Teste *t*

Paulo Barros

```
Registering fonts with R
```

O Teste t de Student foi proposto por William Sealy Gosset. O nome *Student* se deve ao fato de Gosset ser funcionário da cervejaria Guinness e utilizava o pseudônimo de Student em suas publicações. O teste t utiliza a *distribuição* t, que pode ser imaginada com uma versão da distribuição normal para pequenas amostras. Gosset precisava desta alternativa para comparar experimentos na cervejaria, muitos com amostras pequenas.

Gosset não tinha nenhuma intenção em causar impacto na estatística, seu teste buscava resolver uma questão prática e aplicada dentro da sua área de atuação. Seu teste entretanto é de enorme importância até hoje e destaca o quanto a significância de domínio (biológica, ecológica, econômica...) deve sempre preceder a significância estatística (Hector, 2021).

Qual Teste t?

Existem dois tipos de teste.

- Para duas amostras independentes;
- Para duas amostras pareadas.

No primeiro caso, nosso objetivo é comparar duas amostras obtidas de maneira independente. Por exemplo: massa foliar de plantas submetidas a dois tipos de tratamento, peso de camundongos alimentados com dietas com dois teores de proteína, etc.

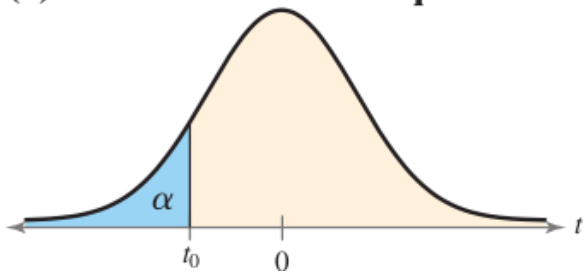
No caso de amostras paredas, não temos independência pois desejamos medir o efeito sob um mesmo grupo de indivíduos/amostas. Por exemplo: comprimento do pelo de um grupo de Chinchilas antes e depois de submetidos a uma dieta, riqueza de espécies em uma área antes e depois de um episódio de queimada, etc.

Em cada caso, os testes necessitam obedecer a premissas que veremos mais em detalhes a seguir.

Outro aspecto importante diz respeito a como formulamos a Hipótese Nula (H_0) e em consequência a Hipótese Alternativa (H_a). Cada gráfico mostra uma curva de distribuição t, e as áreas azuis (α) representam as *regiões críticas* onde rejeitamos a hipótese nula (H_0). Vamos ver cada um:

Figura 7.27 Valores críticos da distribuição t em função do tipo de teste.

(a) Teste unilateral à esquerda

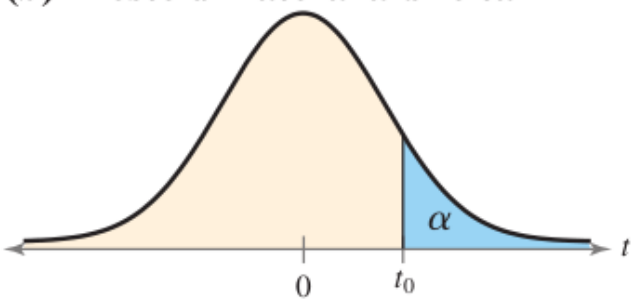


- A área azul está à esquerda da curva.
- Esse teste é usado quando queremos saber **se a média é menor** que um valor específico.

H_0	H_a
$\mu_1 \geq \mu_2$	$\mu_1 < \mu_2$

Rejeitamos H_0 se o valor de t calculado cair na cauda esquerda da curva (menor que t_0).

(b) Teste unilateral à direita



- A área azul está à direita da curva.
- Esse teste é usado quando queremos saber **se a média é maior** que um valor específico.

H_0	H_a
$\mu_1 \leq \mu_2$	$\mu_1 > \mu_2$

Rejeitamos H_0 se o valor de t calculado cair na cauda direita da curva (maior que t_0).

