

Estudo de caso: Grupo D 3

Gilmar Pereira, Maressa Tavares e Victor Ruela

30 de Setembro, 2019

1 Summary

O presente trabalho realizou o delineamento e executou os testes estatísticos para avaliar as diferenças no IMC médio entre duas populações de estudantes de pós-graduação em Engenharia elétrica, nos semestres de 2016-2 e 2017-2. As subpopulações masculina e feminina foram analisadas separadamente. Após os testes verificou-se que ...

2 Planejamento do experimento

Nesta seção é apresentado o planejamento do experimento, descrevendo os objetivos, determinando as hipóteses a serem testadas e realizando uma análise exploratória dos dados.

2.1 Objetivo do experimento

O objetivo deste experimento é estudar as diferenças entre o IMC médio entre duas turmas de estudantes de pós-graduação em Engenharia elétrica da UFMG, para os dados coletados nos semestres de 2016-2 e 2017-2. A análise será dividida entre as subpopulações de homens e mulheres, uma vez que é esperado diferenças no ICM e também no tamanho amostral.

Para se comparar os valores de IMC, formulou-se as seguintes hipóteses a serem testadas:

$$\begin{cases} H_0 : \mu_1 = \mu_2 \\ H_1 : \mu_1 \neq \mu_2 \end{cases}$$

Onde μ_1 e μ_2 são as turmas de 2016-7 e 2017-2, respectivamente. A mesma hipótese será testada separadamente para cada subpopulação.

2.2 Análise Exploratória dos Dados

Antes de iniciar a análise exploratória dos dados, foi preciso realizar um pré-processamento dos dados, visto que cada semestre possui formatos ligeiramente diferentes, como por exemplo, para os dados de 2016-2, foi necessário remover as linhas referentes aos alunos de graduação. Ambos os arquivos foram padronizados para possuírem os mesmos nomes de colunas e foi adicionado uma nova coluna com o cálculo do IMC. A partir dos dados filtrados e tratados forma criados novos datasets contendo somente os dados referentes a cada sexo, para auxiliar nas análises.

Realizando uma primeira análise, calculou-se os seguinte dados estatísticos separados por semestre.

```
summary(data.2016.2)
```

```
##   Gender      imc
##   F: 7   Min.    :17.58
##   M:21   1st Qu.:21.27
##           Median :23.52
##           Mean   :23.97
##           3rd Qu.:25.29
##           Max.   :37.55
```

```
summary(data.2017.2)
```

```
## Gender      imc
## F: 4   Min.   :17.36
## M:21   1st Qu.:20.83
##        Median :23.26
##        Mean   :23.35
##        3rd Qu.:25.18
##        Max.   :30.42
```

Analisando os dados é possível observar que a quantidade de amostras do sexo feminino é inferior a do masculino, o que pode afetar a potência dos testes a serem executados. Para melhor visualização, um gráfico boxplot é gerado na figura abaixo.

