# Teste de Kruskal-Wallis

Os dados $(X)$ consistem de $N = \sum_{j=1}^{k} n_j$ observações, sendo que existem $n_j$ observações do $j$-ésimo grupo, $j = 1, \ldots, k$, $k \geq 2$.

## Suposições

1. As $N$ variáveis aleatórias $\{X_{1j}, X_{2j}, \ldots, X_{n_j,j}\}$, $j = 1, \ldots, k$ são mutuamente independentes.

2. Para cada $j \in \{1, \ldots, k\}$, as $n_j$ variáveis aleatórias $\{X_{1j}, X_{2j}, \ldots, X_{n_j,j}\}$ formam uma amostra aleatória de uma distribuição contínua com função distribuição $F_j$.

3. As funções distribuição $F_1, \ldots, F_k$ estão relacionadas da forma

$$F_j(t) = F(t - \tau_j), \ t \in \mathbb{R}, \quad j = 1, \ldots, k,$$

em que $F$ é uma função distribuição de uma variável aleatória contínua com mediana (desconhecida) $\theta$ e $\tau_j$ representa o efeito (desconhecido) do $j$-ésimo grupo.

Estas suposições correspondem ao modelo de um fator (grupo, no caso) dado por

$$X_{ij} = \theta + \tau_j + \epsilon_{ij}, \quad i = 1, \ldots, n_j, \ j = 1, \ldots, k,$$

em que $\theta$ é a mediana geral, $\tau_j$ é o efeito do $j-$ésimo grupo e $\epsilon_{ij}$, $i = 1, \ldots, n_j$ e $j = 1, \ldots, k$, formam uma amostra aleatória de uma distribuição contínua com mediana igual a 0.

## Hipóteses

$$\mathrm{H}_0 : \tau_1 = \cdots = \tau_k \quad \text{contra} \quad \mathrm{H}_1 : \tau_j \neq \tau_\ell \text{ para pelo menos um par } (j, \ell), j \neq \ell. \quad (1)$$

**Procedimento** Todas as $N$ observações dos $k$ grupos são combinadas e dispostas em ordem crescente. O posto de $X_{ij}$ na amostra combinada ordenada é denotado por $r_{ij}$.

Se $H_0$ for verdadeira, a soma total de postos, que é igual a $N(N+1)/2$, é dividida proporcionalmente entre as $k$ amostras de acordo com os tamanhos amostrais $n_1, \ldots, n_k$. Sendo assim, a soma esperada dos postos para a $j-$ésima amostra seria

$$\frac{n_j}{N}\frac{N(N+1)}{2} = \frac{n_j(N+1)}{2},\ j = 1, \ldots, k.$$

A soma dos postos das observações da $j-$ésima amostra e sua média são

$$R_j = \sum_{i=1}^{n_j} r_{ij} \quad \text{e} \quad \overline{R}_j = \frac{R_j}{n_j},\quad j = 1, \ldots, k.$$

Portanto, se $H_0$ for verdadeira, $\overline{R}_j$ tende a ser "próxima" de $E_0(\overline{R}_j) = (N+1)/2$. Quanto maiores forem as diferenças, $j = 1, \ldots, k$, mais forte a indicação de rejeição de $H_0$.

**Estatística de teste**

$$H = \frac{12}{N(N+1)} \sum_{j=1}^{k} n_j \left( \overline{R}_j - \frac{N+1}{2} \right)^2, \tag{1}$$

que é uma soma ponderada dos quadrados das diferenças entre $\overline{R}_j$ e $E_0(\overline{R}_j)$, $j = 1, \ldots, k$.

**Distribuição exata (sem empates)** Na amostra combinada os postos são $1, \ldots, N$. Sob $H_0$, todas as $N!/\prod_{j=1}^{k} n_j!$ atribuições de $n_1$ postos às observações do grupo 1, $n_2$ postos às observações do grupo 2,..., $n_k$ postos às observações do grupo $k$ são igualmente prováveis. Para cada sequência de postos calculamos $H$. A distribuição exata de $H$ é dada pela tabela de frequências relativas dos valores de $H$. Tabelas da distribuição exata de $H$ foram preparadas para alguns valores de $k$ e $n_1, \ldots, n_k$.

Rejeitar $H_0$ se $H_{\text{obs}} \geq h_\alpha$; caso contrário, não rejeitar $H_0$, sendo que $P_0(H \geq h_\alpha) = \alpha$. O valor-$p$ é dado por $P_0(H \geq H_{\text{obs}})$. O teste é livre de distribuição.

