Ejemplos contrates de hipótesis de dos muestras

Ricardo Alberich, Juan Gabriel Gomila y Arnau Mir

Section 1

Nociones básicas

Decisiones

Para que la estadística inferencial sea útil no solo necesitamos estimar un valor sino que además tendremos que tomar una *decisión* apoyada en los datos (muestras) que acepte o rechace alguna afirmación relativa al valor de un parámetro.

Ejemplo moluscos

Los responsables de salud pública del gobierno han determinado que el número medio de bacterias por cc en las aguas en las que se practica la recogida de moluscos para el consumo humano tiene que ser ≤ 70.

Tomamos una serie de muestras de agua de una zona, y hemos de decidir si podemos recoger moluscos.

Decisiones

Ejemplo routers

Una empresa de telecomunicaciones recibe una partida de 100 routers cada mes. El técnico que se encarga de la recepción del material tiene la orden de rechazar entera las partidas que contengan más de un 5% de unidades defectuosas.

El técnico, al no disponer de tiempo material para revisar todos los routers, toma la decisión de aceptar o rechazar la partida basándose en el análisis de una muestra aleatoria de unidades.

Estas afirmaciones reciben el nombre de *hipótesis* y el método estadístico de toma de una decisión sobre una hipótesis recibe el nombre de **contraste de hipótesis**.

Decisiones

En un contraste de hipótesis, se contrastan dos hipótesis alternativas: la **hipótesis nula** H_0 y la **hipótesis alternativa** H_1.

La hipótesis alternativa H_1 es de la que buscamos evidencia.

La hipótesis nula H_0 es la que rechazaremos si obtenemos evidencia de la hipótesis alternativa.

Si no obtenemos evidencia a favor de H_1, *no podemos rechazar* H_0 (diremos que aceptamos H_0, pero es un **abuso de lenguaje**).

Ejemplos

Ejemplo moluscos

Sea μ el número medio de bacterias por cc de agua.

El **contraste** que nos planteamos es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu \leq 70 \\ H_1 : \mu > 70 \end{array}\right.$$

La **decisión** que tomaremos se basará en algunas muestras de las que calcularemos la media muestral del número de bacterias por cc.

Si es bastante grande, lo consideraremos como una evidencia de H_1, y si no, aceptaremos H_0.

Ejemplos

Ejemplo routers

Sea p la proporción de unidades defectuosas.

El **contraste** que nos planteamos es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p \leq 0.05 \\ H_1 : p > 0.05 \end{array}\right.$$

La **decisión** que tomemos se basará en las comprobaciones que realice el encargado de algunas unidades.

Calculará la proporción muestral de routers defectuosos. Si es bastante grande, lo consideraremos una evidencia de H_1, y si no, aceptaremos H_0.

Decisiones

Definición. Un *contraste de hipótesis*

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \text{hipótesis nula} \\ H_1 : \text{hipótesis alternativa} \end{array}\right.$$

consiste en plantear dos hipótesis:

- *Hipótesis nula H_0*: es la hipótesis que "por defecto" aceptamos como verdadera, y que rechazamos si hay pruebas en contra,

y generar una **regla de decisión** para **rechazar** o no la hipótesis

Decisiones

Definición. Un *contraste de hipótesis*

$$\begin{cases} H_0 : \text{hipótesis nula} \\ H_1 : \text{hipótesis alternativa} \end{cases}$$

consiste en plantear dos hipótesis:

- *Hipótesis nula* H_0: es la hipótesis que “por defecto” aceptamos como verdadera, y que rechazamos si hay pruebas en contra,
- *Hipótesis alternativa* H_1: es la hipótesis contra la que contrastamos la hipótesis nula y que aceptamos cuando rechazamos la nula,

y generar una **regla de decisión** para **rechazar** o no la hipótesis

La similitud entre un juicio y un **contraste de hipótesis**

En un juicio, tenemos que declarar a un acusado inocente o culpable.

O sea, se plantea el **contraste** siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \text{El acusado es inocente.} \\ H_1 : \text{El acusado es culpable.} \end{array}\right.$$

Las pruebas serían los elementos de la muestra.

La similitud entre un juicio y un **contraste de hipótesis**

Si el jurado encuentra pruebas suficientemente incriminatorias, declara **culpable** al acusado (rechaza H_0 en favor de H_1).

En caso contrario, si no las encuentra suficientemente incriminatorias, le declara **no culpable** (no rechaza H_0)

Considerar no culpable $\neq$ declarar inocente.

¿Cómo escoger H_0 y H_1?

Las pruebas tienen que aportar evidencia de H_1, lo que nos permitirá rechazar H_0.

Es imposible encontrar evidencias de que μ sea igual a un cierto valor μ_0. En cambio, sí que es puede hallar evidencias de que $\mu > \mu_0$, o de que $\mu < \mu_0$, o que $\mu \neq \mu_0$.

¿Cómo escoger H_0 y H_1?

En este contexto:

- H_1 se define con $>$, $<$, o $\neq$.

¿Cómo escoger H_0 y H_1?

En este contexto:

- H_1 se define con $>$, $<$, o $\neq$.
- H_0 se define con $=$, $\leq$, o $\geq$.

¿Cómo escoger H_0 y H_1?

En este contexto:

- H_1 se define con $>$, $<$, o $\neq$.
- H_0 se define con $=$, $\leq$, o $\geq$.
- H_1 es la hipótesis de la que podemos hallar pruebas incriminatorias, H_0 la que estamos dispuestos a aceptar si no hay pruebas en contra.

¿Cómo elegir H_0?

Ejemplo

Queremos decidir si la media es más pequeña que 2 o no:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = 2 \text{ (o } \mu \geq 2\text{)}, \\ H_1 : \mu < 2. \end{cases}$$

Ejemplo

Queremos decidir si la media es igual o diferente de 5

$$\begin{cases} H_0 : \mu = 5 \\ H_1 : \mu \neq 5 \end{cases}$$

Ejemplo

Tipos de hipótesis alternativas

- **Hipótesis unilateral** (*one-sided*, también *de una cola*, *one-tailed*): $H : \theta > \theta_0$, $H : \theta < \theta_0$.

Los tests suelen tomar el nombre de la hipótesis alternativa: **test unilateral**, **test de dos colas**, etc.

Tipos de hipótesis alternativas

- **Hipótesis unilateral** (*one-sided*, también *de una cola*, *one-tailed*): $H : \theta > \theta_0$, $H : \theta < \theta_0$.
- **Hipótesis bilateral** (*two-sided*, también *de dos colas*, *two-tailed*): $H : \theta \neq \theta_0$

Los tests suelen tomar el nombre de la hipótesis alternativa: **test unilateral**, **test de dos colas**, etc.

Tipos de errores

La tabla siguiente resume los 4 casos que se pueden dar dependiendo de la decisión tomada:

Decisión/Realidad	H_0 cierta	H_0 falsa
Aceptar H_0	Decisión correcta Probabilidad$=1-\alpha$	Error Tipo II Probabilidad$=\beta$
Rechazar H_0	Error Tipo I Probabilidad$=\alpha$	Decisión correcta Probabilidad$=1-\beta$

Tipos de errores

- **Error de Tipo I**: rechazar H_0 cuando es cierta. La probabilidad de cometerlo es:

$$P(\text{Error Tipo I}) = P(\text{Rechazar } H_0 \mid H_0 \text{ cierta}) = \alpha,$$

donde α es el **nivel de significación del contraste**.

Tipos de errores

- **Error de Tipo I**: rechazar H_0 cuando es cierta. La probabilidad de cometerlo es:

$$P(\text{Error Tipo I}) = P(\text{Rechazar } H_0 \mid H_0 \text{ cierta}) = \alpha,$$

donde α es el **nivel de significación del contraste**.

- **Error de Tipo II**: aceptar H_0 cuando es falsa. La probabilidad de cometerlo es:

$$P(\text{Error Tipo II}) = P(\text{Aceptar } H_0 | H_0 \text{ falsa}) = \beta,$$

donde $1 - \beta = P(\text{Rechazar } H_0 | H_0 \text{ falsa})$ es la **potencia del contraste**.

Tipos de errores

En un juicio, se declarar un acusado inocente o culpable.

- El **error de Tipo I** sería declarar culpable a un inocente.

Es más grave desde el punto de vista *ético* cometer un error tipo I ya que es peor castigar a un inocente que perdonar a un culpable. Por tanto, conviene minimizarlo.

En el desastre natural, damos la alerta si μ se acerca a cierto valor μ_0.

Tipos de errores

En un juicio, se declarar un acusado inocente o culpable.

- El **error de Tipo I** sería declarar culpable a un inocente.
- El **Error de Tipo II** sería declarar no culpable a un culpable.

Es más grave desde el punto de vista *ético* cometer un error tipo I ya que es peor castigar a un inocente que perdonar a un culpable. Por tanto, conviene minimizarlo.

En el desastre natural, damos la alerta si μ se acerca a cierto valor μ_0.

Tipos de errores

En un juicio, se declarar un acusado inocente o culpable.

- El **error de Tipo I** sería declarar culpable a un inocente.
- El **Error de Tipo II** sería declarar no culpable a un culpable.

Es más grave desde el punto de vista *ético* cometer un error tipo I ya que es peor castigar a un inocente que perdonar a un culpable. Por tanto, conviene minimizarlo.

En el desastre natural, damos la alerta si μ se acerca a cierto valor μ_0.

- El **error de Tipo I** sería no dar la alarma cuando el desastre natural ocurre (muertes varias).

Tipos de errores

En un juicio, se declarar un acusado inocente o culpable.

- El **error de Tipo I** sería declarar culpable a un inocente.
- El **Error de Tipo II** sería declarar no culpable a un culpable.

Es más grave desde el punto de vista *ético* cometer un error tipo I ya que es peor castigar a un inocente que perdonar a un culpable. Por tanto, conviene minimizarlo.

En el desastre natural, damos la alerta si μ se acerca a cierto valor μ_0.

- El **error de Tipo I** sería no dar la alarma cuando el desastre natural ocurre (muertes varias).

Tipos de errores

Lo más conveniente es encontrar una regla de rechazo de H_0 que tenga poca probabilidad de error de tipo I, α.

Pero también querríamos minimizar la probabilidad de error de tipo II, β.

Observación: cuando hacemos disminuir α, suele aumentar β.

¿Qué se suele hacer?

- Encontrar una regla de decisión para a un α máximo fijado.

Tipos de errores

Lo más conveniente es encontrar una regla de rechazo de H_0 que tenga poca probabilidad de error de tipo I, α.

Pero también querríamos minimizar la probabilidad de error de tipo II, β.

Observación: cuando hacemos disminuir α, suele aumentar β.

¿Qué se suele hacer?

- Encontrar una regla de decisión para a un α máximo fijado.
- Después, si es posible, controlar la tamaño n de la muestra para minimizar β.

Terminología

En un contraste de hipótesis, tenemos los siguientes conceptos:

- **Estadístico de contraste**: es una variable aleatoria función de la muestra que nos permite definir una regla de rechazo de H_0.

Terminología

En un contraste de hipótesis, tenemos los siguientes conceptos:

- **Estadístico de contraste**: es una variable aleatoria función de la muestra que nos permite definir una regla de rechazo de H_0.
- **Nivel de significación** α: la probabilidad de error de tipo I.

Terminología

En un contraste de hipótesis, tenemos los siguientes conceptos:

- **Estadístico de contraste**: es una variable aleatoria función de la muestra que nos permite definir una regla de rechazo de H_0.
- **Nivel de significación** α: la probabilidad de error de tipo I.
- **Región crítica o de rechazo**: zona o región de números reales donde se verifica que si el **estadístico de contraste** pertenece a la **región crítica**, entonces rechazamos H_0.

Terminología

En un contraste de hipótesis, tenemos los siguientes conceptos:

- **Estadístico de contraste**: es una variable aleatoria función de la muestra que nos permite definir una regla de rechazo de H_0.
- **Nivel de significación** α: la probabilidad de error de tipo I.
- **Región crítica o de rechazo**: zona o región de números reales donde se verifica que si el **estadístico de contraste** pertenece a la **región crítica**, entonces rechazamos H_0.
- **Región de aceptación**: zona o región complementaria de la **región crítica**.

Terminología

- **Intervalo de confianza del** $(1-\alpha)\cdot 100\%$: intervalo de confianza para el parámetro poblacional del contraste. Es equivalente afirmar que el estadístico de contraste pertenece a la **región de aceptación** que afirmar que el parámetro del contraste pertenece al **intervalo de confianza del contraste**.

Section 2

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Sea X una variable aleatoria $N(\mu, \sigma)$ con μ desconocida y σ conocida.

Sea $X_1, \ldots, X_n$ una m.a.s. de X de tamaño n.

Nos planteamos el contraste siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu > \mu_0 \end{array} \right.$$

De cara a hallar la región de rechazo, pensemos que tenemos que rechazar H_0 en favor de H_1 si $\overline{X}$ es “bastante más grande” que μ_0.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Si H_0 es verdadera,

$$Z = \frac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} \sim N(0,1)$$

Entonces, la regla consistirá en rechazar H_0 si el **estadístico de contraste** Z es mayor que un cierto umbral, que determinaremos con α, el **nivell de significación del contraste** o **el error tipo I**.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

De cara a hallar la región de rechazo, queremos que se cumpla lo siguiente:

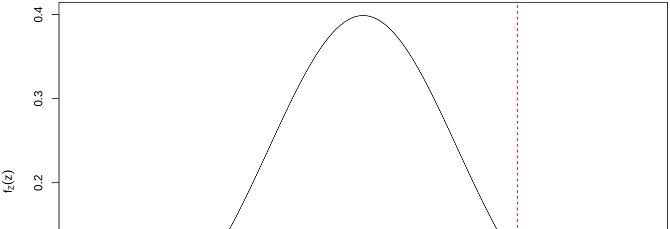
$$\alpha = P(\text{rechazar } H_0 | H_0 \text{ cierta }) = P(Z > \text{umbral }) \\ \Longrightarrow 1-\alpha = P(Z \leq \text{umbral }) \Longrightarrow \text{umbral } = z_{1-\alpha}.$$

Por tanto, para que el **nivel de significación del contraste** sea α, la regla de rechazo tiene que ser: $Z > z_{1-\alpha}$

En resumen, **rechazamos** H_0 si $\dfrac{\overline{X}-\mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} > z_{1-\alpha}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Gráfico de la región de rechazo. Las abscisas o coordenadas x de la zona en azul serían los valores z para los que rechazaríamos la hipótesis nula H_0:



Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(z_{1-\alpha}, \infty)$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(z_{1-\alpha}, \infty)$.
- **Región de aceptación**: $(-\infty, z_{1-\alpha}]$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(z_{1-\alpha}, \infty)$.
- **Región de aceptación**: $(-\infty, z_{1-\alpha}]$.
- **Regla de decisión**: rechazar H_0 si $Z > z_{1-\alpha}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

- **Intervalo de confianza**:

$$Z < z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \frac{\overline{X}-\mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} < z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \mu_0 > \overline{X} - z_{1-\alpha}\cdot\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$
$$\Longleftrightarrow \mu_0 \in \left(\overline{X} - z_{1-\alpha}\cdot\frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \infty\right)$$

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

- **Intervalo de confianza**:

$$Z < z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \frac{\overline{X}-\mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} < z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \mu_0 > \overline{X} - z_{1-\alpha}\cdot\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$
$$\Longleftrightarrow \mu_0 \in \left(\overline{X} - z_{1-\alpha}\cdot\frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \infty\right)$$

- **Regla de decisión II**: rechazar H_0 si el μ_0 contrastado no pertenece al intervalo de confianza.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Ejercicio

Sea X una población normal con $\sigma = 1.8$. Queremos hacer el contraste

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \mu = 20 \\ H_1 : \mu > 20 \end{array} \right.$$

con un nivel de significación de 0.05.

Tomamos una m.a.s. de $n = 25$ observaciones y obtenemos $\overline{x} = 20.25$.

¿Qué decidimos?

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Tenemos los siguientes valores: $\alpha = 0.05$, $\sigma = 1.8$, $n = 25$, $\overline{x} = 20.25$.

El **Estadístico de contraste** valdrá $Z = \dfrac{\overline{X} - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = 0.694$.

La **Región crítica** será $(z_{1-0.05}, \infty) = (1.645, \infty)$.

Decisión: Como que $0.694 < 1.645$, no pertenece a la región crítica y por tanto no tenemos suficientes evidencias para rechazar H_0.

El **Intervalo de confianza** será:

$$\left(\overline{X} - z_{1-\alpha} \cdot \frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \infty\right) = (19.658, \infty)$$

Contraste de hipótesis para a μ de normal con σ conocida

Sea X una v.a. $N(\mu,\sigma)$ con μ desconocida y σ conocida

Sea $X_1,\ldots,X_n$ una m.a.s. de X de tamaño n

Nos planteamos el contraste

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu < \mu_0 \end{array}\right.$$

donde vamos a rechazar H_0 si $Z = \dfrac{\overline{X}-\mu_0}{\sigma/\sqrt{n}}$ es *inferior a* un cierto umbral, que determinaremos con α.

Contraste de hipótesis para una media poblacional μ de una distribución normal con σ conocida

Queremos que el **Error Tipo I** sea α:

$$\alpha = P(\text{rechazar } H_0 | H_0 \text{ cierta}) = P(Z < \text{umbral }) \Longrightarrow \text{umbral } = z_\alpha,$$

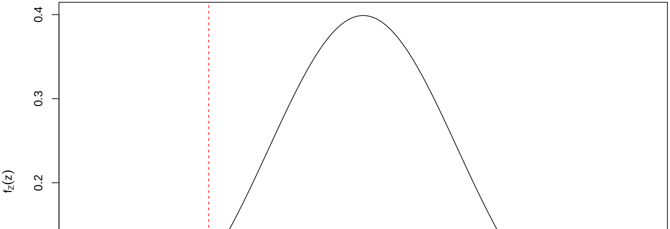
por lo tanto, para que el nivel de significación del contraste Sea α, la regla de rechazo tiene que ser $Z < z_\alpha$.