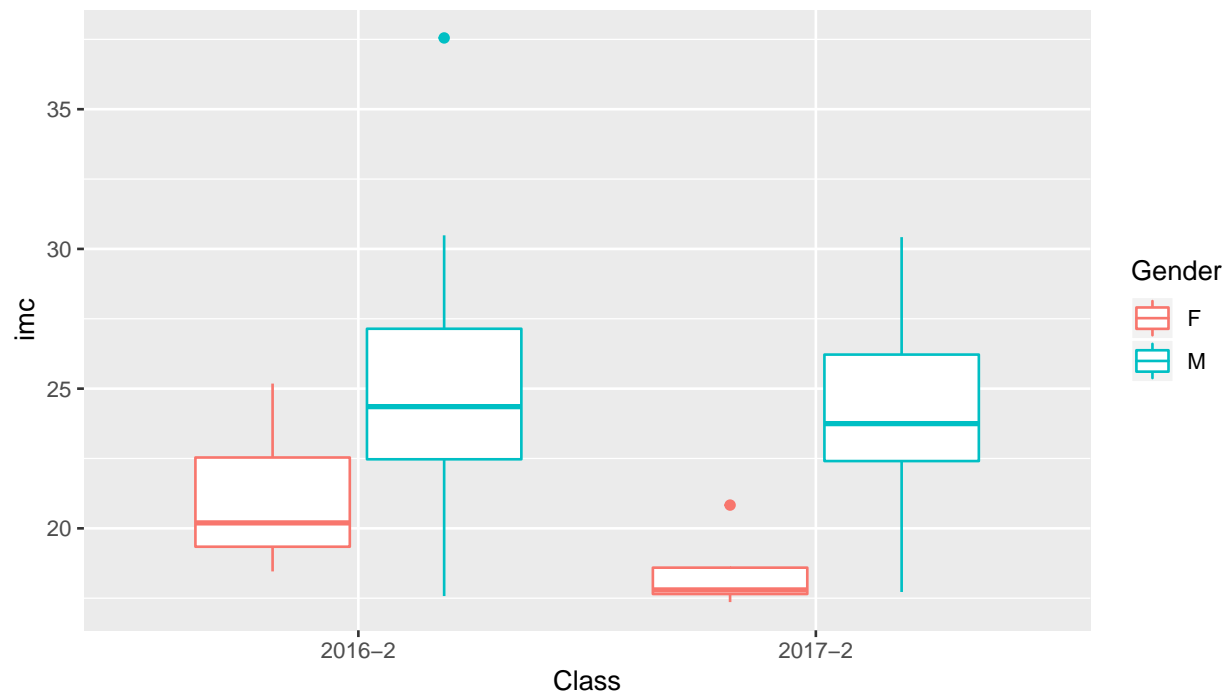


Figure 1: Boxplot dos dados

Analisando os boxplots é possível observar que existem possíveis outliers nos valores de IMC, para a subpopulação dos homens no semestre de 2016-2 e para a subpopulação das mulheres no semestre de 2017-2. Como os valores indicados como outliers estão dentro das faixas de IMC definidas em [1], conclui-se que de fato eles não são outliers e não devem ser removidos da análise.

Devido a um numero pequeno de amostras para a população das mulheres, no semestre de 2017-2, o valor fora do padrão pode influenciar nos resultados dos testes. Desta maneira, será desenvolvido nas seções seguintes as análises preliminares das amostras, para constatação dos níveis de significância e potência para os respectivos testes a serem realizados com as populações.

2.2.1 Estimativa do tamanho de efeito e da significância

Para os testes de hipóteses, foram especificados um nível de significância $\alpha = 0.05$ e uma potência de $\pi = 1 - \beta = 0.8$, suficientes para uma boa análise das amostras. Como o número de amostras é conhecido e

inalterável para cada turma e gênero, utiliza-se a função `pwr.t2n.test` para a estimativa do tamanho de efeito ideal.

```
(sig.est.females <- pwr.t2n.test(n1 = n.females.2016.2,
                                n2= n.females.2017.2,
                                d = NULL,
                                sig.level = 0.05,
                                power = 0.8,
                                alternative = "two.sided"))
```

```
##
##      t test power calculation
##
##          n1 = 4
##          n2 = 7
##          d = 1.974137
##      sig.level = 0.05
##          power = 0.8
##      alternative = two.sided
```

```
(sig.est.males <- pwr.t2n.test(n1 = n.males.2016.2,
                                n2= n.males.2017.2,
                                d = NULL,
                                sig.level = 0.05,
                                power = 0.8,
                                alternative = "two.sided"))
```

```
##
##      t test power calculation
##
##          n1 = 21
##          n2 = 21
##          d = 0.88605
##      sig.level = 0.05
##          power = 0.8
##      alternative = two.sided
```

Portanto, é obtido um tamanho de efeito de 1.9741372 para os dados do gênero feminino e 0.88605 para o masculino.

Os valores obtidos pela função `pwr.t2n.test` são normalizados pela variância ponderada, logo o tamanho de efeito real da diferença das médias é dado por 3.4597032 e 3.7780088 para o gênero masculino e feminino, respectivamente.

