efeito é dada por  $OR = 1$  (correspondendo a  $H_0$ ) e este valor unitário está fora do intervalo, rejeita-se  $H_0$ . Além disto, o *IC95* é menor que o esperado por  $H_0$  e, portanto, o uso de capacete está associado com redução dos traumas cranianos.



Caso a tabela fosse construída com as colunas em posições trocadas, obter-se-ia o seguinte:

	Trauma -	Trauma +
Capacete +	138	17
Capacete -	508	130

#### Fisher's Exact Test for Count Data

```
data: tabela
p-value = 0.005688
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
1.196553 3.800847
sample estimates:
odds ratio
2.075703
```

O *odds ratio* é agora maior que o valor unitário, o qual está fora do intervalo, rejeitando-se a hipótese nula e a associação é positiva: a conclusão é a mesma, o uso de capacete está associado com o aumento de “Trauma -”, portanto é protetor.

Aliás, observe que

```
print(1/ft$estimate)
```

```
odds ratio
0.4817645
```

```
print(1/ft$conf.int)
```

```
[1] 0.8357342 0.2630993
attr(,"conf.level")
[1] 0.95
```

são os mesmos valores obtidos anteriormente.

## *RR* e *OR* em *epitools*

Há outros pacotes em R que calculam *risk ratio* e *odds ratio*, como por exemplo:

```
library(epitools)

tabela <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tabela) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tabela) <- c("Capacete +", "Capacete -")

epitools::oddsratio(tabela, method="fisher")
```

que produz os mesmos valores para a estimativa pontual e intervalo de confiança que o teste exato de Fisher:

```
$data
      Trauma + Trauma - Total
Capacete +      17      138    155
Capacete -     130      508    638
Total          147      646    793

$measure
NA
odds ratio with 95% C.I. estimate      lower      upper
Capacete + 1.0000000      NA      NA
Capacete - 0.4817645 0.2630993 0.8357342

$p.value
NA
two-sided   midp.exact fisher.exact chi.square
Capacete +      NA      NA      NA
Capacete - 0.005088331 0.005688151 0.006857643

$correction
[1] FALSE

attr(,"method")
[1] "Conditional MLE & exact CI from 'fisher.test'"
```

Há mais três métodos disponíveis, de acordo com a documentação da função.

A library *epitools* também permite o cálculo de *RR* com intervalo de confiança. Ainda que não seja adequada para o presente exemplo, verifiquem sua sintaxe. Há três métodos disponíveis, como por exemplo:

```
library(epitools)

tabela <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tabela) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tabela) <- c("Capacete +", "Capacete -")

epitools::riskratio(tabela, method="wald")
```

```
$data
      Trauma + Trauma - Total
Capacete +      17      138    155
Capacete -     130      508    638
Total          147      646    793

$measure
      NA
risk ratio with 95% C.I. estimate    lower      upper
      Capacete + 1.0000000             NA         NA
      Capacete - 0.8943256 0.8357184 0.9570428

$p.value
      NA
two-sided   midp.exact fisher.exact chi.square
      Capacete +        NA        NA        NA
      Capacete - 0.005088331 0.005688151 0.006857643

$correction
[1] FALSE

attr(,"method")
[1] "Unconditional MLE & normal approximation (Wald) CI"
```

e também uma variante com bootstrapping:

```
library(epitools)

tabela <- as.table(matrix(c(17, 138, 130, 508), nrow = 2, byrow = TRUE))
colnames(tabela) <- c("Trauma +", "Trauma -")
rownames(tabela) <- c("Capacete +", "Capacete -")

epitools::riskratio(tabela, replicates=1e6)
```

```
$data
      Trauma + Trauma - Total
Capacete +      17      138    155
Capacete -     130      508    638
Total          147      646    793

$measure
      NA
risk ratio with 95% C.I. estimate      lower      upper
      Capacete + 1.0000000             NA             NA
      Capacete - 0.8943256 0.8357184 0.9570428

$p.value
      NA
two-sided      midp.exact fisher.exact chi.square
      Capacete +        NA        NA        NA
      Capacete - 0.005088331 0.005688151 0.006857643

$correction
[1] FALSE

attr(,"method")
[1] "Unconditional MLE & normal approximation (Wald) CI"
```



Lembre-se de nunca decidir a respeito de *risk ratio* ou *odds ratio* sem considerar o intervalo de confiança. Por isso, evite fazer o cálculo manualmente: use R!

## Dois códigos úteis, com vários dos elementos apresentados neste texto

### 4

### Simulação e Gráficos

## 1. tabelacontingencia2x2\_capacetetrauma.R

Em *tabelacontingencia2x2\_capacetetrauma.R* (*tabelacontingencia2x2\_capacetetrauma.R*), que você pode adaptar para as suas necessidades, processamos o mesmo exemplo (procure a função *sink()* que desvia o resultado da tela para um arquivo texto). Além da estatística  $X^2$ , computamos outros valores interessantes. Observe sua saída (*tabelacontingencia2x2\_capacetetrauma.txt*):

```
source("tabelacontingencia2x2_capacetetrauma.R")
```

Resultados armazenados em tabelacontingencia2x2\_capacetetrauma.txt

Em *Qui2.R* (*Qui2.R*) também processamos o mesmo exemplo. Esta versão aplica bootstrapping de um jeito mais manual e produz gráficos associados aos conceitos que discutimos.

Execute com:

```
source("Qui2.R")
```

fornecendo:

\*\*\*\* TABELA DE CONTINGÊNCIA \*\*\*\*

Considere:

	Coluna+	Coluna-	
Linha +	a	b	Total lin. +
Linha -	c	d	Total lin. -
	Total col. +	Total col. -	Total geral

Informe:

Nome nas linhas (ate 10 letras): **Capacete**

Nome nas colunas (ate 10 letras): **Trauma**

Definido:

	Trauma +	Trauma -	
Capacete +	a	b	Total de Trauma +
Capacete -	c	d	Total de Trauma -
	Total de Capacete +	Total de Capacete -	Total geral

Forneca os valores de a, b, c, d:

a: **17**

b: **138**

c: **130**

d: **508**

Defina alfa = prob. erro do tipo I).

(número entre 0 e 1, default = 0.05).

alfa: **0.05**

Quantas iteracoes para simular?

(entre um numero inteiro; default n=1e4)

iteracoes: **1e4**

Exibir tabelas? (exibir lentifica a simulacao)

0=nao, 1=sim; default eh 0: **0**

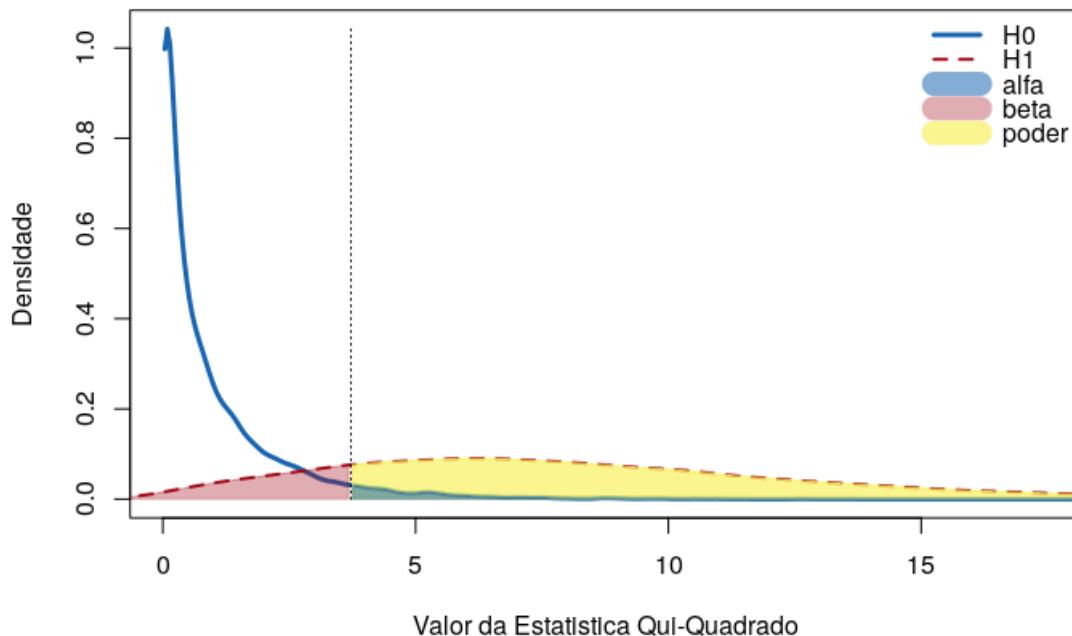
Observe a simulação em andamento na área de *Plots*. Quando terminar, procure os gráficos finalizados. Os principais são:

- as distribuições de  $\chi^2$  para a hipótese nula e para o valor observado de  $H_1$ :



