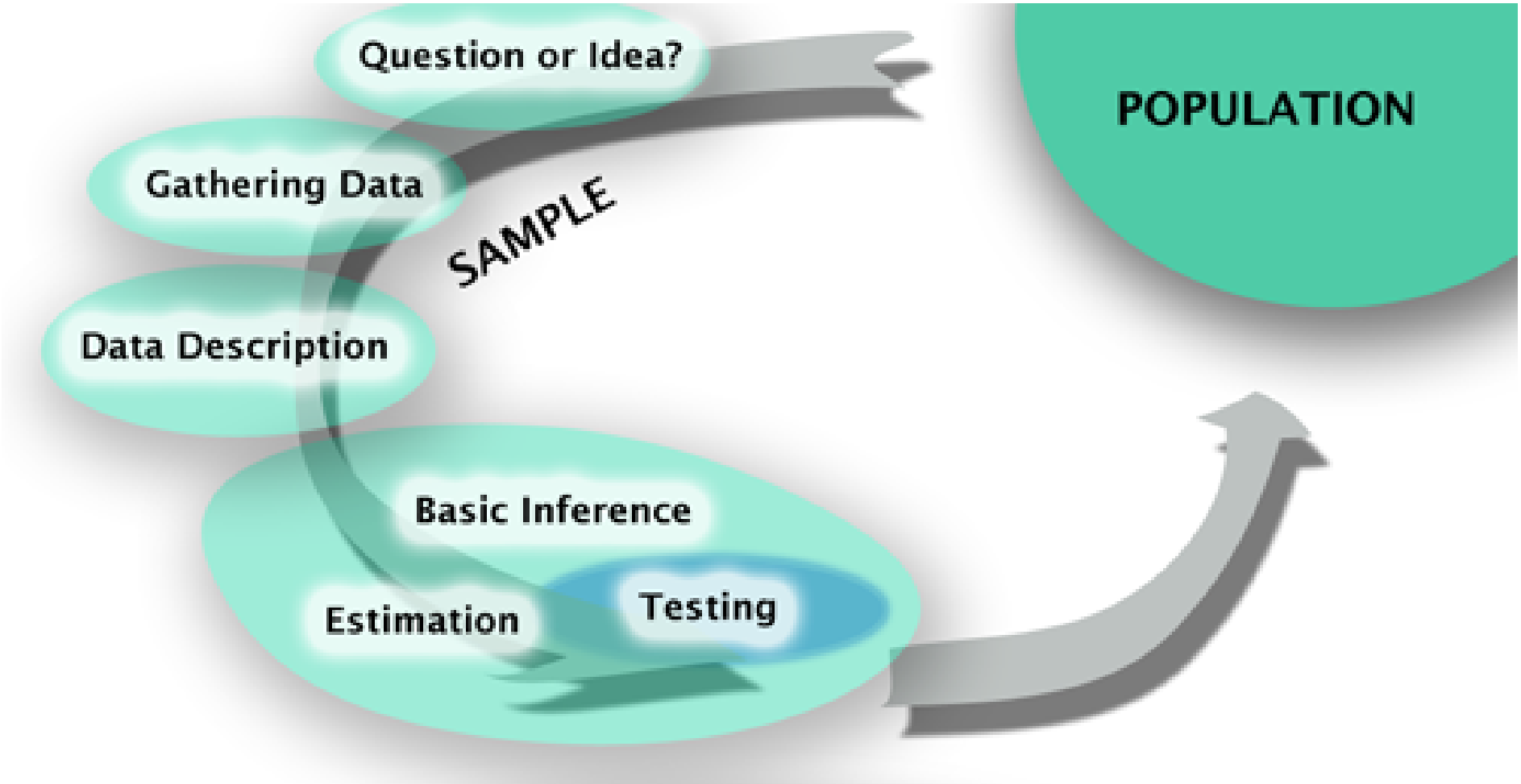
Parte C
Introdução à Inferência Estatística

Inferência Estatística

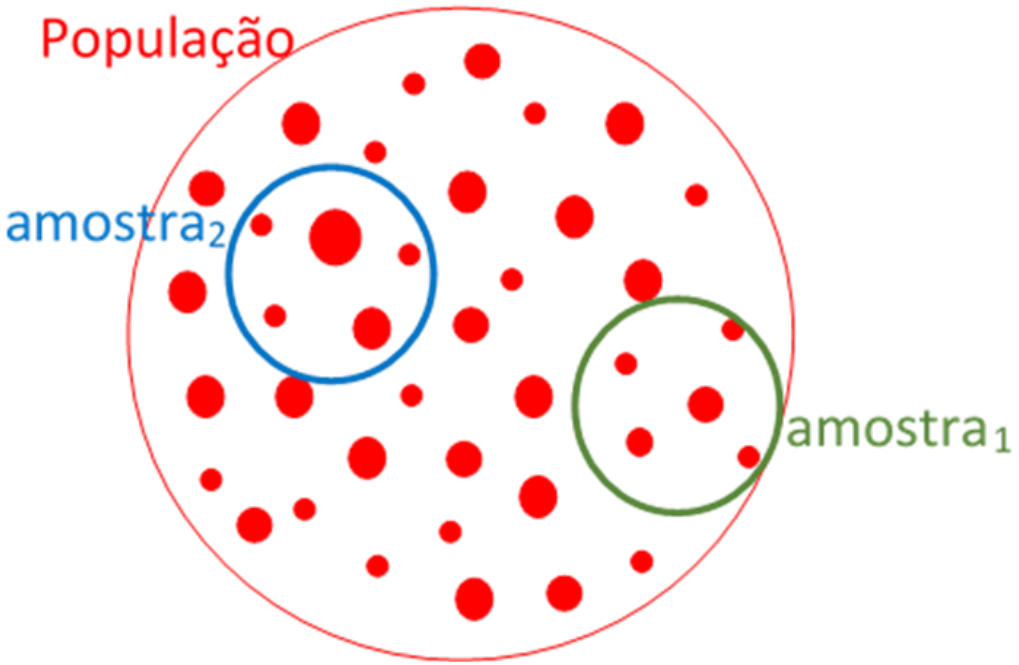
É o processo de tirar conclusões sobre uma **população** com base no conhecimento parcial de **uma amostra**.



(https://onlinecourses.science.psu.edu/stat200/book/export/html/51)

Inferência Estatística

Para estimar o valor médio (valor esperado) μ de uma população:



$$\begin{aligned} \text{amostra}_1 &\rightarrow \overline{x}^{(1)} \\ \text{amostra}_2 &\rightarrow \overline{x}^{(2)} \\ &\vdots \end{aligned}$$

- $\overline{x}$ têm variabilidade resultante da amostragem
- como quantificar esta variabilidade com base numa única amostra?
- onde está o μ?

Para uma apresentação informal da Inferência Estatística sugere-se a visualização deste vídeo

`https://www.youtube.com/watch?v=tFWsu09f74o`

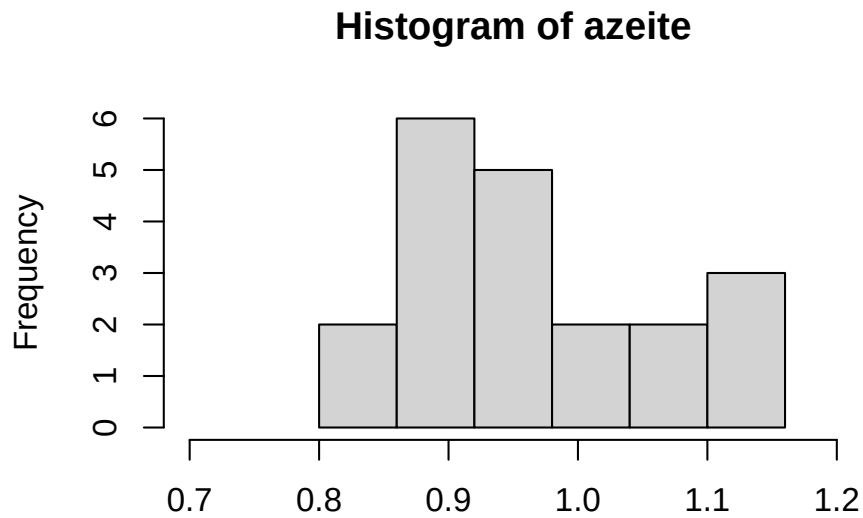
Inferência Estatística

- A inferência estatística é baseada em modelos de probabilidade.
- As amostras devem ser obtidas com intervenção do acaso e ser representativas da população.
- Compreende três tipos de ferramentas:
  - estimação pontual
  - intervalos de confiança
  - testes de hipóteses

Exemplo 11

Numa linha de engarrafamento de azeite, supõe-se que a quantidade despejada em cada garrafa (em litro) é uma variável aleatória X que segue uma distribuição normal, $X \frown \mathcal{N}(\mu, \sigma)$, com μ e σ desconhecidos. Considera-se que o processo está regulado quando $\mu = 1$ e $\sigma^2 < 0.005$. **Como avaliar a concordância dos dados com a suposição $\mu = 1$?**

Escolhe-se ao acaso uma amostra de $n = 20$ garrafas e mede-se a quantidade (litro) de azeite contida em cada uma:



Exemplo 11

Com base nestes 20 valores pode-se:

- estimar o valor de μ e afirmar: uma estimativa para μ é $\overline{x} = 0.9647$; (será este valor "muito" diferente de 1?)
- determinar um intervalo de confiança para μ e afirmar: $\mu \in]0.92140, 1.00807[$ com 95% de confiança; como este intervalo contém o valor 1, não há razão para desconfiar que μ seja diferente de 1;
- testar as hipóteses $\mu = 1$ contra $\mu \neq 1$ e afirmar: com um nível de significância de 5%, rejeita-se a hipótese $\mu = 1$ se $\dfrac{\overline{x} - 1}{s/\sqrt{20}} > 2.093$. Ou ainda, este teste de hipóteses tem um *p-value* de 0.1048; ao nível de significância de 0.05 não se rejeita a hipótese de $\mu = 1$.

Conceitos em Inferência Estatística

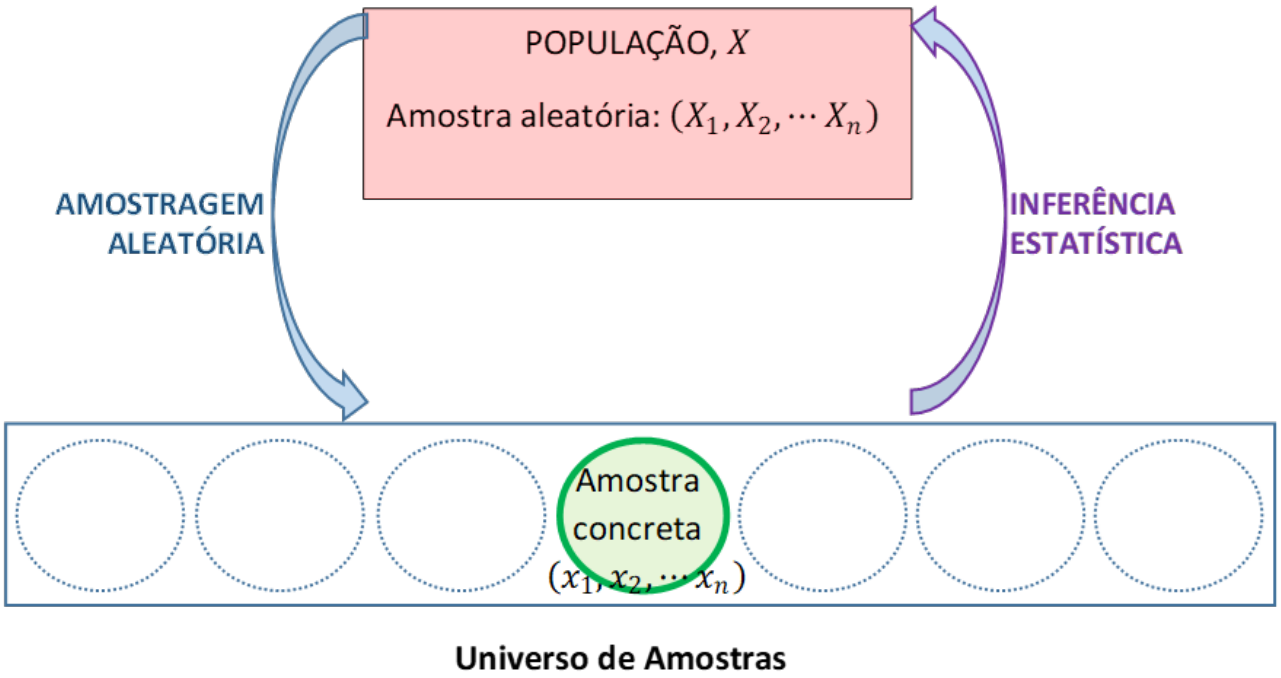
População $\rightarrow$ conjunto completo de todas os elementos com uma característica comum; a característica que se pretende estudar é considerada uma variável aleatória X. É frequente designar a própria população por X.

Amostra aleatória

Amostra aleatória de dimensão n, é uma coleção $(X_1, X_2, ..., X_n)$ de n variáveis aleatórias independentes e semelhantes, i.e., tendo todas a mesma distribuição que é a distribuição da população X em estudo.

Amostra concreta $\rightarrow$ coleção dos valores efetivamente observados. É considerada uma concretização (de entre as muitas possíveis) da amostra aleatória.

Conceitos em Inferência Estatística



Parâmetro de uma população $\rightarrow$ **constante** desconhecida, cujo verdadeiro valor se pretende "estimar" ou "validar". Por exemplo μ, o valor esperado de X.

Conceitos em Inferência Estatística

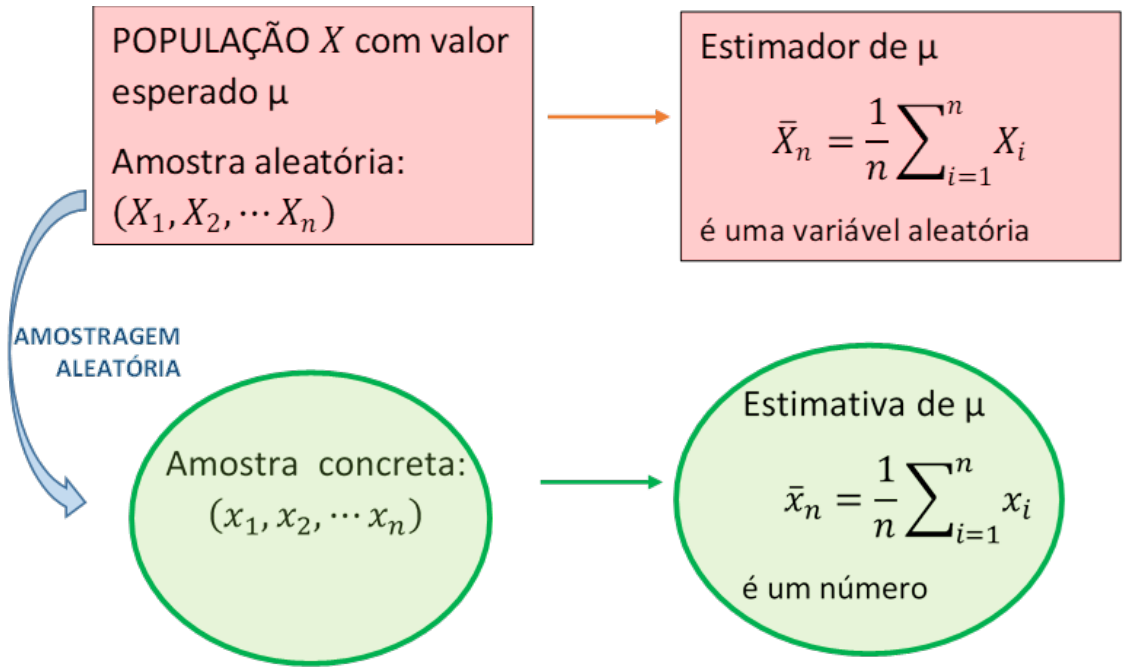
Para obter estimativas dos parâmetros desconhecidos, aceder a informação sobre o erro associado a essas estimativas e validar hipóteses sobre os valores dos parâmetros, utilizam-se estimadores.