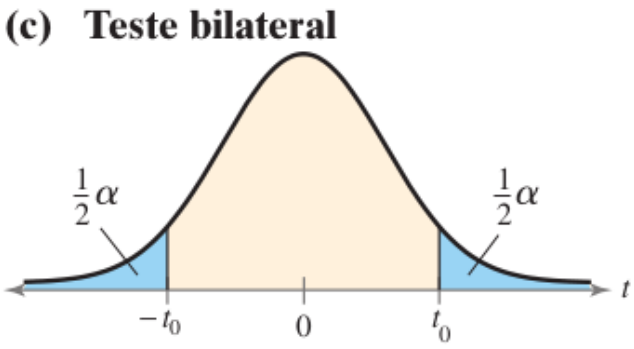


Figure 1: Adaptado de Larson e Farber (2023)

- Agora há duas regiões críticas, uma em cada cauda (esquerda e direita).
- Esse teste é usado quando queremos saber **se a média é diferente**, seja para mais ou para menos.

H_0	H_a
$\mu_1 = \mu_2$	$\mu_1 \neq \mu_2$

Rejeitamos H_0 se o valor de t for muito pequeno ou muito grande (cair em qualquer uma das duas caudas).

O valor de α (nível de significância) é dividido ao meio: metade em cada cauda.

> **Importante**
>
> Para as próximas etapas nesta sessão utilizaremos dados do pacote `ecodados`, vocês podem fazer a instalação rodando `devtools::install_github("paternogbc/ecodados")`. Este pacote é parte do excelente livro Análises Ecológicas no R de Da Silva *et al.* (2022) e é simplesmente um dos melhores livros dedicados a ciência de dados para Ecologia, disponível gratuitamente na internet. Obrigado aos autores mais uma vez!

Pacotes Necessários

Nesta sessão utilizaremos alguns pacotes auxiliares, são eles:

`car`, `ecodados`, `tidyverse`, `ggpubr`

Caso ainda não tenha instalado, basta rodar:

```
install.packages(c(`car`, `ecodados`, `tidyverse`,
 ↪  `ggpubr`))
```

Teste t independente

Um teste t baseado em duas amostras é usado para testar a diferença entre duas médias populacionais μ_1 e μ_2 quando σ_1 e σ_2 são desconhecidos, e portanto usamos os desvios amostrais.

$$t = \frac{\bar{x_1} - \bar{x_2}}{s}\sqrt{\frac{n_1 \times n_2}{n_1 + n_2}}$$

Premissas do Teste t:

1. As amostras devem ser independentes
2. As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente
3. Distribuição normal (gaussiana) dos resíduos
4. Homogeneidade da variância

Exemplo 1

Usaremos os dados de comprimento rostro-cloacal (CRC) de machos de anfíbios da espécie *Physalaemus nattereri* (Anura:Leptodactylidae) amostrados em diferentes estações do ano.

Pergunta: Existe diferença na média co CRC em *P. nattereri* entre as estações?

Hipótese Nula: As médias de CRC são iguais.

Hipótese Alternativa: As médias de CRC são diferentes entre as estações.

Antes de realizarmos o teste t, precisamos nos certificar de que nossos dados atendem as premissas.

```
library(tidyverse, quietly = TRUE)

crc_phy_nat <- ecodados::teste_t_var_igual

glimpse(crc_phy_nat)
```

```
Rows: 51
Columns: 2
$ CRC     <dbl> 3.82, 3.57, 3.67, 3.72, 3.75, 3.83,
3.85, 3.87, 3.93, 4.01, 4.~
$ Estacao <chr> "Chuvosa", "Chuvosa", "Chuvosa",
"Chuvosa", "Chuvosa", "Chuvos~
```

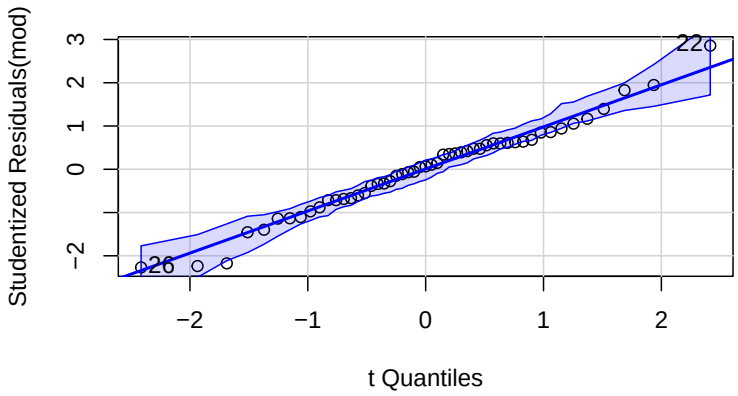
Para avaliar a normalidade dos resíduos podemos fazer visualmente através de um **QQ-Plot**.