**Distribuição assintótica** Quando $\mathrm{H}_0$ é verdadeira e $\min(n_1, \ldots, n_k) \to \infty$, a distribuição de $H$ tende a uma distribuição $\chi^2_{k-1}$.

Rejeitar $\mathrm{H}_0$ se $H_{\text{obs}} \geq \chi^2_{k-1,\alpha}$; caso contrário, não rejeitar $\mathrm{H}_0$, sendo que $\mathrm{P}(Q \geq \chi^2_{k-1,\alpha}) = \alpha$ e $Q \sim \chi^2_{k-1}$. O valor-$p$ aproximado é dado por $\mathrm{P}(Q \geq H_{\text{obs}})$. O teste é assintoticamente livre de distribuição.

**Empates** Se ocorrerem empates entre as observações $X_{ij}$, para cada grupo de observações de mesmo valor tomamos a média dos postos na situação sem empates. A estatística $H$ é calculada com a expressão (2).

Para utilizar a distribuição exata (como uma aproximação) ou a distribuição assintótica, substituimos $H$ por

$$H' = \frac{H}{1 - \sum_{\ell=1}^{g} (t_\ell^3 - t_\ell)/(N^3 - N)},$$

em que $g$ denota o número de observações empatadas e $t_\ell$ é a frequência de cada uma das observações com empates. A obtenção da distribuição exata *condicional* de $H$ é mais trabalhosa. Caso não ocorram empates, temos $g = N$ e $t_\ell = 1$, $\ell = 1, \ldots, N$, de modo que $H' = H$.

**Comparações múltiplas** Quando a hipótese $\mathrm{H}_0$ em (1) é rejeitada, quaisquer dois grupos $j$ e $\ell$ podem ser comparados, com $1 \leq j < \ell \leq k$, totalizando $k(k-1)/2$ comparações. A estatística de teste é

$$Z_{j\ell} = \frac{|\overline{R}_j - \overline{R}_\ell|}{\left\{ \frac{N(N+1)}{12} \left( \frac{1}{n_j} + \frac{1}{n_\ell} \right) \right\}^{1/2}}.$$

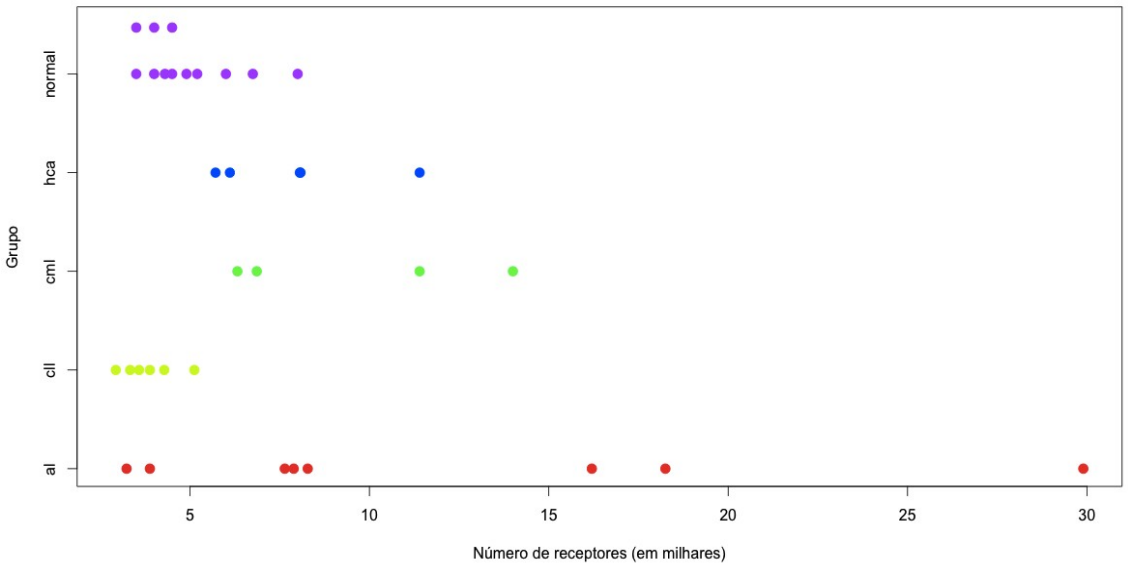
Se $Z_{j\ell,\text{obs}} \geq z_{\alpha/\{k(k-1)\}}$, a diferença entre os grupos $j$ e $\ell$ é significativa, sendo que $\mathrm{P}(Z \geq z_{\alpha/\{k(k-1)\}} = \alpha/\{k(k-1)\}$, $Z \sim \mathrm{N}(0,1)$ e $\alpha$ é o nível de significância global, correspondendo a pelo menos uma rejeição errônea de um total de $k(k-1)/2$ comparações.