La Región crítica es $(-\infty, z_\alpha)$.

En resumen, **rechazamos** H_0 si $\dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} < z_\alpha = -z_{1-\alpha}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

Gráfico de la región de rechazo. Las abscisas o coordenadas x de la zona en azul serían los valores z para los que rechazaríamos la hipótesis nula H_0:



Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(-\infty, -z_{1-\alpha})$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(-\infty, -z_{1-\alpha})$.
- **Región de aceptación**: $[-z_{1-\alpha}, \infty)$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

El contraste anterior tiene como:

- **Estadístico de contraste**: $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$.
- **Región crítica**: $(-\infty, -z_{1-\alpha})$.
- **Región de aceptación**: $[-z_{1-\alpha}, \infty)$.
- **Regla de decisión**: rechazar H_0 si $Z < -z_{1-\alpha}$.

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

- **Intervalo de confianza**:

$$Z > -z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \frac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} > -z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \mu_0 < \overline{X} + z_{1-\alpha} \cdot \tfrac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

$$\Longleftrightarrow \mu_0 \in \Big(-\infty, \overline{X} + z_{1-\alpha} \cdot \tfrac{\sigma}{\sqrt{n}} \Big)$$

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ conocida

- **Intervalo de confianza**:

$$Z > -z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \frac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} > -z_{1-\alpha} \Longleftrightarrow \mu_0 < \overline{X} + z_{1-\alpha} \cdot \frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

$$\Longleftrightarrow \mu_0 \in \Big(-\infty, \overline{X} + z_{1-\alpha} \cdot \frac{\sigma}{\sqrt{n}} \Big)$$

- **Regla de decisión II**: rechazar H_0 si el μ_0 contrastado no pertenece al intervalo de confianza.

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Sea X una v.a. $N(\mu, \sigma)$ con μ desconocida y σ conocida

Sea $X_1, \ldots, X_n$ una m.a.s. de X de tamaño n

Consideremos ahora el contraste

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu \neq \mu_0 \end{array}\right.$$

Rechazar H_0 si $Z = \dfrac{\overline{X} - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}}$ está a *bastante lejos de* de 0, y la determinaremos con el valor de α

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Queremos como antes que el **Error Tipo I** sea α:

$$
\begin{aligned}
\alpha &= P(\text{rechazar } H_0|H_0 \text{ cierta }) = P(Z < -\text{umbral } \text{ o } Z > \text{umbral })\\
&= P(Z < -\text{umbral })+P(Z > \text{umbral }) = 2P(Z > \text{umbral })\\
&= 2(1 - P(Z < \text{umbral })) \Longrightarrow P(Z < \text{umbral }) = 1 - \frac{\alpha}{2},\\
&\qquad \Longrightarrow \text{umbral } = z_{1-\frac{\alpha}{2}}.
\end{aligned}
$$

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

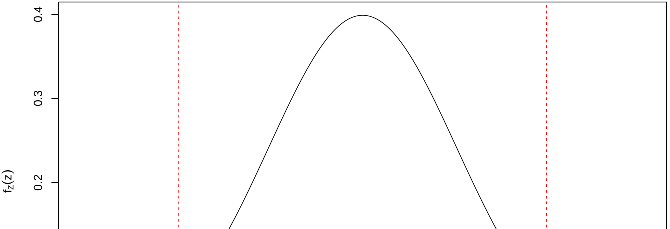
Ahora para que el nivel de significación del contraste sea α, la **regla de rechazo** tiene que ser

$$Z < -z_{1-\frac{\alpha}{2}} = z_{\frac{\alpha}{2}} \text{ o } Z > z_{1-\frac{\alpha}{2}}.$$

La región crítica es $(-\infty, z_{\frac{\alpha}{2}}) \cup (z_{1-\frac{\alpha}{2}}, \infty)$.

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Gráfico de la región de rechazo. Las abscisas o coordenadas x de la zona en azul serían los valores z para los que rechazaríamos la hipótesis nula H_0:



Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Seguidamente, calculemos el **Intervalo de confianza** para el contraste anterior:

$$
\begin{aligned}
-z_{1-\frac{\alpha}{2}} < Z < z_{1-\frac{\alpha}{2}} &\iff -z_{1-\frac{\alpha}{2}} < \frac{\overline{X}-\mu_0}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} < z_{1-\frac{\alpha}{2}} \\
&\iff -z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \overline{X}-\mu_0 < z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} \\
&\iff \overline{X}-z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \mu_0 < \overline{X}+z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} \\
&\iff \mu_0 \in \left(\overline{X}-z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \overline{X}+z_{1-\frac{\alpha}{2}}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right)
\end{aligned}
$$

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Ejercicio

Sea X una población normal con $\sigma = 1.8$. Queremos realizar el contraste

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 20 \\ H_1 : \mu \neq 20 \end{array}\right.$$

con un nivel de significación de 0.05.

Tomamos una m.a.s. de $n = 25$ observaciones y obtenemos $\overline{x} = 20.5$.

¿Qué decidimos?

Contraste de hipótesis para la media μ de una población normal con σ conocida

Tenemos los valores siguientes: $\alpha = 0.05$, $\sigma = 1.8$, $n = 25$, $\overline{x} = 20.5$.

El **Estadístico de contraste** vale $Z = \dfrac{\overline{X} - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = 1.389$.

La **Región crítica** será:
$(-\infty, z_{0.025}[\cup]z_{0.975}, \infty) = (-\infty, -1.96) \cup (1.96, \infty)$.

El **Intervalo de confianza** será:
$\left(20.5 - 1.96\frac{1.8}{\sqrt{25}}, 20.5 + 1.96\frac{1.8}{\sqrt{25}}\right) = (19.794, 21.206)$.

Decisión: No tenemos evidencias suficientes para rechazar H_0 ya

El p-valor

El *p-valor* o *valor crítico* (*p-value*) de un contraste es la probabilidad que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que se ha observado.

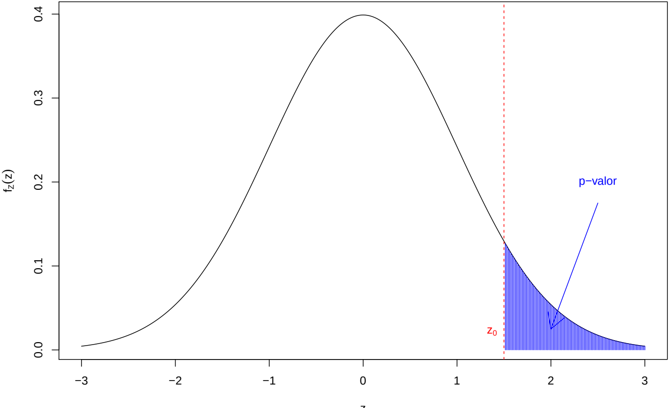
Consideremos por ejemplo un contraste del tipo:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu > \mu_0. \end{cases}$$

Si el estadístico Z tiene el valor z_0, el p-valor será:

$$p\text{-valor} = P(Z \geq z_0).$$

El p-valor



El p-valor

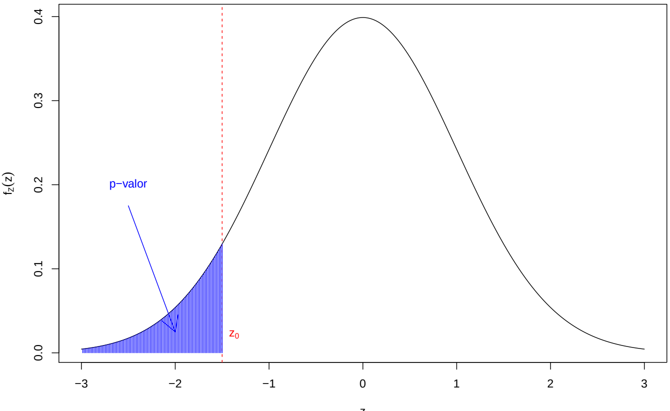
Para el contraste:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu < \mu_0. \end{array}\right.$$

Si el estadístico Z tiene el valor z_0, el p-valor será:

$$p\text{-valor} = P(Z \leq z_0).$$

El p-valor



El p-valor

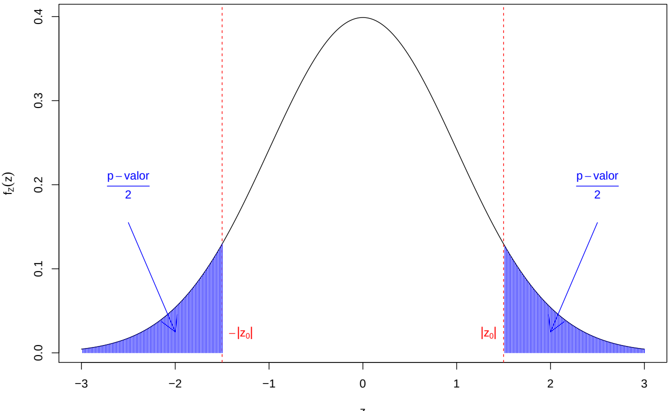
Si ahora consideramos el contraste

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu \neq \mu_0 \end{cases}$$

y si el estadístico Z ha dado z_0, el p-valor será:

$$p\text{-valor} = 2 \cdot \min\{P(Z \leq -|z_0|), P(Z \geq |z_0|) = 2 \cdot P(Z \geq |z_0|)$$

El p-valor



El p-valor

El *p-valor* o *valor crítico* (*p-value*) de un contraste es la probabilidad que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que se ha observado.

Es una *medida inversa de la fuerza de las pruebas o evidencias que hay en contra de* H_1: si H_0 es verdadera, cuanto más pequeño sea el p-valor, más improbable es observar lo que hemos observado.

En consecuencia, cuanto más pequeño sea el p-valor, con más fuerza podemos rechazar H_0.

El p-valor

Supongamos, por ejemplo, que hemos obtenido un p-valor de 0.03:

- *Significa* que la probabilidad de que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que ha tomado, es 0.03 (**pequeño: evidencia de que H_0 es falsa.**)

El p-valor

Supongamos, por ejemplo, que hemos obtenido un p-valor de 0.03:

- *Significa* que la probabilidad de que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que ha tomado, es 0.03 (**pequeño: evidencia de que H_0 es falsa.**)
- *No significa*:

El p-valor

Supongamos, por ejemplo, que hemos obtenido un p-valor de 0.03:

- *Significa* que la probabilidad de que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que ha tomado, es 0.03 (**pequeño: evidencia de que H_0 es falsa.**)
- *No significa*:
  - La probabilidad que H_0 Sea verdadera es 0.03

El p-valor

Supongamos, por ejemplo, que hemos obtenido un p-valor de 0.03:

- *Significa* que la probabilidad de que, si H_0 es verdadera, el estadístico de contraste tome un valor tan extremo o más que el que ha tomado, es 0.03 (**pequeño: evidencia de que H_0 es falsa.**)
- *No significa*:
  - La probabilidad que H_0 Sea verdadera es 0.03
  - H_0 es verdadera un 3% de les veces

El p-valor

Importante:

En un contraste con nivel de significación α,

- rechazamos H_0 si p-valor $< \alpha$.

El p-valor

Importante:

En un contraste con nivel de significación α,

- rechazamos H_0 si p-valor $< \alpha$.
- aceptamos H_0 si $\alpha \leq p$-valor.

El p-valor

Si consideramos por ejemplo un contraste del tipo:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu > \mu_0 \end{cases}$$

y suponemos que el estadístico Z vale z_0. El p-valor es $P(Z \geq z_0)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \iff z_0 > z_{1-\alpha}$,,

El p-valor

Si consideramos por ejemplo un contraste del tipo:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu > \mu_0 \end{cases}$$

y suponemos que el estadístico Z vale z_0. El p-valor es $P(Z \geq z_0)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \iff z_0 > z_{1-\alpha}$,,
- O, dicho de otra forma,

$$p\text{-valor} = P(Z \geq z_0) < P(Z \geq z_{1-\alpha}) = 1 - (1-\alpha) = \alpha.$$

El p-valor

Si ahora consideramos un contraste del tipo:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu < \mu_0 \end{cases}$$

y suponemos que el estadístico Z vale z_0. El p-valor es $P(Z \leq z_0)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \iff z_0 < z_\alpha$,

El p-valor

Si ahora consideramos un contraste del tipo:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu < \mu_0 \end{array} \right.$$

y suponemos que el estadístico Z vale z_0. El p-valor es $P(Z \leq z_0)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \Longleftrightarrow z_0 < z_\alpha$,
- O, dicho de otra forma,

$$p\text{-valor} = P(Z \leq z_0) < P(Z \leq z_\alpha) = \alpha.$$

El p-valor

Por último, supongamos que el contraste es del tipo:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu \neq \mu_0 \end{array}\right.$$

y que el estadístico Z vale $z_0 > 0$. El p-valor es $2P(Z \geq |z_0|)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \Longleftrightarrow |z_0| > z_{1-\frac{\alpha}{2}}$,

El p-valor

Por último, supongamos que el contraste es del tipo:

$$\begin{cases} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu \neq \mu_0 \end{cases}$$

y que el estadístico Z vale $z_0 > 0$. El p-valor es $2P(Z \geq |z_0|)$. Entonces:

- Rechazamos $H_0 \iff |z_0| > z_{1-\frac{\alpha}{2}}$,
- O, dicho de otra forma,

$$p\text{-valor} = 2P(Z \geq |z_0|) < 2P(Z \geq z_{1-\frac{\alpha}{2}}) = 2\left(1 - \left(1 - \frac{\alpha}{2}\right)\right) = \alpha.$$

El p-valor

El *p-valor* de un contraste es:

- El nivel de significación α más pequeño para el que rechazamos la hipótesis nula.

El p-valor

El *p-valor* de un contraste es:

- El nivel de significación α más pequeño para el que rechazamos la hipótesis nula.
- El nivel de significación α más grande para el que aceptaríamos la hipótesis nula.

El p-valor

El *p-valor* de un contraste es:

- El nivel de significación α más pequeño para el que rechazamos la hipótesis nula.
- El nivel de significación α más grande para el que aceptaríamos la hipótesis nula.
- La probabilidad mínima de error de Tipo I que permitimos si rechazamos la hipótesis nula con el valor del estadístico de contraste obtenido.

El p-valor

El *p-valor* de un contraste es:

- El nivel de significación α más pequeño para el que rechazamos la hipótesis nula.
- El nivel de significación α más grande para el que aceptaríamos la hipótesis nula.
- La probabilidad mínima de error de Tipo I que permitimos si rechazamos la hipótesis nula con el valor del estadístico de contraste obtenido.
- La probabilidad máxima de error de Tipo I que permitimos si aceptamos la hipótesis nula con el valor del estadístico de contraste obtenido.

El p-valor

Importante:

Si no establecemos un nivel de significación α, entonces

- Aceptamos H_0 si el p-valor es "grande" (≥ 0.1).

El p-valor

Importante:

Si no establecemos un nivel de significación α, entonces

- Aceptamos H_0 si el p-valor es "grande" (≥ 0.1).
- Rechazamos H_0 si el p-valor es "pequeño" (< 0.05). En este caso, el p-valor es:

El p-valor

Importante:

Si no establecemos un nivel de significación α, entonces

- Aceptamos H_0 si el p-valor es "grande" (≥ 0.1).
- Rechazamos H_0 si el p-valor es "pequeño" (< 0.05). En este caso, el p-valor es:
  - *Significativo* si es < 0.05 (En R, se simboliza con un asterisco, $*$).

El p-valor

Importante:

Si no establecemos un nivel de significación α, entonces

- Aceptamos H_0 si el p-valor es "grande" (≥ 0.1).
- Rechazamos H_0 si el p-valor es "pequeño" (< 0.05). En este caso, el p-valor es:
  - *Significativo* si es < 0.05 (En R, se simboliza con un asterisco, $*$).
  - *Fuertemente significativo* si es < 0.01 (En R, se simboliza con dos asteriscos, $**$).

El p-valor

Importante:

Si no establecemos un nivel de significación α, entonces

- Aceptamos H_0 si el p-valor es "grande" (≥ 0.1).
- Rechazamos H_0 si el p-valor es "pequeño" (< 0.05). En este caso, el p-valor es:
    - *Significativo* si es < 0.05 (En R, se simboliza con un asterisco, $*$).
    - *Fuertemente significativo* si es < 0.01 (En R, se simboliza con dos asteriscos, $**$).
    - *Muy significativo* si es < 0.001 (En R, se simboliza con tres asteriscos, $***$).

El *p*-valor

Si el *p*-valor está entre 0.05 y 0.1 y no tenemos nivel de significación, se requieren estudios posteriores para tomar una decisión.

Es la denominada **zona crepuscular**, o *twilight zone*.

Ejemplo

Ejercicio

Sea X una población normal con $\sigma = 1.8$. Queremos hacer el contraste

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 20, \\ H_1 : \mu > 20. \end{array}\right.$$

Tomamos una m.a.s. de $n = 25$ observaciones y obtenemos $\overline{x} = 20.25$.

¿Qué decidimos?

Ejemplo

Como no nos dan el nivel de significación α, calcularemos el p-valor.

Si calculamos el **estadístico de contraste**, obtenemos

$$z_0 = \frac{\overline{X} - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = \frac{20.25 - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = 0.694.$$

El p-**valor** valdrá: $p = P(Z \geq 0.694) = 0.244 > 0.1$ grande.

La **decisión** que tomamos por consiguiente es que no tenemos evidencias suficientes para rechazar H_0.

Ejemplo

Ejercicio

Sea X una población normal con $\sigma = 1.8$. Queremos hacer el contraste

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 20 \\ H_1 : \mu > 20 \end{array}\right.$$

Tomamos una m.a.s. de $n = 25$ observaciones y obtenemos $\overline{x} = 20.75$.

¿Qué decidimos?