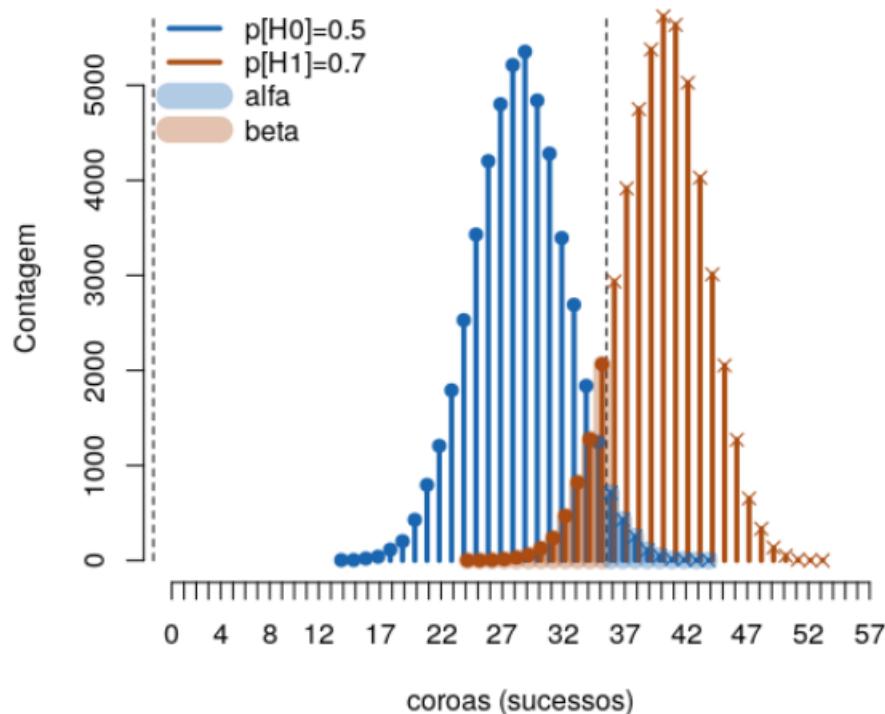
O valor de  $\beta$  e o poder associados, aqui, são os valores *a posteriori*, portanto inúteis para qualquer decisão

**Capacete x Trauma (n=793, 10000 Iteracoes)**



**Flashback:**

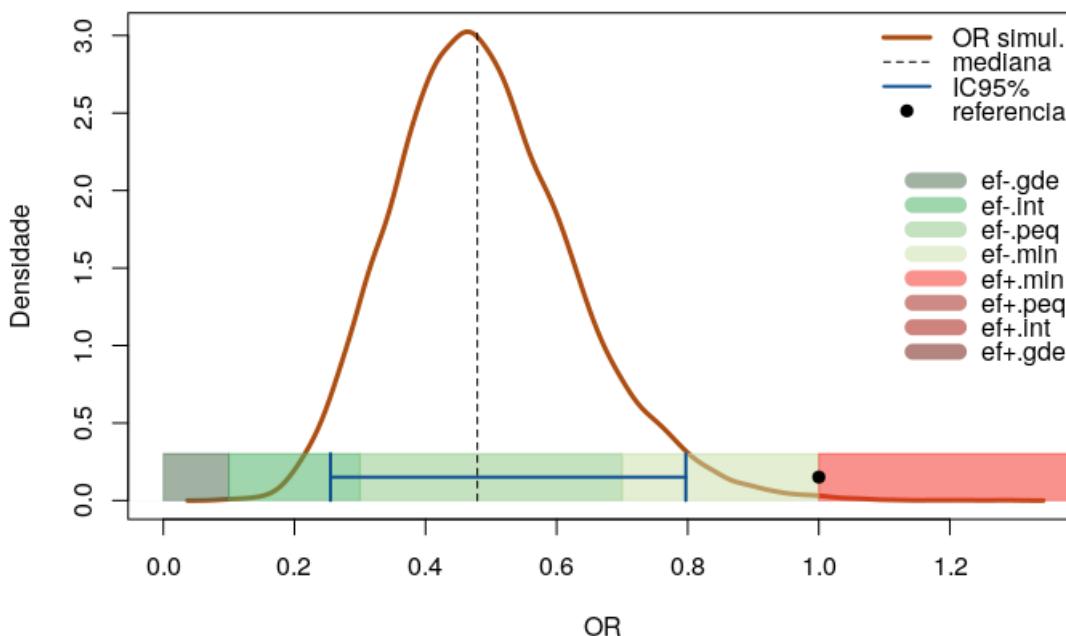
Recorde a tomada de decisão com a distribuição binomial:



A estatística e o formato das distribuições mudam (em função, também, do tipo de variável), mas as áreas de  $\alpha$ ,  $\beta$  e o raciocínio são os mesmos.

- a distribuição, com intervalo de confiança, do *odds ratio* simulado (compare com o obtido acima), indicando a rejeição de  $H_0$  (o valor 1, de referência, está fora do intervalo) e que seu efeito está entre mínimo a intermediário:

**Distribuição do Odds-ratio**





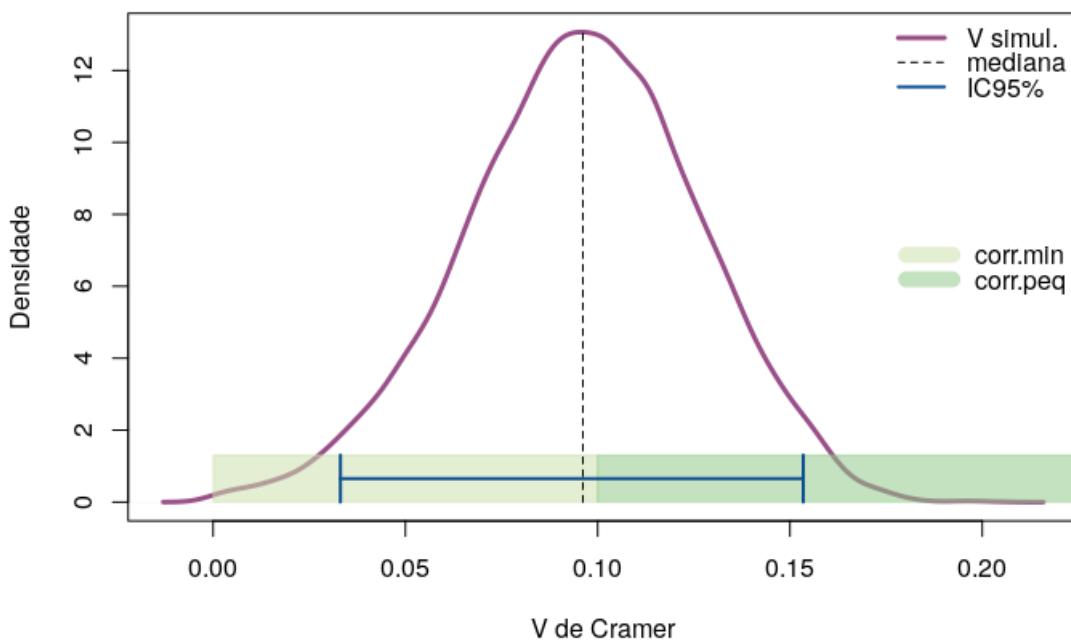
*Odds ratio* é uma medida da intensidade de associação entre duas variáveis nominais dicotômicas de exposição e desfecho.

De acordo com SHARPE, D. (2015) Your chi-square test is statistically significant: now what? Practical Assessment, Research & Evaluation, 20(8). É, também, uma medida de tamanho de efeito (não depende do tamanho da amostra, é adimensional e adirecional) e sua intensidade pode ser classificada em:

- OR para categoria de proteção
  - Grande:  $OR < 0,1$
  - Intermediária:  $0,1 \leq OR < 0,3$
  - Pequena:  $0,3 \leq OR < 0,7$
  - Mínima:  $0,7 \leq OR < 1$
- OR para categoria de risco
  - Mínima:  $1 < OR \leq 1,5$
  - Pequena:  $1,5 < OR \leq 3,5$
  - Intermediária:  $3,5 < OR \leq 9$
  - Grande:  $OR > 9$

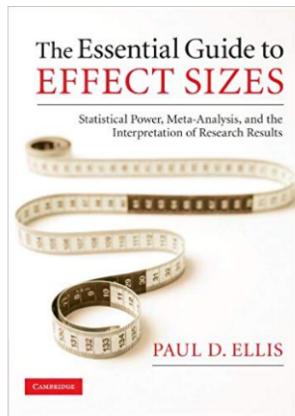
- a distribuição do tamanho de efeito (V de Cramer), mostrando que o efeito, apesar de significante, está entre mínimo e pequeno:

**Distribuição do V de Cramer**





O programa já indica o tamanho de efeito de acordo com



**Capa comum:** 173 páginas  
**Editora:** Cambridge University Press; Edição: 1 (1 de setembro de 2010)  
**Idioma:** Inglês  
**ISBN-10:** 0521142466  
**ISBN-13:** 978-0521142465

O V de Cramer é uma medida do grau de correlação absoluta entre duas variáveis nominais:

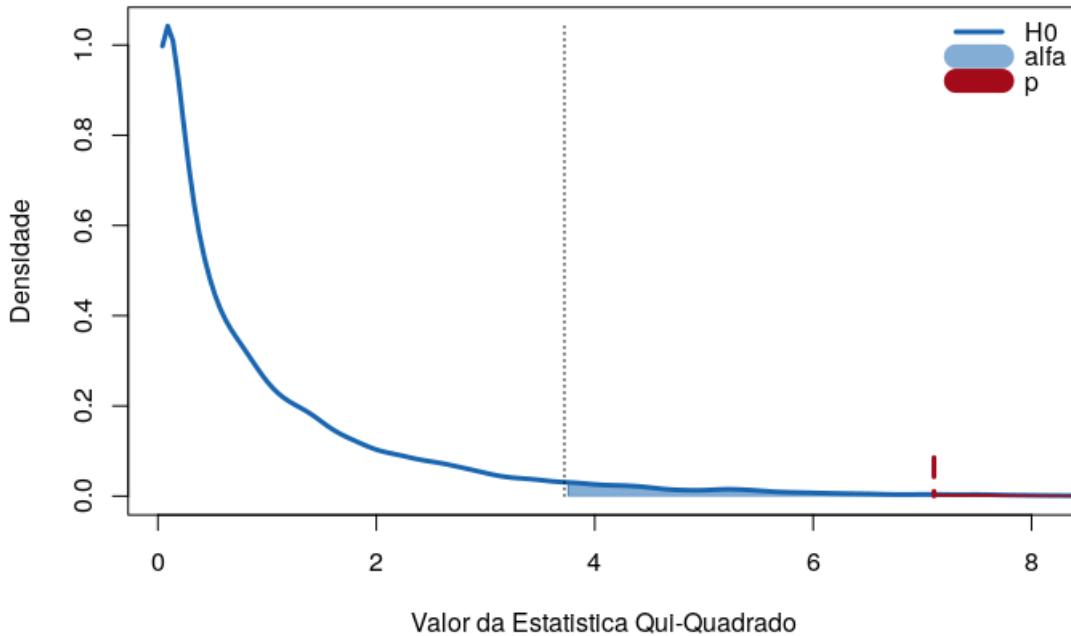
- não depende do total de observações independentes
- não depende do número de linhas e colunas da TC
- é adimensional e varia entre 0 (independência) e 1 (dependência)

Tamanho de efeito:

- $0 \leq V < 0.1$  : mínimo
- $0.1 \leq V < 0.3$  : pequeno
- $0.3 \leq V < 0.5$  : intermediário
- $V \geq 0.5$  : grande

- 
- novamente a distribuição de  $\chi^2$ , mas aqui exibe somente  $H_0$  e o valor-p, indicando a rejeição de  $H_0$ :

### Capacete x Trauma (n=793, 10000 Iteracoes)



## 2. tabelas LxC

O teste Qui-quadrado opera em tabelas maiores, com  $L$  linhas e  $C$  colunas.

Por exemplo, três quimioterápicos foram comparados quanto ao efeito colateral (náusea). Considere  $\alpha = 0.05$ . Há diferença entre as drogas?

Os dados obtidos foram:

	Nausea	Sem_nausea
Droga A	3	5
Droga B	7	2
Droga C	6	3

Em *Qui2\_LxC.R* (*Qui2\_LxC.R*) implementamos este exemplo (versão robusta):

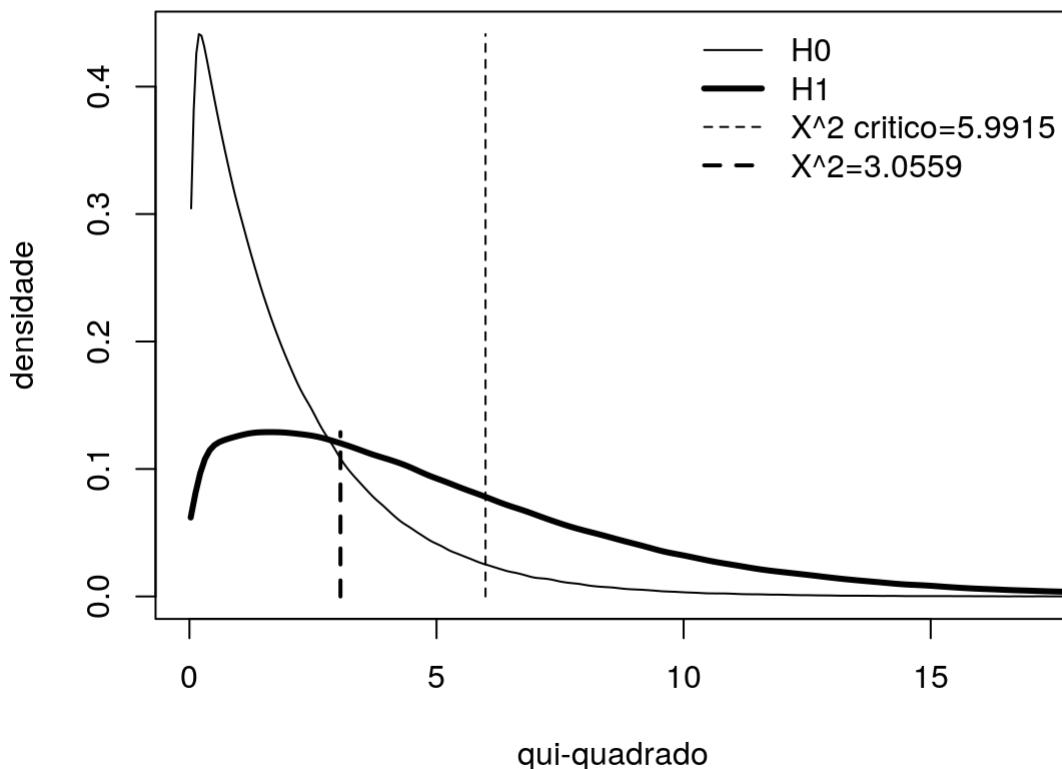
```
source("Qui2_LxC.R")
```

	ComNausea	SemNausea
A	3	5
B	7	2
C	6	3

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: tcrxc
X-squared = 3.0559, df = NA, p-value = 0.2744
```