Vamos falar em Regressão Linear em uma sessão futura, por enquanto saiba que estaremos utilizando um modelo super simples de $CRC \sim Estao$ (CRC *em função das* Estações) e capturando os resíduos deste modelo para testar sua normalidade.

QQ plot (Quantile-Quantile plot) é um gráfico que compara os quantis dos seus dados com os quantis de uma distribuição teórica (geralmente normal) para verificar se os dados seguem essa distribuição.

```
mod <- lm(CRC ~ Estacao, data = crc_phy_nat)

car::qqPlot(mod)
```




```
[1] 22 26
```

Os pontos se aproximam bastante da reta, o que nos sugere que nossos resíduos **são normalmente distribuídos**.

Podemos ainda utilizar o teste de Shapiro-Wilk e avaliar a normalidade e a heterocedasticidade (homogeneidade) da variância.

```
shapiro.test(residuals(mod))
```

```

    Shapiro-Wilk normality test

data:  residuals(mod)
W = 0.98307, p-value = 0.6746
```

Testando a variância com o teste de Levene

```
car::leveneTest(mod)
```

```
Warning in leveneTest.default(y = y, group = group,
...): group coerced to
factor.
```

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center =
median)
      Df F value Pr(>F)
group  1  1.1677 0.2852
      49
```

A Hipótese nula de ambos os testes é a de que os resíduos apresentam distribuição normal (Shapiro-Wilk) ou a variância é homogênea (Levene). Portanto na hora de interpretar os p-valores:

- $p < 0.05$: Rejeitamos H_0, resíduos não seguem normalidade/homogeneidade de variância.
- $p > 0.05$: Deixamos de rejeitar H_0, resíduos são normais e variância é homogênea.

Uma vez satisfeitas as premissas, podemos prosseguir e realizar o teste t:

```
teste_T <- t.test(CRC ~ Estacao, data =
 ↪  crc_phy_nat,
                  var.equal = TRUE)

teste_T
```

```
    Two Sample t-test

data:  CRC by Estacao
t = 4.1524, df = 49, p-value = 0.000131
alternative hypothesis: true difference in means
between group Chuvosa and group Seca is not equal
to 0
95 percent confidence interval:
 0.2242132 0.6447619
sample estimates:
mean in group Chuvosa    mean in group Seca
             3.695357              3.260870
```

Observe o argumento `var.equal=TRUE`, isso informa a função que nossa variância é homogênea. Isto é importante, pois em

caso de variâncias não homogêneas há uma alteração no estimador utilizado para calcular a estatística t.

Ao apresentar os seu resultados inclua:

i. A estatística t: $t = 4.1524$

ii. O p-valor: $p - value = 0.000131$

iii. Graus de Liberdade: $df = 49$

iv. Diferenca entre as médias: 0.434

Usando a função `tidy` do pacote `broom` você pode montar uma tabela mais amigável com todos esses dados além de outros interessantes como intervalo de confiança.

```
library(gt)


options(scipen = 0)
labels <- c("Diferença Entre as Médias","Media_1",
            "Media_2","Estatística t","p-valor",
            "Gl","IC Inf","IC Sup")