3 Validação das premissas

Para realizar as inferências estatísticas sobre o IMC das duas populações é necessário validar as premissas antes de executar os respectivos testes. Neste caso, como as variâncias das duas populações é desconhecida, utiliza-se a distribuição t para o teste de hipóteses e para os intervalos de confiança [2].

A seguir são apresentados os testes realizados para validar as premissas exigidas pelo teste t: análise da normalidade dos dados, homocedasticidade e independência. Para facilitar as análises optou-se por separar o grupo na população feminina e masculina.

3.1 Subpopulação Feminina

1 - Normalidade:

Para avaliar a normalidade dos dados das duas subpopulações, utilizou-se o gráfico quantil-quantil e o teste de Shapiro Wilk com $\alpha = 0.05$. Os resultados são apresentados a seguir.

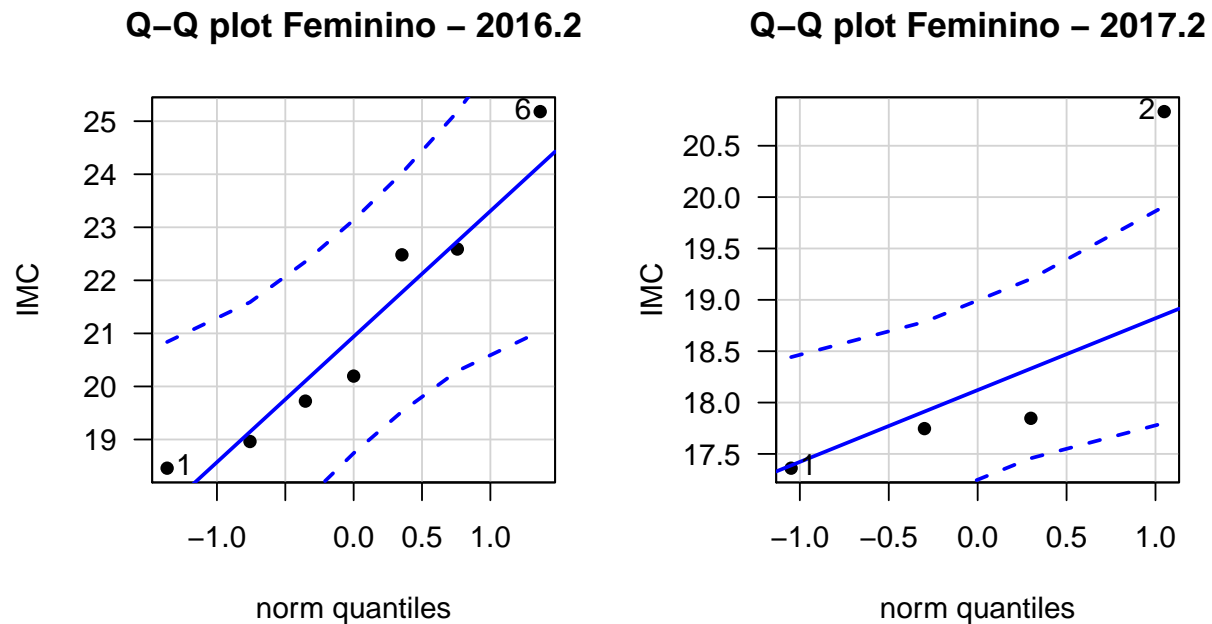


Figure 2: Gráfico quantil-quantil das populações - Feminino

```
shapiro.test(data.2016.2.Females$imc)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  data.2016.2.Females$imc
## W = 0.91974, p-value = 0.4674
```

```
shapiro.test(data.2017.2.Females$imc)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  data.2017.2.Females$imc
## W = 0.7475, p-value = 0.03659
```

Pela análise do teste de Shapiro-Wilk e do gráfico conclui-se que não há evidências para rejeitar a normalidade dos dados de 2016-2, pois o p-valor do teste de Shapiro Wilk foi maior que 0.05. Por outro lado, os dados de 2017-2 apresentam um p-valor inferior a 0.05, por isso, há evidências para rejeitar a normalidade dos dados.