```
V de Cramer = 0.3428334
```



Observe que não rejeita-se  $H_0$ . Os dois critérios são sempre equivalentes:

- o  $X^2$  calculado é menor que  $\chi_c^2$
- $p > \alpha$

Abra o código para ver como foi implementado este teste.

## Comentários sobre os métodos tradicionais

### 5

#### Condições para o teste Qui-quadrado (métodos não robustos)

Antes das implementações computacionais e a facilidade do uso do R, a partir de uma tabela 2x2 era necessário construir a tabela dos valores esperados.

- Valores observados:

		Trauma + Trauma -	
		Capacete +	17      138      155
		Capacete -	130      508      638
		147	646      793

- Valores esperados:

Trauma + Trauma -	
Capacete +	28.7      126.3
Capacete -	118.3      519.7

Cada valor esperado é obtido pelo produto das marginais, dividido pelo total geral:

- $(147 \cdot 155)/793 \approx 28.7$
- $(147 \cdot 638)/793 \approx 118.3$
- $(646 \cdot 155)/793 \approx 126.3$
- $(646 \cdot 638)/793 \approx 519.7$

Avaliando os dados observados e os valores esperados, era necessário verificar se o teste Qui-quadrado podia ser aplicado. Eram as seguintes condições:

SIEGEL, S. & CASTELLAN Jr., N.J. (1988) Nonparametric statistics for the behavioral sciences. 2<sup>a</sup> ed. NY: McGraw-Hill, p. 123:

- O teste exato de Fisher para testar independência é adequado apenas para tabela de contingência 2x2 se  $N < 20$
- Se  $N$  entre 20 e 40, o teste Qui-quadrado de Pearson pode ser usado se todas as frequências esperadas são maiores que 5.
- Se  $N > 40$ , o teste Qui-quadrado de Pearson com correção de Yates pode ser usado.

COCHAN, W.G. (1954) Some Methods for Strengthening the Common  $\chi^2$  Tests. Biometrics: 10(4): 417-451:

- Um valor esperado mínimo de 1 em alguma célula é permitido, desde que não mais que 20% das células tenham valor abaixo de 5

Então, o valor de  $X^2$  era dado por

$$X^2 = \sum \frac{(\text{observado} - \text{esperado})^2}{\text{observado}}$$

neste exemplo calculado por:

$$X^2 = \frac{(17-28.7)^2}{28.7} + \frac{(138-126.3)^2}{126.3} + \frac{(130-118.3)^2}{118.3} + \frac{(508-519.7)^2}{519.7} \approx 7.31$$

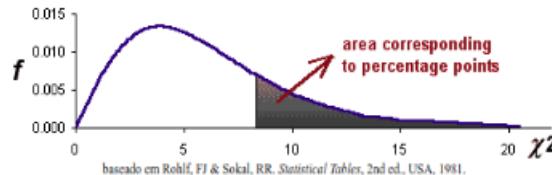
ou, em tabelas 2x2, era recomendado usar a correção de continuidade de Yates, dada por:

$$X^2 = \sum \frac{(|\text{observado} - \text{esperado}| - 0.5)^2}{\text{observado}}$$

Neste exemplo:

$$X^2 = \frac{(|17-28.7|-0.5)^2}{28.7} + \frac{(|138-126.3|-0.5)^2}{126.3} + \frac{(|130-118.3|-0.5)^2}{118.3} + \frac{(|508-519.7|-0.5)^2}{519.7} \approx 6.7$$

Então, era necessário consultar uma tabela com os valores críticos de  $\chi^2_c$  previamente calculados para a tomada de decisão (sem obter, portanto, o valor- $p$ ). A tabela permitia escolher o valor de  $\alpha$  e, sabendo-se os graus de liberdade (neste caso  $\nu = 1$ ), localizar  $\chi^2_c$  (neste exemplo igual a 3.841):



baseado em Rohlif, FJ & Sokal, RR. *Statistical Tables*, 2nd ed., USA, 1981.

$\alpha$	0.995	0.975	0.9	0.5	0.1	0.05	0.025	0.01	0.005	0.001
<b>V 1</b>	0.000	0.001	0.016	0.455	2.706	3.841	5.024	6.635	7.879	10.827
<b>2</b>	0.010	0.051	0.211	1.386	4.605	5.991	7.378	9.210	10.597	13.815
<b>3</b>	0.072	0.216	0.584	2.366	6.251	7.815	9.348	11.345	12.838	16.266
<b>4</b>	0.207	0.484	1.064	3.357	7.779	9.488	11.143	13.277	14.860	18.466
<b>5</b>	0.412	0.831	1.610	4.351	9.236	11.070	12.832	15.086	16.750	20.515
<b>6</b>	0.676	1.237	2.204	5.348	10.645	12.592	14.449	16.812	18.548	22.457
<b>...</b>										
<b>114</b>	78.862	86.342	95.128	113.334	133.729	139.921	145.441	152.037	156.637	166.406
<b>115</b>	79.691	87.213	96.043	114.334	134.813	141.030	146.571	153.190	157.808	167.609
<b>116</b>	80.522	88.084	96.958	115.334	135.898	142.138	147.700	154.344	158.977	168.813
<b>117</b>	81.353	88.955	97.874	116.334	136.982	143.246	148.829	155.497	160.146	170.014
<b>118</b>	82.185	89.827	98.790	117.334	138.066	144.354	149.957	156.648	161.314	171.216
<b>119</b>	83.018	90.700	99.707	118.334	139.149	145.461	151.084	157.799	162.481	172.417
<b>120</b>	83.852	91.573	100.624	119.334	140.233	146.567	152.211	158.950	163.648	173.618

Caso  $\chi^2$  não atendesse as exigências para ser aplicado, a alternativa (se fosse tabela 2x2) era o Teste Exato de Fisher. Este envolve calcular o valor- $p$  por fatoriais de tabelas progressivamente mais extremas. Por exemplo:

		Possível efeito		
		Sim	Não	
Exposição	Sim	3	9	12
	Não	7	1	8
		10	10	20
Esperado:		Sim	Não	
		6	6	12
Exposição	Sim	6	6	12
	Não	4	4	8
		10	10	20

*Não pode Usar  $\chi^2$*

A probabilidade de obtermos esta tabela de frequência observada é dada por:

$$\boxed{\begin{matrix} 3 & 9 \\ 7 & 1 \end{matrix}} \quad p_1 = \frac{(a+b)!(c+d)!(a+c)!(b+d)!}{N!a!b!c!d!} = \frac{12!8!10!10!}{20!3!9!7!1!} = 0,00953$$

**Reducir de 1** a casela com menor frequência:

$$\boxed{\begin{matrix} 3 & 9 \\ 7 & 1 \end{matrix}} \rightarrow \boxed{\begin{matrix} 2 & 10 \\ 8 & 0 \end{matrix}} \quad p_2 = \frac{12!8!10!10!}{20!2!10!8!0!} = 0,000357$$

$$p' = p_1 + p_2 = 0,0095261 + 0,000357 = 0,0098838$$

$$p = 2 \times 0,0098838 = 0,019766$$

Neste caso o valor exato de  $p$  era calculado e comparado diretamente com  $\alpha$  para a tomada de decisão.

## O que diz a literatura mais recente sobre estes métodos tradicionais e não robustos?

### **Is there still a place for Pearson's chi-squared test and Fisher's exact test in surgical research?**

© 2011 The Author

ANZ Journal of Surgery © 2011 Royal Australasian College of Surgeons

ANZ J Surg 81 (2011) 923–926

**Table 2A** Number of articles containing the listed phrases published in the decade 2001–2011 in three surgical journals, according to Google Scholar, together with Impact Factors

Phrase	ANZ J. Surg. (IF: 1.34)	Surgery (IF: 3.60)	Br. J. Surg. (IF: 4.08)	Ann. Surg. (IF: 7.90)
Chi-squared test	109	1700	371	141
Fisher's exact test	66	8580	462	1490
Fisher–Freeman–Halton	1	20	2	5
Cochran–Armitage	2	149	6	31

IF, Impact Factors 2010.

### **Conclusions**

I cannot do other than conclude that Pearson's chi-squared test and Fisher's exact test should almost never be used to analyse the results of surgical studies. The grounds for this conclusion are as follows:

- (1) These tests have prerequisites that can rarely, if ever, be fulfilled in real-life studies (see Table 3).
- (2) Both these procedures test very non-specific hypotheses (see Table 3). It is much better to use procedures that are designed to detect inequality of proportions, a ratio of proportions that differs from unity or a trend in proportions.
- (3) It is better to use exact permutation tests rather than approximate tests based on the chi-squared or normal distributions.



## Métodos avançados

### **Análise post hoc**

Esta análise permite, quando se rejeita  $H_0$ , localizar quais células da tabela de contingência mais contribuíram para esta rejeição.

### **exemplo: etilismo e tabagismo**

Para descobrir se existe uma relação entre tabagismo e etilismo a partir de um estudo realizado com 100 estudantes universitários, encontrou-se:

	Tabagista	Não tabagista
Etilista	50	15
Não etilista	20	25



A manipulação de dados em R é poderosa, mas nem sempre fácil. Para a entrada de dados na forma de uma matriz 2x2 o seguinte código funciona:

```
Tabela <- "
TC2x2      Tabagista NaoTabagista
Etilista    50        15
NaoEtilista 20        25
")
TC <- as.matrix(read.table(textConnection(Tabela),
                           header=TRUE, row.names=1))
print(TC)
```

Obtendo-se:

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	50	15
NaoEtilista	20	25

O problema está na entrada de dados. Somente espaços em branco podem ser usados para a montagem da tabela. O alinhamento é visual, mas não necessário para o R. Funciona igualmente

```
Tabela <- "
Tabagista NaoTabagista
Etilista 50 15
NaoEtilista 20 25
")
TC <- as.matrix(read.table(textConnection(Tabela),
                           header=TRUE, row.names=1))
print(TC)
```

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	50	15
NaoEtilista	20	25

Portanto, pode ser ruim a visualização de sua entrada.

Uma opção mais “limpa” é sempre colocar os dados em planilhas no formato .xls ou .xlsx e usar a função `readxl::read_excel()` para utilizá-los em R:

	A	B	C
1		Tabagista	NaoTabagista
2	Etilista		15
3	NaoEtilista		25

Esta planilha é tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx (tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx), lida por

```
TCnew <- read_excel("tabagismo_e_etilismo_2x2.xlsx")
```

```
New names:
* `` -> ...1
```

```
print(TCnew)
```

```
# A tibble: 2 x 3
...1      Tabagista NaoTabagista
<chr>    <dbl>       <dbl>
1 Etilista     50        15
2 NaoEtilista  20        25
```

A função `read_excel()` avisa que teve que suprir um nome (por causa da célula A1 que está vazia), mas esta célula será desprezada adiante.

No entanto, temos um problema a resolver. A função `read_excel()` produz um *data frame* e a função `chisq.test()` precisa de uma matriz para sua entrada:

```
is.data.frame(TCnew)
```

```
[1] TRUE
```

```
is.matrix(TCnew)
```

```
[1] FALSE
```

Temos, portanto, que converter **TCnew** para a representação em *matrix*. Existe uma função para isto:

```
TCmatrix <- data.matrix(TCnew)
```

```
Warning in data.matrix(TCnew) : NAs introduced by coercion
```

```
is.matrix(TCmatrix)
```

```
[1] TRUE
```

```
print(TCmatrix)
```

```
...1 Tabagista NaoTabagista
[1,] NA      50        15
[2,] NA      20        25
```

Ainda não é o desejado. **TCmatrix** tem 2 linhas mas 3 colunas, além de ter perdido os nomes das linhas que **TCnew** trazia em sua primeira coluna:

```
nrow(TCmatrix)
```

```
[1] 2
```

```
ncol(TCmatrix)
```

```
[1] 3
```

```
rownames(TCmatrix)
```

```
NULL
```

```
print(TCnew[,1])
```

```
# A tibble: 2 x 1
...1
<chr>
1 Etilista
2 NaoEtilista
```

A solução, portanto, é transferir o conteúdo de **TCnew** como nomes das linhas de **TCmatrix** e, então, deletar a coluna 1 de **TCmatrix** que contém valores *NA*.