broom::tidy(teste_T) |>
  select(estimate:conf.high) |>
  rename_all(~labels) |>
  pivot_longer(everything(),
               values_to = "Valor",
               names_to = "Desc") |>
  gt() |>
  fmt_number(
    columns = Valor,
    decimals = 2,
    rows = Desc != "p-valor" & Desc != "Gl"
  ) %>%
  fmt_number(
    columns = Valor,
    decimals = 0,
    rows = Desc == "Gl"
  ) %>%
  cols_label(
```

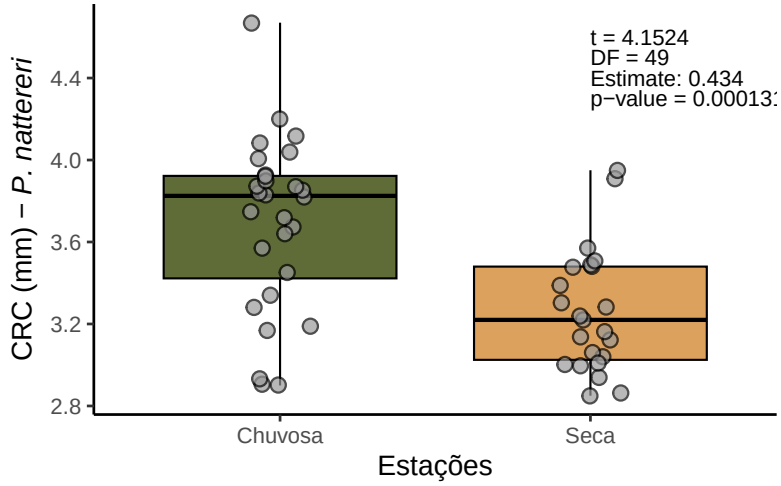
Descrição	Valor
Diferença Entre as Médias	0.43
Media_1	3.70
Media_2	3.26
Estatística t	4.15
p-valor	0.0001310152
Gl	49
IC Inf	0.22
IC Sup	0.64

```
    Desc = "Descrição",
    Valor = "Valor"
  )
```

Outra opção é apresentar um gráfico de BoxPlot com as médias para cada estação e as observações.

```
ggplot(data = crc_phy_nat,
       aes(x = Estacao, y = CRC, color = Estacao))
        ↪  +
    labs(x = "Estações",
         y = expression(paste("CRC (mm) - ",
                              italic("P.
                               ↪  nattereri")))) +
    geom_boxplot(fill = c("#606c38", "#dda15e"),
                 color = "black",
                 outlier.shape = NA) +
    geom_jitter(shape = 21, position =
     ↪  position_jitter(0.1),
                cex = 3, alpha = 0.7, stroke = .8,
                fill = "grey60") +
    scale_color_manual(values = c("black",
     ↪  "black")) +
    annotate("text",
             label ="t = 4.1524",
             size = 4,
             x = "Seca",
             y = 4.6,
```

```
            hjust = 0) +
  annotate("text",
             label ="DF = 49",
             size = 4,
             x = "Seca",
             y = 4.5,
             hjust = 0) +
  annotate("text",
             label ="Estimate: 0.434",
             size = 4,
             x = "Seca",
             y = 4.4,
             hjust = 0) +
  annotate("text",
             label ="p-value = 0.000131",
             size = 4,
             x = "Seca",
             y = 4.3,
             hjust = 0) +
  theme_classic(base_size = 14) +
  theme(legend.position = "none")
```

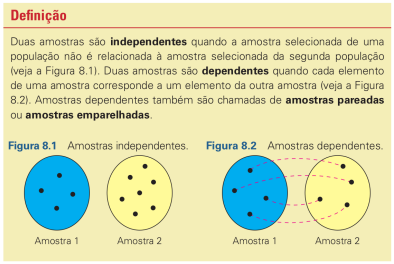


Teste t pareado

No teste t pareado temos duas observações da mesma unidade amostral subetida ao tratamento/efeito de interesse. O nosso objetivo é determinar se a diferença entre observações é zero.

Premissas:

1. As unidades amostrais são selecionadas aleatoriamente
2. As observações *não são independentes*
3. Distribuição normal (gaussiana) dos valores da diferença para cada par



Exemplo 2

Novamente vamos utilizar dados do pacote `ecodados` seguindo o exemplo disponível em Da Silva *et al.* (2022). Vamos utilizar dados de riqueza de espécies de artrópodes em uma área antes e depois de um processo de queimada.

Pergunta: A riqueza de espécies de artrópodes é afetada pelas queimadas?

Hipótese Nula: A riqueza de espécies é igual antes e depois.