Diante dos resultados, foi necessário fazer uma transformação logarítma nos dados de 2017-2 para normalizar os dados, a fim de possibilitar a realização dos testes estatísticos.

Q-Q plot Feminino – 2017.2

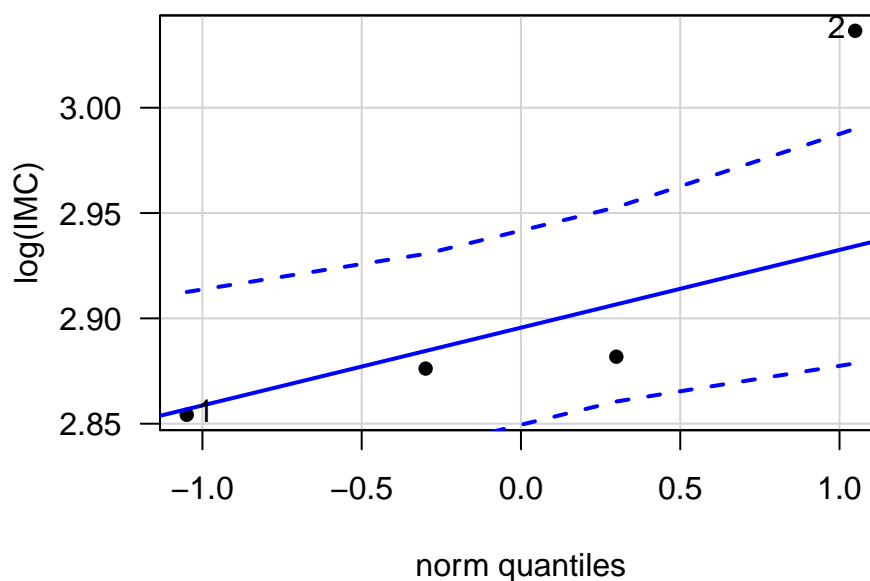


Figure 3: Gráfico quantil-quantil para transformação logarítmica dos dados

```
shapiro.test(log(data.2017.2.Females$imc))
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  log(data.2017.2.Females$imc)
## W = 0.75727, p-value = 0.04506
```

Mesmo após o ajuste logarítmico, os dados continuam sem apresentar uma distribuição normal, de acordo com o p-valor obtido no teste de Shapiro-Wilk.

2- Igualdade de Variâncias:

A segunda premissa a ser avaliada é a igualdade de variâncias das duas populações, homocedasticidade. Para tanto, utilizou-se o teste F com a função `var.test` e $\alpha = 0.05$, que tem como hipótese nula a igualdade da variância das duas amostras.

```
var.test(data.2016.2.Females$imc,data.2017.2.Females$imc)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  data.2016.2.Females$imc and data.2017.2.Females$imc
## F = 2.2688, num df = 6, denom df = 3, p-value = 0.5353
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
##   0.1539783 14.9715344
## sample estimates:
## ratio of variances
```

```
##                2.268827
```

Pelo teste F conclui-se que não há evidências para rejeitar a hipótese nula de igualdade das variâncias das duas populações, portanto, as amostras são consideradas homocedásticas.

3 - Independência

Considerando que as populações referem-se a dois grupos distintos da pós-graduação, sabe-se a priori, que as amostras são independentes. Porém, para concluir com precisão em relação à independência realizou-se o teste Qui-quadrado com $\alpha = 0.05$.

```
data.chi.Female <- c(data.2016.2.Females$imc, data.2017.2.Females$imc)
chisq.test(data.chi.Female)
```

```
##
## Chi-squared test for given probabilities
##
## data:  data.chi.Female
## X-squared = 3.0047, df = 10, p-value = 0.9813
```

Como era esperado, o teste Qui-quadrado reafirma a independência entre as duas amostras, como o p-valor = 0,9813 é muito alto.

Após a análise das premissas, percebe-se que provavelmente o tamanho pequeno das amostras de IMC feminino pode ter influenciado nas conclusões em relação às premissas. Portanto, esse fator pode influenciar também nos testes de hipóteses que serão apresentados nas próximas seções.

