

Comparações entre três ou mais condições dependentes e independentes

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

Contents

Objetivos	2
Preparação	2
Sobre os métodos tradicionais	3
- é necessário seguir as premissas com todo o rigor?	4
- o que é independência?	6
- o que é balanceamento?	8
Distribuição F de Fisher-Snedecor	10
teste t (quando eram duas turmas)	12
testes t quando temos três ou mais turmas	13
Análise da variância	18
Princípio do teste ANOVA unifatorial	18
Variância entre (<i>between</i>) os grupos	19
Variância dentro (<i>within</i>) dos grupos	20
Comportamento de $F = \frac{S_E^2}{S_D^2}$	22
Métodos Robustos	24
ANOVA para condições independentes	25
- suposições	25
- situação	26
- planejamento	26
- hipóteses nula e alternativa	26
Operacionalização do teste	27
ANOVA unifatorial independente de Fisher com ajuste para heterocedasticidade de White	27
Exemplo de relatório para a ANOVA unifatorial independente	39
ANOVA unifatorial independente de Welch	39
ANOVA unifatorial por bootstrapping	49
ANOVA independente, sem os dados brutos	56
ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas	57
- suposições	57
- situação	57
- planejamento	58
- hipóteses nula e alternativa	58
Operacionalização do teste	58
ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas, balanceadas	58
ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas, desbalanceadas	66
Exemplo de relatório para a ANOVA unifatorial relacionada	72

Objetivos

- reconhecer e mencionar propriedades da distribuição F .
- reconhecer as indicações e aplicar ANOVA para três ou mais condições independentes.
- reconhecer as indicações e aplicar ANOVA para três ou mais condições dependentes (medidas repetidas).
- definir hipóteses estatísticas nula e alternativa.
- executar e interpretar os testes estatísticos *omnibus* e *post hoc*.
- executar e interpretar estatísticas de tamanho de efeito.

Preparação

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

- Animacao_F.R
- Testes_t_2a2.R
- HardyWeinberg.R
- Nutricao.xlsx para o teste t
- ANOVA1f_indep_FisherWhite_sodio.R
- ANOVA1f_indep_Welch_sodio.R
- Nutricao3.xlsx para ANOVA independente
- ANOVA1f_dep_balanc_sodio.R
- Nutricao3par.xlsx para ANOVA relacionada, balanceada
- ANOVA1f_dep_desbalanc_sodio.R
- Nutricao3parD.xlsx para ANOVA relacionada, desbalanceada

Sobre os métodos tradicionais



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

ANOVA (sigla, do inglês, Analysis of Variance) utiliza a estatística F .

- A ANOVA de Fisher é uma extensão do teste t , com:
 - VI (variável independente) nominal com **três ou mais** categorias (politômica nominal, fator)
 - VD (variável dependente) quantitativa (unifatorial, *One way* ANOVA)
- Pode ser:
 - independente (fator entre participantes)
 - relacionada (fator intraparticipantes)

O tamanho do efeito é expresso pelo η^2 ao quadrado (η^2).

Table 2.1 *Cohen's effect size benchmarks*

Ellis (2010)

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

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



Tradicionalmente exigia-se, para a ANOVA clássica, que a distribuição populacional da variável fosse normal para cada condição e que existisse homocedasticidade entre os grupos. Estas premissas eram testadas:

- Normalidade da VD (teste de Shapiro-Wilk) se a amostra fosse pequena.
- Homocedasticidade (teste de Levene) se os grupos fossem desbalanceados.

Quando as premissas não eram atendidas, recomendava-se o teste não paramétrico H de Kruskal-Wallis.

ANOVA é relativamente robusta às violações das suposições de normalidade, homocedasticidade e *outliers*.

Se o tamanho da amostra é pequeno, ou há heterocedasticidade, desbalanceamento, ou assimetria da VD, deve-se considerar a execução de uma ANOVA de Welch, ou ANOVA não-paramétrica ou ANOVA com reamostragem (*bootstrapping*).

- é necessário seguir as premissas com todo o rigor?

Ilustramos com uma analogia, recordando o equilíbrio de Hardy-Weinberg.

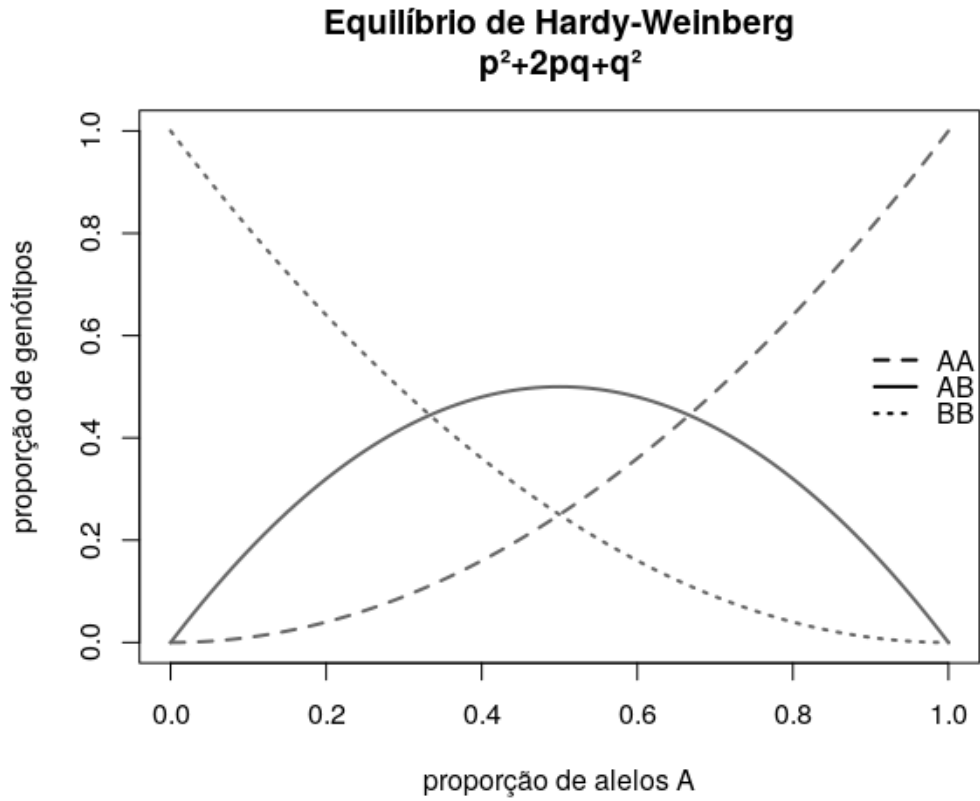
The Hardy-Weinberg Law of Genetic Equilibrium

In 1908 G. Hardy and W. Weinberg independently proposed that the frequency of alleles and genotypes in a population will remain constant from generation to generation if the population is stable and in genetic equilibrium. Five conditions are required in order for a population to remain at Hardy-Weinberg equilibrium:

- A large breeding population
- Random mating

- No change in allelic frequency due to mutation
- No immigration or emigration
- No natural selection

http://www.phschool.com/science/biology_place/labbench/lab8/concepts.html

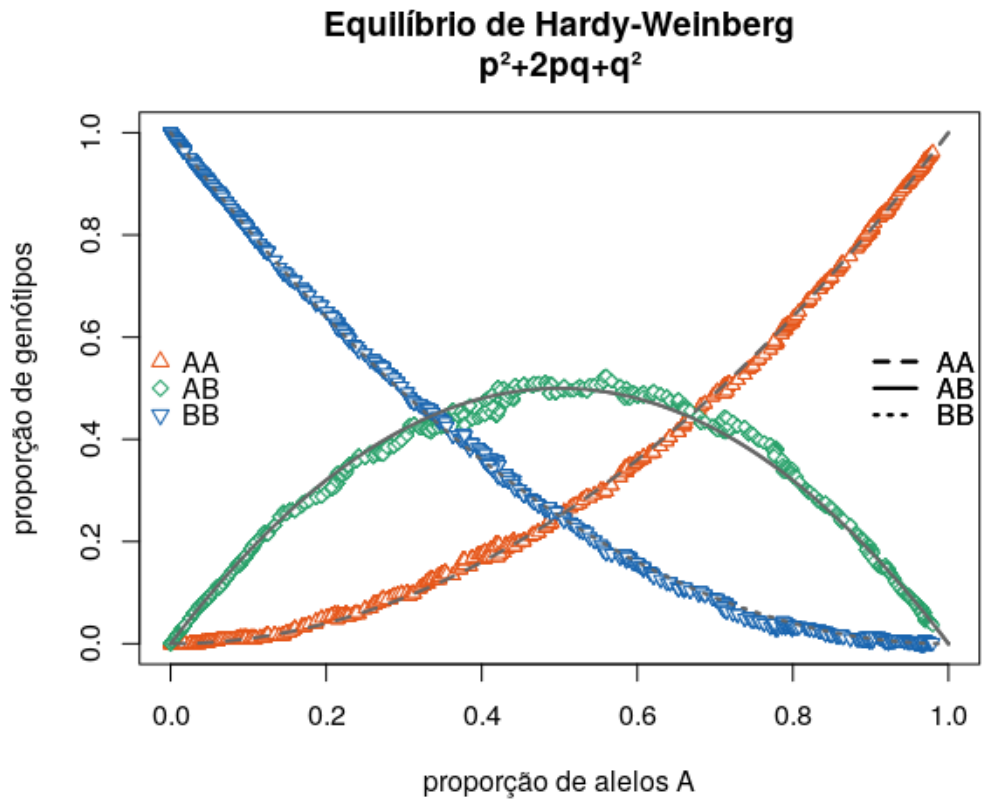


Violando as condições de H-W, em simulação com:

- 500 indivíduos,
- mutação alterando a frequência dos alelos,
- selecionando para o alelo **A**.

```
source("HardyWeinberg.R")
```

Observamos, por exemplo:



As condições matemáticas de população muito grande (ou infinita), sem mutação e sem seleção garantem a população no equilíbrio de Hardy-Weinberg; porém, dentro de certos limites, ainda encontramos predição aceitável para o Equilíbrio de Hardy-Weinberg e poderíamos utilizá-los em populações biológicas.

- o que é independência?

Um delineamento independente é aquele em que cada unidade experimental só é submetida a uma condição experimental.

Por exemplo, três grupos com 5 indivíduos cada um (total de 15 participantes, nomeados de A a J) são alocados assim:

Condição 1

Condição 2

Condição 3

A

F

K

B

G

L

C

H
M
D
I
N
E
J
O

Em um delineamento relacionado, o mesmo indivíduo é submetido a todas as condições experimentais. Os mesmos 15 participantes seriam alocados assim:

Condição 1

Condição 2

Condição 3

A
A
A
B
B
B
C
C
C
D
D
D
E
E
E
F
F
F
G
G
G
H
H

H
I
I
I
J
J
J
K
K
K
L
L
L
M
M
M
N
N
N
O
O
O

- o que é balanceamento?

Em delineamentos em que os grupos são balanceados, o número de participantes em cada condição é aproximadamente igual. Por exemplo, com 15 participantes em ANOVA independente, desbalanceada, poderíamos ter algo como.

Condição 1

Condição 2

Condição 3

A
H
K
B
I
L
C

J
M
D
N
E
O
F
G

Em um delineamento intra-participantes o desbalanceamento ocorre quando um dos participantes deixa de aparecer em uma das condições experimentais, por exemplo:

Condição 1

Condição 2

Condição 3

A
A
A
B
B
C
C
C
D
D
D
E
E
E
F
F
F
G
G
G
H
H
H

I
I
I
J
J
K
K
K
L
L
L
M
M
M
N
N
N
O
O
O

Basta uma participação faltando (*missing*) para caracterizar o desbalanceamento. O procedimento com as estatísticas padrão do R não funcionarão e temos que usar um modelo com efeitos aleatórios; lidaremos com esta situação adiante.

Distribuição F de Fisher-Snedecor

Esta distribuição é uma generalização da estatística t para três ou mais grupos. Descreve probabilidades que dependem da razão entre duas variâncias, e portanto considera graus de liberdade (ν , letra grega *ni*) para o numerador e para o denominador.

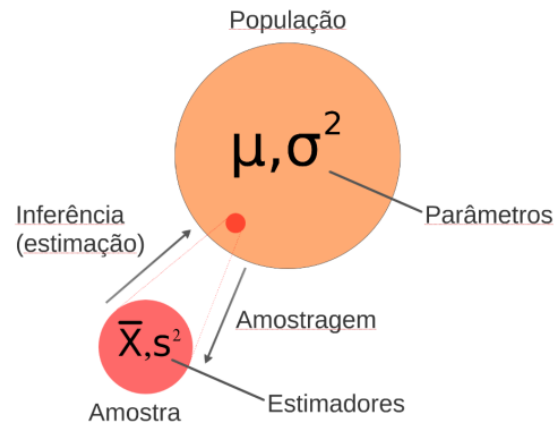
Para a comparação de três ou mais condições, com base na estatística F , os graus de liberdade do numerador dependem do número de condições e os do denominador dependem do tamanho da amostra.

Familiarize-se com a distribuição F , observando *Animacao_F.R*:

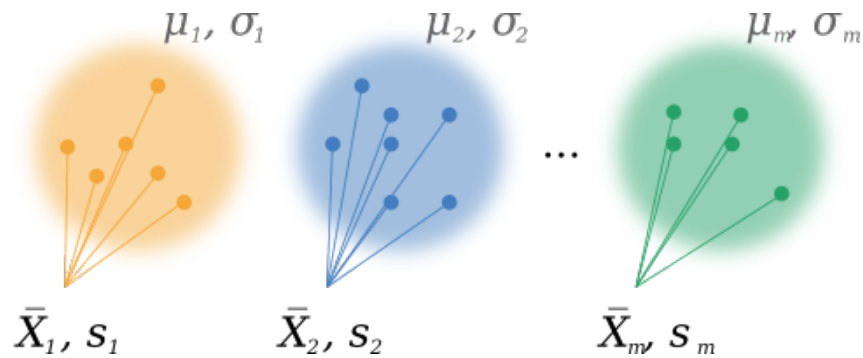
- F é um valor maior que zero.
- sob H_0 a distribuição F tem um parâmetro de não centralidade (ncp) igual a zero; sob H_1 o parâmetro de não centralidade é maior do que zero.
- esta distribuição é assimétrica.
- consideramos somente a cauda superior.
- localize α e β .
- há dois valores para graus de liberdade: para o numerador (número de grupos - 1) e denominador (número de sujeitos - número de grupos).

- observe o que acontece com a distribuição sob H_0 e com o valor de F crítico (F_c) à medida que os graus de liberdade aumentam.

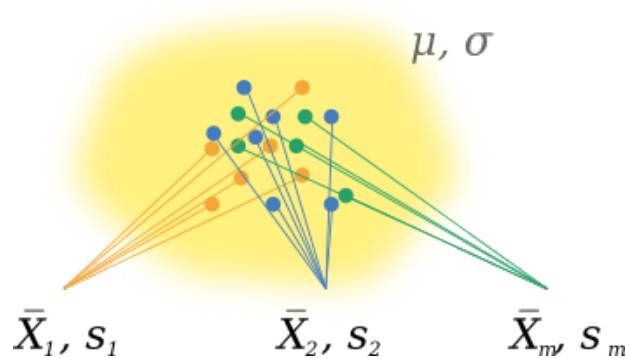
O delineamento dos estudos, o tipo de variável e, conseqüentemente, a estatística adequada mudam, mas o problema é sempre o mesmo: incerteza porque lidamos com uma amostra.



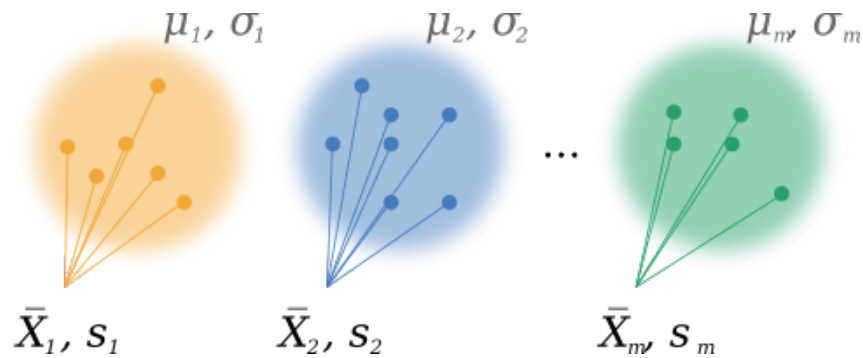
A diferença, aqui, é que teremos que lidar com 3 ou mais amostras simultaneamente.



A hipótese nula é pela igualdade de todos os m grupos. caso não rejeitemos H_0 :

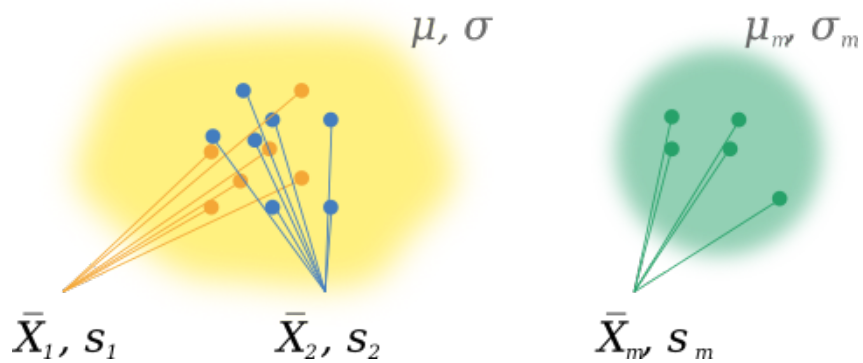


Quando rejeitamos H_0 assumimos que todas as condições são diferentes entre si:



ou

que pelo menos uma destoe das demais (i.e., basta que uma das condições ser diferente das demais para rejeitarmos H_0 .), por exemplo:



teste t (quando eram duas turmas)

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

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

Aplicamos o teste t de Satterthwaite (*a.k.a.* Welch), robusto e *default* do R:

```
# dados
library(readxl)
Dtfm <- read_excel("Nutricao.xlsx")
# significancia estatistica
t_out <- t.test(Sodium ~ Instructor, data = Dtfm)
print(t_out)
```

Welch Two Sample t-test

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

testes t quando temos três ou mais turmas

Suponha que uma terceira classe junte-se ao experimento (Melissa Robins). Podemos, então, verificar as diferenças destas três condições experimentais com testes t , comparando-se Brendon Small com Coach McGuirk, Brendon Small com Melissa Robins e Coach McGuirk com Melissa Robins?

Quantos testes t precisaremos de acordo com o número de grupos?

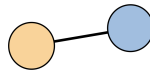


<https://www.toolsbr.com.br/produto/dewalt-martelo-20-oz-rip-claw-hammer-94480>

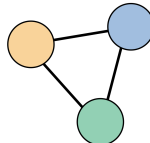
É a combinatoria do número de grupos (m) dois a dois:

$$\binom{m}{2} = \frac{m!}{2!(m-2)!}$$

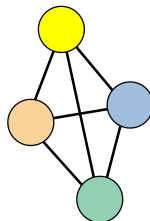
- para 2 -grupos: $\binom{2}{2} = \frac{2!}{2!(2-2)!} = 1$ teste



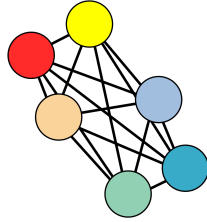
- para 3 grupos: $\binom{3}{2} = \frac{3!}{2!(3-2)!} = 3$ testes



- para 4 grupos: $\binom{4}{2} = \frac{4!}{2!(4-2)!} = 6$ testes



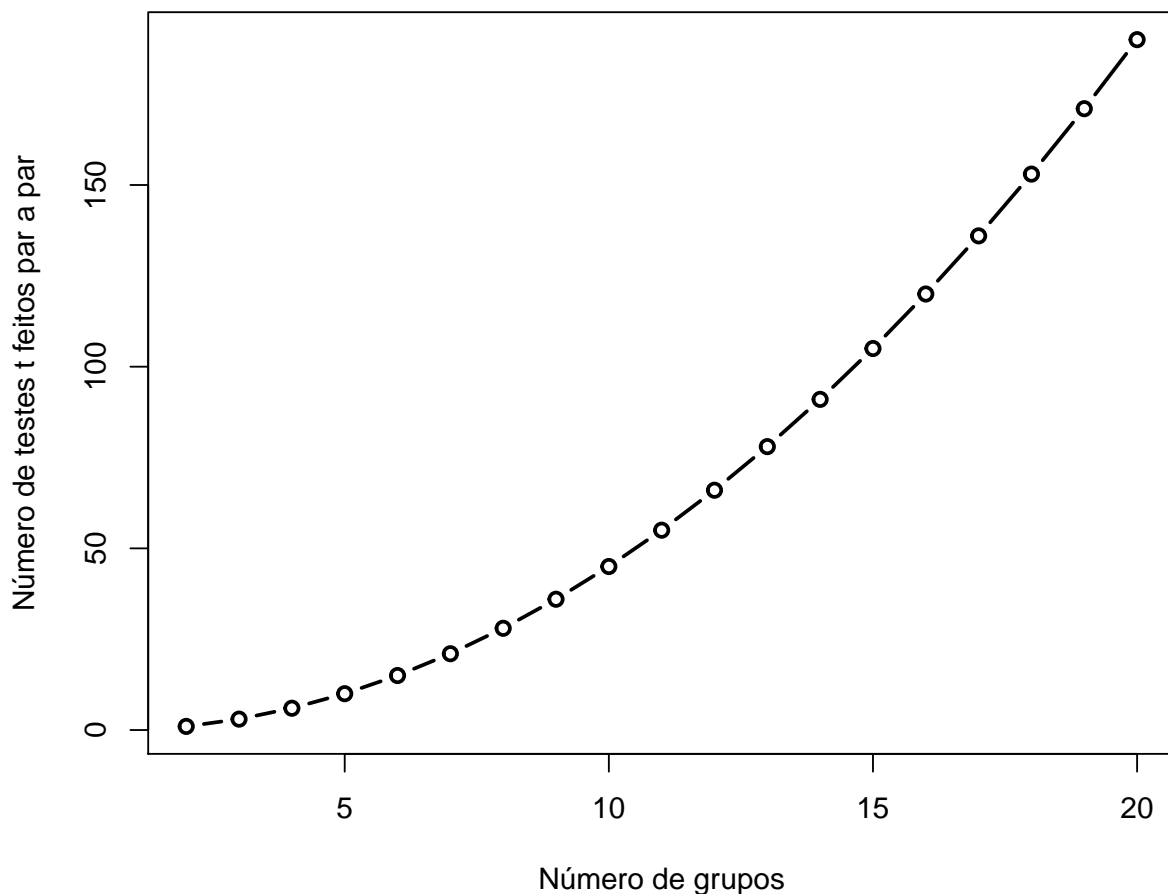
- para 6 grupos: $\binom{6}{2} = \frac{6!}{2!(6-2)!} = 15$ testes