Se, por exemplo, o grupo 1 ($j = 1$) é o grupo de referência, um teste semelhante pode ser proposto para as $k - 1$ comparações possíveis utilizando as diferenças $\overline{R}_\ell - \overline{R}_1$, $\ell = 2, \ldots, k$.

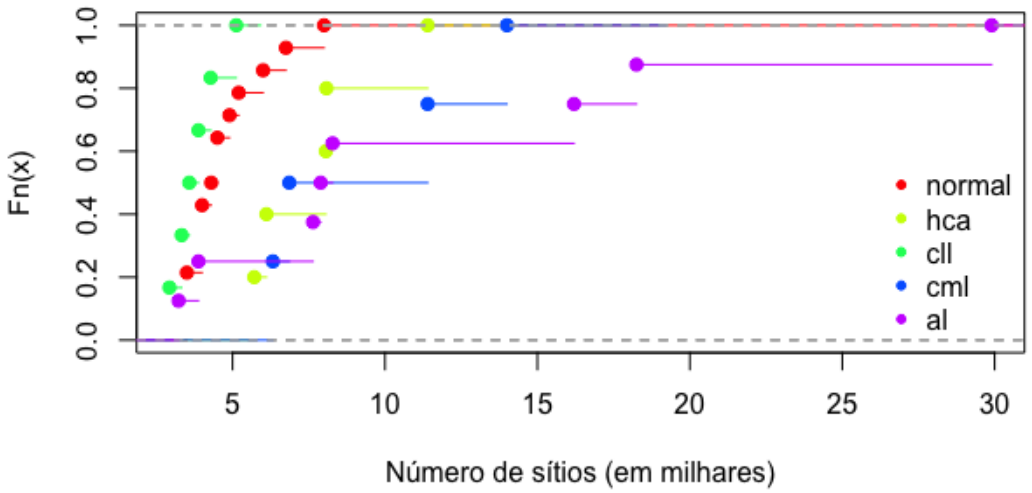
Estes dois procedimentos, desenvolvidos por O. J. Dunn e baseados na desigualdade de Bonferroni, podem ser conservadores.

```
## Dados
# Ex 8., p. 200 em Hollander Wolfe (1999, 2nd Edition)
# Número de sítios receptores por célula de leucócito (em milhares)
# Grupos: normal, hairy-cell anemia, chronic lymphatic leukemia,
#    chronic myelocytic leukemia e acute leukemia.

dados <- list(normal = c(3.5, 3.5, 3.5, 4, 4, 4, 4.3, 4.5, 4.5, 4.9,
   5.2, 6, 6.75,8), hca = c(5.71, 6.11, 8.06, 8.08, 11.4),
   cll = c(2.93, 3.33, 3.58, 3.88, 4.28, 5.12),
   cml = c(6.32, 6.86, 11.4, 14),
   al = c(3.23, 3.88, 7.64, 7.89, 8.28, 16.2, 18.25, 29.9))

names(dados)

[1] "normal" "hca"    "cll"    "cml"    "al"

cat("\n Número de grupos =", length(dados))

Número de grupos = 5

cat("\n Tamanhos amostrais:", as.numeric(lapply(dados, length)))

 Tamanhos amostrais: 14 5 6 4 8

# Estatísticas descritivas
lapply(dados, summary)

$normal
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  3.500   4.000   4.400   4.761   5.125   8.000

$hca
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  5.710   6.110   8.060   7.872   8.080  11.400

$cll
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  2.930   3.392   3.730   3.853   4.180   5.120

$cml
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  6.320   6.725   9.130   9.645  12.050  14.000

$al
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  3.230   6.700   8.085  11.910  16.710  29.900
```