Ejemplo

El **estadístico de contraste** será

$$Z = \frac{\overline{X} - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = \frac{20.75 - 20}{\frac{1.8}{\sqrt{25}}} = 2.083.$$

El *p*-**valor** será: $P(Z \geq 2.083) = 0.019$ pequeño.

En este caso la **decisión** será rechazar H_0 ya que tenemos suficientes evidencias para hacerlo.

Decisiones

Si conocemos el **nivel de significación** α, la decisión que tomemos en un contraste se puede basar en:

- **la región crítica:** si el estadístico de contraste cae dentro de la **región crítica** para al nivel de significación α, rechazamos H_0.

Decisiones

Si conocemos el **nivel de significación** α, la decisión que tomemos en un contraste se puede basar en:

- **la región crítica:** si el estadístico de contraste cae dentro de la **región crítica** para al nivel de significación α, rechazamos H_0.
- **el intervalo de confianza:** si el **parámetro poblacional** a contrastar cae dentro del **intervalo de confianza** para el nivel $(1-\alpha)\cdot 100\%$ de confianza, aceptamos H_0.

Decisiones

Si conocemos el **nivel de significación** α, la decisión que tomemos en un contraste se puede basar en:

- **la región crítica:** si el estadístico de contraste cae dentro de la **región crítica** para al nivel de significación α, rechazamos H_0.
- **el intervalo de confianza:** si el **parámetro poblacional** a contrastar cae dentro del **intervalo de confianza** para el nivel $(1-\alpha)\cdot 100\%$ de confianza, aceptamos H_0.
- **el p-valor:** si el p-valor es más pequeño que el nivel de significación α, rechazamos H_0.

Decisiones

Si desconocemos el **nivel de significación** α, la decisión que tomemos en un contraste se puede basar en:

- **el *p*-valor:** Si el *p*-valor es pequeño, rechazamos H_0, y si es grande, la aceptamos.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Fijar un nivel de significación α.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Fijar un nivel de significación α.
3. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Fijar un nivel de significación α.
3. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
4. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de les datos muestrales.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Fijar un nivel de significación α.
3. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
4. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de les datos muestrales.
5. Calcular el p-valor del contraste.

El método de los *seis* pasos (caso de conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Fijar un nivel de significación α.
3. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
4. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de les datos muestrales.
5. Calcular el p-valor del contraste.
6. **Decisión:** rechazar H_0 en favor de H_1 si el p-valor es más pequeño que α; en caso contrario, aceptar H_0.

El método de los *cinco* pasos (caso de no conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.

El método de los *cinco* pasos (caso de no conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.

El método de los *cinco* pasos (caso de no conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
3. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de los valores de la muestra.

El método de los *cinco* pasos (caso de no conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
3. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de los valores de la muestra.
4. Calcular el p-valor del contraste.

El método de los *cinco* pasos (caso de no conocer α)

1. Establecer la hipótesis nula H_0 y la hipótesis alternativa H_1.
2. Seleccionar el estadístico de contraste apropiado.
3. Calcular el valor del estadístico de contraste a partir de los valores de la muestra.
4. Calcular el p-valor del contraste.
5. **Decisión:** rechazar H_0 en favor de H_1 si el p-valor es pequeño (< 0.05), aceptar H_0 si el p-valor es grande (≥ 0.1), y ampliar el estudio si el p-valor está entre 0.05 y 0.1.

Ejemplo

Ejercicio

Los años de vida de un router sigue aproximadamente una ley de distribución normal con $\sigma = 0.89$ años.

Una muestra aleatoria de la duración de 100 aparatos ha dado una vida media de 7.18 años.

Queremos decidir si la vida media en de estos routers es superior a 7 años:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 7, \\ H_1 : \mu > 7. \end{array}\right.$$

Ejemplo suponiendo que conocemos $\alpha = 0.05$

Tomamos un nivel de significación $\alpha = 0.05$.

EL estadístico de contraste es

$$z_0 = \frac{\overline{X} - 7}{0.89/\sqrt{100}} = \frac{\overline{X} - 7}{0.0089} = \frac{7.18 - 7}{0.089} = 2.022.$$

El p-valor es $p = P(Z \geq 2.022) = 0.022$.

Como $0.022 < \alpha$, rechazamos H_0.

Concluimos que tenemos suficientes evidencias para aceptar que la vida media de los routers es superior a los 7 años: $\mu > 7$.

Ejemplo suponiendo que conocemos $\alpha = 0.01$

Supongamos ahora que tomamos un nivel de significación $\alpha = 0.01$.

Como el p-valor $0.022 > \alpha$, no podemos rechazar H_0.

En este caso, concluimos que no tenemos evidencias suficientes para rechazar que la vida media de los routers sea de 7 años o menor: $\mu \leq 7$.

Ejemplo suponiendo que **no** conocemos α

Como el p-valor obtenido, 0.022, es pequeño (< 0.05), rechazamos H_0.

Concluimos que tenemos suficientes evidencias para aceptar que la vida media de los routers es superior a los 7 años: $\mu > 7$.

Un último consejo

Como una regla recomendaríamos en un informe:

- *Si conocemos* α, encontrar el p-valor y el intervalo de confianza del contraste para α dado (nivel de confianza $(1-\alpha)\cdot 100\%$).

Un último consejo

Como una regla recomendaríamos en un informe:

- *Si conocemos* α, encontrar el p-valor y el intervalo de confianza del contraste para α dado (nivel de confianza $(1-\alpha)\cdot 100\%$).
- *Si no tenemos fijado (no conocemos)* α, encontrar el p-valor, y el intervalo de confianza del contraste al nivel de confianza 95%.

Section 3

Contrastes de hipótesis para el parámetro μ de una variable normal con σ desconocida

Contraste para μ cuando n es grande: Z-test

Si el tamaño n de la muestra es grande (pongamos $n \geq 40$), podemos aplicar las reglas anteriores aunque la población no sea normal.

Si además σ es desconocida, ésta se puede sustituir por la desviación típica muestral $\widetilde{S}_X$ en la expresión de Z:

$$Z = \frac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}}}$$

Ejemplo

Ejemplo

Una organización ecologista afirma que el peso medio de los individuos adultos de una especie marina ha disminuido drásticamente.

Se sabe por los datos históricos que el peso medio poblacional era de 460 g.

Una muestra aleatoria de 40 individuos de esta especie ha dado una media muestral de 420 g. y una desviación típica muestral de 119 g.

Con estos datos, ¿podemos afirmar con un nivel de significación del 5% que el peso mediano es inferior a 460 g?

Ejemplo

Ejemplo

El contraste que nos planteamos es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 460, \\ H_1 : \mu < 460, \end{array}\right.$$

donde μ representa el peso medio de todos los individuos de la especie.

Consideramos un **nivel de significación** $\alpha = 0.05$.

Podemos usar como **estadístico de contraste**, como $n = 40$ es grande, la expresión:

$$Z = \frac{\overline{X} - \mu_0}{\widetilde{S}_X / \sqrt{n}},$$

Ejemplo

Ejemplo

El *p*-**valor** será:

$$P(Z \leq -2.126) = 0.017.$$

Decisión: como $\alpha > p$-valor, rechazamos (al nivel de significación $\alpha = 0.05$) que el peso medio sea de 460 g. (H_0) en contra que sea menor de 460 g. (H_1).

Concluimos que tenemos suficientes evidencias para afirmar que el peso medio es menor que 460 g. y por tanto, ha menguado en los últimos años.

Ejemplo

El **intervalo de confianza** será:

$$\left(-\infty, \overline{X} - z_{\alpha} \cdot \frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}}\right) =]-\infty, 450.949].$$

Informe: el p-**valor** de este contraste es 0.017, y el intervalo de confianza al nivel de significación $\alpha = 0.05$ para la media poblacional μ es $]-\infty, 450.949]$.

Como $460 \notin (-\infty, 450.949)$, hay evidencia significativa para rechazar la hipótesis nula en favor de $\mu < 460$.

Contraste para μ de normal con σ desconocida: T-test

Las reglas de decisión son similares al caso con σ conocida, excepto que ahora **sustituimos** σ **por** $\widetilde{S}_X$ y empleamos la distribución t de Student.

Recordemos que si $X_1, \ldots, X_n$ es una m.a.s. de una población normal X con mediana μ_0, la variable $T = \frac{\overline{X}-\mu_0}{\frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}}}$ sigue una distribución t de Student con $n-1$ grados de libertad.

Los p-valores se calculan con esta distribución.

Contraste de μ de normal con σ desconocida: T-test

Condiciones: supongamos que disponemos de una m.a.s. de tamaño n de una población $N(\mu, \sigma)$ con μ y σ desconocidas.

Nos planteamos los contrastes siguientes:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \quad (\text{ o } H_0 : \mu \leq \mu_0) \\ H_1 : \mu > \mu_0 \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \quad (\text{ o } H_0 : \mu \geq \mu_0) \\ H_1 : \mu < \mu_0 \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = \mu_0 \\ H_1 : \mu \neq \mu_0 \end{array}\right.$$

Contraste de μ de normal con σ desconocida: T-test

Para los contrastes anteriores, usaremos como **estadístico de contraste**:

$$T = \frac{\overline{X} - \mu_0}{\frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}}}$$

y calcularemos su valor t_0 sobre la muestra.

Contraste de μ de normal con σ desconocida: T-test

Los **p-valores** serán los siguientes:

p-valor: $P(t_{n-1} \geq t_0)$.

p-valor: $P(t_{n-1} \leq t_0)$.

p-valor: $2P(t_{n-1} \geq |t_0|)$.

Ejemplo

Ejercicio

Se espera que el nivel de colesterol en plasma de unos enfermos bajo un determinado tratamiento se distribuya normalmente con media 220 mg/dl.

Se toma una muestra de 9 enfermos, y se miden sus niveles:

$$203, 229, 215, 220, 223, 233, 208, 228, 209.$$

Contrastar la hipótesis que esta muestra efectivamente proviene de una población con media 220 mg/dl.

Ejemplo

El contraste planteado es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu = 220, \\ H_1 : \mu \neq 220, \end{array}\right.$$

donde μ representa la media del colesterol en plasma de la población.

Bajo estas condiciones (población normal, σ desconocida, muestra pequeña de $n = 9$) usaremos como **estadístico de contraste**: $T = \frac{\overline{X}-\mu_0}{\widetilde{S}_X/\sqrt{9}}$ cuya distribución es t_8.

Ejemplo

El valor de dicho estadístico será:

```
colesterol=c(203,229,215,220,223,233,208,228,209)
media.muestral = mean(colesterol)
desv.típica.muestral = sd(colesterol)
(estadístico.contraste = (media.muestral-220)/
    (desv.típica.muestral/sqrt(length(colesterol))))
```

```
## [1] -0.3800915
```

Ejemplo

El **p-valor** del contraste será:

```
(p=round(2*pt(abs(estadístico.contraste),lower.tail=FALSE,d
```

```
## [1] 0.7138
```

Decisión: Como que el *p*-valor es muy grande, no podemos rechazar que el nivel mediano de colesterol en plasma sea igual a 220 mg/dl.

Por tanto, aceptamos que el nivel de colesterol en plasma en esta población tiene media 220 mg/dl.

Ejemplo

El **intervalo de confianza** al 95% será:

$$\left(\overline{X} - t_{8,0.975}\frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}},\ \overline{X} + t_{8,0.975}\frac{\widetilde{S}_X}{\sqrt{n}}\right) = \left(218.667 - 2.306 \cdot \frac{10.524}{\sqrt{9}}, 218.667\right.$$
$$= (210.577, 226.756)$$

Informe: El p-valor de este contraste es 0.7138 y el intervalo de confianza del 95% para el nivel medio de colesterol μ es $(210.577, 226.756)$.

Como el p-valor es grande y $220 \in (210.577, 226.756)$, no hay evidencia que nos permita rechazar que $\mu = 220$.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

La sintaxis básica de la función `t.test` es

```
t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paire
       var.equal=..., na.omit=...)
```

donde los parámetros necesarios para realizar un contraste de una muestra son los siguientes:

- `x` es el vector de datos que forma la muestra que analizamos.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

La sintaxis básica de la función `t.test` es

```
t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paire
       var.equal=..., na.omit=...)
```

donde los parámetros necesarios para realizar un contraste de una muestra son los siguientes:

- `x` es el vector de datos que forma la muestra que analizamos.
- `mu` es el valor μ_0 de la hipótesis nula: $H_0 : \mu = \mu_0$.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `alternative` puede tomar tres valores: `"two.sided"`, para contrastes bilaterales, y `"less"` y `"greater"`, para contrastes unilaterales. En esta función, y en todas las que explicamos en esta lección, su valor por defecto, que no hace falta especificar, es `"two.sided"`. El significado de estos valores depende del tipo de test que efectuemos:

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `alternative` puede tomar tres valores: `"two.sided"`, para contrastes bilaterales, y `"less"` y `"greater"`, para contrastes unilaterales. En esta función, y en todas las que explicamos en esta lección, su valor por defecto, que no hace falta especificar, es `"two.sided"`. El significado de estos valores depende del tipo de test que efectuemos:
- `"two.sided"` representa la hipótesis alternativa $H_1 : \mu \neq \mu_0$, `"less"` corresponde a $H_1 : \mu < \mu_0$, y `"greater"` corresponde a $H_1 : \mu > \mu_0$.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `alternative` puede tomar tres valores: `"two.sided"`, para contrastes bilaterales, y `"less"` y `"greater"`, para contrastes unilaterales. En esta función, y en todas las que explicamos en esta lección, su valor por defecto, que no hace falta especificar, es `"two.sided"`. El significado de estos valores depende del tipo de test que efectuemos:
- `"two.sided"` representa la hipótesis alternativa $H_1 : \mu \neq \mu_0$, `"less"` corresponde a $H_1 : \mu < \mu_0$, y `"greater"` corresponde a $H_1 : \mu > \mu_0$.
- El valor del parámetro `conf.level` es el nivel de confianza

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `na.action` sirve para especificar qué queremos hacer con los valores NA. Es un parámetro genérico que se puede usar en casi todas las funciones de estadística inferencial y análisis de datos. Sus valores más útiles son:

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `na.action` sirve para especificar qué queremos hacer con los valores NA. Es un parámetro genérico que se puede usar en casi todas las funciones de estadística inferencial y análisis de datos. Sus valores más útiles son:
  - `na.omit`, su valor por defecto, elimina las entradas NA de los vectores (o los pares que contengan algún NA, en el caso de muestras emparejadas). Por ahora, esta opción por defecto es la adecuada, por lo que no hace falta usar este parámetro, pero conviene saber que hay alternativas.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `na.action` sirve para especificar qué queremos hacer con los valores NA. Es un parámetro genérico que se puede usar en casi todas las funciones de estadística inferencial y análisis de datos. Sus valores más útiles son:
  - `na.omit`, su valor por defecto, elimina las entradas NA de los vectores (o los pares que contengan algún NA, en el caso de muestras emparejadas). Por ahora, esta opción por defecto es la adecuada, por lo que no hace falta usar este parámetro, pero conviene saber que hay alternativas.
  - `na.fail` hace que la ejecución pare si hay algún NA en los vectores.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- El parámetro `na.action` sirve para especificar qué queremos hacer con los valores NA. Es un parámetro genérico que se puede usar en casi todas las funciones de estadística inferencial y análisis de datos. Sus valores más útiles son:
  - `na.omit`, su valor por defecto, elimina las entradas NA de los vectores (o los pares que contengan algún NA, en el caso de muestras emparejadas). Por ahora, esta opción por defecto es la adecuada, por lo que no hace falta usar este parámetro, pero conviene saber que hay alternativas.
  - `na.fail` hace que la ejecución pare si hay algún NA en los vectores.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

El ejemplo anterior se resolvería de la forma siguiente:

```
t.test(colesterol,mu=220,alternative="two.sided",conf.level
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  colesterol
## t = -0.38009, df = 8, p-value = 0.7138
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 220
## 95 percent confidence interval:
##  210.5774 226.7560
```

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

Ejercicio

Veamos si, dada una muestra de tamaño 40 de flores de la tabla de datos iris, podemos considerar que la media de la longitud del sépalo es mayor que 5.7.

Para ello, primero obtenemos la muestra correspondiente fijando la semilla de aleatoriedad:

```
set.seed(230)
flores.elegidas=sample(1:150,40,replace=TRUE)
```

Seguidamente, hallamos las longitudes del sépalo de las flores de la

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

Por último, realizamos el contraste requerido:

```
t.test(long.sépalo.muestra,mu=5.7,alternative = "greater")
```

```
##
##  One Sample t-test
##
## data:  long.sépalo.muestra
## t = 0.23664, df = 39, p-value = 0.4071
## alternative hypothesis: true mean is greater than 5.7
## 95 percent confidence interval:
##  5.470505      Inf
```

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

Fijémonos que se trata de un contraste de una muestra, por tanto, no ha sido necesario especificar el vector `y`.

El contraste que hemos realizado ha sido el siguiente:

$$\left.\begin{array}{ll} H_0: & \mu = 5.7, \\ H_1: & \mu > 5.7, \end{array}\right\}$$

donde μ representa la media de la longitud del sépalo de todas las flores de la tabla de datos **iris**.

El p-valor obtenido ha sido 0.4071, valor superior a 0.1.

Por tanto, podemos concluir que no tenemos evidencias suficientes

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

Observamos que el `t.test` nos dice que el valor del estadístico de contraste es 1.499 y que dicho estadístico se distribuye según una t de Student con 39 grados de libertad (tamaño de la muestra, 40 menos 1).