```
rownames(TCmatrix) <- as.character(unlist(TCnew[1:2,1]))
TCmatrix <- TCmatrix[,-1]
print(TCmatrix)
```

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	50	15
NaoEtilista	20	25

Colocando tudo junto, para terminar com uma matriz chamada **TC** (como era originalmente), podemos ler a planilha em uma variável (e.g., **TCtmp**), reorganizar seu conteúdo em **TC** e remover **TCtmp** da memória com a função *remove()*. O código enxuto é:

```
TCtmp <- read_excel("tabagismo_e_etilismo_2x2.xlsx")
```

```
New names:
* `` -> ...1
```

```
TC <- data.matrix(TCtmp)
```

```
Warning in data.matrix(TCtmp): NAs introduced by coercion
```

```
rownames(TC) <- as.character(unlist(TCtmp[1:2,1]))  
TC <- TC[,-1]  
remove(TCtmp)  
print(TC)
```

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	50	15
NaoEtilista	20	25

Uma mensagem:

Warning in data.matrix(TCnew): NAs introduced by coercion

apareceu aqui. *Warnings* são avisos do R que não impedem o funcionamento do programa (avalie, caso a caso, se precisa corrigir algo; aqui não é necessário). Adiante mostramos como é removê-la.

Neste exemplo, o objetivo é executar o teste Qui-quadrado mas, no caso de rejeitar-se  $H_0$ , executar uma análise post hoc. Observe o código de TabelaContingencia2x2\_TabagismoEtilismo.R (TabelaContingencia2x2\_TabagismoEtilismo.R) que pega os dados da planilha tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx (tabagismo\_e\_etilismo\_2x2.xlsx):

```
# TabelaContingencia2x2_TabagismoEtilismo.R

# desabilita warnings
options(warn=-1)

# Tabela de Dancey&Reidy (2019, p. 275)
TCtmp <- read_excel("tabagismo_e_etilismo_2x2.xlsx")
TC <- data.matrix(TCtmp)
rownames(TC) <- as.character(unlist(TCtmp[1:2,1]))
TC <- TC[, -1]
remove(TCtmp)
cat("\n-----\n")
cat("Dados:")
cat("\n-----\n")
print(TC)

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia estatistica:")
cat("\n-----\n")
alfa <- 0.05

cat("\nTeste qui-quadrado de Pearson exato:\n")
print(res <- chisq.test(TC, simulate.p.value=TRUE, B=1e6))
cat("X^2 critico de 95% = ", qchisq(p=1-alfa, df=1), "\n", sep="")
N <- sum(res$observed)
nL <- nrow(TC) # ou dim(TC)[1]
nC <- ncol(TC) # ou dim(TC)[2]
df <- (nL-1)*(nC-1)
X2 <- res$statistic # estatistica de teste qui-quadrado
cat("Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): ", df, "\n", sep="")
cat("Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): ", X2/df, "\n", sep="")

cat("\n-----\n")
cat("Analise post hoc:")
cat("\n-----\n")
cat("\nResiduos ajustados standardizados corrigidos por momento (MCSTARs):\n")
STAR <- res$stdres # STandardized Adjusted Residual (STAR)
MCSTAR <- STAR/(sqrt((1-1/nL)*(1-1/nC))) # Moment-correct (MCSTAR)
print(MCSTAR)
alfaBonf <- alfa/df
zcrit <- abs(qnorm(alfaBonf/2))
cat("\n|MCSTAR critico| (alfaBonferroni=5%/", df, ") = ", zcrit, "\n", sep="")

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia pratica:")
cat("\n-----\n")
phi2 <- X2/N # phi ou w de Cohen
Dim <- min(nL, nC)-1 # dimensoes da TC: dim = max(phi^2)
V <- sqrt(phi2/Dim) # V ou C de Cramer
if (0 <= V & V < 0.1) {gV <- "minimo"}
if (0.1 <= V & V < 0.3) {gV <- "pequeno"}
```

```
if (0.3 <= V & V < 0.5) {gV <- "intermediario"}  
if (0.5 <= V & V <= 1.0) {gV <- "grande"}  
cat("\nV de Cramer =", V, "\nGrau", gV,  
    "de dependencia entre as duas variaveis nominais\n")  
  
cat("\nTeste de razao de chances (OR) robusto:\n")  
resft <- fisher.test(TC,conf.level = 1-alfa) # Teste de OR robusto  
print(resft)  
  
# reabilita warnings  
options(warn=0)
```

que produz a seguinte saída:

```
New names:  
* `` -> ...1
```

Dados:

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	50	15
NaoEtilista	20	25

Analise de significancia estatistica:

Teste qui-quadrado de Pearson exato:

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: TC
X-squared = 12.121, df = NA, p-value = 0.000666
```

X^2 critico de 95% = 3.841459

Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): 1

Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): 12.12149

Analise post hoc:

Residuos ajustados standardizados corrigidos por momento (MCSTARs):

	Tabagista	NaoTabagista
Etilista	6.963186	-6.963186
NaoEtilista	-6.963186	6.963186

|MCSTAR critico| (alfaBonferroni=5%/1) = 1.959964

Analise de significancia pratica:

V de Cramer = 0.3319569

Grau intermediario de dependencia entre as duas variaveis nominais

Teste de razao de chances (OR) robusto:

```
Fisher's Exact Test for Count Data
```

```
data: TC
p-value = 0.0006368
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
1.694576 10.331999
sample estimates:
```

```
odds ratio
4.107342
```

A novidade está na sessão **Resíduos ajustados standardizados corrigidos por momento (MCSTARs)**. Analise pelos valores positivos acima do valor assinalado como **[MCSTAR critico]**: são escores  $z$  relativos a quanto cada célula contribuiu para o qui-quadrado estimado. Neste exemplo, a diagonal principal é a responsável pela rejeição de  $H_0$ , indicando associação concordante entre etilismo e tabagismo.



A única “sujeira” deste código é:

```
New names:
* `` -> ...1
```

Isto desaparece se colocarmos algo, que será desprezado, na célula A1 da planilha. Experimente rodar o código com a planilha `tabagismo_e_etilismo_2x2_v2.xlsx` (`tabagismo_e_etilismo_2x2_v2.xlsx`).

Note, também, o uso das linhas:

```
options(warn=-1)
[...]
options(warn=0)
```

que são as responsáveis por inibir os *warnings* do código (só as use depois que seu código estiver correto; *warnings* são importantes para evitar erros enquanto desenvolve um *script*).

## Qui-quadrado mínimo

STATISTICAL METHODS

Epidemiology Biostatistics and Public Health - 2018, Volume 15, Number 3



# A significant minimization of Pearson's $\chi^2$ statistics in 2x2 contingency tables: preliminary results for small samples

Nicola Serra Ph.D.

(1) Department of Pediatrics, School of Medicine and Surgery, University Federico II of Naples, Italy - E-mail: [nicola.serra@unina.it](mailto:nicola.serra@unina.it)

<https://ebph.it/article/view/12949> (<https://ebph.it/article/view/12949>)

Segundo este autor, a correção de Yates não deve ser usada:

**ABSTRACT**

The Pearson's chi-square test or  $\chi^2$  test represents a nonparametric test more used in Medicine, Biology and Social Sciences, but it introduces some error for 2x2 contingency tables, therefore Yates introduces a continuity correction. This correction produces a very conservative result of  $\chi^2$  statistics with overestimation of p-value and consequently a type II error is very likely. The goal of this paper is to define, with a statistical approach, a significant minimization of Pearson's  $\chi^2$  statistics for small data sample, based on the concept of the arithmetic mean, that could be a possible efficient statistic for reducing the type II error in the calculation of p-value.

**Key words:** Pearson's  $\chi^2$  statistics; Yates's continuity correction; 2x2 contingency table; minimized Pearson's  $\chi^2$  statistics; Monte Carlo simulation; Fisher's exact test

We conclude that for small samples, the performance of Fisher's exact test and  $\chi^2_{\min}$  test were statistically equal.

Note a relação entre esta forma de calcular o qui-quadrado e o *odds-ratio*:

$$\begin{aligned} \chi^2 &= \frac{(ad-bc)^2 N}{r_1 r_2 c_1 c_2} = \frac{(ad-bc)^2 N}{G^4} \geq \frac{(ad-bc)^2 N}{\bar{X}^4} = \\ &= \frac{(ad-bc)^2 N}{\left(\frac{r_1+r_2+c_1+c_2}{4}\right)^4} = \frac{(ad-bc)^2 N}{\left(\frac{N}{2}\right)^4} = \\ &= \frac{16}{N^3} (ad-bc)^2 = \chi^2_{\min} \end{aligned} \quad \begin{aligned} \text{Odds Ratio} &= \frac{a/b}{c/d} = \frac{ad}{bc} \\ \text{Upper 95% CI} &= e^{[\ln(\text{OR}) + 1.96 \sqrt{(1/a) + (1/b) + (1/c) + (1/d)}]} \\ \text{Lower 95% CI} &= e^{[\ln(\text{OR}) - 1.96 \sqrt{(1/a) + (1/b) + (1/c) + (1/d)}]} \end{aligned}$$

## Qui-quadrado para variáveis ordinais

O teste qui-quadrado tradicional trata os dois fatores com categorias nominais. Há muitos casos, porém, em que estes fatores são ordinais. Embora não seja incorreto utilizar o qui-quadrado (toda variável ordinal é também nominal), alguma informação está sendo perdida.

Existe uma medida, o Gama de Goodman-Kruskal, que considera ambas as variáveis como categóricas ordinais, potencialmente melhorando o resultado do teste. É uma estatística não-paramétrica que mede a força de associação em dados cruzados em tabela, com as hipóteses:

$$H_o : \gamma = 0$$

$$H_a : \gamma \neq 0$$

Neste estudo, Goodman (1979) desenvolve a análise com variáveis ordinais.



## Journal of the American Statistical Association

Publication details, including instructions for authors and subscription information:  
<http://www.tandfonline.com/loi/uasa20>

### Simple Models for the Analysis of Association in Cross-Classifications Having Ordered Categories

Leo A. Goodman <sup>a</sup>

<sup>a</sup> Departments of Statistics and Sociology , University of Chicago , Chicago , IL , 60637 , USA  
 Published online: 05 Apr 2012.