Estimador e estimativa

Um estimador de um parâmetro é uma função da amostra aleatória $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$, que serve para obter "valores aproximados" de um parâmetro populacional desconhecido. Quando se aplica essa função (ou procedimento) à amostra concreta, o valor resultante designa-se uma estimativa.

Por exemplo, o estimador usual do valor esperado μ de uma população é a média amostral definida por $\overline{X}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i$. Então, para obter uma estimativa de μ, recolhe-se uma amostra de dimensão n e aplica-se a expressão do estimador à amostra concreta:

Conceitos em Inferência Estatística



Cada amostra concreta dá origem a uma nova estimativa $\overline{x}$, mas em geral apenas se dispõe de **uma única** amostra com a informação:

- n, a dimensão
- $\overline{x}$, a média
- s, o desvio padrão

Conceitos em Inferência Estatística

Um estimador é uma variável aleatória, que se caracteriza através da sua função densidade de probabilidade. A Inferência Estatística utiliza a teoria da Probabilidade para determinar a distribuição de probabilidades do estimador, designada distribuição de amostragem.

Por exemplo, a distribuição de amostragem de $\overline{X}_n$ modela a distribuição dos valores das médias $\overline{x}$ de cada amostra concreta, ao longo do universo de possíveis amostras.

Sabe-se que se $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$ é uma amostra aleatória extraída de uma população normal, $X \frown \mathcal{N}(\mu, \sigma)$, então

$$\overline{X}_n \frown \mathcal{N}(\mu, \sigma/\sqrt{n}) \Leftrightarrow \frac{\overline{X}_n - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \frown \mathcal{N}(0,1)$$

Conceitos em Inferência Estatística

Se a amostragem for feita numa população com distribuição desconhecida com valor médio μ e variância σ^2, a distribuição de amostragem de $\overline{X}_n$ é ainda aproximadamente normal, desde que a dimensão da amostra seja suficientemente grande (Teorema Limite Central)

$$\frac{\overline{X}_n - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1), \ n > 30$$

Dada a amostra aleatória, $(X_1, X_2, ..., X_n)$ extraída de uma população X, os parâmetros que vão ser considerados, seus estimadores e estimativas associadas são:

Parâmetros, estimadores e estimativas

Parâmetro a estimar	Estimador	Estimativa
μ	$\overline{X} = \frac{\sum_{i=1}^{n} X_i}{n}$	$\overline{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n}$
σ^2	$S^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n}(X_i - \overline{X})^2}{n-1}$	$s^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \overline{x})^2}{n-1}$
p	$\widehat{P} = \frac{X}{n}$ [(a)]	$\hat{p} = \frac{x}{n}$ [(b)]
$\mu_1 - \mu_2$	$\overline{X_1} - \overline{X_2}$	$\overline{x_1} - \overline{x_2}$
$\sigma_1^2 \,/\, \sigma_2^2$	$S_1^2 \,/\, S_2^2$	$s_1^2 \,/\, s_2^2$
$p_1 - p_2$	$\widehat{P_1} - \widehat{P_2}$	$\hat{p}_1 - \hat{p}_2$

[(a)] X - v.a. que conta o número de sucessos na amostra de dimensão n

[(b)] x - número observado de sucessos na amostra de dimensão n.

Estimadores

Conhecer a distribuição de um estimador permite:

- associar a uma estimativa um intervalo de valores acompanhado de uma indicação do grau de confiança em que o verdadeiro valor do parâmetro pertença a esse intervalo $\rightarrow$ construir intervalos de confiança para o parâmetro;
- tomar decisões sobre hipóteses colocadas sobre o valor do parâmetro, controlando o erro associado a essa decisão $\rightarrow$ fazer testes de hipóteses ao parâmetro.

Seguem-se as distribuições de alguns estimadores.

Estimador do valor esperado de uma população, μ

Seja $(X_1, X_2, ..., X_n)$ uma amostra aleatória (a.a.) extraída de uma população X, com valor esperado μ e variância σ^2.

Estimador de μ

$$\overline{X} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i$$

Caso A: População normal com σ conhecido (slide 161)

$$\frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \frown \mathcal{N}(0,1)$$

Estimador do valor esperado de uma população, μ

Caso B: População com qualquer distribuição e amostra grande ($n > 30$) (slide 162)

$$\frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma \text{ conhecido}$$

$$\frac{\overline{X} - \mu}{s/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma \text{ desconhecido}$$

s é o desvio padrão da amostra.

Estimador da variância de uma população, σ^2

Seja $(X_1, X_2, ..., X_n)$ uma a.a. extraída de uma população com distribuição normal, $X \frown \mathcal{N}(\mu, \sigma)$.

Estimador de σ^2

$$S^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^{n} (X_i - \overline{X})^2$$

Distribuição de amostragem:

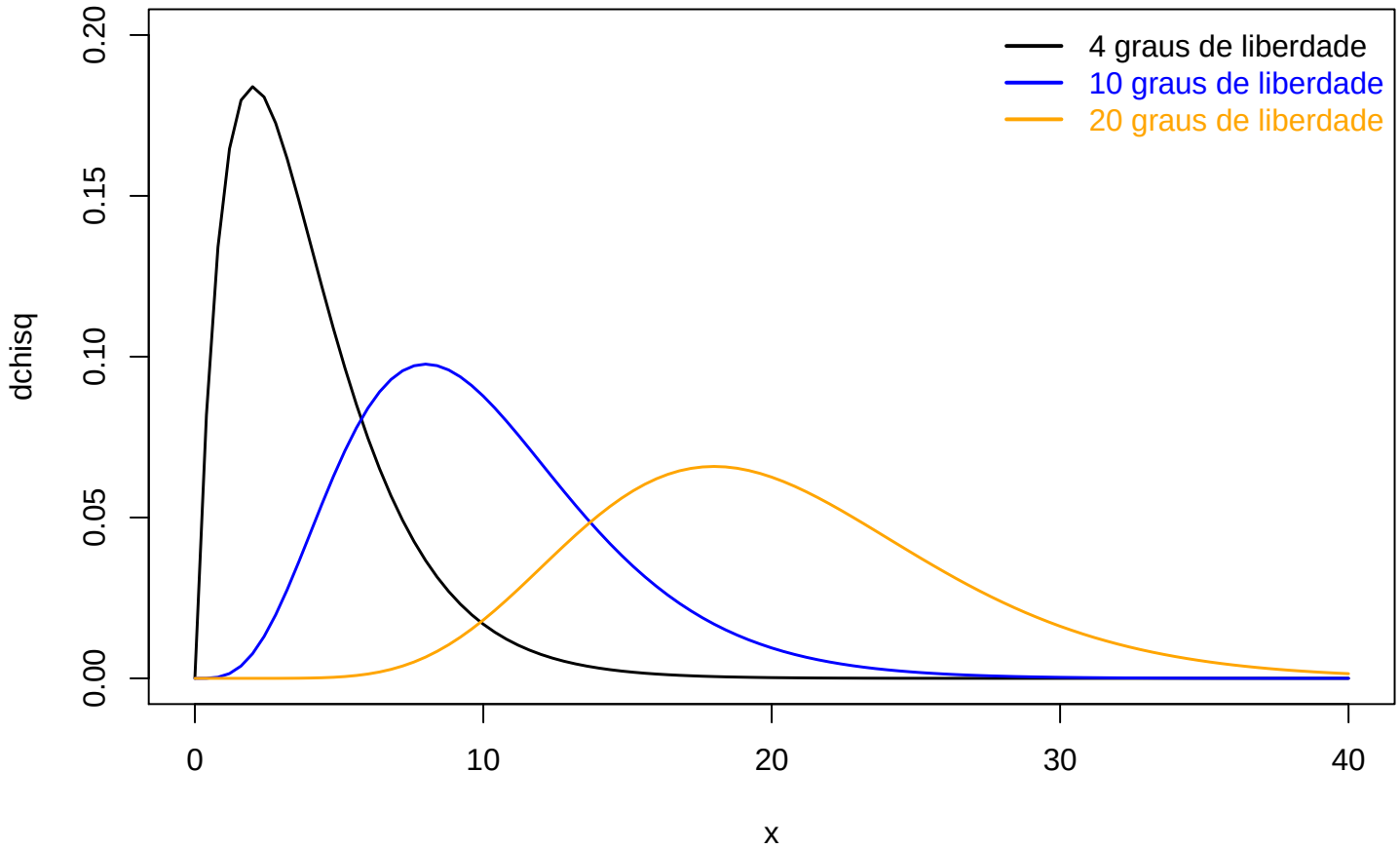
$$\frac{(n-1)S^2}{\sigma^2} \frown \chi^2_{(n-1)}$$

a v.a. $\frac{(n-1)S^2}{\sigma^2}$ tem distribuição qui-quadrado com $n-1$ graus de liberdade.

Atenção: Em populações em que não se verifica a normalidade, esta distribuição não é válida.

Estimador da variância de uma população, σ^2

Função densidade da distribuição $\chi^2_{(n)}$:



$$Y \frown \chi^2_{(n)} \Rightarrow E[Y] = n \text{ e } Var[Y] = 2n$$

Estimador da variância de uma população, σ^2

Note-se que o estimador S^2 verifica:

$$E\left[\frac{(n-1)S^2}{\sigma^2}\right] = n-1 \Leftrightarrow \frac{(n-1)}{\sigma^2}E\left[S^2\right] = n-1 \Leftrightarrow E\left[S^2\right] = \sigma^2$$

Um estimador cujo valor esperado coincide com o parâmetro a estimar diz-se estimador centrado.
Esta é uma propriedade desejável a um bom estimador.

Conclui-se assim que

$$S^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(X_i - \overline{X})^2 \text{ é um estimador centrado de } \sigma^2.$$

É esta propriedade que justifica o denominador de S^2 ser $(n-1)$ e não, por exemplo, n.

Exercício: mostrar que $\overline{X}$ é um estimador centrado de μ.

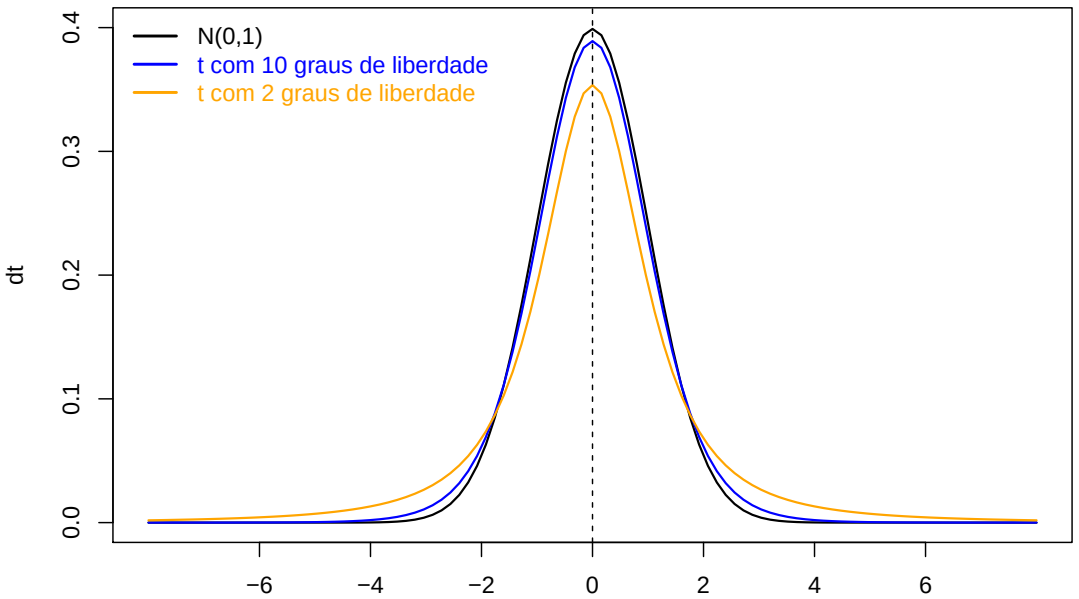
Estimador do valor esperado de uma população, μ

Caso C: População normal com σ desconhecido

$$\frac{\overline{X} - \mu}{S/\sqrt{n}} \frown t_{(n-1)}$$

em que S é a raíz quadrada do estimador de σ^2, $S = \sqrt{S^2}$.

A v.a. $\frac{\overline{X}-\mu}{S/\sqrt{n}}$ tem distribuição t-Student com $n-1$ graus de liberdade.
Função densidade da distribuição $t_{(n)}$:



A curva é mais achatada do que a $\mathcal{N}(0,1)$ e aproxima-se desta à medida que aumenta o nº de graus de liberdade.

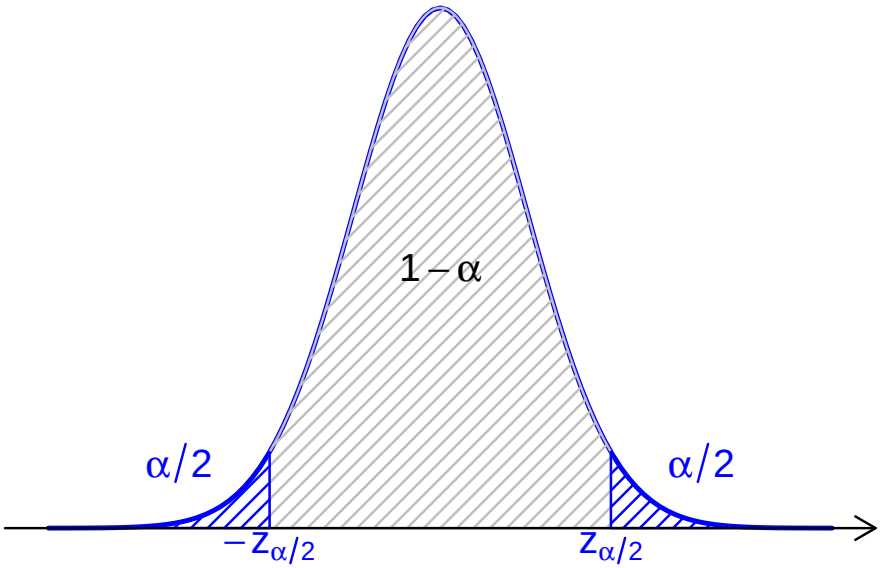
$Y \frown t_{(n)} \Rightarrow$
$E[Y] = 0$ e $Var[Y] = \frac{n}{n-2}$

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

Sabe-se que

$$\overline{X} \frown \mathcal{N}(\mu, \sigma) \Leftrightarrow Z = \frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \frown \mathcal{N}(0,1)$$

F. densidade de $Z \frown \mathcal{N}(0,1)$:



Confiança=$(1-\alpha) \times 100\%$

$$P\left[-z_{\alpha/2} < Z < z_{\alpha/2}\right] = 1 - \alpha$$

Valores usuais de confiança:
90%, 95%, 99%

95% de confiança:

$\Leftrightarrow \alpha = 0.05 \rightarrow z_{\alpha/2} = z_{0.025} = 1.96$

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

Construção do IC:

$$P\left[-z_{\alpha/2} < \frac{\overline{X}-\mu}{\sigma/\sqrt{n}} < z_{\alpha/2}\right] = 1-\alpha$$

$$\Leftrightarrow P\left[-z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \overline{X}-\mu < z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right] = 1-\alpha$$

$$\Leftrightarrow P\left[-\overline{X}-z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < -\mu < -\overline{X}+z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right] = 1-\alpha$$

$$\Leftrightarrow P\left[\overline{X}-z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \mu < \overline{X}+z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right] = 1-\alpha$$

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

Construção do IC (continuação):

$$\mu \in \left]\overline{X} - z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}},\ \overline{X} + z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right[\text{ com probabilidade } (1-\alpha)$$

quando se substitui o estimador $\overline{X}$ pela estimativa $\overline{x}$

$$\downarrow$$

$$\mu \in \left]\overline{x} - z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}},\ \overline{x} + z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right[\text{ com } (1-\alpha)\times 100\% \text{ de confiança}$$

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

Intervalo a $(1-\alpha)\times 100\%$ de confiança para μ, numa população normal com σ conhecido

$$\left]\overline{x}-z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}},\ \overline{x}+z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right[$$

Significa que se se recolhesse muitas amostras de dimensão *n* e para cada uma delas se calculasse o IC, $(1-\alpha)\times 100\%$ desses intervalos conteriam o verdadeiro (e desconhecido) valor de μ.