El “output” del `t.test` también nos da el intervalo de confianza al 95% de confianza asociado al contraste:

```
t.test(long.sépalo.muestra,mu=5.7,alternative = "greater")$
```

```
## [1] 5.470505      Inf
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

Z-test contra T-test

En el caso de una población con σ desconocida:

- Si la muestra es pequeña y la población es normal, tenemos que usar el T-test.

Z-test contra T-test

En el caso de una población con σ desconocida:

- Si la muestra es pequeña y la población es normal, tenemos que usar el T-test.
- Si la muestra es grande y la población cualquiera, podemos usar el Z-test.

Z-test contra T-test

En el caso de una población con σ desconocida:

- Si la muestra es pequeña y la población es normal, tenemos que usar el T-test.
- Si la muestra es grande y la población cualquiera, podemos usar el Z-test.
- Si la muestra es grande y la población es normal, podemos usar ambos. En este último caso, os recomendamos que uséis el T-test debido a que es más preciso.

Section 4

Contrastes de hipótesis para el parámetro p de una variable de Bernoulli

Contrastes para el parámetro p de una variable de Bernoulli

Supongamos que tenemos una m.a.s. de tamaño n de una población Bernoulli de parámetro p.

Obtenemos x_0 éxitos, de forma que la proporción muestral de éxitos será: $\widehat{p}_X = x_0/n$

Consideramos un contraste con hipótesis nula: $H_0 : p = p_0$

Si H_0 es verdadera, el número de éxitos sigue una distribución $B(n, p_0)$.

Contrastes para el parámetro p de una variable de Bernoulli

Nos planteamos los contrastes siguientes:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : p = p_0, \quad (\text{ o } H_0 : p \leq p_0), \\ H_1 : p > p_0. \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : p = p_0, \quad (\text{ o } H_0 : p \geq p_0), \\ H_1 : p < p_0. \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : p = p_0, \\ H_1 : p \neq p_0. \end{array} \right.$$

Contrastes para el parámetro p de una variable de Bernoulli

Los **p-valores** serán los siguientes:

p-valor: $P(B(n, p_0) \geq x_0)$.

p-valor: $P(B(n, p_0) \leq x_0)$.

p-valor: $2\min\{P(B(n, p_0) \leq x_0), P(B(n, p_0) \geq x_0)\}$.

Exemple

Ejemplo

Tenemos un test para detectar un determinado microorganismo. En una muestra de 25 cultivos con este microorganismo, el test lo detectó en 21 casos. Hay evidencia que la sensibilidad del test sea superior al 80%?

El contraste planteado es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p = 0.8, \\ H_1 : p > 0.8, \end{array}\right.$$

donde p representa la probabilidad de que el test detecte el microorganismo.

Ejemplo

El valor del **estadístico de contraste** es: $x_0 = 21$

El p-**valor** será:

$$P(B(25, 0.8) \geq 21) = 1 - \texttt{pbinom}(20, 25, 0.8) = 0.421.$$

Decisión: como el p-valor es muy grande, no podemos rechazar la hipótesis nula.

No hay evidencia que la sensibilidad de la test sea superior al 80%.

Contrastes para proporciones en R

Este test está implementado en la función `binom.test`, cuya sintaxis es

```
binom.test(x, n, p=..., alternative=..., conf.level=...)
```

donde

- `x` y `n` son números naturales: el número de éxitos y el tamaño de la muestra.

Puede ser útil saber que el intervalo de confianza para la p que da `binom.test` en un contraste bilateral es el de Clopper-Pearson.

Contrastes para proporciones en R

Este test está implementado en la función `binom.test`, cuya sintaxis es

```
binom.test(x, n, p=..., alternative=..., conf.level=...)
```

donde

- `x` y `n` son números naturales: el número de éxitos y el tamaño de la muestra.
- `p` es la probabilidad de éxito que queremos contrastar.

Puede ser útil saber que el intervalo de confianza para la p que da `binom.test` en un contraste bilateral es el de Clopper-Pearson.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

El contraste anterior sería en R:

```
binom.test(21,25,p=0.8,alternative="greater",conf.level=0.9
```

```
##
##  Exact binomial test
##
## data:  21 and 25
## number of successes = 21, number of trials = 25, p-value
## alternative hypothesis: true probability of success is g
## 95 percent confidence interval:
##  0.6703917 1.0000000
## sample estimates:
## probability of success
```

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Consideremos la tabla de datos **birthwt** del paquete **MASS**. Dicha tabla de datos contiene información acerca de 189 recién nacidos en un hospital de Springfield en el año 1986.

Las variables consideradas son las siguientes:

- low: indicador de si el peso del recién nacido ha sido menor que 2.5 kg.
- age: edad de la madre en años.
- lwt: peso de la madre en libras durante el último período.
- race: raza de la madre (1: blanca, 2: negra, 3: otra)
- smoke: indicador de si la madre fumaba durante el embarazo.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Ejercicio

Vamos a contrastar si la proporción de madres fumadoras supera el 30%:

$$\left.\begin{array}{ll} H_0: & p = 0.3, \\ H_1: & p > 0.3, \end{array}\right\}$$

donde p representa la proporción de madres fumadoras.

En primer lugar consideramos una muestra de tamaño 30:

```
library(MASS)
set.seed(1001)
madres.elegidas=sample(1:189,30,replace=TRUE)
muestra.madres.elegidas=birthwt[madres.elegidas,]
```

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

A continuación vemos cuál es el número de "éxitos" o número de madres fumadoras:

```
table(muestra.madres.elegidas$smoke)
```

```
##
##   0   1
##  14  16
```

Tenemos un total de 16 madres fumadoras en nuestra muestra de 30 madres.

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Por último realizamos el contraste planteado:

```
número.madres.fumadoras=table(muestra.madres.elegidas$smoke
binom.test(número.madres.fumadoras,30,p=0.3,alternative="gr
```

```
##
##  Exact binomial test
##
## data:  número.madres.fumadoras and 30
## number of successes = 16, number of trials = 30, p-value
## alternative hypothesis: true probability of success is g
## 95 percent confidence interval:
##  0.3699476 1.0000000
```

Contrastes para proporciones. Ejemplo con R

Como el p-valor del contraste es prácticamente nulo, concluimos que tenemos evidencias suficientes para afirmar que la proporción de madres fumadoras supera el 30%.

Si nos fijamos en el intervalo de confianza para la proporción asociado al contraste:

```
binom.test(número.madres.fumadoras,30,p=0.3,alternative="gr
```

```
## [1] 0.3699476 1.0000000
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

vemos que no contiene la proporción 0.3, hecho que nos reafirma la conclusión anterior.

Contrastes para proporciones cuando n es grande

Si indicamos con p la proporción poblacional y $\widehat{p}_X$ la proporción muestral, sabemos que si la muestra es grande ($n \geq 40$)

$$Z = \frac{\widehat{p}_X - p}{\sqrt{\frac{p(1-p)}{n}}} \approx N(0,1).$$

Si la hipótesis nula $H_0 : p = p_0$ es verdadera,

$$Z = \frac{\widehat{p}_X - p_0}{\sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{n}}} \approx N(0,1).$$

Podemos usar los mismos p-valores que en el Z-test.

Se tiene que ir alerta con el intervalo de confianza. Si tenemos $n \geq 100$, $n\hat{p}_X \geq 10$ y $n(1-\hat{p}_X) \geq 10$, se puede usar el de Laplace. En caso contrario, se tiene que usar el de Wilson.

Ejemplo

Ejercicio

Una asociación ganadera afirma que, en las matanzas caseras en las Baleares, como mínimo el 70% de los cerdos han sido analizados de triquinosis.

En una investigación, se visita una muestra aleatoria de 100 matanzas y resulta que en 53 de éstas se ha realizado el análisis de triquinosis.

¿Podemos aceptar la afirmación de los ganaderos?

Ejemplo

El contraste planteado es el siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : p \geq 0.7, \\ H_1 : p < 0.7, \end{array} \right.$$

donde p representa la probabilidad de que en una matanza elegida al azar, ésta sea analizada de triquinosis.

El **estadístico de contraste** será:

$$Z = \frac{\widehat{p}_X - p_0}{\sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{n}}},$$

cuyo valor es:

$$\widehat{p}_X = \frac{53}{100} = 0.53 \Longrightarrow z_0 = \frac{0.53 - 0.7}{\sqrt{\quad}} = -3.71.$$

Ejemplo

El *p*-**valor** del contraste será:

$$P(Z \leq -3.71) = 0.$$

Decisión: como el *p*-**valor** es muy pequeño, rechazamos la hipótesis nula en favor de la alternativa.

¡Podemos afirmar con contundencia que la afirmación de los ganaderos es falsa!

El **intervalo de confianza** al 95% de confianza será en este caso:

$$\left(-\infty, \widehat{p}_X - z_{0.05}\sqrt{\frac{\widehat{p}_X(1-\widehat{p}_X)}{n}}\right) = \left(-\infty, 0.53 - (-1.645)\cdot\sqrt{\frac{0.53\cdot 0.4}{100}}\right.$$

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

En R está implementado en la función `prop.test`, que además también sirve para contrastar dos proporciones por medio de muestras independientes grandes. Su sintaxis es

```
prop.test(x, n, p =..., alternative=..., conf.level=...)
```

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

donde:

- `x` puede ser dos cosas:

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

donde:

- `x` puede ser dos cosas:
    - Un número natural: en este caso, `R` entiende que es el número de éxitos en una muestra.

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

donde:

- `x` puede ser dos cosas:
  - Un número natural: en este caso, `R` entiende que es el número de éxitos en una muestra.
  - Un vector de dos números naturales: en este caso, `R` entiende que es un contraste de dos proporciones y que éstos son los números de éxitos en las muestras.

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

- Cuando trabajamos con una sola muestra, `n` es su tamaño. Cuando estamos trabajando con dos muestras, `n` es el vector de dos entradas de sus tamaños.

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

- Cuando trabajamos con una sola muestra, `n` es su tamaño. Cuando estamos trabajando con dos muestras, `n` es el vector de dos entradas de sus tamaños.

- Cuando trabajamos con una sola muestra, `p` es la proporción poblacional que contrastamos. En el caso de un contraste de dos muestras, no hay que especificarlo.

Contrastes para proporciones cuando n es grande en R

- Cuando trabajamos con una sola muestra, `n` es su tamaño. Cuando estamos trabajando con dos muestras, `n` es el vector de dos entradas de sus tamaños.
- Cuando trabajamos con una sola muestra, `p` es la proporción poblacional que contrastamos. En el caso de un contraste de dos muestras, no hay que especificarlo.
- El significado de `alternative` y `conf.level`, y sus posibles valores, son los usuales.

Ejemplo anterior con R

La resolución del ejemplo anterior con R es la siguiente:

```
prop.test(53,100,p=0.7,alternative="less",conf.level=0.95)
```

```
##
##  1-sample proportions test with continuity correction
##
## data:  53 out of 100, null probability 0.7
## X-squared = 12.964, df = 1, p-value = 0.0001587
## alternative hypothesis: true p is less than 0.7
## 95 percent confidence interval:
##  0.0000000 0.6150364
## sample estimates:
```

Ejemplo anterior con R

R usa como estadístico de contraste Z^2 donde Z recordemos que es: $Z = \frac{\widehat{p}_X - p_0}{\sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{n}}}$.

Si hacemos z_0^2 obtenemos:

```
z0=(0.53-0.7)/sqrt(0.7*(1-0.7)/100)
z0^2
```

```
## [1] 13.7619
```

No da exactamente el mismo valor en la salida de R de la función `prop.test` debido a que R hace una pequeña corrección a la continuidad.

Section 5

Contrastes de hipótesis para el parámetro σ de una variable con distribución normal

Contrastes para σ de una distribución normal: χ^2-test

Recordamos que si $X_1, \ldots, X_n$ es una m.a.s. de una v.a. $X \sim N(\mu, \sigma)$, entonces el **estadístico** $\chi^2_{n-1} = \frac{(n-1)\widetilde{S}_X^2}{\sigma^2}$ sigue una distribución χ^2 con $n-1$ grados de libertad

Por lo tanto, si la hipótesis nula $H_0 : \sigma = \sigma_0$ es verdadera, $\chi^2_{n-1} = \frac{(n-1)\widetilde{S}_X^2}{\sigma_0^2}$ tendrá una distribución χ^2 con $n-1$ grados de libertad.

Calculamos su valor χ^2_0 sobre la muestra.

Contrastes para σ de una distribución normal: χ^2-test

Nos planteamos los contrastes siguientes:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma = \sigma_0, \quad (\text{ o } H_0 : \sigma \leq \sigma_0), \\ H_1 : \sigma > \sigma_0. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma = \sigma_0, \quad (\text{ o } H_0 : \sigma \geq \sigma_0), \\ H_1 : \sigma < \sigma_0. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma = \sigma_0, \\ H_1 : \sigma \neq \sigma_0. \end{array}\right.$$

Contrastes para σ de una distribución normal: χ^2-test

Los **p-valores** serán los siguientes:

p-valor: $P(\chi^2_{n-1} \geq \chi^2_0)$.

p-valor: $P(\chi^2_{n-1} \leq \chi^2_0)$.

p-valor: $2\min\left\{P(\chi^2_{n-1} \leq \chi^2_0), P(\chi^2_{n-1} \geq \chi^2_0)\right\}$.

Ejemplo

Ejercicio

Se han medido los siguientes valores en miles de personas para la audiencia de un programa de radio en $n = 10$ días:

$$521, 742, 593, 635, 788, 717, 606, 639, 666, 624$$

Contrastar si la varianza de la audiencia es 6400 al nivel de significación del 5%, suponiendo que la población es normal.

Ejemplo

El contraste de hipótesis planteado es el siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \sigma = \sqrt{6400} = 80, \\ H_1 : \sigma \neq 80. \end{array} \right.$$

El nivel de significación serà: $\alpha = 0.05$

El **estadístico de contraste** es:

$$\chi^2_{n-1} = \frac{(n-1)\widetilde{S}_X^2}{\sigma_0^2}.$$

Ejemplo

Su valor será:

```
x=c(521,742,593,635,788,717,606,639,666,624)
(chi02= (length(x)-1)*var(x)/6400)
```

```
## [1] 8.594516
```

El *p*-**valor** será:

$$\begin{aligned} 2\cdot P(\chi_9^2 \geq 8.595) &= 0.951, \\ 2\cdot P(\chi_9^2 \leq 8.595) &= 1.049. \end{aligned}$$

Tomamos como *p*-valor el más pequeño: 0.951

Decisión: No podemos rechazar la hipótesis que la varianza sea

Ejemplo

El **intervalo de confianza** del 95% de confianza será:

$$\left(\frac{(n-1)\widetilde{S}_X^2}{\chi^2_{n-1,0.975}}, \frac{(n-1)\widetilde{S}_X^2}{\chi^2_{n-1,0.025}}\right) = (2891.53, 20369.247)$$

Informe: El p-valor de este contraste es 0.951, y el intervalo de confianza del 95% para la varianza σ^2 de la audiencia es $(2891.53, 20369.247)$.

Como el p-valor es muy grande y $6400 \in (2891.53, 20369.247)$, no hay evidencia que nos permita rechazar que $\sigma^2 = 6400$.

Contrastes para σ de una distribución normal con R

Dicho test está convenientemente implementado en la función `sigma.test` del paquete **TeachingDemos**.

Su sintaxis es la misma que la de la función `t.test` para una muestra, substituyendo el parámetro `mu` de `t.test` por el parámetro `sigma` (para especificar el valor de la desviación típica que contrastamos, σ_0) o `sigmasq` (por "sigma al cuadrado", para especificar el valor de la varianza que contrastamos, σ_0^2).

Contrastes para σ de una distribución normal con R

El ejemplo anterior se resolvería de la forma siguiente:

```
library(TeachingDemos)
sigma.test(x,sigma=80,alternative="two.sided",conf.level=0
```

```
##
##  One sample Chi-squared test for variance
##
## data:  x
## X-squared = 8.6, df = 9, p-value = 1
## alternative hypothesis: true variance is not equal to 64
## 95 percent confidence interval:
##   2892 20369
```

Contrastes para σ de una distribución normal con R

Ejemplo

Vamos a contrastar si la varianza de la amplitud del sépalo de las flores de la tabla de datos **iris** es menor que 0.2.

En primer lugar consideremos una muestra de 40 flores:

```
set.seed(2019)
flores.elegidas=sample(1:150,40,replace=TRUE)
muestra.flores.elegidas = iris[flores.elegidas,]
```

A continuación realizamos el contraste:

$$\left.\begin{aligned} H_0 &: \quad \sigma^2 = 0.2, \\ H_1 &: \quad \sigma^2 < 0.2, \end{aligned}\right\}$$

Contrastes para σ de una distribución normal con R

El contraste anterior, en R, se realiza de la forma siguiente:

```
library(TeachingDemos)
sigma.test(muestra.flores.elegidas$Sepal.Width,sigmasq = 0.
```

```
##
##  One sample Chi-squared test for variance
##
## data:  muestra.flores.elegidas$Sepal.Width
## X-squared = 45, df = 39, p-value = 0.8
## alternative hypothesis: true variance is less than 0.2
## 95 percent confidence interval:
##  0.0000 0.3531
```

Contrastes para σ de una distribución normal con R

El p-valor del contraste ha sido 0.7763, valor muy superior a 0.1.

Concluimos por tanto, que no tenemos evidencias suficientes para aceptar que la varianza de la amplitud del sépalo sea menor que 0.2.