### 3. Cross-Classification of British Male Sample According to Each Subject's Occupational Status Category and His Father's Occupational Status Category, Using Eight Status Categories

Father's Status	Subject's Status							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	50	19	26	8	7	11	6	2
2	16	40	34	18	11	20	8	3
3	12	35	65	66	35	88	23	21
4	11	20	58	110	40	183	64	32
5	2	8	12	23	25	46	28	12
6	12	28	102	162	90	554	230	177
7	0	6	19	40	21	158	143	71
8	0	3	14	32	15	126	91	106

Os dados desta tabela são, originalmente, de:

Duncan, O.D. (1979), How Destination Depends on Origin in the Occupational Mobility Table. American Journal of Sociology, 84, 793-803.

As categorias são as seguintes:

1. I. Professional and high administrative
2. II. Managerial and executive
3. III. Inspectional, supervisory, and other nonmanual (high grade)
4. IV. Inspectional, supervisory, and other nonmanual (lower grade)
5. (V)(a) Routine grades of nonmanual
6. (V)(b) Skilled manual
7. VI. Semiskilled manual
8. VII. Unskilled manual

Portanto, a variável de status ocupacional é, claramente, qualitativa ordinal.



O repositório do R tem mais que pacotes. Há vários bancos de dados armazenados nele, para uso em exemplos. Aqui usaremos os dados deste estudo, disponíveis no pacote “dataset”.

---

Implementado em TCrXc\_StatusOcupacional.R (TCrXc\_StatusOcupacional.R):

```

# TCrXc_StatusOcupacional.R

library(datasets)
library(DescTools)

eiras.show.MCSTAR <- function (MCSTAR, zcrit)
{
  MCSTARtxt <- round(MCSTAR,3)
  for (r in 1:nrow(MCSTAR))
  {
    for (c in 1:nrow(MCSTAR))
    {
      if (MCSTAR[r,c] > zcrit)
      {
        MCSTARtxt[r,c] <- paste("#",MCSTARtxt[r,c],sep="")
      } else
      {
        MCSTARtxt[r,c] <- paste(" ",MCSTARtxt[r,c],sep="")
      }
    }
  }
  return(MCSTARtxt)
}

# desabilita warnings
options(warn=-1)

cat("\n-----\n")
cat("Dados:")
cat("\n-----\n")
# Duncan, O.D. (1979), How Destination Depends on Origin in the
# Occupational Mobility Table. American Journal of Sociology 84, 793-803.
tcrxc <- datasets::occupationalStatus
# para recolocar as categorias originais
categories <- c("I","II","III","IV","Va","Vb","VI","VII")
rownames(tcrxc) <- categories
colnames(tcrxc) <- categories
prmatrix(tcrxc)

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia estatistica:")
cat("\n-----\n")
alfa <- 0.05

cat("\nTeste qui-quadrado de Pearson exato:\n")
print(res <- chisq.test(tcrxc,simulate.p.value=TRUE,B=1e6))
N <- sum(res$observed)
nL <- nrow(tcrxc) # ou dim(TC)[1]
nC <- ncol(tcrxc) # ou dim(TC)[2]
df <- (nL-1)*(nC-1)
cat("X^2 critico de 95% = ",qchisq(p=1-alfa,df=df), "\n", sep="")
X2 <- res$statistic # estatistica de teste qui-quadrado
cat("Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): ", df, "\n", sep)

```

```

= ""))
cat("Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): ", X2/df, "\n", sep = "")

cat("\n-----\n")
cat("Analise post hoc:")
cat("\n-----\n")
cat("\nResiduos ajustados standarizados corrigidos por momento (MCSTARs):\n")
STAR <- res$stdres # STandardized Adjusted Residual (STAR)
MCSTAR <- STAR/(sqrt((1-1/nL)*(1-1/nC))) # Moment-correct (MCSTAR)
alfaBonf <- alfa/df
zcrit <- abs(qnorm(alfaBonf/2))
print(eiras.show.MCSTAR(MCSTAR,zcrit))
cat("\n|MCSTAR critico| (alfaBonferroni=5%/",df,") = ", zcrit, "\n", sep = "")
phi2 <- X2/N # phi ou w de Cohen
Dim <- min(nL,nC)-1 # dimensoes da TC: dim = max(phi^2)

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia pratica:")
cat("\n-----\n")
V <- sqrt(phi2/Dim) # V ou C de Cramer
if (0 <= V & V < 0.1) {gV <- "minimo"}
if (0.1 <= V & V < 0.3) {gV <- "pequeno"}
if (0.3 <= V & V < 0.5) {gV <- "intermediario"}
if (0.5 <= V & V <= 1.0) {gV <- "grande"}
cat("\nV de Cramer =", V, "\nGrau", gV,
    "de dependencia entre as duas variaveis nominais\n")

# Goodman, L. A. (1979) Simple Models for the Analysis of Association
# in Cross-Classifications having Ordered Categories.
# J. Am. Stat. Assoc., 74 (367), 537-552.
gama <- DescTools::GoodmanKruskalGamma(tcrxc)
cat("\nGama de Goodman-Kruskal = ", gama, "\n", sep = "")

# EDWARDES, MD & BALTZAN, M (2000) The generalization of the odds ratio,
# rik ratio and risk difference to rxk tables.
# Statistics in Medicine 19:1901-14.
ORg <- (1+gama)/(1-gama)
cat("\nOR generalizado = (1+",gama,")/(1-",gama,") = ", ORg, "\n", sep = "")

# reabilita warnings
options(warn=0)

```

A saída é:

Dados:

	I	II	III	IV	Va	Vb	VI	VII
I	50	19	26	8	7	11	6	2
II	16	40	34	18	11	20	8	3
III	12	35	65	66	35	88	23	21
IV	11	20	58	110	40	183	64	32
Va	2	8	12	23	25	46	28	12
Vb	12	28	102	162	90	554	230	177
VI	0	6	19	40	21	158	143	71
VII	0	3	14	32	15	126	91	106

Analise de significancia estatistica:

Teste qui-quadrado de Pearson exato:

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: tcrxc
X-squared = 1416, df = NA, p-value = 1e-06
```

X^2 critico de 95% = 66.33865

Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): 49

Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): 28.89877

Analise post hoc:

Residuos ajustados standarizados corrigidos por momento (MCSTARs):  
destination

origin	I	II	III	IV	Va	Vb	VI	VII
I	#28.022	#6.466	#4.851	-2.711	-0.804	-7.091	-4.336	-4.284
II	#6.535	#15.194	#6.477	-0.475	0.201	-6.217	-4.43	-4.437
III	0.706	#6.01	#7.195	#3.979	2.782	-3.966	-6.129	-4.134
IV	-1.369	-0.926	1.7	#6.772	0.826	0.847	-3.453	-5.132
Va	-1.436	0.409	-0.87	0.701	#5.188	-1.363	0.388	-1.982
Vb	-6.546	-6.397	-3.505	-1.856	-0.703	#7.926	0.031	1.551
VI	-4.57	-4.075	-4.744	-3.41	-2.462	0.329	#9.978	2.718
VII	-4.152	-4.315	-4.744	-3.427	-2.901	-0.678	#4.169	#11.153

|MCSTAR critico| (alfaBonferroni=5%/49) = 3.284839

Analise de significancia pratica:

V de Cramer = 0.2404799

Grau pequeno de dependencia entre as duas variaveis nominais

Gama de Goodman-Kruskal = 0.4209053

OR generalizado =  $(1+0.4209053)/(1-0.4209053) = 2.453667$

É praticamente o mesmo código utilizado para o exemplo de tabagismo e etilismo, com algumas diferenças:

- adicionamos uma função, `eiras.show.MCSTAR()` para exibir a matrix resultante de MCSTAR com menor número de casas decimais e símbolos adicionais ("#") para que os valores acima de  $z$  crítico sejam mais facilmente localizados.
- em uma tabela com 8 linhas e 8 colunas não existe definição para o *odds ratio*. No lugar deste, aparece o gama de Godman-Kruskal e um cálculo de OR generalizado.

Apenas para comparação, o teste qui-quadrado comum produziria o seguinte:

```
source("TCrXc_StatusOcupacional.R")
```

Dados:

	I	II	III	IV	Va	Vb	VI	VII
I	50	19	26	8	7	11	6	2
II	16	40	34	18	11	20	8	3
III	12	35	65	66	35	88	23	21
IV	11	20	58	110	40	183	64	32
Va	2	8	12	23	25	46	28	12
Vb	12	28	102	162	90	554	230	177
VI	0	6	19	40	21	158	143	71
VII	0	3	14	32	15	126	91	106

Analise de significancia estatistica:

Teste qui-quadrado de Pearson exato:

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: tcrxc
X-squared = 1416, df = NA, p-value = 1e-06
```

X^2 critico de 95% = 66.33865

Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): 49

Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): 28.89877

Analise post hoc:

Residuos ajustados standarizados corrigidos por momento (MCSTARs):  
destination

origin	I	II	III	IV	Va	Vb	VI	VII
I	#28.022	#6.466	#4.851	-2.711	-0.804	-7.091	-4.336	-4.284
II	#6.535	#15.194	#6.477	-0.475	0.201	-6.217	-4.43	-4.437
III	0.706	#6.01	#7.195	#3.979	2.782	-3.966	-6.129	-4.134
IV	-1.369	-0.926	1.7	#6.772	0.826	0.847	-3.453	-5.132
Va	-1.436	0.409	-0.87	0.701	#5.188	-1.363	0.388	-1.982
Vb	-6.546	-6.397	-3.505	-1.856	-0.703	#7.926	0.031	1.551
VI	-4.57	-4.075	-4.744	-3.41	-2.462	0.329	#9.978	2.718
VII	-4.152	-4.315	-4.744	-3.427	-2.901	-0.678	#4.169	#11.153

|MCSTAR critico| (alfaBonferroni=5%/49) = 3.284839

Analise de significancia pratica:

V de Cramer = 0.2404799

Grau pequeno de dependencia entre as duas variaveis nominais

Gama de Goodman-Kruskal = 0.4209053

OR generalizado =  $(1+0.4209053)/(1-0.4209053) = 2.453667$



Especificamente para tabelas 2x2 existe o  $Q$  de Yule, dado por

$$Q = \frac{ad - bc}{ad + bc}$$

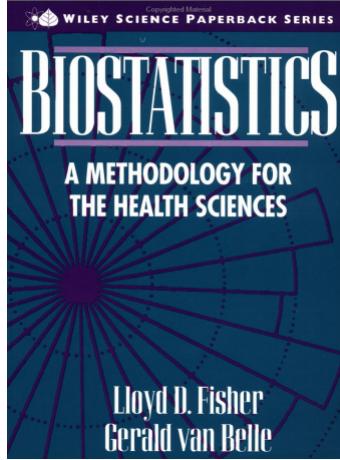
Assim como o Gama de Goodman-Kruskal, varia de  $-1$  a  $+1$ , mas como se aplica a tabelas 2x2, relaciona-se com o *odds-ratio*:

$$Q = \frac{OR - 1}{OR + 1}$$

[https://en.wikipedia.org/wiki/Goodman\\_and\\_Kruskal](https://en.wikipedia.org/wiki/Goodman_and_Kruskal) ([https://en.wikipedia.org/wiki/Goodman\\_and\\_Kruskal](https://en.wikipedia.org/wiki/Goodman_and_Kruskal))  
Uma função está implementada em *psych::Yule(x, Y=FALSE)*, que devolve o  $Q$  de Yule quando  $x$  é uma tabela de frequências absolutas 2x2.

## Qui-quadrado para tendência de Cochran-Armitage

Para situações em que uma variável é ordinal e a outra é nominal, por exemplo quando há um modelo de dose-resposta com um desfecho dicotômico associado a uma exposição que tem mais que dois níveis, é preferível utilizar o teste conhecido como *Cochran-Armitage test for trend*.



### 7.3 CHI-SQUARE TEST FOR TREND IN $2 \times k$ TABLES

There are a variety of techniques for improving the statistical power of  $\chi^2$  tests. Recall that power is a function of the alternative hypothesis. One weakness of the chi-square test is that it is an “omnibus” test; it tests for independence vs. dependence without specifying the nature of the latter. In some cases, a small subset of alternative hypotheses may be specified to increase the power of the chi-square test by defining a special test. One such situation occurs in  $2 \times k$  tables when the alternative hypothesis is that there is an ordering in the variable producing the  $k$  categories. For example, exposure categories can be ordered, and the alternative hypothesis may be that the probability of disease *increases* with increasing exposure.

In this case the row variable takes on one of two states (say + or – for definiteness). For each state of the column variable ( $j = 1, 2, \dots, k$ ), let  $\pi_j$  be the conditional probability of a positive response. The test for trend is designed to have statistical power against the alternatives:

$$H_1 : \pi_1 \leq \pi_2 \leq \dots \leq \pi_k, \quad \text{with at least one strict inequality}$$

$$H_2 : \pi_1 \geq \pi_2 \geq \dots \geq \pi_k, \quad \text{with at least one strict inequality}$$

That is, the alternatives of interest are that the proportion of + responses increases or decreases with the column variable. For these alternatives to be of interest, the column variable will have a “natural” ordering. To compute the statistic, a score needs to be assigned to each state  $j$  of the column variable. The scores  $x_j$  are assigned so that they increase or decrease. Often, the  $x_j$  are consecutive integers. The data are laid out as shown in Table 7.6.

## exemplo: espessura da dobra cutânea e menarca

Os pesquisadores Beckles et al. (1985) estudaram a associação entre a variável de a faixa etária da menarca (< 12 anos e  $\geq 12$  anos) e o fator a espessura da dobra cutânea do tríceps (pequena, intermediária e grande).

Beckles et al. (1985) International Journal of Obesity 9:127-35, apud Kirkwood & Sterne (2003): Chapter 17: Chi-squared tests for 2x2 and larger contingency tables.

Espessura da dobra cutânea do tríceps	Faixa etária da menarca	
	< 12 anos	$\geq 12$ anos
Pequena	15	156
Intermediária	29	197
Grande	36	150



Caso ambas as variáveis sejam consideradas nominais, o teste adequado é o qui-quadrado de Pearson. Caso a variável considerada como exposição seja ordinal e o desfecho seja dicotômico (tabela  $K \times 2$ ), o teste qui-quadrado de Cochran Armitage pode ser usado.

Para comparação, ambos os testes são executados em Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage.R (Teste%20qui-quadrado%20de%20Cochran-Armitage.R):

```

# Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage.R

# Cochran-Armitage test for trend
# Menarca precoce & espessura da dobra cutânea do tríceps
# Fonte: Beckles et al. (1985) International Journal of Obesity 9:127-35,
# apud Kirkwood & Sterne (2003): Chapter 17: Chi-squared tests for 2x2 and
# larger contingency tables.
library(readxl)
library(DescTools)

# desabilita warnings
options(warn=-1)

# Tabela de Dancey&Reidy (2019, p. 275)
TCtmp <- read_excel("menarca.xlsx")
TC <- data.matrix(TCtmp)
rownames(TC) <- as.character(unlist(TCtmp[,1]))
TC <- TC[,-1]
remove(TCtmp)
cat("\n-----\n")
cat("Dados:")
cat("\n-----\n")
print(TC)

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia estatistica:")
cat("\n-----\n")
alfa <- 0.05

cat("\nTeste qui-quadrado de Pearson exato:\n")
print(res <- chisq.test(TC, simulate.p.value=TRUE, B=1e6))
cat("X^2 critico de 95% = ", qchisq(p=1-alfa, df=1), "\n", sep="")
N <- sum(res$observed)
nL <- nrow(TC) # ou dim(TC)[1]
nC <- ncol(TC) # ou dim(TC)[2]
df <- (nL-1)*(nC-1)
X2 <- res$statistic # estatistica de teste qui-quadrado
cat("Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): ", df, "\n", sep="")
cat("Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): ", X2/df, "\n", sep="")

cat("\nTeste qui-quadrado de Cochran-Armitage:\n")
res <- DescTools::CochranArmitageTest(TC)
print(res)
x2ca <- res$statistic^2
p <- res$p.value
cat("\nX-squared trend =", x2ca, ", df = 1, ", "p-value =", p, "\n")

cat("\n-----\n")
cat("Analise de significancia pratica:")
cat("\n-----\n")
phi2 <- X2/N # phi ou w de Cohen

```

```
Dim <- min(nL,nC)-1 # dimensoes da TC: dim = max(phi^2)
V <- sqrt(phi2/Dim) # V ou C de Cramer
if (0 <= V & V < 0.1) {gV <- "minimo"}
if (0.1 <= V & V < 0.3) {gV <- "pequeno"}
if (0.3 <= V & V < 0.5) {gV <- "intermediario"}
if (0.5 <= V & V <= 1.0) {gV <- "grande"}
cat("\nV de Cramer =", V, "\nGrau", gV,
    "de dependencia entre as duas variaveis nominais\n")

# reabilita warnings
options(warn=0)
```

que produz:

Dados:

	menor12	maiorigual12
Pequena	15	156
Intermediaria	29	197
Grande	36	186

Analise de significancia estatistica:

Teste qui-quadrado de Pearson exato:

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1e+06
replicates)
```

```
data: TC
X-squared = 4.7594, df = NA, p-value = 0.09404
```

X^2 critico de 95% = 3.841459

Graus de liberdade (nao fornecidos por bootstrapping): 2

Heuristica de significancia (rej. H0 se X^2/gl > 2): 2.379692

Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage:

```
Cochran-Armitage test for trend
```

```
data: TC
Z = 2.1783, dim = 3, p-value = 0.02938
alternative hypothesis: two.sided
```

X-squared trend = 4.744926 , df = 1, p-value = 0.02938481

Analise de significancia pratica:

V de Cramer = 0.08768596

Grau minimo de dependencia entre as duas variaveis nominais

Compare os valores  $p$  de ambos os testes. Cochran-Armitage, ao considerar a espessura da prega cutânea como “dose”, ordinal, indica significância estatística onde o teste convencional não detectava.

## Cochran-Armitage generalizado

Para desfecho com três ou mais categorias (os desfechos são tratados como variáveis nominais) existe função no pacote `coin::chisq.test`

Um exemplo está em Teste qui-quadrado de Cochran-Armitage generalizado.R (Teste%20qui-quadrado%20de%20Cochran-Armitage%20generalizado.R):