Graficamente vemos:

```
# Testes_t_2a2.R
# Ilustra o numero de testes t necessarios
# para comparar grupos par a par

combinacoes <- c()
grupos <- c()
for (g in 2:20)
{
  grupos <- c(grupos,g)
  combinacoes <- c(combinacoes,choose(g,2))
}
plot(grupos,combinacoes,
     xlab="Número de grupos",
     ylab="Número de testes t feitos par a par",
     lwd=2,
     type="b")
```



Embora o número cresça rapidamente, podemos não nos impressionar pois temos computadores para o trabalho repetitivo. Há, porém, um problema mais grave: as probabilidades dos erros do tipo I (α) e do tipo II (β) se acumulam. Quando escolhemos α , **a probabilidade de rejeitar incorretamente a hipótese nula**, o máximo valor que p pode assumir, a probabilidade deste erro para m grupos é:

$$P(\alpha|m) = 1 - (1 - \alpha)^{\binom{m}{2}}$$

Também gostaríamos de manter a **probabilidade de rejeitar corretamente a hipótese nula**, o poder do teste, $1 - \beta$; para m grupos é:

$$P(\beta|m) = (1 - \beta)^{\binom{m}{2}}$$

Graficamente podemos observar o que acontece com o número crescente de pares de teste t necessários, considerando os tradicionais $\alpha = 0.05$ e $\beta = 0.1$:

```
# Testes_t_AlfaPoder.R
# Ilustra o valor de alfa e 1-beta
# com numero crescente de testes
```

```

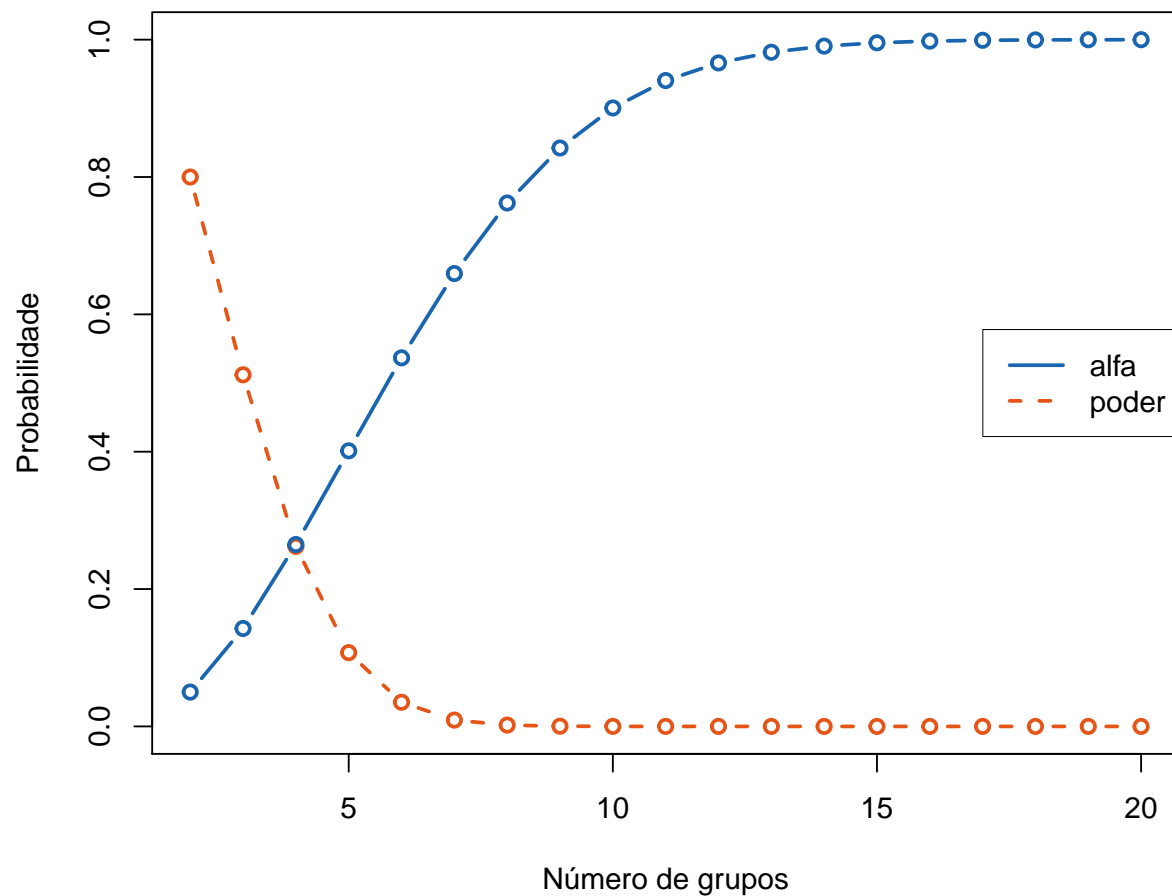
source("friendlycolor.R")

cor_alfa <- friendlycolor(8)
cor_poder <- friendlycolor(20)

alfa_escolhido <- 0.05
beta_escolhido <- 0.20
alfa <- c()
poder <- c()
grupos <- c()
for (g in 2:20)
{
  grupos <- c(grupos,g)
  combinacoes <- choose(g,2)

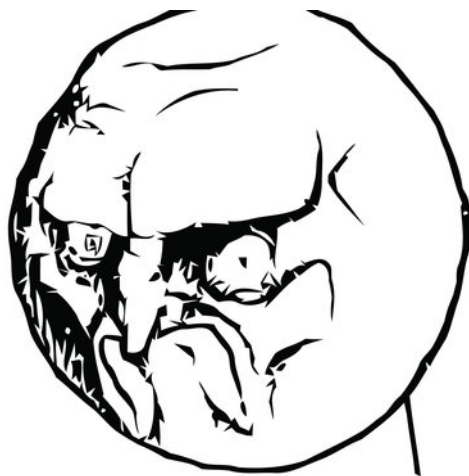
  alfa <- c(alfa,1-(1-alfa_escolhido)^combinacoes)
  poder <- c(poder,(1-beta_escolhido)^combinacoes)
}
plot(grupos, poder,
     xlab="Número de grupos",
     ylab="Probabilidade",
     ylim=c(0,1),
     lwd=2, lty=2, col=cor_poder,
     type="b")
lines(grupos,alfa,
      lwd=2, lty=1, col=cor_alfa,
      type="b")
legend("right",
      c("alfa", "poder"),
      col=c(cor_alfa,cor_poder),
      lwd=c(2,2),
      lty=c(1,2),
      box.lwd=0, bg="transparent")

```

Portanto, a probabilidade de erro do tipo I cresce rapidamente para quase 100% e o poder de seus testes combinados vai para zero. Na prática, dificilmente teremos mais do que 6 grupos mas, ainda assim, teríamos $\alpha \approx 53.7\%$ e poder $1 - \beta \approx 3.5\%$, valores totalmente inaceitáveis para uma boa análise.

Podemos resolver com vários testes t ? A resposta é:



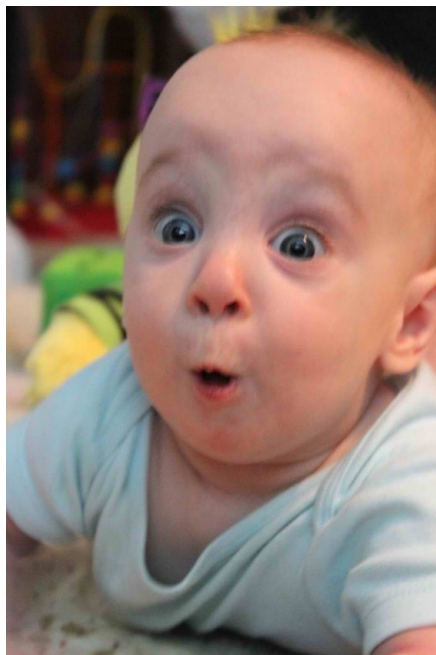
NÃO!

Precisamos testar tudo simultaneamente para manter α no valor pretendido e preservar $1 - \beta$.

Análise da variância

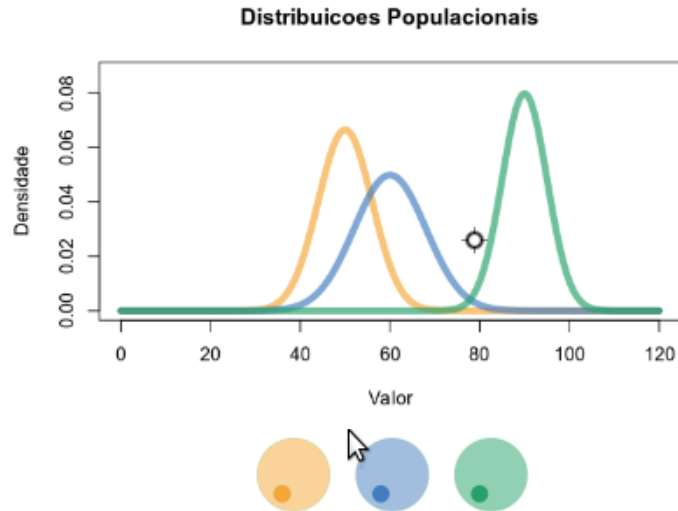
Esta análise, que tem o acrônimo ANOVA (do inglês, **A**nalysis of **V**ariance) utiliza apenas variâncias, mas...
... as conclusões são sobre as médias dos m grupos.

Como?



Princípio do teste ANOVA unifatorial

Consideremos que existam três grupos com distribuição normal. De cada um deles, retiramos uma amostra:



Não havendo problemas, as três amostras reproduzem a distribuição, média e variância das populações das quais se originaram.

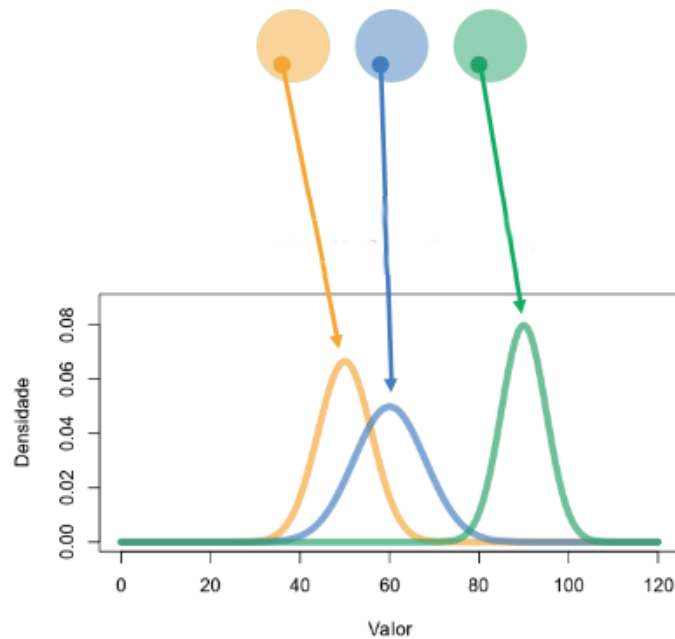
A distribuição F é dada por

$$F = \frac{S_E^2}{S_D^2}$$

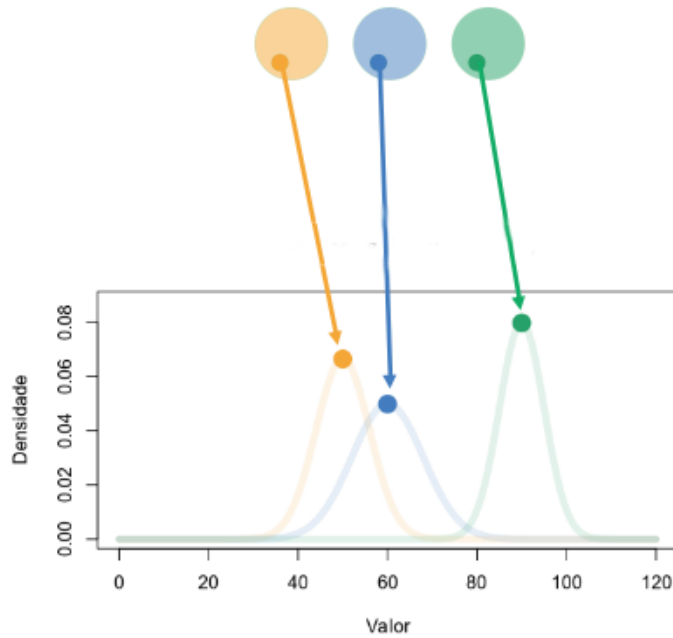
onde S_E^2 é a variância **entre** os grupos e S_D^2 é a variância **dentro** dos grupos.

Variância entre (*between*) os grupos

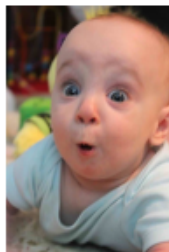
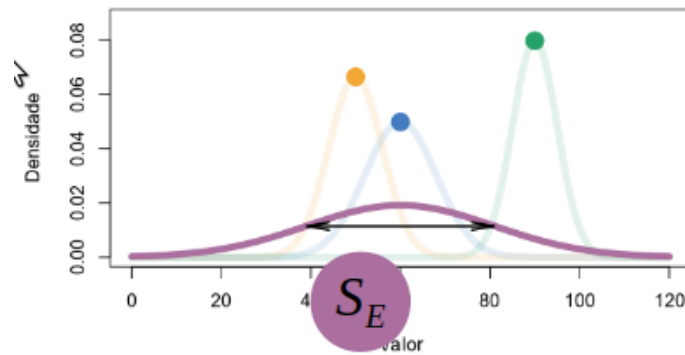
A variância entre os grupos presume que as médias amostrais (\bar{X}_m) refletem as respectivas médias populacionais (μ_m):



Como sempre, não temos esta certeza e lidamos somente com a informação das amostras, \bar{X}_m :



Cada média é um número e, portanto, podemos calcular a variância destes números:

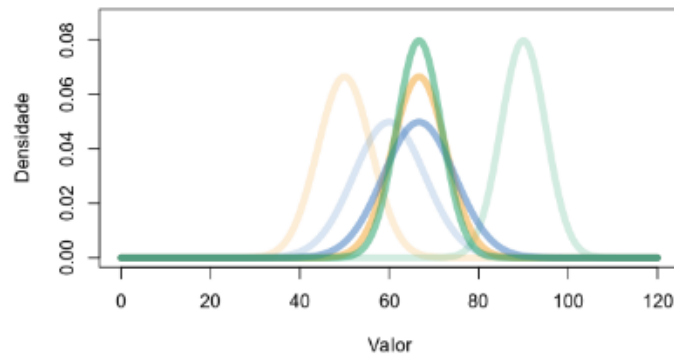


S_E aumenta
quando as
médias se
afastam !

Sendo assim, para $F = \frac{S_E^2}{S_D^2}$, a estatística F aumenta quando a variância entre os grupos (ou condições) aumentar.

Variância dentro (*within*) dos grupos

A variância dentro dos grupos é uma medida da variância total, desconsiderando a média de cada uma das condições. Cada amostra tem sua própria distribuição (presumivelmente, reflexo da distribuição da população de onde veio):

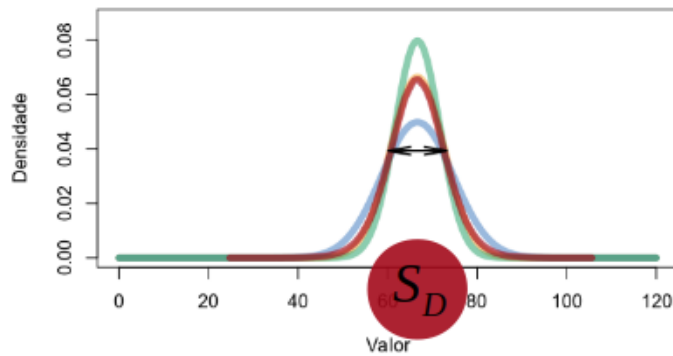


Como sempre, não temos esta certeza e lidaremos somente com a informação das amostras, ξ_m :

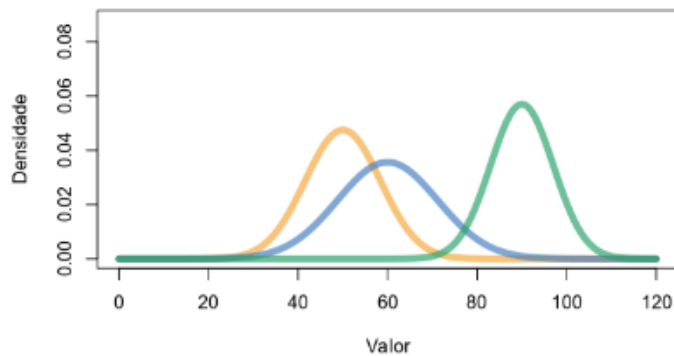


desconsiderando
as médias

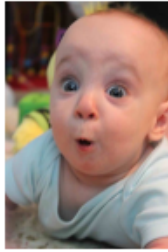
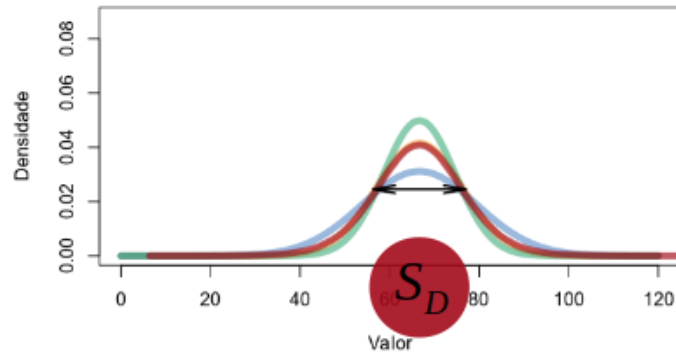
Mesclando as três distribuições, estimamos a variância dentro dos grupos, S_D^2 , uma medida de quanto, como um todo, a variável é dispersa:



Caso a variância em cada condição seja maior,



esta variância será refletida em S_D^2 :

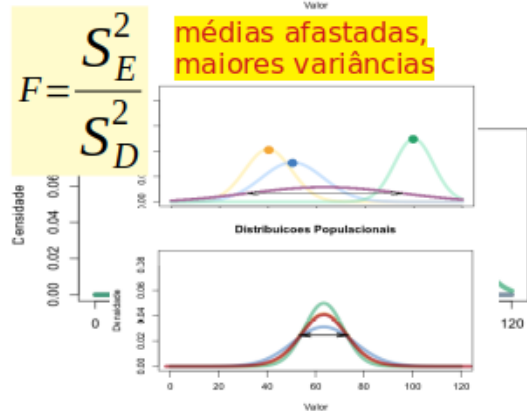
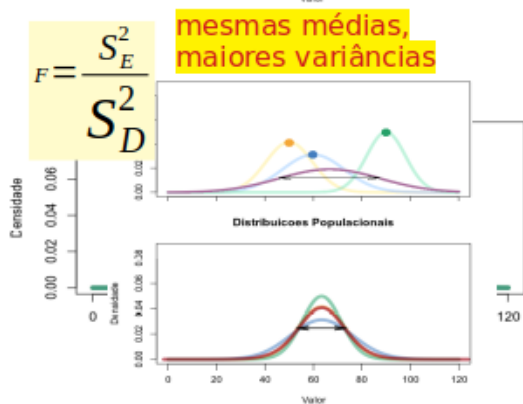
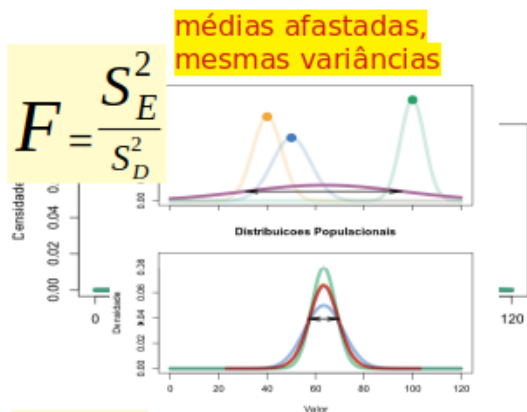
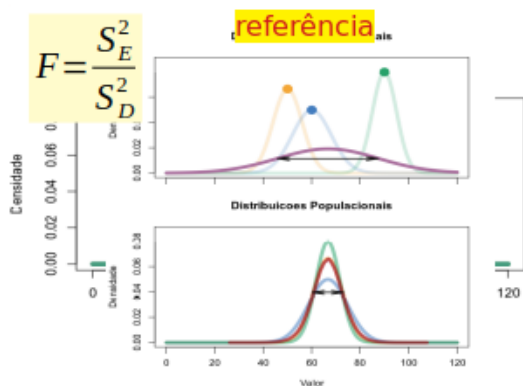
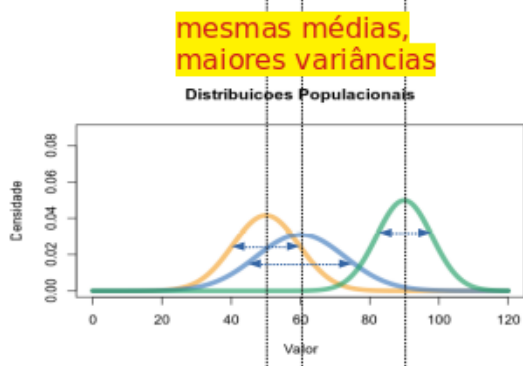
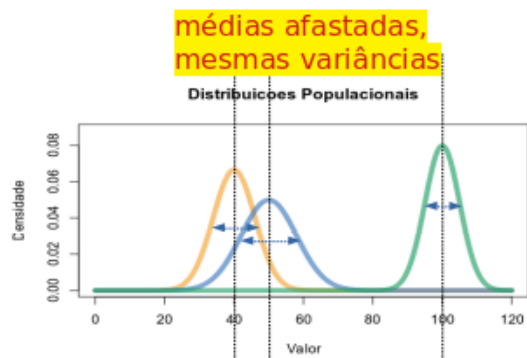
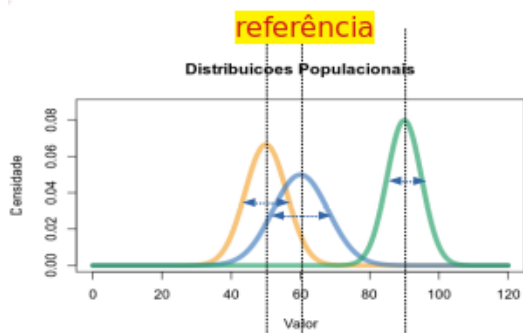


S_D aumenta
se as variâncias
dos grupos
aumentam !