Si observamos el intervalo de confianza,

```
sigma.test(muestra.flores.elegidas$Sepal.Width,sigmasq = 0.
           alternative = "less")$conf.int
```

```
## [1] 0.0000 0.3531
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

vemos que el valor 0.2 está en él, hecho que nos reafirma nuestra

Section 6

Contrastes de hipótesis para dos muestras

Introducción

Queremos comparar el valor de un mismo parámetro en dos poblaciones.

Para ello dispondremos de una muestra para cada población.

Hay que tener en cuenta que las muestras pueden ser de dos tipos:

- **Muestras independientes:** las dos muestras se han obtenido de manera independiente.

Ejemplo

Probamos un medicamento sobre dos muestras de enfermos de características diferentes

Introducción

Queremos comparar el valor de un mismo parámetro en dos poblaciones.

Para ello dispondremos de una muestra para cada población.

Hay que tener en cuenta que las muestras pueden ser de dos tipos:

- **Muestras independientes:** las dos muestras se han obtenido de manera independiente.

Ejemplo

Probamos un medicamento sobre dos muestras de enfermos de características diferentes

- **Muestras emparejadas:** las dos muestras corresponden a los

Muestras independientes

Tenemos dos variables aleatorias (que representan los valores de la característica a estudiar sobre dos **poblaciones**).

Ejemplo

Poblaciones: Hombres y Mujeres. Característica a estudiar: estatura.

Queremos comparar el valor de un parámetro a las dos poblaciones

Ejemplo

¿Son, de media, los hombres más altos que las mujeres?

Lo haremos a partir de una m.a.s. de cada v.a., escogidas además de manera independiente.

Section 7

Contrastes para dos medias poblacionales independientes μ_1 y μ_2

Introducción

Tenemos dos v.a. X_1 y X_2, de medias μ_1 y μ_2

Tomamos una m.a.s. de cada variable:

$$\begin{array}{l} X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n_1}, \text{ de } X_1 \\ X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n_2}, \text{ de } X_2 \end{array}$$

Sean $\overline{X}_1$ y $\overline{X}_2$ sus medias, respectivamente.

La hipótesis nula será del tipo:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2, \text{ o, equivalentemente, } H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0.$$

Introducción

Las hipótesis alternativas que nos plantearemos serán del tipo:

$$\begin{aligned}
&\mu_1 < \mu_2, \text{ o, equivalentemente, } \mu_1 - \mu_2 < 0,\\
&\mu_1 > \mu_2, \text{ o, equivalentemente, } \mu_1 - \mu_2 > 0,\\
&\mu_1 \neq \mu_2, \text{ o, equivalentemente, } \mu_1 - \mu_2 \neq 0.
\end{aligned}$$

Poblaciones normales o n grandes: σ conocidas

Suponemos una de las dos situaciones siguientes:

- X_1 y X_2 son normales, o n_1 y n_2 son grandes ($n_1, n_2 \geq 30$ o 40)

Suponemos que conocemos además las desviaciones típicas σ_1 y σ_2 de X_1 y X_2, respectivamente.

En este caso el **estadístico de contraste** es $Z = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}}$, que, si la hipótesis nula es cierta ($\mu_1 = \mu_2$), se distribuye según una $N(0, 1)$.

Poblaciones normales o n grandes: σ conocidas

Sea z_0 el valor del estadístico de contraste sobre la muestra. Los p-valores dependiendo de la hipótesis alternativa son:

- $H_1 : \mu_1 > \mu_2$: $p = P(Z \geq z_0)$.

Poblaciones normales o n grandes: σ conocidas

Sea z_0 el valor del estadístico de contraste sobre la muestra. Los p-valores dependiendo de la hipótesis alternativa son:

- $H_1 : \mu_1 > \mu_2$: $p = P(Z \geq z_0)$.
- $H_1 : \mu_1 < \mu_2$: $p = P(Z \leq z_0)$.

Poblaciones normales o n grandes: σ conocidas

Sea z_0 el valor del estadístico de contraste sobre la muestra. Los p-valores dependiendo de la hipótesis alternativa son:

- $H_1 : \mu_1 > \mu_2$: $p = P(Z \geq z_0)$.
- $H_1 : \mu_1 < \mu_2$: $p = P(Z \leq z_0)$.
- $H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$: $p = 2 \cdot P(Z \geq |z_0|)$.

Ejemplo

Ejemplo

Queremos comparar los tiempos de realización de una tarea entre estudiantes de dos grados G_1 y G_2, y contrastar si es verdad que los estudiantes de G_1 emplean menos tiempo que los de G_2

Suponemos que las desviaciones típicas son conocidas: $\sigma_1 = 1$ y $\sigma_2 = 2$

Disponemos de dos muestras independientes de tiempos realizados por estudiantes de cada grado, de tamaños $n_1 = n_2 = 40$.
Calculamos las medias de los tiempos empleados en cada muestra (en minutos):

$$\overline{X}_1 = 9.789, \quad \overline{X}_2 = 11.385$$

Ejemplo

Ejemplo

El contraste planteado es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2 \\ H_1 : \mu_1 < \mu_2 \end{array}\right. \iff \left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0 \\ H_1 : \mu_1 - \mu_2 < 0 \end{array}\right.$$

El **estadístico de contraste** toma el valor:

$$z_0 = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} = \frac{9.789-11.385}{\sqrt{\frac{1^2}{40}+\frac{2^2}{40}}} = -4.514.$$

El p-valor será: $P(Z \leq -4.514) \approx 0$ muy pequeño.

Decisión: rechazamos la hipótesis de que son iguales, en favor de

Ejemplo

Ejemplo

Si calculamos un intervalo de confianza del 95% para la diferencia de medias $\mu_1 - \mu_2$ asociado al contraste anterior, obtenemos:

$$\left(-\infty, \overline{X}_1 - \overline{X}_2 - z_{0.05}\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}\right) = \left(-\infty, 9.789 - 11.385 + 1.645 \cdot \right.$$
$$= (-\infty, -1.014).$$

Observamos que el valor 0 no pertenece al intervalo de confianza anterior, hecho que nos hace reafirmar la decisión de rechazar $H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0$.

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

Suponemos otra vez que estamos en una de las dos situaciones siguientes, pero ahora no conocemos σ_1 o σ_2:

- X_1 y X_2 son normales, o

Recordemos que disponemos de una m.a.s. de cada variable:

$$X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n_1}, \text{ de } X_1,$$
$$X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n_2}, \text{ de } X_2.$$

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

Suponemos otra vez que estamos en una de las dos situaciones siguientes, pero ahora no conocemos σ_1 o σ_2:

- X_1 y X_2 son normales, o
- n_1 y n_2 son grandes ($n_1, n_2 \geq 40$).

Recordemos que disponemos de una m.a.s. de cada variable:

$$\begin{array}{l} X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n_1}, \text{ de } X_1, \\ X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n_2}, \text{ de } X_2. \end{array}$$

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

En este caso, tenemos que distinguir dos subcasos:

- Suponemos que $\sigma_1 = \sigma_2$.

¿Como decidimos en qué caso estamos? Dos posibilidades:

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

En este caso, tenemos que distinguir dos subcasos:

- Suponemos que $\sigma_1 = \sigma_2$.
- Suponemos que $\sigma_1 \neq \sigma_2$.

¿Como decidimos en qué caso estamos? Dos posibilidades:

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

En este caso, tenemos que distinguir dos subcasos:

- Suponemos que $\sigma_1 = \sigma_2$.
- Suponemos que $\sigma_1 \neq \sigma_2$.

¿Como decidimos en qué caso estamos? Dos posibilidades:

- Realizamos los dos casos, y si dan lo mismo, es lo que contestamos.

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

En este caso, tenemos que distinguir dos subcasos:

- Suponemos que $\sigma_1 = \sigma_2$.
- Suponemos que $\sigma_1 \neq \sigma_2$.

¿Como decidimos en qué caso estamos? Dos posibilidades:

- Realizamos los dos casos, y si dan lo mismo, es lo que contestamos.
- En caso de poblaciones normales, realizamos un contraste de igualdad de varianzas para decidir cuál es el caso.

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

Si suponemos que $\sigma_1 = \sigma_2$, el estadístico de contraste es

$$T = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right) \cdot \frac{((n_1-1)\widetilde{S}_1^2 + (n_2-1)\widetilde{S}_2^2)}{(n_1+n_2-2)}}},$$

que, cuando $\mu_1 = \mu_2$, tiene distribución (aproximadamente, en caso de muestras grandes) $t_{n_1+n_2-2}$.

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

Si suponemos que $\sigma_1 \neq \sigma_2$, el estadístico de contraste es $T = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\frac{\widetilde{S}_1^2}{n_1} + \frac{\widetilde{S}_2^2}{n_2}}} \sim t_f$, que, cuando $\mu_1 = \mu_2$, tiene distribución (aproximadamente, en caso de muestras grandes) t_f con

$$f = \left\lfloor \frac{\left(\frac{\widetilde{S}_1^2}{n_1} + \frac{\widetilde{S}_2^2}{n_2}\right)^2}{\frac{1}{n_1 - 1}\left(\frac{\widetilde{S}_1^2}{n_1}\right)^2 + \frac{1}{n_2 - 1}\left(\frac{\widetilde{S}_2^2}{n_2}\right)^2} \right\rfloor - 2.$$

Poblaciones normales o n grandes: σ_1 o σ_2 desconocidas

Los p-**valores** usando las mismas expresiones que en el caso en que σ_1 y σ_2 conocidas sustituyendo el **estadístico de contraste** Z por el **estadístico de contraste** correspondiente.

Ejemplo

Ejemplo

Queremos comparar los tiempos de realización de una tarea entre estudiantes de dos grados G_1 y G_2, y determinar si es verdad que los estudiantes de G_1 emplean menos tiempo que los de G_2 suponiendo que desconocemos una o las dos desviaciones típicas poblaciones σ_1 y σ_2.

Disponemos de dos muestras independientes de tiempos de tareas realizadas por estudiantes de cada grado de tamaños $n_1 = 40$ y $n_2 = 60$. Las medias y las desviaciones típicas muestrales de los tiempos empleados para cada muestra son:

$$\overline{X}_1 = 9.789,\ \overline{X}_2 = 11.385,\ \widetilde{S}_1 = 1.201,\ \widetilde{S}_2 = 1.579.$$

Ejemplo

El contraste a realizar es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 < \mu_2, \end{array}\right. \iff \left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0, \\ H_1 : \mu_1 - \mu_2 < 0, \end{array}\right.$$

donde μ_1 y μ_2 representan los tiempos medios que tardan los estudiantes de los grados G_1 y G_2 para realizar la tarea, respectivamente.

Consideremos los dos casos anteriores:

- Caso 1: Suponemos $\sigma_1 = \sigma_2$.

El **estadístico de contraste** es:

$$T = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)\frac{((n_1-1)\widetilde{S}^2+(n_2-1)\widetilde{S}^2)}{\cdots}}} \sim t_{40+60-2} = t_{98}, \text{ cuyo valor,}$$

Ejemplo

El p-valor será, en este caso: $P(t_{78} < -5.428) \approx 0$, valor muy pequeño.

La decisión que tomamos, por tanto, es rechazar la hipótesis de que son iguales, en favor de que los estudiantes del grado G_1 tardan menos tiempo en realizar la tarea que los estudiantes del grado G_2.

Ejemplo

Consideremos ahora el otro caso:

- Caso 2: Suponemos $\sigma_1 \neq \sigma_2$.

El **estadístico de contraste** será, en este caso: $T = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\frac{\widetilde{S}_1^2}{n_1} + \frac{\widetilde{S}_2^2}{n_2}}} \sim t_f$

donde

$$f = \left\lfloor \frac{\left(\frac{1.201^2}{40} + \frac{1.201^2}{60}\right)^2}{\frac{1}{39}\left(\frac{1.201^2}{40}\right)^2 + \frac{1}{59}\left(\frac{1.579^2}{60}\right)^2} \right\rfloor - 2 = \lfloor 96.22 \rfloor - 2 = 94.$$

Ejemplo

El valor que toma el estadístico anterior será:

$$t_0 = \frac{9.789 - 11.385}{\sqrt{\frac{1.201^2}{40} + \frac{1.579^2}{60}}} = -5.729.$$

El p-**valor** del contraste será: $P(t_{94} \leq -5.729) = 0$, valor muy pequeño.

La decisión que tomamos en este caso es la misma que en el caso anterior: rechazar la hipótesis de que los tiempos de ejecución son iguales, en favor de que los alumnos del grado G_1 tardan menos tiempo en realizar la tarea que los alumnos del grado G_2.

La decisión final, al haber decidido lo mismo en los dos casos, será

Contrastes para dos medias independientes en R: función `t.test`

Recordemos la sintaxis básica de la función `t.test` es

```
t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paire
       var.equal=..., na.omit=...)
```

donde los nuevos parámetros para realizar un contraste de dos medias independientes son:

- `x` es el vector de datos de la primera muestra.

Contrastes para dos medias independientes en R: función `t.test`

Recordemos la sintaxis básica de la función `t.test` es

```
t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paire
       var.equal=..., na.omit=...)
```

donde los nuevos parámetros para realizar un contraste de dos medias independientes son:

- `x` es el vector de datos de la primera muestra.
- `y` es el vector de datos de la segunda muestra.

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- Podemos sustituir los vectores `x` e `y` por una fórmula `variable1~variable2` que indique que separamos la variable numérica `variable1` en dos vectores definidos por los niveles de un factor `variable2` de dos niveles (o de otra variable asimilable a un factor de dos niveles, como por ejemplo una variable numérica que solo tome dos valores diferentes).

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- Podemos sustituir los vectores `x` e `y` por una fórmula `variable1~variable2` que indique que separamos la variable numérica `variable1` en dos vectores definidos por los niveles de un factor `variable2` de dos niveles (o de otra variable asimilable a un factor de dos niveles, como por ejemplo una variable numérica que solo tome dos valores diferentes).
- Parámetro `alternative`:

Contraste de μ de normal con σ desconocida en R: función `t.test`

- Podemos sustituir los vectores `x` e `y` por una fórmula `variable1~variable2` que indique que separamos la variable numérica `variable1` en dos vectores definidos por los niveles de un factor `variable2` de dos niveles (o de otra variable asimilable a un factor de dos niveles, como por ejemplo una variable numérica que solo tome dos valores diferentes).

- Parámetro `alternative`:

  - Si llamamos μ_x y μ_y a las medias de las poblaciones de las que hemos extraído las muestras x e y, respectivamente, entonces `"two.sided"` representa la hipótesis alternativa $H_1 : \mu_x \neq \mu_y$; `"less"` indica que la hipótesis alternativa es $H_1 : \mu_x < \mu_y$; y

Contraste de μ de normal con σ desconocida en `R`: función `t.test`

- El parámetro `var.equal` solo lo tenemos que especificar si llevamos a cabo un contraste de dos medias usando muestras independientes, y en este caso sirve para indicar si queremos considerar las dos varianzas poblacionales iguales (igualándolo a TRUE) o diferentes (igualándolo a FALSE, que es su valor por defecto).

Ejemplo

Ejercicio

Imaginemos ahora que nos planteamos si la media de la longitud del pétalo es la misma para las flores de las especies setosa y versicolor.

Para ello seleccionamos una muestra de tamaño 40 flores para cada especie:

```
set.seed(45)
flores.elegidas.setosa = sample(1:50,40,replace=TRUE)
flores.elegidas.versicolor = sample(51:100,40,replace=TRUE)
```

Las muestras serán las siguientes:

```
muestra.setosa = iris[flores.elegidas.setosa,]
```

Ejemplo

El contraste planteado se realiza de la forma siguiente:

```
t.test(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.versicolor$Petal
       alternative="two.sided")
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  muestra.setosa$Petal.Length and muestra.versicolo
## t = -43, df = 50, p-value <0.0000000000000002
## alternative hypothesis: true difference in means is not
## 95 percent confidence interval:
##  -2.913 -2.652
## sample estimates:
```

Ejemplo

El contraste realizado es de dos muestras independientes:

$$\left.\begin{array}{ll} H_0: & \mu_{setosa} = \mu_{versicolor}, \\ H_1: & \mu_{setosa} \neq \mu_{versicolor}, \end{array}\right\}$$

donde μ_{setosa} representa la media de la longitud del pétalo de las flores de la especie setosa y $\mu_{versicolor}$, la media de la longitud del pétalo de las flores de la especie versicolor.

El p-valor del contraste ha sido pràcticamente cero, lo que nos hace concluir que tenemos evidencias suficientes para concluir que las medias de la longitud del pétalo son diferentes para las dos especies.

De hecho, las medias de cada una de la dos muestras son 1.4075 y 4.19, valores muy diferentes.

Ejemplo

El intervalo de confianza al 95% de confianza para la diferencia de medias $\mu_{setosa} - \mu_{versicolor}$ asociado al contraste anterior vale, si nos fijamos en el "output" del `t.test`:

```
t.test(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.versicolor$Petal
       alternative="two.sided")$conf.int
```

```
## [1] -2.913 -2.652
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

intervalo que no contiene el valor cero y está totalmente a la izquierda de cero. Por tanto, debemos rechazar la hipótesis nula.

Ejemplo

Fijémonos que hemos considerado que las varianzas de las dos variables son diferentes. Si las hubiésemos considerado iguales, tendríamos que hacer:

```
t.test(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.versicolor$Petal
       alternative="two.sided",var.equal = TRUE)
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  muestra.setosa$Petal.Length and muestra.versicolo
## t = -43, df = 78, p-value <0.0000000000000002
## alternative hypothesis: true difference in means is not
```

Ejemplo

En este caso, el p-valor también es despreciable, por lo que llegamos a la misma conclusión anterior: las medias son diferentes.

Más adelante veremos cómo realizar un contraste de varianzas para comprobar si éstas son iguales o no y por tanto, actuar en consecuencia con el parámetro `var.equal`.

Section 8

Contrastes para dos proporciones p_1 y p_2

Test de Fisher

Tenemos dos variables aleatorias X_1 y X_2 Bernoulli de proporciones p_1 y p_2

Tomamos m.a.s. de cada una y obtenemos la tabla siguiente:

	X_1	X_2	Total
Éxitos	n_{11}	n_{12}	$n_{1\bullet}$
Fracasos	n_{21}	n_{22}	$n_{2\bullet}$
Total	$n_{\bullet 1}$	$n_{\bullet 2}$	$n_{\bullet\bullet}$

Test de Fisher

donde n_{11} es la cantidad de éxitos en la primera muestra, n_{12}, la cantidad de éxitos en la segunda muestra, n_{21}, la cantidad de fracasos en la primera muestra y n_{22}, la cantidad de fracasos en la segunda muestra.