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

$X \frown \mathcal{N}(2, 1)$

$(X_1, X_2, ..., X_{20})$ amostra aleatória de X

Confiança= 95% $\rightarrow 1 - \alpha = 0.95 \alpha = 0.05$

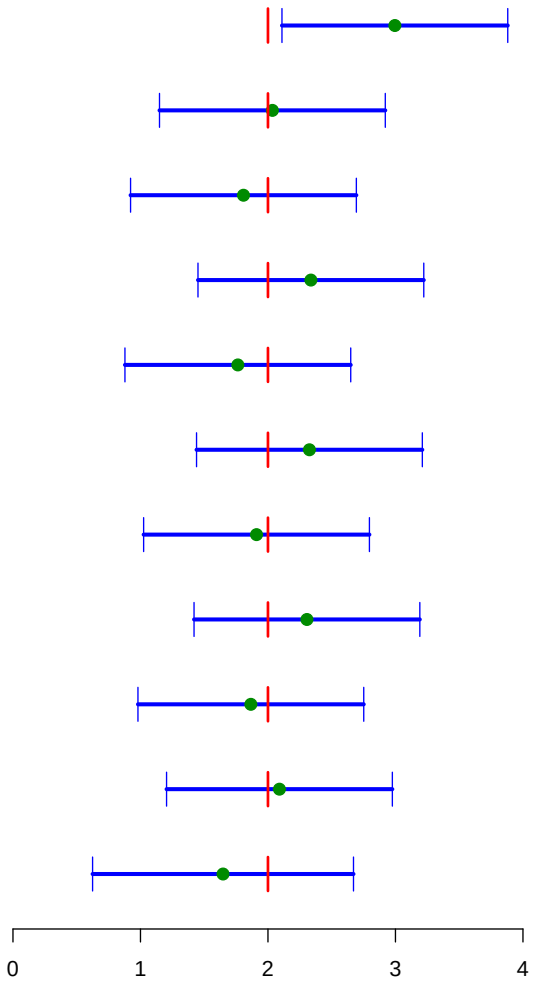
$z_{\alpha/2} = z_{0.025} = 1.96$ (tabela)

IC a 95% para μ:

$$\left]\overline{x} - 1.96\frac{1}{\sqrt{20}}, \overline{x} + 1.96\frac{1}{\sqrt{20}}\right[$$

$(x_1, x_2, ..., x_{20})$ amostra concreta $\rightarrow \overline{x}$

IC's para 11 amostras concretas:



Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

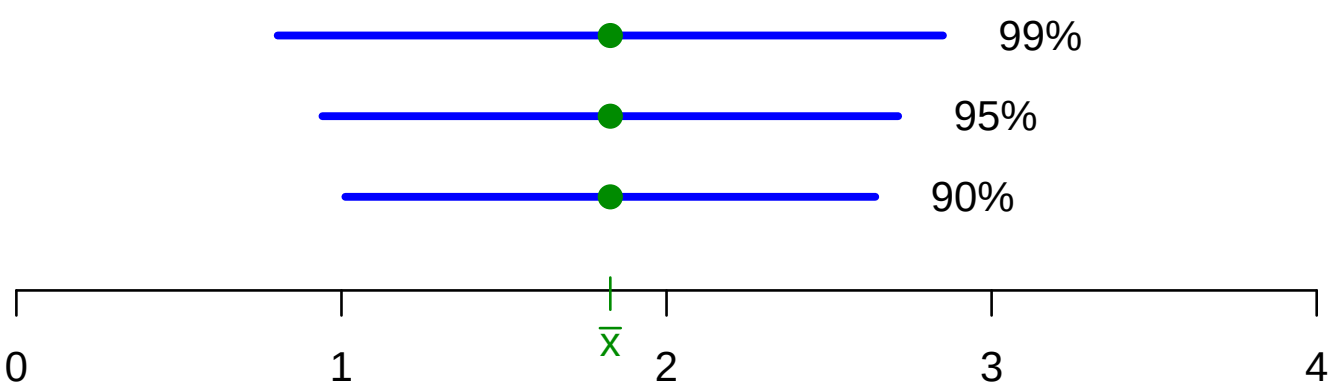
Observações:

- o IC para μ é centrado na estimativa $\overline{x}$
- a amplitude do IC é $2z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$
- com $(1-\alpha)\times 100\%$ de confiança, o erro máximo cometido ao estimar μ por $\overline{x}$, também designado precisão da estimativa, é a semi-amplitude do IC, $\epsilon = z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$
- em populações com maior variabilidade (maior σ), os intervalos de confiança são mais imprecisos (têm maior amplitude)
- amostras de maior dimensão têm mais informação da população e dão origem a intervalos mais precisos (de menor amplitude)

Intervalo de confiança para o valor esperado μ de população normal com σ conhecido

- mantendo a dimensão da amostra, o aumento da confiança é acompanhado da diminuição da precisão do IC
- para amostras de dimensão 20, de uma população normal com $\sigma = 1$, os intervalos a $(1 - \alpha) \times 100\%$ de confiança são

$$\left]\overline{x} - \underbrace{z_{\alpha/2}\frac{1}{\sqrt{20}}}_{\epsilon}, \; \overline{x} + \underbrace{z_{\alpha/2}\frac{1}{\sqrt{20}}}_{\epsilon}\right[$$



No limite, o intervalo com 100% de confiança seria a reta real.

Intervalo de confiança para μ, amostras grandes ($n > 30$)

Para o caso B,

$$\frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1),\ \sigma \text{ conhecido} \quad \text{ou} \quad \frac{\overline{X} - \mu}{s/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1),\ \sigma \text{ desconhecido}$$

em que s é o desvio padrão da amostra,

Intervalo a $(1-\alpha) \times 100\%$ de confiança para μ, em amostras grandes

$$\left]\overline{x} - z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}},\ \overline{x} + z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right[\quad \text{se } \sigma \text{ conhecido}$$

$$\left]\overline{x} - z_{\alpha/2}\frac{s}{\sqrt{n}},\ \overline{x} + z_{\alpha/2}\frac{s}{\sqrt{n}}\right[\quad \text{se } \sigma \text{ desconhecido}$$

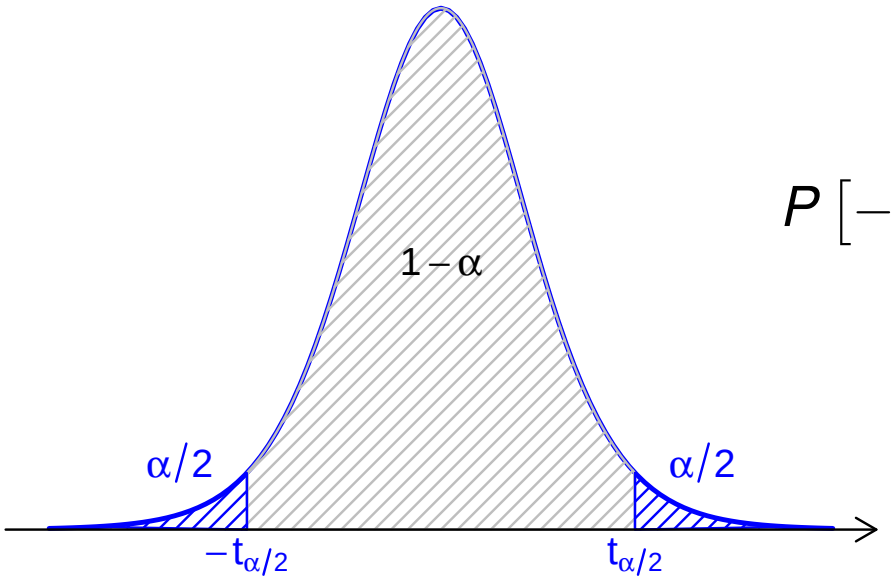
Intervalo de confiança para μ, população normal com σ desconhecido

Para o caso C:

$$T = \frac{\overline{X} - \mu}{S/\sqrt{n}} \frown t_{(n-1)}$$

em que S é o estimador usual de σ.

Função densidade de $T \frown t_{(n-1)}$



$$P\left[-t_{\alpha/2(n-1)} < T < t_{\alpha/2(n-1)}\right] = 1 - \alpha$$

Intervalo de confiança para μ, população normal com σ desconhecido

A construção do IC para μ é idêntica à dos casos A e B, substituindo a distribuição $\mathcal{N}(0,1)$ pela $t_{(n-1)}$.

Intervalo a $(1-\alpha)\times 100\%$ de confiança para μ, numa população normal com σ desconhecido

$$\left]\overline{x} - t_{\alpha/2(n-1)}\frac{s}{\sqrt{n}},\ \overline{x} + t_{\alpha/2(n-1)}\frac{s}{\sqrt{n}}\right[$$

em que s é o desvio padrão da amostra.

Note-se que este resultado **não abrange o caso de amostras grandes** se as populações não forem normais. O caso de populações não normais é o B (caso as amostras sejam grandes). Em amostras pequenas de populações não normais é necessário utilizar testes não paramétricos, assunto que não é abordado nesta UC.

Exemplo 11 (continuação)

Para averiguar se $\mu = 1$ pode-se calcular o intervalo de confiança a 95% para μ. Como o desvio padrão da população (σ) é desconhecido e a amostra não é grande ($n = 20$), usa-se o intervalo $\left]\overline{x} - t_{\alpha/2(n-1)}\frac{s}{\sqrt{n}},\ \overline{x} + t_{\alpha/2(n-1)}\frac{s}{\sqrt{n}}\right[$. Note-se que é necessário pressupor que a população tem distribuição normal; o histograma parece estar de acordo com este pressuposto, mas será necessário validar esta hipótese com um teste estatístico (mais à frente).

Informação com base na amostra:
$n = 20$
$\overline{x} = 0.9647$ litro
$s^2 = 0.0085729$ litro^2

Confiança=95% $\Leftrightarrow 1 - \alpha = 0.95 \Leftrightarrow \alpha/2 = 0.025 \rightarrow t_{0025(19)} = \underbrace{2.093}_{\text{tabela}}$

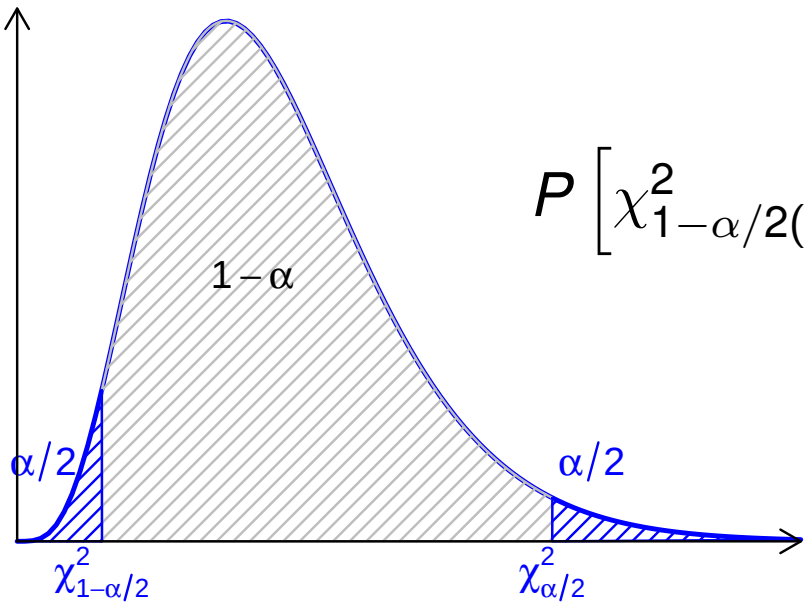
O IC tem semi-amplitude $\epsilon = t_{\alpha/2(n-1)}\frac{s}{\sqrt{n}} = 0.04333$, portanto pode-se afirmar, com 95% de confiança, que $\mu \in]0.9214041,\ 1.0080711[$. Como o valor 1 está incluído no intervalo, este é um valor possível para μ.

Intervalo de confiança para σ^2

Sabe-se que para amostras aleatórias de populações normais se tem (slide 167)

$$\chi^2 = \frac{(n-1)S^2}{\sigma^2} \frown \chi^2_{(n-1)}$$

Função densidade de $\chi^2_{(n-1)}$



$$P\left[\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)} < \chi^2 < \chi^2_{\alpha/2(n-1)}\right] = 1-\alpha$$

Intervalo de confiança para σ^2

A construção do IC para σ^2 segue os passos:

$$P\left[\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)} < \frac{(n-1)S^2}{\sigma^2} < \chi^2_{\alpha/2(n-1)}\right] = 1-\alpha$$

$$\Leftrightarrow P\left[\frac{1}{\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)}} > \frac{\sigma^2}{(n-1)S^2} > \frac{1}{\chi^2_{\alpha/2(n-1)}}\right] = 1-\alpha$$

$$\Leftrightarrow P\left[\frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)}} > \sigma^2 > \frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{\alpha/2(n-1)}}\right] = 1-\alpha$$

O intervalo aleatório $\left]\frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{\alpha/2(n-1)}}, \frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)}}\right[$ contém σ^2 com probabilidade $1-\alpha$.

Intervalo de confiança para σ^2

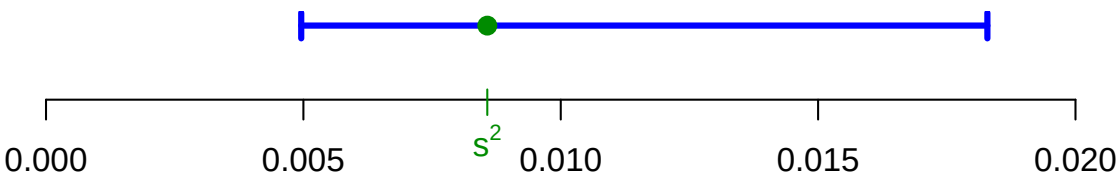
Quando se substitui o estimador S^2 pela estimativa s^2 calculada a partir de uma amostra concreta, obtém-se o

Intervalo de confiança a $(1-\alpha)\times 100\%$ para σ^2

$$\left]\frac{(n-1)s^2}{\chi^2_{\alpha/2(n-1)}},\ \frac{(n-1)s^2}{\chi^2_{1-\alpha/2(n-1)}}\right[$$

Note-se que este intervalo não é centrado na estimativa.