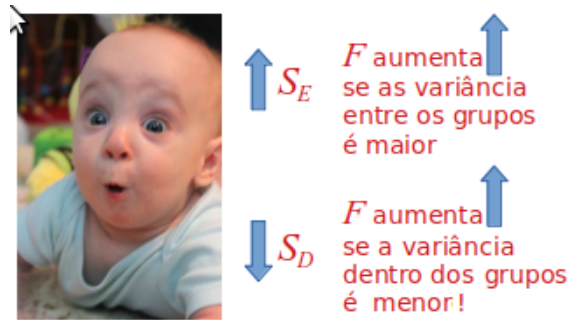
Sendo assim, para $F = \frac{S_E^2}{S_D^2}$, a estatística F diminui quando a variância dentro os grupos (ou condições) aumentar.

Comportamento de $F = \frac{S_E^2}{S_D^2}$

É fácil imaginar o comportamento da estatística F combinando-se o que pode acontecer com S_E^2 e S_D^2 :



Desta forma, Ronald Fisher inventou uma forma de comparar médias entre várias condições, simultaneamente, utilizando somente a comparação entre duas variâncias, com o numerador refletindo a dispersão das médias e o denominador refletindo a dispersão do fenômeno em estudo.



Métodos Robustos



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

Os métodos aqui apresentados são robustos à falta de homocedasticidade. A ausência de normalidade é mais difícil de ser contornada em amostras pequenas. Podemos prescindir da suposição de normalidade para amostras maiores (tamanhos mínimos são vistos adiante) utilizando o teorema central do limite.

ANOVA para condições independentes

Utilizada quando os participantes são avaliados em somente uma das condições experimentais, i.e., um delineamento independente ou entre participantes.

- suposições

- independência entre as unidades experimentais,
- normalidade da VD em todas as condições,
- homocedasticidade da VD entre todas as condições.



Normalidade e balanceamento:

“O teste t é ainda um teste válido, mesmo com modestas violações na suposição de normalidade, particularmente quando os tamanhos dos grupos são iguais e existe um número razoável de participantes em cada grupo; por “razoável” entendemos que, em um delineamento completamente entre participantes, deve haver pelo menos 12 participantes por grupo[...]” (Dancey & Reidy, 2019, p. 472)

Então: - se o número de unidades experimentais é igual a pelo menos 12 em cada grupo, a suposição de normalidade não é necessária.

- se os grupos são balanceados, homocedasticidade não é necessária.

O balanceamento não precisa ser estrito:

“Consideram-se grupos de dimensão semelhante quando o quociente entre a maior dimensão e a menor for inferior a 1,5.” (Pestana, M. & Gageiro, J. (2008) *Análise de dados para Ciências Sociais: a complementaridade do SPSS*. Lisboa: Sílabo, p. 278)

Então:

- Se a maior quantidade de unidades observacionais numa condição NÃO superar 1,5 vezes a condição de menor quantidade de unidades observacionais, então a suposição de homocedasticidade não precisa ser considerada para o teste ANOVA unifatorial independente.



Homocedasticidade:

Em geral, quando você tiver tamanhos de amostras iguais, a suposição de heterocedasticidade não será um grande problema.

- Dancey & Reidy (2019), p. 472-3

- ANOVA unifatorial independente de Fisher para condições **balanceadas** é adequada na situação de heterocedasticidade populacional.
- ANOVA unifatorial independente de Welch para condições **desbalanceadas** é adequada na situação de heterocedasticidade populacional.

A heterocedasticidade ocorre heurísticamente se $(\text{maior desvio-padrão})/(\text{menor desvio-padrão})$ é maior que 2.

- Johnson, R. & Wichern, D. (2007) Applied Multivariate Statistical Analysis. 6 th ed. NJ: Prentice-Hall, p. 291

- Moore, D. (1995) The basic practice of statistics. New York: W. H. Freeman and Company, citado por Norusis, M. (2009) PASW Statistics 18: Statistics Procedures Companion. NJ: Prentice-Hall, p. 148

- situação



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

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

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

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

- planejamento

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

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

- hipóteses nula e alternativa

As três classes receberam diferentes programas de educação nutricional. A ingestão média de sódio é a mesma (populacionalmente) para os três programas?

$$H_0 : \mu_{\text{Small}} = \mu_{\text{McGuirk}} = \mu_{\text{Robins}}$$

$$H_1 : \exists |\mu_i \neq \mu_j; i \neq j; i, j = 1, 2, 3$$



Esta é uma forma matemática para escrever a hipótese alternativa, lida como “Existe pelo menos alguma média μ_i , diferente de outra média μ_j , com i e j assumindo os valores 1, 2 ou 3”. É dizer que $\mu_1 \neq \mu_2$ **OU** $\mu_1 \neq \mu_3$ **OU** $\mu_2 \neq \mu_3$.

Aparece, por aí, como:

$$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2 \neq \mu_3$$

tentando indicar as diferenças, mas esta forma não funciona porque sugere que a rejeição de H_0 implica em que todos os grupos sejam diferentes entre si, como $\mu_1 \neq \mu_2$ **E** $\mu_1 \neq \mu_3$ **E** $\mu_2 \neq \mu_3$.

Basta que uma condição tenha média estatisticamente diferente das demais para que se rejeite H_0 com ANOVA. Em português:

$$H_1 : \text{Existe pelo menos um grupo diferente de algum outro.}$$

Operacionalização do teste

ANOVA unifatorial independente de Fisher com ajuste para heterocedasticidade de White

A estatística descritiva e inferencial pode ser obtida com ANOVA1f_indep_FisherWhite_sodio.R:

```
# ANOVA1f_indep_FisherWhite_sodio.R
# para ajustar este RScript para outros dados
# troque a planilha xlsx e substitua as palavras
# Instructor pela nova VI (fator)
# Sodium pela nova VD (resposta)

library(psych)
library(lattice)
library(car)
library(multcomp)
library(gplots)
library(emmeans)
library(readxl)

source("eiras_plotIC.R")

# suppress warnings
options(warn=-1)

TH <- read_excel("Nutricao3.xlsx")
TH$Instructor <- factor(TH$Instructor, levels=unique(TH$Instructor))

print(with(TH, psych::describeBy(Sodium, Instructor, digits=2)))
boxplot(Sodium~Instructor, data=TH,
        ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
        xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")])
)
print(grf <- lattice::xyplot(Sodium~Instructor, data=TH, type=c("p", "a"),
```

```

                                jitter.x=TRUE, col="black"))
with(TH, gplots::plotmeans(Sodium~Instructor,
                           error.bars="conf.int", level=.95,
                           connect=FALSE,
                           ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
                           xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")],
                           main="IC95%",
                           barcol="black"))
car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=TH, rug=TRUE, from=0, normalize=TRUE,
                 na.rm=TRUE, ylab="Densidade", col=c("black", "black", "black"))
cat("\n")

cat("\nANOVA unifatorial independente de Fisher",
    "\ncom ajuste para heterocedasticidade de White:\n\n")
alfa <- 0.05
VD <- names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")]
VI <- names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
cat("VD =", VD, "\n")
cat("Fator =", VI, "\n")
cat("\nAnálise de significância estatística: teste omnibus\n")
modelo <- lm(Sodium~Instructor, data=TH)
print(res <- car::Anova(modelo, type=2, white.adjust=TRUE))
cat("\nAnálise de significância prática: tamanho de efeito\n")
F <- res$F[1]
dfn <- res$Df[1]
dfd <- res$Df[2]
eta2 <- dfn*F/(dfn*F+dfd)
if (0 <= eta2 & eta2 < 0.1) {geta2 <- "minimo"}
if (0.1 <= eta2 & eta2 < 0.6) {geta2 <- "pequeno"}
if (0.6 <= eta2 & eta2 < 0.14) {geta2 <- "intermediario"}
if (0.14 <= eta2 & eta2 <= 1.0) {geta2 <- "grande"}
cat("- eta^2 =", eta2, "\nGrau", geta2,
    "\nde explicacao da variancia da VD", VD, "pela VI", VI, "\n")
f2 <- eta2/(1-eta2) # tamanho de efeito f de Cohen
ncp <- dfd*f2 # parametro de nao-centralidade
fc <- qf(1-alfa, dfn, dfd, 0)
p <- 1-pf(F,dfn,dfd,0)
if (p < 1e-4)
{
  p <- sprintf("%.2e",p)
} else
{
  p <- sprintf("%.4f",p)
}
f <- seq(0,2*ncp,0.01)
densf <- df(f, dfn, dfd, 0)
plot(f, densf, xlab="F", ylab="densidade", lwd=2, type="l")
densf <- df(f, dfn, dfd, ncp)
lines(f,densf, lwd=2, lty=2)
abline(v=fc, lty=3)
abline(v=F, lty=4)
legend("topright",
      c("H0", "Obs",

```

```

    paste("Fc(",dfn,"",dfd,") = ",round(fc,3),sep=""),
    paste("Fobs = ",round(F,3),"\\n",
          "p = ",p,sep="")
  ),
  lwd=c(2,2,1,1), lty=c(1,2,3,4))
cat("\\n\\nSelecao de modelo\\n")
R2aj <- (F-1)/((F-1)+dfd+1)
cat("- R^2 ajustado =", R2aj, "\\n")
omega2 <- (F-1)/((F-1)+dfd+2)
cat("- omega^2 = ", omega2,"\\n\\n")
cat(paste("Teste post hoc\\n"))
print(EMM <- emmeans::emmeans(modelo, "Instructor"))
print(grf <- plot(EMM, colors = "black",
                  main="Estimated Marginal Means",
                  xlab=VD,
                  ylab=VI))

# Testes post hoc
cat("\\n\\nTestes post hoc:\\n")

# nomes do fator encurtados
TH$Instructor <- as.character(TH$Instructor)
fatores <- unique(as.character(TH$Instructor))
letra <- "A"
legenda <- c()
cat ("\\nLegenda:\\n")
for( f in 1:length(fatores))
{
  cat("\\t",letra," ... ",fatores[f],"\\n",sep="")
  legenda <- c(legenda,paste(letra," ... ",fatores[f],"\\n",sep=""))
  TH$Instructor[TH$Instructor==fatores[f]] <- letra
  ascii <- strtoi(charToRaw(letra),16L)
  letra <- rawToChar(as.raw(ascii+1))
}
TH$Instructor <- as.factor(TH$Instructor)
modelo <- lm(Sodium~Instructor, data=TH)
mc.tukey <- multcomp::glht(modelo, linfct = mcp(Instructor = "Tukey"))
print(mcs.tukey <- summary(mc.tukey, test=adjusted("bonferroni")))
multcomp::cld(mcs.tukey, level=alfa, decreasing=TRUE)
# plot(mc.tukey,las=3)
t.ic <- mcs.tukey$test$qfunction(0.95)
df_plot <- data.frame(
  names (mcs.tukey$test$coefficient),
  as.vector(mcs.tukey$test$coefficients),
  as.vector(mcs.tukey$test$coefficients)-t.ic*as.vector(mcs.tukey$test$sigma),
  as.vector(mcs.tukey$test$coefficients)+t.ic*as.vector(mcs.tukey$test$sigma),
  as.vector(mcs.tukey$test$pvalues)
)
eiras_plotIC(df_plot,
             main="95% family-wise confidence level",
             xlab="Difference",
             usecolor="n"
             )

```

```

legend("topleft",legenda,lwd=0,lty=0,cex=0.6,box.lwd=0, border="transparent", bg="transparent")
mc.dunnett <- multcomp::glht(modelo, linfct = mcp(Instructor = "Dunnett"))
mcs.dunnett <- summary(mc.dunnett, test=adjusted("bonferroni"))
print(mcs.dunnett)
# plot(mc.dunnett, las=3)
t.ic <- mcs.dunnett$test$qfunction(0.95)
df_plot <- data.frame(
  names (mcs.dunnett$test$coefficient),
  as.vector(mcs.dunnett$test$coefficients),
  as.vector(mcs.dunnett$test$coefficients)-t.ic*as.vector(mcs.dunnett$test$sigma),
  as.vector(mcs.dunnett$test$coefficients)+t.ic*as.vector(mcs.dunnett$test$sigma),
  as.vector(mcs.dunnett$test$pvalues)
)
eiras_plotIC(df_plot,
  main="95% family-wise confidence level",
  xlab="Difference",
  usecolor="n"
)
legend("topleft",legenda,lwd=0,lty=0,cex=0.6,box.lwd=0, border="transparent", bg="transparent")

# enable warnings
options(warn=0)

```

Obtendo:

Loading required package: carData

Attaching package: 'car'

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

logit

Loading required package: mvtnorm

Loading required package: survival

Loading required package: TH.data

Loading required package: MASS

Attaching package: 'TH.data'

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

geyser

Attaching package: 'gplots'

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

lowess

Descriptive statistics by group

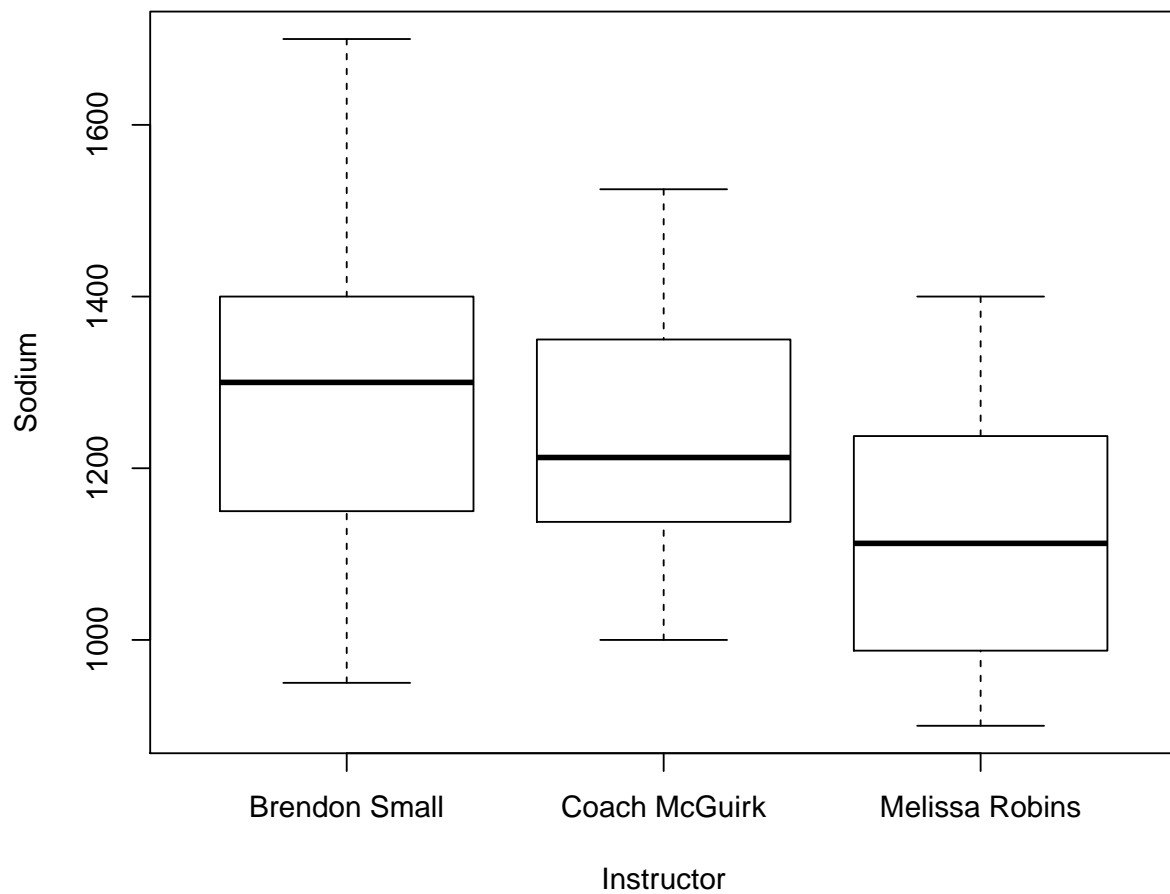
group: Brendon Small

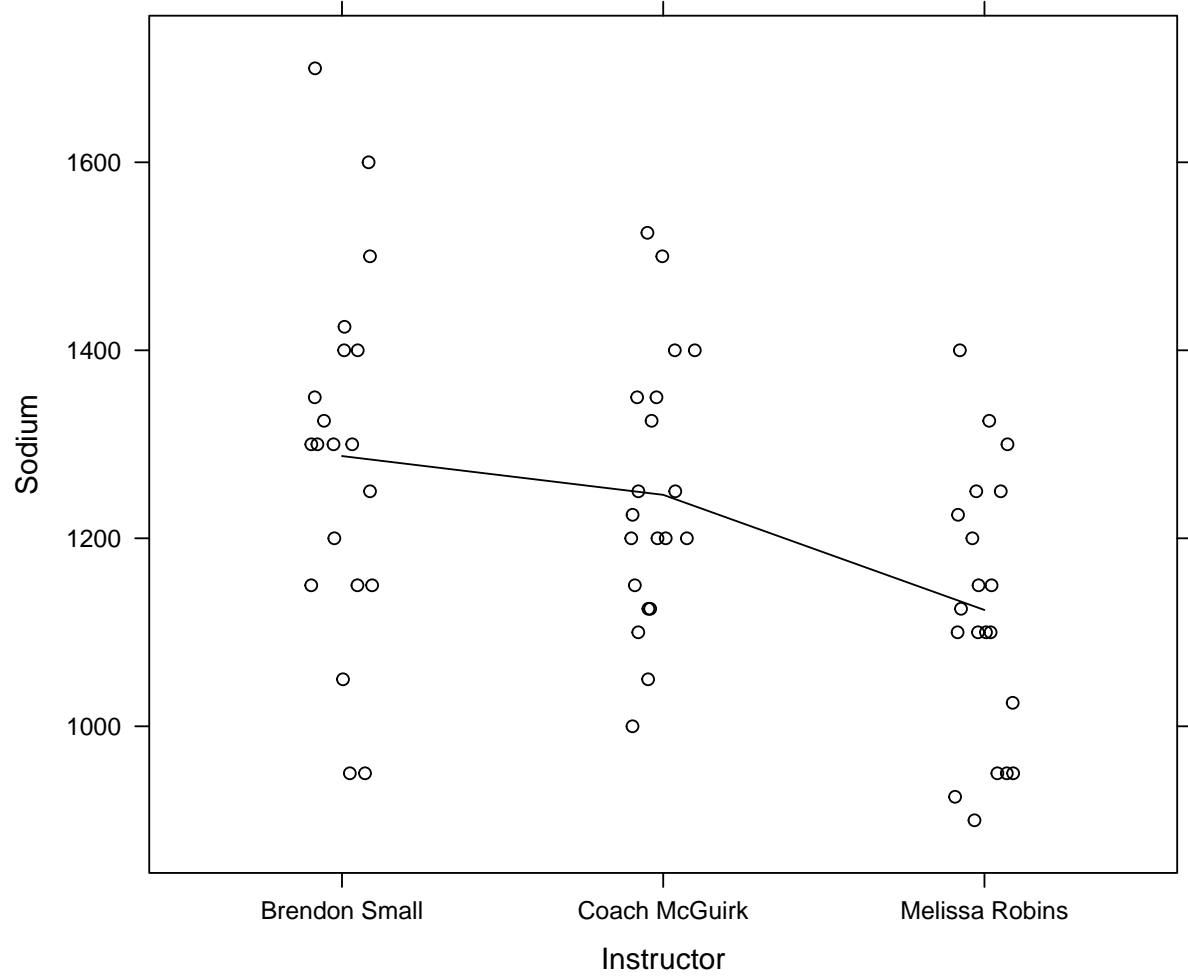
vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
------	---	------	----	--------	---------	-----	-----	-----	-------	------

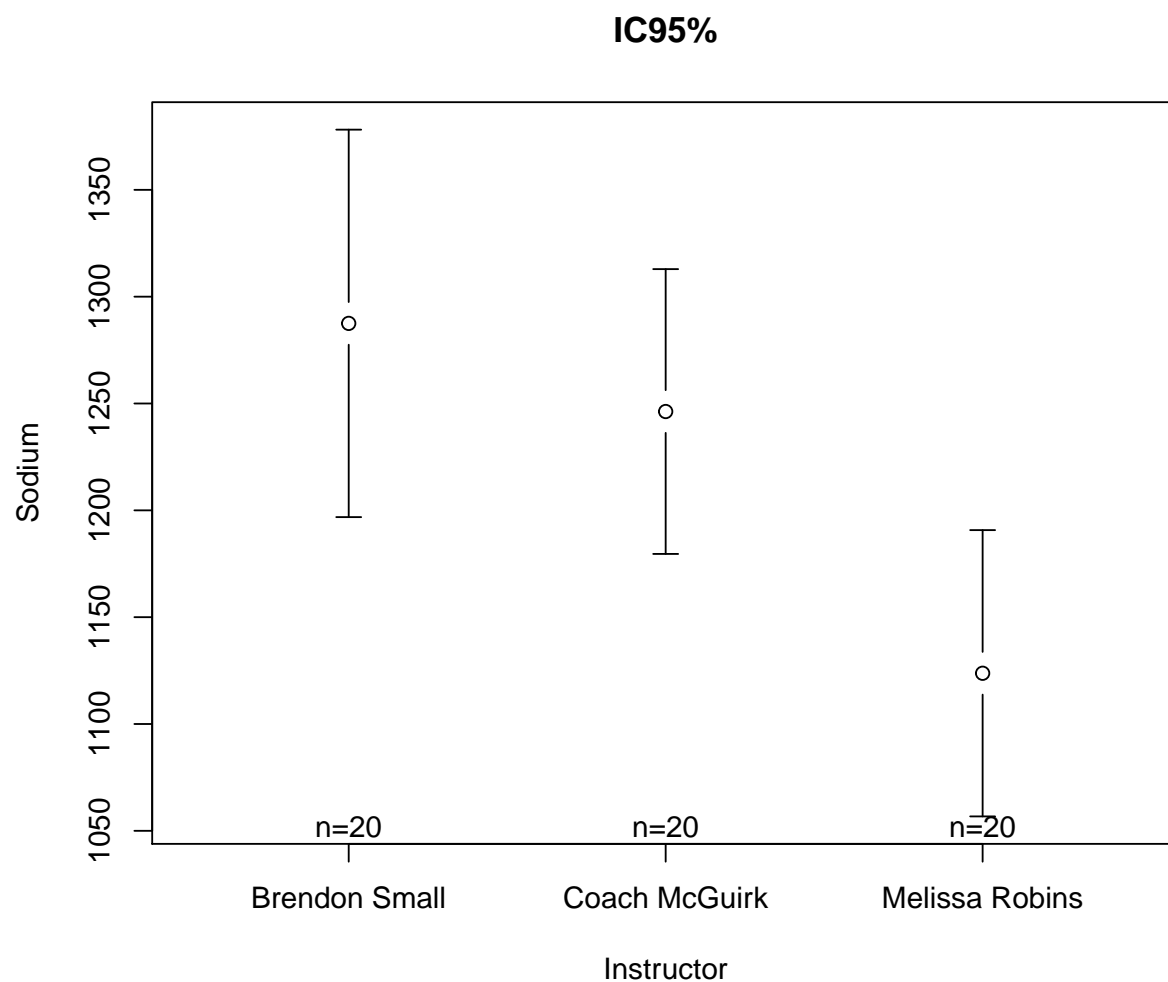
```

X1      1 20 1287.5 193.73    1300 1284.38 166.79 950 1700    750 0.12
      kurtosis    se
X1      -0.46 43.32
-----
group: Coach McGuirk
      vars  n    mean      sd median trimmed    mad  min  max range skew
X1      1 20 1246.25 142.41 1212.5 1240.62 148.26 1000 1525    525 0.3
      kurtosis    se
X1      -0.85 31.84
-----
group: Melissa Robins
      vars  n    mean      sd median trimmed    mad  min  max range skew
X1      1 20 1123.75 143.15 1112.5 1120.31 185.32 900 1400    500 0.08
      kurtosis    se
X1      -1.1 32.01