De la misma forma, $n_{1\bullet}$, es la cantidad total de éxitos en las dos muestras y $n_{2\bullet}$ la cantidad total de fracasos en las dos muestras.

Por último, $n_{\bullet 1}$ es el tamaño de la primera muestra, $n_{\bullet 2}$, el tamaño de la segunda muestra y $n_{\bullet\bullet} = n_{\bullet 1} + n_{\bullet 2}$ es la suma de los dos tamaños.

Test de Fisher

Supongamos $p_1 = p_2$.

Para hallar la probabilidad de obtener n_{11} éxitos para la variable X_1 podemos razonar de la forma siguiente:

En una bolsa tenemos $n_{1\bullet}$ bolas E y $n_{2\bullet}$ bolas F. La probabilidad anterior sería la probabilidad de obtener n_{11} bolas E si escogemos $n_{\bullet 1}$ de golpe.

Sea X una variable hipergeométrica de parámetros $H(n_{1\bullet}, n_{2\bullet}, n_{\bullet 1})$. La probabilidad anterior sería: $P(X = n_{11})$.

Usaremos la variable anterior X como estadístico de contraste.

Test de Fisher

Nos planteamos los contrastes siguientes:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 > p_2. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 < p_2. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 \neq p_2. \end{array}\right.$$

Test de Fisher

Los **p-valores** serán los siguientes:

p-valor: $P(H(n_{1\bullet}, n_{2\bullet}, n_{\bullet 1}) \geq n_{11})$.

p-valor: $P(H(n_{1\bullet}, n_{2\bullet}, n_{\bullet 1}) \leq n_{11})$.

p-valor: $2\min\{P(H \leq n_{11}), P(H \geq n_{11})\}$.

Ejemplo

Ejemplo

Para determinar si el Síndrome de Muerte Repentina del Bebé (SIDS) tiene componiendo genético, se consideran los casos de SIDS en parejas de gemelos monocigóticos y dicigóticos. Sea:

- p_1: proporción de parejas de gemelos monocigóticos con algún caso de SIDS donde solo un hermano la sufrió.

Si el SIDS tiene componiendo genético, es de esperar que $p_1 < p_2$.

Nos piden realizar el contraste siguiente:

Ejemplo

Ejemplo

Para determinar si el Síndrome de Muerte Repentina del Bebé (SIDS) tiene componiendo genético, se consideran los casos de SIDS en parejas de gemelos monocigóticos y dicigóticos. Sea:

- p_1: proporción de parejas de gemelos monocigóticos con algún caso de SIDS donde solo un hermano la sufrió.
- p_2: proporción de parejas de gemelos dicigóticos con algún caso de SIDS donde solo un hermano la sufrió.

Si el SIDS tiene componiendo genético, es de esperar que $p_1 < p_2$.

Nos piden realizar el contraste siguiente:

Ejemplo

En un estudio (*Peterson et al, 1980*), se obtuvieron los datos siguientes:

Casos de SIDS	Monocigóticos	Dicigóticos	Total
Uno	23	35	58
Dos	1	2	3
Total	24	37	61

Ejemplo

El **p-valor** del contraste anterior sería: $P(H(58,3,24) \leq 23)$:

```
phyper(23,58,3,24)
```

```
## [1] 0.7841
```

Al obtener un *p*-valor grande, podemos concluir que no tenemos evidencias suficientes para rechazar la hipótesis nula y por tanto, el SID no tiene componente genética.

Test de Fisher en R

- El test exacto de Fisher está implementado en la función `fisher.test`. Su sintaxis es

```
fisher.test(x, alternative=..., conf.level=...)
```

donde

Test de Fisher en R

- El test exacto de Fisher está implementado en la función `fisher.test`. Su sintaxis es

```
fisher.test(x, alternative=..., conf.level=...)
```

donde

- `x` es la matriz anterior, donde recordemos que los números de éxitos van en la primera fila y los de fracasos en la segunda, y las poblaciones se ordenan por columnas.

Test de Fisher en R. Ejemplo

Ejercicio

Realicemos el contraste anterior de igualdad de proporciones de madres fumadores de raza blanca y negra usando el test de Fisher.

En primer lugar calculamos las etiquetas de las madres de cada raza:

```
madres.raza.blanca = rownames(birthwt[birthwt$race==1,])
madres.raza.negra = rownames(birthwt[birthwt$race==2,])
```

Seguidamente, elegimos las muestras de tamaño 50 de cada raza y creamos las muestras correspondientes:

```
set.seed(2000)
madres.elegidas.blanca=sample(madres.raza.blanca,50,replace
```

Test de Fisher en R. Ejemplo

Definimos ahora una nueva tabla de datos que contenga la información de las dos muestras consideradas:

```
muestra.madres = rbind(muestra.madres.raza.blanca,muestra.r
```

A continuación calculamos la matriz para usar en el test de Fisher:

```
(matriz.fisher=table(muestra.madres$smoke,muestra.madres$ra
```

```
##
##       1  2
##    0 24 33
##    1 26 17
```

Test de Fisher en R. Ejemplo

La matriz anterior no es correcta ya que la primera fila debería ser la fila de "éxitos" y es la fila de "fracasos".

Lo arreglamos permutando las filas:

```
(matriz.fisher = rbind(matriz.fisher[2,],matriz.fisher[1,])
```

```
##       1  2
## [1,] 26 17
## [2,] 24 33
```

Test de Fisher en R. Ejemplo

Por último realizamos el contraste:

```
fisher.test(matriz.fisher)
```

```
##
##  Fisher's Exact Test for Count Data
##
## data:  matriz.fisher
## p-value = 0.1
## alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to
## 95 percent confidence interval:
##  0.8723 5.1038
## sample estimates:
## odds ratio
```

Test de Fisher en R. Ejemplo

El p-valor del contraste ha sido 0.1056, valor mayor que 0.1. Concluimos que no tenemos evidencias para rechazar que las proporciones de madres fumadoras de razas blanca y negra sean iguales.

O, dicho de otra manera, no rechazamos la hipótesis nula de igualdad de proporciones.

Ejercicio

Como el test de Fisher es exacto, dejamos como ejercicio repetir el experimento anterior pero en lugar de tomando muestras de tamaño 50, tomando muestras de tamaño más pequeño como por ejemplo 10.

Introducción a las **odds**

Odds

El **odds** de un suceso A es el cociente

$$\text{Odds}(A) = \frac{P(A)}{1 - P(A)},$$

donde $P(A)$ es la probabilidad que suceda A y mide cuántas veces es más probable A que su contrario.

Las *odds* son una función creciente de la probabilidad, y por lo tanto

$$\text{Odds}(A) < \text{Odds}(B) \Longleftrightarrow P(A) < P(B).$$

Ejemplo

Esto permite comparar *odds* en vez de probabilidades, con la misma conclusión.

Por ejemplo, en nuestro caso, como el intervalo de confianza para la *odds ratio* va de 0.8723 a 5.1038. En particular, contiene el 1, por lo que no podemos rechazar que

$$\Big(\frac{p_b}{1-p_b}\Big)\Big/\Big(\frac{p_n}{1-p_n}\Big)=1,$$

es decir, no podemos rechazar que

$$\frac{p_b}{1-p_b}=\frac{p_n}{1-p_n}$$

y esto es equivalente a $p_b=p_n$.

Ejemplo

Si, por ejemplo, el intervalo de confianza hubiera ido de 0 a 0.8, entonces la conclusión a este nivel de confianza hubiera sido que

$$\left(\frac{p_b}{1-p_b}\right)\Big/\left(\frac{p_n}{1-p_n}\right) < 1$$

es decir, que

$$\frac{p_b}{1-p_b} < \frac{p_n}{1-p_n}$$

y esto es equivalente a $p_b < p_n$.

Contraste para dos proporciones: muestras grandes

Supongamos ahora que tenemos dos variables aleatorias X_1 y X_2 de Bernoulli de parámetros p_1 y p_2.

Consideremos una m.a.s. de cada variable aleatoria de tamaños n_1 y n_2, respectivamente, grandes ($n_1, n_2 \geq 50$ o 100):

$$\begin{array}{l} X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n_1}, \text{ de } X_1, \\ X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n_2}, \text{ de } X_2. \end{array}$$

Sean $\widehat{p}_1$ y $\widehat{p}_2$ sus proporciones muestrales.

Suponemos que los números de éxitos y de fracasos en cada muestra son ≥ 5 o 10).

Contraste para dos proporciones: muestras grandes

Nos planteamos los contrastes siguientes como en el caso del test de Fisher:

$$\begin{cases} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 > p_2. \end{cases}$$

$$\begin{cases} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 < p_2. \end{cases}$$

$$\begin{cases} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 \neq p_2. \end{cases}$$

Contraste para dos proporciones: muestras grandes

El **estadístico de contraste** para los contrastes anteriores es:

$$Z = \frac{\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2}{\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1 - \frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}},$$

que, usando el *Teorema Central del Límite* y suponiendo cierta la hipótesis nula $H_0 : p_1 = p_2$, tiene aproximadamente una distribución $N(0, 1)$.

Sea z_0 el valor del **estadístico de contraste** usando las proporciones muestrales $\widehat{p}_1$ y $\widehat{p}_2$.

Contraste para dos proporciones: muestras grandes

Los **p-valores** serán los siguientes:

p-valor: $P(Z \geq z_0)$.

p-valor: $P(Z \leq z_0)$.

p-valor: $2P(Z \geq |z_0|)$.

Ejemplo

Ejercicio

Se toman una muestra de ADN de 100 individuos con al menos tres generaciones familiares en la isla de Mallorca, y otra de 50 individuos con al menos tres generaciones familiares en la isla de Menorca.

Se quiere saber si un determinado alelo de un gen es presente con la misma proporción en las dos poblaciones.

En la muestra mallorquina, 20 individuos lo tienen, y en la muestra menorquina, 12.

Contrastar la hipótesis de igualdad de proporciones al nivel de significación 0.05, y calcular el intervalo de confianza para la diferencia de proporciones para este α.

Ejemplo

Fijémonos que los tamaños de las muestras (100 y 50) son bastante grandes

El contraste pedido es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 \neq p_2, \end{array}\right.$$

donde p_1 y p_2 representan las proporciones de individuos que tienen el alelo en el gen para los individuos de la isla de Mallorca y Menora, respectivamente.

El **estadístico de contraste** será:

$$Z = \frac{\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2}{\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1 + n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1 - \frac{n_1\widehat{p}_1 + n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}}.$$

Ejemplo

El p-**valor** será: $2 \cdot P(Z \geq |-0.564|) = 0.573$.

Decisión: como el p-valor es grande y mayor que $\alpha = 0.05$, aceptamos la hipótesis que las dos proporciones son la misma al no tener evidencias suficientes para rechazarla.

El intervalo de confianza para $p_1 - p_2$ al nivel de confianza $(1-\alpha)\cdot 100\%$ en un contraste bilateral es

$$\left(\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2 - z_{1-\frac{\alpha}{2}}\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1-\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)},\right.$$
$$\left.\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2 + z_{1-\frac{\alpha}{2}}\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1-\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)}\right)$$

que, en nuestro caso será:

Contrastes para dos proporciones en R

- En R está implementado en la función `prop.test`, que además también sirve para contrastar dos proporciones por medio de muestras independientes grandes. Su sintaxis es

```
prop.test(x, n, p =..., alternative=..., conf.level=...)
```

donde:

Contrastes para dos proporciones en R

- En R está implementado en la función `prop.test`, que además también sirve para contrastar dos proporciones por medio de muestras independientes grandes. Su sintaxis es

```
prop.test(x, n, p =..., alternative=..., conf.level=...)
```

donde:

- `x` en el caso de un contraste de dos proporciones es un vector de dos números naturales cuyas componentes son los números de éxitos en las dos muestras.

Contrastes para proporciones en R

- Cuando estamos trabajando con dos muestras, `n` es el vector de dos entradas de sus tamaños.

Contrastes para proporciones en R

- Cuando estamos trabajando con dos muestras, `n` es el vector de dos entradas de sus tamaños.
- El significado de `alternative` y `conf.level`, y sus posibles valores, son los usuales.

Contrastes para proporciones en R. Ejemplo

Ejemplo

Siguiendo el ejemplo anterior, contrastemos otra vez si la proporción de madres fumadoras de raza blanca es la misma que la proporción de madres fumadoras de raza negra pero usando ahora la función `prop.test`.

En primer lugar, calculamos cuántas madres fumadores hay de cada muestra:

```
table(muestra.madres.raza.blanca$smoke)
```

```
##
##  0  1
## 24 26
```

Contrastes para proporciones en R. Ejemplo

```
n.blanca = table(muestra.madres.raza.blanca$smoke)[2] # núm
# de raza blanca
n.negra = table(muestra.madres.raza.negra$smoke)[2] # númer
# de raza negra
```

Tenemos un total de 26 madres fumadoras de raza blanca entre las 50 de la muestra y 17 madres fumadores de raza negra entre las 50 de la muestra.

Finalmente, realizamos el contraste planteado:

$$\left.\begin{array}{ll} H_0: & p_b = p_n, \\ H_1: & p_b \neq p_n, \end{array}\right\}$$

donde p_b y p_n representan las proporciones de madres fumadoras de

Contrastes para proporciones en R. Ejemplo

El contraste en R se realizaría de la forma siguiente:

```
prop.test(c(n.blanca,n.negra),c(50,50))
```

```
##
##  2-sample test for equality of proportions with continu
##
## data:  c(n.blanca, n.negra) out of c(50, 50)
## X-squared = 2.6, df = 1, p-value = 0.1
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.03083  0.39083
## sample estimates:
```

Contrastes para proporciones en R. Ejemplo

El p-valor del contraste ha sido 0.1061, muy parecido al del test de Fisher, y mayor que 0.1. Concluimos otra vez que no tenemos evidencias para rechazar que las proporciones de madres fumadoras de razas blanca y negra sean iguales.