Para o Exemplo 11, tem-se $\sigma^2 \in]0.004958,\ 0.018288[$ com 95% de confiança.



$\chi^2_{0.025(19)} = 32.8523$ e $\chi^2_{0.975(19)} = 8.90655$ (ver tabela).

Este IC pressupõe a normalidade da população.

Intervalo de confiança para uma proporção

Pretende-se estimar a proporção p de "sucessos" numa população.

Por exemplo, a proporção de pinheiros infetados com uma doença em Portugal ou a proporção de artigos defeituosos numa linha de produção.

Considera-se uma amostra aleatória de dimensão n, $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$ em que cada X_i, $i = 1, 2, \cdots, n$, toma os valores 1 (sucesso) com probabilidade p e 0 (insucesso) com probabilidade $1 - p$.

$X = \sum_{i=1}^{n} X_i$ representa o número de sucessos na amostra aleatória.

Estimador de p

$$\hat{P} = \frac{X}{n}$$

Uma estimativa para p é $\hat{p} = \frac{x}{n}$, em que x é o número de sucessos observados na amostra.

Intervalo de confiança para uma proporção

Sabe-se que a v.a. X tem distribuição binomial com parâmetros n e p.

Se n grande,

$$X \frown \mathcal{B}(n,p) \longrightarrow X \sim \mathcal{N}(np, \sqrt{npq}) \Leftrightarrow \hat{P} = \frac{X}{n} \sim \mathcal{N}\left(p, \sqrt{\frac{pq}{n}}\right)$$

Distribuição de amostragem: $$Z = \frac{\hat{P} - p}{\sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}}} \sim \mathcal{N}(0,1)$$

Intervalo de confiança a $(1-\alpha) \times 100\%$ para p, em amostras grandes

$$\hat{p} - z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}} < p < \hat{p} + z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{\hat{p}(1-\hat{p})}{n}}$$

Testes de hipóteses

Uma hipótese estatística é qualquer conjetura sobre aspetos desconhecidos da população (que podem ser parâmetros ou mesmo a forma da distribuição).

Se a hipótese diz respeito a:

- um parâmetro, supondo conhecida a forma da distribuição, a hipótese diz-se paramétrica.
- investigar a forma da distribuição, ou um parâmetro sem admitir o conhecimento da forma da distribuição, a hipótese diz-se não paramétrica.

Um teste de hipóteses é um procedimento que permite decidir se uma dada hipótese formulada sobre a população é ou não suportada pela informação fornecida pelos dados de uma amostra.

Testes de hipóteses

Em primeiro lugar irão ser estudados testes de hipóteses para parâmetros de populações:

- valor esperado μ de uma população
- variância σ^2 de uma população
- proporção de sucessos p numa população

Num teste de hipóteses há 5 passos a seguir.

Exemplificam-se estes 5 passos no contexto de um teste a uma média populacional μ.

O objetivo é testar alguma afirmação sobre o valor esperado μ de uma variável numérica X numa população; por exemplo, saber se é admissível que $\mu = E[X] = 2$.

Passo 1: Especificar as hipóteses e o nível de significância do teste

As hipóteses em confronto são:

H_0 - Hipótese nula é a hipótese que tem o benefício da dúvida (é considerada verdadeira até haver evidência estatística para a sua rejeição, ou seja até os dados testemunharem fortemente contra essa hipótese)

H_1 - Hipótese alternativa é a hipótese que tem o ónus da prova onde se especificam o(s) valor(es) a "aceitar" quando se rejeita a hipótese nula.

Se os dados não contradizem a hipótese nula, a conclusão é fraca: os dados não fornecem evidência suficiente contra H_0, o que pode acontecer com amostras pequenas e/ou em populações com muita variabilidade. Nesse caso não se aceita a hipótese alternativa.

Se a hipótese nula é rejeitada, aceita-se H_1.

Testes de hipóteses | Passo 1 de 5

A resposta a um teste de hipóteses é dada na forma

- Rejeitar H_0 - significa que os dados observados testemunham fortemente contra H_0; neste caso é adotada a hipótese H_1 ou
- Não rejeitar H_0 - significa que não há evidência suficiente para rejeitar H_0.

Ao tomar decisões sobre a população com base numa amostra corre-se riscos, i.e. cometem-se erros:

Realidade	Decisão: Rejeitar H_0	Decisão: Não rejeitar H_0
H_0 verdadeira	ERRO de tipo I	não há erro
H_0 falsa	não há erro	ERRO de tipo II

O erro do tipo I é considerado o mais gravoso, por isso é-lhe atribuída uma baixa probabilidade. Define-se nível de significância do teste como

$$\alpha = P[\text{ erro do tipo I }] = P[\text{ rejeitar } H_0 \mid H_0 \text{ verdadeira}].$$

Habitualmente considera-se α = 0.05 ou 0.01.

Note-se que ao diminuir a probabilidade do erro do tipo I, rejeita-se menos vezes H_0 e por isso aumenta-se a probabilidade do erro do tipo II.

Passo 2: Definir a Estatística do Teste

- Uma estatística de teste é uma variável aleatória, função da amostra aleatória e de H_0, cujo comportamento permite definir as condições que levam à rejeição de H_0.
- É necessário conhecer a distribuição de probabilidades da estatística de teste quando H_0 é verdadeira.

Por exemplo, num teste ao valor esperado μ de uma população normal com desvio padrão σ desconhecido, a estatística de teste é

$$T = \frac{\overline{X} - \mu_0}{S/\sqrt{n}} \frown t_{(n-1)}$$

em que μ_0 é o valor de μ ao abrigo de H_0.

Passo 3: Definir a Região Crítica (ou Região de Rejeição)

- é o conjunto de valores da estatística de teste ao qual se associa a rejeição de H_0;
- é constituída pelos valores da estatística de teste "menos plausíveis" caso H_0 seja verdade ;
- a probabilidade de a estatística de teste pertencer à RC é o nível de significância α;
- a RC pode ser bilateral ou unilateral, dependendo da hipótese alternativa, H_1.

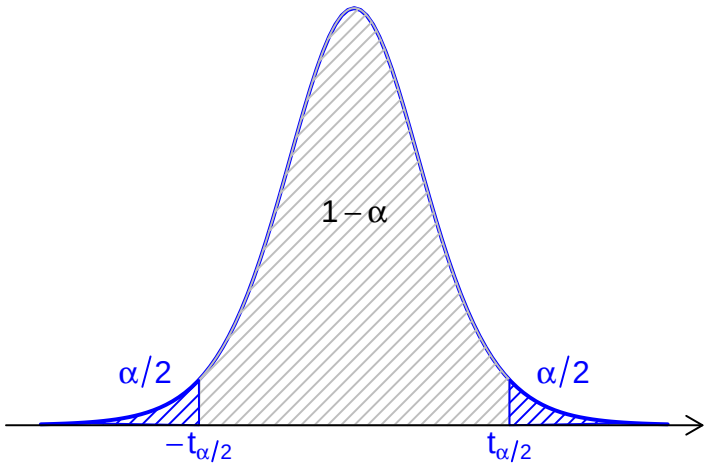
Por exemplo, num teste ao valor esperado μ de uma população normal com desvio padrão σ desconhecido, em que a estatística de teste é $T = \frac{\overline{X}-\mu_0}{S/\sqrt{n}} \frown t_{(n-1)}$, poderá ter-se:

- Teste bilateral

  $H_0: \quad \mu = \mu_0$

  $H_1: \quad \mu \neq \mu_0$

Função densidade de T sob H_0



Região Crítica:

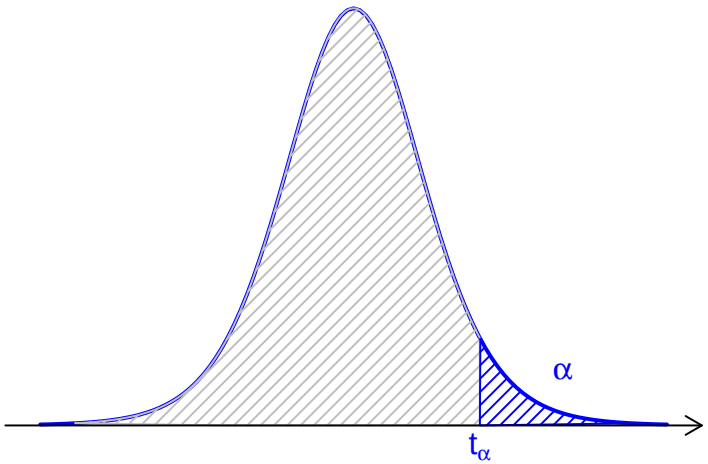
$T < -t_{\alpha/2}$ ou $T > t_{\alpha/2}$

- Teste unilateral direito

  $H_0: \mu \leq \mu_0$

  $H_1: \mu > \mu_0$

  Função densidade de T sob H_0



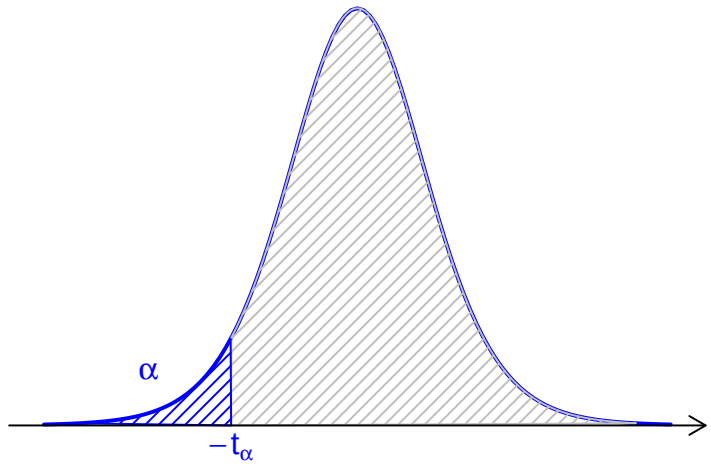
  Região Crítica: $T > t_\alpha$

- Teste unilateral esquerdo

  $H_0: \mu \geq \mu_0$

  $H_1: \mu < \mu_0$

  Função densidade de T sob H_0



  Região Crítica: $T < -t_\alpha$

Passo 4: Calcular o valor da Estatística de Teste

- Escolhe-se uma amostra concreta (só neste passo intervêm os dados) e
- calcula-se o valor da estatística de teste para essa amostra

No exemplo,

$$T_{\text{calc}} = \frac{\overline{x} - \mu_0}{s/\sqrt{n}}$$

Passo 5: Conclusão

- Toma-se a decisão de rejeitar H_0 ou de não rejeitar H_0, consoante o valor da estatística de teste, calculado para a amostra observada, recaia ou não na Região Crítica.

  No exemplo:

- se $T_{calc} \in RC \rightarrow$ Rejeita-se H_0 e "aceita-se" H_1
- se $T_{calc} \notin RC \rightarrow$ Não se Rejeita H_0

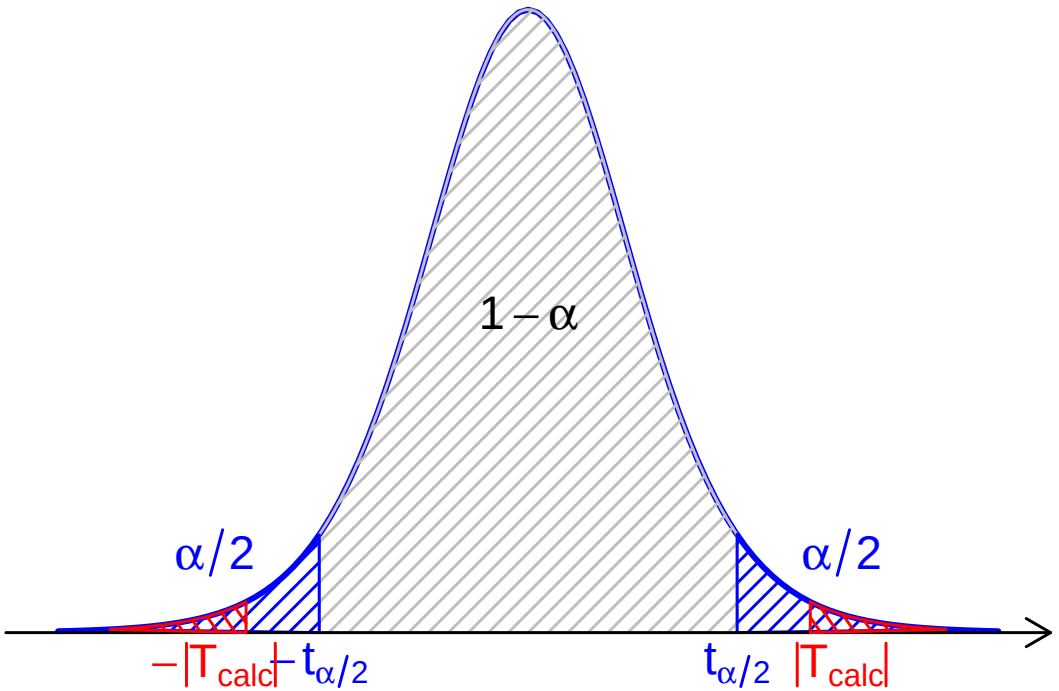
Os passos 3 a 5 podem ser substituídos pela indicação de uma medida de plausibilidade de H_0, designada valor de prova ou *p-value*, definido como a probabilidade de obter um valor tão ou mais extremo quanto o observado na estatística do teste, caso H_0 seja verdade. O *p-value* mede a concordância dos dados com H_0. Quando um *p-value* é muito pequeno, considera-se H_0 irrealista, optando-se pela sua rejeição.

p-value e nível de significância

Note-se que:

- *p-value* $< \alpha \Leftrightarrow T_{\text{calc}} \in \text{RC} \rightarrow$ Rejeita-se H_0 ao nível de significância α

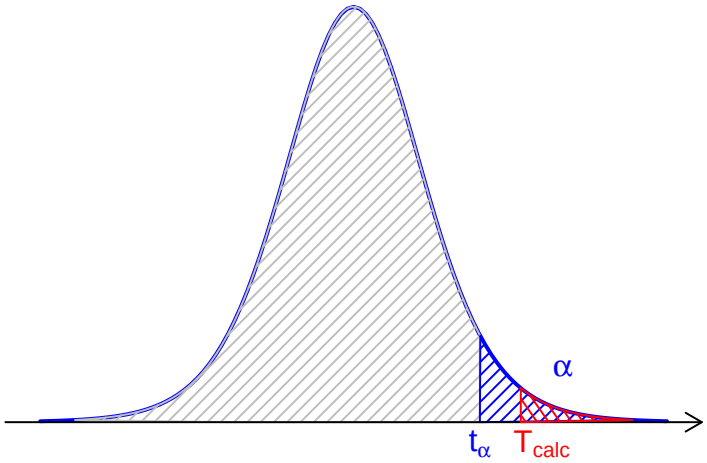
Teste bilateral



$$p\text{-value} = 2P\left[T > |T_{\text{calc}}|\right]$$

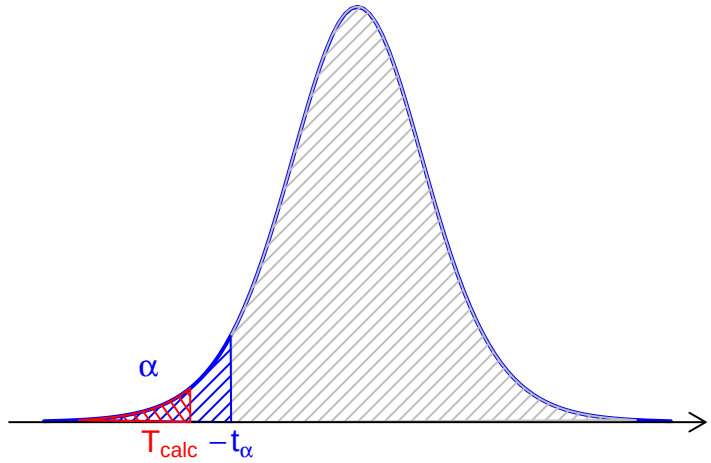
p-value e nível de significância

Teste unilateral direito



$$p\text{-}value = P\left[T > T_{calc}\right]$$

Teste unilateral esquerdo



$$p\text{-}value = P\left[T < T_{calc}\right]$$

Exemplo 11 (continuação)

Para averiguar se $\mu = 1$, uma alternativa ao IC obtido no slide 181 é a realização de um teste de hipóteses bilateral.