```

library(coin)
library(rcompanion)
# The chisq_test function in the coin package can be used to conduct a test of
# association for a contingency table with one ordered nominal variable and
# one non-ordered nominal variable.
# The Cochran-Armitage test is a special case of this where the
# non-ordered variable has only two categories.
# The scores option is used to indicate which variable should be treated as
# ordered, and the spacing of the levels of this variable.
Job <- matrix(c(1,2,1,0, 3,3,6,1, 10,10,14,9, 6,7,12,11), 4, 4,
               dimnames = list(income = c("< 15k", "15-25k", "25-40k", "> 40k"),
                               satisfaction = c("VeryD", "LittleD",
                                                 "ModerateS", "VeryS"))))
Job <- as.table(Job)
print(coin::chisq_test(Job, scores = list("income"= c(1, 2, 3, 4))))
# Teste post hoc
print(ph <- rcompanion::pairwiseOrdinalIndependence(Job, compare="column"))
try(rcompanion::cldList(p.value ~ Comparison, data = ph, threshold = 0.05))

```

que produz:

Loading required package: survival

Attaching package: 'survival'

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

ratetable

#### Asymptotic Generalized Pearson Chi-Squared Test

```

data: satisfaction by
  income (< 15k < 15-25k < 25-40k < > 40k)
chi-squared = 3.1362, df = 3, p-value = 0.3711

      Comparison p.value p.adjust
1 VeryD : LittleD 0.451    0.541
2 VeryD : ModerateS 0.351    0.526
3 VeryD : VeryS 0.161    0.526
4 LittleD : ModerateS 0.698    0.698
5 LittleD : VeryS 0.242    0.526
6 ModerateS : VeryS 0.271    0.526

```

## Qui-quadrado de Mantel-Haenszel

Este teste utiliza uma tabela tridimensional. Neste exemplo temos a contagem de mortes entre fumantes e não fumantes estratificadas por faixa etária. Esta versão de Qui-quadrado faz o teste global e, depois, estratifica pela terceira variável (faixa etária, neste exemplo).

	<b>Faixa Etária</b>	18-24	25-34	35-44	45-54	55-64	65-74	75
<b>Tabagista</b>	<b>Desfecho</b>							
Sim	Morta	2	3	14	27	51	29	13
	Viva	53	121	95	103	64	7	0
Não	Morta	1	5	7	12	40	101	64
	Viva	61	152	114	66	81	28	0

Os dados precisam ser reorganizados para que construamos uma tabela tridimensional requerida pela funções relacionadas a este teste. Veja como os dados foram acomodados na planilha fumo\_e\_faixaetaria.xlsx (fumo\_e\_faixaetaria.xlsx).

Implementamos o teste em Teste Qui-quadrado de Mantel-Haenszel.R (Teste%20Qui-quadrado%20de%20Mantel-Haenszel.R):

```

# Teste Qui-quadrado de Mantel-Haenszel.R

# desabilita warnings
options(warn=-1)

# Tabela de contingencia 2x2 segmentada
# Teste robusto da razao de chances (OR) de Mantel-Haenszel

# Relacao entre tabagismo e sobrevivencia em 20 anos (1974-1994)
# em 1.134 mulheres adultas do Reino Unido
# Delineamento: coorte
# Fonte: APPLETION, D. R. et al. (1996) Ignoring a covariate:
# An example of Simpson's paradox. The American Statistician,
# 50(4): 340-1.

# A aspa inicial TEM que comecar na primeira coluna da linha
# e os espacamentos distintos dos dessa tabela podem causar
# problemas de na geracao da tabela horizontalizada (ftable).
library(vcd)
library(rcompanion)
library(coin)
library(readxl)
library(tidyverse)
TCtmp <- read_excel("fumo_e_faixaetaria.xlsx")
TCtmp <- gather(TCtmp, var, Contagem, -Idade)
TCtmp <- separate(TCtmp, var, c('Exposicao','Desfecho'))
TCS <- TCTmp %>% xtabs(Contagem ~ Exposicao + Desfecho + Idade, .)
print(TCS)

# Mantel-Haenszel test of the null that two nominal variables
# are conditionally independent in each stratum,
# assuming that there is no three-way interaction.
# Woolf test for homogeneity of ORs across strata on 2 x 2 x k tables:
# If significant, M-H test is not appropriate.
print(ftable(TCS)) # Display a flattened table (tabela horizontalizada)

cat("\nHomogeneidade dos ORs:\n")
print(vcd::woolf_test(TCS))

# Teste para tabela 2x2xK
cat("\nQui-quadrado de Mantel-Haenszel:\n")
print(mantelhaen.test(TCS, exact=TRUE)) # Teste exato de OR de Mantel-Haenszel

# Teste para tabela LxCxK
cat("\nTeste de Cochran-Mantel-Haenszel (coin::cmh_test):\n")
print(coin::cmh_test(TCS, distribution = approximate(nresample = 1e6)))

cat("\nAnalise estratificada por idade:\n")
print(rcompanion::groupwiseCMH(TCS,
  group      = 3,
  fisher     = TRUE,
  gtest      = FALSE,
  chisq      = FALSE,

```

```
method  = "fdr",
correct = "none",
digits  = 3))

cat("\n")
print(ors <- vcd::oddsratio(TCS, log=FALSE)) # Show OR for each 2x2
cat("\n")
lnors <- vcd::oddsratio(TCS, log=TRUE) # Show ln(OR) for each 2x2
print(lnors)
print(summary(lnors))
print(confint(lnors))
plot(lnors, xlab = "Faixa Etaria", ylab = "ln(OR)")

# reabilita warnings
options(warn=0)
```

que gera a seguinte saída:

```
Loading required package: grid
```

```
Attaching package: 'vcd'
```

```
The following object is masked from 'package:epitools':
```

```
oddsratio
```

```
— Attaching packages ————— tidy
verse 1.3.0 —
```

```
✓ ggplot2 3.3.0      ✓ purrr  0.3.3
✓ tibble  3.0.1      ✓ dplyr   0.8.5
✓ tidyr   1.0.2      ✓ stringr 1.4.0
✓ readr   1.3.1      ✓forcats 0.5.0
```

```
— Conflicts ————— tidyverse_
conflicts() —
x dplyr::filter() masks stats::filter()
x dplyr::lag()   masks stats::lag()
```

, , Idade = 18-24

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	1	61
Tabagista	2	53

, , Idade = 25-34

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	5	152
Tabagista	3	121

, , Idade = 35-44

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	7	114
Tabagista	14	95

, , Idade = 45-54

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	12	66
Tabagista	27	103

, , Idade = 55-64

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	40	81
Tabagista	51	64

, , Idade = 65-74

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	101	28
Tabagista	29	7

, , Idade = 75+

Exposicao	Desfecho	
	Morta	Viva
NaoTabagista	64	0
Tabagista	13	0

Exposicao	Desfecho	Idade						
		18-24	25-34	35-44	45-54	55-64	65-74	75+
NaoTabagista	Morta	1	5	7	12	40	101	64
	Viva	61	152	114	66	81	28	0

Tabagista	Morta	2	3	14	27	51	29	13
	Viva	53	121	95	103	64	7	0

Homogeneidade dos ORs:

Woolf-test on Homogeneity of Odds Ratios (no 3-Way assoc.)

```
data: TCS
X-squared = 3.2061, df = 6, p-value = 0.7826
```

Qui-quadrado de Mantel-Haenszel:

Exact conditional test of independence in 2 x 2 x k tables

```
data: TCS
S = 230, p-value = 0.01591
alternative hypothesis: true common odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
0.4538410 0.9355508
sample estimates:
common odds ratio
0.6534856
```

Teste de Cochran-Mantel-Haenszel (coin::cmh\_test):

Approximative Generalized Cochran-Mantel-Haenszel Test

```
data: Desfecho by
    Exposicao (NaoTabagista, Tabagista)
    stratified by Idade
chi-squared = 5.8443, p-value = 0.01584
```

Analise estratificada por idade:

Group	Test	p.value	adj.p	
1	18-24	Fisher	0.6000	1.000
2	25-34	Fisher	1.0000	1.000
3	35-44	Fisher	0.0706	0.291
4	45-54	Fisher	0.3650	0.852
5	55-64	Fisher	0.0830	0.291
6	65-74	Fisher	1.0000	1.000
7	75+	Fisher	1.0000	1.000

odds ratios for Exposicao and Desfecho by Idade

18-24	25-34	35-44	45-54	55-64	65-74	75+
0.5219512	1.2519906	0.4314109	0.7074504	0.6223718	0.9054416	4.7777778

log odds ratios for Exposicao and Desfecho by Idade

18-24	25-34	35-44	45-54	55-64	65-74
-------	-------	-------	-------	-------	-------

```
-0.65018114  0.22473479 -0.84069420 -0.34608770 -0.47421763 -0.09933253
    75+
1.56397554
```

z test of coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )							
18-24	-0.650181	1.049580	-0.6195	0.53561							
25-34	0.224735	0.694493	0.3236	0.74624							
35-44	-0.840694	0.470642	-1.7863	0.07406 .							
45-54	-0.346088	0.375584	-0.9215	0.35681							
55-64	-0.474218	0.268109	-1.7687	0.07694 .							
65-74	-0.099333	0.460621	-0.2156	0.82926							
75+	1.563976	2.022270	0.7734	0.43930							
---											
Signif. codes:	0	'***'	0.001	'**'	0.01	'*'	0.05	'. '	0.1	' '	1

	2.5 %	97.5 %
18-24	-2.7073204	1.40695808
25-34	-1.1364462	1.58591573
35-44	-1.7631351	0.08174672
45-54	-1.0822181	0.39004270
55-64	-0.9997024	0.05126713
65-74	-1.0021328	0.80346776
75+	-2.3996018	5.52755287

### log odds ratios for Exposicao and Desfecho by Idade