Si nos fijamos en el intervalo de confianza para la diferencia de proporciones:

```
prop.test(c(n.blanca,n.negra),c(50,50))$conf.int
```

```
## [1] -0.03083  0.39083
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

Section 9

Contrastes de dos muestras más generales

Introducción

Dado un parámetro θ (θ puede ser la media μ, la proporción p, etc.) y dadas dos poblaciones X_1 y X_2 cuyas distribuciones dependen de parámetros θ_1 y θ_2, hemos realizado contrastes en los que la hipótesis nula era de la forma $H_0 : \theta_1 = \theta_2$, o $H_0 : \theta_1 - \theta_2 = 0$.

Existen contrastes más generales del tipo:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \theta_1 - \theta_2 = \Delta \\ H_1 : \theta_1 - \theta_2 < \Delta \text{ o } \theta_1 - \theta_2 > \Delta \text{ o } \theta_1 - \theta_2 \neq \Delta \end{array} \right.$$

con $\Delta \in \mathbb{R}$.

Cambios en los estadísticos de contraste

Para realizar los contrastes anteriores, se pueden usar los mismos **estadísticos** que en el caso en que $H_0 : \theta_1 - \theta_2 = 0$ realizando los cambios siguientes:

- Si $\theta = \mu$, la media, hay que sustituir $\overline{X}_1 - \overline{X}_2$ en el numerador del **estadístico** por $\overline{X}_1 - \overline{X}_2 - \Delta$.

Cambios en los estadísticos de contraste

Para realizar los contrastes anteriores, se pueden usar los mismos **estadísticos** que en el caso en que $H_0 : \theta_1 - \theta_2 = 0$ realizando los cambios siguientes:

- Si $\theta = \mu$, la media, hay que sustituir $\overline{X}_1 - \overline{X}_2$ en el numerador del **estadístico** por $\overline{X}_1 - \overline{X}_2 - \Delta$.
- Si $\theta = p$, proporción muestral, hay que sustituir $\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2$ en el numerdor del **estadístico** por $\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2 - \Delta$.

Ejemplo

Ejemplo

Tenemos dos tratamientos, A y B, de una dolencia. Tratamos 50 enfermos con A y 100 con B. 20 enfermos tratados con A y 25 tratados con B manifiestan haber sentido malestar general durante los 7 días posteriores a iniciar el tratamiento.

¿Podemos concluir, a un nivel de significación del 5%, que A produce malestar general en una proporción de los enfermos que es 5 puntos porcentuales superior a la proporción de los enfermos en que lo produce B?

Ejemplo

Sean p_1 la proporción de enfermos en que A produce malestar general y p_2, la proporción de enfermos en que B produce malestar general.

El contraste a realizar es el siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 \leq p_2 + 0.05, \\ H_1 : p_1 > p_2 + 0.05. \end{array}\right.$$

El **estadístico de contraste** es el siguiente:

$$Z = \frac{\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2 - \Delta}{\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1-\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)}},$$

Ejemplo

Las proporciones y los tamaños muestrales son: $\widehat{p}_1 = 0.4$, $\widehat{p}_2 = 0.25$, $n_1 = 50$, $n_2 = 100$ y el valor de Δ será $\Delta = 0.05$.

El valor que toma el **estadístico de contraste** es:

$$z_0 = \frac{0.4 - 0.25 - 0.05}{\sqrt{\left(\frac{20+25}{50+100}\right)\left(1 - \frac{20+25}{50+100}\right)\left(\frac{1}{50} + \frac{1}{100}\right)}} = 1.26.$$

El p-**valor** del contraste será: $P(Z \geq 1.26) = 0.104$.

Decisión: como el p-**valor** es relativamente grande y mayor que $\alpha = 0.05$, no tenemos indicios para rechazar la hipótesis que $p_1 - p_2$ es inferior o igual a un 5%.

Ejemplo

Si hallamos el **intervalo de confianza** para $p_1 - p_2$ al nivel de confianza $(1-\alpha)\cdot 100\%$, obtenemos:

$$\left(\widehat{p}_1 - \widehat{p}_2 + z_\alpha\sqrt{\left(\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(1-\frac{n_1\widehat{p}_1+n_2\widehat{p}_2}{n_1+n_2}\right)\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)}, \infty\right) =$$
$$\left(0.4 - 0.25 - 1.645\sqrt{\left(\frac{50\cdot 0.4+100\cdot 0.25}{50+100}\right)\left(1-\frac{50\cdot 0.4+100\cdot 0.25}{50+100}\right)\left(\frac{1}{50}+\frac{1}{100}\right)}, \infty\right) =$$
$$(0.019, \infty)$$

Nos fijamos que el intervalo anterior contiene el valor $\Delta = 0.05$, razón que nos reafirma la decisión tomada de no rechazar que $p_1 \leq p_2 + 0.05$ pero, en cambio, no contiene el valor 0 y por tanto, podríamos rechazar que $p_1 = p_2$.

Section 10

Contrastes para dos varianzas

Introducción

Dadas dos poblaciones de distribución normal e indpendientes, nos planteamos si las varianzas de dichas poblaciones son iguales o diferentes.

Una aplicación del contraste de varianzas es decidir qué opción elegir en el marco de una comparación de medias de muestras independientes.

Tenemos dos variables aleatorias X_1 y X_2 normales de desviaciones típicas σ_1, σ_2 desconocidas

Suponemos que tenemos una m.a.s de cada variable:

$$X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n_1} \text{ de } X_1$$
$$X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n_2} \text{ de } X_2$$

Contrastes planteados

Nos planteamos los contrastes siguientes:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma_1 = \sigma_2, \\ H_1 : \sigma_1 > \sigma_2. \end{array}\right. \quad \left(\text{ o } H_0 : \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2} = 1\right),$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma_1 = \sigma_2, \\ H_1 : \sigma_1 < \sigma_2. \end{array}\right. \quad \left(\text{ o } H_0 : \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2} = 1\right),$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \sigma_1 = \sigma_2, \\ H_1 : \sigma_1 \neq \sigma_2. \end{array}\right. \quad \left(\text{ o } H_0 : \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2} = 1\right),$$

Estadístico de contraste

Se emplea el siguiente **estadístico de contraste**:

$$F = \frac{\widetilde{S}_1^2}{\widetilde{S}_2^2}$$

que, si las dos poblaciones son normales y la hipótesis nula $H_0 : \sigma_1 = \sigma_2$ es cierta, tiene distribución F de Fisher con grados de libertad $n_1 - 1$ y $n_2 - 1$.

Sea f_0 el valor que toma usando las desviaciones típicas muestrales.

La distribución F de Fisher

La distribución $F_{n,m}$ de Fisher, donde n, m son los grados de libertad se define como el cociente de dos variables chi2 independientes de n y m grados de libertad, respectivamente: χ^2_n/χ^2_m.

Su función de densidad tiene la siguiente expresión:

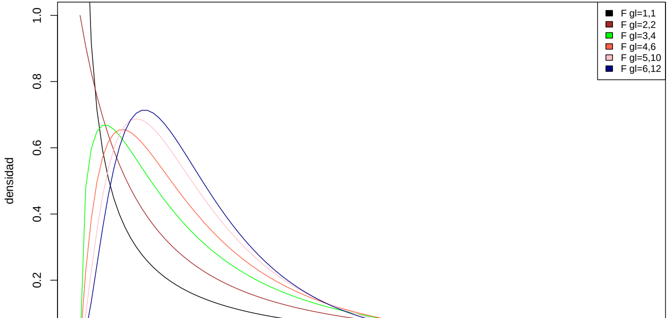
$$f_{F_{n,m}}(x) = \frac{\Gamma\left(\frac{n+m}{2}\right)\cdot\left(\frac{m}{n}\right)^{m/2} x^{(m-2)/2}}{\Gamma\left(\frac{n}{2}\right)\Gamma\left(\frac{m}{2}\right)\left(1+\frac{m}{n}x\right)^{(m+n)/2}},\ \text{si } x \geq 0,$$

donde $\Gamma(x) = \int_0^\infty t^{x-1}e^{-t}\,dt$, si $x > 0$.

Se trata de una distribución no simétrica.

La distribución F de Fisher

Gráfica de la función de densidad de algunas distribuciones F de Fisher.



p-valores

Los p-**valores** asociados a los contrastes anteriores son:

p-valor: $P(F_{n_1-1,n_2-1} \geq f_0)$.

p-valor: $P(F_{n_1-1,n_2-1} \leq f_0)$.

p-valor: $\min\{2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \leq f_0), 2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \geq f_0)\}$.

Ejemplo

Ejercicio

Consideramos el ejemplo donde queríamos comparar los tiempos de realización de una tarea entre estudiantes de dos grados G_1 y G_2. Suponemos que estos tiempos siguen distribuciones normales.

Disponemos de dos muestras independientes de los tiempos usados por los estudiantes de cada grado para realizar la tarea. Los tamaños de cada muestra son $n_1 = n_2 = 40$.

Las desviaciones típicas muestrales de los tiempos empleados para cada muestra son:

$$\widetilde{S}_1 = 1.201, \quad \widetilde{S}_2 = 1.579$$

Ejemplo

El contraste planteado es el siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \sigma_1 = \sigma_2, \\ H_1 : \sigma_1 \neq \sigma_2, \end{array} \right.$$

donde σ_1 y σ_2 son las desviaciones típicas de los tiempos empleados para realizar la tarea por los estudiantes de los grados G_1 y G_2, respectivamente.

El **estadístico de contraste** para el contraste anterior es: $F = \frac{\widetilde{S}_1^2}{\widetilde{S}_2^2} \sim F_{39,39}$.

Dicho estadístico toma el siguiente valor: $f_0 = \frac{1.201^2}{1.579^2} = 0.579$.

Ejemplo

El *p*-**valor** para el contraste anterior será:

$$\min\{2\cdot P(F_{n_1-1,n_2-1}\leq f_0), 2\cdot P(F_{n_1-1,n_2-1}\geq f_0)\} =$$
$$\min\{2\cdot P(F_{n_1-1,n_2-1}\leq 0.579), 2\cdot P(F_{n_1-1,n_2-1}\geq 0.579)\} =$$
$$\min\{0.091, 1.909\} = 0.091.$$

Decisión: como que el *p*-valor es moderado pero mayor que $\alpha = 0.05$, no podemos rechazar la hipótesis que las dos varianzas sean iguales.

Concluimos que no tenemos evidencias suficientes para rechazar que $\sigma_1 = \sigma_2$.

Por tanto, en el contraste de las dos medias, tendríamos que suponer que las varianzas de las dos poblaciones son la misma

Ejemplo

El **intervalo de confianza** para $\frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2}$ al nivel de confianza $(1-\alpha)\cdot 100\%$ es

$$\left(\frac{\widetilde{S}_1^2}{\widetilde{S}_2^2}\cdot F_{n_1-1,n_2-1,\frac{\alpha}{2}}, \frac{\widetilde{S}_1^2}{\widetilde{S}_2^2}\cdot F_{n_1-1,n_2-1,1-\frac{\alpha}{2}}\right) = \left(\frac{1.201^2}{1.579^2}\cdot F_{39,39,0.025}, \frac{1.201^2}{1.579^2}\right.$$

Observemos que el intervalo de confianza anterior contiene el valor 1, hecho que reafirma la decisión tomada de no rechazar la hipótesis de igualdad de varianzas.

Ejemplo

Ejemplo Se desea comparar la actividad motora espontánea de un grupo de 25 ratas control y otro de 36 ratas desnutridas. Se midió el número de veces que pasaban ante una célula fotoeléctrica durante 24 horas. Los datos obtenidos fueron los siguientes:

	n	$\overline{X}$	$\widetilde{S}$
1. Control	25	869.8	106.7
2. Desnutridas	36	665	133.7

¿Se observan diferencias significativas entre el grupo de control y el grupo desnutrido?

Ejemplo

El contraste a realizar es el siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 \neq \mu_2, \end{array} \right.$$

donde μ_1 y μ_2 representan los valores medios del número de veces que las ratas de control y desnutridas pasan ante la célula fotoeléctrica, respectivamente.

Antes de nada, tenemos que averiguar si las varianzas de los dos grupos son iguales o no ya que es un parámetro a usar en el contraste a realizar.

Por tanto, en primer lugar, realizaremos el contraste:

Ejemplo

El **Estadístico de contraste** para el contraste anterior vale:

$F = \frac{\widetilde{S}_1^2}{\widetilde{S}_2^2} \sim F_{24,35}$.

El valor que toma es el siguiente: $f_0 = \frac{106.7^2}{133.7^2} = 0.637$.

El *p*-**valor** para el contraste anterior vale:

$$\min\{2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \leq f_0), 2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \geq f_0)\} =$$
$$\min\{2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \leq 0.637), 2 \cdot P(F_{n_1-1,n_2-1} \geq 0.637)\} =$$
$$\min\{0.251, 1.749\} = 0.251.$$

El *p*-**valor** es un valor grande, por tanto, concluimos que no podemos rechazar la hipótesis nula y decidimos que las varianzas de las dos poblaciones son iguales.

Ejemplo

Realicemos a continuación el contraste pedido:

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

El **estadístico de contraste** al suponer que $\sigma_1 = \sigma_2$, será:

$$T = \frac{\overline{X}_1 - \overline{X}_2}{\sqrt{\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)\cdot \frac{(n_1-1)\widetilde{S}_1^2+(n_2-1)\widetilde{S}_2^2}{n_1+n_2-2}}} \sim t_{59}.$$

El valor que toma dicho estadístico en los valores muestrales vale:

$$t_0 = \frac{869.8-665}{\sqrt{\left(\frac{1}{25}+\frac{1}{36}\right)\cdot \frac{24\cdot 106.7^2+35\cdot 133.7^2}{25+36-2}}} = 6.373.$$

El p-**valor** del contraste será: $p = 2\cdot P(t_{59} \geq 6.373) \approx 0.$

Contrastes para varianzas en R

La función para efectuar este test en R es `var.test`y su sintaxis básica es la misma que la de `t.test` para dos muestras:

```
var.test(x, y, alternative=..., conf.level=...)
```

donde `x` e `y` son los dos vectores de datos, que se pueden especificar mediante una fórmula como en el caso de `t.test`, y el parámetro `alternative` puede tomar los tres mismos valores que en los tests anteriores.

Contrastes para varianzas en R. Ejemplo

Ejercicio

Recordemos que cuando explicábamos el contraste para dos medias independientes, contrastamos si las medias de las longitudes del pétalo para las especies setosa y versicolor eran iguales o no pero necesitábamos saber si las varianzas eran iguales o no para poder tenerlo en cuenta en la función `t.test`.

Veamos ahora si podemos considerar las varianzas iguales o no.

Las muestras eran `muestra.setosa` y `muestra.versicolor`.

Contrastes para varianzas en R. Ejemplo

Realicemos el contraste de igualdad de varianzas:

```
var.test(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.versicolor$Pet
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  muestra.setosa$Petal.Length and muestra.versicolo
## F = 0.14, num df = 39, denom df = 39, p-value = 0.00000
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not e
## 95 percent confidence interval:
##  0.0758 0.2710
## sample estimates:
```

Contrastes para varianzas en R. Ejemplo

El p-valor del contraste ha sido prácticamente cero. Por tanto, concluimos que tenemos evidencias suficientes para afirmar que las varianzas de las longitudes del pétalo de las flores de las especies setosa y versicolor son diferentes.

Si nos fijamos en el intervalo de confianza en el cociente de varianzas $\frac{\sigma^2_{setosa}}{\sigma^2_{versicolor}}$,

```
var.test(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.versicolor$Pet
```

```
## [1] 0.0758 0.2710
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

Contrastes para varianzas

- Hemos insistido en que el test F solo es válido si las dos poblaciones cuyas varianzas comparamos son normales.

Contrastes para varianzas

- Hemos insistido en que el test F solo es válido si las dos poblaciones cuyas varianzas comparamos son normales.
- ¿Qué podemos hacer si dudamos de su normalidad? Usar un test no paramétrico que no presuponga esta hipótesis.

Contrastes para varianzas

- Hemos insistido en que el test F solo es válido si las dos poblaciones cuyas varianzas comparamos son normales.
- ¿Qué podemos hacer si dudamos de su normalidad? Usar un test no paramétrico que no presuponga esta hipótesis.
- Hay diversos tests no paramétricos para realizar contrastes bilaterales de dos varianzas. Aquí os recomendamos el **test de Fligner-Killeen**, implementado en la función `fligner.test`.

Contrastes para varianzas

- Hemos insistido en que el test F solo es válido si las dos poblaciones cuyas varianzas comparamos son normales.
- ¿Qué podemos hacer si dudamos de su normalidad? Usar un test no paramétrico que no presuponga esta hipótesis.
- Hay diversos tests no paramétricos para realizar contrastes bilaterales de dos varianzas. Aquí os recomendamos el **test de Fligner-Killeen**, implementado en la función `fligner.test`.
    - Se aplica o bien a una `list` formada por las dos muestras, o bien a una fórmula que separe un vector numérico en dos muestras por medio de un factor de dos niveles.

Contrastes para varianzas. Ejemplo.

Realicemos el contraste previo de igualdad de varianzas usando el test no paramétrico anterior para ver si llegamos a la misma conclusión:

```
fligner.test(list(muestra.setosa$Petal.Length,muestra.vers
```

```
##
##  Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  list(muestra.setosa$Petal.Length, muestra.versic
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 22, df = 1, p-value =
```

Como el p-valor vuelve a ser insignificante, llegamos a la misma conclusión anterior: tenemos evidencias suficientes para afirmar que

Section 11

Muestras emparejadas

Introducción

Las muestras consideradas hasta el momento se han supuesto **independientes**.

Un caso completamente diferente es cuando las dos muestras corresponden a los mismos individuos o a individuos emparejados por algún factor.

Ejemplos:

- Se estudia el estado de una dolencia a los mismos individuos antes y después de un tratamiento.

Introducción

Las muestras consideradas hasta el momento se han supuesto **independientes**.

Un caso completamente diferente es cuando las dos muestras corresponden a los mismos individuos o a individuos emparejados por algún factor.

Ejemplos:

- Se estudia el estado de una dolencia a los mismos individuos antes y después de un tratamiento.
- Se mide la incidencia de cáncer en parejas de hermanos gemelos.

Introducción

Para decidir si hay diferencias entre los valores de dos **muestras emparejadas**, el contraste más común consiste a calcular las diferencias de los valores de cada una de las parejas de muestras y realizar un contraste para averiguar si la media de las diferencias es 0.

Observación: El **diseño experimental** para realizar un contraste de **muestras emparejadas** se tiene que fijar **antes** de la **recogida de datos**.

Contrastes de medias de muestras emparejadas

En el caso de un contraste de muestras emparejadas, sean X_1 y X_2 las variables correspondientes y sean

$$\begin{array}{ll} X_{1,1}, X_{1,2}, \ldots, X_{1,n}, & \text{de } X_1 \\ X_{2,1}, X_{2,2}, \ldots, X_{2,n}, & \text{de } X_2 \end{array}$$

las m.a.s. de cada una de las variables correspondientes a las dos muestras.

Fijémonos que, al ser la muestras emparejadas, los tamaños de las mismas deben ser iguales.

Consideramos la variable diferencia $D = X_1 - X_2$. La m.a.s. de D construida a partir de las muestras anteriores será:

$$D_1 = X_{1,1} - X_{2,1}, \; D_2 = X_{1,2} - X_{2,2}, \ldots, D_n = X_{1,n} - X_{2,n}.$$

Contrastes de medias de muestras emparejadas

Los contastes planteados son los siguientes:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 > \mu_2. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 < \mu_2. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 \neq \mu_2. \end{array}\right.$$

Contrastes de medias de muestras emparejadas

que, escritos en términos de la media de la variable diferencia D, μ_d, serán:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_d = 0, \\ H_1 : \mu_d > 0. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_d = 0, \\ H_1 : \mu_d < 0. \end{array}\right.$$

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_d = 0, \\ H_1 : \mu_d \neq 0. \end{array}\right.$$

Contrastes de medias de muestras emparejadas

O sea, hemos reducido un contraste de medias de dos muestras dependientes a un contraste de una sola media de una sola muestra.

A partir de aquí, podemos calcular los **p-valores** y los **intervalos de confianza** de los contrates anteriores usando las expresiones de los contrastes de una media de una sola media vistos anteriormente.

Ejemplo de medias emparejadas

Ejemplo de medias emparejadas

Disponemos de dos algoritmos de alineamiento de proteínas. Los dos producen resultados de la misma calidad.

Estamos interesados en saber cuál de los dos algoritmos es *más eficiente*, en el sentido de tener un tiempo de ejecución más corto. Suponemos que dichos tiempos de ejecución siguen leyes normales.

Tomamos una muestra de proteínas y les aplicamos los dos algoritmos, anotando los tiempos de ejecución sobre cada proteína.

Los resultados obtenidos son:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	1

Ejemplo de medias emparejadas

La media y la desviación típica muestrales de las difencias son $\overline{d} = 0.33$, $\tilde{s}_d = 4.715$.

Queremos contrastar la igualdad de medias con el test que corresponda. Y si son diferentes, decidir cuál tiene mayor tiempo de ejecución.

O sea, queremos realizar el contraste siguiente:

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : \mu_1 = \mu_2, \\ H_1 : \mu_1 \neq \mu_2, \end{array}\right.$$

donde μ_1 y μ_2 son los tiempos de ejecución de los algoritmos 1 y 2, respectivamente.

Ejemplo de medias emparejadas

El **estadístico de contraste** para el contraste anterior es $T = \frac{\overline{d}}{\widetilde{S}_d/\sqrt{n}}$, que tiene distribución $t_{n-1} = t_9$.

Dicho estadístico toma el siguiente valor usando los valores muestrales: $t_0 = \frac{0.33}{4.715/\sqrt{10}} = 0.221$.

El p-**valor** del contraste anterior será: $p = 2 \cdot p(t_9 > |0.221|) = 0.83$.