1. As hipóteses em confronto são H_0: $\mu = 1$ vs H_1: $\mu \neq 1$.
   Nível de significância: $\alpha =$P[rejeitar H_0 | H_0 verdade]$= 0.05$.
2. Estatística de teste: $T = \dfrac{\overline{X} - 1}{S/\sqrt{n}} \frown t_{(19)}$ sob H_0
3. Para $\alpha = 0.05$, $t_{0.025(19)} = 2.093$. Região crítica: $T < -2.093$ ou $T > 2.093$.
4. O valor da estatística de teste é $T_{\text{calc}} = \dfrac{\overline{x} - 1}{s/\sqrt{20}} = -1.7032$.
5. Como $T_{\text{calc}} \notin$RC, não se rejeita H_0 ao nível de significância de 5%.

Exemplo 11 (continuação)

O *p-value* obtém-se facilmente quando se utiliza o  para realizar o teste:

```
> t.test(azeite, mu=1)

        One Sample t-test

data:  azeite
t = -1.7032, df = 19, p-value = 0.1048
alternative hypothesis: true mean is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.9214041 1.0080711
sample estimates:
mean of x
0.9647376
```

Exemplo 11 (continuação)

Se se pretendesse averiguar se $\mu < 1$, as hipóteses seriam H_0: $\mu \geq 1$ vs H_1: $\mu < 1$. A região crítica seria (para o mesmo nível de significância) $T_{calc} < -t_{0.05(19)} = -1.729$.

$T_{calc} = -1.7032 \notin$RC, $\overline{x}$ não é significativamente inferior a 1. No R:

```
> t.test(azeite, mu=1, alternative="less")

        One Sample t-test

data:  azeite
t = -1.7032, df = 19, p-value = 0.05242
alternative hypothesis: true mean is less than 1
95 percent confidence interval:
     -Inf 1.000537
sample estimates:
mean of x
0.9647376
```

Exemplo 11 (continuação)

Para averiguar se $\sigma^2 > 0.005$, é preferível realizar um teste de hipóteses unilateral a calcular o IC (slide 184). O IC é equivalente a um TH bilateral, como se viu no exemplo acima.

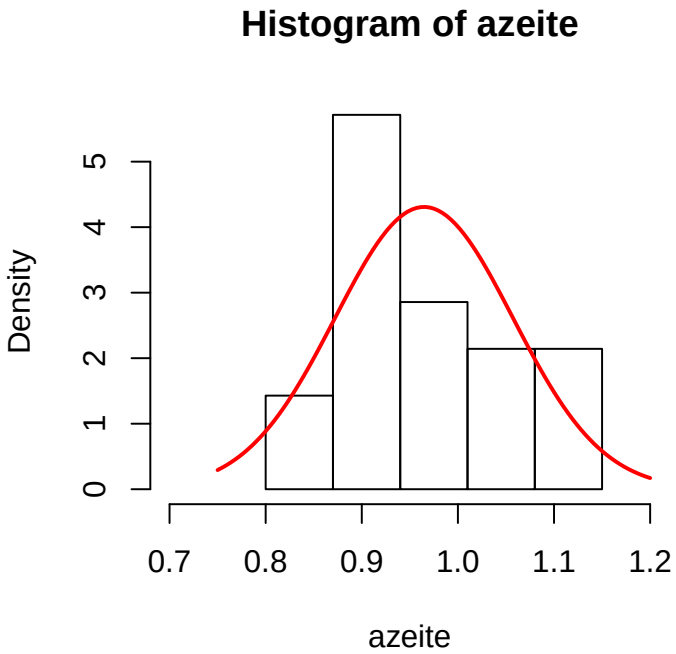
1. As hipóteses em confronto são H_0: $\sigma^2 \leq 0.005$ vs H_1: $\sigma^2 > 0.005$. Nível de significância: $\alpha =$P[rejeitar H_0 | H_0 verdade]$= 0.05$.
2. Estatística de teste: $\chi^2 = \dfrac{(n-1)S^2}{0.005} \frown \chi^2_{(19)}$ sob H_0.
3. Para $\alpha = 0.05$, $\chi^2_{0.05(19)} = 30.14$. Região crítica: $\chi^2 > 30.14$.
4. O valor da estatística de teste é $\chi^2_{\text{calc}} = \dfrac{19 \times s^2}{0.005} = 32.577$.
5. Como $\chi^2_{\text{calc}} \in$RC, rejeita-se H_0 ao nível de significância de 5%, e conclui-se que s^2 é significativamente superior a 0.005.

Teste de normalidade de Shapiro-Wilk

É um teste de hipóteses não paramétrico, para averiguar se uma população X segue a distribuição normal.

H_0: X tem distribuição normal
H_1: X não segue a distribuição normal

Para os dados do Exemplo 11 (slide 155), tem-se



No R:

```
> shapiro.test(azeite)

Shapiro-Wilk normality test
data:  azeite
W = 0.92427, p-value = 0.1197
```

Como o *p-value* é superior a 0.05, a este nível de significância não se rejeita a hipótese da normalidade da quantidade de azeite despejada numa garrafa.

Comparação de parâmetros de duas populações

Sejam X e Y duas populações. Pretende-se, a partir de amostras recolhidas destas populações, comparar os dois valores médios e/ou as duas variâncias populacionais.

As duas amostras são independentes quando não há relação entre os elementos de cada uma das amostras

- amostra aleatória de dimensão n extraída da população X: $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$
- amostra aleatória de dimensão m extraída da população Y: $(Y_1, Y_2, \cdots, Y_m)$
- não há relação entre X_i e Y_j
- pode-se alterar a ordem em cada amostra

Amostras independentes e amostras emparelhadas

Um caso particular de amostras não independentes é o de amostras emparelhadas.

Duas amostras, necessariamente com a mesma dimensão, estão emparelhadas quando

- amostra aleatória de dimensão n extraída da população X: $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$
- amostra aleatória de dimensão n extraída da população Y: $(Y_1, Y_2, \cdots, Y_n)$
- X_i e Y_i estão associadas, formam um par (X_i, Y_i)
- não se pode alterar a ordem em cada amostra

Aqui está um vídeo `https://www.youtube.com/watch?v=-6vDjGR41YM` que pode ajudar a visualizar a diferença entre amostras independentes e amostras emparelhadas.

Amostras independentes e amostras emparelhadas

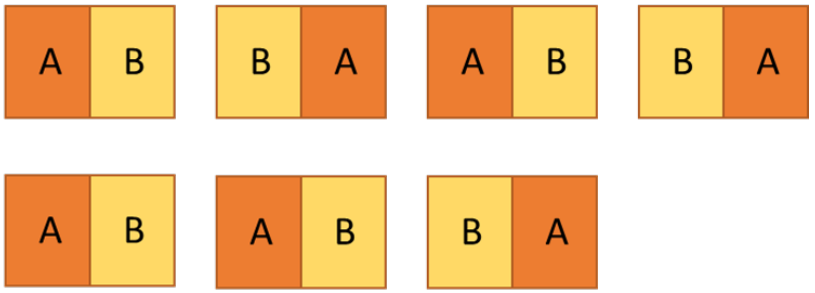
Exemplo: Pretende-se comparar o rendimento médio de duas variedades de milho. A experiência pode ser delineada das duas formas seguintes

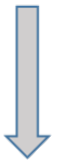
Terreno semeado com variedade A

Terreno semeado com variedade B

Amostras independentes

Terreno semeado com as duas variedades





Amostras emparelhadas por talhão

Amostras independentes e amostras emparelhadas

O emparelhamento permite eliminar o efeito de fatores exteriores ao objetivo do estudo.

Neste caso, eventuais diferenças na composição do solo e nas condições de humidade e temperatura, poderiam afetar o rendimento do milho.

O emparelhamento, ao tornar as unidades experimentais mais homogéneas, permite que diferenças que se observem nos rendimentos sejam exclusivamente atribuídas à diferença entre as variedades do milho e não a outros fatores externos.

Comparação dos valores esperados de duas populações quando as amostras são independentes

Duas populações, X e Y tais que
$E[X] = \mu_X$, $E[Y] = \mu_Y$, $Var[X] = \sigma_X^2$, $Var[Y] = \sigma_Y^2$.

Para comparar μ_X com μ_Y, pode fazer-se

- intervalo de confiança para $\mu_X - \mu_Y$
- teste de hipóteses a $\mu_X - \mu_Y$

Estimador de $\mu_X - \mu_Y$ em amostras independentes

$(X_1, X_2, \cdots, X_{n_X})$ amostra aleatória da população X com média $\overline{X}$
$(Y_1, Y_2, \cdots, Y_{n_Y})$ amostra aleatória da população Y com média $\overline{Y}$

$$\overline{X} - \overline{Y}$$

Comparação dos valores esperados de duas populações em amostras independentes

Para a distribuição de amostragem do estimador $\overline{X} - \overline{Y}$, será necessário considerar três casos.

Caso A: Populações normais com variâncias conhecidas

$$\overline{X} - \overline{Y} \frown \mathcal{N}\left(\mu_X - \mu_Y, \sqrt{\frac{\sigma_X^2}{n_X} + \frac{\sigma_Y^2}{n_Y}}\right)$$

$$\iff \frac{(\overline{X} - \overline{Y}) - (\mu_X - \mu_Y)}{\sqrt{\frac{\sigma_X^2}{n_X} + \frac{\sigma_Y^2}{n_Y}}} \frown \mathcal{N}(0,1)$$

Comparação dos valores esperados de duas populações em amostras independentes

Caso B: Amostras grandes

$$\frac{(\overline{X}-\overline{Y})-(\mu_X-\mu_Y)}{\sqrt{\frac{\sigma_X^2}{n_X}+\frac{\sigma_Y^2}{n_Y}}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma_X \text{ e } \sigma_Y \text{ conhecidos}$$

$$\frac{(\overline{X}-\overline{Y})-(\mu_X-\mu_Y)}{\sqrt{\frac{s_X^2}{n_X}+\frac{s_Y^2}{n_Y}}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma_X \text{ e } \sigma_Y \text{ desconhecidos}$$

Caso C: Populações normais com variâncias desconhecidas mas supostas iguais

$$\frac{(\overline{X}-\overline{Y})-(\mu_X-\mu_Y)}{S_p\sqrt{\frac{1}{n_X}+\frac{1}{n_Y}}} \frown t_{(n_X+n_Y-2)} \quad \text{em que } S_p^2=\frac{(n_X-1)S_X^2+(n_Y-1)S_Y^2}{(n_X+n_Y-2)}$$

Comparação das variâncias de duas populações em amostras independentes

Sejam X e Y duas populações normais:
$X \frown \mathcal{N}(\mu_X, \sigma_X)$ e $Y \frown \mathcal{N}(\mu_Y, \sigma_Y)$;
$(X_1, X_2, \cdots, X_{n_X})$ amostra aleatória extraída da população X e
$(Y_1, Y_2, \cdots, Y_{n_Y})$ amostra aleatória extraída da população Y
duas amostras independentes.

Estimador de σ_X^2/σ_Y^2 em amostras independentes de populações normais

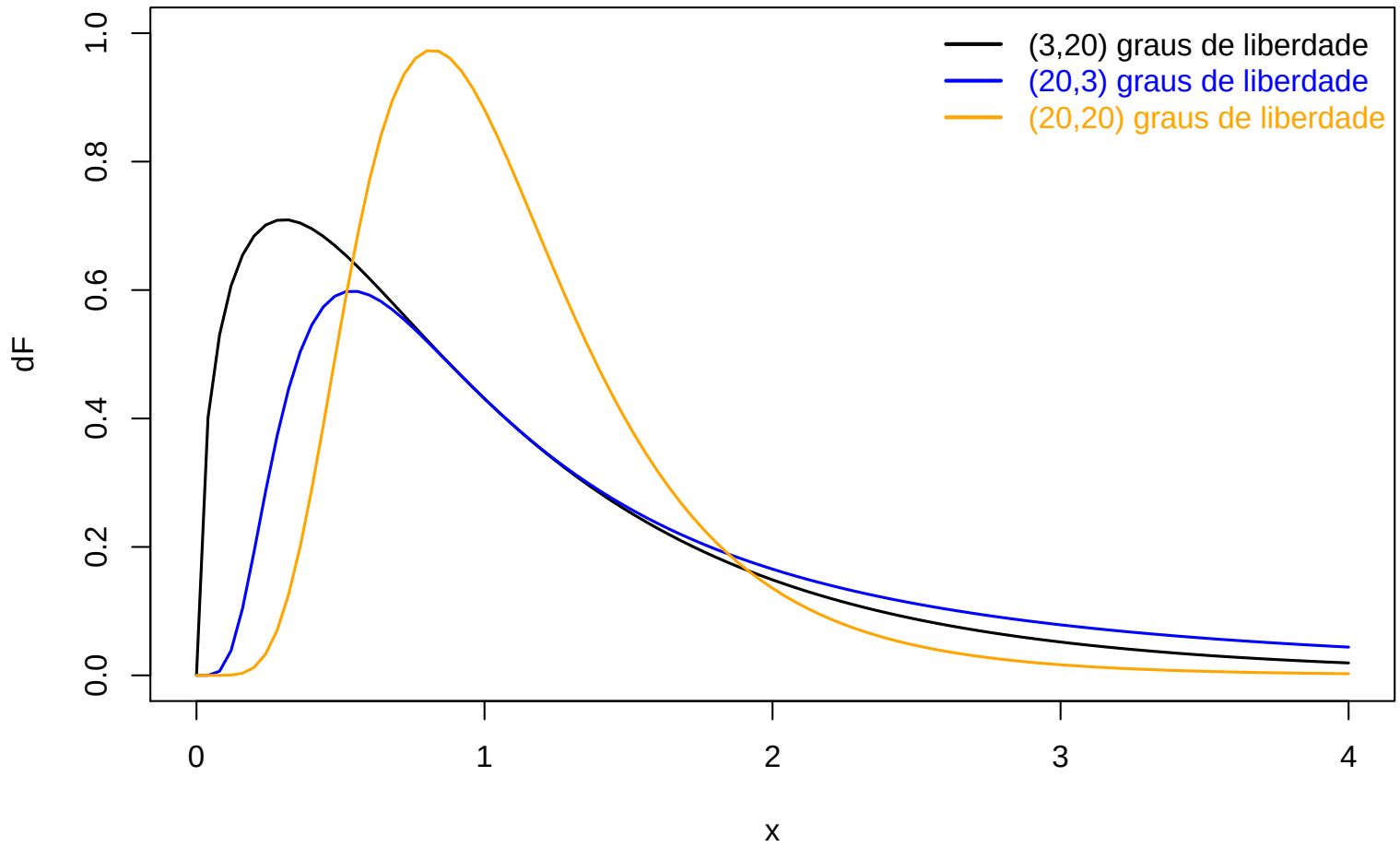
$$\frac{S_X^2}{S_Y^2}$$

A distribuição de amostragem é

$$\frac{S_X^2/\sigma_X^2}{S_Y^2/\sigma_Y^2} \frown F_{(n_X-1, n_Y-1)}$$

Comparação das variâncias de duas populações em amostras independentes

Função densidade da distribuição F com (m, n) graus de liberdade, $F_{(m,n)}$



Comparação dos valores esperados de duas populações quando as amostras são emparelhadas

- Duas populações, X e Y tais que $E[X] = \mu_X$, $E[Y] = \mu_Y$
- $(X_1, X_2, \cdots, X_n)$ amostra aleatória da população X
- $(Y_1, Y_2, \cdots, Y_n)$ amostra aleatória da população Y
- $(D_1, D_2, \cdots, D_n)$ amostra das diferenças, $D_i = X_i - Y_i$ $(i = 1, \cdots, n)$

$(D_1, D_2, \cdots, D_n)$ é uma amostra da população das diferenças, $D = X - Y$, com $E[D] = \mu_D = \mu_X - \mu_Y$ e $Var[D] = \sigma_D^2$.