3.2 Subpopulação Masculina

Assim como na validação das premissas da subpopulação feminina, foram realizados os testes para a subpopulação masculina, como descrito a seguir.

1 - Normalidade:

Para validar a normalidade dos dados utilizou-se o gráfico quantil-quantil e o teste de Shapiro Wilk com $\alpha = 0.05$.

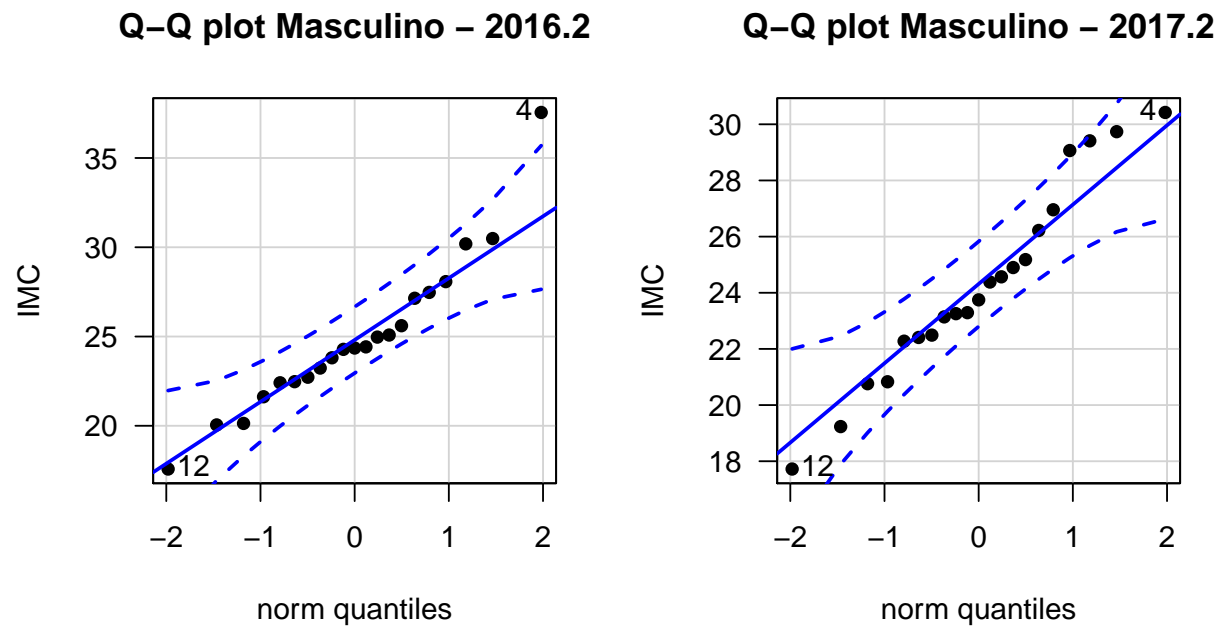


Figure 4: Gráfico quantil-quantil das populações - Feminino

```
shapiro.test(data.2016.2.Males$imc)
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: data.2016.2.Males$imc
## W = 0.92833, p-value = 0.1275
```

```
shapiro.test(data.2017.2.Males$imc)
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: data.2017.2.Males$imc
## W = 0.96494, p-value = 0.6206
```

Pela análise do teste de Shapiro-Wilk e dos gráficos concluímos que não há evidências para rejeitar a hipótese nula para as duas amostras, pois em ambas o p-valor do teste foi superior a 0.05. Portanto, para a subpopulação masculina dos dois semestres os dados estão normalmente distribuídos.

2- Igualdade de Variâncias:

Para validar a igualdade de variâncias das duas amostras utilizou-se o teste F com $\alpha = 0.05$. A hipótese nula considera a igualdade da variância das duas amostras.

```
var.test(data.2016.2.Males$imc,data.2017.2.Males$imc)
```

```
##
## F test to compare two variances
##
```

```
## data: data.2016.2.Males$imc and data.2017.2.Males$imc
## F = 1.5839, num df = 20, denom df = 20, p-value = 0.3119
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 0.6426853 3.9034665
## sample estimates:
## ratio of variances
## 1.583888
```

Pelo teste F conclui-se que as populações são homocedásticas, pois o p-valor foi superior a 0.05, logo, não há evidências para rejeitar a hipótese nula.