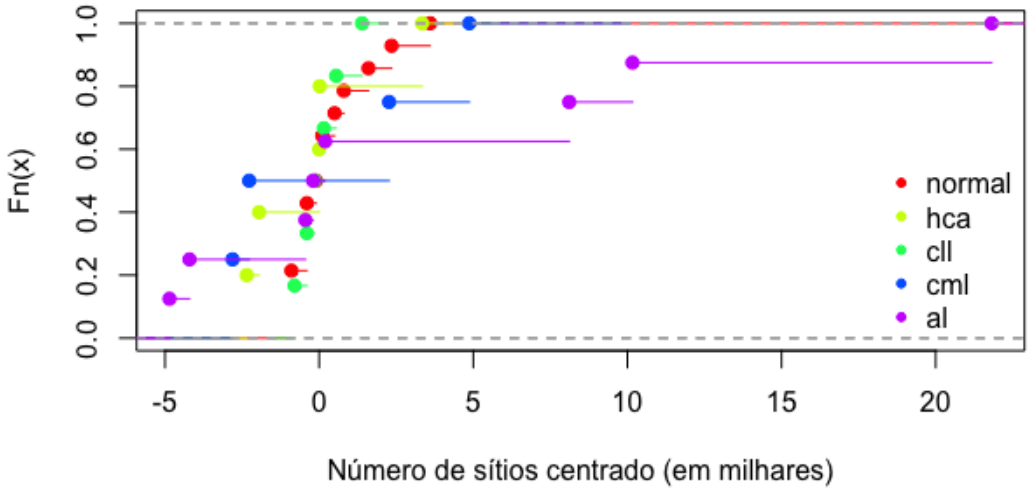
```
vdados <- unlist(dados)  # dados em um vetor
cores <- rainbow(length(dados))
grupo <- factor(rep(names(dados), times = lapply(dados, length)))
stripchart(vdados ~ grupo, method = "stack", pch = 20, cex = 2,
  xlab = "Número de receptores (em milhares)",
  col = cores, ylab = "Grupo")
```




```
# Distribuições empíricas
plot(ecdf(dados[[1]]), main = "", col = cores[1], xlim = range(dados),
     xlab = "Número de sítios (em milhares)")
for (j in 2:length(dados)) {
  lines(ecdf(dados[[j]]), main = "", col = cores[j])
}
legend("bottomright", names(dados), pch = 20, col = cores, bty = "n")
```



```
# Distribuições empíricas dos dados centrados (pela mediana)
estimat <- unlist(lapply(dados, median))  # Medianas amostrais
plot(ecdf(dados[[1]] - estimat[[1]]), main = "", col = cores[1],
  xlim = range(unlist(dados) - rep(estimat, times = lapply(dados,
  length))), xlab = "Número de sítios centrado (em milhares)")
for (j in 2:length(dados)) {
  lines(ecdf(dados[[j]] - estimat[[j]]), main = "", col = cores[j])
}
legend("bottomright", names(dados), pch = 20, col = cores, bty = "n")
```




Nota 1. O gráfico acima justifica a suposição de que as distribuições diferem apenas pela mediana?

```
# Teste de Kruskal-Wallis
kruskal.test(dados)

        Kruskal-Wallis rank sum test

data:  dados
Kruskal-Wallis chi-squared = 16.6682, df = 4, p-value = 0.002242
```

Nota 2. Se as observações estiverem na forma de vetor (`vdados` neste exemplo) com seus respectivos grupos (`grupo` neste exemplo), o teste pode ser efetuado utilizando uma `formula`. O comando `kruskal.test(vdados ~ grupo)` leva aos mesmos resultados acima.

O teste também pode ser realizado com a função `kruskal_test` do pacote `coin`.

```
library(coin)
# Distribuição assintótica
 kruskal_test(vdados ~ grupo, distribution = "asymptotic")

        Asymptotic Kruskal-Wallis Test
data:  vdados by grupo (al, cll, cml, hca, normal)
 chi-squared = 16.6682, df = 4, p-value = 0.002242
```

Adotando um nível de significância de 5%, os resultados indicam que há diferenças significativas entre as distribuições ($H$ = 16,7 com 4 g.l., $p$ = 0,0022).

```
# Comparações múltiplas com o teste de Wilcoxon para duas amostras
pairwise.wilcox.test(vdados, grupo, p.adjust = "bonferroni",
       alternative = "two.sided")

      Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test

data:  vdados and grupo

       al    cll   cml   hca
cll    0.387 -     -     -
cml    1.000 0.095 -     -
hca    1.000 0.043 1.000 -
normal 0.512 1.000 0.089 0.061

P value adjustment method: bonferroni
Warning messages:
1: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
2: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
3: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
4: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
5: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
6: In wilcox.test.default(xi, xj, paired = paired, ...) :
  cannot compute exact p-value with ties
```

Nota 3. Se $p_{jm}$ denota o valor-$p$ do teste da soma dos postos de Wilcoxon quando são comparados os grupos $j$ e $m$, verifique que na matriz acima os resultados são dados por min(10 $p_{jm}$, 1). Por que 10?