O estimador de μ_D é $\overline{D}$. Os resultados referentes à estimação de μ numa população, podem ser utilizados para a estimação de μ_D na população das diferenças.

Comparação dos valores esperados de duas populações quando as amostras são emparelhadas

Caso A: População D normal com σ_D conhecido

$$\frac{\overline{D} - \mu_D}{\sigma_D/\sqrt{n}} \frown \mathcal{N}(0,1)$$

Caso B: População D com qualquer distribuição e amostra grande

$$\frac{\overline{D} - \mu_D}{\sigma_D/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma_D \text{ conhecido}$$

$$\frac{\overline{D} - \mu_D}{s_D/\sqrt{n}} \sim \mathcal{N}(0,1) \quad \text{se } \sigma_D \text{ desconhecido}$$

s_D é o desvio padrão da amostra das diferenças.

Caso C: População D normal com σ_D desconhecido

$$\frac{\overline{D} - \mu_D}{S_D/\sqrt{n}} \frown t_{(n-1)}$$

em que S_D^2 é o estimador de σ_D^2.

Comparação dos valores esperados de duas populações quando as amostras são emparelhadas

Note-se que, sendo as amostras emparelhadas (não independentes),

- $X_i \frown \mathcal{N} \quad \text{e} \quad Y_i \frown \mathcal{N} \not\Rightarrow D_i = X_i - Y_i \frown \mathcal{N}$
- $Var[D_i] = Var[X_i] + Var[Y_i] - 2Cov[X_i, Y_i]$

Comparação dos parâmetros de duas populações no R

Comparação dos valores esperados em duas amostras independentes de populações normais com variâncias supostas iguais

- Teste bilateral ou intervalo de confiança:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y = 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y \neq 0$
  t.test(x, y, alternative="two.sided", mu=0, paired=FALSE, var.equal=TRUE)
- Teste unilateral esquerdo:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y \geq 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y < 0$
  t.test(x, y, alternative="less", mu=0, paired=FALSE, var.equal=TRUE)
- Teste unilateral direito:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y \leq 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y > 0$
  t.test(x, y, alternative="greater", mu=0, paired=FALSE, var.equal=TRUE)

Comparação dos parâmetros de duas populações no R

Comparação dos valores esperados em duas amostras emparelhadas, supondo que a população das diferenças tem distribuição normal

- Teste bilateral ou intervalo de confiança:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y = 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y \neq 0$
  t.test(x, y, alternative="two.sided", mu=0, paired=TRUE)
- Teste unilateral esquerdo:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y \geq 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y < 0$
  t.test(x, y, alternative="less", mu=0, paired=TRUE)
- Teste unilateral direito:
  H_0: $\mu_X - \mu_Y \leq 0$ vs H_1: $\mu_X - \mu_Y > 0$
  t.test(x, y, alternative="greater", mu=0, paired=TRUE)

Comparação dos parâmetros de duas populações no R

Comparação das variâncias em duas amostras independentes de populações normais

- Teste bilateral ou intervalo de confiança:
  H_0: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 = 1$ vs H_1: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 \neq 1$
  $\text{var.test}(\text{x}, \text{y}, \text{ratio}=1, \text{alternative}=\text{“two.sided”})$
- Teste unilateral esquerdo:
  H_0: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 \geq 1$ vs H_1: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 < 1$
  $\text{var.test}(\text{x}, \text{y}, \text{ratio}=1, \text{alternative}=\text{“less”})$
- Teste unilateral direito:
  H_0: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 \leq 1$ vs H_1: $\sigma_X^2/\sigma_Y^2 > 1$
  $\text{var.test}(\text{x}, \text{y}, \text{ratio}=1, \text{alternative}=\text{“greater”})$

Comparação de proporções

Pretende-se comparar as proporções de "sucessos" em duas populações com base em duas amostras independentes.

X_1 representa o número de sucessos numa amostra de dimensão n_1 de uma população em que a proporção de sucessos é p_1,
$X_1 \frown \mathcal{B}(n_1, p_1)$

X_2 representa o número de sucessos numa amostra de dimensão n_2 de outra população em que a proporção de sucesso é p_2,
$X_2 \frown \mathcal{B}(n_2, p_2)$

O estimador da diferença entre as duas proporções é

$$\hat{P}_1 - \hat{P}_2 = \frac{X_1}{n_1} - \frac{X_2}{n_2}$$

Se n_1 e n_2 grandes,

$$\hat{P}_1 - \hat{P}_2 \sim \mathcal{N}\left(p_1 - p_2, \sqrt{\frac{p_1 q_1}{n_1} + \frac{p_2 q_2}{n_2}}\right)$$

Testes χ^2 de Pearson

Os *s*lides desta Secção são também baseados em material pedagógico disponibilizado pelo Prof. Jorge Cadima no âmbito da UC Estatística e Delineamento.

Os testes de qui-quadrado de Pearson são testes de ajustamento para dados nominais ou dados classificados em categorias ou classes.

Trata-se de testes de hipóteses não paramétricos, baseados em contagens, que partilham a mesma estatística de teste, a estatística de Pearson. São também designados testes χ^2, uma vez que a estatística de teste segue, *assintoticamente*, uma distribuição qui-quadrado.

Testes χ^2 de Pearson

Vão ser abordados os casos:

- Testes χ^2 em dados de contagem unidimensionais
- Testes χ^2 em tabelas de contigência (bidimensionais)
  - Probabilidades especificadas por uma teoria (genética, por exemplo)
  - Testes de Independência
  - Testes de Homogeneidade

Teste χ^2 em dados de contagem unidimensionais

Suponha-se que uma população é caracterizada por um atributo qualitativo que pode assumir as categorias $A_1, A_2, \cdots A_k$ com probabilidades desconhecidas.
Considerando um conjunto de valores $\pi_i > 0$ $(i = 1, 2, \cdots k)$ tais que $\sum_{i=1}^{k} \pi_i = 1$, pretende-se testar as hipóteses:

H_0: $P(A_i) = \pi_i$, $\forall i = 1, \ldots, k$ *versus* H_1: $P(A_i) \neq \pi_i$ para algum i

Recolhe-se uma amostra de dimensão N e conta-se o número de elementos da amostra que pertencem a cada categoria. Para a categoria A_i, seja

$\mathcal{O}_i$: a frequência (absoluta) observada na amostra;
$E_i = N\pi_i$: a frequência esperada ao abrigo da hipótese nula.

Teste χ^2 em dados de contagem unidimensionais

Pearson sugeriu, no início do século XX, a

Estatística de teste

$$X^2 = \sum_{i=1}^{k} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i}$$

que é uma medida do afastamento entre os dados e a hipótese nula. Quanto maior for o valor observado de X^2, menos plausível é a hipótese nula. Por isso a região crítica é unilateral direita. Para definir a região crítica ou de rejeição (ou o p-value) é necessário conhecer a distribuição por amostragem de X^2, no caso de H_0 ser válida.

Distribuição por amostragem

$$X^2 = \sum_{i=1}^{k} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{(k-1)} \quad \text{sob } H_0$$

Teste χ^2 em dados de contagem unidimensionais

A distribuição χ^2 é assintótica, isto é, é uma distribuição aproximada, válida apenas para amostras "grandes". De acordo com Cochran, o critério de validade da distribuição χ^2 é:

Critério de Cochran

- nenhum E_i inferior a 1
- não mais de 20% dos E_i's inferiores a 5.

Note-se que o critério se aplica às frequências esperadas e não às observadas. Quando o critério não se verifica, agrupam-se categorias de forma a atingir as frequências mínimas requeridas.

Teste χ^2 em dados de contagem unidimensionais

O teste χ^2 em dados de contagem unidimensionais pode resumir-se na seguinte tabela:

categoria	A_1	A_2	$\cdots$	A_k	Total
Probabilidades sob H_0	π_1	π_2	$\cdots$	π_k	1
Frequências esperadas	E_1	E_2	$\cdots$	E_k	N
Frequências observadas	$\mathcal{O}_1$	$\mathcal{O}_2$	$\cdots$	$\mathcal{O}_k$	N
Contribuição para a E.T.	$\frac{(\mathcal{O}_1-E_1)^2}{E_1}$	$\frac{(\mathcal{O}_2-E_2)^2}{E_2}$	$\cdots$	$\frac{(\mathcal{O}_k-E_k)^2}{E_k}$	X^2_{calc}

Exemplo 12 | hipótese genética

A descendência originada pelo cruzamento de dois tipos de plantas pode ser qualquer um dos três genótipos *cc*, *cC* e *CC*. Um modelo teórico de sucessão genética indica que os tipos *cc*, *cC* e *CC* devem aparecer na razão 1 : 2 : 1. Efetuou-se o cruzamento daqueles dois tipos tendo-se classificado 90 plantas. A sua classificação genética foi registada na tabela:

Genótipos	*cc*	*cC*	*CC*
Num. plantas	18	44	28

Questão: Estão estes dados de acordo com o modelo genético?

Exemplo 12 | hipótese genética

Teste χ^2 de Pearson considerando as $k = 3$ categorias para os genótipos:

- H_0: $\pi_1 = 0.25, \pi_2 = 0.5, \pi_3 = 0.25$ vs H_1: probab. diferentes
- Estatística de teste:

$$X^2 = \sum_{i=1}^{3} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{(2)} \quad \text{sob } H_0$$

  em que $\mathcal{O}_i$ é a frequência observada da i-ésima categoria e $E_i = N\pi_i = 90\pi_i$ é a frequência esperada. A distribuição $\chi^2_{(2)}$ só é válida para amostras grandes.

- Região crítica: ao nível de significância $\alpha = P[\text{rejeitar } H_0 \mid H_0 \text{ verdadeira}]$=0.05, rejeita-se H_0 se $X^2_{\text{calc}} > \chi^2_{0.05(2)} = 5.991$.
- Tabela resumo:

genótipo	*cc*	*cC*	*CC*	Total
π_i	0.25	0.5	0.25	1
E_i	22.5	45	22.5	90
$\mathcal{O}_i$	18	44	28	90
$\frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i}$	0.9000	0.0222	1.3444	$X^2_{\text{calc}} = 2.2667$

Exemplo 12 | hipótese genética

- Todas as frequências esperadas são superiores a 5, o que garante a validade da distribuição assintótica ao abrigo do critério de Cochran.
- Como $X^2_{\text{calc}} \notin \text{RC}$, não se rejeita H_0 ao nível de significância de 5%, não havendo razões para duvidar da hipótese genética que prevê aquelas proporções para os genótipos.

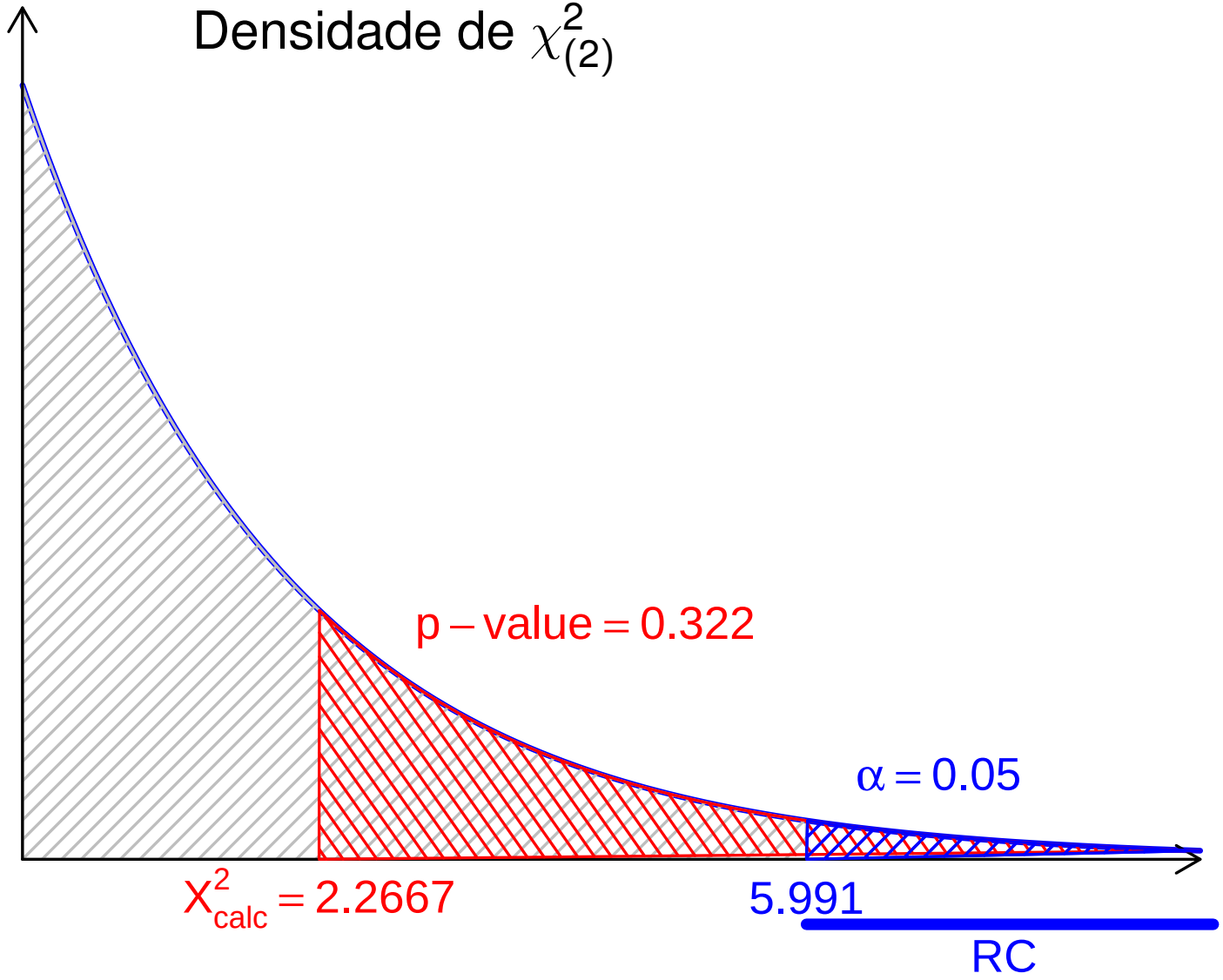
No  :

```
> Oi <- c(18,44,28)
> pi <- c(0.25,0.5,0.25)
> chisq.test(Oi,p=pi)

        Chi-squared test for given probabilities

data:  Oi
X-squared = 2.2667, df = 2, p-value = 0.322
```

Exemplo 12 | hipótese genética



Exemplo 13 | ajustamento à Binomial

No controlo de qualidade de uma linha de produção de latas de cerveja, contou-se o número de latas impróprias em cada um de 200 *packs* de 6 latas. Os resultados foram:

Núm. latas impróprias	0	1	2	3	4	5	6
Núm. *packs*	141	48	9	2	0	0	0

Questão: É admissível que o número de latas impróprias por *pack* siga uma lei Binomial com probabilidade de sucesso $p = 0.04$?