3 - Independência

Assim como na subpopulação feminina, sabe-se a priori, que as amostras são independentes. Para concluir com precisão em relação à independência realizou-se o teste Qui-quadrado com $\alpha = 0.05$.

```
data.chi.male <- c(data.2016.2.Males$imc,data.2017.2.Males$imc)
chisq.test(data.chi.male)
```

```
##
## Chi-squared test for given probabilities
##
## data: data.chi.male
## X-squared = 24.96, df = 41, p-value = 0.9772
```

Como era esperado, o teste Qui-quadrado reafirma a independência entre as duas amostras, como o p-valor = 0.9772.

Ao contrário do que aconteceu com as amostras da subpopulação feminina, nesse caso o tamanho das amostras foram maiores, e por isso, não houve nenhum problema em relação às premissas do teste.

4 Resultados

Nesta seção são apresentados os resultados do teste para as hipóteses estabelecidas anteriormente com $\alpha = 0.05$. Os resultados estão subdivididos entre a população feminina e masculina devido às diferenças de IMC que existem entre eles.

4.1 Teste de Hipóteses Subpopulação Feminina

Para o teste de hipótese para subpopulação feminina utilizou-se o teste t, analisando a igualdade das médias amostrais.

```
#teste para custo médio:
(mean.t.teste <- t.test(data.2016.2.Females,
                        data.2017.2.Females,
                        var.equal = TRUE, conf.level = 1 - sig_level))

##
## Two Sample t-test
##
## data: data.2016.2.Females and data.2017.2.Females
## t = 1.9308, df = 9, p-value = 0.08556
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.4527037 5.7283762
## sample estimates:
## mean of x mean of y
```



```
## 21.08443 18.44660
```

Analisando os resultados, verifica-se que o p-valor retornado pelo teste é superior ao nível de significancia, desta maneira não se possui evidencias suficientes para se rejeitar a hipótese nula, mesmo verificando que a diferença entre as médias, $d = 2.6378362$, está dentro do intervalo de confiança calculado.