```
art_rich <- ecodados::teste_t_pareado

art_rich |>
  glimpse()
```

```
Rows: 54
Columns: 3
$ Areas   <int> 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11,
12, 13, 14, 15, 16, 17, 18,~
$ Riqueza <int> 92, 74, 96, 89, 76, 80, 62, 100,
50, 137, 54, 89, 116, 66, 79,~
$ Estado  <chr> "Pre-Queimada", "Pre-Queimada",
"Pre-Queimada", "Pre-Queimada"~
```

```
art_rich |>
  count(Estado)
```

```
        Estado  n
1 Pos-Queimada 27
2 Pre-Queimada 27
```

A função é a mesma `t.test()`, porém precisamos informar que agora estamos avaliando dados pareados, isso é feito pelo argumento `paired = TRUE`. Uma outra diferença é que para o teste pareado, não podemos utilizar a notação de fórmula, precisamos declarar explicitamente nossos dois vetores de observações. O restante da análise segue a anterior.

```
rich_antes <- art_rich |>
  filter(Estado == "Pre-Queimada") |>
  pull(Riqueza)

rich_depois <- art_rich |>
  filter(Estado == "Pos-Queimada") |>
  pull(Riqueza)

par_T <- t.test(x = rich_antes, y = rich_depois,
 ↪  paired = TRUE)

par_T
```

```
    Paired t-test

data:  rich_antes and rich_depois
t = 7.5788, df = 26, p-value = 4.803e-08
alternative hypothesis: true mean difference is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
 32.47117 56.63994
sample estimates:
mean difference
       44.55556
```

A saída da versão pareda apresenta menos informações que a de amostras independentes, mas nossos valores importantes continuam lá. Temos que $t = 7.5788$, $df = 26$, $p-value = 4.803e-08$, além do nosso IC(95%) e a diferença entre as médias de 44.55.

Como no exemplo anterior podemos apresentar nossos resultados de maneira gráfica. A função `ggpaired()` do pacote `ggpubr` nos fornece uma maneira bastante didática de apresentar nossos resultados.

```
ggpubr::ggpaired(art_rich, x = "Estado", y =
 ↪  "Riqueza",
color = "Estado", line.color = "gray", line.size =
 ↪  0.8,
palette = c("#606c38", "#dda15e"), width = 0.5,
point.size = 4, xlab = "Estado das localidades",
ylab = "Riqueza de Espécies") +
expand_limits(y = c(0, 150)) +
theme_classic(base_size = 14, base_family =
 ↪  "Ubuntu") +
  theme(legend.direction = "horizontal",
        legend.position = "top")
```

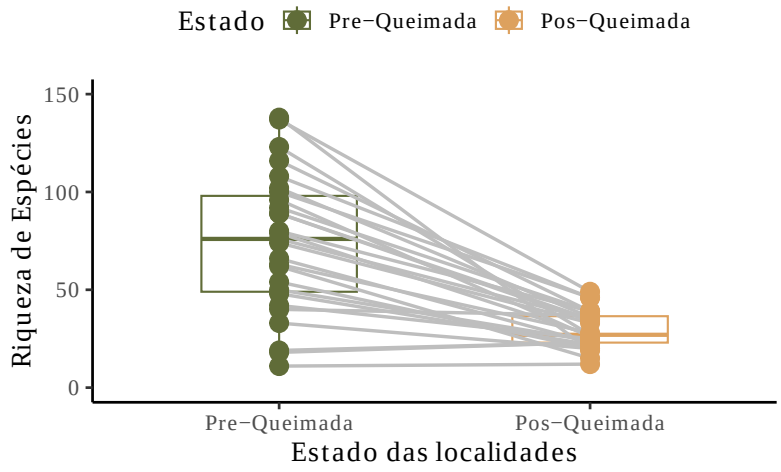


Figure 2: Código adaptado de Da Silva *et al.* (2022)

DA SILVA, F. R. *et al.* **Análises ecológicas no R**. [s.l.] Clube de Autores, 2022.

HECTOR, A. **The new statistics with R: an introduction for biologists**. [s.l.] Oxford University Press, 2021.

LARSON, R.; FARBER, B. **Estatística aplicada: retratando o mundo**. [s.l.] Bookman Editora, 2023.