Es un valor grande. Por tanto, no tenemos evidencias suficientes para rechazar la hipótesis nula y concluimos que los tiempos de ejecución de los dos algoritmos es el mismo.

Contrastes para medias emparejadas en R. El test t

Recordemos la sintaxis básica del test t en R

```
t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paire
        var.equal=..., na.omit=...)
```

donde el único parámetro para indicarle si las muestras son emparejadas o independientes es el parámetro `paired`: con `paired=TRUE` indicamos que las muestras son emparejadas, y con `paired=FALSE` (que es su valor por defecto) que son independientes.

Ejemplo de dos muestras dependientes con R

Ejercicio

Nos planteamos si la longitud del sépalo supera la longitud del pétalo para las flores de la especie virginica en la tabla de datos `iris`.

En este caso se trataría de un contraste de medias dependientes:

$$\left.\begin{array}{ll} H_0: & \mu_{\textit{sépalo,virginica}} = \mu_{\textit{pétalo,virginica}}, \\ H_1: & \mu_{\textit{sépalo,virginica}} > \mu_{\textit{pétalo,virginica}}, \end{array}\right\}$$

donde $\mu_{\textit{sépalo,virginica}}$ y $\mu_{\textit{pétalo,virginica}}$ son las longitudes del sépalo y del pétalo de las flores de la especie virginica.

Ejemplo de dos muestras dependientes con R

Para realizar dicho contraste, vamos a considerar una muestra de 40 flores de la especie virgínica y sobre **las mismas flores** calcular las longitudes del sépalo y del pétalo.

En primer lugar seleccionamos las flores de la muestra:

```
set.seed(100)
flores.elegidas.virginica=sample(101:150,40,replace=TRUE)
```

La muestra elegida será:

```
muestra.virginica = iris[flores.elegidas.virginica,]
```

Ejemplo de dos muestras dependientes con R

El contraste a realizar es el siguiente:

```
t.test(muestra.virginica$Sepal.Length,muestra.virginica$Pet
        paired=TRUE,alternative="greater")
```

```
##
##  Paired t-test
##
## data:  muestra.virginica$Sepal.Length and muestra.virgi
## t = 22, df = 39, p-value <0.0000000000000002
## alternative hypothesis: true difference in means is grea
## 95 percent confidence interval:
##  0.9051    Inf
```

Ejemplo de dos muestras dependientes con R

Vemos que el p-valor del contraste es prácticamente nulo, lo que nos hace concluir que tenemos evidencias suficientes para afirmar que la longitud del sépalo es superior a la longitud del pétalo para las flores de la especie virginica.

Fijémonos que la media de la diferencia entre las medias de las longitudes del sépalo y del pétalo vale 0.98, valor suficientemente alejado del cero para poder afirmar que la media de la longitud del sépalo es superior a la media de la longitud del pétalo.

Ejemplo de dos muestras dependientes con R

El intervalo de confianza al 95% de confianza para la diferencia de medias asociado al contraste anterior vale:

```
t.test(muestra.virginica$Sepal.Length,muestra.virginica$Pet
       paired=TRUE,alternative="greater")$conf.int
```

```
## [1] 0.9051    Inf
## attr(,"conf.level")
## [1] 0.95
```

intervalo que no contiene el cero y que está a la derecha del mismo, lo que nos hace reafirmar que tenemos evidencias suficientes para rechazar la hipótesis nula H_0.

Contrastes de proporciones de muestras emparejadas

Supongamos que evaluamos dos características dicotómicas sobre una misma muestra de n sujetos. Resumimos los resultados obtenidos en la tabla siguiente:

	Característica 1	
Característica 2	Sí	No
Sí	a	b
No	c	d

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas

Se cumple $a + b + c + d = n$. Esta tabla quiere decir, naturalmente, que a sujetos de la muestra tuvieron la característica 1 y la característica 2, que b sujetos de la muestra tuvieron la característica 2 y pero no tuvieron la característica 2, etc.

Vamos a llamar p_1 a la proporción poblacional de individuos con la característica 1, y p_2 a la proporción poblacional de individuos con la característica 2.

Queremos contrastar la hipótesis nula $H_0 : p_1 = p_2$ contra alguna hipótesis alternativa. En este caso, no pueden usarse las funciones `prop.test` o `fisher.test`.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas

La solución es realizar el contraste bilateral: (o los unilaterales asociados)

$$\left\{\begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2, \\ H_1 : p_1 \neq p_2. \end{array}\right.$$

Dicho contraste tiene sentido cuando n es grande y el número $b + c$ de **casos discordantes** (en los que una característica da Sí y la otra da No) es razonablemente grande, pongamos ≥ 20.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas

El **estadístico de contraste** para el contraste anterior es $Z = \frac{\frac{b}{n} - \frac{c}{n}}{\sqrt{\frac{b+c}{n^2}}}$, cuya distribución aproximada es una $N(0,1)$. Sea z_0 el valor que toma sobre los valores muestrales.

Por tanto el p-**valor** será: $p = 2 \cdot p(Z > |z_0|)$.

Ejercicio

Hallar los p-**valores** para los contrastes unilaterales.

Ejemplo de proporciones emparejadas

Ejemplo de proporciones emparejadas

Se toma una muestra de 1000 personas afectadas por migraña. Se les facilita un fármaco porque aligere los síntomas.

Después de la administración se les pregunta si han notado alivio en el dolor.

Al cabo de un tiempo se suministra a los mismos individuos un placebo y se les vuelve a preguntar si han notado o no mejora.

Nos preguntamos si es más efectivo el fármaco que el placebo en base a los resultados del estudio:

Fármaco/Placebo	Si	No

Ejemplo de proporciones emparejadas

El contraste que nos piden realizar es el siguiente:

$$\left\{ \begin{array}{l} H_0 : p_1 = p_2 \\ H_1 : p_1 > p_2 \end{array} \right.$$

donde p_1 y p_2 representan las proporciones de gente que encuentra mejora con el fármaco y el placebo, respectivamente.

El estadístico de contraste para el contraste anterior es: $Z = \frac{\frac{b}{n} - \frac{c}{n}}{\sqrt{\frac{b+c}{n^2}}}$,

cuya distribución aproximada es una $N(0,1)$, donde $a = 300$, $b = 62$, $c = 38$ y $d = 600$ en nuestro caso.

El valor que toma dicho estadístico es: $z_0 = \frac{\frac{62}{1000} - \frac{38}{1000}}{\sqrt{\frac{62+38}{1000^2}}} = 2.4.$

Ejemplo de proporciones emparejadas

Este contraste solo es válido cuando la muestra es grande y el número de *casos discordantes* $b + d$ (100 en nuestro caso) es "bastante grande", ≥ 20.

El p-**valor** para el contraste considerado es $P(Z > 2.4) = 0.008$, pequeño.

Por lo tanto, concluimos que tenemos evidencias suficientes para rechazar la hipótesis nula y poder afirmar que el fármaco es más efectivo que el placebo.

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R

En R podemos usar el **test de McNemar**, que se lleva a cabo con la instrucción `mcnemar.test`. Su sintaxis básica es

```
mcnemar.test(X)
```

donde `X` es la matriz $\begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix}$ que corresponde a la tabla anterior.

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Ejercicio

Usando la tabla de datos **birthw** del paquete **MASS**, vamos a ver si la proporción de madres fumadoras es la misma que la proporción de madres hipertensas.

Para ello, vamos a considerar una muestra de 30 madres y vamos a realizar el contraste correspondiente.

En primer lugar elegimos las madres y consideramos la muestra correspondiente:

```
set.seed(333)
madres.elegidas.prop.empar = sample(1:189,30,replace=TRUE)
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Seguidamente, calculamos la matriz para usar en el contraste:

```
(matriz.prop.empar = table(muestra.madres.prop.empar$smoke,
```

```
##
##       0  1
##    0 16  3
##    1 10  1
```

Fijémonos que dicha matriz no es correcta ya que $a = 1$, $b = 10$, $c = 3$ y $d = 16$. Arreglamos la matriz:

```
matriz.prop.empar = rbind(matriz.prop.empar[2,],matriz.prop
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Comprobamos que es correcta:

```
matriz.prop.empar
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    1   10
## [2,]    3   16
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Por último, realizamos el contraste planteado:

```
mcnemar.test(matriz.prop.empar)
```

```
##
##  McNemar's Chi-squared test with continuity correction
##
## data:  matriz.prop.empar
## McNemar's chi-squared = 2.8, df = 1, p-value = 0.1
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Hemos obtenido un p-valor de 0.0961, valor que está entre 0.05 y 0.1, la llamada zona de penumbra donde no se puede tomar una decisión clara.

Podemos decir, si consideramos que el p-valor es suficientemente grande, que no tenemos evidencias suficientes para aceptar que la proporción de madres fumadoras y con hipertensión sea diferente.

En otras palabras, no rechazamos la hipótesis nula H_0.

Ahora bien, hay que tener en cuenta que el p-valor no es demasiado grande para tal conclusión.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

Otra posibilidad para realizar un contraste de dos proporciones usando muestras emparejadas, que no requiere de ninguna hipótesis sobre los tamaños de las muestras, es usar de manera adecuada la función `binom.test`.

Para explicar este método, consideremos la tabla siguiente, donde ahora damos las probabilidades poblacionales de las cuatro combinaciones de resultados:

	Característica 1	
Característica 2	Sí	No
Sí	p_{11}	p_{01}
No	p_{10}	p_{00}

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

De esta manera $p_1 = p_{11} + p_{10}$ y $p_2 = p_{11} + p_{01}$.

Entonces, $p_1 = p_2$ es equivalente a $p_{10} = p_{01}$ y cualquier hipótesis alternativa se traduce en la misma desigualdad, pero para p_{10} y p_{01}:

- $p_1 \neq p_2$ es equivalente a $p_{10} \neq p_{01}$;

Por lo tanto podemos traducir el contraste sobre p_1 y p_2 al mismo contraste sobre p_{10} y p_{01}.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

De esta manera $p_1 = p_{11} + p_{10}$ y $p_2 = p_{11} + p_{01}$.

Entonces, $p_1 = p_2$ es equivalente a $p_{10} = p_{01}$ y cualquier hipótesis alternativa se traduce en la misma desigualdad, pero para p_{10} y p_{01}:

- $p_1 \neq p_2$ es equivalente a $p_{10} \neq p_{01}$;
- $p_1 < p_2$ es equivalente a $p_{10} < p_{01}$; y

Por lo tanto podemos traducir el contraste sobre p_1 y p_2 al mismo contraste sobre p_{10} y p_{01}.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

De esta manera $p_1 = p_{11} + p_{10}$ y $p_2 = p_{11} + p_{01}$.

Entonces, $p_1 = p_2$ es equivalente a $p_{10} = p_{01}$ y cualquier hipótesis alternativa se traduce en la misma desigualdad, pero para p_{10} y p_{01}:

- $p_1 \neq p_2$ es equivalente a $p_{10} \neq p_{01}$;
- $p_1 < p_2$ es equivalente a $p_{10} < p_{01}$; y
- $p_1 > p_2$ es equivalente a $p_{10} > p_{01}$.

Por lo tanto podemos traducir el contraste sobre p_1 y p_2 al mismo contraste sobre p_{10} y p_{01}.

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

La gracia ahora está en que si la hipótesis nula $p_{10} = p_{01}$ es cierta, entonces, en el total de casos discordantes, el número de sujetos en los que la característica 1 da Sí y la característica 2 da No sigue una ley binomial con $p = 0.5$.

Por lo tanto, podemos efectuar el contraste usando un test binomial exacto tomando

- como muestra los casos discordantes de nuestra muestra, de tamaño $b + c$,

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

La gracia ahora está en que si la hipótesis nula $p_{10} = p_{01}$ es cierta, entonces, en el total de casos discordantes, el número de sujetos en los que la característica 1 da Sí y la característica 2 da No sigue una ley binomial con $p = 0.5$.

Por lo tanto, podemos efectuar el contraste usando un test binomial exacto tomando

- como muestra los casos discordantes de nuestra muestra, de tamaño $b + c$,
- como éxitos los sujetos que han dado Sí en la característica 1 y No en la característica 2, de tamaño c,

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

La gracia ahora está en que si la hipótesis nula $p_{10} = p_{01}$ es cierta, entonces, en el total de casos discordantes, el número de sujetos en los que la característica 1 da Sí y la característica 2 da No sigue una ley binomial con $p = 0.5$.

Por lo tanto, podemos efectuar el contraste usando un test binomial exacto tomando

- como muestra los casos discordantes de nuestra muestra, de tamaño $b + c$,
- como éxitos los sujetos que han dado Sí en la característica 1 y No en la característica 2, de tamaño c,
- con proporción a contrastar $p = 0.5$ y con hipótesis alternativa

Contrastes para proporciones. Muestras emparejadas.

La ventaja de este test es que su validez no requiere de ninguna hipótesis sobre los tamaños de las muestras. El inconveniente es que el intervalo de confianza que nos dará será para $p_{10}/(p_{10}+p_{01})$, y no permite obtener un intervalo de confianza para la diferencia o el cociente de las probabilidades p_1 y p_2 de interés.

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Ejercicio

Volvamos a realizar el contraste anterior usando este método.

Recordemos que la matriz de proporciones era:

```
matriz.prop.empar
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    1   10
## [2,]    3   16
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Por tanto, el tamaño de nuestra muestra será:

```
(n=matriz.prop.empar[1,2]+matriz.prop.empar[2,1])
```

```
## [1] 13
```

El número de éxitos será:

```
(éxitos=matriz.prop.empar[2,1])
```

```
## [1] 3
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

El contraste a realizar será:

```
binom.test(éxitos,n,p=0.5)
```

```
##
##  Exact binomial test
##
## data:  éxitos and n
## number of successes = 3, number of trials = 13, p-value
## alternative hypothesis: true probability of success is n
## 95 percent confidence interval:
##  0.05038 0.53813
```

Contrastes para proporciones de muestras emparejadas en R. Ejemplo

Vemos que el p-valor es parecido usando el método anterior y por tanto, las conclusiones son las mismas.

Guía rápida

Excepto en las que decimos lo contrario, todas las funciones para realizar contrastes que damos a continuación admiten los parámetros `alternative`, que sirve para especificar el tipo de contraste (unilateral en un sentido u otro o bilateral), y `conf.level`, que sirve para indicar el nivel de confianza $1-\alpha$. Sus valores por defecto son contraste bilateral y nivel de confianza 0.95.

Guía rápida

- `t.test` realiza tests t para contrastar una o dos medias (tanto usando muestras independientes como emparejadas). Aparte de `alternative` y `conf.level`, sus parámetros principales son:

Guía rápida

- `t.test` realiza tests t para contrastar una o dos medias (tanto usando muestras independientes como emparejadas). Aparte de `alternative` y `conf.level`, sus parámetros principales son:
  - `mu` para especificar el valor de la media que queremos contrastar en un test de una media.

Guía rápida

- `t.test` realiza tests t para contrastar una o dos medias (tanto usando muestras independientes como emparejadas). Aparte de `alternative` y `conf.level`, sus parámetros principales son:
  - `mu` para especificar el valor de la media que queremos contrastar en un test de una media.
  - `paired` para indicar si en un contraste de dos medias usamos muestras independientes o emparejadas.

Guía rápida

- `t.test` realiza tests t para contrastar una o dos medias (tanto usando muestras independientes como emparejadas). Aparte de `alternative` y `conf.level`, sus parámetros principales son:
    - `mu` para especificar el valor de la media que queremos contrastar en un test de una media.
    - `paired` para indicar si en un contraste de dos medias usamos muestras independientes o emparejadas.
    - `var.equal` para indicar en un contraste de dos medias usando muestras independientes si las varianzas poblacionales son iguales o diferentes.

Guía rápida

- `t.test` realiza tests t para contrastar una o dos medias (tanto usando muestras independientes como emparejadas). Aparte de `alternative` y `conf.level`, sus parámetros principales son:
  - `mu` para especificar el valor de la media que queremos contrastar en un test de una media.
  - `paired` para indicar si en un contraste de dos medias usamos muestras independientes o emparejadas.
  - `var.equal` para indicar en un contraste de dos medias usando muestras independientes si las varianzas poblacionales son iguales o diferentes.
- `sigma.test`, para realizar tests χ^2 para contrastar una

Guía rápida

- `var.test`, para realizar tests F para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas).

Guía rápida

- `var.test`, para realizar tests F para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas).
- `fligner.test`, para realizar tests no paramétricos de Fligner-Killeen para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas). No dispone de los parámetros `alternative` (solo sirve para contastes bilaterales) ni `conf.level` (no calcula intervalos de confianza).

Guía rápida

- `var.test`, para realizar tests F para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas).
- `fligner.test`, para realizar tests no paramétricos de Fligner-Killeen para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas). No dispone de los parámetros `alternative` (solo sirve para contastes bilaterales) ni `conf.level` (no calcula intervalos de confianza).
- `binom.test`, para realizar tests binomiales exactos para contrastar una proporción. Dispone del parámetro `p` para indicar la proporción a contrastar.

Guía rápida

- `var.test`, para realizar tests F para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas).
- `fligner.test`, para realizar tests no paramétricos de Fligner-Killeen para contrastar dos varianzas (o dos desviaciones típicas). No dispone de los parámetros `alternative` (solo sirve para contastes bilaterales) ni `conf.level` (no calcula intervalos de confianza).
- `binom.test`, para realizar tests binomiales exactos para contrastar una proporción. Dispone del parámetro `p` para indicar la proporción a contrastar.
- `prop.test`, para realizar tests aproximados para contrastar una

Guía rápida

- `fisher.test`, para realizar tests exactos de Fisher para contrastar dos proporciones usando muestras independientes.

Guía rápida

- `fisher.test`, para realizar tests exactos de Fisher para contrastar dos proporciones usando muestras independientes.
- `mcnemar.test`, para realizar tests bilaterales de McNemar para contrastar dos proporciones usando muestras emparejadas. No dispone de los parámetros `alternative` ni `conf.level`.