Devido o baixo número de amostras da subpopulação, realizou-se uma remostragem utilizando-se a técnica de bootstrap como forma de obter uma melhor aproximação do intervalo de confiança, conforme mostrado a seguir.

```
means.diff <- function(x, i){
  sample.2016.2 <- sample((x %>% filter(Class == '2016-2'))$imc,replace=TRUE)
  sample.2017.2 <- sample((x %>% filter(Class == '2017-2'))$imc,replace=TRUE)

  return((mean(sample.2016.2) - mean(sample.2017.2)))
}

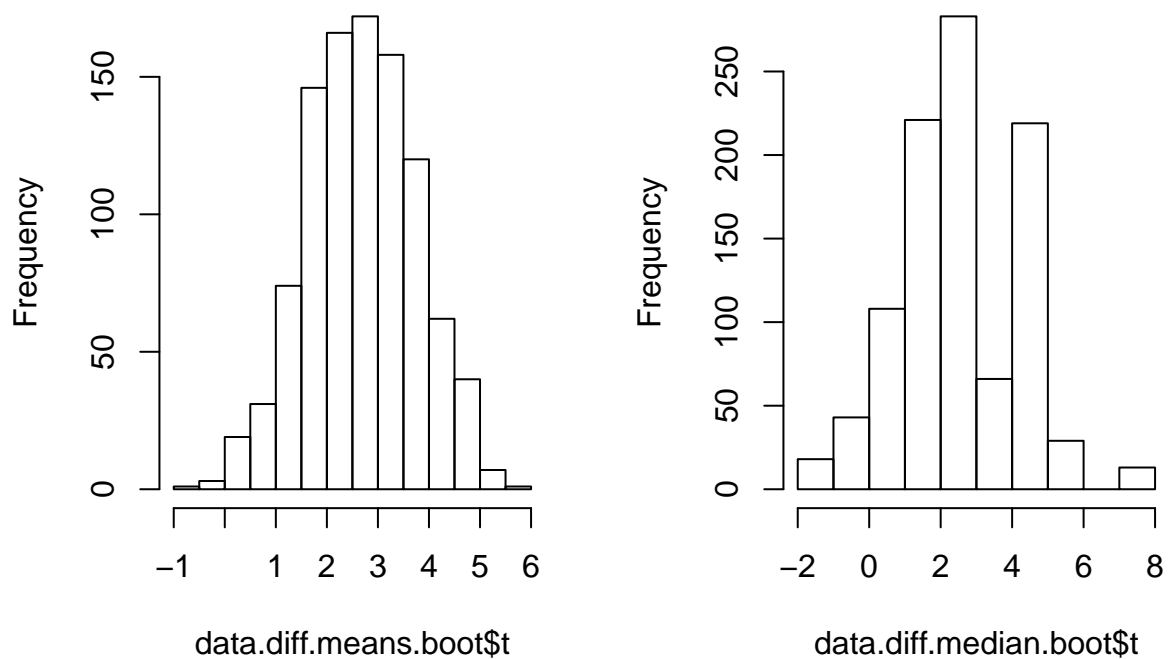
median.diff <- function(x, i){
  sample.2016.2 <- sample((x %>% filter(Class == '2016-2'))$imc,replace=TRUE)
  sample.2017.2 <- sample((x %>% filter(Class == '2017-2'))$imc,replace=TRUE)

  return((median(sample.2016.2) - median(sample.2017.2)))
}

set.seed(5021)
data.diff.means.boot <- boot(data.all.Females, statistic = means.diff, R=1000)
data.diff.median.boot <- boot(data.all.Females, statistic = median.diff, R=1000)

par(mfrow=c(1,2))
hist(data.diff.means.boot$t)
hist(data.diff.median.boot$t)
```

Histogram of data.diff.means.boot Histogram of data.diff.median.boot



```
ci_sd <- 1 - 2 * sig_level
(test.boot.var <- boot.ci(data.diff.means.boot, conf = ci_sd, type = "bca"))
```

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = data.diff.means.boot, conf = ci_sd, type = "bca")
##
## Intervals :
## Level      BCa
## 90% ( 1.233,  4.727 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
(test.boot.var <- boot.ci(data.diff.median.boot, conf = ci_sd, type = "bca"))
```

```
## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = data.diff.median.boot, conf = ci_sd, type = "bca")
##
## Intervals :
## Level      BCa
## 90% ( -1.109,  4.739 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

Analisando o histograma gerado, pode-se observar a normalização dos dados para subpopulação, justificado

pelo teorema do limite central para médias amostrais. Analisando o intervalo de confiança resultante verifica-se que, dado que a hipótese nula assume que as médias populacionais são iguais ($\mu_1 - \mu_2 = 0$), a hipótese nula é rejeitada pois está fora do intervalo de confiança.