Note-se que cada uma das 200 contagens corresponde ao resultado de repetir 6 vezes uma experiência que resulta no resultado "lata imprópria" (êxito) ou "lata aceite" (fracasso). A distribuição Binomial será válida se os controlos de cada lata são independentes e com probabilidade constante de êxito.

Exemplo 13 | ajustamento à Binomial

Poderá realizar-se um teste de χ^2 de Pearson tomando como "categorias" os valores possíveis para a variável. Neste caso trata-se de um teste de ajustamento a uma distribuição discreta.

Teste χ^2 de Pearson :

- H0: $X \frown \mathcal{B}(6, 0.04)$ vs H_1: $X \not\frown \mathcal{B}(6, 0.04)$
- Estatística de teste:

$$X^2 = \sum_{i=1}^{7} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{(6)} \quad \text{sob } H_0$$

em que $\mathcal{O}_i$ é a frequência observada do i-ésimo valor da v.a. X e $E_i = N\pi_i = 200\pi_i$ é a frequência esperada. As probabilidades sob H_0 são $P[X = x] = \binom{6}{x} p^x (1-p)^{6-x}, x = 0, 1, \cdots 6$. A validade da distribuição $\chi^2_{(6)}$ pode ser apreciada através do critério de Cochran.

Exemplo 13 | ajustamento à Binomial

- Tabela resumo:

x_i	0	1	2	3	4	5	6	Total
π_i	0.7828	0.1957	0.0204	0.0011	0.0000	0	0	1
E_i	156.552	39.138	4.077	0.226	0.007	0	0	200
$\mathcal{O}_i$	141	48	9	2	0	0	0	200

O critério de Cochran não é válido pois há classes com a frequência esperada inferior a 1. Agrupando as 4 últimas classes, o critério é aproximadamente válido:

x_i	0	1	≥ 2	Total
π_i	0.7828	0.1957	0.0216	1
E_i	156.5516	39.1379	4.3106	200
$\mathcal{O}_i$	141	48	11	200

Exemplo 13 | ajustamento à Binomial

Será necessário redefinir a estatística de teste:

- Estatística de teste:
$$X^2 = \sum_{i=1}^{3} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{(2)} \quad \text{sob } H_0$$
- Região crítica: ao nível de significância $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 se $X^2_{\text{calc}} > \chi^2_{0.05(2)} = 5.991$.
- Tabela resumo:

x_i	0	1	≥ 2	Total
π_i	0.7828	0.1957	0.0216	1
E_i	156.5516	39.1379	4.3106	200
$\mathcal{O}_i$	141	48	11	200
$\frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i}$	1.5449	2.0067	10.3812	$X^2_{\text{calc}} = 13.9328$

Exemplo 13 | ajustamento à Binomial

- Como $X^2_{\text{calc}} = 13.9328 > 5.991$, rejeita-se H_0, optando-se por H_1: $X \not\sim \mathcal{B}(6, 0.04)$, ou seja pela hipótese de X não ter distribuição binomial ou ter distribuição binomial com outro valor de p. A categoria "≥ 2" contribui para a estatística de teste com uma parcela com um valor muito elevado que, por si só, levaria à rejeição de H_0.

No R:

```
> Oi <- c(141,48,11)
> pi <- c(dbinom(0:1,6,0.04), 1-pbinom(1,6,0.04))
> chisq.test(Oi,p=pi)

        Chi-squared test for given probabilities

data:  Oi
X-squared = 13.933, df = 2, p-value = 0.0009431

Warning message:
In chisq.test(Oi, p = pi) : Chi-squared approximation may be incorre
```

Exemplo 14 | ajustamento à Poisson

Num ensaio sobre pereiras Rocha, foi testado o sistema de condução Tatura. Foi observado o número de gomos florais em 80 pereiras, tendo-se obtido as contagens abaixo indicadas. Pretende-se saber se é possível considerar que o número de gomos por árvore segue uma lei Poisson, com valor esperado 7.

No. de gomos	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
No. de árvores	0	1	3	9	6	15	4	8	7	6	4	6	3	4	3	1

Para que as probabilidades, ao abrigo da hipótese de validade da Poisson, somem 1 é necessário acrescentar a categoria "≥ 16".

Sendo $X \frown \mathcal{P}(7)$, $P[X = x] = \frac{e^{-7}7^x}{x!}$, $x = 0, 1, 2, \cdots$ As frequências esperadas para as duas primeiras categorias são $E_1 = 80\, P[X = 0] = 0.073$ e $E_2 = 0.51$, ambas < 1. Há também demasiadas categorias com $E_i < 5$. É portanto necessário agrupar categorias para que se verifique o critério de Cochran. Sugere-se o seguinte agrupamento em $k = 9$ categorias:

No. de gomos	≤ 3	4	5	6	7	8	9	10	≥ 11
No. de árvores	13	6	15	4	8	7	6	4	17

Exemplo 14 | ajustamento à Poisson

Teste de ajustamento χ^2 de Pearson :

- H_0: $X \frown \mathcal{P}(7)$ vs H_1: $X \not\frown \mathcal{P}(7)$
- Estatística de teste:

$$X^2 = \sum_{i=1}^{9} \frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i} \sim \chi^2_{(8)} \quad \text{sob } H_0$$

em que $\mathcal{O}_i$ é a frequência observada da i-ésima categoria e $E_i = N\pi_i = 80\pi_i$ é a frequência esperada. As probabilidades sob H_0 são $P[X = x] = \frac{e^{-7}7^x}{x!}$, $x = 0, 1, \cdots$. A validade da distribuição $\chi^2_{(8)}$ é justificada pela validade do critério de Cochran (no quadro abaixo).

- Região crítica: ao nível de significância $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 se $X^2_{\text{calc}} > \chi^2_{0.05(8)} = 15.5043$.

Exemplo 14 | ajustamento à Poisson

- Tabela resumo[1]:

x_i	≤ 3	4	5	6	7	8	9	10	≥ 11	Total
π_i	0.082	0.091	0.128	0.149	0.149	0.130	0.101	0.071	0.099	1
E_i	6.541	7.30	10.22	11.92	11.92	10.43	8.11	5.68	7.88	80
$\mathcal{O}_i$	13	6	15	4	8	7	6	4	17	80
$\frac{(\mathcal{O}_i - E_i)^2}{E_i}$	6.377	0.231	2.239	5.262	1.289	1.128	0.550	0.496	10.549	28.121

- $X^2_{\text{calc}} = 28.121$ pertence à região crítica, logo rejeita-se a hipótese de que X tenha distribuição Poisson com valor esperado 7, ao nível de significância de 5 %. A última parcela da estatística de teste tem um valor muito elevado, contribuindo fortemente para a rejeição de H_0.

[1] Os valores de E_i (frequências esperadas) foram obtidos utilizando mais casas decimais em π_i do que as mostradas.

Exemplo 14 | ajustamento à Poisson

No R :

```
> pi<-c(ppois(3,7), dpois(4:10, 7), 1-ppois(10,7))
> Oi <- c(13, 6, 15, 4, 8, 7, 6, 4, 17)
> chisq.test(Oi,p=pi)

        Chi-squared test for given probabilities

data:  Oi
X-squared = 28.122, df = 8, p-value = 0.0004516
```

Teste de ajustamento com estimação de parâmetros

Nota:

Em vez de se admitir um valor para o parâmetro p da distribuição binomial ou para o parâmetro λ da distribuição de Poisson, poder-se-ia, em alternativa, estimar-se p e λ a partir dos dados da amostra. Quando se usam estimativas de parâmetros para estimar as frequências esperadas, a distribuição da estatística do teste de Pearson ainda é assintoticamente χ^2 mas o número de graus de liberdade terá que ser adaptado ao número de parâmetros estimados. Este assunto não vai ser desenvolvido.

Testes χ^2 em tabelas de contingência

Uma tabela de contingência é uma matriz onde se representam frequências absolutas de pares de categorias de dois atributos qualitativos ou discretos. Existem duas característas, A e B, em que A pode tomar a valores distintos e B pode assumir b valores distintos. Na tabela

	B_1	B_2	$\cdots$	B_b	Soma
A_1	$\mathcal{O}_{11}$	$\mathcal{O}_{12}$	$\cdots$	$\mathcal{O}_{1b}$	$N_{1\cdot}$
A_2	$\mathcal{O}_{21}$	$\mathcal{O}_{22}$	$\cdots$	$\mathcal{O}_{2b}$	$N_{2\cdot}$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	
A_a	$\mathcal{O}_{a1}$	$\mathcal{O}_{a2}$	$\cdots$	$\mathcal{O}_{ab}$	$N_{a\cdot}$
Soma	$N_{\cdot 1}$	$N_{\cdot 2}$	$\vdots$	$N_{\cdot b}$	N

$\mathcal{O}_{ij}$ representa a frequência observada do par (i-ésima categoria de A, j-ésima categoria de B). $N_{i\cdot}$ e $N_{\cdot j}$ são as frequências marginais observadas, $N_{i\cdot} = \sum_{j=1}^{b} \mathcal{O}_{ij}$ e $N_{\cdot j} = \sum_{i=1}^{a} \mathcal{O}_{ij}$.

Testes χ^2 em tabelas de contingência

Nos testes χ^2 em tabelas de contingência pretende-se testar hipóteses sobre as probabilidades conjuntas $P(A_i, B_j)$ (desconhecidas) de o atributo A pertencer à categoria A_i e o atributo B pertencer à categoria B_j. Designam-se π_{ij} ($i = 1, \cdots, a$, $j = 1, \cdots, b$) essas probabilidades sob a hipótese nula.

- As probabilidades π_{ij} podem ser totalmente especificadas por alguma hipótese (genética, por exemplo) - Situação 1

Duas situações com interesse em que π_{ij} têm que ser estimadas são:

- Teste de independência - Situação 2
- Teste de homogeneidade - Situação 3

Situação 1: π_{ij} especificadas por uma hipótese

Considerando um conjunto de valores π_{ij} ($i = 1, \cdots, a$, $j = 1, \cdots, b$) tais que $\sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} \pi_{ij} = 1$, pretende-se testar as hipóteses:

H_0: $P(A_i, B_j) = \pi_{ij}\ \forall (i,j)$ *versus* H_1: $P(A_i, B_j) \neq \pi_{ij}$ para algum (i,j)

Recolhe-se uma amostra de dimensão N e conta-se o número de elementos da amostra que pertencem a cada par de categorias. Para o par (A_i, B_j), seja

$\mathcal{O}_{ij}$: a frequência observada na amostra;
$E_{ij} = N\pi_{ij}$: a frequência esperada ao abrigo da hipótese nula.

Situação 1: π_{ij} especificadas por uma hipótese

A estatística do teste e a sua distribuição por amostragem são idênticas ao caso unidimensional:

Estatística de teste

$$X^2 = \sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}}$$

Distribuição por amostragem

$$X^2 = \sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \sim \chi^2_{(ab-1)} \quad \text{sob } H_0$$

A validade da distribuição assintótica depende da verificação de um critério que define quando é que uma amostra é considerada suficientemente grande. Pode-se aplicar o critério de Cochran às frequências esperadas E_{ij} de cada célula da matriz.

Situação 1: π_{ij} especificadas por uma hipótese

O teste χ^2 em tabelas de contigência pode resumir-se na seguinte tabela:

	B_1	B_2	$\cdots$	B_b	Soma
A_1	$\mathcal{O}_{11}$ (E_{11})	$\mathcal{O}_{12}$ (E_{12})	$\cdots$	$\mathcal{O}_{1b}$ (E_{1b})	$N_{1\cdot}$
A_2	$\mathcal{O}_{21}$ (E_{21})	$\mathcal{O}_{22}$ (E_{22})	$\cdots$	$\mathcal{O}_{2b}$ (E_{2b})	$N_{2\cdot}$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	
A_a	$\mathcal{O}_{a1}$ (E_{a1})	$\mathcal{O}_{a2}$ (E_{a2})	$\cdots$	$\mathcal{O}_{ab}$ (E_{ab})	$N_{a\cdot}$
Soma	$N_{\cdot 1}$	$N_{\cdot 2}$	$\vdots$	$N_{\cdot b}$	N

Exemplo 15 | hipótese genética

Supõe-se que em coelhos existe: um gene que controla a cor do pêlo, com um alelo determinante do cinzento (dominante) e um alelo determinante do branco (recessivo); outro gene que controla o tipo de pelagem, com um alelo determinante do pêlo normal (dominante) e um alelo determinante da pelagem tipo Rex (recessivo).

Para avaliar a hipótese de segregação independente e dominância / recessividade dos genes, realiza-se uma experiência cruzando coelhos duma população inicial que são heterozigóticos nos dois genes, i.e., têm um alelo de cada cor e um alelo de cada tipo de pelagem.

Numa descendência de $N = 232$ coelhos, observou-se:

	Pêlo	
Cor	Normal	Rex
Cinzento	134	44
Branco	42	12

Exemplo 15 | hipótese genética

Na hipótese de segregação independente e dominância / recessividade dos 2 genes, espera-se que a proporção de coelhos na descendência com cada par de características seja: 9 : 3 : 3 : 1 de, respetivamente, coelhos cinzentos de pelagem normal : coelhos cinzentos de pelagem Rex : coelhos brancos de pelagem normal : coelhos brancos de pelagem Rex. Portanto as hipóteses do teste são:

- H_0: $\pi_{11} = \frac{9}{16}, \pi_{12} = \pi_{21} = \frac{3}{16}, \pi_{22} = \frac{1}{16}$ *versus* H_1: algum π_{ij} diferente
- A estatística do teste é: $X^2 = \sum_{i=1}^{2} \sum_{j=1}^{2} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \sim \chi^2_{(4-1)}$ sob H_0.

  As frequências esperadas obtêm-se multiplicando as probabilidades pelo número total de observações, $E_{ij} = 232\pi_{ij}$.
- H_0 é rejeitada para valores elevados de discrepância entre frequências observadas e esperadas, a região crítica é unilateral direita. Ao nível de significância $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 se $X^2_{\text{calc}} > \chi^2_{0.05(3)} = 7.8147$.

Exemplo 15 | hipótese genética

- Tabela resumo:

	Pêlo	
Cor	Normal	Rex
Cinzento	134 (130.5)	44 (43.5)
Branco	42 (43.5)	12 (14.5)

- O valor da estatística de teste é então:

$$X^2_{\text{calc}} = \frac{(134-130.5)^2}{130.5} + \frac{(44-43.5)^2}{43.5} + \frac{(42-43.5)^2}{43.5} + \frac{(12-14.5)^2}{14.5} = 0.5824$$

- Não se rejeita H_0, i.e., não se rejeitam as hipóteses genéticas referidas (dominância/recessividade e segregação independente dos genes), ao nível de significância de 5%.