```





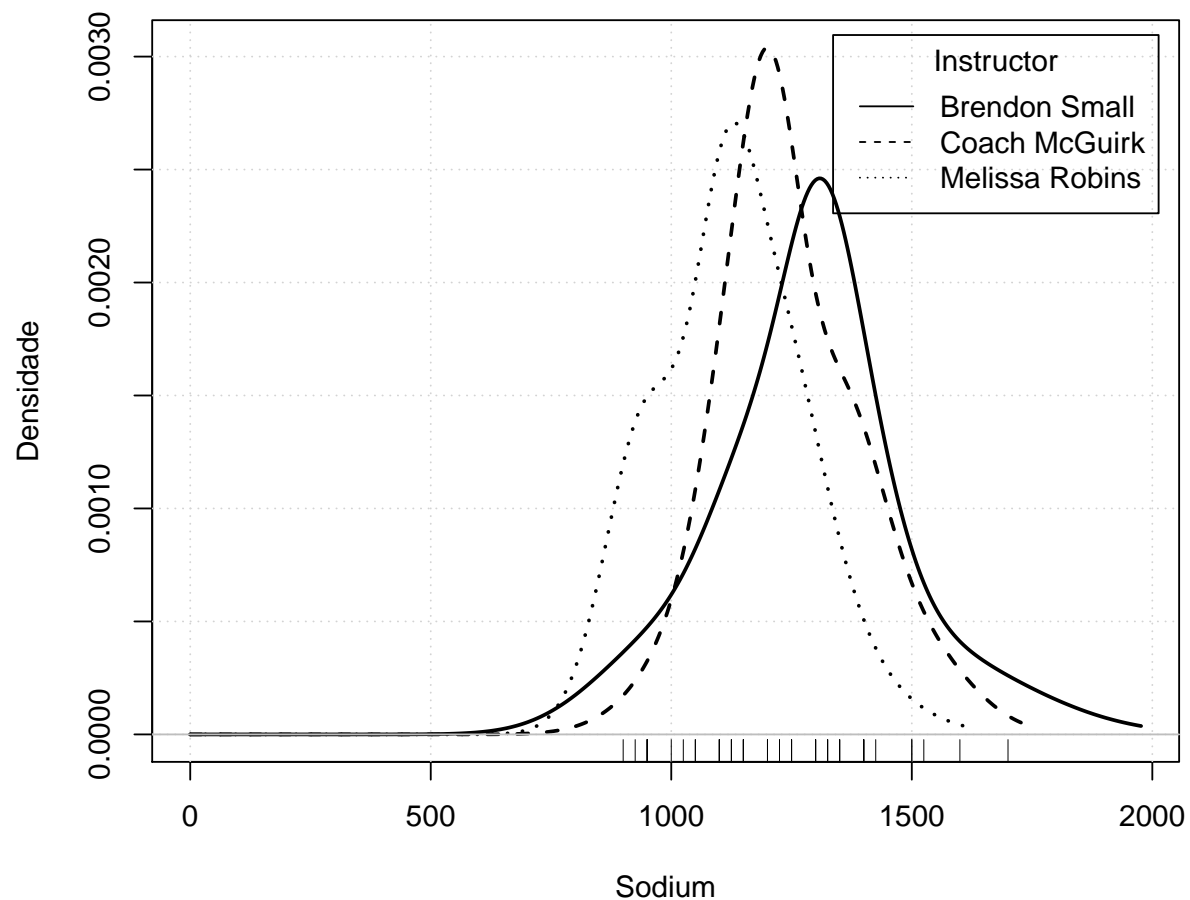


ANOVA unifatorial independente de Fisher
com ajuste para heterocedasticidade de White:

VD = Sodium
Fator = Instructor

Analise de significancia estatistica: teste omnibus

Coefficient covariances computed by hccm()



Analysis of Deviance Table (Type II tests)

Response: Sodium

	Df	F	Pr(>F)
Instructor	2	5.5748	0.006148 **
Residuals	57		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Análise de significância prática: tamanho de efeito

- $\eta^2 = 0.1636056$

Grau grande de explicação da variância da VD Sodium pela VI Instructor

Seleção de modelo

- R^2 ajustado = 0.0731098

- $\omega^2 = 0.07195982$

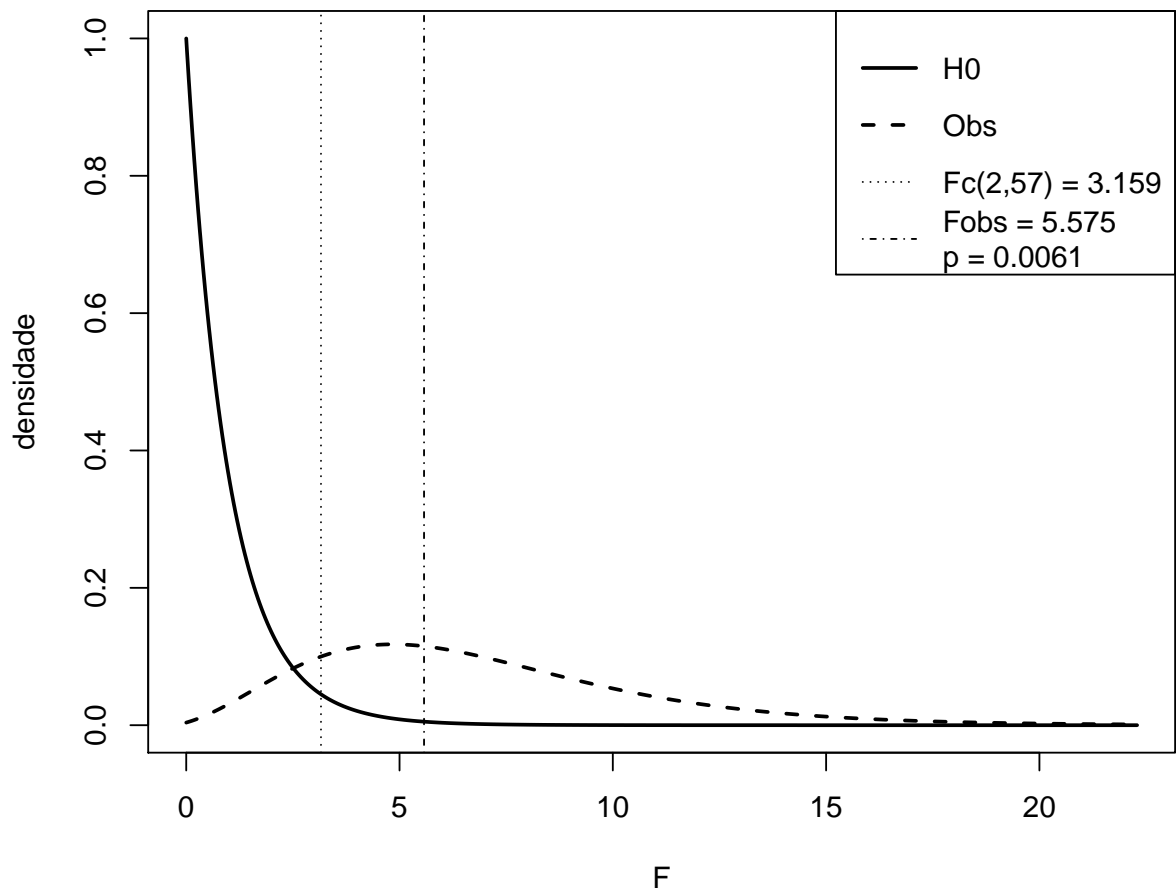
Teste post hoc

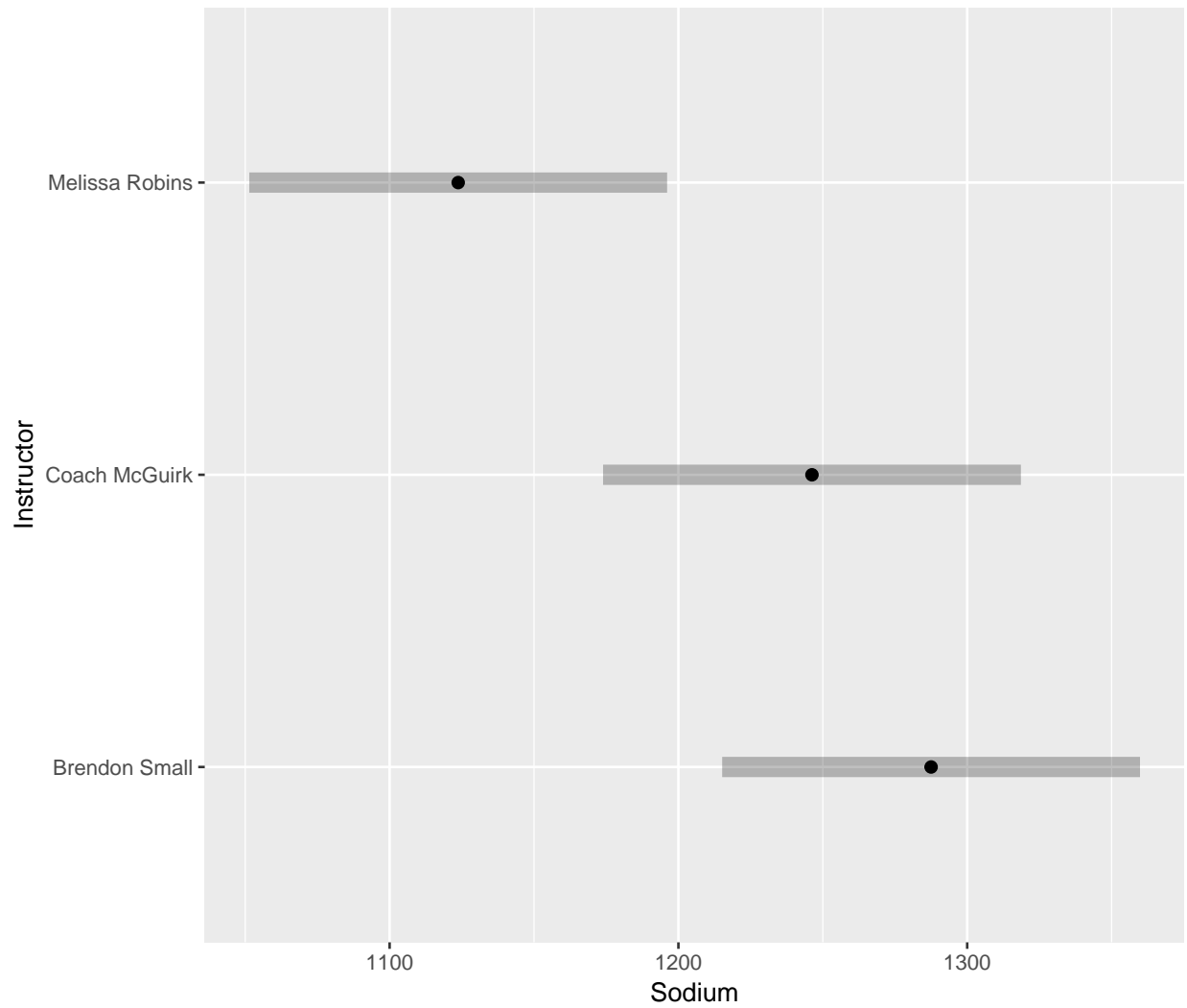
Instructor	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
Brendon Small	1288	36.1	57	1215	1360
Coach McGuirk	1246	36.1	57	1174	1319
Melissa Robins	1124	36.1	57	1051	1196

Confidence level used: 0.95

Registered S3 methods overwritten by 'ggplot2':

method	from
[.quosures	rlang
c.quosures	rlang
print.quosures	rlang





Testes post hoc:

Legenda:

A ... Brendon Small
 B ... Coach McGuirk
 C ... Melissa Robins

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: `lm(formula = Sodium ~ Instructor, data = TH)`

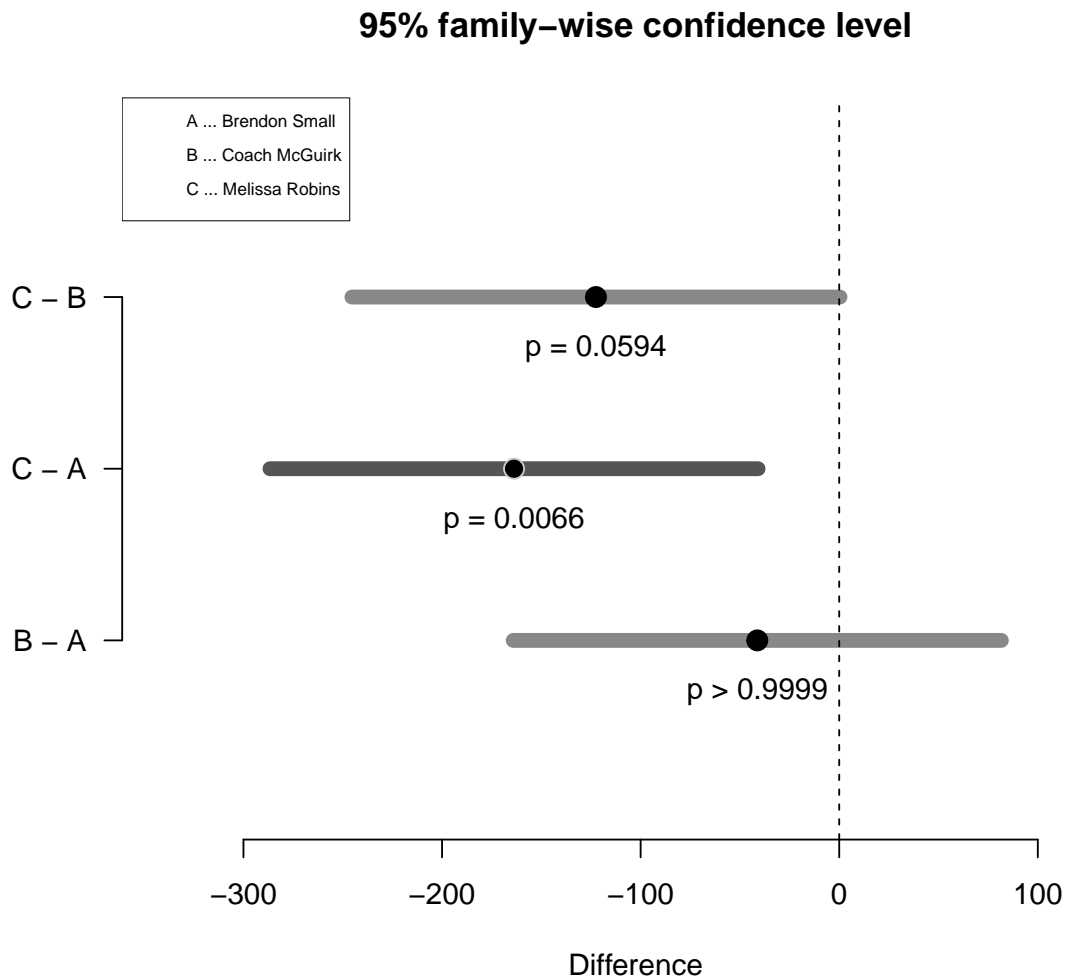
Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
B - A == 0	-41.25	51.09	-0.807	1.00000
C - A == 0	-163.75	51.09	-3.205	0.00664 **

```

C - B == 0  -122.50      51.09  -2.398  0.05939 .
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- bonferroni method)

```



Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Dunnett Contrasts

Fit: `lm(formula = Sodium ~ Instructor, data = TH)`

Linear Hypotheses:

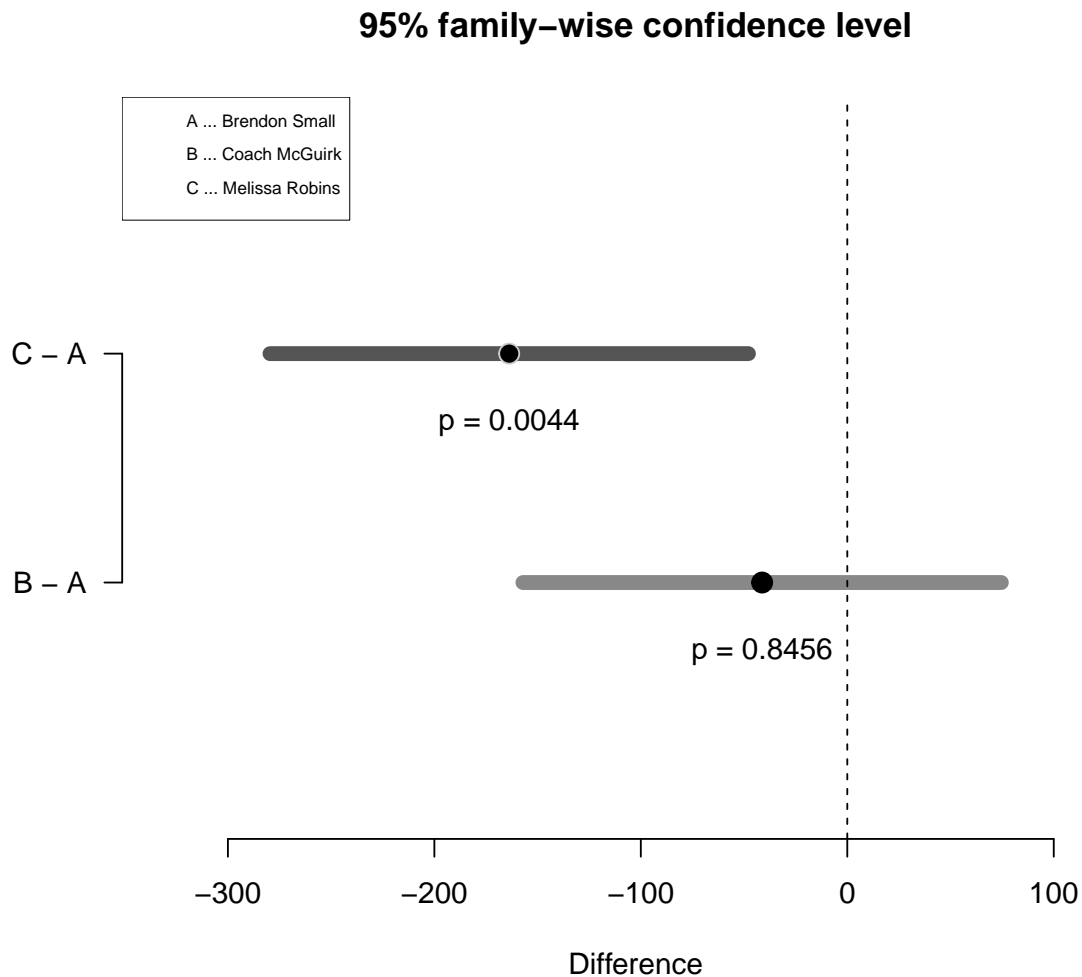
	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
B - A == 0	-41.25	51.09	-0.807	0.84559
C - A == 0	-163.75	51.09	-3.205	0.00443 **

```

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

(Adjusted p values reported -- bonferroni method)



Analise a saída deste *RScript* e encontre:

- a estatística descritiva (textual e gráficos)
- a ANOVA unifatorial
 - encontre os graus de liberdade $F(2, 57)$.
 - o valor de F calculado, igual a 5.5748, NA.
 - o valor de p correspondente, igual a 0.006148, NA.
 - o tamanho de efeito, $\eta^2=0.1636056$.
- os testes *post hoc* com a legenda:

A ... Brendon Small

B ... Coach McGuirk

C ... Melissa Robins

- e seus resultados em:
 - contrastes de Tukey (textual e gráfico) com os respectivos valores p : 1, 0.0066393, 0.0593866

- contrastes de Dunnett (textual e gráfico) com os respectivos valores p : 0.8455883, 0.0044262
- note que $p = 1$ não pode existir, é um arredondamento; por este motivo, no gráfico, fizemos uma correção.



Existem muitas famílias de testes para análise *post hoc* disponíveis.

Uma família de testes para análise *post-hoc* mais conservadora é adequada quando há um grande número de comparações como, por exemplo, o das diferenças honestamente significantes (DHS) de Tukey.

“O Teste proposto por Tukey (1953) é também conhecido como teste de Tukey da diferença honestamente significativa (honestly significant difference)(HSD) e teste de Tukey da diferença totalmente significativa (wholly significant difference)(WSD). É um teste exato em que, para a família de todas as $c = \frac{1}{2}k(k-1)$ comparações duas a duas, a taxa de erro da família dos testes (FWER) é exatamente α (e o intervalo de confiança é exatamente $1 - \alpha$). Métodos de comparações múltiplas exatos são raros. O teste de Tukey tem sido mostrado analiticamente ótimo, no sentido que, entre todos os procedimentos que resultam em intervalos de confiança com mesmo tamanho para todas as diferenças duas a duas com coeficiente de confiança da família de pelo menos $1 - \alpha$, o teste de Tukey resulta em intervalos menores. Isso quer dizer que, se a família consiste em todas as comparações duas a duas e o teste de Tukey pode ser usado, ele resultará em intervalos menores que qualquer outro método de comparação múltipla de uma etapa.”

<http://www.portaction.com.br/anova/31-teste-de-tukey>

Exemplo de relatório para a ANOVA unifatorial independente

Há 60 participantes no estudo balanceado com três condições independentes, sendo que **nenhuma** delas é de controle. Os participantes foram distribuídos aleatoriamente e **balanceadamente** nos três grupos. As suposições de normalidade e homocedasticidade da VD **foram consideradas válidas**. As médias amostrais brutas mostram que **menor ingesta de sódio foi observada entre estudantes submetidos ao programa aplicado por Melissa Robins**. A **ingesta de sódio dos estudantes de Brendon Small e do Coach McGuirk** são semelhantes. A análise de variância de um fator fixo entre participantes mostrou que o efeito fixo **Sódio** é estatisticamente significativo, pois o teste omnibus produziu **$F(2;57) = 5,57$ e $p = 0,00615$** . O tamanho do efeito do fator **Instrutor** é expresso por η^2 ao quadrado, sendo que seu valor é igual a **0,16**. Portanto, **16% da variância da ingesta de sódio** é explicada pelo **programa adotado pelos respectivos instrutores**. Os testes *post hoc* de Tukey-HSD confirmaram que as diferenças entre **os programas adotados por Robins e Small**, e entre **os adotados por Robins e McGuirk** são estatisticamente significantes. Não se observou diferença estatisticamente significativa entre **os programas adotados por Small e McGuirk**.

ANOVA unifatorial independente de Welch

O *RScript* ANOVA1f_indep_Welch_sodio.R é uma modificação mais robusta do anterior.

As linhas de código que produzem a ANOVA de Fisher-White:

```
modelo <- lm(Sodium~Instructor, data=TH)
print(res <- car::Anova(modelo, type=2, white.adjust=TRUE))
```

são substituídas por:

```
print(res <- jmv::anovaOneW(formula = Sodium~Instructor, data=TH,
                             desc=TRUE, descPlot = FALSE, phMethod = 'gamesHowell',
                             phMeanDif = TRUE, phTest=TRUE, phFlag=TRUE))
```

O objeto **res**, que recebe o que retorna da função `jmv::anovaOneW()` é diferente de `car::Anova()` e, portanto, na sequência do *RScript*, a captação dos valores foram devidamente ajustados. Esta função da library *jmv* já executa os testes *post hoc*.

Executando:

```
# ANOVA1f_indep_Welch_sodio.R
# para ajustar este RScript para outros dados
# troque a planilha xlsx e substitua as palavras
# Instructor pela nova VI (fator)
# Sodium pela nova VD (resposta)

library(psych)
library(lattice)
library(car)
library(gplots)
library(jmv)
library(readxl)

# suppress warnings
options(warn=-1)

TH <- read_excel("Nutricao3.xlsx")
TH$Instructor <- factor(TH$Instructor, levels=unique(TH$Instructor))

print(with(TH, psych::describeBy(Sodium,Instructor,digits=2)))
boxplot(Sodium~Instructor,data=TH,
        ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
        xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
)
print(grf <- lattice::xyplot(Sodium~Instructor, data=TH, type=c("p","a"),
                             jitter.x=TRUE, col="black"))
with(TH, gplots::plotmeans(Sodium~Instructor,
                           error.bars="conf.int", level=.95,
                           connect=FALSE,
                           ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
                           xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")],
                           main="IC95%",
                           barcol="black"))
car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=TH, rug=TRUE, from=0, normalize=TRUE,
                 na.rm=TRUE, ylab="Densidade", col=c("black", "black", "black"))
cat("\n")

cat("\nANOVA unifatorial independente de Welch\n\n")
alfa <- 0.05
VD <- names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")]
VI <- names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
cat("VD =", VD,"\n")
cat("Fator =", VI,"\n")
cat("\nAnalise de significancia estatistica: teste omnibus\n")
print(res <- jmv::anovaOneW(formula = Sodium~Instructor, data=TH,
```



```

desc=TRUE, descPlot = FALSE, phMethod='gamesHowell',
phMeanDif = TRUE, phTest=TRUE, phFlag=TRUE))
cat("\nAnálise de significancia pratica: tamanho de efeito\n")
F <- as.numeric(res$anova$asDF[2])
dfn <- as.numeric(res$anova$asDF[3])
dfd <- as.numeric(res$anova$asDF[4])
eta2 <- dfn*F/(dfn*F+dfd)
if (0 <= eta2 & eta2 < 0.1) {geta2 <- "minimo"}
if (0.1 <= eta2 & eta2 < 0.6) {geta2 <- "pequeno"}
if (0.6 <= eta2 & eta2 < 0.14) {geta2 <- "intermediario"}
if (0.14 <= eta2 & eta2 <= 1.0) {geta2 <- "grande"}
cat("- eta^2 =", eta2, "\nGrau", geta2,
      "de explicacao da variancia da VD", VD,"pela VI", VI,"\n")
f2 <- eta2/(1-eta2) # tamanho de efeito f de Cohen
ncp <- dfd*f2 # parametro de nao-centralidade
fc <- qf(1-alfa, dfn, dfd, 0)
p <- 1-pf(F,dfn,dfd,0)
if (p < 1e-4)
{
  p <- sprintf("%.2e",p)
} else
{
  p <- sprintf("%.4f",p)
}
f <- seq(0,2*ncp,0.01)
densf <- df(f, dfn, dfd, 0)
plot(f, densf, xlab="F", ylab="densidade", lwd=2, type="l")
densf <- df(f, dfn, dfd, ncp)
lines(f,densf, lwd=2, lty=2)
abline(v=fc, lty=3)
abline(v=F, lty=4)
legend("topright",
      c("H0", "Obs",
        paste("Fc(",dfn,",",round(dfd,3),") = ",round(fc,3),sep=""),
        paste("Fobs = ",round(F,3),"\n",
              "p = ",p,sep="")
      ),
      lwd=c(2,2,1,1), lty=c(1,2,3,4))
cat("\n\nSelecao de modelo\n")
R2aj <- (F-1)/((F-1)+dfd+1)
cat("- R^2 ajustado =", R2aj, "\n")
omega2 <- (F-1)/((F-1)+dfd+2)
cat("- omega^2 = ", omega2,"\n\n")
# enable warnings
options(warn=0)

```

Obtém-se:

Attaching package: 'jmv'

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

pca

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

anova

Descriptive statistics by group

group: Brendon Small

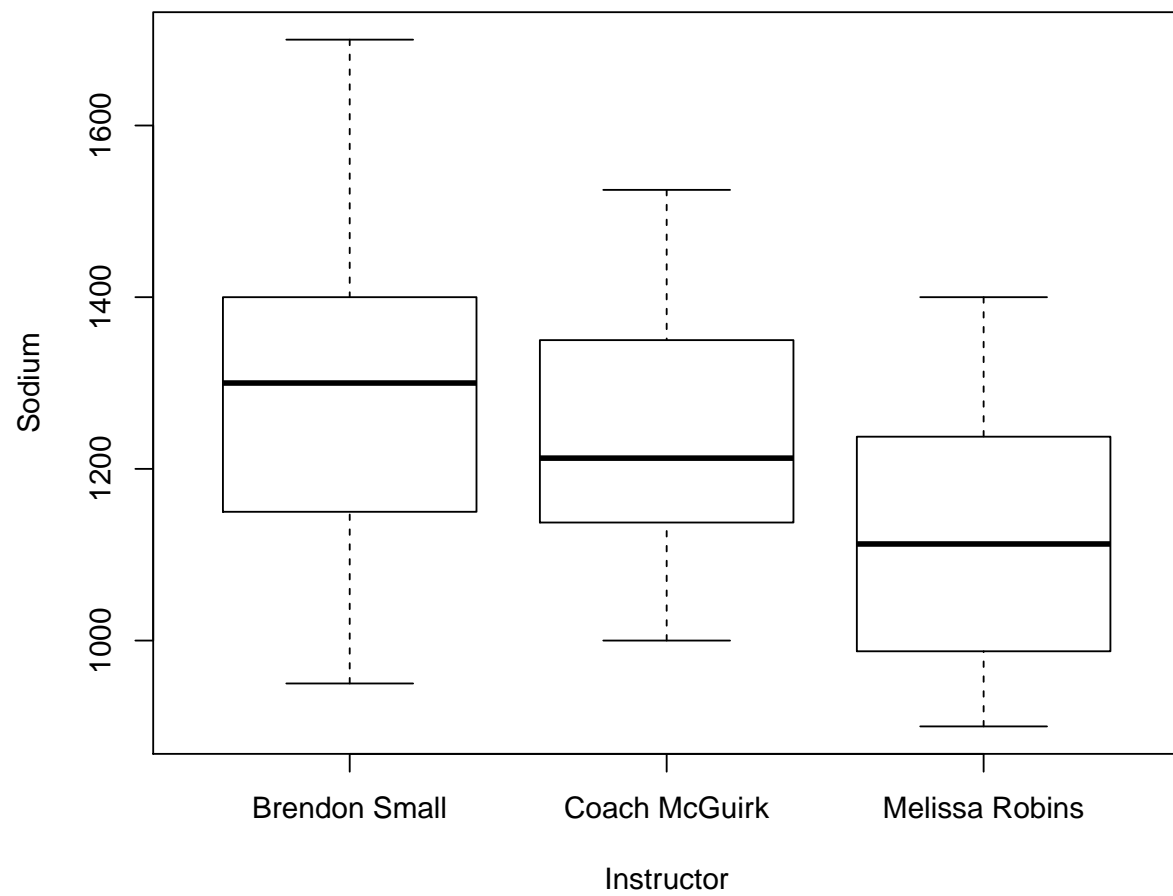
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1287.5	193.73	1300	1284.38	166.79	950	1700	750	0.12
			kurtosis	se							
X1			-0.46	43.32							

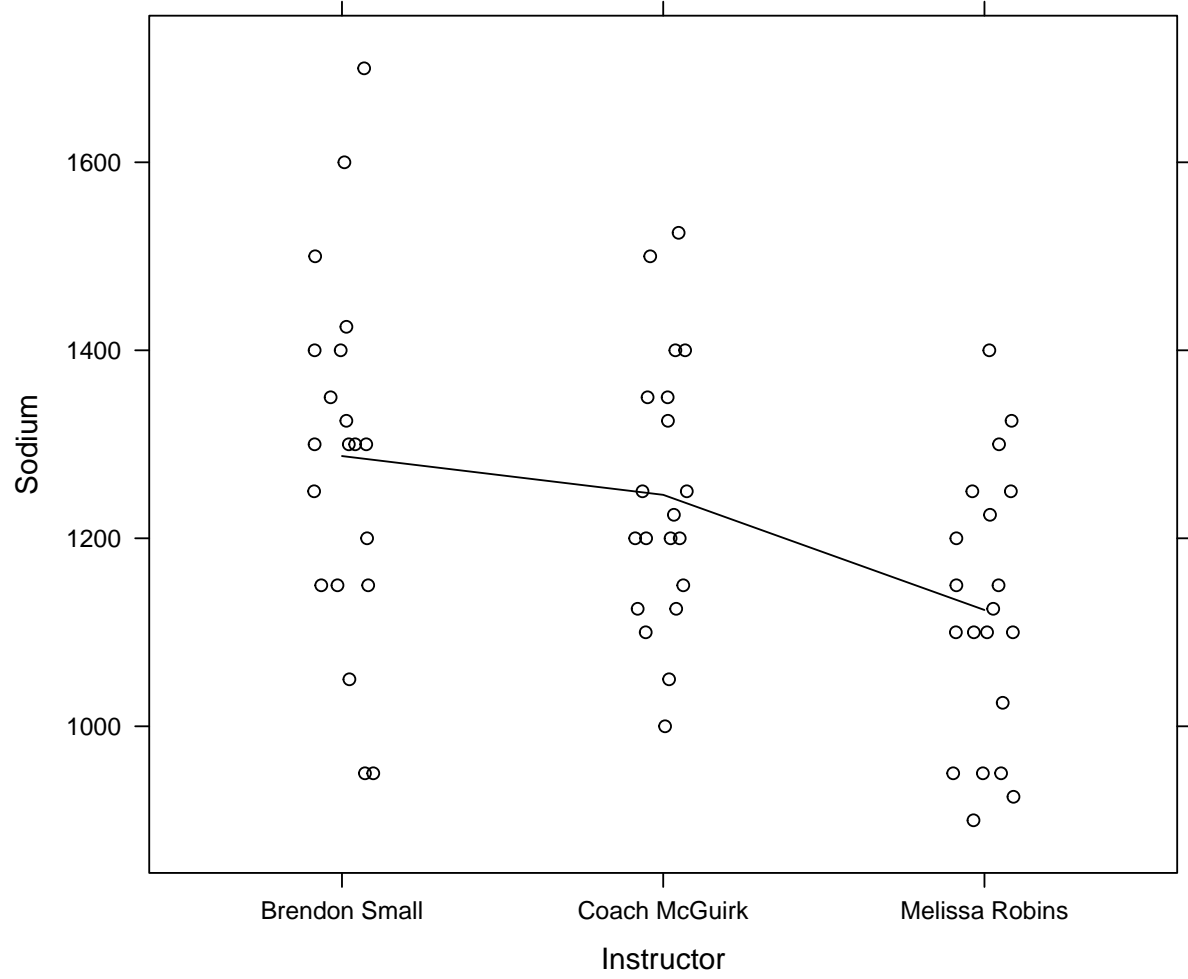
group: Coach McGuirk

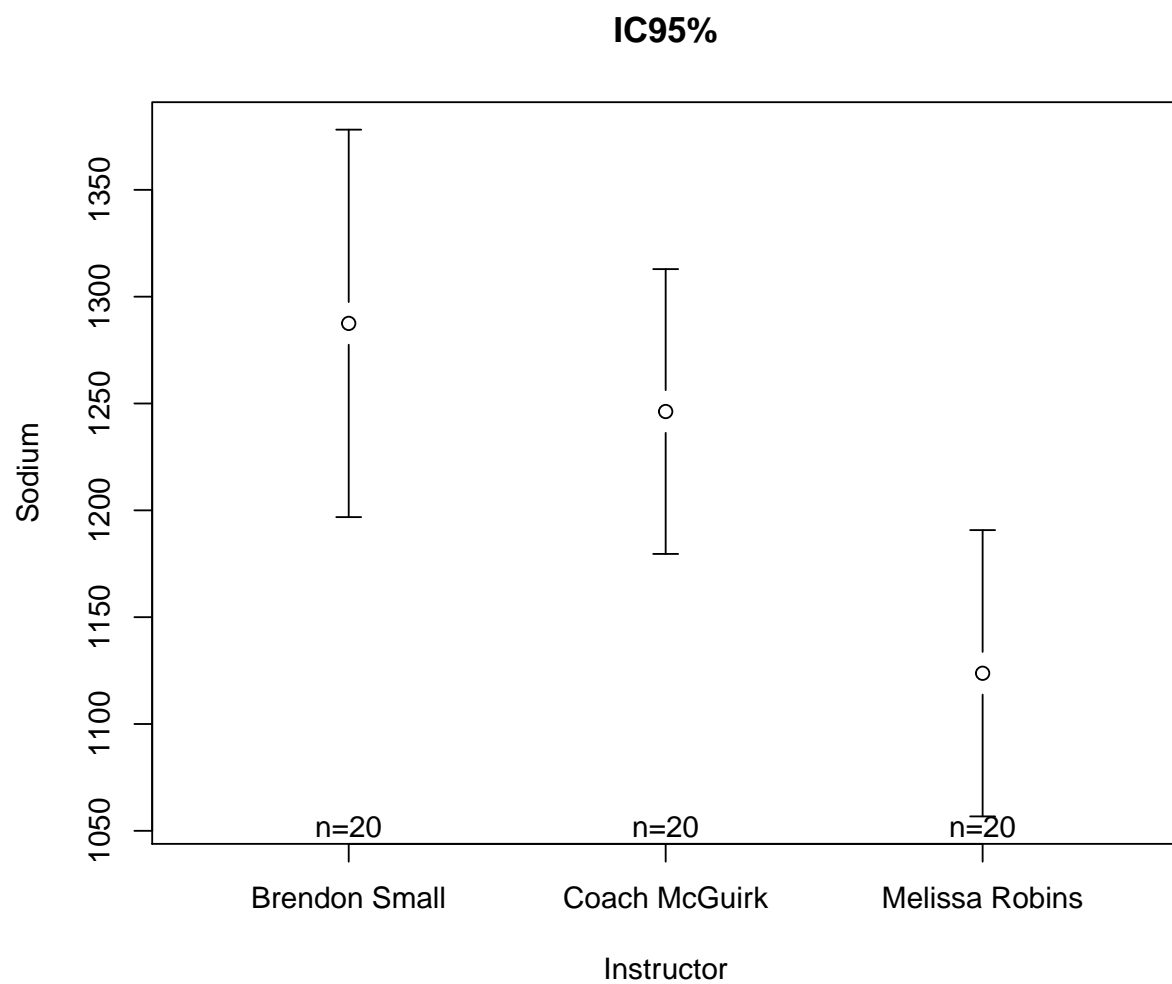
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1246.25	142.41	1212.5	1240.62	148.26	1000	1525	525	0.3
			kurtosis	se							
X1			-0.85	31.84							

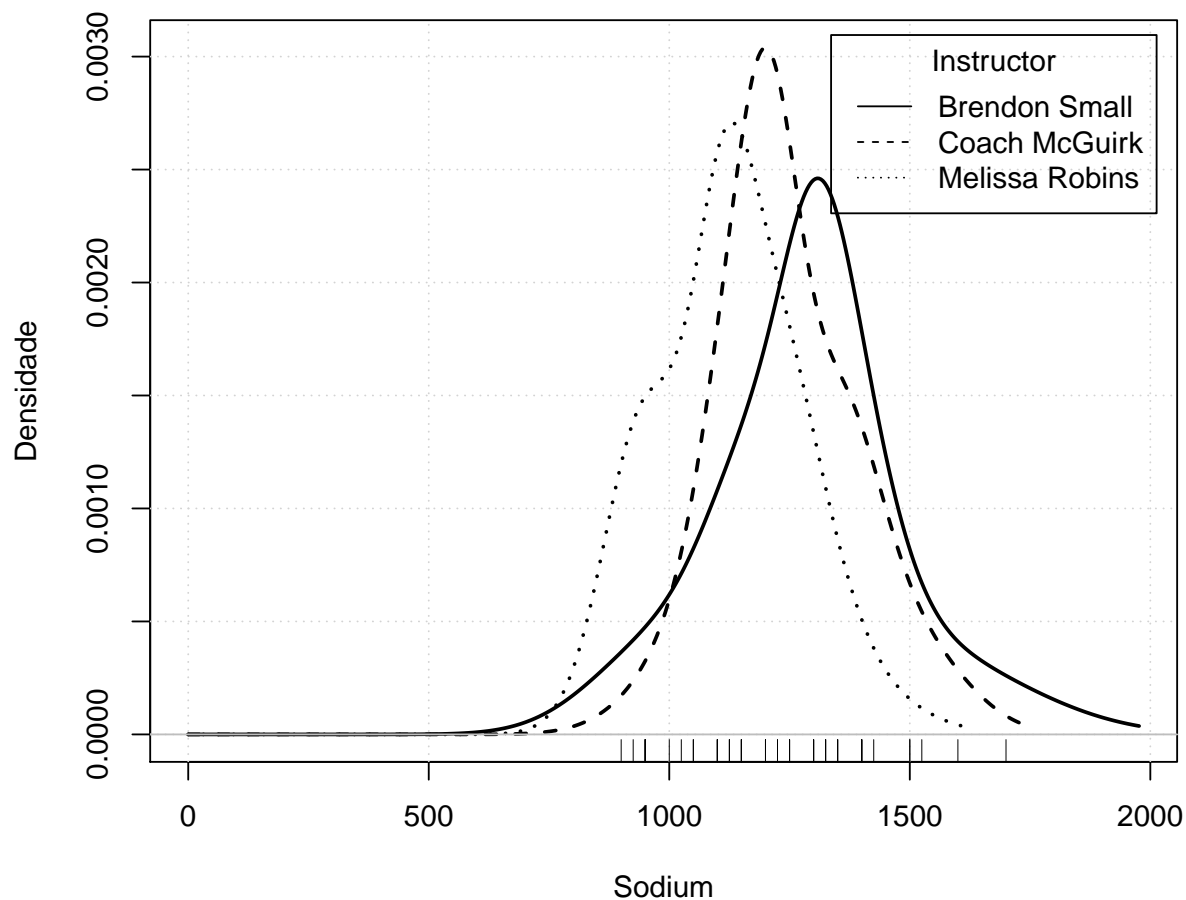
group: Melissa Robins

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1123.75	143.15	1112.5	1120.31	185.32	900	1400	500	0.08
			kurtosis	se							
X1			-1.1	32.01							









ANOVA unifatorial independente de Welch

VD = Sodium

Fator = Instructor

Análise de significância estatística:

One-Way ANOVA (Welch's)

dep	F[welch]	df1[welch]	df2[welch]	p[welch]
"Sodium"	Sodium 5.765465	2	37.39637	0.006569226

Group Descriptives

dep	group	num	mean	sd	se
"SodiumBrendon Small"	Sodium Brendon Small	20	1287.50	193.7341	43.32026
"SodiumCoach McGuirk"	Sodium Coach McGuirk	20	1246.25	142.4123	31.84435
"SodiumMelissa Robins"	Sodium Melissa Robins	20	1123.75	143.1495	32.00920

Games-Howell Post-Hoc Test - Sodium

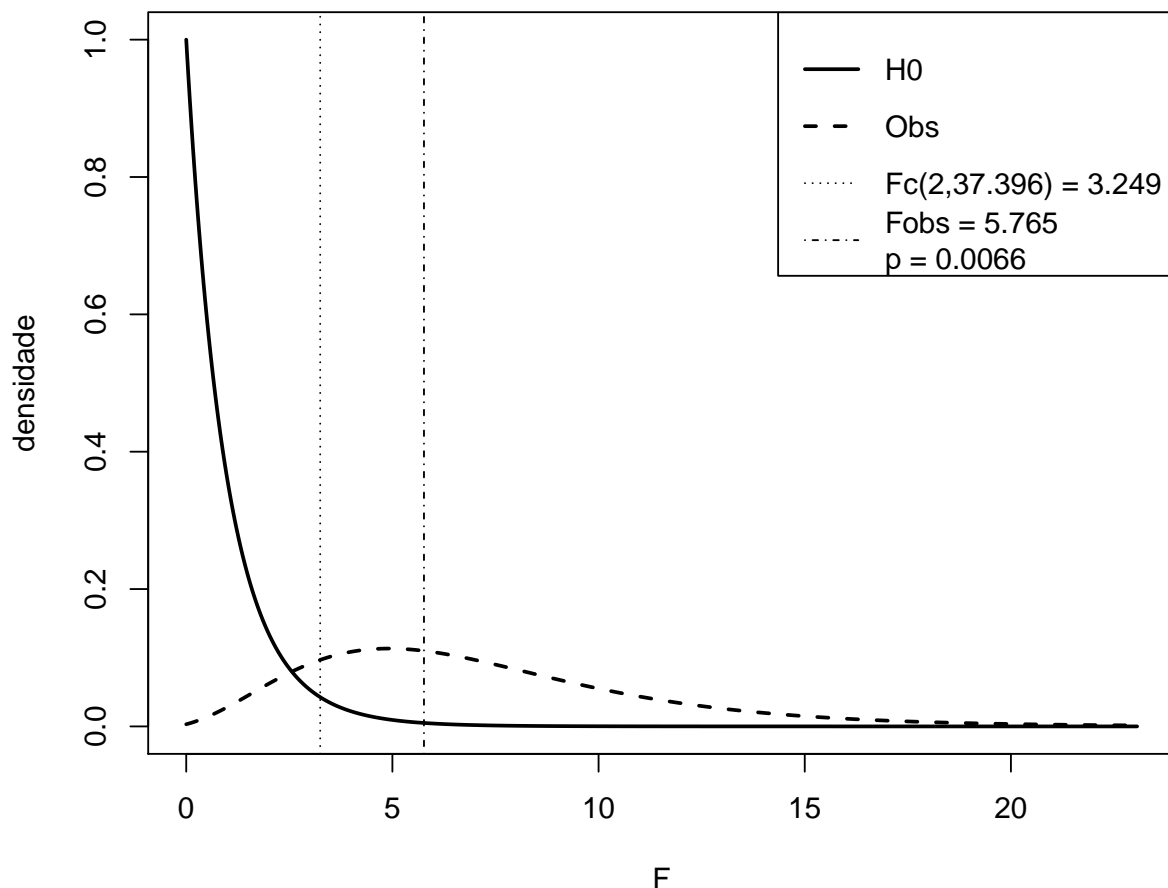
Brendon Small Coach McGuirk Melissa Robins

Brendon Small	Mean difference	-	41.25	163.75
	t-value	-	0.7672	3.0401
	df	-	34.8931	34.9827
	p-value	-	0.7253	0.0121
Coach McGuirk	Mean difference	-	-	122.5
	t-value	-	-	2.7131
	df	-	-	37.999
	p-value	-	-	0.0263
Melissa Robins	Mean difference	-	-	-
	t-value	-	-	-
	df	-	-	-
	p-value	-	-	-

Análise de significância prática: tamanho de efeito

- $\eta^2 = 0.2356748$

Grau grande de explicação da variância da VD Sodium pela VI Instructor



Selecao de modelo

- R^2 ajustado = 0.1104092
- ω^2 = 0.1079091

Analise a saída deste *RScript* e encontre:

- a mesma estatística descritiva do *RScript* anterior.
- os valores da ANOVA de Welch, com o valor F calculado= $(2,37.4)=5.7655$ e o valor- $p=0.00656922587209234$ (note o número fracionário para os graus de liberdade do denominados, da mesma forma que acontece com o teste t de Welch).
- os testes *post hoc*, na forma de uma matriz relacionando os pares de programas (Small, McGuirk e Robins), mostrando:
 - a diferença média
 - o valor da estatística t (são feitos testes t par-a-par)
 - os graus de liberdade fracionários (t de Welch)
 - os valores p , já corrigidos para serem interpretados em comparação com $\alpha=0.05$.
- o valor estimado para o tamanho de efeito do teste *omnibus*, dado por $\eta^2=0.2356748$.
- note que este procedimento não fornece os IC95% pós-modelo; pretendemos incorporar isto depois

A conclusão, neste exemplo, é similar à obtida com o teste de ANOVA de Fisher-White: o programa adotado por Melissa Robins obteve ingestas de sódio significativamente menores que a dos outros dois instrutores.

ANOVA unifatorial por bootstrapping

O *RScript* ANOVA1f_indep_Bootstrap_sodio.R é a versão com *bootstrapping* do pacote *lmboot*.

O *RScript* que implementa ANOVA desta maneira é:

```
# ANOVA1f_indep_Bootstrap_sodio.R
# para ajustar este RScript para outros dados
# troque a planilha xlsx e substitua as palavras
# Instructor pela nova VI (fator)
# Sodium pela nova VD (resposta)

library(psych)
library(lattice)
library(car)
library(gplots)
library(lmboot)
library(readxl)

# suppress warnings
options(warn=-1)

TH <- read_excel("Nutricao3.xlsx")
TH$Instructor <- factor(TH$Instructor, levels=unique(TH$Instructor))

print(with(TH, psych::describeBy(Sodium, Instructor, digits=2)))
boxplot(Sodium~Instructor, data=TH,
        ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
        xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
)
print(grf <- lattice::xyplot(Sodium~Instructor, data=TH, type=c("p", "a"),
                             jitter.x=TRUE, col="black"))
with(TH, gplots::plotmeans(Sodium~Instructor,
                            error.bars="conf.int", level=.95,
                            connect=FALSE,
                            ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
                            xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")],
                            main="IC95%",
                            barcol="black"))
car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=TH, rug=TRUE, from=0, normalize=TRUE,
                  na.rm=TRUE, ylab="Densidade", col=c("black", "black", "black"))
cat("\n")

cat("\nANOVA unifatorial por bootstrapping\n\n")
alfa <- 0.05
VD <- names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")]
VI <- names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
cat("VD =", VD, "\n")
cat("Fator =", VI, "\n")
cat("\nAnálise de significancia estatística: teste omnibus\n")
```

```

# remova seed para ter resultados variados
bootsamples <- 1e6
modelo_boot <- lmboot::ANOVA.boot(Sodium~Instructor,
                                   B = bootsamples, type = "residual",
                                   wild.dist = "normal",
                                   # seed = 123,
                                   data = TH,
                                   keep.boot.resp = FALSE)
cat(paste("F(",dfn,",",round(dfd,3),") = ",round(F,5),", p = ",round(modelo_boot$p-values,5),"\n", sep=""))
cat(paste("(",bootsamples," bootstrap samples)\n", sep=""))
cat("\nAnálise de significância prática: tamanho de efeito\n")
F <- qf(1-modelo_boot$p-values, modelo_boot$df[1], modelo_boot$df[2])
dfn <- as.numeric(modelo_boot$df[1])
dfd <- as.numeric(modelo_boot$df[2])
eta2 <- dfn*F/(dfn*F+dfd)
if (0 <= eta2 & eta2 < 0.1) {geta2 <- "minimo"}
if (0.1 <= eta2 & eta2 < 0.6) {geta2 <- "pequeno"}
if (0.6 <= eta2 & eta2 < 0.14) {geta2 <- "intermediario"}
if (0.14 <= eta2 & eta2 <= 1.0) {geta2 <- "grande"}
cat("- eta^2 = ", eta2, "\nGrau", geta2,
     "de explicacao da variancia da VD", VD,"pela VI", VI,"\n")
f2 <- eta2/(1-eta2) # tamanho de efeito f de Cohen
ncp <- dfd*f2 # parametro de nao-centralidade
fc <- qf(1-alfa, dfn, dfd, 0)
p <- modelo_boot$p-values
if (p < 1e-4)
{
  p <- sprintf("%.2e",p)
} else
{
  p <- sprintf("%.4f",p)
}
f <- seq(0,2*ncp,0.01)
densf <- df(f, dfn, dfd, 0)
plot(f, densf, xlab="F", ylab="densidade", lwd=2, type="l")
densf <- df(f, dfn, dfd, ncp)
lines(f,densf, lwd=2, lty=2)
abline(v=fc, lty=3)
abline(v=F, lty=4)
legend("topright",
       c("H0", "Obs",
         paste("Fc(",dfn,",",round(dfd,3),") = ",round(fc,3),sep=""),
         paste("Fobs = ",round(F,3),"\n",
               "p = ",p,sep="")),
       ,
       lwd=c(2,2,1,1), lty=c(1,2,3,4))
cat("\n\nSelecao de modelo\n")
R2aj <- (F-1)/((F-1)+dfd+1)
cat("- R^2 ajustado = ", R2aj, "\n")
omega2 <- (F-1)/((F-1)+dfd+2)
cat("- omega^2 = ", omega2,"\n\n")
# enable warnings
options(warn=0)

```

Obtendo-se:

Descriptive statistics by group

group: Brendon Small

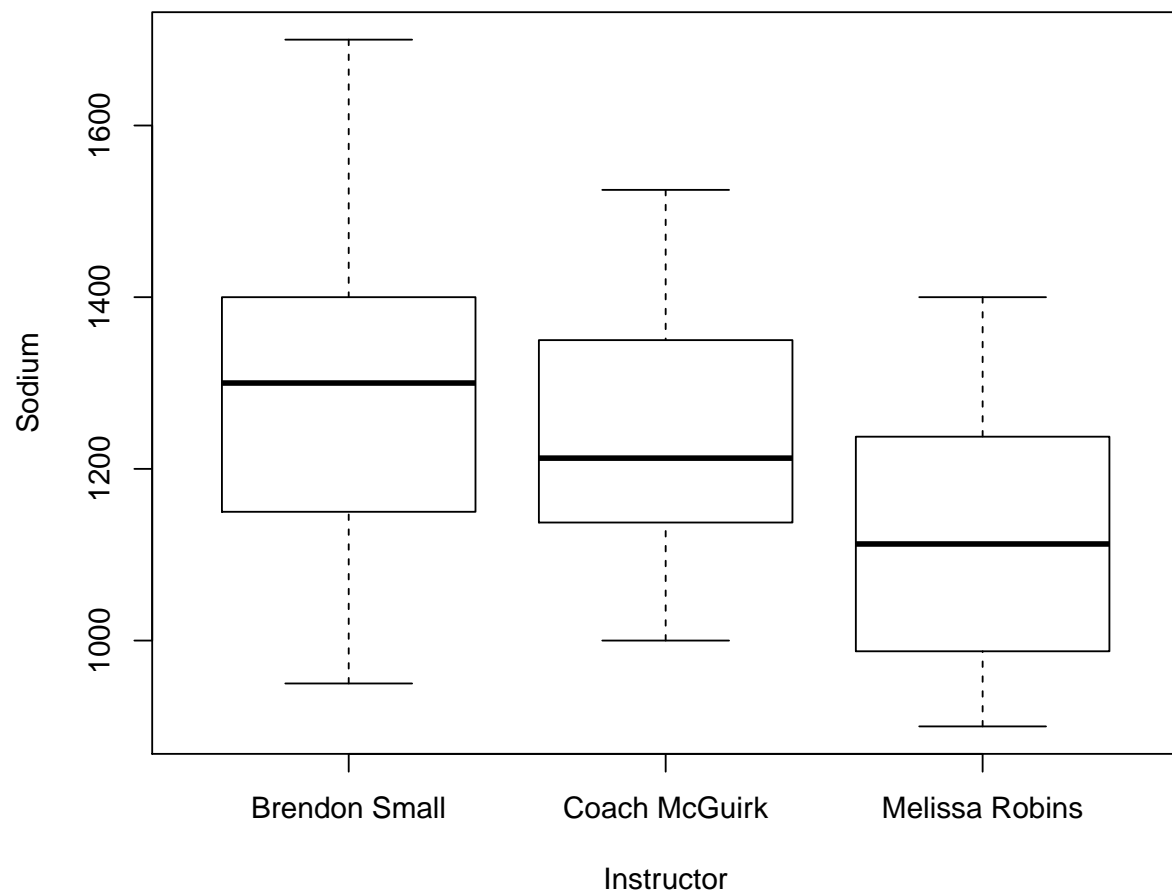
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1287.5	193.73	1300	1284.38	166.79	950	1700	750	0.12
			kurtosis	se							
X1			-0.46	43.32							

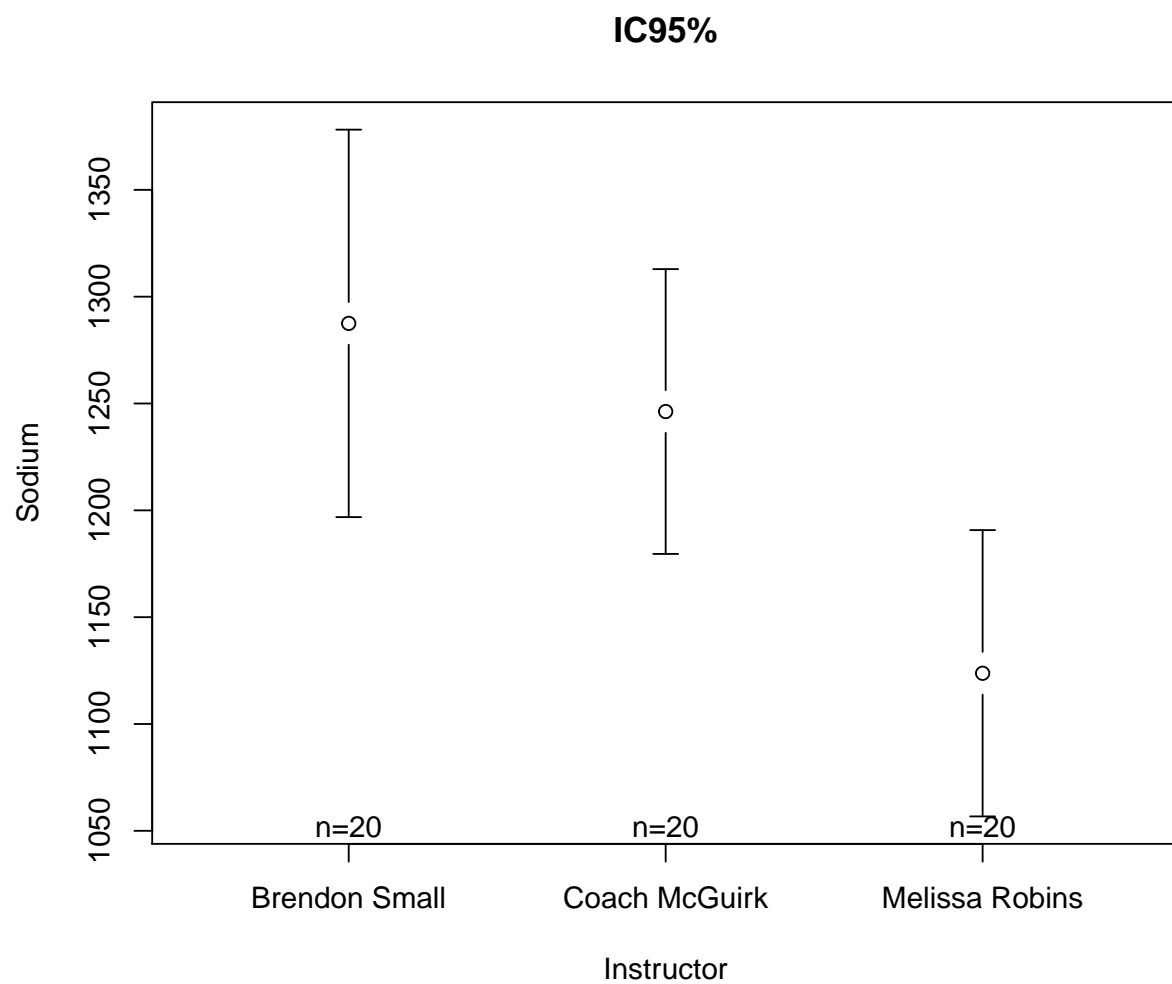
group: Coach McGuirk

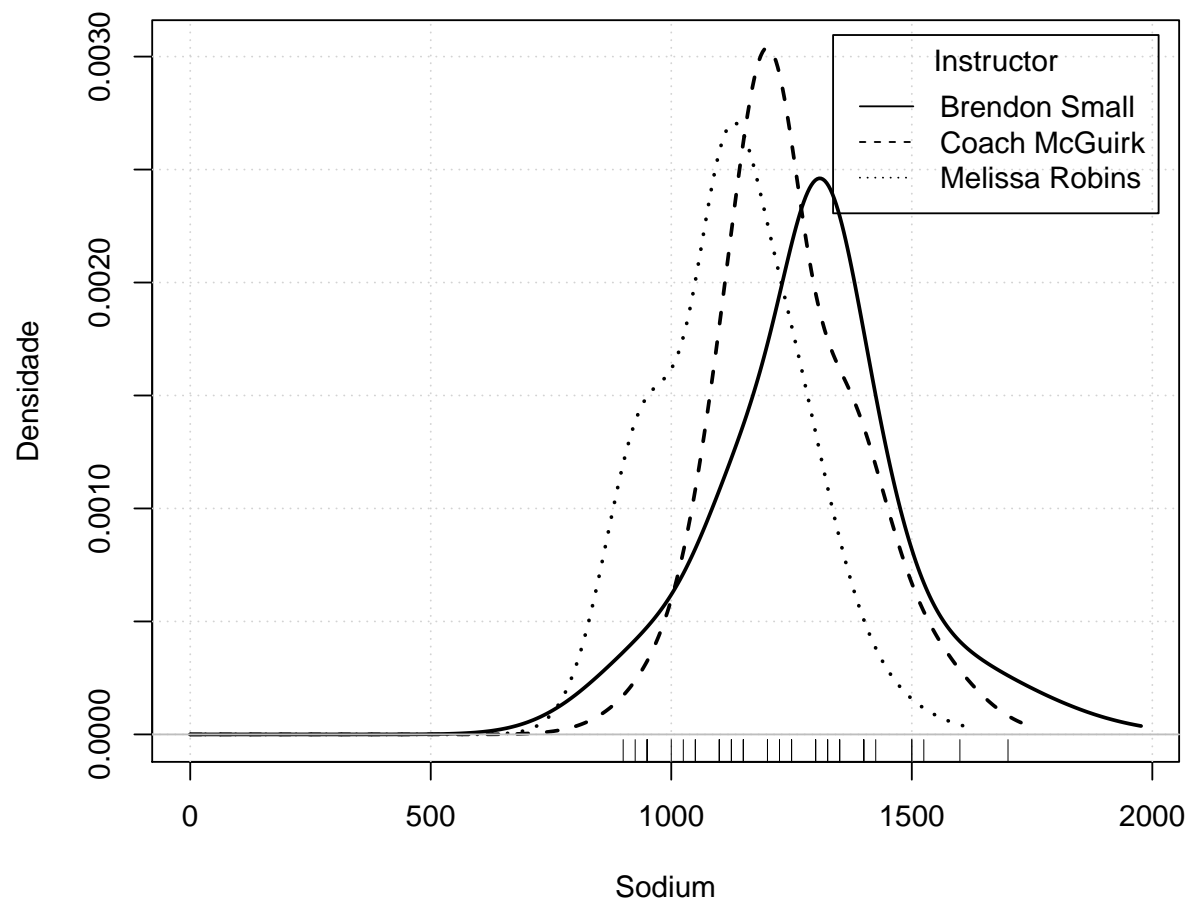
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1246.25	142.41	1212.5	1240.62	148.26	1000	1525	525	0.3
			kurtosis	se							
X1			-0.85	31.84							

group: Melissa Robins

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1123.75	143.15	1112.5	1120.31	185.32	900	1400	500	0.08
			kurtosis	se							
X1			-1.1	32.01							







ANOVA unifatorial por bootstrapping

VD = Sodium

Fator = Instructor

Análise de significância estatística: teste omnibus

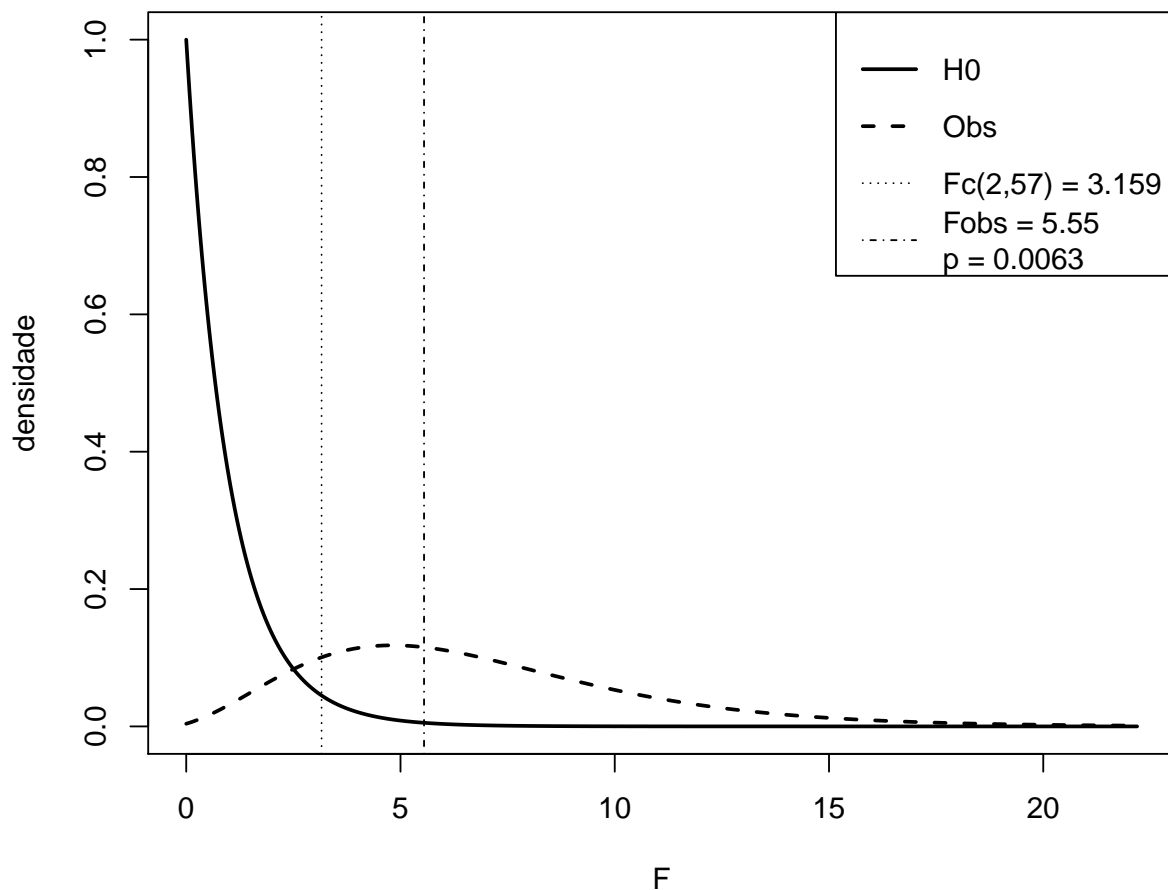
$F(2, 37.396) = 5.76546$, $p = 0.00628$

(1e+06 bootstrap samples)

Análise de significância prática: tamanho de efeito

- $\eta^2 = 0.1629901$

Grau grande de explicação da variância da VD Sodium pela VI Instructor



Selecao de modelo

- R^2 ajustado = 0.07273852
- ω^2 = 0.07159393

Verifique na saída:

- compare com as duas soluções anteriores.
- note que este procedimento não fornece os IC95% pós-modelo; pretendemos incorporar isto depois

ANOVA independente, sem os dados brutos

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

Para fazer os testes quando os dados brutos não estão disponíveis, criamos os seguintes scripts:

- ANOVA_Independente_Unifatorial_Fisher_SemDadosBrutos.R
- ANOVA_Independente_Unifatorial_Welch_SemDadosBrutos.R

ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas

Utilizada quando os participantes são avaliados sob todas as condições experimentais, i.e., um delineamento intraparticipantes.

Neste delineamento a variação entre os grupos não é devida às diferenças individuais (cada participante em cada grupo é o mesmo), e a fórmula para o cálculo da estatística F leva este fato em consideração.

O delineamento com medidas repetidas leva a um teste com maior poder.

No entanto, como o mesmo participante é controle de si mesmo e submetido a todas as condições experimentais, sugere-se que esta ordem de submissão, se possível, seja aleatorizada.

- suposições

– as diferenças dos valores das VDs são independentes entre as unidades observacionais. – as diferenças dos valores das VDs têm distribuição normal multivariada. – esfericidade: homocedasticidade das variâncias das diferenças das VDs (uma explicação sem muita matemática está em https://en.wikipedia.org/wiki/Mauchly%27s_sphericity_test)

“O teste t é ainda um teste válido, mesmo com modestas violações na suposição de normalidade, particularmente quando os tamanhos dos grupos são iguais e existe um número razoável de participantes em cada grupo; por “razoável” entendemos que [para um delineamento] completamente intraparticipantes, [deve haver] pelo menos 22 participantes ao todo.” (Dancey & Reidy, 2019, p. 472)

- situação



Usaremos os mesmos dados do exemplo anterior, mas imaginando que as 20 medidas de ingestão de sódio sejam do mesmo participante, submetido aos três diferentes programas educacionais. Então, a normalidade multivariada das três diferenças não pode ser assumida, pois há 20 unidades observacionais no estudo.



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

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

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

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

- planejamento

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

Estudantes atenderam os diferentes programas de educação nutricional sucessivamente, e os instrutores querem ver se a ingestão média de sódio é a mesma quando cada um dos três programas foi seguido.

- hipóteses nula e alternativa

O delineamento do estudo é diferente, mas as hipóteses são as mesmas:

$$H_0 : \mu_{\text{Small}} = \mu_{\text{McGuirk}} = \mu_{\text{Robins}}$$

$$H_1 : \exists \mu_i \neq \mu_j; i \neq j; i, j = 1, 2, 3$$

Operacionalização do teste

ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas, balanceadas

A planilha a ser utilizada é *Nutricao3par.xlsx*. Verifique a coluna *Student*, que foi alterada para indicar o participante nos três programas (compare com *Nutricao3.xlsx*, usada para ANOVA independente).

A libraries necessárias são *lmerTest* e *ez* e o trecho que aplica o método estatístico é:

```
res <- lmerTest::lmer(Sodium~Instructor + (1|Student), data=TH, REML=TRUE)
```

Executando:

```
# ANOVA1f_dep_balanc_sodio.R
# para ajustar este RScript para outros dados
# troque a planilha xlsx e substitua as palavras
# Instructor pela nova VI (fator)
# Sodium pela nova VD (resposta)

library(psych)
library(lattice)
library(car)
library(lmerTest)
library(ez)
library(readxl)

# suppress warnings
options(warn=-1)

TH <- read_excel("Nutricao3par.xlsx")
TH$Instructor <- factor(TH$Instructor, levels=unique(TH$Instructor))

print(with(TH, psych::describeBy(Sodium, Instructor, digits=2)))
boxplot(Sodium~Instructor, data=TH,
        ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
        xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
)
print(grf <- lattice::xyplot(Sodium~Instructor, data=TH, type=c("p", "a"),
```

```

                                jitter.x=TRUE, col="black"))
car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=TH, rug=TRUE, from=0, normalize=TRUE,
                  na.rm=TRUE, ylab="Densidade", col=c("black", "black", "black"))
cat("\n")

cat(paste("\nTeste omnibus por GLMM com efeito aleatorio\n"))
alfa <- 0.05
VD <- names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")]
VI <- names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
cat("VD =", VD, "\n")
cat("Fator =", VI, "\n")
cat("\nAnalise de significancia estatistica: teste omnibus\n")
res <- lmerTest::lmer(Sodium~Instructor + (1|Student), data=TH, REML=TRUE)
cat("\n"); print(res1 <- stats::anova(res)); cat("\n")
print(lmerTest::rand(res))
cat(paste("\nTeste post hoc\n\n"))
print(out <- lmerTest::diffsmeans(res))
dfn <- as.numeric(res1[3])
dfd <- as.numeric(res1[4])
F <- as.numeric(res1[5])
cat("\nAnalise de significancia pratica: tamanho de efeito\n")
eta2 <- dfn*F/(dfn*F+dfd)
if (0 <= eta2 & eta2 < 0.1) {geta2 <- "minimo"}
if (0.1 <= eta2 & eta2 < 0.6) {geta2 <- "pequeno"}
if (0.6 <= eta2 & eta2 < 0.14) {geta2 <- "intermediario"}
if (0.14 <= eta2 & eta2 <= 1.0) {geta2 <- "grande"}
cat("\neta^2 =", eta2, "\nGrau", geta2,
     "\nde explicacao da variancia da VD", VD, "pela VI", VI, "\n")
f2 <- eta2/(1-eta2) # tamanho de efeito f de Cohen
ncp <- dfd*f2 # parametro de nao-centralidade
fc <- qf(1-alfa, dfn, dfd, 0)
p <- 1-pf(F,dfn,dfd,0)
if (p < 1e-4)
{
  p <- sprintf("%.2e",p)
} else
{
  p <- sprintf("%.4f",p)
}
f <- seq(0,2*ncp,0.01)
densf <- df(f, dfn, dfd, 0)
plot(f, densf, xlab="F", ylab="densidade", lwd=2, type="l")
densf <- df(f, dfn, dfd, ncp)
lines(f,densf, lwd=2, lty=2)
abline(v=fc, lty=3)
abline(v=F, lty=4)
legend("topright",
      c("H0", "Obs",
        paste("Fc(",dfn,",",round(dfd,3),") = ",round(fc,3),sep=""),
        paste("Fobs = ",round(F,3),"\n",
              "p = ",p,sep="")),
      ),
      lwd=c(2,2,1,1), lty=c(1,2,3,4))

```

```

cat("\n\nSelecao de modelo\n")
R2aj <- (F-1)/((F-1)+dfd+1)
cat("- R^2 ajustado =", R2aj, "\n")
omega2 <- (F-1)/((F-1)+dfd+2)
cat("- omega^2 = ", omega2, "\n\n")
cat("Teste omnibus por GLM univariado\n")
# ezANOVA: apenas para medidas repetidas balanceadas
print(res <- ez::ezANOVA(data=TH, dv=Sodium, wid=Student, within=Instructor,
                        detailed=TRUE, type=3))

# enable warnings
options(warn=0)

```

Obtém-se:

Loading required package: lme4

Loading required package: Matrix

Registered S3 methods overwritten by 'lme4':

method	from
cooks.distance.influence.merMod	car
influence.merMod	car
dfbeta.influence.merMod	car
dfbetas.influence.merMod	car

Attaching package: 'lmerTest'

The following object is masked from 'package:lme4':

lmer

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

step

Descriptive statistics by group

group: Brendon Small

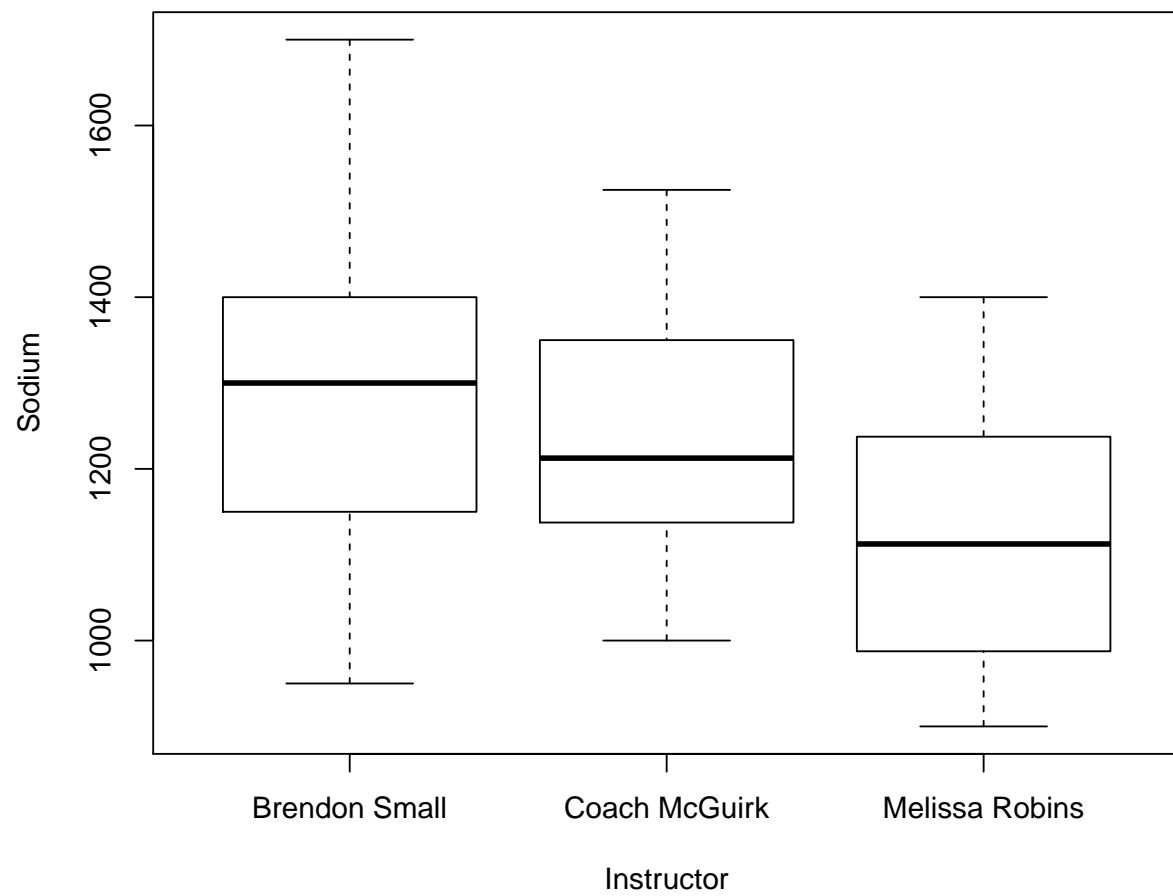
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1287.5	193.73	1300	1284.38	166.79	950	1700	750	0.12
	kurtosis	se									
X1			-0.46	43.32							

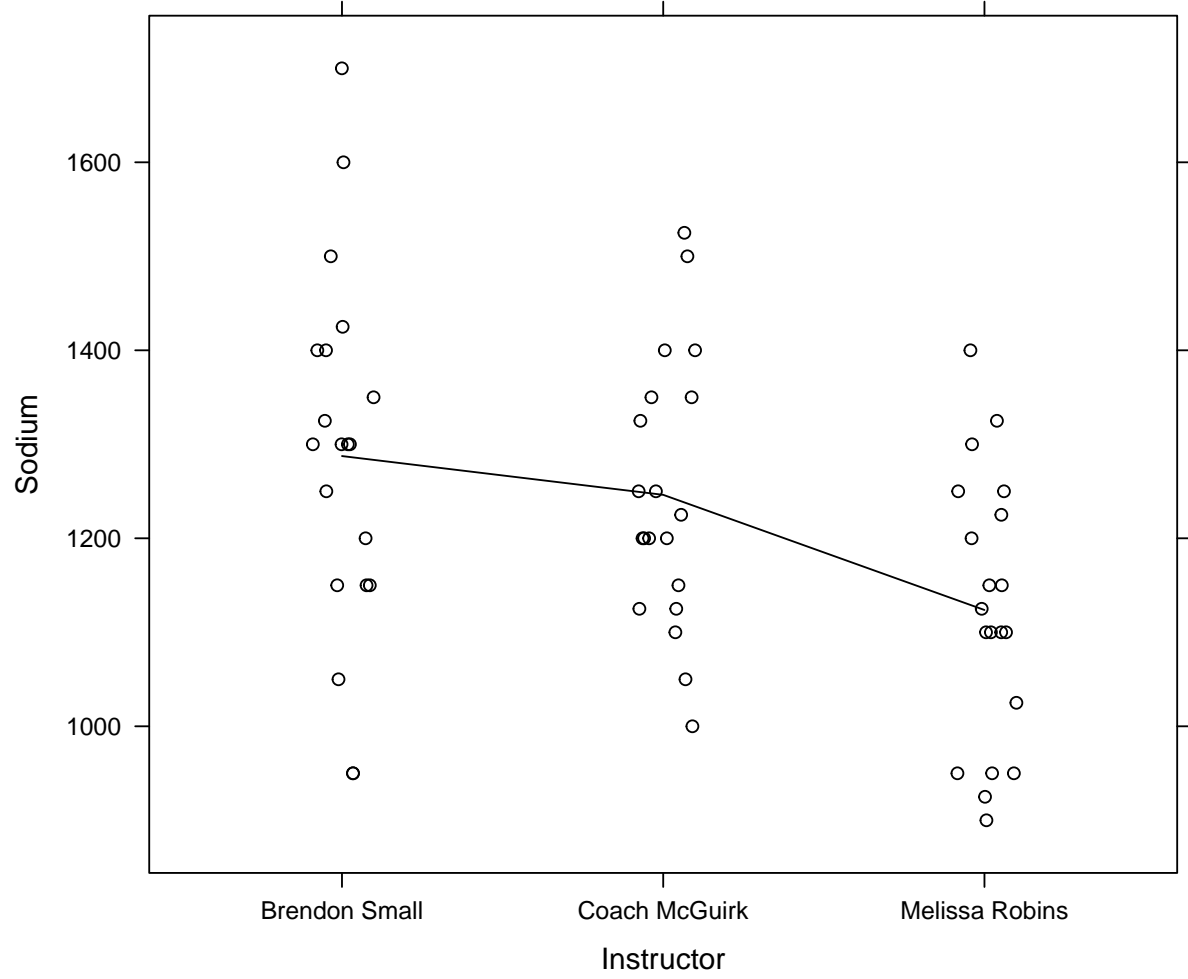
group: Coach McGuirk

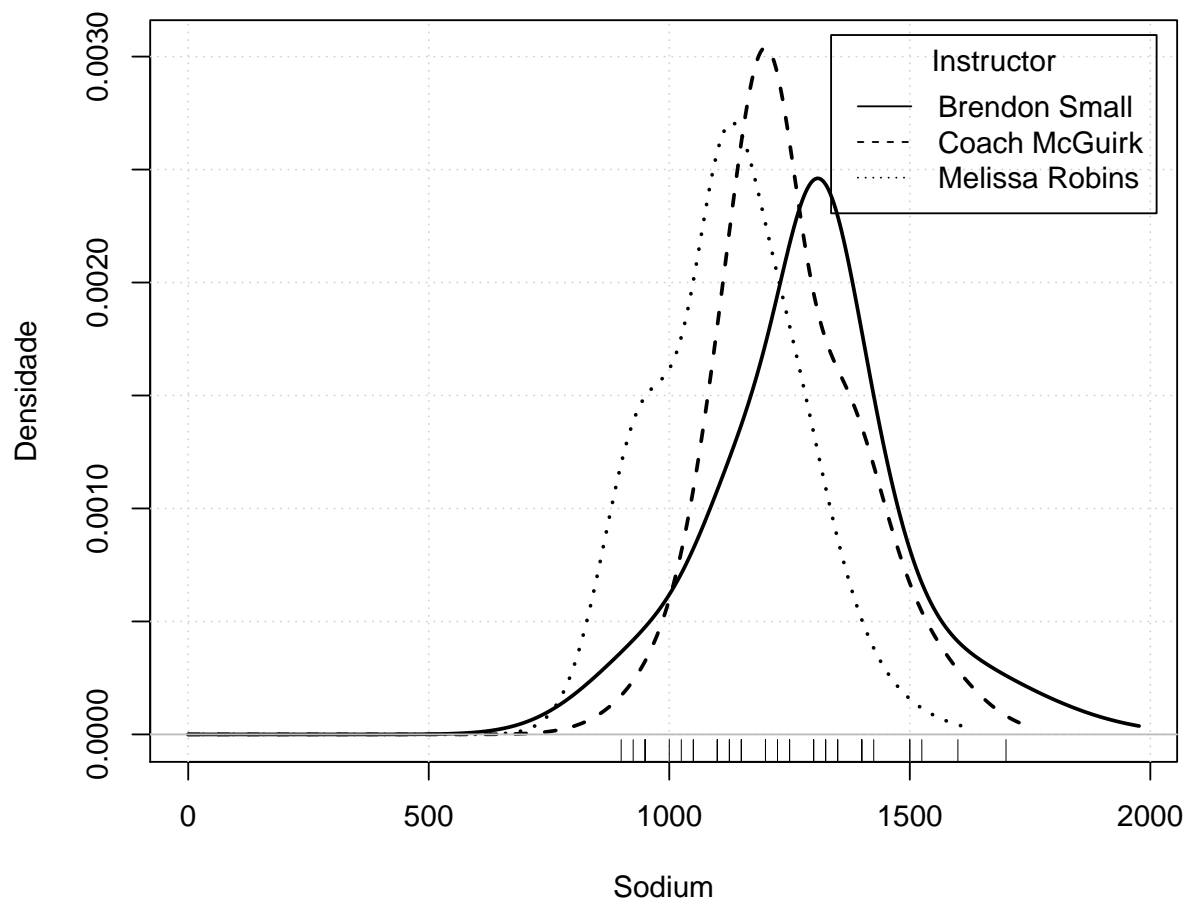
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1246.25	142.41	1212.5	1240.62	148.26	1000	1525	525	0.3
	kurtosis	se									
X1			-0.85	31.84							

group: Melissa Robins

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1123.75	143.15	1112.5	1120.31	185.32	900	1400	500	0.08
	kurtosis	se									
X1			-1.1	32.01							







Teste omnibus por GLMM com efeito aleatorio
 VD = Sodium
 Fator = Instructor

Analise de significancia estatistica: teste omnibus

Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
Instructor	290146	145073	2	38	30.581	1.217e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

ANOVA-like table for random-effects: Single term deletions

Model:

Sodium ~ Instructor + (1 | Student)

	npair	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
<none>	5	-352.02	714.05			

(1 | Student) 4 -375.21 758.42 46.376 1 9.763e-12 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Teste post hoc

Least Squares Means table:

	Estimate	Std. Error	df
InstructorBrendon Small - InstructorCoach McGuirk	41.2500	21.7807	38
InstructorBrendon Small - InstructorMelissa Robins	163.7500	21.7807	38
InstructorCoach McGuirk - InstructorMelissa Robins	122.5000	21.7807	38
	t value	lower	
InstructorBrendon Small - InstructorCoach McGuirk	1.8939	-2.8426	
InstructorBrendon Small - InstructorMelissa Robins	7.5181	119.6574	
InstructorCoach McGuirk - InstructorMelissa Robins	5.6243	78.4074	
	upper	Pr(> t)	
InstructorBrendon Small - InstructorCoach McGuirk	85.3426	0.06587	.
InstructorBrendon Small - InstructorMelissa Robins	207.8426	4.949e-09	***
InstructorCoach McGuirk - InstructorMelissa Robins	166.5926	1.866e-06	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

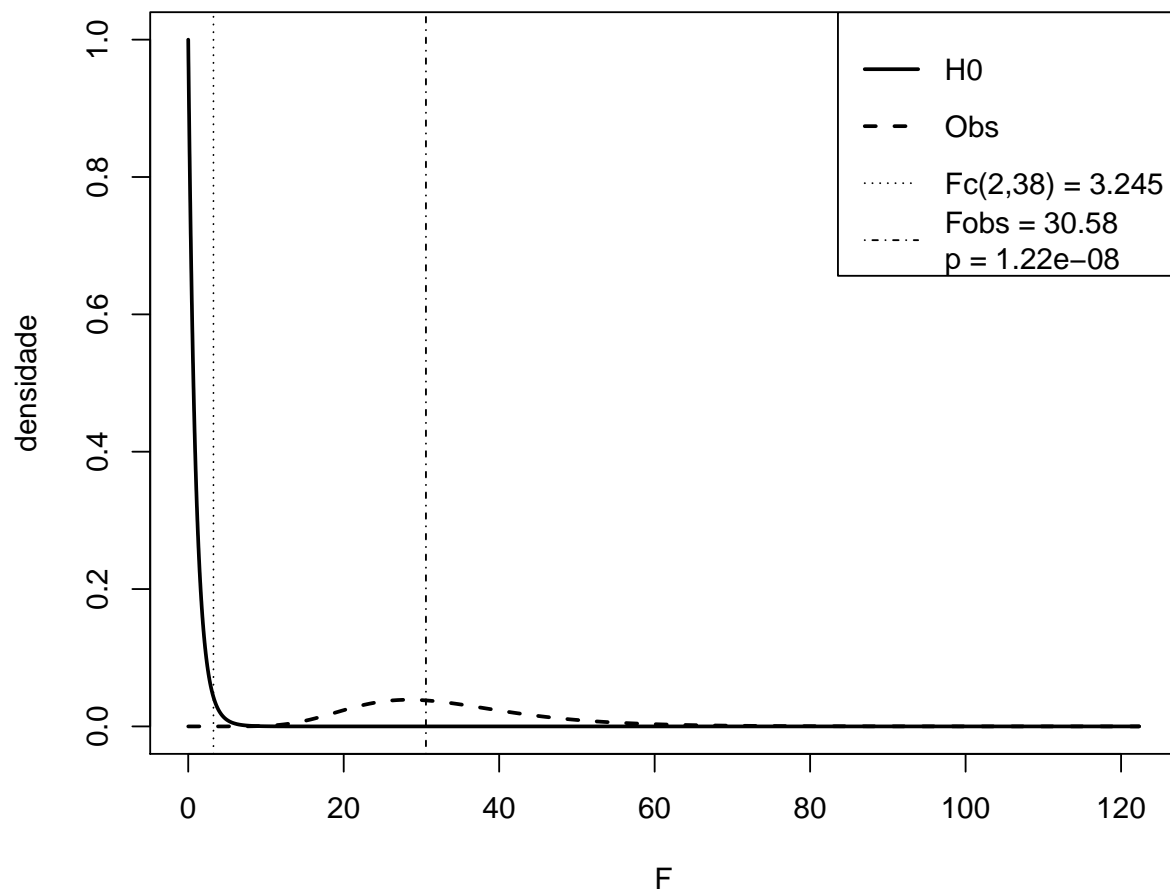
Confidence level: 95%

Degrees of freedom method: Satterthwaite

Análise de significância prática: tamanho de efeito

$\eta^2 = 0.6167848$

Grau grande de explicação da variância da VD Sodium pela VI Instructor



Selecao de modelo

- R^2 ajustado = 0.4313252
 - ω^2 = 0.4251262

Teste omnibus por GLM univariado

\$ANOVA

Effect	DFn	DFd	SSn	SSd	F	p	p<.05
1 (Intercept)	1	19	89182041.7	1307541.7	1295.91189	6.002751e-19	*
2 Instructor	2	38	290145.8	180270.8	30.58049	1.217342e-08	*

ges

1	0.9835909
2	0.1631905

\$`Mauchly's Test for Sphericity`

Effect	W	p	p<.05
2 Instructor	0.3889714	0.0002038255	*

\$`Sphericity Corrections`

	Effect	GGe	p[GG]	p[GG]<.05	HFe	p[HF]
2	Instructor	0.6207214	3.881854e-06	*	0.6427565	2.772133e-06
			p[HF]<.05			
2	*					

Análise a saída deste *RScript* e encontre:

- a estatística descritiva (sempre a mesma).
- observe o valor de F calculado e valor- p correspondentes (neste exemplo fictício, os dados são os mesmos da ANOVA independente).
- localize e interprete os testes *post hoc*; compare com os valores- p da ANOVA independente.
- aparece um novo trecho, “Teste omnibus por GLM univariado”.

ANOVA unifatorial relacionada ou para medidas repetidas, desbalanceadas

Vamos usar os mesmos dados, mas eliminar uma única medida (removemos o estudante **a** de Melissa Robins, planilha *Nutricao3parD.xlsx*).

Para lidar com esta situação, o *RScript* execute:

```
# ANOVA1f_dep_desbalanc_sodio.R
# para ajustar este RScript para outros dados
# troque a planilha xls e substitua as palavras
# Instructor pela nova VI (fator)
# Sodium pela nova VD (resposta)

library(psych)
library(lattice)
library(car)
library(lmerTest)
library(readxl)

# suppress warnings
options(warn=-1)

TH <- read_excel("Nutricao3parD.xlsx")
TH$Instructor <- factor(TH$Instructor, levels=unique(TH$Instructor))

print(with(TH, psych::describeBy(Sodium, Instructor, digits=2)))
boxplot(Sodium~Instructor, data=TH,
        ylab=names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")],
        xlab=names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")])
)
print(grf <- lattice::xyplot(Sodium~Instructor, data=TH, type=c("p", "a"),
                             jitter.x=TRUE, col="black"))
car::densityPlot(Sodium~Instructor, data=TH, rug=TRUE, from=0, normalize=TRUE,
                 na.rm=TRUE, ylab="Densidade", col=c("black", "black", "black"))
cat("\n")

cat(paste("\nTeste omnibus por GLMM com efeito aleatorio\n"))
alfa <- 0.05
VD <- names(TH)[which(names(TH)=="Sodium")]
VI <- names(TH)[which(names(TH)=="Instructor")]
cat("VD =", VD, "\n")
cat("Fator =", VI, "\n")
```

```

cat("\nAnálise de significancia estatística: teste omnibus\n")
res <- lmerTest::lmer(Sodium~Instructor + (1|Student), data=TH, REML=TRUE)
cat("\n"); print(res1 <- stats::anova(res)); cat("\n")
print(lmerTest::rand(res))
cat(paste("\nTeste post hoc\n\n"))
print(out <- lmerTest::diffsmeans(res))
dfn <- as.numeric(res1[3])
dfd <- as.numeric(res1[4])
F <- as.numeric(res1[5])
cat("\nAnálise de significancia prática: tamanho de efeito\n")
eta2 <- dfn*F/(dfn*F+dfd)
if (0 <= eta2 & eta2 < 0.1) {geta2 <- "minimo"}
if (0.1 <= eta2 & eta2 < 0.6) {geta2 <- "pequeno"}
if (0.6 <= eta2 & eta2 < 0.14) {geta2 <- "intermediario"}
if (0.14 <= eta2 & eta2 <= 1.0) {geta2 <- "grande"}
cat("\neta^2 =", eta2, "\nGrau", geta2,
     "de explicacao da variancia da VD", VD,"pela VI", VI,"\n")
f2 <- eta2/(1-eta2) # tamanho de efeito f de Cohen
ncp <- dfd*f2 # parametro de nao-centralidade
fc <- qf(1-alfa, dfn, dfd, 0)
p <- 1-pf(F,dfn,dfd,0)
if (p < 1e-4)
{
  p <- sprintf("%.2e",p)
} else
{
  p <- sprintf("%.4f",p)
}
f <- seq(0,2*ncp,0.01)
densf <- df(f, dfn, dfd, 0)
plot(f, densf, xlab="F", ylab="densidade", lwd=2, type="l")
densf <- df(f, dfn, dfd, ncp)
lines(f,densf, lwd=2, lty=2)
abline(v=fc, lty=3)
abline(v=F, lty=4)
legend("topright",
      c("H0", "Obs",
        paste("Fc(",dfn,",",round(dfd,3),") = ",round(fc,3),sep=""),
        paste("Fobs = ",round(F,3),"\n",
              "p = ",p,sep="")),
      ,
      lwd=c(2,2,1,1), lty=c(1,2,3,4))
cat("\n\nSelecao de modelo\n")
R2aj <- (F-1)/((F-1)+dfd+1)
cat("- R^2 ajustado =", R2aj, "\n")
omega2 <- (F-1)/((F-1)+dfd+2)
cat("- omega^2 = ", omega2,"\n\n")
# enable warnings
options(warn=0)

```

É o mesmo *RScript* usado para a ANOVA balanceada, exceto pelas linhas finais (“Teste omnibus por GLM univariado”). Obtém-se:

Descriptive statistics by group

group: Brendon Small

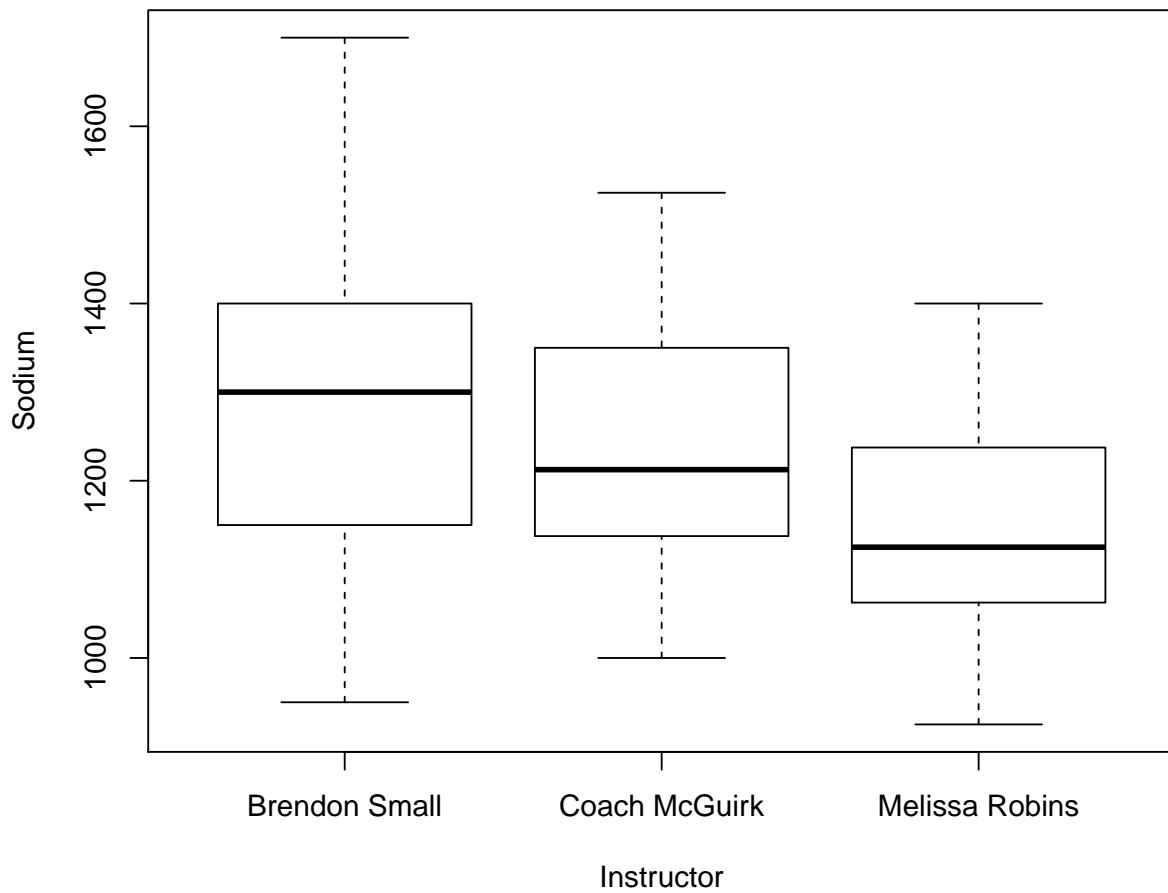
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1287.5	193.73	1300	1284.38	166.79	950	1700	750	0.12
			kurtosis	se							
X1			-0.46	43.32							

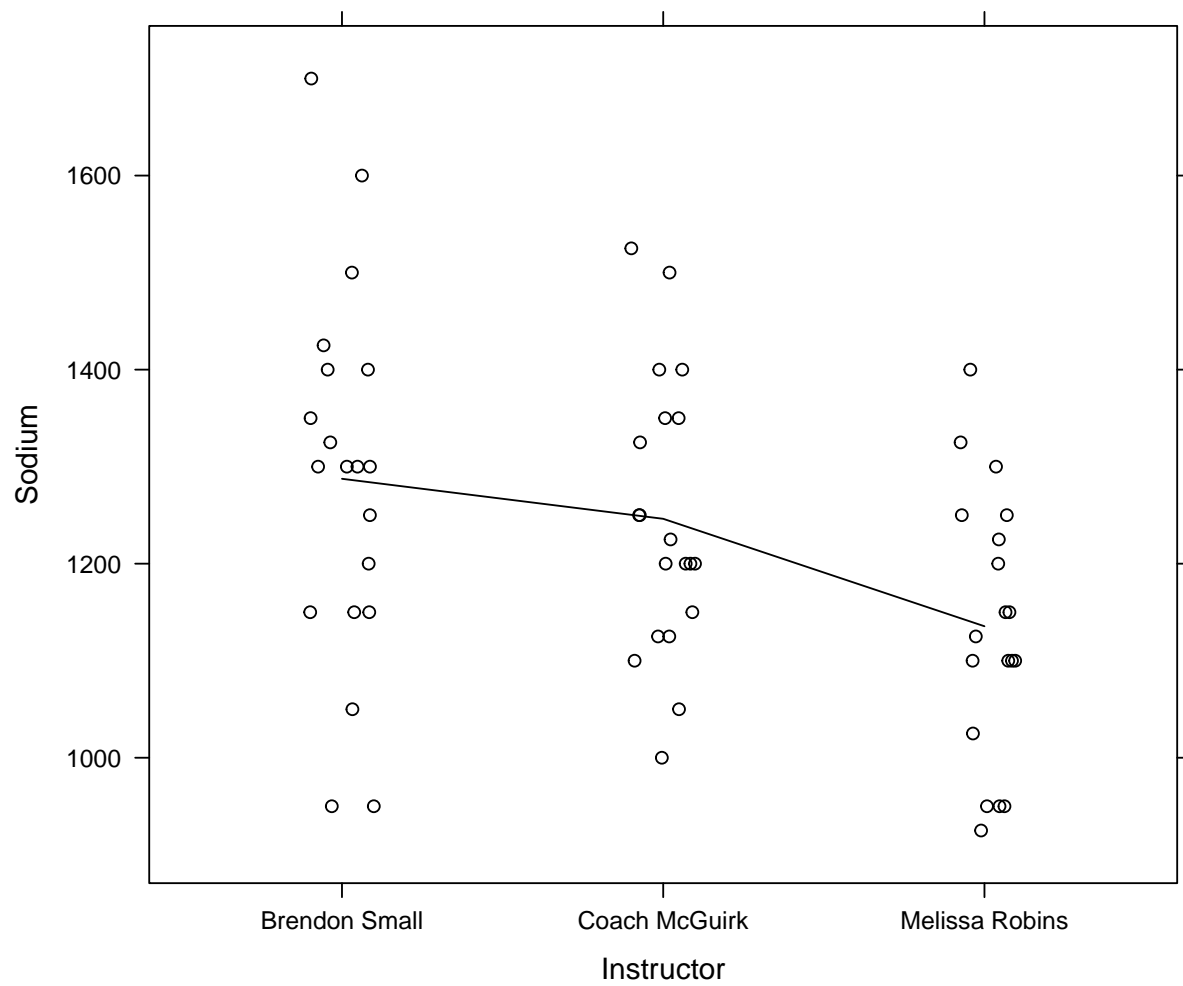
group: Coach McGuirk

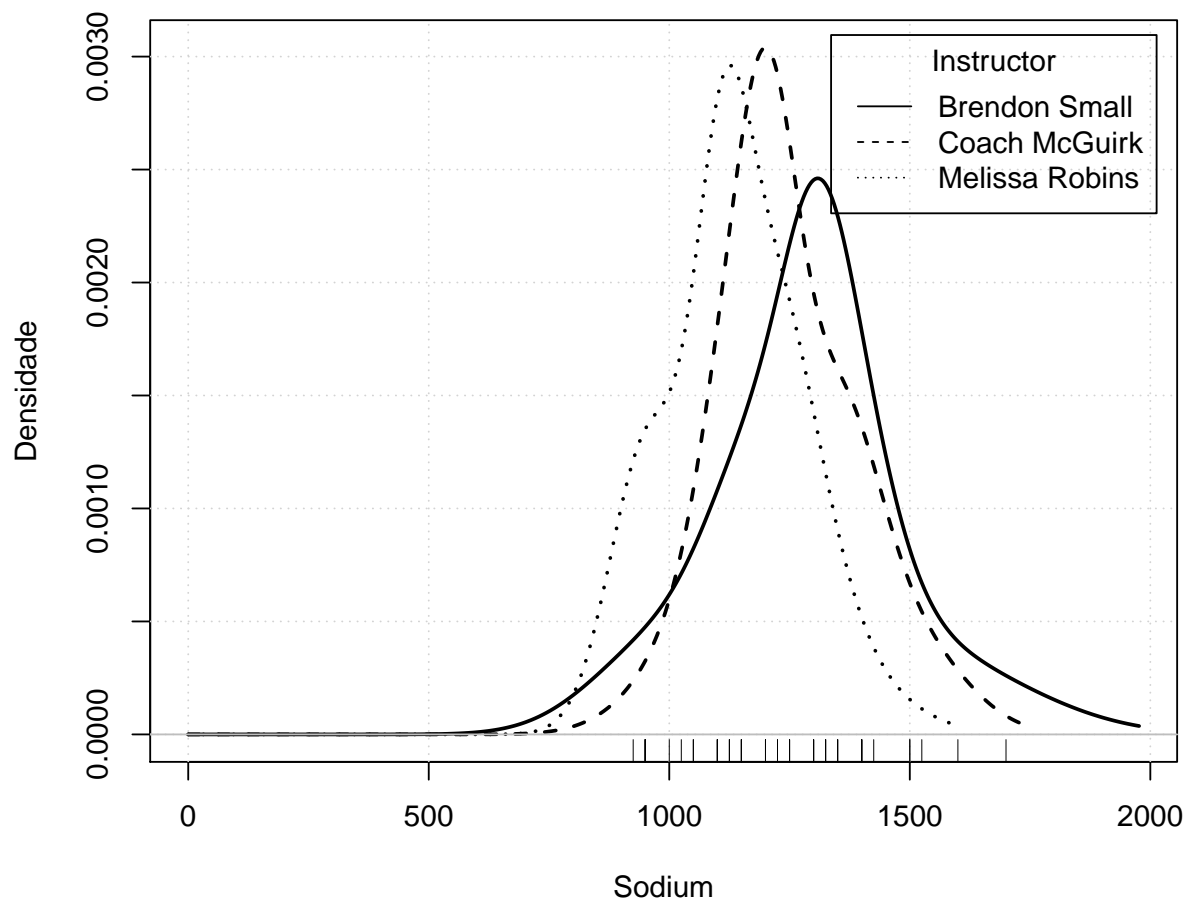
	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	20	1246.25	142.41	1212.5	1240.62	148.26	1000	1525	525	0.3
			kurtosis	se							
X1			-0.85	31.84							

group: Melissa Robins

	vars	n	mean	sd	median	trimmed	mad	min	max	range	skew
X1	1	19	1135.53	136.76	1125	1132.35	148.26	925	1400	475	0.08
			kurtosis	se							
X1			-1.04	31.37							







Teste omnibus por GLMM com efeito aleatorio
 VD = Sodium
 Fator = Instructor

Analise de significancia estatistica: teste omnibus

Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
Instructor	254746	127373	2	37.086	27.369	4.998e-08 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

ANOVA-like table for random-effects: Single term deletions

Model:

Sodium ~ Instructor + (1 | Student)

	npair	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
<none>	5	-345.58	701.16			

(1 | Student) 4 -368.17 744.34 45.177 1 1.8e-11 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Teste post hoc

Least Squares Means table:

	Estimate	Std. Error
InstructorBrendon Small - InstructorCoach McGuirk	41.2500	21.5730
InstructorBrendon Small - InstructorMelissa Robins	157.5073	21.9807
InstructorCoach McGuirk - InstructorMelissa Robins	116.2573	21.9807

	df	t value	lower	upper	Pr(> t)
InstructorBrendon Small - InstructorCoach McGuirk	37.0	1.9121	-2.4601	84.9601	0.06362 .
InstructorBrendon Small - InstructorMelissa Robins	37.1	7.1657	112.9749	202.0397	1.677e-08 ***
InstructorCoach McGuirk - InstructorMelissa Robins	37.1	5.2891	71.7249	160.7897	5.709e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

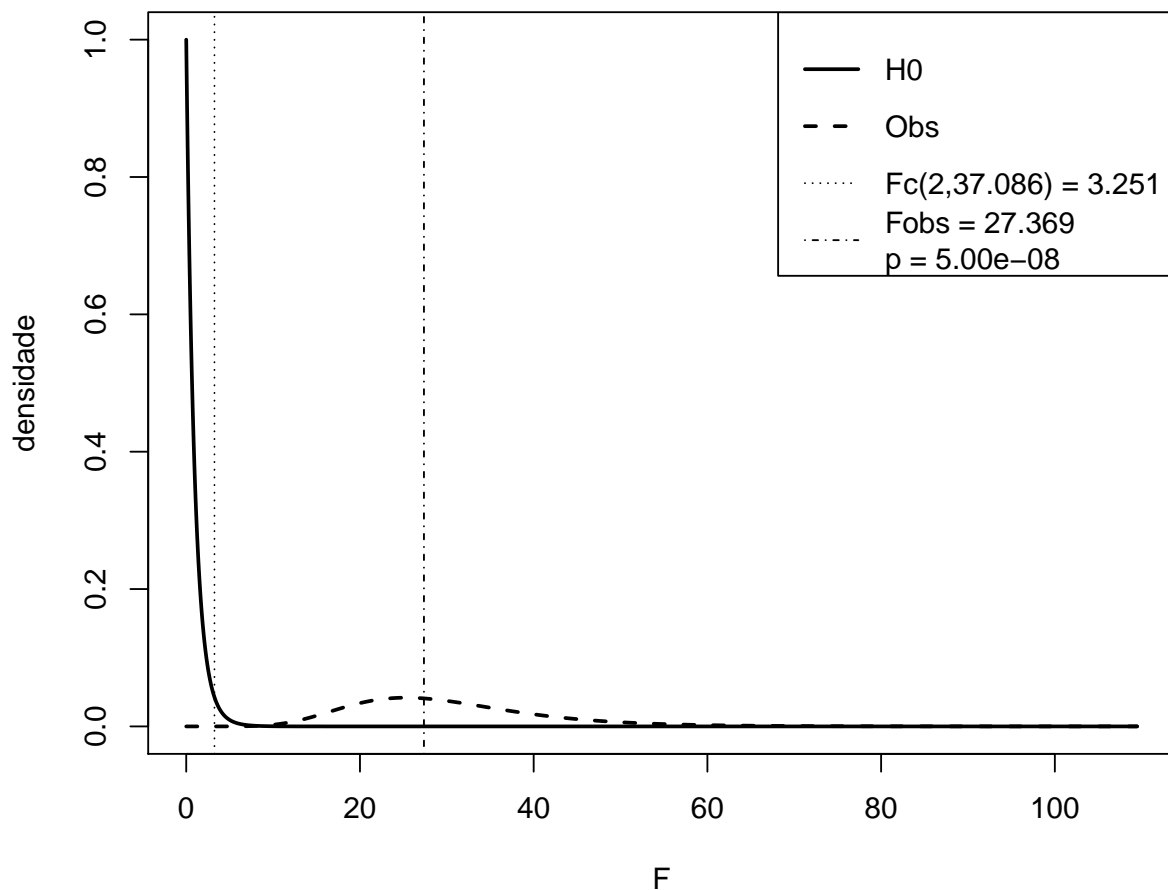
Confidence level: 95%

Degrees of freedom method: Satterthwaite

Analise de significancia pratica: tamanho de efeito

$\eta^2 = 0.5961188$

Grau grande de explicacao da variancia da VD Sodium pela VI Instructor



Selecao de modelo

- R^2 ajustado = 0.4091071
- $\omega^2 = 0.4028569$

Exemplo de relatório para a ANOVA unifatorial relacionada

Vinte participantes foram selecionados para um estudo com delineamento intraparticipantes com três condições experimentais. A ordem de aplicação das três condições experimentais em cada participante foi aleatorizada. As médias amostrais brutas mostram que **menor ingestão de sódio foi observada entre estudantes submetidos ao programa aplicado por Melissa Robins. A ingestão de sódio dos estudantes de Brendon Small e do Coach McGuirk são semelhantes.** A ANOVA unifatorial para medidas repetidas mostrou que qualquer diferença entre as condições experimentais é improvável de ter ocorrido apenas por erro amostral, considerando a hipótese nula verdadeira, pois a estatística de teste multivariado observada é **$F(2;38) = 30,581$ e o valor-p associado é igual a $1.22 \cdot 10^{-8}$.** O tamanho do efeito do fator intraparticipantes álcool é estimado pelo η^2 ao quadrado cujo valor indica que **61,7% da variância da ingestão de sódio** é explicada pelo efeito do fator fixo **Instrutor**. A análise post-hoc confirmou que as diferenças entre os programas adotados por Robins e Small, e entre os adotados por Robins e McGuirk são

estatisticamente significantes. Não se observou diferença estatisticamente significante entre **os programas adotados por Small e McGuirk**.