4.2 Teste de Hipóteses Subpopulação Masculina

Assim como para a subpopulação feminina, utilizou-se o teste t para análise dos dados. O teste está especificado abaixo.

```
#teste para custo médio:
(mean.t.teste <- t.test(data.2016.2.Males,
                        data.2017.2.Males,
                        var.equal = TRUE, conf.level = 1 - sig_level))

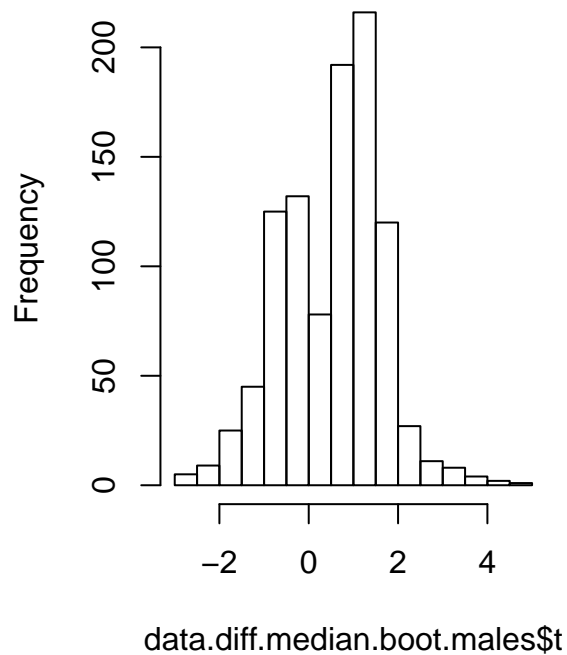
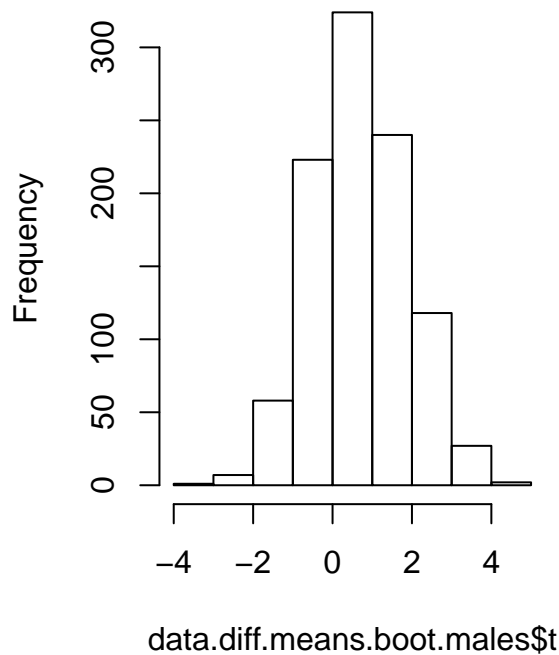
##
## Two Sample t-test
##
## data: data.2016.2.Males and data.2017.2.Males
## t = 0.53979, df = 40, p-value = 0.5923
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -1.784943 3.085836
## sample estimates:
## mean of x mean of y
## 24.93595 24.28551
```

O teste t para as subpopulações masculinas resultou em um p-valor superior ao nível de significância de 0,05, como especificado. Deste forma não se possui evidências suficientes para rejeitar a hipótese nula. Verifica-se também que o valor das diferenças entre as médias está dentro do valor especificado.

```
set.seed(5021)
data.diff.means.boot.males <- boot(data.all.Males, statistic = means.diff, R=1000)
data.diff.median.boot.males <- boot(data.all.Males, statistic = median.diff, R=1000)

par(mfrow=c(1,2))
hist(data.diff.means.boot.males$t)
hist(data.diff.median.boot.males$t)
```

histogram of data.diff.means.boot.mistogram of data.diff.median.boot.m



```
ci_sd <- 1 - 2 * sig_level
(test.boot.mean.males <- boot.ci(data.diff.means.boot.males, conf = ci_sd, type = "bca"))

## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = data.diff.means.boot.males, conf = ci_sd,
##         type = "bca")
##
## Intervals :
## Level      BCa
## 90%  (-0.287,  3.656 )
## Calculations and Intervals on Original Scale
## Some BCa intervals may be unstable

(test.boot.median.males <- boot.ci(data.diff.median.boot.males, conf = ci_sd, type = "bca"))

## BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
## Based on 1000 bootstrap replicates
##
## CALL :
## boot.ci(boot.out = data.diff.median.boot.males, conf = ci_sd,
##         type = "bca")
##
## Intervals :
## Level      BCa
```

```
## 90%    (-2.3313,  1.6768 )  
## Calculations and Intervals on Original Scale
```

5 Discussão e Conclusões

Neste trabalho foi feito um estudo estatístico ...

6 Divisão das Atividades

- Victor - Verificador e Monitor
- Maressa - Relatora
- Gilmar - Coordenador

Referências

- [1] *Tabela de imc*. <http://www.calculoimc.com.br/tabela-de-imc/>.
- [2] D. C. Montgomery and G. C. Runger, *Applied statistics and probability for engineers, (with cd)*. John Wiley & Sons, 2007.