- No  :

```
> Oij <- c(134, 44, 42, 12)
> pij <- c(9, 3, 3, 1)/16
> chisq.test(Oij, p=pij)
        Chi-squared test for given probabilities
data:  Oij
X-squared = 0.58238, df = 3, p-value = 0.9005
```

Situação 2: Teste de independência

Os testes de independência têm por objetivo averiguar a existência de uma associação entre dois atributos A e B. A hipótese testada é a hipótese de independência. Se os atributos são independentes, as probabilidades conjuntas são iguais aos produtos das probabilidades marginais:

$$P(A_i, B_j) = P(A_i)P(B_j), \forall (i,j)$$

Portanto as hipóteses em confronto no teste são:

H_0: $\pi_{ij} = \pi_{i.}\,\pi_{.j}\ \forall (i,j)$ *versus* H_1: algum $\pi_{ij} \neq \pi_{i.}\,\pi_{.j}$

em que $\pi_{i.} = \sum_{j=1}^{b} \pi_{ij}$ e $\pi_{.j} = \sum_{i=1}^{a} \pi_{ij}$ são as probabilidades marginais, em geral desconhecidas.

Este teste difere do anterior no sentido em que a hipótese nula do teste não está completamente especificada.

Situação 2: Teste de independência

As probabilidades marginais são estimadas a partir dos dados.
Se os dados estão representados numa tabela de contingência como a do *s*lide 241, as probabilidades marginais são estimadas por

$$\hat{\pi}_{i.} = \frac{N_{i.}}{N},\ (i = 1, \cdots, a) \quad \text{e} \quad \hat{\pi}_{.j} = \frac{N_{.j}}{N},\ (j = 1, \cdots, b)$$

Assim, as frequências esperadas ao abrigo de H_0, $E_{ij} = N\pi_{ij}$ $= N\,\pi_{i.}\,\pi_{.j}$, são estimadas como

$$\hat{E}_{ij} = N\,\hat{\pi}_{i.}\,\hat{\pi}_{.j} = N\frac{N_{i.}}{N}\frac{N_{.j}}{N} = \frac{N_{i.}\,N_{.j}}{N}$$

Situação 2: Teste de independência

A estatística do teste tem a expressão idêntica à da Situação 1, a distribuição por amostragem é assintoticamente χ^2, mas os graus de liberdade são diferentes devido à necessidade de estimação de parâmetros:

Estatística do teste e distribuição por amostragem

$$X^2 = \sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{b} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - \hat{E}_{ij})^2}{\hat{E}_{ij}} \sim \chi^2_{(a-1)(b-1)} \quad \text{sob } H_0$$

Exemplo 16 | Teste de independência

Análises qualitativas sugerem que a distribuição da vegetação herbácea em torno de árvores isoladas, em climas áridos, depende da orientação geográfica. Pretende-se validar estatisticamente esta suspeita, para um dado ecossistema.
Contabilizou-se (até totalizar mil) o número de plantas de três espécies herbáceas que germinaram em torno de árvores isoladas de *Acacia tortilis*, em cada um dos quadrantes com orientação Norte, Este, Sul e Oeste. Obtiveram-se os seguintes resultados:

	Orientação geográfica				
Espécie	Norte	Sul	Este	Oeste	$N_{i.}$
Tribulus terrestris	4	157	12	28	201
Zygophyllum simplex	150	243	26	47	466
Aristida adsencionis	47	73	27	186	333
$N_{.j}$	201	473	65	261	$N = 1000$

Exemplo 16 | Teste de independência

Pretende-se testar se existe independência entre os 2 atributos: Espécie (com $a = 3$ categorias) e Orientação (com $b = 4$ categorias).

Teste de hipóteses:

- H_0: $\pi_{ij} = \pi_{i.} \times \pi_{.j}, \forall\, i = 1,2,3,\ j = 1,2,3,4$ vs. H_1: $\exists (i,j)$: $\pi_{ij} \neq \pi_{i.}.\pi_{.j}$
  π_{ij} é a probabilidade de uma planta ser da i-ésima espécie e ter germinado num quadrante com a j-ésima orientação
  $\pi_{i.}$ é a probabilidade de uma planta escolhida ao acaso ser da i-ésima espécie
  $\pi_{.j}$ é a probabilidade de uma planta (de qualquer espécie) ter germinado num quadrante na j-ésima orientação
  As probabilidades marginais têm que ser estimadas a partir dos dados.

- Estatística de teste: $X^2 = \sum_{i=1}^{3} \sum_{j=1}^{4} \dfrac{(\mathcal{O}_{ij} - \hat{E}_{ij})^2}{\hat{E}_{ij}} \sim \chi^2_{(6)}$ sob H_0,
  $\mathcal{O}_{ij}$ é o número de plantas da i-ésima espécie observadas num quadrante com a j-ésima orientação
  $\hat{E}_{ij} = N \times \hat{\pi}_{i.} \times \hat{\pi}_{.j} = \dfrac{N_{i.}\, N_{.j}}{1000}$ é a frequência esperada estimada.

Exemplo 16 | Teste de independência

O menor valor de $\hat{E}_{ij}$ é $\hat{E}_{13} = \frac{201 \times 65}{1000} = 13.065$, que é superior a 5, o que justifica a validade da distribuição assintótica, de acordo com o critério de Cochran.

- Região crítica (unilateral direita): ao nível de significância $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 se $X^2_{\text{calc}} > \chi^2_{0.05(6)} = 12.59$.
- $X^2_{\text{calc}} = 332.79 \gg 12.59$. Trata-se de um valor muito elevado, que leva à rejeição clara da hipótese de independência entre espécie e orientação geográfica.
- Dada a rejeição da hipótese de independência, é interessante investigar quais são as associações significativas entre espécie e orientação.

Exemplo 16 | Teste de independência

Por exemplo, para a espécie *Zygophyllum simplex*, tem-se

Zygophyllum simplex	Orientação geográfica				
	Norte	Sul	Este	Oeste	Total
$\mathcal{O}_{2j}$	150	243	26	47	466
$\hat{E}_{2j}$	93.666	220.418	30.290	121.626	333
$\frac{(\mathcal{O}_{2j}-\hat{E}_{2j})^2}{\hat{E}_{2j}}$	33.881	2.314	0.608	45.788	82.591

Só esta espécie contribui com duas parcelas para a estatística de teste que seriam, por si só, suficientes para rejeitar a hipótese nula (cada uma é > 12.59). Note-se que $\mathcal{O}_{21} \gg \hat{E}_{21}$, o que indica uma associação positiva entre esta espécie e a orientação Norte. Pelo contrário, $\mathcal{O}_{24} \ll \hat{E}_{24}$, o que indica uma associação negativa entre a espécie e a orientação Oeste.

Exemplo 16 | Teste de independência

No R:

```
> Oij <- matrix(c(4,150,47,157,243,73,12,26,27,28,47,186),nrow=3, ncol=4)

> Oij
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    4  157   12   28
[2,]  150  243   26   47
[3,]   47   73   27  186
> chisq.test(Oij)

Pearson's Chi-squared test

data:  Oij
X-squared = 332.79, df = 6, p-value < 2.2e-16
```

Situação 3: Teste de homogeneidade

Suponha-se que uma população é classificada em *a* subpopulações, de acordo com as categorias do atributo A $(A_1, A_2, \cdots, A_a)$. O objetivo do teste de homogeneidade é o de averiguar se a distribuição do atributo B é idêntica (homogénea) para todas as subpopulações, ou seja, pretende-se averiguar se

$$P(B_j|A_1) = P(B_j|A_2) = \cdots = P(B_j|A_a), \forall j = 1, 2, \cdots, b$$

Designando por $\pi_{j|i}$ a probabilidade de uma observação da subpopulação A_i ser classificada na categoria B_j, as hipóteses em confronto no teste são:

$$\mathrm{H}_0 : \begin{cases} \pi_{1|1} = \pi_{1|2} = \cdots = \pi_{1|a} \ [= \pi_{.1}] \\ \pi_{2|1} = \pi_{2|2} = \cdots = \pi_{2|a} \ [= \pi_{.2}] \\ \qquad\qquad \vdots \\ \pi_{b|1} = \pi_{b|2} = \cdots = \pi_{b|a} \ [= \pi_{.b}] \end{cases} \quad \text{vs} \quad \mathrm{H}_1 : \text{alguma igualdade falha}$$

Situação 3: Teste de homogeneidade

Na disposição do *s*lide 241, a hipótese nula é a de as probabilidades condicionais serem iguais em cada coluna, ou seja de homogeneidade de cada coluna (atributo B), através das linhas (subpopulações).

As probabilidades marginais que intervêm em H_0 não são conhecidas e terão que ser estimadas a partir dos dados. Neste caso, os dados são constituídos por $N_{1.}$ elementos da subpopulação A_1, $N_{2.}$ elementos da subpopulação $A_2, \cdots$, $N_{a.}$ elementos da subpopulação A_a, ou seja os totais por linha na tabela de contingência do *s*lide 241 são previamente fixados. Assim, as probabilidades marginais de B são estimadas por

$$\hat{\pi}_{.j} = \frac{N_{.j}}{N}, \ (j = 1, \cdots, b)$$

As frequências esperadas ao abrigo de H_0 são $E_{ij} = N_{i.}\pi_{j|i} = N_{i.}\,\pi_{.j}$.

As frequências esperadas estimadas são $\hat{E}_{ij} = N_{i.}\,\hat{\pi}_{.j} = N_{i.}\,\frac{N_{.j}}{N}$.

Situação 3: Teste de homogeneidade

A estatística de teste tem a mesma expressão da Situação 2 e tem a mesma distribuição assintótica (*slide* 251), isto é,

Estatística do teste e distribuição por amostragem

$$X^2 = \sum_{i=1}^{a} \sum_{j=1}^{b} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - \hat{E}_{ij})^2}{\hat{E}_{ij}} \sim \chi^2_{(a-1)(b-1)} \quad \text{sob } H_0$$

Exemplo 17 | Teste de homogeneidade

Nos solos de uma dada região foi assinalada a presença de larvas de 4 espécies de insectos que afetam as principais culturas da região.

Pretende-se investigar se as frequências relativas das espécies de larvas são, ou não, iguais nos vários tipos de solos.

Classificaram-se os solos em três tipos: arenosos, limosos e argilosos (atributo A, com $a = 3$ categorias).

Em cada tipo de solo foram recolhidas 100 larvas, que foram classificadas de acordo com a respetiva espécie (atributo B, com $b = 4$ categorias).

Exemplo 17 | Teste de homogeneidade

As frequências observadas das espécies de larvas, para cada tipo de solo, foram:

	Espécie de larva				
Tipo de solo	1	2	3	4	$N_{i.}$
Arenoso	27	24	23	26	100
Limoso	20	32	18	30	100
Argiloso	13	37	16	34	100
$N_{.j}$	60	93	57	90	$N = 300$

O objetivo é averiguar se cada espécie de larva se distribui de forma análoga (homogénea) pelos 3 tipos de solo, ou seja

$$P(j|\text{solo arenoso}) = P(j|\text{solo limoso}) = P(j|\text{solo argiloso})\ \forall j = 1, 2, 3, 4.$$

Exemplo 17 | Teste de homogeneidade

Teste de hipóteses (teste de homogeneidade)

- A hipótese nula é: a probabilidade de uma larva encontrada em cada tipo de solo ser da espécie j, ($j = 1, \cdots, 4$) é igual para todos os tipos de solo, sendo também igual à probabilidade de a larva ser da espécie da j, independentemente do solo.

$$\mathrm{H}_0 : \begin{cases} \pi_{1|\text{solo arenoso}} = \pi_{1|\text{solo limoso}} = \pi_{1|\text{solo argiloso}} & [= \pi_{\cdot 1}] \\ \pi_{2|\text{solo arenoso}} = \pi_{2|\text{solo limoso}} = \pi_{2|\text{solo argiloso}} & [= \pi_{\cdot 2}] \\ \pi_{3|\text{solo arenoso}} = \pi_{3|\text{solo limoso}} = \pi_{3|\text{solo argiloso}} & [= \pi_{\cdot 3}] \\ \pi_{4|\text{solo arenoso}} = \pi_{4|\text{solo limoso}} = \pi_{4|\text{solo argiloso}} & [= \pi_{\cdot 4}] \end{cases}$$

  H_1: alguma igualdade falha

- Estatística do teste: $X^2 = \sum_{i=1}^{3} \sum_{j=1}^{4} \frac{(\mathcal{O}_{ij} - \hat{E}_{ij})^2}{\hat{E}_{ij}} \sim \chi^2_{(6)}$ sob H_0,

  $\mathcal{O}_{ij}$ é o número de larvas da espécie j observadas no i-ésimo solo

  $\hat{E}_{ij} = N_{i\cdot}\, \hat{\pi}_{\cdot j} = 100 \times \frac{N_{\cdot j}}{300}$, $\hat{E}_{i1} = \frac{100\times 60}{300}$, $\hat{E}_{i2} = \frac{100\times 93}{300}$, $\hat{E}_{i3} = \frac{100\times 57}{300}$, $\hat{E}_{i4} = \frac{100\times 90}{300}$.

Exemplo 17 | Teste de homogeneidade

- Região crítica (unilateral direita): ao nível de significância $\alpha = 0.05$, rejeita-se H_0 se $X^2_{calc} > \chi^2_{0.05(6)} = 12.591$.
- Tabela resumo

	Espécie de larva				
Tipo de solo	1	2	3	4	$N_{i.}$
Arenoso	27 (20)	24 (31)	23 (19)	26 (30)	100
Limoso	20 (20)	32 (31)	18 (19)	30 (30)	100
Argiloso	13 (20)	37 (31)	16 (19)	34 (30)	100
$N_{.j}$	60	93	57	90	$N = 300$

Todas as frequências esperadas são superiores a 5, pelo que o critério de Cochran é válido. Não é necessário agrupar células.

- $X^2_{calc} = 10.109$. Este valor não pertence à região crítica, portanto, ao nível de significância de 5 %, não se rejeita a hipótese de homogeneidade das distribuições de espécies de larva, nos três tipos de solos.

Exemplo 17 | Teste de homogeneidade

No R:

```
> Oij <- matrix(c(27,20,13,24,32,37,23,18,16,26,30,34),nrow=3, ncol=4)
> Oij
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]   27   24   23   26
[2,]   20   32   18   30
[3,]   13   37   16   34
> chisq.test(Oij)

Pearson's Chi-squared test

data:  Oij
X-squared = 10.109, df = 6, p-value = 0.1201
```

Nota sobre testes de independência *versus* homogeneidade

Os testes de independência e homogeneidade parecem idênticos na sua forma: partilham a mesma estatística de teste e a mesma distribuição de amostragem. A diferença encontra-se no delineamento das experiências.

No teste de independência, os elementos da amostra são extraídos ao acaso de uma população e dois atributos são observados para cada elemento. Só o número total de elementos da amostra é previamente fixado pelo experimentador.

No teste de homogeneidade os dados são selecionados ao acaso de cada subpopulação separadamente. Os números de elementos de cada subpopulação são previamente definidos pelo experimentador. A hipótese nula é a de cada subpopulação partilhar a mesma distribuição de um outro atributo.

As diferenças são subtis mas importantes: as hipóteses de referência são diferentes e as conclusões também são diferentes.